

DOKTORI (PhD) ÉRTEKEZÉS

SZABÓ-SÁRVÁRI LORETTA CSILLA

MOSONMAGYARÓVÁR

2025

**SZÉCHENYI ISTVÁN EGYETEM
ALBERT KÁZMÉR MOSONMAGYARÓVÁRI KAR
ÁLLATTUDOMÁNYI TANSZÉK**

**WITTMANN ANTAL NÖVÉNY-, ÁLLAT- ÉS ÉLELMISZER-
TUDOMÁNYI MULTIDISZCIPLINÁRIS
DOKTORI ISKOLA**

UJHELYI IMRE ÁLLATTUDOMÁNYI DOKTORI PROGRAM

**DOKTORI ISKOLAVEZETŐ:
DR. VARGA LÁSZLÓ DSC
EGYETEMI TANÁR**

**PROGRAMVEZETŐ:
DR. SZABÓ FERENC DSC
EGYETEMI TANÁR**

**TÉMAVEZETŐK:
DR. BALI PAPP ÁGNES
NY. EGYETEMI TANÁR
DR. TEMPFLI KÁROLY
EGYETEMI DOCENS**

**KÍSÉRLETI TOJÓTYÚK ÁLLOMÁNYOK TERMELÉSÉNEK,
VISELKEDÉSÉNEK, ÉS EGYES GÉNEK POLIMORFIZMUSÁNAK
ÉS EXPRESSZIÓJÁNAK ÉRTÉKELÉSE**

**KÉSZÍTETTE:
SZABÓ-SÁRVÁRI LORETTA CSILLA**

MOSONMAGYARÓVÁR
2026

Kísérleti tojóttyúk állományok termelésének, viselkedésének, és egyes gének polimorfizmusának és expressziójának értékelése

Írta:

SZABÓ-SÁRVÁRI LORETTA CSILLA

Készült a Széchenyi István Egyetem Wittmann Antal Növény-, Állat- és Élelmiszer-
tudományi Multidiszciplináris Doktori Iskola
Ujhelyi Imre Állattudományi Doktori Programja keretében

Témavezetők: Dr. Bali Papp Ágnes, Dr. Tempfli Károly

Elfogadásra javaslom (igen / nem)

(aláírás)

A jelölt a doktori komplex vizsgán megfelelt.

Mosonmagyaróvár,

.....
a Komplex Vizsga Bizottság elnöke

Az értekezést bírálóként elfogadásra javaslom (igen/nem)

Első bíráló (Dr.) igen/nem

(aláírás)

Második bíráló (Dr.) igen/nem

(aláírás)

Esetleg harmadik bíráló (Dr.) igen/nem

(aláírás)

A jelölt az értekezés nyilvános vitáján%-ot ért el.

Mosonmagyaróvár,

A Bírálóbizottság elnöke

Doktori (PhD) oklevél minősítése.....

Az EDT elnöke

KÍSÉRLETI TOJÓTYÚK ÁLLOMÁNYOK TERMELÉSÉNEK, VISELKEDÉSÉNEK, ÉS EGYES GÉNEK POLIMORFIZMUSÁNAK ÉS EXPRESSZIÓJÁNAK ÉRTÉKELÉSE

KIVONAT

A szerző három, hazai fejlesztésű, Rhode Island alapú tojótyúk állományban (P1, P2, P3) értékelte a tojástermelési intenzitást, az alomtojások előfordulási gyakoriságát és az elhullási arányt 20-52 hetes életkor között, zárt-mélyalmos és kifutóval ellátott-mélyalmos tartásmód esetén. A három kísérleti populációban, összesen 360 tyúk esetében viselkedésvizsgálatot végzett, amely alapján meghatározta a főbb viselkedésformák előfordulási gyakoriságát. Elvégezte a prolaktin (*PRL*) gén promoterében található 24 bp-os indel polimorfizmusának ($n=300$), valamint a *SORCS2* (sortilinhez kapcsolódó, vakuoláris fehérjeszortírozásért felelős (*VPS10*) domént tartalmazó 2-es típusú receptor) gén C/T polimorfizmusának ($n=360$) genotipizálását. A három vizsgált csoportban, összesen 30 tyúk esetében végzett génexpressziós vizsgálatot, amelynek segítségével meghatározta a *SORCS2*, a dopamin D1, D2, D3, és D4 receptorok (*DRD1-4*), valamint az idegi növekedési faktor (*NGF*) gének aktivitását a hipofízisben, a cerebellumban, a májban, a mellizomban, és a zsírszövetben.

A zárt és a kifutóval ellátott tartásmód között nem figyelt meg szignifikáns ($P>0,05$) különbséget sem a tojástermelési intenzitás, sem az alomtojás arány esetében, míg a kifutóval ellátott P1 és P2 állományban nagyobb ($P<0,05$) elhullási arány alakult ki az 52. élethétben, mint a zárt csoportokban.

Megállapította, hogy a P1 állomány több ($P<0,05$) agresszív viselkedésformát mutatott, mint a P2 vagy a P3 csoport. Az agresszív viselkedés negatív korrációt mutatott az élősúllyal ($r=-0,140$; $P<0,05$), és pozitív korrelációban

volt az aktivitással ($r=0,154$; $P<0,05$). Szintén pozitív összefüggést figyelt meg a tollpiszkálás és a komfortviselkedések között ($r=0,133$; $P<0,05$).

Eredményei alapján a *PRL* indel polimorfizmus deléció alléja volt gyakoribb mindhárom kísérleti populációban (P1: 88%; P2: 93,5%; P3: 91%).

Igazolta a *SORCS2* gén C/T polimorfizmusának jelenlétét tojótyúkokban. A kísérleti állományokban a polimorfizmusnak nem volt szignifikáns ($P>0,05$) hatása a viselkedésmintázatra, ugyanakkor a homozigóta C genotípus esetében tendenciaszerűen ($P=0,053$) több agressziót figyelt meg, mint a homozigóta T egyedeknél.

Megállapította, hogy a *SORCS2* gén expressziója szignifikánsan ($P<0,05$) nagyobb a P1 csoport hipofízisében, mint a P2 vagy a P3 állományban. Eredményeivel igazolta, hogy a leginkább agresszív tojótyúkok hipofízisében szignifikánsan ($P<0,05$) nagyobb a *SORCS2* gén expressziója, mint a legkevésbé agresszív tyúkokban. Megfigyelte, hogy a *SORCS2* gén expressziója a hipofízisben pozitív korrelációt mutatott a dopamin receptor D1 ($r=0,561$; $P<0,05$) és D2 ($r=0,538$; $P<0,05$) gének expressziójával. Eredményei hozzájárulhatnak azoknak a genetikai tényezőknek a megismeréséhez, amelyek szerepet játszanak az agresszív viselkedés kialakulásában a tojótyúkoknál.

**ASSESSMENT OF PRODUCTION AND BEHAVIOUR IN
EXPERIMENTAL LAYING HEN POPULATIONS, AND
EVALUATION OF THE POLYMORPHISM AND EXPRESSION OF
SELECTED GENES**

ABSTRACT

The author evaluated egg production intensity, floor egg ratio, and mortality rate in three experimental Rhode Island-based laying hen populations (P1, P2, P3) between 20 and 52 weeks of age, and under closed deep-litter housing and deep-litter housing with outdoor access. A total of 360 hens were subjected to behavioral observations in the three populations, and the frequency of the main behavioral patterns was determined.

Genotyping was performed for the 24 bp insertion-deletion (indel) polymorphism located in the promoter region of the prolactin (*PRL*) gene (n=300), as well as for the C/T polymorphism of the *SORCS2* (sortilin-related vacuolar protein sorting 10 domain-containing receptor 2) gene (n=360). In addition, gene expression analyses were carried out in a total of 30 hens from the three experimental groups to determine the expression levels of the *SORCS2* gene, dopamine D1, D2, D3, and D4 receptor genes (*DRD1–4*), and the nerve growth factor (*NGF*) gene in pituitary, cerebellum, liver, breast muscle, and adipose tissue.

No significant differences ($P > 0.05$) were observed between the closed and outdoor-access housing systems with respect to egg production intensity or the proportion floor eggs; however, a significantly higher mortality rate ($p < 0.05$) was detected at 52 weeks of age in the P1 and P2 populations housed with outdoor access compared to their closed-housing counterparts.

The author found that the P1 population exhibited significantly more aggressive behavior ($P < 0.05$) than either the P2 or P3 groups. Aggressive

behavior showed a negative correlation with body weight ($r=-0.140$; $P<0.05$) and a positive correlation with activity level ($r=0.154$; $P<0.05$). A further positive association was observed between feather pecking and comfort behaviors ($r=0.133$; $P<0.05$).

The deletion allele of the *PRL* indel polymorphism was more frequent in all three experimental populations (P1: 88%; P2: 93.5%; P3: 91%).

The presence of the *SORCS2* C/T polymorphism was confirmed in laying hens. No significant effect ($P>0.05$) of this polymorphism was detected in the experimental populations on behavioral patterns; however, a trend towards increased aggression was observed in homozygous C genotype compared to homozygous T individuals ($P=0.053$).

The author demonstrated that *SORCS2* gene expression was significantly higher ($P<0.05$) in the pituitary gland of the P1 group than in the P2 or P3 populations. Furthermore, the most aggressive laying hens exhibited significantly higher *SORCS2* expression in the pituitary gland ($P<0.05$) compared to the least aggressive hens. *SORCS2* expression in the pituitary was found to be positively correlated with the expression of dopamine receptor D1 ($r=0.561$; $p<0.05$) and dopamine receptor D2 ($r=0.538$; $P<0.05$). The findings may contribute to a better understanding of the genetic factors involved in the development of aggressive behavior in laying hens.

TARTALOMJEGYZÉK

1. BEVEZETÉS	10
1.1. Célkitűzések.....	11
2. SZAKIRODALMI ÁTTEKINTÉS	14
2.1. A baromfitenyésztés helyzete a világon és Magyarországon	14
2.2. A tyúk viselkedése	19
2.3. Árutojás-termelő tojóhibrid típusok.....	29
2.4. Technológia a tojótyúkok tartásában	33
2.5. Az agresszív viselkedésminták öröklődése.....	36
2.6. Prolaktin (PRL).....	38
2.7. Sortilin related VPS10 domain containing receptor 2 (SORCS2) ...	40
2.8. Dopamin receptorok.....	42
2.8.1. Dopamin receptor D1 (DRD1)	45
2.8.2. Dopamin receptor D2 (DRD2)	46
2.8.3. Dopamin receptor D3 (DRD3)	48
2.8.4. Dopamin receptor D4 (DRD4)	48
2.9. Az idegi növekedési faktor (NGF).....	50
2.10. Az alkalmazott módszerek rövid bemutatása.....	52
2.10.1. PCR (polimeráz láncreakció)	52
2.10.2. RFLP (Restriktációs Fragmenthossz Polimorfizmus).....	56
2.10.3. Agaróz gélelektroforézis	57
2.10.4. RT-PCR (reverz transzkripció polimeráz láncreakció).....	59
3. ANYAG ÉS MÓDSZER	60
3.1. Kísérleti állomány	60
3.2. Viselkedésvizsgálat.....	62
3.3. DNS-izolálás és PCR-RFLP	64
3.4. RNS-izolálás és génexpressziós vizsgálatok.....	68
3.5. Statisztikai feldolgozás	71

4. EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELÉS	73
4.1. Tojástermelési intenzitás.....	73
4.2. Az alomtojások aránya.....	76
4.3. Az elhullási arány alakulása.....	83
4.4. A felvételezett viselkedésformák alakulása	85
4.5. A viselkedésformák szerepe a csoportok elkülönítésében.....	87
4.6. Korreláció a tollhiány, az élősúly és a viselkedésformák között	92
4.7. A prolaktin (<i>PRL</i>) gén 24 bp-os indel polimorfizmusa.....	96
4.8. A <i>SORCS2</i> gén C/T polimorfizmusa	100
4.9. Génexpresszió a különböző szövetekben.....	107
4.9.1. <i>A génexpresszió egyedi alakulása különböző szövetekben ..</i>	<i>110</i>
4.10. <i>Hipofízis <i>SORCS2</i> expresszió a vizsgált csoportokban</i>	<i>116</i>
5. ÖSSZEFOGLALÁS.....	119
6. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK	123
7. IRODALOMJEGYZÉK.....	125
KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS	144

1. BEVEZETÉS

A modern állattermék-előállításban az állatjóllét egyre fokozódó hangsúllyal jelenik meg. A magas szintű állatvédelem és állatjóllét biztosítása a pozitív fogyasztói megítélés elérésének és a hatékony termelés fenntartásának egyaránt elengedhetetlen feltétele az Európai Unióban. A tojótyúk tarsas viselkedésének jelentősége a fogyasztói szempontból egyre inkább preferált alternatív, ketrec nélküli tartástechnológiai változatok terjedése révén felértékelődhet a szelekciós programokban, mint az állatjóllétet alapvetően meghatározó tényező. A szociális viselkedés genetikai hátterének vizsgálata értékes eredményekkel segítheti a célzott szelekciót a tenyésztési munkában, továbbá hozzájárulhat azon okok megismeréséhez, amelyek káros viselkedésformák kialakulásához vezethetnek.

Jelen vizsgálatban három tojótyúk csoport esetén értékeltük a tojástermelési intenzitást, valamint az alomtojások arányának alakulását. A termelési értékmérőket a három vizsgált csoportban zárt és kifutóval ellátott tartástechnológiai rendszer esetén is vizsgáltuk.

Vizsgálataink során elvégeztük a *SORCS2* (sortilin related VPS10 domain containing receptor 2) gén egy pontos nukleotid polimorfizmusának (SNP) és a *PRL* (prolaktin) gén 24 bázispáros indeljének genotipizálását, továbbá a *SORCS2*, az *NGF* (idegi növekedési faktor), és egyes dopamin receptor gének (*DRD1*, *DRD2*, *DRD3*, *DRD4*) expressziójának mérését valósítottuk meg a különböző kísérleti tojótyúk populációkban. A kísérleti állományokban viselkedés-vizsgálatot végeztünk, amely során – számos viselkedésforma mellett – egyedileg rögzítettük és meghatároztuk az agresszív viselkedésformák gyakoriságát.

Kidolgoztuk a *SORCS2* gén polimorfizmusának azonosításához használható polimeráz láncreakció-restrikciós fragmenthossz polimorfizmus (PCR-RFLP) módszert (oligonukleotidok tervezése és restrikciós enzim kiválasztása), továbbá megterveztük a génexpressziós vizsgálatokban alkalmazott kvantitatív PCR (qPCR) során felhasználható primereket. A vizsgált állományokban meghatároztuk a különböző *SORCS2* és *PRL* allélok és genotípusok arányát, és statisztikai módszerekkel elemeztük az allél- és genotípus-gyakoriságban megfigyelhető különbségeket, valamint a genotípusok és egyes értékmérő tulajdonságok közötti asszociációkat.

1.1. Célkitűzések

Termelési értékmérő tulajdonságok vizsgálata

Céлом volt, hogy a Bábolna TETRA Kft. által biztosított kísérleti tojótyúk állományokban felmérjem az alomtojások arányának és a tojástermelési intenzitásnak – mint a tojótyúkok egyik legfontosabb értékmérő tulajdonságának – a jellemző alakulását a termelési időszak alatt (20-52. élethét között). Kutatásom egyik célkitűzése a három, különböző genetikai összetételű tojótyúk állomány (P1, P2, P3) termelési dinamikájának összehasonlító értékelése. További céлом volt a zárt és a kifutós tartásmód hatásának felmérése a kísérleti állományok elhullási arányára.

A tojások lerakási helyének (tojófészek vagy alom) preferenciája fontos állatjóléti és termelési mutató, amely tükrözheti az egyedek komfortérzetét és a tartási környezet megfelelőségét. Céлом volt annak feltárása, hogy a különböző csoportoknál milyen arányban kerülnek a tojások fészekbe vagy alomba, és hogyan változik ez a viselkedés az életkor előrehaladtával.

A különböző populációk viselkedésformáinak kvantitatív elemzése

Céлом a tojótyúk különböző viselkedési kategóriáinak – például agresszív, komfort, pihenő és aktív viselkedések – objektív rögzítése és statisztikai összehasonlítása. Külön figyelmet fordítottam arra, hogy megállapítsam, mely viselkedési jellemzők lehetnek leginkább alkalmasak arra, hogy elkülönítsük az egyes tojótyúk csoportokat.

A viselkedési jellemzők, az élősúly, és a tollhiány közötti korrelációk meghatározása

A kutatás célja a viselkedési mintázatok (pl. agresszió, komfortviselkedések) és egyes fenotípusos jellemzők (élősúly, tollhiány) közötti statisztikai összefüggések azonosítása. A viselkedési mintázatokkal mutatott potenciális korrelációk meghatározása segítheti az állatjóléti kockázatok korai felismerését, valamint hosszabb távon hozzájárulhat a viselkedési és jóléti szempontokat is figyelembe vevő szelekciós stratégiák fejlesztéséhez.

A *PRL* gén inzerció-deléció típusú polimorfizmusának jellemzése különböző genotípusokban

Céлом a *PRL* gén 24 bázispáros inzerció-deléciójának vizsgálata a tojótyúk-állományokban, három különböző genetikai háttér (P1, P2, P3) szerint: az indel genotípusok (II, ID, DD) és allélgyakoriságok (I, D) összehasonlítása a különböző populációkban, és a genotípusokhoz kapcsolható termelési jellemzők feltérképezése (pl. tojástermelés, alomtojás arány, elhullás). A cél annak megállapítása, hogy a *PRL* gén indel variánsa jelent-e szelekciós előnyt vagy kockázatot tenyésztési szempontból.

A *SORCS2* gén polimorfizmusának (C/T SNP) összefüggése a viselkedéssel

A kutatás célja annak feltárása, hogy a *SORCS2* gén intron régiójában található C/T egyponyos nukleotid polimorfizmus (SNP ID: Gga_rs312463697) milyen hatással van a tojótyúk viselkedési mintázataira. A célkitűzés magában foglalja a genotípusok (CC, CT, TT) arányainak felmérését három különböző populációban (P1, P2, P3), és azok összevetését különböző viselkedési jellemzőkkel (pl. agresszió, komfortviselkedés). A cél annak meghatározása, hogy létezik-e egyértelmű genotípus-függő viselkedési profil, és a *SORCS2* polimorfizmus potenciálisan használható-e viselkedésalapú szelekciós markerként.

A génexpresszió mintázatainak elemzése különböző csoportokban

Céлом volt a *DRDI-4*, *NGF*, és *SORCS2* gének esetében az expresszió és a viselkedési mintázatok közötti összefüggések azonosítása. A génexpressziós vizsgálatok segíthetik a káros viselkedésmintázatok genetikai hátterének megismerését. A viselkedés alakulásában szerepet játszó gének azonosítása pontosabb szelekciót biztosíthat a választott tartástechnológiában leginkább hatékony vonalak kialakítása során.

2. SZAKIRODALMI ÁTTEKINTÉS

2.1. A baromfitenyésztés helyzete a világon és Magyarországon

A baromfitenyésztés és -tartás különböző kultúrákban és időszakokban változatos módon történt, de mindig jelentős szerepet játszott az emberi társadalmakban. A mai napig a baromfifajok termékei fontos részét képezik az emberi étrendnek és gazdaságnak, és a baromfitenyésztés és -tartás folyamatosan fejlődik és alkalmazkodik az új kihívásokhoz és igényekhez (*Mihók et al.*, 2006).

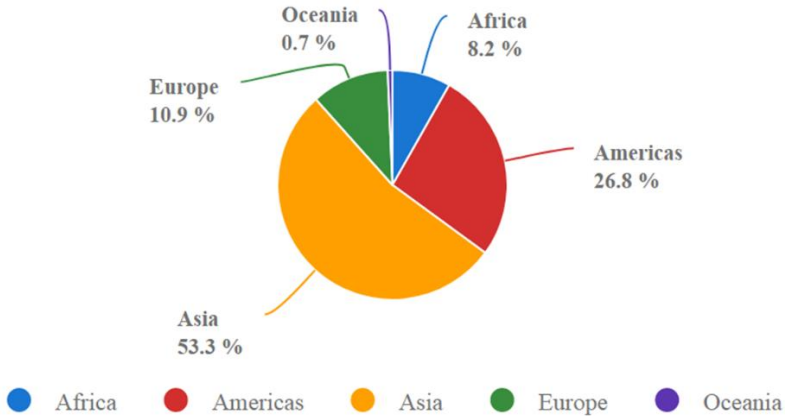
A baromfitermékek - mint a hús és a tojás - csak a XX. század második felében váltak igazán elterjedtté és jelentőségteljesebbé a népelelmezésben. Ennek oka részben az volt, hogy ebben az időszakban jelentős technológiai fejlesztések történtek a baromfitenyésztés területén, amelyek lehetővé tették a hatékonyabb és nagyobb volumenű termelést. A XX. század második felében számos olyan technológiai innováció jelent meg, amelyek forradalmasították a baromfifeldolgozást és a tartási körülményeket. Ilyenek voltak: az ipari méretű ketreces tartásrendszer bevezetése, az egészségügyi szabályozások fejlesztése, valamint a takarmányozás és az állatorvosi gyakorlat fejlődése. Ennek eredményeként a baromfihús és tojás azóta kiemelkedő fontossággal bír a humán étrendben és a globális élelmiszeriparban (*Bogenfürst et al.*, 2011).

Ennek okai a következők lehetnek:

- A folyamatos, hatékony és biztonságos tojás- és pecsenyecsirke-előállításához minden kontinensen adottak a feltételek.
- Nincsenek vallási megkötések a tojás és baromfihús fogyasztását illetően.

- Nagyban elősegítették a tyúkfaj elterjedését a faj biológiai adottságai; alkalmazkodóképessége, szaporasága, hibridek előállításához a genetikai adottságok stb.
- A tyúk nagyon jól hasznosítja a takarmányok energia- és fehérjetartalmát.
- A tojása tartalmazza az esszenciális táplálóanyagokat, vitaminokat és ásványi anyagokat.
- A tojás nagyon elterjedt a különböző iparágakban; sütő- és élelmiszeripar, kozmetikai ipar, bőripar, takarmányipar, gyógyszeripar stb.
- A melléktermékek is jól felhasználhatók, például toll-liszt, állateledel.
- A tyúk trágyája szerves trágyaként felhasználható a növénytermesztésben (*Horn, 2000*).

A világ tyúkállománya meghaladja a 18 milliárdot. A tyúkállomány eloszlását az **1. ábra** mutatja be. Ázsia az abszolút legnagyobb tyúkpopulációval rendelkezik. Észak- és Közép-Amerika szintén jelentős tyúkpopulációval büszkélkedhet, ami részben az intenzív mezőgazdasági termelésnek és az élelmiszeriparnak köszönhető, míg Európa esetében kisebb, de számottevő a tyúkállomány létszáma. Az európai mezőgazdaság sokféle formában termel baromfi fajokkal, és a tyúktermékek jelentős részét helyben fogyasztják, illetve exportálják. Afrikában és Óceániában viszonylag kicsi a tyúkpopuláció, ami részben a kontinensek agráriumának és gazdasági sajátosságainak tudható be. Azonban fontos megjegyezni, hogy az afrikai és óceániai országokban is egyre növekszik a baromfiipar jelentősége, valamint az állattartás terén szintén várhatók további változások és állományfejlődés a jövőben (*Wenk, 2011*).



1. ábra. A világ baromfiállományának eloszlása (forrás: URL¹)

A baromfitenyésztés jelentősége világszerte növekszik az élelmiszerbiztonság, a fehérjeigény kielégítése és a gazdasági növekedés szempontjából. A baromfitenyésztés kiemelkedő szerepet játszik számos régióban a világon. Az EU-ban jelentős mértékű baromfiállomány található, és az iparág számos tagállamban fontos gazdasági szerepet játszik.

Az EU szigorú szabályozásokat alkalmaz az élelmiszerbiztonság, az állatjólét és a környezetvédelem területén, hogy biztosítsa a magas minőségű és biztonságos baromfitermékek előállítását. Emellett az EU kiemelt figyelmet fordít a fenntartható baromfitenyésztés előmozdítására és az antibiotikumok felelős felhasználására, hogy csökkentse az antibiotikum-rezisztencia kialakulásának kockázatát, ugyanakkor megóvja az állatok egészségét.

Az Egyesült Államokban a baromfiipar hosszú ideje kiemelt fontosságú. Az USA az egyik legnagyobb baromfihús-termelő és exportőr ország a világon. Brazília a világ másik legnagyobb csirkehús-exportőre és egyik legnagyobb tojástermelője is. Kína a világ legnagyobb baromfiipari piaca. A kínai

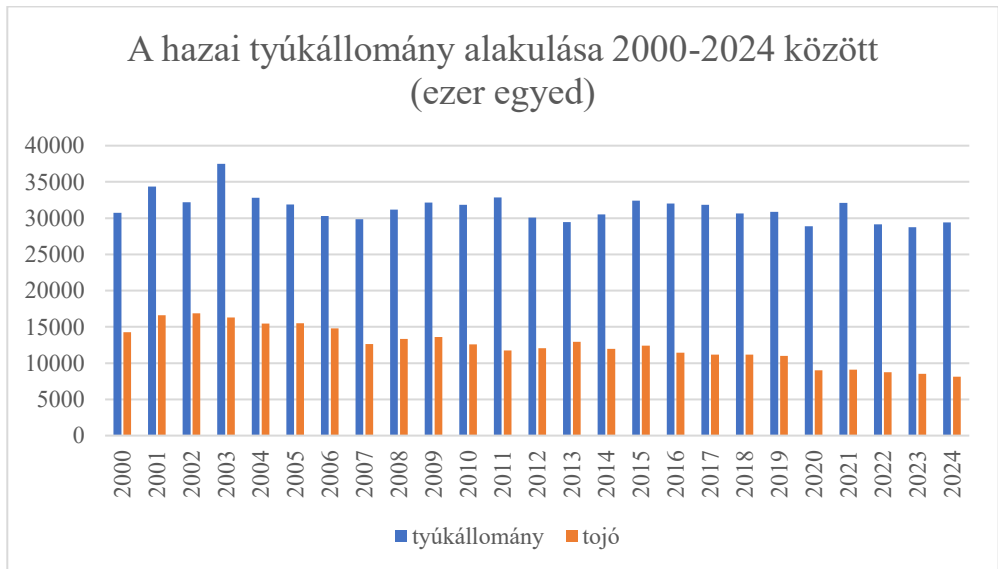
baromfitermékek jelentős részét nem csak a belföldi piacra termelik, hanem exportálják is. Thaiföldön is jelentős baromfiipar található (URL²).

Magyarországon a baromfitenyésztés évtizedek óta jelentős ágazatnak számít az agráriumon belül. A baromfiágazatnak fontos szerepe van az élelmiszerellátásban, és a baromfitermékek fontos részét képezik az ország agrárkivitelének is. Magyarország hagyományosan erős baromfiiparral rendelkezik. A baromfitenyésztés Magyarországon különösen a brojlersirke és a tojásipar terén jelentős.

Az 1960-as évek elejétől kezdve Magyarországon is elindult a modern baromfitenyésztés és feldolgozóipar kiépülése, ami az ország mezőgazdaságának általános fejlődésével párhuzamosan történt. A II. világháború utáni időszakban a mezőgazdaság modernizációja és iparosítása több területet érintett, köztük az állattenyésztést is. A tyúktenyésztés fejlődése nemcsak a baromfitenyésztés általános fejlődésével volt összefüggésben, hanem az állattenyésztés színvonalának és technológiáinak emelkedésével is. Az állattenyésztésben történt változások és fejlesztések lehetővé tették a hatékonyabb és nagyobb volumenű baromfitermelést és feldolgozást. Magyarországon az ipari méretű baromfitenyésztés és feldolgozóipar kialakulása lehetővé tette a nagyobb mennyiségű és jobb minőségű baromfitermékek előállítását, ami hozzájárult az ország élelmiszerellátásához és gazdasági fejlődéséhez. A KSH (2020) szerint az egy főre jutó baromfihús fogyasztás (25kg/fő/év) folyamatosan nőtt az utóbbi évtizedekben, és jelentős arányt képvisel az összes húsfogyasztásban.

Az 1980-as évek közepétől kezdve a baromfihús fogyasztásának alakulása ingadozásokkal tarkított, de általánosságban növekvő tendenciát tapasztalhattunk. Az ezredfordulót követően további enyhe növekedés

figyelhető meg, és jelenleg már a baromfihús teszi ki az összes húsfogyasztás több mint 45%-át Magyarországon. Ez a növekedés részben az egészségtudatos táplálkozási trendekre, másrészt a baromfihús könnyű elkészíthetőségére és kedvező tápanyagtartalmára vezethető vissza. A baromfihús gazdag fehérjében és alacsony zsírtartalmú, ami vonzóvá teszi azok számára, akik egészséges étrendet keresnek (Horn, 2000). A **2. ábrán** 2000-tól 2024-ig követhető a hazai tyúkállomány alakulása.



2. ábra. A hazai tyúkállomány alakulása 2000-2024 között (forrás: URL³ alapján saját szerkesztés)

A baromfiipar jelentősége az országban részben annak köszönhető, hogy a baromfi tartása viszonylag kis területen is lehetséges, és ezáltal a kistermelők is könnyen részt vehetnek az iparágban. Emellett a baromfitenyésztés modernizációja és fejlődése szintén hozzájárult az iparág sikeres működéséhez és növekedéséhez. Az országban modern tenyészállományok és feldolgozóüzemek találhatóak, amelyek magas színvonalú termékek

előállítását teszik lehetővé. A magyar baromfiágazat technológiai fejlődése az állatjóléti és a környezetvédelemi előírások változását nyomon követi. A baromfitenyésztés Magyarországon hagyományosan nagyobb szerepet játszott az agrárgazdaságban, mint a legtöbb európai országban. Ez a jelenség mind a belföldi fogyasztásban, mind az exportban betöltött szerepét tekintve hosszú évtizedekre visszamenően jól nyomon követhető.

2.2. A tyúk viselkedése

Az állatok viselkedése rendkívül összetett, számos külső és belső tényező befolyásolja, köztük az öröklött (genetikai) faktorok és a tanult viselkedési minták. Az öröklött viselkedési sémák a fajon belül jellemzőek lehetnek, míg a tanult viselkedési minták az egyed élete során szerzett tapasztalatokon és környezeti hatásokon alapulnak. A tyúkok viselkedése is nagyban függ a környezeti feltételektől, például a megfelelő takarmányozástól, a fészkelőhelyek minőségétől és hozzáférésétől, a fészkek biztonságától, a megfelelő fényviszonyoktól és a hőmérséklettől. Az optimális környezeti feltételek biztosítása és a gondoskodás alapvető fontosságú a tyúkok egészségének, jólétének és termelékenységének szempontjából.

Az állattenyésztésben kiemelkedő jelentőségű a tenyészállomány kiválasztása. A megfelelő genetikai háttérrel rendelkező állatok nemcsak jobb termelési eredményekkel járhatnak hozzá a gazdasághoz, hanem olyan viselkedési mintákat is mutathatnak, amelyek elősegítik a hatékonyabb tartást és kezelést. A jól megválasztott tenyészállomány hosszú távon növeli az állomány genetikai értékét és fenntarthatóságát.

A tyúkok és más baromfifajok gyorsan képesek mozogni és reagálni a fenyegető helyzetekre. A tyúkok számára fontos a környezetük figyelése, különösen a potenciális veszélyforrások észlelése céljából. A fej gyors mozgatása lehetővé teszi számukra, hogy gyorsan érzékeljék a fenyegetéseket és megfelelően reagáljanak rájuk. A kotkodácsolás és az ürítés menekülés közben szintén a fenyegető helyzetekre adott természetes válaszok. Ezek a viselkedési minták hozzájárulhatnak az állatok túléléséhez és biztonságának megőrzéséhez, lehetővé téve számukra, hogy gyorsan elmeneküljenek vagy elrejtőzzenek a veszély elől (*Gere, 2001*).

Az állatok különböző szerepeket és viselkedési mintákat tanúsítanak a fajtársak közötti kommunikációban és a közösség védelmében. A kakasok szerepe az „őrségállításban” és a potenciális veszélyek felismerésében van. A magasabb pontokról vagy kiemelkedő helyekről lehetőségük van arra, hogy jobban áttekinthessék a környezetüket és hamarabb észleljék a fenyegető helyzeteket. A porfürdőzés jellemző viselkedési forma a baromfifélék számára: egy természetes tisztálkodási módszer, amely során a tyúkok porhanyós, laza talajt keresnek fel. A porfürdőzés során a tyúkok általában lábaikkal felkaparják a talajt, majd leülnek, szárnyaikkal és testük mozgatásával magukra szórják a poros talajt. Ez segít eltávolítani a felesleges zsírt és nedvességet a tollakról, valamint megakadályozza a paraziták, például atkák és tetvek megjelenését és terjedését a tollazaton. A tyúkok általában élvezik a porfürdőzést, és rendszeresen részt vesznek benne. Miután befejezték a fürdést, felállnak, megrázzák magukat, és szárnyaikkal csapkodnak, hogy megszabaduljanak a felesleges portól. Végül a tollaikat a csőrükkel igazgatják, hogy visszaállítsák azokat eredeti rendjükbe (*Pupos et al., 2013*).

Általában az alvás során a tyúkok a fejüket a szárnyaik alá rejtik, így biztonságban érzik magukat. A tyúkok alvása váltakozó, különböző mélységű és hosszúságú periódusokból áll: sok más állatfajhoz hasonlóan a tyúkoknál is elkülönítettek mélyebb és felszínebb alvási szakaszokat. A mélyebb alvási fázisokban az állatok lassabban lélegeznek, és nehezebben ébreszthetők fel külső ingerekre. A tyúkok az alvásra használt helyet és az alvás idejét gyakran a biztonság és a védelem szempontjai alapján választják. Általában éjszaka vagy sötétben húzódnak vissza az alvóhelyükre, ahol biztonságban érzik magukat a ragadozóktól és más veszélyforrásoktól. Éjszakai pihenésre inkább az ülőrudakat, míg szabad tartásban az alacsonyabban lévő fák ágait választják (*Bogenfürst et al.*, 2011).

A kakasok és tyúkok közötti párosodási rituálék és viselkedési formák jelentős szerepet játszanak az állatok közötti kommunikációban és a szaporodásban. A nyak kinyújtása és a tollazat felborzolása a kakas vagy a tyúk fokozott figyelmét és érdeklődését mutathatja a párosodás iránt. A test megrázása a hosszanti tengely mentén az állatok természetes viselkedési repertoárjának része, és a párosodás utáni viselkedés jellemzője.

A tyúkok gyakran kapirgálnak a talajban élelem után, például rovarokat, férgeket, növényi részeket vagy apró kavicsokat keresnek. A kapirgálás során először a lábaikkal felkaparják a talaj felszínét, majd erőteljes mozdulatokkal hátra szórják és megtisztítják a keresett táplálékot a talajtól. A kapirgálás segít az állatoknak az élelem megtalálásában és felkutatásában, valamint a talaj lazításában és légzésében is segíthet. Az élelemszerzésen kívül a kapirgálás más célokat is szolgálhat, kapirgálnak például a fészkek építése során, vagy egyszerűen csak a környezet felfedezése és a természetes viselkedés kielégítése céljából (*Pupos et al.*, 2013).

Az evés és ivás meghatározó viselkedési forma a tyúkok életében és egészségében. A tyúkfélék általában mohón veszik fel az ételt az evés kezdetén és kevésbé érzékenyek a takarmány ízére, mint más haszonállatfajok; majd később válogatnak és csipegetnek a takarmányból, a válogatást pedig jellemzően vizuális ingerek alapján végzik, nem az íz alapján, és nagyságrendekkel kevesebb ízlelőbimbóval rendelkeznek, mint pl. a sertés vagy a szarvasmarha. Az ivás során a tyúkok általában vízzel töltik meg a csőrüket, majd felemelik a fejüket, hogy a vizet a begyükbe eresszék. Ez a viselkedési forma lehetővé teszi az állatok számára, hogy elegendő mennyiségű folyadékot fogyasszanak, ami elengedhetetlen a megfelelő hidratáltság fenntartásához és a szervezet normális működéséhez.

A tyúkoknak az ivóvízhez naponta rendszeresen hozzá kell férniük, különösen meleg időben, amikor a hőmérséklet emelkedése miatt nő az ivás iránti igényük. A vízfogyasztás szerepe szempont lehet egyes hibridek nemesítésében, hiszen a megfelelő hidratáltság fenntartása és az optimális hőháztartás kulcsfontosságú az állatok egészsége és teljesítménye szempontjából (*Horn, 2000*).

A kannibalizmus sajnos gyakori probléma a zárt tyúktartásban. Ennek számos oka lehet, beleértve a túlzott feszültséget, a technológiai és takarmányozási hiányosságokat, valamint az öröklött tényezőket is. A stressznek való folyamatos kitettség, a helytelen táplálkozás vagy a rosszul megtervezett tartási rendszer egyaránt hozzájárulhat a kannibalizmus kialakulásához. A környezetgazdagítás változatos formái a legpraktikusabb, technológiailag széles körben alkalmazható módszerek az általános állatjólét javításában, valamint a súlyos tollpiszkálás és a kannibalizmus kialakulásának megelőzésében. A vizsgált állománytól, genotípustól függően a

környezetgazdagítás más-más módszere lehet hatékonyabb (*Farkas et al.*, 2024). A kannibalizmus megnyilvánulási formái között szerepelhet a tollcsipkedés, valamint a kloaka kicsípése. Ha az állományban sok kloaka-előeséses állat van, ez hajlamosít a kannibalizmus kialakulására, ami további agresszív viselkedést generálhat az állományban. A baromfi fajknál az egyedek között erős a szociális hierarchia. Ez a hierarchia általában az ivarérettség körül alakul ki, és komoly harcokkal járhat, különösen a kakasok között. A harcok, amelyek a rangsor kialakulását megelőzik, általában a kakasok között sokkal kifejezettebbek lehetnek, mivel a kakasok hajlamosak versengeni a dominanciaért és a vezető szerepért, a szaporodásért. A rangsorban elfoglalt hely fontos szerepet tölt be az állatok közötti kapcsolatokban és a takarmányhoz való hozzáférésben. Az állatok megismerik egymást, és felismerik, hogy ki az, aki a rangsorban fölöttük áll. Általában azok az állatok állnak előrébb a rangsorban, akik előbb érik el az ivarérettséget, mivel ez gyakran nagyobb mérettel vagy erőteljesebb viselkedéssel jár (*Bogenfürst et al.*, 2011).

A rangsor kialakulása azonos korú egyedekből álló csoportokban az agresszió és a harcok eredményeként történik. A legharciasabb és legdominánsabb egyedek általában kivívják maguknak a rangelsőséget, és a többi állat az agresszivitásuk és dominanciájuk mértékének megfelelően helyezkedik el a ranglistán. A rangsor az állatok életkorával általában nem változik. Fontos megjegyezni, hogy a rangsor kialakulása és fenntartása folyamatos folyamat, és az állatok közötti viselkedés és hierarchia dinamikusan változhat az élethelyzetek és körülmények függvényében. Az ilyen rangsorok általában segítik az állatokat abban, hogy elkerüljék az életüket veszélyeztető konfliktusokat, és elősegítsék a csoporton belüli kooperációt és együttműködést (*Gere*, 2005). A tojásrakás előtti időszakban a tyúkok

általában erősebben védik a fészket, hogy biztosítsák a tojások védelmét. Ebben az időszakban kisebb hatalmi harcok is kialakulhatnak az „elsőbbségért” a fészkekben, amely során az állatok megpróbálják kivívni maguknak a legjobb helyet a tojásrakáshoz. A kényelmes fészkelési és alvóhelyek különleges figyelmet kapnak a tyúkok részéről, és ezek elosztása gyakran a rangsor alapján történik. Az állatok tudatosan keresik a megfelelő helyeket a fészkelésre és az alvásra, és a dominánsabb egyedek gyakran előnyt élveznek az ilyen helyek kiválasztásában. Az ivarérettség közeledtével a baromfiak általában nagyobb figyelmet fordítanak a takarmányra és a táplálékforrásokhoz való hozzáférésre.

A baromfifélék, különösen a tyúkok, viszonylag jól alkalmazkodnak a zsúfoltabb környezethez és a korlátozott térhez. A sűrűn benépesített kiscsoportos ketrecekben való tartás lehetővé teszi számukra, hogy viszonylag békésen megférjenek egymással, és az élelemért való harc is elmaradhat, ha megfelelő körülmények állnak rendelkezésre: elegendő etető- és itatóterek, valamint megfelelő világítás. Azonban a nagy csoportokban való zsúfolt tartás jelentős társas feszültséget és szociális stresszt okozhat. Ez a stresszhatás megnehezítheti az egyedek számára, hogy elegendő táplálékhoz jussanak, különösen a szociális rangsor alacsonyabb fokán lévő állatok számára. Ennek eredményeként a szociális stressz hosszabb ideig tartó vagy állandó kitettsége miatt csökkenhet a termelés és viselkedésmódosulásokat is előidézhethet. Erre a stresszhatásra a tyúkok nem azonos módon reagálnak. Az állatok egy részének közérzetét nem érinti a társas feszültség. Ezeknél a tollázkodás, a porfürdőzés és a társaikkal szemben tanúsított fenyegető mozdulatok normális mértékben fordulnak elő. A következő csoportokba tartoznak azok, amelyeknél a szárnyacsapkodás, szárnyleeresztés, izgatott tollázkodás, a fej rázogtatása viselkedésbeli

zavarok mutatkoznak. A harmadik csoportban már hisztériás tünetek (menekülés, az evezőtollak sérülése) figyelhetők meg (Horn, 2000). Ezek a viselkedési formák és a társas rangsor kialakulása azért fontosak, mert segítenek a baromfiaknak megfelelő rendet és stabilitást kialakítani a csoportban.

A tollcsipkedést *Oettel* már 1873-ban leírta. A tollcsipkedés komoly problémát jelent a tojótyúktartásban (Rodenburg *et al.*, 2013); gazdasági veszteségeket és állatjóléti problémát okoz. Mind endogén (genetikai és fiziológiai), mind környezeti (takarmányozás, telepítési sűrűség és tartási körülmények) tényezők felelősek lehetnek ezért a problémáért (Wysocki *et al.*, 2010). A tollpiszkálás különböző formákban fordul elő. Két fő formája különböztethető meg: az enyhe (GFP, gentle feather pecking) és a súlyos tollpiszkálás (SFP, severe feather pecking) (Savory, 1995). Ha tartósan fennáll, az SFP tollkárosodást eredményez, és a csupasz bőr szabaddá válhat, ami gyakran fokozza, vonzza a társak további csipkedését, ami sebesüléshez vagy sérülést okozó csípésekhez (IP), és végső soron kannibalizmusból eredő elhulláshoz vezethet (Allen és Perry, 1975; Savory, 1995; Kjaer és Sørensen, 2002). Míg a GFP általában a felfedező viselkedés részének tekinthető, addig az SFP gyakran tollkárosodást és tollal fedetlen területeket okoz, ami hozzájárulhat a kannibalizmushoz és a bőrsérülésekhez (Rodenburg *et al.*, 2013; Savory, 1995). Az SFP a toll egy részének letörését vagy az egész toll kihúzását eredményezi (McAdie és Keeling, 2000; 2002). Ezek a szerzők arról számoltak be, hogy az SFP-ből származó tollkárosodást általában először a fark tövéénél és a farkon észlelik egy-két egyednél. A probléma azonban az állomány szintjére eszkalálódhat, mivel a sérült tollak és a csupasz bőr gyakran vonzza a további csipkedést (McAdie és Keeling, 2000; Nicol *et al.*, 2001), továbbá a viselkedés megfigyelés és eltanulás útján terjedhet (Zeltner

et al., 2000; *Cloutier et al.*, 2002). Mindezek miatt a kitörések megállítására irányuló beavatkozás nehéz, különösen a nem ketrecben tartott állományokban. A túlszűfolt vagy unalmas környezet, a rossz légállapot, a rossz fényviszonyok vagy a helytelen takarmányozás stresszt okozhat a tyúkokban, ami növelheti a tollcsipkedés kockázatát. Megfelelő hely és környezet biztosítása, valamint az érdekes tevékenységek, például fészkelőanyag vagy játékok biztosítása segíthet csökkenteni ezt a problémát. Ha nincs kialakult hierarchia a tyúkok között, vagy ha túl domináns egyedek vannak a csoportban, akkor ez növelheti a tollcsipkedés esélyét. A megfelelő csoportdinamika biztosítása és az esetleges túlzott agresszió kezelése segíthet ebben. A tojótyúkok a kereskedelmi, iparszerű tojástermelésben gyakran sokkal nagyobb csoportokban kerülnek elhelyezésre, mint a vadonban kialakult stabil szociális csoportok (*Väisänen et al.*, 2005), és a táplálékkeresés vagy a táplálékszerzés képessége nagymértékben függ a tartási rendszertől (*Schütz et al.*, 2001).

Bilcik és Keeling (2000) arról számolt be, hogy a nagyobb állományoknak csak egy viszonylag kis csoportja (8,3%) felelős a legtöbb csipkedésért. *Keeling* (1994) kimutatta, hogy a padlón tartott tyúkok kevesebb mint 9%-a felelős az összes súlyos csipkedés több mint 50%-áért. *Wechsler et al.* (1998) felvetették, hogy a tollpizskálást nem csak néhány madár végzi, de néhány kiemelt egyedre jellemző a tollpizskálás magas aránya és súlyosabb formái.

Van Hierden et al. (2002b) megfigyelték, hogy a tollpizskálásra való hajlamban már nagyon korai életkorban különbségek mutatkoznak az alacsony és magas tollpizskálási viselkedést kifejező csoportok között. *Newberry et al.* (2007) azonban arra hívták fel a figyelmet, hogy a fiatal korban rögzített egyéni viselkedésváltozók nem használhatók a felnőttkori

súlyos tollcsipkedés fokozott kockázatának indikátoraként. A tyúkok egyes csoportjaiban a tollpizskálás megnövekedett előfordulása a szociális átörökítés eredménye lehet (Galef, 1988; Nicol, 1995; Zeltner et al., 2000; Keeling et al., 2004).

Mills (2003) szerint a problémás viselkedések három kategóriába sorolhatók: a) olyan viselkedések, amelyek az adott faj számára adaptív értékkel bírnak, de az állattartó számára kellemetlenek; b) olyan viselkedések, amelyek kísérletet jelentenek arra, hogy olyan környezetben viselkedjenek adaptív módon, amely nem teszi lehetővé a teljes alkalmazkodást; és c) olyan viselkedések, amelyek az idegrendszer zavarát fejezik ki.

A problémás viselkedés okai több tényezőre vezethetők vissza. A genetikai hajlam (Hughes és Duncan, 1972; Rodenburg et al., 2008), a korai nevelési körülmények, pl. a környezet komplexitása (Janczak és Riber, 2015; Brantsæter et al., 2016; Brantsæter et al., 2017), az állattartás és a kezelési eljárások, pl. aljzathoz való hozzáférés (Blokhuys és Wiepkema, 1998; Tahamtani et al., 2016) egyaránt befolyásolják a viselkedés alakulását. Mivel a legtöbb problémás viselkedés (pl. tollpizskálás, kannibalizmus és alomtojás) a madarak esetében egy meghatározott életkor (pl. az ivarérettség) elérése után fejeződik ki, ezek a problémák gyakran leginkább a tojástermelőket érintik (Brantsæter et al., 2018).

Számos közlemény alapján megállapítható, hogy a tollazat színe összefügghet a tollpizskálás mértékével (Keeling et al., 2004; Bright, 2007; Nätt et al., 2007). Például a domináns fehér, homozigóta II-*PMEL17* géntváltozatot hordozó tyúkok kevésbé hajlamosak a sebeket okozó csipésekre, mint a vad (színes) allélt hordozó madarak. Ez azonban nem magyarázza a tollpizskálást eltérő genetikai származású, domináns fehér fajtáknál (pl. fehér leghorn), amelyeket nagy arányban tollpizskáló

madarakként karakterizáltak *Wysocki et al.* (2007). *Nie et al.* (2019) fehér leghorn és Rhode Island Red fajták keresztezett állományában mérte fel az agresszív viselkedésformák alakulását, amely során a fehér tollazatú egyedeknél szignifikánsan ($P < 0,001$) nagyobb agressziót figyeltek meg a vörös egyedekhez képest.

Számos tanulmányban azonosítottak már olyan génváltozatokat, amelyek összefüggést mutatnak az agresszív viselkedéssel vagy a tollcsipkedéssel (*Flisikowski et al.*, 2009; *Biscarini et al.*, 2010.) *Labouriau et al.* (2009) a fehér leghorn fajta tollcsipkedés alapján szelektált vonalait vizsgálva megállapították, hogy az összesen értékelt 14 077 génből 456 génnek a differenciált kifejeződése hozható összefüggésbe a tollcsipkedés mértékével. és járulhat hozzá a rendkívül nagy arányú csipkedést mutató vonal kialakulásához.

Az SFP által érintett tojóállományok aránya 65% (*Gilani et al.*, 2013) a szabad tartású rendszerekben, valamint 69% (*Lambton et al.*, 2013) és 86% (*Bestman és Wagenaar*, 2003) között írták le az ökológiai rendszerekben.

A tojótyúk viselkedése, különösen a fészkelési magatartás, fontos szerepet játszik a baromfitartás és az állatjóléti kutatások területén. A fészkelési viselkedés megértése, valamint a tojófészkek kialakításának és elhelyezésének optimalizálása jelentős hatással van az állatok jóllétére és a tojásmínőségre. Az alternatív tojótyúkrendszerek, az úgynevezett „enriched colony housing” rendszerek (hasonlóak a feljavított ketreces tartáshoz az EU-ban), az Egyesült Államokban is egyre inkább elterjednek. Ezeknek a rendszereknek a célja, hogy javítsák a tojótyúk életkörülményeit azáltal, hogy több helyet és megfelelőbb környezetet biztosítanak számukra, különös tekintettel a fészkelő helyek kialakítására. Az ilyen rendszerek segíthetnek a

tyúkok fészkelési viselkedésének optimalizálásában, ezáltal csökkentve az alomtojások számát és javítva az állatjóllétet (*Oliveira et al.*, 2016).

A fiatalabb, tojástermelésük kezdetén tartó tyúkoknál gyakran előfordulnak alomtojások, amelyek az alomban, a földön vagy egyéb nem megfelelő helyeken kerülnek lerakásra. Ezek száma azonban általában csökken az életkor előrehaladtával, ahogy a tyúkok gyakorlatilag fokozatosan megtanulják, hogy a tojófészkek megfelelőbbek és biztonságosabbak tojásaik számára. Az alomtojások csökkenése és a fészektojások növekedése annak a következménye, hogy a tyúkok tapasztalatokat szereznek a fészkelési hely kiválasztásában, valamint az állattenyésztők is optimalizálják a környezetet a fészkek használatára (*Weeks és Nicol*, 2006).

2.3. Árutojás-termelő tojóhibrid típusok

A tojótyúkok kereskedelmi hibridjei és fajtatiszta vonalai között egyaránt jelentős különbségek figyelhetők meg a tollpiszkálásra való hajlam tekintetében (*Wysocki et al.*, 2010). Számos állomány esetében igazolták, hogy a nagyobb mértékű tollpiszkálást mutató csoportok aktívabbak, és szignifikánsan nagyobb távolságot tettek meg, mint az alacsonyabb mértékű tollpiszkálást mutató csoportok (*Kjaer*, 2009; *Wysocki*, 2007).

Su et al. (2006) a tollcsipkedésre való szelekció hatását vizsgálták a termelési tulajdonságokkal összefüggésben. Esetükben a kevesebb tollcsipkedést mutató csoport több tojást rakott, nagyobb tojástömeeggel, és jobb takarmány-értékesítő képességgel rendelkezett, mint a nagyobb mértékű tollcsipkedéssel jellemezhető csoport. *Grams et al.* (2015a) 11 generáción át végzett szelekció segítségével két eltérő vonalat fejlesztettek ki: magas (HFP-high feather

pecking) illetve alacsony (LFP-low feather pecking) tollcsipkedéssel jellemezhető vonalat. Genetikai vizsgálataik során megállapították, hogy a tollcsipkedéssel genom szinten szignifikáns összefüggést mutató 17 SNP többsége a harmadik és a negyedik kromoszómán helyezkedett el. Továbbá megfigyelték, hogy a kialakított fenotípusokat illetően a tyúkok által mutatott félelem nem állt szoros összefüggésben sem a tollpiszkálással, sem az agresszív csipések számával (*Grams et al.*, 2015b).

Az árutojás-termelésben már világszerte a tojástermelésre szelektált – meghatározott vonalak keresztezésével előállított – tojóhibridek játszanak meghatározó szerepet. Ezeket a vonalakat speciálisan arra tenyésztik, hogy megfelelő minőségű és mennyiségű tojást termeljenek a kereskedelmi forgalom számára. A tojástermelésre szelektált vonaloknak és tojóhibrideknek általában számos kívánatos tulajdonsággal kell rendelkezniük, mint például a megfelelő testméret, a jó egészségügyi állapot, a kiegyensúlyozott étvágy és az optimális tojástermelési képesség.

A kialakított vonalakat keresztezik egymással annak érdekében, hogy az új generációk megfelelő genetikai diverzitást és az intenzív termelés szempontjából kívánatos tulajdonságokat örököljenek. Az árutojás-termelésben használt tojóhibridek számos tenyészprogram eredményei, amelyek célja az optimális tojásminőség és -mennyiség elérése a gazdaságos tojástermelés érdekében (*Ivánicsics és Gaál*, 1988). A keresztezéskor fellépő heterózishatás elsősorban a tojástermelő képesség növekedésében nyilvánul meg, amely akár 15-20%-kal is meghaladhatja a fajtatiszta szülői vonalak termelését (*Zoltán*, 1997).

A hibridek széles körű alkalmazása, terjedése a kisüzemi gazdaságokban is tapasztalható, hiszen olyan genetikai tulajdonságokkal, képességekkel rendelkeznek, amelyek lehetővé teszik számukra, hogy viszonylag alacsony

takarmányozási és technológiai igények mellett is kedvező termelési eredményeket érjenek el. A kisüzemi gazdaságok esetében szintén fontos tényező a hatékonyság és a termelékenység, miközben minimalizálják a költségeket és az erőforrásokat. A hibridek alkalmazása lehetővé teszi ezeknek a gazdaságoknak, hogy jobban kihasználják a rendelkezésre álló erőforrásokat és növeljék a termelés hatékonyságát.

A kereskedelmi hibridek között fehér és barna tojánhéjszínnel termelő konstrukciókkal egyaránt találkozhatunk. A leghorn típusú tojóhibridek általában kis kifejlített kori testtömeggel (1,5-1,8 kg) rendelkeznek, mézsfehér tojánhéjszínt produkálnak, élénk vérmérséklettel, kedvező takarmányértékesítéssel, és kiemelkedő perzisztenciával jellemezhetők a tojástermelési időszak alatt (*Pupos, 2013*), éves tojástermelésük a 300 db-ot is meghaladhatja. Tojásaik súlya 60-62 g. Széles körben elterjedt leghorn alapú hibridek pl. a Shaver White, a Hisex White, a Lohmann LSL, a Dekalb White, vagy a **3. ábrán** látható Tetra Blanca (*Zoltán, 1997*).



3. ábra. Tetra Blanca (forrás: URL⁴)

A barna héjú tojást termelő hibridek jellemző kifejlített kori testtömege 2,0-2,3 kg, nyugodt vérmérséklet, a takarmányértékesítő-képességük pedig gyakran

jobb, mint a leghorn típusúaké (*Pupos*, 2013), egyedi tojástömegük általában szintén meghaladja a fehér héjú tojást termelő tojóhibrideket. A legelterjedtebb barna héjú tojást termelő hibridek között említhető pl. a Bábólna TETRA-SL, a Bábólna TETRA-SL-Long Life (**4. ábra**), a Bábólna-Harco, a TETRA TINT (. ábra), vagy a Hy-Line Brown.



4. ábra. Tetra SL-Long Life (forrás: URL⁵)

A TETRA TINT (**5. ábra**) életképessége a 0-17. élethetek között 97-98%, a 18-90. élethetek között 93-94%, takarmányfogyasztása a 17. élethétig összesen 5,8-6,0 kg, míg a 18-90. élethetek alatt napi átlagos takarmányfogyasztása 105-110 g, a tojástermelése a 90. élethétig eléri 408-412 db-ot (összesen kb. 26 kg halmazott tojássúly).



5. ábra. Tetra Tint (forrás: URL⁶)

2.4. Technológia a tojótyúkok tartásában

A tojótyúkok tartástechnológiája a fogyasztói hozzáállás és az állatvédelmi szabályozás változásaival együtt folyamatosan változik. Jelentős kihívás elé állította a tojástermelőket az Európai Tanács 1999-ben lefektetett irányelve, miszerint 2012 januárjától kizárólag feljavított ketrecek használhatók a tojótyúkok tartására. Az elmúlt másfél évtized során a hazai tojás-előállításban bevezetett változásoknak (különösen a 2012-es határidővel életbe lépő rendeletnek) köszönhetően növekedést figyelhettünk meg a mélyalmos tartástechnológia alkalmazásában 2012-re (a termelés 30%-a), ám a következő években csökkent a technológia aránya (20% 2016-ban). A hazai tojás legnagyobb részben mindmáig felújított ketreces tartásmódból származik, hiszen a kereskedelemben kerülő tojásmennyiség mintegy háromnegyede (Szabó (2017) alapján 78%-a; URL¹ alapján 80-85%-a) ketrecben tartott tyúkoktól ered. Alternatív, ketrec nélküli tartásmódban a hazai árutojások mintegy 15-20%-át állítják elő. Magyarországon is egyértelműen növekszik a biotojás iránti fogyasztói kereslet, ugyanakkor még mindig kis piaci részesedéssel van jelen az ökológiai gazdálkodásból

származó tyúktojás (alig 1%), míg ugyanez az arány Ausztriában 11-12%, az Európai Unióban pedig 4% körüli.

Az Európai Unióban a hazainál jelentősen nagyobb arányban, mintegy 49,6%-ban tartanak tojótyúkokat ketrec nélkül, míg 48% felújított (vagy feljavított) ketrecekben termel. A ketrec nélküli technológiák közül az Európai Unióban is a mélyalmos tartás figyelhető meg a legnagyobb arányban (27,8%), míg a tojótyúk állomány 16,3%-a konvencionális szabadtartásban, 5,4%-a pedig ökológiai gazdálkodási formákban termel (*Augère-Granier*, 2019).

Az európai trendeket figyelembe véve a közeljövőben Magyarországon is a ketrec nélküli tartási rendszerek elterjedésére lehet számítani (vagyis egyre kevésbé lesznek alternatívák a jelenleg gyűjtőnéven alternatív tartás-technológiának nevezett rendszerek). Jelentős hazai forgalmat bonyolító kiskereskedelmi hálózatok (Spar, Tesco) a bejelentéseik alapján várhatólag 2025-től kezdődően nem fognak ketreces tartásból származó tojást árusítani. Ezen törekvéseik egybehangzanak azzal az európai civil kezdeményezéssel, amelyet End the Cage Age (magyarul: vessünk véget a ketrecek korának) néven indítottak 2018-ban. A kezdeményezés során közel 1,4 millió aláírást gyűjtöttek azzal a fő célkitűzéssel, hogy 2027-re teljesen megszüntessék a ketreces tartásmódot. A nagy társadalmi támogatottságot igazoló mozgalom hatására az Európai Bizottság 2023 végéig jogalkotási javaslatot dolgozott ki a ketrecrendszerek fokozatos kivezetésére és végleges betiltására valamennyi gazdasági haszonállatfaj esetében. A ketreces tartás kivezetése és betiltása legnagyobb mértékben várhatólag a tojótyúk- és a sertéstartó gazdálkodókat érinti majd, de a borjúnevelésben is jelentős hatása lehet.

A tojótyúkok ketrec nélküli, csoportos tartása mellett, hogy kitűnően biztosítja a természetes viselkedésformák megjelenését, számos kihívás elé állítja a termelőket és a tenyésztőket egyaránt. Egy 2018-as felmérés alapján az amerikai (USA) lakosság szerint a tojótyúkok társas, mélyalmos elhelyezése a szabadtartáshoz hasonló előnyökkel jár (pl. természetes viselkedésformák megjelenése), azonban alig ismerik ezeknek a tartástechnológiai rendszereknek a potenciálisan hátrányos következményeit, mint pl. az agresszió megjelenése és erősödése, a fokozott stressz, a növekvő elhullási arány, a növekvő ammónia- és porkoncentráció, és a nagyobb takarmányfogyasztás mellett csökkenő takarmányértékesítés (*Gyimothy, 2004; Ochs et al., 2018*). *Ochs et al. (2018)* alapján az amerikai fogyasztók többsége a szabadtartás feltételeivel megegyező módon képzelel el a tojótyúkok ketrec nélküli tartását. A vizsgálatukban kapott eredményekhez hasonlóan az End the Cage Age kezdeményezés szóróanyagaiban is megfigyelhető, hogy a ketreces tartásmódot a szabadtartással állítják szembe, míg – a tartásmódok európai átrendeződéséből láthatólag – a ketreces technológia legfőbb alternatívája a mélyalmos, istállózott tartás, nem pedig a szabadtartás. A szabadtartás a hagyományos állattartó telepi méretek többszörösét igényli, a tojótyúkok tartási költségeit pedig mintegy másfélszeresére növeli a ketreces tartáshoz képest (*Gervai (2016)* agrárkamara adatok alapján). Számos aktuális állattenyésztési kérdésben a társadalom jelentős része határozott véleményt fogalmaz meg, ugyanakkor nem ismeri a jelentkező kihívások szakmai hátterét és várható következményeit. Például az Eurobarométer felmérése alapján az Európai Unió polgárainak mindössze 38%-a van annak ismeretében, hogy az antibiotikumok hozamfokozóként történő felhasználása tilos (2006 óta, az EU

1831/2003 rendelete alapján) a gazdasági haszonállatok takarmányozásában (*Nemzeti Agrárgazdasági Kamara, 2021*).

A mélyalmos, istállózott tartástechnológia alkalmazása során fellépő jelentős kihívás a csoportosan tartott állományban megjelenő agresszív viselkedés. Ketrec nélküli, csoportos tartásban a tollcsipkedést a tojótyúk állományok 40-80%-ában, a kannibalizmust 20-40%-ában figyelték meg különböző telepeken (*Blokhuis, 2006*). A káros viselkedésformák kialakulásának mértéke figyelemre méltó különbségeket mutat az egyes tojóhibridek között, ami a tulajdonság genetikai meghatározottságára utal (*Bessei és Kjaer, 2015*). Számos kutatási eredmény igazolja, hogy a megfelelő vonal-, hibrid- vagy fajtaválasztás az agresszió elleni védekezés egyik legfontosabb eszköze, amivel érdemben csökkenthető a káros viselkedésformák megjelenése a ketrec nélküli rendszerekben (*Rodenburg et al., 2008; The Humane Society of the United States, 2010*). Ennek köszönhetően a fogyasztói elvárásoknak leginkább megfelelő, csoportos tartási környezetben is gazdaságos tojástermelésre alkalmas hibridek, vonalak kialakítása a tenyésztő-vállalkozások egyik kiemelt célkitűzésévé vált.

2.5. Az agresszív viselkedésminták öröklődése

A tenyésztői munka eredményességéhez elengedhetetlen, hogy megismerjük a viselkedés genetikai hátterét, különös tekintettel az agresszív viselkedésformák öröklődésére. Korai vizsgálati eredmények alapján az agresszióval kapcsolatos viselkedésminták öröklődhetőségi értéke (h^2) a tyúk faj esetében kifejezetten nagy: 0,57 (*Siege, 1960*). Különböző állatfajoknál egyes neurotranszmitterek (dopamin, szerotonin, γ -aminovajsav) szerepét

igazolták az agresszivitás szabályozásában (*de Almeida et al.*, 2005), de az öröklődésért felelős lokuszokról, génekről mindmáig kevés információval rendelkezünk.

Az emberek agresszív viselkedésére vonatkozó öröklődhetőségi becslések általában szintén nagy, 0,37-0,72 közötti értékeket mutatnak (*Hudziak et al.*, 2003). Az agresszív viselkedésre vonatkozó magas öröklődési értékeket más fajoknál is megfigyelték, beleértve a majmokat (*Fairbanks et al.*, 2004), a kutyákat (*Saetre et al.*, 2006), az egereket (*Van Oortmerssen et al.*, 1981) és a madarakat (*Drent et al.*, 2003).

A társas állatok körében az agresszív megnyilvánulások alapvetően arra szolgálnak, hogy hierarchikus sorrendet hozzanak létre, amelyben a legdominánsabb egyedek elsőbbséget élveznek a táplálékhoz és a párzáshoz, partnerekhez való hozzáférésben (*Lindenfors és Tullberg*, 2011). A szociális hierarchia kialakulása és rögzülése megakadályozza a folyamatos agresszió szükségességét és az ezzel járó sérülésveszélyt. Míg az agresszió alacsony szintje káros lehet a túlélés és/vagy a szaporodás szempontjából, a túlzott mértékű agresszió szintén káros, mivel energiát von el más alapvető tevékenységektől, például a táplálékszerzéstől, valamint a sérülés vagy akár az elhullás nagy kockázatával jár (*Packer et al.*, 1995). A tyúk társadalmi viselkedésének fontos eleme a társaikkal folytatott küzdelem révén, hogy meghatározzák pozíciójukat a hierarchiában, és felállítsák a társadalmi rangsort. Az agresszív viselkedés emellett megnövekedett társadalmi stresszt, testkárosodást, halálozást, valamint küllemi, megjelenési hibákat okozhat, súlyos gazdasági veszteségeket okozva a termelésben. Ezért az agressziót szabályozó genetikai mechanizmus nemcsak a tyúk faj agressziójának jobb megértését szolgálja, hanem javíthatja a baromfiipar gazdasági hatékonyságát

és az állatok jólétét is. Genetikai szempontból az agresszió kvantitatív tulajdonság, amelynek megnyilvánulása több, a környezetre is érzékeny, szegregáló génnek tulajdonítható.

Az agresszív viselkedés genetikai hátterének kutatása számos fontos gént és polimorfizmust azonosított, amelyek befolyásolják az agresszió kialakulását vagy mértékét. A szerotonerg és dopaminerg rendszerek kulcsszerepet játszhatnak ebben a folyamatban, mindemellett a genom szintű asszociációs vizsgálatok (GWAS) további géneket és útvonalakat tártak fel, amelyek hozzájárulnak az agresszív viselkedéshez. Több GWAS keretében számos új gént és útvonalat azonosítottak, amelyek összefüggésbe hozhatók az agresszív viselkedéssel. Ezek a vizsgálatok lehetővé teszik a genetikai variánsok széles körű elemzését, és azonosítják azokat a géneket, amelyek a legnagyobb hatással vannak az agresszióra (*Fernández-Castillo és Cormand, 2016*).

2.6. Prolaktin (PRL)

A prolaktin (PRL) az egyike azoknak a polipeptid hormonoknak, amelyeket a gerincesek elülső agyalapi mirigye választ ki. Korábbi vizsgálatokban igazolták, hogy a PRL fontos szerepet játszik a baromfi keltetési és költési viselkedésének megindulásában (*Sharp et al., 1988; Shimada et al., 1991; Jiang et al., 2005*). A prolaktin-szint emelkedése a plazmában indukálhatja a keltetési viselkedést (kotlást), majd a tojásrakás befejezését (*Sockman et al., 2000*), ami csökkent tojástermelést eredményez, vagy a tojástermelés teljes megszűnését váltja ki (*Reddy et al., 2002*). Egyes madárfajoknál, mint például a kacsánál és a libánál, a PRL plazmabeli szintjének hirtelen emelkedése

következik be a fészekalj utolsó 10-20%-ának kialakulásakor, amely során a nőstények jelentősen növelik a fészekben töltött időt (*Hall, 1987; 1991; Fang et al., 2005*).

Az emelkedett PRL-szint csökkenti a tojásrakási időszak hosszát azáltal, hogy növeli a tojásrakási sorozatok közötti időszakok között eltelt szüneteket. Ez különösen az őshonos madaraknál jelentkezik (*Reddy et al., 2002*). A petefészkek tüszők növekedését és a tojásrakási teljesítményt egyaránt elősegítette a PRL-szint emelkedése (*Zhang et al., 2015*). A PRL genetikai hatásmechanizmusának tisztázása érdekében a *PRL* gén szerkezetét madárfajokban széles körben vizsgálták (*Kansaku et al., 2008*). A 24 bp-t érintő inzerció/delécio (indel) mutációt a *PRL* gén promoter régiójában számos őshonos tyúkfajta tojástermelésének alakulásával összefüggésbe hozták. A *PRL* 24 bp-os inzerció jelenléte pozitívan korrelált a madarak tojásrakási aktivitásának intenzitásával. Egyes kereskedelmi, nagyüzemi termelésben alkalmazott tojótyúk vonalakban az I allél (inzerció) gyakorisága eléri a 0,98-1,00-et, míg a D allél (delécio) gyakorisága 0,00-0,02 (*Jiang et al., 2005; Cui et al., 2006; Begli et al., 2010; Yousefi et al., 2012; Lotfi et al., 2013*). Az elmúlt években végzett vizsgálatok azt mutatták, hogy a *PRL* gén közvetlenül és közvetve is részt vesz a baromfi számos termelési tulajdonságának alakításában, ezért a *PRL* génben és a receptorának (*PRLR*) génjében található polimorfizmusokat a tojástermeléssel kapcsolatos tulajdonságok jelölt (kandidáns) markereinek tekintik (*Wilkanowska et al., 2014*).

2.7. Sortilin related VPS10 domain containing receptor 2 (SORCS2)

A vakuoláris fehérje-szortírozó 10 fehérje (VPS10P) domén egy 700 aminosavból álló modul, amelyet először a *Saccharomyces cerevisiae* VPS10P nevű fehérjében ismertek fel, amely egy olyan szortírozó receptor, amely a lizoszomális enzimek Golgiból a vakuólumba történő szállítását irányítja (Marcusson *et al.*, 1994). Ezt követően kiderült, hogy ez a fehérjedomén az újonnan felfedezett, az evolúció során a pékélesztőtől az emberig konzerválódott I. típusú membránreceptorok egy újonnan felfedezett csoportjának egységes szerkezeti jellemzője. E géncsalád tagjait ma VPS10P-doménes receptoroknak vagy szortilineknek nevezzük. A család öt tagja található meg a gerincesekben: a szortilin, a SORLA - más néven LR11 vagy SORL1 (Yamazaki *et al.*, 1996.; Jacobsen *et al.*, 19960,) a sortilin-related receptor CNS expressed 1 (SORCS1) (Hermey *et al.*, 1999), a SORCS2 (Rezgaoui *et al.*, 2001), és a SORCS3 (Hampe *et al.*, 2001). A Vps10p-D receptorok SORCS alcsoportjáról korlátozott információk állnak rendelkezésre, és funkcionális tulajdonságaik továbbra sem ismertek kellő részletességgel. Eddig a SORCS2 funkcióját gyakorlatilag nem elemezték sejtszinten vagy biokémiai szinten; a SORCS1 és SORCS3 ligandumainak csak kis száma azonosított, és ezeknek a kölcsönhatásoknak a funkcionális jelentősége szintén nem világos. Az extracelluláris és transzmembrán szegmenst követően mindegyik receptor egy rövid (40-80 aminosavból álló) citoplazmatikus domént hordoz, amely tipikus motívumokat tartalmaz a citoszolban található adaptermolekulákkal való kölcsönhatáshoz (Hermey, 2009).

A *SORCS2* gén tyúk fajban a 4. kromoszómán helyezkedik el, fehérjeterméke I-es típusú transzmembrán glikoprotein receptor. A gén emlősökben megfigyelt polimorfizmusai szerepet játszhatnak a bipoláris zavar és a figyelemhiányos hiperaktivitás-zavar kialakulásában (Soronen, 2012). A *SORCS2* gén nagymértékben expresszálódik mind a fejlődő, mind a kifejlett központi idegrendszerben, amelyben többek között a ventrális tegmentális területen levő agyi magok dopaminerg receptoraira lehet hatással. A *SORCS2* expresszióját *Rezgaoui et al.* (2001) írta le először; munkájukban felnőtt eger szövetben Northern-blot analízist alkalmaztak. *SORCS2* transzkriptumot kimutattak mezodermális szövetekben is (szívizomban, simaizomban, vázizomban). Fontos szerepet játszik a neurális struktúrák kialakulásában, így részt vesz az agy plaszticitásának kialakításában, és feltételezhető, hogy endocitikus receptorként működik, ezáltal a neurotranszmitter és növekedési faktor receptorok válogatójaként is megjelenik. A VPS10P-domén receptorokat kezdetben a szortírozó fehérjék meglehetősen sajátos, ismeretlen funkciójú csoportjának tekintették. A sejt belső részeiben vagy különböző kompartmentek között mozgatják a fehérjéket vagy egyéb anyagokat. Ha a *SORCS2* és *SORCS3* főként a sejtek felszínén találhatóak, és nem mutatnak jelentős intracelluláris transzportot, akkor valószínűleg fő funkciójuk a sejt felszínén történő kölcsönhatások szabályozása lehet; fontos szerepet játszhatnak a sejtek közötti kommunikációban, a sejtek közötti adatátvitelben vagy az idegsejtek működésében (*Willnow et al.*, 2008).

A géncsalád receptorai emlősöknél számos neurális betegségben szenvedőknél végzett asszociációs vizsgálatban potenciális neuronális szabályozóként bukkantak fel (*Rogaeva et al.*, 2007; *Grupe et al.*, 2006). Ezek a funkciók és a közelmúltbeli asszociációs eredmények érdekessé teszik a gén

vizsgálatát, mint pl. a bipoláris zavar kialakulásában szerepet játszó érzékenységi faktor (*Baum et al.*, 2008).

A baromfiiparban az agresszív magatartás az állatjóllét nagy jelentőségű kérdése az egész világon. Mindmáig kevés információval rendelkezünk a tyúk fajnál az agresszió genetikai hátteréről, azonban *Li et al.* (2016) GWAS segítségével a tyúkok agresszív viselkedésével kapcsolatos genetikai mechanizmusokat tárt fel. Arról számoltak be, hogy a *SORCS2* gén variációi hozzájárulhatnak a tyúk agresszív viselkedésének kialakulásához; eredményeik új információt nyújthatnak a faj agresszív viselkedésének genetikai hátteréről.

A *SORCS2* gén intronjában található C/T polimorfizmus erősen szignifikáns ($P < 0,001$) összefüggést mutatott az agresszív viselkedéssel (pl. társak megtámadása, társak kergetése, fenyegető testtartás) egy hústípusú, őshonos kínai tyúkfajta hímivarú egyedeiben. Génexpressziós vizsgálatok segítségével igazolták, hogy a leginkább agresszív csoport hipofízisében a *SORCS2* mRNS szint meghaladta a legkevésbé agresszív csoportban mért szintet (*Li et al.*, 2016).

2.8. Dopamin receptorok

Az agresszív viselkedés genetikai hátterének kutatása az utóbbi évtizedekben jelentős figyelmet kapott. Számos tanulmány vizsgálta, hogy bizonyos gének polimorfizmusai hogyan járulnak hozzá az agresszív viselkedés kialakulásához, a dopaminerg rendszer pedig jelentős szerepet játszik az agresszív viselkedésben (*Nascimento és Silva Leandro*, 2023).

Az agresszív viselkedés hipotalamikusan szabályozását számos fajnál leírták (Roberts és Kiess, 1964; Roaling et al., 1994). A dopaminerg közreműködést az agresszió közvetítésében számos tanulmány kimutatta (Dennis et al., 2006; Nelson és Trainor, 2007; Couppis és Kennedy, 2008; Seo et al., 2008). A tyúkok esetében a dopaminerg és a szerotonerg rendszer igazolt módon szerepet játszik a tollpíszkálásban (Van Hierden et al., 2002a), és a tollcsipkedési viselkedés megváltoztatható a dopaminerg rendszer manipulálásával (Kjaer et al., 2004). A hipotalamusz paraventriculáris magja a táplálékfelvételt szabályozó (jutalmazó) rendszerben részt vevő kritikus régió; ennek a régiónak a – dopaminerg rendszerrel szintén kapcsolatban álló – neuropeptid Y-nal történő stimulálása növeli a súlygyarapodást és a táplálkozási viselkedést (Stanley et al., 1989). A házityúkok fokozott csipkedése feltehetően összefügg a félrevezetett táplálékkereső viselkedéssel (Huber-Eicher és Wechsler, 1997). Az agyi jutalmazó rendszer egyik jelentős sejtcsoportjában (nucleus accumbens) a dopamin-szint növekedését jellemzően a táplálékszerzés vagy a táplálkozási időszak megindulása során mérték (Yoshida et al., 1992; Feenstra és Botterblom, 1996).

A dopamin egy neurotranszmitter, amely elsődlegesen a központi idegrendszerben szintetizálódik, részt vesz a különböző élettani folyamatok szabályozásában az emlősökben (Lv, 2018, Beaulieu és Gainetdinov, 2011). Az emlősök és madarak neuronjainak szerkezete és működése a központi idegrendszerben alapvetően hasonló (Davidson et al., 2000; Tramontin és Brenowitz, 2000). A madaraknál a dopamin és receptorai feltételezhetően kapcsolatban állnak az ének tanulásával és az énekléssel (Budzillo et al., 2017), a tollcsipkedéssel (Kops et al., 2017), a táplálékfelvétel jutalmazásával (Moe et al., 2014), az agresszivitással (Komiya et al., 2014), a tojástermeléssel (Xu et al., 2010a), a költéskészséggel (Xu et al., 2010b), az

anyai gondoskodással (*Khodadai et al.*, 2017), valamint a neurogenézissel és az idegi regenerációval (*Lukacova et al.*, 2016).

A dopamin (3-hidroxi-tiamin) mint neurotranszmitter a katekolaminok családjába tartozik (*Hansen és Manahan-Vaughan*, 2012). Bár a dopaminerg neuronok az összes neuron kevesebb mint 1%-át teszik ki, mégis jelentős hatással vannak az agyműködésre (*Arias-Carrión és Pöppel*, 2007). Az emlősökben alapvetően öt különböző dopamin-receptor létezik: D1, D2, D3, D4 és D5, amelyek mindegyike a G-protein-kapcsolt receptor szupercsaládba tartozik. A madarak esetében a dopamin-receptorok több ortológ változatban, diverzebb rendszert alkotva maradhattak fenn. A dopamin-receptorokat két csoportra osztották: a D1-szerű receptorokra (D1, D5) és a D2-szerű receptorokra (D2, D3, D4). A D1-szerű receptorok stimulálják az adenil-cikláz aktivitást és növelik az intracelluláris cAMP-szintet, a D2-szerű receptorok gátolják az adenil-cikláz aktivitást és csökkentik a cAMP-szintet (*Lv*, 2018; *Beaulieu és Gainetdinov*, 2011).

A dopamin-receptorok főként a központi idegrendszerben és a perifériás idegrendszerben fejeződnek ki. Ezenkívül számos perifériás szövetben, például a vesékben, az érrendszerben és az agyalapi mirigyben is kifejeződnek (*Beaulieu és Gainetdinov*, 2011). Számos fajban írtak le megnövekedett dopamin koncentrációt, amely fokozott agresszióval járt együtt, pl. tyúkknál (*Cheng et al.*, 2003); egereknél (*Nikulina és Kapralova*, 1992); patkányoknál (*Ferrari et al.*, 2003). Az agresszív interakciókkal összefüggésben a dopaminszint mintegy 30-40%-kal haladta meg a kiindulási értéket patkányok esetében. Ugyanakkor ez az emelkedés csak körülbelül a fele volt annak a dopamin-válasznak, amelyet akkor mértek, amikor az állatokat fenyegetően viselkedő ellenfél jelenlétének tették ki; továbbá a szociális agresszió nagyobb mértékben növelte patkányokban a dopamin-

szintet, mint az új környezet (*Tidey és Miczek, 1996*). *Annemoon et al. (2000)* szintén hasonló eredményről számoltak be, miszerint a dopamin-szint jelentős mértékben megemelkedett a konfrontációt követően patkányoknál. *Cheng et al. (2001)* a neuroendokrin homeosztázis szabályozását vizsgálták a magas (HGPS) és alacsony (LGPS) termelékenységű és túlélő-képességű tojótyúk csoportoknál. Az LGPS csoportba tartozó madarakat agresszív, kannibalista viselkedés és magas mortalitási arány jellemezte, míg a HGPS csoportokat magas szintű termelés és hosszú élettartam jellemezte. A dopamin vérben mért általános koncentrációja magasabb volt az LGPS csoportban.

2.8.1. Dopamin receptor D1 (DRD1)

A dopamin receptor D1 altípus a leginkább előforduló dopamin receptor a központi idegrendszerben. Ez a G-fehérjéhez kapcsolt receptor közvetetten aktiválja a ciklikus AMP-függő protein-kinázt, stimulálva az idegsejtet. A D1 receptorok szabályozzák az idegsejtek növekedését és fejlődését (*Rosell et al., 2015*), közvetítenek bizonyos viselkedési reakciókat, és modulálják a dopamin receptor D2 által közvetített eseményeket. A D1 receptor szinergistaként működik a D3-mal is (*Marcellino et al., 2008*).

Egerekben egy D1 receptor agonista hatóanyag (SKF 38393) csökkentette az agresszivitást (*Tidey és Miczek, 1992*).

A dopamin transzporter (*Dat1* gén) felelős az extracelluláris dopaminszint szabályozásáért; *Dat1* génkiütött egereknél a D1 és D2 receptorok magasabb expressziós szintje, magasabb agresszivitás, magasabb extracelluláris dopaminszint és alacsonyabb D1 és D2 receptor koncentráció figyelhető meg

(Rodríguez *et al.*, 2004). A D1 és D2 antagonisták (például a riszperidon) azonban gátolják az agresszív viselkedést (Nelson és Trainor, 2007).

Dennis és Cheng (2011) kimutatta, hogy a D1 agonizmus fokozta a sztereotip tollpiszkálást az agresszív tojótyúk törzsekben. A D2-receptorok antagonizmusa megakadályozhatja az agresszív viselkedést (Coppus és Kennedy, 2008). Kjaer *et al.* (2004) megfigyelték, hogy a tollpiszkáló viselkedés jelentősen csökkent, amikor haloperidolt (dopamin D2-receptor antagonistá) juttattak szubkután módon fehér leghorn tojótyúkok szervezetébe.

2.8.2. Dopamin receptor D2 (DRD2)

A *DRD2* gén kódolja a D2 altípusú dopamin receptort. A sejtek közötti kommunikációban szerepet játszó, G-fehérjéhez kapcsolt receptor gátolja az adenilil-cikláz aktivitást, így a cAMP szintet. A *DRD2* nyolc exonból áll (Mack *et al.*, 1991). A *DRD2* hozzájárul a kognitív rugalmasság (flexibilitás) kialakulásához az emberekben, vagyis szerepe van abban, hogy a helyzetnek megfelelően változtassunk a viselkedési válaszunkon. A D2 autoreceptorok (a dopaminerg neuronokon elhelyezkedő dopamin D2 receptorok) aktiválása védi a dopamin neuronokat az indukált sejthaláltól. A *DRD2* nem megfelelő aktivitása emiatt olyan idegrendszeri betegségekhez vezethet, mint a Parkinson kór, az autizmus, vagy a skizofrénia.

Ly *et al.* (2018) klónozte a *cDRD2* és a *cDRD4* teljes hosszúságú tyúk cDNS-t, mindkettő dopamin által aktiválható, mindkettő széles körben kifejeződik a tyúk szövetekben. Ebben a vizsgálatban a *cDRD2* nyolc exonból állt, hasonlóan a humán, egér és patkány *DRD2*-höz (Mack és mtsai., 1991). Megjegyezték, hogy az emlősökhöz hasonlóan a 6. exon (87 bp) alternatív

felhasználása két *cDRD2* transzkriptumot eredményez, amelyek két izoformát, a *cDRD2L* és a *cDRD2S* izoformákat kódolják, amelyek a 6. exon által kódolt 29 aminosav jelenléte vagy hiánya révén különböznek a harmadik intracelluláris hurokban (*Lv et al.*, 2018). A két izoformát pulykákból (*Chokchaloemwong et al.*, 2015, *Khodadadi et al.*, 2017), libákból (*Nakano et al.*, 2010a; *Wang et al.*, 2014) is jelentették.

A *cDRD2* vizsgálatok alapján megállapították, hogy a *DRD2* az elülső agyalapi mirigyben magasan expresszálódik, jobban, mint a különböző agyi régiókban (*Lv et al.*, 2018). A *DRD2* bőséges expressziója az elülső agyalapi mirigyben szintén megfigyelhető volt pulykák és patkányok esetében (*Bunzow et al.*, 1988; *Schnell et al.*, 1999), ami arra utal, hogy a *DRD2* kritikus szerepet játszik a dopamin hatásának közvetítésében és az agyalapi mirigy hormonszekréciójának szabályozásában, például a prolaktin szekréciójának gátlásában emlősökben és madarakban (*Ben-Jonathan és Hnasko*, 2001; *Hall et al.*, 1986; *Lv et al.*, 2018). A dopamin nem csak az agresszív viselkedésben, hanem a stresszel való megküzdésben is részt vesz (*Narvaes és de Almeida*, 2014). A dopaminerg rendszer aktiválódik, amikor egy támadó állat egy védekező állattal találkozik (*Ferrari et al.*, 2003).

A D2-receptor agonizmusa növelte a stimuláció által kiváltott agressziót alacsony agresszivitású patkánytörzsekben (*Nikulina és Kapralova*, 1992). *Dennis és Cheng* (2011) hasonló megfigyelések alapján közölte, hogy a D2 receptor agonizmusa csak az alacsony agresszivitású tojótyúktörzsekben van hatással az agresszivitásra. A dopaminerg rendszer hiperaktivitása állatokban és emberekben fokozott agresszióval jár együtt (*Netter és Rammsayer*, 1991; *Friedel*, 2004). Az agresszív patkányok megnövekedett dopamin termelést mutattak azt az időpontot megelőzően, amikor az előző tíz napban az ellenféllel való konfrontációba kezdtek (*Ferrari et al.*, 1998).

2.8.3. Dopamin receptor D3 (DRD3)

A G-fehérjéhez kapcsolt receptor gátolja az adenilil-cikláz aktivitást, így a cAMP szintet. Ez a receptor az agy filogenetikailag idősebb régióiban fejeződik ki, ami arra utal, hogy ez a receptor szerepet játszik a kognitív és érzelmi funkciókban (*Lukasova et al.*, 2016). Olyan gyógyszerek receptora, amelyek skizofréniát, kábítószer-függőséget és Parkinson-kórt kezelnek. A dopamin D3 receptorok kifejeződése az agy jutalmazási rendszeréhez tartozó területeken a legkifejezettebb, különösen a Calleja-szigeteken és a nucleus accumbensben. A D3 receptor szinergistaként működik a D1-gyel (*Marcellino et al.*, 2008).

2.8.4. Dopamin receptor D4 (DRD4)

A dopamin receptorok öt alaptípusa (D1-D5) a hét transzmembrán doménnel rendelkező plazmamembrán-receptorok csoportjába tartoznak (*Bereczkei és Hoffmann*, 2012). Ezek közül a *DRD4* gén, amely a 4-es típusú dopamin receptort kódolja, különösen nagy variabilitást mutat (*Van Tol et al.*, 1994). Ezt a variabilitást alapvetően genetikai polimorfizmusok okozzák, amelyek számos viselkedési, pszichológiai és neurobiológiai folyamatban játszhatnak szerepet. A dopamin receptorok ezen típusainak jelentősége abban rejlik, hogy különböző agyi folyamatokat szabályoznak, például a motivációt, a jutalomérzetet és a tanulást. A *DRD4* gén egyik leginkább tanulmányozott polimorfizmusa egy VNTR (Variable Number of Tandem Repeats) típusú ismétlődés. Ez a polimorfizmus egy 48 bázispár hosszúságú szekvencia, amely változó számban fordul elő a gén harmadik exonjában. A 48 bázispár

hosszúságú szakasz legalább kétszer, de legfeljebb tízszer ismétlődhet egymás után. Ez a VNTR polimorfizmus különböző allélokat eredményez, amelyek hatással lehetnek az agyi dopaminreceptorok működésére, és ezáltal az egyének viselkedésére és pszichológiai tulajdonságaira. Kutatások szerint a hosszabb allélok (pl. 7 ismétlődés) összefüggésben állnak egyes személyiségjegyekkel, mint például a fokozott újdonságkeresés vagy a kockázatvállaló magatartás (*Van Tol, 1996*).

Mint más dopamin receptor altípusok, a D4 receptor is a dopamin neurotranszmitter által aktiválódik. Ez összefügg számos neurológiai és pszichiátriai állapottal, beleértve a skizofréniát és a bipoláris zavart, az ADHD-t, az addiktív viselkedést, a Parkinson-kórt, és egyes étkezési rendellenességeket, mint például az anorexia nervosa-t. A DRD4 és a borderline személyiségzavar között gyenge összefüggés állapítható meg. A skizofrénia és a Parkinson-kór kezelésére szolgáló gyógyszerek célpontja is. *Ly et al.* (2018) megállapították, hogy négy exonból áll. Az emberi DRD4 gén VNTR-polimorfizmusa és különböző viselkedésformák, például az újdonságkeresés közötti kapcsolatot számos kutatás igazolja. Az *Ebstein et al.* (1996) által végzett tanulmányok például kimutatták, hogy a DRD4 gén hét ismétlése (7-repeat) allélja az újdonságkeresés (novelty seeking) magasabb szintjével áll összefüggésben. Ez a viselkedési jellemző olyan tulajdonságokat foglal magában, mint az új ingerek keresése, a fokozott impulzivitás és a kockázatvállalás. Továbbá a DRD4 gén VNTR-polimorfizmusa a figyelemhiányos hiperaktivitási zavar (ADHD) kialakulásában is szerepet játszik. A *Faraone et al.* (2005) által végzett kutatások szerint az ADHD-ban szenvedő gyermekeknél gyakrabban található meg a DRD4 gén 7-repeat allélja, ami arra utal, hogy a

dopaminrendszer működésében bekövetkező genetikai variációk befolyásolhatják a zavar kialakulását és lefolyását.

A *DRD4* gén és az újdonságkeresés kapcsolatát nemcsak embereknél, hanem állatokban, pl. lovaknál is aktívan is kutatták (*Kiss et al.*, 2016). *O'Malley et al.* (1992) rágcsálókön végzett vizsgálatokban leírták, hogy bár ezeknél az állatoknál az ismétlődő hosszúság-polimorfizmus (VNTR) hiányzik, a dopaminrendszer mégis befolyásolja a viselkedést, például az újdonságkeresést. Ez azt mutatja, hogy a dopaminrendszer általánosan fontos szerepet játszhat a viselkedés szabályozásában számos különböző fajban, még akkor is, ha a gén specifikus szerkezeti jellemzői eltérőek.

A *DRD4* széles körben expresszálódik a vizsgált perifériás szövetekben: elsősorban a herékben, a duodenumban (patkóbélben), és a vesékben (*Lv et al.*, 2018). Emlősökben a *DRD4* szintén számos perifériás szövetben expresszálódik, beleértve a veséket, a méhlepényt és a szívet is (*Matsumoto et al.*, 1995; *O'Malley et al.*, 1992). A *DRD4* polimorfizmusok szignifikánsan összefüggésbe hozhatók a korai felfedező viselkedéssel egyes madárfajoknál, pl. széncinegénél (*Parus major*) (*Fidler et al.*, 2007). A D4 dopaminreceptor működése hatással lehet a temperamentum és a viselkedés alakulására. *Flisikowski et al.* (2009) feltételezték, hogy a *DRD4* gén variációja összefüggésbe hozható a tojótyúk csipkedő viselkedésével.

2.9. Az idegi növekedési faktor (NGF)

Ahogy a neve is mutatja, az idegi növekedési faktor (NGF) elsősorban az idegsejtek (neuronok) növekedésében, fenntartásában, proliferációjában és túlélésében vesz részt (*Ebendal*, 1992). Az NGF-t először több mint fél

évszázadra visszanyúló vizsgálatokban írták le, amikor a fejlődő tyúk embriókban az idegsejtek növekedését elősegítő anyagként ismerték fel (Bueker, 1948; Levi-Montalcini és Hamburger, 1951). A fehérjét később izolálták, tisztították (Cohen, 1960). Az idegi növekedési faktor egy 118 aminosavból álló bázikus fehérje (Levi-Montalcini, 1987). Az NGF klónozása segítségével több fajból sikerült levezetni az NGF fehérje szekvenciáját (Scott et al., 1983; Ullrich et al., 1983; Ebendal et al., 1986; Selby et al., 1987; Whittemore et al., 1988; Schwarz et al., 1989; Carriero et al., 1991). Meier et al. (1986), Whittemore et al. (1988) és Ebendal et al. (1992) megállapították, hogy a különböző fajokból származó NGF-ek aminosav-sorrendje között nagy a hasonlóság. Az NGF, a neurotrophin család első tagja, amelyet idegszövetből izoláltak, az idegnövekedés, proliferáció, differenciálódás és túlélés szabályozásának fő mediátora (Denk et al., 2017). Emellett az NGF fontos szerepet játszik a neurodegeneratív betegségekben és a neuronok túlélésében (Antipova et al., 2016).

Az NGF kritikus fontosságú a szimpatikus és szenzoros neuronok túlélése és fenntartása szempontjából, mivel ezek hiányában apoptózison mennek keresztül. Trk típusú (tirozin-kináz), sejtmembránban elhelyezkedő receptoron keresztül hat (Kaplan et al., 1991). Klinikai szempontból jelentős, mivel elősegíti a perifériás idegek regenerálódását, jelátvitelének szabályozása az Alzheimer-kórhoz is kapcsolódik (Capsoni és Cattaneo, 2006), továbbá a demencia, a skizofrénia, az anorexia és a bulimia kialakulásában is szerepe lehet (Aloe et al., 2015).

2.10. Az alkalmazott módszerek rövid bemutatása

A kísérletek folyamán a következő módszerek, technológiák kerültek felhasználásra: DNS- és RNS-izolálás, PCR (polymerase chain reaction; polimeráz láncreakció), RFLP (restriction fragment length polymorphism; restrikciós fragmenthossz polimorfizmus), RT-PCR és qPCR (reverz transzkripció és kvantitatív PCR), valamint gélelektroforézis.

2.10.1. PCR (polimeráz láncreakció)

A polimeráz láncreakció (PCR) módszer segítségével a vizsgálni kívánt DNS szakasz, gén felszorzására nyílik lehetőség, ezáltal biztosítva az egyes gének vizsgálatához szükséges, detektálható mértékű mintamennyiséget. A módszer kifejlesztése Kary Banks Mullis nevéhez fűződik; munkáját 1993-ban kémiai Nobel-díjjal ismerték el (*Mullis et al.* (1987) idézi *Balogh et al.* (2011)). A kezdeti denaturációt követően a különböző lépések (denaturáció, annealing, elongáció) 30-35-szöri ismétlésével a kiindulási mennyiségből exponenciálisan emelkedő másolat-mennyiséget kapunk (*Fésüs et al.*, 2000). A PCR egy *in vitro* technika, általában két ismert szekvencia között található DNS szakasz megsokszorozására. A PCR a DNS fizikai-kémiai tulajdonságait (reverzibilis de- és renaturációs képesség), valamint egy DNS polimeráz enzim (leggyakrabban *Taq*) hőstabilitását használja ki (*Dohy és Gergátz*, 1998).

Egy standard PCR reakció komponensei:

Templát DNS: A kiindulási, sokszorozásra, vizsgálatra előkészített DNS, amely szinte bármely állati szövetből gyűjthető.

Oligonukleotid primerek: A PCR során történő DNS sokszorosításhoz szintetikus (dezoxi)oligonukleotid primereket használunk. A reakcióhoz egy ún. forward (5') és egy reverse (3') primer szükséges. Az első a felerősíteni kívánt DNS szakasz 5'-végén a komplementer szálhoz fog anellálni, míg az utóbbi az átírandó DNS szakasz 3'-végével komplementer (Nyitray *et al.*, 2013). A primerek egyrészt meghatározzák a DNS szintézis kiindulópontját (a DNS polimeráz enzim csak úgy tudja megkezdeni az új DNS szál szintézisét, ha hibridizált oligonukleotidot talál), illetve definiálják azt a szakaszt, amely amplifikációra kerül. Ez azt is jelenti, hogy az egyik primer a DNS sense szálához kell, hogy hibridizáljon, míg a másik az antisense szálhoz.

Hőstabil DNS polimeráz enzim: A kereskedelmi forgalomba került, magas hőmérsékletet elviselő, röviden hőstabil DNS-polimeráz enzimek száma az utóbbi két évtizedben megtöbbszöröződött. Ezeket leggyakrabban hőforrásokban élő baktériumokból, mélytengeri, vagy óceánaljzaton élő hipertermofil ősbaktériumokból izolálják. Leggyakrabban a *Thermus aquaticus* hőforrásban élő baktérium DNS polimeráz használatos natív vagy rekombináns formában.

dNTP: A DNS-t felépítő dezoxi-nukleotidok trifoszfát formában (dATP, dCTP, dTTP, dGTP). A reakcióhoz szükséges mind a négy típusú dezoxi-ribonukleotid (dNTP), egyenlő arányban, ugyanis az eltolt dNTP arány negatívan befolyásolhatja az amplicon keletkezését. A dNTP-k egyfelől a DNS szintéziséhez szükséges aktivált monomerek, másrészt energiaforrásként szolgálnak a DNS-polimeráz működéséhez (a polimeráz végighalad a templáton, tehát nem csak kémiai, hanem mechanikai munkát is végez).

Puffer: Biztosítja az enzim működéséhez megfelelő ionerőt. Az egyes DNS-polimerázok helyes működéséhez az adott enzimhez optimális puffert kell használni, amit általában a megvásárolt enzimhez ajánlás alapján lehet megvásárolni. A DNS-polimerázokhoz kapható különböző pufferoldatokban általában Tris-HCl és valamilyen só, például NaCl, KCl található. Az oldatok pH-ja általában 8,5 körül van, ami majd a reakció során (a magasabb hőmérsékleten) ~7,2-re csökken (Nyitray *et al.*, 2013).

A reakció ciklusokból áll. Minden ciklus egy denaturációs lépéssel kezdődik, amikor 95 °C-on a DNS kettős szálait összekötő hidrogén hidak felbomlanak. Ezt egy hirtelen hűtés szakítja meg (50-65 °C-ra). Ekkor hibridizálnak a templáthoz (a genomiális DNS primerekkel komplementer szálaihoz) az oligonukleotid primerek. Az új DNS szál szintézise 72 °C-on zajlik.

A reakció az alábbi sorrendben és lépésekkel játszódik le:

Iniciáció, bevezető denaturáció: Melegítjük a keveréket 95 °C-on 2-10 percig, hogy a DNS-szálak és a primerek egyaránt denaturálódjanak. A kétszálú DNS-t összetartó H-hidak megszüntethetők magas hőmérsékleten, így egyszálú DNS képződik. 94 °C-on általában egy perc már bőven elegendő a genomikus DNS teljes denaturálódásához (templátképzés). Mivel a genomikus DNS aránya csökken a reakció előrehaladtával, a későbbi ciklusokban nincs igazán szükség a genomikus DNS-re ezért a későbbi ciklusokban elegendő lehet 92-93 °C-on 10-14 másodperc is, a képződött új szálak szétválasztásához, de nem elegendő a genomikus DNS teljes denaturálásához. Ezzel is csökkenthető a primerek rossz helyre való feltapadásának lehetősége.

Kapcsolódás, vagy feltapadás (annealing): A primerek a szétvált DNS-szálakhoz kötődnek a bennük kódolt pontokon. Melegíteni kell a keveréket

42-65 °C-on 30-60 másodpercig. A feltapadás a reakciónak a legfontosabb, specifikitást meghatározó lépése. A denaturáláskor egyszálúvá lett és a hirtelen visszahűtött DNS mérete miatt nem tud elég gyorsan újra egyesülni, viszont lehetővé teszi a feleslegben lévő kis méretű primerek egy részének, hogy azok megtalálják komplementer szekvenciájukat, és ahhoz hozzátapadjanak. A feltapadás valószínűsége különösen függ az első néhány ciklusban a kiindulási célkópiák számától, a rendelkezésre álló időtől és a tapadási hőmérséklettől. A feltapadási hőmérséklet optimuma általában az olvadási hőmérséklet körül van. Ha a feltapadás hőmérséklete igen magas, akkor nem kapunk terméket (a primerek egyszálú állapotban maradnak, képtelenek hozzátapadni a komplementerükhöz), ha alacsony, akkor a feltapadás nem kellően specifikus, sok mellékterméket kapunk. Feltapadás után a láncépítés azonnal elkezdődik.

Meghosszabbítás (elongáció): A polimeráz enzim működésbe kezd: elindul a DNS-szakaszok másolása, a hőmérséklet 72-73 °C, 45-60 másodpercig. Az enzim csak ott kezdhet, ahol a primer kötődött a szétvált láncokhoz, mert működéséhez kétszálú DNS-részlet szükséges (általában 20 bázispárnyi rövid kétszálú szakasz is elegendő, ilyen hosszúságúra tervezik a primereket). Ebben a szakaszban játszódik le az új szintézis a már láncindító szekvenciaként viselkedő primer tökéletesen feltapadó 3' végéről. A primerek ellenkező irányítottságúak, mindig a rájuk jellemző szálát választják ki, ezért a komplementer templát szálakon, de egymással szemben növekszenek.

A denaturációt, feltapadást és az elongációs lépéseket, amelyek egy ciklust alkotnak, jellemzően 30-35-ször ismétlik meg. Ciklusról ciklusra haladva az adott DNS-szakasz megduplázódik, így akár minimális kiindulási mennyiségről is rengeteg másolatot kapunk. A végső lánchosszabbítás

lépésben a mintákat 72 °C-on tartjuk kb. 5 percig, majd rövid idejű tárolás állítható be 4 °C-on. Ez akkor hasznos, ha nem tudunk a program végénél jelen lenni, így a reakciótermék sérülésmentesen tárolható ezen a hőmérsékleten a gélelektroforézisig (Zsolnai *et al.*, 2000).

2.10.2. RFLP (Restriktációs Fragmenthossz Polimorfizmus)

1974-ben *Grodzicker et al.* (idézi *Hajósné*, 1999) adenovírus DNS-t restriktációs endonukleázokkal emésztettek, és a DNS-fragmentumok hosszában meglévő különbségeket használták hőre érzékeny mutáns izolátumok jellemzésére. *Kan és Dozy* (1978), valamint *Botstein et al.* (1980) imerték fel, hogy ezeket az úgynevezett hasítási fragmentumhossz polimorfizmusokat (RFLP-k) markerként lehet felhasználni teljes genetikai kapcsoltsági térképek szerkesztéséhez. Az RFLP-technikával nem csak a restriktációs endonukleázokkal végzett emésztés után kapott DNS-fragmentumok hosszának különbségeit lehet kimutatni, hanem az inzerciót, a deléció és akár a bázisváltozást is. A deléció és az inzerció megváltoztatja az érintett fragmentumok elektroforetikus mobilitását. A fragmentumok számának változása és új fragmentumok megjelenése pedig azt jelzi, hogy bázis szubsztitúció, inzerció vagy deléció miatt egy enzim hasítási helye megszűnt, illetve egy új hely jött létre (*Hajósné*, 1999).

Az RFLP-k véletlenül oszlanak el a genomban és nagyon gyakoriak. Restriktációs endonukleázokkal, ún. hasítóenzimekkel szinte korlátlan mennyiségű polimorfizmust lehet létrehozni pl. a növénynevelési alapanyagokban. Ennek oka az, hogy a DNS-ben bekövetkező kis változások (pl. SNP-k, egy pontos nukleotid polimorfizmusok) is RFLP-k létrejöttét eredményezik, másrészt pedig nem csak az exonokban, de az intronokban,

vagy a gének közötti, nem kódoló régiókban is keletkezhetnek RFLP-k. Az RFLP volt az első olyan marker alapú módszer, amellyel a növénynemesítők DNS-szinten tudták meghatározni egy növényegyed genotípusát.

Emésztésnek (digestion) nevezik azt az enzimreakciót, amikor a restrikciós enzim a DNS-t a felismerő helyeknek megfelelően feldarabolja. A restrikciós enzimeknek kulcsszerepük van a sejtek védelmében az idegen eredetű nukleinsavval szemben, valamint a géntechnológiában (Orosz, 1980). A restrikciós fragmentumhossz polimorfizmus (RFLP) egy olyan polimorfizmus, amely a restrikciós enzimek által felismert DNS-szekvencia variációjából származik. Az RFLP-ket széles körben markerként használják a genetikai térképeken. Általában a gélelektroforézist használják az RFLP-k megjelenítésére (URL³).

2.10.3. Agaróz gélelektroforézis

A gélelektroforézis a különböző méretű DNS fragmentumok elválasztására szolgál. Működése a fragmentumok elektromos térben való mozgékonyaságán alapul. Tengeri vörösmoszatokból nyerhető az agar-agar nevű gélképző anyag, melyet már a középkori Japánban használtak zselésítésre, különböző ételek elkészítésére. Ma széles körben használják a molekuláris biológiában és a mikrobiológiában egyaránt (Balogh *et al.*, 2011). Az agaróz poliszacharid, melynek vizes szuszpenziója hevítés, majd lehűtés után gélle dermed. Az agarózláncok egymással hidrogénhidakkal kapcsolódva térhálót hoznak létre, melynek sűrűsége az agaróz-koncentrációtól függ. Az agaróz géleket nukleinsavak frakcionálására használják, a futtatás vízszintes géllemezben történik (Szeberényi, 2014).

A feloldott agaróz gél addig keverjük, amíg teljesen homogén, szinte víztiszta nem lesz. Ezután vízfürdővel 50-55 °C-ig kell hűtenünk, mert a túl forró folyadék tönkretetheti a műanyag tálcát. A gél ezután vízszintes felületre helyezett, megfelelően (pl. ragasztószalaggal) elmaszkolt speciális tálcába öntjük. A minták felviteléhez ún. zsebek szükségesek, ezért a gél fölé, az egyik oldal közelébe csaknem a tálca aljáig leérő műanyag „fésű” illesztünk, hogy a gél megszilárdulása után a fésű fogainak helyén üregek (zsebek) maradjanak. A gél megszilárdulása után a fésűt óvatosan kihúzzuk a zsebekből (érdemes előtte a fésű környékét megnedvesítenünk, hogy a keletkező vákuum ne szakítsa ki a zsebeket). A tálca két végét szabaddá kell tennünk (pl. leszedjük a ragasztószalagot), majd a tálcát egy ún. gélfuttató kádba helyezük. A kádat megfelelő ionerősségű futtató pufferral töltjük, hogy az éppen ellepje a gélét.

Ezután pipettázhatjuk az elválasztandó mintát a gélzsebekbe. A mintákhoz kevert brómfenolkék festék miatt jól látható, hogy a minta megfelelő helyre került. Ha minden mintát betöltöttünk, rátesszük a futtatókádra a tetejét, és elektromos áram segítségével a gélen elválasztjuk a makromolekulákat. A nukleinsavak enyhén negatív töltésűek, mindig a pozitív pólus felé futnak, csakúgy, mint a vizualizáció elősegítésére felvitt festékek (brómfenolkék, xilencianol stb.). Az agaróz gél viszonylag nagy tartományban (0,1-20 kilobázispár) képes a nukleinsavakat elválasztani, de a gél felbontása elég rossz. Kisebb fragmentek elválasztásához töményebb, nagyobb fragmentek elválasztásához hígabb gélét használunk (*Wunderlich, 2014*).

A gélbe juttatott mintákat UV-fényben látható, fluoreszcens festékkel (pl. ethidium-bromiddal) jelöljük. Az UV-megvilágítás során az adott minta által megtett út hossza fordítottan arányos a fragment méretével (vagyis a rövidebb DNS-fragmentek hosszabb utat tesznek meg a gélben egységnyi idő alatt),

így polimorfizmusok elkülönítésére alkalmas. A fluoreszcens festékek, pl. az ethidium-bromid a DNS molekula két szála közé interkalálódik a gélben történő futtatás során, UV-fény hatására pedig narancssárga színnel fluoreszkál (Zsolnai *et al.*, 2000).

2.10.4. RT-PCR (reverz transzkripció polimeráz láncreakció)

A hagyományos PCR csak a DNS szakaszok felszorzására alkalmas, míg a reverz transzkriptáz segítségével lehetőség nyílt a különböző szövetekben található eltérő mennyiségű mRNS kimutatására. A gének kifejeződésének mértéke minden szövetben más. Ha egy gén igen aktív, akkor sok messenger RNS (mRNS) molekula íródik át róla. A sejtekből izolált RNS-ről ún. komplementer DNS (cDNS) szálat szintetizál a reverz transzkriptáz enzim. A reakció az mRNS 3' végéről (poliA farki rész) indul, amelyhez a poliT DNS primer kötődik. Így a reverz transzkriptáz enzim segítségével megtörténhet az 5'-3' irányú komplementer DNS (cDNS) átírása. A cDNS szintézis befejeződését követően második lépésben megindul a hagyományos polimeráz láncreakció. A hőstabil DNS polimerázt és upstream, downstream (reverse, forward) DNS primereket használunk, 37 °C-ra melegítve megkönnyítjük a cDNS-hez a primerek kötődését. További melegítés hatására a cDNS-t, mint templátot használva a DNS polimeráz kialakítja a kettős szálú DNS-t. 95 °C-on a DNS két láncá különválik. A reakcióelegy hűtésével a primerek ismét kapcsolódhatnak, a körülbelül a 30 ciklus után a célszekvenciából milliányi másolat áll rendelkezésre. Az RT-PCR fontos lépése az mRNS tisztítása (DNáz reakció, DNS-lebontás), enélkül a genomiális DNS szennyezheti a PCR reakciót, és amplifikálódhat az mRNS-ről készített cDNS-sel együtt.

3. ANYAG ÉS MÓDSZER

3.1. Kísérleti állomány

A mosonmagyaróvári kísérleti állományt 1920 szabadtartásra alkalmas, árutermelő tojótyúk alkotta, három különböző, barna héjú tojást termelő Rhode Island fajta alapú konstrukcióban (P1, P2 és P3), amelyek előállítását és előnevelését a Bábolna TETRA Kft. végezte. Csőr Kurtítás nem történt a vizsgált állományokban. A madarak csoportos, zárt mélyalmos (szalma) és kifutóval ellátott, mélyalmos, istállózott tartásmódban kerültek elhelyezésre 18 hetes életkorban a Széchenyi István Egyetem állatkísérleti telepein, Mosonmagyaróváron. Kifutózott tartásban 720 (2-2 fülke/csoport elosztásban, 5 tyúk/tojófészek eléréssel), zárt tartásban 1200 (4-4 fülke/csoport, 5 tyúk/tojófészek) madár termelt. A csoportméret 120 tyúk/fülke volt kifutós tartásban (6,1 tyúk/m² telepítési sűrűség az istállóban, és 3,2 tyúk/m² a kifutóterületen), 100 tyúk/fülke volt zárt tartásban (6,0 tyúk/m² telepítési sűrűség). Az állomány takarmányozása mindkét tartásmódban azonos volt. A vizsgálat során az állatok kezelését és a mintavételt a 2010/63/EU irányelvben ajánlott előírásoknak megfelelően végeztük.

A takarmányozás valamennyi telepen és fülkében azonos volt. Betelepítéstől a 19. élethéig tojót előkészítő takarmánykeveréket fogyasztottak a madarak, majd öt napos átmenettel történt a takarmányváltás a tojótápra, amelyet a kísérlet befejezéséig, az 52. élethéig fogyasztottak. A takarmány összetételét az **1. táblázat** ismerteti. A takarmány kijuttatása naponta kétszer, 7:00 és 13:00 órákor történt. A Ca-kiegészítést mészkőgríz formájában valamennyi

fülkében alkalmaztuk 51 hetes életkort követően. Ebben az egyhetes időszakban a madarak *ad libitum* fogyasztották a mészkőgrízt.

1. táblázat. A kísérleti állományok takarmányának összetétele (%)

	Tojó-előkészítő	Árutojó
Kukorica	49,77	41,21
Búza	15,00	15,00
Szójadara	17,60	20,20
Napraforgódara	10,00	10,00
Hidrogénezett zsír	0,40	2,40
Takarmánymész	2,80	4,80
Takarmánymész gríz	2,50	4,50
MCP	0,75	0,70
Só	0,36	0,36
L-Lizin-HCL	0,21	0,21
DL-Metionin	0,11	0,12
Premix 0,5%	0,50	0,50
Táplálóanyag-tartalom:		
Nyersfehérje	17,50	18,00
ME (MJ/kg)	11,60	11,40
Nyerszsír	2,97	4,67
Nyersrost	4,17	4,12
Nyershamu	9,30	13,32
Lizin	0,96	1,02
Metionin	0,41	0,43
Metionin + Cisztin	0,73	0,74
Treonin	0,64	0,66
Triptofán	0,20	0,21
Ca	2,34	3,84
P	0,58	0,56
Fitáz Ca	0,16	0,16
Fitáz P	0,15	0,15
Ca össz.+fitáz Ca	2,50	4,00
P össz.+fitáz P	0,73	0,71
P haszn.+Fitáz P	0,42	0,41
Na	0,16	0,16
Cl	0,31	0,30
C18:2 linolsav	1,45	1,48

Az állományváltozásról, az elhullásról napi rendszerességgel gyűjtöttünk adatokat. Valamennyi elhullás oka állatorvosi szakvélemény alapján, jegyzőkönyvvel került rögzítésre. A madarak testtömeg-alakulását havi rendszerességű testtömeg mérésrel tudtuk nyomon követni, ami lehetőséget adott arra, hogy a madarak kondíciójáról szintén információt gyűjtsünk.

3.2. Viselkedésvizsgálat

A viselkedési adatok gyűjtését véletlenszerűen kiválasztott egyedeknél végeztük el a 35-37. élethéten, 80-90%-os tojástermelési intenzitás mellett. A viselkedésvizsgálatot zárt, kifutó nélküli mélyalmos tartástechnológiában csoportonként 120 tyúk esetében végeztük el (összesen 360 tyúknál), 8-12 óra közötti időszakokban. Az élősúly a viselkedésvizsgálatok során szintén mérésre, rögzítésre került. Az egyedi megfigyelés és azonosítás érdekében tíz egyedből álló csoportokat különítettünk el az istállóban az egyes fülkék folyosó oldali részében terelő segítségével (2,5 tyúk/m²). Az elkülönítés után fél órával kezdtük meg a viselkedés-elemek előfordulási gyakoriságának rögzítését, amit egy órán át folytattunk. A megfigyeléseket három fő végezte. Az egyedi azonosítást különböző színekű jelölők mindkét lábon való elhelyezésével valósítottuk meg. A megfigyelt egyedektől a viselkedésvizsgálatot követően tollmintát gyűjtöttünk DNS-izolálás és genotipizálás céljából.

A tollhiányt 0-tól 5-ig terjedő skálán értékeltük a viselkedésvizsgálatokat követő tollminta gyűjtéssel egy munkamenetben. A 0 minősítés teljesen ép, hiánytalan tollazatot jelentett, míg 5 esetén súlyos tollhiány mutatkozott valamennyi felvételezett testrészen (farok, szárny, hát, fej, nyak).

A különböző viselkedési mintázatok rögzítése során a *Väisänen et al.* (2005) által készített etogram alapján dolgoztunk, amely szerint a tollpiszkálás (feather pecking) elkülönítendő az agresszív csipkedésektől. A viselkedésvizsgálatok során agresszívnek minősítettük a csipkedést, ha a megcsípött egyed elmenekült a szituációból vagy harc alakult ki, ezzel szemben a tollpiszkálás során a csipkedett egyed nem mutatott menekülő reakciót, így az általános szociális interakciónak tekinthető. A szelíd tollpiszkálás (GFP-gentle feather pecking) és a súlyos tollpiszkálás (SFP-severe feather pecking) alapvetően abban különbözik, hogy a SFP esetén jellemzően tollvesztést lehet megfigyelni, míg ez a GFP esetén nem következik be.

Az egyedenkénti folyamatos adatrögzítés módszerét kiegészítettük pillanatnyi rögzítéssel, amely alapját 10 másodperces időintervallumok adták, így a hosszan tartó viselkedési formák (pl. tolláskodás) időtartama is visszatükröződött a megfigyelési adatlapokon, azaz pl. egy 25 másodpercig tartó, egybefüggő tolláskodás vagy kapirgálás három rögzített eseményt jelentett. Az előre szerkesztett adatlapok tartalmazták a megfigyelés helyét (telep, fülke, csoport), idejét (dátum, kezdete-vége), a megfigyelt madarak jelölését (lábán elhelyezett jelölők színe, szárnyjelölő száma) és az egyedek élősúlyát, valamint a tollhiány mértékét jelző pontszámot a különböző viselkedési formák mellett. A folyamatos viselkedésvizsgálatot egy órán át végeztük, majd ezt követően történt a madarak mintavételezése (toll DNS vizsgálat céljából). A gyűjtött tollakat azonosítóval ellátott egyedi mintavételi zacskókban -20 °C-on táruztuk a felhasználásig. Egyes ritkán (kevesebb mint öt esetben) megfigyelt viselkedésminták nem kerültek feldolgozásra (pl. fenyegetés, társára mászás).

A génextpressziós vizsgálatokban bemutatott tyúk viselkedésvizsgálata szintén *Väisänen et al.* (2005) etogramja alapján történt az 52. élethéten, a mintavételt megelőzően. Vizsgálati csoportonként (P1, P2 és P3) 10-10 tyúk viselkedésvizsgálatára került sor. A vizsgálatban szereplő egyedeket cervikális diszlokáció révén feláldoztuk, a különböző szövetekből (hipofízis, cerebellum, máj, mell, zsír) mintát gyűjtöttünk, amelyeket azonnal folyékony nitrogén tartályba helyezve tartósítottunk a felhasználásig.

A termelési időszak alatt és a vizsgálatok során az 1998. évi XXVIII. törvény előírásai alapján és a Munkahelyi Állatvédelmi Bizottság engedélyével jártunk el (iktatószám: GYI-01/00965-2/2018).

3.3. DNS-izolálás és PCR-RFLP

Vizsgálataimhoz DNS-forrásként a viselkedés-felvételezésben szereplő tyúkoktól (n=360) tollmintákat gyűjtöttem, amelyeket steril, zárható, egyedileg jelölt zacskókba helyeztem. A tollmintákat, majd a tisztított DNS-t is -20 °C-on tároltam a felhasználásig. A DNS-t a Promega (USA) Wizard Genomic DNA Purification kit segítségével izoláltam a következő protokoll szerint: egyedenként 10 tollvégből indultam ki, amelyeket steril, 1,5 ml-es Eppendorf kémcsövekbe (Greiner Bio-One, Németország) helyeztem. 300 µl NLS (Nuclei Lysis Solution) oldatot adtam hozzá, majd Vortex (VELP Scientifica, Olaszország) segítségével (kb. 20 másodperc) kevertem össze. Az elegyet 37 °C-on inkubáltam legalább két órán át. 100 µl fehérjekicsapó oldatot (PPS-Protein Precipitation Solution) adtam a felbontott sejtekhez, majd 20 s-ig vortexeltem. Ezután 15000 g-n négy percig centrifugáltam a mintákat. A feltáratlan mintarészek és a fehérjék sárgásbarnás, esetleg fehér

pellet formájában jelentek meg a kémcső alján. A tiszta felülúszót, ami a DNS-t tartalmazta, 300 μ l hűtött izopropanolt (Merck, Németország) tartalmazó új mintacsőbe helyeztem. Felfordításokkal elegyítettem, amíg a fehér, cérnyszerű DNS szabad szemmel is láthatóvá vált (**6. ábra**).



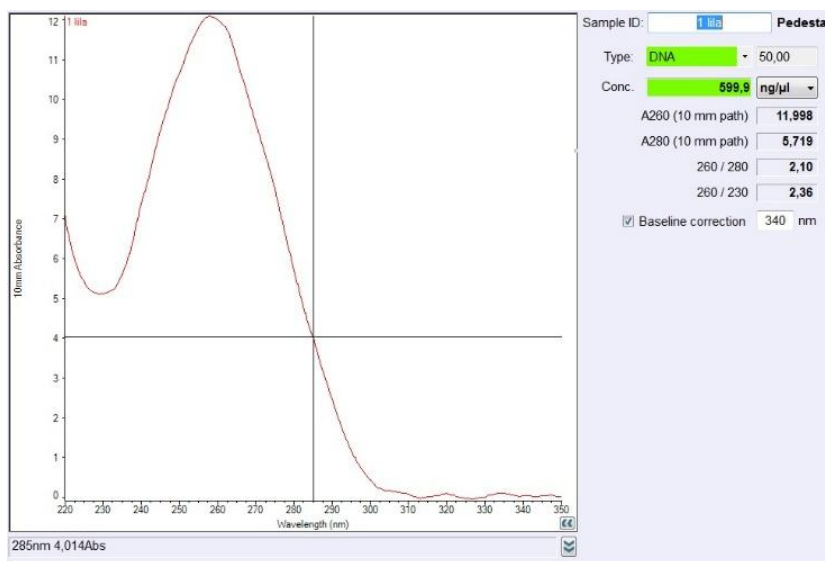
6. ábra. DNS izolálás; cérnyszerű DNS (saját felvétel)

A kicsapódott DNS-t tartalmazó elegyet egy percig 15000 g-n centrifugáltam. A cső alján látható pelletről eltávolítottam a felülúszót és 300 μ l 70%-os hűtött etil-alkohollal mostam át. Újabb centrifugálást követően a pelletről eltávolítottam az etanolt, majd szárítás után 25 μ l rehidratációs oldatban (Rehydration Solution), egy óras, szobahőmérsékleten végzett inkubációt követően spektrofotométer segítségével határoztam meg a DNS-koncentrációt, majd fagyasztoóban tároltam a tisztított DNS-t.

Az izolálást követően a visszaoldott DNS mennyiségét és minőségét NanoDrop 2000 (Thermo Scientific, USA) spektrofotométer segítségével vizsgáltam meg. A NanoDrop 2000 készülék működése abszorbancia

mérésen alapul, amelyet 230, 260 és 280 nm-en végez el, az így nyert adatokból pedig arányszámokat képez (Szalai, 2019). A nukleinsavak abszorbanciája 260 nm-en a legnagyobb, így a megfelelő minőségű minta esetén a görbe csúcsa ezen a hullámhosszon figyelhető meg (7. ábra).

A fehérjék abszorbanciája 280 nm-en, míg a DNS-izolálása során használt különböző vegyületeké (pl. etanol) 230 nm-en jelentős. Az izolátum tisztaságát megfelelőnek tekintettem, amennyiben a 260/280, illetve a 260/230 arányszámok meghaladták az 1,8 értéket. A spektrofotométerrel történő elemzést követően a további vizsgálatokhoz a minták koncentrációját 150 ng/μl-re állítottam be.



7. ábra. DNS tisztítás ellenőrzése és koncentráció meghatározása NanoDrop 2000 spektrofotométerrel (saját felvétel)

Polimeráz láncreakció (PCR) és restrikciós fragmenthossz polimorfizmus (RFLP) módszerek segítségével különítettem el a *SORCS2* genotípusokat. A

SORCS2 genotipizálás céljából a PCR-hez a Primer3 alkalmazásban (Untergasser et al., 2012) terveztem oligonukleotidokat, primereket (5'-3' F: TGA CAA CTC CAC AAT CTG CTG; R: CAT CAT GGG CCA ACA TCA TA). A *SORCS2* gén C alléljának hasításához a NEBcutter alkalmazás (Vincze et al., 2003) segítségével választottam restriktív endonukleázt, hasítóenzimet (*RsaI*). Az előállított PCR-termék 228 bp hosszúságú volt, a C allél hasítása esetén pedig 153 és 75 bp hosszúságú fragmentek keletkeztek. A PCR-program BIO-RAD (USA) CFX 96 Real-Time PCR Detection System készülékben játszódtott le, beállításai a következők voltak 25 µl összmenyiségben: 1 µl DNS-izolátum (150 ng); 12,5 µl Maxima SYBR Green 2xPCR Mastermix (Thermo Scientific, USA); 1-1 µl forward és reverse primer (Integrated DNA Technologies, USA) 0,4-0,4 µM végső koncentrációban, és 9,5 µl nukleázmentes víz. A PCR során a következő paramétereket alkalmaztuk: 1.) kezdeti denaturáció: 95 °C, 6 perc, 2.) 35 cikluson keresztül denaturáció: 95 °C, 15 másodperc, annealing: 60 °C, 30 másodperc, elongáció: 72 °C, 30 másodperc és 3.) végső elongáció: 72 °C, 4 perc. A PCR termékeket *RsaI* restriktív enzimmel emésztettem összesen 20 µl reakcióméretben: 10 µl PCR termék, 1 µl (10 egység) *RsaI* restriktív enzim (Promega, USA, vagy Thermo Fischer Scientific, USA) a gyártó ajánlása szerint. A vizsgált *SORCS2* genotípusokat agaróz gélelektroforézis segítségével detektáltam 2%-os agaróz gélben (Promega, USA); 2 µl ethidium-bromid (Promega, USA) fluoreszcens festék felhasználásával.

A prolaktin (*PRL*) 24 bp-os indeljének genotipizálása során szintén a PCR módszert alkalmaztam a fenti leírásban ismertetett beállításokkal. A reakció során alkalmazott primerek szekvenciája Jiang et al. (2005) alapján a következő volt: F – GGT GGG TGA AGA GAC AAG GA; R – TGC TGA GTA TGG CTG GAT GT (mindkét primer szekvenciája 3'-5' irányban). A

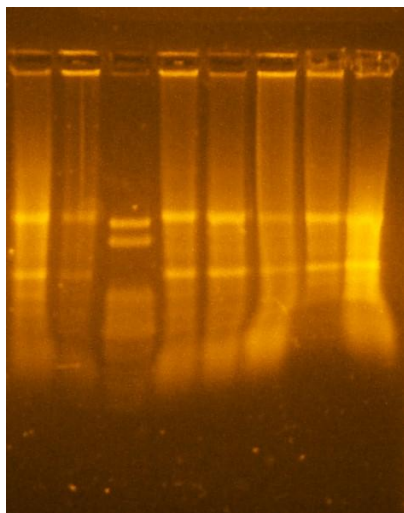
genotípusok elkülönítését közvetlenül 2%-os agaróz gélben végeztem, restriktációs emésztésre nem került sor.

3.4. RNS-izolálás és génextpressziós vizsgálatok

A génextpressziós vizsgálatban vizsgálati csoportonként (P1, P2, P3) 10-10 tyúktól gyűjtöttem szövetmintát (hipofízis, cerebellum, máj, mellizom, zsírszövet). A mintavételt a vágás utáni 20 percen belül végeztem el, majd a szövetmintákat folyékony nitrogén tartályba helyeztem, és a felhasználásig tároltam. A mintákból teljes RNS-izolálást végeztem TRIzol Reagent (Thermo Fisher Scientific, USA) és 1-bromo-3-chloropropane, BCP (VWR International, USA) felhasználásával.

Az RNS izolálás lépései: 1,5 ml-es Eppendorf csőbe 1000 µl TRIzol (Thermo Fisher Scientific, Waltham, USA) pipettáztam, majd ebben homogenizáltam két percen keresztül a körülbelül 300 mg-nyi szövetmintákat. A homogenizáláshoz 2 mm átmérőjű cirkónium gyöngyöket adtam a mintákhoz (ZYMO Research, USA), majd TissueLyser LT készüléket (QIAGEN, Németország) használtam a szövetek feltárásához. A homogenizált, feltárt mintákat 10 percen keresztül centrifugáltam (12000 g), ezt követően az RNS-t is tartalmazó rózsaszín felülúszót új csőbe pipettáztam át, majd 200 µl BCP-t adagoltam hozzá, és Vortex-szel elegyítettem. Ezután 15 percig (12000 g) centrifugáltam, végül a színtelen, RNS-t is tartalmazó felülúszót új kémcsőbe pipettáztam. 500 µl izopropanol adagolását követően többszöri felfordítással elegyítettem, centrifugáltam (5 perc, 12000 xg) és a felülúszót eltávolítottam. Az RNS-pelletet 500 µl 70% (DEPC vízzel készített) etanolban mostam át. Ismételt centrifugálást követően (5 perc, 12000 g) eltávolítottam a felülúszót,

az RNS-t pedig 50 μ l nukleázmentes vízben oldottam fel. Az izolált teljes RNS integritását agaróz gélben értékelttem (**8. ábra**). A minták RNS-koncentrációját NanoDrop spektrofotométerrel mértem meg, a következő lépések során pedig 1 μ g-nyi RNS mennyiséggel dolgoztam.



8. ábra. Teljes RNS mintázata agaróz gélben

A DNáz kezeléshez RQ1 RNase-free DNase kitet (Promega, USA) használtam a gyártó javaslatait figyelembe véve. A reakció folyamán a mintákat 37 °C-on két percig inkubáltam a DNS-bontó enzim jelenlétében, majd 1 μ l RQ1 DNase Stop Solutiont adagoltam a mintákhoz és további öt percig 55 °C-on inkubáltam a DNáz inaktiválása céljából.

A DNáz kezelést követően a cDNS szintéziséhez iScript cDNA Synthesis kitet (BIO-RAD Laboratories, USA) használtam a gyártó ajánlása szerint oligo dT és random hexamer primerekkel. Az inkubálást először 25 °C-on öt percig, majd ezt követően 37 °C-on egy órán át végeztem. A reakció befejezését öt percig tartó 70 °C-os melegítéssel értem el.

A qPCR reakció összeállításához szükséges primerek megtervezéséhez a Primer3 alkalmazást használtam (Untergasser et al., 2012). A qPCR reakcióelegyet és a qPCR lépéseit a gyártó alkalmazása alapján állítottam össze. A sztenderdek elkészítéséhez PCR termékeket Wizard SV Gel and PCR Clean-Up System kit segítségével (Promega, USA) tisztítottam, a gyártó utasítása szerint. A tisztított PCR termékek koncentrációját (ng/μl) NanoDrop 2000 spektrofotométerrel állapítottam meg, majd kiszámítottam a kópiaszámot. Ezután tízszeres hígítási sort készítettem nukleázmentes víz felhasználásával. A (háztartási) referencia géneket tekintve *YWHAZ* és *RPL32* géneket használtam. A qPCR reakció hatékonyságának meghatározásához a sztenderdek kópiaszámát használtam fel. A qPCR során a **2. táblázatban** feltüntetett primerekkel dolgoztam.

2. táblázat. A génexpressziós vizsgálatban alkalmazott primerek főbb jellemzői

Gén	Primer szekvencia (5'-3')	Hossz (bp)	Annealing (°C)	PCR hatékonyság (%)
<i>SORCS2</i>	F: TAACCCAGAAGCACCTCCTG R: AGTCCCTTGGGAGCAATCAA	156	60	92,4±3,5
<i>NGF</i>	F: CCACCGACATCAAAGGCAAA R: TGTCGTGGTGCAGTAAGAGT	167	58	93,4±2,2
<i>DRD1</i>	F: TGTGTCTGAGATCGCTGGTT R: GCACGGGGATGAAGGAAATC	233	59	87,9±4,0
<i>DRD2</i>	F: TAATGGCAAGACGAGGAGCA R: AAAGGCGCTGTACATTGCTG	196	58	93,1±2,7
<i>DRD3</i>	F: CCCTTCATGGTGACCCTTCT R: CCTGGTCTGAGCATTGAGC	208	56	93,8±2,5
<i>DRD4</i>	F: TTCATCCCTTGCCCTGTCAT R: GTGGGCATAAGGGTGGTACT	192	58	90,8±3,0
<i>YWHAZ</i>	F: TTGCTGCTGGAGATGACAAG R: CTTCTTGATACGCCTGTTG	60	-	92,9±4,5
<i>RPL32</i>	F: ATGGGAGCAACAAGAAGACG R: TTGGAAGACACGTTGTGAGC	139	-	94,7±5,3

A reakciók hatékonyságának megállapításához készített tízszeres hígítási sorokat sztenderdként futtattam a vizsgálandó minták mellett. Minden reakció tartalmazott negatív kontrollt. A negatív kontrollt negatívként fogadtuk el, ha a mért mennyiség ezekben a kontrollokban nem érte el a detekciós küszöböt, vagy ha a 35. ciklus után lépte át a küszöböt. A mennyiség megállapítása (kvantifikáció) minden esetben a 35. ciklus előtt történt a vizsgált minták tekintetében. A reakciók beállítása a következők szerint történt: kezdeti denaturáció 95 °C-on öt percig, majd 40 kétlépcsős cikluson keresztül 95 °C 30 s-ig és a releváns kapcsolódási hőmérséklet (Annealing; **2. táblázat**). A reakciókat követően olvadási tesztet végeztem (65-től 95 °C-ig, 0,5 °C-os növekedéssel) annak érdekében, hogy megállapítsam a specifikus PCR-termékek jelenlétét.

3.5. Statisztikai feldolgozás

A termelési eredmények statisztikai elemzése SPSS Statistics for Windows v.20 (IBM Corp., USA) programmal történt. A csoportok átlagainak (pl. alomtojas arány, elhullási %) összevetéséhez khí-négyzet (χ^2) és Fisher-féle egzakt tesztek használtam. Az élősúly átlagokat One-way ANOVA és Boferroni korrekció használatával vettem össze. A referenciagének segítségével normalizált gén-expressziós adatokat nem-paraméteres Mann-Whitney próba segítségével értékeltem. Az élősúly, a tollhiány és a különböző viselkedésminták előfordulási gyakorisága között Spearman-féle korrelációt számítottam. Minden rögzített viselkedési mintázat esetében nem-normális eloszlást állapítottam meg a vizsgált csoportokon belül (Shapiro-Wilk teszt), ezért összehasonlításuk során nem-parametrikus tesztek

használtam (Mann–Whitney). Az egyes viselkedési változók elkülönítő erejének feltárására Random Forest (ún. véletlen erdő) alapú klasszifikációs elemzést végeztem az RStudio környezetben, a randomForest csomag alkalmazásával. A modellben a populációhoz (P1, P2, vagy P3 csoport) tartozás szerepelt függő változóként, míg valamennyi mért viselkedési mintázat magyarázó (prediktor) változóként került bevonásra. A Random Forest modellt 500 döntési fával ($n_{tree} = 500$), alapértelmezett beállítások mellett futtattam. A változók fontosságának értékelése két, a módszerben általánosan alkalmazott mutató alapján történt (Mean Decrease Accuracy, MDA, és Mean Decrease Gini, MDG). A csoportok közötti elkülönülés szemléltetésére a Random Forest alapján többdimenziós skála ábrát (Multidimensional Scaling, MDS) készítettem, az így kapott kétdimenziós szórásdiagramon ábrázoltam a különböző csoportba tartozó egyedek egymáshoz viszonyított elhelyezkedését.

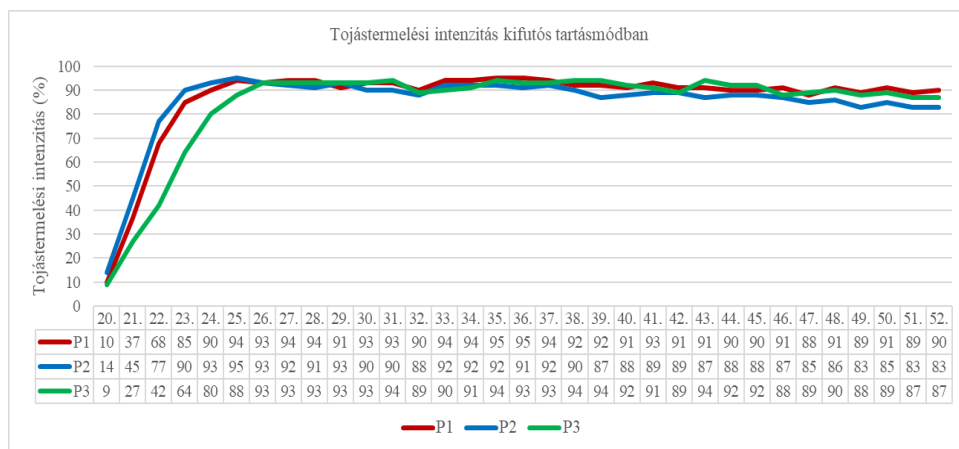
A részletes viselkedési mintázatok és a fenotípusos változók közötti kapcsolatok erősségének és irányának vizsgálatához Percentage Bend korrelációt alkalmaztam RStudio környezetben, a WRS2 csomag használatával. A módszer a hagyományos Pearson-féle korreláció robusztus alternatívája, amely kevésbé érzékeny a szélsőértékekre és az eloszlás normalitásától való eltérésre, ennek köszönhetően alkalmas szélsőértékeket mutató és nem normál eloszlású adatok elemzésére.

A páronkénti korrelációkat a pbcor függvénnyel elemeztem, az alapértelmezett 0,2-es torzítási paraméter mellett, ami alapján az adatok szélső 20%-át súlyozottan kisebb hatással vettem figyelembe a korreláció kiszámításakor. A korrelációk alapján hőterképeket, míg a referenciagénekkal normalizált génexpressziós eredmények alapján klasztergramokat készítettem szintén az RStudio szoftverben.

4. EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELÉS

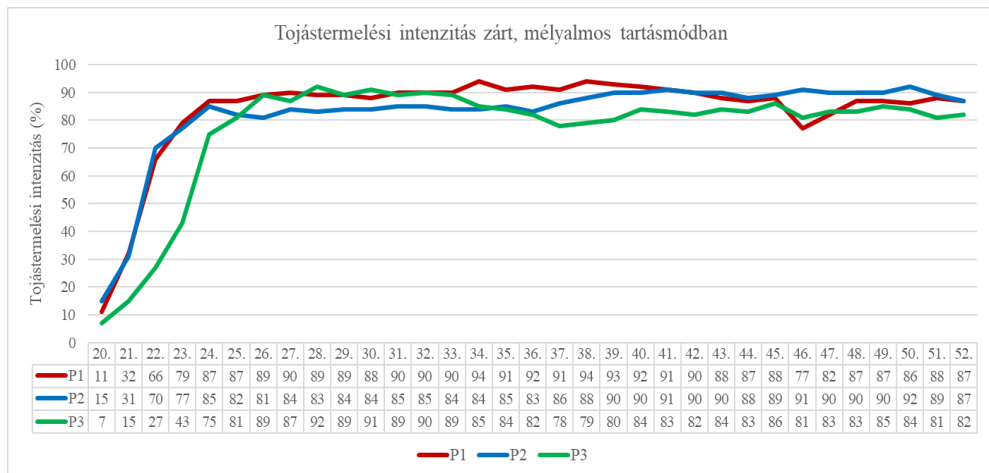
4.1. Tojástermelési intenzitás

A tojástermelési intenzitás az egyik legfontosabb mutató a baromfitartás hatékonyságának értékelésében. A tojástermelési intenzitás százalékos formában azt mutatja meg, hogy egy adott tojóállomány hány százaléka termelt tojást egy adott napon. Az intenzív tojástermelésnél a cél a lehető legtöbb tojás előállítás. Az életkor előrehaladtával a tojótyúkok termelési százaléka általában egy adott csúcstérteket ér el, amelyet követően fokozatos csökkenés tapasztalható. A termelési csúcst a legtöbb fajta és hibrid esetében a 24-30. élethetek között érik el a tyúkok, ahol a tojástermelési százalék gyakran meghaladja a 90%-ot (*Weeks és Nicol, 2006*).



9. ábra. A tojástermelési intenzitás alakulása a 20-52. élethét között kifutós, mélyalmos tartásmódban

A **9. ábrán** a három vizsgált tojótyúk állomány (P1, P2, P3) tojástermelési intenzitásának (%) alakulása látható a 20. és az 52. élethét között a kifutóval rendelkező kísérleti telepen. A tojástermelés kezdeti emelkedése mindhárom csoportban jól megfigyelhető a 20-25. élethéten. A P1 és a P2 csoport tojástermelése gyorsabb ütemben éri el a termelési intenzitás csúcsát (93-95%) a 23-24. élethéten, majd a 26. élethéten zárkózik fel a P3 csoport teljesítménye. A csoportra jellemző maximális intenzitás elérését követően a 40. élethéttől mindhárom konstrukció esetében enyhe csökkenés kezdődik, de a vizsgálat időszakának végén, az 52. élethéten is 80-90% között marad.



10. ábra. A tojástermelési intenzitás (%) alakulása a 20-52. élethét között zárt, mélyalmos tartásmódban

A **10. ábrán** a három különböző csoport tojástermelési intenzitása (%) látható az élethetek függvényében a zárt, kifutó nélküli kísérleti telepen. A kifutóval ellátott tartásmóddhoz hasonlóan a tyúkok a zárt rendszerben szintén a 24-25. élethéten érik el a tojástermelési intenzitásuk csúcsát, azonban az ezt követő termelési hetek során nagyobb ingadozás figyelhető meg. A termelési

intenzitás elérése ebben a technológiában is a P3 csoport tyúkjainál következett be lassabb ütemben. Jellemzően a 40. élethétől kezdődően 80-90% között ingadozik a termelés mindhárom csoportban, egészen az 52. élethétig.

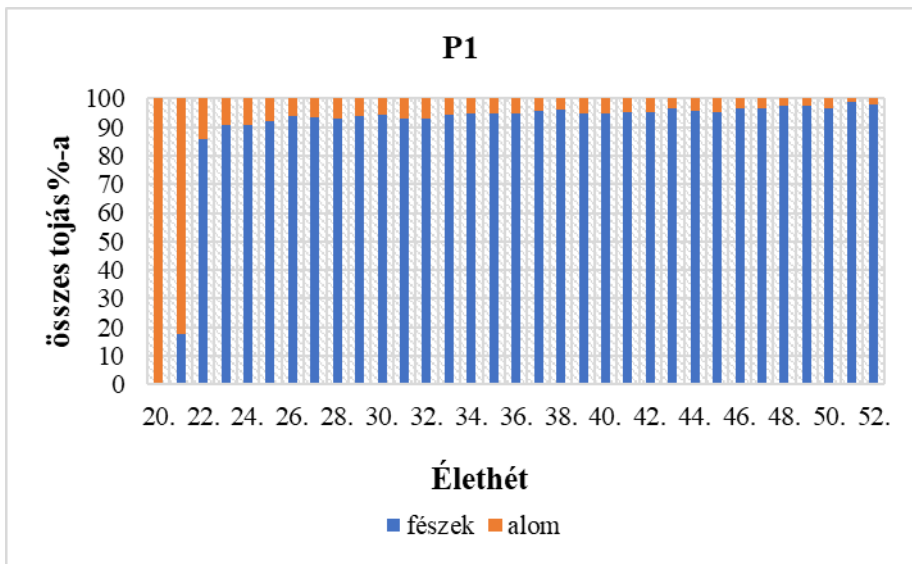
A teljes termelési időszakra vetített tojástermelési intenzitás mindhárom csoport esetében a kifutóval ellátott tartásmód mellett volt nagyobb (összességében mintegy 4%-kal), azonban egyik csoport esetében sem különbözött szignifikáns ($P>0,05$) mértékben a zárt tartásmódhoz viszonyítva (**3. táblázat**). A kifutóval ellátott és a zárt fülkékben azonos takarmányozás mellett hasonló tendenciát követve alakult a tojástermelés annak ellenére, hogy a kifutós tartásban jelentősen nagyobb mozgástér állt a tyúkok rendelkezésére, ami potenciálisan csökkentheti a tojástermelésre fordított energia-készletet és ronthatja a takarmányértékesítő képességet. Mindezek mellett a nagyobb mozgástér lehetőséget nyújt a szociális stressz káros hatásainak elkerülésére, az agresszív társak elől történő menekülésre, ami segíthette a termelési intenzitás nagyobb szinten tartását.

3. táblázat. A tojástermelési intenzitás (%) alakulása zárt és kifutós tartásmódban és a csoportok között a teljes termelési időszak (20-52. élethét) alapján

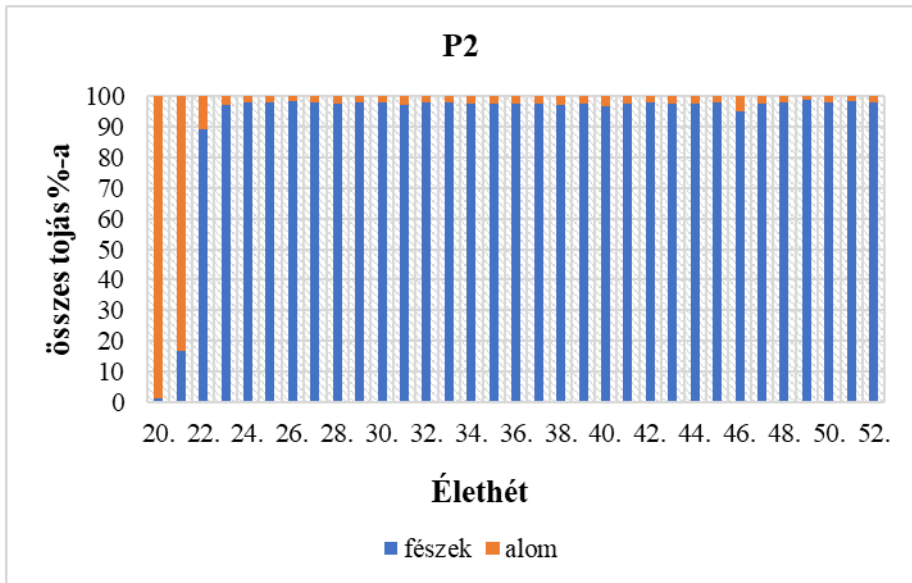
	Zárt	Kifutós	P-érték (tartásmódok)
P1	83,70±17,12	85,67±21,22	0,679
P2	82,21±16,04	85,09±15,32	0,459
P3	76,76±21,18	84,09±19,88	0,152
P-érték (csoportok)	0,117	0,492	

4.2. Az alomtojások aránya

A **11. ábra** a P1 csoport alomtojás-termelését mutatja az egyedek élethetének függvényében és az összes termelt tojás arányában (%) kifejezve, a kifutóval ellátott kísérleti telepen. Eredményeink alapján megállapítható, hogy az alomtojások aránya kifejezetten magas a termelési időszak kezdetén, majd fokozatosan csökken, és a 23. élethétén már kevesebb mint 3%-ot tesz ki. A fészekhasználat kialakulása és rögzülése után az egész termelési időszak alatt ezt követően csekély mértékű ingadozás figyelhető meg; a fészekben elhelyezett tojások dominanciája végig fennmarad, míg az alomtojások aránya minimális és elfogadható mértékű.



11. ábra. Az alomtojások arányának alakulása a P1 csoportban kifutós tartás mellett



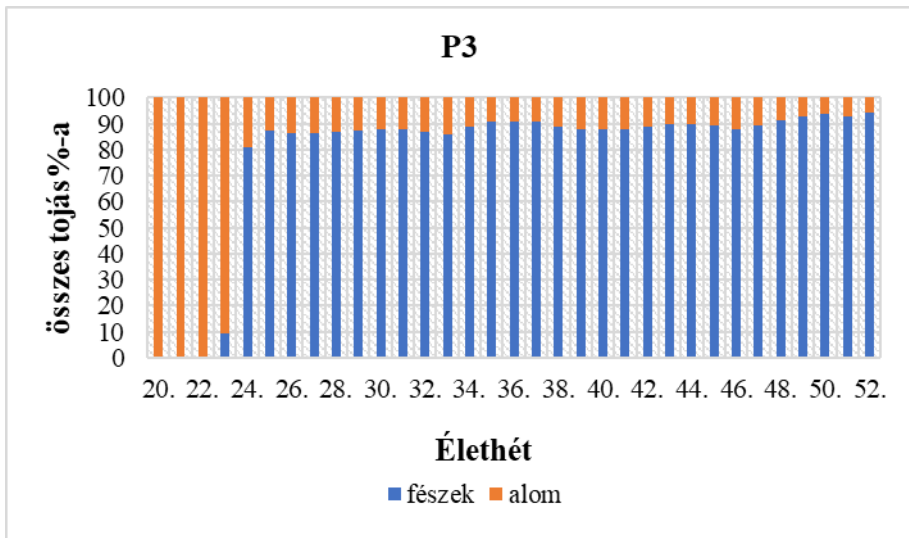
12. ábra. Az alomtojások arányának alakulása a P2 csoportban kifutós tartás mellett

A **12. ábrán** a P2 csoportra jellemző alomtojás arány követhető nyomon, szintén kifutós tartásmódban. A P1 csoporttal összevetve megállapítható, hogy a fészekhasználat hasonló módon, de lassabb ütemben fejlődik a P2 csoport tyúkjainál, és csak a 25. élethetet követően csökken 10% alá az alomtojások aránya. A termelési időszak végéhez közeledve további növekedés figyelhető meg a fészekbe helyezett tojások arányában, de összességében a P1 csoportnál nagyobb alomtojás arány jellemzi a P2 konstrukció egyedeit, ami – figyelembe véve az azonos tartási és takarmányozási feltételeket – arra utal, hogy a tulajdonságot genetikai tényezők is befolyásolják, amelyeket a szelekció során figyelembe kell venni.

A **13. ábrán** a P3 csoport alomtojás aránya látható kifutós tartás esetében. A kifutózott tartásmódban a P3 csoport esetében figyelhető meg az alomtojások legnagyobb mértékben, hiszen a fészekhasználat korai fejlődését

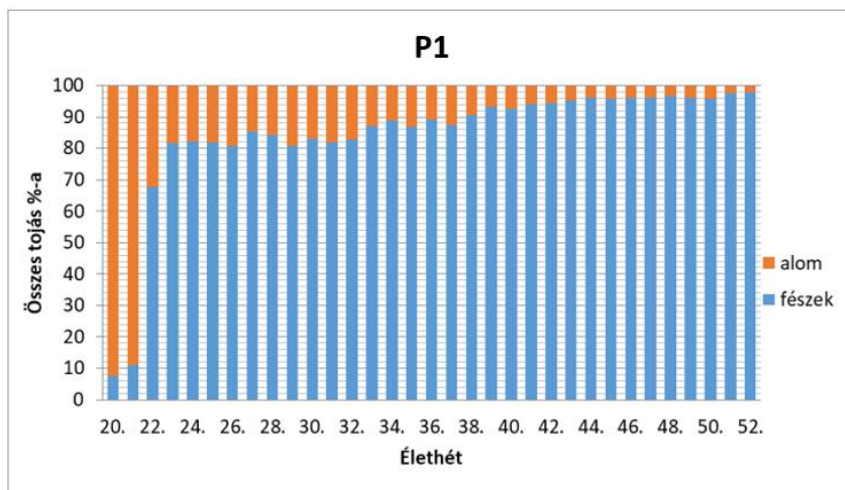
követően is jellemzően 10% fölött marad az alomba rakott tojások aránya, csak a 48-52. élethéten csökken 10% alá.

A teljes termelési időszakra vonatkozólag az alomtojások aránya nem különbözött szignifikáns ($P>0,05$) mértékben a P1 és a P2 csoport között, míg a P3 tyúkok esetében tendenciaszerűen több alomtojást figyeltünk meg a P1 ($P=0,09$) vagy a P2 ($P=0,07$) csoportokhoz viszonyítva.

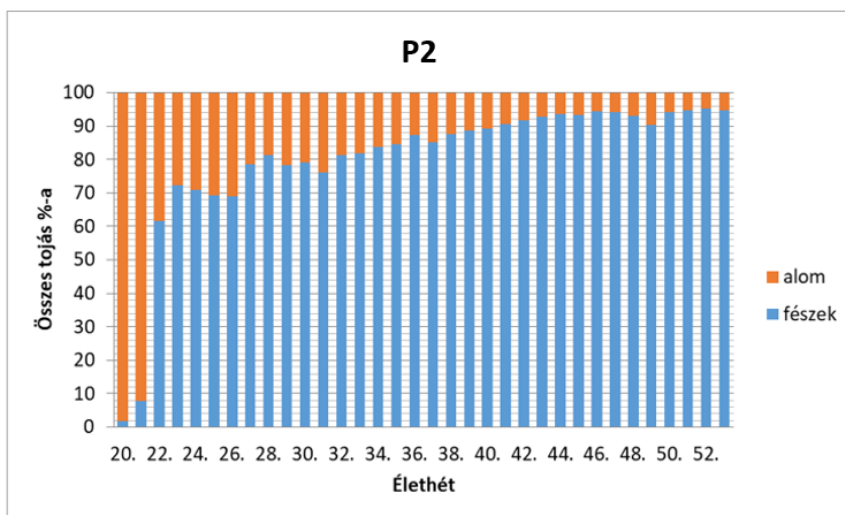


13. ábra. Az alomtojások arányának alakulása a P3 csoportban kifutós tartás mellett

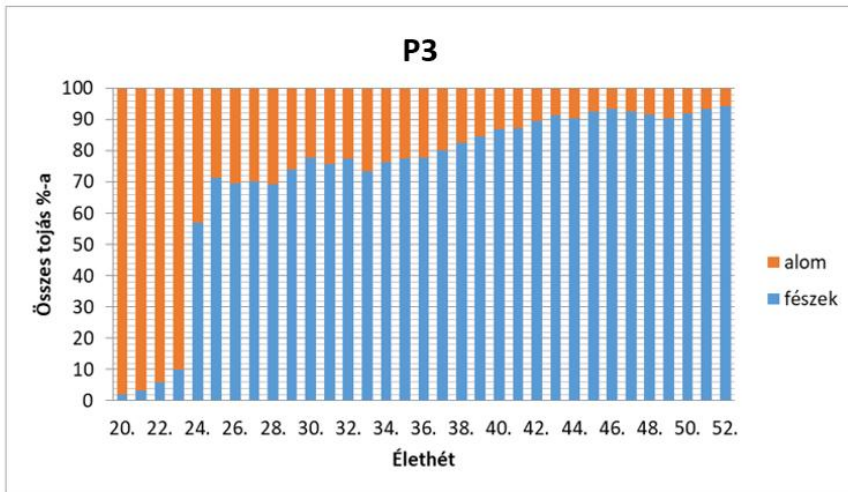
A 14-16. ábrákon a P1, a P2, és P3 csoportra jellemző alomtojás arányok alakulása látható a zárt tartásmód esetében. Összességében megállapítható, hogy az alomtojások aránya hasonló módon, de visszafogottabb ütemben csökken a termelési időszak kezdetén, majd a kifutózott fülkékhez képest nagyobb arány marad fenn jellemzően a 45. élethétig mindhárom vizsgált csoportban.



14. ábra. Az alomtojások arányának alakulása a P1 csoportban zárt tartásmód esetén



15. ábra. Az alomtojások arányának alakulása a P2 csoportban zárt tartásmód esetén



16. ábra. Az alomtojások arányának alakulása a P3 csoportban zárt tartásmód esetén

Az alomtojás arány kezdeti csökkenésében a csoportok között a kifutós rendszerhez hasonló tendencia állapítható meg, amely szerint a fészekhasználat fejlődése a P3 csoport tyúkjainál ment végbe a leglassabb ütemben, és még a 28. élethéten is meghaladta a 30%-ot.

Összességében a teljes vizsgálati időszakot illetően nem volt szignifikáns ($P > 0,05$) különbség az alomtojások arányában a vizsgált csoportok között a zárt tartásmód esetén. A kifutóval ellátott és a zárt tartástechnológia összevetése során megállapítottam, hogy kifutó esetén jellemzően kisebb volt az alomtojások aránya mindhárom vizsgált csoportnál a teljes termelési időszakra vonatkozólag, de a különbség nem volt statisztikailag igazolható mértékű ($P = 0,10 - 0,16$ között).

Oliveira et al. (2019) megfigyelései szerint nagyüzemi volierekben a termelés első heteiben az alomtojások aránya 40-65% van, míg 6-8 hét elteltével 5% alá csökken, és a tyúkok következetes fészekhasználatot alakítanak ki. *Appleby* (1984) korábbi vizsgálatai rámutattak arra, hogy az elhelyezés, a

tartástechnológia, a menedzsment és az állatok viselkedése komplex kölcsönhatásban állnak egymással, és együttesen határozzák meg a fészekhasználati viselkedést.

A tojófészkek kialakítása kulcsszerepet játszhat a padlóra vagy az alomba helyezett tojások megelőzésében. *Cooper és Appleby* (1996) kimutatták, hogy a tojótyúk erős igényt mutatnak a fészkek használatára, de a nem megfelelő számú, illetve rosszul elhelyezett fészkek jelentősen növelik az alomtojások előfordulását. Környezeti tényezők, mint pl. a fészkek vagy az istálló megvilágítása, valamint a fészkek megközelíthetősége szintén befolyásolják a tojótyúk fészekpreferenciáját; ezek célzott módosítása jelentős mértékben csökkentette a padlóra helyezett tojások számát (*Pillan et al.*, 2023).

A genetikai háttér és az egyedi viselkedésbeli különbségek szintén jelentős szerepet játszanak. *Bécot et al.* (2023) vizsgálatai szerint az alomtojás-arány öröklődhetőségi értékei (h^2) 0,39 és 0,52 között változtak, ami egyértelműen arra utal, hogy a tulajdonság ellen irányuló szelekció sikeresen megvalósítható. A szerzők továbbá megerősítették, hogy a fészekpreferencia és a tojásrakás időtartama is értékes genetikai variabilitást mutat, így potenciális szelekciós kritériumként szolgálhat. Több generáción át vizsgált tojóhibrideken végzett tanulmányok – például *Sørensen et al.* (2017) – igazolták, hogy célzott tenyésztési programokkal csökkenthető az alomtojások aránya, ami rávilágít a genetikai stratégiák jelentőségére a menedzsment és tartástechnológiai gyakorlatok mellett.

A tartástechnológia az elmúlt évtizedben különösen fontossá vált az alomtojások mértékének értelmezésében. Ketreces tartásban alomtojások gyakorlatilag nem fordulnak elő, ugyanakkor az Európai Unióban (EU) jogszabályi és piaci változások hatására gyors ütemben terjedtek el a

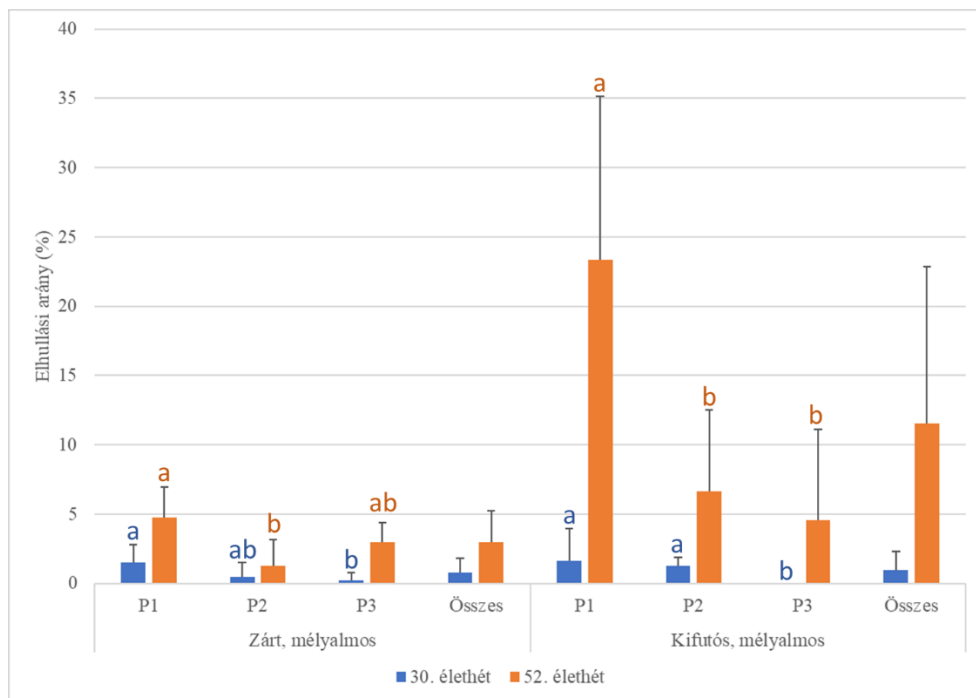
ketrecmentes rendszerek (*Augère-Granier, 2019*), az utóbbi években ezek aránya meghaladta az 50%-ot a tojótyúk-állományon belül (*Majewski et al., 2024*), ami egyre aktuálisabb kihívássá teszi az alomtojások megjelenését (*Putt et al., 2025*).

Az utóbbi években különféle technológiai megoldásokat dolgoztak ki a probléma kezelésére. *Subedi et al. (2023)* olyan gépi látáson alapuló rendszert fejlesztettek ki, amely valós időben képes felismerni az alomba rakott tojásokat, lehetővé téve azok korai eltávolítását és csökkentve a higiéniai kockázatokat. Ennek ellenére a megelőző megközelítések – például az optimális nevelési körülmények biztosítása, a megfelelő számú és kialakítású tojófészek alkalmazása, valamint tapasztalt, ún. „tanító” tyúkok betelepítése – gyakran hatékonyabbnak bizonyulnak, mint az utólagos korrekciós intézkedések (*Oliveira et al., 2019*).

A menedzsmenten és a genetikai hátteren túlmenően a félelemhez kapcsolódó viselkedési jellemzők és az ember–állat kapcsolat minősége szintén jelentős befolyásoló tényezők. Az emberektől való félelem régóta ismert állatjóléti indikátor, amely a termelékenységet is befolyásolhatja. Az emberhez való viszony mérésére gyakran alkalmazzák például az emberkerülési tesztet (Human Avoidance Test), más néven az álló személy tesztet (Stationary Person Test), amely során azt rögzítik, hogy hány tyúk közelíti meg az egyhelyben álló vagy a tyúkokhoz közelítő embert (*Graml et al., 2008*). A félelemreakciók és az alomtojás arány közötti lehetséges kapcsolat ígéretes kutatási területnek tekinthető. *Meuser (2021)* lohmann tojóhibridek és őshonos, lokális fajták vizsgálata során megfigyelte, hogy az emberekkel szemben erősebb elkerülési reakciót mutató állományok lassabban alkalmazkodtak a fészekhasználathoz, ami nagyobb arányú alomtojáshoz vezetett.

4.3. Az elhullási arány alakulása

A 17. ábra szemlélteti 30. és az 52. élethéti tapasztalt elhullási arányt a vizsgált csoportokban és a különböző tartásmódok tekintetében. A 30. élethéti tapasztalt elhullási arány zárt tartásban a P1 csoportban szignifikánsan ($P < 0,05$) nagyobb volt, mint a P3-ban, kifutós tartásban a P1 és a P2 csoportban nagyobb volt, mint a P3-ban. Az 52. élethéti az elhullási arány zárt tartásmódnál a P1-ben nagyobb ($P < 0,05$) volt, mint a P2-ben, kifutós tartásnál a P1-ben nagyobb ($P < 0,05$) volt, mint a P2-ben és a P3-ban.



17. ábra. A 30. és az 52. élethéti megfigyelt elhullási arány alakulása különböző tartásmód esetében a vizsgált csoportokban

(Az azonos életkorban és tartásmódban különböző betűvel ellátott csoportok között szignifikáns ($P < 0,05$) a különbség.)

A **4. táblázatban** az elhullási arány statisztikai értékelésének eredménye látható zárt és kifutós tartásmód esetén. A 30. élethéten egyetlen vizsgált populáció között sem figyeltünk meg szignifikáns ($P > 0,05$) különbséget a tartásmód szempontjából értékelt elhullási arányban. Az 52. élethéten szignifikáns ($P < 0,05$) különbség volt a P1 populáció zárt és kifutóval ellátott csoportjai között, továbbá a teljes vizsgálati állomány esetében is szignifikánsan ($P < 0,05$) nagyobb elhullási arányt figyeltünk meg a kifutóval ellátott tartásmódban a zárt fülkékben mért arányhoz képest.

4. táblázat. Az elhullási arány a 30. és az 52. élethéten a vizsgált populációkban, a tartásmód szempontjából

Csoport	Elhullási arány (%) a 30. élethéten		Elhullási arány (%) az 52. élethéten	
	Zárt, mélyalmos	Kifutós, mélyalmos	Zárt, mélyalmos	Kifutós, mélyalmos
P1	1,50±1,29	1,65±2,33	4,75±2,22 ^b	23,35±11,81 ^a
P2	0,50±1,00	1,25±0,64	1,25±1,89 ^b	6,65±5,87 ^a
P3	0,25±0,50	0,00±0,00	3,00±1,41	4,60±6,51
Összes	0,75±10,6	0,97±1,33	3,00±2,26 ^b	11,53±11,31 ^a

A különböző tartástechnológiákra jellemző elhullási arány nem határozható meg egyértelműen, a szakirodalomban egymásnak ellentmondó eredmények jelentek meg; pl. míg egyes holland, belga és német ketrec nélkül tartott kísérleti állományokban nagyobb elhullási arányt tapasztaltak a felújított ketrecekhöz képest, addig más német állományokban 14-15%-os elhullásról számoltak be felújított ketreces tartásnál, és 7%-ról ketrec nélküli rendszerekben (*The Humane Society of the United States*, 2010).

A társas módon, nagy csoportméretben (100-120 tyúk/fülke) tartott állományokban kialakuló agresszió jelentős szerepet játszhat az elhullás alakulásában. A mosonmagyaróvári kísérleti telepeken az elhullott egyedeket állatorvosi vizsgálatnak vetették alá, amelynek egyik legfőbb célja az elhullás okának felmérése, meghatározása volt. Az elhullott állatokon végzett vizsgálatok tapasztalatai alapján az elhullások több mint 90%-áért elsősorban a szociális agresszió, az agresszív csipkedés volt felelős.

4.4. A felvételezett viselkedésformák alakulása

A kísérleti csoportokban végzett viselkedés-vizsgálat során mérésre került a tyúkok élősúlya és felmértük a tollzat állapotát is (tollhiány értékelése 0-5 pontos skálán). A viselkedésvizsgálattal (35-37. élethét között) egy időben mért élősúly tekintetében a P2 és P3 csoport egyedei szignifikánsan ($P < 0,05$) nagyobb élősúllyal rendelkeztek, mint a P1 csoport tyúkjai (**5. táblázat**). A nagyobb élősúly általánosan kedvezőbb fiziológiai mutatónak tekinthető a termelési időszakban.

A tollhiány tekintetében megállapítottuk, hogy a P2 csoport tyúkjainál szignifikánsan ($P < 0,05$) kisebb mértékű tollhiány tapasztalható, mint P1-nél, míg a P3 csoport köztes értékeket mutatott és nem különbözött szignifikáns ($P > 0,05$) mértékben sem a P1, sem a P2 csoporttól (**5. táblázat**). A P2 csoportban rögzített legkisebb tollhiány alapján a társas viselkedés kedvezőbb alakulására következtethetünk a többi csoporthoz viszonyítva, hiszen a tollhiány mértékének alakulása a szociális viselkedési zavarok (pl. tollcsipkedés, agresszió) fontos jele lehet.

5. táblázat. Az élősúly, a tollhiány, és a felvételezett viselkedésformák alakulása a csoportokban

	P1	P2	P3
Élősúly (kg)	1,95±0,16 ^b	2,07±0,19 ^a	2,02±0,20 ^a
Tollhiány (0-5 skálán)	1,98±1,02 ^a	1,67±0,98 ^b	1,75±0,95 ^{ab}
Összes tollpiszkálás	3,38±3,35	2,71±2,95	2,60±2,33
Enyhe tollpiszkálás (GFP)	2,22±2,65	1,60±2,09	1,54±1,67
Súlyos tollpiszkálás (SVP)	1,17±2,02	1,11±1,88	1,06±1,45
Összes agresszió	2,14±3,27^a	0,91±2,68^b	0,79±1,89^b
Agr. csipkedés (fej)	1,62±2,65 ^a	0,63±1,62 ^b	0,71±1,85 ^b
Agr. csipkedés (test)	0,49±0,97 ^a	0,24±1,13 ^b	0,08±0,36 ^b
Harc	0,03±0,18	0,03±0,18	0,00±0,00
Összes aktivitás	2,65±3,57	2,46±2,92	2,51±3,33
Futás	1,05±2,38	1,03±1,73	0,86±2,47
Felugrás	0,34±1,69 ^a	0,09±0,37 ^{ab}	0,05±0,25 ^b
Kapirgálás	1,26±2,21	1,34±2,34	1,60±2,30
Összes komfortviselkedés	4,48±3,28^b	6,23±4,39^a	4,53±3,11^b
Tollázkodás	3,07±2,93	3,49±3,13	2,88±2,53
Szárnycsapkodás	0,88±1,23 ^b	1,70±1,80 ^a	0,79±1,12 ^b
Tollborzolás	0,39±0,67 ^b	0,91±1,08 ^a	0,68±1,07 ^b
Nyújtózás	0,14±0,46	0,13±0,36	0,17±0,44
Összes pihenés	0,76±1,34	0,77±1,74	0,83±1,26
Fekvés	0,65±1,29	0,56±1,59	0,61±1,13
Alvás	0,11±0,31	0,21±0,52	0,22±0,58

A viselkedés-vizsgálatok során rögzített összes, enyhe vagy súlyos tollpiszkálás nem mutatott szignifikáns ($P>0,05$) különbségeket a csoportok

között, azonban a P2 és a P3 csoportnál mindegyik tollpiszkálási viselkedésforma tekintetében kevesebb esetet regisztráltunk, mint a P1 tyúkoknál.

Német Lohmann Brown Classic tojóhibrid állományban különböző alomtípusoknál 0,004–0,073 közötti átlagos esetszámmal rögzítettek súlyos tollcsipkedést háromperces megfigyelési időszakok alatt (Zepp *et al.*, 2018), ami óránként hozzávetőleg 0,08–1,46 súlyos tollpiszkálást jelent, és összevethető mértékű a saját vizsgálataimban megfigyelt átlagos esetszámokkal.

A P2 és a P3 csoport szignifikánsan ($P < 0,05$) kevesebb agresszív viselkedésformát mutatott, mint a P1 csoport egyedei, különösen a fejre és a testre (hát, farok, szárnyak) leadott agresszív csípések tekintetében (**5. táblázat**).

A P2 csoportban szignifikánsan ($P < 0,05$) több komfortviselkedés volt megfigyelhető, mint a P1 és a P3 csoportokban. A komfortviselkedések között kifejezetten a szárnycsapkodás és a tollborzolás fordult elő statisztikailag igazolható mértékben több alkalommal ($P < 0,05$) a P2 csoport tyúkjainál; ezeken kívül a tollászkodást is nagyobb átlagos esetszámmal rögzítettük a P2 csoportban, bár ez esetben szignifikáns ($P > 0,05$) különbség nem volt egyik csoport között sem.

4.5. A viselkedésformák szerepe a csoportok elkülönítésében

Az RStudio szoftver segítségével Random Forest osztályozást végeztem annak megállapítására, hogy mely viselkedési változók különböztetik meg

leginkább a három vizsgált tojótyúk populációt. A változók fontosságát két tényező alapján értékeltem: az MDA (Mean Decrease Accuracy, átlagos pontosságcsökkenés) alapján, amely azt jelzi, hogy egy változó eltávolítása mennyire csökkenti a teljes osztályozási pontosságot (jellemzően minél nagyobb, annál fontosabb szerepe lehet a változónak a csoportok elkülönülésében), valamint az MDG (Mean Decrease Gini, átlagos Gini csökkenés) alapján, amely pedig azt méri, hogy egy változó mennyire járul hozzá a csomópontok tisztaságához a döntési fák között, azaz minél nagyobb egy változó MDG értéke, annál gyakrabban és hatékonyabban használta a modell az adott változót a csoportok elkülönítésére (**6. táblázat**).

A **6. táblázat** P1–P3 oszlopaiban az egyes csoportokra vonatkozó ún. predikciós hozzájárulási értékek láthatók, amelyek azt jelzik, hogy az adott viselkedési változó milyen irányban és mértékben járul hozzá az egyedek adott csoportba sorolásához.

A Random Forest módszer számos változót azonosított a csoportba sorolás fontos tényezőjeként. Az Össz.Agresszió viselkedés változó rendelkezett a legnagyobb MDA (18,13) és MDG (26,09) értékekkel, ami arra utal, hogy ez a tulajdonságcsoporthoz különbözteti meg legnagyobb mértékben a vizsgált tojótyúk csoportokat, míg a többi viselkedési mintázat a csoportba sorolás szempontjából kevésbé volt informatív.

A komfortviselkedések (kifejezetten pl. a tollászkodás) összesítve szintén jelentős mértékben járultak hozzá a döntési fák tisztaságához, de kevésbé voltak fontosak a csoportba sorolás pontossága szempontjából. Az összes tollpiszkálás a komfortviselkedésekhez hasonló mértékben bizonyult jelentősnek a csoportok közötti különbségek alakulásában, és a szelíd tollpiszkálás előfordulási gyakorisága nagyobb elkülönítő hatással bírt, mint a súlyos tollpiszkálás.

6. táblázat. A viselkedési mintázatok jelentősége a csoportok elkülönítésében a Random Forest módszer alapján

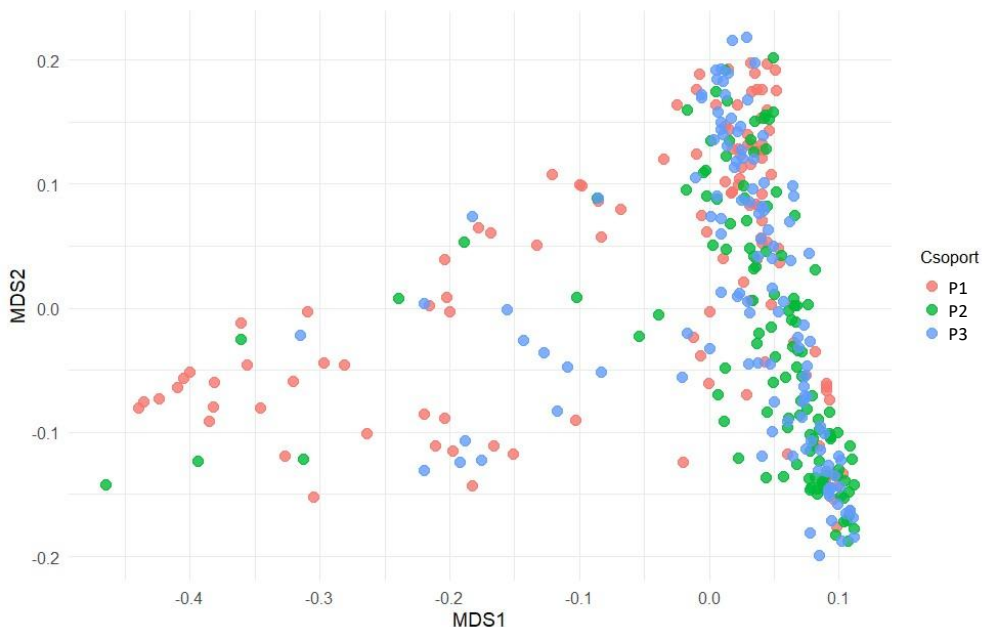
Változó	P1	P2	P3	MDA	MDG
Össz.Agresszió	15,94	9,36	5,76	18,13	26,09
Agr.Test	8,080	2,636	6,098	9,034	6,07
Agr.Fej	4,59	4,64	3,01	7,09	8,61
Agr.Harc	0,42	0,40	3,39	1,75	1,11
Össz.Tollpiszkálás	3,18	0,80	4,66	5,25	18,25
GFP	-0,16	1,87	4,03	3,45	13,28
SFP	0,86	2,05	2,11	2,91	11,16
Össz.Aktivitás	-2,95	4,38	-0,43	0,49	13,37
Futás	-1,86	0,08	0,60	0,00	9,23
Felugrás	-0,43	2,31	0,45	1,27	2,67
Kapirgálás	0,61	1,10	5,57	4,64	11,15
Össz.Komfort	2,75	6,18	1,07	5,99	20,29
Tollászkodás	-0,17	0,98	1,04	1,02	14,89
Nyújtózás	0,33	1,58	-2,79	0,00	3,40
Szárnycsapkodás	-0,36	10,03	2,38	7,41	14,73
Tollborzolás	3,74	3,64	-1,79	3,41	10,41
Össz.Pihenés	0,92	0,59	2,76	0,81	7,44
Fekvés	2,31	0,91	-2,14	1,99	6,75
Alvás	3,15	-0,83	-2,58	0,00	3,68

MDA: Mean Decrease Accuracy; MDG: Mean Decrease Gini; FP: tollpiszkálás; GFP: szelíd tollpiszkálás; SFP: súlyos tollpiszkálás

A kísérleti állományok elkülönítése szempontjából csekélyebb jelentőséggel értékelhető az aktivitás alakulása, a tulajdonságcsoportból pedig legnagyobb elkülönítő hatást a kapirgálás viselkedésforma mutatta.

Eredményeim alapján szintén csekély jelentőséget tulajdoníthatunk a pihenéshez köthető viselkedés-elemeknek, amelyek között az alvás egyáltalán nem alkalmas az adott csoportba tartozás meghatározására, továbbá a fekvés is csak elenyésző mértékben játszott szerepet a modellben.

A Random Forest módszer közelségi mátrixán alapuló MDS (Multidimensional Scaling) szórásdiagramot készítettem a csoportok két dimenzióban történő elkülönülésének szemléltetésére (**18. ábra**).



18. ábra. Az összesített főbb viselkedésformák alapján elkülönített egyedek és csoportok ábrázolása MDS szórásdiagram segítségével

A szórásvázlat ábra vizuálisan megerősíti, hogy a kísérletben szereplő tojótyúk csoportok között a viselkedés alapján kis mértékű elkülönülést figyelhetünk meg. Az RStudio környezetben futtatható `adonis2` csomag segítségével permutációs variancia-analízist (PERMANOVA) végeztem annak megállapítására, hogy az adott csoportba tartozás milyen mértékben magyarázza a különböző viselkedésformák megjelenését a tyúkoknál. A PERMANOVA-teszt statisztikailag igazolható hatást mutatott a vizsgálati csoportok szempontjából ($F=4,94$; $P<0,001$), ugyanakkor a viselkedési tulajdonságok teljes varianciájának mindössze 9,02%-a volt magyarázható azzal, hogy melyik csoportba sorolhatók az egyedek.

Összefoglalásként megállapítható, hogy a csoport ('genotípus') hatása szignifikáns ($P<0,001$) a viselkedésformák alakulásában, vagyis az egyedek genetikai háttere statisztikailag is igazolható hatással van a viselkedésre, ugyanakkor a viselkedési tulajdonságok változékonyságát viszonylag csekély mértékben magyarázza. Eredményeim arra utalnak, hogy az egyedi jellegzetességek (akár a tanult egyedi szokások), az egyed szűk környezetének aktuális alakulása nagyobb befolyással lehetnek a különböző viselkedésformák megjelenésére, mint pusztán az adott csoportba való tartozás. Természetesen az adott genotípus hatása jelentősen felértékelődhet olyan típusú vizsgálatokban, amelyekben genetikailag nagyobb mértékben különböző kísérleti állományokkal dolgoznak, pl. nagyüzemi, intenzív fajták vagy tojóhibrid vonalak viselkedését vetik össze őshonos, kettős hasznosítású fajtákkal (*Bessei és Kjaer, 2015; Kozak et al., 2019*).

Mindezek alapján egyértelműen igazolhatók azok a törekvések, amelyek a mesterséges intelligencia és a gépi látás segítségével az egyedek szintjén igyekeznek adatokat gyűjteni a legkülönfélébb viselkedésformák előfordulási

gyakoriságáról, kifejezetten hosszú időtartamon át, akár a nap minden percében.

4.6. Korreláció a tollhiány, az élősúly és a viselkedésformák között

A 7. táblázat ismerteti a tollhiány, az élősúly és az összesített, főbb viselkedés-kategóriák között megállapított korrelációs együtthatókat.

7. táblázat. A tollhiány, az élősúly és a főbb viselkedésformák közötti Spearman-féle korrelációs együtthatók (zárójelben a P-értékek láthatók)

	Tollhiány	Élősúly	Összes tollpiszk.	Összes agresszió	Összes aktivitás	Összes komfort
Élősúly	-0,065 (0,220)					
Összes tollpiszkálás	0,036 (0,494)	-0,028 (0,592)				
Összes agresszió	0,005 (0,925)	-0,140 (0,008)	0,059 (0,260)			
Összes aktivitás	0,080 (0,131)	-0,001 (0,991)	-0,033 (0,537)	0,154 (0,003)		
Összes komfort	-0,037 (0,485)	0,031 (0,552)	0,133 (0,011)	0,052 (0,324)	-0,145 (0,006)	
Összes pihenés	0,045 (0,394)	0,059 (0,261)	0,089 (0,092)	0,014 (0,784)	0,104 (0,049)	-0,023 (0,659)

A tollhiány nem mutatott szignifikáns kapcsolatot sem az élősúllyal, sem a főbb vizsgált viselkedési formákkal. Az összes tollpiszkálás és a tollhiány közötti statisztikailag igazolható mértékű korreláció hiánya felhívhatja a figyelmet a viselkedés-vizsgálataink korlátaira, hiszen viszonylag rövid időtartamban (1 órás, folyamatos megfigyelési idő) állt módunkban adatot gyűjteni, valamennyi csoport esetében a délelőtti időszakban. Számos szerző

számolt be arról, hogy a tollpiszkálási viselkedés nem egyenletes intenzitással jelentkezik a nap során (*Keeling*, 1994), és egyes napszakokban jellemzően felélénkülhet a tojótyúkoknál, pl. *Savory* (1995) beszámolója alapján a délutáni időszakban fokozódhat, míg *Kjaer és Sørensen* (2002) szerint a világos periódusokban gyakoribb.

Gyenge, de szignifikáns ($P < 0,05$) negatív korrelációt figyelhetünk meg az elősúly és az összesített agresszív viselkedésformák gyakorisága között, ami alapján kijelenthető, hogy a társaiknál kisebb egyedek hajlamosabbak voltak az agresszív viselkedésre. Hasonló megfigyelésről számolt be *Hughes és Duncan* (1972), miszerint a kisebb elősúlyú tyúkok általában a szociális rangsor végére kerülnek, ami miatt fokozott szociális stresszhatásnak vannak kitéve, amihez pedig nagyobb reaktivitás és agresszív hajlam kapcsolódik. *Keeling* (1994) alapján szintén az alacsonyabb státuszú egyedekre jellemző a nagyobb csipkedési hajlam.

Az agresszív viselkedésformák gyenge, szignifikáns ($P < 0,05$) pozitív korrelációt mutattak az aktivitással kapcsolatos viselkedések gyakoriságával. Eredményeim összhangban állnak *Kjaer* (2009) megállapításával, miszerint a káros agresszió jelei genetikai tekintetben és a viselkedési fenotípus szintjén is együtt járhatnak az emelkedett aktivitással, ami hiperaktivitás jellegű viselkedési mintázatot valószínűsít az agresszív egyedeknél.

Azok a tyúkok, amelyek több komfortviselkedést mutattak (pl. tollászkodás), hajlamosabbak lehetnek a tollpiszkálásra, amit pozitív korreláció ($P < 0,05$) jelez a **7. táblázatban**. A tollpiszkálás és a komfortviselkedés közötti összefüggés meglepő eredmény abban a tekintetben, hogy a komfortviselkedések gyakori kifejezését jellemzően az általános jóllét

jelének tekintjük, míg a tollpiszkálást inkább stresszhez vagy társas konfliktushoz kötjük.

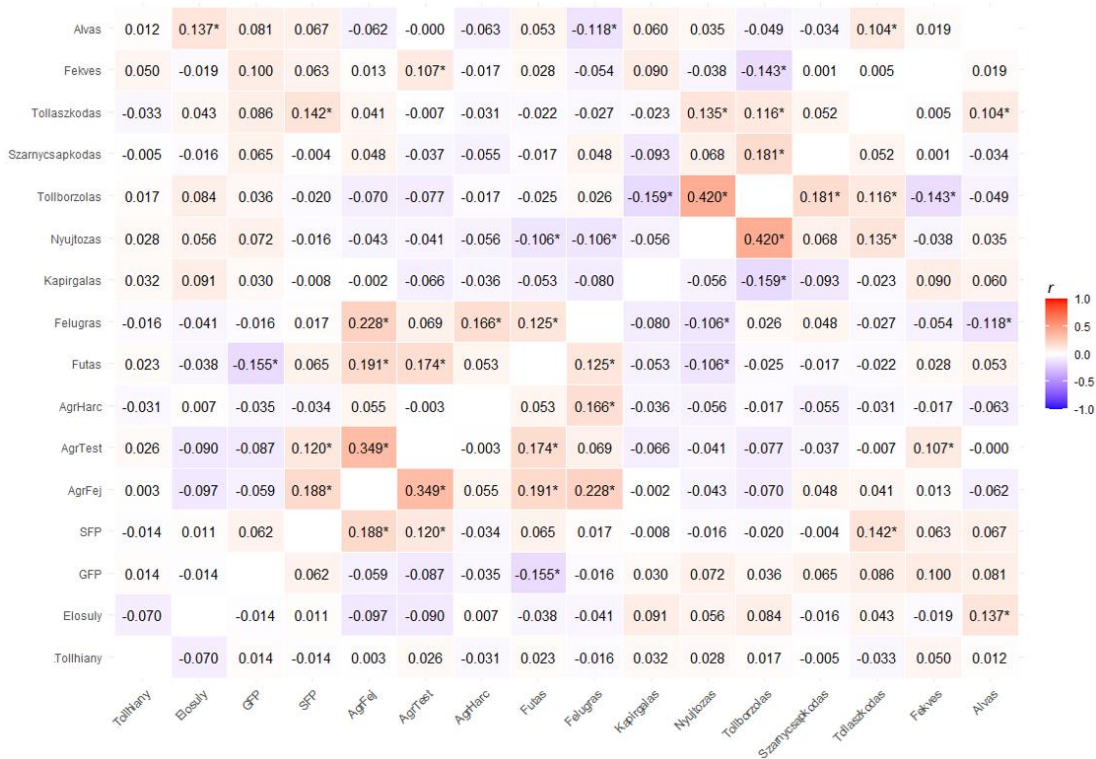
Huber-Eicher és Wechsler (1997) fiatal, 3-7 hetes leghorn állományokban végzett kísérleteik során kimutatták, hogy a tollpiszkálás gyakran ugyanazon viselkedési kontextusban jelenik meg, mint a porfürdőzés. Eredményeik alapján a tollpiszkálás nem minden esetben tekinthető kizárólag stresszreakciónak, hanem bizonyos körülmények között a felfedező viselkedés motivációs rendszeréből alakulhat ki. A rácspadozaton nevelt növendékek esetében a porfürdőzés biztosítása nem mérsékelte a tollpiszkálás előfordulását, azonban a szalma alományag behelyezése csökkentette a viselkedésforma gyakoriságát.

Bilcik és Keeling (2000) 22-37 hetes Hisex White tojótyúkok esetében megállapította, hogy a tollpiszkálás pozitív kapcsolatban áll a felfedező viselkedéssel: a padozatra irányuló csipkedés (angolul 'ground pecking' – jellemzően táplálékkereső viselkedés) növekedése összefüggést mutatott a tollpiszkálással. Eredményeik szerint a tollpiszkálás számos esetben nem elkülönült, kóros viselkedésformaként jelenik meg, hanem átmenetet képez a komfort- és takarmánykereső viselkedések között. A 15-30-60-120 egyedből álló vizsgálati csoportjaik esetében megállapították, hogy a növekvő csoportméret fokozódó tollpiszkálással és agresszív viselkedéssel járt.

Az összes komfort és aktív viselkedésformák között gyenge, negatív, szignifikáns ($P < 0,05$) kapcsolat figyelhető meg, vagyis az aktívabb tyúkok kevesebb komfortviselkedést mutattak. Az aktív viselkedések dominanciája az adott csoportokban csökkentheti a komfortviselkedésekre fordított időt; a negatív korreláció a viselkedési időbeosztás kompromisszumaira, valamint az egyedek, vagy a csoportok közötti eltérő aktivitási stratégiákra utal.

Az aktív mozgáshoz és a pihenéshez kapcsolódó viselkedésmintázatok között gyenge, de szignifikáns ($P < 0,05$) pozitív korreláció figyelhető meg, ami ellentmondásosnak tűnhet, azonban feltételezhetjük, hogy az aktívabb időszakokat gyakran pihenési periódusok követik, így nem az aktivitás és pihenés mennyisége, hanem azok ciklikussága magyarázhatja a kapcsolatot a két viselkedéscsoport között.

A részletes viselkedési mintázatok és a fenotípusos változók közötti korrelációs együtthatókat a **19. ábra** szemlélteti, amelynek összeállításához Percentage Bend típusú korrelációt alkalmaztam.



19. ábra. A tollhiány, az élősúly és az egyes viselkedésformák közötti korrelációk részletes hő térképe

A tollhiány nem mutat erős korrelációt egyik viselkedésformával sem, nincs statisztikailag szignifikáns kapcsolat. Ez azt sugallja, hogy a megfigyelt viselkedések közvetlenül nem függenek össze a tollhiány mértékével. Az elősúly pozitívan korrelál az alvással, és negatívan az agresszív viselkedésekkel, ami arra utalhat, hogy a jobb állapotban lévő egyedek kevésbé hajlamosak az agresszióra.

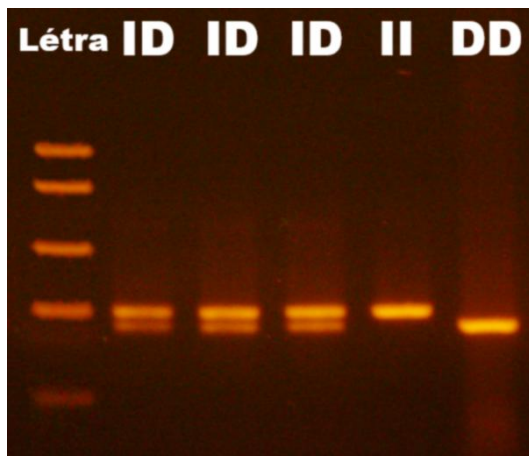
A felugrás viselkedés erős pozitív kapcsolata az agresszív csípés testre – és fejre alapján azt jelzi, hogy azok az egyedek, amelyek gyakran felugranak, több testre irányuló agressziót is mutatnak, valamint lehetséges, hogy a térbeli mozgékonyság (pl. rangsorharcok során) elősegíti az agresszív interakciókat. Ez utalhat dominanciaviselkedésre vagy fokozott aktivitásra, amely együtt jár az agresszióval. Az agresszív test- és fejre történő csípések esetében az agresszió két formája szorosan együtt jár, ami validálja a viselkedési kategóriák konzisztenciáját. Akik gyakrabban csípnék testre, azok általában fejre is – tehát ez általános agresszivitási szintet tükrözhet.

A tollborzolás és nyújtózás között a legerősebb pozitív korreláció az egész mátrixban. Ez két relaxációhoz vagy feszültségoldáshoz köthető viselkedés, és együttjárásuk komfortviselkedések gyakoriságára utal. A tollázkodás és az enyhe tollpiszkálás közti kapcsolat utalhat arra, hogy ezek a viselkedések egymás környezetében fordulnak elő.

4.7. A prolaktin (*PRL*) gén 24 bp-os indel polimorfizmusa

A *PRL* promoter régiójában található 24 bp-os indel polimorfizmus genotipizálását minden kísérleti tojótyúk csoportban 100 egyednél (összesen N=300) végeztem el annak érdekében, hogy meghatározzam a csoportokra

jellemző allél- és genotípus-gyakoriságot. A genotípusokat a PCR-t követő agaróz gélelektroforézis segítségével különítettem el (**20. ábra**).



20. ábra. Különböző *PRL* genotípusok futtatási mintázata agaróz gélben

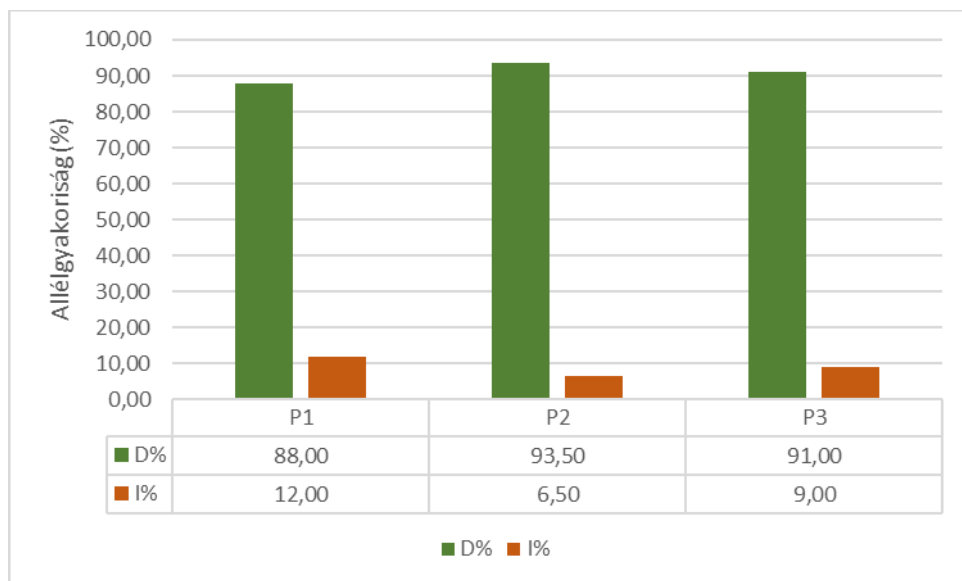
Megállapítottam, hogy a vizsgált *PRL* polimorfizmus mindhárom kísérleti tojótyúk állományban megtalálható. A csoportokra jellemző *PRL* allél- és genotípus-gyakoriságot a **21.** és a **22. ábra** szemlélteti.

A deléciót mutató allél (D) mindhárom csoportban jelentősen nagyobb arányban fordult elő az inzercióval (I) szemben: a legnagyobb D gyakoriság a P2, a legkisebb a P1 csoportban figyelhető meg.

Bár a csoportok között nem volt szignifikáns ($P > 0,05$) különbség a tojástermelési intenzitásban (ld. **3. táblázat**), ugyanakkor érdemes megjegyezni, hogy a legnagyobb I allélgyakorisággal jellemezhető P1 csoport érte el a legnagyobb intenzitást a teljes termelési időszakban. Számos szerző (pl. Cui et al., 2006; Jiang et al., 2005) eredményei szerint a kifejezetten intenzív tojástermelésre alkalmas fajtákban (pl. fehér leghorn)

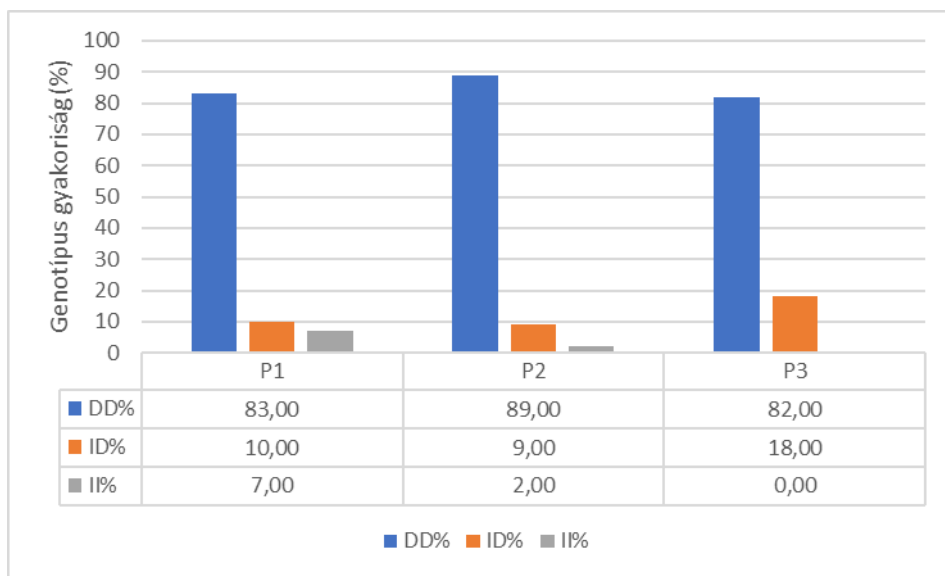
jellemzően az inzerció aránya nagyobb (megközelíti a 100%-ot), míg a gyengébb tojástermelési intenzitást mutató őshonos fajtákban (pl. nongdahe, yangshan) a deléció változat gyakoribb. A deléció nagy aránya a Rhode Island fajta sajátosságának tekinthető, amit – az inzerció több fajtánál igazolt kedvező hatása ellenére – a tojástermelésre irányuló szelekció mindmáig nem befolyásolt jelentős mértékben, esetleg szoros kapcsoltságban állhat egyéb kedvező génváltozatokkal a fajta vonalai esetében.

Saját eredményeimhez hasonló allélgyakoriságról számolt be *Shulika és Kulibaba* (2018) Rhode Island Red fajtánál végzett vizsgálataik alapján, ugyanis a deléció allél 94%-os, míg az inzerció 6%-os gyakorisággal fordult elő az állományban. Megállapították, hogy az inzerció allél jelenléte szignifikánsan ($P < 0,05$) nagyobb tojástermeléssel állt összefüggésben, ami igazolhatja az allél kedvező hatását ebben a fajtában is.



21. ábra. A *PRL* allélok gyakorisága a vizsgált populációkban

A különböző *PRL* genotípusok arányát tekintve megállapítható, hogy a legtöbb heterozigóta egyed a P3 csoportban fordult elő, ugyanakkor ebben az állományban nem azonosítottam az inzerció allélt homozigóta formában hordozó egyedet (**22. ábra**).



22. ábra. A *PRL* genotípusok gyakorisága a vizsgált populációkban

Manoharan et al. (2024) eredményei szerint a *PRL* indel polimorfizmus genotípus-gyakorisága II=41,7%, ID =45,7%, DD=12,6% volt az őshonos indiai Tellicherry tyúkfajtában. A vizsgált őshonos fajta esetében nem találtak szignifikáns ($P>0,05$) különbséget a genotípusok között a 40 hetes életkorig elért tojástermelési teljesítményben.

Kilatsih et al. (2020) Lohmann Brown és egy őshonos indonéz fajta (pelung) keresztezett állományában vizsgálta a *PRL* indel polimorfizmusát, és a következő gyakoriságokról számolt be: II=30,17%, ID=42,9%, DD=26,93%.

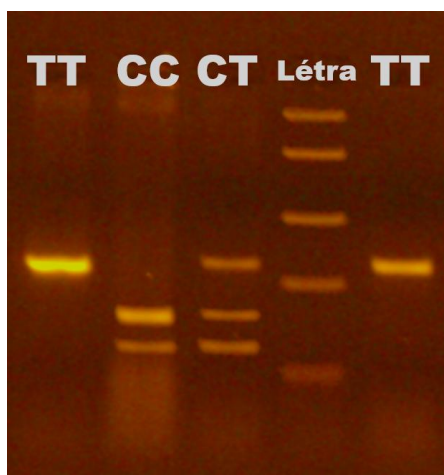
Bagheri Sarvestani et al. (2013) eredményei szerint a *PRL* indel polimorfizmus genotípus-gyakorisága a következő volt: $II=0,417$, $ID=0,457$, $DD=0,126$; a tojástermelés szempontjából szintén az inzerció allél kedvező hatását erősítették meg az állományban.

A *PRL* indel allélok hatásának pontos felmérésére és a kedvező allél azonosítása érdekében további vizsgálatokra van szükség a Rhode Island fajta vonalai esetében. Mivel csoportos tartásmód mellett végeztem a vizsgálataimat, a jelen kutatás keretében nem volt lehetőségem az egyedi tojástermelési adatok gyűjtésére. Az egyedi adatgyűjtés csoportos tartás során is megoldható pl. csapóajtóval felszerelt tojófészkek segítségével, azonban ez rengeteg emberi munkaerőt igényel, emiatt célszerű egyedi ketreces tartásmód esetén megvalósítani.

4.8. A *SORCS2* gén C/T polimorfizmusa

A *SORCS2* gén polimorfizmusa szintén megfigyelhető volt mindhárom csoport esetében. A genotipizálást a PCR-termékek restrikciós enzimmel történő emésztését követően agaróz gélelektroforézis alkalmazásával végeztem el (**23. ábra**). Az alkalmazott *RsaI* enzim a C allél jelenléte esetén végez hasítást.

A megfigyelt allél- és genotípus-gyakoriságok láthatók a **8. táblázatban**.



23. ábra. A különböző *SORCS2* genotípusok hasítási mintázata agaróz gélben

8. táblázat. A *SORCS2* polimorfizmus allél- és genotípusarányai (%) a különböző populációkban

Allél	P1	P2	P3	Teljes állomány
C	80,4	73,8	81,7	78,6
T	19,6	26,3	18,3	21,4
Genotípus				
CC	62,5 (n=75)	51,7 (n=62)	65,8 (n=79)	60,0 (n=216)
CT	35,8 (n=43)	44,2 (n=53)	31,7 (n=38)	37,2 (n=134)
TT	1,7 (n=2)	4,2 (n=5)	2,5 (n=3)	2,8 (n=10)

Az allélgyakoriság szempontjából minden populációban a C allél volt gyakoribb, amely legnagyobb arányban a P3-ban (81,7%) fordult elő, míg a P2 csoportban figyelhető meg a legnagyobb T allélgyakoriság (26,3%). A homozigóta CC genotípus volt a leggyakoribb mindhárom populációban. A CT heterozigóta szintén egyedek jelentős arányt képviselnek, különösen a P2

csoportban (44,2%). A TT homozigóta genotípus ritkának tekinthető a teljes vizsgált állományban (átlagosan 2,8%). A **9., 10. és 11. táblázatban** a vizsgált csoportok (P1–3) szerint, a **12. táblázatban** a teljes kísérleti állományra vonatkozólag részletesen látható a különböző viselkedésformák alakulása a *SORCS2* genotípusok alapján.

Összességében megfigyelhető, hogy a *SORCS2* genotípus nem volt szignifikáns ($P>0,05$) hatással a viselkedési mintázatra egyik csoportban sem, kivételt ez alól mindössze a P2 csoport esetében az összes aktivitás (a TT egyedek aktívabbak, mint a TC genotípusúak), a P3 csoport esetében pedig a szárnycsapkodás (a TT egyedek esetében több, mint a CC és CT tyúkoknál) jelentett. Mindhárom csoportban a CC genotípusnál figyelhető meg a legnagyobb átlagos összes agresszió, de a különbség nem szignifikáns ($P>0,05$) mértékű. A teljes állomány esetében a CC genotípusú egyedek tendenciaszerűen ($P=0,053$) több agresszív viselkedést mutattak, mint a TT tyúkok.

A *SORCS2* gén változatainak a tyúkok viselkedésére gyakorolt hatásairól mindmáig kevés szakirodalmi közlemény érhető el. A gén C/T polimorfizmusa (SNP ID: Gga_rs312463697) és az agresszív viselkedés közötti összefüggésről elsőként *Li et al.* (2016) számolt be a hústípusú, őshonos kínai sárga törpetyúk fajta kakas állományában. *Chen et al.* (2022) őshonos kínai (Xinghua, Luxi Game, Beijing You és Silkie) és nemzetközileg elterjedt kereskedelmi (White Rock és fehér leghorn) fajták mintáiban végzett teljes genomra kiterjedő kópiaszám variáció (CNV) elemzést, aminek eredményeként megállapították, hogy a *SORCS2* gént érintő CNV régió duplikációja kizárólag a Luxi Game fajtában fordult elő. A Luxi Game fajtát jellegzetesen nagy agresszivitása miatt gyakran kakasviadalokon való részvétel céljából tenyésztik.

9. táblázat. Az élősúly, a tollhiány és a felvételezett viselkedésformák alakulása *SORCS2* genotípusok szerint a P1 csoportban

	<i>CC</i> (n=75)	<i>CT</i> (n=43)	<i>TT</i> (n=2)
Élősúly (kg)	1,94±0,15	1,97±0,18	1,84±0,13
Tollhiány (0-5 skálán)	1,93±1,03	2,09±1,23	1,50±0,71
Összes tollpizskálás	3,34±3,55	3,53±3,07	1,50±0,71
Enyhe tollpizskálás	2,37±2,88	2,00±2,26	1,00±0,00
Súlyos tollpizskálás	0,97±1,88	1,53±2,25	0,50±0,71
Összes agresszió	2,36±3,01	1,81±3,74	1,00±1,41
Agr.csipkedés (fej)	1,79±2,44	1,37±3,02	0,50±0,71
Agr.csipkedés (test)	0,53±0,99	0,42±0,96	0,50±0,71
Harc	0,04±0,20	0,02±0,15	0,00±0,00
Összes aktivitás	2,57±3,48	2,81±3,80	2,00±2,83
Futás	1,13±2,84	0,91±1,32	1,00±1,41
Felugrás	0,17±0,76	0,60±2,63	1,00±1,41
Kapirgálás	1,27±2,35	1,30±2,01	0,00±0,00
Összes komfort	4,47±3,39	4,49±3,21	5,00±0,00
Tollászzkodás	3,09±2,93	3,00±3,02	3,50±0,71
Szárnycsapkodás	0,79±1,08	1,05±1,48	1,00±0,00
Tollborzolás	0,37±0,69	0,42±0,63	0,50±0,71
Nyújtózás	0,21±0,55	0,02±0,15	0,00±0,00
Összes pihenés	0,59±1,08	1,02±1,68	1,50±0,71
Fekvés	0,48±1,01	0,91±1,66	1,50±0,71
Alvás	0,11±0,31	0,12±0,32	0,00±0,00

A P1 csoportban (**9. táblázat**) az összes agresszió esetében a *CC SORCS2* genotípus mutatta a legnagyobb átlagos gyakoriságot, de a különbség nem szignifikáns ($P>0,05$) a többi genotípus átlagával összevetve. Az átlagok mellett megfigyelhető, hogy valamennyi viselkedéssel kapcsolatos tulajdonság jellemzően rendkívül nagy szórást mutat. A viselkedés komplex környezeti-genetikai befolyásoltsága és a nagy, egyedek közötti variancia miatt az elemszám növelése lehet indokolt a további etológiai vizsgálatokban.

10. táblázat. Az élősúly, a tollhiány, és a felvételezett viselkedésformák alakulása *SORCS2* genotípusok szerint a P2 csoportban

	<i>CC</i> (n=62)	<i>CT</i> (n=53)	<i>TT</i> (n=5)
Élősúly (kg)	2,11±0,20	2,03±0,17	2,08±0,21
Tollhiány (0-5 skálán)	1,60±1,21	1,74±1,16	2,00±1,23
Összes tollpiszkálás	2,77±3,31	2,57±2,52	3,40±2,88
Enyhe tollpiszkálás	1,58±1,96	1,62±2,24	1,60±2,51
Súlyos tollpiszkálás	1,19±2,32	0,94±1,22	1,80±1,79
Összes agresszió	1,29±3,61	0,43±0,67	1,20±1,78
Agr.csipkedés (fej)	0,85±2,11	0,34±0,65	1,00±1,73
Agr.csipkedés (test)	0,37±1,54	0,09±0,29	0,20±0,45
Harc	0,06±0,25	0,00±0,00	0,00±0,00
Összes aktivitás	3,06±3,46 ^{ab}	1,68±1,91 ^b	3,20±3,03 ^a
Futás	1,21±1,99	0,74±1,23	1,80±2,49
Felugrás	0,10±0,30	0,09±0,45	0,00±0,00
Kapirgálás	1,76±2,82	0,85±1,56	1,40±2,19
Összes komfort	6,00±4,59	6,38±4,21	7,40±4,28
Tollászzkodás	3,44±3,25	3,43±3,00	4,80±3,35
Szárnycsapkodás	1,60±1,61	1,87±2,05	1,20±1,30
Tollborzolás	0,87±1,06	0,92±1,12	1,20±0,84
Nyújtózás	0,10±0,30	0,15±0,41	0,20±0,45
Összes pihenés	0,79±1,93	0,75±1,58	0,60±0,89
Fekvés	0,63±1,83	0,47±1,34	0,60±0,89
Alvás	0,16±0,45	0,28±0,60	0,00±0,00

A P2 csoportban (**10. táblázat**) a homozigóta *TT* egyedek statisztikailag igazolható mértékben ($P < 0,05$) nagyobb aktivitást mutattak, de az asszociáció csak fenntartásokkal tekinthető megbízhatónak, hiszen a populációban mindössze öt *TT* genotípusú egyed fordult elő (esetükben a nagyobb aktivitás mellett nagyobb átlagos összes tollpiszkálást is meg lehet figyelni, bár ennél a viselkedésformánál nem szignifikáns a különbség a genotípusok között).

11. táblázat. Az élősúly, a tollhiány, és a felvételezett viselkedésformák alakulása *SORCS2* genotípusok szerint a P3 csoportban

	<i>CC</i> (n=79)	<i>CT</i> (n=38)	<i>TT</i> (n=3)
Élősúly (kg)	2,03±0,19	1,98±0,22	2,02±0,10
Tollhiány (0-5 skálán)	1,68±0,87	1,87±1,12	2,00±0,00
Összes tollpiszkálás	2,86±2,47	2,18±2,01	1,00±1,00
Enyhe tollpiszkálás	1,67±1,73	1,32±1,54	1,00±1,00
Súlyos tollpiszkálás	1,19±1,54	0,87±1,28	0,00±0,00
Összes agresszió	0,89±2,16	0,63±1,24	0,33±0,58
Agr.csipkedés (fej)	0,80±2,14	0,55±1,13	0,33±0,58
Agr.csipkedés (test)	0,09±0,39	0,08±0,27	0,00±0,00
Harc	0,00±0,00	0,00±0,00	0,00±0,00
Összes aktivitás	2,47±2,86	2,71±4,27	1,00±1,00
Futás	0,85±2,03	0,92±3,31	0,33±0,58
Felugrás	0,04±0,19	0,08±0,36	0,00±0,00
Kapirgálás	1,58±2,31	1,71±2,39	0,67±0,58
Összes komfort	4,71±3,26	3,97±2,78	6,67±2,08
Tollázkodás	3,06±2,62	2,45±2,33	3,67±2,31
Szárnycsapkodás	0,73±1,06 ^b	0,74±0,95 ^b	3,00±2,65 ^a
Tollborzolás	0,78±1,16	0,53±0,86	0,00±0,00
Nyújtózás	0,13±0,37	0,26±0,55	0,00±0,00
Összes pihenés	0,89±1,33	0,74±1,16	0,33±0,58
Fekvés	0,63±1,18	0,58±1,08	0,33±0,58
Alvás	0,25±0,67	0,16±0,37	0,00±0,00

A P3 csoportban (**11. táblázat**) a TT egyedek szignifikánsan ($P < 0,05$) több szárnycsapkodást végeztek a CC vagy a TC genotípushoz képest, azonban a következtetések megfogalmazása során ez esetben is figyelembe kell vennünk, hogy csak három TT genotípusú tyúk volt a populációban. Az összes agresszív viselkedésforma gyakoriságát illetően a P3 csoportban szintén a CC genotípus átlaga a legnagyobb, de a különbség nem szignifikáns ($P > 0,05$) mértékű.

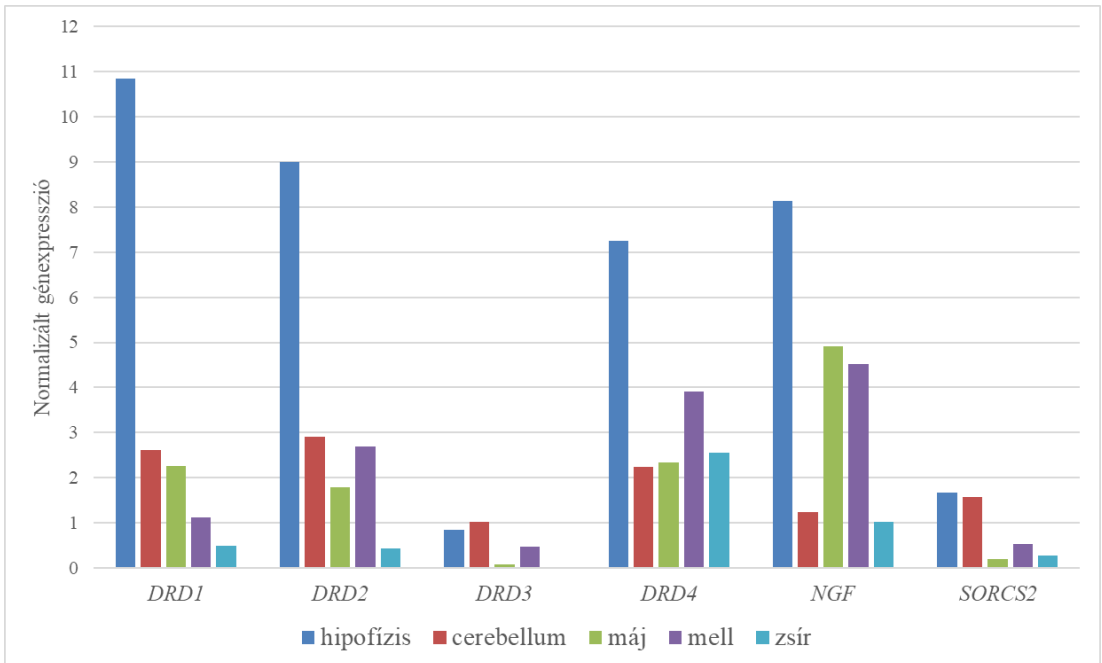
12. táblázat. Az élősúly, a tollhiány, és a felvételezett viselkedésmórok alakulása *SORCS2* genotípusok szerint a teljes állományban

	CC (n=216)	CT (n=134)	TT (n=10)
Élősúly (kg)	2,02±0,19	1,99±0,19	2,01±0,18
Tollhiány (0-5 skálán)	1,75±1,04	1,89±1,17	1,90±0,88
Összes tollpiszkálás	3,00±3,12	2,77±2,63	2,30±2,31
Enyhe tollpiszkálás	1,89±2,27	1,66±2,07	1,30±1,77
Súlyos tollpiszkálás	1,12±1,90	1,11±1,65	1,00±1,49
Összes agresszió	1,51±2,99	0,93±2,32	0,90±1,37
Agr.csipkedés (fej)	1,16±2,28	0,73±1,90	0,70±1,25
Agr.csipkedés (test)	0,32±1,05	0,19±0,61	0,20±0,42
Harc	0,03±0,18	0,01±0,09	0,00±0,00
Összes aktivitás	2,68±3,26	2,34±3,37	2,30±2,49
Futás	1,05±2,33	0,84±2,05	1,20±1,87
Felugrás	0,10±0,49	0,25±1,54	0,20±0,63
Kapirgálás	1,52±2,47	1,24±1,98	0,90±1,59
Összes komfort	5,00±3,77	5,09±3,67	6,70±3,16
Tollászzkodás	3,18±2,91	3,01±2,84	4,20±2,57
Szárnycsapkodás	1,00±1,30	1,28±1,68	1,70±1,77
Tollborzolás	0,67±1,01	0,65±0,94	0,70±0,82
Nyújtózás	0,15±0,43	0,14±0,41	0,10±0,32
Összes pihenés	0,75±1,46	0,84±1,50	0,70±0,82
Fekvés	0,58±1,35	0,64±1,39	0,70±0,82
Alvás	0,18±0,51	0,19±0,47	0,00±0,00

Az összes agresszió tendenciaszerűen ($P=0,053$) nagyobb CC genotípus átlagán kívül megfigyelhető, hogy a teljes állományra vonatkozó (**12. táblázat**) adatsorban a CC egyedek jellemzően több tollpiszkálást és nagyobb aktivitást mutattak, míg a komfortviselkedésekből a legkevesebbet végezték. Az élősúly mindhárom genotípus esetén nagyon hasonlóan alakult, míg a tollhiány mértékét tekintve a CC tyúkknál figyelhető meg a legkisebb átlagos tollazat-károsodás.

4.9. Génexpresszió a különböző szövetekben

A dopamin receptor (*DRD1–4*), az idegi növekedési faktor (*NGF*) és a *SORCS2* gének *YWHAZ* és *RPL32* referenciagének segítségével normalizált expresszióját szövetek (hipofízis, cerebellum, máj, mellizom, zsír) szerint foglalja össze a **24. ábra**.



24. ábra. A vizsgált gének expressziójának alakulása az egyes szövetekben

A *DRD3* gén cerebellumban mért nagyobb, és a zsírszövetben nem mérhető szintű expressziójától eltekintve általánosan megfigyelhető, hogy valamennyi vizsgált gén kifejeződése a hipofízisben volt a legnagyobb, de egyéb perifériás szövetben is detektálhatók voltak a tyúkok mintáiban. A cerebellum mellett, hogy kulcsfontosságú a motoros koordinációban és az egyensúly

fenntartásában, egyre inkább elismert szereppel bír a kognitív, érzelmi és szociális viselkedésformák modulációjában is (*Schmahmann et al.*, 2019); a viselkedést befolyásoló gének expressziós mintázatainak feltárása ezen a területen hozzájárulhat az agresszív viselkedés genetikai hátterének megértéséhez a tojótyúkknál.

A *DRD1* és *DRD2* receptor gén expressziója volt a legnagyobb a hipofízisben. A megfigyelés konzisztens a dopamin receptorok hipofízisben betöltött neuroendokrin szabályozó szerepével, ahol befolyásolhatják a hormonális kiválasztást, amely közvetett módon hatással lehet a reprodukciós teljesítményre és a stresszválaszra. A cerebellum, a máj, a mellizom és a zsírszövet mintákban az expresszió mindkét gén esetében jelentősen alacsonyabb, ugyanakkor a cerebellumban és a mellizomban mindkét gén stabilan detektálható expressziót mutatott, ami utalhat a mozgás-koordinációban és az izomműködésben betöltött szerepükre.

Eredményeimhez hasonlóan *Lv et al.* (2018) lohmann tojóhibridek különböző szöveteiben végzett génexpressziós vizsgálata alapján megállapította, hogy a *DRD2* és a *DRD4* elsősorban a hipofízisben fejeződik ki, ami mellett azonban számos egyéb szövetben detektálhatók.

A *DRD3* gén expressziós szintje általánosan alacsonyabb a többi dopamin receptor génhez képest a vizsgált szövetekben. A *DRD3* jellemzően az agy limbikus régióiban és a prefrontális kéregben fejeződik ki, ahol a motivációban és az érzelmek kialakításában játszhat szerepet. Az alacsony perifériás expresszió azt erősíti meg, hogy a *DRD3* funkciója elsősorban az agyi szövetekre korlátozódik. Jelenleg még kevés információ áll rendelkezésre a *DRD3* expressziójáról tyúkok különböző szöveteinek esetében. *Fujita et al.* (2025) kelés utáni Cobb csibék előagyának különböző

területein mérték fel dopamin receptorok jelenlétét, és elsőként igazolták a *DRD3* kifejeződését számos agyi régióban (pl. az entopalliumban, ami a vizuális ingerek feldolgozásának a központja).

A *DRD4* expressziója magas a hipofízisben, ami megerősítheti a hipofízis dopaminerg alapú szabályozásában betöltött fontosságát. Emellett figyelemre méltó expressziót mutatott a mellizomban és a zsírban is, ami eltérés a *DRD1* és *DRD2* mintázatához képest. A *DRD4*-et az embereknél és számos állatfajnál a figyelemhiányos hiperaktivitási zavarral (ADHD) és a kockázatkereső viselkedéssel hozták összefüggésbe. Madarak esetében a személyiség kialakításáért felelős egyik kandidáns génként említik (*Fujita et al.*, 2025).

Az *NGF* expressziója szintén a hipofízisben volt a legmagasabb. Jelentős kifejeződést tapasztaltam ezen kívül a máj és a mellizom mintákban. A máj az anyagcsere központja, ahol az *NGF* expressziója jelezheti a szervi regenerációs vagy stresszválasz folyamatokban betöltött szerepet. A mellizomban megfigyelt magas expresszió utalhat az izomszövet fejlődésében vagy a fizikai aktivitással kapcsolatos idegi szabályozásban betöltött szerepére. Az *NGF* számos fiziológiai folyamatban játszott fontos szerepét tyúkok esetében is korán felismerték. *Ebendal et al.* (1986) 10 hetes fehér leghorn kakasokban és 18 napos embriókban mérték fel az *NGF* expressziót, és számos szövetben igazolták a jelenlétét, pl. a cerebellumban, a szívben, a májban és a mellizomban. A 10 hetes madarak esetében nagyobb expressziót tapasztaltak, mint az embrióknál. A kifejeződés mértékét a tyúk szövetekben – az emlősökhöz hasonló módon – az adrenerg szimpatikus idegrendszeri neuronok sűrűségével hozták összefüggésbe, ami alapján saját vizsgálataimban meglepően nagy máj- és mellszöveti expresszió

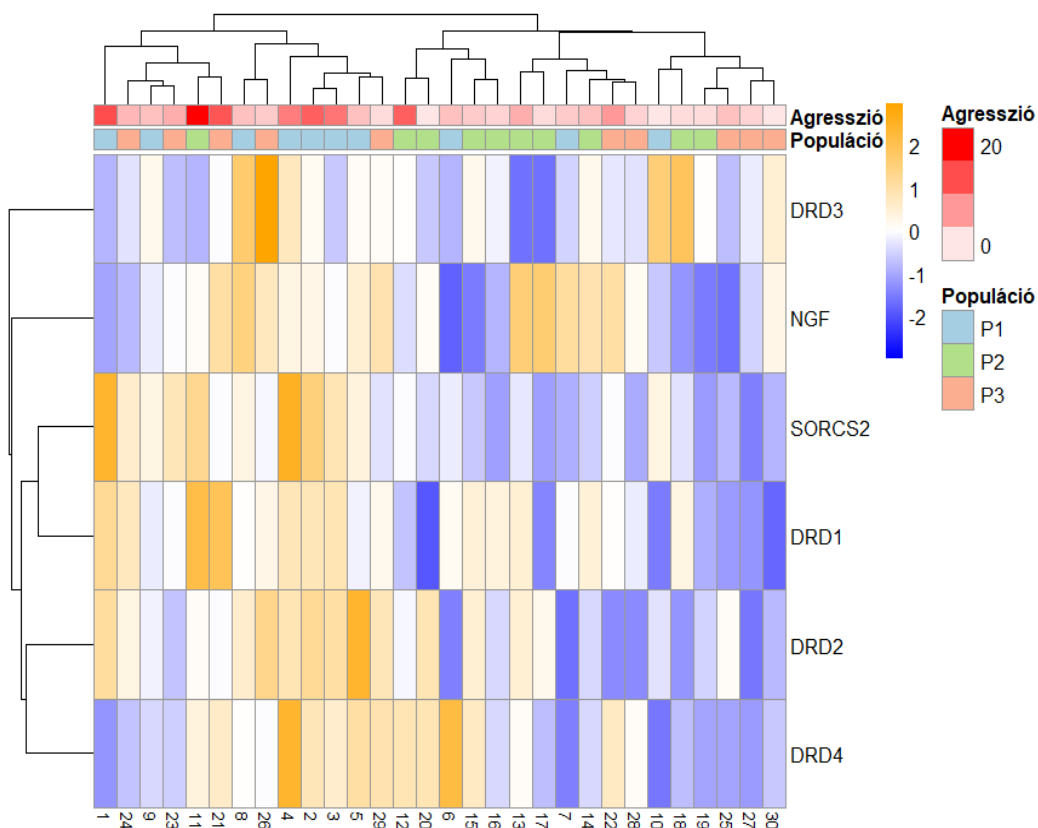
tapasztalható, amely mindkét szövetben időszakos megterhelés (pl. stressz, gyulladási folyamatok, fokozott anyagcsere állapot) eredménye lehet, hiszen napjainkban az NGF immunoendokrin faktorként betöltött szerepe is ismert (*Samarío-Román et al.*, 2023).

Amint azt a 2.7. fejezetben ismertettem, a *SORCS2* gén kulcsfontosságú lehet az agresszív viselkedés kialakulásának genetikai hátterében. A *SORCS2* gén expressziója a hipofízisben volt a legnagyobb, ami a neuroendokrin rendszer központja és szoros kapcsolatban állhat a viselkedés szabályozásával. A *SORCS2* – valószínűleg a dopaminerg útvonalakon keresztül – a központi idegrendszerben betöltött szerepe révén befolyásolhatja az agressziót (*Li et al.*, 2016). Jelentős kifejeződés látható továbbá a cerebellumban, míg alacsonyabb szinten a mellizomban, a májban és a zsírszövetben is expresszálódik. A számos szövetben megfigyelt kifejeződés arra utal, hogy a *SORCS2* nem kizárólag az agyi területeken fejti ki hatását, hanem a perifériás szövetekben is funkciókat tölthet be, amelyek közvetlenül vagy közvetve kapcsolódhatnak a viselkedéshez vagy az általános fiziológiai állapothoz. A *SORCS2* kifejeződéséről kevés információval rendelkezünk a tyúk faj esetében, de *Boggild et al.* (2016) különböző fejlettségű egér embriók vizsgálata során nagy *SORCS2* aktivitásról számoltak be a zsírszövetben, a májban, az izomban, és az emésztőkészülékben is.

4.9.1. A génexpresszió egyedi alakulása különböző szövetekben

A *DRDI-4*, az *NGF* és a *SORCS2* gének tyúk hipofízis mintákban mutatott expressziója látható a vizsgált egyedek szerint a **25. ábrán**. A klasztergramon a normalizált génexpresszió egyedek közötti relatív mértékét jelzi a színskála: a narancssárga szín nagyobb, a kék színezet kisebb kifejeződésre utal. Az

'Agresszió' skálán a megfigyelési időszakban egyedenként rögzített összes agresszív viselkedésformák mértéke látható, ahol az intenzívebb piros szín nagyobb agresszióra utal (a génexpressziós vizsgálatban szereplő egyedek 0-20 közötti esetben mutattak agresszív viselkedésformát).



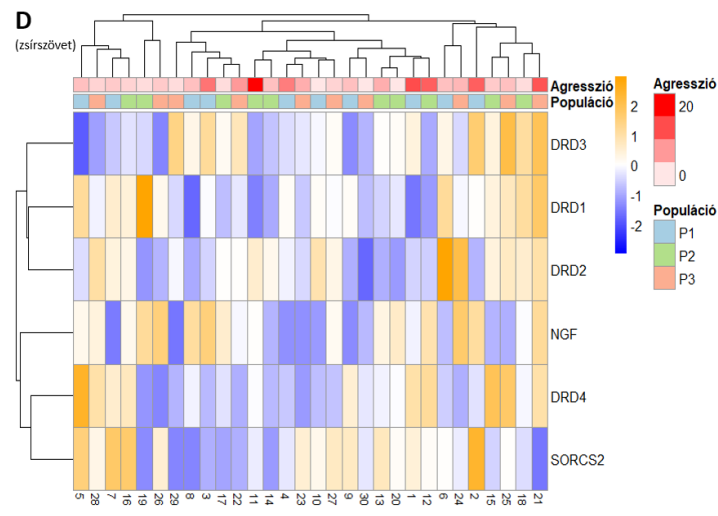
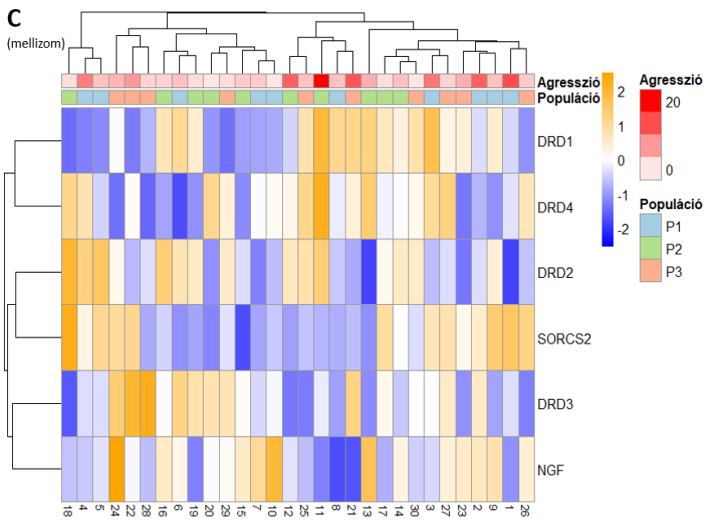
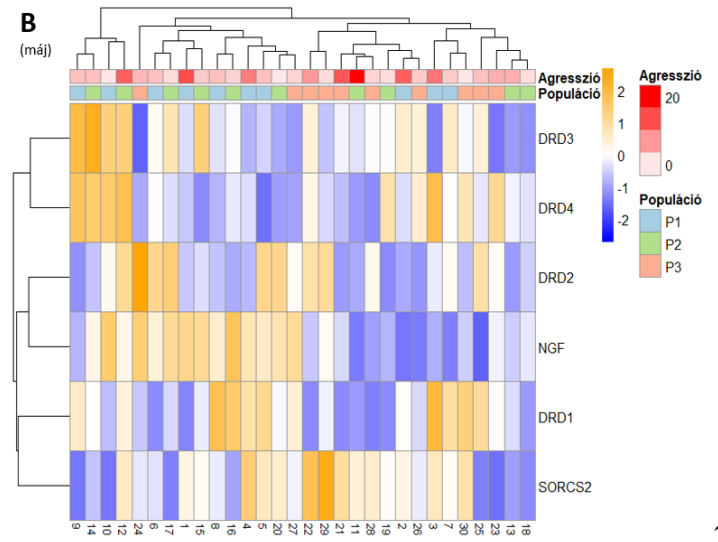
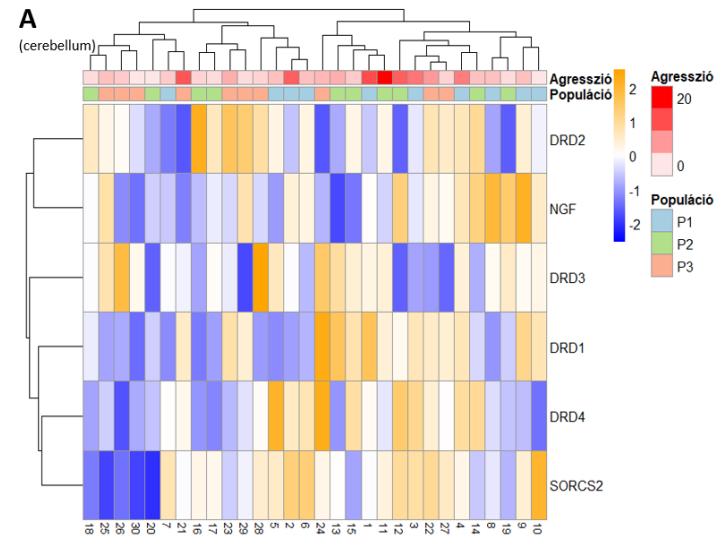
25. ábra. A vizsgált gének expressziójának klasztergramja a tyúk hipofízis mintákban

A **25. ábrán** látható módon elkülöníthető egy agresszívabb (az ábra bal oldalán) és egy kevésbé agresszív (az ábra jobb oldalán) csoport a génexpresszió mérése céljából összeállított teljes vizsgált állományban.

Megállapítható, hogy a *SORCS2* expressziós mintázata alapvetően az agresszió mértékét követi, hiszen nagyobb kifejeződés figyelhető meg az élénkebb piros színnel jelölt, több agressziót mutató egyedek klaszterénél, mint a kevés agresszív viselkedést mutató tyúkoknál. A *SORCS2* génnél megfigyelhető mintázatot a hipofízisben a vizsgált gének közül leginkább a *DRD1* követte, ezután külön klasztert alkotva láthatjuk a *DRD2* és a *DRD4* géneket, végül pedig ezektől az *NGF* és a *DRD3* gének mintázata különül el leginkább. A hierarchikus klaszterezés alapján a D2 és a D4 dopamin receptor gének (*DRD2–DRD4*) expressziós profiljai a hipofízisben egymáshoz hasonló mintázatot mutattak, ami alapján közös szabályozási mechanizmusra és funkcionális kapcsolatra következtethetünk.

A **26. ábra** a vizsgált gének expresszióját mutatja a további szövetekben. Az ábrán összesítve látható a cerebellumban (A), a májban (B), a mellizomban (C) és a zsírszövetben meghatározott génaktivitást, a hipofízis minták ábrájához (**25. ábra**) hasonló módon, az egyedek közötti relatív változásokat figyelembe véve. Összességében megfigyelhető, hogy az agresszív klaszterek és a *SORCS2* aktivitás mintázata a további négy szövet esetében kevésbé mutat összefüggő eloszlást a hipofízis mintákhoz viszonyítva.

A *SORCS2* a cerebellumban a *DRD4* és a *DRD1* génnel, a májban a *DRD1* génnel, a mellizomban a *DRD2* génnel, míg a zsírszövetben a *DRD4* és az *NGF* génnel alkotott közös klasztert. A *SORCS2* és a *DRD1* gén alkotta klaszternek fontos szerepe lehet az agresszív viselkedés kialakulásában, hiszen mindkét gén szerepe külön-külön is összefüggésbe hozható az agresszióval a tyúk fajban (*Li et al.*, 2016; *Dennis és Cheng*, 2011).

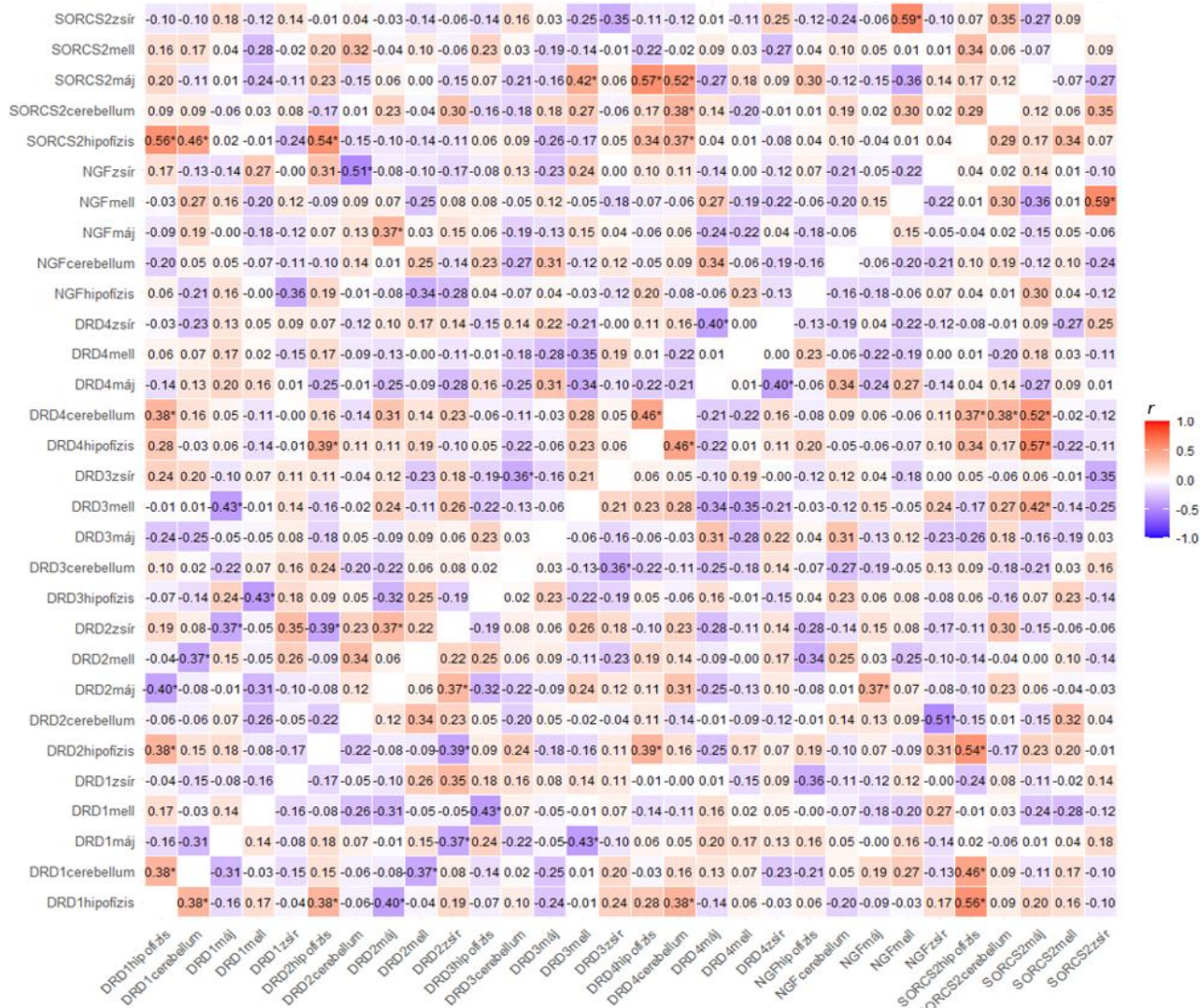


26. ábra

A **27. ábra** hőtérkép segítségével szemlélteti a vizsgált gének különböző szövetekben mért, *YWHAZ* és *RPL32* gének alkalmazásával normalizált expressziója közötti Spearman-féle korrelációs együtthatókat.

A *SORCS2* és a dopamin rendszer közötti összefüggést igazolják azok a gyenge-közepes, de szignifikáns ($P < 0,05$) pozitív korrelációs együtthatók, amelyek a hipofízis *SORCS2* értéke és a hipofízis *DRD1* ($r = 0,56$), a cerebellum *DRD1* ($r = 0,46$), a hipofízis *DRD2* ($r = 0,54$), vagy a cerebellum *DRD4* ($r = 0,37$) értékei között figyelhetők meg. A dopamin receptorok és a *SORCS2* aktivitás között hasonló összefüggésről számoltak be *Li et al.* (2016) *SORCS2* génkiütött DF-1 embrionális tyúk fibroblaszt sejtenyészetek alkalmazása során, ugyanis a *SORCS2* géncsendesítés eredményeként szignifikáns ($P < 0,05$) mértékben csökkent a *DRD1*, *DRD2*, *DRD3*, *DRD4* és *NGF* gének expressziója is. A *SORCS2* aktivitás és az *NGF* szintje között saját vizsgálataim során nem állapítottam meg szignifikáns ($P > 0,05$) korrelációt az egyik szövet esetében sem. A *SORCS2* hipofízisben mért értéke a gén többi szövetben tapasztalt expressziójával pozitív összefüggést mutatott, de a korreláció egyik esetben sem volt szignifikáns ($P > 0,05$).

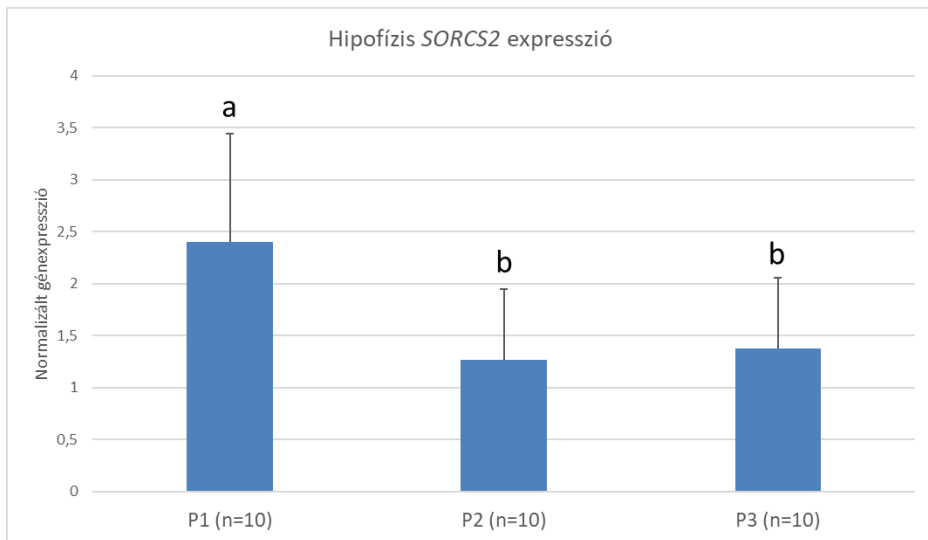
A *DRD1* hipofízisben mért szintje pozitív, szignifikáns korrelációt mutatott a cerebellum *DRD1*, a hipofízis *DRD2*, és a cerebellum *DRD4* értékeivel (mindegyik esetben $r = 0,38$; $P < 0,05$). A hipofízis minták tekintetében eredményeim alapján szintén igazolható a *DRD2* és a *DRD4* aktivitás összehangoltsága ($r = 0,39$; $P < 0,05$), ami megerősíti, hogy tojóttyúkokban ugyanahhoz a funkcionális dopaminerg rendszerhez sorolhatók (*Lv et al.*, 2018).



27. ábra. A vizsgált gének expressziójának részletes korrelációs hőtérképe különböző szövetekben

4.10. Hipofízis *SORCS2* expresszió a vizsgált csoportokban

A három kísérleti csoport hipofízis mintáiban mért *SORCS2* génexpresszió alakulását szemlélteti a **28. ábra**.

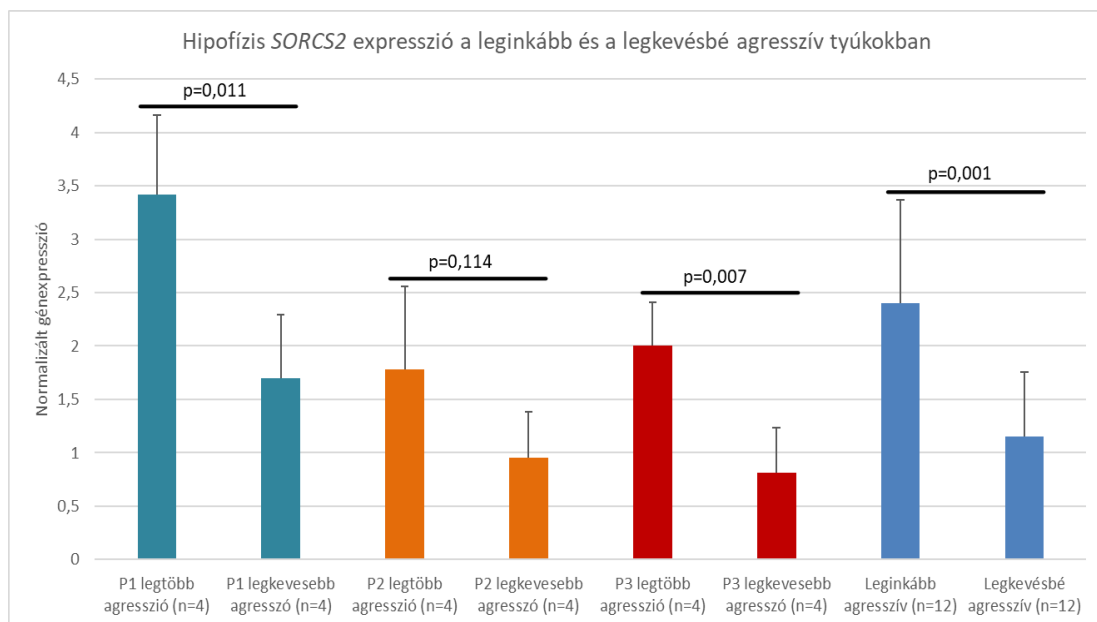


28. ábra. A *SORCS2* expressziója a vizsgált csoportok hipofízis mintáiban

A hipofízis *SORCS2* génexpressziója szignifikáns ($P < 0,05$) mértékben nagyobb volt a P1 csoportban, mint a P2-ben vagy a P3-ban, míg a P2 és P3 csoportok között nem volt szignifikáns különbség. A *SORCS2* hipofízisben mért aktivitása a csoportok szintjén összhangban van az agresszió alakulásával, hiszen a legtöbb agresszív viselkedésformát a P1 tyúkknál rögzítettük (ld. **5. táblázat**). A csoportszinten igazolható mértékben eltérő *SORCS2* expresszió alapján megerősíthetjük, hogy a különböző eredetű populációk genetikailag kisebb vagy nagyobb mértékben lehetnek

hajlamosak az agresszív viselkedésre (genetikai predispozíció), a genetikai szabályozásban pedig a *SORCS2* gén fontos szerepet tölthet be.

Megvizsgáltam, hogy a csoportokon belül milyen mértékű különbség figyelhető meg a leginkább és a legkevésbé agresszív tyúkok *SORCS2* gén-expressziója között a hipofízisben (**29. ábra**).



29. ábra. A *SORCS2* expresszió alakulása csoportonként a leginkább agresszív és a legkevésbé agresszív tyúkok hipofízis mintáiban

Az értékelés során megállapítottam, hogy a hipofízisben mért *SORCS2* expresszió a P1 és a P3 csoportban, valamint a teljes vizsgálati állomány esetében is szignifikáns ($P < 0,05$) különbségeket mutatott az agresszió mértékétől függően. Az egyes populációkon belüli összehasonlítás során megfigyelhető volt, hogy mindhárom populációban a leginkább agresszív

egyedek magasabb *SORCS2* expressziót mutattak, mint a legkevésbé agresszív egyedek.

A P1 csoportban a legagresszívebb madarak *SORCS2* expressziója szignifikánsan nagyobb volt a legkevésbé agresszív egyedekhez képest ($P < 0,05$).

A P2 populációban hasonló tendencia figyelhető meg, azonban a különbség nem érte el a szignifikancia szintet ($P > 0,05$), ami arra utal, hogy ebben a csoportban az agresszióhoz kapcsolt expressziós változás gyengébb vagy egyedileg változékonyabb volt.

A P3 csoportban szintén szignifikáns ($P < 0,05$) emelkedés volt kimutatható a hipofízis *SORCS2* expresszióban a legagresszívebb egyedeknél, ami megerősíti, hogy a *SORCS2* nagyobb kifejeződése a magasabb agresszió-szintekhez köthető.

Amikor mindhárom csoport összes legagresszívebb és legkevésbé agresszív egyedeit hasonlítottam össze, a *SORCS2* expresszió közötti különbség még markánsabban és erősen szignifikánsan jelent meg ($P < 0,01$); mindez alapján arra következtethetünk, hogy a megnövekedett *SORCS2* aktivitás általános és populációfüggetlen módon kapcsolódik az agresszív viselkedéshez.

A *SORCS2* C/T genotípus nem mutatott szignifikáns ($P > 0,05$) összefüggést a génexpresszió mértékével, ami alapján feltételezhető, hogy a gén egyéb polimorfizmusai nagyobb szerepet játszhatnak a gén kifejeződésének irányításában; ezek azonosításához célzott szekvenálásra van szükség, ami további vizsgálatok alapját jelentheti.

Eredményeim alapján tojóttyúk esetében is igazolhatók *Li et al.* (2016) megállapításai, amelyek szerint az agresszívebb kakasokban a *SORCS2* gén emelkedett, nagyobb expressziója volt megfigyelhető.

5. ÖSSZEFOGLALÁS

Vizsgálataim során három, hazai előállítású, Rhode Island alapú tojótyúk állomány esetében mértem fel egyes értékmérő tulajdonságokat a 20-52. élethét közötti termelési időszakban. A teljes termelési időszakra vetített tojástermelési intenzitást zárt, mélyalmos és kifutóval ellátott, mélyalmos tartásmód esetében is értékeltem. Mindhárom vizsgálati állományban a kifutóval ellátott tartásmód mellett figyeltem meg nagyobb tojástermelést, de a különbség az egyik csoport esetében sem volt szignifikáns ($P>0,05$) mértékű.

Az alomtojások arányát szintén meghatároztam a termelési időszak folyamán zárt és kifutózott tartásmódban. Megállapítottam, hogy nem volt szignifikáns ($P>0,05$) különbség az alomtojások arányában a vizsgált csoportok között a zárt tartásmód esetén. A zárt és a kifutóval ellátott tartástechnológia szempontjából a kifutó alkalmazása esetén volt kisebb az alomtojások aránya mindhárom vizsgált csoportnál a teljes termelési időszakra vetítve, de a különbség nem volt statisztikailag igazolható mértékű a csoportokban ($P=0,10-0,16$ között).

Az elhullási arány a 30. élethéten nem különbözött a zárt és a kifutóval ellátott csoportok között, az 52. élethéten viszont a P1 és a P2 állomány esetében nagyobb ($P<0,05$) volt a kifutózott tartásmódban, mint a zárt csoportokban. A csoportok szempontjából a P1 tyúkok esetében figyeltem meg a legnagyobb elhullási arányt, mindkét tartásmódban és időpontban (30. és 52. élethéten).

Eredményeim alapján a P1 és a P2 tojótyúk konstrukció esetében nem javasolható a kifutó alkalmazása, hiszen az a tojástermelési intenzitásra nem

gyakorolt javító hatást ($P > 0,05$), míg az elhullási arány szempontjából statisztikailag igazolhatóan kedvezőtlen hatással bírt ($P < 0,05$). A kifutós tartásmód a P3 csoport szempontjából összességében kedvező hatást gyakorolt, csökkent az alomtojás arány, javult és kiegyenlített volt a tojástermelési intenzitás, míg nem nőtt jelentős mértékben az elhullási arány.

Zárt tartásmód esetén felmértem a főbb viselkedési mintázatok előfordulási gyakoriságát mindhárom kísérleti tyúk állományban, 35-37 élethetes korban. Az agresszív viselkedésformákat szignifikánsan ($P < 0,05$) több esetben mutatta a P1 csoport, mint a P2 vagy a P3, továbbá a tollhiány mértéke a P1 tyúkoknál nagyobb volt, mint a P2 madaragnál. A P2 tyúkoknál figyeltem meg a legtöbb komfortviselkedési mintázatot ($P < 0,05$).

A teljes állomány tekintetében negatív korrelációt figyeltem meg az élősúly és az agresszív viselkedésformák előfordulása között ($r = -0,140$; $P < 0,05$), továbbá az aktivitás és a komfortviselkedés között ($r = -0,145$; $P < 0,05$). Pozitív korrelációt találtam az agresszió és az aktivitás ($r = 0,154$; $P < 0,05$), valamint a tollpiszkálás és a komfortviselkedés ($r = 0,133$; $P < 0,05$) között.

A kísérleti csoportok elkülönítéséhez legnagyobb mértékben az agresszív és a komfortviselkedési mintázat járult hozzá. A viselkedési mintázat alakulására a csoportnak (P1, P2, P3) szignifikáns ($P < 0,001$) hatása volt, ugyanakkor összességében a varianciának csak csekély részét (9,02%) magyarázta a külön-külön csoportba való tartozás.

A ketrec nélküli termelési környezetben végzett viselkedésvizsgálatoknak egyre nagyobb szerepe lehet a kereskedelmi hibridek előállításában, szelekciója során. A hagyományos módszerekkel történő viselkedési adatgyűjtés rendkívül sok emberi erőforrást igényel, míg a gépi látás fejlődése ígéretes alternatívát biztosíthat a közeljövőben tojótyúk állományok egyedi megfigyelésére. A mesterséges intelligencia alapú egyedi adatgyűjtés és -

értelmezés fejlesztéséhez azonban elengedhetetlen, hogy a lehető legnagyobb és legrészletesebb, emberek által összeállított, viszonyítási alapként használható adatbázissal rendelkezünk – mindez pedig jelenleg nagyon kevés tojástermelő fajta vagy hibrid és tartástechnológiai változat esetében áll rendelkezésre.

Mindhárom csoportban meghatároztam a prolaktin gén (*PRL*) promoter régiójában található 24 bp-os indel polimorfizmus allél- és genotípus-gyakoriságát. A számos fajtában kedvező hatással megfigyelt inzerció allél gyakorisága a P1 csoportban 12%, a P2-ben 6,5%, a P3-ban 9% volt. Bár a csoportok között nem volt jelentős különbség a tojástermelési intenzitásban ($P>0,05$), megállapítottam, hogy a legnagyobb inzerció gyakorisággal rendelkező P1 csoport érte el a teljes termelési időszakra vonatkozólag legnagyobb átlagos termelési intenzitást (83,7%; a P2 csoport 82,2%-ával és a P3 csoport 76,8%-ával szemben). A Rhode Island alapú állományokban további, egyedi tojásgyűjtéssel kiegészített vizsgálatokra van szükség a *PRL* polimorfizmus hatásának pontosabb értékeléséhez.

A *SORCS2* gén C/T polimorfizmusának genotipizálásához PCR-RFLP alapú módszert dolgoztam ki. Meghatároztam a három kísérleti csoportban az allél- és genotípus-gyakoriságot, továbbá a *SORCS2* genotípus szempontjából értékeltem a viselkedési mintázatok megoszlását. A *SORCS2* genotípus egyetlen csoport esetében sem volt szignifikáns ($P>0,05$) hatással a főbb viselkedésminták alakulására, ugyanakkor a teljes állomány tekintetében a CC tyúk tendenciaszerűen ($P=0,053$) több agresszív viselkedést mutattak a TT egyedekhez képest.

Valós idejű PCR módszer segítségével meghatároztam a dopamin receptor D1-4 (*DRD1-4*), az idegi növekedési faktor (*NGF*) és a *SORCS2* gének expresszióját a hipofízisben, a cerebellumban, a májban, a mellizomban, és a zsírszövetben. Valamennyi gén esetében jelentős mértékű kifejeződést állapítottam meg a hipofízisben, ugyanakkor igazoltam aktivitásukat a többi vizsgált szövetben is.

A hipofízisben mért *SORCS2* génexpresszió esetében szignifikáns ($P < 0,05$) különbséget tapasztaltam a csoportok között, ahol a P1 állományban volt a legnagyobb a kifejeződés. A P1 és a P3 csoportban, továbbá a teljes vizsgálati állományban a legtöbb agressziót mutató tyúk hipofízisében nagyobb ($P < 0,05$) *SORCS2* expressziót figyeltem meg, mint a legkevésbé agresszív tyúkoknál. Eredményeim igazolják, hogy a *SORCS2* génnek tojótyúkoknál is jelentős szerepe lehet az agresszív viselkedés alakításában.

6. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK

1. Három, hazai fejlesztésű tojótyúk állományban (P1, P2, P3) értékeltem a zárt, mélyalmos és a kifutóval ellátott, mélyalmos tartásmód hatását egyes termelési értékmérő tulajdonságok alakulására. Nem állapítottam meg szignifikáns ($P > 0,05$) különbséget sem a tojástermelési intenzitás, sem az alomtojás arány esetében, míg a kifutóval ellátott P1 és P2 állományban nagyobb ($P < 0,05$) elhullási arány alakult ki az 52. élethétén, mint a zárt csoportokban.
2. Részletes viselkedésvizsgálatot végeztem a három kísérleti tojótyúk csoportban ($N=360$). Megállapítottam, hogy a P1 állomány több ($P < 0,05$) agresszív viselkedésformát mutat, mint a P2 vagy a P3 csoport. Az agresszív viselkedés negatív korrációt mutatott az élősúllyal ($r = -0,140$; $P < 0,05$), és pozitív korrelációban volt az aktivitással ($r = 0,154$; $P < 0,05$). Szintén pozitív összefüggést figyeltem meg a tollpiszkálás és a komfortviselkedések között ($r = 0,133$; $P < 0,05$).
3. Igazoltam a *SORCS2* gén C/T polimorfizmusának jelenlétét tojótyúkokban. A kísérleti állományokban a polimorfizmusnak nem volt szignifikáns ($P > 0,05$) hatása a viselkedésmintázatra. A homozigóta C genotípus esetében tendenciaszerűen ($P = 0,053$) több agressziót figyeltem meg, mint a homozigóta T egyedeknél.

4. Génexpressziós vizsgálataim alapján megfigyeltem, hogy a *SORCS2* gén expressziója szignifikánsan ($P < 0,05$) nagyobb a P1 csoport hipofízisében, mint a P2 vagy a P3 állományban. A teljes állományra vonatkozólag megállapítottam, hogy a leginkább agresszív tojótyúk hipofízisében szignifikánsan ($P < 0,05$) nagyobb a *SORCS2* gén expressziója, mint a legkevésbé agresszív tyúkokban.

5. Hazai fejlesztésű tojótyúk csoportok vizsgálata során megállapítottam, hogy a *SORCS2* gén expressziója a hipofízisben pozitív korrelációt mutat a dopamin receptor D1 ($r=0,561$; $P < 0,05$) és D2 ($r=0,538$; $P < 0,05$) gének expressziójával.

7. IRODALOMJEGYZÉK

1. 32/1999. (III. 31.) FVM rendelet a mezőgazdasági haszonállatok tartásának állatvédelmi szabályairól.
2. Allen, J., Perry, G. C. (1975). Feather pecking and cannibalism in a caged layer flock. *British Poultry Science*, 16, 441–451.
3. Aloe, L., Luisa Rocco, M., Omar Balzamino, B., Micera, A. (2015). Nerve growth factor: a focus on neuroscience and therapy. *Current Neuropharmacology*, 13, 294–303.
4. Annemoon, M., van Erp, M., Klaus Miczek, A. (2000). Aggressive behavior increased accumbal dopamine, and decreased cortical serotonin in rats. *The Journal of Neuroscience*, 20, 9320–9325.
5. Antipova, T., Gudasheva, T., Tarasiuk, A., Nikolajev, S., Logvinov, I., Kruglov, S., Seredenin, S. (2016). Effects of new low-molecular mimetic of NGF loop 3 on the activation of TrkA receptor, PI3K/AKT and MAPK/ERK signaling pathways. *European Neuropsychopharmacology*, 26, S228–S229.
6. Appleby, M. C. (1984). Factors affecting floor laying by domestic hens: a review. *World's Poultry Science Journal*, 40, 241–249.
7. Arias-Carrión, O., Pöppel, E. (2007). Dopamine, learning, and reward-seeking behavior. *Acta Neurobiologiae Experimentalis*, 67, 481–488.
8. Augère-Granier, M. L. (2019). The EU poultry meat and egg sector – Main features, challenges and prospects. *European Parliamentary Research Service*, 1–23.
9. Bábolna Tetra Kft. (2012). Bábolna Tetra hibridek: Tojóhibrid nevelési és tojástermelési technológia.
10. Bagheri Sarvestani, A. S., Niazi, A., Zamiri, M. J., Dadpasand Taromsari, M. (2013). Polymorphisms of prolactin gene in a native chicken population and its association with egg production. *Iranian Journal of Veterinary Research*, 14, 113–119.
11. Balogh I., Kappelmayer J., Tózsér J. (2011). Molekuláris diagnosztika. *Debreceni Egyetem*.
12. Baum, A. E., Akula, N., Cabanero, M., Cardona, I., Corona, W., Klemens, B., Schulze, T. G., Cichon, S., Rietschel, M., Nöthen, M. M., Georgi, A., Schumacher, J., Schwarz, M., Abou Jamra, R., Höfels, S., Propping, P., Satagopan, J., Detera-Wadleigh, S. D., Hardy, J., McMahon, F. J. (2008). A genome-wide association study implicates diacylglycerol kinase eta (DGKH) and several other genes in the etiology of bipolar disorder. *Molecular Psychiatry*, 13, 197–207.

13. *Beaulieu, J. M., Gainetdinov, R. R.* (2011). The physiology, signaling, and pharmacology of dopamine receptors. *Pharmacological Reviews*, 63, 182–217.
14. *Bécot, L., Bédère, N., Coton, J., Burlot, T., Le Roy, P.* (2023). Nest preference and laying duration traits to select against floor eggs in laying hens. *Genetics Selection Evolution*, 55, 8.
15. *Ben-Jonathan, N., Hnasko, R.* (2001). Dopamine as a prolactin (PRL) inhibitor. *Endocrine Reviews*, 22, 724–763.
16. *Bereczkei T., Hoffmann Gy.* (2012). Gének, gondolkodás, személyiség: Bevezetés a humán viselkedésgenetikába. *Akadémiai Kiadó*.
17. *Bessei, W., Kjaer, J.* (2015). Feather pecking in layers: State of research and implications. In *26th Annual Australian Poultry Science Symposium* (Vol. 26, pp. 214–221).
18. *Bestman, M. W. P., Wagenaar, J. P.* (2003). Farm level factors associated with feather pecking in organic laying hens. *Livestock Production Science*, 80, 133–140.
19. *Bilcik, B., Keeling, L. J.* (2000). Relationship between feather pecking and ground pecking in laying hens and the effect of group size. *Applied Animal Behaviour Science*, 68, 55–66.
20. *Biscarini, F., Bovenhuis, H., van der Poel, J., Rodenburg, T. B., Jungerius, A. P., van Arendonk, J. A. M.* (2010). Across-line SNP association study for direct and associative effects on feather damage in laying hens. *Behavior Genetics*, 40, 715–727.
21. *Blokhuis, H. J.* (2006). Welfare implications of changes in production systems for laying hens. LayWel Project – Periodic Final Activity Report, 1–22.
22. *Blokhuis, H. J., Wiepkema, P. R.* (1998). Studies of feather pecking in poultry. *Veterinary Quarterly*, 20, 6-9.
23. *Bogenfürst F., Horn P., Sütő Z., Kovácsné Gaál K., Kovács G.* (2011). Baromfitenyésztés. *Kaposvári Egyetem – Pannon Egyetem – Nyugat-Magyarországi Egyetem*.
24. *Botstein, D., White, R., Skolnick, M., Davis, R.* (1980). Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal of Human Genetics, USA*.
25. *Brantsæter, M., Nordgreen, J., Hansen, T. B., Muri, K., Nødtvedt, A., Moe, R. O., Janczak, A. M.* (2018). Problem behaviors in adult laying hens: Identifying risk factors during rearing and egg production. *Poultry Science*, 97, 2–16.
26. *Brantsæter, M., Nordgreen, J., Rodenburg, T. B., Tahamtani, F. M., Popova, A., Janczak, A. M.* (2016). Exposure to increased environmental complexity during rearing reduces fearfulness and increases use of three-

- dimensional space in laying hens (*Gallus gallus domesticus*). *Frontiers in Veterinary Science*, 3, 14.
27. Brantsæter, M., Tahamtani, F. M., Nordgreen, J., Sandberg, E., Hansen, T. B., Rodenburg, T. B., Moe, R. O., Janczak, A. M. (2017). Access to litter during rearing and environmental enrichment during production reduce fearfulness in adult laying hens. *Applied Animal Behaviour Science*, 189, 49–56.
 28. Bright, A. (2007). Plumage colour and feather pecking in laying hens: A chicken perspective. *British Poultry Science*, 48, 253–263.
 29. Budzillo, A., Duffy, A., Miller, K. E., Fairhall, A. L., Perkel, D. J. (2017). Dopaminergic modulation of basal ganglia output through coupled excitation-inhibition. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 114, 5713–5718.
 30. Bueker, E. D. (1948). Implantation of tumors in the hind limb field of the embryonic chick and the developmental response of the lumbosacral nervous system. *The Anatomical Record*, 102, 369–389.
 31. Bunzow, J. R., van Tol, H. H., Grandy, D. K., Albert, P., Salon, J., Christie, M., Machida, C. A., Neve, K. A., Civelli, O. (1988). Cloning and expression of a rat D2 dopamine receptor cDNA. *Nature*, 336, 783–787.
 32. Capsoni, S., Cattaneo, A. (2006). On the molecular basis linking nerve growth factor (NGF) to Alzheimer's disease. *Cellular and Molecular Neurobiology*, 26, 617–631.
 33. Carriero, F., Campioni, N., Cardinali, B., Pierandrei-Amaldi, P. (1991). Structure and expression of the nerve growth factor gene in *Xenopus* oocytes and embryos. *Molecular Reproduction and Development*, 29, 313–322.
 34. Chen, X., Bai, X., Liu, H., Zhao, B., Yan, Z., Hou, Y., Chu, Q. (2022). Population genomic sequencing delineates global landscape of copy number variations that drive domestication and breed formation of in chicken. *Frontiers in Genetics*, 13, 830393.
 35. Cheng, H. W., Dillworth, G., Singleton, P., Chen, Y., Muir, W. M. (2001). Effects of group selection for productivity and longevity on blood concentrations of serotonin, catecholamines, and corticosterone of laying hens. *Poultry Science*, 80, 1278–1285.
 36. Cheng, H. W., Singleton, P., Muir, W. M. (2003). Social stress differentially regulates neuroendocrine responses in laying hens: I. Genetic basis of dopamine responses under three different social conditions. *Psychoneuroendocrinology*, 28, 597–611.
 37. Chokchaloemwong, D., Rozenboim, I., El Halawani, M. E., Chaiseha, Y. (2015). Dopamine and prolactin involvement in the maternal care of

- chicks in the native Thai hen (*Gallus domesticus*). *General and Comparative Endocrinology*, 212, 131–144.
38. Cloutier, S., Newberry, R. C., Honda, K., Alldredge, J. R. (2002). Cannibalistic behaviour spread by social learning. *Animal Behaviour*, 63, 1153–1162.
 39. Cohen, S. (1960). Purification of a nerve-growth-promoting protein from the mouse salivary gland and its neuro-cytotoxic antiserum. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 46, 302–311.
 40. Cooper, J. J., Appleby, M. C. (1996). Demand for nest boxes in laying hens. *Behavioural Processes*, 36, 171–182.
 41. Couppis, M. H., Kennedy, C. H. (2008). The rewarding effect of aggression is reduced by nucleus accumbens dopamine receptor antagonism in mice. *Psychopharmacology*, 197, 449–456.
 42. Cui, J. X., Du, H. L., Liang, Y., Deng, X. M., Li, N., Zhang, X. Q. (2006). Association of polymorphisms in the promoter region of chicken prolactin with egg production. *Poultry Science*, 85, 26–31.
 43. Davidson, R. J., Jackson, D. C., Kalin, N. H. (2000). Emotion, plasticity, context, and regulation: Perspectives from affective neuroscience. *Psychological Bulletin*, 126, 890–909.
 44. de Almeida, R. M., Ferrari, P. F., Parmigiani, S., Miczek, K. A. (2005). Escalated aggressive behavior: Dopamine, serotonin and GABA. *European Journal of Pharmacology*, 526, 51–64.
 45. Denk, F., Bennett, D. L., McMahon, S. B. (2017). Nerve growth factor and pain mechanisms. *Annual Review of Neuroscience*, 40, 307–325.
 46. Dennis, R. L., Cheng, H. W. (2011). The dopaminergic system and aggression in laying hens. *Poultry Science*, 90, 2440–2448.
 47. Dennis, R. L., Muir, W. M., Cheng, H. W. (2006). Effects of raclopride on aggression and stress in diversely selected chicken lines. *Behavioural Brain Research*, 175, 104–111.
 48. Dohy, J., Gergátz, E. (1998). Biotechnológiai lehetőségek az állattenyésztésben. In F. Glatz (Ed.), *Biotechnológia: lépéstartás Európával* (II. fejezet, pp. 69–117). MTA, Budapest.
 49. Drent, P. J., van Oers, K., van Noordwijk, A. J. (2003). Realized heritability of personalities in the great tit (*Parus major*). *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 270, 45–51.
 50. Ebendal, T. (1992). Function and evolution in the NGF family and its receptors. *Journal of Neuroscience Research*, 32, 461–470.
 51. Ebendal, T., Larhammar, D., Persson, H. (1986). Structure and expression of the chicken β nerve growth factor. *The EMBO Journal*, 5, 1483–1487.

52. *Ebstein, R. P., Novick, O., Umansky, R., Priel, B., Osher, Y., Blaine, D., Bennett, E. R., Nemanov, L., Katz, M., Belmaker, R. H.* (1996). Dopamine D4 receptor (D4DR) exon III polymorphism associated with the human personality trait of novelty seeking. *Nature Genetics*, 12, 78–80.
53. *Fabbri, C., Serretti, A.* (2016). Genetics of long-term treatment outcome in bipolar disorder. *Progress in Neuro-Psychopharmacology Biological Psychiatry*, 65, 17–24.
54. *Fairbanks, L. A., Newman, T. K., Bailey, J. N., Jorgensen, M. J., Breidenthal, S. E., Ophoff, R. A., Comuzzie, A. G., Martin, L. J., Rogers, J.* (2004). Genetic contributions to social impulsivity and aggressiveness in vervet monkeys. *Biological Psychiatry*, 55, 642–647.
55. *Fang, D. A., Geng, Z. Y., Zhang, X. R., Tao, Y.* (2005). Studies on the role of hypothalamic dopamine and 5-hydroxytryptamine in modulation of broodiness in Wanxi goose. *China Animal Husbandry and Veterinary Medicine*, 7, 35–37.
56. *Faraone, S. V., Perlis, R. H., Doyle, A. E., Smoller, J. W., Goralnick, J. J., Holmgren, M. A., Sklar, P.* (2005). Molecular genetics of attention-deficit/hyperactivity disorder. *Biological Psychiatry*, 57, 1313–1323.
57. *Farkas, T. P., Szász, S., Bódog, L., Dóbe, L., Pető, L., Áprily, Sz., Sütő, Z.* (2024). Comparative analysis of environmental enrichment preferences in poultry. *Acta Agraria Kaposváriensis*, 28, 41–61.
58. *Feenstra, M. G. P., Botterblom, M. H. A.* (1996). Rapid sampling of extracellular dopamine in the rat prefrontal cortex during food consumption, handling, and exposure to novelty. *Brain Research*, 742, 17–24.
59. *Fernández-Castillo, N., Cormand, B.* (2016). Aggressive behavior in humans: Genes and pathways identified through association studies. *American Journal of Medical Genetics Part B: Neuropsychiatric Genetics*, 171, 676–696.
60. *Ferrari, P. F., van Erp, A. M. M., Tornatzky, W., Miczek, K. A.* (1998). Recurrent aggressive episodes entrain autonomic activity and dopamine release in nucleus accumbens. *Society for Neuroscience Abstracts*, 24, 277.
61. *Ferrari, P. F., van Erp, A. M., Tornatzky, W., Miczek, K. A.* (2003). Accumbal dopamine and serotonin in anticipation of the next aggressive episode in rats. *European Journal of Neuroscience*, 17, 371–378.
62. *Fésüs, L., Komlósi, I., Varga, L., Zsolnai, A.* (2000). Molekuláris genetikai módszerek alkalmazása az állattenyésztésben. Aggroinform Kiadó, Budapest.
63. *Fidler, A. E., van Oers, K., Drent, P. J., Kuhn, S., Mueller, J. C., Kempenaers, B.* (2007). DRD4 gene polymorphisms are associated with

- personality variation in a passerine bird. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 274, 1685–1691.
64. Flisikowski, K., Schwarzenbacher, H., Wysocki, M., Weigend, S., Preisinger, R., Kjaer, J. B., Fries, R. (2009). Variation in neighbouring genes of the dopaminergic and serotonergic systems affects feather pecking behaviour of laying hens. *Animal Genetics*, 40, 192–199.
 65. Friedel, R. O. (2004). Dopamine dysfunction in borderline personality disorder: A hypothesis. *Neuropsychopharmacology*, 29, 1029–1039.
 66. Fujita, T., Aoki, N., Mori, C., Homma, K. J., Yamaguchi, S. (2025). Molecular characterization of chicken DA Systems reveals that the avian personality gene, *DRD4*, is expressed in the mitral cells of the olfactory bulb. *Frontiers in Neuroanatomy*, 19, 1531200.
 67. Galef, B. G. (1988). Imitation in animals: History, definition, and interpretation of data from the psychological laboratory. In T. R. Zentall B. G. Galef (Eds.), *Social learning: Psychological and biological perspectives* (pp. 3–28).
 68. Gere, T. (2005). Gazdasági állatok viselkedése – A baromfi viselkedése. *Szaktudás Kiadó Ház*.
 69. Gere, T., Csányi, V. (2001). Gazdasági állatok viselkedése I. Általános etológia. *Mezőgazdasági Szaktudás Kiadó, Budapest*.
 70. Gervai, P. (2016). Mélyalmos tojások nyomában. *Haszon Agrár*, 2, 62–64.
 71. Gilani, A. M., Knowles, T. G., Nicol, C. J. (2013). The effect of rearing environment on feather pecking in young and adult laying hens. *Applied Animal Behaviour Science*, 148, 54–63.
 72. Gorla, E., Cozzi, M. C., Román-Ponce, S. I., Ruiz López, F. J., Vega-Murillo, V. E., Cerolini, S., Bagnato, A., Strillacci, M. G. (2017). Genomic variability in Mexican chicken population using copy number variants. *BMC Genetics*, 18, 61.
 73. Graml, C., Niebuhr, K., Waiblinger, S. (2008). Reaction of laying hens to humans in the home or a novel environment. *Applied Animal Behaviour Science*, 113, 98–109.
 74. Grams, V., Bögelein, S., Grashorn, M. A., Bessei, W., Bennewitz, J. (2015b). Quantitative genetic analysis of traits related to fear and feather pecking in laying hens. *Behavior Genetics*, 45, 228–235.
 75. Grams, V., Wellmann, R., Preuß, S., Grashorn, M. A., Kjaer, J. B., Bessei, W., Bennewitz, J. (2015a). Genetic parameters and signatures of selection in two divergent laying hen lines selected for feather pecking behaviour. *Genetics Selection Evolution*, 47, 1–9.
 76. Grodzicker, T., Williams, J., Sharp, P., Sambrook, J. (1974). Physical mapping of temperature-sensitive mutations of adenoviruses. In Cold

- Spring Harbor symposia on quantitative biology (Vol. 39, pp. 439-446). Cold Spring Harbor Laboratory Press.
77. Grupe, A., Li, Y., Rowland, C., Nowotny, P., Hinrichs, A. L., Smemo, S., Kauwe, J. S. K., Maxwell, T. J., Cherny, S., Doil, L., Tacey, K., van Luchene, R., Myers, A., Wavrant-De Vrièze, F., Kaleem, M., Hollingworth, P., Jehu, L., Foy, C., Archer, N., Holmans, P., Morris, C. M., Catanese, J., Sninsky, J., White, T. J., Powell, J., Hardy, J., O'Donovan, M., Lovestone, S., Jones, L., Morris, J. C., Thal, L., Owen, M., Williams, J., Goate, A. (2006). A scan of chromosome 10 identifies a novel locus showing strong association with late-onset Alzheimer disease. *American Journal of Human Genetics*, 78, 78–88.
 78. Gyimothy, I. (2004). Stressztényezők és stresszválaszok a baromfitartásban. *Magyar Állatorvosok Lapja*, 126, 101–106.
 79. Hajósné Novák, M. (1999). Genetikai variabilitás a növénynevelésben. *Mezőgazda Kiadó*.
 80. Hall, M. R. (1987). External stimuli affecting incubation behavior and prolactin secretion in the duck (*Anas platyrhynchos*). *Hormones and Behavior*, 21, 269–287.
 81. Hall, M. R. (1991). Endocrinological and behavioral changes associated with the onset of incubation in the duck. *Physiology Behavior*, 50, 311–316.
 82. Hall, T. R., Harvey, S., Chadwick, A. (1986). Control of prolactin secretion in birds: A review. *General and Comparative Endocrinology*, 62, 171–184.
 83. Hampe, W., Rezgaoui, M., Hermans-Borgmeyer, I., Schaller, H. C. (2001). The genes for the human VPS10 domain-containing receptors are large and contain many small exons. *Human Genetics*, 108, 529–536.
 84. Hansen, N., Manahan-Vaughan, D. (2012). Dopamine D1/D5 receptors mediate informational saliency that promotes persistent hippocampal long-term plasticity. *Cerebral Cortex*, 24, 845–858.
 85. Hermey, G. (2009). The Vps10p-domain receptor family. *Cellular and Molecular Life Sciences*, 66, 2677–2689.
 86. Hermey, G., Riedel, I. B., Hampe, W., Schaller, H. C., Hermans-Borgmeyer, I. (1999). Identification and characterization of SorCS, a third member of a novel receptor family. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, 266, 347–351.
 87. Horn, P. (2000). Állattenyésztés 2. Baromfi, haszongalamb. *Mezőgazda Kiadó*.
 88. Huber-Eicher, B., Wechsler, B. (1997). Feather pecking in domestic chicks: Its relation to dustbathing and foraging. *Animal Behaviour*, 54, 757–768.

89. Hudziak, J. J., Van Beijsterveldt, C. E. M., Bartels, M., Rietveld, M. J., Rettew, D. C., Derks, E. M., Boomsma, D. I. (2003). Individual differences in aggression: Genetic analyses by age, gender, and informant in 3-, 7-, and 10-year-old Dutch twins. *Behavior Genetics*, 33, 575–589.
90. Hughes, B. O., Duncan, I. J. H. (1972). The influence of strain and environmental factors upon feather pecking and cannibalism in fowls. *British Poultry Science*, 13, 525–547.
91. Iváncsics, J., Gaál, K. (1988). Populációgenetikai mérőszámok példatára. Mosonmagyaróvár.
92. Jacobsen, L., Madsen, P., Moestrup, S. K., Lund, A. H., Tommerup, N., Nykjær, A., Sottrup-Jensen, L., Gliemann, J., Petersen, C. M. (1996). Molecular characterization of a novel human hybrid-type receptor that binds the α 2-macroglobulin receptor-associated protein. *Journal of Biological Chemistry*, 271, 31379–31383.
93. Janczak, A. M., Riber, A. B. (2015). Review of rearing-related factors affecting the welfare of laying hens. *Poultry Science*, 94, 1454–1469.
94. Jiang, R. S., Xu, G. Y., Zhang, X. Q., Yang, N. (2005). Association of polymorphisms for prolactin and prolactin receptor genes with broody traits in chickens. *Poultry Science*, 84, 839–845.
95. Kan, Y. W., Dozy, A. M. (1978). Polymorphism of DNA sequence adjacent to human beta-globin structural gene: relationship to sickle mutation. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*, 75, 5631–5635.
96. Kansaku, N., Hiyama, G., Sasanami, T., Zadworny, D. (2008). Prolactin and growth hormone in birds: Protein structure, gene structure and genetic variation. *The Journal of Poultry Science*, 45, 1–6.
97. Kaplan, D. R., Hempstead, B. L., Martin-Zanca, D., Chao, M. V., Parada, L. F. (1991). The trk proto-oncogene product: A signal transducing receptor for nerve growth factor. *Science*, 252, 554–558.
98. Keeling, L. J. (1994). Feather pecking – Who in the group does it, how often and under what circumstances? In *Proceedings of the 9th European Poultry Conference, Glasgow*.
99. Keeling, L., Andersson, L., Schutz, K. E., Kerje, S., Fredriksson, R., Carlborg, O., Cornwallis, C. K., Pizzari, T., Jensen, P. (2004). Chicken genomics: Feather-pecking and victim pigmentation. *Nature*, 431, 645–646.
100. Khodadadi, M., Zendehele, M., Baghbanzadeh, A., Babapour, V. (2017). Consequence of dopamine D2 receptor blockade on the hyperphagic effect induced by cannabinoid CB1 and CB2 receptors in layers. *British Poultry Science*, 58, 585–593.

101. Kilatsih, R., Perdamaian, A. B. I., Joko, T., Purwanto, S. H., Daryono, B. S. (2020). Effect analysis of prolactin (PRL) gene polymorphisms on chicken egg productivity (*Gallus gallus domesticus*) BC1 from crossbreeding between Pelung and layer chicken. *Iranian Journal of Applied Animal Science*, 10, 717–726.
102. Kiss, B., Tempfli, K., Pongrácz, L., Uriné Józsa, Cs., Bali Papp, Á. (2016). A lovak viselkedésével összefüggő dopamin D4 receptor (DRD4) gén vizsgálata. *XXXVI. Óvári Tudományos Nap*, 248–256.
103. Kjaer, J. B. (2009). Feather pecking in domestic fowl is genetically related to locomotor activity levels: implications for a hyperactivity disorder model of feather pecking. *Behavior Genetics*, 39, 564–570.
104. Kjaer, J. B., Hjarvard, B. M., Jensen, K. H., Hansen-Moller, J., Larsen, O. N. (2004). Effects of haloperidol, a dopamine D2 receptor antagonist, on feather pecking behaviour in laying hens. *Applied Animal Behaviour Science*, 86, 77–91.
105. Kjaer, J. B., Sørensen, P. (2002). Feather pecking and cannibalism in free-range laying hens as affected by genotype, dietary level of methionine + cystine, light intensity during rearing and age at first access to the range area. *Applied Animal Behaviour Science*, 76, 21–39.
106. Komiyama, T., Iwama, H., Osada, N., Nakamura, Y., Kobayashi, H., Tateno, Y., Gojobori, T. (2014). Dopamine receptor genes and evolutionary differentiation in the domestication of fighting cocks and long-crowing chickens. *PLoS One*, 9, e101778.
107. Kops, M. S., Kjaer, J. B., Gunturkun, O., Westphal, K. G. C., Korte-Bouws, G. A. H., Olivier, B., Korte, S. M., Bolhuis, J. E. (2017). Brain monoamine levels and behaviour of young and adult chickens genetically selected on feather pecking. *Behavioural Brain Research*, 327, 11–20.
108. Kozak, A., Kasperek, K., Zięba, G., Rozempolska-Rucińska, I. (2019). Variability of laying hen behaviour depending on the breed. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 32, 1062–1068.
109. Labouriau, R., Kjaer, J. B., Abreu, G. C. G., Hedegaard, J., Buitenhuis, A. J. (2009). Analysis of severe feather pecking behaviour in a high feather pecking selection line. *Poultry Science*, 88, 2052–2062.
110. Lambton, S. L., Nicol, C. J., Friel, M., Main, D. C., McKinstry, J. L., Sherwin, C. M., Walton, J., Weeks, C. A. (2013). A bespoke management package can reduce levels of injurious pecking in loose-housed laying hen flocks. *Veterinary Record*, 172, 423–423.
111. Levi-Montalcini, R. (1987). The nerve growth factor 35 years later. *Science*, 237, 1154–1162.
112. Levi-Montalcini, R., Hamburger, V. (1951). Selective growth stimulating effects of mouse sarcoma on the sensory and sympathetic

- nervous system of the chick embryo. *The saga of the nerve growth factor – Preliminary studies, discovery, further development*, 321–361.
113. Li, Z., Zheng, M., Abdalla, B. A., Zhang, Z., Xu, Z., Ye, Q., Xu, H., Luo, W., Nie, Q., Zhang, X. (2016). Genome-wide association study of aggressive behaviour in chicken. *Scientific Reports*, 6, 30981.
 114. Lindenfors, P., Tullberg, B. S. (2011). Evolutionary aspects of aggression: The importance of sexual selection. *Advances in Genetics*, 75, 7–22.
 115. Lotfi, E., Zerehdaran, S., Azari, M. A., Dehnavi, E. (2013). Genetic polymorphism in prolactin gene and its association with reproductive traits in Japanese quail (*Coturnix japonica*). *Poultry Science*, 92, 1234–1240.
 116. Lukacova, K., Pavukova, E., Kostal, L., Bilcik, B., Kubikova, L. (2016). Dopamine D3 receptors modulate the rate of neuronal recovery, cell recruitment in Area X, and song tempo after neurotoxic damage in songbirds. *Neuroscience*, 331, 158–168.
 117. Lv, C., Mo, C., Liu, H., Wu, C., Li, Z., Li, J., Wang, Y. (2018). Dopamine D2-like receptors (DRD2 and DRD4) in chickens: Tissue distribution, functional analysis, and their involvement in dopamine inhibition of pituitary prolactin expression. *Gene*, 651, 33–43.
 118. Mack, K. J., Todd, R. D., O'Malley, K. L. (1991). The mouse dopamine D2A receptor gene: Sequence homology with the rat and human genes and expression of alternative transcripts. *Journal of Neurochemistry*, 57, 795–801.
 119. Majewski, E., Potori, N., Sulewski, P., Wąs, A., Mórawska, M., Gębska, M., Malak-Rawlikowska, A., Grontkowska, A., Szili, V., Erdős, A. (2024). End of the cage age? A study on the impacts of the transition from cages on the EU laying hen sector. *Agriculture*, 14, 111.
 120. Manoharan, A., Sankaralingam, S., Anitha, P., Chacko, B., Aravindakshan, T. V. (2024). Characterization of 24bp insertion polymorphism of prolactin gene and its association with quantitative traits in Tellicherry native chicken breed. *Indian Journal of Animal Research*, 58, 376–380.
 121. Marcellino, D., Ferré, S., Casadó, V., Cortés, A., Le Foll, B., Mazzola, C., Drago, F., Saur, O., Stark, H., Soriano, A., Barnes, C., Goldberg, S. R., Lluís, C., Fuxe, K., Franco, R. (2008). Identification of dopamine D1–D3 receptor heteromers: Indications for a role of synergistic D1–D3 receptor interactions in the striatum. *Journal of Biological Chemistry*, 283, 26016–26025.
 122. Marcusson, E. G., Horazdovsky, B. F., Cereghino, J. L., Gharakhanian, E., Emr, S. D. (1994). The sorting receptor for yeast

- vacuolar carboxypeptidase Y is encoded by the VPS10 gene. *Cell*, 77, 579–586.
123. Matsumoto, M., Hidaka, K., Tada, S., Tasaki, Y., Yamaguchi, T. (1995). Full-length cDNA cloning and distribution of human dopamine D4 receptor. *Brain Research. Molecular Brain Research*, 29, 157–162.
 124. McAdie, T. M., Keeling, L. J. (2000). Effect of manipulating feathers of laying hens on the incidence of feather pecking and cannibalism. *Applied Animal Behaviour Science*, 68, 215–229.
 125. McAdie, T. M., Keeling, L. J. (2002). The social transmission of feather pecking in laying hens: Effects of environment and age. *Applied Animal Behaviour Science*, 75, 147–159.
 126. Meier, R., Becker-Andre, M., Götz, R., Heumann, R., Shaw, A., Thoenen, H. (1986). Molecular cloning of bovine and chick nerve growth factor (NGF): Delineation of conserved and unconserved domains and their relationship to the biological activity and antigenicity of NGF. *The EMBO Journal*, 5, 1489–1493.
 127. Meuser, V., Weinhold, L., Hillemacher, S., Tiemann, I. (2021). Welfare-related behaviors in chickens: Characterization of fear and exploration in local and commercial chicken strains. *Animals*, 11, 679.
 128. Mihók S., Bogenfürst F., Sütő Z. (2006). Gazdasági állataink – Fajtatan. Tyúk, gyöngytyúk, pulyka, kacska, pézsmaréca, lúd. *Mezőgazda Kiadó*.
 129. Mills, S. (2004). Class, gender and politeness. *Cambridge University Press*.
 130. Moe, R. O., Nordgreen, J., Janczak, A. M., Bakken, M., Spruijt, B. M., Jensen, P. (2014). Anticipatory and foraging behaviors in response to palatable food reward in chickens: Effects of dopamine D2 receptor blockade and domestication. *Physiology Behavior*, 133, 170–177.
 131. Mullis, K. B., Faloona, F. A. (1987). Specific synthesis of DNA in vitro via a polymerase-catalyzed chain reaction. In *Methods in enzymology* (Vol. 155, pp. 335–350). *Academic Press*.
 132. Nakano, M., Hasunuma, I., Okada, R., Yamamoto, K., Kikuyama, S., Machida, T., Kobayashi, T. (2010). Molecular cloning of bullfrog D2 dopamine receptor cDNA: Tissue distribution of three isoforms of D2 dopamine receptor mRNA. *General and Comparative Endocrinology*, 168, 143–148.
 133. Narvaes, R., de Almeida, R. M. M. (2014). Aggressive behavior and three neurotransmitters: Dopamine, GABA, and serotonin – A review of the last 10 years. *Psychology Neuroscience*, 7, 601–607.

134. Nascimento, J. O., Silva Leandro, M. K. N. (2023). Serial killers: A review about the genetic influence on violent behavior. *Journal of Psychology Clinical Psychiatry*, 14, 148–150.
135. Nätt, D., Kerje, S., Andersson, L., Jensen, P. (2007). Plumage colour and feather pecking behavioural differences associated with PMEL17 genotypes in chicken (*Gallus gallus*). *Behaviour Genetics*, 37, 399–407.
136. Nelson, R. J., Trainor, B. C. (2007). Neural mechanisms of aggression. *Nature Reviews Neuroscience*, 8, 536–546.
137. Nemzeti Agrárgazdasági Kamara (2021). Mezőgazdasági kézikönyv. 10. European Livestock Voice Kampány, Meat the Facts III, Állategészségügy.
138. Netter, P., Rammsayer, T. (1991). Reactivity to dopaminergic drugs and aggression-related personality traits. *Personality and Individual Differences*, 12, 1009–1017.
139. Newberry, R. C., Keeling, L. J., Estevez, E., Bilcik, B. (2007). Behaviour when young as a predictor of severe feather pecking in adult laying hens: The redirected foraging hypothesis revisited. *Applied Animal Behaviour Science*, 107, 262–274.
140. Nicol, C. J. (1995). The social transmission of information and behaviour. *Applied Animal Behaviour Science*, 44, 79–98.
141. Nicol, C. J., Lindberg, A. C., Phillips, A. J., Pope, S. J., Wilkins, L. J., Green, L. E. (2001). Influence of prior exposure to wood shavings on feather pecking, dustbathing and foraging in adult laying hens. *Applied Animal Behaviour Science*, 73, 141–155.
142. Nie, C., Ban, L., Ning, Z., Qu, L. (2019). Feather colour affects the aggressive behaviour of chickens with the same genotype on the dominant white (I) locus. *PLOS One*, 14, e0215921.
143. Nikulina, E. M., Kapralova, N. S. (1992). Role of dopamine receptors in the regulation of aggression in mice: Relationship to genotype. *Neuroscience and Behavioral Physiology*, 22, 364–369.
144. Nyitray, L., Alexa, A., Fodor, K., Garai, Á., Glatz, G., Radnai, L., Rapali, P., Szakács, D., Várkuti, B., Zeke, A. (2013). Géntechnológia és fehérjemérnökség. *Eötvös Loránd Tudományegyetem*.
145. Ochs, S. D., Wolf, C. A., Widmar, O. J. N., Bir, C. (2018). Consumer perceptions of egg-laying hen housing systems. *Poultry Science*, 97, 3390–3396.
146. Oettel, R. (1873). *Der Geflügelhof*. Weimar/Germany: Verlag BF Voigt.
147. Oliveira, J. L., Xin, H., Chai, L., Millman, S. T. (2019). Effects of litter floor access and inclusion of experienced hens in aviary housing on floor

- eggs, litter condition, air quality, and hen welfare. *Poultry Science*, 98, 1664–1677.
148. Oliveira, J., Xin, H., Zhao, Y., Li, L., Liu, K., Glaess, K. (2016). Nesting behavior and egg production pattern of laying hens in enriched colony housing. In *2016 ASABE Annual International Meeting* (Article 162456546). American Society of Agricultural and Biological Engineers.
149. O'Malley, K. L., Harmon, S., Tang, L., Todd, R. D. (1992). The rat dopamine D4 receptor: Sequence, gene structure, and demonstration of expression in the cardiovascular system. *New Biologist*, 4, 137–146.
150. Orosz, L. (1980). Klasszikus és molekuláris genetika. *Akadémia Kiadó, Budapest*.
151. Packer, C., Collins, D. A., Sindimwo, A., Goodall, J. (1995). Reproductive constraints on aggressive competition in female baboons. *Nature*, 373, 60–63.
152. Pillan, G., Xiccato, G., Ciarelli, C., Bordignon, F., Concollato, A., Pascual, A., Birolo, M., Pirrone, F., Sirri, F., Averós, X., Estevez, I., Trocino, A. (2023). Factors affecting space use by laying hens in a cage-free aviary system: effect of nest lighting at pullet housing and of curtain nest color during laying. *Poultry Science*, 102, 102524.
153. Pupos, T., Sütő, Z., Szöllősi, L. (2013). Versenyképes tojástermelés. *Szaktudás Kiadó Ház*.
154. Putt, R., Brouwers, H., Groves, P. J., Muir, W. I. (2025). Floor eggs in Australian cage-free egg production. *Animals*, 15, 1967.
155. Reddy, I. J., David, C. G., Sarma, P. V., Singh, K. (2002). The possible role of prolactin in laying performance and steroid hormone secretion in domestic hen (*Gallus domesticus*). *General and Comparative Endocrinology*, 127, 249–255.
156. Rezgaoui, M., Hermey, G., Riedel, I. B., Hampe, W., Schaller, H. C., Hermans-Borgmeyer, I. (2001). Identification of SorCS2, a novel member of the VPS10 domain containing receptor family, prominently expressed in the developing mouse brain. *Mechanisms of Development*, 100, 335–338.
157. Roberts, W. W., Kiess, H. O. (1964). Motivational properties of hypothalamic aggression in cats. *Journal of Comparative and Physiological Psychology*, 58, 187–193.
158. Rodenburg, T. B., Tuytens, F. A. M., De Reu, K., Herman, K., Zoons, J., Sonck, B. (2008). Welfare assessment of laying hens in furnished cages and non-cage systems: An on-farm comparison. *Animal Welfare*, 17, 363–373.
159. Rodenburg, T. B., Van Krimpen, M. M., De Jong, I. C., De Haas, E. N., Kops, M. S., Riedstra, B. J., Nordquist, R. E., Wagenaar, J. P., Bestman,

- M., Nicol, C. J. (2013). The prevention and control of feather pecking in laying hens: identifying the underlying principles. *World's Poultry Science Journal*, 69, 361-374.
160. Rodriguiz, R. M., Chu, R., Caron, M. G., Wetsel, W. C. (2004). Aberrant responses in social interaction of dopamine transporter knockout mice. *Behavioural Brain Research*, 148, 185–198.
161. Rogaeva, E., Meng, Y., Lee, J. H., Gu, Y., Kawarai, T., Zou, F., Katayama, T., Baldwin, C. T., Cheng, R., Hasegawa, H., Chen, F., Shibata, N., Lunetta, K. L., Pardossi-Piquard, R., Bohm, C., Wakutani, Y., Cupples, L. A., Cuenco, K. T., Green, R. C., Pinessi, L., Rainero, I., Sorbi, S., Bruni, A., Duara, R., Friedland, R. P., Inzelberg, R., Hampe, W., Bujo, H., Song, Y.-O., Andersen, O. M., Willnow, T. E., Graff-Radford, N., Petersen, R. C., Dickson, D., Der, S. D., Fraser, P. E., Schmitt-Ulms, G., Younkin, S., Mayeux, R., Farrer, L. A., St George-Hyslop, P. (2007). The neuronal sortilin-related receptor SORL1 is genetically associated with Alzheimer disease. *Nature Genetics*, 39, 168–177.
162. Saetre, P., Strandberg, E., Sundgren, P. E., Pettersson, U., Jazin, E., Bergström, T. F. (2006). The genetic contribution to canine personality. *Genes, Brain and Behavior*, 5, 240–248.
163. Samario-Román, J., Larqué, C., Pánico, P., Ortiz-Huidobro, R. I., Velasco, M., Escalona, R., Hiriart, M. (2023). NGF and its role in immunoendocrine communication during metabolic syndrome. *International Journal of Molecular Sciences*, 24, 1957.
164. Savory, C. J. (1995). Feather pecking and cannibalism. *World's Poultry Science Journal*, 51, 215–219.
165. Schmahmann, J. D., Guell, X., Stoodley, C. J., Halko, M. A. (2019). The theory and neuroscience of cerebellar cognition. *Annual Review of Neuroscience*, 42, 337–364.
166. Schnell, S. A., You, S., Foster, D. N., El Halawani, M. E. (1999). Molecular cloning and tissue distribution of an avian D2 dopamine receptor mRNA from the domestic turkey (*Meleagris gallopavo*). *Journal of Comparative Neurology*, 407, 543–554.
167. Schütz, K. E., Forkman, B., Jensen, P. (2001). Domestication effects on foraging strategy, social behaviour and different fear responses: A comparison between the red junglefowl (*Gallus gallus*) and a modern layer strain. *Applied Animal Behaviour Science*, 74, 1–14.
168. Schwarz, M. A., Fisher, D., Bradshaw, R. A., Isackson, P. J. (1989). Isolation and sequence of a cDNA clone of β -nerve growth factor from the guinea pig prostate gland. *Journal of Neurochemistry*, 52, 1203–1209.

169. Scott, J., Selby, M., Urdea, M., Quiroga, M., Bell, G. I., Rutter, W. J. (1983). Isolation and nucleotide sequence of a cDNA encoding the precursor of mouse nerve growth factor. *Nature*, 302, 538–540.
170. Selby, M. J., Edwards, R., Sharp, F., Rutter, W. J. (1987). Mouse nerve growth factor gene: Structure and expression. *Molecular and Cellular Biology*, 7, 3057–3064.
171. Seo, D., Patrick, C. J., Kennealy, P. J. (2008). Role of serotonin and dopamine system interactions in the neurobiology of impulsive aggression and its comorbidity with other clinical disorders. *Aggression and Violent Behavior*, 13, 383–395.
172. Sharp, P. J., Macnamee, M. C., Sterling, R. J., Lea, R. W., Pedersen, H. C. (1988). Relationships between prolactin, LH and broody behaviour in bantam hens. *Journal of Endocrinology*, 118, 279–286.
173. Shimada, K., Ishida, H., Sato, K., Seo, H., Matsui, N. (1991). Expression of prolactin gene in incubating hens. *Reproduction*, 91, 147–154.
174. Shulika, L. V., Kulibaba, R. O. (2018). Genetic structure of Rhode-Island Red chicken breed population on PRL and INS loci. Associations between genotype and chicken productivity. *Archiva Zootechnica*, 21, 51–59.
175. Siegel, P. B. (1960). A method for evaluating aggressiveness in chickens. *Poultry Science*, 39, 1046–1048.
176. Sockman, K. W., Schwabl, H., Sharp, P. J. (2000). The role of prolactin in the regulation of clutch size and onset of incubation behavior in the American kestrel. *Hormones and Behavior*, 38, 168–176.
177. Sørensen, P., Okeno, T., Buitenhuis, A. J. (2017). The motivation of hens to lay eggs on the floor in non-cage systems has a heritable background. *European Poultry Science*, 81, 1–12.
178. Soronen, P. (2012). Genetics behind mood disorders: Candidate gene studies of bipolar and major depressive disorders. *Doktori disszertáció, University of Helsinki, Finland*.
179. Stanley, B. G., Anderson, K. C., Grayson, M. H., Leibowitz, S. F. (1989). Repeated hypothalamic stimulation with neuropeptide Y increases daily carbohydrate and fat intake and body weight gain in female rats. *Physiology Behavior*, 46, 173–177.
180. Su, G., Kjaer, J. B., Sørensen, P. (2006). Divergent selection on feather pecking behavior in laying hens has caused differences between lines in egg production, egg quality, and feed efficiency. *Poultry Science*, 85, 191–197.
181. Su, G., Kjaer, J. B., Sørensen, P. (2006). Divergent selection on feather pecking behavior in laying hens has caused differences between

- lines in egg production, egg quality, and feed efficiency. *Poultry Science*, 85, 191–197.
182. Subedi, S., Bist, R., Yang, X., Chai, L. (2023). Tracking floor eggs with machine vision in cage-free hen houses. *Poultry Science*, 102, 102637.
183. Szabó V. (2017). A feljavított ketreces és az alternatív tojótyúktartás természetes hatékonysági mutatói. *Journal of Central European Green Innovation*, 103–120.
184. Szalai K. (2019). Néhány anyagcserében kulcsszerepet játszó gén DNS polimorfizmus és génexpressziós mintázatának vizsgálata baromfi fajokban. *Doktori disszertáció, Széchenyi István Egyetem, Mosonmagyaróvár*.
185. Szeberényi J. (2014). Molekuláris sejtbiológia. *Dialóg Campus Kiadó – Nordex Kft*.
186. Tahamtani, F. M., Brantsæter, M., Nordgreen, J., Sandberg, E., Hansen, T. B., Nødtvedt, A., Rodenburg, T.B., Moe, R.O., Janczak, A. M. (2016). Effects of litter provision during early rearing and environmental enrichment during the production phase on feather pecking and feather damage in laying hens. *Poultry Science*, 95, 2747–2756.
187. *The Humane Society of the United States* (2010a). Understanding mortality rates of laying hens in cage-free egg production systems. *Agribusiness Collection*, 3, 1–12.
188. *The Humane Society of the United States* (2010b). Welfare issues with furnished cages for egg-laying hens. *Impacts on Farm Animals*, 14, 1–17.
189. Tidey, J. W., Miczek, K. A. (1992). Morphine withdrawal aggression: Modification with D1 and D2 receptor agonists. *Psychopharmacology (Berlin)*, 108, 177–184.
190. Tidey, J. W., Miczek, K. A. (1996). Social defeat stress selectively alters mesocorticolimbic dopamine release: An in vivo microdialysis study. *Brain Research*, 721, 140–149.
191. Tramontin, A. D., Brenowitz, E. A. (2000). Seasonal plasticity in the adult brain. *Trends in Neurosciences*, 23, 251–258.
192. Ullrich, A., Gray, A., Berman, C., Dull, T. J. (1983). Human β -nerve growth factor gene sequence highly homologous to that of mouse. *Nature*, 303, 821–825.
193. Untergasser, A., Cutcutache, I., Koressaar, T., Ye, J., Faircloth, B. C., Remm, M., Rozen, S. G. (2012). Primer3-new capabilities and interfaces. *Nucleic Acids Research*, 40, e115.
194. Väisänen, J., Håkansson, J., Jensen, P. (2005). Social interactions in Red Junglefowl (*Gallus gallus*) and White Leghorn layers in stable groups and after re-grouping. *British Poultry Science*, 46, 156–168.

195. Van Hierden, Y. M., Korte, S. M., Ruesink, E. W., Van Reenen, C. G., Engel, B., Kortebouws, G. A., Koolhaas, J. M., Blokhuis, H. J. (2002a). Adrenocortical reactivity and central serotonin and dopamine turnover in young chicks from a high and low feather-pecking line of laying hens. *Physiology Behavior*, 75, 653–659.
196. Van Hierden, Y. M., Korte, S. M., Ruesink, E. W., Van Reenen, C. G., Engel, B., Koolhaas, J. M., Blokhuis, H. J. (2002b). The development of feather pecking behaviour and targeting of pecking in chicks from a high and low feather pecking line of laying hens. *Applied Animal Behaviour Science*, 77, 183–196.
197. Van Oortmerssen, G. A., Bakker, T. C. (1981). Artificial selection for short and long attack latencies in wild *Mus musculus domesticus*. *Behavior Genetics*, 11, 115–126.
198. Van Tol, H. H. (1996). The dopamine D4 receptor. *NIDA Research Monographs*, 161, 20–38.
199. Vincze, T., Posfai, J. J., Roberts, R. (2003). NEBcutter: A program to cleave DNA with restriction enzymes. *Nucleic Acids Research*, 31, 3688–3691.
200. Wang, C., Liu, Y., Wang, H., Wu, H., Gong, S., Chen, W., He, D. (2014). Molecular characterization and differential expression of multiple goose dopamine D2 receptors. *Gene*, 535, 177–183.
201. Wechsler, B., Huber-Eicher, B., Nash, D. R. (1998). Feather pecking in growers: A study with individually marked birds. *British Poultry Science*, 39, 178–185.
202. Weeks, C. A., Nicol, C. J. (2006). Behavioural needs, priorities and preferences of laying hens. *World's Poultry Science Journal*, 62, 296–307.
203. Wenk, C. (2011). Sustainable egg and poultry meat production. XIVth European Symposium on the Quality of Eggs and Egg Products, Leipzig, Germany.
204. Whittemore, S. R., Ebendal, T., Lärkfors, L., Olson, L., Seiger, A. S. I. P. H., Strömberg, I., Persson, H. (1986). Development and regional expression of beta nerve growth factor messenger RNA and protein in the rat central nervous system. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 83, 817–821.
205. Whittemore, S. R., Friedman, P. L., Larhammar, D., Persson, H., Gonzalez-Carvajal, M., Holets, V. R. (1988). Rat β -nerve growth factor sequence and site of synthesis in the adult hippocampus. *Journal of Neuroscience Research*, 20, 403–410.

206. Wilkanowska, A., Mazurowski, A., Mroczkowski, S., Kokoszyński, D. (2014). Prolactin (PRL) and prolactin receptor (PLR) genes and their role in poultry production traits. *Folia Biologica (Kraków)*, 62, 1–8.
207. Willnow, T. E., Petersen, C. M., Nykjaer, A. (2008). VPS10P-domain receptors — regulators of neuronal viability and function. *Nature Reviews Neuroscience*, 9, 899–909.
208. Wunderlich, L. (2014). Molekuláris biológiai technikák. *Typotex Kiadó*.
209. Wysocki, M. (2007). *Genetic dissection of the predisposition to feather pecking of laying hens: Behavioural studies, identification of candidate genes and gene expression analyses* (Ph.D. Thesis). Chair of Animal Breeding, Technical University of Munich.
210. Wysocki, M., Bessei, W., Kjaer, J. B., Bennewitz, J. (2010). Genetic and physiological factors influencing feather pecking in chickens. *World's Poultry Science Journal*, 66, 1–14.
211. Xu, H. P., Shen, X., Zhou, M., Luo, C. L., Kang, L., Liang, Y., Zeng, H., Nie, Q. H., Zhang, D. X., Zhang, X. Q. (2010b). The dopamine D2 receptor gene polymorphisms associated with chicken broodiness. *Poultry Science*, 89, 428–438.
212. Xu, H., Shen, X., Zhou, M., Fang, M., Zeng, H., Nie, Q., Zhang, X. Q. (2010a). The genetic effects of the dopamine D1 receptor gene on chicken egg production and broodiness traits. *BMC Genetics*, 11, 17.
213. Yamazaki, H., Bujo, H., Kusunoki, J., Seimiya, K., Kanaki, T., Morisaki, N., Schneider, W. F., Saito, Y. (1996). Elements of neural adhesion molecules and a yeast vacuolar protein sorting receptor are present in a novel mammalian low density lipoprotein receptor family member. *Journal of Biological Chemistry*, 271, 24761–24768.
214. Yoshida, M., Yokoo, H., Mizoguchi, K., Kawahara, H., Tsuda, A., Nishikawa, T., Tanaka, M. (1992). Eating and drinking cause increased dopamine release in the nucleus accumbens and ventral tegmental area in the rat: Measurement by in vivo microdialysis. *Neuroscience Letters*, 139, 73–76.
215. Yousefi, S., Raoufi, Z., Rasouli, Z., Zerehdaran, S. (2012). Investigation of prolactin gene polymorphism in Japanese quail. *Scientific Papers Animal Science and Biotechnologies*, 45, 289–289.
216. Zeltner, E., Klein, T., Huber-Eicher, B. (2000). Is there social transmission of feather pecking in groups of laying hen chicks? *Animal Behaviour*, 60, 211–216.
217. Zepp, M., Louton, H., Erhard, M., Schmidt, P., Helmer, F., Schwarzer, A. (2018). The influence of stocking density and enrichment on the

- occurrence of feather pecking and aggressive pecking behavior in laying hen chicks. *Journal of Veterinary Behavior*, 24, 9–18.
218. Zhang, D. X., Xu, Z. Q., He, J., Ji, C. L., Zhang, Y., Zhang, X. Q. (2015). Polymorphisms in the 5'-flanking regions of the GH, PRL, and Pit-1 genes with Muscovy duck egg production. *Journal of Animal Science*, 93, 28–34.
219. Zoltán P. (1997). Baromfihús- és tojástermelők kézikönyve. *Mezőgazdasági Szaktudás Kiadó Kft.*
220. Zsolnai A. (Szerk.) (2000). Molekuláris genetikai módszerek alkalmazása az állattenyésztésben. *Agroinform Kiadó.*

Egyéb források:

URL¹: <https://data.apps.fao.org/catalog/dataset/9d1e149b-d63f-4213-978b-317a8eb42d02/resource/302c6fc3-4663-4478-8b4b-402b100c435f>

URL²: https://www.ksh.hu/stadat_files/mez/hu/mez0034.html

URL³: https://www.ksh.hu/stadat_files/mez/hu/mez0116.html

URL⁴: <https://all.biz/hu-hu/tetra-blanca-g6226>

URL⁵: <http://www.babolnatetra.com/termek/tetra-sl-ll/>

URL⁶: <http://www.babolnatetra.com/termek/tint/>

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

Köszönöm témavezetőimnek, Prof. Dr. Bali Papp Ágnes egyetemi tanárnak és Dr. Tempfli Károly egyetemi docensnek a vizsgálatok elvégzése során nyújtott segítségét, a disszertáció elkészítését támogató valamennyi javaslatát és iránymutatását!

Hálával és köszönettel tartozom Dr. Zsédely Eszter egyetemi docensnek, Dr. Szalai Klaudia egyetemi adjunktusnak, valamint Dr. Lencsés-Varga Erika egyetemi docensnek az adatgyűjtésben nyújtott segítségéért!

Hálásan köszönöm az egyetemi kísérleti baromfitelep valamennyi munkatársának és Lengyelné Thurner Hajnalka telepvezetőnek, hogy mindenben segítettek és lehetővé tették vizsgálataim elvégzését!

Hálásan köszönöm családom, férjem, barátaim türelmét és odaadó támogatását!