



SORCS2 POLIMORFIZMUS GENOTIPIZÁLÁSA KÜLÖNBÖZŐ TYÚK ÁLLOMÁNYOKBAN

¹SÁRVÁRI LORETTA CSILLA - ¹TEMPFLI KÁROLY - ¹SZALAI KLAUDIA -
¹ZSÉDELY ESZTER - ¹LENCSÉS-VARGA ERIKA - ¹HERCEG BALÁZS -
²ALMÁSI ANITA - ²HIDAS ANDRÁS - ²ORBÁN ATTILA - ¹BALI PAPP ÁGNES

¹ Széchenyi István Egyetem, Mezőgazdaság- és Élelmiszertudományi Kar,
Állattudományi Tanszék, Mosonmagyaróvár

² Bábolna TETRA Kft., Bábolna

ÖSSZEFOGLALÁS

A modern állati termék előállításban az állatjólét egyre fokozódó hangsúllyal jelenik meg. A megfelelő állatvédelem és állatjólét biztosítása a pozitív fogyasztói megítélés elérésének és a hatékony termelés fenntartásának egyaránt alapvető feltétele. Jelen vizsgálatban egy potenciális, az agresszív viselkedés kialakulásában szerepet játszó marker, a *SORCS2* (sortilin related VPS10 domain containing receptor 2) génben található egy pontos nukleotid polimorfizmus genotipizálását végeztük el különböző kísérleti tojótyúk hibridekben (C1, C2, Tint). Kidolgoztuk a gén polimorfizmusának azonosításához használható polimeráz láncreakció és restrikciós fragmenthossz polimorfizmus (PCR-RFLP) módszert. A vizsgálathoz szükséges DNS-t tollmintákból izoláltuk, majd PCR-RFLP és agaróz gélelektroforézis segítségével végeztük a genotipizálást. A vizsgált hibrid állományokban meghatároztuk a különböző *SORCS2* allélok és genotípusok arányát, és statisztikai módszerekkel elemeztük az allél- és genotípus-gyakoriságban megfigyelhető különbségeket. További elemzések során a *SORCS2* genotípus hatásait értékeltük számos tulajdonság alakulására (pl. tollazat épsége 30 és 60 hetes életkorban, vedlés megjelenése 60 hetes korban, különböző viselkedésminták előfordulási gyakorisága). Eredményeink alapján a *SORCS2*

genotípusok eltérő arányban fordulnak elő a vizsgált hibrid állományokban, ezáltal szerepet játszhatnak a viselkedésbeli és termelésbeli különbségek kialakulásában.

Kulcsszavak: viselkedés, *SORCS2*, tyúk

BEVEZETÉS ÉS IRODALMI ÁTTEKINTÉS

Az állatok viselkedése a külső és a belső környezeti hatásokra történő magatartásbeli megnyilvánulásukat jelenti. A viselkedést alakító életfolyamatok, ezáltal a viselkedési formák, módok a szervezet és a környezet kölcsönhatásának eredményei, amelyekben mind az öröklött, mind a szerzett (tanult) viselkedési sémák szerepet játszanak (*Gere és Csányi, 2001*). A baromfiiparban az agresszív magatartás az állatjólét kiemelt kérdése az egész világon. A tyúk faj esetében mindmáig kevés információval rendelkezünk az agresszív viselkedés genetikai hátteréről, azonban *Li és mtsai* 2016-ban teljes genomra kiterjedő asszociációs vizsgálatot (GWAS) végeztek a tyúk agresszív viselkedésével kapcsolatos genetikai mechanizmus feltárása céljából. A GWAS eredményeként mintegy 17 génben vagy gén közelében (köztük pl. a *SORCS2* az Idegi Növekedési Faktor, és Dopamin receptor gének) 33 egyponyos nukleotid polimorfizmust (SNP) azonosítottak mint az agresszív viselkedés potenciális genetikai markerei. A tyúk agresszív viselkedését úgy definiálják, mint az élőhelyért, a takarmányért, a párosodásért, az egyedi túlélésért folytatott küzdelem, a közvetlen szociális dominancia megnyilvánulása. A tyúk társas viselkedésének fontos eleme a társaikkal folytatott küzdelem révén, hogy meghatározzák pozíciójukat a hierarchiában, és felállítsák a szociális rangsort (*Väisänen és mtsai, 2005*). Az agresszív viselkedés emellett megnövekedett szociális stresszt, testkárosodást, halálózást, valamint megjelenési hibákat okozhat, így súlyos gazdasági veszteségeket jelent a termelésben. Ezért az agressziót szabályozó genetikai mechanizmus feltárása nem csak a tyúk faj agressziójának jobb megértését szolgálja, hanem javíthatja a baromfiipar gazdasági hatékonyságát és az állatok jólétét is.

A *SORCS2* gén legnagyobb mértékben a központi idegrendszerben expresszálódik, terméke a Vps10p-D fehérjék családjába tartozik. Fontos szerepet játszik a neurális struktúrák és az agyi plaszticitás kialakulásában. A közelmúltbeli, emlősöknél megállapított asszociációs eredmények érdekessé teszik a gén vizsgálatát mint a bipoláris zavar (BD), a figyelemhiányos hiperaktivitási rendellenesség (ADHD), a skizofrénia, és az Alzheimer-kór kialakulásában szerepet játszó faktor (*Soronen, 2012; Takata és mtsai,*

2011; Tielbeek és mtsai, 2012; Zeitz és mtsai, 2013; Fabbri és Serretti, 2016). Jelen vizsgálat fő célja a *SORCS2* génben azonosított SNP genotipizálására alkalmazható PCR-RFLP módszer kidolgozása, valamint a polimorfizmus hazai tyúk-állományban való jelenlétének igazolása volt. Az eltérő *SORCS2* genotípusú csoportok termelési, viselkedési tulajdonságainak összevetése révén lehetőség nyílik a polimorfizmus szelekcióban való alkalmazhatóságának felmérésére.

ANYAG ÉS MÓDSZER

A vizsgálatban szereplő tyúkok két különböző kísérleti telepről származtak: Kaposvárról (N=119) és Mosonmagyaróvárról (N=30). Az állományt három, fejlesztés alatt álló, szabadtartásra alkalmas, árutermelő tojóhibrid csoport alkotta (C1, C2, és Tint néven). Mindkét telepen zárt, csoportos (ketrec nélküli) tartástechnológiát alkalmaztak azonos takarmányozási feltételekkel. A kaposvári minták értékelésénél rendelkezésre álló adatokat (pl. tollazat bonitálás eredménye, tollazat épsége 30 és 60 hetes életkorban, vérmérséklet) és tollmintákat kaposvári kollégáinknak, Dr. Sütő Zoltán professzor úrnak és kutatócsoportjának köszönhetjük. A bonitálás során a tollazat épsége és fejlettsége került bírálatra. A kifogástalan, ép tollazat 36 maximális pontszámmal értékelhető, míg a különböző testtájakon és különböző mértékben jelentkező hiányosságok pontlevonást eredményeztek. A vérmérséklet (ideges/nyugodt) megítélése a bonitálások során tanúsított viselkedés alapján történt. A mosonmagyaróvári kísérleti állományban a tyúkok között megfigyelhető főbb viselkedésmintákat és azok gyakoriságát 35-37 hetes életkorban rögzítettük, egy órás megfigyelési periódusok alkalmával. Az egyedek azonosítását különböző színű szalagok lábán való elhelyezésével valósítottuk meg. A tyúkok között megfigyelhető főbb viselkedésmintákat, viselkedéstípusokat és azok gyakoriságát rögzítettük legalább egy órás megfigyelési periódusokban, mindig a délelőtti órákban. A megfigyelés végén az állatoktól tollmintát gyűjtöttünk, azokat egyedileg jelölt mintavételi zacskókba helyeztük, majd a felhasználásig -20 °C-on tároltuk.

Az agresszív viselkedés kialakulásának potenciális markereként azonosított *SORCS2* (sortilin related VPS10 domain containing receptor 2) polimorfizmus (*Li és mtsai, 2016*) genotipizáláshoz PCR-RFLP módszert (polimeráz láncreakció-restrikciós fragmenthossz polimorfizmus) dolgoztunk ki. A *SORCS2* gén vizsgált szakaszának felsokszorozásához

szükséges primereket a primer3 programmal terveztük meg. A polimorfizmus azonosításához használható restriktív enzimet (*RsaI*) a New England BioLabs Enzyme Finder alkalmazás segítségével választottuk ki.

A PCR reakció komponenseinek (Maxima SYBR Green mastermix, primerek, nukleázmentes víz) összemérése után az alábbi sorrendben és lépésekkel amplifikáltuk a *SORCS2* vizsgált szakaszát: bevezető denaturáció: 95 °C, 6 min, majd 95 °C, 15s; primer kapcsolódás: 60 °C, 30s; elongáció: 72°C, 30s; a denaturációs, feltapadási és elongációs szakaszt 39-szer ismételtük.

A restriktív fragmenthossz polimorfizmusnál a PCR termékeket legalább 3 órán keresztül, 37 °C-on inkubáltuk. A gélbe juttatott mintákat UV-fényben látható festékkel (etídium-bromiddal) jelöltük. Az UV-megvilágítás során az adott minta által megtett út hossza arányos a fragment méretével, így polimorfizmusok elkülönítésére alkalmas.

A statisztikai értékelés SPSS v.16 program segítségével, független mintás t-próba és Khí négyzet teszt alkalmazásával történt.

EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELÉS

A kidolgozott PCR-RFLP módszert sikeresen alkalmaztuk a polimorfizmus azonosítására. A használt *RsaI* enzim *C* allél jelenléte esetén végez hasítást, így a 228 bp hosszúságú PCR-terméket egy 75 és egy 153 bp hosszúságú szakaszra vágja.

A Kaposvárról származó állományok rendelkezésre álló fenotípusos eredményeit és a kapcsolódó *SORCS2* genotípusok közötti összefüggések az alábbi táblázatokban láthatók. Az egész vizsgált állományra (N=119) vonatkozó tollazat bonitálási eredményeket a *SORCS2* genotípus szerint mutatja be az 1. táblázat.

1.táblázat: A tyúkok bonitálási eredményei SORCS2 genotípus szerint

Table 1: Bonitation result of individuals of different SORCS2 genotypes

	⁽¹⁾ SORCS2 genotípus (N)	
	CC	CT
⁽²⁾ Bonitálás pontszám (30 hetes korban)	35,88±0,37 (75)	35,98±0,15 (44)
⁽³⁾ Bonitálás pontszám (60 hetes korban)	32,64 ^b ±3,76 (61)	34,34 ^a ±2,58 (41)

^{a,b} A különböző betűvel ellátott átlagok közötti különbség szignifikáns (P<0,05)

^{a,b} The difference between the averages with different letters is significant (P<0,05)

(1) SORCS2 genotypes, (2) Bonitation score (at 30 weeks of age), (3) Bonitation score (at 60 weeks of age)

A 30 hetes életkorban (N=119) elért összpontszámok átlagai alapján nem különböztek szignifikáns (P<0,05) mértékben a CC és a CT genotípusú csoportok. A 60 hetes korban (N=102) megállapított bonitálási eredményeket tekintve megállapítható, hogy a CT genotípusú heterozigóta csoport szignifikánsan (P<0,05) nagyobb bonitálási átlagot ért el, vagyis nagyobb mértékben megőrizték tollazatuk épségét. A SORCS2 genotípus tollazatra gyakorolt hatásáról mindeddig nem számoltak be a szakirodalomban. A genotípus-fenotípus asszociációk hátterében számos polimorfizmus esetében a tulajdonság biológiai hátterét ténylegesen befolyásoló lokuszhoz való genetikai kapcsoltság áll. A SORCS2 gén és a tollazat alakulása közötti összefüggés értékeléséhez további adatok szükségesek, ill. a lehetséges kapcsoltsági viszony feltárásában *in silico* vizsgálat nyújthat segítséget.

A 2. táblázatban látható a genotípusok megoszlása a három kísérleti csoportban. A homozigóta C genotípus legnagyobb arányban a Tint, legkisebb arányban a C1 állományban fordult elő. A C1 hibrid esetében a CC genotípust szignifikánsan (P<0,05) kisebb arányban figyeltük meg, mint a Tint és a C2 hibridnél.

2.táblázat: A SORCS2 genotípus gyakorisága hibridek szerint

Table 2: Distribution of SORCS2 genotype frequencies in different herds

Állomány	⁽¹⁾ SORCS2 genotípus arány (N)	
	CC	CT
C1	52,8 (28) ^b	47,2 (25)
C2	68,8 (33) ^a	31,2 (15)
Tint	77,8 (14) ^a	22,2 (4)

^{a,b} A különböző betűvel ellátott genotípus-gyakoriságok közötti különbség szignifikáns (P<0,05)

^{a,b} The difference between genotype frequencies with different letters is significant (P<0,05)

(1) SORCS2 genotype ratio

A 60. élethéten a 102 genotipizált tyúk közül 22 egyednél figyeltek meg vedlést (az állomány 21,6%-a). A vedlést mutató egyedek több mint háromnegyede CC genotípusú volt (3. táblázat), ami a C allél vedléssel való tendenciaszerű (P=0,059) összefüggésére utal.

3.táblázat: A vedlés megjelenése SORCS2 genotípus szerint

Table 3: Appearance of shedding in different SORCS2 genotype groups

	⁽¹⁾ SORCS2 genotípus (N)	
	CC	CT
⁽²⁾ Nem vedlik (%)	55,0 (44)	45,0 (36)
⁽³⁾ Vedlik (%)	77,3 (17)	22,7 (5)

Pearson-féle Kí négyzet $\chi^2=3,56$ (P=0,059)

Pearson's Chi Square $\chi^2=3,56$ (P=0,059)

(1) SORCS2 genotype, (2) non shedding, (3) shedding

A 4. táblázatban az ún. bundás tollazat és az elhullások aránya látható SORCS2 genotípusonként. A bundás tollazat az állomány egészéhez viszonyítva szignifikánsan (P<0,05) nagyobb arányban fordult elő a heterozigóta (CT) csoportban. A heterozigóta csoportban szignifikánsan (P<0,05) kevesebb elhullást rögzítettek, mint a homozigótáknál (18,2% a CC, illetve 6,8% a CT genotípus-csoportban).

4.táblázat: A „bundás” tollazat kialakulása és az elhullás SORCS2 genotípus szerint
 Table 4 Mortality rate and formation of “furry” plumage in different SORCS2 genotype groups

		⁽¹⁾ SORCS2 genotípus	
		CC	CT
⁽²⁾ Bundás	Megfigyelt egyedszám (N)	16	18
	SORCS2 genotípus arányában (%)	21,3 ^b	40,9 ^a
⁽³⁾ Elhullott	Megfigyelt egyedszám (N)	14	3
	SORCS2 genotípus arányában (%)	18,7 ^a	6,8 ^b

^{a,b} A különböző betűvel ellátott értékek közötti különbség szignifikáns (P<0,05)

^{a,b} The difference between the values with different letters is significant (P<0,05)

(1) SORCS2 genotype, (2) furry, (3) died

A bonitálás során értékelték az állatok vérmérsékletét, az egyedeket viselkedésük alapján két csoportra (ideges vagy nyugodt) osztották. Az 5. táblázatban az ideges és nyugodt madarak aránya látható genotípusonként. A SORCS2 polimorfizmus vérmérsékletre gyakorolt hatásának vizsgálatához további egyedeket szükséges bevonni a kísérletbe, hiszen a jelenleg genotipizált 119 egyedből mindössze 4 minősült ideges vérmérsékletűnek. Genotípusonként nem volt különbség az ideges és/vagy nyugodt tyúkok arányában (P>0,05).

5.táblázat: Az ideges/nyugodt vérmérsékletű egyedek előfordulása különböző SORCS2 genotípusú csoportokban

Table 5: Occurrence of nervous / calm-blooded individuals in different SORCS2 genotype groups

		⁽¹⁾ SORCS2 genotípus	
		CC	CT
⁽²⁾ Ideges	Megfigyelt egyedszám (N)	3	1
	SORCS2 genotípus arányában (%)	4,8	2,4
⁽³⁾ Nyugodt	Megfigyelt egyedszám (N)	59	40
	SORCS2 genotípus arányában (%)	95,2	97,6

(1) SORCS2 genotype, (2) nervous, (3) calm

Jelenleg a mosonmagyaróvári kísérleti állomány 30 egyedétől állt rendelkezésre a viselkedésminták vizsgálatának és a *SORCS2* genotipizálási munkának az eredménye. A 6. táblázatban – tájékoztató jelleggel – látható az egyes viselkedésminták előfordulási esetszáma a különböző genotípusú csoportokban.

6. táblázat: A felvételezett viselkedésminták előfordulása különböző *SORCS2* genotípusonként

Table 6: Occurrence of recorded behavior patterns by different *SORCS2* genotypes

<i>SORCS2</i> genotípus	CC (N=19)			CT (N=9)			TT (N=2)		
	Átlag	Szórás	Összes eset	Átlag	Szórás	Összes eset	Átlag	Szórás	Összes eset
⁽²⁾ Viselkedésformák									
⁽³⁾ Jelölő csipkedése	1,37	1,74	26	1,22	1,92	11	3,00	1,14	6
⁽⁴⁾ Csipkedés	0,21	0,54	4	0,22	0,44	2	0,50	0,71	1
⁽⁵⁾ Támadó csipkedés	0,11	0,31	2	0,22	0,44	2	0	0	0
⁽⁶⁾ Falra ugrás	0,05	0,23	1	0	0	0	0	0	0
⁽⁷⁾ Tollazat borzolása	0,37	0,60	7	0,67	0,71	6	1,00	1,41	2
⁽⁸⁾ Szárnycsapkodás	0,11	0,46	2	0,11	0,33	1	0,50	0,71	1
⁽⁹⁾ Szárnyemelés	0,16	0,38	3	0,11	0,33	1	0	0	0
⁽¹⁰⁾ Tollászkodás	0,95	1,62	18	0,67	0,71	6	2,00	2,83	4
⁽¹¹⁾ Idegés járkálás	0,53	1,61	10	0,22	0,67	2	0	0	0
⁽¹²⁾ Kiutat keresés	0,58	1,22	11	0,44	1,33	4	0,50	0,71	1
⁽¹³⁾ Felreppenés	1,05	3,92	20	0,56	1,01	5	0	0	0
⁽¹⁴⁾ Szökési kísérlet	0,32	1,00	6	1,56	2,35	14	0	0	0
⁽¹⁵⁾ Fekvés	0,63	1,34	12	0,67	1,12	6	1,00	1,41	2
⁽¹⁶⁾ Kapirgálás	0,37	0,96	7	1,56	3,32	14	0,50	0,71	1
⁽¹⁷⁾ Áldozat	0,05	0,23	1	0,33	1,00	3	0	0	0
⁽¹⁸⁾ Üldözés	0	0	0	0,11	0,33	1	0	0	0

(1) *SORCS2* genotype, (2) behaviors; (3) marker pinching, (4) pinching, (5) offensive pinching, (6) jump on the wall, (7) plumage ruffle, (8) flapping, (9) wing lift, (10) feathering, grooming, (11) nervous walking, (12) way out search, (13) flying up, (14) escape attempt, (15) recline, (16) scratching, (17) victim, (18) persecution

A mosonmagyaróvári kísérleti állományban rögzített viselkedésmintákat négy főbb kategóriába (agresszió, érdeklődés, komforttevékenység, menekülés) soroltuk. A 7.

táblázat a főbb kategóriák átlagos előfordulását mutatja be genotípusonként tájékoztató jelleggel.

7. táblázat: Főbb viselkedéstípusok előfordulása a különböző SORCS2 genotípusú csoportokban

Table 7: Occurrence of major behavioral types in different SORCS2 genotype groups

(1) SORCS2 genotípus		(2) Agresszió	(3) Érdeklődés	(4) Komfort	(5) Menekülés
CC (N=19)	Átlag	0,11	1,63	4,16	1,47
	Szórás	0,315	1,832	5,346	2,932
	Összes eset	2	31	79	28
CT (N=9)	Átlag	0,33	1,44	4,33	1,89
	Szórás	0,5	2,068	4,359	3,689
	Összes eset	3	13	39	17
TT (N=2)	Átlag	0	3,5	5	0,5
	Szórás	0	0,707	4,243	0,707
	Összes eset	0	7	10	1
Összes (N=30)	Átlag	0,17	1,7	4,27	1,53
	Szórás	0,379	1,878	4,863	3,037
	Összes eset	5	51	128	46

(1) SORCS2 genotype, (2) aggression, (3) interest, (4) comfort, (5) escape

Kezdeti eredményeink alapján a CT genotípusú állományban gyakoribb volt az agresszív viselkedésminták előfordulása, mint a homozigóta C egyedeknél, míg a két homozigóta T tyúk esetében nem rögzítettünk agresszív viselkedésmintát.

A genotipizált és a viselkedéssel kapcsolatos vizsgálatba vont állomány további növelésével pontosabb képet kaphatunk a SORCS2 polimorfizmus szerepéről a viselkedés alakulásában és az agresszió megjelenésében a tyúk fajnál.

ÖSSZEFOGLALÁS

A kidolgozott PCR-RFLP módszert sikeresen alkalmaztuk a polimorfizmus azonosítására.

Az emésztés után agaróz gélelektroforézist futtattunk, viszont láthatóvá kellett tenni az RFLP- termékeket. Erre a célra olyan festékeket használtunk, melyek nukleinsavakkal fluoreszkáló komplexeket képeznek: a látható tartományban fényt bocsátanak ki magukból és ultraibolya fényben gerjeszthetőek.

Eredményeink alapján a *SORCS2* genotípusok eltérő arányban fordulnak elő a vizsgált hibrid állományokban, ezáltal szerepet játszhatnak a hibridvonalak közötti viselkedésbeli és termelésbeli különbségek kialakulásában.

Genotyping of a *SORCS2* polymorphism is different chicken populations

¹SÁRVÁRI LORETTA CSILLA - ¹TEMPFLI KÁROLY - ¹SZALAI KLAUDIA -
¹ZSÉDELY ESZTER - ¹LENCSES-VARGA ERIKA - ¹HERCEG BALÁZS -
²ALMÁSI ANITA - ²HIDAS ANDRÁS - ²ORBÁN ATTILA - ¹BALI PAPP ÁGNES

¹ Széchenyi István University, Faculty of agricultural and Food Sciences,
Mosonmagyaróvár

² Bábolna TETRA Kft., Bábolna

ABSTRACT

Increasing consumer pressure to further improve animal welfare is a major challenge in modern animal production. In this preliminary study, a single nucleotide polymorphism of *SORCS2* (sortilin related VPS10 domain containing receptor 2) was genotyped in different chicken hybrid populations (e.g. Bábolna C1, C2, Tint) as a potential marker for aggressive behaviour. A polymerase chain reaction and restriction fragment length polymorphism (PCR-RFLP) method was developed for the identification of *SORCS2* genotypes. Required DNA was isolated from feather samples, and agarose gel electrophoresis was applied for visual allele discrimination. Allele and genotype frequencies were calculated, and population differences were analysed. In a genotype-trait association study, allele effects were investigated on several traits (e.g. general plumage condition at week 30 and 60, occurrence of molting at week 60, frequency of

behavioural types). Based on the results, it was concluded that the analysed *SORCS2* marker can contribute to differences in behavioural and production traits between hybrid populations.

Keywords: behaviour, *SORCS2*, chicken

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

Kaposvári kollégáinknak, Dr. Sütő Zoltán professzor úrnak és kutatócsoportjának köszönjük a kaposvári minták értékeléséhez gyűjtött és rendelkezésünkre bocsátott adatokat (pl. tollazat bonitálás eredménye, tollazat épsége 30 és 60 hetes életkorban, vérmérséklet) és a szükséges tollmintákat!

A kutatást a 2018-1.3.1-VKE-2018-00042 projekt támogatta.

A dolgozat elkészítését az EFOP-3.6.3-VEKOP-16-2017-00008 számú projekt támogatta. A projekt az Európai Unió támogatásával, az Európai Szociális Alap társfinanszírozásával valósult meg.

IRODALOMJEGYZÉK

Fabbri, C., Serretti, A. 2016. Genetics of long-term treatment outcome in bipolar disorder. *Progress in Neuro-Psychopharmacology and Biological Psychiatry*, 65, 17–24.

Gere T. – Csányi V. (2001): Gazdasági állatok viselkedése I. Általános etológia. Mezőgazdasági Szaktudás Kiadó, Budapest

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.

Soronen, P. 2012. Genetics behind mood disorders: Candidate gene studies of bipolar and major depressive disorders. Akadémiai disszertáció, Helsinki Egyetem, Finnország, 108.

Takata A., Kawasaki H., Iwayama Y., Yamada K., Gotoh L., Mitsuyasu H., Miura T., Kato T., Yoshikawa T., Kanba S. 2011. Nominal association between a polymorphism in DGKH and bipolar disorder detected in a meta-analysis of East Asian case-control samples. *Psychiatry and Clinical Neuroscience*, 65, 280–285.

Tielbeek J.J., Medland S.E., Benyamin B., Byrne E.M., Heath A.C., Madden P.A., Martin N.G., Wray N.R., Verweij K.J. 2012. Unraveling the genetic etiology of adult antisocial behavior: a genome-wide association study. *PLoS One*, 7:e45086.

Väisänen J. - Hakansson J. - Jensen P. 2005. Social interactions in Red Junglefowl (*Gallus gallus*) and White Leghorn layers in stable groups and after re-grouping. *Br Poult Sci.* 46, 156–168.

Zeitz M.J., Lerner P.P., Ay F., Van Nostrand E., Heidmann J.D., Noble W.S., Hoffman A.R. 2013. Implications of COMT long-range interactions on the phenotypic variability of 22q11.2 deletion syndrome. *Nucleus*, 4, 487–493.

A szerző címe – Address of the author:

Sárvári Loretta Csilla

Széchenyi István Egyetem, Mezőgazdaság- és Élelmiszertudományi Kar,

Állattudományi Tanszék

9200 Mosonmagyaróvár, Vár tér 2.

E-mail: sarvari.loretta@sze.hu