



# GENETIKA A METÁNCSSÖKKENTÉS SZOLGÁLATÁBAN III.

## MIKROBIOM-ALAPÚ GENETIKAI SZELEKCIÓ (FOLYTATÁS)

Szakértő  
munkatársunk írása  
Állattenyésztési  
Teljesítményvizsgáló Kft.

Írásunk első részében áttekintettük, hogy a bendőmikrobiom összetétele miként befolyásolja a tejhasznú szarvasmarhák enterális metán- ( $\text{CH}_4$ -) kibocsátását. Kutatások szerint az alacsonyabb  $\text{CH}_4$ -emissziójú állatok bendőjében gyakoribbak a kisebb  $\text{CH}_4$ -képző potenciállal rendelkező archeák, valamint azok a baktériumok, amelyek kevesebb hidrogént, illetve a metanogén mikroorganizmusok által nem hasznosítható végtermékeket (például szukcinátot) termelnek. Az enterális  $\text{CH}_4$ -kibocsátás egyedek közötti eltéréseit elsősorban nem a metanogén archeák mennyisége, hanem a mikrobiális közösség taxonómiai – különösen a fajszintű – összetétele határozza meg.

Jelen rész a bendőmikrobiom és a gazdaszervezet genetikai állományának  $\text{CH}_4$ -képződésre gyakorolt hatását tárgyalja. Először a mikrobiabilitás és

az operációs taxonómiai egységek fogalmát ismerteti, majd bemutatja a mikrobiális gének és azok kifejeződésének szerepét a metanogenezis folyamatában. Végül azokat a főbb kutatási megállapításokat foglalja össze, amelyek elősegítik a szarvasmarhák genomja, a bendő mikrobaközössége és a  $\text{CH}_4$ -kibocsátás közötti összefüggések feltárását.



### Genom, mikrobiom és $\text{CH}_4$ -kibocsátás

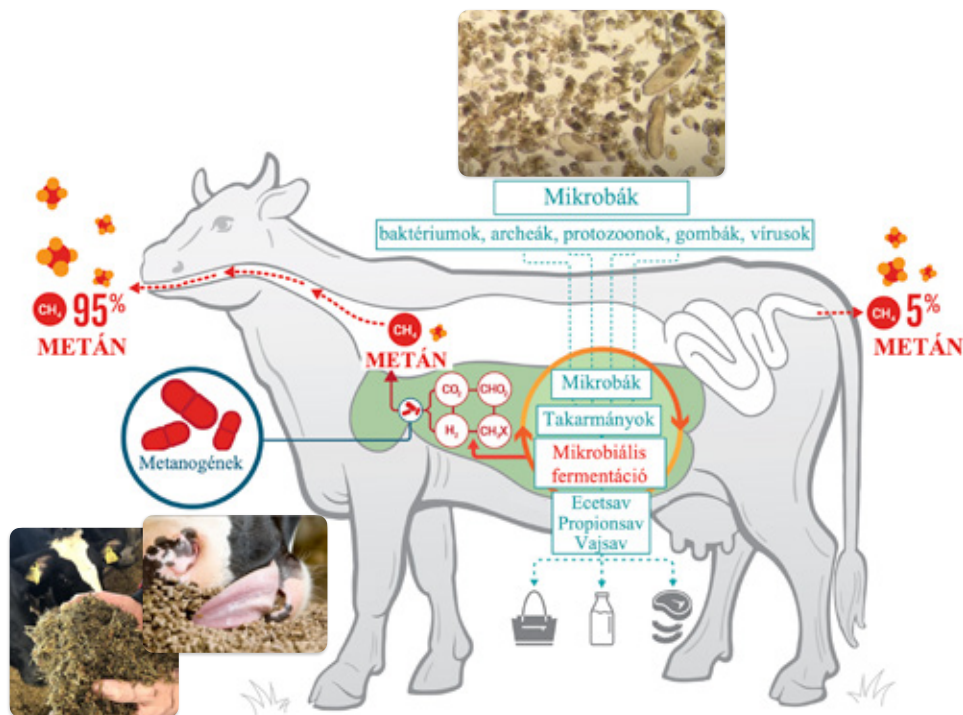
Bár a bendő mikroorganizmus-közössége nem öröklődik klasszikus értelemben – hiszen e mikrobák DNS-e nem része a kérődzők genomjának –, több kutatás, köztük Roehe és mtsai.-nak (2016)

vizsgálata is kimutatta, hogy a mikrobiom összetétele öröklődő mintázatot mutat. Másként fogalmazva: **a kérődző állatok genotípusa befolyásolhatja egyes mikroorganizmusok bendőbeli gyakoriságát.**



Roehe és mtsai. (2016) metagenomikai elemzésük során 68 húsmarha (fajtatiszta aberdeen angus, limousin, valamint e két fajta keresztezett egyedeinek) bendőmikrobiomját tanulmányozták. Eredményeik szerint az egyes apai vonalak ivadékainak  $\text{CH}_4$ -kibocsátása között azonos takarmányozási körülmények mellett is szignifikáns eltérések mutatkoznak.

1. ábra: Mikrobiális fermentáció és  $\text{CH}_4$ -termelés a szarvasmarhák bendőjében



Forrás: Bélanger–Pilling (2019) nyomán.

Lassen és Difford (2020) kétféle mechanizmust különítettek el annak kapcsán, hogy a tejhasznú szarvasmarhák genomja miként befolyásolhatja a bendőmikrobiom összetételét. Egyrészt érvényesülhetnek közvetlen hatások – például az immunrendszer működésén, a nyálösszetételén vagy a bendő-pH szabályozásán keresztül –, másrészt közvetett módon olyan élettani sajátosságok is szerepet kaphatnak, mint a bendő mérete, valamint az emésztés és a takarmány bendőn való áthaladásának (passzázs) sebessége. Ennek megfelelően a  $\text{CH}_4$ -kibocsátás mérséklését célzó genetikai szelekció ezekre a hatásmechanizmusokra külön-külön vagy akár együttesen is irányulhat.

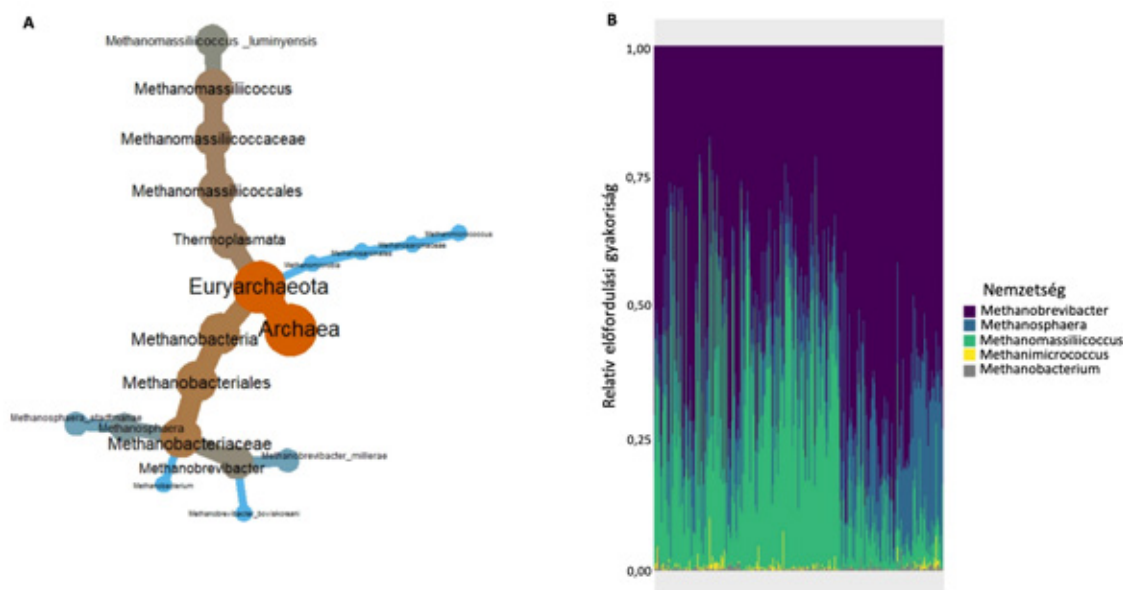
Difford és mtsai. (2018) 750 holstein-fríz tehénen vizsgálták a gazdaszervezet genotípusa, a bendőmikrobiom összetétele és az enterális  $\text{CH}_4$ -termelés közötti összefüggéseket. Két statisztikai megközelítést alkalmaztak: egyrészt egy klasszikus egyedmodellt az örökölhetőség ( $h^2$ -érték) becslésére, amellyel a  $\text{CH}_4$ -kibocsátásban megfigyelhető egyedi

A megfigyelt különbségek kapcsolatba hozhatók a bendőmikrobiom összetételével, különösen az archeák és a baktériumok arányával, ami arra utal, hogy a gazdaszervezet genetikai háttere – közvetett módon – hatással lehet a mikrobiális profilra és ezen keresztül a  $\text{CH}_4$ -termelés mértékére.

eltérések genetikai hátterét számszerűsítették; másrészt pedig egy új, mikrobiomadatokon és metagenomikai rokonsági mátrixon alapuló modellt az ún. **mikrobiabilitás ( $m^2$ -érték)** meghatározására. Az utóbbi mutató **azt fejezi ki, hogy a  $\text{CH}_4$ -kibocsátás fenotípusos varianciájának mekkora hányada magyarázható a mikrobiális közösség taxonómiai összetételével.** Például a 0,15-os mikrobiabilitási érték azt jelzi, hogy az állatok  $\text{CH}_4$ -kibocsátásában megfigyelhető eltérések 15%-a köthető a mikrobiális profilhoz.



**2. ábra:** Holstein-fríz tehének ( $n = 750$ ) bendőjében előforduló metanogén archeák taxonómiai kapcsolatai (A) és nemzetségeik relatív előfordulási gyakorisága (B) – egy hálózatelemzés eredményei



Forrás: Ye és mtsai. (2025).

Fontos azonban hangsúlyozni, hogy a mikrobiabilitás – bár értelmezése az örökölhetőség logikáját követi – nem azonos a klasszikus örökölhetőséggel, amely azt fejezi ki, hogy egy adott fenotípus populációs variációjának mekkora hányada tulajdonítható az állatok genetikai állományának. A mikrobiabilitás

ezzel szemben a gazdaszervezet genotípusának a mikroorganizmus-közösség összetételére és az egyes fajok előfordulási gyakoriságára gyakorolt közvetlen és közvetett hatásait tükrözi, amelyek így az enterális  $\text{CH}_4$ -kibocsátást is befolyásolják.

**Táblázat:** Az örökölhetőség és a mikrobiabilitás jellemzői

| Tulajdonság                              | Örökölhetőség ( $h^2$ )                   | Mikrobiabilitás ( $m^2$ )                                              |
|------------------------------------------|-------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------|
| <b>Értelmezés</b>                        | Fenotípusos variancia genetikai hányada   | Fenotípusos variancia mikrobiális hányada                              |
| <b>Mért tényező</b>                      | Állat genomja                             | Bendőben élő mikrobiális közösség összetétele                          |
| <b>Hatás eredete</b>                     | Gazdaszervezet DNS-e                      | Gazdaszervezet által befolyásolt, részben független mikrobiális profil |
| <b>Számítás alapja</b>                   | Genetikai variancia/fenotípusos variancia | Mikrobiom-variancia/fenotípusos variancia                              |
| <b>Alkalmazás a tenyésztésben</b>        | Tenyészértékbecslés klasszikus mutatója   | Mikrobiom-alapú kiegészítő indikátor                                   |
| <b>Példák a vizsgált tulajdonságokra</b> | Tejhozam, testtömeg, termékenység         | $\text{CH}_4$ -kibocsátás, takarmányhasznosítás, egészségi állapot     |
| <b>Jellemző értéktartomány</b>           | 0,1–0,5 (tulajdonságtól függően)          | 0,1–0,3 (kutatási adatok alapján)                                      |

A mikrobiabilitás fogalmának használata lehetőséget teremt az enterális  $\text{CH}_4$ -termeléssel összefüggő mikrobiális hatások kvantitatív elemzésére. Gyakorlati jelentősége három pontban foglalható össze:

1. Újszerű szelekciós megközelítések alkalmazását teszi lehetővé – A szelekció fókusza immár nemcsak szarvasmarhák genetikai állományára korlátozódhat, hanem kiterjedhet az állati szervezet és a bendőmikrobiom közötti kölcsönhatásokra is. Ez megvalósulhat közvetlenül, a mikrobiális közösség összetételének és aktivitásának célzott alakításával (például a  $\text{CH}_4$ -termeléssel kapcsolatba hozható

taxonok arányának módosításával), vagy közvetve, az állatok genomjára irányuló szelekció révén.

2. Elősegíti a gazdaszervezet és a mikrobióta közötti kapcsolat mélyebb megértését – Különös jelentőséggel bír annak feltárása, hogy a szarvasmarhák genetikai adottságai miként befolyásolják a bendő mikrobapopulációjának összetételét és aktivitását, valamint az egyes mikroorganizmusok jelenléte és tevékenysége milyen hatást gyakorol az emésztés hatékonyságára, illetve a  $\text{CH}_4$ -kibocsátás szintjére.
3. Megalapozza a mikrobiomprofilok integrálását a





tenyésztértébecslésbe – Lehetővé válik például a metanogenezissel kapcsolatba hozható mikrobataxonok előfordulási gyakoriságának figyelembevétele, ami új távlatokat nyit a genetikai szelekcióban.

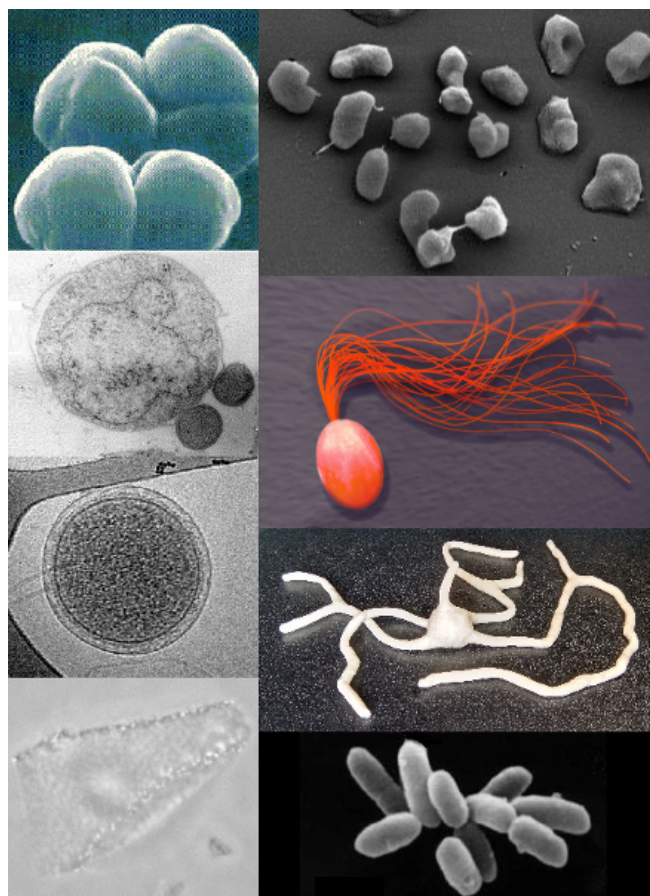
Difford és mtsai. (2018) 16S rRNS-alapú vizsgálatukban több olyan mikrobiális taxont azonosítottak, amelyek bendőbeli aránya szignifikáns kapcsolatot mutat a szarvasmarhák enterális  $\text{CH}_4$ -kibocsátásának mértékével. Egyes taxonok relatív előfordulásának örökölhetőségi értéke a 0,17–0,25 tartományba esett; az archeák között domináns *Methanobrevibacter* nemzetségnél például 0,22 volt. Ez arra utal, hogy e csoportok bendőbeli gyakoriságát részben a szarvasmarhák genetikai állománya befolyásolja.

A kutatók több statisztikai modell segítségével tanulmányozták a  $\text{CH}_4$ -kibocsátás fenotípusos varianciájának forrásait. A kizárólag a szarvasmarhák genomjára épülő klasszikus egyedmodell 0,19-os  $h^2$ -értéket adott, vagyis a genetikai tényezők a  $\text{CH}_4$ -emisszió egyedi eltéréseinek 19%-át magyarázták. A metagenomikai rokonsági mátrixon – azaz a bendő mikrobaközösségének összetételén – alapuló modell ugyanakkor 15%-os mikrobiális hatást ( $m^2 = 0,15$ ) mutatott ki. Amikor Difford és mtsai. a genetikai és a mikrobiális tényezőket együttesen elemezték, a  $h^2$  értéke 0,21-re nőtt, az  $m^2$  viszont 0,13-ra csökkent; így a  $\text{CH}_4$ -kibocsátás fenotípusos varianciájának összesen 34%-a volt e két forráshoz köthető. A genetikai és mikrobiális hatások közötti korreláció azonban alacsony maradt ( $r < 0,1$ ), ami arra utal, hogy e tényezők egymástól független mechanizmusokon keresztül gyakorolnak hatást a  $\text{CH}_4$ -termelésre. A  $\text{CH}_4$ -kibocsátás tehát bizonyos mértékben genetikai szelekcióval – a bendőmikrobióta célzott manipulálása nélkül is – csökkenthető.

Hasonló megközelítést alkalmaztak Ramayo-Caldas és mtsai. (2019) is, akik 16S rRNS-szekvenálással elemezték 65 holstein-fríz tehén bendőmikrobiomját. **A mikroorganizmusokat a 16S rRNS gén szakaszainak szekvenciahasonlósága alapján ún. „technikai” taxonómiai egységekbe (operational taxonomic units, OTU-k; lásd ezekről a zölddel kiemelt szöveget) sorolták,** majd statisztikai módszerekkel vizsgálták az egyes taxonómiai egységek relatív arányának összefüggését a tehének napi  $\text{CH}_4$ -kibocsátásával, illetve  $\text{CH}_4$ -hozamával (egységnyi szárazanyag-

felvételre vetített  $\text{CH}_4$ -emissziójával). Összesen 86 olyan bakteriális OTU-t azonosítottak, amelyek gyakorisága szignifikáns kapcsolatot mutatott a  $\text{CH}_4$ -termelés mértékével, így ezek potenciális biomarkerként szolgálhatnak a tehének emissziós szint szerinti elkülönítésére. A magasabb  $\text{CH}_4$ -hozamot olyan mikrobiomprofilokkal társították, amelyekben az átlagosnál nagyobb arányban fordultak elő a hidrogéntermelő baktériumok (különösen a *Ruminococcaceae*, a *Christensenellaceae* és a *Lachnospiraceae* családok képviselői), míg az alacsonyabb  $\text{CH}_4$ -hozamú egyedek esetében a hidrogénfogyasztó, de nem metanogén baktériumok, például a *Succinivibrionaceae* család tagjai voltak viszonylag gyakoribbak.

**3. ábra:** Metanogén archeák mikroszkóp alatt: formai és funkcionális sokféleség



Forrás: Mauricio Lucioni Maristany.

A kutatók emellett egy ún. mikrobiom-rokonsági mátrixot is készítettek, amely az állatok bendőmikrobiom-összetételének hasonlóságát számszerűsíti az OTU-k és a fajsztű mikrobiális arányok alapján, függetlenül attól, hogy ez a hasonlóság a gazdaszervezet genetikai hatásának, a takarmányozásnak vagy más tényezőknek köszönhető. A mátrixot a genomikai modellekhez hasonló módon használták annak becslésére, hogy az enterális  $\text{CH}_4$ -kibocsátás egyedek



közötti eltéréseinek mekkora hányada tulajdonítható a mikroorganizmus-közösség összetételének. Az eredmények szerint a mikrobiális komponens a napi  $\text{CH}_4$ -kibocsátás, illetve a  $\text{CH}_4$ -hozam fenotípusos variációjának 16–18%-át, míg a gazdagenom a 14%-át magyarázta. (A szakirodalmi források által közölt,

egymástól eltérő százalékos arányok több tényezőre vezethetők vissza, például a vizsgált egyedek genetikai hátterének, laktációs vagy egészségi állapotának, takarmányozási és tartási körülményeinek, valamint az alkalmazott módszerek és statisztikai modellek különbségeire.)

Az OTU-k a mikrobiom-vizsgálatok során alkalmazott, mesterségesen létrehozott taxonómiai csoportok, amelyek gyakran fajszintű felbontást biztosítanak, noha nem minden esetben feleltethetők meg konkrét, tudományosan leírt fajoknak. Ezekbe a csoportokba azokat a mikroorganizmusokat sorolják, amelyek DNS-szekvenciája nagyfokú – például legalább 97%-os – hasonlóságot mutat. Az OTU-k alkalmazása lehetővé teszi a mikrobiális közösségek összetételének, relatív gyakoriságának és feltételezett funkcióinak összehasonlítását, különösen akkor, ha a pontos fajszintű azonosítás nem kivitelezhető. A cikkünk első részében ismertetett 16S rRNS-elemzésekben is többnyire az OTU-k szolgáltak alapul a taxonómiai profilozáshoz; segítségükkel következtetni lehetett arra, hogy mely mikrobák vehetnek részt például a rostbontásban vagy a  $\text{CH}_4$ -termelésben.

Fontos azonban megjegyezni, hogy mivel az OTU-k képzése kizárólag a DNS-szekvenciák hasonlóságára támaszkodik, az ily módon kapott eredmények érzékenyek lehetnek a szekvenálási (tehát a nukleotidsorrend meghatározása során előforduló) hibákra, funkcionális értelmezésük pedig többnyire indirekt következtéseken nyugszik (Nguyen és mtsai., 2016).

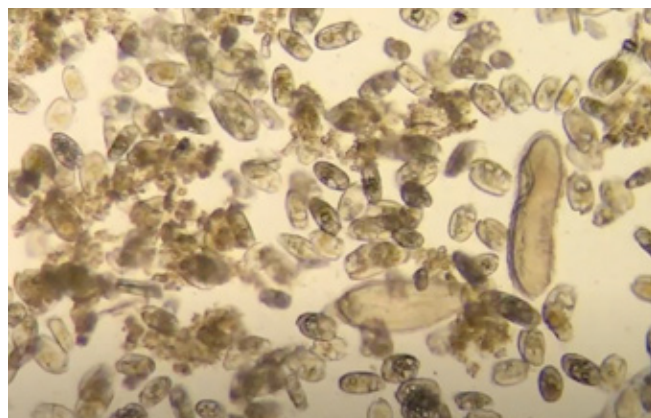
Napjainkban az OTU-alapú megközelítéssel szemben egyre inkább előtérbe kerülnek az ún. ASV-módszerek, amelyek az egyes szekvenciaszakaszokat nem hasonlóság alapján csoportosítják, hanem önálló egységként kezelik. (ASV: amplicon sequence variant – PCR-rel felszaporított DNS-szakaszok egyedi szekvenciaváltozata.) Ez a módszer nagyobb felbontást és pontosabb mikrobiomprofil-meghatározást eredményez, ami különösen fontos a  $\text{CH}_4$ -kibocsátás mérséklését célzó szelekciós programok szempontjából.

## Mikrobiális gének és szelekciós lehetőségek

A bendőmikrobiom vizsgálata túlmutat a taxonómiai összetételén, hiszen legalább ennyire fontos annak funkcionális jellemzése is: nemcsak az számít, hogy mely mikroorganizmusok találhatók a bendőben, hanem az is, hogy ezek milyen genetikai információt hordoznak, illetve génjeik mennyire aktívak.

Roehe és mtsai. (2016) a már említett metagenomikai vizsgálatuk során több ezer mikrobiális gént azonosítottak, köztük legalább 20 olyat – például **mcrA** és **fmdB** (lásd az ezekre vonatkozó, zölddel kiemelt szöveget) –, amelyek kifejezetten a  $\text{CH}_4$ -termeléssel hozhatók összefüggésbe. **E gének expressziós szintje szignifikáns kapcsolatban állt a tehének tényleges  $\text{CH}_4$ -kibocsátásával, és egyedenként eltérő mintázatot követett,** így „funkcionális mikrobiom-ujlenyomatként” alkalmas lehet az emissziós szint előrejelzésére. A kutatás rávilágított: **az enterális  $\text{CH}_4$ -kibocsátás mértékét elsősorban nem a mikrobaközösség fajösszetétele, hanem a mikrobiális génaktivitás – és ennek**

**révén különösen a metanogenezisben szerepet játszó enzimek kifejeződése, valamint az ezekhez kapcsolódó anyagcsere-folyamatok lefolyása – határozza meg.** A génexpressziós mintázatok a  $\text{CH}_4$ -emisszió variációjának mintegy 81%-át magyarázták. A mikroorganizmusok génexpressziója emellett a gazdaszervezet genetikai állományával is statisztikailag igazolható összefüggésbe hozható, ami lehetőséget kínálhat az enterális  $\text{CH}_4$ -termelés genetikai úton történő, közvetett mérséklésére.



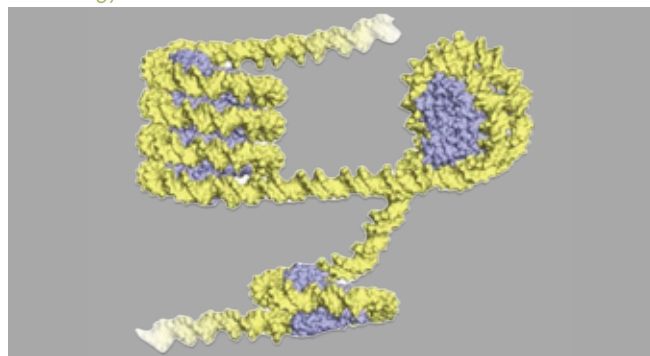
A *mcrA* gén a metil-koenzim M-reduktáz enzimkomplex egyik alegységét kódolja, amely a metanogenezis utolsó, kulcsfontosságú lépését katalizálja. Ez az enzimkomplex kizárólag az archeákra jellemző, így a *mcrA* gén az egyik legmegbízhatóbb molekuláris marker a metanogén szervezetek kimutatására. Emellett a CH<sub>4</sub>-képző folyamatok aktivitásának és a metanogén közösségek diverzitásának vizsgálatára (pl. a PCR-elemzésekben) is alkalmazható.

A *fmdB* gén a formil-metanofurán-dehidrogenáz enzimkomplex egyik alegységének kódolásáért felel, amely részt vesz a szén-dioxid (CO<sub>2</sub>) formilcsoporttá történő redukciójában. E folyamat kulcsszerepet tölt be a hidrogént és CO<sub>2</sub>-ot felhasználó CH<sub>4</sub>-képződés elindításában. A *fmdB* gén expressziója ezért megbízható indikátora a metanogén aktivitásnak és a CH<sub>4</sub>-termelési potenciálnak.

A bendőmikrobiom és a gazdaszervezet genotípusa közötti kapcsolatot tovább árnyalja Martinez-Alvaro és mtsai.-nak (2022) shotgun metagenomikai elemzése, amely a szarvasmarhák bendőmikrobiomjának teljes genetikai állományára irányult. A kutatás során 1107 mikrobiális nemzetséget és 1141 mikrobiális gént azonosítottak. Ezek közül 194 nemzetség és 337 gén előfordulási gyakorisága esetében találtak statisztikailag igazolható kapcsolatot az állatok genomjával, továbbá 29 nemzetség és 115 gén esetében mutattak ki szoros genetikai korrelációt az enterális CH<sub>4</sub>-kibocsátással (a korrelációs koefficiensek értéke 0,59-től 0,93-ig terjedt).

A tanulmány kiemeli, hogy a metanogenezissel összefüggő mikrobiális gének közül csupán egy, a *cofG* kapcsolódik közvetlenül a CH<sub>4</sub>-képződés metabolikus mechanizmusaihoz. A többi gén közvetett módon befolyásolja a CH<sub>4</sub>-termelést, például szubsztrátok

4. ábra: Egy archea-DNS



Megjegyzés: Az archeák DNS-e – a növényekhez és állatokhoz hasonlóan – hisztonfehérjékhez kapcsolódva tekeredik fel, ami hozzájárul a genetikai anyag kompakt sejtben belüli elrendeződéséhez (a DNS sárgával, a hisztonfehérjék lilával jelölve).  
Forrás: Mattioli felvétele – közli: Temming (2017).

biztosításával az archeák számára (*bcd* és *pccB* gének), a mikrobiális közösségek közötti kommunikációs mechanizmusokon keresztül (*ABC.PE.P*), valamint a gazdaszervezet és a mikrobiom közötti interakciókban betöltött szerepük révén (*TSTA3*).

A *cofG* gén a koenzim F420 bioszintéziséhez szükséges fehérjét kódolja. (A koenzimek az enzimek működését segítő, kisméretű molekulák.) Az F420 elektrontranszporterként kulcsszerepet tölt be a metanogenezis több reakciójában. Hiánya vagy működési zavara jelentősen csökkenheti vagy leállíthatja a CH<sub>4</sub>-képződést.

A *bcd* gén az anaerob fermentációs folyamatokban, különösen a vajsav- (butirát-) képzésben részt vevő butiril-CoA-dehidrogenáz enzim szintézisét szabályozza. A butirát keletkezése során felszabaduló hidrogént többek között a metanogének hasznosítják, így e gén jelenléte és expressziója közvetett módon serkenti a mikrobák CH<sub>4</sub>-termelését.

A *pccB* gén a propionil-CoA-karboxiláz enzim  $\beta$  alegységét kódolja, amely több metabolikus útvonalban is szerepet kap. A keletkező köztes termékek (intermedierek) és koenzimek módosíthatják a bendőmikrobiom összetételét és aktivitását, közvetetten befolyásolva ezáltal a metanogenezist.

Az *ABC.PE.P* gén az ABC-transzporter-permeáz szintézisét irányítja. E membránfehérje különféle anyagok – például a peptidek és a fémionok, köztük a metanogén archeák enzimjeinek működéséhez szükséges nikkel – transzportját végzi a sejtmembrán két oldala között.

A *TSTA3* gén a GDP-L-fukóz-szintáz enzim előállításához szükséges genetikai információt hordozza, amely egy sejt felszíni cukormolekula (pontosabban egy nukleotid-cukor), a GDP-L-fukóz szintézisének utolsó lépéséért felelős. A GDP-L-fukóz számos összetett vegyület építőeleme, amelyek a sejtek közötti kommunikációban, az





immunválaszokban, valamint a mikrobiális közösségek szerveződésében játszanak szerepet. A TSTA3 gén működése így indirekt módon befolyásolhatja a gazdaszervezet és a mikrobiom kapcsolatát, illetve hatással lehet a bendő mikrobiális egyensúlyára és a  $\text{CH}_4$ -termelésre.

Martinez-Alvaro és mtsai. (2022) megállapították, hogy a szarvasmarhák genomja hatással van a bendőmikrobiom funkcionális összetételére, ami új lehetőségeket kínál az enterális  $\text{CH}_4$ -kibocsátás genetikai úton történő mérséklésére. Eredményeik szerint a mikrobiális gének előfordulási gyakoriságának figyelembevétele hatékonyabb tenyésztési stratégia lehet, mint a közvetlen  $\text{CH}_4$ -mérésen alapuló szelekció, mivel az előbbi akár 17%-os, az utóbbi pedig 13%-os kibocsátáscsökkenést eredményezhet generációnként.

Számos tanulmány igazolta, hogy bizonyos mikrobiális jellemzők – köztük egyes taxonok bendőbeli arányai – számottevő, részben genetikailag meghatározott egyedi variabilitást mutatnak. A bendőmikrobiom összetétele tehát nem véletlenszerű, a szarvasmarhák genomja által is befolyásolt, ami lehetőséget teremt annak célzott, genetikai alapú alakítására. Ugyanakkor nem hagyható figyelmen kívül, hogy a gazdaszervezet genetikai háttere csupán részben magyarázza a mikrobapopuláció szerveződését; arra hatással vannak egyéb tényezők is – mindenekelőtt a takarmányozás –, továbbá lényeges szerepet játszik benne a mikrobiom nemgenetikai átadása (például az ellést követő anyai kolonizáció révén), valamint a korai életperiódusban zajló mikrobiális fejlődési folyamatok. Az utóbbi tényezők pontos hatásmechanizmusai azonban még nem teljesen tisztázottak.

A bendőben élő mikroorganizmus-közösség – változatossága ellenére – jellemzően stabil összetételt és visszatérő génexpressziós mintázatokat mutat, amelyek markánsan befolyásolják az enterális  $\text{CH}_4$ -termelés mértékét. A fermentációs folyamatok szempontjából nemcsak az egyes fajok jelenléte és relatív gyakorisága meghatározó, hanem az is, hogy közülük melyek vesznek részt ténylegesen a lebontási és energiahasznosítási reakciókban: milyen gének aktiválódnak, milyen enzimek szintetizálódnak, illetve mely biokémiai utak válnak dominánssá.

Az ismertett kutatási eredmények rávilágítanak arra, hogy a mikrobiom és a gazdaszervezet genotípusa közötti kapcsolat feltárása új irányokat nyithat meg az enterális  $\text{CH}_4$ -kibocsátás csökkentését célzó

Fontos azonban, hogy a mikrobiom célzott befolyásolása során ne sérüljön a bendő mikrobiális egyensúlya. **A metanogén archeák számának visszaszorítása önmagában nem lehet cél, hiszen a bendő stabil működése elengedhetetlen a zavartalan fermentációs folyamatokhoz és a hatékony takarmányhasznosításhoz.** A szelekciós programok kidolgozásakor ezért mindenkor figyelembe kell venni a bendőökoszisztéma stabilitását, valamint a mikrobiális közösségek közötti komplex kölcsönhatásokat is.

tenyésztési stratégiák előtt. Bár a mikrobiom-alapú szelekció jelenleg még elsősorban a kutatások körébe tartozik, az egyre élénkebb tudományos és szakmai érdeklődés, valamint a folyamatosan bővülő vizsgálati eredmények megalapozhatják e megközelítés gyakorlati alkalmazását. A legújabb vizsgálatok megerősítik, hogy a  $\text{CH}_4$ -termelés mögött húzódó genetikai variabilitás lehetővé teszi e tulajdonság tenyésztési úton történő mérséklését, és több ígéretes, mikrobiális vagy gazdagénhez kapcsolódó molekuláris célpont is azonosításra került. Ugyanakkor a hatékony szelekció alapja a megbízható fenotípusos adatokon nyugvó, kellően nagy egyedszámú populációk vizsgálata, amely jelenleg nem csekély módszertani és logisztikai kihívásokkal jár. E nehézségek leküzdése elengedhetetlen a mikrobiom-alapú szelekciós programok sikeres megvalósításához.

