

A CIKTA JUH HÍMIVARÚ RÉSZPOPULÁCIÓJÁNAK SURLÓKÓR ELLENI GENETIKAI REZISZTENCIÁJA A MENTESÍTÉSI PROGRAM MÁSFÉL ÉVTIZEDÉT KÖVETŐEN

KOVÁCS ENDRE – TEMPFLI KÁROLY – HARMAT LEVENTE – ZENKE PETRA – MARÓTI-AGÓTS ÁKOS – BALI PAPP ÁGNES – SÁFÁR LÁSZLÓ – GÁSPÁRDY ANDRÁS

ÖSSZEFOGLALÁS

A munka célja egyrészt az utóbbi évek (2017-2019) hímivarú részállománya priongenotípusok alapján való értékelése, másrészt ennek összevetése az első, 2003-ban kislétszámú mintán kapott, és egy későbbi (2013-2015) feldolgozás eredményeivel. A feldolgozáshoz a Magyar Juh- és Kecsketenyésztő Szövetség (MJKSZ) egyedi surlókór genotípusai szolgáltak alapul. A felmérésből kiderült, hogy a leggyakoribb az ARQ allél (80,40%), azt követi az ARR (13,78%) és az AHQ (5,68%). A χ^2 -teszt szignifikáns különbséget ($p=0,015$) jelzett az allélek korábbi (2013-2015) és jelenlegi gyakoriságai között. A leggyakoribb genotípusok a kevésbé kedvező ARQ-hordozó genotípusok. Ezeket követik a kedvezőbb ARR- és AHQ-hordozó genotípusok. A legérzékenyebb homozigóta VRQ/VRQ nem fordul elő. A genotípusok megoszlásának tekintetében az eltérő időben értékelt populációk között mindkét kontrollállomány esetében szignifikáns különbségeket mutattunk ki ($p=0,014$; 2003 és $p=0,015$; 2013-2015); a legkevésbé kedvező genotípus közel 15-20%-kal nőtt. A χ^2 -teszt bizonyította, hogy a cikta juh jelenlegi hímivarú részpopulációja teljes Hardy-Weinberg genetikai egyensúlyban van ($p=1,000$). A kockázati csoportok közül az R4 hiányzik, és az R5-öt csak egy juh képviseli. Az ARQ magas frekvenciája miatt az R3 csaknem 74%-kal van jelen, és a tenyésztésre leginkább alkalmas egyedek rizikó csoportja (R1) csak körülbelül 1,5%-a a hímivarú részállománynak. A korábbi értékeléshez (2003) képest statisztikailag bizonyított ($p<0,001$), hogy a cikta juh a kockázati besorolás szempontjából változott; az R3 növekedése figyelemreméltó. Miután a cikta juh a kedvező rizikócsoportokba (R1-R3) esik, ezért a Nemzeti Surlókór Terv értelmében a VRQ allél kizárását célzó szelekció nem gátolja a fajta genetikai diverzitásának megőrzését.

SUMMARY

Kovács, E. – Tempfli, K. – Harmat, L. – Zenke, P. – Maróti-Agóts, Á. – Bali Papp, Á. – Sáfár, L. – Gáspárdy, A.: THE GENETIC RESISTANCE TO SCRAPIE IN MALE SUB-POPULATION OF CIKTA SHEEP AFTER DECADE AND A HALF OF ERADICATION PROGRAM

The aim of the work was to evaluate the male sub-population on the basis of prion genotypes in 2017-2019 and to compare it with the results obtained in the first small sample research (2003), and a later investigation (2013-2015). Processing was based on individual scrapie genotypes of Hungarian Association of Sheep and Goat Breeders. The authors confirmed based on larger sample size the previous knowledge, that the ARQ is the most common allele (80.40%), followed by ARR (13.78%) and AHQ (5.68%). The χ^2 test showed significant difference ($p=0.015$) between current and past (2013-2015) frequencies of alleles. The most common genotypes are the less favorable ARQ-carrying ones. These are followed by more favourable ARR and AHQ carrier genotypes. The most sensitive homozygous VRQ/VRQ does not occur. There were significant differences proven between the genotypes in the present and the previous populations ($p=0.014$, 2003 and $p=0.015$, 2013-2015); the least favourable genotype increased by about 15-20%. The χ^2 test proved that the current male sub-population of Cikta sheep is in complete Hardy-Weinberg genetic equilibrium ($p=1.000$). Out of the risk groups, R4 is absent and R5 is represented by only one animal. Due to the high frequency of ARQ, R3 is present at almost 74% and the risk group (R1) of the most suitable individuals for breeding is only about 1.5% of the sub-population investigated. Compared to a previous assessment (2003), it has been statistically demonstrated ($p<0.001$) that Cikta sheep has changed in terms of risk classification; the growth of R3 is remarkable. Since the Cikta sheep falls into the admissible risk groups (R1-R3), selection for the VRQ allele according to the National Scrapie Eradication Program does not hinder the maintenance of the genetic diversity of the breed.

BEVEZETÉS ÉS IRODALMI ÁTTEKINTÉS

A Zaupelschaf (zaupel juh, *Ovis aries Germanicus rusticus*; Heyne, 1916) Németországban, a déli országrészek (Baden-Württemberg és Bajorország) kis-közepes termetű állata volt. A mára kihalt Zaupelschaf juhajtából idővel négy önálló juhajtta vette Közép-Európában eredetét. Napjainkban, sok esetben, mint határokon áterjedő (transboundary) fajta létezik Németországban az erdei juh (*Bayerisches Waldschaf*; ennek csehországi változata a *sumavska*), Ausztriában a kőjuh (*Steinschaf*; ennek változata a bajorországi alpesi kőjuh, valamint a szlovéniai *bovska*) és a hegyi juh (*Bergschaf*; Svájcban élő fekete-barna színváltozattal).

A Zaupelschaf magyarországi leszármazottja (ami a 18. századi sváb bevándorlókkal érkezett hozzánk) a cikta (*Seibold*, 1990; *Koppány*, 2000; *Haller*, 2015).

A kisparasztkok, különösen a Dunántúlon sokáig megtartották az igénytelen cikta juhok. Az I. világháborút követően a kis- és középparasztkok továbbra is a német birkát, azaz a cikta juhok tenyésztették. *Schandl* (1940) javasolta a fajta termelési tulajdonságainak javítását. A juhállomány legnagyobb részét megsemmisítette a II. világháború. Az itt élő német anyanyelvű lakosság Németországba való visszatelepítése szintén nagymértékben csökkentette a cikta tenyésztők számát.

A cikta juhajtta kipusztult volna, ha az érdeklődés az őshonos haszonállatok iránt nem jelent volna meg. Így a racka és a cigája után, a még meglevő cikta juhok 1974-ben, az utolsó pillanatban, összegyűjtötték és Nagydorogon, a Bezzeg-pusztai Országos Takarmányozási és Állattenyésztési Felügyelőség (OTÁF) juhtenyésztő telepén, Tolna megyében helyezték el. Így a 80-as években a cikta juhok száma 200-ra emelkedett. Ez a juhnyáj magánkézbe került 1992-től (*Dunka*, 1997). 2004-ben lényeges változás történt, amikor a Duna-Dráva Nemzeti Park 60 cikta anyajuhval (főleg a Tisch-féle nyájból), megint megindította a tenyésztést. Ehhez csatlakozott több magán juhtenyésztő is (2008-2009), hogy megmentse ezt a juhajtát. 2014-ben indult újra az Magyar Juh- és Kecsketenyésztők Szövetsége (MJKSZ) által szervezett központi kosnevelés ebben a fajtában, szintén Bezzeg-pusztán.

2016-ben már 14-re növekedett a cikta törzstenyészetek száma hazánkban. Így a létszám növekedése mellett a fajta genetikai diverzitásának megőrzése is biztos helyzetbe került.

Napjaink kis létszámában fenntartott nyájai állami segítséggel léteznek. E veszélyeztetett őshonos fajta tenyésztésében cél a hármas hasznosítású típus megőrzése.

A surlókór első tüneteit 1735-ben Angliában írták le (*Dzialas*, 1898; *Reckzeh*, 2010). A surlókór (scrapie) gyógyíthatatlan, bejelentési kötelezettség alá tartozó fertőző betegség, amely a juhok és a kecskéket támadja meg (*Dexler*, 1931; *Rabenau*, 2009). Ehhez hasonló a szarvasmarhák szivacsos agyvelőbántalma (Bovine Spongiform Encephalopathy, BSE) és a humán Creutzfeldt-Jakob betegség is. Típusos és atípusos formában fordul elő. A lassú, degeneratív betegség klinikai tünetei a nagyfokú viszketegség, aminek következtében a beteg állat a falon, kerítésen, fatörzseken saját gyapjút lesúrolja (innen a betegség neve), továbbá ataxia, remegés, görcsök, vakság, lesóványodás, az agyszövetben kóros elváltozások. Az atipikus formában hiányzik a viszketegség.

A surlókórt a hibás, izoform prion fehérje PrPSC okozza, ami fertőző (*Prusiner*,

1982; Selbitz és Bisping, 1995; Bostedt és Dedié, 1996). A PrPC az idegsejtek felszínén elhelyezkedő protein normál változata. A kóros változat (PrPSC) a proteináz K enzim hatására nem bomlik le, szemben az egészséges változattal, ugyanakkor folyamatosan képződik, aminek következtében károsodnak a sejtek (Foster és Hunter, 1998; McCutcheon és mtsai, 2005; Kang és mtsai, 2017). A juhok surlókérral szembeni fogékonyágát, illetőleg ellenálló képességét jelentősen befolyásolja a prion gén polimorfizmusa. A prion gén 771 bp-t tartalmazó kódoló szakasza három helyen mutat báziscserét (Heaton és mtsai, 2010). A báziscserék következményeként a 136-os kodonban alanin (A, ellenállóbb) helyett valin (V), a 154-es kodonban arginin (R, ellenállóbb) helyett hisztidin (H) és a 171-es kodonban arginin (R, ellenállóbb) helyett glutamin (Q) vagy hisztidin (H) aminosav keletkezik (Baylis és mtsai, 2002).

A báziscserék lehetőségeiből a prion gén öt allélja fordulhat elő; a legellenállóbb homozigóta genotípus az A136R154R171/A136R154R171, a legfogékonyabb homozigóta genotípus pedig a V136R154Q171/V136R154Q171.

A surlókór, mint a fertőző szivacsos agyvelőbántalom (transmissible spongiform encephalopathy, TSE) kiskérdőzkben előforduló megbetegedése ellen mentesítési programokat írtak elő az Európai Unióban az Európai Bizottság 999/2001/EK rendelete értelmében (EC, 2001). Magyarországon a surlókór elleni tenyésztési program 2003-tól kezdődött meg (FVM, 2004). Ennek értelmében, többek között minden tenyészjelölt kosnak meg kell állapítani a prion genotípusát, és csak az 1-3 rizikócsoportba tartozók minősülhetnek tenyészállatnak, a VRQ allélt hordozókat levágják. Magyarországon az első surlókór esetet 1964-ben diagnosztizálták (Áldásy és Sűveges, 1964), azóta csak szórványosan fordult elő, az utolsó tíz évben nem volt.

A Nemzeti Élelmiszerlánc-biztonsági Hivatal (NÉBIH) 2016-ra vonatkozó kimutatása szerint Magyarországon klinikai formában a surlókór nem fordult elő, atípusos formában 23 esetet rögzítettek, amiket két éven át megfigyelés alatt tartanak (MK, 2017). A cikta nem szerepel közöttük. Az MJKSZ a VRQ hordozóit a továbbtenyésztésből kizárja és levágásra rendeli.

Kutatásunk célja a hazai tolna-baranyai sváb juh (cikta) fajta hímváru részpopulációjában a surlókór elleni genetikai rezisztencia felmérése volt. Eredményeinkkel egyrészt a fajta genetikai jellemzéséhez szeretnénk hozzájárulni, másrészt alapot szolgáltatni a fajta genetikai változatosságának további fenntartásához. A feldolgozás lehetőséget ad más juhajtakkal történő összehasonlításra is.

A hímváru nemzedékben a prion allélek, genotípusok és rizikócsoportok gyakoriságát határozzuk meg, másfelől az eredményeket összehasonlítjuk a korábbi évek eredményeivel, hogy megállapítsuk a megelőzési program hatékonyságát.

ANYAG ÉS MÓDSZER

A juhok egyedi genotípusának meghatározásához az MJKSZ instruktorai gyűjtötték a mintákat a német Agrobiogen GmbH speciális mintavételi eszközzel (TypiFix™): fülkagyló közepéből porcszövetmintát vettek (Agrobiogen, 2016). A minták ezt követően genotipizálásra az Agrobiogen GmbH céghez kerültek Németországba az MJKSZ-szel kötött szerződésnek megfelelően. A prion gént megjelölték, majd a DNS-szekvenciát multiplikálták PCR technikával. Ezután a polimorf nukleotidokat piroszekvenálással határozták meg.

A feldolgozási adatállományt a 2017 és 2019 közötti években, 15 gazdaságban született kosbárányok ($n=352$) alkották. Kontrollként szolgált a cikta juhállomány egyetlen nyájában a nemzeti program hatályba lépésének évében, 2003-ban megvalósított első hazai vizsgálata (*Fésűs és mtsai*, 2004 és 2008), valamint a 2013-2015 évek felmérése a hím ivarban (*Kovács és mtsai*, 2017).

Az egyedi genotípusok számából meghatároztuk a genotípusok gyakoriságát, a genotípusokból megállapítottuk az allélek számát és arányát, valamint a rizikó csoportok számát és arányát a teljes állományra. χ^2 -teszt segítségével hasonlítottuk az aktuális állapotot (2017-2019, várt gyakoriság) a korábbi állapotokhoz (megfigyelt gyakoriság). Ezenkívül, a jelenlegi cikta kosbárány állományban ellenőriztük a genetikai egyensúlyi helyzetet (Hardy-Weinberg genetikai egyensúly).

A szükséges alapadatokat a MJKSZ Microsoft Excel adatbázisból vettük át és a Dell statisztikai program segítségével értékeltük (*Dell Inc.*, 2015).

EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELESÜK

Az 1. táblázat mutatja az allélek eloszlását az aktuális évekből (2013-2015), ahol a leggyakoribb (80,40%) az ARQ allél, azt követi az ARR (13,78%) és az AHQ (5,68%). Az ARH allél nem fordult elő, és a VRQ allélt egy hordozó állatban mutatták ki. A jelenlegi analízisben, akárcsak a korábbiakban az ARR legrezisztensebb allél a kívánatos, túlnyomó aránynál jóval alacsonyabb előfordulási értékeket mutat. A χ^2 -teszt csaknem szignifikáns ($p=0,074$; 2003-ban vizsgált juhok), illetőleg szignifikáns ($p=0,015$; 2013-2015-ben vizsgált juhok) különbséget jelez az allélek korábbi és jelenlegi gyakoriságai között. Meg kell azonban említeni, hogy nem mindegyik feldolgozás alkalmával sikerült az ARH és VRQ alléleket kimutatni.

A lehetséges 15-ből csak nyolc prion genotípus volt kimutatható (1. táblázat). A leggyakoribb genotípusok a kevésbé kedvező ARQ-hordozó genotípusok voltak, amelyek az ARQ allél legmagasabb frekvenciájából adódik. Ezeket követik a kedvezőbb ARR- és AHQ-hordozó genotípusok. A legérzékenyebb homozigóta VRQ/VRQ nem fordult elő a jelenlegi mintákban sem. A genotípusok megoszlásának tekintetében az eltérő időben értékelt populációk között mindkét kontrollállomány esetében szignifikáns különbségeket mutattunk ki ($p=0,014$; 2003-ban vizsgált juhok és $p=0,015$; 2013-2015-ben vizsgált juhok), hiszen a legkevésbé kedvező genotípus közel 15-20%-kal nőtt.

A χ^2 -próba kimenetele fennálló genetikai egyensúlyról tájékoztat a hímváru részpopulációjában ($\chi^2=0,662$, $df=13$, $p=1,000$; a várt frekvenciák itt nincsenek bemutatva).

A kockázati csoportok az 1. táblázat alsó részében találhatók. A legfontosabb megjegyezni, hogy az R4 jelenleg is 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 rizikócsoportja (R1) csak körülbelül 1,5%-a a hímváru állománynak. A korábbi értékeléshez képest statisztikailag bizonyított ($p<0,001$; 2003-ban vizsgált juhok), a későbbihez képest nem bizonyított ($p=0,204$; 2013-2015-ben vizsgált juhok), hogy a cikta juh a kockázati besorolás szempontjából változott; figyelemreméltó az R3 létszám növekedése.

Baylis és mtsai (2004) feltételezik, hogy a homozigóta ARQ/ARQ genotípusú egyedek surlókór kockázata nagyobb, mint a másik két, VRQ-hordozó genotí-

1. táblázat

A cikta juh prion alléljeinek és genotípusainak, valamint a surlókór kockázati csoportjainak eloszlása (%)

Csoportok	2003-ban vizsgált juhok (n)	2013-2015-ben vizsgált kosok (n)	2017-2019-ben vizsgált kosok (n)
Allélek	(n=138) $\text{Chi}^2=6,950$; $\text{df}=3$; $p=0,074$	(n=672) $\text{Chi}^2=12,362$; $\text{df}=4$; $p=0,015$	(n=704)
ARR	20,29 (28)	15,48 (104)	13,78 (97)
AHQ	9,42 (13)	13,54 (91)	5,68 (40)
ARH	0,00 (-)	0,15 (1)	0,00 (-)
ARQ	70,29 (97)	70,83 (476)	80,40 (566)
VRQ	0,00 (-)	0,00 (-)	0,14 (1)
Genotípusok	(n=69) $\text{Chi}^2=17,563$; $\text{df}=7$; $p=0,014$	(n=336) $\text{Chi}^2=37,542$; $\text{df}=7$; $p<0,001$	(n=352)
ARR/ARR	1,45 (1)	3,87 (13)	1,42 (5)
ARR/AHQ	4,35 (3)	3,27 (11)	2,56 (9)
ARR/ARH	-	-	-
ARR/ARQ	33,33 (23)	19,94 (67)	22,16 (78)
AHQ/AHQ	0,00 (-)	2,38 (8)	0,28 (1)
AHQ/ARH	-	-	-
AHQ/ARQ	14,49 (10)	19,05 (64)	8,24 (29)
ARH/ARH	-	-	-
ARH/ARQ	0,00 (-)	0,30 (1)	0,00 (-)
ARQ/ARQ	46,38 (32)	51,19 (172)	65,06 (229)
ARR/VRQ	-	-	-
AHQ/VRQ	-	-	-
ARH/VRQ	-	-	-
ARQ/VRQ	0,00 (-)	0,00 (-)	0,28 (1)
VRQ/VRQ	-	-	-
Rizikó- csoportok	(n=69) $\text{Chi}^2=26,077$; $\text{df}=3$; $p<0,001$	(n=336) $\text{Chi}^2=4,600$; $\text{df}=3$; $p=0,204$	(n=352)
R1	1,45 (1)	3,87 (13)	1,42 (5)
R2	37,68 (26)	23,21 (78)	24,72 (87)
R3	60,87 (42)	73,81 (248)	73,58 (259)
R4	-	-	-
R5	0,00 (-)	0,00 (-)	0,28 (1)

Table 1. Distribution of alleles and genotypes, as well as risk categories in Cikta sheep (%)

pus (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 surlókór kockázata, mint az ARQ/VRQ vagy VRQ/VRQ genotípusban. Utóbbi vezethetett szigorúbb kiválasztási szempontokhoz a cseh surlókór mentesítési programban, amelyben már csak az ARQ-hordozó genotípusú kosok használatát engedélyezik (a homozigóta ARQ/ARQ kosokat nem; *Stepanek és Horin*, 2017).

A jövőben is cél a VRQ allélt nem hordozó kosok használatának növelése, illetőleg a VRQ-hordozó egyedeket kiszűrése. A VRQ-tól mentes cikta juhpopuláció nagymértékben ellenállna a surlókórnak, amely időnként megfertőzheti. Az AHQ, ARH és ARQ allélek hosszú ideig maradhatnak a tenyésztésben.

A mentesítési programnak köszönhetően a surlókór-rezisztens juhok aránya világszerte megnőtt (főként az intenzív fajtákban, *Drögemüller és mtsai*, 2001), amit az ARR allél gyakoriságának általános növekedése is bizonyít. Ugyanakkor, még rosszabb és nem kielégítő eredményeket is tapasztalhatunk, mint a ciktaé. Például *Cameron és mtsai* (2014) felfedték, hogy a kanadai arcott fajtában nagyobb 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 (mindkettő 10%-nál gyakoribb).

Az első felmérés (*Fésüs és mtsai*, 2004) nem közli a vizsgált egyedek ivarát. *Kovács és mtsai* (2017) nem állapítottak meg különbséget a hím és a nőivarú, világgrajott, nem szelektált részállomány gyakorisági értékei között sem az allélek, sem a genotípusok, sem pedig a rizikó csoportok vonatkozásában. Az, hogy a megszületett kosbárányok az anyai gyakoriságot tükrözik természetesen, és nem utal az apai oldal módosító hatására. A nemenkénti részállományok hasonlósága a jelenlegi helyzetre is feltételezhető.

Másfelől, a szelekció során a genetikai sokféleség és a termelés fenntartását is figyelembe kell venni. A fajta mikroszatellitákon alapuló diverzitásáról korábbi közleményben beszámoltunk (*Kovács és mtsai*, 2019). A kis létszámban átmentett cikta juh pedigre-vizsgálatáról *Posta és mtsai* (2019) közöltek eredményeket. *Nagy és mtsai* (2009) megállapították, hogy az ARR allélt hordozó húshasznú juhok súlygyarapodása kisebb volt az ARR allélt nem hordozó társaiknál. *Álvarez és mtsai* (2007, 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) egyedtől sem azonnal megválni a veszélyeztetett fajták genetikai diverzitása csökkenésének elkerülése céljából.

Értékes ismerethez vezet e szempontból a cikta összevetése más őshonos magyar fajtákkal (*Gáspárdy és mtsai*, 2018), ugyanis ezekben számottevően ritkább az ARQ allél. További célkitűzés lehet a cikta összehasonlítása a többi Zaupeleschaft-rokonához, amelyekben hasonlóan magas az ARQ allél a kezdeti vizsgálatok szerint (*Brem és mtsai*, 1982; *Feldmann és mtsai*, 2005).

A priongén vizsgálatát újabban kimutatott mutáns nukleotidokkal lehet kiegészíteni. Érdekes, hogy a 141-es kodon polimorfizmusa (leucin (L) helyett fenilalanin (F)) befolyásolja a juhok surlókórjának Nor98 elnevezésű atipikus formájára való érzékenységet. Mind a 141 (L/F), mind a 141 (F/F) genotípus összefüggésben áll a betegség kialakulásának nagy kockázatával (*Moum és mtsai*, 2005). A 112-

es és 143-as kodonok polimorfizmusát (csere metioninról (M) treoninra (T) és hisztidinről (H) argininra (R)) a fekete merinóban írták le elsőként (Acín és mtsai, 2004). Ebből a 112-es kodon mutációja nem mutatott kapcsolatot a klasszikus és az atípusos surlókérral.

KÖVETKEZTETÉSEK ÉS JAVASLATOK

A 2017-2019 év között gyűjtött minták feldolgozása megerősítette a korábbi eredményt, miszerint a cikta juhállomány genetikai ellenálló képessége a surlókórfertőzéssel szemben alacsonynak tekinthető. Meg kell jegyeznünk, hogy a cikta juh ARR alléljének aránya folyamatosan csökken. Ennek lehetséges magyarázata az, hogy a prion genotípus, mint kiválasztási szempont a tenyészkosok esetében nem mérvadó, illetve más szempontok előnybe részesítése miatt a másfél évtized alatt átütő, kedvező változás nem következett be. Ezt támasztja alá a genetikai egyensúlyi állapot is.

Mivel Magyarországon surlókórt az elmúlt években nem diagnosztizáltak a kérődző fajok egyikében sem, így a surlókór kockázatának becslése különösen a külterjesen tartott legelő állatokra nézve meglehetősen bizonytalan. Ezen kívül, ARR hordozó, rezisztens kosbárányok születnek, s ezek fokozatos szelekciója maga után vonná a surlókór esetleges előfordulási gyakoriságának a csökkenését.

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

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

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

A kézirat az MVH „Genetikai erőforrások megőrzése intézkedés keretében a védett őshonos és veszélyeztetett mezőgazdasági állatfajták megőrzése (1547262485)” c. pályázat, valamint az Európai Unió támogatásával, az Európai Regionális Fejlesztési Alap (ERFA) társfinanszírozásával (VEKOP-2.3.2.-16-2016-00012, címe: A Kárpát-medencei őshonos haszonállatfajok, -fajták és -ökotípusok XXI. századi génbanki stratégiájának tudományos megalapozása és fejlesztése) valósult meg.

IRODALOMJEGYZÉK

- Acín, C. – Martín-Burriel, I. – Goldmann, W. – Lyahyai, J. – Monzón, M. – Bolea, R. – Smith, A. – Rodellar, C. – Badiola, J. J. – Zaragoza, P. (2004): Prion protein gene polymorphisms in healthy and scrapie-affected Spanish sheep. *J. Gen. Virol.*, 85. 2103-2110.
- Agrobiogen (2016): Scrapie Resistenz. [online] Agrobiogen GmbH Biotechnologie. <http://www.agrobiogen.de>. Accessed: 25. March 2016.
- Áldásy, P. – Süveges, T. (1964): A juhok surlókórjának hazai előfordulása. *Magy. Allatorvosok Lapja*, 19. 463-465.

- Álvarez, I. – Gutiérrez, J. P. – Royo, L. J. – Fernández, I. – Goyache, F. (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.
- Álvarez, I. – Royo, L. J. – Gutiérrez, J. P. – Fernández, I. – Arranz, J. J. – Goyache, F. (2007): Genetic diversity loss due to selection for scrapie resistance in the rare Spanish Xalda sheep breed. *Livest. Sci.*, 111. 204-212.
- Baylis, M. – Chihota, C. – Stevenson, E. – Goldmann, W. – Smith, A. – Sivam, K. – Tongue, S. – Gravenor, M. B. (2004): Risk of scrapie in British sheep of different prion protein genotype. *J. Gen. Virol.*, 85. 2735-2470.
- Baylis, M. – Goldmann, W. – Houston, F. – Cairns, D. – Chong, A. – Ross, A. – Smith, A. – Hunter, N. – McLean, A. R. (2002): Scrapie epidemic in a fully PrP-genotyped sheep flock. *J. Gen. Virol.*, 83. 2907-2914.
- Bostedt, H. – Dedié, K. (1996): Infektionsbedingte Erkrankungen des Gesamtorganismus: Viruskrankheiten, Traberkrankheit. In: Schaf- und Ziegenkrankheiten, Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart, 73-75.
- Brem, G. – Graf, F. – Kräublich, H. (1982): Möglichkeiten der Anlage von Genreserven: genetische Probleme und Kosten. *Bayerisches landwirtschaftliches Jahrbuch*, 59. 380-383.
- Cameron, C. – Bell-Rogers, P. – McDowall, R. – Rebelo, A. R. – Cai, H. Y. (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.
- Dell Inc. (2015): Dell Statistica (data analysis software system), version 13. <http://www.software.dell.com>
- Dexler, H. (1931): Traberkrankheit. In: Tierheilkunde und Tierzucht. Eine Enzyklopädie der praktischen Nutztierkunde. Eds: Stang, V. – Wirth, D., Urban & Schwarzenberg Berlin, Wien, 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.
- Dunka, B. (1997): A cigája és a cikta. *Kistermelők Lapja*, XXV. 7.
- Dzialas, F. (1898): Die Entwicklung und die Bedeutung der Schafhaltung in der deutschen Landwirtschaft während des 19. Jahrhunderts, Dissertation, Hohen Philosophischen Fakultät der Universität Jena, 22-23.
- 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. [online] <<http://eur-lex.europa.eu/legal-content/en/TXT/PDF/?uri=CELEX:02001R0999-20130701&from=en>> [quoted 07.11.2017]
- Feldmann, A. – Bietzker, U. – Mendel, C. (2005): Schafrassen in den Alpen. Witzenhausen, Gesellschaft für Erhaltung alter gefährdeter Haustierrassen, 9-15., 25-31.
- Fésüs, L. – Zsolnai, A. – Anton, I. – Sáfár, L. (2008): Breeding for scrapie resistance in the Hungarian sheep population. *Acta Vet. Hung.*, 56. 173-180.
- Fésüs, L. – Zsolnai, A. – Horogh, G. – Anton, I. (2004): A juhok surlókórja 2. Prion genotípus gyakoriságok hazai őshonos állományainkban. *Magy. Allatorvosok Lapja*, 126. 670-675.
- Foster, J. – Hunter, N. (1998): Transmissible spongiform encephalopathies: transmission, mechanism of disease, and persistence. *Curr. Opin. Microbiol.*, 1. 442-447.
- FVM (2004): 22/2004. (II. 27.) FVM r. A fertőző szivacsos agyvelőbántalmak megelőzéséről, az ellenük való védekezésről, illetve leküzdésükről szóló 69/2003. (VI. 25.) FVM rendelet módosításáról. *Magyar Közlöny*, 21. 1836.
- Gáspárdy, A. – Holly, V. – Zenke, P. – Maróti-Agóts, Á. – Sáfár, L. – Bali Papp, Á. – Kovács, E. (2018): Response of prion genic variation to scrapie resistance program in Hungarian indigenous sheep breeds. *Acta Vet. Hung.*, 66. 562-572.
- Haller, M. (2015): Alte Haus- und Nutztierassen. Leopold Stocker Verlag, Graz, Stuttgart, 112.

- Heaton, M. P. – Leymaster, K. A. – Kalbfleisch, T. S. – Freking, B. A. – Smith, T. P. L. – Clawson, M. L. – Laegreid, W. W. (2010): Ovine reference materials and assays for prion genetic testing. *BioMed Central (BMC) Vet. Res.*, 2010 Apr 30; 6. 23.
- Heyne, J. (1916): *Grosses Handbuch der Schafzucht auf neuzeitlicher Grundlage*, Reichenbach'sche Verlagsbuchhandlung, Leipzig, 67-68. 365.
- Kang, H. E. – Mo, Y. – Abd Rahim, R. – Lee, H. M. – Ryou, C. (2017): Prion diagnosis: application of real-time quaking-induced conversion (online) <<https://www.hindawi.com/journals/bmri/2017/5413936/>> [quoted 07.11.2017]
- Koppány, G. (2000): The Cikta sheep. In: *Living heritage: old historical Hungarian livestock*. Ed.: Bodó, I., Agroinform, Budapest, 58-59.
- Kovács, E. – Mitro, S. – Tempfli, K. – Zenke, P. – Maróti-Agóts, Á. – Sáfár, L. – Bali Papp, Á. – Gáspárdy, A. (2017): A specific selection programme is required in the autochthonous Cikta Sheep which is endangered by own frequent ARQ prion haplotype? *Appl. Agric. Forestry Res.*, (Landbauforschung), 67. 141-146.
- Kovács, E. – Tempfli, K. – Shannon, A. – Zenke, P. – Maróti-Agóts, Á. – Sáfár, L. – Bali Papp, Á. – Gáspárdy, A. (2019): STR diversity of a historical sheep breed bottlenecked, the Cikta. *J. Anim. Plant Sci.*, 29. 41-47.
- McCutcheon, S. – Hunter, N. – Houston, F. (2005): Use of a new immunoassay to measure PrPSc levels in scrapie-infected sheep brains reveals PrP genotype-specific differences. *J. Immunol. Methods*, 298. 119-128.
- MK (2017): Magyarország Kormánya, B/17568. számú Jelentés az élelmiszerlánc-biztonságról és az élelmiszerlánc-felügyeleti díj felhasználásáról. Előadó: Dr. Fazekas Sándor földművelésügyi miniszter, <http://www.parlament.hu/irom40/17568/17568.pdf>
- Moum, T. – Olsaker, I. – Hopp, P. – Moldal, T. – Valheim, M. – Moum, T. – Benestad, S. L. (2005): Polymorphisms at codons 141 and 154 in the ovine prion protein gene are associated with scrapie Nor98 cases. *J. Gen. Virol.*, 86. 231-235.
- Nagy, B. – Anton, I. – Sáfár, L. – Fésűs, L. – Zsolnai, A. (2009): Association between PrP genotypes and selected growth traits of Hungarian Merino and German Mutton Merino rams. *Arch. Anim. Breed.*, 52. 613-617.
- Posta, J. – Kovács, E. – Tempfli, K. – Sáfár, L. – Bali Papp, Á. – Gáspárdy, A. (2019): A kis létszámban átmentett Cikta juh származási adatainak értékelése különös tekintettel a családokra. *Magy. Állatorvosok Lapja*, 141. 171-180.
- Prusiner, S. B. (1982): Novel proteinaceous infectious particles cause scrapie. *Science*, 216. 136-144.
- Rabenau, H. F. (2009): Teil III. Spezielle Mikrobiologische Diagnostik, 2 Prionen: 28 Diagnostik prionbedingter Erkrankungen, TSE-Erreger, Übertragungswege bei Tieren. In: *Mikrobiologische Diagnostik: Bakteriologie-Mykologie-Virologie-Parasitologie*, Eds.: Neumeister, B. - Geiss, H. K. - Braun, R. W. - Kimmig, P., Thieme Verlag, Stuttgart, New York, 635-639.
- Reckzeh, C. (2010): Immunhistochemische Untersuchungen zum Vorkommen von Scrapie-Prionprotein in ovinen Geweben, Dissertation, an der Freien Universität Berlin.
- Schandi, J. (1940): A tolna-baranyai sváb juh. *Magyar Állattenyésztés*, II. 9-11.
- Seibold, R. (1990): Ein historischer Zufall bewahrt das ungarische Zaupelschaf vor dem Aussterben: letzte Genreserve dieser Rasse im ungarischen Nagydorog. *Unser Land* 6. 43-44.
- Selbitz, H. J. – Bisping, W. (1995): *Tierseuchen und Zoonosen: alte und neue Herausforderungen*, Gustav Fischer Verlag, Jena, 247.
- 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. Genet.*, 58. 111-121.

Érkezett: 2019. december

A szerzők címe: Kovács E. – Harmat L. – Zenke P. – Maróti-Agóts Á. – Gáspárdy A.

Állatorvostudományi Egyetem,

Állattenyésztési, Takarmányozástani és Laborállattudományi Tanszék

Authors' address: University of Veterinary Medicine,

Department for Animal Breeding, Nutrition and Laboratory Animal Science

H-1078 Budapest, István u. 2.

gaspardy.andras@univet.hu

Tempfli K. – Bali Papp Á.

Széchenyi István Egyetem, Állattudományi Tanszék

Széchenyi István University, Department of Animal Science

H-9200 Mosonmagyaróvár, Vár 2.

Sáfár L.

Magyar Juh- és Kecsketenyésztők Szövetsége

Hungarian Sheep and Goat Breeders' Association

H-1134 Budapest, Lóportár u. 16.