GENETIKA A METÁNCSÖKKENTÉS SZOLGÁLATÁBAN III.

MIKROBIOM-ALAPÚ GENETIKAI SZELEKCIÓ

Szakértő munkatársunk írása
Állattenyésztési Teljesítményvizsgáló Kft.

Rovatunk előző írásában a genomszelekcióban rejlő lehetőségeket vizsgáltuk a szarvasmarhák enterális metán- (CH_4-) termeléséért felelős genetikai háttér feltérképezése és a kibocsátás mérséklését célzó tenyésztési stratégiák megalapozása érdekében. Jelen cikk ezt a megközelítést egy új nézőponttal egészíti ki: a gazdaszervezet genomja által a bendőmikrobiomra gyakorolt hatások vizsgálatával. Az elmúlt évek kutatásai ugyanis egyre meggyőzőbb bizonyítékokkal szolgálnak arra, hogy a bendőben élő mikrobaközösség összetétele – és bizonyos mértékben annak metabolikus aktivitása is – nem csupán takarmányozási, élettani és környezeti tényezőktől függ, hanem részben genetikai szabályozás alatt is áll. Ez pedig lehetőséget kínál arra, hogy a mikrobiom közvetett módon, tenyésztés révén is alakítható legyen.

Jelen írás célja, hogy bemutassa azokat a mikrobiális összefüggéseket, valamint az egyedi fajösszetételben és anyagcserében megfigyelhető különbségeket, amelyek a metanogenezis alakulását befolyásolják. Emellett áttekintést nyújt a mikrobiom-alapú genetikai szelekció tudományos alapjairól és gyakorlati alkalmazhatóságáról is.

Archeák és baktériumok szerepe a szarvasmarhák enterális CH_4-kibocsátásának variabilitásában

A bendőmikrobiom három fő domén képviselőiből épül fel: baktériumokból, archeákból és eukariótákból – ez utóbbiak már valódi, membránnal határolt sejtmaggal és sejtszervecskékkel rendelkeznek (Kim és mtsai., 2011). A **baktériumok** a mikrobiális tömeg mintegy 60%-át alkotják. Több ezer fajt számláló közösségük főként a takarmány összetett szerves anyagainak (például a poliszacharidok és a fehérjék) lebontásában, valamint az ezekből keletkező oligomerek és monomerek fermentációjában vesz részt. E folyamatok során különféle végtermékek képződnek, köztük hidrogén is, amely fontos szubsztrátként szolgál a CH_4-termelő archeák számára. Az **archeák** a bendőmikrobiom csupán 1%-át adják, és túlnyomó részük a hidrogént hasznosító metanogénekhez (elsősorban a *Methanobrevibacter* nemzetséghez) tartozik. Ezek mellett metilotróf archeák is élnek a bendőben, amelyek az általuk szén- és energiaforrásként használt egyszénatomos vegyületeket (metanolt, metil-amint stb.) alakítják

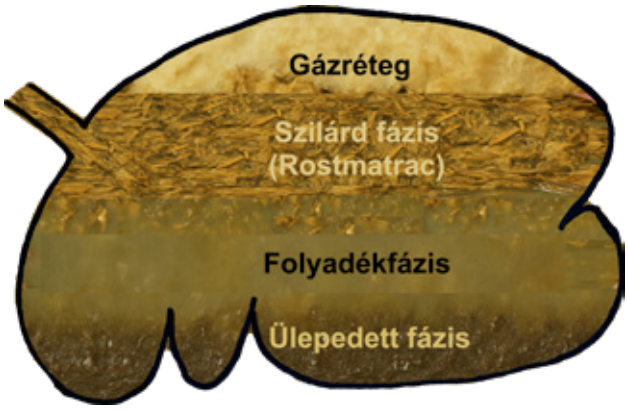
át CH_4-ná. Az **eukarióta mikroorganizmusok** közé sorolható egysejtű protozoonok a mikrobatömeg több mint egyharmadát teszik ki. Számuk és összetételük jóval változatosabb, mint a baktériumoké, sőt bizonyos egyedekben teljesen hiányozhatnak anélkül, hogy ez károsan befolyásolná a gazdaszervezetet. Az anaerob gombák pedig – amelyek kulcsszerepet töltenek be a legellenállóbb növényi sejtfalak lebontásában – a mérsékelt égövi kérődzők bendőjében csupán kb. 1%-os arányban találhatók meg, míg a trópusi régiókban jóval magasabb gyakoriságot mutatnak.

A bendőtartalom a (szén-dioxidot, hidrogént, CH_4-t stb. tartalmazó) felső gázréteg alatt három fázisra tagolódik: a szilárd, a folyadék- és az ülepedett fázisokra. Ezek között nincsenek éles határok, azonban a mikrobiális összetételük és a funkcionális szerepük nagyban eltér egymástól (Kim és mtsai., 2011).

A bendő felső tartományában elhelyezkedő szilárd fázis főként nem, vagy csak részben lebomlott rostos takarmányból áll, amely laza, szivacsszerű szerkezetet képez. Ezt a réteget ezért gyakran „rostmatracnak" nevezik (Yang és mtsai., 2001). A fermentációs folyamatok döntően ebben a fázisban zajlanak, különösen annak átmeneti, lazább alsó részében. A baktériumközösség túlnyomó hányada – becslések szerint több mint 80%-a – szintén ehhez a fázishoz kötődik, mivel a lebegő takarmányrészecskék nagy felületet biztosítanak a mikroorganizmusok megtapadásához és kolonizációjához. A rosthoz kapcsolódó cellulóz- és hemicellulózbontó baktériumok (például a *Ruminococcus* és *Fibrobacter* fajok) kulcsszerepet játszanak az emésztés hatékonyságának fenntartásában. Egyes képviselőik fermentációs tevékenysége során nagy mennyiségű hidrogén keletkezik, amelyet többek között a metanogén archeák hasznosítanak.
A folyadékfázis a bendő középső régióját tölti ki, ahol zömmel kisebb méretű takarmányrészecskék, részben lebontott és oldott szerves anyagok, valamint szabadon lebegő mikrobák (baktériumok, protozoonok és archeák) találhatók. Ebben a közegben zajlik az erjedés köztes- és végtermékeinek (például az illó zsírsavak) szintézise, valamint azok eloszlatása (diszpergálása) a bendőtartalomban. Az abraktakarmányok, különösen az aprószemcsés, finomra őrölt koncentrátumok a felvételük után jellemzően ebbe a fázisba kerülnek, ahol részecskéik először a folyadékkal keverednek. A bennük található vízoldékony anyagok (például egyes fehérjék és cukrok) gyorsan fermentálódnak, míg a nem oldódó, finomszemcsés komponensek – sűrűségükből adódóan – részben leülepednek, és felhalmozódnak a legalsó fázisban. Ez különösen akkor fordul elő, ha a bendőtartalomban kevés a strukturális rost, az abrak túlságosan finomra van őrölve, vagy ha a bendőmozgás lelassul.

A bendő legalján tehát egy finomszemcsés, leülepedett anyagokat tartalmazó fázis található, amely a koncentrátumok részecskéiből, a lebomlott szálas takarmány apróbb frakcióiból, elhalt mikrobákból, illetve sejtmaradványokból áll. Ezek az anyagok csak lassan haladnak tovább a recésgyomor (reticulum) felé.

1. ábra: *A bendő rétegzettségének sematikus rajza*



Forrás: Saját készítés.

Érdekesség, hogy **a világ különböző régióiban élő kérődzők bendőmikrobiomjának bakteriális összetétele – az eltérő környezeti és takarmányozási feltételek ellenére – hasonló, még akkor is, ha az állatok nem azonos fajokhoz tartoznak**. Ezt erősíti meg többek között Henderson és mtsai.-nak (2015) kutatása is, amelyben Európa, Észak-Amerika és Óceánia térségeiből származó kérődzők bendőtartalmában a 30 leggyakoribb baktériumnemzetség a minták több mint 90%-ában jelen volt, és az összes beolvasott DNS-szekvencia 89,4%-a ezekhez volt társítható – függetlenül a földrajzi elhelyezkedéstől, állatfajtól vagy a takarmányozási rendszertől.

Ez a megfigyelés az ún. „törzsmikrobiom" (core microbiome) fogalmát támasztja alá, vagyis azt, hogy létezik egy olyan alapvető mikrobiális állomány, amely szinte minden kérődzőfaj bendőjében nagy bizonyossággal kimutatható. Wallace és mtsai. (2019) egy 512 (ezen belül 454 prokarióta-, 46 gomba- és 12 protozoon-) fajból álló törzsmikrobiomot azonosítottak, amely a vizsgált 816 holstein-fríz és 200 svéd vörös tehén több mint felében megtalálható volt. Ezen belül 39 mikrobataxon (nemzetség és család) kiemelkedő jelentőséggel bír, mivel ezek szoros kapcsolatba hozhatók a gazda genetikai jellemzőivel és olyan fenotípusos tulajdonságokkal, mint a bendőben és vérben mérhető metabolitszintek, a tejtermelés hatékonysága vagy a CH_4-kibocsátás mértéke. A gyakran előforduló mikrobák relatív gyakorisága közepes örökölhetőségi értékekkel jellemezhető (h^2 = 0,2–0,6), ami arra utal, hogy ezek jelenlétét és populációbeli arányát a gazdaszervezet genetikai háttere is befolyásolja (lásd Difford és mtsai., 2018; Wallace és mtsai., 2019; Martinez-Alvaro és mtsai., 2022). Ez a kapcsolat lehetőséget kínál a CH_4-kibocsátás csökkentését célzó tenyészszelekcióra a tejtermelési szint fenntartása vagy javítása mellett. Bár a törzsmikrobiom főbb tagjait már sikerült azonosítani, többségük pontos taxonómiai (rendszertani) besorolása és biológiai szerepe továbbra sem teljesen ismert, ezért e téren további kutatásokra van szükség.

McSweeney és Mackie (2012) ausztrál szarvasmarhákon (*Bos indicus × Bos taurus* keresztezések) végzett vizsgálatai alapján **a bendőben élő metanogén archeák több mint 90%-a néhány domináns nemzetséghez tartozik**, különösen az *Euryarchaeota* törzsbe sorolt *Methanobrevibacter* (> 60%) és *Methanomicrobium* csoportokhoz (~15%). Mivel ezek a mikroorganizmusok felelősek az enterális CH_4-termelés döntő hányadáért, a tenyésztési programokban indokolt előnyben részesíteni azokat az egyedeket, amelyek genetikai háttere elősegíti más, kevesebb CH_4-t termelő mikrobiális közösségek kialakulását és fennmaradását. Ugyanakkor fontos hangsúlyozni, hogy jelenleg a CH_4-emisszió rövid távú mérséklésének leghatékonyabb eszköze a mikrobiális anyagcsere célzott módosítása, elsősorban takarmányozási beavatkozások révén.

Kamke és mtsai.-nak (2016) megfigyelései szerint **a kisebb CH_4-termelésű szarvasmarhák bendőjében nagyobb arányban fordulnak elő olyan mikroorganizmusok** – például *Sharpea* és *Succinivibrio* fajok –, **amelyek fermentációs végtermékként elsősorban laktátot (tejsavat) vagy szukcinátot (borostyánkősavat) állítanak elő**. (*A szerves savakra – a szakirodalmi konvencióval összhangban – azok savmaradékionjaival hivatkozunk.*) A képződött laktát nagy része propionáttá (propionsavvá) és butiráttá (vajsavvá) alakul, mely folyamatok közül az előbbi során nem keletkezik hidrogén, míg az utóbbi kevesebb hidrogén felszabadulásával jár, mint a „prometanogénnek" tekintett laktát → acetát (ecetsav) fermentációs út. A szukcinát pedig olyan végtermék, amelyet a metanogének nem tudnak hasznosítani, ezért jelenléte tovább csökkenti a CH_4-képződés lehetőségét.

Ezzel szemben a nagyobb CH_4-termelésű egyedek bendőjében gyakrabban találhatók meg a *Pseudobutyrivibrio* és *Butyrivibrio* nemzetségekbe tartozó baktériumok. E mikrobák kulcsszerepet játszanak a laktát butiráttá alakításában, azonban fermentációs tevékenységük során számottevő mennyiségben állítanak elő formiátot (hangyasavat), acetátot, valamint melléktermékként hidrogént is. E vegyületek együttesen serkenthetik a metanogén mikroorganizmusok aktivitását, és fokozhatják a CH_4-képződést (Wallace és mtsai., 2019).

A CH_4-kibocsátást meghatározó tényezők alaposabb feltárása érdekében Danielsson és mtsai. (2017) 73, azonos módon takarmányozott holstein-fríz és svéd vörös tehén bendőjének baktérium- és archeaközösségét vizsgálták, valamint elemezték e mikrobák és az enterális CH_4-kibocsátás közötti korrelációkat. Az állatok átlagos napi szárazanyag-felvétele 23,7 ± 2,7 kg, energiára korrigált tejhozamuk pedig 34,6 ± 6,2 kg volt. Napi CH_4-kibocsátásuk 282

és 408 g között változott, az átlagos érték 318 g/nap volt. A kutatók a teheneket az általuk légkörbe juttatott CH_4 mennyisége alapján alacsony (291 ± 7,7 g/nap), közepes (311 ± 7,0 g/nap) és magas CH_4-kibocsátású (345 ± 8,1 g/nap) csoportba osztották. A bendőben képződő illó zsírsavak közül kizárólag a butirát arányában mutatkozott szignifikáns különbség a csoportok között: az alacsony CH_4-kibocsátású állatoknál az összes illó zsírsav 14,8%-át, míg a magas kibocsátásúaknál 16,8%-át tette ki (p = 0,014).

A mikrobiális közösségek részletesebb tanulmányozása céljából Danielsson és kollégái a 73 tehénből 21-et külön vizsgálat alá vontak. Közülük 7 (3 svéd vörös, 4 holstein-fríz) egyednél alacsony, 6-nál (2 svéd vörös, 4 holstein-fríz) magas CH_4-emissziót mértek, míg a fennmaradó 8 állatnál közepes mértékű, időszakosan ingadozó kibocsátási adatokat rögzítettek. A kutatók kétféle módszertani megközelítést alkalmaztak: egyrészt a 16S rRNS-gén V4 régiójának szekvenálásával meghatározták a bendőben élő baktérium- és archeaközösségek taxonómiai összetételét, másrészt kvantitatív PCR-rel (polymerase chain reaction – polimeráz láncreakció) megbecsülték a *Methanobrevibacter* fajok relatív gyakoriságát. (A két technológiáról további információkat a zölddel kiemelt részben olvashatnak.)

A metagenomika a molekuláris biológia egyik korszerű ága, amely lehetővé teszi a mikroorganizmusok (baktériumok, archeák, gombák, vírusok) genetikai állományának közvetlen vizsgálatát anélkül, hogy azokat előzetesen laboratóriumi körülmények között ki kellene tenyészteni. E technika segítségével meghatározható, hogy mely fajok vagy más taxonómiai csoportok alkotják az adott mikrobaközösséget, milyen géneket hordoznak, és milyen anyagcsere-folyamatokban vesznek részt (például termelnek-e CH_4-t).

A metagenomikának két fő típusa ismert: a markergénalapú és az ún. shotgun metagenomika. Az esetünkben kevésbé releváns **shotgun metagenomika** a minta teljes DNS-ének véletlenszerű fragmentálására és szekvenálására épül, így nemcsak a fajazonosítást teszi lehetővé, hanem a mikroorganizmusok génjeinek, enzimjeinek, valamint az egyes fajok közötti metabolikus kapcsolatok feltérképezését is. Bár ez a módszer összetettebb és költségesebb a markergénalapú megközelítésnél, lényesen átfogóbb képet ad a mikrobiális közösségek szerveződéséről és működéséről.

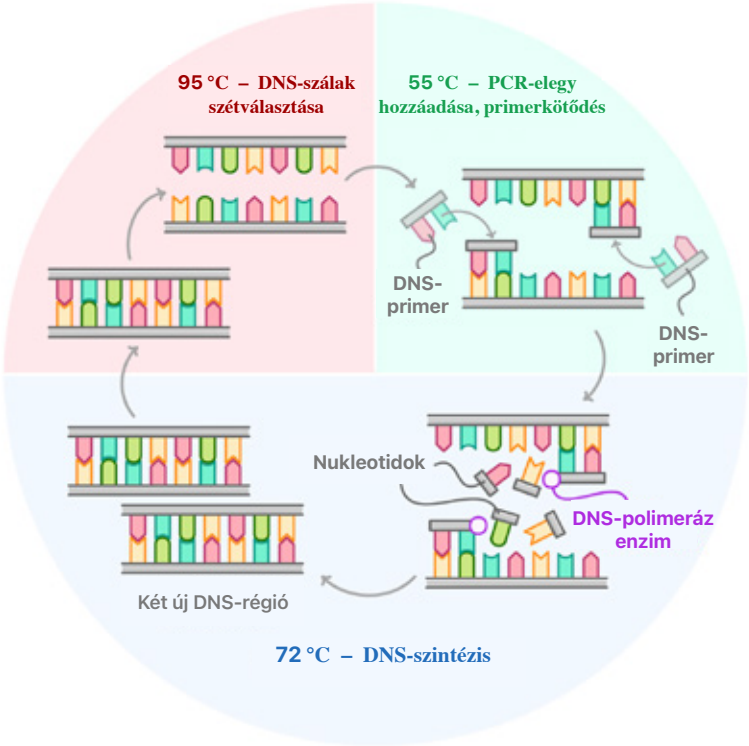
A **markergénalapú metagenomika** ezzel szemben egyetlen génszakasz vizsgálatára épül: baktériumok és archeák esetében jellemzően a 16S rRNS-gén egy részét, gombáknál pedig az ún. ITS-régiót (internal transcribed spacer – belső transzkipciós hézag) elemzik. A DNS-ben található 16S rRNS-gén nem fehérjét, hanem a 16S RNS-molekulát kódolja, amely a riboszóma szerkezeti és funkcionális alkotóeleme, továbbá nélkülözhetetlen a fehérjeszintézishez (transzlációhoz). *(A „16S" elnevezés arra a Sverdberg-egységben [S] kifejezett ülepedési sebességre utal, amelyet a 16S rRNS-molekula mutat a centrifugálás során. A baktériumok teljes riboszómája például 70S ülepedési értékű, és egy 50S-es nagyobb, valamint egy 30S-es kisebb alegységből áll; a 16S rRNS ez utóbbi alegység része.)*

A kb. 1 500 bázispár hosszúságú 16S rRNS-gén konzervált (evolúciósan rögzült) és variábilis (genetikailag egymástól eltávolodott) régiókat egyaránt tartalmaz: az előbbiek nukleotidsorrendje szinte minden fajban azonos, míg az utóbbiaké fajonként változó, lehetővé téve a mikroorganizmusok megbízható elkülönítését. Ennek köszönhetően a kutatók olyan rövid DNS-szakaszokat (ún. primereket) tervezhetnek, amelyek a konzervált régiókhoz kötődnek, így az azok között elhelyezkedő, fajspecifikus variábilis régiók (például a V1–V9 szakaszok valamelyike) célzottan, gyorsan és nagy mennyiségben felszaporíthatók. A folyamat a PCR (polimeráz-láncreakció) révén, a DNS-polimeráz enzim közreműködésével valósul meg.

A felszaporított génszakaszt ezt követően szekvenálják, vagyis meghatározzák a benne levő nukleotidok sorrendjét. Ezáltal megállapítható, hogy a mintát – esetünkben a bendő mikrobiális közösségét – mely fajok/nemzetségek alkotják.

A PCR-alapú megközelítés kis mennyiségű kiindulási anyag esetén is megbízhatóan alkalmazható, és különösen hasznos célzott vizsgálatokhoz, például egy-egy kulcsfontosságú faj jelenlétének vagy gyakoriságának meghatározására. Alkalmazása akkor is előnyös, ha a minta DNS-tartalma alacsony, vagy biológiailag jelentős, de ritkán előforduló mikroorganizmusokat keresünk.

A PCR lépései



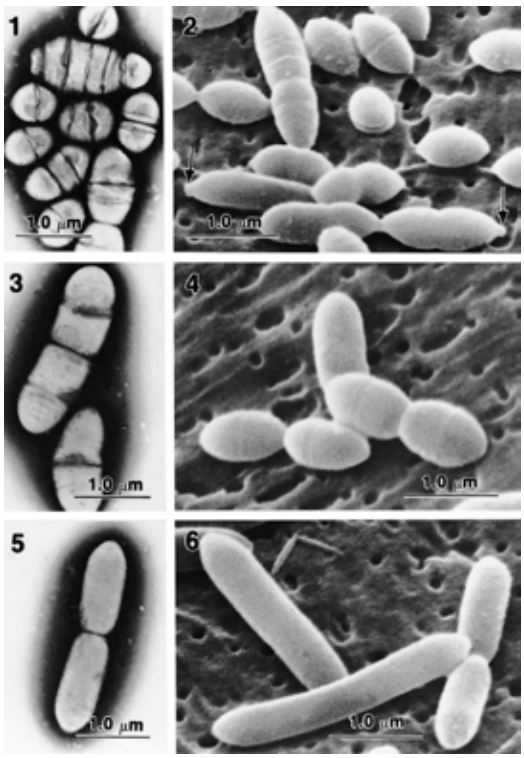
PCR-elegy tartalma: 1. **két primer**, amelyek a 16S rRNS-gén konzervált régióihoz kapcsolódnak; 2. **nukleotidok** (DNS-építőkövek); 3. az új DNS-szálat felépítő és ezzel a variábilis régiót felszaporító **DNS-polimeráz enzim**; 4. az enzim működéséhez szükséges környezetet biztosító **pufferoldat**
Forrás: https://cognitoedu.org

A markergénalapú metagenomika viszonylag költséghatékony és technológiailag kevésbé összetett, mint a teljes genomot célzó módszerek, ugyanakkor kizárólag a mintában megtalálható fajok azonosítására alkalmas, és nem ad információt azok funkcionális szerepéről a közösségen belül.

Forrás: Tamang, 2024

Danielsson és mtsai.-nak (2017) mikrobiom-analízise részletes képet adott a vizsgált tehenek bendőjében előforduló archeák és baktériumok megoszlásáról. Az archeák esetében két törzset azonosítottak: a már korábban említett, domináns *Euryarchaeota*-t (99,9%) és a csak marginálisan jelen levő *Crenarchaeota*-t. Az *Euryarchaeota* törzset – McSweeney és Mackie (2012) megfigyeléseihez hasonlóan – túlnyomórészt a *Methanobrevibacter* nemzetség alkotta (88,8 ± 3,60%), de kisebb arányban megtalálható volt a hidrogént és metanolt CH_4-ná alakító *Methanosphaera* nemzetség (4,8 ± 1,66%), valamint a metilált vegyületeket (például a metanolt, trimetilamint) hasznosító *Methanomassiliicoccaceae* család is (5,6 ± 2,8%). McSweeney és Mackie (2012) eredményeihez képest figyelemre méltó különbség, hogy Danielssonék nem mutatták ki a *Methanomicrobium* nemzetség jelenlétét. Ennek valószínű oka, hogy ez a taxonómiai csoport nem része a kérődzők törzsmikrobiomjának, így előfordulása földrajzilag, fajtánként és takarmányozástól függően nagyban változhat.

2. ábra: *A Methanobrevibacter ruminantium (1–2), M. smithii (3–4) és M. arboriphilus (5–6) morfológiai jegyei*



Forrás: Wolfe és Balch (1979).

A vizsgált állatok bendőbaktérium-közössége 18 törzset tartalmazott, amelyek közül 17 minden mintában konzisztensen jelen volt. A legnagyobb arányban képviselt törzsek és funkcionális jellemzőik a következők szerint foglalhatók össze: 1. *Bacteroidetes* (~64%) – szerves anyagok lebontása; 2. *Firmicutes* (~24%) – szénhidrát-fermentáció és illó zsírsavak termelése; 3. *Proteobacteria* (~5.5%) – fehérjék és nitrogéntartalmú vegyületek fermentálása; 4. *Fibrobacteres* (~1.1%) – rostok, elsősorban cellulóz lebontása. Nemzetségszinten a *Prevotella* (~48%) dominált, amely kulcsszerepet tölt be a szénhidrát- és fehérjeeredetű vegyületek bendőbeli fermentációjában. Emellett kisebb, de funkcionálisan nem elhanyagolható arányban jelen voltak a következő nemzetségek is: 1. *Ruminococcus* (~3.7%) – cellulóz- és hemicellulózbontás; 2. *Succiniclasticum* (~2.1%) – szukcinátátalakítás; 3. *Fibrobacter* (~1.1%) – cellulózbontás; illetve 4. *Butyrivibrio* (~1.0%) – butirát- (vajsav-) szintézis.

Érdekes megfigyelés, hogy a metanogén archeák bendőmikrobiomon belüli átlagos aránya nem különbözött szignifikánsan az alacsony és magas CH_4-kibocsátású tehéncsoportok között (0,5 ± 0,2% vs. 0,4 ± 0,2%). Mindez arra utal, hogy **a CH_4-képződés mértékét elsősorban az archeák taxonómiai összetétele határozza meg, nem pedig azok abszolút mennyisége**. Ezt támasztja alá többek között az az eredmény is, hogy az alacsony CH_4-kibocsátású állatok bendőjében a *Methanomassiliicoccaceae* család aránya 1,5-szer nagyobb volt, mint a másik két csoportban. E család tagjai kevésbé hatékony CH_4-termelők, és a rendelkezésre álló hidrogénért versenyeznek a domináns archeákkal, így jelenlétük hozzájárulhat a mérsékeltebb CH_4-képződéshez. Danielsson és mtsai. ugyanakkor azt is kimutatták, hogy sem a túlsúlyban levő *Methanobrevibacter*, sem a kevésbé gyakori *Methanosphaera* nemzetség relatív bendőbeli aránya nem különbözött szignifikánsan a három tehéncsoport között. Tehát a CH_4-kibocsátás alakulását nem a magasabb taxonómiai szinteken, hanem sokkal inkább a fajszinten felmerülő eltérések befolyásolják.

Ennek alátámasztására Danielsson és mtsai. (2017) összehasonlították a Methanobrevibacter nemzetség két meghatározó fajának – a *M. gottschalkii* és a *M. ruminantium* – bendőbeli előfordulását. A két faj relatív gyakorisága fokozatosan változott az alacsony kibocsátású tehenektől a magasabb kibocsátásúak felé: a két szélső csoportot tekintve a legkevesebb CH_4-t termelő állatok bendőjében a *M. ruminantium* 1,3-szer nagyobb arányban volt jelen, míg a skála másik végén a *M. gottschalkii* volt gyakoribb (1,5-szeres értékkel). E két faj feltehetően más-más anyagcsere-útvonalakon keresztül vesz részt a metanogenezisben, és a hidrogénhasznosításuk hatékonyságában is

különbségek tapasztalhatók. Mindenesetre **a *M. gottschalkii* relatív túlsúlya szoros kapcsolatban áll a nagyobb enterális CH_4-kibocsátással.**

A bendő baktériumközösségének összetételében is eltérések voltak a vizsgált tehéncsoportok között. A több CH_4-t termelő állatok mikrobiomjában nagyobb arányban voltak jelen az ecetsavat előállító és ezzel hidrogént felszabadító *Bifidobacteriaceae* és *Coriobacteriaceae* családok. Ezzel szemben az alacsonyabb kibocsátású egyedek bendőjében – Kamke és mtsai.-nak (2016) eredményeivel összhangban – gyakrabban fordultak elő a *Succinivibrionaceae* család tagjai. Ez utóbbiak – mint korábban is említettük – szukcinátot szintetizálnak, amely nem szolgál szubsztrátként a metanogén archeák számára.

A kutatók egy multidimenzionális adatelemzési eljárás, a PCoA (principal coordinates analysis – főkoordináta-elemzés) alkalmazásával igazolták, hogy az alacsony és magas CH_4-kibocsátású tehenek bendőmikroba-közösségei jól elhatárolható klasztereket alkotnak. Ez az eredmény első pillantásra meglepőnek tűnhet a törzsmikrobiom fogalmának ismeretében. Fontos azonban hangsúlyozni, hogy e stabil közösség kizárólag a bendőben konzisztensen jelen levő rendszertani egységeket foglalja magában, míg a PCoA a teljes mikrobiális szerkezetet és a fajok relatív arányait vizsgálja, így képes feltárni a törzsmikrobiomon kívüli, nagyobb változatosságot mutató csoportok taxonómiai megoszlását is. Ez kiemelten igaz azokra a taxonokra – például a *Methanomassiliicoccaceae*, *Bifidobacteriaceae* vagy *Succinivibrionaceae* családokra –, amelyek előfordulási gyakorisága nagymértékben eltér az alacsonyabb és magasabb CH_4-kibocsátású állatok esetében. Mivel ezek a mikrobiális mintázatbeli különbségek összefüggésben állnak az állatok CH_4-emissziójának szintjével, az eredmények alátámasztják azt a feltételezést, miszerint a bendőmikrobiom összetétele meghatározó tényező az enterális CH_4-kibocsátás alakulásában.

Számos kísérlet bizonyította, hogy a bendő mikrobaközössége külső beavatkozásokat – például transzfaunálást, takarmányadalékok, probiotikumok vagy vakcinák alkalmazását – követően rövid időn belül visszarendeződik az eredeti állapotába, és ezzel egyidejűleg a CH_4-kibocsátás is visszatér a kiindulási szintre. Ez szintén arra utal, hogy a bendő ökológiai egyensúlyát nemcsak külső hatások, hanem a gazdaszervezet genetikai háttere is befolyásolja, különösen egyes mikrobiális komponensek fennmaradását és arányait tekintve. Az enterális CH_4-termelés hosszú távú mérséklése érdekében ezért elengedhetetlen a genetikai megközelítések integrálása a szelekciós stratégiákba.

A gazdaállat genomjának hatása a bendőmikrobiomra és a CH_4-termelésre

Mivel az enterális CH_4-termelés döntően a bendőben élő mikrobák anyagcseréjének következménye, jogosan vetődik fel a kérdés, hogy milyen mértékben képes a szarvasmarhák genetikai állománya befolyásolni a mikrobiális közösségek összetételét és ezen keresztül a CH_4-emisszió szintjét. A tenyésztés során az alacsony CH_4-kibocsátású egyedek előnyben részesítése hosszú távon ígéretes és fenntartható stratégia lehet, hiszen tartós és kumulatív genetikai előrehaladást (emissziócsökkenést) eredményezhet a következő generációkban, szemben a rövid távú takarmányozási és bendőmikrobiomra ható beavatkozásokkal.

A gazdaszervezet és a bendőben élő mikro-organizmusok közötti kapcsolat azonban rendkívül összetett, ami komoly kihívást jelent a szelekciós stratégiák kialakításában. Egyelőre nem teljesen tisztázott, hogy a szarvasmarhák genomjának hatásai miként érvényesülnek a mikrobiális közösség összetételét tekintve: közvetlenül – például az állat

immunrendszerének működésén, nyálösszetételén vagy egyes anyagcsere-folyamatainak szabályozásán keresztül –, vagy inkább közvetett úton, olyan élettani jellemzők befolyásolásával, mint a bendőméret, az emésztési sebesség vagy a takarmány bendőn való áthaladási ideje (passzázs). A képet tovább árnyalja, hogy még mindig nem egyértelmű: vajon a CH_4-termelés szabályozása az egyedek genetikai adottságai és a mikrobiális tényezők közötti kölcsönhatás eredménye, vagy inkább azok egymástól független hatásaihoz köthető.

A tenyésztési programok tervezése során ezért alapvető szempont, hogy a kisebb CH_4-kibocsátás elérése ne járjon a gazdaszervezet és a bendőmikrobiom közötti kapcsolat kedvezőtlen változásával. Ha ugyanis a szelekció nem veszi figyelembe az emésztés szempontjából meghatározó mikroorganizmusokat, fennáll a veszélye annak, hogy csökken a rostemésztés hatékonysága, ami rontja a takarmányhasznosítást, és idővel kedvezőtlen hatást gyakorolhat az állatok egészségi állapotára is. A bendőökoszisztéma egyensúlyának felborulása nemcsak a termelési mutatókat érintheti hátrányosan, hanem hosszabb távon a kérődzők környezeti alkalmazkodóképességét is csökkentheti.

Az utóbbi évek kutatásai mindinkább alátámasztják, hogy a szarvasmarha genomja és a bendőben élő mikrobaközösség közötti kapcsolat szorosabb, mint azt korábban feltételezték. Bár a takarmányozás továbbra is elsődleges tényezőként hat a mikrobák összetételének alakulására, egyre több vizsgálat – például Lassen és Difford (2020) munkája – tár fel statisztikailag igazolt genetikai hatásokat bizonyos mikroorganizmus-csoportok előfordulására vonatkozóan.

Ezek az eredmények megerősítik, hogy a genetikai szelekció valóban képes befolyásolni a bendőmikrobióta összetételét, és ezen keresztül az enterális CH_4-emisszió szintjét is. Ugyanakkor a kívánt genetikai előrehaladás hosszú távon csak akkor érhető el biztonságosan, ha a mikrobiális egyensúly fenntartása is szerves részét képezi a szelekciós programok tervezésének.

Írásunkat a következő számban folytatjuk.

A felhasznált források listáját a cikk terjedelmi korlátai miatt nem közöljük, az a szerkesztőségben érhető el.