

Krystyna M. Charon

Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

Wykorzystanie metod molekularnej analizy genomu zwierząt w pracy hodowlanej

Słowa kluczowe: polimorfizm DNA, selekcja wskaźnikowa, cechy ilościowe, kontrola pochodzenia

Metody molekularnej analizy genomu zaczynają odgrywać dość istotną rolę w hodowli zwierząt gospodarskich. Do podstawowych zadań hodowlanych, w realizacji których metody te mogą być wykorzystane, należą: ocena wartości hodowlanej (genetycznej), selekcja pośrednia (tzw. MAS — marker assisted selection) i krzyżowanie. Ocena wartości genetycznej, przeprowadzana za pomocą metod molekularnych, polega na bezpośredniej identyfikacji alleli warunkujących określoną cechę. Ma ona tę przewagę nad oceną tradycyjną, iż jest dokładniejsza i możliwa do przeprowadzenia u zwierząt w każdym wieku. Z kolei selekcja pośrednia (MAS), której wskaźnikami są markery genetyczne sprzężone z cechami użytkowymi, jest znacznie bardziej intensywna i dokładna w porównaniu z selekcją tradycyjną, a postęp hodowlany jest uzyskiwany w krótszym czasie. Wynika to z możliwości określenia genotypu u bardzo młodych zwierząt, jak również u zarodków.

Metody genetyki molekularnej są niezmiernie pomocne nie tylko w badaniach genetycznego tła cech ilościowych, ale także w diagnostyce chorób genetycznych, których podłożem są mutacje genowe, oraz aberracji chromosomowych, a także w wykrywaniu zakażeń wirusowych i bakteryjnych jeszcze przed wystąpieniem objawów choroby. Ponadto polimorfizm sekwencji DNA jest wykorzystywany w kontroli pochodzenia, szacowaniu spokrewnienia między osobnikami i stopnia zmienności genetycznej w populacjach. W hodowli bydła dość duże znaczenie ma określanie płci zarodków.

Analiza materiału genetycznego za pomocą metod genetyki molekularnej może być przeprowadzana bezpośrednio w komórkach (tzw. metody *in situ*) bądź na wyizolowanym DNA lub RNA. Do najważniejszych metod stosowanych do analizy kwasów nukleinowych należą:

- **Polimorfizm fragmentów restrykcyjnych DNA–RFLP** (restricted fragment length polymorphism) — w ocenie tego polimorfizmu stosowane są enzymy restrykcyjne przecinające specyficznie rozpoznawaną przez siebie sekwencję

DNA. Metoda PCR–RFLP jest szczególnie przydatna do określania genotypów w zakresie cech ilościowych (użytkowych) i w diagnostyce chorób genetycznych.

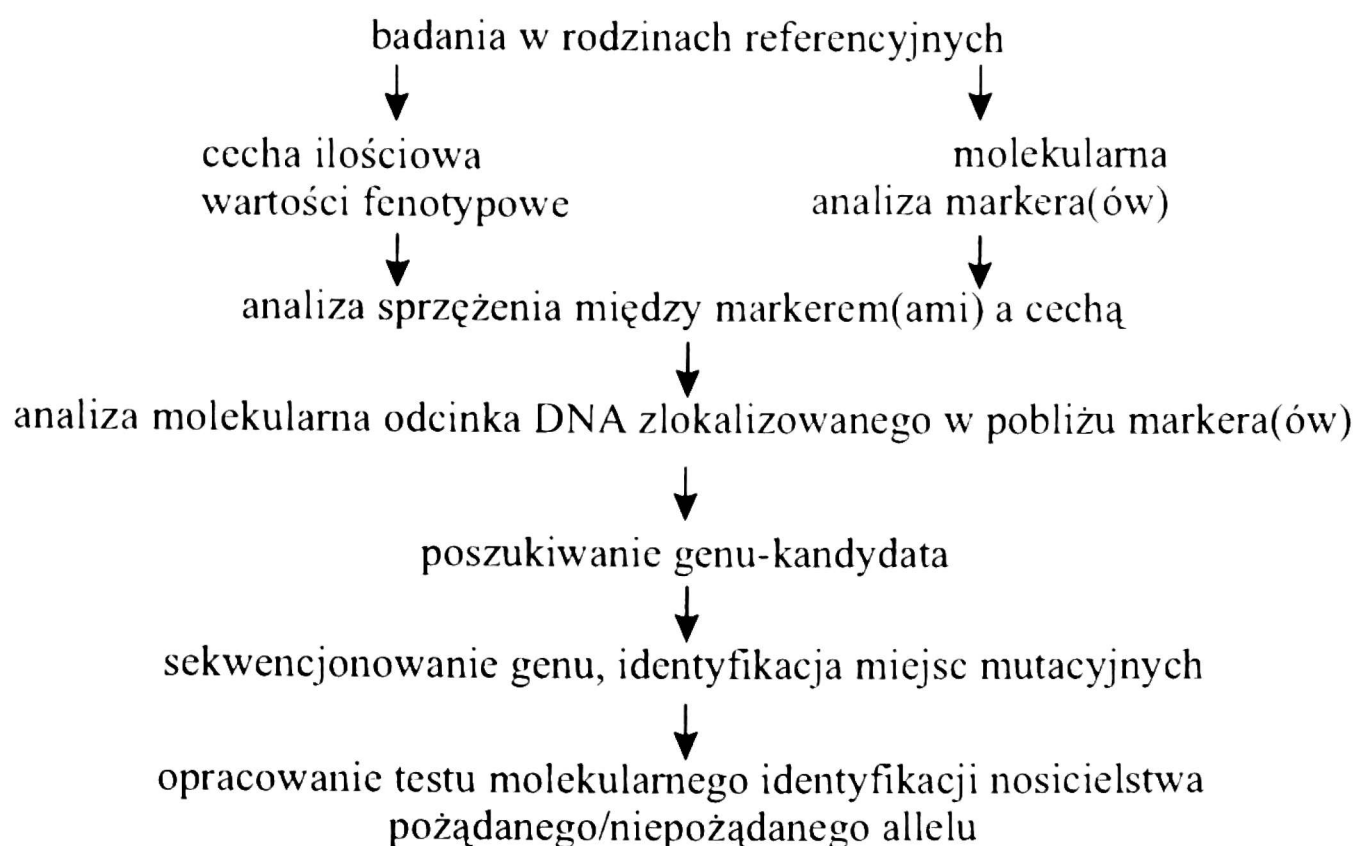
— **Łańcuchowa reakcja polimerazy — PCR** (polymerase chain reaction) jest podstawową techniką badawczą i diagnostyczną. Jest to enzymatyczna metoda powielania, czyli amplifikacji określonych fragmentów — sekwencji DNA. Czułość tej reakcji umożliwia uzyskanie ponad miliona kopii danej sekwencji DNA, mimo obecności innych sekwencji. Z reguły amplifikacja określonego fragmentu DNA jest możliwa wtedy, gdy znana jest jego sekwencja nukleotydowa. PCR ma wiele zastosowań, między innymi do wykrywania obecności w genomie określonych odcinków/genów, obecności we krwi niektórych wirusów, zwiększenia ilości materiału genetycznego do późniejszego sekwencjonowania oraz do tworzenia biblioteki genów.

Reakcja łańcuchowa polimerazy nie może być jednak bezpośrednio zastosowana do badania ekspresji genów, czyli określania ilości mRNA, ani też do wykrywania wirusów, których materiałem genetycznym jest RNA. Do tego celu służy **RT–PCR** (odwrotna transkrypcja — PCR). Amplifikacja fragmentu DNA za pomocą łańcuchowej reakcji polimerazy musi być poprzedzona odwrotną transkrypcją, czyli reakcją odwrotną do tej, która zachodzi w naturze.

— **Metoda hybrydyzacji**, czyli łączenia pojedynczych nici kwasów nukleinowych w strukturę dwuniciową. Do przeprowadzenia hybrydyzacji potrzebna jest sonda molekularna posiadająca komplementarną do badanej sekwencję zasad. Sonda ta musi być odpowiednio wyznakowana, by była możliwa jej detekcja. Metoda hybrydyzacji jest wykorzystywana m.in. do wykrywania określonych fragmentów DNA (np. w diagnostyce chorób), w kontroli pochodzenia (tzw. odcisk palca DNA — fingerprint) i do porównywania różnych populacji zwierząt tego samego gatunku oraz do oceny zmienności genetycznej wewnątrz i między rasami.

Doskonalenie cech poligenicznych (użytkowych) zwierząt gospodarskich

Cechy użytkowe są determinowane przez wiele genów o małym efekcie każdego z nich, dlatego identyfikacja ekspresji tych genów jest znacznie utrudniona. Prowadzone są badania w celu znalezienia takich genów, które mają znaczący wpływ na kształtowanie się cech użytkowych. Badania te są możliwe dzięki stale rozbudowywanym genomowym mapom markerowym dla wszystkich gatunków zwierząt gospodarskich. Mapy takie wskazują dokładną lokalizację loci markerów genetycznych, a informacje w nich zawarte służą do analizy sprzężeń między jednym lub kilkoma markerami a locus genu „ważnego”. Do genów „ważnych” należą geny cech ilościowych (QTL), geny warunkujące choroby genetyczne, kontrolujące odporność na choroby, a także inne cechy istotne ekonomicznie. Markery genetyczne zaliczane są do dwóch klas. Klasę I stanowią geny kodujące cechy jakościowe (np. polimorficzne



Rysunek 1. Analiza genetycznego tła cech ilościowych (opracowano na podstawie [18])

białka surowicy krwi i mleka), do markerów klasy II należą polimorficzne, niekodujące sekwencje DNA (np. mini- i mikrosatelitarne DNA).

Tok postępowania w analizie sprzężeń markerów genetycznych z daną cechą w zarysie wygląda następująco (rys. 1): w rodzinach referencyjnych, złożonych z rodziców i potomstwa, również następnych pokoleń, badana jest segregacja danej cechy na podstawie jej fenotypowej wartości. Jednocześnie u tych samych zwierząt prowadzone są badania molekularne markerów genetycznych, najczęściej sekwencji mikrosatelitarnych. Danych o tych sekwencjach dostarczają mapy markerowe. Dysponując wynikami tych badań, można za pomocą odpowiedniej metody statystycznej przeprowadzić analizę sprzężeń między określonymi markerami a badaną cechą. Ponieważ znana jest lokalizacja markerów, można wnioskować o przybliżonej lokalizacji locus mającego istotny wpływ na wartość interesującej nas cechy. Następnym etapem jest analiza molekularna odcinka DNA znajdującego się w pobliżu markera bądź markerów. Jej celem jest znalezienie genu-kandydata, który może okazać się poszukiwanym genem ważnym. Gdy się to powiedzie, należy zsekwencjonować ten gen, by znaleźć ewentualne miejsca mutacyjne, dzięki którym możliwe będzie poznanie alleli tego genu. Ostatnim etapem jest opracowanie testu molekularnego umożliwiającego genotypowanie, czyli określanie nosicielstwa allelu pożądanego lub niepożądanego.

Przykładowo wyniki analizy sprzężeń markerów genetycznych z cechami użytkowości mlecznej u bydła oraz użytkowości nieśnej u drobiu przedstawiono w tabelach 1–2. Znając sprzężenie między określonym markerem genetycznym a np. wydajnością białka w mleku, możemy dla młodej jałówki określić, jaka będzie u niej wartość tej cechy w przyszłości.

Tabela 1. Markery genetyczne cech użytkowości mlecznej u bydła holsztyńskiego [1]

Locus	Chromosom	Cecha — wydajność
BM711	8	białka, tłuszczu, % tłuszczu
BM2078	18	tłuszczu
BM3413	21	mleka, tłuszczu, białka
513	23	mleka, tłuszczu
BM1443	23	białka, % białka
BM1905	23	tłuszczu, % białka, % tłuszczu
BM4505	26	mleka, białka, % tłuszczu
BM203	27	% białka, % tłuszczu

Tabela 2. Markery genetyczne i ich wpływ na cechy użytkowości nieśnej u drobiu [13]

Marker	Cecha	Oszacowany efekt ¹
J3	wiek zniesienia pierwszego jaja	+3,67 dni
J4	nieśność	+2,37 %
	kolor skorupy jaja	-1,49 jedn.
	masa ciała	-0,08 kg
J6	masa ciała	-0,08 kg
J7	masa ciała	+0,06 kg
J11	wysokość białka jaja	+0,54 mm
	wiek zniesienia pierwszego jaja	+5,51 dni
J12	wiek zniesienia pierwszego jaja	+7,42 dni
	całkowita liczba jaj zniesionych	-6,15 jaj
J13	twardość skorupy jaja	-2,01 oz
J23	wiek zniesienia pierwszego jaja	+11,81 dni
R2	kolor skorupy jaja	-1,79 jedn.
R8	wysokość białka jaja	+0,57 mm
R12	wiek zniesienia pierwszego jaja	+3,72 dni
R14	masa ciała	+0,08 kg
	wiek zniesienia pierwszego jaja	+3,47 dni
	nieśność	-2,60%
	całkowita liczba jaj zniesionych	-5,69 jaj
R22	całkowita liczba jaj zniesionych	-3,90 jaj

¹ Różnice wydajności potomstwa żeńskiego pochodzącego po rozplodnikach z grupy „pozytywnej” i „negatywnej”.

Tabela 3. Loci niektórych genów „ważnych”

Chromosom (locus)	Cecha	Gatunek
1, 6, 9, 10, 20	% tłuszczu i % białka w mleku	bydło
18 (CLPG)	hypertrofia mięśniowa	owce
2 (MSTN)	hypertrofia mięśniowa	bydło
4	tempo wzrostu i otyśczenie	świnie
13 (PIT1)	tempo wzrostu	świnie
1 (ESR)	wielkość miotu	świnie
1 (KRTAP)	jakość wełny	owce

Obecny stan wiedzy dostarcza nam nie tylko informacji o sprzężeniach. Dla większości gatunków zwierząt gospodarskich znaleziono już sporą liczbę loci genów ważnych, o istotnym wpływie na cechy użytkowe. Należą do nich między innymi loci oddziałujące na wydajność mleka i jego podstawowych składników, geny warunkujące hipertrofię mięśniową, zwiększoną plenność świń czy jakość wełny u owiec [3, 15, 19] (tab. 3).

Okazało się, że niektóre z genów oddziałujących na wartość cechy ilościowej mają ogromne znaczenie. Geny takie nazwano głównymi, inaczej genami o dużym efekcie. Zestawienie tylko niektórych genów o dużym efekcie na wydajność mleka u bydła, wielkość miotu u owiec czy cechy użytkowości mięsnej świń zawiera tabela 4. Niedawno zmapowano na chromosomie 9 u świń gen (oznaczony symbolem MYOG) kodujący białko, które pełni ważną funkcję w różnicowaniu mięśni (jest to miogenina) [16]. Gen ten może się okazać genem o dużym efekcie, albowiem wpływając na liczbę mioblastów i włókien mięśniowych, powoduje zwiększoną produkcję masy mięśni. Najnowsze badania genetycznego tła hipertrofii mięśniowej u bydła niebieskiego belgijskiego wskazują, iż cecha ta warunkowana jest mutacją w genie miostatyny (MSTN). Mutacja ta polega na delecji 11 nukleotydów, a jej następstwem jest powstanie kodonu STOP, kończącego translację białka [6].

Tabela 4. Geny o dużym efekcie (cechy produkcyjne i reprodukcyjne)

Cecha	Locus	Chromosom	Gatunek
κ -kazeina	CSN3	6	bydło
β -laktoglobulina	LGB	11	bydło
Somatotropina	GH	1	bydło
Prolaktyna	PRL	23	bydło
Wielkość miotu	FECB	6	owce
Tłuszcz między mięśniowy	IMF	?	świnie Meishan
Jakość mięsa	RN	15	świnie
Jakość mięsa	RYR1	6	świnie
Ilość mięsa	MYOG	9	świnie

Doskonalenie cech monogenowych (jakościowych) zwierząt gospodarskich

Spośród cech jakościowych, warunkowanych jednym, rzadziej dwoma loci, w doskonaleniu których mogą być stosowane metody molekularne, należy wymienić rogatość/bezrożność oraz barwę umaszczenia u ssaków czy upierzenia u drobiu. Metody te są pomocne w identyfikacji obecności recesywnego allelu w genotypie heterozygotycznym. Wspomniana cecha bezrożności u bydła jest preferowana w krajach zachodnich ze względu na tzw. dobrostan (ang. welfare) zwierząt, gdyż rogi mogą być przyczyną uszkodzeń ciała. Fenotyp osobników homo- i heterozygotycznych pod względem cechy braku rogów jest taki sam, gdyż cecha ta dziedziczy się z zupełną dominacją. Analiza DNA wykrywająca obecność określonych alleli w locus „polled” jest szczególnie obiecująca, jeśli chodzi o eliminację z populacji recesywnego allelu rogatości. Na razie identyfikacja genotypu heterozygotycznego jest możliwa tylko na podstawie sprzężonych z cechą markerów genetycznych zlokalizowanych na chromosomie 1 [7].

Od pewnego czasu dostępne są już testy molekularne służące identyfikacji genotypu pod względem genów umaszczenia, jak również identyfikacji genotypu pod względem niektórych cech produkcyjnych.

Diagnostyka chorób genetycznych

Niezmiernie ważnym zagadnieniem, warunkującym efekty ekonomiczne hodowli, jest stan zdrowia zwierząt. Metody molekularne są obiecującym narzędziem diagnostyki i prewencji chorób i zaburzeń genetycznych. Choroby genetyczne, będące skutkiem mutacji w obrębie genu czy chromosomu, prowadzą do spadku produktywności zwierząt, a nawet do ich śmierci. Rozprzestrzenianiu się tych chorób sprzyja fakt, iż najczęściej występują one u zwierząt o wysokiej wartości hodowlanej.

Część chorób genetycznych jest wynikiem mutacji w genie kontrolującym syntezę określonego enzymu, powodujących częściową lub całkowitą utratę właściwości tego enzymu. Są już dostępne, a w niektórych krajach nawet rutynowo stosowane, testy molekularne (PCR–RFLP) umożliwiające identyfikację nosicieli zmutowanych alleli [2, 9, 14] (tab. 5). W hodowli bydła mlecznego najlepiej poznane pod względem genetycznego tła są takie schorzenia, jak: BLAD (wrodzony niedobór leukocytarnych cząsteczek adhezyjnych), citrullinemia (mutacja w genie syntetazy arginino-bursztynianowej, jednego z enzymów cyklu mocznikowego) oraz DUMPS (mutacja w genie syntazy monofosforanu urydyny). W hodowli bydła mięsnego, zwłaszcza ras Short-horn i Brahman w Australii, występuje choroba zwana glikogenozą (Pompe's disease), której podłożem jest mutacja w genie kwaśnej glikozydazy. Jest ona przyczyną dużej

Tabela 5. Niektóre testy molekularne dostępne dla hodowli zwierząt gospodarskich [8]

Test	Gen	Gatunek
Zaburzenia genetyczne		
BLAD	CD18	bydło
Choroba Pompe's	AAG	bydło
DUMPS	UMPS	bydło
Choroba weaver	markery — chromosom 4	bydło
Cechy morfologiczne		
Umaszczenie białe dominujące	KIT	świnie
Umaszczenie czerwone/czarne	MSH-R	bydło
Bezrożność	markery na chromosomie 1	bydło
Cechy produkcyjne		
Podatność na halotan	RYR1	świnie
Wielkość miotu	ESR	świnie
Wielkość miotu	FECB	owce
κ-kazeina	CSN3	bydło

śmiertelności cieląt, głównie w wieku 6–9 miesięcy [8]. Spośród chorób degeneracyjnych układu mięśniowego i nerwowego, możliwa jest molekularna diagnostyka choroby weaver u bydła (postępująca degeneracyjna mieloencefalopatia), uwarunkowanej autosomalnym genem recesywnym [17].

Metody genetyki molekularnej znajdują zastosowanie także w **diagnostyce infekcji wirusowych i bakteryjnych**. Umożliwiają one wykrycie nawet śladowych ilości drobnoustrojów w materiale klinicznym, toteż mają ogromną przyszłość w rutynowych testach diagnostycznych chorób bakteryjnych, wirusowych i pasożytniczych zwierząt gospodarskich. W ostatnich latach prowadzone są liczne badania przydatności technik biologii molekularnej w medycynie weterynaryjnej. Metody analizy kwasów nukleinowych są już stosowane w diagnostyce niektórych chorób infekcyjnych (wirusowych, bakteryjnych i pasożytniczych).

Opracowana została molekularna diagnostyka enzootycznej białaczki u bydła, wywoływanej przez wirus (BLV), należący do retrowirusów [12]. Dostępny jest test molekularny dla wykrywania zakażeń rotawirusowych (biegunki) i pestiwirusowych (patogeny pomoru klasycznego oraz choroby Aujeszky'ego u prosiąt). Łańcuchowa reakcja polimerazy (PCR) może być podstawą rutynowej diagnostyki wirusowego zapalenia żołądka i jelit u świń (TGE — Transmissible Gastroenteritis), powodującego wysoką śmiertelność ośesków [5]. Zalecana jest także diagnostyka choroby pęcherzykowej (Swine Vesicular Disease—SVD) za pomocą detekcji w materiale biologicznym wirusowego RNA metodą RT-PCR [10]. Z kolei metoda hybrydyzacji

ma przyszłość w diagnostyce molekularnej bakterii z gatunku *Serpulina* (krętki), wywołujących dezynтеріę u świń [11].

Chorobą zwierzęcą będącą zagrożeniem dla ludzi jest wścieklizna. Szybka diagnostyka tej choroby u zwierzęcia możliwa jest poprzez wykrycie kwasu nukleinowego wirusa wścieklizny. W tym przypadku mogą być stosowane dwie metody RT-PCR lub hybrydyzacji. Metody molekularne pomocne są także w konstrukcji rekombinowanej szczepionki przeciw wściekliznie z użyciem różnych wektorów.

Kontrola pochodzenia

Polimorfizm powtarzających się sekwencji DNA, mikro- i minisatelitarnych (markery klasy II) jest ogromnie przydatny w identyfikacji osobników, zwłaszcza w kontroli pochodzenia. W tym celu stosowane są dwie podstawowe metody. Jedna jest oparta na polimorfizmie minisatelitarnym, druga na polimorfizmie mikrosatelitarnym. Polimorfizm minisatelitarny jest podstawą metody DNA fingerprint, w której strawiony (pocięty) enzymem restrykcyjnym i rozdzielony elektroforetycznie DNA jest hybrydowany z sondą, którą jest np. sekwencja minisatelitarna. Wynikiem jest charakterystyczny dla danego osobnika obraz prążków DNA. Metoda „fingerprint” ma także zastosowanie w badaniach niepłodności jałówek pochodzących z ciąży bliźniaczych (frymartynizmu).

Druga metoda, przydatna w kontroli pochodzenia, wykorzystuje polimorfizm sekwencji mikrosatelitarnych. Zdaniem Usha i in. [20] prawdopodobieństwo błędnego wykluczenia ojcostwa przy kontroli na podstawie jednej sekwencji waha się w granicach od 0,62 do 0,72. Istnieje możliwość stosowania kilku sekwencji mikrosatelitarnych równocześnie, co znacznie zwiększa dokładność kontroli. Wykorzystanie pięciu sekwencji równocześnie zwiększa to prawdopodobieństwo do 0,99.

Kontrola pochodzenia na podstawie analizy sekwencji mikrosatelitarnych jest zalecana w krajach zachodnich dla koni [4], ale również w wypadku innych gatunków zwierząt gospodarskich (głównie bydła) ta metoda jest coraz częściej stosowana.

Polimorfizm DNA a zmienność

Zmienność genetyczna ma ogromne znaczenie dla wszystkich gatunków zwierząt. Im większa jest pula genów w jakiejś populacji, tym silniejsze są zdolności adaptacyjne tej populacji do zmiennych warunków środowiskowych. Na skutek długotrwałej selekcji, zwłaszcza w małych populacjach, może dojść do znacznego ograniczenia puli genów, skutkiem czego będzie utrata zdolności adaptacyjnych. By zapobiec temu niekorzystnemu zjawisku, zalecane jest monitorowanie (śledzenie)

zmian w strukturze genetycznej populacji, które zachodzą w wyniku pracy hodowlanej. Do tego celu bardzo przydatne i dokładne są wspomniane już wcześniej metody „fingerprintingu” i analizy polimorfizmu sekwencji mikrosatelitarnych.

Ponadto metody te są niezwykle przydatne w szacowaniu stopnia zimbredowania poszczególnych populacji (linii) w analizie podobieństw i różnic między populacjami i ustalaniu dystansu genetycznego między nimi. Szacowanie dystansu genetycznego i wybór ras, które cechuje duża zmienność genetyczna, służy zachowaniu biologicznej różnorodności zwierząt gospodarskich. Z kolei ocena zmienności genetycznej między populacjami (liniami) ułatwia wybór optymalnego wariantu krzyżowania, a w krzyżowaniu towarowym uzyskanie maksymalnego efektu heterozji.

Określanie płci u zarodków

W hodowli bydła dość duże znaczenie ma określanie płci zarodków za pomocą technik molekularnych. Zależnie od kierunku użytkowania, znajomość płci zarodków umożliwia bądź dysponowanie większą liczbą samic w stadach mlecznych, bądź samców w stadach mięsnych. Ponadto określanie płci zarodków może w znacznym stopniu zwiększyć efekty genetyczno-hodowlane poprzez wzrost intensywności selekcji (dysponowanie dużą liczbą zarodków). W identyfikacji płci zarodka wykorzystywane są sekwencje DNA charakterystyczne dla chromosomu Y (gen SRY) lub zróżnicowanie w sekwencji niektórych genów zlokalizowanych na chromosomach płci (np. gen palca cynkowego czy gen amelogeniny).

Podsumowanie

Analiza genomu zwierząt gospodarskich będzie mieć coraz większe znaczenie w doskonaleniu zwierząt, jednak nie należy się obawiać, iż zastąpi ona całkowicie tradycyjne metody doskonalenia zwierząt. Natomiast połączenie metod analizy materiału genetycznego z oceną wartości hodowlanej przeprowadzaną metodami tradycyjnymi (na podstawie wydajności własnej i/lub wydajności potomstwa) da korzystne efekty w postaci zmaksymalizowania dokładności tej oceny i efektywności selekcji. Ogromną przyszłość ma połączenie metod molekularnych z takimi metodami biotechnologicznymi w reprodukcji, jak pozaustrojowe uzyskiwanie zarodków bydła (dojrzwianie oocytów, zapłodnienie in vitro i kilkudniowa hodowla in vitro zarodków) czy klonowanie zarodków. Pozwoli ono nie tylko na skrócenie odstępu między pokoleniami, ale także umożliwi uzyskiwanie „kopii” zwierząt cennych pod względem hodowlanym.

- [1] Ashwell M.S., Rexroad C.E., Miller R.H., VanRaden P.M., Da Y. 1997. Detection of loci affecting milk production and health traits in an elite US Holstein population using microsatellite markers. *Anim. Genet.* 28(3): 216–222.
- [2] Batt C.A., Wagner P., Wiedmann M., Luo J., Gilberty R. 1995. Detection of bovine leukocyte adhesion deficiency by nonisotopic ligase chain reaction. *Anim. Genet.* 25(2): 95–98.
- [3] Dunner S., Charlier C., Brouwers B., Canon J., Georges M. 1996. Double-muscling in the Asturiana de los Valles breed involves the same mh locus as in the Belgian Blue breed. *Proceed. XXV ISAG Conference, Tours*, 162.
- [4] Gralak B., Coppieters W., Van de Weghe A. 1994. Two new equine dinucleotide repeat microsatellites at the EA2C4 and EB2E8 loci. *Anim. Genet.* 25(4): 285.
- [5] Grądzki Z., Winiarczyk S. 1997. Metody biologii molekularnej w rozpoznawaniu wirusowego zapalenia żołądka i jelit u świń. *Med. Wet.* 53(4): 197–201.
- [6] Grobet L., Martin L.J.R., Poncelet D., Pirottin D., Brouwers B., Riquet J., Schoeberlein A., Dunner S., Menissier S., Menissier F., Massabanda J., Fries R., Hanset R., Georges M. 1997. A deletion in the bovine myostatin gene causes the double-muscled phenotype in cattle. *Nature Genetics*, 17 September: 71–74.
- [7] Harlizius B., Tammen I., Eichler K., Eggen A., Hetzel D.J.S. 1997. New markers on bovine Chromosome 1 are closely linked to the polled gene in Simmental and Pinzgauer cattle. *Mammalian Genome* 8: 255–257.
- [8] Hetzel D.J.S. 1996. New animal genetic technologies — good or bad? Butler Memorial Lecture, University of Queensland: 1–20.
- [9] Kamiński S., Ruś A. 1997. Testowanie bydła na nosicielstwo genu wczesnej obumieralności zarodków DUMPS. *Med. Wet.* 53(5): 254–257.
- [10] Kęsy A., Niedbalski W., Fitzner A., Paprocka G. 1997. Wykrywanie RNA wirusa choroby pęcherzykowej świń (SVD) w materiałach klinicznych metodą PCR. *Med. Wet.* 53(5): 270–272.
- [11] Klimuszko D., Binek M. 1997. Diagnostyka laboratoryjna krętków z rodzaju *Serpulina* — metody tradycyjne i metody biologii molekularnej. *Med. Wet.* 53(5): 250–253.
- [12] Kuźmak J., Grundboeck-Juśko J., Kozaczyńska B. 1993. Wykrywanie prowirusowego DNA wirusa białaczki bydła metodą polymerase chain reaction (PCR). *Med. Wet.* 49(7): 312–315.
- [13] Lamont S., Lakshmanan N., Plotsky Y., Kaiser M.G., Kuhn M., Arthur J.A., Beck N.J., O'Sullivan N.P. 1996. Genetic markers linked to quantitative traits in poultry. *Anim. Genet.* 27(1): 1–2.
- [14] Lubieniecki K., Grzybowski G. 1997. Diagnostyka molekularna wrodzonego niedoboru leukocytarnych cząsteczek adhezyjnych (BLAD) u bydła. *Med. Wet.* 53(4): 214–217.
- [15] Rothschild M.F. 1998. Identification of quantitative trait loci and interesting candidate genes in the pig. Progress and prospects. *Proceedings 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. Armidale, Australia, vol. 26: 403–409.
- [16] Soumilion A., Erkens Jo H.F., Lenstra J.A., Rettenberger G., te Pas M.F.W. 1997. Genetic variation in the porcine myogenin gene locus. *Mammalian Genome* 8: 564–568.

- [17] Stocker H., Ossent P. 1997. Hereditary diseases in Braunvieh, 5th Conference of the Brown Cattle Breeders, Lucerna, Szwajcaria.
- [18] Świtoński M. 1995. Postęp w mapowaniu genomów zwierząt gospodarskich. Zjazd PTG, 27–29.09.1995, Szczecin. *J. Applied Genetics* 36A: 77–78.
- [19] Vilkki H.J., de Koning D.J., Elo K., Velmala R., Mäki-Tanila A. 1997. Multiple marker mapping of quantitative trait loci of Finnish dairy cattle by regression. *J. Dairy Sci.* 80: 198–204.
- [20] Usha A.P., Simpson S.P., Williams J.L. 1995. Probability of random sire exclusion using microsatellite markers for parentage verification. *Anim. Genet.* 26: 155–161.

Molecular analysis methods of animal genome in livestock breeding

Key words: DNA polymorphism, MAS, QTLs, parentage control

Summary

Molecular genetics methods are promising tools for improving production and disease resistance traits of the livestock. The methods of DNA analysis enable the direct identification of genotype and are very useful in following breeding activities:

- identification of QTLs (quantitative trait loci),
- marker assisted selection (genotyping for genetic markers linked to productive traits),
- parentage control,
- embryo sexing.

The genetic tests are also used for identification of genetic disorders caused by a single point mutation as well as chromosome aberrations.

Analysis of DNA polymorphism makes possible the estimation of inbreeding within a population and genetic distance between the populations as well as changes in gene frequency caused by the selection.

Adres do korespondencji:
Dr hab. Krystyna M. Charon
Katedra Genetyki i Ogólnej Hodowli Zwierząt
Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego
ul. Przejazd 4
05–840 Brwinów