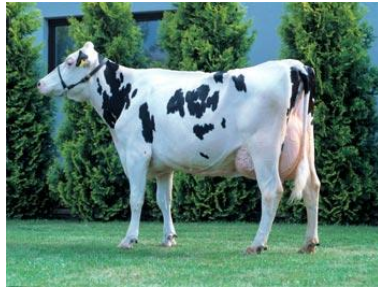


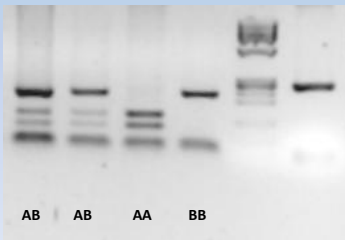
# TESTY DIAGNOSTYCZNE DNA



## INDYWIDUALNE TESTOWANIE

### Kappa-kazeina (CASK)

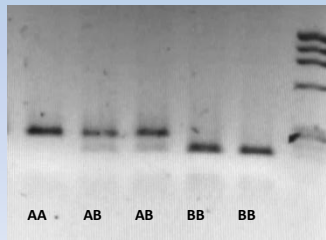
Oznaczenie genotypu  
**CASK**  
metodą PCR-RFLP



T1

### Beta-laktoglobulina (BLG)

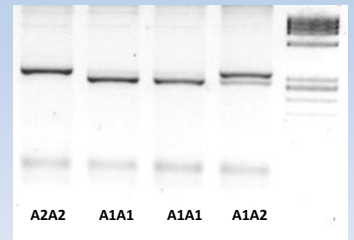
Oznaczenie genotypu  
**BLG**  
metodą PCR-RFLP



T2

### Beta-kazeina (CASB)

Oznaczenie genotypu  
**CASB**  
metodą PCR-ACRS

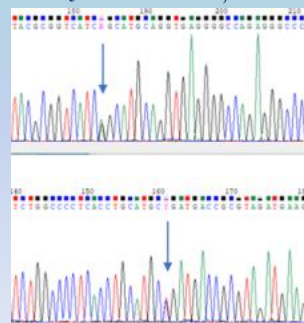


T3

Oznaczenie nosicielstwa  
defektu **BLIRD** u bydła  
metodą PCR-RFLP

Zdrowy nosiciel chory PCR marker T4

Oznaczenie nosicielstwa  
defektu **MW** u bydła  
metodą PCR-sekwencjonowanie



Oznaczenie nosicielstwa  
defektu **ATAXIA** u bydła rasy  
**Charolaise i Angus**  
metodą PCR-RFLP

Zdrowy nosiciel zdrowy marker PCR T6

#### PUBLIKACJE:

**T1: CASK:** KAMIŃSKI S., FIGIEL I. **1993.** Pol. Genet., 34 (1): 65-72.

**T2: BLG:** KAMIŃSKI S., ZABOLEWICZ T. **1997.** J. Appl. Genet., 38 (4): 471-476

**T3: CASB:** LIEN S., KAMIŃSKI S., et al. **1993.** Genomics, 16: 41-44; KAMIŃSKI S., RUŚĆ A., et al. **2006.** J. Anim. Feed Sci., 15: 195-198;

**T4: BLIRD:** KAMIŃSKI S., **2025.** Polish Journal of Veterinary Sciences Vol. 28(3): 373–378, **T5: MW:** KAMIŃSKI S., **2024.** Polish Journal of Veterinary Sciences Vol. 27(4): 651–653,

**T6: ATAXIA:** Wg metody własnej (artykuł w przygotowaniu)


Wyniki testów stanowią element badań naukowych prowadzonych w Katedrze Genetyki Zwierząt UWM w Olsztynie



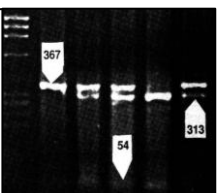
**DUMPS**  
**DEFICIENCY OF URIDINE  
MONOPHOSPHATE SYNTHASE**  
Identyfikacja nosicieli mutacji  
w genie *UMPS*  
metodą PCR-RFLP T7



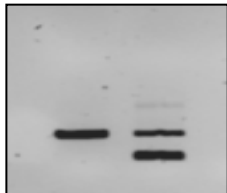
**HH1**  
**HOLSTEIN HAPLOTYPE 1**  
Identyfikacja nosicieli mutacji  
w genie *APAF1*  
(Apoptotic Protease Activating Factor 1)  
metodą PCR-SSCP T13



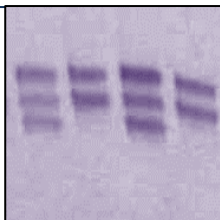
**BLAD**  
**BOVINE LEUKOCYTE ADHESIVE  
DEFICIENCY**  
Identyfikacja nosicieli mutacji w genie *ITGB2*  
(Integrin Beta 2) metodą PCR-RFLP T8



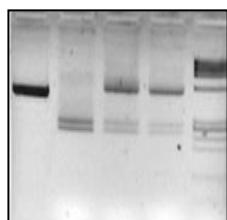
**HH5**  
**HOLSTEIN HAPLOTYPE 5**  
Identyfikacja nosicieli mutacji  
w genie *TFB1M* (Dimethyl-adenosine  
transferase 1) metodą PCR-ASA T14



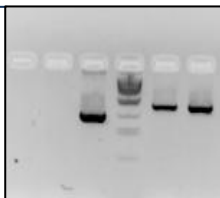
**CVM**  
**COMPLEX VERTEBRAL  
MALFORMATIONS**  
Identyfikacja nosicieli mutacji w genie  
*SLC35A3* (Solute Carrier Family 35)  
metodami PCR-ASA T9



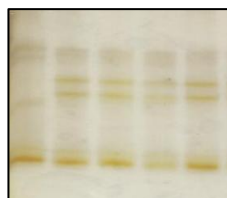
**HH6**  
**HOLSTEIN HAPLOTYPE 6**  
Identyfikacja nosicieli mutacji w genie  
*SDE2* (Telomere Maintenance Homolog)  
metodą PCR-RFLP T15



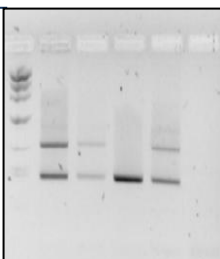
**BY\***  
**BRACHYSPINA**  
Identyfikacja nosicieli mutacji w genie  
*FANCI* (Fanconi Anemia  
Complementation-group I) metodą PCR T10



**HH7**  
**HOLSTEIN HAPLOTYPE 7**  
Identyfikacja nosicieli mutacji w genie  
*CENPU* (Centromere Protein U)  
metodą PCR-SSCP T16



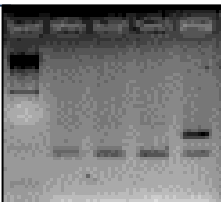
**HCD**  
**HOLSTEIN CHOLESTEROL  
DEFICIENCY**  
Identyfikacja nosicieli mutacji w genie *ApoB*  
(Apolipoprotein B) warunkującej  
występowanie choroby genetycznej  
Niedobór Cholesterolu  
metodą PCR-ASA T11



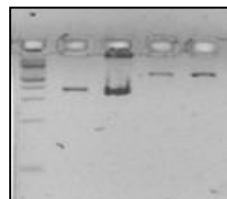
**BLV**  
**BOVINE LEUKOCYTE VIRUS**  
Badanie na nosicielstwo wirusa  
wywołującego występowanie  
Enzootycznej Białaczki Bydła (EBB)  
metodą PCR T17



**SYNDAKTYLIA**  
**SYNDACTYLIA**  
Identyfikacja nosicieli mutacji w genie *LRP4*  
(Low-density Lipoprotein  
Receptor-related Protein 4)  
metodą PCR-RFLP T12



**BEZROŻNOŚĆ**  
Identyfikacja nosicieli mutacji w sekwencji  
niekodującej - u bydła ras mięsnych  
(Angus, Blonde d'Aquitaine, Dexter,  
Limousin, Charolais, Hereford)  
metodą PCR T18



\* - badanie wykonane w laboratorium zewnętrznym

#### PUBLIKACJE:

**T7:** SCHWENGER B., et al. 1993. *Genomics*, 16 (1): 241-245; KAMIŃSKI S., et al. 2005. *J. Appl. Genet.*, 46 (4): 395-397. **T8:** KAMIŃSKI S., CZARNIK U. 1997. *J. Appl. Genet.*, 38 (1): 51-55; CZARNIK U., et al. 2007. *J. Appl. Genet.*, 48 (4): 375-377. **T9:** THOMSEN B., et al. 2006. *Gen. Res.*, 16: 97-105; RUŚĆ A., KAMIŃSKI S. 2007. *J. Appl. Genet.*, 48 (3): 247-252; KAMIŃSKI S. 2023. *Pol. J. Vet. Sci.*, 26 (2): 315-317. **T10:** CHARLIER C., et al. 2012. *PLOS ONE*, 7 (8), e43085; RUŚĆ A., KAMIŃSKI S. 2015. *Pol. J. Vet. Sci.*, 18 (2): 453-454. **T11:** MENZI F., et al. 2016. *Anim. Genet.*, 47: 253-257; KAMIŃSKI S., RUŚĆ A. 2016. *Pol. J. Vet. Sci.*, 19 (4): 885-887. **T12:** DUCHESNE A., et al. 2006. *Genomics*, 88 (5): 610-621. **T13, T14, T15, T16:** KAMIŃSKI S. 2019. *Hodowla i Chów Bydła*, 11: 46-48. **T13:** KAMIŃSKI S. 2020. *Pol. J. Vet. Sci.*, 23 (1): 157-160. **T15:** KAMIŃSKI S. 2019. *Pol. J. Vet. Sci.*, 22 (3): 627-630. **T17:** MARKIEWICZ L., et al. 2003. *Bull. Vet. Inst. Pulawy*, 47: 325-331. **T18:** MEDUGORAC I., et al. 2012. *PLOS ONE*, 7 (6): e39477.

Wyniki testów stanowią element badań naukowych prowadzonych w Katedrze Genetyki Zwierząt UWM w Olsztynie

# TESTY DIAGNOSTYCZNE DNA



## PSS

### PORCINE STRESS SYNDROM

Identyfikacja nosicieli mutacji  
w genie *RYR1* (*Ryanodine receptor 1*)  
wywołującej  
Syndrom Stresu Świń  
– metodą PCR-RFLP

T19

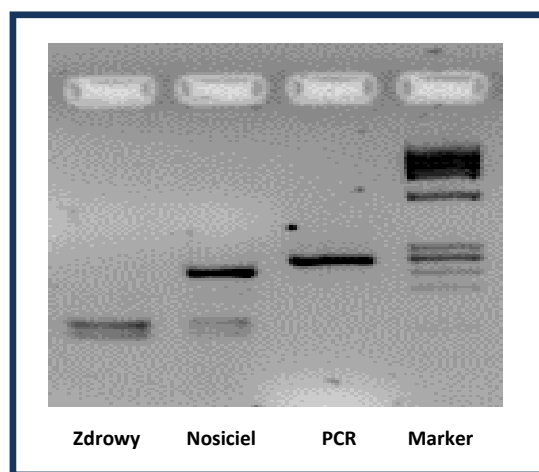
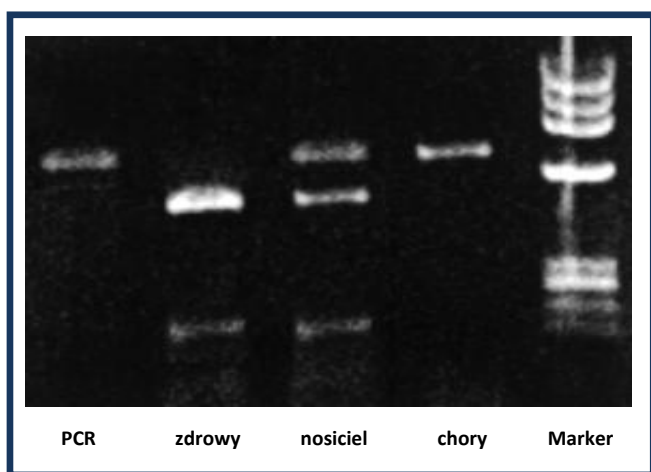


## WFBS

### WARMBLOOD FRAGILE FOAL SYNDROM

Identyfikacja nosicieli mutacji  
w genie *PLOD1* (*Procollagen-lysine 1, 2-oxoglutarate 5-  
dioxygenase*) warunkującej występowanie u koni  
gorącokrwistych Syndromu Słabego Żrebięcia  
metodą PCR-RFLP

T20



#### PUBLIKACJE:

**PSS:** FUJII J., OTSU B., et al. **1991.** Science, 253: 448-451; KAMIŃSKI S., WÓJCIK E., et al., **2002.** Ann. Anim. Sci., Suppl. 2: 33-35.

**WFBS:**6. Kamiński S., Bejda J., Lewczuk D., 2021, Polish Journal of Veterinary Sciences, Vol. 28, No 4, 663-666 ;

ROWE A., FLANAGAN S., et al. **2021.** Irl. Vet. J., 74: 27.,

Wyniki testów stanowią element badań naukowych prowadzonych w Katedrze Genetyki Zwierząt UWM w Olsztynie

# GENOMOWE TESTY DIAGNOSTYCZNE DNA

## GENOTYPOWANIE

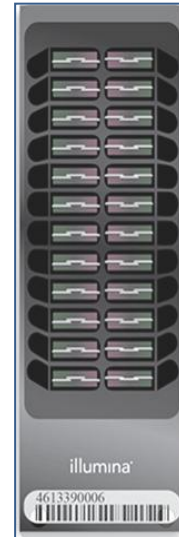


### BYDŁA

przy użyciu

**Bovine Illumina SNP BeadChip  
(777K, 45K)**

T21



### PUBLIKACJE:

[https://www.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/datasheets/datasheet\\_bovine\\_snp50.pdf](https://www.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/datasheets/datasheet_bovine_snp50.pdf); KAMIŃSKI S. 2015. Przegląd Hodowlany, 2: 7 - 8.