



Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Georgikon Campus

Takarmányozástani és Takarmányozás-élettani Tanszék

**A kelési idő hatása a brojlercsirkék termelésére és vakbél-
mikrobióta összetételére**

Diplomadolgozat

Témavezető:

Dr. Dubleczy Károly

egyetemi tanár

Társ-témavezető:

Dr. Such Nikoletta

tanársegéd

Készítette: Czinkon Erik

Takarmányozási és takarmánybiztonsági mérnöki MSc

Készthely

2024

Tartalomjegyzék

1. Bevezetés.....	2
2. Célkitűzés.....	4
3. Irodalmi áttekintés.....	5
3. 1. Baromfi emésztőrendszerének sajátosságai.....	5
3. 2. Baromfi bél-mikrobióta sajátosságai	7
3. 3. A bél-mikrobióta szerepe.....	9
3. 3. 1. Bélfloórát befolyásoló tényezők	10
3. 4. Mikrobiális közösségek vizsgálata új generációs szekvenálási technikával	18
4. Anyag és módszer	21
4. 1. Tojásszedés és keltetés	21
4. 2. Állatkísérlet és kezelések.....	21
4. 3. Mérések és mintagyűjtés	24
4. 4. DNS kivonás, 16S rRNSgén amplifikáció és IlluminaMiSeq szekvenálás.....	24
4. 5. Bioinformatikai és statisztikai értékelések	24
5. Eredmények és értékelésük	26
5. 1. Termelési eredmények.....	26
5. 2. 16s rRNS szekvenálási vizsgálat eredményei	27
5. 2. 1. Alfa-diverzitás.....	27
5. 2. 2. Béta-diverzitás	28
5. 2. 3. Taxonómiai összetétel.....	30
6. Következtetések	33
7. Összefoglalás.....	36
8. A szakirodalom jegyzéke	37
9. Ábrák és táblázatok jegyzéke	47

1. Bevezetés

Napjainkban az állattenyésztési kutatásokban, valamint az agrár- és élelmiszeriparban nagy figyelmet kap a brojlercsirkék fejlődése és termelése. Kiemelt szerepet tölt be a csirkehús az emberi táplálkozásban világszerte, mivel alapvető fehérjeforrás, ezért folyamatos optimalizálást és innovációt igényel a termelési folyamatokban. Az elmúlt évtizedek során egyre nagyobb figyelem irányul azokra a vizsgálatokra, amelyekkel befolyásolható az állatok egészsége és jóléte, valamint a növekedése, különös tekintettel a mikrobióta szerepére az állategészségben.

Az élő mikroorganizmusok összességét a bélcsatornában nevezzük bél-mikrobiótának. Jelentős szerepet töltenek be az állatok általános egészségi állapotának fenntartásában, a táplálkozásukban és az immunrendszerük fejlődésében. A gazdaszervezet anyagcseréjét és betegségekkel szembeni ellenálló képességét alapvetően befolyásolja a mikrobióta összetétele és a diverzitása. Ezek ismeretében a bélflóra fejlődésének megértése fontos tényező az állattenyésztési stratégiák kialakításához (INTERNET1).

A brojlercsirkék és a kelési folyamatuk optimalizálása, és ezek hatása a bél-mikrobióta fejlődésére egy újnak mondható kutatási terület. A kelési ablak miatt a kikelt csibék első takarmányfelvételének ideje nem egységes, akár több óra különbség is lehet közöttük. Emiatt egyes madarak több órán keresztül nem jutnak takarmányhoz, és a tartalékaikat kezdik el felhasználni. A csirkeembrió fejlődése során becsült adatok szerint a teljes energiaigény több, mint 90%-a a tojás sárgájából származó lipidekből származik (NOBLE, COCCHI, 1990). Minél több idő telik el a kelés és az első takarmányfelvétel között, annál többet használ fel ebből a tartalékból a csibe. Korábbi kutatások már rámutattak arra, hogy az első takarmányfelvétel időzítése jelentős hatással van a bélflóra kezdeti kolonizációjára és a későbbi fejlődésre. Ez felveti a kérdést, hogy a kelési ablak miatt kialakult takarmányfelvételben bekövetkező különbség hogyan befolyásolja a bél-mikrobióta fejlődését és összetételét a csirke kritikus növekedési fázisában.

Napjainkban az antibiotikum-rezisztencia növekvő globális problémája miatt egyre nagyobb szükség van olyan alternatív megoldásokra, melyek támogatják az állatok mikrobiális egyensúlyát és ellenálló képességét. Ennek tekintetében a keltetés és bél-mikrobióta közti összefüggések vizsgálatának célja nem csupán a növekedési ütem, termelési paraméterek, takarmány hasznosításának javítására, hanem az antibiotikum használat visszaszorítása az állatok jólétének és egészségének javításán keresztül.

A természetes körülményekhez képest a jelenlegi üzemi körülmények között a brojlercsirke tenyésztése szinte steril körülmények között zajlik. Jelen körülmények között tiszta

keltetőben a tojótól külön nőnek fel a csibék, míg természetes körülmények között a tojóval élő környezetben vannak. Ennek a közvetlen kapcsolatnak a hiányában nincs meg az anyai mikrobióta átadás, ennek következtében a kezdeti kolonizáció esetleges, ennek következtében a csibék sokkal érzékenyebbek a különböző fertőzésekre. Természetes körülmények között a tojóval együtt tartott csibe, annak flórájával érintkezik. Ez a kontamináció befolyásolja leginkább a kezdeti mikrobiom kialakulását, így a bél-mikrobióta sokkal hamarabb eléri az érettségi állapotot (INTERNET2). Ennek hiányában számos környezeti tényező tudja befolyásolni a csibe bél-mikrobióta összetételét. Befolyásoló tényező lehet a tojáshéj, hiszen ez az elsődleges mikrobiom forrás, amivel találkozik (INTERNET3).

2. Célkitűzés

A diplomadolgozatom célja annak meghatározása volt, hogy a keltetőekben a kelési ablak miatt kialakult különbség az első takarmányhoz való jutás idejében miként befolyásolja a brojlercsirkék termelését és bél-mikrobióta összetételét. A kutatás során arra is kerestük a választ, hogy a kezdeti különbségek az idő előrehaladtával is kimutathatóak-e. Ezek az eredmények hozzájárulhatnak a brojlercsirke növekedési és termelési potenciáljának, valamint az egészségének jobb megértéséhez, illetve új stratégiák kidolgozásához az állattenyésztési gyakorlatokban, különös tekintettel a bél-mikrobióta fejlődésének korai támogatására.

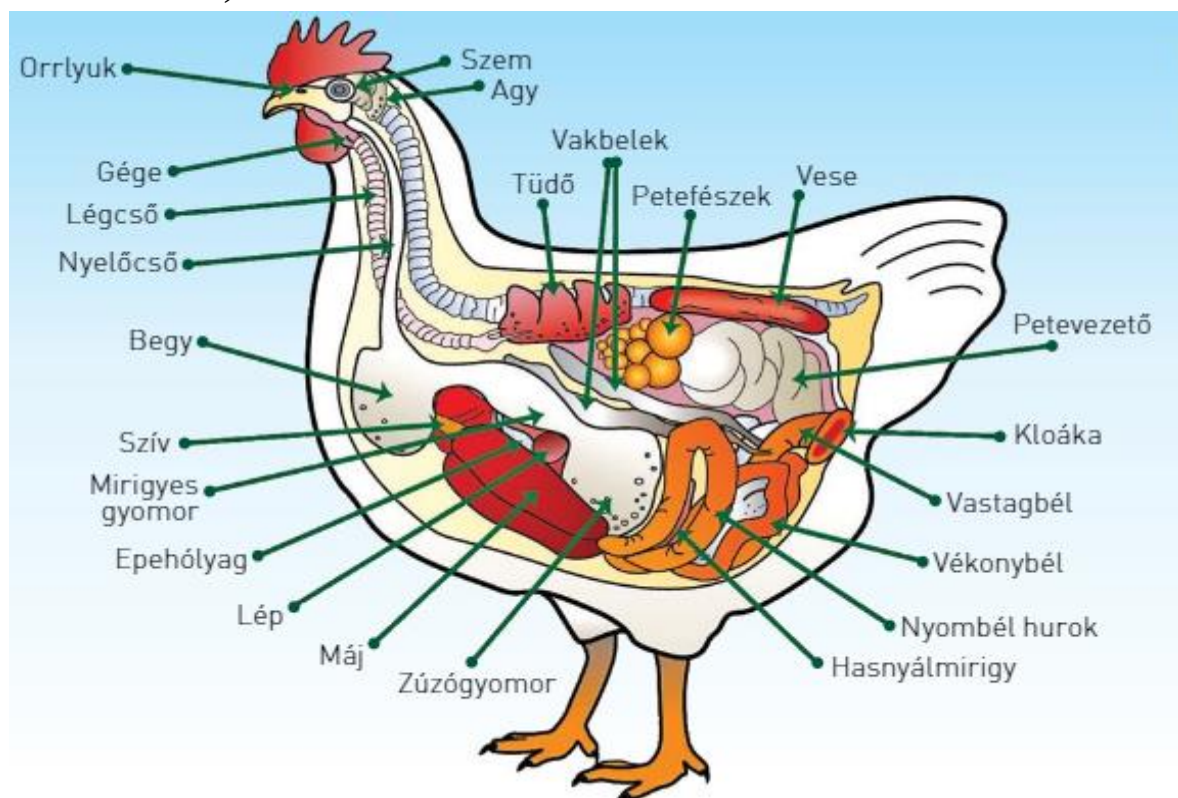
3. Irodalmi áttekintés

3. 1. Baromfi emésztőrendszerének sajátosságai

A baromfi emésztőkészüléke rövid, a koncentrált takarmányok emésztéshez jól alkalmazkodott. A béltartalom áthaladása körülbelül tíz óra, ez meglehetősen gyorsnak számít. Hatékony a felszívódás és az emésztés. Az emésztőkészülék fejlődése nagyon korán megkezdődik. Már a keltetés második napján megindul a kezdetleges bélcsatorna fejlődése az embrióban. A bélcsatorna tömege egy nyolchetes brojlerben hozzávetőlegesen 5%, ez a keléskor még az élőtömeg 25%-ának felel meg, ami gyorsan csökken. A madarak a csőrükkel veszik fel a takarmányt.

1. ábra: A baromfi anatómiai felépítésének ábrázolása

(Forrás: INTERNET5)



A takarmányrészek a száj-garatüregbe kerülnek. Az ivóvíz passzívan követi a fej mozgását. A száj-garatüreg folyamatos nedvesítését és a takarmány nyelőcsőbe való továbbhaladását az állat mucinban gazdag nyála teszi lehetővé. A nyáltermelés napi körülbelül 7-30 ml, nagy koncentrációban bikarbonát iont és amilázt tartalmaz. A nyelőcső két részből álló tágulékony cső, a száj-garatüreg és a mirigyes gyomor között helyezkedik el. A felső részéhez tartozik az artériás érrendszer, az alsó része a mellüregben a szív fölött található.

A két vége között helyezkedik el a begy, ami a nyelőcső tágulata. A begyben a felvett takarmány tárolása lehetséges, így növelve a béltartalom áthaladási sebességét. A begyben a mikroorganizmusok kolonizációja a kikelés után egy órával megkezdődik (FEYE, 2020).

A begy segítségével az állat képes nagyobb mennyiségű takarmányt felvenni rövid idő alatt. Itt a felvett takarmány megpuhulhat, nedvesedhet, raktározódhat. Ürülése több tényezőtől függ, pl. a zúzógyomor teltségétől, a takarmány nedvességtartalmától és szemcsemérettől, a cellulózban gazdag takarmánytól, vagy ha az állat adagokban fogyasztja azt.

A begytartalom a mirigyes gyomorba kerül a nyelőcsővön keresztül. A **mirigyes** és a **zúzógyomor** tartalma savas. A mirigyes gyomorban a gyomortartalom kevés ideig tartózkodik, ami néhány perctől egy óráig terjed. Innen az zúzógyomorba kerül a kimusz, ami egy lapított, vastag falú izmos szerv. A zúzógyomor felépítése lehetővé teszi a gyomortartalom durvább részeinek aprítását, méretének csökkentését. A két gyomor kiegészíti egymást. A zúzógyomor főleg mechanikai szerepet lát el, míg a mirigyes gyomor szekréciós tevékenységet folytat. A termelődött sósav a mirigyes gyomorból, a zúzógyomorban is folytatja tevékenységét, ásványi sókat old, átalakítja a takarmány fehérjének a harmadlagos szerkezetét. A mirigyes gyomorban termelődő pepszin nem tud hatékonyan működni, a zúzógyomorban nagyobb a fehérjebontó tevékenység.

A *Lactobacillusok* az uralkodó faj a mirigyes és a zúzógyomorban egyaránt, itt alacsony pH érték uralkodik, aminek oka a termelt pepszin és sósav tartalmú gyomornedv, a sejtszám 10^8 cfu/g alatti értéken van (YEOMAN et al., 2012).

A *Lactobacillusok* mellett itt megfigyelhetőek a *Colostridium*, *Enterococcus* és egyes coliform baktériumok is (REHMAN et al., 2007).

A madár **vékonybél**ének hossza körülbelül 120 cm, a vékonybél 3 szakaszból áll, melyek a következők: epésbél (*duodenum*), éhbél (*jejunum*), csípőbél (*ileum*). Az epésbél jellegzetes U-alakú kacsot formál. Az éhbél az epe és a hasnyálmirigy vezetékének beszájadásánál kezdődik. Az epésbél szekrékuma mucint, elektrolitokat és enzimeket tartalmaz. A mucin kivételével a többi szekrékum epe és hasnyálmirigy eredetű. Két vezetéken keresztül jut az epe a májból az epésbélbe. Az epe nagy szerepet lát el a lipidek emulgeálásában, ezzel nagyban segít a hasnyál lipáz tevékenységében. A madár életkorával együtt fejlődik az epe szintézise és szekréciója. A fiatal egyedeknek nem jó a zsír emésztésük, főleg ha az telített zsírsavban gazdag. A hasnyálnak jelentős a zsír-, fehérje-, szénhidrát-hidralizáló képessége van. A bélüregben előenzim formájában szekretálódnak a hasnyál enzimelei. Endopeptidáz a fehérjebontó enzimek többsége. Az exopeptidázok lényegesen kisebb mennyiségben vannak jelen az edopeptidázokhoz képest a hasnyálban. A keményítő hidrolízise α 1-4-glikozidáz hatására történik. Az epesav

sók segítségével megy végbe a zsírok emésztése emulgeált formában a lipáz és a kolipáz, fosfolipáz, és számos más észteráz révén megy végbe. A bélnedv az előbbieken említett szekréumokon túltartalmaz még a vékonybél bolyhainak bélhámsejtjei által termelt enzimeket is. Az optimális pH érték 6 körül van.

A madár vakbele közvetlenül a remesevégbélbe vezet. A **vakbél**ben jelentős bakteriális tevékenység folyik. A keményítőben, cellulózban, és rezisztens poliszacharidokban gazdag takarmányt a vakbél mikrobiótái bontják. A vakbél számos különböző funkció helyszínéül szolgálhat, különösen az állat emésztőenzimjeinek ellenálló takarmányok bontása, a táplálóanyagok felszívódása, az immunglobulinok és antitestek termelése, a hasznos és kórokozó szervezetek mikrobiális hatása, a víz hasznosítása és felszívódása, valamint a húgysav aminosavakká történő metabolizmusa (MARY H. CLENCH, 1999). Emésztés szempontjából azonban figyelembe kell venni azt a tényt, hogy a béltartalomnak csak kis hányada jut be a vakbélbe (DUBLECH, 2011).

A vakbélből, a remesebélbe a béltartalom továbbhaladását a csípőbél-vakbél-remesevégbél határán található szűkület befolyásolja. A **vastagbél**ben a táplálóanyagok emésztése minimális, bakteriális tevékenység kimutatható, de cellulóz, és nem-keményítő poliszacharid hidrolízise nem jelentős.

3. 2. Baromfi bél-mikrobióta sajátosságai

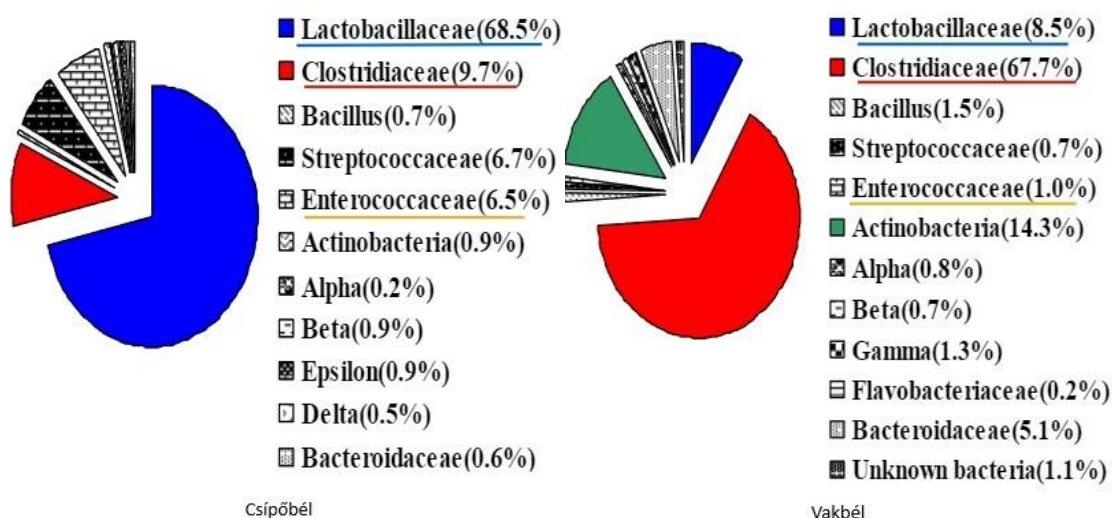
A baromfi bélrendszere meglehetősen összetett mikrobiótával rendelkezik, több mint 600 különböző baktériumfajjal, és mintegy 100 baktériumnemzetségből is állhat (POURABEDIN ÉS ZHAO, 2015). Korábban azt feltételezték, hogy a bélcsőve kikeléskor steril (INTERNET6). Ma azonban már bizonyított, hogy a csirke embrió már a keltetés 3. napján nem steril, bélflórája változik az embrionális fejlődés során (BERRANG M.E. et al., 1990). Kelést követően az emésztőrendszer bakteriális kolonizációja röviddel kezdődik, és nagyban befolyásolja a kelési környezetet (STANLEY et al., 2014).

Az összetétel változó a bél különböző részein. A begyben *Lactobacillus spp.* 10^9 /g gyakorisággal az uralkodó fajok. A mirigyes és zúzógyomorban a takarmány kémiai és mechanikai lebontása zajlik, a *Lactobacillus spp.* 10^8 /g gyakorisággal vannak jelen (INTERNET7). A vékonybélben elsősorban *Enterococcus*, *Lactobacillus* és különböző *Clostridiaceae* fajok 10^9 /g- 10^{11} /g gyakorisággal találhatók. Más irodalmak szerint a vékonybélben a mikroorganizmusok mennyisége 10^8 - 10^9 cfu/g között változhat, a számuk folyamatosan nő a bélrendszer proximális részétől a distális végéig. A leggyakrabban előforduló törzsek *Firmicutes* (> 60 %), *Bacteroidetes* (< 10 %), *Proteobacteria*, *Actinobacteria*, és a *Cianobaktérium*-ok. A fő mikrobiális

csoportok nemzeti szinten, a *Lactobacillus*, az *Enterococcus*, a *Bacteroides* és a *Corynebacterium* (XIAO et al., 2017). Az epésbélből a csípőbélbe növekszik a különböző anaerobok, coliformok, *Laktobacillusok* és *Enterococcusok* száma (ENGBERG et al., 2002).

A legnagyobb számú mikrobiális sejtsűrűség a vakbélben található 10^{11} /g. Itt a leggyakoribb törzsek a *Proteobacteria*, *Bacterioides*, *Firmicutes* (INTERNET7).

2. ábra: A csípőbél és a vakbél bakteriótaközösségének összetétele család szinten vizsgálva (Forrás: INTERNET7)



A mikrobiom stabilizálódása a vékonybélben 2 hetet, míg a vakbélben 4-6 hetet vesz igénybe. Ezt a folyamatot több tényező is befolyásolhatja, pl.: környezet, stresszfaktor. Mivel a baktériumfajok különböznek, ezért a megtelepedésüket jelentősen befolyásolják egyes tényezők. Ilyen a kémiai összetevők, a szubsztrátok jelenléte és az emésztés struktúrája (INTERNET6).

Az epésbélben kicsi a mikrobiológiai változatosság, ennek oka a rövid áthaladási idő és az alacsony pH érték. Az epesavak csökkenése, és az emésztőenzimek fokozott termelése, valamint a kimusz áthaladási idejének növekedése a vékonybél distális részén kedvezőbb feltételeket teremt a baktériumok elszaporodásához, ezáltal az csípőbélben intenzívebb mikrobiális kolonizáció zajlik (REHMAN et al., 2007).

A csirkében a legnagyobb mikrobiális közösség a vakbélben található. Itt a baktériumok 10^{11} cfu/g mennyiségben találhatóak meg. A vakbélben a két legnagyobb számban előforduló törzs a *Bacteroidetes*, és a *Firmicutes*. Ehhez a két törzshöz kapcsolódó leggyakrabban előforduló családok a *Proteobacteria*, *Bacteroida*, *Clostridia*, *Lactobacillaceae*, ezeken kívül vajsav termelő klaszter különböző fajai is megtalálhatóak. Valamint azonosítottak számos *Firmicutes* törzshöz tartozó *Lactobacillus*, *Eubacterium*, *Clostridium*, *Faecalibacterium*, *Ruminococcus*, fajokat is (GONG et al., 2002).

3. 3. A bél-mikrobióta szerepe

Minden élőlény szervezetében több milliárdos életközösség van. Ez az életközösség a bélflóra, vagy más néven mikrobiom. Bakterióta alatt a bélnyálkahártyán helyet foglaló és a kimuszban található baktériumokat értjük. A bélflóra túlnyomó részben bélbaktériumokból áll, kisebb számban vannak jelen vírusok, gombák, és egyéb egysejtűek.

A teljesítményt befolyásoló tényezők között kiemelt szerepet játszik a bélrendszer általános egészsége. Ezt a "mikrobióta és a bélrendszer közötti szimbiotikus egyensúlyi állapotként" definiálhatjuk, amely során az állat egészsége stabilnak tekinthető. Ez a szimbiózis kulcsfontosságú a tápanyagok hatékony felszívódásához, a bélnyálkahártya integritásának fenntartásához és az immunrendszer megfelelő működéséhez (CELI et al., 2019). Ismert és fontos tény, hogy a bél-mikrobióta fontos szerepet játszik mind a gazdaállat növekedésében, metabolikus folyamataiban, és a táplálóanyagok emésztésében (WANG et al., 2017). A brojlercsirkék esetében is azok gazdasági teljesítményét és a fajlagos takarmányhasznosítást nagyban befolyásolja a stabil bélflóra. A mikrobióta stabilitására, és kialakulására viszont hatnak a gazdaszervezetre ható tényezők, és a gazdaszervezet állapota is. Az eubiózis a gazdaállat és bélflórája közötti harmonikus együttélést jelöli, ahol a kölcsönös előnyök maximalizálása mellett minimálisra csökken a terhelés. Ez az ideális állapot, amelyben az állat és a baktériumok szimbiotikus kapcsolatban élnek, kölcsönösen javítva egymás egészségét és jólétét. A teljes bélflórának 90%-át teszik ki a főflóra a kísérőflóra pedig 1% körül van eubiózisban (INTERNET8). A bélflórában élő hasznos baktériumokat kommenzalista fajoknak a káros, betegségeket okozó baktériumokat pedig patogéneknek nevezzük.

Az emlősökhöz hasonlóan a madarak emésztőtraktusában is jelentős mikrobiális tevékenység folyik. Ennek működése az emésztési folyamatokat pozitív és negatív irányban is képes elmozdítani. A mikrobák több olyan vitamin képződésében részt vesznek, amit a madár hasznosítani tud, és enzimatis tevékenységük révén javítani tudják a táplálóanyagok emészthetőségét. Káros vagy mérgező anyagok képződhetnek a fermentációjuk során. A begyben zajló bakteriális fermentáció termékei az emésztőtraktus későbbi szakaszaiban felszívódnak. A vastagbél és a vakbél esetében ez már csak korlátozottan igaz. A madaraknak nincs laktáz enzimük, viszont a mikrobák enzimtermelése révén limitáltan ugyan, de képesek bontani a tejcukrot, így a glükóz és galaktóz is fel tud szívódn. A béltraktusban nincs jelentős rostbontás, még a vakbél rostbontó szerepe is elhanyagolható. A takarmányból származó emésztetlen fehérjét a baktériumok aminosavakká alakítják, ezzel növelve a bélben az ammóniaképződést. Az ammóniából bakteriális fehérjét és saját aminosavakat szintetizálnak, amiket a madár már nem tud hasznosítani.

A nem esszenciális aminosavak endogén szintéziséhez a vakbélben felszabaduló ammónia járul hozzá. A béltraktusban a nagy mennyiségű ammóniaképződés felszívódva toxicitáshoz vezethet a különböző szövetekben. A mikrobák számos vízben oldódó vitamint szintetizálnak a baromfi vakbelében, de ezek közül csak a folsav képes felszívódni. A vakbélben történik K-vitamin képződés is, de ez nem fedezi az állat szükségletét. A béltartalom pH-jának módosításán keresztül a bél-mikrobák képesek befolyásolni a felszívódási folyamatokat. Például, ha a kismusz pH-ja alacsonyabb, akkor a vas ionos formájában jobb hatékonysággal tud felszívódni (DUBLECZ, 2011).

A bél-mikrobióta jelentős szerepet játszik a bél anatómiai felépítésében, az effektív tápanyagok felszívódásában, valamint az immunrendszer működésében. Emellett kulcsfontosságú a patogénekkel szembeni védekezésben is, mivel segíti a kórokozók elszaporodásának megakadályozását a versengő kolonizáció révén. A *Lactobacillus*, *Enterococcus* és *Pediococcus* fajok nélkülözhetetlenek a bélrendszer egészséges fejlődéséhez, míg a *Bifidobacteriumok* alapvetően fontosak az immunrendszer serkentéséhez.

A *Lactobacillusok* kulcsszereplői a bél egészségének fenntartásában. Egyes *Lactobacillus* és *Pediococcus* törzsek képesek kolóniákat alkotni a vakbélben, ahol folyamatos versenyben vannak az életterületért, mivel ez az ideális hely az opportunistá és potenciális patogén baktériumfajok számára. Az itt élő hasznos baktériumok ki tudják szorítani a kórokozókat, mint például a *Campylobacter* és *Salmonella* fajokat, mivel tejsavat és egyéb rövid szénláncú zsírsavakat (pl. propionsav, butirát és acetát) állítanak elő. Ezért a kikelés utáni azonnali, célzott hasznos törzsekkel történő bélflóra-kolonizáció pozitívan befolyásolhatja a bél anatómiáját és védelmi funkcióit, ami az állat élete során előnyös (DUBLECZ, 2011).

3. 3. 1. Bélflorát befolyásoló tényezők

Kor

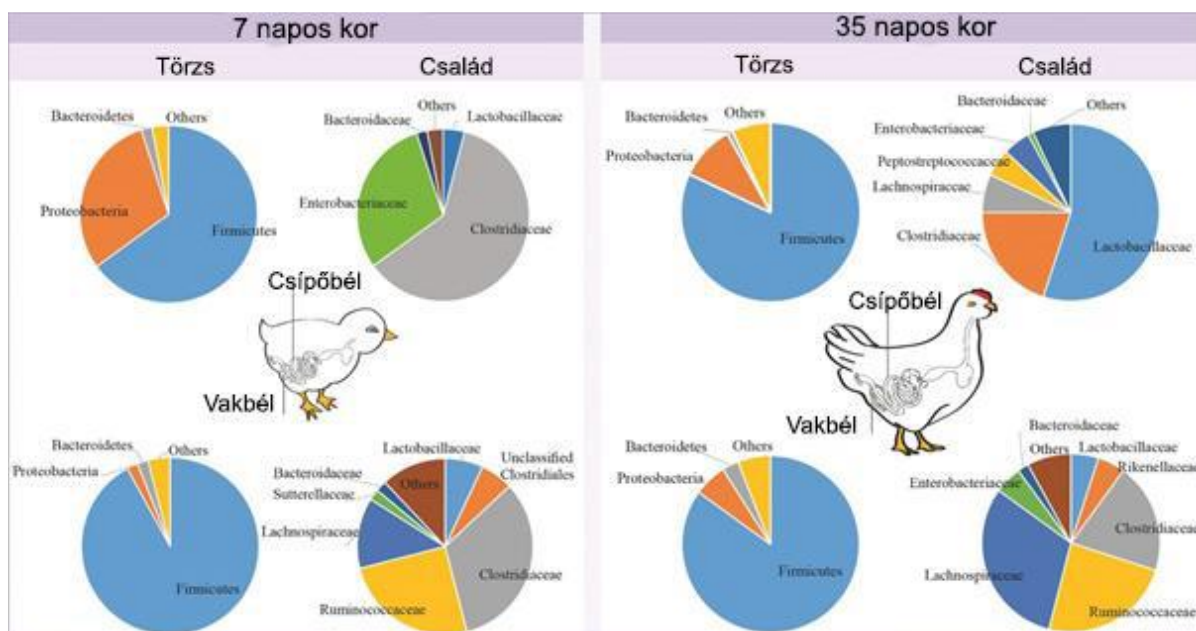
A baromfi bél-mikrobiomjának összetétele változik az életkor előrehaladtával. Mivel a csibe az üzemi körülmények között a keltetőben jön világra, eltérően – pl. az emlősöktől – nincs vagy kismértékű a közvetlen anyai mikrobióta átadás. Az emésztőrendszer és a bélbolyhok fejlődése a kikeléskor még nem fejeződik be. Korábban azt feltételezték, hogy a csirke bélcsöve a kelést követően steril, azaz baktériumoktól mentes. Ahogy fiziológiai fejlődésen mennek keresztül fokozatosan megtelepednek a mikroorganizmusok (KÖRÖSI, 2019). Ezt a véleményt már korábban számos gyakorlati tapasztalat és megfigyelés kérdőjelezte meg, és több kutatás is alátámasztotta, hogy nem igaz (CSITÁRI, 2022). Több szerző szerint elsősorban a környezeti források határozzák meg a kifejlődő csibe bélflóráját, nem a tojáshéj vagy a tojó mikrobái (VOLF

J et al., 2021, RYCHLIK I 2020), mások szerint jelentős a tojóból származó mikrobák aránya is (DING P. et al., 2022, SHEHATA AM. et al. 2021). A csirkében a mikrobiális közösség folyamatosan változik a kor előrehaladtával. Ezt a változást legegyszerűbben és leggyakrabban a vakbélben szokták vizsgálni, mivel itt található a bélrendszerben a legnagyobb mikrobiális változatosság (SERGEANT et al., 2014). Feltételezések szerint vannak olyan időszakok a csibe növekedése során, amikor fogékony lehet a bélflóra megváltoztatására. Ezek optimálisak mikrobiális készítmények bejuttatására. A tojáshéjra jutott mikrobák lehetséges opciónak tűnnek, de eredményességéről megoszlanak a vélemények. Egy kísérlet során a keltetés 1. és 20. napján 7 különböző anaerob mikrobát juttattak a tojáshéjra, és az elszaporodást vizsgálták egyhetes csibékben. Egyik mikrobát sem tudták kimutatni PCR technikával (VOLF J et al., 2021).

PALMER és ROLLS (1983) vizsgálataiban azt találták, hogy az első és leggyorsabban megtelepedő baktérium nemzetségek a *Streptococcus*, *Bifidobacterium*, *Coliform*, *Clostridia* voltak. Véleményük szerint bizonyos baktériumok mennyiségi növekedését elő lehet segíteni takarmányozással, ilyen a *Bifidobacterium*, és a *Lactobacillus*, melyek segítik a lipázok, proteázok, tripszinek enzimatisz aktivitását (PALMER – ROLLS, 1983).

3. ábra: A csípőbél és a vakbél baktériumközösség összetételének változása 7 és 35 napos korban

(Forrás: POURABEDIN ÉS ZHAO, 2015)



A nemrégiben elterjedt új generációs szekvenciális technikával vizsgált 7, 21, és 42 napos korban vizsgált csirkék bél-mikrobiótájának összetételéről OAKLEY és mtsai. (2014) megállapította, hogy a 7 napos korban vizsgált állatok esetében a *Clostridiales* rendhez tartozó

Labnospiraceae, *Flavonifractor*, *Pseudoflavobifractor* három nemzetség dominált főként. A 21 napos vizsgálat során a *Faecalibacterium* nemzetség volt főként domináns. A 42. napon vizsgált egyedeknél is a *Faecalibacterium* a domináns, de nő a *Roseburia* nemzetség arány, valamint nő a *Lacnospiraceae* család és az *Oscillibacter* nemzetség tagjai (OAKLEY et al. 2014).

Egy másik kísérletben a Cseh Köztársaság három különböző helyéről keltettek tojásokat ugyanazon körülmények között. Az egyhetes korban vizsgált csibék mikrobiótája között nem találtak különbséget a származási hely szerint, így arra a következtetésre jutottak, hogy a tojáshéj mikrobióta nem befolyásolja a vakbélét. A kísérletben azt nem igazolták, hogy valóban különböztek-e a tojások származás szerinti mikrobaközösségükben. A vizsgálatok alapján nem mutatott hasonlóságot a tojáshéj, és az egy hetes csibe vakbél és a takarmány mikrobiótája sem (VOLF et al., 2021.). Egyes kutatások alapján jelentős szerepe van a tojásrakás során a tojásra kerülő anyai eredetű mikrobáknak a csibe vakbél mikrobióta kialakulásában. Ennek oka, hogy a csibe a kelés során részben elfogyasztja a tojáshéjat, és az azon lévő mikrobák elszaporodnak a csibe bélcsatornájában (DING P. et al., 2022., SHEHATA AM. et al. 2021).

(MAKI et al. 2020) Kísérletükben vizsgálták a környezet és a tojáshéj hatásait. Arra a megállapításra jutottak, hogy a vékonybél és a vakbél mikrobiális közösségének összetétele függ a mikrobiális forrástól (tojáshéj, környezet). A csirkék végső bél-mikrobióta összetétele valószínűleg a két mikrobiális forrás kölcsönhatásaként alakul ki, ha valamelyik hiányzik az szignifikáns eltolódást okozhat a mikrobiális közösség fejlődésében.

Környezet

Az előbbieken már említettem, hogy a tartási és kelési körülményeknek nagy szerepe van az állat bél-mikrobióta összetételére. Organikus és hagyományos csirkék vakbél mintáinak összehasonlítása során lényegesen több laktóz-negatív *Enterobacteria* és *Enterococcus* van a hagyományos brojlercsirkében. Az organikus csirkék vakbél mintái viszont sokkal változatosabbak voltak, mint a hagyományos csirkéké (BJERRUM et al. 2006).

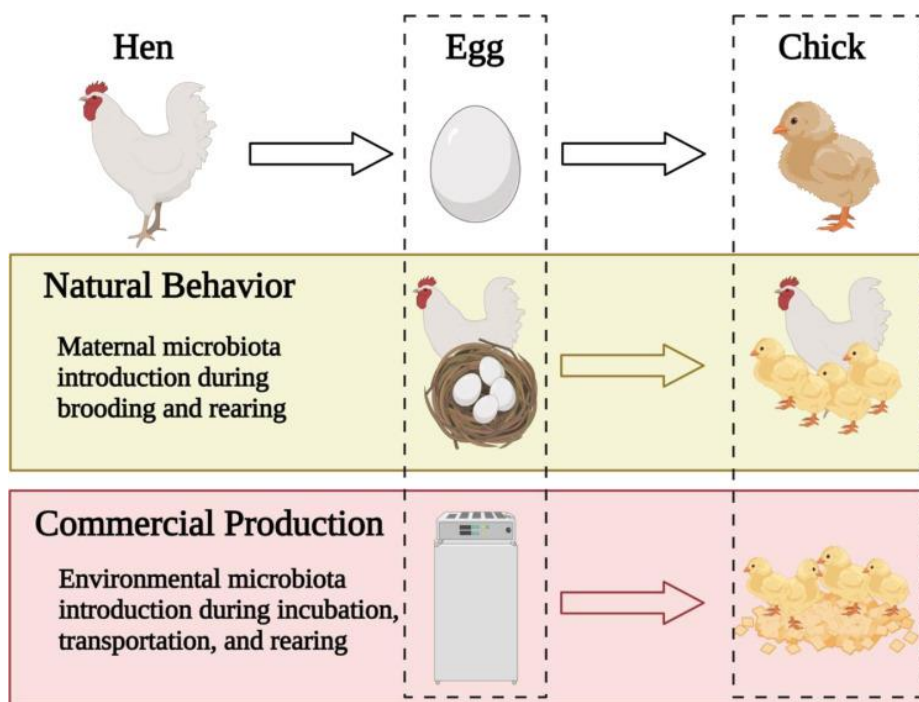
Azt már több tanulmány során bebizonyították, hogy minél többféle környezeti tényezővel találkozunk a baromfi, úgy nő a bél-mikrobiótájuk sokfélesége.

Az, hogy pontosan hogyan hatnak a környezeti tényezők a mikrobiomra, még nem bizonyított. Annyit tudunk, hogy minél több külső inger éri az állatot, a bélrendszer mikroflórája annál gazdagabbá válik. Egy kísérlet során arról számoltak be, hogy három vizsgált csoport, melynek egyedei ugyan abból a keltetőből származtak, ugyanazt a takarmányt ették, és szinte ugyanolyan körülmények között nevelték őket, mikrobiomjuk között mégis nagyfokú

variabilitás volt. A csoportok összehasonlítása során *Bacteroides*, *Clostridium* és *Lactobacillus* baktériumoknál találtak lényegi különbségeket (STANLEY et al., 2013).

4. ábra: Mikrobióta kialakulását befolyásoló tényezők

(Forrás: INTERNET9)



A bél-mikrobiom befolyásolásának lehetőségei takarmányozással

A madarakkal etetett takarmányban lévő táplálóanyagok kulcsfontosságúak a mikrobiom kialakulásához és növekedéséhez. Ezen a téren a takarmány a legmeghatározóbb tényező. A takarmány következő jellemzői befolyásolhatják a mikrobiótát: A gabona fajta, a gabonaféle típusa, egész vagy őrölt szemek, esetleg pelletek, a vízben oldódó nem keményítő alapú poliszacharidok mennyisége, a fehérje- keményítő- és zsírforrások (GABRIEL et al., 2006).

CHAMBERS és GONG (2011) kutatásukban összefoglalták azokat a baktériumcsoportokat, melyeknek egy adott takarmányösszetétel kedvez. Megállapították, hogy kisebb a *C. perfringens* mennyisége azoknál az egyedeknél, melyek szójaolajat tartalmazó takarmányt kaptak, az állati eredetű zsírokkal táplált madarakban pedig magasabb a mennyisége (LUO et al., 2016).

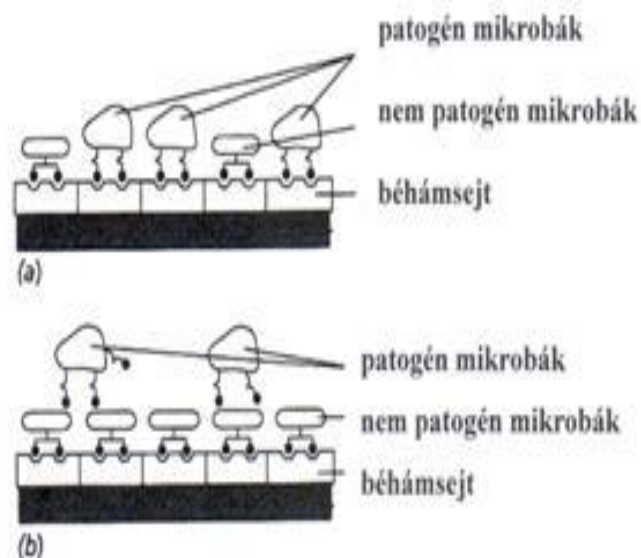
A bélrendszer mikrobiotáinak befolyásolására a takarmány összetétele mellett, számos takarmánykiegészítőt, pre- és probiotikumot is kifejlesztettek ki.

Probiotikumok

A probiotikumok alkalmazásának célja, hogy a bélben az általunk kedvezőnek ítélt baktériumok túlsúlyba kerüljenek. A probiotikumok élő mikroflóras készítmények, amelyek stabilizálják az állat bélflóráját. Ezek a kedvező mikroorganizmusok olyan enzimeket termelnek, amelyek segítik a gazdasági állatok emésztési folyamatait, és gátolják a patogéneket. A leggyakoribb probiotikumok: *Bacillus* (Gram-pozitív spóráképző baktériumok), tejsavtermelő baktériumok (*Lactobacillus*, *Bifidobacterium*, *Enterococcus*) és élesztő. Ezek a kedvezőnek ítélt baktériumok következőképpen fejtik ki hatásukat: a bélnyálkahártyához kötődnek, és megakadályozzák a patogén megkötődését. A patogén baktériumok jelentős részének kapcsolatba kell kerülnie a bélhámmal, hogy fel tudjon szaporodni, ilyen Pl.: az *E. coli* is. A patogén mikrobák a fehérjetermészetű lektinjeik révén tudnak kapcsolódni a bélhámsejtekhez. A *Lactobacillusok* ezektől a kapcsolódási pontoktól zárják el őket.

5. ábra: Patogén mikrobák kompetitív kizárása

(Forrás: EWING, COEL, 1994)



a = normál állapot; b = probiotikumok etetését követően

Semlegesítik a baktériumok által termelt enterotoxinokat. A tejsavtermelők tejcukorból tejsavat állítanak elő, ezáltal csökkentik a bél pH-ját olyan alacsony szintre, hogy a káros mikrobák ezt már nem tudják tolerálni. Néhány tejsavtermelő pl.: *Streptococcusok* és *Lactobacillusok* antibiotikumokat is termelnek. Növelik a vérsérum fehérje-tartalmát és a fehérvérsejt számot. Egyéb kedvező hatásai a probiotikumoknak, hogy növelik az emésztőenzim termelést, javítják a táplálóanyag felszívódást és a vitamin képződést.

A baromfifélék takarmányához adagolt probiotikumokkal visszaszorítható a zoonózist okozó enteropatogén mikroorganizmusok fertőzése és növelhető az egyedek napi tömeggyarapodása (SULTAN et al., 2006).

Egy grammonként legalább százmillió TKE *Lb. acidophilus*-t, *Lb. casei*-t, *Bif. Thermophilus*-t és *Ec. Faecium*-ot tartalmazó, közvetlenül etetett mikróbakészítménnyel kezelt csoport egyedeinél csupán 33%, míg a kontroll csoportjereinek 60%-a fertőződött meg *kampilobakterium*okkal (WILLIS, REID, 2008).

Laboratóriumi körülmények között fertőztek meg 10^4 -es nagyságrendű *Salmonella enteritidis*-szel, majd egy órával később *Lactobacillus* alapú probiotikumot adtak a csibéknek $10^4, 10^6, 10^8$ TKE/egyed dózisban. Az utóbbi két adag esetében jelentősen csökken a vakbélben a *Salm. enteritidis* visszanyerése. A probiotikumokkal kezelt egyedek esetében 15%, míg a kontrollcsoport tagjainál 85%-os volt a kórokozók visszanyerése (HIGGINS et al., 2008).

A takarmányhoz adagolt *Lb. acidophilus*, *Lb. casei*, *Bif. Thermophilum* és *Ec. faecium* probiotikus törzsek szignifikáns hatással voltak a tojások méretére. A probiotikumokkal kiegészített takarmányt fogyasztó tyúkok tojásai 52,06%-ban az XL méret-kategóriába tartoztak, míg a kontrollcsoportnál ez 48,98% volt (DAVIS, ANDERSON, 2002).

Az első 16 hétben $2,3 \times 10^8$ TKE/takarmány kg *Lb. acidophilus* és *Lb. casei* kultúrával egészítették ki az állomány takarmányát. Az eredményekből megállapították, hogy a probiotikus kiegészítés javítja a napi tojástermelést, a takarmányhasznosítást, a tojások átlagos tömegét és a tojásfehérje minőségét (TORTUERO, FERNÁNDEZ, 1995).

Prebiotikumok

A prebiotikumok a probiotikumokkal ellentétben nem élő mikroorganizmusokat tartalmaznak, ezek 2 és 20 szénhidrát egységből álló oligoszacharidok, amelyek elősegítik az általunk kedvezőnek ítélt baktériumok szaporodását. Ilyen oligoszacharidokat tartalmaz pl. a szójadarab, a repce és a különböző pillangós magvak gabonamagvak, tejtermékek, és az élesztősejtfal kivonatok.

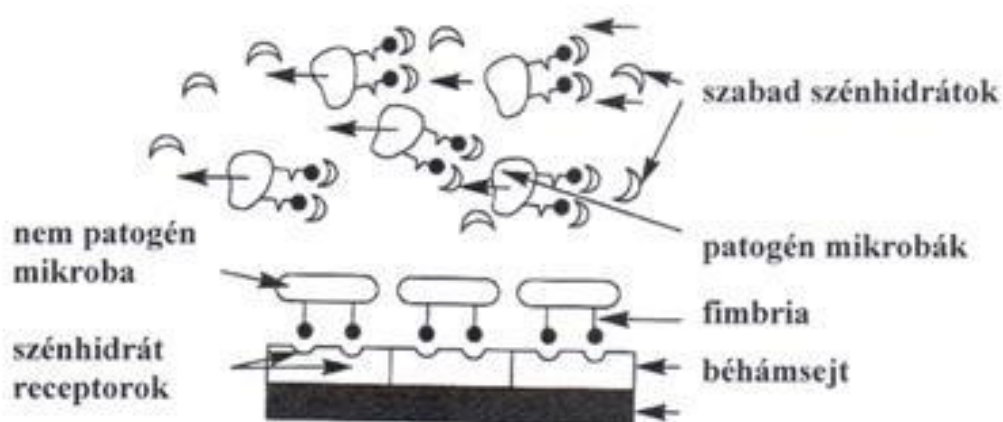
Leggyakoribb prebiotikumok:

- mannóz-oligoszacharidok (MOS),
- fructo-oligoszacharidok (FOS),
- galacto-oligoszacharidok (GOS),
- chito-oligoszacharid (COS),
- isomalto- oligoszacharidok (IMO).

Kétféleképpen fejtik ki kedvező hatásukat. Egyrészt mivel az állatok emésztő enzimjei csak korlátozottan képesek őket bontani, így a kedvező hatású baktériumok tápanyagaként szolgálnak. Ezek a baktériumok felszaporodnak, kiszorítva ezzel a patogéneket. Másrészt képesek megkötni a patogén baktériumok egy részét. A szalmonella fajok és az *E. coli* mannóz-specifikus lentinével rendelkeznek. Ha nagyobb mennyiségben mannóz-tartalmú szénhidrát kerül a bélbe, pl. mannán-oligoszacharid (MOS) akkor a káros baktériumok ezekhez a szénhidrátokhoz kötődnek, és kevesebb kerül kapcsolatba a sejthártyával.

6. ábra: Oligoszacharidok hatása patogén kórokozókra a bélben

(Forrás: EWING, COEL, 1994)



Aspergillusoryzae fermentációs termékéből kinyert prebiotikumok hatását vizsgálták. Testtömeg-gyarapodá, és értékes húsrészek arányát vizsgálták. A hat hetes brojlersirkék előbb említett paramétereinek aránya számottevő mértékben ($P < 0,01$) javult a kontrollhoz képest (PIRA Y et al., 2007).

ISA Brown tojóhibridekkel etetett szimbiotikum, ami *Ec. Faeciumot*, frukto-oligoszacharidot és tengeri alga kivonatot tartalmaz, 1%-os mennyiségben történő etetése növelte a tojástermelés intenzitását (+2,38%) a tojásfehérje mennyiségét (+1,4%), és javította a takarmányértékesítést (+3,79%) (RADU-RUSU, 2009).

A korai takarmányozás jelentősége brojlersirkéknél

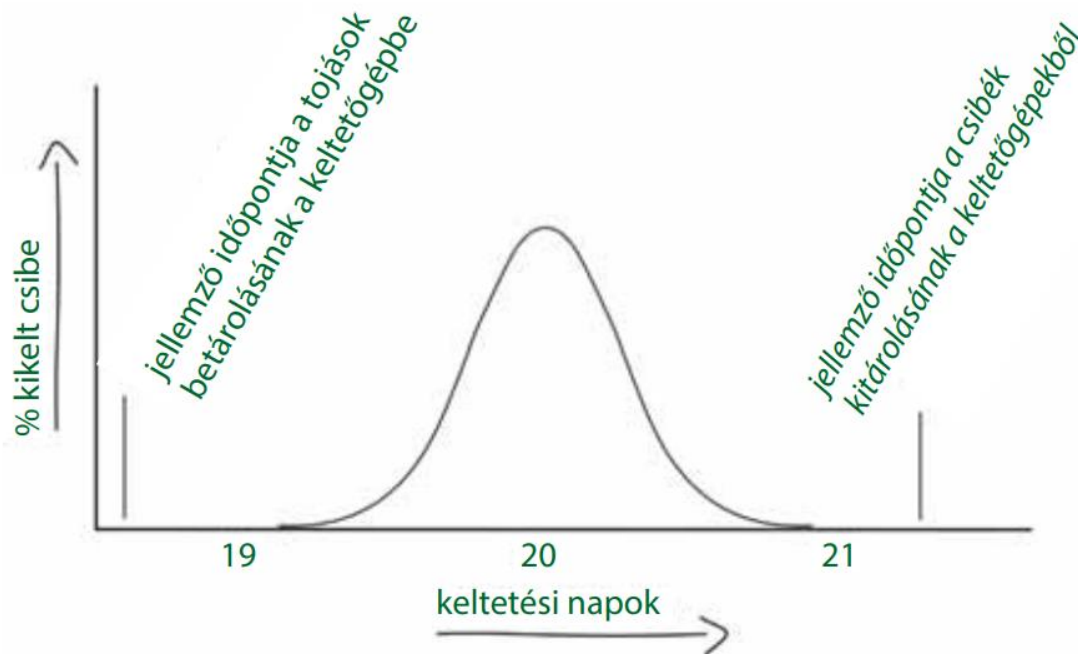
A brojlerhizlalás során az egyik legkritikusabb pontnak tekinthető, hogy a naposcsibék sokszor hosszú szállítást követően kerülnek csak telepítésre. A sziktömlő a kelés után még egy darabig táplálóanyagot biztosít a madarak számára, azonban ez csupán 24-36 órára elegendő. A naposkori hosszabb idejű késleltetett takarmányhoz jutás nem csak a madarak élősúlyára, de a szervek, főként az immunrendszer egyes szerveinek (Fabricius-tömlő, lép) méretére és a tápcsatorna fejlődésére is hatással van (PANDA et al., 2015). Ennek következtében a telepítésig

eltelt idő hossza negatívan hathat a későbbi növekedési teljesítményre is. Az első takarmányhoz jutás kitolódása hatványozottan csökkenti a madarak vágósúlyát, 48 (~36-60) vagy 72 (~36-60) órás késleltetés esetén az első heti növekedési teljesítmény 17-27%-kal maradt el, míg a 42. napi élősúly 5-8%-kal azokhoz a madarakhoz képes, amik azonnal takarmányhoz jutottak a kelést követően (DE JONG et al., 2017).

Korai takarmányozásról baromfitenyésztésben akkor beszélünk, mikor a naposcsibék számára a tojásból való kikelés pillanatától ad libitum takarmány és víz áll rendelkezésre. Ez a fajta takarmányozás pozitív hatással lehet a naposcsibék teljesítményére. Ennek oka, hogy a fontos szervek fejlődése a kelést követően nagyobb ütemben folytatódik. Ez jobb egészségi állapotot és nagyobb növekedési erélyt eredményezhet. Mivel a brojlercsirke nevelési ideje egyre jobban rövidül, így egyre nagyobb jelentősége van a kelés körüli érzékeny időszaknak. Sajnos a bújási folyamat nem 100%-ban szinkronizálható, így a leszedésig több csibe is lehet, aki a kikelés óta eltelt akár több óra alatt nem jutott se takarmányhoz, se ivóvízhez. Amíg megérkeznek a telepre se inni, se enni nem tudnak. Ez lehet 48, de akár 72 óra is.

7. ábra: A kelési ablak

(Forrás: INTERNET4)



Előnyei, hogy jobb az emésztőrendszer és az immunrendszer fejlődése, mivel a korai takarmányozással a csibék emésztőrendszere hamarabb kezd el fejlődni, ez segíti a betegségekkel szembeni ellenálló képességet, és javítja a tápanyagfelszívódást. A korai takarmányozásban részesülő csibék nagyobb növekedési eréllyel rendelkeznek. Csökken a mortalitás, mivel

kisebbs stressznek vannak kitéve az egyedek. A takarmány mellett különböző takarmánykiegészítők is etethetők, melyek jótékony hatással vannak a bélflóra kedvező baktériumai számára, ezzel a kezdetektől fogva kedvező állategészségügyi állapotot biztosítva. Ennek köszönhetően a csibék immunrendszere és emésztőkészüléke jobban tud alkalmazkodni a telepen őket fogadó mikroflórához.

Hátránya például a magas kezdeti költségek, mivel az ehhez szükséges gépek és berendezéseknek magas a beruházási költsége és a takarmány költsége is magas lehet. Ha nem megfelelően történik a takarmányozás, vagy szennyeződik a takarmány vagy a víz, betegségek terjedését okozhatja. Ez a kelés körüli érzékeny időszakra különösen igaz. Fennállhat a tületetés kockázata, amely szintén egészségügyi gondokat okozhat (INTERNET10). A takarmányfogyasztás utáni hosszú szállítás szintén megviselheti a naposcsibéket, enne következtében olyan technológiák is kidolgozás alatt vannak, melyek egyik formája a szállítóládában biztosított takarmány vagy speciális takarmány-kiegészítő. Egy nemrégiben kidolgozott, új technológia az utókelletés (bújtató) kihagyása és az előkelletett tojások speciális istállóban történő elhelyezése, ahol a naposcsibék azonnal takarmányhoz jutnak ahogy kikeltek. A korai takarmányozás további újítása a madárembrío külső forrásból származó táplálóanyag ellátása, ezt a módszert hívjuk in ovo takarmányozásnak (HALAS, 2022).

3. 4. Mikrobiális közösségek vizsgálata új generációs szekvenálási technikával

A hagyományos, baktériumtenyésztésen alapuló módszerekkel nem lehetséges minden mikroorganizmus azonosítása. A teljes bélflóra felfedezésére új DNS alapú vizsgálatokat dolgoztak ki. Ennek jelentősége azért is nagy, mivel a baromfi immunrendszere 70%-ban a bélrendszerben és 25%-ban a bélnyálkahártya nyirokszövetében helyezkedik el. Egy antigén forrásként is működik a béltraktus mikroflórája (INTERNET6).

A metagenomika rövid története és alapelvei

Az ezredforduló után az új generációs szekvenálási technológiák (NGS) forradalmasították a mikrobiális közösségek vizsgálatát. A hagyományos mikrobiológiai módszerekkel ellentétben, amelyek tenyésztett baktériumkultúrákra összpontosítottak, az NGS lehetővé tette a környezetből közvetlenül származó DNS tömeges szekvenálását. Ez a megközelítés, amit **metagenomikának** nevezünk, feltárta a mikrobiális diverzitás eddig ismeretlen mélységeit, és új betekintést engedett a mikrobák ökológiájába és funkciójába.

A metagenomika alapelvei a következők:

1. Közvetlen DNS-szekvenálás: A mintákból közvetlenül izolált DNS-t szekvenálják, anélkül, hogy a mikrobákat tenyészténék.
2. Teljes genom-szekvenálás: A cél a teljes mikrobiális közösség genomjának feltérképezése, beleértve a nem tenyésztethető baktériumokat is.
3. Funkcionális elemzés: A szekvenciadatok elemzése a mikrobiális közösség funkcionális kapacitásának megértésére irányul.

A metagenomikai vizsgálatok két fő típusa létezik:

1. Shotgun metagenomika: A DNS-t véletlenszerűen fragmentálják, majd a fragmenteket szekvenálják. Ez a módszer átfogó képet ad a mikrobiális közösség összetételéről.
2. Célzott metagenomika: Specifikus génekre vagy genomszakaszokra fókuszál, amelyek a mikrobiális közösség funkciójában fontos szerepet játszanak.

A metagenomika előnyei a hagyományos mikrobiológiai módszerekkel szemben:

- Teljesebb kép: Feltárja a nem tenyésztethető baktériumokat is, amelyek a mikrobiális közösség jelentős részét alkotják.
- Funkcionális elemzés: Lehetővé teszi a mikrobiális közösség funkcionális kapacitásának megértését.
- Sokoldalúság: Széles körű alkalmazási területe van, beleértve az ökológiát, az orvostudományt, a mezőgazdaságot és a bioremediációt.

A metagenomika egy hatékony eszköz a mikrobiális világ megértéséhez. A technológia fejlődésével egyre több betekintést nyerhetünk a mikrobák szerepébe az ökoszisztémákban és az emberi egészségben.

A 16S rRNS gén szekvenálásán alapuló mikroflóra analízis

A 16S rRNS gén szekvenálás egy hatékony eszköz a mikrobiális közösségek összetételének és diverzitásának vizsgálatára. Ez a módszer a prokarióta baktériumok faj szintű azonosítására és a mintában jelenlévő baktériumok filogenetikai besorolására használható.

A 16S rRNS gén egy körülbelül 1500 bázispár hosszúságú DNS-szakasz, amely minden élőlényben előfordul. A gén kilenc hipervariábilis régiót tartalmaz, amelyek a szekvenciában változóak a különböző baktériumfajok között. Ezek a variábilis régiók ideálisak a baktériumok azonosítására és osztályozására.

A 16S rRNS gén szekvenálásán alapuló mikroflóra analízis a következő lépésekből áll:

1. Mintavétel és DNS izolálás:
2. PCR amplifikáció, mely során a 16S rRNS gén hipervariábilis régióját specifikus primerpárokkal amplifikálják (sokszorozítják) PCR segítségével.

3. Az amplifikált DNS-t szekvenálják nagy áteresztőképességű szekvenálási technológiákkal (pl. Illumina, Miseq).

4. Bioinformatikai elemzés, mely során a nyers szekvenciadatokat bioinformatikai szoftverekkel elemzik. Az elemzés során a szekvenciákat összehasonlítják a referencia adatbázisokban tárolt 16S rRNS génszekvenciákkal a baktériumok azonosítása és osztályozása céljából. A baktériumok gyakoriságát és a diverzitást is megbecsülik.

5. Statisztikai elemzés: A bioinformatikai elemzés során kapott adatokat statisztikai módszerekkel tovább elemezhetjük. Ez magában foglalhatja a különböző taxonómiai szinteken (pl. törzs, osztály, rend, család, nemzetség) a relatív gyakorisági értékek különbségeinek elemzését.

A 16S rRNS gén szekvenálásán alapuló mikroflóra analízis előnyei:

- A módszer nem igényli a baktériumok tenyésztését, így a nem tenyésztethető baktériumokat is kimutathatja.
- A módszer kvantitatív adatokat szolgáltat a baktériumok gyakoriságáról és diverzitásáról.
- A módszert a mikrobiális közösségek széles skálájának vizsgálatára lehet alkalmazni.

A 16S rRNS gén szekvenálásán alapuló mikroflóra analízis hátrányai:

- A szekvenálási technológia költséges lehet.
- A bioinformatikai elemzéshez bioinformatikai szakértelem szükséges.
- A baktériumok azonosítása és osztályozása az adatbázisokban tárolt referencia szekvenciáktól függ.

Összességében a 16S rRNS gén szekvenálás egy hatékony eszköz a mikrobiális közösségek összetételének és diverzitásának vizsgálatára. A módszernek számos előnye van, azonban a módszernek megvannak a maga korlátai is, mint a magas költség és a bioinformatikai elemzéshez szükséges szakértelem (BORDA-MOLINA et al., 2018; GEON GOO et al., 2016).

4. Anyag és módszer

4. 1. Tojásszedés és keltetés

A kísérlethez tojásokat gyűjtöttünk össze Ross 308 fajtájú broiler szülőpár állományból. Összesen 1460 tojást szállítottunk légkondicionált járművekkel (16–18°C-os hőmérsékleten) a keltető üzembe (Gallus Kft., Devecser, Magyarország). Az összegyűjtött tojások átlagos súlya 61,25 g volt. A tojásokat fertőtlenítettük paraformaldehiddel, 7 g/m³ koncentrációban. A keltetési folyamatot a tojások lerakását követő hetedik napon kezdtük el Petersime Bio Streamer 24S típusú előkeltető gépekben. A keltetőgép automatikusan szabályozta a hőmérsékletet, a relatív páratartalmat, a levegő CO²-tartalmát és a tojások forgatását a standard keltetési protokoll szerint, kezdő hőmérséklettel 37,9°C-on és 94%-os páratartalommal, ami a 18. napon csökkent 35,7°C-ra és 74%-ra. A 18. napon átvilágítással kiválogatták a meddő, elhalt, sérült és rothadt tojásokat. Ezt követően az összes termékeny tojást beoltották fertőző bursitis elleni vakcinával (Cevac Transmune) automatikus oltóberendezéssel (Embrex Inovoject, Zoetis Inc., New York, NY, USA). Az oltás után a gép automatikusan áthelyezte a tojásokat a kikelő tálcákra. A bújató környezeti paramétereket szintén automatikusan szabályozták a normál keltetési protokollnak megfelelően. A kezdő hőmérséklet 36,7°C volt, ami az utolsó napra 35,3°C-ra csökkent. A bújató páratartalma kezdetben 82% volt, ez az érték a második napon 89%-ra nőtt, majd ismét 82%-ra csökkent. Az első kelési időszakban kikelt állatokat 481 és 491 óra között, míg a később kikelt csirkéket 492 és 502 óra között gyűjtötték össze a kelési idő alapján. Az átlagos kelési idő az első csoportban 489,4 óra, a később kikelteknél 493,9 óra volt. A válogatás után az egy naposcsibéket oltották be fertőző bronchitis és Newcastle-betegség elleni vakcinákkal, majd azonnal szállították őket. Az állatkísérleti telepre érkezésük két órán belül történt.

4. 2. Állatkísérlet és kezelések

A kísérlet a Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Élettani és Takarmányozástani Intézetének kísérleti telepén, Keszthelyen lett beállítva, amely az állatjóléti etikai irányelveknek megfelelően került jóváhagyásra a MÁB-5/2022 számú engedély alapján az intézmény Állatjóléti Bizottságától. Minden állattartási és eutanáziai eljárás a magyar állatvédelmi törvényekkel, azon belül is a 40/2013. (II. 14.) számú kormányrendelettel összhangban, az állatok jóllétének maximális figyelembevételével történt.

A kísérlet során összesen 576 naposcsibét kelést követően lemértünk, majd 2 takarmányozási csoportra osztottuk, kezelésként 12 ismétléssel (24 állat fülkénként). A kezelések és rövidítéseik a következők: korán kikelt csibék (E), későn kikelt csibék (V).

A naposcsibéket automata, számítógéppel vezérelt optimális környezeti feltételeket biztosító zárt helyiségben helyeztük el, 10 csibe/m² sűrűségben. A csoportos tartás szecskázott búzaszalma mélyalommal ellátott, horganyzott lemezből és huzalból készített fülkékben történt. A kísérleti takarmányokat úgy állítottuk össze, hogy fedezzék a Ross 308-as csirkék táplálóanyag szükségletét a tenyésztő ajánlásának megfelelően (AVIAGEN, 2019). A hőmérséklet csökkentésének lépcsői a következőképpen alakultak: 1-2. nap: 30°C; 3-5. nap: 29°C; 6-8. nap: 28°C; 9-11. nap: 27°C; 12-14. nap: 26°C; 15-17. nap: 25°C; 18-20. nap: 24°C; 21-30. nap: 23°C; 24-26. nap: 22°C; 27-39. nap: 21°C. A csoportok kukorica-szója alapú tápokat kaptak, melyeket úgy állítottuk össze, hogy fedezzék a Ross 308-as csirkék táplálóanyag szükségletét a tenyésztő ajánlásának megfelelően (AVIAGEN, 2019). A hizlalás során három fázist különböztettünk meg: indító, nevelő és befejező. Az indító etetése az első 10 napban, a nevelő a 11-24 nap között és a befejező 25 napos kortól a 39. napig a kísérlet végéig.

A tápok összetétele, és tápanyagtartalma a 1. és 2. táblázatban látható. Az etetés, és az itatás a kísérlet teljes időtartalma alatt *ad libitum* zajlott.

1. táblázat: A kísérleti tápok összetétele (g/kg)*(Forrás: saját munka)*

Összetétel	Indító (1-11. nap)	Nevelő (12-14. nap)	Befejező (15-39. nap)
Kukorica	391,3	424,8	479,4
Búza	100,0	100,0	100,0
Extrahált szójadara	407,0	374,0	321,0
Napraforgó olaj	51,0	60,0	64,0
Takarmánymész	16,5	13,9	12,0
Monokalcium-foszfát	13,2	11,0	8,9
L-Lizin	4,1	2,7	2,1
DL-Metionin	4,0	3,2	2,9
L-Threonin	1,4	0,8	0,6
L-Izoleucin	0,3	0,1	0,1
L-Arginin	0,3	0	0
Valin	1,0	0,6	0,6
NaCl	3,0	3,0	3,0
NaHCO ₃	1,0	1,0	1,0
Premix	5,0	4,0	4,0
Xilanáz ¹	0,2	0,2	0,2
Fitáz ²	0,1	0,1	0,1
Kokcidiosztatikum	0,6 ³	0,5 ⁴	0
Összes	1000	1000	1000

¹ NSP digesting enzymes, beta 1-4, endo-xylanase enzyme - Econase XT, AB Vista, Marlborough, Wiltshire, SN84AN; ² Quantum Blue (Panadditív Kft. 2040 Budaörs); ³ Maxiban, Elanco Clinton Laboratories, USA; ⁴ Sacox, Huvepharma EOOD, Sofia, Bulgaria

2. táblázat: A kísérleti tápok mért táplálóanyag tartalma*(Forrás: saját munka)*

Mért táplálóanyag tartalom	Indító	Nevelő	Befejező
AMEn (MJ/kg)	12,55	13,05	13,46
Nyersfehérje	22,4	21,0	18,9
Nyerszsír	7,2	8,2	8,7
Nyersrost	3,3	3,2	3,0
Ca	1,06	0,92	0,80
P (összes)	0,61	0,55	0,49
emészthető lizin	1,30	1,15	1,00
emészthető metionin	0,69	0,60	0,55
emészthető metionin + cisztin	0,98	0,87	0,80

4. 3. Mérések és mintagyűjtés

A 39 napos nevelés során a takarmányváltások időpontjában minden egyes állat testtömegét, és a ketrecek takarmányfogyasztását megmértük. A mért adatokból a hízalás egészére vonatkozóan mértük és számítottuk a csirkék takarmányfelvételét, testtömeg-gyarapodását, továbbá a fajlagos takarmány-felhasználást. A 11. és a 39. napon ketrecenként két csirkét választottunk ki véletlenszerűen, CO₂ kábítást követően az állatokat kivéztettük béltartalom mintavételezés céljából. A vakbéltartalom mintáit a bal oldali zsákból gyűjtöttük össze. A béltartalmat homogenizáltuk, és körülbelül 2 grammnyi mintát helyeztünk steril tárolóedénybe. Minden mintát rögtön mélyhűtöttünk és -80°C-on tároltuk további elemzésig.

4. 4. DNS kivonás, 16S rRNSgén amplifikáció és IlluminaMiSeq szekvenálás

A DNS kivonása előtt a ketrecenkénti két madár mintáit egyesítettük. A mintákból a bakteriális DNS kivonása, tisztítása után az amplifikáláshoz KLINDWORTH et al. (2013) szerint leírt, bakteriális 16S rRNS gén V3-V4 régiójára tervezett primereket használtunk. Az elkészült, minőségellenőrzött és qPCR-rel kvantifikált könyvtárak szekvenálása Illumina Miseq platformon történt. A nyers szekvencia adatait a Nemzeti Biotechnológiai Információs Központ (NCBI) Sequence Read Archive adatbázisába töltöttük fel PRJNA996958 azonosítószámmal.

4. 5. Bioinformatikai és statisztikai értékelések

A nyers szekvenciák analíziséhez a Quantitative Insights Into Microbial Ecology 2 (QIIME2) 2020.2. verziószámú szoftverét használtuk (BOLYEN et al., 2019). Az operatív taxonómiai egységek (OTU) klaszterezését nyílt referencia-stratégia segítségével végeztük 97%-os hasonlósági szinten történt Silva adatbázis felhasználásával (QUAST et al., 2013).

A diverzitást a minták között (alfa-diverzitás) és a mintacsoportok között (béta-diverzitás) QIIME2 és MicrobiomAnalyst web alapú elemzőprogram segítségével értékeltük (LU et al., 2023). A minták fajgazdagságának (alfa-diverzitás) elemzéséhez Chao1, Shannon és Simpson diverzitási indexeket használtuk. A béta diverzitási elemzés során Bray–Curtis mátrixot valamint ANOSIM nem paraméteres statisztikai módszert alkalmaztunk. A statisztikai értékeléshez az SPSS statisztikai szoftver 23.0 verzióját (IBM Corp., 2015) használtuk.

A termelési paraméterek és a mikrobióta összetételének eredményeit szintén SPSS 23.0 programman egytényezős varianciaanalízissel értékeltük, mint a két mintavételi időpontban. A mikrobiom összetételt a különböző taxonómiai szintjeiken (törzs, osztály, rend, család, nemzetség) Benjamini–Hochberg korrekcióval (FDR p-érték), egytényezős varianciaanalízissel

hasonlítottuk össze. Szignifikáns különbségnek az FDR $p < 0,05$ értéket, míg az 0,05 és 0,10 közötti értéket trendnek tekintettük. A termelési paramétereket egytényezős varianciaanalízissel értékeltük, a különbségeket ez esetben is $p < 0,05$ szinten tekintettük szignifikánsnak.

5. Eredmények és értékelésük

5. 1. Termelési eredmények

A kelési idő szignifikáns különbségeket eredményezett a naposcsibék kelési súlyában, a későn kikelt csibék kelési súlya szignifikánsan nagyobb volt a korábban keltekhez képest (3. táblázat). A madarak hizlalása során a termelési eredményben már kisebb volt a különbség, de a későn kelt kezelési csoport 39 napos testtömege is szignifikánsan nagyobb volt. Emellett a takarmányértékesítés a kísérlet teljes ideje alatt statisztikailag kimutathatóan jobb volt a későn kelt csoport esetében.

3. táblázat: A kezelések hatása a brojlercsirkék testsúlyára, takarmányfelvételére, takarmányértékesítési arányára és súlygyarapodására

(Forrás: saját munka)

Kelési idő		Korán kelt	Későn kelt	Standard hiba	p-érték
Testtömeg (g)	0. nap	41.7 ^b	42.9 ^a	1,254	0,000
	10. nap	270,2	267,8	8,546	0,439
	24. nap	1237,7	1273,7	27,449	0,057
	39. nap	2661.2 ^b	2783.2 ^a	42,587	0,004
Takarmányfogyasztás (g/nap)	indító	294,9	302,9	3,488	0,145
	nevelő	1229,1	1235,3	24,079	0,857
	befejező	2197,5	2255,4	30,024	0,279
	Teljes	3721,6	3793,7	51,528	0,364
Testtömeggyarapodás (g)	indító	228,8	228,3	7,417	0,375
	nevelő	973.7	1009.0 ^a	19,335	0,209
	befejező	1422.1 ^b	1511.0	17,933	0,084
	Teljes	2624.7	2748.4	41,021	0,082
FCR (g/g)	indító	1,31	1,35	0,036	0,919
	nevelő	1,26 ^b	1,22 ^a	0,015	0,030
	befejező	1,54 ^b	1,49 ^a	0,015	0,001
	Teljes	1,41 ^b	1,38 ^a	0,012	0,003

Az ^{a,b} jelzések a kelésidő hatására bekövetkező átlagok közötti szignifikáns különbséget jelölik ($p < 0,05$).

5. 2. 16s rRNS szekvenálási vizsgálat eredményei

A vizsgálat során a 48 mintából összesen 799 166 minőség-ellenőrzött szekvenciát eredményezett. Az átlagos szekvencia szám 16 649 volt (min: 3136; maxi: 24 402). Ezeket az szekvenciákat 701 taxonómiai egységbe (OTU) sikerült besorolni 97%-os hasonlósági szinten, nyílt megközelítést alkalmazva.

5. 2. 1. Alfa-diverzitás

Ez egyetlen mintán belüli fajok sokféleségére utal. Megméri, hogy hány különböző baktériumfaj van jelen és milyen mennyiségben. A magasabb alfa-diverzitás gazdagabb és változatosabb baktériumközösségre utal.

A Chao1 indexet a fajgazdagság becslésére; a Shannon és Simpson indexeket pedig a fajok sokféleségének jelzésére használjuk.

11. napos korban a Shannon- és Simpson-diverzitás-indexek kimutatták, hogy a korán kelt csirkék bél-mikrobiomja fajgazdagabb volt, mint a későn kelt csibéké (4. táblázat). Ez azt jelenti, hogy a korán kelt madarak bélcsövében nagyobb számú baktériumnemzetség volt jelen.

4. táblázat: Az Alfa-diverzitás vizsgálata a vakbélben 11. napos korban

(Forrás: saját munka)

11. napos kor	Kelési idő	Átlag (Kelési idő)	p-érték
Chao 1	korai	184,592	0,481
	késői	173,177	
Shannon	korai	3,791 ^a	0,018
	késői	3,420 ^b	
Simpson	korai	0,953 ^a	0,011
	késői	0,904 ^b	

Az ^{a,b} jelzések a kelésidő hatására bekövetkező átlagok közötti szignifikáns különbséget jelölik (p<0,05).

39. napos korban nem találtunk szignifikáns különbségeket az alfa-diverzitásban a korán és későn kelt csibék között (5. táblázat). Ez arra utal, hogy a 39. napra a két vizsgált csoport bél-mikrobiomja hasonló volt a baktériumdiverzitás tekintetében.

5. táblázat: Alfa diverzitás vizsgálata a vakbélben 39. napos korban

(Forrás: saját munka)

39 napos kor	Kelési idő	Átlag (kelési idő)	p-érték
Cao 1	korai	374,076	0,100
	késői	344,474	
Shannon	korai	4,254	0,800
	késői	4,382	
Simpson	korai	0,954	0,741
	késői	0,966	

5. 2. 2. Béta-diverzitás

Ez a metrika két minta közötti baktériumközösség béli különbségeket vizsgálja, a mintacsoportok faji sokféleség béli különbségeinek összehasonlítására használjuk.

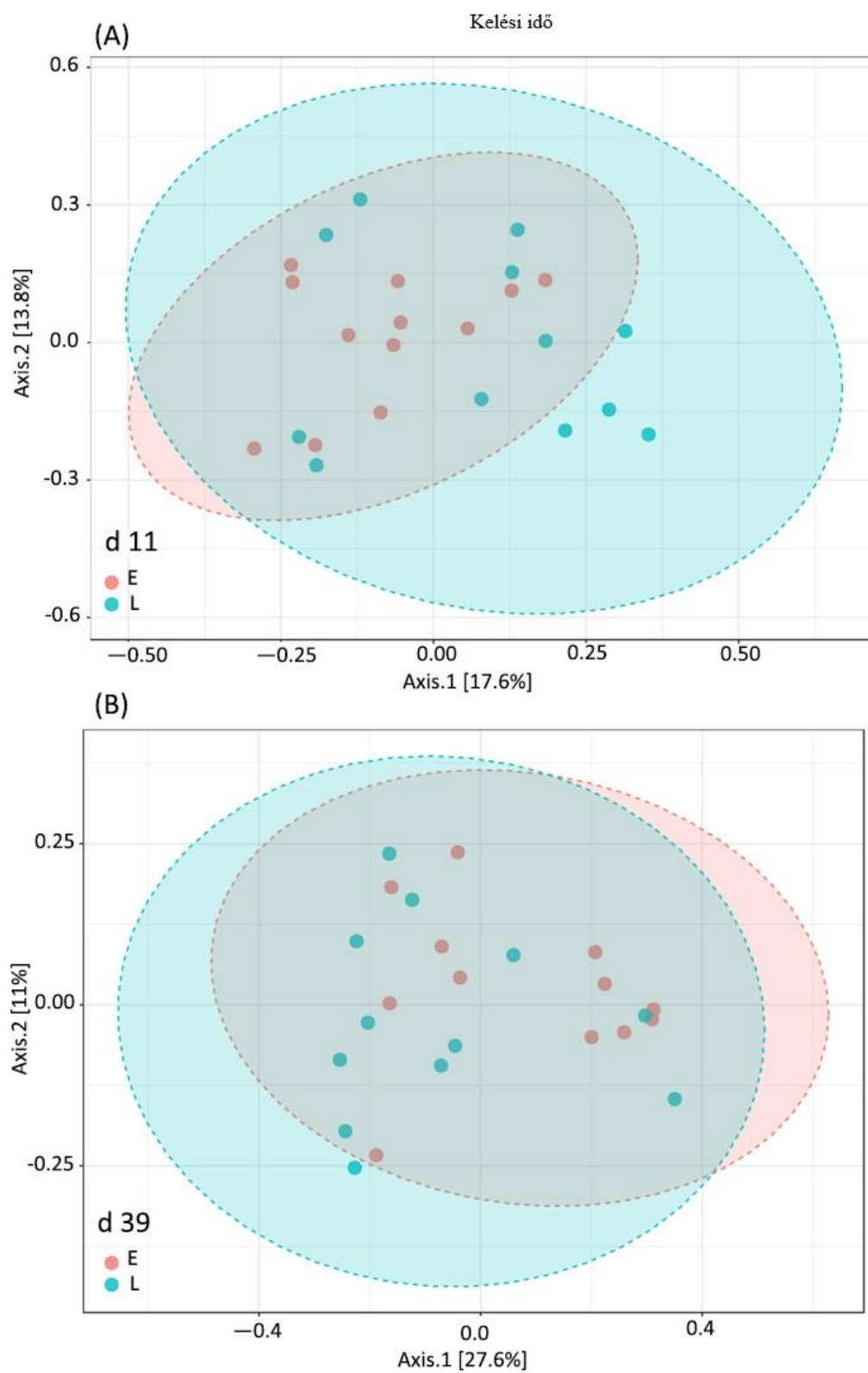
Főkoordináta elemzés (PCoA): Ez egy statisztikai módszer, amely a mintákat pontokként ábrázolja egy többdimenziós térben, a pontok közötti távolság pedig a baktériumközösségek hasonlóságát/eltérését tükrözi.

Bray-Curtis különbözőségi mátrix: A két mintavételi hely összetételét hasonlítja össze, nem számol filogenetikai távolsággal.

PERMANOVA: Ez egy statisztikai teszt, amellyel megállapítható, hogy a minták közötti különbségek szignifikánsak-e (véletlenek kizárhatók-e).

11 napos korban kimutatható volt, hogy a korán és későn kelt madarak caecum mikrobióta közösségének struktúrája szignifikánsan különbözött (8. ábra A). A PERMANOVA teszt R-négyzete 0,087 volt, a p-érték pedig 0,004, ami szignifikáns különbséget jelez ($p < 0,05$). 39 napos korban azonban már nem volt kimutatható szignifikáns különbség a kelési idő szerint a bélbaktériumközösségek között (8. ábra B). A PERMANOVA teszt R-négyzete 0,056 volt, a p-érték pedig 0,18, ami nem szignifikáns különbségre utal.

8. ábra: Főkoordináta-elemzés (PCoA) a Bray–Curtis különbségi mátrix alkalmazásával:
Kelési idő hatása a (A) 11.napos és a (B) 39. napos madarak vakbél baktériumközösségére
(Forrás: saját munka)



5. 2. 3. Taxonómiai összetétel

A vizsgálat során 11 napos korban hat, 39 napos korban pedig nyolc baktérium törzs került azonosításra a vakbélben (6. és 7. táblázat). Mindkét vizsgálati időpontban a *Firmicutes* volt a legnagyobb arányban jelenlévő baktériumtörzs, ezt követte a *Bacteroidetes* és a *Tenericutes*.

Kisebb mennyiségben egyéb baktériumtörzseket is megtalálhatóak, mint például a *Proteobacteria*, *Cyanobacteria* és *Actinobacteria*. 39 napos korban *Epsilonbacteraeota* és *Euryarchaeota* baktériumtörzsek is azonosítva lettek, de ezek aránya alacsony volt. A kelési idő szignifikánsan befolyásolta egyes baktériumtörzsek arányát 11 napos korban.

6. táblázat: A kelési idő hatása a 11 napos madarak mikrobiom összetételére törzs szinten
(Forrás: saját munka)

Törzs (%)	Kelési idő	Átlag (Kelési idő)	Kelési idő p-érték
<i>Firmicutes</i>	korán kelt	88,488	0,048
	későn kelt	77,390	
<i>Bacteroidetes</i>	korán kelt	7,982	0,056
	későn kelt	20,108	
<i>Proteobacteria</i>	korán kelt	0,295	0,104
	későn kelt	1,166	
<i>Actinobacteria</i>	korán kelt	0,086	0,089
	későn kelt	0,053	
<i>Cyanobacteria</i>	korán kelt	0,799	0,187
	későn kelt	0,086	
<i>Tenericutes</i>	korán kelt	2,350	0,157
	későn kelt	1,197	

A korábban kelt madaraknál a *Firmicutes* törzs aránya statisztikailag kimutathatóan nagyobb volt (88,488-77,39%; $p = 0,048$). A később kelt csoportnál pedig a *Bacteroidetes* (7,982-20,108%; $p = 0,056$) és az *Actinobacteria* (0,086-0,053%; $p = 0,089$) baktériumtörzsek arányának tendenciális növekedése volt kimutatható. Ezek a különbségek 39 napos korban már nem voltak láthatóak.

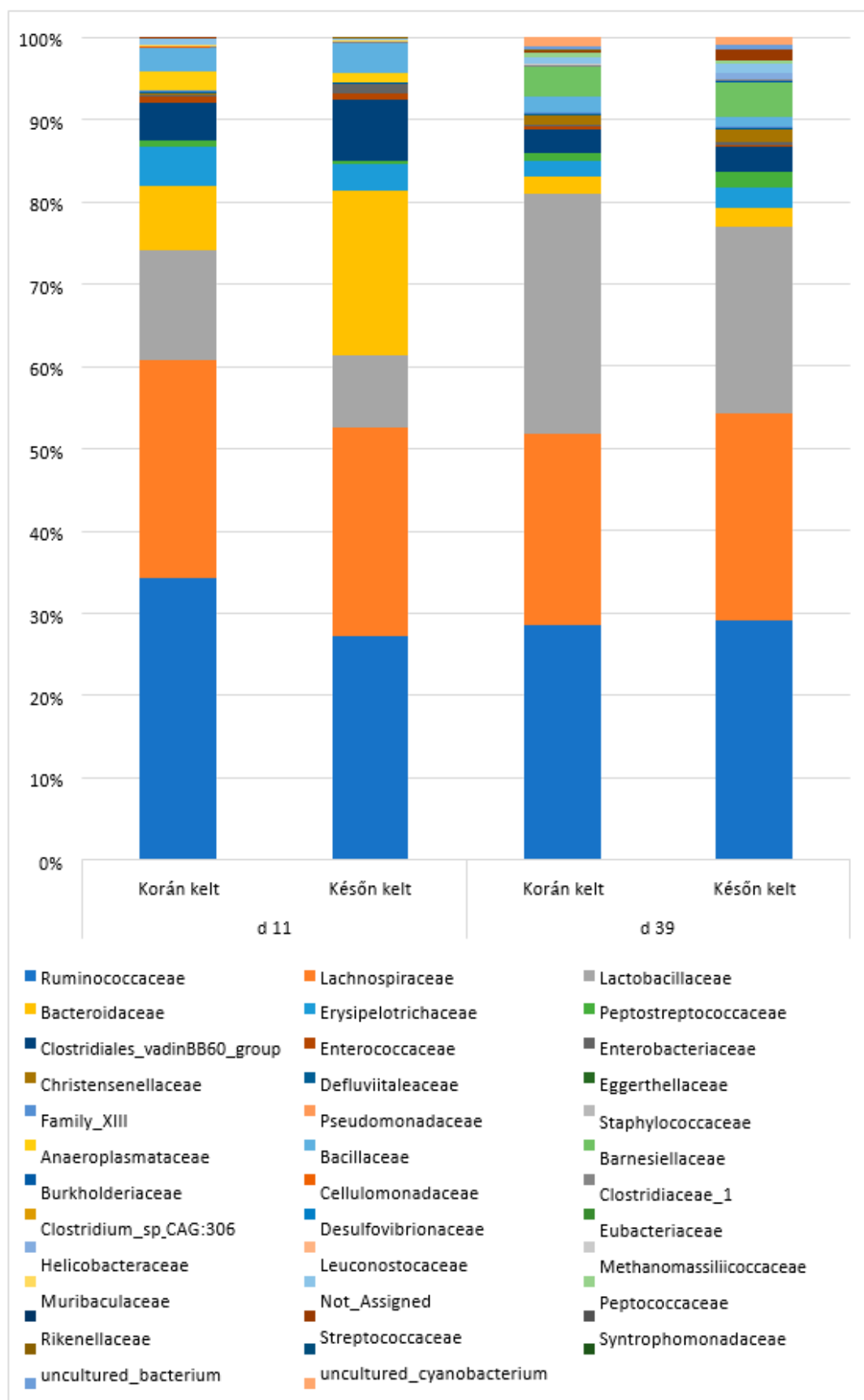
7. táblázat: A kelési idő hatása a 39 napos madarak mikrobiom összetételére törzs szinten

(Forrás: saját munka)

Törzs%	Kelési idő	Átlag (Kelési idő)	Kelési idő p-érték
<i>Firmicutes</i>	korán kelt	92,579	0,596
	későn kelt	91,630	
<i>Bacteroidetes</i>	korán kelt	5,831	0,471
	későn kelt	6,666	
<i>Proteobacteria</i>	korán kelt	0,229	0,303
	későn kelt	0,572	
<i>Actinobacteria</i>	korán kelt	0,030	0,533
	későn kelt	0,048	
<i>Cyanobacteria</i>	korán kelt	0,899	0,545
	későn kelt	1,209	
<i>Tenericutes</i>	korán kelt	0,284	0,485
	későn kelt	0,206	
<i>Epsilonbacteraeota</i>	korán kelt	0,124	0,468
	későn kelt	0,712	
<i>Euryarchaeota</i>	korán kelt	0,019	0,988
	későn kelt	0,019	

A törzsi szintű elemzés változásaihoz hasonlóan statisztikailag ugyan nem szignifikáns, de tendenciális változások voltak megfigyelhetőek a kelési idő család szinten. Az 1% feletti gyakoriságot meghaladó családok a 9. ábrán láthatóak. Négy nagyobb család (*Ruminococcaceae*, *Lachnospiraceae*, *Bacteroidaceae* és *Lactobacillaceae*) és tíz kisebb család volt 1% feletti gyakorisággal jelen. 11 napos korban a korán kikelt madarak vakbelében a *Ruminococcaceae* és *Lactobacillaceae* gyakorisága 7%-kal, illetve 4,6%-kal volt magasabb, míg a *Bacteroidaceae*-é 12,2%-kal volt alacsonyabb, mint a 39 napos állatoké. A *Lachnospiraceae* családot nem befolyásolta a kelési idő. Az előző eredményeknek megfelelően a családok közötti különbségek a 39. napra megszűntek.

9. ábra: A kelési idő hatása a mikrobiom összetételére család szinten
(Forrás: saját munka)



6. Következtetések

Miután a csibe kikel, és a visszamaradt szikholtyag visszahúzódik a hasüregbe, a szikholtyag lipidbeépítése és metabolizmusa folytatódik, és elegendő a csibe megfelelő táplálásához a kelés utáni napokra (NOBLE, R. et al., 1990). A kelési idő szignifikánsan magasabb kelési súlyt eredményezett a később kelt madaraknál. Ennek oka lehet a korábban kelt csibék súlyvesztése és glikogénraktárainak nagyobb kimerülése (WILLEMSSEN, H. et al., 2010). Ezenkívül a később kelt csibék keléskor fejlettebbek (LAMOT, D.M. et al., 2014). Számos eredmény áll rendelkezésre a takarmány- és vízmegvonás fiatal brojlercsirkék anyagcseréjére és életképességére gyakorolt hatásairól (JUUL-MADSEN, H.R. et al., 2004, PÁL, L. et al., 2013, PÁL, L. et al., 2013).

Ennek az eredménynek az újdonsága, hogy nem alkalmaztak mesterséges megvonásokat, csak a normál keltető gyakorlat során a kelési ablak hatását mérték. A kelési idő befolyásolta az állatok végső testtömegét, amely ebben a vizsgálatban szignifikánsan 122 grammal volt magasabb. Természetesen a korán kelt csibék azonnali takarmány- és vízszükséglet kielégítése ellensúlyozhatja a súlyvesztést. Ez is kiemeli az új keltető takarmányozási technológiák fontosságát, amelyek csökkentik a stresszt és javítják az egy napos csirkék alkalmazkodóképességét (WIJNEN, H.J. et al., 2022). A később kelt csirkék magasabb növekedési potenciálján túl az egy napos súly nagyobb szórása később is növeli az állomány élő súly-eltérését, ami rontja a takarmányértékesítési arányt.

A kelési idő jelentős változást okozott a vizsgálat során. A kelés és az első etetés közti időtartam befolyásolja a bélrendszer fejlődését (NOY, Y. et al., 2002). Hatással van a bél hosszúságának és tömegének, valamint a bélbolyhok hosszúságára és területi növekedésére (UNIZ, et al., 1990). Az immunrendszer és a hőmérsékleti-szabályozó rendszer is jelentős fiziológiai változásokon megy keresztül. A kikelés utáni időszakban elsődleges energiaforrásként a tojássárgája lipidjei szolgálnak (SATO, M. et al., 2006, VAN DER WAGT, I. et al., 2020). A keléskor visszamaradt sárgája súlyát több tényező is befolyásolhatja, különösen a tojás mérete és a keltetési hőmérséklet (VAN DER WAGT, I. et al., 2020). A peteburokból a belekbe történő transzport a kelés után akár 72 órával is megfigyelhető (NOY, Y. et al., 1996). A madaraknál a tojás héj gátat képez a mikroorganizmusok átvitele szempontjából az embrióra nézve. Az elsődleges védelem a kórokozók ellen a tojás héj (COOK, M.I. et al., 2003.). A keltetőben kikelt csibéknek korlátozott az érintkezése az anyai bélfalával (PEDROSO, A.A. et al., 2016).

A bélfalra kialakulásában főként a tojásképződés során az anyától az utódnak átadott mikroorganizmusok játszanak szerepet (DING, P. et al., 2021). Ez azért fontos, mert a szervezet

mikrobái megakadályozhatják a fertőzéseket, növelhetik a keltethetőséget, és jótékony hatással lehetnek a baktériumok korai fejlődésére (SARMIENTO-RAMÍREZ, J.M et al., 2014, BUNKER, M.E. 2021). Több tanulmány is beszámolt arról, hogy a takarmányhoz való késői hozzáférés befolyásolhatja a bélflóra fejlődését. Jelentősen nő a bélrendszerben a mikroorganizmusok szaporodása az első elfogyasztott takarmány után (BALLOU, A.L. et al., 2016, PROSZKOWIEC-WEGLARZ, M. et al., 2022). Az eredmények szerint a korábban kelt madaraknak, amelyek hosszabb ideig voltak takarmány nélkül, változatosabb volt a vakbél-mikrobiótája, mint a később kelt álatoknak, ennek azonban az oka ismeretlen. Lehetséges magyarázat lehet, hogy a korábban kelt csibék tovább tartózkodtak a keltető tálcán a tojások közelében, így olyan spóráképző baktériumokkal fertőződhetek meg, amelyek túléltek a keltető fertőtlenítő eljárását.

A fertőtlenítés a tojás felületén lévő baktériumok mennyiségét 10^4 CFU-ról körülbelül 10^3 CFU-ra csökkenti. A tojásokon a domináns törzsek a *Firmicutes*, *Actinobacteria*, *Fusobacteria* és a *Tenericutes*. A fertőtlenítő eljárás után a *Firmicutes* arány csökken, az *Actinobacteria* arány pedig nő, és új törzsek jelennek meg *Proteovacteria*, *Bacteroidetes* és a *Cyanobacteria* (OLSEN, R. et al., 2017). A fertőtlenítés a tojáshéj felszíni baktériumflóráját változatosabbá válását eredményezi alacsonyabb taxonómiai szinteken. Ezt a feltételezést nem sikerült igazolni, mivel a kelési idő különbségei miatt nem találtunk változásokat a spóráképző baktériumcsoportokban.

Általában a korai takarmányozás növeli a bélrendszeri baktériumok diverzitását (PROSZKOWIEC-WEGLARZ, M. et al., 2022), de nem találtunk kifejezetten a kelési idő okozta változásokra vonatkozó eredményeket.

A később kelt csibéknél magasabb volt a *Bacteroidetes* baktériumtörzs aránya, míg a *Firmicutes* és az *Actinobacteria* törzsek aránya alacsonyabb volt. Az *Actinobacteria* a vakbél négy fő baktériumtörzsének egyike, és bár mennyisége alacsony, fontos szerepet játszik a bélrendszer homeosztázisának fenntartásában, mivel a komplex poliszacharidok széles skáláját tudják hasznosítani (LACOMBE-HARVEY, M.-È. et al., 2018, BINDA, C. et al., 2018). Több tanulmány is bizonyította, a *Bacteroidetes* és a *Firmicutes* arányának fontosságát a bél különböző részein (POLANSKY, O. et al., 2016, SAKARIDIS, I. et al., 2018).

A két törzs között fontos különbség, hogy a *Firmicutes* tagjai fruktóz-izomerázt, míg a *Bacteroidetes* tagjai xilóz-izomerázt termelnek (POLANSKY, O. et al., 2016). A *Bacteroidetes* baktériumok főként a distalis bélben fordulnak elő, ahol részt vesznek a gazdaszervezet energiaellátásában a takarmányból származó, egyébként emészthetetlen poliszacharidok fermentálása révén (DUCATELLE, R. et al., 2023). A *Bacteroidetes* törzs egyes tajtai propionátot is

termelnék, ami segíti a homeosztázis fenntartását a rendelkezésre álló táplálóanyagokból történő energiatermelés között (POLANSKY, O. et al., 2016).

A később kelt csibéknél a magas *Bacteroidetes* aránya annak tudható be, hogy a korábban kelt madarak hosszabb ideig csak a tojássárgája táplálóanyagaival táplálkoztak, amely főként zsírokból és fehérjéből áll, és alacsony a szénhidrát tartalma (JUUL-MADSEN, H.R. et al., 2004). A később kelt csibék azonban hamarabb jutottak hozzá emészthető és emészthetetlen szénhidrátokat tartalmazó táplálékhoz, ami elősegíti a *Bacteroidetes* baktériumok elszaporodását a vakbélben. Ezzel ellentétes eredményt kapott LI, et al., (2022), ahol 24 és 48 órás takarmánymegvonás jelentősen magasabb *Bacteroidetes* és *Actinobacteria* arányt eredményezett. Ezek az eredmények azonban nem teljesen összehasonlíthatóak a kezelések közti különbségek miatt.

Az első néhány napban a *Firmicutes* baktériumtörzs dominanciája kedvezőbb, mivel a sok tagjuk butirátot termel. A fiatal egyedek vakbelében a bélsejtek intenzív növekedéséhez, illetve az első kórokozók megjelenésének (*Clostridia* és *Enterobacteriaceae*) kordában tartásához fontos a butirát termelés (DUCATELLE, R. et al., 2023, VAN IMMERSEEL, F. et al., 2017, VERMEULEN, K. et al., 2018).

Bár a család szinten a korábban és később kelt csirkék bélflórája között nem volt jelentős különbség, a *Firmicutes* törzshöz tartozó *Lactobacillaceae* és *Ruminococcaceae* családok mennyisége csökkent, míg a *Bacteroidaceae* család mennyisége nőtt a később kelt csirkéknél. A *Lactobacillaceae* család tagjai tejsavat termelnek, amely a *Ruminococcaceae* család számos tagjának fő szubsztrátja. A *Ruminococcaceae* család a tejsavat butirát és kapronsav előállítására használja (LU, S. et al. 2021.). Ezen kölcsönös táplálkozási mechanizmus miatt a *Lactobacillaceae* és a *Ruminococcaceae* közötti szoros összefüggés nem meglepő. A másik fő butirát-termelő család, a *Lachnospiraceae* nem reagált a kezelésekre. Ezzel szemben a *Bacteroidaceae* család tagjai számos cellulózt és összetett poliszacharidokat lebontó enzimet kódoló gént tartalmaznak (TAN, H. et al., 2019, HAMAKER, B.R. et al., 2014, DE FILIPPO, C. et al., 2010), és a propionát és butirát mellett különböző oligoszacharidokat is termelnek (MOLNÁR, A. et al., 2020, DE MAESSCHALCK, C. et al., 2019).

7. Összefoglalás

A kísérlet eredményei alapján megállapítható, hogy a jól ismert tényezők mellett a kelési időnek is jelentős hatása van az egynapos csirkék élősúlyára. A később kelt csirkék nehezebbek, és ezt az előnyt a hizlalás végéig is meg tudják tartani. Ezért a kelési ablak lerövidítése vagy a korai etetés technikájának alkalmazása csökkenti az egynapos madarak, később pedig az egész állomány élősúly-eltérését.

A vizsgálat másik új eredménye, hogy a kelési idő a vakbél korai baktériumflórájának fejlődését is befolyásolja. 11. napján a korábban kelt csirkék alfa-diverzitása magasabb volt, mint a később kelt madaraké, ami arra utal, hogy a korábban kelt csirkék a keltetőgépben több baktériummal érintkeztek. Mivel a korán és későn kelt csirkék takarmányhoz való hozzáférése között nem volt nagy különbség, ez az eredmény azt jelenti, hogy a fertőtlenítési eljárást túlélő tojáshéj-baktériumok is befolyásolhatják az egynapos csirkék bél-mikrobiom kolonizációját.

A később kelt csirkék vakbelében a 11. napon több a *Bacteroidetes* törzshöz tartozó baktérium és kevesebb a *Firmicutes* törzshöz tartozó baktérium volt. A baktériumflóra ezen változásának pontos mechanizmusa nem ismert, de a *Bacteroidetes* baktériumok magasabb előfordulása kedvező, mivel ezek a baktériumok fontos szerepet játszanak a rostlebontásban és a szubsztrátok biztosításában az úgynevezett kölcsönös táplálkozási mechanizmus keretében a tejsav- és vajsavsav-termelő mikrobák számára.

8. A szakirodalom jegyzéke

Papír alapú források

APAJALAHTI, J. – KETTUNEN, A. – GRAHAM, H. (2004): Characteristics of the gastrointestinal microbial communities, with special reference to the chicken. *World's Poultry Science Journal*, 60(02): 223-232.

AVIAGEN (2019): Ross 308 Nutrition specifications, Newbridge, Midlothian, Scotland, UK

BALLOU, A.L.; ALI, R.A.; MENDOZA, M.A.; ELLIS, J.C.; HASSAN, H.M.; CROOM, W.J.; KOCI, M.D. (2016) Development of the Chick Microbiome: How Early Exposure Influences Future Microbial Diversity. *Front. Vet. Sci.*, 3, 2.

BERRANG, M.E.; COX, N.A.; FRANK, J.F.; BUHR, R.J. (1999) Bacterial Penetration of the Eggshell and Shell Membranes of the Chicken Hatching Egg: A Review. *J. Appl. Poult. Res.* 8, 499–504.

BINDA, C.; LOPETUSO, L.R.; RIZZATTI, G.; GIBIINO, G.; CENNAME, V.; GASBARRINI, A. (2018) *Actinobacteria*: A Relevant Minority for the Maintenance of Gut Homeostasis. *Dig. Liver Dis.*, 50, 421–428.

BJERRUM, L. - et al. (2006): Microbial community composition of the ileum and cecum of broiler chickens as revealed by molecular and culture-based techniques. *Poultry Science*, 1151-1164.

BOLYEN, E. *et al.* (2019) ‘Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2’, *Nature Biotechnology*. 37(8), pp. 852–857.

BORDA-MOLINA D., SEIFERT J., CAMARINHA-SILVA A. (2018) Current Perspectives of the Chicken Gastrointestinal Tract and Its Microbiome Computational and Structural Biotechnology Journal Volume 16. Pages 131-139

BUNKER, M.E.; ELLIOTT, G.; HEYER-GRAY, H.; MARTIN, M.O.; ARNOLD, A.E.; WEISS, S.L. (2021) Vertically Transmitted Microbiome Protects Eggs from Fungal Infection and Egg Failure. *Anim. Microbiome*, 3, 43.

CELLI, P. *et al.* (2019) ‘Biomarkers of gastrointestinal functionality in animal nutrition and health’, *Animal Feed Science and Technology*. 250, pp. 9–31.

CHRISTENSEN, V.L.; HAVENSTEIN, G.B.; DAVIS, G.S. (1995) Egg Characteristics, Carbohydrate Metabolism and Thyroid Hormones in the Late Chickembryos from Different Genetic Lines. *Poult. Sci.* 74, 551–562.

COOK, M.I.; BEISSINGER, S.R.; TORANZOS, G.A.; RODRIGUEZ, R.A.; ARENDT, W.J. TRANS-SHELL (2003) Infection by Pathogenic Micro-Organisms Reduces the Shelf Life of Non-Incubated Bird's Eggs: A Constraint on the Onset of Incubation? *Proc. Biol. Sci.*, 270, 2233–2240

CSITÁRI GÁBOR, PÁL LÁSZLÓ, FARKAS VALÉRIA, SUCH NIKOLETTA, DUBLECZ KÁROLY (2023) A tojásbakterióta és a csirke bélbakteriótájának kapcsolata az újgenerációs szekvenálási eljárások fényében. *Magyar Állatorvosok Lapja.* 145. / 451-460.

DE FILIPPO, C.; CAVALIERI, D.; DI PAOLA, M.; RAMAZZOTTI, M.; POULLET, J.B.; MASSART, S.; COLLINI, S.; PIERACCINI, G.; LIONETTI, P. (2010) Impact of Diet in Shaping Gut Microbiota Revealed by a Comparative Study in Children from Europe and Rural Africa. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 107, 14691–14696.

DE MAESSCHALCK, C.; EECKHAUT, V.; MAERTENS, L.; DE LANGE, L.; MARCHAL, L.; DAUBE, G.; DEWULF, J.; HAESBROUCK, F.; DUCATELLE, R.; TAMINAU, B.; et al. (2019) Amorphous Cellulose Feed Supplement Alters the Broiler Caecal Microbiome. *Poult. Sci.*, 98, 3811–3817.

DENG PAN - ZHONGTANG YU (2014) Intestinal microbiome of poultry and its interaction with host and diet. *Gut Mikrob.* Jan 1; 5(1): 108–119.

DING P, LIU H, TONG Y, HE X, YIN X, YIN Y, ZHANG H, SONG Z (2022) Developmental change of yolk microbiota and its role on early colonization of intestinal microbiota in chicken embryo. *Animals* 12: <https://doi.org/10.3390/ani12010016>

DING, P.; LIU, H.; TONG, Y.; HE, X.; YIN, X.; YIN, Y.; ZHANG, H.; SONG, Z. (2021) Developmental Change of Yolk Microbiota and Its Role on Early Colonization of Intestinal Microbiota in Chicken Embryo. *Animals*, 12, 16.

DUCATELLE, R.; GOOSSENS, E.; EECKHAUT, V.; VAN IMMERSEEL, F. (2023) Poultry Gut Health and Beyond. *Anim. Nutr.*, 13, 240–248.

ENGBERG, R.M. - et al. (2004): Influence of whole wheat and xylanase on broiler performance and microbial composition and activity in the digestive tract. *Poultry Science*, 83(6): 925-938.

ENGBERG, R.M. – HEDEMANN, M.S. – JENSEN, B.B. (2002): The influence of grinding and pelleting of feed on the microbial composition and activity in the digestive tract of broiler chickens. *British Poultry Science*, 43(4): 569-579.

FEYE K.M, BAXTER M. F. A., TELLEZ-ISAIAS G., KOGUT M.H., RICKE S. C., (2020) Influential factors on the composition of the conventionally raised broiler gastrointestinal microbiomes, *Poultry Science*, 99(2): 653–659.

GABRIEL, I. – LESSIRE, M. - MALLET, S. – GUILLOT, J.F. (2006): Microflora of the digestive tract: critical factors and consequences for poultry. *World. Poult. Sci. J.*, 62:499–511.

GEON GOO H. - et al., (2016): Relationship between the microbiota in different sections of the gastrointestinal tract, and the body weight of broiler chickens *SpringerPlus* 5(1):911

GONG, J. - et al. (2002): Diversity and phylogenetic analysis of bacteria in the mucosa of chicken ceca and comparison with bacteria in the cecal lumen. Vol. 208. 1-7.

HALAS V.; GONODAI V.; TOSSENBERGER J.; TISCHLER A.; SZELI N.; KACSALA L.; ÁCS V (2022) A keltetőjások súlya és az IN OVO szénhidrátkiegészítés hatása a brojlerrek teljesítményére. *Állattenyésztés és Takarmányozás* 71. 4. 220-233.

HAMAKER, B.R.; TUNCIL, Y.E. A (2014) Perspective on the Complexity of Dietary Fiber Structures and Their Potential Effect on the Gut Microbiota. *J. Mol. Biol.*, 426, 3838–3850. <https://doi.org/10.1093/femsle/fnv122>

IQBAL, J.; KHAN, S.H.; MUKHTAR, N.; AHMED, T.; PASHA, R.A. (2016) Effects of Egg Size (Weight) and Age on Hatching Performance and Chick Quality of Broiler Breeder. *J. Appl. Anim. Res.* 44, 54–64.

JUUL-MADSEN, H.R.; SU, G.; SØRENSEN, P. (2004) Influence of Early or Late Start of First Feeding on Growth and Immune Phenotype of Broilers. *Br. Poult. Sci.*, 45, 210–222.

KLINDWORTH, A. *et al.* (2013) ‘Evaluation of general 16S ribosomal RNA gene PCR primers for classical and next-generation sequencing-based diversity studies’, *Nucleic Acids Research*, 41(1).

KOGUT M.H. (2022) Role of diet-microbiota interactions in precision nutrition of the chicken: facts, gaps, and new concepts *Poult Sci.* 2022 Mar; 101(3): 101673.

KÓRÖSI, L. (2019) 'A mikrobiom szerepe a baromfi egészséges emésztő szervrendszerének és általános egészségének fenntartásában', *Baromfiágazat*, 1(19), pp. 72–77.

LACOMBE-HARVEY, M.-È.; BRZEZINSKI, R.; BEAULIEU, C. (2018) Chitinolytic Functions in *Actinobacteria*: Ecology, Enzymes, and Evolution. *Appl. Microbiol. Biotechnol.*, 102, 7219–7230.

LI, D.L.; WANG, J.S.; LIU, L.J.; LI, K.; XU, Y.B.; DING, X.Q.; WANG, Y.Y.; ZHANG, Y.F.; XIE, L.Y.; LIANG, S.; et al. (2022) Effects of Early Post-Hatch Feeding on the Growth Performance, Hormone Secretion, Intestinal Morphology, and Intestinal Microbiota Structure in Broilers. *Poult. Sci.*, 101, 102133

LU, J. *et al.* (2003) 'Diversity and succession of the intestinal bacterial community of the maturing broiler chicken', *Applied and Environmental Microbiology*, 69, pp. 6816–6824.

LU, S.; JIN, H.; WANG, Y.; TAO, Y. (2021) Genome-Wide Transcriptomic Analysis of n-Caproic Acid Production in *Ruminococcaceae* Bacterium CPB6 with Lactate Supplementation. *J. Microbiol. Biotechnol.*, 31, 1533–1544.

LUO, Q. – CUI, H. - PENG, X. – FANG, J. – ZUO, Z. – DENG, J. – LIU, J. – DENG, Y. (2016): Dietary high fluorine alters intestinal microbiota in broiler chickens. *Biol. Trace Elem. Res.*, 173:483–491.

M.F. – ROLLS, B.A. (1983): The activities of some metabolic enzymes in the intestines of germ-free and conventional chicks. *Br. J. Nutr.*, 50:783–790.

MAKI JJ, BOBECK EA, SYLTE MJ, LOOFT T (2020) Eggshell and environmental bacteria contribute to the intestinal microbiota of growing chickens. *J Anim Sci Biotechnol* 11.: <https://doi.org/10.1186/s40104-020-00459-w>

MARY H. CLENCH., (1999) The avian cecum: Update and motility review. *Journal of Experimental Zoology*. 1999.02.16

MOLNÁR, A.; SUCH, N.; FARKAS, V.; PÁL, L.; MENYHÁRT, L.; WÁGNER, L.; HUSVÉTH, F.; Dublec, K. (2020) Effects of Wheat Bran and *Clostridium, Butyricum* Supplementation

on Cecal Microbiota, Short-Chain Fatty Acid Concentration, PH and Histomorphometry in Broiler Chickens. *Animals*, 10, 2230.

NOBLE, R.; COCCHI, M. Lipid (1990) Metabolism and the Neonatal Chicken. *Prog. Lipid Res.* 29, 107–140.

NOY, Y.; SKLAN, D. (2002) Nutrient Use in Chicks During the First Week Posthatch. *Poult. Sci.*, 81, 391–399.

NOY, Y.; UNI, Z.; SKLAN, D. (1996) Routes of Yolk Utilisation in the Newly-hatched Chick. *Br. Poult. Sci.*, 37, 987–996.

OAKLEY B.B. et al. (2014) The chicken gastrointestinal microbiome. *FEMS Microbiol Lett.* Nov;360(2):100-12.

OAKLEY, B.B. - BUHR, R.J. – RITZ, C.W. – KIEPPER, B.H. – BERRANG, M.E. – SEAL, B.S. – COX, N.A. (2014): Successional changes in the chicken cecal microbiome during 42 days of growth are independent of organic acid feed additives. *BMC Vet. Res.*, 10:282.

OLSEN, R.; KUDIRKIENE, E.; THØFNER, I.; PORS, S.; KARLSKOV-MORTENSEN, P.; LI, L.; PAPASOLOMONTOS, S.; ANGASTINIOTOU, C.; CHRISTENSEN, J. (2017) Impact of Egg Disinfection of Hatching Eggs on the Eggshell Microbiome and Bacterial Load. *Poult. Sci.*, 96, 3901–3911.

PÁL, L.; DUBLECZ, K.; HUSVÉTH, F.; KULCSÁR, M. (2013) Early Nutrition Affects Plasma Corticosterone of Broiler Chicks. In Proceedings of the 19th European Symposium on Poultry Nutrition European Federation of Branches of the WPSA, Potsdam, Germany, 26–29 August 2013; p. 22.

PÁL, L.; NAGY, S.Z.; KULCSÁR, M. (2013) Corticosterone Response of One-Day-Old Broiler Chicks to Deprivation of Feed and Water. *Georg. For. Agric.* 17, 69–83.

PANDA, A. K.; BHANJA, S. K.; SHYAM-SUNDER, G. (2015): Early post hatch nutrition on immune system development and function in broiler chickens. *World's Poult. Sci. J.*, 71. 285-296.

PEDROSO, A.A.; BATAL, A.B.; LEE, M.D. (2016) Effect of in Ovo Administration of an Adult-Derived Microbiota on Establishment of the Intestinal Microbiome in Chickens. *Am. J. Vet. Res.*, 77, 514–526.

POLANSKY, O.; SEKELOVA, Z.; FALDYNNOVA, M.; SEBKOVÁ, A.; SISAK, F.; RYCHLIK, I. (2016) Important Metabolic Pathways and Biological Processes Expressed by Chicken Cecal Microbiota. *Appl. Environ. Microbiol.*, 82, 1569–1576.

POURABEDIN ÉS ZHAO, (2015) Prebiotics and gut microbiota in chickens *FEMS Microbiology Letters*, Volume 362, Issue 15,

PROSZKOWIEC-WEGLARZ, M.; MISKA, K.B.; ELLESTAD, L.E.; SCHREIER, L.L.; KAHL, S.; DARWISH, N.; CAMPOS, P.; SHAO, J. (2022) Delayed Access to Feed Early Post-Hatch Affects the Development and Maturation of Gastrointestinal Tract Microbiota in Broiler Chickens. *BMC Microbiol.*, 22, 206.

QUAST, C. et al. (2013) ‘The SILVA ribosomal RNA gene database project: Improved data processing and web-based tools’, *Nucleic Acids Research*. 41(D1), pp. D590–D596. Available at: <https://academic.oup.com/nar/article/41/D1/D590/1069277> (Accessed: 18 October 2021).

REHMAN, H.U. – VANHJEN, W. - et al. (2007): Indigenous bacteria and bacterial metabolic products in the gastrointestinal tract of broiler chickens. *Archives of Animal Nutrition*, 319–335.

SAKARIDIS, I.; ELLIS, R.J.; CAWTHRAW, S.A.; VAN VLIET, A.H.M.; STEKEL, D.J.; PENELL, J.; CHAMBERS, M.; LA RAGIONE, R.M.; COOK, A.J. (2018) Investigating the Association Between the Caecal Microbiomes of Broilers and *Campylobacter* Burden. *Front. Microbiol.*, 9, 927.

SARMIENTO-RAMÍREZ, J.M.; VAN DER VOORT, M.; RAAIJMAKERS, J.M.; DIÉGUEZ-URIBE-ONDO, J. (2014) Unravelling the Microbiome of Eggs of the Endangered Sea Turtle *Eretmochelys Imbricata* Identifies Bacteria with Activity against the Emerging Pathogen *Fusarium Falciforme*. *PLoS ONE*, 9, e95206.

SATO, M.; TACHIBANA, T.; FURUSE, M. (2006) Heat Production and Lipid Metabolism in Broiler and Layer Chickens during Embryonic Development. *Comp. Biochem. Physiol. A Mol. Integr. Physiol.*, 143, 382–388.

SEKELJA M, RUD L, KNUTSEN S. H., DENSTADLI V., WESTERENG B, NÆS T., RUDI K.; (2012) Abrupt Temporal Fluctuations in the Chicken Fecal Microbiota Are Explained by Its Gastrointestinal Origin *Applied and Environmental Microbiology* 78(8): 2941–2948.

SERGEANT, M.J. – CONSTANTINIDOU, C. – COGAN, T.A. – BEDFORD, M.R. – PENN, C.W. – PALLEN, M.J. (2014): Extensive microbial and functional diversity within the chicken cecal microbiome. *PLoS One*, 9:e91941.

SHANAWANY, M.M. (1984) Inter-relationship between Egg Weight, Parental Age and Embryonic Development. *Br. Poult. Sci.* 25,449–455.

SHCHERBATOV, V.I.; SIDORENKO, L.I.; KOSHCHAEV, A.G.; VOROKOV, V.K.; SKVORTSOVA, L.N. (2018) Chicken Hatching Synchronization for Artificial Incubation. *J. Pharm. Sci. Res.* 10, 148–151.

SHEHATA AM, PASWAN VK, ATTIA YA, ABDEL-MONEIM AME, ABOUGABAL MS, SHARAF M, ELMAZOU DY R, ALGHAFARI WT, OSMAN MA, FARAG MR, ALAGAWANY M (2021) Managing gut microbiota through in ovo nutrition influences early-life programming in broiler chickens. *Animals* 11:1–24. <https://doi.org/10.3390/ani11123491>

SINCLAIR, R.W.; ROBINSON, F.E.; HARDIN, R.T. (1990) The Effects of Parent Age and Posthatch Treatment on Broiler Performance. *Poult. Sci.* 69, 526–534.

STANLEY, D. - et al. (2012): Intestinal microbiota associated with differential feed conversion efficiency in chickens. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 96(5): 1361-1369.

STANLEY, D. - et al. (2013): Highly Variable Microbiota Development in the Chicken Gastrointestinal Tract. *PLoS ONE*, 8(12): e84290..

STANLEY, D. – HUGHES, R.J. – MOORE, R.J. (2014): Microbiota of the chicken gastrointestinal tract: influence on health – productivity and disease. *Applied Microbiology Biotechnology*, 98:4301–4310.

TAN, H.; ZHAI, Q.; CHEN, W. (2019) Investigations of *Bacteroides* Spp. towards next-Generation Probiotics. *Food Res. Int.*, 116, 637–644.

UNI, Z.; NOY, Y.; SKLAN, D. (1990) Posthatch Development of Small Intestinal Function in the Poult. *Poult. Sci.*, 78, 215–222

VAN DER WAGT, I.; DE JONG, I.C.; MITCHELL, M.A.; MOLENAAR, R.; VAN DEN BRAND, H. A (2020) Review on Yolk Sac Utilization in Poultry. *Poult. Sci.*, 99, 2162–2175.

VAN IMMERSEEL, F.; VERMEULEN, K.; ORNUST, L.; ECKHAUT, V.; DUCATELLE, R. (2017) Nutritional Modulation of Microbial Signals in the Distal Intestinal and How They Can Affect Broiler Health. In Proceedings of the 21st European Symposium on Poultry Nutrition, Salou/Vila-Seca, Spain, 8–11 May.

VERMEULEN, K.; VERSPREET, J.; COURTIN, C.M.; HAESBROUCK, F.; BAEYEN, S.; HAEGEMAN, A.; DUCATELLE, R.; VAN IMMERSEEL, F. (2018) Reduced particle-Size Wheat Bran Is Efficiently Colonized by a Lactic Acid-Producing Community and Reduces Levels of Enterobacteriaceae in the Cecal Microbiota of Broilers. *Appl. Environ. Microbiol.*, 84, 1343–1361.

VOLF J, CRHANOVA M, KARASOVA D, FALDYNOVA M, KUBASOVA T, SEIDLEROVA Z, SEBKOVA A, ZEMAN M, JURICOVA H, MATIASOVICOVA J, FOLTYN M, TVRDON Z, RYCHLIK I (2021) Eggshell and feed microbiota do not represent major sources of gut anaerobes for chickens in commercial production. *Microorganisms* 9:. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9071480>

WANG, Y. et al. (2017) ‘Effect of probiotics on the meat flavour and gut microbiota of chicken’, *Scientific Reports*. 7(1), pp. 1–13.

WIJNEN, H.J.; MOLENAAR, R.; KEMP, B.; VAN ROOVERT-REIJRINK, I.A.M.; VAN DEN BRAND, H.; VAN DER POL, C.W. (2022) Effects of Late Incubation Temperature and Moment of First Post-Hatch Feed Access on Neonatal Broiler Development, Temperature Preference, and Stress Response. *Poult. Sci.*, 101, 102088.

XIAO, Y. – XIANG, Y. – ZHOU, W. – CHEN, J. – LI, K. – YANG, H. (2017): Microbial community mapping in intestinal tract of broiler chicken. *Poult Science*. pp. 1387-1393.

YEOMAN, C.J. – CHIA, N. – JERALDO, P. – SIPOS, M. – GOLDENFELD, N.D. – WHITE, B.A. (2012): The microbiome of the chicken gastrointestinal tract. *Anim Health Res*. pp. 89–99.

Internetes források

INTERNET1

<https://agraragazat.hu/hir/baromfi-specifikus-probiotikumok-keltetoi-alkalmazasa-napos-ba-romfiban/>

(utolsó letöltés dátuma: 2024. 04. 04.)

INTERNET2

https://press.mater.uni-mate.hu/165/1/ITF_2023_kiadv%C3%A1ny_szerk._v2.pdf

(utolsó letöltés dátuma: 2024. 04. 04.)

INTERNET3

<https://press.mater.uni-mate.hu/55/1/XXVIII.%20Ifj%C3%BAs%C3%A1gi%20Tu-dom%C3%A1nyo%20f%C3%B3rum%202022.pdf>

(utolsó letöltés dátuma: 2024. 04. 04.)

INTERNET4

<http://galexhungaria.hu/wp-content/uploads/2020/06/X-Treck-prospektus.pdf>

(utolsó letöltés dátuma: 2024. 04. 23.)

INTERNET5

<https://docplayer.hu/1938363-Baromfi-hirmondo-15-szam-2013-4-negyedev.html>

(utolsó letöltés dátuma: 2024. 04. 25)

INTERNET6

<https://www.agronaplo.hu/agrofokusz/20140127/biztonsaggal-megerteni-es-menedzselni-a-baromfi-beltraktusanak-mikroflorajat-32711>

(utolsó letöltés dátuma: 2024. 04. 04.)

INTERNET7

<https://docplayer.hu/153201331-A-baromfi-egeszseges-emesztoszervrendszerenek-es-altalanos-egeszsegenek-fenntartasa-mikrobiom-koncepcio-dr-korosi-laszlo-agrial-bt.html>

(utolsó letöltés dátuma: 2024. 04. 04.)

INTERNET8

<https://magyarmezogazdasag.hu/2013/07/27/takarmanyozas-belflora-egyensuly-immunrendszer-kapcsolata-es-az-osszefuggesek-gyakorlati/>

(utolsó letöltés dátuma: 2024. 04. 23.)

INTERNET9

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC9079343/>

(utolsó letöltés dátuma: 2024. 04. 23.)

INTERNET10

https://agrofeed.eu/wp-content/uploads/2023/06/AGROFEED_baromfi_hirmondo.pdf

(utolsó letöltés dátuma: 2024. 04. 25.)

9. Ábrák és táblázatok jegyzéke

Ábrák	
Ábra sorszáma, címe	Oldalszám
1. ábra: A baromfi anatómiai felépítésének ábrázolása	5. oldal
2. ábra: A csípőbél és a vakbél bakteriótaközösségének összetétele család szinten vizsgálva	8. oldal
3. ábra: A csípőbél és a vakbél baktériumközösség összetételének változása 7 és 35 napos korban	11. oldal
4. ábra: Mikrobióta kialakulását befolyásoló tényezők	13. oldal
5. ábra: Patogén mikrobák kompetitív kizárása	14. oldal
6. ábra: Oligoszacharidok hatása patogén kórokozókra a bélben	16. oldal
7. ábra: A kelési ablak	17. oldal
8. ábra: Főkoordináta-elemzés (PCoA) a Bray–Curtis különbségi mátrix alkalmazásával: Kelési idő hatása a (A) 11.napos és a (B) 39. napos madarak vakbél baktériumközösségére	29. oldal
9. ábra: A kelési idő hatása a mikrobiom összetételére család szinten	32. oldal

Táblázatok	
Táblázat sorszáma, címe	Oldalszám
1. táblázat: A kísérleti tápok összetétele (g/kg)	23. oldal
2. táblázat: A kísérleti tápok mért táplálóanyag tartalma	23. oldal
3. táblázat: A kezelések hatása a brojlersírkék testsúlyára, takarmányfelvételére, takarmányértékesítési arányára és súlygyarapodására	26. oldal
4. táblázat: Az Alfa-diverzitás vizsgálata a vakbélben 11. napos korban	27. oldal
5. táblázat: Alfa diverzitás vizsgálata a vakbélben 39. napos korban	28. oldal
6. táblázat: A kelési idő hatása a 11 napos madarak mikrobiom összetételére törzs szinten	30. oldal
7. táblázat: A kelési idő hatása a 39 napos madarak mikrobiom összetételére törzs szinten	31. oldal

NYILATKOZAT

a diplomadolgozat nyilvános hozzáféréséről és eredetiségéről

A hallgató neve:	Czinkon Erik
A Hallgató Neptun kódja:	FO1F8O
A dolgozat címe:	A kelési idő hatása a brojlercsirkék termelésére és vakbél-mikrobióta összetételére
A megjelenés éve:	2024
A konzulens intézetének neve:	Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Georgikon Campus
A konzulens tanszékének a neve:	Takarmányozástani és Takarmányozás-élettani Tanszék

Kijelentem, hogy az általam benyújtott diplomadolgozat egyéni, eredeti jellegű, saját szellemi alkotásom. Azon részeket, melyeket más szerzők munkájából vettem át, egyértelműen megjelöltem, és az irodalomjegyzékben szerepeltettem.

Ha a fenti nyilatkozattal valótlan állítottam, tudomásul veszem, hogy a záróvizsga-bizottság a záróvizsgából kizár és a záróvizsgát csak új dolgozat készítése után tehetek.

A leadott dolgozat, mely PDF dokumentum, szerkesztését nem, megtekintését és nyomtatását engedélyezem.

Tudomásul veszem, hogy az általam készített dolgozatra, mint szellemi alkotás felhasználására, hasznosítására a Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem mindenkor szellemi tulajdon-kezelési szabályzatában megfogalmazottak érvényesek.

Tudomásul veszem, hogy dolgozatom elektronikus változata feltöltésre kerül a Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem MATER Hallgatói Dolgozatok repozitóriumba. Tudomásul veszem, hogy a megvédett és

- nem titkosított dolgozat a védést követően
- titkosításra engedélyezett dolgozat a benyújtásától számított 5 év eltelte után

nyilvánosan elérhető és kereshető lesz az Egyetem MATER Hallgatói Dolgozatok repozitóriumban.

Kelt: Keszthely, 2024. április 27.


hallgató aláírása

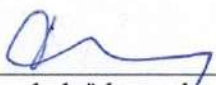
NYILATKOZAT

Czinkon Erik (név) (hallgató Neptun azonosítója: FO1F8O) konzulenseként nyilatkozom arról, hogy a diplomadolgozatot áttekintettem, a hallgatót az irodalmi források korrekt kezelésének követelményeiről, jogi és etikai szabályairól tájékoztattam.

A záródolgozatot/szakdolgozatot/diplomadolgozatot/portfóliót a záróvizsgán történő védeésre javaslom / **nem javaslom**.

A dolgozat állam- vagy szolgálati titkot tartalmaz: igen nem

Kelt: Keszthely, 2024. április 27.


belső konzulens