

Rozwój metod kontroli pochodzenia bydła – od grup krwi do polimorfizmu DNA

Tadeusz Rychlik, Anna Radko

*Instytut Zootechniki Państwowy Instytut Badawczy,
Dział Cytogenetyki i Genetyki Molekularnej Zwierząt,
32-083 Balice k. Krakowa*

Zgodność zootechnicznej dokumentacji hodowlanej ze stanem faktycznym jest podstawowym warunkiem prawidłowo prowadzonej selekcji i wyboru zwierząt na rodziców następnych pokoleń. W celu jej weryfikacji prowadzi się kontrolę rodowodów i identyfikację zwierząt w oparciu o badania wybranych markerów genetycznych potomka i jego rodziców.

Wykrycie i opisanie wielu nowych typów markerów o prostym sposobie dziedziczenia i wysokim polimorfizmie oraz opracowanie nowych technologii ich analizy pozwoliło na zastosowanie markerów genetycznych w kontroli rodowodów. W pierwszym okresie badań do analiz rodowodowych najbardziej przydatne okazały się grupy krwi oraz polimorficzne białka krwi i osocza. Dalszy postęp technologiczny umożliwił wprowadzenie do tych badań markerów DNA, wśród których największe zastosowanie znalazły *loci* mikrosatelitarne DNA.

Grupy krwi

Rozwój badań nad grupami krwi u zwierząt przypada na lata 40. ubiegłego wieku, kiedy to zespół amerykańskich badaczy na Uniwersytecie Wisconsin rozpoczął badania nad różnicowaniem serologicznym u bydła. Dzięki pracom badawczym Fergusona, Irwina i Stormonta wykryto dużą liczbę cech antygenowych u bydła, a następnie u innych gatunków zwierząt (Ferguson, 1941; Ferguson i in., 1942; Stormont i in., 1945).

Według danych ostatniego Międzynarodowego

Testu Porównawczego u bydła (2003/2004), dotychczas zidentyfikowano ponad 100 erytrocytarnych antygenów, dziedziczących się w 12 układach grupowych krwi (Materiały ISAG Comparison Test Cattle). Duże zróżnicowanie antygenowe erytrocytów stosunkowo szybko znalazło szerokie zastosowanie w praktyce hodowlanej. Miało to ogromne znaczenie, zwłaszcza po wprowadzeniu sztucznej inseminacji w rozrodzie bydła, dającej możliwości szybkiego postępu hodowlanego. W Polsce pierwsze potwierdzanie pochodzenia na podstawie badań grup krwi zastosowano u bydła w roku 1958. W pierwszym okresie obowiązkiem tym objęto tylko buhaje zakupione do zakładów unasieniania, z biegiem czasu rozszerzono go na wszystkie buhaje przeznaczone do hodowli. Następnie, rozpoczęto badania grup krwi części materiału żeńskiego, będącego w obrocie hodowlanym oraz materiału, na podstawie którego prowadzi się wycenę buhajów w Stacjach Oceny Bydła. Z uwagi na to, że zapotrzebowanie na badania z zakresu kontroli pochodzenia były dużo większe niż możliwości badawcze placówek naukowych (PAN w Jastrzębcu, AR w Krakowie, AR i PZUZ w Poznaniu), w Instytucie Zootechniki w Krakowie powołano w 1964 r. Zakład Immuno- i Cytogenetyki.

Na podstawie zarządzenia Ministra Rolnictwa nr 59 z dnia 30.04.1969 r. powołano Krajowy System Badania Grup Krwi u Zwierząt. W ramach tego systemu, którego organizację zlecono Zakładowi Immunogenetyki Instytutu Zootechniki, zorganizowano 10 laboratoriów, które jako Pracownie Badania Grup Krwi działa-

ły przy poszczególnych Okręgowych Stacjach Hodowli Zwierząt, a także przy ZZD Chorzelów oraz ZZD Balice (Trela i Duniec, 1972). W początkowym okresie zgodność pochodzenia stwierdzano tylko na podstawie grup krwi (Duniec i in., 1968), następnie do badań włączono polimorfizm białek i enzymów surowicy krwi (Trela E., 1977; Węgrzyn, 1977).

Obowiązkiem potwierdzania danych rodowodowych objęte były następujące grupy zwierząt: buhajki hodowlane, jałówki hodowlane na remont stada w obrocie między gospodarstwami, krowy pierwiastki i jałówki w oborach testowych, gdzie prowadzono ocenę wartości hodowlanej buhajów na podstawie użytkowości córek. Dla przykładu podajemy wyniki badań zgodności pochodzenia w latach 1971–1977 (Trela, 1979), wykonane na terenie całego kraju dla materiału hodowlanego w różnych gospodarstwach rolnych: gospodarstwa uspołecznione (PGR, POHZ i inne) – 8645 sztuk badanych – 14,5% niezgodności, gospodarstwa rolników indywidualnych – 71 203 sztuki badane – 10,7%

niezgodności, spółdzielnie produkcyjne – 527 sztuk badanych – 27,8% niezgodności. W sumie przebadano 80 875 sztuk potomstwa, spośród których wykazano 8957 sztuk o niezgodnym pochodzeniu, co stanowi 11,1%.

Bardzo istotne dla realizacji programu oceny wartości hodowlanej buhajów były badania zgodności pochodzenia w „oborach testowych”. W latach 1974–1979 (Trela i in., 1981) wykonano na terenie kraju badania materiału żeńskiego dla 84 164 sztuk, wykazując 22,8% niezgodności. Bez tych badań wyniki oceny buhajów byłyby mało przydatne dla programów doskonalenia użytkowych ras bydła.

Wyniki badań w latach 1968–1979 wykazywały niezgodności w grupie buhajków hodowlanych – średnio 6,7% oraz w materiale żeńskim (jałówki hodowlane) – 8,6–15%. Najwyższą niezgodność wykazano w oborach testowych (22,8%). Z upływem lat procent niezgodności zmniejszał się, co świadczyło o potrzebie tych badań i poprawie zapisów zootechnicznych oraz usług inseminacyjnych (tab. 1).

Tabela 1. Liczba ekspertyz wykonanych u bydła oraz średni procent zwierząt nie pochodzących po rodzicach podanych w rodowodach, w latach 2005–2011

Table 1. Number of expert opinions on cattle and average percentage of animals with incorrect parentage in 2005–2011

Rok Year	Ilość wydanych ekspertyz No. of expert opinions given		Ilość wykluczeń No. of incorrect pedigrees	% wyłączeń % of incorrect pedigrees	Liczba testów genetycznych buhajów zakupywanych do SHiUZ No. of genetic tests of bulls purchased for Animal Breeding and Insemination Centres	
	na podstawie grup krwi based on blood groups	na podstawie DNA based on DNA			na podstawie grup krwi based on blood groups	na podstawie DNA based on DNA
2005	10727	0	1085	10,1	213	0
2006	13859	163	963	6,9	359	66
2007	13957	1364	1193	7,4	198	166
2008	8542	3080	767	6,6	41	176
2009	4353	4028	609	7,3	19	100
2010	1774	4810	582	8,8	19	90
2011	659	5658	486	7,7	11	52
2012	207	5881	501	8,2	10	9
Razem Total	54078	24984	6132	7,8	870	656

Podstawą prowadzenia kontroli rodowodów w oparciu o oznaczenia antygenów krwi

jest posiadanie i odtwarzanie identycznego zestawu reagentów testowych, zgodnych z nor-

mami międzynarodowymi. Dział Cytogenetyki i Genetyki Molekularnej Zwierząt Instytutu Zootechniki PIB jest aktualnie jedynym ośrodkiem w kraju, uzyskującym surowice identyfikujące antygeny krwinkowe bydła i dysponuje 96 reagentami (tab. 2), posiadającymi międzynarodową standaryzację (Rychlik i Duniec, 2004).

Posiadanie tak dużego panelu surowic testowych umożliwia wykonywanie testów hemolitycznych, w których oznaczane są prawie wszystkie znane u bydła antygeny krwinkowe. Fundamentalną zasadą kontroli pochodzenia na podstawie badania grup krwi jest fakt, że każdy czynnik antygenowy krwi, występujący u potomka, musi być obecny w krwi przynajmniej

jednego z rodziców. Wielka liczba wykrytych u bydła czynników antygenowych, warunkowanych przez odpowiednie geny, stwarza bardzo niewielką szansę spotkania dwóch zwierząt o identycznej strukturze grup krwi. Dzięki temu, badania grup krwi były przez wiele lat najbardziej dokładną metodą, pozwalającą na identyfikowanie osobników.

Prawdopodobieństwo wykluczenia rodziców na podstawie 11 układów grup krwi wynosi około 98% (Rychlik i in., 2005). Od 2011 r. kontrolę rodowodów bydła w oparciu o badania grup krwi prowadzi tylko Dział Cytogenetyki i Genetyki Molekularnej Zwierząt Instytutu Zootechniki PIB.

Tabela 2. Reagenty testowe stosowane do oznaczania składu antygenowego krwi u bydła
Table 2. Test reagents used to determine antigenic composition of blood in cattle

Układy grupowe <i>Blood group system</i>	Reagenty zestawu podstawowego <i>Basic set of reagents</i>	Dodatkowe reagenty używane do określania składu antygenowego krwi u buhajów <i>Additional reagents used to determine antigenic components of blood in bulls</i>
A	A1, A2, H, Z'	D, PLB-4, PLB-8
B	B2, G1, G2, I1, I2, K, O1, O2, O3, O4, P2, Q2, T1, Y2, A'2, B', D'1, E'1, E'2, G', I'1, J'1, K', O'2, P', Q', Y', G''1, G''2,	B1, G3, O5, P1, T2, Y 1, A'D, A'1, A'3, D'2, E'3, I'2, J'2, A''2, B'', D'', J'', O'', Q''
C	C1, C2, E, R1, R2, W2, X1, X2, C', L', C''2	PLB-9, W1, XO, X', C''1,
F	F1, V2,	F2, V1, F/F, N'
J		J
L	L	
M	M	
S	S, U1, U2, H', U'1, U'2, H'', U''	
Z	Z1	Z2
N'		N'
R'	R', S'	
T'	T'	

Markery DNA

Wykrycie polimorfizmu sekwencji mikrosatelitarnych DNA zainicjowało wiele badań nad możliwością wykorzystania tego polimorfizmu w kontroli rodowodów, szczególnie u koni i bydła. Po raz pierwszy markery DNA, złożone z krótkich, 1–5-nukleotydowych, tandemowych powtórzeń, określone jako markery mikrosatelitarne, opisano w 1982 r. (Tautz, 1989). Analiza polimorfizmu mikrosatelitarnego wykonywana jest techniką automatycznej analizy wielkości

fragmentów DNA w kapilarnym sekwenatorze 3130XL. Technika ta wykorzystuje reakcję PCR typu multipleks do jednoczesnej amplifikacji od kilku do kilkunastu markerów, z zastosowaniem barwników fluorescencyjnych do wyznakowania sekwencji starterowych i analizy uzyskanych fragmentów DNA w laserowych analizatorze.

Od czasu, kiedy Fries i in. (1993) opisali pierwsze sekwencje mikrosatelitarne (STR) u bydła, nastąpił ogromny postęp w badaniach nad polimorfizmem mikrosatelitarnym DNA u tego gatunku zwierząt. Powstała baza danych

BovMap, która informuje o ciągle zwiększającej się liczbie zidentyfikowanych mikrosatelitarnych *loci*. Do 2000 r. w bazie INRA *bovmap* zamieszczono około 2100 mikrosatelitów, a w bieżącym roku zawiera ona blisko 2500 STR (<http://locus.jouy.inra.fr/cgi-bin/bovmap/intro2.pl>).

Polimorficzne mikrosatelitarne *loci* znalazły szerokie zastosowanie w weryfikacji rodowodów bydła. Przeprowadzone liczne badania wykazały, że wykorzystanie kilkunastu wysoko polimorficznych markerów mikrosatelitarnych ($PE > 0,5$) daje ponad 99,9% prawdopodobieństwo potwierdzenia właściwie ustalonego rodowodu (Bredbacka i Koskinen, 1999; Weller i in., 2004; Rehout i in., 2006; Radko, 2008; Van Eenennaam i in., 2007; Carolino i in., 2009). Tak duża skuteczność spowodowała, że Międzynarodowe Towarzystwo Genetyki Zwierząt – ISAG (*International Society for Animal Genetics*) zaleciło w 1996 r., aby kontrolę pochodzenia bydła, prowadzoną dotychczas w oparciu o grupy krwi, zastąpić analizą polimorfizmu DNA. Stosowanie kompatybilnych paneli markerów genetycznych przez laboratoria, zajmujące się identyfikacją osobniczą czy kontrolą rodowodów, zapewnia porównywalność i możliwość weryfikacji wyników. W celu standaryzacji panelu markerów mikrosatelitarnych DNA do kontroli rodowodów bydła na Międzynarodowej Konferencji ISAG w 1996 r. zaproponowano zestaw 11 markerów mikrosatelitarnych, które mogłyby być stosowane w rutynowych testach molekularnych (BM2113, BM1824, ETH3, ETH10, ETH225, INRA23, SPS115, TGLA53, TGLA227, TGLA126, TGLA122). W 1998 r. ISAG zaleciło, aby 6 mikrosatelitarnych *loci*: BM2113, BM1824, SPS115, TGLA227, TGLA126, TGLA122 stanowiło minimalny zestaw markerów, wykorzystywany do kontroli pochodzenia u bydła. W 2000 zestaw ten rozszerzono o 3 kolejne markery: ETH10, ETH225 i INRA23. Obecnie, zgodnie z decyzją podjętą na Konferencji ISAG w Amsterdamie w 2008 r., rekomendowany jest zestaw 12 markerów STR, w którym podstawowy panel 9 mikrosatelitarnych *loci* został poszerzony o: ETH3, TGLA53 i BM1818.

W Instytucie Zootechniki PIB, sprawującym nadzór nad kontrolą rodowodów bydła w Polsce, analizy polimorfizmu mikrosatelitarnego u bydła prowadzone są od 1998 r. W trakcie tych badań przeprowadzono analizę polimor-

fizmu 11 zalecanych mikrosatelitarnych *loci* i ocenę ich przydatności dla różnych ras bydła, hodowanego w kraju (Lubieniecka i in., 2001; Radko i in., 2002; Radko, 2008). Od 2005 r. markery mikrosatelitarne w coraz większym zakresie były wykorzystywane w badaniach rodowodowych. W latach 2006–2012 w IZ PIB przebadano, w celu potwierdzenia danych rodowodowych, ponad 36 tys. sztuk bydła. W 2013 r. planuje się przebadanie około 8 tys. sztuk.

Przy tak dużej ilości badań istnieje zagrożenie, że w niektórych przypadkach, np. u osobników pochodzących ze stad podlegających ostrej selekcji czy zwierząt blisko spokrewnionych, zalecany zestaw markerów DNA może być niewystarczający do jednoznacznego potwierdzenia danych rodowodowych. Taką możliwość potwierdzają również działania ISAG, prowadzące do rozszerzenia podstawowego panelu *loci* STR. Dotychczas nie podano jednak dodatkowego, uzupełniającego panelu markerów, uznawanego w skali międzynarodowej, który w razie potrzeby mógłby być wykorzystywany w sytuacji spornego pochodzenia. Niektóre laboratoria, obok podstawowego zestawu mikrosatelitów, wykorzystują do weryfikacji rodowodów inne sekwencje STR. We Francji, laboratorium „LABOGENA” na wystawianych certyfikatach DNA podaje dodatkowo genotyp w 7 *loci*: HUJ1177, ILSTS65, INRA72, INRA92, INRA135, INRA177 i NRA222; w USA laboratorium „Holstein Association” – w BM1818, CYP21, RM67, MGTG4B i SPS113, a w Kanadzie – w BM1818, CSSM066 i HEL1. W Laboratorium Cytogenetyki i Genetyki Molekularnej Zwierząt IZ PIB opracowano uzupełniający panel 9 sekwencji mikrosatelitarnych (Radko i in., 2010). Zestaw ten zawiera *locus* BM1818, który obecnie jest zalecany do rutynowych badań oraz STR: CSRM60, ILSTS065, CSSM066, INRA072, AGLA293, INRA222, INRA092 i HUJ1177, który obok panelu podstawowego jest wykorzystywany do weryfikacji rodowodów w przypadkach, kiedy stwierdzenie pochodzenia na podstawie rekomendowanego zestawu nie jest jednoznaczne.


Prawidłowość prowadzenia danych rodowodowych bydła w oparciu o polimorfizm sekwencji mikrosatelitarnych DNA jest kontrolowana dzięki organizowanym co dwa lata Międzynarodowym Testom Porównawczym. Ma to

szczególne znaczenie przy eksporcie i imporcie zwierząt hodowlanych, nasienia oraz zarodków, gdyż daje gwarancję, że ten zarodkowy materiał pochodzi po podanych w rodowodach wartościowych rodzicach.

Laboratorium Działu Cytogenetyki i Genetyki Molekularnej Zwierząt IZ PIB od 1998 r. bierze udział w Międzynarodowych Testach Porównawczych, organizowanych przez ISAG. Na podstawie wyników, uzyskanych w ostat-

nim teście 2011/2012 r., IZ PIB otrzymał Certyfikat uczestnictwa.

Ze względu na dynamiczny rozwój technik molekularnych i ogromną liczbę markerów SNP (polimorfizmów pojedynczych nukleotydów), jak również dostępne wysoko wydajne techniki genotypowania uważa się, że zastosowanie markerów mikrosatelitarnych w kontroli rodowodów zostanie w najbliższych latach wyparte przez analizę markerów SNP.



Certificate of Participation

This is to certify that ISAG Institutional Member number 84451

**National Research Institute of Animal Production
Krakowska, Poland**

has participated in the

2011-2012 International Bovine DNA STR Typing Comparison Test

with the following results:

Absolute genotyping accuracy rank: 1
Relative genotyping accuracy rank: 1
Total number of participating labs: 70


Absolute genotyping Accuracy		Relative genotyping Accuracy	
Rank	% Labs	Rank	% Labs
1: 100% - 98%	67,1	1: 100% - 98%	72,9
2: 97,9% - 95%	12,9	2: 97,9% - 95%	15,7
3: 94,9% - 90%	8,6	3: 94,9% - 90%	5,7
4: 89,9% - 80%	7,1	4: 89,9% - 80%	1,4
5: below 80%	4,3	5: below 80%	4,3

The scoring system:
Based on 12 microsatellite markers recommended by ISAG in 2008 (BM1818 BM1824 BM2113 ETH3 ETH10 ETH225 INRA23 SPS115 TGLA53 TGLA122 TGLA126 TGLA227)

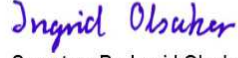
Absolute genotyping accuracy (Aga): $(Nga - Gea) / Nga$ (as percentage)
considers the total number of discrepancies, that is genotyping errors and "blanks" (no genotype reported)

Relative genotyping accuracy (Rga): $(Ngr - Ger) / Ngr$ (as percentage)
considers only genotyping errors; "blanks" are not counted as discrepancies

Nga: total number of expected genotypes (reference samples not included)
Gea: total number of genotype errors, including blanks
Ngr: Nga minus the number of genotypes not reported (blanks) by the laboratory
Ger: total number of genotype errors, excluding blanks



President: Ernie Bailey, PhD



Secretary: Dr. Ingrid Olsaker

Podsumowanie

Stosowane w Dziale Cytogenetyki i Genetyki Molekularnej Zwierząt IZ PIB metody kontroli rodowodów zwierząt, oparte o dużą liczbę cech antygenowych, polimorficznych form białek krwi oraz zestaw rekomendowanych przez Międzynarodowe Towarzystwo Genetyki Zwierząt – ISAG starterów do oznaczania mikrosatelitarnego DNA, gwarantują wiarygodny wynik. Ilość i jakość reagentów testowych, uży-

wanych przez laboratorium do oznaczania antygenów erytrocytarnych oraz czułość stosowanych metod molekularnych w istotny sposób wpływają na rzetelność uzyskiwanych rezultatów. Stosowane metody są weryfikowane w organizowanych przez ISAG Międzynarodowych Testach Porównawczych. Weryfikacja jakości i ujednolicenie nomenklatury reagentów oraz zastosowanie rekomendowanych przez ISAG primerów do oznaczania DNA stanowią o uniwersalności tych badań, dzięki czemu mogą

one być wykorzystywane w każdym państwie, co ma szczególnie istotne znaczenie przy imporcie i eksporcie zwierząt, nasienia oraz zarodków.

Można przyjąć, że w efekcie prowadzonej kontroli pochodzenia jest gwarantowana wiarygodność danych, zawartych w dokumen-

tacji hodowlanej.

Przyjęte metody nie odbiegają od stosowanych w innych krajach sposobów sprawdzania poprawności prowadzonej dokumentacji hodowlanej i są zgodne z regulacjami prawnymi, obowiązującymi w hodowli zwierząt w Polsce.

Literatura

- Bredbacka P., Koskinen M.T. (1999). Microsatellite panels suggested for parentage testing in cattle: informativeness revealed in Finnish Ayrshire and Holstein Friesian populations. *Agric. Food. Sci. Finl.*, 8: 233–237.
- Carolino I., Sousa C.O., Ferreira S., Carolino N., Silva F.S., Gama L.T. (2009). Implementation of a parentage control system in Portuguese beef-cattle with a panel of microsatellite markers. *Genet. Mol. Biol.*, 32: 306–311.
- Duniec M., Rapacz J., Węgrzyn J. (1968). Investigation on the production of immuneantisera in cattle, three reagents anti – Io-Go-Ro. *Proc. XI Europ. Conf. on Animal Blood Group and Bioch. Polym.*, Warszawa, 1968.
- Ferguson L.C. (1941). Heritable antigens in the erythrocytes of cattle. *J. Immun.*, 40: 213–242.
- Ferguson L.C., Stormont C., Irwin M.R. (1942). On additional antigens in the erythrocytes of cattle. *J. Immun.*, 44: 147–164.
- Fries R., Eggen A., Womack J.E. (1993). The bovine genome map. *Mamm. Genome*, 8: 405–428.
- Lubieniecka J., Grzybowski G., Lubieniecki K. (2001). Genetic variation in nine European cattle breeds as determined on the basis of microsatellite markers. I. Within-breed variation. *Anim. Sci. Pap. Rep.*, 19: 249–264.
- Materiały ISAG Comparison Test Cattle (2003/2004). Institut für Tierzucht und Genetik Veterinärmedizinische Universität Wien.
- Radko A. (2008). Microsatellite DNA polymorphism and its usefulness for pedigree verification of cattle raised in Poland. *Ann. Anim. Sci.*, 8, 4: 205–216.
- Radko A., Duniec M., Ząbek T., Janik A., Natonek M. (2002). Polimorfizm 11 sekwencji mikrosatelitarnych DNA i ocena ich przydatności do kontroli pochodzenia bydła. *Med. Wet.*, 58: 708–710.
- Radko A., Słota E., Marczyńska J. (2010). Usefulness of a supplementary set of microsatellite DNA markers for parentage testing in cattle. *Pol. J. Vet. Sci.*, 13: 113–117.
- Řehout V., Hradecká E., Čítek J. (2006). Evaluation of parentage testing in the Czech population of Holstein cattle. *Czech. J. Anim. Sci.*, 12: 503–509.
- Rychlik T., Duniec M. (2004). Produkcja i standaryzacja reagentów testowych niezbędnych w kontroli pochodzenia bydła. *Zesz. Nauk. Prz. Hod.*, 72, 1: 315–322.
- Rychlik T., Radko A., Słota E. (2005). Analiza porównawcza polimorfizmu grup krwi i sekwencji mikrosatelitarnych DNA u bydła polskiego czerwonego. *Mat. LXX Zjazdu Polskiego Towarzystwa Zootechnicznego we Wrocławiu. Komunikaty Naukowe*, s. 50.
- Stormont C., Irwin M.R., Owen R.D. (1945). A probable allelic series of genes affecting cellular antigens in cattle. *Genetics*, 30: 25–26.
- Tautz D. (1989). Hypervariability of simple sequences as general source for polymorphic DNA markers. *Nucleic Acids Res.*, 16: 6463–6471.
- Trela E. (1977). Immunogenetyczna charakterystyka bydła rasy nizinnej czarno-białej na podstawie wyników badań grup krwi i typów beta-globulin (transferu). *Rocz. Nauk. Zoot., Monogr. Rozpr.*, 7.
- Trela J. (1979). Wykorzystanie badań immunogenetycznych w hodowli bydła. *PTZ, Warszawa-Łódź*, 1979. *Prz. Nauk. Lit. Zoot.*, XXV, 1–2 (99–100).
- Trela J., Duniec M. (1972). Potwierdzenie pochodzenia na podstawie grup krwi u bydła w Polsce. *Biul. Inf. IZ*, 5: 1–7.
- Trela J., Trela E., Rychlik T. (1981). Potwierdzanie rodowodów wiarygodności w oborach testowych w latach 1974–1979. *Wyd. własne IZ, Kraków*.
- Van Eenennaam A.L., Weaber R.L., Drake D.J., Pe-

nedo M.C.T., Quaas R.L., Garrick D.J., Pollak E.J. (2007). DNA-based paternity analysis and genetic evaluation in a large, commercial cattle ranch setting. *J. Anim. Sci.*, 85: 3159–3169.

Weller J.I., Feldmesser E., Golik M., Tager-Cohen I., Domochofsky R., Alus O., Ron M. (2004). Factors

affecting incorrect paternity assignment in the Israeli Holstein population. *J. Dairy Sci.*, 87: 2627–2640.

Węgrzyn J. (1977). Badania nad polimorfizmem allo-
typowym surowicy krwi u bydła. *Rocz. Nauk. Zoot.,
Monogr. Rozpr.*, 7.

METHODS OF CATTLE PARENTAGE TESTING – FROM BLOOD GROUPS TO DNA POLYMORPHISM

Summary

Animal breeding records, which are the basis for selection of animals to be parents of the next generation, must be factually correct to ensure breeding progress. They are verified through parentage control and identification of animals based on tests of selected genetic markers in the blood of offspring and its parents. The detection and description of many new types of markers characterized by simple inheritance and high polymorphism as well as the development of new techniques for their analysis enabled genetic markers to be used for parentage testing. In the first period of the research, blood groups and polymorphic blood and plasma proteins proved the most useful for pedigree analysis. Further technological advances made it possible to apply DNA markers, of which microsatellite DNA loci found the greatest application.

In Poland, cattle pedigrees are verified based on blood group tests and microsatellite DNA polymorphism. Blood typing is performed using own test reagents standardized in international comparison tests. The study of erythrocyte antigen polymorphism in 11 blood groups systems of cattle showed a 99.98% probability of parentage exclusion. The use of highly polymorphic microsatellite DNA sequences enables the probability of parentage exclusion to be increased to 99.999%.



Fot.: archiwum