

Animal welfare, etológia és tartástechnológia



Animal welfare, ethology and housing systems

Volume 16

Issue 2

Gödöllő
2020

A CIKTA JUH PRIONGENOTÍPUSAINAK ELŐFORDULÁSI GYAKORISÁGA

*Kovács Endre¹, Tempfli Károly², Zenke Petra¹, Maróti-Agóts Ákos¹,
Sáfár László³, Gáspárdy András¹*

¹Állatorvostudományi Egyetem, Állattenyésztési, Takarmányozástani és Laborállat-tudományi Tanszék, 1078 Budapest, István utca 2.

²Széchenyi István Egyetem, Mezőgazdaság- és Élelmiszertudományi Kar, Állattudományi Tanszék, 9200 Mosonmagyaróvár, Vár tér 2.

³Magyar Juh- és Kecsketenyésztők Szövetsége, 1134 Budapest, Lőportár 16.
Kovacsdr.endre@gmail.com

Received – Érkezett: 15. 10. 2019.
Accepted – Elfogadva: 05.10.2020.

Összefoglalás

A szerzők a magyar cikta juhállományt vizsgálták meg a genetikailag meghatározott surlókor-rezisztencia szempontjából. Célul tűzték ki egyrészt a prion haplo- és a genotípusok, másrészt a kockázati csoportok relatív gyakoriságának, másrészt a scrapie elleni genetikai megelőzés 10 éves programja hatékonyságának megállapítását.

Nagyobb mintaszámon megerősítették a korábbi ismereteket, miszerint a cikta surlókorral szembeni genetikai ellenálló-képessége továbbra is alacsony. Az ARQ haplotípus és a 3. kockázati csoport magas gyakoriságát fajtaspecifikusnak kell tekinteni. A faji sokféleség megőrzése érdekében ezeket figyelmesen indokolt tenyészteni a cikta juhállomány más értékes tulajdonságainak megőrzésével egyidejűleg.

Kulcsszavak: surlókor rezisztencia, cikta, Zaupel, fajtavédelem

Frequency of prion genotypes in Cikta sheep

Abstract

The authors study the current status of Hungarian Cikta Sheep based on genetic background of scrapie resistance. The aim of this investigation was to estimate the relative frequency of prion haplotypes, -genotypes, and risk categories as well as to reveal the efficiency of scrapie eradication program achieved over the last decade.

The authors confirmed based on larger sample size the previous knowledge, that the resistance against scrapie of Cikta breed is considered as low, and the classification of this breed according to risk category has not been improved. However, the frequent haplotype ARQ and risk category 3 can also be considered for breed specificity. The careful breeding of them is permitted and will contribute to the maintenance of breed diversity according to other aspects.

Keywords: scrapie resistance, Cikta, Zaupel, breed conservation

Irodalmi áttekintés

Vizsgálatunkba a rég elfeledett „Zaupelschaf” fajta (Korth, 1825; Bohm, 1878; Adlung, 1912) egyik mai leszármazottját, a cikta juhott vontuk be. Itt vizsgáltuk a kiskérődzők egész világon előforduló és az állategészségügyben fontos jelentőséggel bíró surlókór fogékonyság genetikai meghatározottságát.

A surlókór fertőző, halálos kimenetelű és bejelentési kötelezettség alá eső betegség (Dexler, 1931; Rabenau, 2009), amelyet kóros prionváltozat okoz, és az agy állományának degeneratív változásában nyilvánul meg (Selbitz és Bisbing, 1995; Bostedt és Dedié, 1996). A prion az idegsejtek felszínén található fehérje, egészséges változatát PrPC-ként jelöljük. Patogén izoformját, a PrPSc-t a proteináz K enzim a sejtmembránon nem bontja le, mint a normál (PrPC) változatot, ezért ezek felhalmozódnak, és a sejt pusztulásához vezetnek (Foster és Hunter, 1998; Kang és mtsai., 2017).

Az 999/2001/EK európai parlamenti rendelet (EC, 2001) többek között a juh esetében is meghatározza a fertőző szivacsos agyvelőbántalmak (TSE) megelőzésének, ellenőrzésének és felszámolásának szabályait. Mentésítő programok keretében a surlókór-rezisztencia genotipizálását el kell végezni az őshonos fajtákban is. A scrapie első ismert esetét Magyarországon 1964-ben diagnosztizálták (Áldásy és Süveges, 1964), azóta csak szórványosan fordul elő.

Célunk volt, hogy meghatározzuk a prion haplo- és genotípusok, és rizikó csoportok gyakoriságát, továbbá összehasonlítsuk napjaink adatait a tíz évvel ezelőtti eredményekkel, a mentésítő program hatékonyságát igazolandó.

Anyag és módszer

A cikta juh (tolna-baranyai sváb juh) vagy német nevén Zaupel sváb telepésekkel együtt érkezett hazánkba 1720-tól kezdődően. A fajta feledésbe merült volna, ha az őshonos haszonállatok iránti érdeklődés, illetőleg megmentésükért érzett aggodalom nem éled fel. A még meglévő cikta juhokat az országon belül összegyűjtötték és 1974-ben Nagydorogon (a Bezzeg-pusztai OTÁF juhtenyésztő telepén) helyezték el. Azóta az állam támogatja a cikta fennmaradását Magyarországon.

Az MJKSZ munkatársai biológiai mintákat (fül porcszövet) gyűjtöttek a bárányok azonosítása során a TypiFix™ segítségével (Agrobiogen, 2016). Ezután a mintákat az Agrobiogen GmbH laboratóriumba küldték a prion-fehérje gén változatának molekuláris genetikai megállapítása céljából. A feldolgozási adatállományt a 2013 és 2015 közötti évek 10 nyájának összesen 1145 (kosok $n = 336$ és anyák $n = 809$) egyedének genotípusa tette ki, ami gyakorlatilag kiterjedt a teljes cikta juhállományra.

Eredmények és értékelésük

Az 1. táblázat mutatja a haplotípusok eloszlását az aktuális évekből (2013-2015), ahol a leggyakoribb (74,93%) az ARQ haplotípus, azt köve-ti az ARR (14,19%) és az AHQ (10,70%). Az ARH és VRQ haplotípusok előfordulása elhanyagolható. A jelenlegi analízisben, akár-csak a korábbiiban az ARR legrezisztensebb haplotípus a kívánatosnál jóval alacsonyabb előfordulási értékeket mutat. A χ^2 -teszt nem ad szignifikáns különbséget ($p=0,519$) a haplotípusok jelenlegi és korábbi gyakoriságai között. Meg kell azonban említeni, hogy a korábbi vizsgálatban (Fésüs és

mtsai, 2004 és 2008) hiányoztak az ARH és VRQ haplotípusok.

1. táblázat: A cikta juh prion haplo- és –genotípus gyakoriságai, valamint surlókór rizikó csoportok megoszlása

Csoportok	2004 %	2013-15 %
Haplotípusok: Chi ² =3,235; df=4; p=0,519	(n=138)	(n=2290)
ARR	20,29	14,19
AHQ	9,42	10,70
ARH	0,00	0,13
ARQ	70,29	74,93
VRQ	0,00	0,04
Genotípusok: Chi ² =12,564; df=7; p=0,083	(n=69)	(n=1145)
ARR/ARR	1,45	2,45
ARR/AHQ	4,35	2,79
ARR/ARH	-	-
ARR/ARQ	33,33	20,70
AHQ/AHQ	0,00	1,31
AHQ/ARH	-	-
AHQ/ARQ	14,49	15,98
ARH/ARH	-	-
ARH/ARQ	0,00	0,26
ARQ/ARQ	46,38	56,42
ARR/VRQ	-	-
AHQ/VRQ	-	-
ARH/VRQ	-	-
ARQ/VRQ	0,00	0,09
VRQ/VRQ	-	-
Rizikó csoportok: Chi ² =8,846; df=4; p=0,031	(n=69)	(n=1145)
R1	1,45	2,45
R2	37,68	23,49
R3	60,87	73,97
R4	0,00	0,00
R5	0,00	0,09

Table 1. Frequencies of prion haplo- and genotypes, and risk groups as well in Cikta sheep

A lehetséges 15-ből csak nyolc prion genotípus volt kimutatható. A leggyakoribb genotípusok a kevésbé kedvező ARQ-hordozó genotípusok voltak, amelyek az ARQ haplotípus legmagasabb frekvenciájából adódik. Ezeket követik a kedvezőbb ARR- és AHQ-hordozó genotípusok. A legérzékenyebb homozigóta VRQ/VRQ nem fordult elő. A genotípusok tekintetében az eltérő időben értékelt populációk között nem voltak szignifikáns különbségek (p=0,083), annak ellenére, hogy a legkevésbé kedvező genotípus 10%-kal nőtt. A Chi²-teszt bizonyította, hogy a cikta juh jelenlegi populációja teljes Hardy-Weinberg genetikai egyensúlyban

van ($\text{Chi}^2 = 0,269$, $\text{df} = 14$, $P=1,000$, a várt frekvenciák itt nincsenek bemutatva).

A kockázati csoportok az 1. táblázat alsó részében található. A legfontosabb megjegyezni, hogy az R4 hiányzik, és az R5-öt csak egy juh képviseli. Az ARQ magas frekvenciája miatt az R3 csaknem 74%-kal van jelen, és tenyésztésre leginkább alkalmas egyedek rizikó csoportja (R1) csak körülbelül 2,5%-a a teljes állománynak. A két értékelés között statisztikailag bizonyított ($p=0,031$), hogy a cikta juh a kockázati besorolás szempontjából változott; az R1 létszám növekedése mellett inkább az R3 létszám növekedése a figyelemreméltó.

Következtetések és javaslatok

Nagyszámú minta jelenlegi feldolgozása megerősítette a korábbi eredményt, miszerint a cikta juhállomány genetikai ellenálló képessége a surlókor fertőzéssel szemben alacsonynak tekinthető. Meg kell jegyezni, hogy a cikta juh ARR haplotípusának aránya sem javult. Ennek lehetséges magyarázata az, hogy a kiválasztás a tenyészkosok esetében volt mérvadó, illetve, hogy a 10 esztendő viszonylag kevés idő lehet átütőbb változás eléréséhez.

Mivel Magyarországon surlókort az elmúlt 10 évben nem diagnosztizáltak a kérődző fajok egyikében sem, így a surlókor kockázatának becslése különösen a külterjesen tartott legelő állatokra nézve meglehetősen bizonytalan.

Mindemellett, a fogékony állatokat (VRQ alléllal) ki kell zárni a tenyésztésből, és lehetőség szerint R1-es és R2-es kosokat felhasználni apaállatként. A még mindig gyakori ARQ haplotípust és a 3. kockázati csoportot fajta specifikusnak kell tekintenünk. Tenyésztésük megengedett, és genetikai anyaguk összességét tekintve a fajta sokszínűségének megőrzésére szolgálnak.

Baylis és munkatársai (2004) erősen feltételezik, hogy a homozigóta ARQ/ARQ genotípusú egyedek surlókor kockázata nagyobb, mint másik két, VRQ-hordozó genotípus (ARR/VRQ és AHQ/VRQ) esetében (noha egyikben sem tudták vélelmüket statisztikailag igazolni). Ugyanakkor, megnyugtató az a tény, hogy az ARQ/ARQ genotípusban sokkal kisebb a surlókor kockázata, mint az ARQ/VRQ vagy VRQ/VRQ genotípusban. Utóbbi vezethetett szigorúbb kiválasztási szempontokhoz a cseh surlókor mentesítési programban, amelyben már csak az ARQ-hordozó genotípusú kosok használatát engedélyezik (a homozigóta ARQ/ARQ kosokat nem; *Stepanek and Horin*, 2017).

A jövőben is cél, hogy elkerüljük a surlókor megjelenését a VRQ haplotípust nem hordozó kosok használatának növelése, illetőleg a VRQ-hordozó egyedeket kiszűrése. A VRQ-tól mentes cikta juh populáció nagymértékben ellenállna a surlókoroknak, amely időnként megfertőzheti. Az AHQ, ARH és ARQ allélok hosszú ideig maradhatnak a tenyésztésben.

A mentesítési programnak köszönhetően a surlókor rezisztens juhok aránya világszerte megnőtt (főként intenzív fajtákban, *Drögemüller és mtsai*, 2001), amit az ARR haplotípus gyakoriságának általános növekedése is bizonyít. Ugyanakkor, még rosszabb és nem kielégítő eredményeket is tapasztalhatunk, mint a ciktaé. Például *Cameron és munkatársai* (2014) felfedték, hogy a kanadai arcott fajtában magasabb volt a fogékony juhok aránya és a VRQ allél gyakorisága (15% VRQ egy 183 egyedből álló populációban), és a hátrányos R4 és R5 csoport részesedése (mind-kettő 10%-nál gyakoribb).

Másfelől, a szelekció során a termelés és a genetikai sokféleség fenntartását is figyelembe kell venni. *Nagy és munkatársai* (2009) megállapították, hogy az ARR haplotípust hordozó húshasznú juhok gyengébb gyarapodásúak voltak az ARR haplotípust nem hordozó társaiknál.

Álvarez és munkatársai (2007 és 2009) arra a következtetésre jutottak, hogy a fajtamegőrzési program megkezdése előtt az ARR-hordozó egyedeket előnybe kell részesíteni, viszont nem szabad minden surlókór genotípusában kedvezőtlen (R4 és R5) egyedről sem azonnal megválni a veszélyeztetett fajták genetikai diverzitásának csökkenésének elkerülése céljából.

Ezek érvek az integrált mentesítési programok folytatásához, mint például a Magyarországon alkalmazott Nemzeti Surlókór Terv, amely több tulajdonság együttes figyelembe vételével dönthet a veszélyeztetett fajták továbbtenyésztésében.

További célkitűzés lehet a prion genotípusok összehasonlítása más őshonos magyar fajtákkal és más Zaupelschaf rokonokkal, amelyekben az ARQ haplotípus hasonlóan magas (*Brem és mtsai*, 1982; *Feldmann és mtsai*, 2005).

Köszönetnyilvánítás

A szerzők szeretnék köszönetüket kifejezni, mert a vizsgálatok az MVH „Genetikai erőforrások megőrzése intézkedés keretében a védett őshonos és veszélyeztetett mezőgazdasági állatfajták megőrzése (1547262485)” c. pályázat támogatásával valósultak meg.

Irodalomjegyzék

- Adlung, R.* (1912): Die Schafhaltung in Württemberg. Illustrierte landwirtschaftliche Zeitung (Berlin) 450-453.
- Agrobiogen* (2016): Scrapie Resistenz. Agrobiogen GmbH Biotechnologie. URL: <http://www.agrobiogen.de>. Accessed: 25 March 2016
- Áldásy P., Süveges T.* (1964): A juhok surlókórjának hazai előfordulása. Magyar Állatorvosok Lapja 19. 463-465
- Álvarez, I., és mtsai* (2007): Genetic diversity loss due to selection for scrapie resistance in the rare Spanish Xalda sheep breed. Livest Sci., 111. 204-212.
- Álvarez, I., és mtsai* (2009): Quantifying diversity losses due to selection for scrapie resistance in three endangered Spanish sheep breeds using microsatellite information. Prev Vet Med., 91. 172-178.
- Baylis, M., és mtsai* (2004): Risk of scrapie in British sheep of different prion protein genotype. J Gen Virol, 85. 2735-2470.
- Bohm, J.* (1878): Die Schafzucht nach ihrem jetzigen rationellen Standpunkt. 2er Teil: Die Züchtung des Schafes. Verlag von Wiegandt, Hempel & Baren, Berlin
- Bostedt, H., Dedié, K.* (1996): Infektionsbedingte Erkrankungen des Gesamtorganismus. Viruskrankheiten. Traberkrankheit. In: Bostedt H, Dedié K (eds) Schaf- und Ziegenkrankheiten Verlag Eugen Ulmer Stuttgart, pp. 73-75
- Brem, G., Graf, F., Kräußlich, H.* (1982): Möglichkeiten der Anlage von Genreserven - genetische Probleme und Kosten. Bayerisches landwirtschaftliches Jahrbuch, München, Bodenkultur, 59. 380-383
- Cameron, C., és mtsai* (2014): Prion protein genotypes of sheep as determined from 3343 samples submitted from Ontario and other provinces of Canada from 2005 to 2012. Can J Vet Res, 78. 260-266
- Dexler, H.* (1931): Traberkrankheit. In: Stang V, Wirth D (eds) Tierheilkunde und Tierzucht. Eine

- Enzyklopädie der praktischen Nutztierkunde. Urban & Schwarzenberg, Berlin, Wien, p. 807
- Drögemüller, C., Leeb, T., Distl, O.* (2001): PrP genotype frequencies in German breeding sheep and the potential to breed for resistance to scrapie. *Vet Rec*, 149. 349-352
- EC* (2001): Regulation (EC) No 999/2001 of the European Parliament and of the Council of 22 May 2001 laying down rules for the prevention, control and eradication of certain transmissible spongiform encephalopathies
- Feldmann, A., Bietzker, U., Mendel, C.* (2005): Schafrassen in den Alpen. Gesellschaft zur Erhaltung alter und gefährdeter Haustierrassen, Witzenhausen, Deutschland
- Fésüs, L., Zsolnai, A., Horogh, G., Anton I.* (2004): A juhok surlókórja 2. Prion genotípus gyakoriságok hazai őshonos állományainkban. *Magyar Állatorvosok Lapja*, 126. 670-675.
- Fésüs, L., Zsolnai, A., Anton, I., Sáfár, L.* (2008): Breeding for scrapie resistance in Hungarian sheep population. *Acta Vet Hung*, 56. 173-180.
- Foster, J., Hunter, N.* (1998): Transmissible spongiform encephalopathies: transmission, mechanism of disease, and persistence. *Curr Opin Microbiol*, 1. 442-447.
- Kang, H.E., Mo, Y., Abd Rahim, R., Lee, H.M., Ryou, C.* (2017): Prion Diagnosis: Application of Real-Time Quaking-Induced Conversion. Review Article. *Biomed Res Int*, Article ID 5413936, 8 pages
- Korth, J.C.E.D.* (1825): Das Schaf und die Schafzucht in allen ihren Zweigen. Paulische Buchhandlung, Berlin
- Nagy, B., és mtsai* (2009): Association between PrP genotypes and selected growth traits of Hungarian Merino and German Mutton Merino rams. *Archives of Animal Breeding*, 52. 613-617.
- Rabenau, H.F.* (2009): Teil III. Spezielle Mikrobiologische Diagnostik, 2 Prionen: 28 Diagnostik prionbedingter Erkrankungen, TSE-Erreger, Übertragungswege bei Tieren. In: Neumeister B, Geiss HK, Braun RW, Kimmig P (eds) *Mikrobiologische Diagnostik – Bakteriologie – Mykologie – Virologie – Parasitologie*. Georg Thieme Verlag, Stuttgart, New York, pp. 635-639
- Selbitz, H.J., Bisping, W.* (1995): Tierseuchen und Zoonosen: alte und neue Herausforderungen, Gustav Fischer Verlag, Jena, Stuttgart
- Stepanek, O., Horin, P.* (2017): Genetic diversity of the prion protein gene (PRNP) coding sequence in Czech sheep and evaluation of the national breeding programme for resistance to scrapie in the Czech Republic. *J Appl Genetics*, 58. 111–121