

Polimorfizm genu *PRNP* u owiec rasy świniarka utrzymywanych w stadzie objętym programem ochrony zasobów genetycznych*

Agata Piestrzyńska-Kajtoch¹, Aldona Kawęcka², Grzegorz Smolucha¹,
Anna Miksza-Cybulska², Barbara Rejduch¹

Instytut Zootechniki – Państwowy Instytut Badawczy,

¹Dział Genomiki i Biologii Molekularnej Zwierząt,

²Dział Ochrony Zasobów Genetycznych Zwierząt,

ul. Sarego 2, 31-047 Kraków

Trzęsawka to śmiertelna neurodegeneracyjna choroba, która atakuje owce i kozy. Różne genotypy genu *PRNP* powiązane z różną podatnością na tę chorobę. Celem badań była analiza częstości występowania genotypów *PRNP* u owiec rasy świniarka, w stadzie podstawowym i wśród maciorek remontowych. U badanych zwierząt znaleziono trzy allele (ARR, ARQ, VRQ) i pięć różnych genotypów (ARR/ARR, ARR/ARQ, ARQ/ARQ, ARR/VRQ, ARQ/VRQ). Na skutek selekcji tryków w stadzie podstawowym zaobserwowano różnice w częstości alleli i genotypów pomiędzy stadem podstawowym i maciorkami remontowymi. Wyniki potwierdziły zasadność monitoringu genotypów *PRNP* i opartej na nim selekcji zwierząt.

SŁOWA KLUCZOWE: owce / gen białka prionowego / *PRNP* / polimorfizm / trzęsawka

Trzęsawka (ang. scrapie) jest śmiertelną neurodegeneracyjną chorobą owiec, kóz i muflonów, która podobnie jak BSE u krów, choroba Creutzfelda-Jacoba (vCJD) u ludzi i przewlekła wyniszczająca choroba u jeleniowatych (CWD) należy do grupy zakaźnych encefalopatii gąbczastych [13]. Za ich przyczynę uważa się białka prionowe. Częściowo proteazo-odporne białko PrP^{sc} (scrapie), będące patogenną konformacyjną formą białka PrP^c (komórkowego), jest zdolne do wywołania konwersji prawidłowego białka do formy patogennej. Docelowym miejscem infekcji jest centralny układ nerwowy (CNS). Pojawienie się złożeń amyloidowych w mózgu i ich nagromadzenie powoduje degradację tkanki, co daje charakterystyczny obraz struktur gąbczastych [1]. Objawy trzęsawki u owiec są obserwowane zwykle po długim okresie inkubacji (od roku do 3 lat), a należą do nich: nerwowe zachowanie, zwiększona wrażliwość na hałas, problem z mlecznością, spadek masy ciała, charakterystyczne drapanie, drżenie ciała, nieskoordynowane ruchy,

*Źródło finansowania badań: zadanie statutowe 04-007.1 „Genetyczna diagnostyka chorób u zwierząt gospodarskich”

niezborność i w końcu śmierć. Zakażenie może nastąpić na drodze pokarmowej, a u jałniąt podczas porodu i laktacji. Choroba może się też pojawić spontanicznie [1].

U owiec występują dwie postacie trzęsawki – klasyczna i atypowa. Różnią się one wzorem elektroforetycznym białka (analiza immunoblot: różna ilość prążków), profilem glikozylacji, wrażliwością na trawienie proteinazami, umiejscowieniem zmian patologicznych w mózgu (klasyczna – pień mózgu; atypowa – mózdzek i kora mózgowa), profilem wakuolizacji oraz wzorem depozycji prionów w obrębie CNS. Co więcej, atypową trzęsawkę zdiagnozowano u owiec, których genotypy powiązano we wcześniejszych badaniach z dużą opornością na klasyczną scrapie i BSE [19].

Gen *PRNP* został zmapowany u owcy na chromosomie 13, a w obrębie jego części kodującej zaobserwowano polimorfizmy w kodonach 136, 154 i 171, których wystąpienie ma największy związek z podatnością owiec na zachorowanie na klasyczną trzęsawkę. Wyróżniono 5 alleli mających największy wpływ na genetyczną regulację oporności na trzęsawkę: ARR ($A_{136}R_{154}R_{171}$), ARQ, AHQ, ARH i VRQ. Allele te determinują występowanie 15 genotypów, które warunkują różny stopień ryzyka zachorowania na klasyczną trzęsawkę [1, 2, 18]. Zwierzęta o genotypie ARR/ARR są wysoce odporne na klasyczną trzęsawkę, natomiast genotyp VRQ/VRQ jest uznawany za najmniej korzystny, związany z wysoką podatnością zwierząt na klasyczną scrapie. Występowanie atypowej trzęsawki powiązano z obecnością allelu F w kodonie 141 genu *PRNP* (L141F). Ta postać choroby pojawia się najczęściej u osobników posiadających allel ALHQ i AFRQ, ale także u owiec z allelem ALRR, warunkującym oporność na klasyczną trzęsawkę [8, 9, 16]. Monitoring frekwencji genotypów w populacji i niedopuszczanie do rozrodu zwierząt o genotypach warunkujących podatność na trzęsawkę jest jednym z działań zapobiegających wystąpieniu choroby, zalecanych przez Unię Europejską.

Celem pracy było określenie frekwencji alleli i genotypów *PRNP* u owiec rasy świniarka, utrzymywanych w stadzie objętym programem ochrony zasobów genetycznych.

Material i metody

Badaniami objęto stado owiec rodzimej rasy świniarka, na Podkarpaciu. Ocenie poddano łącznie 195 owiec: 121 matek stada podstawowego i 11 tryków hodowlanych oraz 63 maciorki remontowe. Badania prowadzono w latach 2012 i 2014. Po pierwszym roku badań tryki stada podstawowego poddano selekcji pod kątem ograniczenia występowania niekorzystnego allelu VRQ.

DNA wyizolowano z próbek krwi, stosując Wizard Genomic DNA Purification Kit (Promega), według załączonego protokołu. Do oznaczania kodonów 136, 154 i 171 genu *PRNP* wykorzystano zmodyfikowaną metodę zaproponowaną przez Garcia-Crespo i wsp. [4]. W celu analizy kodonów 136 i 154 produkty reakcji PCR poddano reakcji enzymatycznej z enzymem BspHI w temperaturze 37°C, a następnie elektroforezie w żelu agarozowym wybarwionym MidoriGreen DNA Stain (Nippon Genetics). Wyniki odczytywano w świetle UV na transiluminatorze. Do oznaczania kodonu 171 wykorzystano metodę dyskryminacji alleli, z zastosowaniem znakowanych fluorescencyjnie sond TaqMan MGB (Life Technologies), na aparacie StepOnePlus Real-time PCR System. Do analizy kodonu 141 również wykorzystano metodę dyskryminacji alleli, a startery i sondy do reakcji

PCR zostały zaprojektowane w programie PrimerExpress (Life Technologies). Wyniki dla czterech kodonów otrzymane na podstawie dwóch metod połączono, w celu ustalenia poszczególnych genotypów genu *PRNP* dla badanych owiec.

Do analizy wyników wykorzystano oprogramowanie StepOne Software v2.2.2. (Life Technologies) dołączone do aparatu StepOnePlus Real-time PCR System, arkusze kalkulacyjne Excel oraz program Statistica (v.12) – test χ^2 .

Wyniki i dyskusja

W całej badanej grupie (195 osobników) stwierdzono występowanie trzech alleli: ARR, ARQ i VRQ (tab. 1) i pięciu genotypów (rys.). Najwyższą frekwencją charakteryzował się allel ARR (71,28%) – najkorzystniejszy pod względem podatności na klasyczną trzęsawkę owiec. Częstość warunkującego wysoką podatność na klasyczną trzęsawkę allelu VRQ wynosiła 10,77% i była 2,5-krotnie wyższa u maciorek niż u tryków. Frekwencja występowania genotypu ARR/ARR, który warunkuje oporność na klasyczną trzęsawkę, wynosiła 48,72%. Rzadziej występującymi genotypami były ARR/ARQ i ARR/VRQ. Pozostałe genotypy – ARQ/ARQ i ARQ/VRQ, wykazywały niską frekwencję, odpowiednio 1,03% i 5,13%. Wyniki przeprowadzonej analizy wskazują na stosunkowo wysoki udział w stadzie osobników o najbardziej korzystnym genotypie, który wystąpił u prawie połowy badanych owiec.

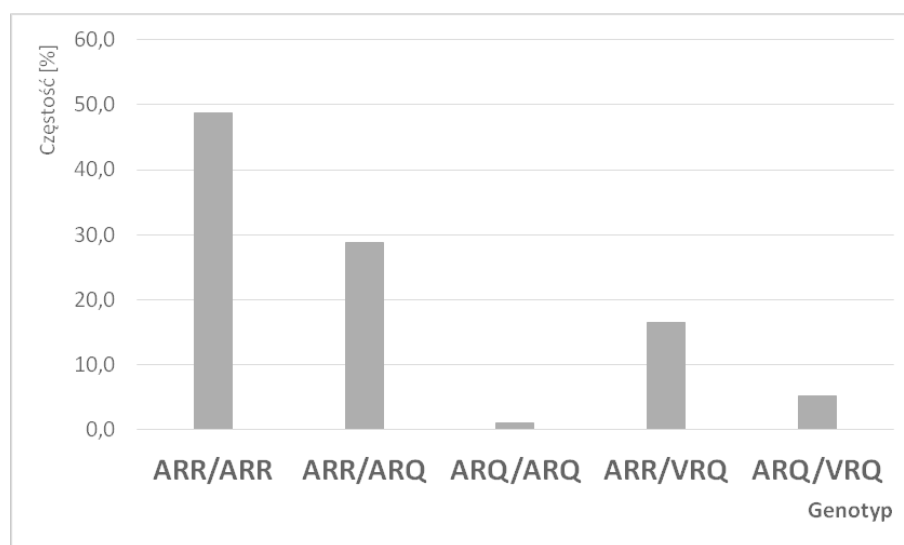
Podobne rezultaty odnośnie do najczęściej występujących genotypów uzyskano we wcześniejszych badaniach przeprowadzonych w latach 2005-2009 w Instytucie Zootechniki PIB [15] na kilkunastu rasach i mieszańcach. Autorzy wykazali występowanie w populacji polskich owiec 6 alleli i 17 genotypów, przy czym z największą częstością występowały trzy: ARR/ARQ, ARR/ARR oraz ARQ/ARQ; pozostałe z częstością niższą niż 5%. Z kolei Jasik i Reichert [6], analizując polimorfizm genu białka prionowego *PRNP* świniarek, stwierdzili występowanie u tej rasy tylko dwóch genotypów: ARR/ARR (70%) i ARR/ARQ (30%), a Niżnikowski i wsp. [11] wykryli u tej rasy również allele ALHQ i VLRQ. Inne badania prowadzone na maciorkach i trykach rodzimej rasy olkuskiej wykazały występowanie u 60% badanych osobników genotypu ARR/ARQ; pozostałe osobniki były homozygotyczne, o genotypie ARR/ARR [7]. Niżnikowski i wsp. [10], w badaniach

Tabela 1 – Table 1

Frekwencja alleli genu *PRNP* (%) w całej badanej grupie owiec

PRNP allele frequency (%) in the entire group studied

Allele	Częstość (%) – Frequency (%)		
	cała badana grupa entire group	maciorki ewes	tryki rams
ARR	71,28	71,20	72,73
ARQ	17,95	17,66	22,73
VRQ	10,77	11,14	4,55
Liczba osobników Number of animals	195	184	11



Rys. Częstość genotypów *PRNP* w całej badanej grupie owiec
 Fig. Frequency of *PRNP* genotypes in the entire group studied

przeprowadzonych na terenie Polski północno-wschodniej, stwierdzili wysoką frekwencję genotypów ARR/ARR i ARR/ARQ również u owiec rasy żelaźnieńskiej oraz polskiej owcy nizinnej. U owiec corriedale, należących do grupy owiec nizinnych, wspomniani autorzy [10] zidentyfikowali 11 genotypów, przy czym frekwencja genotypów wrażliwych na trzęsawkę (VRQ/ARR) była wyższa niż opornych (ARR/ARR). Także w Grecji Ekateriniadou i wsp. [3], analizując polimorfizm genu *PRNP* u kilkunastu rodzimych greckich ras owiec, stwierdzili występowanie w tej populacji allelu ARQ z ponad 50% frekwencją, 36% frekwencją allelu ARR i niewielką częstością alleli ARH, AHQ i VRQ.

W analizowanym w badaniach własnych stadzie podstawowym częstość niekorzystnego allelu VRQ była 3-krotnie wyższa u maciorek niż u tryków (tab. 2). Różnice pomiędzy częstościami alleli maciorek i tryków były istotne statystycznie ($\chi^2=7,5$; $P=0,024$).

Tabela 2 – Table 2

Frekwencja alleli genu *PRNP* (%) w stadzie podstawowym
PRNP allele frequency (%) in the foundation stock of ewes and rams

Allele	Częstość (%) – Frequency (%)		
	stado podstawowe foundation stock	maciorki ewes	tryki rams
ARR	68,56	68,18	72,73
ARQ	18,56	18,18	22,73
VRQ	12,88	13,64	4,55
Liczba osobników Number of animals	132	121	11

Tabela 3 – Table 3Frekwencja genotypów *PRNP* (%) w stadzie podstawowymFrequency of *PRNP* genotypes (%) in the foundation stock of ewes and rams

Genotyp Genotype	Całe stado Total	Maciorki Ewes	Tryki Rams
ARR/ARR	43,18	42,15	54,55
ARR/ARQ	30,30	29,75	36,36
ARQ/ARQ	0,76	0,83	0,00
ARR/VRQ	20,45	22,31	0,00
ARQ/VRQ	5,30	4,96	9,09

U zwierząt stada podstawowego zidentyfikowano wszystkie pięć genotypów (tab. 3). Największy udział w stadzie podstawowym miały osobniki z genotypem ARR/ARR (43,18%). Dla maciorek wynosił on 42,15%, a dla tryków 54,55%. Drugim najczęstszym genotypem był ARR/ARQ (30,30%), odpowiednio 29,75% dla maciorek i 36,36% dla tryków. Frekwencja genotypu ARR/VRQ była wysoka – maciorki z tym genotypem stanowiły 1/5 całej puli. Wśród tryków genotyp ten nie występował wcale. Udział pozostałych genotypów był niewielki, tj. 5,30% dla ARQ/VRQ i jedynie 0,76% dla ARQ/ARQ. Obserwowane różnice w częstościach genotypów pomiędzy maciorkami i trykami stada podstawowego były wysoko istotne statystycznie ($\chi^2=31,7$; $P=0,000002$).

W badaniach własnych u tryków stadnych świniarki nie stwierdzono występowania genotypów ARQ/ARQ i ARR/VRQ. Podobne obserwacje dla tryków rodzimej rasy kamienieckiej poczynili Szkudlarek i wsp. [17]. Występowanie trzech alleli i trzech genotypów stwierdzili Niżnikowski i wsp. [12] u tryków rodzimej rasy żelaźnieńskiej i zaledwie dwóch genotypów (ARR/ARR i ARR/ARQ) u tryków wrzosówki w pierwszym roku obserwacji w gospodarstwie prowadzącym hodowlę zachowawczą tych ras. W trzecim roku cytowani autorzy wykazali u tryków stadnych tylko allel ARR, co było wynikiem zamierzonej pracy hodowlanej [12]. Podobną selekcję przeprowadzono w analizowanym w badaniach własnych stadzie podstawowym świniarki, objętym monitoringiem genotypów *PRNP*, skupiając się w pierwszej kolejności na niedopuszczeniu do rozrodu tryków posiadających allel VRQ, czego efektem były obserwowane różnice częstości genotypów i alleli pomiędzy maciorkami i trykami.

O konieczności prowadzenia pracy hodowlanej z wykorzystaniem wyników badań genotypowania *PRNP* u owiec rasy świniarka donosili już wcześniej Niżnikowski i wsp. [11]. W efekcie prowadzonej wśród tryków selekcji, frekwencja allelu ARR w stadzie maciorek remontowych w analizowanym stadzie (tab. 4) była wyższa niż u maciorek w stadzie podstawowym. Genotyp ARR/ARR (tab. 5) pojawiał się częściej niż w grupie zwierząt starszych, również niższa była frekwencja genotypów ARR/VRQ (7,94%) oraz ARQ/VRQ (4,76%). Frekwencja genotypu ARR/ARQ w stadzie maciorek remontowych zmniejszyła się o 5 punktów procentowych (p.p.) w stosunku do stada podstawowego. Obserwowane różnice w częstościach genotypów pomiędzy maciorkami stada podstawowego i remontowymi były wysoko istotne statystycznie ($\chi^2=32,64$; $P=0,000001$). Częstość występowania allelu ARQ zmniejszyła się jedynie o 2 p.p. Dwukrotnie natomiast zmniejszyła się frekwencja występowania allelu VRQ. Jednak różnice pomiędzy częstościami

Tabela 4 – Table 4

Częstość alleli genu *PRNP* (%) w stadzie maciorek remontowych
PRNP gene allele frequency (%) in young ewes for flock rebuilding

Allele	Maciorki Ewes
ARR	76,98
ARQ	16,67
VRQ	6,35

Tabela 5 – Table 5

Częstość genotypów (%) genu *PRNP* w stadzie maciorek remontowych
 Frequency of *PRNP* genotypes (%) in young ewes for flock rebuilding

Genotyp Genotype	Maciorki Ewes
ARR/ARR	60,32
ARR/ARQ	25,40
ARQ/ARQ	1,59
ARR/VRQ	7,94
ARQ/VRQ	4,76
Liczba osobników Number of animals	63

alleli maciorek stada podstawowego i maciorek remontowych nie były istotne statystycznie ($\chi^2=5,16$; $P=0,076$).

Z przeprowadzonych analiz wnioskować można, że brak genotypu ARR/VRQ u tryków w stadzie podstawowym świniaarki i nie dopuszczenie do rozrodu tryków posiadających allel VRQ skutkowało zredukowaniem występowania allelu VRQ u potomstwa, w stadzie maciorek remontowych. Szczególnie widoczne jest to na przykładzie redukcji częstości występowania genotypu ARR/VRQ z 22,31% u matek stada podstawowego do 7,94% u młodego pokolenia maciorek, co jest bardzo korzystnym efektem. Nie udało się jednak całkowicie wyeliminować genotypu najbardziej narażonego na wystąpienie trzęsawki w badanym stadzie, tj. ARQ/VRQ. W celu eliminacji tego genotypu należałoby zupełnie zaprzestać rozrodu osobników (obu płci) obciążonych posiadaniem choć jednego niekorzystnego allelu VRQ. Podobne wnioski wysnuto na podstawie selekcji pod kątem allelu VRQ u owiec rasy romanowskiej [14].

W zależności od genotypu *PRNP*, owce klasyfikuje się w pięciu grupach (klasach) ryzyka zachorowania na klasyczną trzęsawkę: G1, G2, G3, G4 i G5, gdzie G1 oznacza najniższe ryzyko zachorowania, a G5 najwyższe [2, 18]. U wszystkich ocenianych zwierząt (tab. 6) frekwencja występowania genotypu ARR/ARR, który odpowiada klasie I ryzyka zachorowania na trzęsawkę (G1), czyli najmniejszej podatności na tę chorobę, była najwyższa. Genotypy z allelem VRQ (grupa G4 i G5), charakteryzujące owce o najwyższym ryzyku zachorowania na klasyczną trzęsawkę, występowały z częstością 16,41% oraz 5,13%. Podobnie jak w badaniach własnych, również Gruszecki i wsp. [5] zaobserwowali występowanie genotypów należących do wszystkich pięciu klas ryzyka, jednak prawie połowę stanowiły zwierzęta o genotypie ARR/ARQ.

Tabela 6 – Table 6

Częstość genotypów (%) genu PRNP w klasach ryzyka narażenia na klasyczną trzęsawkę w całej badanej grupie zwierząt

Genotype frequencies (%) for the PRNP gene in relation to the class of resistance/susceptibility to classical scrapie in all examined sheep

Klasa ryzyka Risk class	Genotyp Genotype	Częstość Frequency (%)
G1	ARR/ARR	48,72
G2	ARR/ARQ	28,72
G3	ARQ/ARQ	1,03
G4	ARR/VRQ	16,41
G5	ARQ/VRQ	5,13

U wszystkich badanych owiec (195 osobników) w kodonie 141 stwierdzono występowanie wyłącznie allelu L. Nie zaobserwowano u żadnego zwierzęcia allelu F, podejrzanego o związek z podatnością na atypową trzęsawkę. Takie same rezultaty uzyskali dla tej rasy Niźnikowski i wsp. [11].

Wyniki przedstawionych badań wskazują na właściwy kierunek hodowli badanego stada oraz potwierdzają istotność prowadzenia monitoringu genotypów PRNP owiec. W przypadku maciorek remontowych obserwowano zwiększenie częstości występowania genotypów zawierających allel ARR i zmniejszenie częstości występowania allelu VRQ, w porównaniu do zwierząt stada podstawowego. Uzyskane wyniki wskazują również na zasadność selekcji tryków rozplodowych, co poprawia częstość występowania alleli najbardziej pożądanych.

PIŚMIENNICTWO

1. BAYLIS M., GOLDMANN W., 2004 – The genetics of scrapie in sheep and goats. *Current Molecular Medicine* 4 (4), 385-396.
2. DEFRA, 2003 – NSP genotypes table. Accessed online October 10, 2005. <http://www.defra.gov.uk/animalh/bse/otherscrapies/scrapie/nsp/pdf/genotypes.pdf>
3. EKATERINIADOU L.V., PANAGIOTIDIS C.H., TERZIS A., PLOUMI K., TRIANTAFYLIDIS A., DELIGIANNIDIS P., TRIANTAPHYLLIDIS C., SKLAVIADIS T., 2007 – Genotyping for PrP gene polymorphisms in rare Greek breeds of sheep. *Veterinary Record* Feb 10, 160 (6), 194-195.
4. GARCIA-CRESPO D., OPORTO B., GOMEZ N., NAGORE D., BENEDICTO L., JUSTE R.A., HURTADO A., 2004 – PrP polymorphisms in Basque sheep breeds determined by PCR-restriction fragment polymorphism and real-time PCR. *Veterinary Record* 154, 717-722.
5. GRUSZECKI T., GREGUŁA-KANIA M., NIŹNIKOWSKI R., PIĘTA M., KOSTRO K., SZYMANOWSKA A., MIDUCH A., STRZELEC E., 2012 – Effect of PRNP gene polymorphism on reproductive performance of mother sheep and their offspring growth. *The Bulletin of the Veterinary Institute in Pulawy* 56 (3), 279-282.
6. JASIK A., REICHERT M., 2003 – Application of temperature gradient gel electrophoresis method for studying the sheep prion protein (Prp) gene polymorphism. *The Bulletin of the Veterinary Institute in Pulawy* 47, 341-348.

7. KACZOR U., DOMOŃ D., MARTYNIUK E., MURAWSKI M., 2009 – Polimorfizm w locus genu PrP w populacji płennych owiec olkuskich. Mat. konf. „Pasażowalne gąbczaste encefalopatie u zwierząt gospodarskich”, Balice, 28-29.09.2009, 61-62.
8. MORENO C.R., MOAZAMI-GOUDARZI K., LAURENT P., CAZEAU G., ANDREOLETTI O., CHADI S., ELSÉN J.M., CALAVAS D., 2007 – Which PrP haplotypes in a French sheep population are the most susceptible to atypical scrapie? *Archives of Virology* 152, 1229-1232.
9. 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. *Journal of General Virology* 86, 231-235.
10. NIŻNIKOWSKI R., CZUB G., KAMIŃSKI J., NIERADKO M., ŚWIĄTEK M., GŁOWACZ K., ŚLĘZAK M., 2014 – Polimorfizm genu białka prionowego PrP u polskich owiec nizinnych utrzymywanych na Podlasiu. *Roczniki Naukowe Polskiego Towarzystwa Zootechnicznego* 10 (4), 25-33.
11. NIŻNIKOWSKI R., GŁOWACZ K., CZUB G., ŚLĘZAK M., ŚWIĄTEK M., 2013 – Polimorfizm genu białka prionowego PrP u krajowych owiec o wewnie mieszanej, merynosa polskiego i muflona europejskiego (*Ovis aries musimon*). *Nauka Przyroda Technologie* 7 (4), #59.
12. NIŻNIKOWSKI R., GŁOWACZ K., CZUB G., ŚWIĄTEK M., ŚLĘZAK M., 2014 – Polimorfizm genu białka prionowego PrP u owiec żelaźnieńskich utrzymywanych w stadzie Doświadczalnej Fermi Owiec i Kóz Rolniczego Zakładu Doświadczalnego SGGW w Żelaznej. *Nauka Przyroda Technologie* 8, 2, #26.
13. PIESTRZYŃSKA-KAJTOCH A., REJDUCH B., 2006 – Genetyczne aspekty scrapie u owiec. *Medycyna Weterynaryjna* 62 (12), 1344-1347.
14. PIESTRZYŃSKA-KAJTOCH A., KOZUBSKA-SOBOCIŃSKA A., REJDUCH B., 2009 – Frekwencja genotypów wrażliwych na trzęsawkę w populacji owcy romanowskiej w Polsce. *Roczniki Naukowe Zootechniki* 36 (2), 91-99.
15. PIESTRZYŃSKA-KAJTOCH A., OCZKOWICZ M., NATONEK-WIŚNIEWSKA M., PIÓRKOWSKA K., KAWECKA M., KOZUBSKA-SOBOCIŃSKA A., KNAPIK J., KRUPIŃSKI J., REJDUCH B., 2009 – Polimorfizm genu PrP owiec w Polsce. Mat. konf. „Pasażowalne gąbczaste encefalopatie u zwierząt gospodarskich”, Balice 28-29.09.2009, 57-58.
16. SAUNDERS G.C., CAWTHRAW S., MOUNTJOY S.J., HOPE J., WINDL O., 2006 – PrP genotypes of atypical scrapie cases in Great Britain. *Journal of General Virology* 87, 3141-3149.
17. SZKUDLAREK-KOWALCZYK M., WIŚNIEWSKA E., MILEWSKI S., MROCZKOWSKI S., 2010 – Prion protein gene (Prnp) polymorphism in a flock of sheep of Kamieniecka. *Bulletin of the Veterinary Institute in Pulawy* 54, 645-649.
18. TONGUE S.C., WILESMITH J.W., COOK C.J., 2004 – Frequencies of prion protein (PrP) genotypes and distribution of ages in 15 scrapie-affected flocks in Great Britain. *Veterinary Records* 154 (1), 9-16. Erratum in: *Vet. Rec.* 154 (4), 116.
19. TRANULIS M.A., BENESTAD S.L., BARON T., KRETZSCHMAR H., 2011 – Atypical prion diseases in humans and animals. *Topics in Current Chemistry* 305, 23-50.

Agata Piestrzyńska-Kajtoch, Aldona Kawęcka, Grzegorz Smółucha,
Anna Miksza-Cybulska, Barbara Rejduch

PRNP gene polymorphism in Świniarka sheep in a flock included in the Genetic Resources Conservation Programme

S u m m a r y

Scrapie is a fatal neurodegenerative disease which affects sheep and goats. Genotypes of the PRNP gene are linked to susceptibility to scrapie. The aim of our study was to investigate the frequency of PRNP genotypes in the Świniarka sheep breed, in foundation stock and in young ewes for flock rebuilding (195 animals). The breed is included in the Genetic Resources Conservation Programme. Three alleles (ARR, ARQ and VRQ) and five genotypes (ARR/ARR, ARR/ARQ, ARQ/ARQ, ARR/VRQ and ARQ/VRQ) were found in the group studied. There were differences in allele and genotype frequencies between the foundation stock and the young ewes due to ram selection in the foundation stock. The results confirmed the importance of monitoring scrapie genotypes and selection based on this monitoring.

KEY WORDS: sheep / prion protein gene / PRNP / polymorphism / scrapie