



"Europejski Fundusz Rolny na rzecz Rozwoju Obszarów Wiejskich: Europa inwestująca w obszary wiejskie"

Operacja współfinansowana jest ze środków Unii Europejskiej w ramach działania "Współpraca" Program Rozwoju Obszarów Wiejskich na lata 2014-2020

Operacja pod nazwą

"Innowacyjny system selekcji bydła rasy polskiej czerwonej w celu doskonalenia wołowiny ras rodzimych oraz utworzenie repozytorium DNA bydła objętego programem ochrony zasobów genetycznych z zastosowaniem aplikacji "e-DNA: ID Bydła"

Sprawozdanie końcowe

z realizacji operacji w ramach Umowy o przyznaniu pomocy

nr 00129.DDD.6509.00072.2022.06

Grupa operacyjna:

- Instytut Zootechniki Państwowy Instytut Badawczy, 31-047 Kraków, ul. Sarego 2
- Gospodarstwo rolne Robert Rajzer, ul. Włókiennicza 9, 37-500 Jarosław
- Małopolski Ośrodek Doradztwa Rolniczego, ul. Osiedlowa 9, 32-082 Karniowice

Rodzime rasy zwierząt odgrywają kluczową rolę w ochronie i rozwoju hodowli danego gatunku. Hodowla ras zachowawczych jest podstawą zachowania różnorodności genetycznej i utrzymania wartościowych, unikalnych cech ras zwierząt rodzimych, które mogą być przydatne w przyszłości. Rasy zachowawcze bydła stanowią cenne źródło genów, które pomagają w tworzeniu bardziej zrównoważonych i odpornych populacji zwierząt hodowlanych. Bydło stanowi nieodłączny element historii i kultury wielu regionów. Z biegiem lat, udomowienia i następnie hodowli, rasy bydła często wykształciły się w odpowiedzi na specyficzne warunki środowiskowe oraz potrzeby lokalnych społeczności. Dlatego zachowanie tych ras ma ogromne znaczenie nie tylko dla zachowania różnorodności genetycznej, ale także dla ochrony dziedzictwa kulturowego i tradycji hodowlanych.

Szczególnie ważne jest zachowanie stabilnej populacji ras zachowawczych bydła, których w Polsce zachowały się jedynie 4: polska czerwona, polska biało-czerwona, polska czarno-biała i bydło białogrzbiate. Dla porównania w Niemczech występuje aż 13 ras regionalnych, w Szwecji - 11, a w Austrii 10.

Rasa polska czerwona (RP), to rasa rodzima bydła o największym znaczeniu krajowym. Przez wiele lat rasa ta cieszyła się dużą popularnością wśród rolników i hodowców. Do lat 60. XX wieku stanowiła około 20% krajowego pogłowia bydła, jednak, zmiany administracyjne, rozwój mięsnego użytkowania bydła czy rozpowszechnianie rasy holsztyńsko-fryzyjskiej, doprowadziły do drastycznego spadku liczebności jej populacji. Również wprowadzenie w 1973r. ustawy o rejonizacji rasowej, znacznie ograniczyło hodowlę tej rasy przeznaczając dla niej tylko trzy podgórskie powiaty: nowotarski, nowosądecki i limanowski. Z kolei, w pozostałych częściach kraju zastosowano krzyżowanie wypierające innymi rasami. Mimo późniejszego zniesienia rejonizacji, tylko nieliczni rolnicy zdecydowali się powrócić do utrzymywania czystej rasy RP. Stan ten spowodował konieczność objęcia rasy polskiej czerwonej ochroną. Obecnie populacja jest aktywna, od kilku lat utrzymuje się na stałym poziomie wynoszącym około 2000 osobników, a stan pogłowia szacuje się na około 30 000 zwierząt.

Ekstensywne utrzymanie rasy RP ukształtowało jej charakterystyczne cechy, takie jak: długowieczność, dobre zdrowie, odporność na choroby oraz doskonałe przystosowanie do trudnych warunków środowiska. Krowy cechują się bardzo dobrymi parametrami rozrodu, wysoką płodnością, lekkimi porodami, dużą żywotnością cieląt i bardzo silnym instynktem macierzyńskim.

Bydło rasy RP charakteryzuje dwukierunkowy typ użytkowy mięsno-mleczny, jednak selekcja polskiego bydła czerwonego zawsze była ukierunkowana na wydajność mleka oraz zawartość białka i tłuszczu w mleku. Cechy takie jak masa ciała, czy umięśnienie, miały mniejsze znaczenie. Jednak obecnie, w celu ochrony rasy oraz zwiększenia liczebności jej populacji, sugeruje się tworzenie stad użytkowanych w typie mięsnym. Na wnioski hodowców, od 1 stycznia 2017r. rasa polska czerwona została objęta oceną wartości użytkowej w kierunku cech mięsnych prowadzoną przez Polską Federację Hodowców Bydła i Producentów Mleka.

Użytkowanie rasy polskiej czerwonej w kierunku mięsnym może być szansą dla promocji mięsa wołowego pochodzącego z rodzimych ras bydła. Obecnie konsumenci poszukują żywności pochodzenia regionalnego o szczególnych walorach prozdrowotnych i dietetycznych, a mięso wołowe uznawane jest za jedno z najbardziej cenionych mięs. W wielu krajach Europy produkty od ras rodzimych są dobrze rozpoznawalne na rynku i kojarzone z konkretną rasą lub regionem. W Hiszpanii, Francji czy Portugalii promowana jest wołowina z rodzimych ras bydła, a produkty z niej wytworzone chronione są specjalnym znakiem jakości. Wprowadzenie oceny wartości użytkowej w kierunku cech mięsnych oraz zaangażowanie hodowców, daje szansę na wypromowanie wołowiny z rasy polskiej czerwonej, której mięso cechuje się pożądaną soczystością, marmurkowatością, delikatnością oraz dużą zdolnością zatrzymywania wody – cechami ważnymi z punktu widzenia konsumentów i przetwórstwa mięsnego.

Do produkcji wołowiny ras od ras rodzimych objętych programem ochrony zasobów genetycznych a zarazem prowadzeniem skutecznej hodowli zachowawczej, niezbędna jest współpraca pomiędzy hodowcami, instytucjami badawczymi oraz organizacjami zajmującymi się ochroną ras.

Instytut Zootechniki PIB (IZ PIB) został powołany do prowadzenia badań dotyczących hodowli i produkcji zwierzęcej, a na mocy Ustawy o organizacji hodowli i rozrodzie zwierząt gospodarskich z dn. 10 grudnia 2020r. również do koordynacji działań związanych z ochroną zasobów genetycznych zwierząt w Polsce. Dlatego aby sprostać potrzebą hodowców bydła rasy RP do rozwoju i rozszerzania hodowli w kierunku mięsnym w IZ PIB zostały podjęte badania dążące do opracowania innowacyjnego systemu selekcji bydła polskiego czerwonego w celu doskonalenia ras rodzimych i promocji ich produktów.

Realizacja operacji objęła: chów cieląt w odchowni, kontrolę pochodzenia na podstawie DNA opartą na opracowanej webowej aplikacji e-DNA: ID Bydła (krótko zwanej e-byczek) i repozytorium DNA, jak również identyfikację i potwierdzenie rasy RP testem genetycznym.

Opracowanie innowacyjnej odchowni dla cieląt rasy RP, zapewniło warunki do zdrowego i efektywnego startu dla młodych zwierząt, co ma bezpośrednie przełożenie na późniejsze wyniki produkcyjne - zwiększając konkurencyjność produktów od ras rodzimych i opłacalność całej hodowli.

W odchowni krowy rasy RP użytkowane w typie mięsnym utrzymywane są na pastwiskach, w systemie mamkowym, w którym cielęta pozostają z matkami do siódmego miesiąca życia. Odchownia zapewnia optymalne warunki chowu, co wpływa na poprawę dobrostanu cieląt. Ułatwia organizację grupowego utrzymania, pozwalając na lepszą socjalizację zwierząt, ograniczenie stresu oraz bardziej efektywne zarządzanie procesami żywieniowymi. Dzięki rozwiązaniom monitoringu, można precyzyjnie kontrolować rozwój cieląt. Lepsze warunki odchowu oznaczają szybszy wzrost, większe przyrosty masy ciała oraz wyższą jakość mięsa. Ponadto, ujednolicony system odchowu pozwala sprostać coraz bardziej rygorystycznym wymogom związanym z dobrostanem zwierząt oraz oczekiwaniom rynku, szczególnie w kontekście eksportu mięsa i cieląt do krajów Unii Europejskiej. Wprowadzony system utrzymania zwierząt umożliwi kontrolę nad hodowlą, dokonywaniem dokładnej oceny wartości użytkowej i skutecznej selekcji, zmierzającą do doskonalenia bydła w kierunku mięsnym. Konieczne jest utrzymanie zwierząt w jednolitych warunkach bytowych, żywieniowych i weterynaryjnych, co umożliwia rzetelną selekcję do hodowli.

W ramach prac inwestycyjnych w gospodarstwie opracowano odchownię, na którą składa się budynek gospodarczy z wiatą o powierzchni ok. 400 m², gdzie bydło przebywa w warunkach podwyższonego dobrostanu. Teren wokół budynku został utwardzony, aby umożliwić i uprościć bezpieczne prowadzenie czynności obsługowych. Wiata pod którą przebywają zwierzęta, okólnik i pastwiska objęto monitoringiem, co zapewni bezpieczeństwo zwierząt oraz będzie pomocne w trakcie wykrywania rui. Ponadto, pastwisko zostało ogrodzone i wyposażono w instalację systemu monitoringu zwierząt i polowego systemu badania bydła. System monitoringu a szczególnie ogrodzenie zabezpiecza zwierzęta przed atakami drapieżników oraz zapobiega przed wyrządzaniem szkód w sąsiednich uprawach. W celu zapewnienia zwierzętom odpowiednich warunków odchownia została zaopatrzona w niezbędny sprzęt rolniczy, w tym ładowarkę do zadawania paszy, sprzęt do usuwania obornika oraz ścielarkę do słomy. Zbudowano również studnię głębinową do zaopatrywania zwierząt dobrej jakości wodę.

W odchowni utrzymywane jest łącznie 60 krow i jałówek, przyszłych matek, które zakupiono w ramach operacji. Wszystkie krowy i jałówki objęto badaniami genetycznymi.

Opracowanie innowacyjnego systemu przeprowadzania kontroli pochodzenia bydła na podstawie DNA (STR) z zastosowaniem opracowanej webowej aplikacji e-DNA: ID Bydła i repozytorium dokumentacji rodowodowej DNA.

Kontrola rodowodów ma istotny wpływ na proces selekcji, szczególnie ze względu na koszty odchowu. Analizy rodowodowe eliminują błędy wynikające z nieprawidłowego przypisania potomstwa do rodziców, co prowadzi do utrzymywania zwierząt pochodzących od mniej wartościowych osobników, negatywnie wpływając na postęp hodowlany i generując dodatkowe koszty.

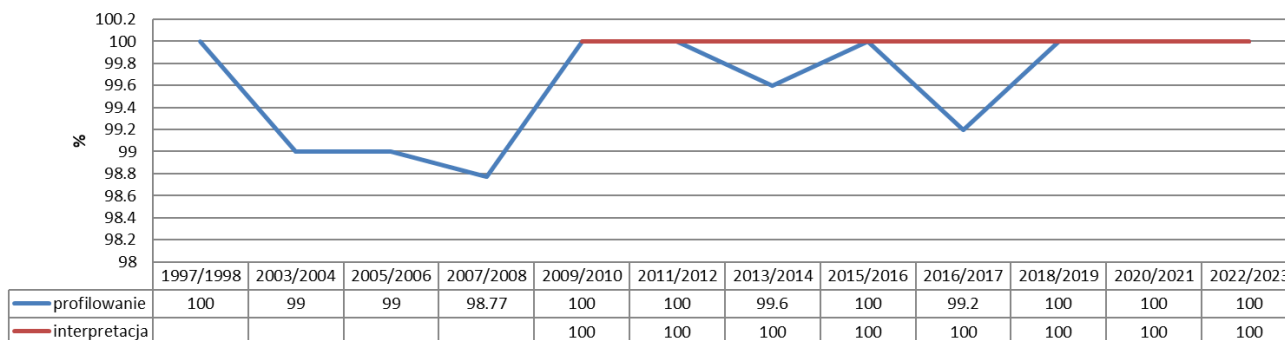
Od 2023r., każdy nowy osobnik kwalifikowany do programu ochrony zasobów genetycznych musi posiadać potwierdzone badaniami DNA obustronne pochodzenie. Badania DNA prowadzone w ramach kontroli rodowodów bydła ras zachowawczych zgłaszanych do stad zachowawczych wykonywane są w Laboratorium Genetyki Molekularnej IZ PIB (LGM). Wdrożenie aplikacji dostępnej w przeglądarkach internetowych oraz uporządkowanie informacji o wynikach badań DNA w repozytorium ułatwia śledzenie historii hodowlanej, zarządzanie dokumentacją hodowlaną, a w konsekwencji przyczynia się do usprawnienia zarządzania zasobami genetycznymi. Ma to kluczowe znaczenie dla długoterminowej ochrony i zrównoważonego wykorzystania genetycznych zasobów bydła ras zachowawczych. Ponadto, dostęp do aplikacji połączonej z repozytorium DNA w przyszłości umożliwi identyfikację mięsa z ras rodzimych, co może zwiększyć popularność produktów mięsnych pochodzących od ras rodzimych.

Weryfikacja pochodzenia prowadzona jest na podstawie obowiązujących w Polsce przepisów hodowlanych, dyrektyw Unii Europejskiej oraz wytycznych Międzynarodowego Towarzystwa Genetyki Zwierząt - ISAG i Międzynarodowego Komitetu ds. Rejestracji Zwierząt - ICAR. W 1969r. zarządzeniem Ministerstwa Rolnictwa, Instytut Zootechniki został zobowiązany do organizowania i prowadzenia Krajowego Systemu Kontroli Pochodzenia Zwierząt Gospodarskich. Zgodnie z rozporządzeniem MRiRW z dnia 30 kwietnia 2004r. w sprawie laboratoriów uprawnionych do przeprowadzania analiz markerów DNA (Dz. U. z dn. 14 maja 2004r.) Zakład Biologii Molekularnej Zwierząt w Instytucie Zootechniki został uprawniony do identyfikacji osobniczej zwierząt na podstawie DNA, posiada niezbędne certyfikacje i międzynarodową standaryzację.

Obecnie, zgodnie z decyzją ISAG z 2000r. do rutynowych testów DNA do kontroli rodowodów bydła rekomendowany jest zestaw 12 markerów mikrosatelitarnych (STR): BM2113, BM1824, ETH3, ETH10, ETH225, INRA23, SPS115, TGLA53, TGLA227, TGLA126, TGLA122 i BM1818.

Laboratorium LGM IZ PIB (ISAG Code 84451) od 1997r. weryfikuje otrzymywane wyniki analizy markerów STR w międzynarodowych testach biegłości ISAG, uzyskując pozytywne rezultaty (Ryc. 1).

badania biegłości PB01



Ryc. 1. Wyniki testów badań biegłości STR bydła organizowanych przez ISAG w latach 1997–2023.

Dodatkowo w 2014r., w celu doskonalenia badań kontroli pochodzenia bydła w LGM, opracowano procedury ogólne oraz procedurę badawczą - PB01 „Identyfikacja osobnicza bydła w multipleksowych systemach STR”, które regulują prowadzone badania rodowodowe zgodne z wytycznymi międzynarodowej normy jakości dla laboratoriów badawczych ISO/IEC 17025:2018-02. Obecnie w LGM obowiązuje akredytowana przez Polskie Centrum Akredytacji PB01 edycja 10 z dn. 01.08.2023r. (Nr AB 1584).

Wieloletnie doświadczenie w prowadzeniu kontroli rodowodów, udział w testach biegłości ISAG, oraz uzyskanie certyfikatu PCA i akredytacji Międzynarodowego Komitetu ds. Rejestracji Zwierząt – ICAR gwarantuje wiarygodność ustalanych profili DNA i wysoką jakość wystawianych dokumentów potwierdzających pochodzenie w postaci Ekspertyz potwierdzających pochodzenie i Certyfikatów identyfikacyjnych DNA.

U zakupionego bydła przeprowadzono analizę polimorfizmu DNA w 12 mikrosatelitarnych loci (STR) w celu ustalenia profili DNA i wydania ekspertyz pochodzenia i certyfikatów DNA.

Od 60 osobników bydła rasy polskiej czerwonej pobrano materiał biologiczny w postaci cebulek włosowych. Przeprowadzono izolację DNA i amplifikację DNA z zastosowaniem reakcji PCR multiplex (Type-it Microsatellite PCR Kit - Qiagen) oraz fluorescencyjnie znakowanych sekwencji starterowych. Otrzymane produkty PCR poddano elektroforezie pionowej w sekwenatorze 3500xl Applied Biosystems. Wynik rozdziału elektroforetycznego w postaci zidentyfikowanych alleli oraz określanie profili DNA przeprowadzono w programie GeneMapper®. Ustalono profile DNA w 12 STR zalecanych przez ISAG do badań identyfikacyjnych i rodowodowych bydła: BM1818, BM1824, BM2113, ETH3, ETH10, ETH225, INRA23, SPS115, TGLA53, TGLA122, TGLA126 i TGLA227. Na podstawie ustalonych niezmiennych, specyficznych osobniczo profili DNA przeprowadzono analizę rodowodową i wydano Ekspertyzy i Certyfikaty DNA. Przykładowy Certyfikat identyfikacyjny DNA przedstawiono w załączniku, Ryc.1.

Dodatkowo, w ramach prac genetycznych wykonano analizę stanu równowagi genetycznej HWE i zmienności genetycznej bydła rasy polskiej czerwonej (RP) w utworzonej odchowalni. Ocena zmienności genetycznej populacji bydła polskiego czerwonego na podstawie badań DNA pozwala na lepsze zrozumienie struktury genetycznej rasy, co może przyczynić się do prowadzenia właściwej selekcji hodowlanej.

W badanej populacji zaobserwowano stan równowagi genetycznej, wszystkie wartości testu χ^2 są zgodne z założeniami (wartości $p > 0.1$) (Tab. 1).

Tab. 1 Stan równowagi genetycznej HWE

	p-value	χ^2
BM1818	0.9309727	4.334983
BM1824	0.1796907	8.892914
BM2113	0.9503647	23.24621
ETH3	0.1099889	37.41493
ETH10	0.255538	18.13688
ETH225	0.4424603	21.27173
INRA23	0.1913174	34.29536
SPS115	0.2825722	17.63081
TGLA53	0.2226416	62.67636
TGLA122	0.9690409	21.89472
TGLA126	0.771872	6.497575
TGLA227	0.7451327	30.08769

W ramach badań zmienności genetycznej, na podstawie częstości zidentyfikowanych alleli (Załącznik, Tab.1) oszacowano podstawowe wskaźniki statystyki populacji, tj. indeks stopnia polimorfizmu (PIC), stopień heterozygotyczności oczekiwanej (HE) i obserwowanej (HO) oraz współczynnik inbredu – Fis. W celu oznaczenia przydatności badanego zestawu STR do badań rodowodowych oszacowano również prawdopodobieństwo wykluczenia rodzicielstwa w przypadku, gdy znamy genotyp jednego z rodziców - PE₁ i obu rodziców - PE₂.

Wszystkie parametry wyliczono dla każdego z 12 badanych markerów STR (Załącznik, Tab.2). Na podstawie wyliczonych wartości średnich określono zmienność genetyczną badanej populacji. Analiza statystyczna wykazała w stadzie 60 osobników wysoki poziom zmienności genetycznej - stopień polimorfizmu PIC określono na poziomie ponad 67% a stopień heterozygotyczności obserwowanej HO powyżej 74%. Wyliczona niska wartość współczynnika Fis wskazuje na brak inbredu w stadzie (Tab.2).

Dla porównania bioróżnorodności występującej wśród różnych ras bydła oszacowano wskaźniki polimorfizmu dla rasy bydła Salers, uznawanej za jedną z najczystszych genetycznie ras w Europie. Uzyskane wartości parametrów zmienności genetycznej były znacząco niższe, niż w badanym stadzie bydła RP 60 osobników czysto rasowych (Tab. 2), wynik taki wskazuje, że konieczne jest monitorowanie zachodzących zmian genetycznych, szczególnie w małych, zamkniętych populacjach.

Wysoki polimorfizm w stadzie ma odzwierciedlenie w szacowanych wartościach prawdopodobieństwa wykluczenia, które wskazują, że w badanym stadzie możemy potwierdzić pochodzenie z prawdopodobieństwem wyższym, niż 96% w przypadku gdy znamy genotyp jednego z rodziców i z prawdopodobieństwem 99.8%, gdy znamy genotypy obu rodziców.

Tab. 2 Wartości parametrów genetycznych. HE - stopień heterozygotyczności oczekiwanej, HO - stopień heterozygotyczności obserwowanej, PIC - indeks stopnia polimorfizmu, Fis - współczynnik inbredu, PE₁ - prawdopodobieństwo wykluczenia w przypadku, gdy znamy genotyp jednego z rodziców i PE₂ - prawdopodobieństwo wykluczenia w przypadku, gdy znamy genotyp obu rodziców.

	HO	HE	PIC	F _{IS}	PE ₁	PE ₂
RP	0.745	0.712	0.672	-0.045	0.9926	0.9998
Salers	0.600	0.584	0.540	-0.012	0.9622	0.9977

Nasze badania pozwoliły na ocenę zmienności genetycznej, a w przyszłości na monitorowanie zmienności bydła RP w odchowni na podstawie analizy statystycznej.

Opracowanie webowej aplikacji e-DNA: ID Bydła

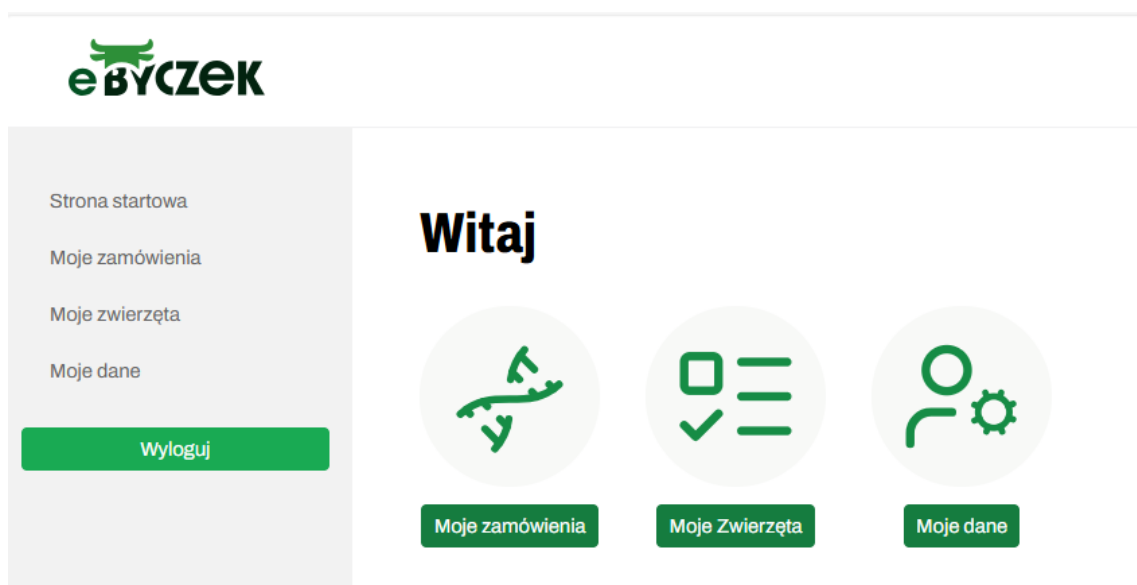
Zastosowanie aplikacji webowej do realizacji badań rodowodowych oraz zebranie dokumentacji rodowej w repozytorium umożliwi sprawniejszy przepływ informacji i efektywny transfer danych pomiędzy laboratorium a hodowcami i koordynatorami programu ochrony ras rodzimych, a w przyszłości pomiędzy IZ PIB i podmiotami prowadzącymi księgi, stacjami unasienniania, ARiMR, czy służbami weterynaryjnymi.

Wdrożenie aplikacji e-DNA: ID Bydła ułatwia zgłaszanie zwierząt do badań DNA i do programu ochrony zasobów genetycznych. Hodowca w szybki i łatwy sposób może weryfikować, które zwierzęta ma już przebadane lub na jakim etapie jest jego badanie.

Baza danych aplikacji oparta jest na Microsoft SQL Server i jest zlokalizowana na zakupionej w ramach projektu macierzy dyskowej. Warstwa aplikacyjna została zbudowana w technologii React.js z wykorzystaniem frameworków Next.js oraz Symfony (PHP). System uruchomiono na maszynie wirtualnej z systemem Red Hat, zlokalizowanej na fizycznym serwerze – cała infrastruktura została utworzona w ramach projektu. Aplikacja desktopowa została stworzona w C#.

W celu zapewnienia bezpieczeństwa danych, zarówno baza danych aplikacji e-DNA: ID Bydła, jak i maszyna wirtualna objęte są systemem kopii zapasowych funkcjonującym w Instytucie.

Aplikację e-DNA: ID Bydła uruchomiono pod adresem: <https://ebyczek.iz.edu.pl/> i dla uproszczenia otrzymała nazwę „eByczek”.



Aplikacja e-DNA: ID Bydła została zaprezentowana oraz przetestowana przez hodowców bydła ras rodzimych podczas konferencji i warsztatów, które odbyły się w dniach 4–5 marca 2025r. w Nowym Sączu.

Dzięki aplikacji hodowcy zyskują możliwość szybszego i bardziej intuicyjnego zlecania badań. System został zintegrowany z wewnętrznymi systemami laboratorium LGM oraz Repozytorium DNA.

Repozytorium dokumentacji rodowodowej DNA dla bydła objętego programem ochrony genetycznej umożliwia gromadzenie pełnej dokumentacji hodowlanej zwierząt, co ma kluczowe znaczenie dla długoterminowej ochrony i zrównoważonego wykorzystania genetycznych zasobów bydła rasy polskiej czerwonej.

Otrzymane wyniki w postaci danych rodowodowych i rasowych mogą być przydatne do opracowania zasad wyboru zwierząt ras rodzimych do dalszej hodowli. Eliminacji zwierząt nie wykazujących zgodności z profilem rasy, czy też przyporządkowania do rasy zwierząt wykazujących zgodność z ustalonym wzorcem rasowym lecz bez znanego pochodzenia. Ponadto, repozytorium DNA to możliwość włączenia hodowców w ochronę zasobów genetycznych metodami ex situ. Każdy hodowca korzystający z aplikacji może zasilić Krajowy Bank Materiałów Biologicznych próbką materiału genetycznego od zwierzęcia konkretnej rasy wyrażając zgodę na przesłanie pozostałości materiału biologicznego do banku. Repozytorium DNA gromadzi informacje na temat przechowywanego materiału biologicznego; umożliwia precyzyjną lokalizację

próbek materiału biologicznego przypisanego do konkretnej sztuki zwierzęcia. Pozwala również na jednoznaczne określenie rodzaju zdeponowanego materiału, takiego jak włosy, nasienie, surowica krwi czy izolat DNA. Dodatkowo wspiera weryfikację dostępności zasobów zgromadzonych w biorepozytoriach Instytutu Zootechniki PIB na potrzeby zapytań kierowanych do Krajowego Banku Materiału Biologicznego (KBMB) o udostępnienie materiału do badań. Materiał gromadzony przy okazji badania na pochodzenie najczęściej włosy, tkanki) może być udostępniany, po spełnieniu określonych warunków, do dalszych badań, co ograniczy wykorzystanie innego, bardziej cennego materiału biologicznego takiego jak np. nasienie czy zarodki.

Repozytorium DNA zintegrowano z systemami wykorzystywanymi do obsługi badań w laboratorium LGM oraz z webową aplikacją „e-DNA: ID Bydła” aby zapewnić przepływ danych w celu zebrania i uporządkowania danych identyfikacyjnych. System ten przechowuje dane dotyczące bydła wszystkich ras zachowawczych, w tym informacje związane z kontrolą pochodzenia.

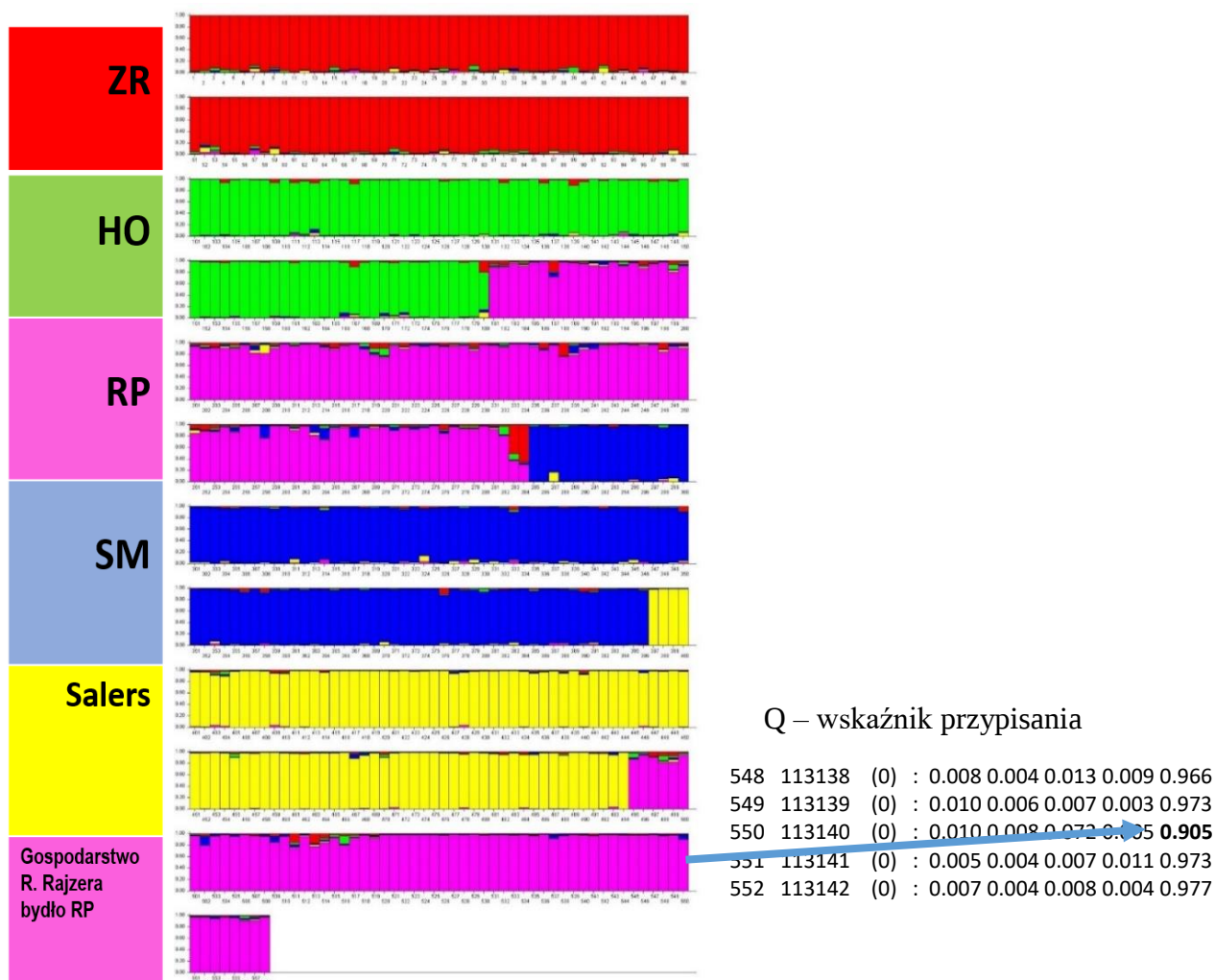
Opracowanie i wdrożenie innowacyjnego testu DNA przynależności rasowej bydła RP - Test ID rasy bydła RP umożliwiającego potwierdzenie rasy bydła polskiego czerwonego poprzez analizę zgodności profilu genetycznego danego osobnika z profilami ustalonymi dla populacji referencyjnej rasy polskiej czerwonej.

W celu opracowania populacji referencyjnej dla rasy RP badania przeprowadzono na podstawie analizy ustalonych profili DNA dla 450 osobników bydła o deklarowanej rasie polskiej czerwonej z zastosowaniem bayesowskiej metody Monte Carlo opartej na łańcuchach Markowa – MCMC, przy użyciu programu STRUCTURE 2.3.4. Wyniki analizy symulacji bayesowskiej profili DNA pozwoliły na określenie struktury genetycznej bydła RP. W oparciu o uzyskane dane struktury genetycznej badanego bydła - wybrano 150 osobników bydła rasy RP, których wskaźnik przypisania (Q) do badanej rasy był wyższy, niż 0.90.

Na podstawie określonej populacji referencyjnej przeprowadzono bayesowską symulację klastrowania profili DNA ustalonych dla 60 osobników bydła rasy RP. Zastosowany test pozwolił na precyzyjne określenie przynależności rasowej każdej sztuki bydła zakupionego do odchowalni. Oznaczone wysokie wartości wskaźnika przypisania ustalonych profili DNA do populacji referencyjnej rasy RP, potwierdziły ponad 95% podobieństwo genetyczne badanego bydła z rasą polską czerwoną.

Badania klastrowania bayesowskiego - grupowania profili DNA na podstawie analizy podobieństwa i prawdopodobieństwa przeprowadzono w oparciu o dane referencyjne dla rasy polskiej czerwonej (RP) oraz o populacje referencyjne opracowane w trakcie wcześniejszych badań dla ras: polskiej czerwono-białej (ZR), holsztyńsko-fryzyjskiej (HO), simental (SM) oraz bydła rasy Salers (SL).

Analiza umożliwiła oszacowanie u badanych osobników bydła PR stopnia udziału genetycznego innych ras w genotypie (Ryc.2).



Ryc. 2. Obraz klastrowania ras: ZR – rasa polska czerwono-biała, HO – holsztyńsko-fryzyjska, RP – polska biała, SM – Simental w programie STRUCTURE 2.3.4.

Opracowany test ID rasy bydła RP stanowi wsparcie w wyborze bydła rasy polskiej czerwonej w kwalifikowaniu do ksiąg hodowlanych i programów ochrony zasobów genetycznych. Niezmiernie istotne jest zastosowanie testu do określenia udziału genetycznego rasy RP u bydła o nieznanym pochodzeniu - braku potwierdzenia pochodzenia po rodzicach podanych w rodowodzie a odznaczającymi się cennymi cechami fenotypowymi i użytkowymi z punktu widzenia hodowli.

Test ID rasy bydła może również znaleźć szerokie zastosowanie do identyfikacji produktów mięsnych pochodzących od rodzimej rasy polskiej czerwonej. Stosowanie testu DNA do jednoznacznego potwierdzenia ras bydła wraz z możliwością wykorzystania aplikacji webowej e-DNA: ID Bydła umożliwią doskonalenie hodowli w kierunku mięsnym oraz promocję mięsa od rodzimych ras bydła, którego pochodzenie będzie potwierdzone certyfikatem DNA.

Podsumowując, inwestycja w utworzenie odchowalni cieląt bydła rodzimej rasy polskiej czerwonej użytkowanej w kierunku mięsnym oraz włączenie do hodowli badań genetycznych z zastosowaniem systemu identyfikacji i kontroli pochodzenia opartych na webowej aplikacji e-DNA: ID Bydła i repozytorium DNA, to nie tylko krok w stronę poprawy warunków bytowych zwierząt, ale także realna szansa na zwiększenie konkurencyjności gospodarstwa i poprawę wydajności wytwarzania wysokiej jakości produktów lokalnych.

Stosowanie testów DNA do identyfikacji rasy z określeniem udziału genetycznego rasy będzie miało istotny wpływ na promocja mięsa ras rodzimych, ale również na kontrolę jakości produktów mięsnych na rynku. Dzięki temu możliwe będzie skuteczne zapewnienie zgodności deklarowanej rasy bydła z faktycznym pochodzeniem mięsa, co zwiększy zaufanie konsumentów i usprawni zarządzanie jakością w przemyśle mięsnym ras rodzimych i lokalnych. Szczególnie, że w Polsce jedyne mięso wieprzowe ze świń ras: złotnickiej białej i puławskiej wpisane jest na Krajową Listę Produktów Regionalnych i Tradycyjnych.

Dlatego w przyszłości „opracowany innowacyjny system selekcji bydła rasy polskiej czerwonej w celu doskonalenia wołowiny ras rodzimych oraz utworzenie repozytorium DNA bydła objętego programem ochrony zasobów genetycznych z zastosowaniem aplikacji "e-DNA: ID Bydła" mogą zostać wykorzystane w prowadzonym przez IZ-PIB od 2021r. systemie certyfikacji RASA RODZIMA

CERTYFIKAT IDENTYFIKACYJNY DNA BYDŁA / BOVINE DNA IDENTIFICATION CERTIFICATE																																							
				INSTYTUT ZOOTECHNIKI PAŃSTWOWY INSTYTUT BADAWCZY ul. Sarego 2, 31-047 Kraków Laboratorium Genetyki Molekularnej Krakowska 1, 32-083 Balice tel.: +48 666 081 327; e-mail: lgm@iz.edu.pl, www.iz.edu.pl NATIONAL RESEARCH INSTITUTE OF ANIMAL PRODUCTION 2 Sarego Street, 31-047 Kraków, Poland Laboratory of Molecular Genetics 1 Krakowska Street, 32-083 Balice near Kraków, Poland						 AB 1587																													
Sprawozdanie z badań nr / Test Report No: DNA 134770/24/C										Balice, 2025-02-25																													
Klient: E-BYCZEK																																							
WYNIKI BADAŃ / RESULTS Pochodzenie/Parentage status: zgodny/qualifies																																							
.. <table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse;"> <thead> <tr> <th style="width: 10%;"></th> <th style="width: 15%;">Nazwa Name</th> <th style="width: 25%;">Nr identyfikacyjny Identification number</th> <th style="width: 15%;">Nr próbki Sample No.</th> <th style="width: 10%;">Rasa Breed</th> <th style="width: 15%;">Płeć Sex</th> <th style="width: 20%;">Data urodzenia Date of birth</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td></td> <td></td> <td>PL005532772661</td> <td>DNA 134770</td> <td>RP</td> <td>żeńska/female</td> <td></td> </tr> <tr> <td>matka / dam</td> <td>AŠKA</td> <td>PL005472231792</td> <td>DNA 131951</td> <td></td> <td></td> <td></td> </tr> <tr> <td>ojciec / sire</td> <td>BALUK</td> <td>PL005346070335</td> <td>DNA 91141</td> <td></td> <td></td> <td></td> </tr> </tbody> </table>													Nazwa Name	Nr identyfikacyjny Identification number	Nr próbki Sample No.	Rasa Breed	Płeć Sex	Data urodzenia Date of birth			PL005532772661	DNA 134770	RP	żeńska/female		matka / dam	AŠKA	PL005472231792	DNA 131951				ojciec / sire	BALUK	PL005346070335	DNA 91141			
	Nazwa Name	Nr identyfikacyjny Identification number	Nr próbki Sample No.	Rasa Breed	Płeć Sex	Data urodzenia Date of birth																																	
		PL005532772661	DNA 134770	RP	żeńska/female																																		
matka / dam	AŠKA	PL005472231792	DNA 131951																																				
ojciec / sire	BALUK	PL005346070335	DNA 91141																																				
Nr LGM / LGM No.: 4939/2024 Nr protokołu / Protocol No.: 32405 Rodzaj materiału / Type of sample: włos/hair Stan próbki / Condition of sample: zadowalający / acceptable																																							
<table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse;"> <thead> <tr> <th>BM1818</th> <th>BM1824</th> <th>BM2113</th> <th>ETH3</th> <th>ETH10</th> <th>ETH225</th> <th>INRA23</th> <th>SPS115</th> <th>TGLA53</th> <th>TGLA122</th> <th>TGLA126</th> <th>TGLA227</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>262 / 264</td> <td>178 / 188</td> <td>133 / 135</td> <td>117 / 125</td> <td>213 / 217</td> <td>144 / 150</td> <td>208 /</td> <td>250 / 260</td> <td>172 / 184</td> <td>143 / 151</td> <td>115 / 117</td> <td>81 / 91</td> </tr> </tbody> </table>												BM1818	BM1824	BM2113	ETH3	ETH10	ETH225	INRA23	SPS115	TGLA53	TGLA122	TGLA126	TGLA227	262 / 264	178 / 188	133 / 135	117 / 125	213 / 217	144 / 150	208 /	250 / 260	172 / 184	143 / 151	115 / 117	81 / 91				
BM1818	BM1824	BM2113	ETH3	ETH10	ETH225	INRA23	SPS115	TGLA53	TGLA122	TGLA126	TGLA227																												
262 / 264	178 / 188	133 / 135	117 / 125	213 / 217	144 / 150	208 /	250 / 260	172 / 184	143 / 151	115 / 117	81 / 91																												
Adjusted to animal No.1 from the 1995 comparison test																																							
Data przyjęcia próbki / Sample reception date: 2024-07-22 Data zakończenia badania / Date of test: 2024-08-07 Data wystawienia / Date of issue: 2024-08-26 Badanie wykonano w: Laboratorium Genetyki Molekularnej (ISAG CODE: 5084451) wg metody PB01 edycja 10 z dnia 01-08-2023. Tested by: Laboratory of Molecular Genetics (ISAG CODE: 5084451) according to the method PB01 edition No.10 dated on 01-08-2023.																																							
Na podstawie bayesowskiej analizy klastrowania populacji referencyjnej ustalonej dla rasy RP i w oparciu o ustalony profil DNA dla próbki DNA 134770 oszacowano genetyczny udział przynależności do rasy RP na poziomie 91%*** .																																							
***Badanie nie objęte zakresem akredytacji.																																							
Ekspert: dr inż. Anna Koseniuk Sporządził(a) / Prepared by						Z-ca Kierownika ds. PB01: dr inż. Agnieszka Szumiec Autoryzował(a) / Authorised by																																	
** Informacje o próbce zgodne z oświadczeniem Zleceniodawcy. Sprawozdanie z badań bez pisemnej zgody Kierownika Laboratorium nie może być powielane inaczej jak tylko w całości. Zgodnie z oświadczeniem, próbkę pobral przedstawiciel Klienta: Robert Rajzer, wg instrukcji IZ PIB (formularz 05/PO7.8). Laboratorium nie ponosi odpowiedzialności za informacje dostarczone przez Klienta oraz pobieranie i transport próbek. Wyniki badań odnoszą się do badanej, otrzymanej próbki. ** Sample data is provided by the Customer. The research report cannot be reproduced, unless in full, without prior written permission of the Head of the Laboratory. According to the declaration, the sample was taken by the client representative: Robert Rajzer, following the instruction by IZ PIB (form 05/PO7.8). The laboratory is not responsible for the information provided by the client and the collection and transport of samples. The test results refer to the tested and obtained sample.																																							
— KONIEC —																																							

Załącznik, Tab. 1. Częstości zidentyfikowanych alleli (al.) w 12 STR u bydła z odchowalni.

al.	BM1818	al.	BM1824	al.	BM2113	al.	ETH3	al.	ETH10	al.	ETH225	al.	INRA23	al.	SPS115	al.	TGLA53	al.	TGLA122	al.	TGLA126	al.	TGLA227
262	0.0625	178	0.5625	121	0.1953	109	0.0156	213	0.1094	140	0.2578	198	0.0469	248	0.2500	154	0.0313	141	0.0703	115	0.5469	77	0.1406
264	0.2500	180	0.0938	125	0.0469	117	0.3359	217	0.5391	144	0.2500	200	0.2109	250	0.1094	158	0.0078	143	0.3047	117	0.3047	79	0.0391
266	0.6641	182	0.2422	127	0.2578	119	0.0859	219	0.1016	146	0.0234	204	0.0156	252	0.1797	160	0.4531	147	0.0156	119	0.0703	81	0.1641
268	0.0078	188	0.1016	129	0.1094	121	0.1094	221	0.0156	148	0.0859	206	0.1328	254	0.0313	162	0.0469	151	0.3203	121	0.0156	83	0.1172
270	0.0156			133	0.0625	123	0.0234	223	0.0547	150	0.2109	208	0.3125	256	0.1797	164	0.0234	153	0.1875	123	0.0625	87	0.0078
				135	0.1641	125	0.3828	225	0.1797	152	0.1641	210	0.0078	260	0.2500	166	0.0313	157	0.0781			89	0.0547
				137	0.0547	127	0.0234			154	0.0078	212	0.0078			168	0.0078	161	0.0078			91	0.3672
				139	0.0781	129	0.0234					214	0.2656			170	0.2344	163	0.0078			93	0.0078
				141	0.0313											172	0.1016	169	0.0078			97	0.1016
																180	0.0078						
																184	0.0547						

Załącznik, Tab. 2. Wartości parametrów genetycznych dla każdego z badanych 12 markerów STR u bydła z odchowalni.

	HO	HE	Fis	PIC	PE ₁	PE ₂
BM1818	0.5156	0.4923	-0.0474	0.4329	0.1244	0.2544
BM1824	0.7188	0.6058	-0.1864	0.5542	0.1991	0.3604
BM2113	0.8281	0.8403	0.0145	0.8216	0.5172	0.6849
ETH3	0.7656	0.7194	-0.0643	0.6750	0.3157	0.4893
ETH10	0.6719	0.6516	-0.0311	0.6160	0.2518	0.4321
ETH225	0.9063	0.7916	-0.1448	0.7593	0.4089	0.5873
INRA23	0.7656	0.7671	0.0019	0.7297	0.3708	0.5488
SPS115	0.8750	0.7975	-0.0972	0.7665	0.4186	0.5970
TGLA53	0.7500	0.7216	-0.0394	0.6893	0.3346	0.5161
TGLA122	0.7500	0.7579	0.0105	0.7198	0.3619	0.5392
TGLA126	0.5313	0.5990	0.1131	0.5363	0.1930	0.3419
TGLA227	0.8594	0.7898	-0.0881	0.7652	0.4271	0.6069
					0.9926	0.9998

Załącznik, Tab. 3. Wartości wskaźnika przypisania - Q u bydła z odchowalni.

RP	Q
104857	0.864
108807	0.851
108808	0.866
108809	0.795
108810	0.843
108811	0.933
108812	0.963
108823	0.914
108824	0.972
108826	0.979
108827	0.968
108828	0.979
108830	0.958
108831	0.965
108833	0.911
108970	0.967
112068	0.936
112071	0.922
112075	0.922
112076	0.964
112077	0.928
113110	0.982
113111	0.978
113112	0.977
113116	0.982
113113	0.981
113114	0.975
113115	0.978
113117	0.986
113118	0.971
113119	0.983
113120	0.97
113121	0.983
113122	0.978
113123	0.976
113124	0.977
113125	0.97
113126	0.984
113127	0.956
113128	0.971
113129	0.984
113130	0.976
113131	0.966
113132	0.981
113133	0.978
113134	0.97
113135	0.973
113136	0.974
113137	0.978
113138	0.966
113139	0.973
113140	0.905
113141	0.973
113142	0.977
113143	0.968
113145	0.969
113146	0.976
113147	0.808
113148	0.89
113149	0.978
	0.952017