

## Odpady poubojowe

Wśród odpadów poubojowych największą wartość przedstawia skóra, a także krew i głowa, mająca wartość konsumpcyjną (język, tkanka mięsna, mózg). Stanowią one liczącą się część ogólnie rozumianych odpadów ubojowych, a ich wykorzystanie i przerób wiąże się z zanieczyszczaniem środowiska [6].

Udział krwi w stosunku do masy ciała przed ubojem (tab. 5) ulegał wraz z wiekiem i wzrostem masy ciała systematycznemu zmniejszeniu i kształtował się w granicach 3,90-5,66%. Inni autorzy [1, 7, 11, 13] określają ten poziom w granicach 3,2-8,1%.

Procentowy udział masy głowy do masy ciała przed ubojem wynosił 3,81-4,28% u merynosów i podobnie 3,65-4,89% u mieszańców (tab. 5). Według Prosta [13] głowa stanowi 2,1% masy przedubojowej, zaś wg Załuski [14] u jagniąt wających 36-37 kg od 3,5 do 3,8%.

Udział masy skóry w masie ciała przed ubojem (tab. 5) wynosił 10,75-12,30% u merynosów i 9,65-11,69% u mieszańców i nieznacznie zwiększał się wraz ze wzrostem masy jagniąt. Niższe wyniki, 8,35-8,90%, uzyskał w swych badaniach Załuska [14]. Procentowy stosunek masy nóg (podo-

bnie zresztą, jak i głowy) do masy ciała przed ubojem ulegał zmniejszaniu, co związane jest z ogólnym rozwojem i zmianami proporcji ciała.

**Literatura:** 1. Benevement N.: Ann. Biol. Anim. Bioch. Biophys. 11, 1, 5-39, 1971. 2. Bocard R., Dumont B.L.: La qualite des agneaux de boucherie et ses facteurs de variations. Journees CETA, Etude 983, 1969. 3. Borys B., Dankowski A., Osikowski M.: Zeszyty Probl. Post. Nauk Roln., 180, 85-90, 1975. 4. Dankowski A.: Zeszyty Naukowe ATR w Bydgoszczy, Zoot. 10, 21-27, 1985. 5. Doroszewski B., Wojciechowska M.: Przegl. Nauk. Lit. Zoot. rocz. XXXV, 410-414, PTZ 1990. 6. Dumont B.L., Bocard R.: l'INRA et les Industries Agricoles et Alimentaires, INRA, Paris 1980. 7. Dierżyńska-Cybulko B., Duda Z.: Technologia mięsa. WNT, Warszawa 1981. 8. Janicki M.: Gosp. Mięsna 8, 4, 1985. 9. Korman K., Musiał A., Osikowski M.: Roczn. Nauk. Zoot. 6 (2), 295-305, 1979. 10. Legras P.: Les carcasses et la production de viande, chez les ovins ITOVIC, Paris 1970. 11. Peracki W.: Przetwarzanie jadalnych surowców rzeźnych. PWN, Warszawa 1984. 12. Peyron Ch.: La qualite de L'agneau de boucherie, FNO, Paris, bez daty. 13. Prost E.: Higiena mięsa. PWRiL, Warszawa 1985. 14. Załuska J.: Badania nad wynikami produkcyjnymi różnych krzyżowań użytkowych prowadzonych na materiale żeńskim merynosa polskiego, PTZ Szczecin, Warszawa 72-79, 1963.

Artykuł recenzowany

# Genetyczny polimorfizm białek krwi u koni

Dominik Gronet, Ryszard Piłkuła

AR w Szczecinie

Badania nad polimorfizmem białek krwi mogą stać się źródłem genetycznych informacji, wykorzystywanych w pracach teoretycznych i bezpośrednio w pracy hodowlanej (Tomaszewska-Guszkiewicz, 1971).

Wiedza dotycząca markerów genetycznych – to niezwykle cenny materiał do badań z zakresu genetyki populacji i do celów praktycznych. Charakterystyka wybranych markerów pozwala prześledzić, jak praca selekcyjna wpływa na strukturę genetyczną danej populacji, jakie geny podlegają likwidacji równolegle z eliminacją określonych, niekorzystnych z hodowlanego punktu widzenia, cech (Kurył, 1992).

Do tej pory udało się określić polimorficzne typy 13 białek i enzymów osocza oraz 7 enzymów erytrocytarnych. W sumie według Międzynarodowego Testu Porównawczego ISAG zidentyfikowano polimorfizm 20 enzymów i innych białek warunkowanych przez 97 alleli (Żurkowski, 1992).

Wydaje się, że występujące wśród koni duże zróżnicowanie polimorfizmu białek krwi zależy nie tylko od odmiennego pochodzenia ras koni, lecz także od celów hodowlanych, adekwatnych dla danego typu użytkowego konia. Badania nad genetycznym polimorfizmem białek krwi mogą być wykorzystywane do porównania różnych populacji koni tej samej rasy.

Można śledzić zmiany zachodzące w strukturze danej populacji na przestrzeni dłuższego czasu.

Pierwszą charakterystykę genetycznej polskiej populacji koni czystej krwi arabskiej wykonał Kaminski i Tomaszewska-Guszkiewicz (1978). U badanych koni obserwowano brak allelu transferyny Tf<sup>R</sup>, co jest charakterystyczną cechą koni czystej krwi arabskiej, oraz występowanie allelu esterazy kwaśnej Es<sup>G</sup>, który został sprowadzony do Polski wraz z oryginalnymi arabami pustynnymi. Zestawiając ze sobą populacje koni czystej krwi arabskiej pochodzących z 8 krajów wykazano, iż wysoka frekwencja allelu esterazy Es<sup>G</sup> (q=0,118) jest cechą charakterystyczną polskiej populacji koni tej rasy. Również charakterystyczny dla koni tej rasy jest brak allelu białka X<sub>k</sub> X<sub>k</sub><sup>F</sup> (Tomaszewska-Guszkiewicz, 1994). Brak tego allelu u koni arabskich zaobserwowali również Junaja i wsp. (1978).

Tomaszewska-Guszkiewicz i wsp. porównali linie męskie (1983) i żeńskie (1984a) z całą populacją koni czystej krwi arabskiej hodowanych w Polsce. Wśród osobników męskich, w porównaniu do całej populacji, obserwowano więcej koni o fenotypach: transferyny DH, esterazy GI, 6-PGD – FS i F oraz PGM – FS. Znaczne różnice w częstościach poszczególnych alleli we wszystkich badanych układach wystąpiły także pomiędzy trzema najliczniej reprezentowanymi liniami męskimi: Ibrachima, Ilderima i Kuhailana Haifi. W wypadku klaczy, w porównaniu do całej populacji koni czystej krwi arabskiej, stwierdzono wyższą częstość występowania fenotypów: transferyny DO, esterazy G i katalazy FS oraz mniejszą częstość fenotypów: transferyny DH i esterazy GI. Porównano również między sobą siedem najliczniej reprezentowanych linii żeńskich, wykazując znaczne różnice w częstościach alleli we wszystkich badanych układach białek.

Charakterystyczne cechy genetycznego polimorfizmu białek krwi u koni czystej krwi arabskiej potwierdzili w swoich badaniach nad populacją arabów hodowanych w USA Trommershausen-Bowling i Clark (1985). Autorzy ci stwierdzili wystąpienie w badanej populacji koni allelu transferyny Tf<sup>R</sup> o  $q=0,002$  i allelu 6-PGD – 6-PGD<sup>D</sup> o  $q=0,005$ , co świadczy o „nieczystości” danej populacji.

Identyfikację markerów genetycznych u koni czystej krwi arabskiej w Polsce na podstawie genetycznego polimorfizmu białek i enzymów krwi oraz grup krwi, obejmującą cały materiał zarodowy ze stadnin państwowych, przeprowadzili Niemczewski i wsp. (1997a,b,c,d). Charakteryzując całą populację nie stwierdzono statystycznie istotnych różnic między ogierami, klaczami i źrebiętami zarówno w częstości genotypów, jak i alleli. Pod względem występowania alleli warunkujących polimorfizm białek i enzymów krwi największe różnice stwierdzono między końmi pochodzącymi z SK Janów Podlaski a SK Michałów. W układach grupowych krwi istotne różnice między stadninami wystąpiły w układzie krwi D i dotyczyły charakterystycznych dla koni czystej krwi arabskiej alleli – D<sup>del</sup>, D<sup>dkl</sup> i D<sup>cgm</sup>. Istotne różnice w częstościach występowania alleli warunkujących polimorfizm białek i enzymów krwi, a także w układach grupowych krwi obserwowano również między badanymi liniami męskimi oraz między wybranymi liniami żeńskimi.

Częstość występowania polimorficznych białek krwi w populacji koni pełnej krwi angielskiej przedstawiła Urbańska-Nicolas (1982). U koni tych nie stwierdzono genu CA<sup>L</sup> w układzie anhidrazy węglanowej i X<sub>k</sub><sup>S</sup> w układzie białka X<sub>k</sub> – co może być uważane za wyróżnik rasowy. Tomaszewska-Guszkiewicz i wsp. (1984b) stwierdziły odrębność genealogii koni pełnej krwi angielskiej z hodowli polskiej i francuskiej. Zaobserwowane między nimi różnice w częstościach występowania fenotypów i alleli badanych układów genetycznych autorki tłumaczą odmiennym celem hodowlanym w obu krajach, a więc stosowaniem różnych kryteriów selekcji koni i doboru reproduktorów do rozplodu.

Konie pełnej krwi angielskiej utrzymywane w USA charakteryzowały się wysoką częstością występowania alleli: albuminy Al<sup>S</sup> ( $q=0,805$ ) i białka Gc Gc<sup>F</sup> ( $q=0,939$ ) oraz brakiem allelu X<sub>k</sub><sup>S</sup> w układzie białka X<sub>k</sub> (Trommershausen-Bowling i Clark, 1985).

Częstością występowania u koni pełnej krwi angielskiej „cichego” allelu transferyny oraz mechanizmem jego dziedziczenia zajmowali się Schmid i wsp. (1990). Analizując koncentrację transferyny, stwierdzono jej o połowę niższy poziom u pięciu koni z „cichym” allelem w porównaniu do koni mających dwa allele warunkujące to białko. Tomaszewska-Guszkiewicz i Wadowska (1979), badając genetyczny polimorfizm transferyny we krwi koni wielkopolskich z pięciu stadnin północnej Polski, stwierdziły czternaście fenotypów (nie zaobserwowano fenotypu H) tego białka, determinowanych przez pięć alleli. Między klaczami i źrebiętami pochodzącymi z różnych stadnin wystąpiły duże różnice w częstości występowania alleli. Z największą częstością obserwowano allel Tf<sup>D</sup> u klaczy pochodzących z SK Kadyny ( $q=0,633$ ), a z najniższą – Tf<sup>H</sup> u młodzięży z SK Rzeczna ( $q=0,005$ ). U klaczy i młodzięży z SK Kadyny nie stwierdzono allelu Tf<sup>H</sup>.

Porównania genetycznego polimorfizmu białek krwi ogierów małopolskich, wielkopolskich i szlachejnych półkoni do-

konali Pikuła i wsp. (1997b). U ogierów szlachejnych półkoni stwierdzono charakterystycznie wysokie częstości występowania allelu albuminy Al<sup>S</sup> ( $q=0,788$ ), transferyny Tf<sup>D</sup> ( $q=0,413$ ) i białka X<sub>k</sub> X<sub>k</sub><sup>F</sup> ( $q=0,078$ ). Charakterystyczne zróżnicowanie obserwowano także u ogierów małopolskich. Wysokie frekwencje fenotypów transferyny F<sub>1</sub>F<sub>2</sub> i F<sub>2</sub>, a zarazem wysoka częstość allelu Tf<sup>F<sub>2</sub></sup> ( $q=0,371$ ) oraz niska alleli Tf<sup>O</sup> ( $q=0,050$ ) i Tf<sup>R</sup> ( $q=0,015$ ) najprawdopodobniej wynikają z wpływu koni czystej krwi arabskiej. Autorzy uważają, że wysokie częstości genów Tf<sup>D</sup> i Tf<sup>F</sup>, a niskie Tf<sup>R</sup> są charakterystyczne dla koni szlachejnych.

Romagnoli i wsp. (1984) określili markery genetyczne we krwi kłusaków amerykańskich. Porównano konie tej rasy pochodzące z sześciu krajów i zaobserwowano w populacji włoskiej i szwedzkiej występowanie w układzie albuminy alleli – Al<sup>A</sup> i Al<sup>B</sup> (odpowiednio: allel Al<sup>F</sup> i Al<sup>S</sup> według Braend i Efremov (1965)) oraz z niską częstością genu Al<sup>I</sup>. Trommershausen-Bowling i Clark (1985) również odnotowali niską frekwencję allelu albuminy Al<sup>I</sup> ( $q=0,003$ ) oraz białka Gc Gc<sup>F</sup> ( $q=0,760$ ) w amerykańskiej populacji kłusaków amerykańskich.

Bell i wsp. (1988) przedstawili częstość występowania alleli transferyny Tf<sup>H<sup>1</sup></sup> i Tf<sup>H<sup>2</sup></sup> u koni pełnej krwi angielskiej, kłusaków amerykańskich, koni quarter i czystej krwi arabskiej utrzymywanych w Australii. Wśród badanych koni jedynie w populacji kłusaków amerykańskich stwierdzono występowanie allelu Tf<sup>H<sup>1</sup></sup> ( $q=0,017$ ), a frekwencja allelu Tf<sup>H<sup>2</sup></sup> wahała się od  $q=0,023$  u kłusaków amerykańskich do  $q=0,166$  u koni czystej krwi arabskiej.

U ponad 1000 koni rasy anglo-arabo-sardo przeanalizowano polimorfizm białek krwi, enzymów i antygenów krwinkowych, co pozwoliło stwierdzić ich znaczne podobieństwo do koni czystej krwi arabskiej (Lubas i wsp., 1986).

Genetyczną strukturę koni rasy śląskiej hodowanych w Polsce oraz ras pochodnych koni starooldenburskich i wschodniofryzjskich hodowanych w Europie Zachodniej badali Eckert i wsp. (1995). U koni tych obserwowano wysoką frekwencję allelu transferyny Tf<sup>R</sup> ( $q$  od 0,083 do 0,342). Konie rasy śląskiej i pochodne wschodniofryzjskiej charakteryzowały się także stosunkowo wysokimi częstościami allelu X<sub>k</sub><sup>F</sup> ( $q$  od 0,090 do 0,250) w układzie białka X<sub>k</sub>.

Gupte i wsp. (1996) przeanalizowali 7 układów grupowych krwi i 8 układów białek krwi i enzymów krwinkowych u 59 koni rasy marwarii i porównali je z częstościami alleli z tych układów u hodowanych w Indiach koni pełnej krwi angielskiej i czystej krwi arabskiej z USA. Z wysoką frekwencją wystąpił allel hemoglobiny Hb<sup>A<sup>2</sup></sup> (obecny u 27 koni), w jednym przypadku w układzie inhibitorów proteaz Pi obserwowano gen Pi<sup>Z</sup>, którego występowanie jest ograniczone do koni czystej krwi arabskiej.

Polimorfizm czterech białek krwi i dwóch enzymów surowicy krwi u 924 koni rasy dôle badała Tomaszewska-Guszkiewicz (1971), stwierdzając charakterystyczną dla tej rasy częstość alleli transferyny Tf<sup>R</sup> ( $q=0,594$ ) i estrazy Es<sup>S</sup> ( $q=0,636$ ) oraz stuprocentową homozygotyczność w układzie amylazy i ceruloplazminy.

Genetyczny polimorfizm białka X<sub>k</sub> (X<sub>k</sub>) i białka wiążącego witaminę D (Gc) w surowicy krwi sześciu ras koni określili Juneja i wsp. (1978). U koni zimnokrwistych i prymitywnych z charakterystyczną, niską frekwencją wystąpił allel białka Gc

Gc<sup>F</sup> – u koni północnoszwedzkich  $q=0,722$ , u kuców gotlandzkich  $q=0,777$ .

Tomaszewska-Guszkiewicz i Kaminski (1980) określili u 190 koników polskich należących do dwóch grup hodowlanych (Popielno i SK Racot) fenotypy 10 układów białek krwi i enzymów krwinkowych, obserwując ich dużą zmienność we wszystkich układach grupowych białek krwi. Stwierdzono także brak allelu esterazy zasadowej Es<sup>S</sup> i białka X<sub>k</sub> X<sub>k</sub><sup>S</sup> oraz inne proporcje występowania między allelami Es<sup>F</sup> i Es<sup>L</sup>.

Tomaszewska-Guszkiewicz i Żurkowski (1983) oznaczyli u koni trzech ras typy anhidrazy węglanowej. Największe zróżnicowanie obserwowano u koników polskich, u których wystąpiło pięć fenotypów warunkowanych trzema allelami CA<sup>F</sup>, CA<sup>I</sup> i CA<sup>L</sup>. U pozostałych dwóch ras (czysta krew arabska i pełna krew angielska) nie stwierdzono allelu CA<sup>L</sup>.

Polimorfizm układu białka wiążącego witaminę D (Gc) i Pa u koników polskich badali Tomaszewska-Guszkiewicz i wsp. (1994). Stwierdzono, że frekwencja allelu Pa<sup>F</sup> u koników polskich ( $q=0,930$ ) jest zbliżona do frekwencji tego genu u kłusaków północnoszwedzkich i szwedzkich (odpowiednio  $q=0,910$ ;  $q=0,962$ ) oraz kuców gotlandzkich ( $q=0,989$ ). Zbliżone częstości alleli między konikami polskimi i końmi szwedzkimi obserwowano także w przypadku genu białka Gc Gc<sup>F</sup> ( $q=0,850$  u koników polskich;  $q=0,722$  u kłusaków północnoszwedzkich;  $q=0,777$  u kuców gotlandzkich;  $q=0,829$  u szwedzkich koni półkrwi;  $q=0,875$  u kłusaków szwedzkich).

Polską populację koni zimnokrwistych, pochodzących ze stadnin państwowych, pod względem cech immunogenetycznych przedstawiła Janiszewska (1992). Konie te charakteryzowały się wysoką częstością allelu transferyny Tf<sup>H</sup> ( $q=0,488$ ) oraz niższą, ale znacznie wyższą niż u koni szlachejnych frekwencją genu Tf<sup>R</sup> ( $q=0,150$ ), co upodabnia je do ardenów hodowli francuskiej.

Rasy koni można także scharakteryzować i porównać między sobą na podstawie hemotypów. Według Kaminski (1982) hemotyp jest to określony metodami analitycznymi zbiór fenotypów polimorficznych białek krwi występujący u danego osobnika – tzw. genetic signatures. Hemotypy występujące u dwóch i więcej koni są to tzw. hemotypy powtarzalne, a hemotypy stwierdzone tylko w pojedynczych przypadkach są nazywane unikatowymi. Kilka osobników może posiadać identyczne hemotypy, więc ogólna liczba hemotypów w danej populacji koni jest mniejsza od rzeczywistej liczby osobników. Stosunek liczby osobników w populacji do liczby stwierdzonych hemotypów świadczy o stopniu konsolidacji genetycznej i im jest większy, tym dana rasa jest bardziej homogeniczna. U koni różnych ras mogą występować w różnych proporcjach takie same hemotypy.

Polimorfizm białek krwi pozwala nie tylko scharakteryzować poszczególne populacje, lecz także określić dystans genetyczny między różnymi rasami, jak również między różnymi liniami tej samej rasy (Kurył, 1992). Dystans genetyczny jest według Żurkowskiego i wsp. (1995) najpełniejszą informacją, określającą wielkość różnicy genetycznej między populacjami, jaką można uzyskać na podstawie częstości występowania wszystkich genów markerów.

Dubrovskaya i wsp. (1992) obserwowali różnice pomiędzy 27 rasami koni hodowanych w ZSRR w loci Al, Tf i Es, stwierdzając większą genetyczną zmienność wśród rodzimych ras

prymitywnych niż wśród ras kulturalnych. Największy dystans genetyczny stwierdzono między szlachejnymi końmi wierzchowymi a koniem Przewalskiego (0,623) i między końmi ras prymitywnych a koniem Przewalskiego (0,621). W ramach ras kulturalnych dystans genetyczny był większy (0,090) niż między nimi a końmi prymitywnymi (0,056), co spowodowane było zakwalifikowaniem do ras kulturalnych koni zimnokrwistych. W znacznym stopniu od pozostałych ras różniły się także kuce szetlandzkie (od konia Przewalskiego – 0,364; od koni ras kulturalnych – 0,155 i od koni ras prymitywnych – 0,147). Stwierdzono również unikatową pulę genów i odrębność dziewięciu rosyjskich ras koni prymitywnych.

Pikuła (1995) przeanalizował dystans genetyczny u 426 ogierów półkrwi zakwalifikowanych do zakładów treningowych, stwierdzając, że między ogierami wielkopolskimi a małopolskimi jest on dwukrotnie mniejszy (0,00657) niż między tymi ogierami a ogierami szlachejnymi półkrwi (0,01304). Świadczy to o większej odrębności genetycznej ogierów szlachejnych półkrwi od ogierów pozostałych ras półkrwi. Jednak dalsze badania Pikuly i wsp. (1997b,c) nad układami polimorficznymi białek krwi u ogierów półkrwi wykazały zwiększającą się odrębność genetyczną ogierów małopolskich w stosunku do ogierów wielkopolskich (0,01046) i szlachejnych półkrwi (0,01783) oraz zmniejszającą się między ogierami wielkopolskimi a szlachejnymi półkrwi (0,01000).

Analizując strukturę genetyczną polskiej populacji koni czystej krwi arabskiej, Niemczewski i wsp. (1997a,b,c,d) zauważyli, że dystans genetyczny między ogierami a źrebiętami okazał się dwukrotnie mniejszy (0,00412) od stwierdzonego między źrebiętami a klaczami (0,00837). Według tych autorów można wnioskować o większym wpływie ogiera niż klaczy na kształtowanie się struktury genetycznej potomstwa. Obliczyli oni również dystans genetyczny między populacjami koni hodowanych w różnych stadninach. Okazał się on wyraźnie większy między końmi z SK Janów Podlaski a SK Michałów i między końmi z SK Michałów a SK Białka. Największy dystans genetyczny w ramach płci stwierdzono między klaczami stadnymi z SK Janów Podlaski a SK Michałów. Charakteryzując siedem wybranych linii męskich i siedem rodzin żeńskich, stwierdzono ich istotne zróżnicowanie genetyczne. Najmniejszy dystans genetyczny wystąpił między linią Celebesa a Probata i Palasa a Partnera. Najbardziej od pozostałych sześciu linii różniła się linia El Paso. Największe różnice w dystansie genetycznym w analizie rodzin żeńskich zaobserwowano między rodziną Warmii a Złotej Lwy, a najmniejszy między rodzinami Eunice i Estakady a rodziną Złotej Lwy, a także między rodziną Estakady i Etny.

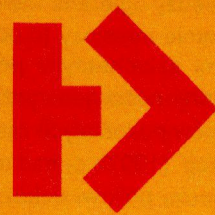
Müller-Eckert i wsp. (1997) przeanalizowali różnice genetyczne pomiędzy sześcioma populacjami koni starooldenburgskich i wschodniofryzjskich, wykazując zróżnicowanie pomiędzy końmi tych ras hodowanymi na zachodzie i na wschodzie Europy. Najmniejszy dystans genetyczny wystąpił pomiędzy populacjami ze Śląska i Saksonii (0,021). Konie pochodzące z Holandii wykazywały największy dystans genetyczny w porównaniu do pozostałych populacji (od 0,049 do 0,067). Duże genetyczne różnice wystąpiły także między końmi duńskimi a pochodzącymi z Saksonii (0,051) i Turyngii (0,052), jednocześnie wykazując podobieństwo do koni hodowanych na Śląsku (0,036).

**Światowy lider** w produkcji pasz i koncentratów dla zwierząt, wypróbowany partner najlepszych hodowców, oferuje wiedzę i doświadczenie na poziomie światowym.

**Proponuje hodowcom:** pasze pełnoporcjowe, koncentraty pełne dla drobiu, trzody chlewnej i bydła, na pełny okres wychowu i tuczu.

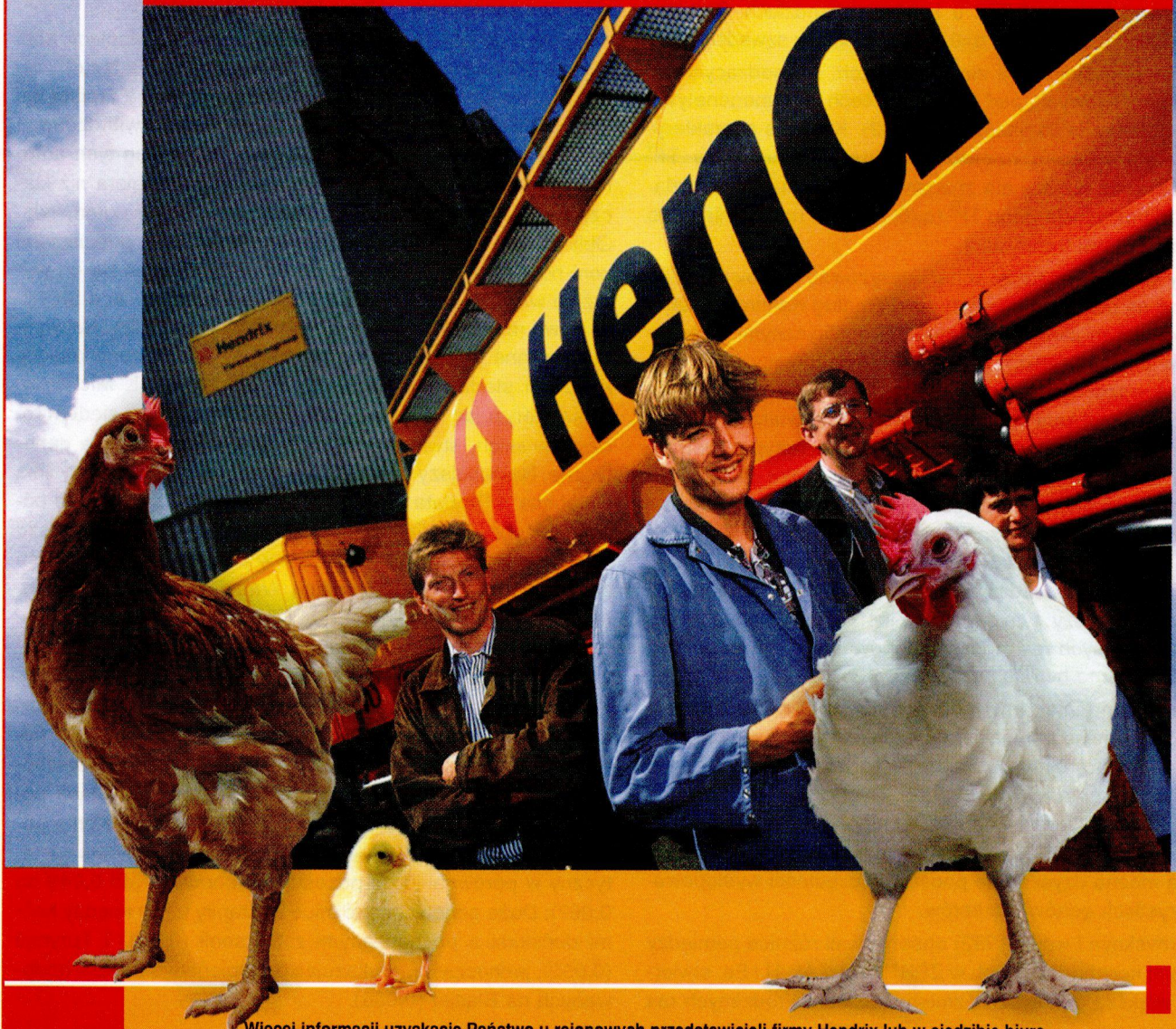
**Utrzymujemy** stały kontakt z naszymi klientami pomagając w rozwiązywaniu ich problemów. Zapewniamy regularne konsultacje z wysoko kwalifikowanymi doradcami technicznymi, którzy udzielają porad dotyczących m.in.: systemu żywienia, doboru ras, rozwiązań klimatycznych i wentylacyjnych.

**Zapraszamy** do współpracy wszystkich hodowców, chcących wytwarzać produkty coraz lepszej jakości.



# Hendrix

**NIEZAWODNY PARTNER - NAJLEPSZY DORADCA**



Więcej informacji uzyskacie Państwo u rejonowych przedstawicieli firmy Hendrix lub w siedzibie biura.

Hendrix Sp. z o.o., 00-872 Warszawa, ul. Chłodna 64, tel. (0-22)6616415, fax 6616414