



GENETIKA A METÁNCSSÖKKENTÉS SZOLGÁLATÁBAN IV.

JOBB TAKARMÁNYHASZNOSÍTÁS, KEVESEBB METÁN (FOLYTATÁS)

Szakértő
munkatársunk írása
Állattenyésztési
Teljesítményvizsgáló Kft.

Partnertájékoztató Hírlevelünk előző számában megkezdett témát folytatva először egy kevésbé ismert, ám ígéretes takarmányhasznosítási mutatóval, a takarmányértékesítési teljesítménnyel foglalkozunk, amely kvantitatív alapként szolgálhat a célzott genetikai szelekcióhoz. Majd három nemzetközi vizsgálat eredményein keresztül azt

mutatjuk be, hogy a bendőmikrobiom összetétele és működése miként befolyásolja a szarvasmarhák takarmányhasznosítását, illetve hogyan segíthetik e jellemzők a szelekciós programok kialakítását és továbbfejlesztését, az enterális metán- (CH_4 -) kibocsátás mérséklésének szempontját is figyelembe véve.

Takarmányértékesítési teljesítmény

Richardson és mtsai. (2020) egy új szelekciós kritérium, a takarmányértékesítési teljesítmény (feed performance, FP) bevezetését javasolják. **A FP azt mutatja meg, hogy egy első laktációs tehén genetikai adottságai révén mennyivel hatékonyabban képes a felvett takarmányt tejtermelésre fordítani a populáció átlagához vagy egy előre meghatározott bázishoz viszonyítva.** A +1 FP-egység azonos tejhozam mellett átlagosan mintegy 1 kg-mal kisebb szárazanyag-felvételt (dry matter intake, DMI) jelent. A mutató lehetővé teszi az állatok rangsorolását, és segítségével egyértelműen megkülönböztethetők a takarmányt hatékonyabban, illetve gyengébben hasznosító egyedek.

Mivel az első laktációban megfigyelt genetikai előny a további laktációkban is fennmarad, a FP-index arra is alkalmas, hogy használatával előre jelezzük, milyen mértékű kumulatív takarmányfelhasználás- és enterális CH_4 -kibocsátás-csökkenés érhető el a tehének hosszú hasznos élettartama során. Richardson és mtsai.-nak (2020) modellje szerint a +1 FP-egység átlagosan 3,23 kg kumulatív DMI-megtakarítást és mintegy 55 grammal alacsonyabb CH_4 -kibocsátást eredményezhet egy tehén termelésben töltött ideje alatt, ha a CH_4 -hozamot (g CH_4 -kibocsátás/kg DMI) konstansnak tekintjük.

Bár ezek az értékek önmagukban csekélyek, a genetikai variancia figyelembevételével már jelentősebb



különbségek adódnak. Ha a DMI örökölhetőségi (h^2 -) értéke 0,30, fenotípusos variációs együtthatója (CV_p) pedig 15% – vagyis az egyedek közötti eltérések az átlagos DMI mintegy 15%-át teszik ki –, továbbá feltesszük, hogy a FP-index önállóan e genetikai variancia kb. 25%-át magyarázza (míg a fennmaradó rész más tulajdonságokhoz kapcsolódó hatásokhoz köthető), akkor a populáció FP-index szerinti legjobb és leggyengébb 5%-ába tartozó (az átlagtól kb. ± 2 szórásnyira eső) tehenek takarmányfelvétele között átlagosan 456 kg, enterális CH_4 -kibocsátásukban pedig 7,7 kg különbség halmozódhat fel a teljes élettartamuk során.

A FP-indexre épülő, enterális CH_4 -becsléssel kiegészített genetikai szelekció fő lépései a következők:

1. a takarmányhasznosítás precíz mérése az első laktáció során; ez képezi a genetikai modell alapját;
2. a feltárt genetikai különbségek projektálása a teljes életciklusra, vagyis annak számszerűsítése, hogy az előnyös genetikai háttérrel rendelkező egyedek későbbi laktációiban mekkora kumulatív takarmánymegtakarítás érhető el;
3. genetikai szelekció a hosszú hasznos élettartamra kiterjesztett FP-érték alapján;
4. az enterális CH_4 -kibocsátás várható csökkenésének meghatározása a kiválasztott egyedek takarmányhasznosításának figyelembevételével, konstans CH_4 -hozamot feltételezve.

A FP-index értelmezését és összehasonlíthatóságát nagymértékben segíti, ha nem „nyers” formában alkalmazzuk, hanem az állatok teljes energiaigényére korrigált, standardizált tenyésztésként (Meyer és mtsai., 2017). Ez a megközelítés lehetővé teszi az állatok objektív összehasonlítását, és biztosítja, hogy a mutató különböző állományokban és időszakokban is megbízhatóan alkalmazható, a szelekciós indexekbe pedig beépíthető legyen.

Fontos szempont, hogy a nagyobb tejhozamra irányuló genetikai szelekció – a tejtermelés növekedésével együtt járó magasabb DMI miatt – általában a tehenek napi enterális CH_4 -kibocsátásának emelkedésével jár. Az utóbbi közvetlen mérséklése, bár elsőre kézenfekvőnek tűnhet, a tejhozam visszaesését vonhatja maga után, így a fajlagos kibocsátás ($g\ CH_4/kg\ tej$) sem feltétlenül javul. Ráadásul ilyenkor ugyanannyi tej megtermeléséhez több tehenre van szükség, ami növeli a telepi takarmány-, munka- és trágyakezelési igényeket. A nagyobb tejhozamhoz kapcsolódó magasabb napi CH_4 -termelés azonban nem mond ellent a fajlagos hatékonyságra vonatkozó korábbi megállapításainknak: a termelékenyebb tehenek takarmányértékesítése a szerényebb teljesítményű társaikénál sokszor kedvezőbb, mert bár DMI-jük nagyobb, az egységnyi termelt tejre jutó energiafelhasználásuk és CH_4 -kibocsátásuk (azaz a CH_4 -intenzitásuk) – a létfenntartási energiaszükséglet viszonylagos állandósága miatt – kisebb lehet. Következésképp a fajlagos CH_4 -kibocsátás a tejtermelés növekedésével mérséklődhet, még akkor is, ha az abszolút CH_4 -termelés emelkedik. Ezért szelekciós célként nem a napi CH_4 -kibocsátás mérséklésére, hanem a takarmányhasznosítás hatékonyságát javító tulajdonságok genetikai fejlesztésére érdemes törekedni. Így valós takarmánymegtakarítás és alacsonyabb CH_4 -intenzitás érhető el hozamvesztés nélkül.



Mikrobiális hatások a takarmányhasznosítás hátterében

A takarmányhasznosítás hatékonyságát számos tényező együttesen határozza meg. Ezek közé tartozik például a takarmányozás (az adag fizikai szerkezete, emészthetősége és minősége, az ivóvízellátás stb.), a szarvasmarhák élettani státusza (életkora, szaporodásbiológiai állapota, laktációs stádiuma stb.), egészségi állapota és genotípusa, a tartástechno-

lógia, az állatkomfort, valamint – kiemelt jelleggel – a bendőmikrobióta is, amelynek fajösszetétele, funkcionális kapcsolatrendszere és metabolikus aktivitása egyaránt meghatározó. Hálózatelemzések szerint a különböző takarmányértékesítési szintű egyedek bendőjében jellegzetesen eltérő mikrobiális interakciós mintázatok figyelhetők meg.



Xue és mtsai. (2022) metagenomikai, metatranszkriptomikai és metabolomikai adatok integrálásával próbálták feltárni a bendőmikrobiom néhány olyan új sajátosságát, amelyek összefüggést mutatnak a tejelő tehenek takarmányhasznosítási képességével. (E három kutatási irányról lásd a zölddel kiemelt szöveget.) Egy kínai holstein-fríz állományból ($n = 323$) 60, a laktációjuk középső szakaszában termelő egyedeket vizsgáltak. Az állatokat 35 kg/nap tejtermelésre (3,25%-os fehérjetartalomra) optimalizált TMR-adaggal etették, majd a fajlagos takarmányfelhasználásuk (feed conversion ratio, FCR: kg DMI/kg 3,5% zsírtartalomra korrigált tejhozam) alapján rangsorolták. A szélsőértékeket képviselő tehenek közül 18-18 egyedeket vontak be a mélyrehatóbb elemzésekbe. Bár a nagy (NH) és a kis hatékonyságú (KH) egyedek DMI-je hasonló volt, a NH-csoport tagjai lényegesen több tejet termeltek, és így alacsonyabb FCR-értéket értek el. Ez arra utal, hogy a takarmányhasznosítási hatékonyságbeli különbségek – az egyedi genetikai és fiziológiai eltéréseken túl – elsősorban a bendőben zajló fermentációs és metabolikus folyamatok eltéréseire vezethetők vissza.



A **metagenomika** egy adott környezetben (pl. bendőben, talajban, vízben) élő mikrobiális közösség örökítőanyagának (DNS-állományának) feltérképezésére szolgáló módszer. Segítségével meghatározható, hogy milyen mikroorganizmusok fordulnak elő az adott közegben, és azok milyen génkészlettel rendelkeznek – vagyis a genetikai állományuk alapján milyen biológiai funkciók ellátására alkalmasak.

A **metatranszkriptomika** ezzel szemben azt vizsgálja, hogy a mikrobaközösség genetikai állományából egy adott időpillanatban mely gének fejeződnek ki aktívan (mely génekről íródnak át hírvivő [messenger-] RNS-ek). Így képet ad a mikrobiális közösség tényleges működéséről, például arról, hogy milyen anyagcsere-folyamatok zajlanak éppen a bendőben.

A **metabolomika** a fermentáció és az anyagcsere végtermékeire, a metabolitokra összpontosít. Célja a kis molekulájú vegyületek mennyiségi és minőségi elemzése. A bendőbeli metabolitprofil közvetlen információt nyújt a fermentáció irányáról és hatékonyságáról.

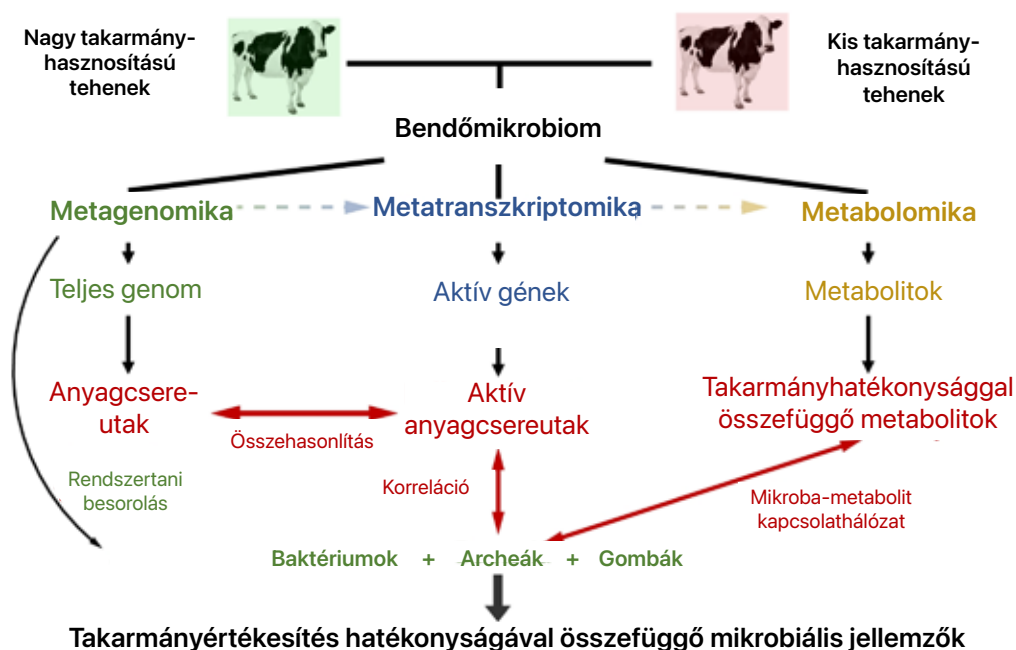
A bendőtartalom metagenomikai elemzése során Xue és mtsai. 62 bakteriális törzset azonosítottak, amelyek 1 339 nemzetségbe és 5 362 fajba tartoznak. Az archeáknál 6 törzset, 49 nemzetséget és 117 fajt, míg a gombaközösségben 10 törzset, 120 nemzetséget, illetve 146 fajt detektáltak. A kimutatott taxonok közül csak néhány bizonyult dominánsnak (ezek legalább egy mintában 0,5%-ot meghaladó relatív gyakoriságot értek el, előfordulási arányuk pedig az összes mintában meghaladta a 20%-ot).

A domináns bakteriális törzsek aránya nem különbözött szignifikánsan a két tehencsoport között,

nemzetségszinten viszont szembetűnő eltérések jelentkeztek. Például a *Selenomonas* nemzetség tagjai nagyobb arányban fordultak elő a NH-tehenek bendőjében, míg az *Oscillibacter* képviselői a KH-egyedeknél voltak gyakoribbak. A *Selenomonas* fajok viszonylag csekély hidrogénfelszabadítás mellett olyan metabolitokat – elsősorban szukcinátot – termelnek, amelyek a propionát szintézisét segítik elő, csökkentve ezzel a metanogén archeák rendelkezésére álló hidrogénkinálatot. Az *Oscillibacter* fajokra jellemző fermentációs útvonalakon viszont több hidrogén képződik, ami kedvez a CH_4 -képződésnek.



1. ábra: A metagenomikai, metatranszkriptomikai és metabolomikai elemzések integrált munkafolyamata



Forrás: Xue és mtsai. (2022).

Az archeanemzetségek közül csak a hidrogénalapú metanogenezisben kulcsszerepet játszó *Methanobrevibacter* esetében mutattak ki statisztikailag igazolt különbséget: ez a KH-állatok bendőjében gyakrabban fordult elő. A gombataxonok esetében ugyanakkor a kutatók nem találtak szignifikáns eltérést a NH- és KH-állatok között.

A metagenomikai vizsgálatokat metatranszkriptomikai elemzések követték, amelyek összesen 358 funkcionális útvonalat azonosítottak. A ritka, kevésbé jellemző útvonalak kiszűrése után 193 maradt értékelhető, négy fő kategóriában: anyagcsere (49,2%), genetikai információfeldolgozás (29,9%), környezeti válaszok (13,1%) és sejtszintű mechanizmusok (7,8%). Bár a funkcionális diverzitás hasonló volt a két tehencsoportban, a 193-ból 34 útvonal a NH-egyedekben magasabb szintű génexpressziót mutatott. Továbbá hét kulcsenzimgénnél mértek náluk nagyobb mRNS-szintet: ezek közül öt a metanogenezissel versengő propionátképzési útvonalakhoz kapcsolódott (négy a szukcinát-, egy az akrilátúton), kettő pedig a hidrogéntermelő acetát- és butirátképzésben játszott szerepet. A KH-csoportban ezzel szemben három, metanogenezishez tartozó enzimgén volt aktívabb.

A kutatók asszociációs hálózatelemzést is végeztek annak feltárására, hogy mely bendőmikrobák állnak egymással pozitív vagy negatív kapcsolatban,

és e kapcsolatok milyen összefüggést mutatnak bizonyos anyagcsere-folyamatokkal, illetve a takarmányhasznosítás hatékonyságával. A vizsgálat fókuszában a baktériumok álltak, amelyek kulcsszerepet játszanak a takarmányfermentációban, az oldható monomerek (cukrok, aminosavak) és a másodlagos fermentációs termékek (például laktát, szukcinát, hidrogén) hasznosításában, aktivitásuk és kölcsönhatásaik pedig döntően befolyásolják a gazdaszervezet energiaellátását. Összesen 228 bakteriális kapcsolatot azonosítottak. A NH-hálózat sűrűbb (186 kapcsolat) és szervezettebb volt, főként pozitív korrelációkkal például a *Selenomonas* és más szukcinát-/propionátermelő nemzetségek (*Succinivibrio*, *Succinimonas*, *Ruminobacter*), továbbá a *Firmicutes* törzs tagjai között (utóbbiak fő fermentációs termékei a butirát, az acetát és a metanogén aktivitást serkentő hidrogén). Negatív kapcsolatok elsősorban a *Firmicutes* és a *Bacteroidetes* képviselői között jelentkeztek. A KH-csoportban a hálózat egyszerűbbnek (99 kapcsolat) és kevésbé strukturáltnak bizonyult; itt a *Firmicutes* tagjai egymással pozitívan, a *Prevotella* nemzetséggel pedig negatívan korreláltak. Ez utóbbi mintázat a KH-egyedek mikrobaközösségének NH-állatokhoz képest eltérő szervezethez és a takarmányenergia kevésbé hatékony hasznosítására utal.

A baktériumnemzetségek és a takarmányértékesítéshez köthető aktív funkciók között 16 pozitív és 24 negatív korrelációt azonosítottak. A pozitív kapcsolatok



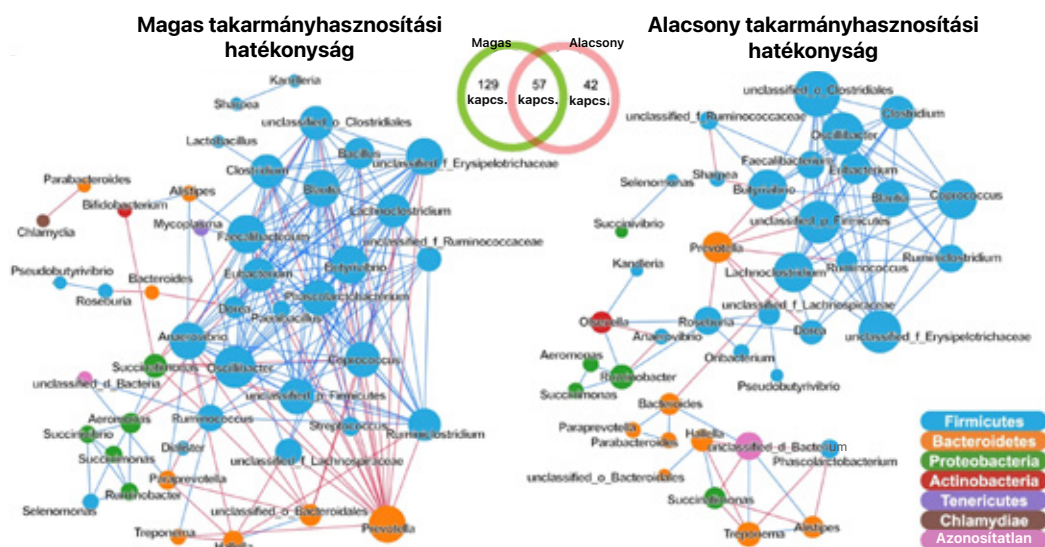
(16-ből 15) elsősorban a propionáttermelő (*Succinivibrio*, *Succinimonas*, *Ruminobacter*, *Aeromonas* és *Succinatimonas*) nemzetségeket kötötték össze a különféle szénhidrátanyagcsere-utakkal, megerősítve e csoportok szerepét a hidrogén szukcinát- és propionátképzés irányába való terelésében, valamint az energiaveszteségek mérséklésében. A negatív korrelációk többsége viszont más nemzetségekhez társult; ezek és a kapcsolódó metabolikus folyamatok együttese kevésbé hatékony energiahasznosítással járt, mivel a hidrogén nagyobb hányada hasznosult a metanogenezisben.

Összességében a NH-csoportban megfigyelt aktív funkciók és asszociációs mintázatok egyaránt arra utalnak, hogy e teheneknél a szénhidrát-fermentáció összehangoltabb; a keletkező hidrogén számottevő

részét a mikrobiális közösség és a metabolikus hálózat a propionátképzés felé tereli, mérsékelve ezáltal a CH_4 -termelést. Ez összhangban áll azzal, hogy a metanogenezishez kapcsolódó útvonalak aktivitása a KH-csoportban volt kifejezettebb.



2. ábra: Bendőbaktériumok asszociációs hálózata eltérő takarmányhasznosítási hatékonyságú holstein-fríz tehének esetében



Megjegyzés: Unclassified – azonosítatlan vagy nem pontosan besorolt taxonok. Az ábra a szignifikáns ($p < 0,05$) kapcsolatok hálóját mutatja. A kék élek pozitív, a pirosak negatív kapcsolatokat jeleznek. A csomópontok mérete a baktériumok átlagos előfordulási arányát tükrözi.

Forrás: Xue és mtsai. (2022).

A metabolomikai elemzés során Xue és mtsai. összesen 284 metabolitot detektáltak a bendőtartalomban, amelyekből 31 mutatott szignifikáns összefüggést a FCR-rel ($p < 0,05$). Gépi tanulási algoritmus segítségével végül hat kulcsfontosságú metabolitot emeltek ki (tejsav, 5-aminovaleriánsav, 2,4-diamino-vajsav, laurinsav, 4-hidroxi-vajsav, 2-hidroxi-valeriánsav), amelyek kombinációjával 95%-os pontossággal tudták előre jelezni az állatok takarmányhasznosítási szintjét: 9 NH-tehénből 8-at, míg 9 KH-állatból 6-ot soroltak be ily módon helyesen.

A kutatás fő üzenete az, hogy **a hatékonyabb takarmányhasznosítású tehének bendőmikrobiomja nem feltétlenül a fajösszetételben, hanem inkább a**

**működésben (funkciók, génexpresszió, metabolitok)
különbözik a gyengébben hasznosítóktól.**

Roehe és mtsai. (2016) kontrollált, légzőkamrás kísérletben vizsgálták a szarvasmarhák takarmányhasznosítását, enterális CH_4 -termelésük gazdagetikai szabályozottságát és a metanogenezist befolyásoló tényezőket. Aberdeen angus és limousin apaságú ivadékcsoportok takarmányfelvételét, mikrobiális profilját és enterális CH_4 -kibocsátását hasonlították össze koncentrátum- (abrak-) és tömegtakarmány-alapú étrenden. Az aberdeen-angus egyedek napi CH_4 -kibocsátása (átlagosan 184 g/nap) szignifikánsan meghaladta a limousin egyedekét (164 g/nap), amit elsősorban a nagyobb

DMI-jük magyaráz. A takarmánytípus a bendő archea:baktérium arányát (koncentrátumon alacsonyabb), valamint az abszolút CH_4 -kibocsátást (tömegtakarmány > koncentrátum) is befolyásolta. Az ivadékcsoportok között számottevő különbségeket találtak mind a napi CH_4 -kibocsátásban (136–205 g/nap), mind a CH_4 -hozamban (13,7–21,6 g CH_4 /kg DMI), amelyek – mivel függetlenek voltak a fajtától és a takarmánytól – gazdaggenetikai hatásra utalnak. Ezt erősíti az is, hogy az állatok napi és DMI-re vetített fajlagos CH_4 -kibocsátásuk alapján felállított rangsorai közepesen erős korrelációt mutattak ($r = 0,6$).

A vizsgálat metagenomikai szakaszában Roehe és mtsai. 3 970 mikrobiális gént azonosítottak a bendőtartalomból. Ezek közül 49 szignifikánsan kapcsolódott a takarmányhasznosítás hatékonyságához (relatív gyakoriságuk fajta- és étrendhatásoktól függetlenül a FCR [kg felvett takarmány/kg testtömeg-gyarapodás] fenotípusos varianciájának

$\approx 85,5\%$ -át magyarázta), míg további 20 gén a CH_4 -kibocsátáshoz ($\approx 77,1\%$). Az előbbieket közé tartozott például a **TSTA3** és a **fucl**, az utóbbiak közé pedig a **mcrA** és a **fmdB**; előfordulásuk aránya megbízható indikátora volt az adott fenotípusnak. A két génhálózat funkcionálisan elkülönült, érdemi átfedés nélkül, jelezve, hogy bár **a takarmányhasznosítás és a CH_4 -termelés biológiailag összefügg, szabályozásuk eltérő mikrobiális mechanizmusokra és génkészletre épül.**



A **TSTA3** gén által kódolt GDP-L-fukóz-szintetáz a *de novo* fukózzsintézis utolsó lépésének kulcsenzimje. E folyamat terméke, az L-fukóz, a béltraktust borító nyálkaréteg (mucin) fontos komponense, amely befolyásolja a mikrobák tapadását és kolonizációját, közvetett hatást gyakorolva ezáltal a gazda-mikrobiom kölcsönhatásokra, a tápanyaglebontásra, valamint az állatok immunrendszerének működésére.

A **fucl** gén az L-fukóz-izomeráz enzim aminosavsorrendjét határozza meg, amely számos baktériumban (pl. *Bacteroides*, *Ruminococcus*) az L-fukóz L-fukulózzá alakításában vesz részt, elindítva a fukózlebontó útvonalat. Ez a katabolikus útvonal szén- és energiaforrást biztosít a mikrobiális közösség számára, különösen a mucineredetű cukrok hasznosítása során.

A **mcrA** gén a metil-koenzim-M-reduktáz (MCR) α -alegységét kódolja; ez az enzim katalizálja a metanogenezis utolsó lépését. Ezért a **mcrA** a metanogén archeák jelenlétének és aktivitásának egyik leggyakrabban alkalmazott molekuláris markere.

A **fmdB** gén a formilmetanofurán-dehidrogenáz egyik alegységének szintézisét szabályozza. Ez az enzim a hidrogénfüggő metanogenezis első lépését katalizálja, amelyben a szén-dioxid a CH_4 egy előanyagává alakul.

Zhou és mtsai. (2010) azt tanulmányozták, hogy miként módosítják a különböző energiatartalmú takarmányok 56 hereford $\times$ aberdeen angus hízbika bendőjének metanogén közösségét, és hogyan függnek össze e mintázatok a DMI-vel, a napi testtömeg-gyarapodással és a takarmányértékesítés hatékonyságával (FCR, reziduális takarmányfelvétel [RFI]), valamint áttetelese az egyedek CH_4 -termelésével. Az állatok 90 napig alacsony energiatartalmú (74% zab, 20% széna, 6% kiegészítő), majd további 90 napig magas energiatartalmú takarmányadagot kaptak (28,3% zab, 56,7% árpa, 10% lucernapellet, 5% kiegészítő). A RFI

alapján a bikákat három csoportba sorolták (magas, közepes és kis RFI; utóbbi utal a leghatékonyabb egyedekre).

A metanogén közösséget PCR-DGGE-vel (polymerase chain reaction – denaturing gradient gel electrophoresis: polimeráz láncreakció – denaturáló gradiens gélelektroforézis) profilozták, amely lehetővé teszi a fajon belüli törzs- és genotípus szintű különbségek azonosítását. (Ebben az összefüggésben a törzs egy adott mikrobiális fajon belüli, stabil genetikai sajátosságokkal bíró populációt vagy



izolátumot jelöl, amely más törzsekhez képest gyakran funkcionális eltéréseket mutat. A genotípus e törzsek szekvenciaszintű variánsára utal. A DGGE-sávok többnyire filotípusokat – azaz genetikai hasonlóságon alapuló mikrobacsoportokat – reprezentálnak, de előfordulhat komigráció [amikor különböző mikroorganizmusok DNS-fragmentumai azonos sávpozíciót adnak], illetve az is, hogy egy faj több sávval jelenik meg.) A takarmány típusa jelentős mértékben befolyásolta a DGGE-sávminiatúrákat: az alacsonyabb energiatartalmú adag esetében a *Methanobrevibacter ruminantium* NT7 dominált, míg magasabb energiaszinten a *M. smithii*, a *M. sp. AbM4* és/vagy a *M. ruminantium* NT7 került túlsúlyba. A metanogén közösség szerkezete mindkét takarmány-összetétel mellett szoros összefüggést mutatott a takarmányhasznosítási mutatókkal (FCR/RFI).



Egyes filotípusok elsősorban a takarmányadag összetételéhez (például *Methanobrevibacter* sp. AbM4, *M. smithii* SM9), **mások kifejezetten a takarmányhasznosításhoz kapcsolódtak** (*M. smithii* PS). A „10” jelű sáv – amelyet kezdetben a *M. ruminantium* NT7-hez soroltak, de filogenetikailag inkább a metanolból vagy metilált vegyületekből CH_4 -t képző *Methanospaera* fajokhoz áll közel – magasabb energiatartalmú adag esetében a RFI-vel és a DMI-vel, alacsonyabb energiatartalomnál pedig a RFI-vel és a FCR-rel korrelált, ami azt jelzi, hogy a metanogén közösség rugalmasan alkalmazkodik a takarmány összetételéhez, és funkcionális szerepe (energiahasznosítás, CH_4 -képzés) attól függően változik. Amennyiben a „10” sáv valóban a *Methanospaera*-hoz köthető, az az alternatív metanogenezis-útvonalak jelentőségét hangsúlyozza, hiszen nemcsak a domináns *Methanobrevibacter*,

hanem a ritkább *Methanospaera* fajok is hozzájárulhatnak a CH_4 -kibocsátás variabilitásához. Külön kiemelendő a ***Methanospaera stadmanae*-hoz köthető sáv**, amely gyakoribb volt az alacsony DMI-jű és kedvező (kis) RFI-értékű egyedekben. Ez azt sugallja, hogy bizonyos ritkább metanogén fajok – eltérő szubsztrátpreferenciájuk révén – nem feltétlenül növelik a CH_4 -kibocsátást, hanem egyes esetekben a takarmányhasznosítással is közvetlen, pozitív kapcsolatban állhatnak, így ígéretes célpontot jelenthetnek a szelekciós és CH_4 -csökkentési stratégiák számára.

Zhou és mtsai.-nak eredményei arra világítottak rá, hogy az enterális CH_4 -kibocsátás szintjét nem a metanogének abszolút sejt száma, hanem elsősorban a közösségük összetétele és a domináns filotípusok anyagcsere-sajátosságai befolyásolják. A PCR-DGGE-profilokban kimutatott eltérések többnyire törzs-/genotípusszinten jelentkeztek, és szoros kapcsolatban álltak a takarmány összetételével, valamint a takarmányhasznosítási mutatókkal (RFI, FCR). A CH_4 -emisszió nagyságát az határozza meg, hogy a metanogenezisben a hidrogenotróf (H_2/CO_2 -t hasznosító, jellemzően *Methanobrevibacter*) vagy a metilotróf (metanolból/metilált vegyületekből CH_4 -t képző, például *Methanospaera*) útvonalak dominálnak. Ebből következik, hogy a jövőbeni szelekciós és takarmányozási stratégiáknak nem a metanogének mennyiségét, hanem a közösségük szerkezeti és funkcionális jellemzőit kell célba venniük – például bizonyos típusok visszaszorításán vagy alternatív metabolikus utak erősítésén keresztül.

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

