

# **DOKTORI (PhD) ÉRTEKEZÉS TÉZISEI**

**SZÉCHENYI ISTVÁN EGYETEM  
MEZŐGAZDASÁGI- ÉS ÉLELMISZERTUDOMÁNYI KAR  
MOSONMAGYARÓVÁR**

Doktori Iskolavezető:  
**Dr. Ördög Vince DSc**  
egyetemi tanár  
az MTA doktora

Témavezetők:  
**Dr. Bali Papp Ágnes**  
egyetemi tanár

**Dr. Tempfli Károly**  
egyetemi adjunktus

**NÉHÁNY ANYAGCSERÉBEN KULCSSZEREPE T JÁTSZÓ  
GÉN DNS POLIMORFIZMUS ÉS GÉNEXPRESSZIÓS  
MINTÁZATÁNAK VIZSGÁLATA BAROMFI FAJOKBAN**

Készítette:  
**Szalai Klaudia**

MOSONMAGYARÓVÁR

2019

## 1. CÉLKITÚZÉS

Kutatásunk célja volt a növekedést és a test arányokat potenciálisan befolyásoló gének, mint a *Spot14a* (pajzsmirigyhormonok által szabályozott transzkripciós faktor), az inzulinszerű növekedési faktor - kötő fehérje 2 (*IGFBP2*), a szomatosztatin (*SST*) és a számos élettani folyamatban szerepet játszó prolaktin (*PRL*) génben megfigyelhető polimorfizmusok genotipizálása brojler végtermék állományban. Az egyes genotípusok gyakoriságának felmérése, valamint a vágóhídon mérhető termelési mutatók (élőtömeg, karkasz tömege, bőrös és csontos comb tömeg, bőrös és bőr nélküli mellizom tömege) és a genotípusok közötti összefüggések feltárása.

Továbbá célul tűztük ki nagytestű pulykabakok különböző szöveteiben (mellizom, combizom, zsír, máj) a zsíryanycserében szerepet játszó gének, a peroxiszóma proliferátor-aktivált receptor  $\gamma$  (*PPAR $\gamma$* ), a zsírsav deszaturáz 2 (*FADS2*) és inzulinszerű növekedési faktor 1 (*IGF-1*) gének génexpressziós vizsgálatát lenolaj kiegészítés hatására.

## 2. ANYAG ÉS MÓDSZER

### 2.1. Genotípus vizsgálatok brojler végtermék állományban

A vizsgálatokhoz 103 darab ROSS-308 brojler csirkétől vettünk tollmintát, amelyeket egyedileg zárható műanyag tasakokban fagyasztva tároltunk a DNS izolálásáig. A vágóhídon mértük az állatok élőtömegét, karkasz tömegét, mellfilé tömegét bőrrel és bőr nélkül, comb tömegét (bőrrel és csonttal). A vizsgálatok a Széchenyi István Egyetem, Mezőgazdaság- és Élelmiszertudományi Kar, Állattudományi Tanszékének Laboratóriumában valósultak meg. A DNS – izolálást a vágóhídon vett tollmintákból végeztük Wizard Genomic DNA Purification kit (Promega, USA) felhasználásával. A DNS integritását agaróz gélen ellenőriztük, majd Nanodrop 2000 (Thermo Fisher Scientific, USA) spektrofotométer segítségével állapítottuk meg a DNS koncentrációját. A szükséges primereket a Primer3 alkalmazás segítségével terveztük meg. A kívánt szakaszokat PCR reakcióval (polimeráz láncreakció) felszorzosítottuk, majd amennyiben szükséges volt, restrikciós enzimekkel történő ún. emésztési reakciónak vetettük alá. Az alábbi polimorfizmusok genotipizálását végeztük el:

- G645T SNP az inzulinszerű növekedési faktor – kötő fehérje 2 (*IGFBP-2*) gén exon 2 régiójában
- A213C SNP a pajzsmirigyhormonok által szabályozott *Spot14a* gén exon 1 régiójában
- 24 bp-os inzerció a prolaktin (*PRL*) gén promóter régiójában

- A370G SNP a szomatosztatin (*SST*) gén exon 2 régiójában

Az adatok gyűjtését és rendszerezését Microsoft Excel (2013, USA) táblázatkezelő szoftverrel végeztük. Az adatok elemzéséhez SPSS for Windows v.20.0 (SPSS, USA) programot használtuk. Az adatok eloszlását Kolgomorov–Smirnov normalitásvizsgálat segítségével, míg a genotípus és a fenotípus közötti összefüggéseket LSD (least significant difference) varianciaanalízis tesztekkel elemeztük.

## **2.2. Génexpressziós vizsgálatok pulyka állományban**

A nagytestű Converter pulykabakok különböző szöveteiben kifejeződő *FADS2*, *PPAR $\gamma$* , *IGF-1* gének génexpressziós vizsgálatát végeztük el kontroll illetve lenolaj (LO) kiegészítést is kapott állatok esetében. A vágóhídon mell, comb, abdominális zsír és máj mintákat gyűjtöttünk, amelyeket RNAlater-ben, szoba-hőmérsékleten (Thermo Fisher Scientific) tároltunk a további felhasználásig. A laboratóriumi vizsgálatokat szintén az Állattudományi Tanszék Laboratóriumában végeztük. Az RNS kivonását követően annak koncentrációját Nanaodrop 2000 spektrofotométer (Thermo Fisher Scientific, USA) segítségével állapítottuk meg, az RNS integritását agaróz gélen ellenőriztük. Ezt követően DNase kezelésnek (RQ1 RNase-free DNase; Promega, Madison, WI, USA) vetettük alá a mintákat, majd elvégeztük a cDNS szintézist (iScript cDNA Synthesis kit; Bio-Rad –laboratories, Hercules, CA, USA). A Q-PCR reakció lefolytatásához szükséges primereket a Primer 3 alkalmazás segítségével terveztük meg, majd

lefolytattuk a reakciókat. A vizsgált gének kifejeződését a  $2^{-\Delta\Delta Ct}$  módszer segítségével értékeltük, amely során két, hasonló vizsgálatokban elterjedten alkalmazott referencia gént használtunk (*ACTB*, *GAPDH*). A statisztikai elemzést a  $2^{-\Delta\Delta Ct}$  értékek felhasználásával, t-próbával (independent samples t-test) végeztük IBM SPSS Statistics 20 szoftver segítségével.

### 3. EREDMÉNYEK

#### 3.1. Eredmények a brojler végtermék állomány vizsgálatában

##### 3.1.1. *Spot14a* genotípus

A vizsgált brojler állományban megfigyelhető az A213C polimorfizmus Három genotípust különítettünk el (AA, AC, CC). A genotípus- és allélgyakoriságokról az 1. táblázat ad tájékoztatást.

**1. táblázat.** A *Spot14a* gén allél- és genotípus-gyakorisága, valamint a Hardy-Weinberg egyensúly feltételeit vizsgáló chi-négyzet teszt eredménye (szabadságfok (df)= 2)

Allél-gyakoriság	Genotípus-gyakoriság	$\chi^2$	p
A=0,11	AA (1) = 0,01	1,70	1,90
C=0,89	AC (20) = 0,20		
	CC (79) = 0,79		

A chi-négyzet teszt eredménye alapján a vizsgált állomány HWE-ban áll a *Spot14a* gén A213C polimorfizmusát tekintve. A tényleges és elvárt genotípus gyakoriságok között nem figyelhető meg szignifikáns eltérés ( $P > 0,05$ ).

2. táblázat. A *Spot14a* genotípus összefüggése a mért tulajdonságokkal

Mért és számított tulajdonságok	Genotípus	
	AC (n=20)	CC (n=79)
Élőtömeg (g)	2534,61±279,19	2509,32±262,10
Karkasz tömege (g)	1929,72±212,47	1936,04±198,21
Mellfilé tömege bőrrel (g)	622,109±94,29	631,30±81,41
Élőtömeg %-ban kifejezve (%)	27,38±3,54	28,53±4,23
Karkasz tömegének %-ban kifejezve (%)	36,02±5,26	35,23±6,60
Mellfilé tömege bőr nélkül (g)	523,33±110,47	548,88±81,27
Élőtömeg %-ban kifejezve (%)	<b>22,34±1,71<sup>b</sup></b>	<b>23,87±2,97<sup>a</sup></b>
Karkasz tömegének %-ban kifejezve (%)	29,14±1,90	28,62±3,13
Comb tömege* (g)	579,13±61,23	581,13±72,31
Élőtömeg %-ban kifejezve (%)	25,61±3,18	26,23±3,61
Karkasz tömegének %-ban kifejezve (%)	33,69±4,68	32,37±5,54

A fenotípus – genotípus összefüggésének vizsgálatában az AA genotípus nem szerepel a kis előfordulási gyakorisága miatt. Az AC és a CC genotípus között a mért tulajdonságok többségében nem figyeltünk meg szignifikáns összefüggést ( $P < 0,05$ ), ez alól kivétel a bőr nélküli mellfilé élőtömeg százalékában kifejezett aránya, ahol a CC genotípusú állatok szignifikánsan ( $P < 0,05$ ) meghaladták az AC genotípusú egyedek ugyanezen számított értékét (2. táblázat).

### 3.1.2. *IGFBP-2* genotípus

A G645T polimorfizmus jelen volt a brojler állományban. Két genotípust különítettünk el (*GG*, *GT*), a *TT* genotípus nem volt jelen (3. táblázat).

**3. táblázat.** Az *IGFBP-2* gén allél- és genotípus-gyakorisága, valamint a Hardy-Weinberg egyensúly feltételeit vizsgáló chi-négyzet teszt eredménye (szabadságfok (df)= 2)

Allél-gyakoriság	Genotípus-gyakoriság	$\chi^2$	p
$G=0,92$	<i>GG</i> (86) = 0,84	0,657	0,417
$T=0,08$	<i>GT</i> (17) = 0,17		
	<i>TT</i> (0) = 0,00		

A chi-négyzet teszt eredménye alapján a vizsgált állomány HWE-ban áll az *IGFBP-2* gén G645T polimorfizmusát tekintve. A tényleges és elvárt genotípus gyakoriságok között nem figyelhető meg szignifikáns eltérés ( $P>0,05$ ).

A vizsgált állományban megfigyelhető két genotípus (*GG*, *GT*) több tulajdonságban is szignifikánsan ( $P<0,05$ ) eltért egymástól. A heterozigóta *GT* egyedek élőtömege, karkasz tömege, bőrös mellfilé tömege, bőr nélküli mellfilé tömege egyaránt szignifikánsan ( $P<0,05$ ) meghaladta a *GG* homozigóta egyedek tömegét. Ugyanez figyelhető meg a karkasz százalékában kifejezett bőr nélküli mellfilé tömege számított értéknél is (4. táblázat).



4. táblázat. Az *IGFBP-2* genotípus hatása a mért és számított tulajdonságokra

Mért és számított tulajdonságok	Genotípus	
	GG (n=86)	GT (n=17)
Élőtömeg (g)	2485,21±263,33 <sup>b</sup>	2638,93±219,81 <sup>a</sup>
Karkasz tömege (g)	1911,39±194,11 <sup>b</sup>	2034,13±194,54 <sup>a</sup>
Mellfilé tömege bőrrel (g)	618,64±80,83 <sup>b</sup>	678,95±76,26 <sup>a</sup>
Élőtömeg %-ban kifejezve (%)	28,31±4,17	28,53±3,90
Karkasz tömegének %-ban kifejezve (%)	35,19±6,48	35,86±5,74
Mellfilé tömege bőr nélkül (g)	528,39±81,20 <sup>b</sup>	604,15±91,28 <sup>a</sup>
Élőtömeg %-ban kifejezve (%)	23,46±2,94	24,33±2,74
Karkasz tömegének %-ban kifejezve (%)	28,37±2,93 <sup>b</sup>	30,05±2,46 <sup>a</sup>
Comb tömege* (g)	575,12±70,06	603,45±61,38
Élőtömeg %-ban kifejezve (%)	26,31±3,58	25,35±3,14
Karkasz tömegének %-ban kifejezve (%)	32,67±5,45	31,98±5,44

### 3.1.3. *PRL* genotípus

A 24 bp-os inzerció megtalálható a *PRL* gén promóter régiójában, három genotípust (*DD*, *ID*, *II*) különítettünk el az állományban (5. táblázat).

A chi-négyzet teszt eredménye alapján a vizsgált állomány HWE-ban áll az *PRL* gén vizsgált polimorfizmusát tekintve. A tényleges és elvárt genotípusgyakoriságok között nem figyelhető meg szignifikáns eltérés ( $P > 0,05$ ). A *D* és az *I* allél gyakorisága nagymértékben eltér az egyes

tyúkfajták között, a *D* allél gyakorisága jellemzően magasabb a kisebb tojástermelésre képes fajtákban.

5. táblázat. A *PRL* gén allél- és genotípus-gyakorisága, valamint a Hardy-Weinberg egyensúly feltételeit vizsgáló chi-négyzet teszt eredménye (szabadságfok (df)= 2)

Allél-gyakoriság	Genotípus-gyakoriság	$\chi^2$	p
<i>D</i> =0,77 <i>I</i> =0,23	<i>DD</i> (66) = 0,56	0,001	0,970
	<i>ID</i> (48) = 0,41		
	<i>II</i> (3) = 0,03		

6. táblázat. A *PRL* genotípus összefüggése a mért és számított tulajdonságokkal

Mért és számított tulajdonságok	Genotípus	
	DD (n=59)	ID (n=42)
Élőtömeg (g)	2533,64±283,9 7	2488,68±222,5 7
Karkasz tömege (g)	1946,65±208,2 8	1919,27±181,1 8
Mellfilé tömege bőrrel (g)	636,72±81,75	617,47±85,56
Élőtömeg %-ban kifejezve (%)	28,74±4,17	27,48±3,88
Karkasz tömegének %-ban kifejezve (%)	35,64±6,65	34,32±5,70
Mellfilé tömege bőr nélkül (g)	542,63±82,65	544,00±93,31
Élőtömeg %-ban kifejezve (%)	23,78±2,89	23,39±3,00
Karkasz tömegének %-ban kifejezve (%)	28,65±3,01	28,61±2,85
Comb tömege (g)	593,34±71,47 <sup>a</sup>	562,71±61,61 <sup>b</sup>
Élőtömeg %-ban kifejezve (%)	26,77±3,67 <sup>a</sup>	25,07±3,06 <sup>b</sup>
Karkasz tömegének %-ban kifejezve (%)	32,49±5,59	31,38±5,06

A *DD* homozigóta egyedek combtömege és a combtömeg élőtömegben kifejezett százalékos aránya szignifikánsan ( $P < 0,05$ ) meghaladta az *ID* heterozigóta egyedek ugyanezen értékét (6. táblázat).

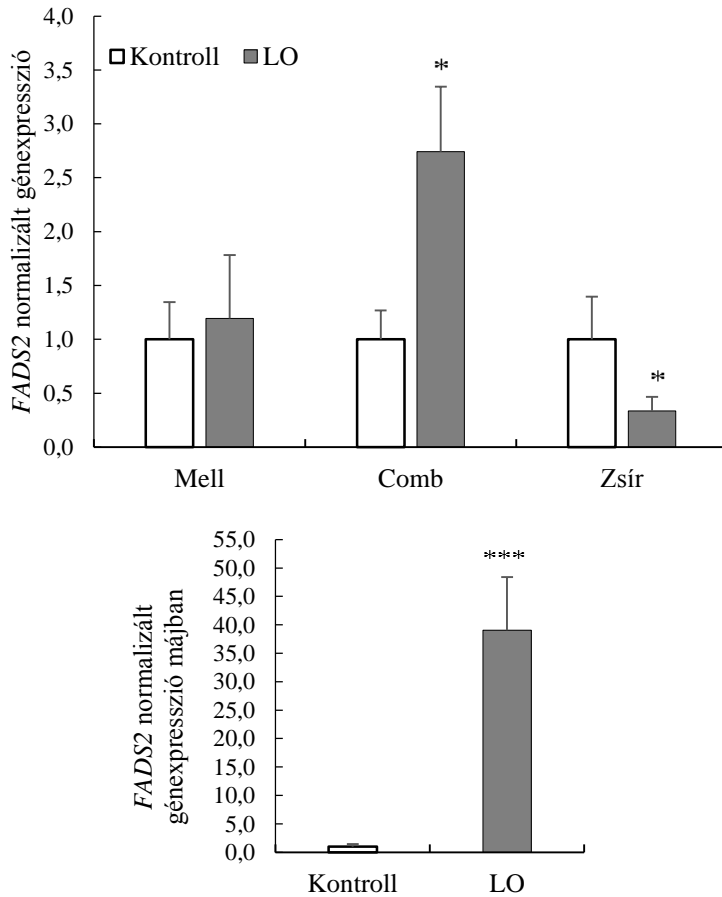
#### **3.1.4. *SST* genotípus**

Az A370C polimorfizmus esetén az *A* allél rögzítettsége figyelhető meg a brojler állományban. Nem találtunk a nem-szinonim A370G *SST* mutáció esetében genotípus- és allélfrekvenciákat és a genotípus – fenotípus kapcsolatát feltáró további irodalmi eredményeket.

### **3.2. Eredmények a pulyka állomány vizsgálatában**

#### **3.2.1. *FADS2* génexpressziós vizsgálata**

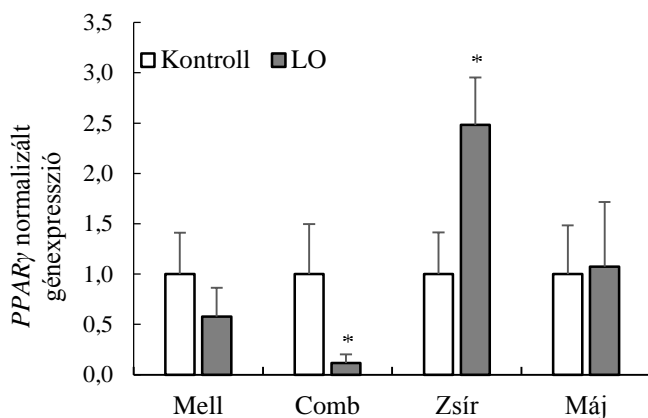
LO kiegészítés hatására a *FADS2* expressziója a májban nagymértékben megnőtt ( $P < 0,001$ ) a kontroll csoporthoz viszonyítva. A LO kiegészítés hatására az izomzatban is megnőtt a *FADS2* expressziója, ugyanakkor ezt statisztikailag igazolható mértékben csak a combizomzatban figyelhettünk meg ( $P < 0,05$ ), a mellizomzatban LO hatására csak kismértékű emelkedést tapasztaltunk. Ezzel szemben a zsírszövetben a *FADS2* expressziója szignifikánsan alacsonyabb ( $P < 0,05$ ) a LO kiegészítést kapott állatok esetén (1. ábra).



**1. ábra.** Normalizált *FADS2* génexpresszió mell, comb, abdominális zsír és máj szövetben kontroll és lenolaj (LO) kiegészítést kapott pulyka bakoknál. Az oszlopok a csoport átlag±SEM -t mutatják. A csoportok közötti szignifikáns különbség ( $P < 0,05$ ) jelölésére a \*, a ( $P < 0,001$ ) jelölésére a \*\*\*\* szolgál.

### 3.2.2. *PPAR* $\gamma$ génexpressziós vizsgálata

A *PPAR* $\gamma$  mRNS koncentráció szignifikánsan ( $P < 0,05$ ) csökkent a comb izomzatában a lenolaj kiegészítés (LO) hatására. A *PPAR* $\gamma$  mRNS szintje szignifikánsan nagyobb ( $P < 0,05$ ) a zsírszövetben a LO csoportban, amíg a mellizomzatban megfigyelhető és a hepatikus *PPAR* $\gamma$  expresszió nem változott statisztikailag igazolható ( $P > 0,05$ ) mértékben a takarmány kiegészítés hatására (2. ábra).

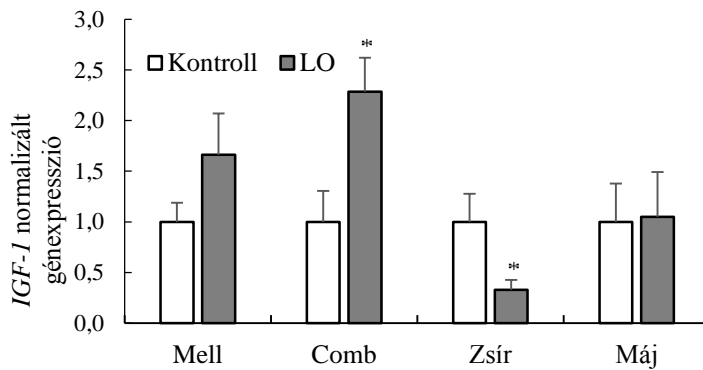


2. ábra. Normalizált *PPAR* $\gamma$  génexpresszió mell, comb, abdominális zsír és máj szövetben kontroll és lenolaj (LO) kiegészítést kapott pulyka bakoknál. Az oszlopok a csoport átlag $\pm$ SEM-t mutatják. A csoportok közötti szignifikáns ( $P < 0,05$ ) különbséget \* jelöli.

### 3.2.3. *IGF-1* génexpressziós vizsgálata

Vizsgálatainkban a mellizomzatban és a combizomzatban magasabb *IGF-1* mRNS koncentrációt figyeltünk meg a LO kiegészítést kapott állatok esetén, de a különbség csak a combizomzatban érte el a szignifikáns mértéket ( $P > 0,05$ ). Ugyanakkor a zsírszövetben alacsonyabb ( $P > 0,05$ ) mRNS szintet figyeltünk meg a LO kiegészítést

kapott pulykák esetében. A génextpresszió mértéke a májban nem különbözött számottevő mértékben (3. ábra).



**4. ábra.** Normalizált *IGF-1* génextpresszió mell, comb, abdominális zsír és máj szövetben kontroll és lenolaj (LO) kiegészítést kapott pulyka bakoknál. Az oszlopok a csoport átlag±SEM -t mutatják. A csoportok közötti szignifikáns ( $P < 0,05$ ) különbséget \* jelöli.

#### 4. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK

1. ROSS-308 brojler állományban meghatároztuk az A213C *Spot14 $\alpha$* , a G645T *IGFBP-2*, az A370C *SST* és a *PRL* génben megfigyelhető 24 bp-os inzerció/deléción genotípust. A *Spot14 $\alpha$*  három genotípusa (AA, AC, CC), az *IGFBP-2* két genotípusa (GG, GT), a *PRL* három genotípusa (DD, ID, II) megfigyelhető az állományban. A tényleges és elvárt genotípus-gyakoriságok nem különböztek egymástól szignifikáns ( $P < 0,05$ ) mértékben, a populáció a három genotípust tekintve Hardy-Weinberg egyensúlyban van. Az *SST* genotípus rögzített formában található a megfigyelt állományban (A allél).
2. Az *IGFBP-2* genotípus élőtömegre és vágási tulajdonságokra gyakorolt hatásának elemzése során szignifikáns összefüggést ( $P < 0,05$ ) állapítottunk meg a genotípus és az élőtömeg, karkasz tömeg, mellfilé tömege bőrrel és bőr nélkül és a mellfilé tömegének karkasz százalékában kifejezett értéke között. Az élőtömeg és a vágási tulajdonságok tekintetében a T allél kedvező hatását figyeltük meg a populációban.
3. Elsőként állapítottuk meg a pulykák különböző szöveteiben a *FADS2* génexpresszió változását lenolaj (LO) kiegészítés hatására. A LO kiegészítést kapott állatok esetében szignifikáns mértékben ( $P < 0,001$ ) magasabb hepaticus *FADS2* expresszió szintet figyeltünk meg a kontroll csoport egyedeihez viszonyítva. Továbbá szignifikáns mértékben ( $P < 0,05$ ) megnőtt a combizomzatban, míg

szignifikáns mértékben ( $P < 0,05$ ) csökkent az abdominális zsírban az mRNA expresszió szintje a kontroll egyedekhez képest.

4. Elsőként határoztuk meg a *PPAR $\gamma$*  mRNA koncentráció változását pulykák különböző szöveteiben LO kiegészítés hatására. A comb izomzatban szignifikáns mértékben ( $P < 0,05$ ) alacsonyabb, míg az abdominális zsírban szignifikáns mértékben ( $P < 0,05$ ) magasabb expressziós szintet állapítottunk meg a kontroll csoport egyedeihez viszonyítva.
5. Továbbá az *IGF-1* expresszió szintjének LO kiegészítés hatására bekövetkező változását is elsőként elemeztük pulykáknál. A takarmánykiegészítés hatására a combizomzatban szignifikáns mértékben ( $P < 0,05$ ) nőtt, míg az abdominális zsírban szignifikáns mértékben ( $P < 0,05$ ) csökkent az *IGF-1* expressziója a kontroll állatokhoz képest.



## 5. PUBLIKÁCIÓS LISTA

### Az értekezés témakörében megjelent publikációk

#### **Lektorált folyóiratban, magyar nyelven megjelent tudományos közlemény**

SZALAI KLAUDIA – TEMPFLI KÁROLY – BALI PAPP ÁGNES (2017): A tyúk géntérképezésének története és jelentősége. Magyar Állatorvosok Lapja, 139 (5). 295–305. (Összefoglaló cikk) (Q4; IF: 0,196)

#### **Lektorált folyóiratban, angol nyelven megjelent tudományos közlemények**

SZALAI KLAUDIA – TEMPFLI KÁROLY – LENCSES-VARGA ERIKA – BALI PAPP ÁGNES (2019): Genotyping of four loci in Hungarian yellow and broiler chickens. Acta Veterinaria Hungarica, 67(1) pp. 1–10. (DOI: 10.1556/004.2019.001.) (Q2\*; IF: 1,042\*)

TEMPFLI KÁROLY – KISS BARBARA – SZALAI KLAUDIA – SIMON ZOLTÁN – PONGRÁCZ LÁSZLÓ – ÁGNES BALI PAPP (2016): Differential expression of six genes in fat-type Hungarian Mangalica and other pigs. Archiv für Tierzucht-Archives of Animal Breeding, pp. 259–265. (Q3; IF: 0,389)

#### **Teljes szövegű konferencia kiadványok (magyar nyelvű)**

SZALAI KLAUDIA – TEMPFLI KÁROLY – BALI PAPP ÁGNES (2016): Az inzulinszerű növekedési faktor-1 (*IGF1*) gén DNS-polimorfizmusának összefüggése brojler vágási eredményeivel. In: Szalka Éva – Bali Papp Ágnes (szerk.): XXXVI. Óvári Tudományos Nap: Hagyomány és innováció az agrár- és élelmiszergazdaságban I-II. Mosonmagyaróvár, Magyarország, Széchenyi István Egyetem, Mezőgazdaság- és Élelmiszertudományi Kar, pp. 274–282.

#### **Teljes szövegű konferencia kiadványok (angol nyelvű)**

SZALAI KLAUDIA – TEMPFLI KÁROLY – LENCSES-VARGA ERIKA – BALI PAPP ÁGNES (2018): Single nucleotide polymorphism analysis in meat-production related genes in broiler chickens. Acta Agraria Debreciensis, pp. 79–82.

TEMPFLI KÁROLY – KONRÁD SZILÁRD – KOVÁCSNÉ GAÁL KATALIN – SZALAI KLAUDIA – BALI PAPP ÁGNES (2014): Possible genetic markers for egg production traits in Hungarian Yellow hens. In: Bene Szabolcs (szerk.) 20th Youth Scientific Forum: University of Pannonia Georgikon Faculty, Keszthely, Magyarország, Pannon Egyetem, Georgikon Mezőgazdaságtudományi Kar, pp. 550–560.

### **Előadás és poszter kivonatok (magyar nyelvű)**

SZALAI KLAUDIA – TEMPFLI KÁROLY – LENCSES-VARGA ERIKA – BALI PAPP ÁGNES (2018): *IGF1*, *IGFBP2* génpolimorfizmusok sárga magyar tyúokban és brojlerekben. In: Szalka Éva – Molnár Zoltán (szerk.) XXXVII. Óvári Tudományos Napok „Fenntartható Agrárium és Környezet, az Óvári Akadémia 200 éve – Múlt, jelen, jövő” Összefoglalói, Mosonmagyaróvár, Magyarország, VEAB Agrártudományi Szakbizottság, Széchenyi István Egyetem, Mezőgazdaság- és Élelmiszertudományi Kar, p. 193. (absztrakt)

TEMPFLI KÁROLY – SZALAI KLAUDIA – SIMON ZOLTÁN – BALI PAPP ÁGNES (2018): Zsírsanyagcsere gének expressziója mangalicában és hústípusú sertésekben. In: Szalka Éva – Molnár Zoltán (szerk.): XXXVII. Óvári Tudományos Napok „Fenntartható Agrárium és Környezet, az Óvári Akadémia 200 éve – múlt, jelen, jövő” Összefoglalói, Mosonmagyaróvár, Magyarország, VEAB Agrártudományi Szakbizottság, Széchenyi István Egyetem, Mezőgazdaság- és Élelmiszertudományi Kar, p. 92. (absztrakt)

### **Előadás és poszter kivonatok (angol nyelvű)**

SZALAI KLAUDIA – TEMPFLI KÁROLY – LENCSES-VARGA ERIKA – BALI PAPP ÁGNES (2018): *IGF1* and *IGFBP2* polymorphisms in Hungarian Yellow and broiler chickens. In: EAAP, Scientific Committee (szerk.) Book of Abstracts of the 69th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science, Wageningen, Hollandia. Wageningen Academic Publishers, p.602. (absztrakt)

TEMPFLI KÁROLY – SZALAI KLAUDIA – LENCSES-VARGA ERIKA – KOVÁCSNÉ GAÁL KATALIN – BALI PAPP ÁGNES (2017): Genotyping of dopamine receptor D1 and somatostatin polymorphisms in Hungarian Yellow hens. In: EAAP, Scientific Committee (szerk.) Book of Abstracts of the 68th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science, Wageningen, Hollandia. Wageningen Academic Publishers, p.373. (absztrakt)

TEMPFLI KÁROLY – SZALAI KLAUDIA – LENCSES-VARGA ERIKA – SIMON ZOLTÁN – BALI PAPP ÁGNES (2017): Expression of perilipin 2 and leptin genes in muscle and backfat tissues of pigs. In: EAAP, Scientific Committee (szerk.) Book of Abstracts of the 68th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science, Wageningen, Hollandia. Wageningen Academic Publishers, p.309. (absztrakt)

SZALAI KLAUDIA – TEMPFLI KÁROLY – BALI PAPP ÁGNES (2016): Analysis of *IGF1*, *IGFBP2*, and *SST* DNA-polymorphisms in Hungarian Yellow hens. In: Gócza Elen – Kiss Erzsébet – Maráz Anna – Várallyay Éva (szerk.) Fialat Biotechnológusok Országos Konferenciája „FIBOK 2016”, Program és Összefoglalók p. 62. (absztrakt)

### **Lektorálás alatt álló szakcikk (angol nyelvű)**

SZALAI KLAUDIA – TEMPFLI KÁROLY – ZSÉDELY ESZTER – LAKATOS ERIKA – GÁSPÁRDY ANDRÁS – BALI PAPP ÁGNES: Linseed oil supplementation affects *FADS2*, *PPAR $\gamma$* , and *IGF1* expression in turkey (*Meleagris gallopavo*).

### **A disszertáció témakörén kívül megjelent teljes szövegű konferencia kiadvány**

TEMPFLI KÁROLY – HERCEG EMIL BALÁZS – SZALAI KLAUDIA – BALI PAPP ÁGNES (2019): Egyes baktérium nemzetségek relatív mennyisége különböző mangalica csoportokban. In: Kőszegi Irén Rita (szerk.) III. Gazdálkodás és Menedzsment Tudományos Konferencia, „Versenyképesség és Innováció. Kecskemét, Magyarország, Neumann János Egyetem, pp. 364–369.