

Eesti piimaveiste populatsiooni hindamine genoomaretusväärtuse alusel.

Projekti "Eesti piimaveiste populatsiooni hindamine
genoomaretusväärtuse alusel" aruanne.

Koostajad:

Tanel Kaart, Tervisetehnoloogiate Arenduskeskus AS (TerviseTAK)

Tõnu Põlluäär, Eesti Tõuloomakasvatajate Ühistu (ETKÜ)

Tellijaja: MTÜ Piimaklaster



Euroopa Maaelu Arengu
Põllumajandusfond:
Euroopa investeeringud
maapiirkondadesse

SISUKORD

Sissejuhatus.....	3
Metoodika ja andmete kirjeldus eesti holšteini tõug (EHF)	7
Ülevaade EHF lehmikute geneetilisest potentsiaalist ja varieeruvusest genoom- aretusväärtuste alusel.....	13
Farmide võrdlus	19
Pullide võrdlus.....	24
Kokkuvõte eesti holsteini tõugu lehmikute ja pullide genoomaretusväärtustest ...	27
Metoodika ja andmete kirjeldus eesti punane tõug (EPK)	29
Ülevaade EPK lehmikute geneetilisest potentsiaalist ja varieeruvusest genoomaretus-väärtuste alusel	34
Kokkuvõte eesti punast tõugu lehmikute genoomaretus väärtustest	42
Soovitused.....	43
Lisa 1 Programmis Vissuke genoomhinnatud looma info kuvamise näidised	44

SISSEJUHATUS

Viimase paari aastakümne aretustöö järgi on Eesti veisepopulatsioon Euroopa mastaabis paremaid. Praeguselt tasemelt edasi liikumiseks on meile vajalik uusima aretustehnoloogia, genoomselektiooni (maailmas ca viimased 5 aastat) kasutuselevõtt. Geneetilised markerid annavad aretuses varasemaga võrreldes palju rohkem ja täpsemat informatsiooni nii loomade jõudluse-, välimiku-, tervise kui ka nende toodangu (piim, liha) omaduste kohta, samuti kiireneb aretustöö oluliselt. Genoomselektiooni eelduseks on aga loomade geneetiliselt kirjeldatud võrdlusbaasi loomine ja siin on väikestel riikidel võrreldes suurtega raskem, kuna nende loomade arv on väike ja suured riigid ei ole nende kaasamisest huvitatud. Eesti piimaveistest on juba praegu 95% loomadest kaasatud jõudluskontrolli, seega on meil fenotüübi ja geeniinfo kombineerimiseks väga head eeldused.

Eestil on hea potentsiaal olla seni Euroopas genoomselektiooni konsortsiumitest kõrvalejäänud riikide hulgas innovatsiooni veduriks. Selleks uurib Piimaklastri juhitud projekt oma partnerite kaasabil võimalusi uue Ida- ja/või Põhja-Euroopa genoomselektiooni konsortsiumi loomiseks, teiseks viiakse läbi Eesti piimaveiste populatsiooni hindamine genoomaretusväärtuse alusel ning eeltoodu alusel tehakse analüüs ja ettepanekud Eesti piimaveiste genoomaretusväärtusel põhineva hindamissüsteemi loomiseks.

Eestis on piimatoomise mõttes kaks olulisemat tõugu: eesti holsteini – ning eesti punane tõug. Suurtes genoomselektiooni konsortsiumites osalemine ei pruugi olla Eesti osapoolte tegevusest sõltumata võimalik. Siiski on Eesti karjakasvatajatele vajalik saada ülevaade Eestis oleva karja geneetilisest väärtusest.

Eesti piimaveiste populatsiooni hindamine on loogiline jätk projektile "Uue genoomselektiooni konsortsiumi asutamisest huvitatud riikide aretusorganisatsioonide (Ida-Euroopa, Põhja-Euroopa) leidmine, konsortsiumi loomise protsessi eestvedamine, riikidevahelise ühise populatsiooni referentsväärtuste kirjeldamine ja analüüs. Eesti piimaveiste referentsandmete kogumise meetodika väljatöötamine siinse populatsiooni genoomaretusväärtuste hindamise alustamiseks". Selle raames koostati 2017.a. ülevaade olemasoleva holsteini tõugu puudutavast geneetilise materjalist nii Eesti Maaülikooli kui ka ETKÜ kogudes, samuti genoomselektiooni konsortsiumite analüüs jne.

2019.a. valmistati ette Eesti piimaveiste genoomaretusväärtusel põhineva hindamissüsteemi esialgne mudel ning koostati meetodika loomade valimi leidmiseks, samuti meetodika loomine loomade geneetilise väärtuse hindamiseks

Teadusuuringud keskenduvad genotüpiseeritavate isas- ja emasloomade valiku strateegiatele aretusedu ja valiku täpsuse seisukohalt. Nende uuringute kohaselt piisab 20%-50% isakandidaatide genotüpiseerimisest saavutamaks vähemalt 80%-i maksimaalsest (kõigi isakandidaatide genotüpiseerimisel saadavast) genoomselektiooni kasust. Emasloomade puhul tuleb genotüpiseerida minimaalselt 50% potentsiaalsetest aretusloomadest saavutamaks vähemalt 80%-list kasu. Kui eesmärgiks on geneetilise variatsiooni hindamine genotüpiseerimisandmete baasil, tuleb lähtuda pigem alleelisageduste hindamise täpsusest. Kui genotüpiseerida 2000 mullikat, kes moodustavad ligikaudu 10% ühel aastal sündivate mullikate koguarvust, siis peaks seeläbi saama piisavalt täpselt hinnata alleelisagedusi vahemikus 5-95%, mis on näiteks standardseks piiriks alleelide kaasamisel ülegenoomsetesse assotsiatsiooniuringutesse.

Pikem ülevaade on leitav projekti "Uue genoomselektiooni konsortsiumi asutamisest huvitatud riikide aretusorganisatsioonide (Ida-Euroopa, Põhja-Euroopa) leidmine, konsortsiumi loomise protsessi eestvedamine, riikidevahelise ühise populatsiooni referentsväärtuste kirjeldamine ja analüüs. Eesti piimaveiste referentsandmete kogumise metoodika väljatöötamine siinse populatsiooni genoomaretusväärtuste hindamise alustamiseks" aruandest Piimaklastri kodulehel www.piimaklaster.ee.

Juhuvalimisse kaasati 2000 lehmikut holšteini tõust (EHF) 100 suurimat piimakarjast, punase tõu 200 lehmikut valiti karjadest, kus seda tõugu enam peetakse, lisaks analüüsiti 40 EHF pulli.

Selleks genotüpiseeriti Eesti esimese aasta lehmikute valim (ca 10% loomadest, 2200 looma) ning saadakse selle valimi aretusväärtus Saksa (eesti holšteini tõug) ja Põhjamaade skaalal (eesti punane tõug) nende populatsioonide aretushinnete alusel. Saksamaal on Euroopa suurima holšteini populatsioon ning punase tõu osas on juhtivaks VikingGenetics (Soome-, Rootsi ja Taani karjakasvatajate ühisfirma Selle järel oleks võimalik nii karjakasvatajatel üksikuna kui aretuse eestvedajal ETKÜ-l välismaiseid aretusväärtusi seostada paremini siinse keskmisega ning seada edasisi aretuse eesmärgid. Parimal juhul on võimalik suurte populatsioonide aretusväärtuste kasutamine kas üle võtta või ümberarvutuse kaudu aretusväärtused omavahel siduda. Projekti käigus tehakse vastav katsetus läbi kõiki vajalikke osapooli (farmerid, ETKÜ, jõudluskontroll, teadlased) kaasates.

Selle järel oleks võimalik nii karjakasvatajatel üksikuna kui aretustegevuse eestvedajal ETKÜ-l välismaiseid aretusväärtusi seostada paremini siinse keskmisega ning seada edasisi eesmärgid. Aretusmaterjali sisseost toimub nagunii ja planeeritud analüüsiga tehakse see oluliselt tõhusamaks. On nimetamisväärne, et farmerite jaoks

peaks tekkima selgus olulises aretustööd mõjutavas teemas. Samuti peaks kasvama huvi aretuseks sobivate loomade otsinguks karjades genoomaretusväärtuste alusel ning sellest tulenev täiendav äritegevus.

Projekt koosnes kolmest osast:

- **I osa. Genotüpiseerimiseks vajalike proovide kogumine, selleks eelnevalt ca 120 farmist loomade nimekirja koostamine ning proovivõtuvahendite ettevalmistamine.**

(2200 looma, umbes 120 eri farmi, mis on umbes 10% aastas sündivatest lehmikutest).

Koostöös Saksamaa Aretusorganisatsioonidega saadeti ETKÜ poolt koostatud nimekirja alusel looma reg. nr põhised kõrvamärgid Eestisse ning ETKÜ spetsialistid kogusid vastavalt juhenditele esimese aasta lehmikute proovid farmidest.

- **II osa. Genotüpiseerimise läbiviimine, toorandmete ja aretusväärtuste Eestisse toomine.**

TerviseTAK korraldas proovide saatmise vastavalt Saksamaale ja Taani. Saksamaa Aretusorganisatsiooni labor VIT viis läbi genotüpiseerimise ja väljastas saadud andmetele toetudes aretusväärtused Saksamaa skaalal. VikingGenetics korraldab samamoodi eesti punase tõugu looma genotüpiseerimise oma laboris Taanis ja väljastas aretusväärtused Põhjamaade skaalal.

Lisaks pidas TTAK läbirääkimised saksa ja taani osapooltega ning valmistas ette andmete laadimise koostöös EPJ-ga siinsesse serverisse.

- **III osa. Aretusväärtuste sidumine Eesti Põllumajandusloomade Jõudluskontrolli AS andmebaasiga ja Eesti piimaveiste (valimi genotüübiandmetel põhineva) aretusväärtuse koostamine ja katsetamine.**

Andmete kuvamine programmis Vissuke

Aretusväärtused ja toorandmed laetakse alla mitu korda aastas (uuendatakse) ning seotakse EPJ andmebaasi. Projekti tellimisel tehti genotüpiseerimise andmete kuvamine programmis Vissuke üksiklooma kaardil, samuti ka looma grupi puhul. Seda võimalust varem ei olnud. Projekti järel on võimalik saada ka tulevaste genotüpiseeritavate loomade andmed nähtavaks.

Näidised Vissukese kuvadest on toodud Lisas 1. Samuti on soovijatel võimalik saada personaalne konsultatsioon leppides selle kokku ETKÜ tõuaretusosakonna juhataja Tõnu Põlluääre või EPJ juhataja Kaivo Ilvese juures. Lisaks jätkuvad praktilised koolitused ning loomapidajate nõustamine genotüpiseerimise kasutamisest aretustegevuse tööriistana peale projekti lõppu.

Mis genomaretusväärtus üldse on? Genoomseleksioon on protsess, mille abil loomade (ka taimede) geneetiline paranemine toimub, kasutades valikukandidaatide lisandväärtuse geneetiliste omaduste genoomset ennustamist (tuntakse ka kui genomiline hinnatud aretusväärtus). Genoom-aretusväärtused hinnatakse kasutades kogu DNA informatsiooni, k.a. tervis, viljakus, karjaspüsivus ehk kõik tunnused, mis on ka tavalises hindamises. Vajalik on täpse andmebaasi ja referentspopulatsiooni olemasolu. Lõpptulemusena tüpiseeritakse SNP, kusjuures hinnangud baseeruvad 50000 SNP-l (veisel on ~3 miljardit nukleotiidi paari). Geeni järgi on võimalik juba veise varajases eluetapis otsustada tema saatuse üle.

Nii mullika-, kui ka pulliprojekti tulemusena saame valitud loomade kohta teada ~50 erinevat aretusväärtust. Tänapäevane aretus on liikumas, või arenenud karjakasvatamaades juba liikunud, geenide uurimise poole ning tähtsad otsused tehakse geenide põhjal. Üha suurem arv maailma farmeritest uurivad mullikaid (mõnel maal on uuritud juba üle 80% sündivatest lehmvasikatest), et teha aretusvalikuid ja otsustada, kellega aretustööd jätkata.

METOODIKA JA ANDMETE KIRJELDUS EESTI HOLŠTEINI TÕUG (EHF)

Projekti käigus moodustati pisut enam kui 2000 eesti holšteini tõugu (EHF) aastatel 2018-2020 sündinud lehmiku juhuvalim (ligi 10% aastas sündivatest lehmvasikatest) 100 suurimat piimakarjast (keskmiselt 5,1% nende karjade lehmikutest, kahest karjast valiti koostöös omanikega välja proportsionaalselt kaks korda enam loomi). Proovid saadeti genotüpiseerimiseks ja genoomaretusväärtuste hindamiseks Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V.-sse (VIT, Saksamaa), et saada Saksamaa skaalal hinnatud genoomaretusväärtused.

2021. aasta jaanuari lõpuks oli Saksamaal genotüpiseeritud ja genoomhinnatud 98-st erinevast farmist pärit 2049 EHF lehmikut. Iga looma kohta hinnati nende põlvnemise ja genotüübi ning EuroGenomics'i referentspopulatsiooni alusel 66 genoomaretusväärtust ja -indeksit, sh ka mitmed Eestis mittehinnatavad terviseriskide ja haiguste genoomaretusväärtused. Lisaks genotüübiinfo mitmete tunnuste kohta (näiteks nudisus, piimavalkude pärilikud tüübid jm). Hinnatud aretusväärtustega kaasnes ka ligipääs VIT-i genoomhindamise projekti kodulehele, mis võimaldab kõrvutada Eesti lehmikute genoomaretusväärtustest arvatud aretusindekseid nõu samas pakettis hinnatud Saksamaa samas vanuses ja tõugu lehmikutega (pisut üle 200 000 looma enam kui 1800-st karjast).

Ülevaade EHF lehmikutele Saksamaal 2020. aasta lõpul 2021. aasta algul hinnatud genoomaretusväärtustest ja -indeksitest on toodud tabelis 1. Juhul, kui hinnatud aretusväärtused/-indeksid on saadud mitmete erinevate aretusväärtuste kombinatsioonina, on ära toodud ka arvutusvalemid. Lisaks on esitatud Saksamaal hinnatud genoomaretusväärtuste kodumaised vasted või sarnased indeksid. Ka viimaste kohta on võrdluse huvides ära toodud nende arvutusvalemid.

Tabel 1. Eesti holsteini tõugu lehmikutele Saksamaal 2020. aastal hinnatud genoomaretusväärtused ja -indeksid, viimaste arvutusvalemid ja Eestimised vasted (kui on). Punasega on märgitud erinevate tunnusegruppide üldised indeksid.

Tunnused / indeksid (Eestimaine vaste, kui on)	Nimetus	Selgitus / arvutusvalem #
Suhteline koguretusväärtus (SKAV = 0,5*SPAV + 0,25*SSAV + 0,25*SVAV)	RZG	0,45*RZM + 0,2*RZN + 0,15*RZE + 0,07*RZS + 0,1*RZR + 0,03*RZKm
Toodang		
+ Piimatoodang, kg	ZW-Mkg	
+ Rasvatoodang, kg	ZW-Fkg	
+ Valgutoodang, kg	ZW-Ekg	
+ Piima rasvasisaldus, %	ZW-F%	
+ Piima valgusisaldus, %	ZW-E%	
* Suhteline piimajõudluse üldaretusväärtus (SPAV = 0,1*AV _{Rasv, kg} + 0,4*AV _{Valk, kg})	RZM	0,25*ZW-Fkg + 0,5*ZW-Ekg
Somaatiliste rakkude arv		
+ Suhteline udara tervise üldaretusväärtus (SSAV)	RZS	Kolme laktatsiooni SRA aretusväärtuste kaalutud keskmine: 0,26*SRA ₁ + 0,37*SRA ₂ + 0,37*SRA ₃
Karjas püsivus		
+ Suhteline tootliku aja üldaretusväärtus (STAV)	RZN	
* Suhteline lüpsikarja jõudmise aretusväärtus (SLAV)	RZKaelberfit (RZKälberfit)	Erinevate eluperioodide (päevades) elumuste aretusväärtuste keskmine: 0,2*(Per ₃₋₁₄ + Per ₁₅₋₆₀ + Per ₆₁₋₁₂₀ + Per ₁₂₁₋₂₀₀ + Per ₂₀₁₋₄₅₈)
Välimik		
- Piimatüüp	MTyg	Üldtunnused
+ Tüüp	Koeg	
+ Jalad	Fung	
+ Udar	Eutg	
* Suhteline välimikutunnuste üldaretusväärtus (SVAV = 0,3*AV _{Tüüp} + 0,5*AV _{Udar} + 0,2*AV _{Jalad})	RZE	0,1*MTyg + 0,2*Koeg + 0,3*Fung + 0,4*Eutg
+ Suurus	Gro	Lineaarsed tunnused – kere
+ Rinna laius	Sta	

+ Kere sügavus	Kti	
+ Keha nurgelisus	Mch	
+ Laudja sirgus	BNe	
+ Laudja laius	BBr	
+ Tagajalad küljelt	HWi	Lineaarsed tunnused – jalad
+ Tagajalad tagant	HSt	
+ Sõranurk	KWi	
– Kanna kvaliteet	SPr	
+ Eesudara kinnitus	VEu	Lineaarsed tunnused – udar
+ Tagaudara kinnitus	HEu	
+ Keskside	ZBa	
+ Udarapõhja kõrgus	ETi	
+ Esinisade asetus	SPv	
+ Taganisade asetus	SPh	
* Nisade pikkus	STI	
+ Toitumus	BCS	
+ Liikuvus	Bew	

Tabel 1 jätkub.

Tunnused / indeksid (Eestimaine vaste, kui on)	Nimetus	Selgitus / arvutusvalem [#]
Lüpsitunnused		
+ Lüpsikiiruse indeks	RZD	
– Temperament	MVH	
– Robotlüpsi indeks (NB! Praegustes tulemustes veel ei sisaldu!)	RZrobot	$0,2 \cdot RZD + 0,15 \cdot RZS + 0,15 \cdot Fung + 0,1 \cdot Eutg + 0,2 \cdot SPh + 0,2 \cdot STI$
Tiinestumine		
+ Kordusseemenduse puudumine 56 päeva peale esimest seemendust lehmikuna (N56)	NRr	Tiinestumine lehmikuna
– Seemendusperioodi pikkus lehmikuna	VZr	
– Kordusseemenduse puudumine 56 päeva peale esimest seemendust	NRk	Tiinestumine lehmana

lehmana		
– Seemendusperioodi pikkus lehmana	VZk	
– Suhteline tiinestumise indeks	RZKon	$0,125*(NRr+VZr) + 0,25*(NRk+VZk)$
+ Uuslүpsiperioodi pikkuse suhteline aretusväärtus (SGAV)	RZk	Taastumis- ja seemendusperioodi pikkuste aretusväärtuste summa
– Suhteline sigivuse üldaretusväärtus (≠SGAV)	RZR	$0,25*RZk + 0,75*RZKon$
Poegimine		
+ Poegimiskergus (PKG), emapoolne	KVmat	Ema poegimiskergus
+ Surnultsünd (STS), emapoolne	TGmat	Ema võime tuua ilmale elus vasikas
+ Poegimiskergus (PKG), otsene	KVdir	Vasika sündimiskergus
+ Surnultsünd (STS), otsene	TGdir	Vasika võime elusana sündida
– Suhteline poegimise üldaretusväärtus, emapoolne	RZK_m	$0,5*KVmat + 0,5*TGmat$
– Suhteline poegimise üldaretusväärtus, otsene	RZK_{dir}	$0,5*KVdir + 0,5*TGdir$
Tervis		
– Tallahaavand	KGS	Sõratervis
– Digitaalne flegmoon	PAN	
– Valgejoone haigus	WLE	
– Laminiit	REH	
– Interdigitaalne hüperplaasia	LIM	
– Innatsükli häired	ZYS	Sigimisprobleemid
– Endometriit	MET	
– Pärast peetus	NGV	
– Libediku nihkumine	LMV	Ainevahetushaigused
– Poegimishalvatus	MIF	
– Ketoos	KET	
– Digitaalse dermatiidi ehk Morterellaro haiguse resistentsuse indeks	DDcontrol	= DDc (viimast eraldi ei esitata)
– Mastiidiresistentsuse indeks	RZEuterfit	= MAS (viimast eraldi ei esitata)

– Sõratervise indeks	RZKlaue	$0,3*DDc + 0,15*KGS + 0,15*PAN + 0,15*WLE + 0,15*REH + 0,1*LIM$
– Sigimisprobleemide indeks	RZRepro	$0,5*ZYS + 0,25*MET + 0,25*NGV$
– Ainevahetushaiguste indeks	RZMetabol	$0,4*LMV + 0,3*MIF + 0,3*KET$
– Suhteline tervise üldaretusväärtus	RZGesund	$0,4*RZEuterfit + 0,2*RZKlaue + 0,15*RZRepro + 0,25*RZMetabol$

Kõik genoomaretusväärtused (va piima-, rasva- ja valgutoodang ning piima rasva- ja valgusisaldus) on hinnatud punktiskaalal, kus baasloomadeks, kelle keskmine on 100 ja standardhälve 12 punkti, on Saksamaal aastatel 2014-2016 sündinud lehmad.

+ tunnused ja indeksid, mida hinnatakse ka Eestis (kuigi sageli ei ole tunnuse definitsioon ja/või hindamismudel täpselt samad),

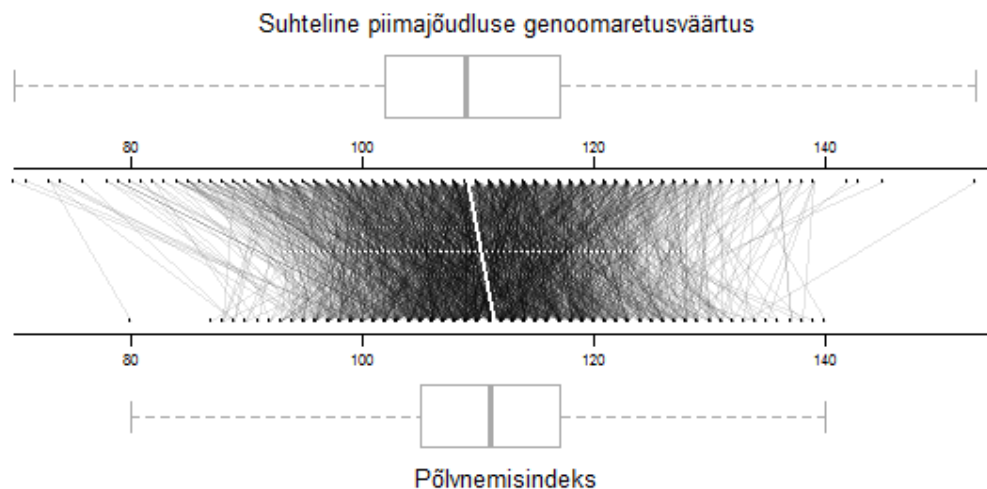
* tunnused ja indeksid, millega sisult sarnaseid hinnatakse ka Eestis (erinevused on kasutatava info hulgas ja alamtunnuste kaaludes),

– tunnused ja indeksid, mida Eestis ei hinnata.

Kõik hinnatud genoomaretusväärtused ja -indeksid on esitatud punktiskaalal (va aretusväärtused piima-, rasva- ja valgutoodangule ning piima rasva- ja valgusisaldusele, mis on vastavalt kilogrammides ning protsentides) libiseva baasi suhtes. Viimase moodustavad hindamisaastast 4-6 aastat varem Saksamaal sündinud lehmad – praegusel juhul Saksamaal aastatel 2014-2016 sündinud lehmad, kelle genoomaretusväärtuste ja -indeksite keskmiseks on võetud 100 ja standardhälveks 12 punkti. Seega tähendab mistahes aretusväärtuse või indeksi 100-st punktist suurem väärtus suuremat geneetilist potentsiaali võrreldes Saksamaal 4-6 aastat tagasi sündinud lehmadega. Eestis hinnatud aretusväärtuste ja -indeksite libisevaks baasiks on alates 2020. aastast hindamisaastast 4-8 aastat varem Eestis sündinud lehmad. Kuna libisevad baasid on Eestis hinnatavatel traditsioonilistel aretusväärtustel ja Saksamaal hinnatud genoomaretusväärtustel erinevad – ühed näitavad erinevust kodumaistest ja teised Saksamaa lehmadest, samuti kuuluvad Eestis võrdlusbaasi keskmiselt pisut varem sündinud loomad –, ei ole korrektne tõmmata võrdusmärki genoomaretusväärtuste 100 punkti ja Eestimaiste traditsiooniliste aretusväärtuste 100 punkti vahele.

Siiski sobivad ka Saksamaal hinnatud genoomaretusväärtused otsustamiseks Eesti lehmikute geneetilise potentsiaali üle, sest genoomaretusväärtuste sisuline tähendus on ju sama, mis traditsioonilistelgi aretusväärtustel – mida kõrgem on genoomaretusväärtus, seda suurem on looma enese ja ka järglastele pärandatav geneetiline potentsiaal. Otseselt ei ole vale ka juhendumine meie loomakasvatajatele traditsioonilisest 100-punkti piirist. Nimelt on lehmikutele Eestis nende vanemate alusel hinnatud põlvnemisindeksid (põhimõtteliselt vanemate keskmised suhtelised piimajõudluse aretusväärtused SPAV) suhteliselt heas kooskõlas Saksamaal hinnatud suhteliste piimajõudluse genoomaretusväärtustega (korrelatsioonikordaja $r = 0,55$; joonis 1). Genoomaretusväärtuste keskmine on küll pisut madalam kui põlvnemisindeksitel, aga vaid paari punkti võrra. Samas on näha genoomaretusväärtuste märksa suurem varieeruvus ning paljude just oma põlvnemisindeksi

väärtustelt keskmiste loomade nihkumine. See on seletatav eelkõige loomade geneetilisele potentsiaalile objektiivsemate hinnangute saamisega läbi geeniandmete kasutamise.



Joonis 1. Hinnatud lehmikute põlvnemisindeksid ja suhtelised piimajõudluse genoomaretusväärtused – igale lehmikule vastab üks hall joon, valge joon ühendab keskmisi väärtusi ($n=2049$). Lehmikute põlvnemisindeksid on hinnatud Eestis nende vanemate suhteliste piimajõudluse aretusväärtuste (SPAV) alusel (baasiks, kus keskmine on 100 ja standardhälve 12 punkti, on Eestis aastatel 2012-2016 sündinud lehmad); suhtelised piimajõudluse genoomaretusväärtused on hinnatud Saksamaal EuroGenomics'i referentspopulatsiooni alusel (baasiks, kus keskmine on 100 ja standardhälve 12 punkti, on Saksamaal aastatel 2014-2016 sündinud lehmad).

ÜLEVAADE EHF LEHMIKUTE GENEETILISEST POTENTIAALIST JA VARIEERUVUSEST GENOOM-ARETUSVÄÄRTUSTE ALUSEL

Joonisel 2 on esitatud üldiste erinevaid tunnustegruppe summeerivate genomaretusväärtuste jaotus analüüsitud EHF lehmikutel. Kõigi üldiste aretusindeksite korral (va välimik, aga selle puhul ongi sageli optimaalne keskmine väärtus) on Eestis aastatel 2018-2020 sündinud lehmikute keskmine geneetiline potentsiaal kõrgem kui baasgrupis (Saksamaal aastatel 2014-2016 sündinud lehmadel), mis peegeldab läbi viidud aretustöö efektiivsust ja seda mitte ainult toodangunäitajate osas. Samuti eksisteerib loomade vahel geneetiline varieeruvus kõigis tunnustegruppides – seega on, kelle vahel valida. Siiski näitab aretusväärtuste (va piimajõudluse üldaretusväärtus ja koguaretusväärtus) väiksem varieeruvus võrreldes baasgrupiga teostatud aretusvalikute piiratust ja/või populatsiooni väiksust, mis omakorda seab piirid loomade edasisele selektsioonile. Arvestades seda, et aretusmaterjal (aretuspullid, sperma) tulevad valdavalt välismaalt, on kodumaiste lehmikute ühtlane keskmisest pisut parem tase ehk isegi parem, kui suur geneetiline varieeruvus.

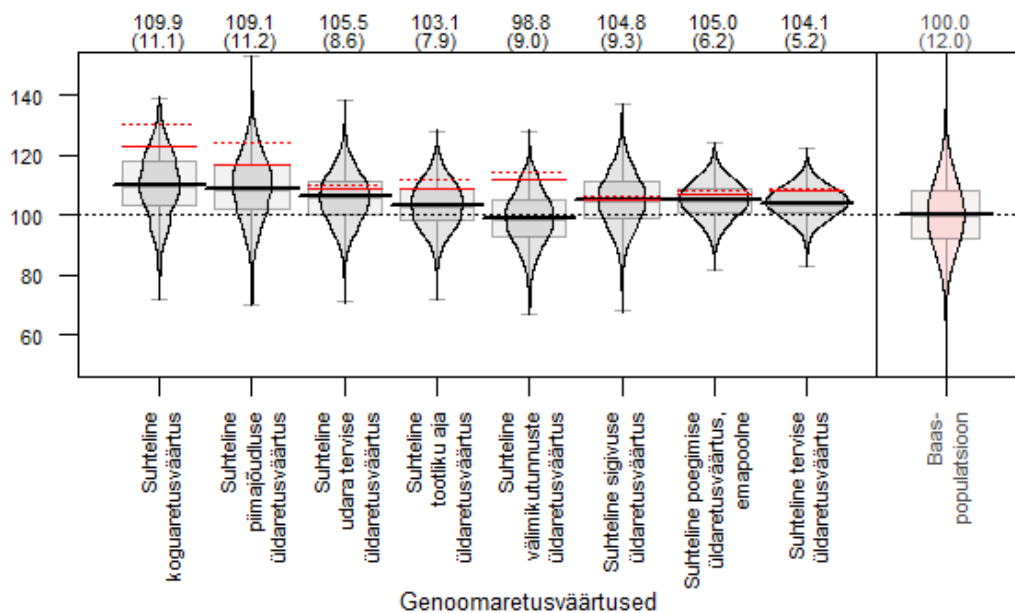
Toodangunäitajate genomaretusväärtuste analüüsist (joonis 3) nähtub, et nii EHF lehmikute geneetiline potentsiaal kui ka geneetiline varieeruvus on suuremad piima- ja rasvatoodangu ning väiksemad piima valgusisalduse osas. Välimikutunnuste osas on EHF lehmikud Saksamaa 4-6 aasta vanuste lehmadega samal tasemel nii keskmiste väärtuste kui ka varieeruvuse osas. Pisut väiksem on geneetiline varieeruvus liikuvuse ja erinevate jalatunnuste osas. Eestis mitteregistreeritavate ja geneetiliselt mitte hinnatavate tervisenäitajate genomaretusväärtused (joonis 5) näitavad, et baasgrupiga võrreldes on eesti holsteini tõugu lehmikute geneetiline potentsiaal parem ja eksisteerib ka selektsiooni teostamiseks vajalik varieeruvus. Siiski on viimane võrreldes Saksamaa holsteini tõugu piimaveistega suhteliselt väike.

Võrreldes samas pakettis genoomhinnatud Saksamaa eakaaslastega on Eesti lehmikute geneetiline potentsiaal madalam (joonised 2 ja 3), seda eriti piimajõudluse, karjas püsivuse (tootliku ea) ja välimiku ning sellest tulenevalt ka suhtelise koguaretusväärtuse osas. Aga kuna Saksamaa lehmikud ei moodusta erinevalt Eestis hinnatuist juhuvalikut kogu populatsioonist, ei peegelda ilmnunud erinevused ilmselt kogu tõde. Samuti on erinevus vähemalt mingil määral tingitud hinnatavate tunnuste ja aretuseesmärkide erinevusest Eestis ja Saksamaal. Siiski, kui isegi oletada, et Saksamaa loomad on valitud vaid parimaist karjadest, siis leidub ka Eesti piimafarmides Saksamaa tippu kuuluvaid lehmikuid.

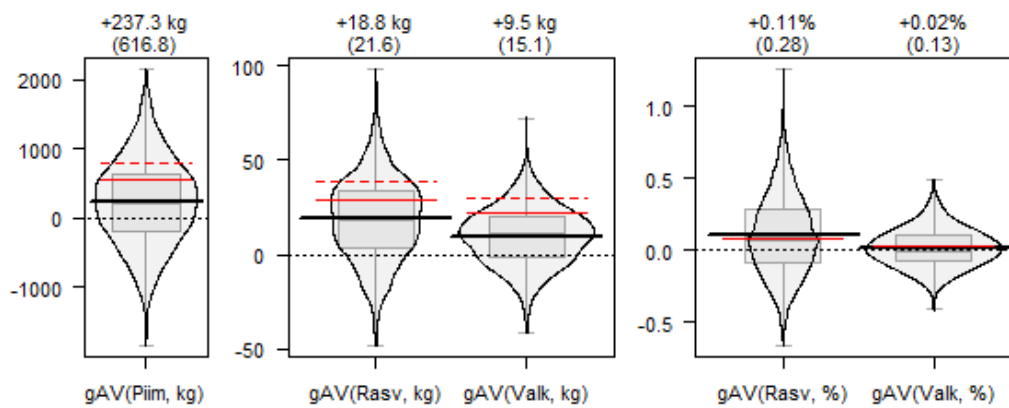
Nii joonisel 2 kui ka järgnevatel joonistel arviliselt esitatud keskmiste ja standardhälvete tõlgendamisest ka veel nii palju, et ligikaudu 68,3% lehmikute aretusväärtused jäävad vahemikku keskmine \pm standardhälve, 95,4% vahemikku keskmine \pm 2*standardhälve ja

99,7% vahemikku keskmine ± 3 *standardhälve. Või siis teistpidi: keskmise 50% lehmikute aretusväärtused jäävad ligikaudu vahemikku keskmine $\pm 0,67$ *standardhälve, 90% lehmikute aretusväärtused ligikaudu vahemikku keskmine $\pm 1,64$ *standardhälve ja 98% lehmikute aretusväärtused ligikaudu vahemikku keskmine $\pm 2,33$ *standardhälve (seega ligikaudu 5% lehmikute aretusväärtus on kõrgem kui keskmine + $1,64$ *standardhälve ning ligikaudu 1% lehmikute aretusväärtus on kõrgem kui keskmine + $2,33$ *standardhälve).

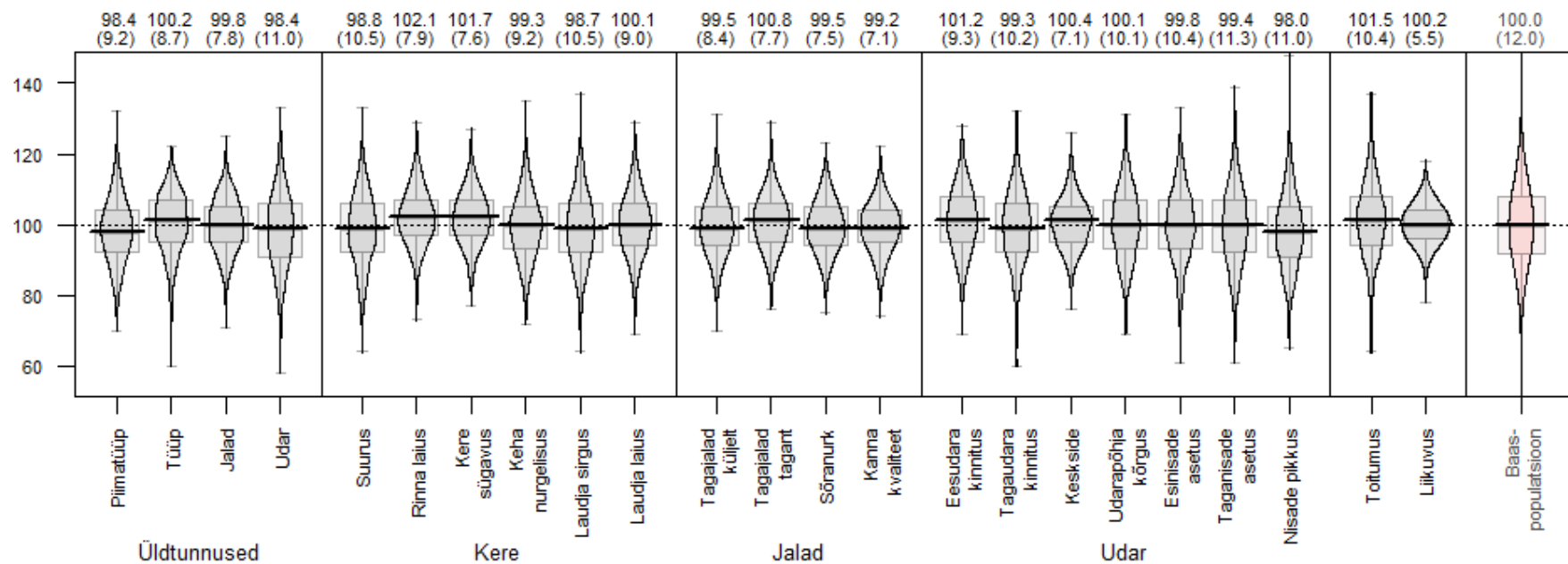
Näiteks poolte EHF lehmikute suhtelised piimajõudluse genoom-üldaretusväärtused (keskmine \pm standardhälve: $109,1 \pm 11,2$) on vahemikus (101,5; 116,7) ja 90% lehmikute aretusväärtused vahemikus (90,7; 127,5), ehk ligikaudu 5% EHF lehmikute suhteline piimajõudluse genoom-üldaretusväärtus on suurem kui $109,1 + 1,64 * 11,2 = 127,5$ punkti ja ligikaudu 1% EHF lehmikute suhteline piimajõudluse genoom-üldaretusväärtus on suurem kui $109,1 + 2,33 * 11,2 = 135,2$ punkti.



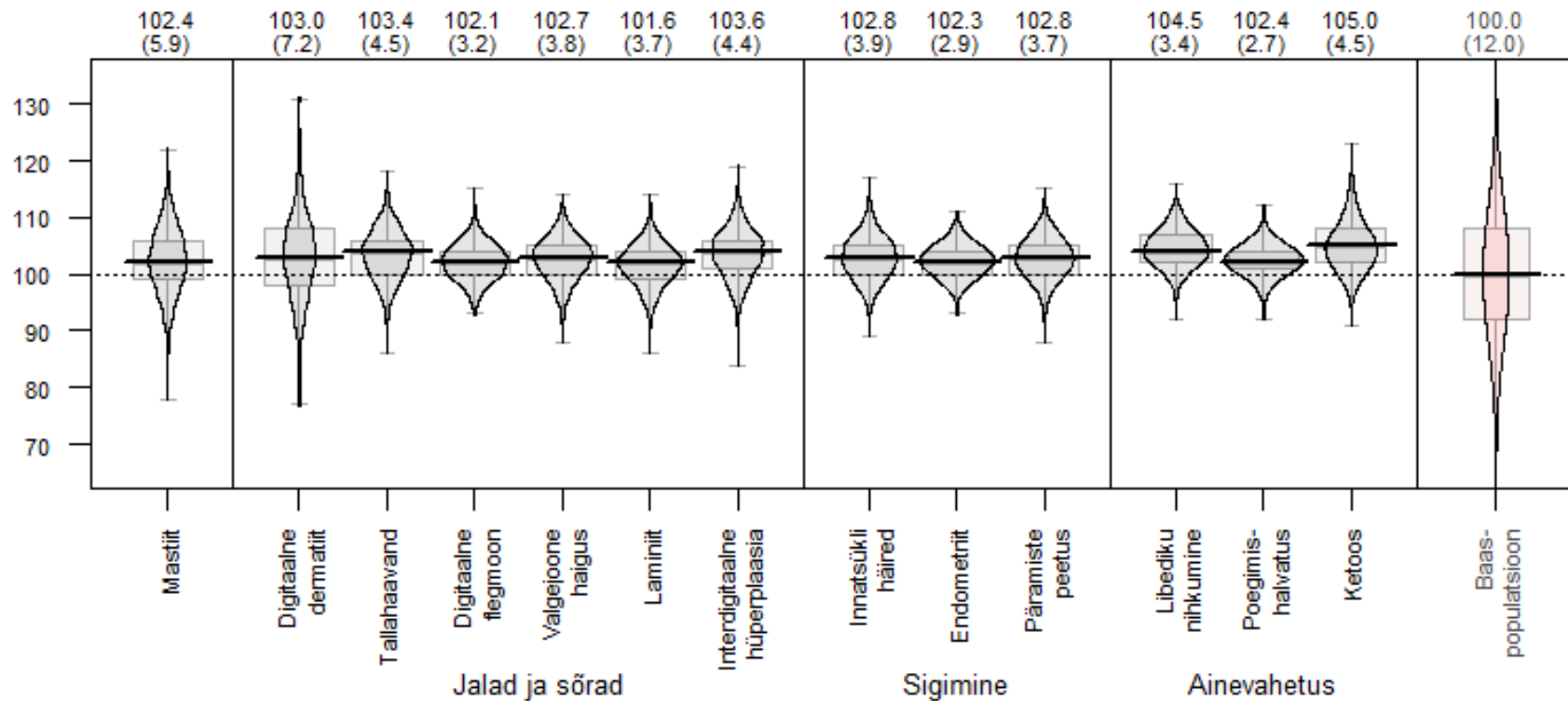
Joonis 2. Eesti holsteini tõugu lehmikute (n=2049) erinevaid tunnustegruppe summeerivad genoom-aretusväärtused. Esitatud on aretusväärtuste jaotus, keskmise 50% aretusväärtuste paiknemine (taustal olev hall kast), mediaan (must horisontaaljoon; tänu jaotuste sümmeetrilisusele langeb viimane kokku keskmisega), arvuliselt on joonise kohal välja toodud aretusväärtuste keskmine ja standardhälve. Võrdluseks on esitatud ka baaslehmade jaotumine – nendel on kõigi aretusväärtuste puhul keskmine ja standardhälve vastavalt 100 ja 12 punkti. Punane pidev ja kriipsjoon märgivad nõ samas pakettis genoomhinnatud Saksamaa karjade keskmist väärtust ja 90%-punkti (viimasest paremad on 10% loomadest).



Joonis 3. Eesti lehmikute (n=2049) piima-, rasva- ja valgutoodangu ning piima rasva- ja valgusisalduse genoomaretusväärtuste jaotus, keskmise 50% aretusväärtuste paiknemine (taustal olev hall kast), keskmine ja mediaan (must horisontaaljoon ja enamasti sellele jääv hall joon), arvuliselt on joonise kohal välja toodud aretusväärtuste keskmine ja standardhälve. Punane pidev ja kriipsjoon märgivad nõ samas pakettis genoomhinnatud Saksamaa karjade keskmist väärtust ja 90%-punkti (viimasest paremad on 10% loomadest).

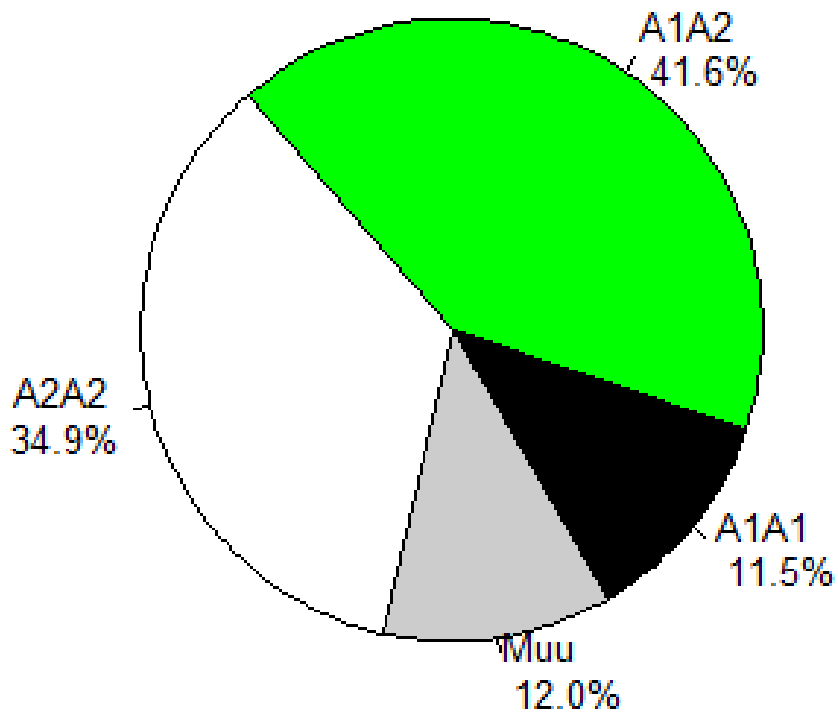


Joonis 4. Eesti holsteini tõugu lehmikute (n=2049) välimikutunnuste genomaretusväärtuste jaotus, keskmise 50% aretusväärtuste paiknemine (taustal olev hall kast), mediaan (must horisontaaljoon; tänu jaotuste sümmeetrilisele langeb viimane kokku keskmisega), arvuliselt on joonise kohal välja toodud aretusväärtuste keskmine ja standardhälve. Võrdluseks on esitatud ka baaslehmade jaotumine – nendel on kõigi aretusväärtuste puhul keskmine ja standardhälve vastavalt 100 ja 12 punkti.



Joonis 5. Eesti holsteini tõugu lehmikute (n=2049) tervisetunnuste genoomaretusväärtuste jaotus, keskmise 50% aretusväärtuste paiknemine (taustal olev hall kast), mediaan (must horisontaaljoon; tänu jaotuste sümmeetrilisusele langeb viimane kokku keskmisega), arvuliselt on joonise kohal välja toodud aretusväärtuste keskmine ja standardhälve. Võrdluseks on esitatud ka baaslehmade jaotumine – nendel on kõigi aretusväärtuste puhul keskmine ja standardhälve vastavalt 100 ja 12 punkti.

Uuritud eesti holsteini tõugu lehmikute β -kaseiini genotüüpide jaotus on toodud joonisel 6. Kuigi 41,6% kõigist lehmikutest (n=852) on heterosügootsed genotüübiga A1A2, on A1- ja A2-alleelide suhtes homosügootsete lehmikute osakaalud selgelt erinevad. Alleeli A2 suhtes homosügootseid lehmikuid on 34,9% (n=716) ja alleeli A1 suhtes homosügootseid lehmikuid vaid 11,5% (n=236).



Joonis 6. Eesti holsteini tõugu lehmikute (n=2049) jaotus nende β -kaseiini genotüübi alusel.

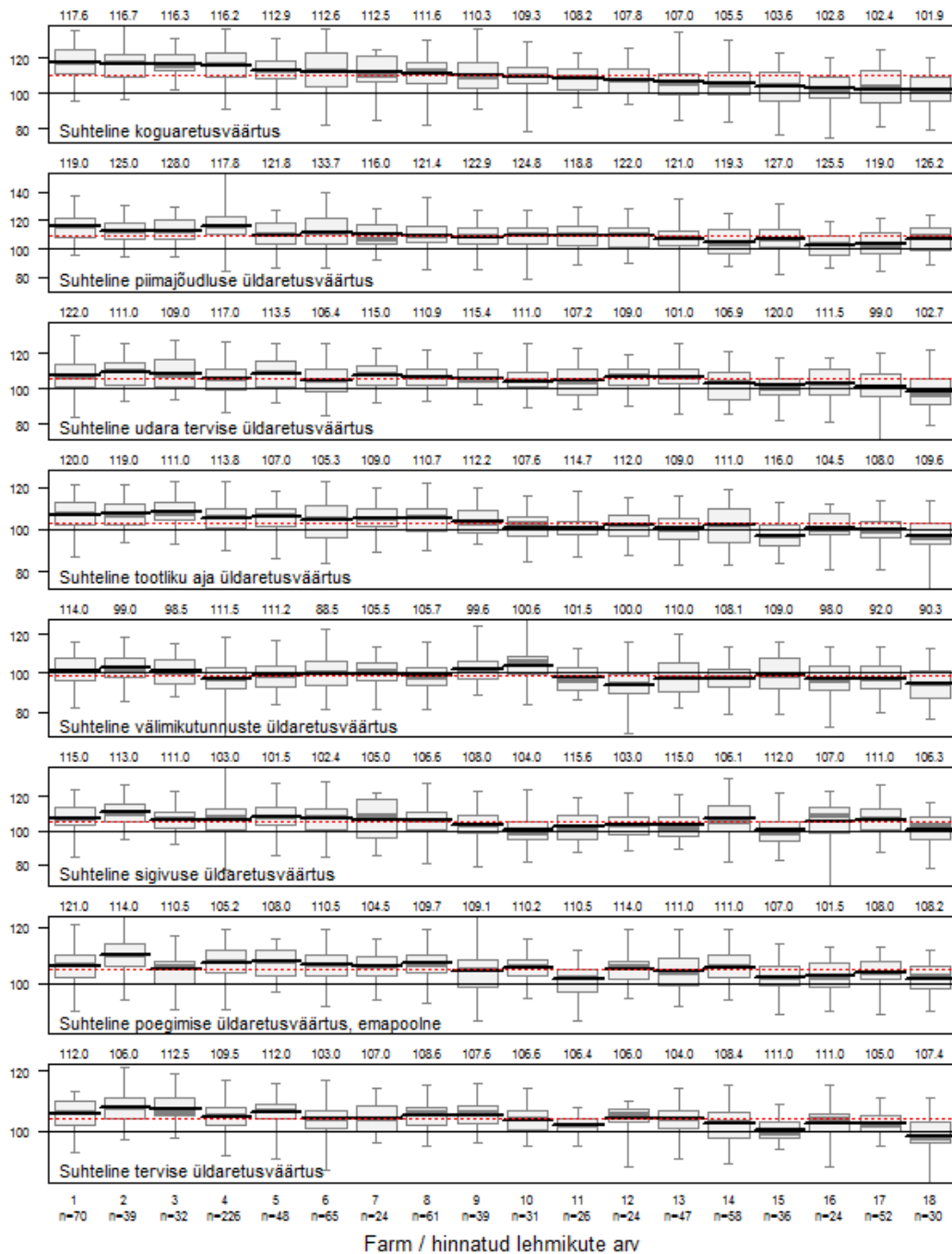
FARMIDE VÕRDLUS

Farmide iseloomustamisel ja võrdlemisel peab alustama sellest, kuivõrd on praegused siiski suhteliselt väikese arvu loomade genoomhindamise tulemused üldistatavad kogu farmile. Ühest vastust siin kahjuks anda ei saa, sest vastus sõltub sellest, kas soovida hinnata keskmist taset või hoopis varieeruvust või teatud väärtusest suurema aretusväärtusega loomade osakaalu, või farme mistahes näitaja alusel hoopis võrrelda. Siiski, et asja mitte liiga keeruliseks ajada ja samas mingigi täpsuse mõõt arvutada, võib kasutada juba 1967. aastal avaldatud valemit (Yamane, T. 1967. Statistics, An Introductory Analysis, 2nd Ed., New York: Harper and Row)

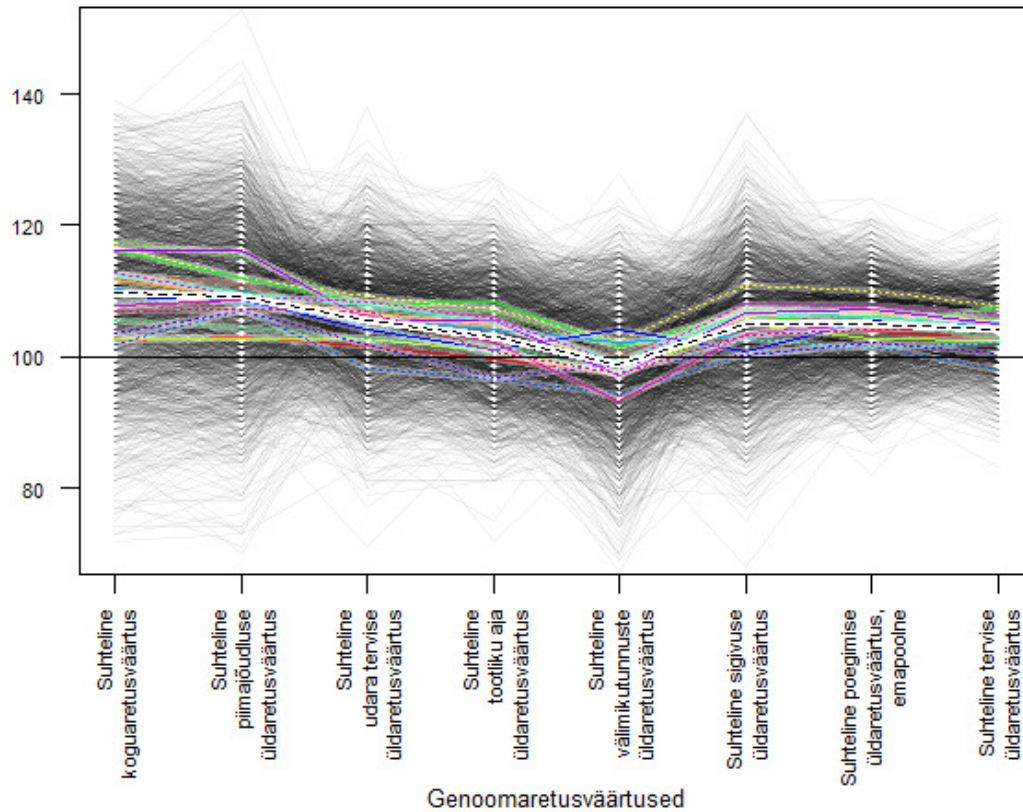
$n = N / [1 + N*(e)^2]$, kus n on valimi maht (valitud loomade arv), N on populatsiooni suurus (näiteks lehmikute arv karjas) ja e on lubatav veamäär (näiteks 10%, siis $e = 0,1$). Selle valemi kohaselt on väiksemate farmide korral vaja sama usaldusväärsuse saavutamiseks valida protsentuaalselt enam loomi. Näiteks 90%-lise usaldusväärsuse ($e=0,1$) saavutamiseks piisab 1000 lehmikuga farmis 91 looma genoomhindamisest, samas kui 100 lehmikuga farmis tuleb genoomhinnata 50 looma. Antud uuringus on kõigi farmide korral usaldusväärsus üle 50% (miinimum 51,3%, maksimum 93,8%, keskmine 75,3%), seejuures on usaldusväärsus üle 70% kõigis farmides, kus genoomhinnati üle 10 lehmiku, ja üle 80% kõigis farmides, kus hinnati üle 23 lehmiku.

Joonisel 7 on esitatud tunnustegruppe summeerivad suhtelised genoom-aretusväärtused kahekümne nelja ja enama lehmikuga esindatud farmides – 18 farmi (18,4%) kokku 932 lehmikuga (45,5%). Kõigi aretusväärtuste puhul eksisteerib nii erinevatest aretusotsustest tulenev erinevus farmide keskmiste tasemete vahel kui ka suuresti juhuslikust genoomide kombineerimisest tulenev farmide sisene varieeruvus. Viimane on suhteliselt sarnane kõigi farmide ja aretusväärtuste puhul, näidates, et kõigis farmides leidub geneetiliselt potentsiaalilt erinevaid loomi mistahes üldise aretustunnuse osas. Jooniselt 8, kus on esitatud kahekümne nelja ja enama lehmikuga esindatud farmide keskmised võrdluses üksikute lehmikute aretusväärtustega, ilmneb samuti, et kuigi farmide vaheline varieeruvus eksisteerib, on üksikute loomade vaheline ja seeläbi ka farmide sisene erinevus märksa suurem. Täpsem kõiki farme ja pulle hõlmanud modelleerimine näitas, et pulli mõju hinnatud lehmikute koguaetusväärtustele on ligikaudu kümme korda suurem kui farmi mõju. See tulemus viitab, et enamus farmide vahelisest erinevusest on tingitud erinevast pullide valikust ja lehmikute emade keskmises geneetilisest potentsiaalis farmide vahel suuri vahesid ei ole.

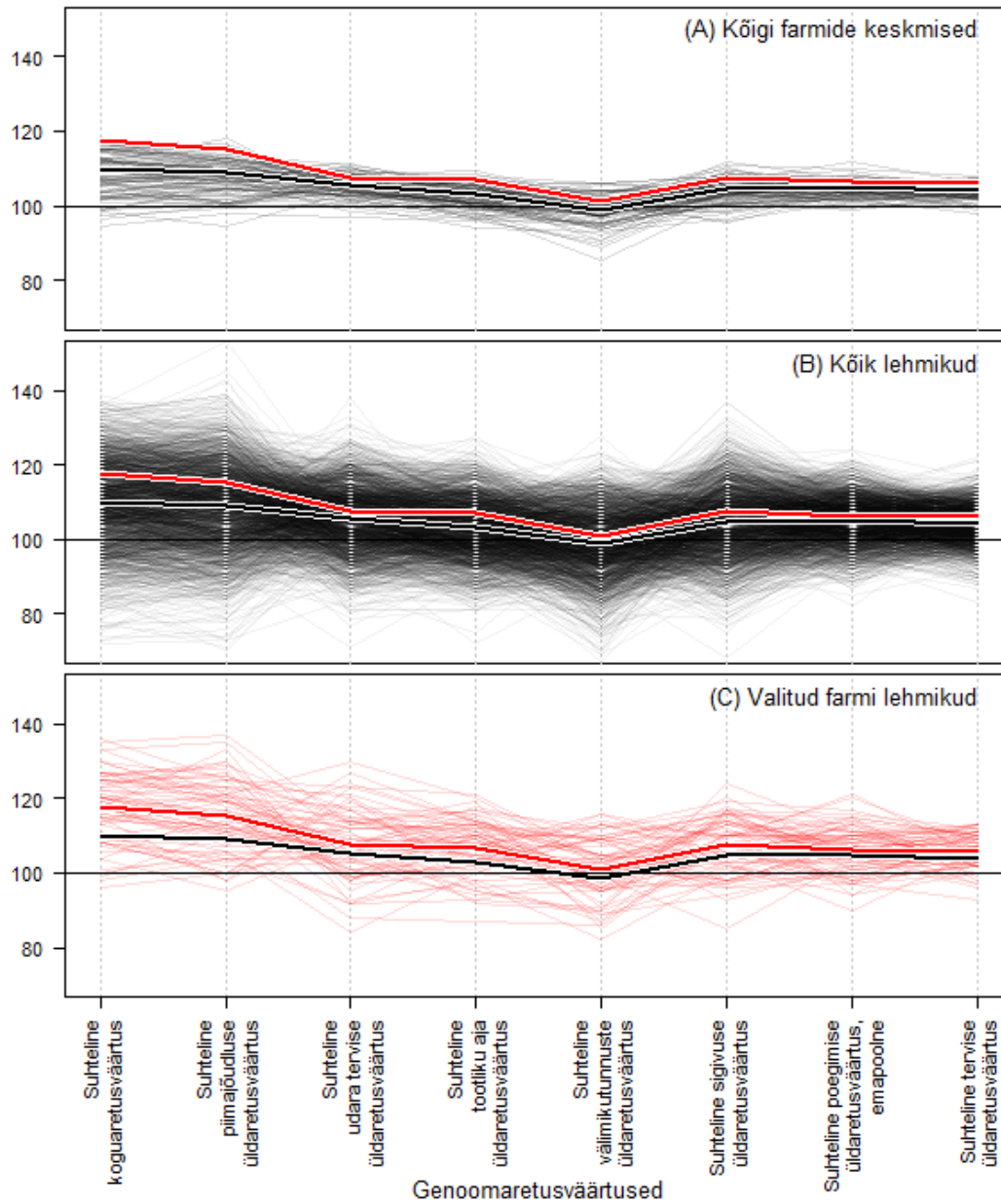
Kui huvi pakub üks konkreetne farm, siis on mõistlik kõrvutada selle farmi lehmikute keskmiseid nii teiste farmide keskmistega (joonis 9A) kui ka üksikute loomadega (joonis 9B), samuti analüüsida farmisest varieeruvust ja tuvastada võimalikke ekstreemseid (väga kõrgete või madalate aretusväärtustega) loomi (joonis 9C). Analoogselt võib visualiseerida ka spetsiifilisemaid aretusväärtuseid konkreetses farmis (joonised 10 ja 11).



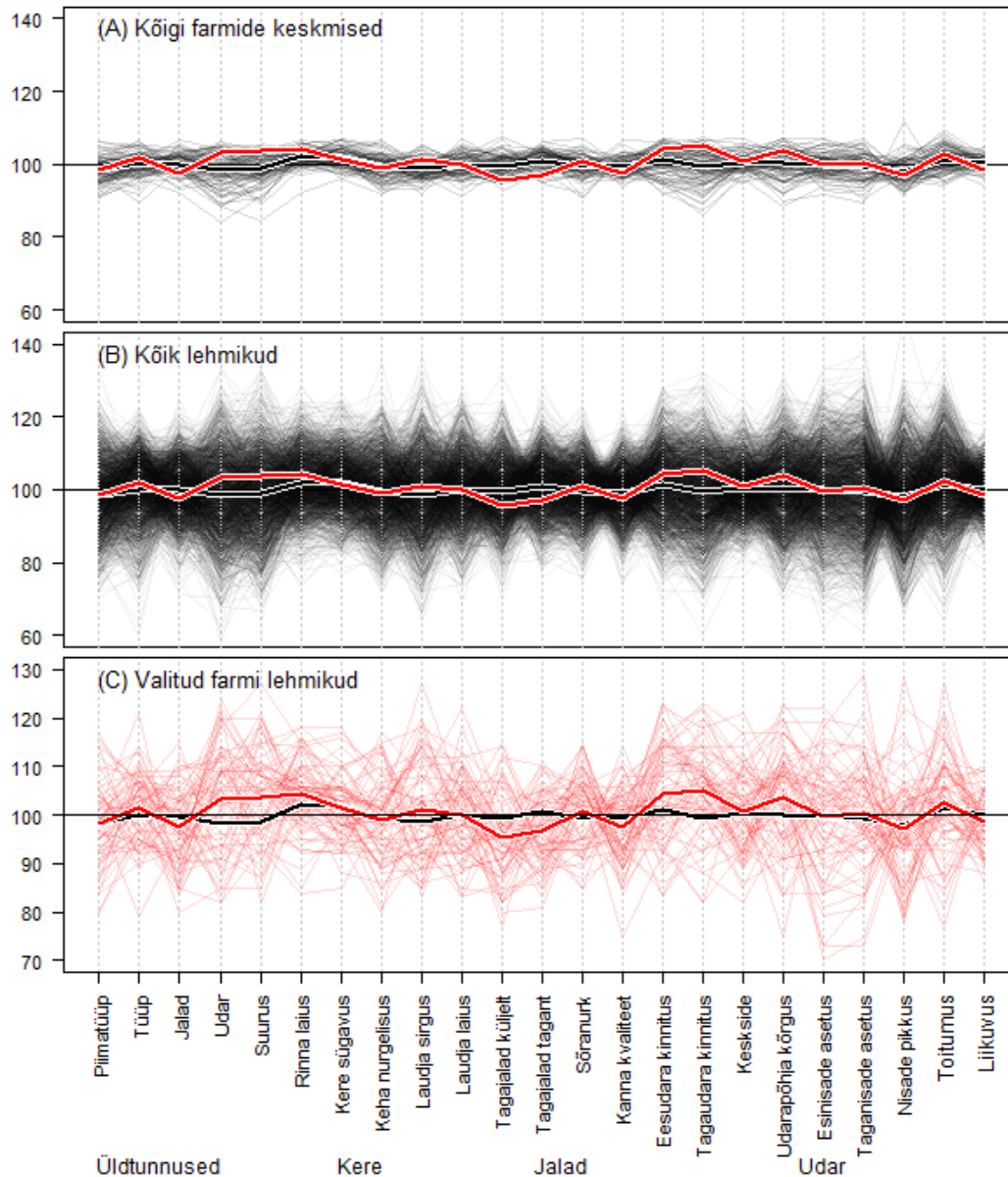
Joonis 7. Eesti lehmikute erinevaid tunnustegruppe summeerivad genomaretusväärtused 24 ja enama hinnatud lehmikuga farmides (18 farmi, hinnangute usaldusväärsus >80%). Lisaks mediaani ja kvartiile esitavatele karp-vurrud diagrammidele on näidatud ka keskmised aretusväärtused (mustad horisontaaljooned ja arvilised väärtused jooniste kohal), punane punktiirjoon märgib kõigi hinnatud lehmikute keskmist (mis on arviliselt esitatud joonisel 2). Farmid on järjestatud keskmise suhtelise kogualetusväärtuse alusel.



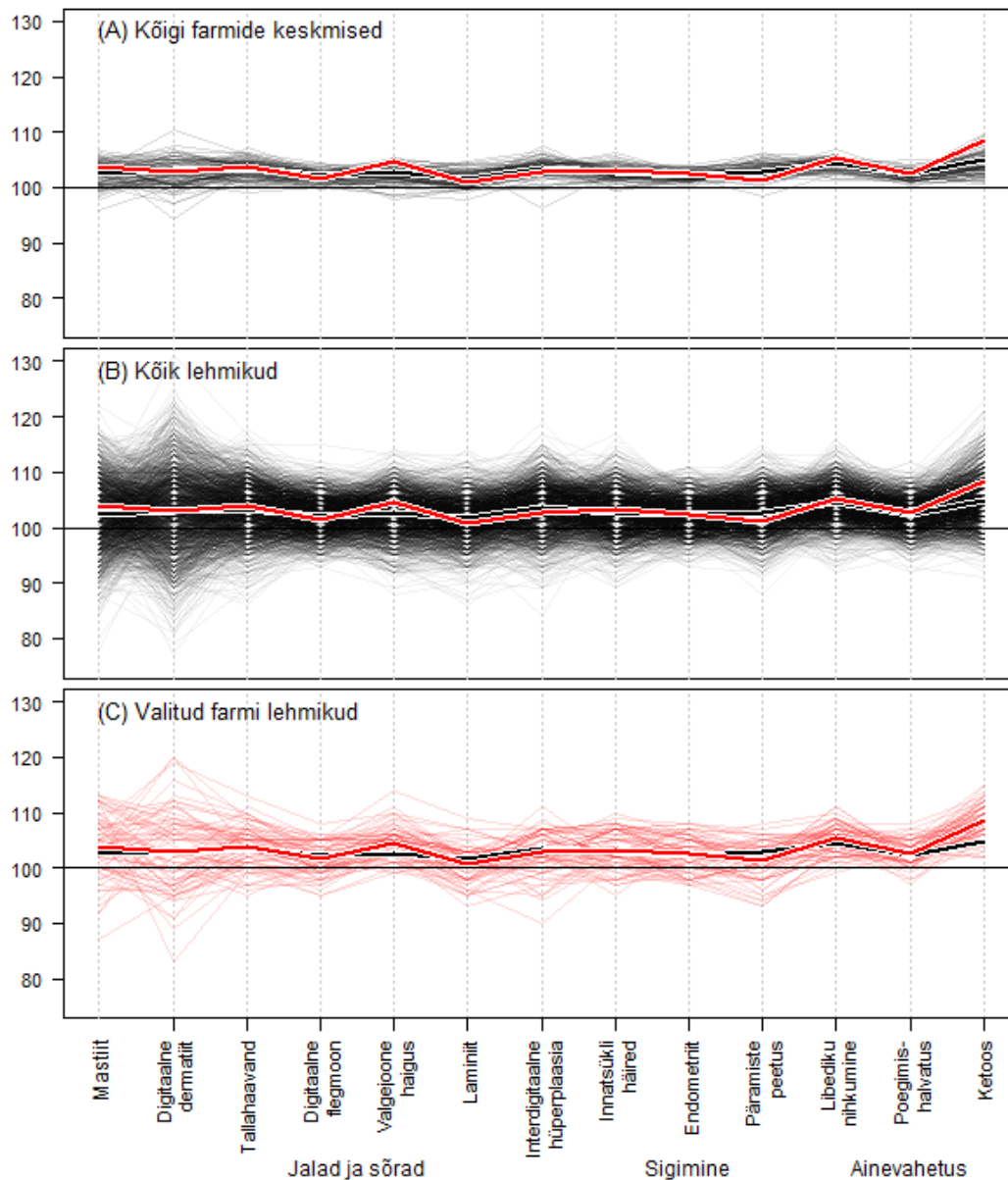
Joonis 8. Erinevaid tunnustegruppe summeerivad genoomaretuskväärtused üksikutel lehmikutel (igale lehmikule vastab üks helehall joon), värvilised jooned märgivad keskmiseid väärtuseid 24 ja enama hinnatud lehmikuga farmides (18 farmi, hinnangute usalduskväärtus >80%), paks valge joon selle keskel kulgeva musta kriipsjoonega märgib kõigi hinnatud lehmikute keskmist.



Joonis 9. Keskmised erinevaid tunnustegruppe summeerivad genoomaretusväärtused valitud farmis (paks punane joon) ja üle kõigi lehmikute (paks must joon) võrdluses (A) teiste farmide keskmistega (igale farmile vastab üks peenike hall joon), (B) kõigi lehmikutega (igale lehmikule vastab üks peenike hall joon) ja (C) valitud farmi lehmikutega (igale lehmikule vastab üks peenike punane joon).



Joonis 10. Keskmised välimikutunnuste genomaretusväärtused valitud farmis (paks punane joon) ja üle kõigi lehmikute (paks must joon) võrdluses (A) teiste farmide keskmistega (igale farmile vastab üks peenike hall joon), (B) kõigi lehmikutega (igale lehmikule vastab üks peenike hall joon) ja (C) valitud farmi lehmikutega (igale lehmikule vastab üks peenike punane joon).

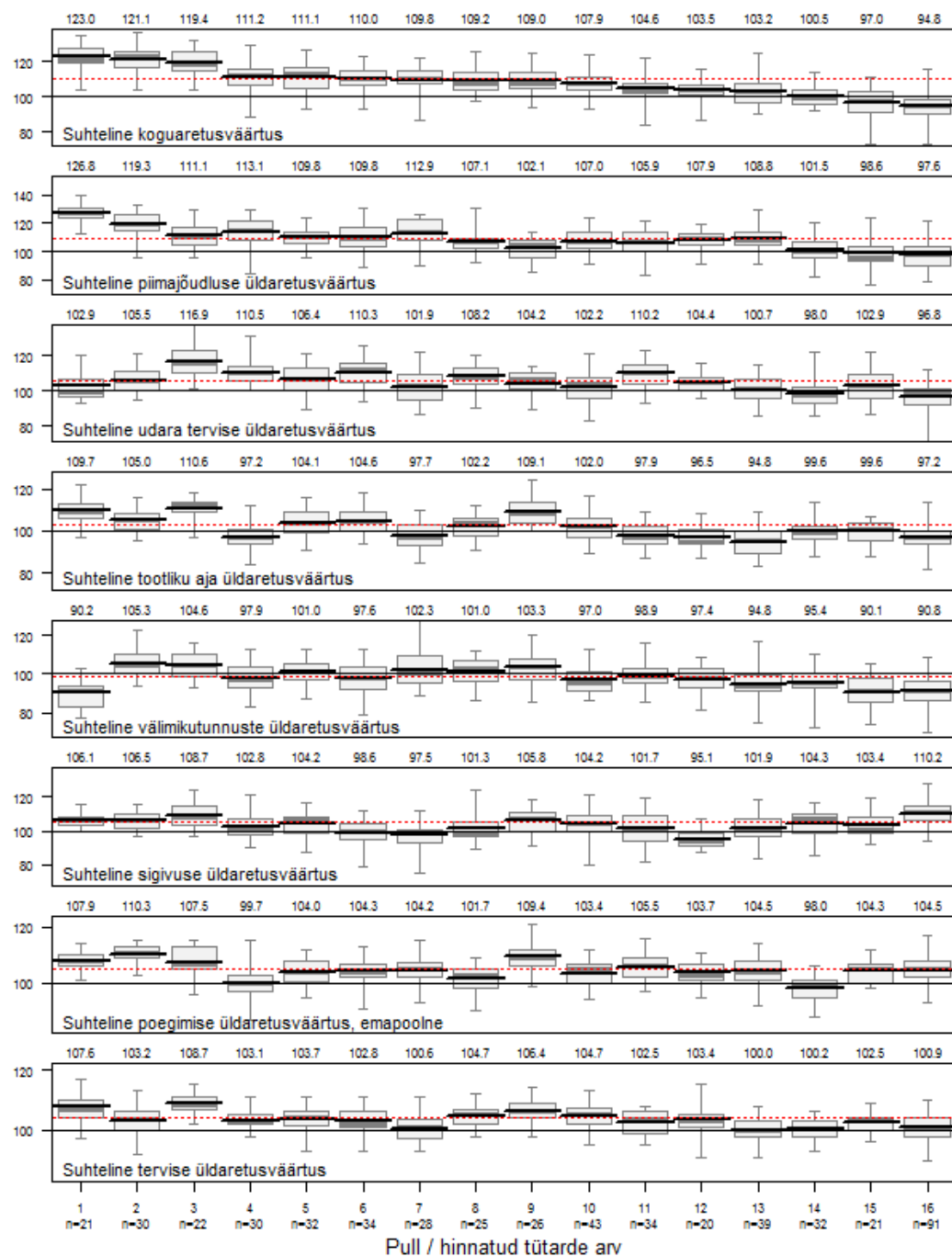


Joonis 11. Keskmised tervisetunnuste genoomaretusväärtused valitud farmis (paks punane joon) ja üle kõigi lehmikute (paks must joon) võrdluses (A) teiste farmide keskmistega (igale farmile vastab üks peenike hall joon), (B) kõigi lehmikutega (igale lehmikule vastab üks peenike hall joon) ja (C) valitud farmi lehmikutega (igale lehmikule vastab üks peenike punane joon).

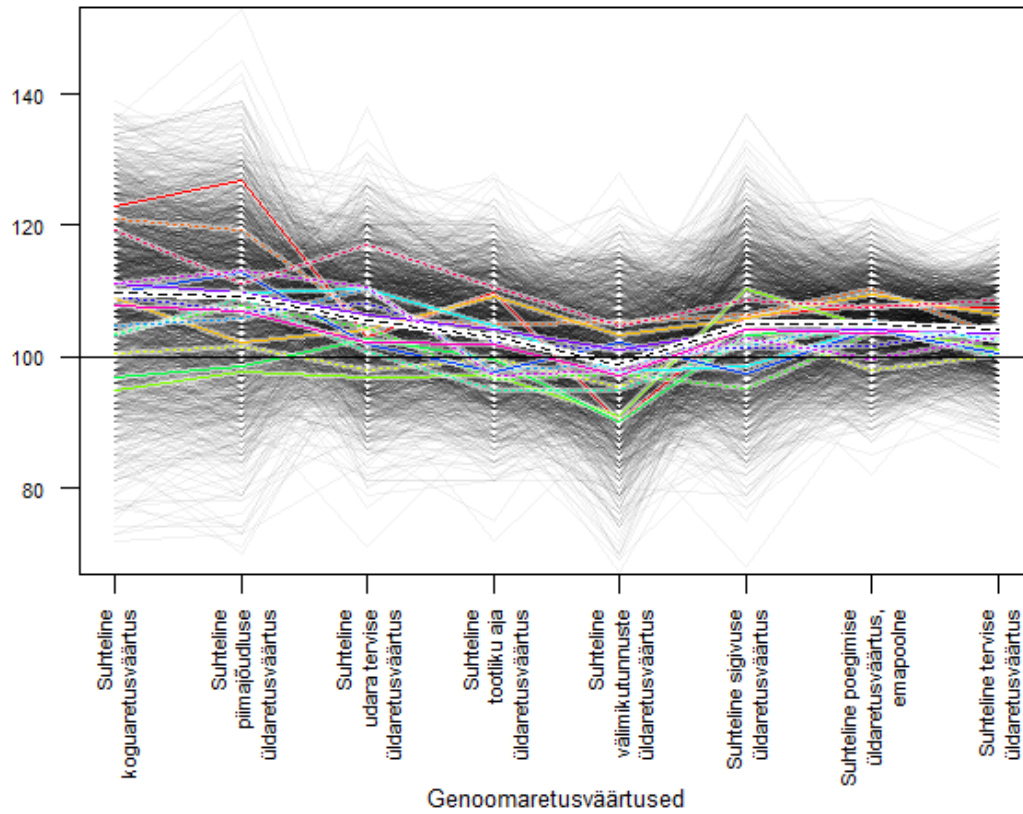
PULLIDE VÕRDLU

Kui sama pulli tütarde vaheline varieeruvus on olulisemate aretusindeksite puhul sama suurusjärku, kui sama farmi lehmikute vaheline varieeruvuski, siis erinevate pullide tütreid erinevad omavahel keskmiselt märksa enam, kui erinevate farmide lehmikud. Ehk pullidevaheline erinevus on suurem kui farmidevaheline erinevus. Samuti on pullide hulgas

enam mitmekesisust ühe aretusindeksi poolest tipus olev pull võib teise osas kuuluda viimaste hulka ja vastupidi (joonised 12 ja 13).



Joonis 12. Eesti lehmikute erinevaid tunnustegruppe summeerivad genoomaretusväärtused pullide kaupa (20 ja enama hinnatud tütrega pullid). Lisaks mediaani ja kvartiile esitavatele karp-vurrud diagrammidele on näidatud ka keskmised aretusväärtused (mustad horisontaaljooned ja arvulised väärtused jooniste kohal), punane punktiirjoon märgib kõigi hinnatud lehmikute keskmist (mis on arvuliselt esitatud joonisel 2). Pullid on järjestatud keskmise suhtelise kogualetusväärtuse alusel.



Joonis 13. Erinevaid tunnustegruppe summeerivad genoomaretusväärtused üksikutele lehmikutele (igale lehmikule vastab üks helehall joon), värvilised jooned märgivad keskmiseid väärtuseid 20 ja enama hinnatud tütrega pullide korral (16 pulli), paks valge joon selle keskel kulgeva musta kriipsjoonega märgib kõigi hinnatud lehmikute keskmist.

KOKKUVÕTE EESTI HOLSTEINI TÕUGU LEHMİKUTE JA PULLIDE GENOOMARETUSVÄÄRTUSTEST

- 1) Nii genoomhinnatud eesti holsteini tõugu (EHF) lehmikute kui ka pullide hulgas eksisteerib kõigi hinnatud aretusväärtuste ja -indeksite osas valikute tegemiseks piisav geneetiline varieeruvus. Siiski on varieeruvus suhteliselt suurem piimajõudlusnäitajate ja väiksem tervisetunnuste osas. Kuna Eestis geneetilisi haigusriske (so haiguste aretusväärtuseid) veel ei hinnata, enamuse farmide puhul ei talletata andmebaasides ka loomade haiguste ja ravi andmeid, on loomade genoomiandmete alusel välismaal ülimahukate andmebaaside alusel arvatatud genoomaretusväärtused ainsad võimalused geneetiliste riskide populatsioonipõhise varieeruvuse ja individuaalsete geneetiliste riskide hindamiseks.
- 2) Enamus EHF lehmikute ja pullide genoomaretusväärtustest on kõrgemad kui baaspopulatsioonis (va välimikutunnuste osas, aga seal võivad rolli mängida välimikutunnuste pisut erinevad definitsioonid ja erinevad optimaalsed väärtused Eestis ja Saksamaal). See tähendab, et võrreldes Saksamaal aastatel 2014-2016 sündinud lehmadega on aastatel 2015-2019 sündinud EHF pullide ja aastatel 2018-2020 sündinud EHF lehmikute geneetiline potentsiaal kõrgem nii toodangu, karjaspüsivuse, sigivuse, poegimise kui ka tervise osas.
- 3) EHF pullide geneetiline varieeruvus on, hoolimata nende suhteliselt väikesest arvust ja eelvalikust, sama suur, kui populatsioonist juhuslikult valitud sama tõugu lehmikute geneetiline varieeruvus. Ehk siis genoomhinnatud pullid ei moodusta ühegi aretustunnuse osas lehmikutest homogeensemata gruppi – ükskõik, mis tunnus vaatluse alla võtta, leidub selle osas (sarnaselt lehmikutele) nii paremaid kui ka halvemaid pulle.
- 4) Võrreldes genoomhinnatud EHF lehmikutega on genoomhinnatud EHF pullide aretusväärtused pisut madalamad – seda just piima- ja rasvatoodangu, karjaspüsivuse ja sigivuse ning tervisetunnuste osas. Ühelt poolt saab seda seletada erinevusega sünniaastates – genoomhinnatud lehmikud (sünniaastatega 2018-2020) on pisut nooremad kui genoomhinnatud pullid (sünniaastatega 2015-2019) – ja sellest tulenevas loomulikus geneetilises progressis. Teisalt võib siin peegelduda välismaise aretusmaterjali (so importpullide) mõju.
- 5) Mitte ühegi tunnuse puhul ei leidu ühtegi tipp-pulli. Ega ka ühtki mistahes tunnuse osas väga kehva pulli. Küll on oma geneetilise potentsiaali poolest erandlikke loomi lehmikute hulgas. Kas just maailma, aga Eesti mastaabis kindlasti. Kuna lehmadele nende endi näitajate alusel aretusväärtuste hindamiseks tuleb aastad oodata ja ka siis ei ole hinnangute täpsus eriti kõrge, annavad noorloomadele hinnatud genoomaretusväärtused hea võimaluse mingi tunnuse – kas siis piimajõudluse või hoopis haigusriskide – osas erandlike loomade varajaseks tuvastamiseks.
- 6) Sama pulli tütarde genoomaretusväärtused on erinevad ning mistahes tunnuse puhul leidub nii kõrge kui ka madala aretusväärtusega pullide järglaste hulgas nii kõrge kui ka madala aretusväärtusega lehmikuid. Muidugi erinevas proportsioonis, aga ikkagi leidub. Kuna tavapäraste aretusväärtuste alusel on sama pulli tütardele pärandunud erinevate geenivariantide mõju võimalik hinnata alles aastate pärast, siis ei ole ka siin genoomaretusväärtustele alternatiivi.

- 7) Kõigi aretusväärtuste puhul eksisteerib nii erinevatest aretusotsustest tulenev erinevus farmide keskmiste tasemete vahel kui ka suuresti juhuslikust genoomide kombineerimisest tulenev farmide sisene varieeruvus. Viimane on suhteliselt sarnane kõigi farmide ja aretus-väärtuste puhul, näidates, et kõigis farmides leidub geneetiliselt potentsiaalilt erinevaid loomi mistahes üldise aretustunnuse osas.
- 8) Rohkem kui kolmandik EHF lehmikutest (34,9%) on β -kaseiini genotüübiga A2A2, mis on ka sagedaseim homosügootne genotüüp selles lookuses, ja alleeli A2 sagedus on 57,0%. Piima halvema laapumisega seotud κ -kaseiini E-alleeli sagedus on 11,0%, seejuures on E-alleeli suhtes homosügootseid lehmikuid 1,4%, ning piima laapumisega positiivselt seotud κ -kaseiini B-alleeli sagedus on 35,9% ja B-alleeli suhtes homosügootseid lehmikuid on 12,7%.

METOODIKA JA ANDMETE KIRJELDUS EESTI PUNANE TÕUG (EPK)

Projekti käigus genotüpiseeriti ja genoomhinnati 30 piimakarjast kokku 156 eesti punast tõugu (EPK) aastatel 2018-2020 sündinud lehmikut, kelle võõrtõugude (punasekirju holstein, šviits ja prantsuse punasekirju) veresus oli alla 50%. Analüüsid viidi läbi VikingGenetics's Roots, kus hinnati kõigile lehmikutele 41 genoomaretusväärtust ja -indeksit, sh ka Eestis mittehinnatavad sõratervise ja muude haiguste genoomaretusväärtused. Ülevaade EPK lehmikutele Roots, 2021. aasta algul hinnatud genoomaretusväärtustest ja -indeksitest on toodud tabelis 1. Juhul, kui hinnatud aretusväärtused/-indeksid on saadud mitmete erinevate aretusväärtuste kombinatsioonina, on ära toodud ka arvutusvalemid. Lisaks on esitatud Roots, hinnatud genoomaretusväärtuste kodumaised vasted või sarnased indeksid. Siinkohal on oluline märkida, et tegelikult hinnatakse VikingGenetics's vähemalt 3-4 korda rohkem aretusväärtusi, Eesti lehmikute genoomaretusväärtuste tabel sisaldab üksnes kokkuvõtlikke indekseid ja olulisemaid üksiktunnuste genoomaretusväärtuseid (näiteks arvutatakse sõratervise indeks kolme esimese laktatsiooni tarvis hinnatud seitsme sõra- ja jalahaiguste aretusväärtuse – so 21 aretusväärtuse – kombinatsioonina; suhteline udaraterwise aretusväärtus baseerub neljal kliinilise mastiidi aretusväärtusel, aga lisaks hinnatakse ka kolm somaatiliste rakkude aretusväärtust, mis hetkel üheski indeksis ei kajastu; jne).

Kõik genoomaretusväärtused (va suhteline koguaretusväärtus Nordic Total Merit Index NTM) on hinnatud punktiskaalal keskmisega ja standardhälbega baaspopulatsioonis vastavalt 100 ja 10 punkti. NTM puhul on keskmine 0 ja standardhälve 10 punkti. Seejuures võivad baaspopulatsioonid olla erinevate tunnuste puhul erinevad. Siiski, enamuse aretusväärtuste jaoks on baasloomadeks, kelle keskmine on 100 punkti, Põhjamaades (Soome-Rootsi-Taani) hindamisaastast 3-5 aastat varem (antud juhul aastatel 2015-2018) sündinud lehm, ja baasloomadeks, kelle standardhälve on 10 punkti, on Põhjamaades aastatel 1997 ja 1998 sündinud seemenduspullid. Täpsemalt infot aretusväärtuste ja -indeksite sisulise olemuse, nende taga olevate tunnuste ja hindamismetoodika kohta vt <https://www.nordicebv.info>.

Tabel 1. Eesti punast tõugu lehmikutele Rootsisis 2021. aasta alguses hinnatud genoomaretusväärtused ja -indeksid, viimaste arvutusvalemid ja Eestimaised vasted (kui on). Punasega on märgitud erinevate tunnusegruppide üldised indeksid.

Tunnused / indeksid (Eestimaine vaste, kui on)	Nimetus	Selgitus / arvutusvalem [#]
* Suhteline koguaretusväärtus (SKAV = 0,5*SPAV + 0,25*SSAV + 0,25*SVAV)	Net Total Merit Index, NTM	0,63*Toodang + 0,29*Funktsionaalsus + 0,06*Kehaehitus + 0,02*Söödakasutus (valemis olevad tunnustegruppide aretusväärtused arvutatakse kokku enam kui 15 üksiktunnuse baasil)
Toodang		
* Piimatoodang, kg	Milk Index	0,30*EBV _{milk1} +0,25*EBV _{milk2} +0,45*EBV _{milk3}
* Rasvatoodang, kg	Fat Index	0,30*EBV _{fat1} +0,25*EBV _{fat2} +0,45*EBV _{fat3}
* Valgutoodang, kg	Protein Index	0,30*EBV _{protein1} +0,25*EBV _{protein2} +0,45*EBV _{protein3} (alaindeksid näitavaid erinevate laktatsioonide aretusväärtuseid)
* Suhteline piimajõudluse üldaretusväärtus (SPAV = 0,1*AV _{Rasv, kg} + 0,4*AV _{Valk, kg})	Yield	-0,25*Milk Index + 0,55*Fat Index + 0,70*Protein Index
Somaatiliste rakkude arv / udara tervis		
* Suhteline udara tervise üldaretusväärtus (SSAV)	Udder health	0,15*CM11+0,15*CM12+0,25*CM2+0,45*CM3 ; CM11 ja CM12 – kliinilise mastiidi esinemine - 15. kuni 50. päeval ja 51. kuni 305. päeval esimesest poegimisest, CM2 ja CM3 – kliinilise mastiidi esinemine -15. kuni 150. päeval teisest ja kolmandast poegimisest.
Karjas püsivus		
* Suhteline tootliku aja üldaretusväärtus (STAV)	Longevity	Päevade arv 1. poegimisest 3. laktatsiooni lõpuni.
* Suhteline lüpsikarja jõudmise aretusväärtus (SLAV) / Suhteline noorkarja elujõulisuse aretusväärtus	Young-stock survival	3,40*HP1+4,06*HP2+1,89*BP1+2,96*BP2; HP1 ja HP2 – lehmvasikate elumus vanuses 1-30 ja 31-458 päeva, BP1 ja BP2 – pullvasikate elumus vanuses 1-30 ja 31-183 päeva.
Välimik		
- Piimatüüp	Dairy form	Üldtunnused
+ Kere	Frame	

+ Jalad	Feet and legs	
+ Udar	Udder	
+ Suurus	Stature	Lineaarsed tunnused – kere
+ Rinna laius	Chest width	
+ Kere sügavus	Body depth	
– Seljajoon	Top line	
+ Laudja sirgus	Rump angle	
+ Laudja laius	Rump width	
+ Tagajalad küljelt	Rear legs, side view	Lineaarsed tunnused – jalad
– Tagajalad tagant	Rear legs, rear view	
+ Sõranurk	Foot angle	
– Kanna kvaliteet	Hock quality	
– Kanna kvaliteet	Bone quality	
+ Eesudara kinnitus	Fore udder attachment	Lineaarsed tunnused – udar
+ Tagaudara kinnitus	Rear udder height	
– Tagaudara laius	Rear udder width	
+ Keskside	Suspensory ligament	
+ Udarapõhja kõrgus	Udder depth	
* Nisade pikkus	Teat length	
+ Esinisade asetus	Front teat placement	
+ Taganisade asetus	Rear teat attachment	
– Nisa jämedus	Teat thickness	
– Udara tasakaal	Udder balance	

Tabel 1 jätkub.

Tunnused / indeksid (Eestimaine vaste, kui on)	Nimetus	Selgitus / arvutusvalem #
Lüpsitunnused		
+ Lüpsikiiruse indeks	Milking speed	
+ Temperament	Temperament	
Tiinestumine		
* Suhteline tiinestumise indeks	Fertility	$0,61*IFL0 + 0,56*ICF1-3 + 1,78*IFL1-3$ $+ 10,14*AISO + 27,24*AIS1-3;$ AIS – seemenduste arv (0=mullikad, 1-3=lehmad), ICF – päevade arv poegimisest esimese seemenduseni (lehmad), IFL – seemendusperioodi pikkus (0=mullikad, 1-3=lehmad).
Poegimine		
* Suhteline poegimise üldaretusväärtus, emapoolne	Calving, maternal	$201*SU_1 + 11,35*CE_1 + 337*SU_{\geq 2} + 15,62*CE_{\geq 2};$ SU_1 ja $SU_{\geq 2}$ – vasika elussünd (poegimisel mullikana ja lehmana), CE_1 ja $CE_{\geq 2}$ – poegimiskergus (poegimisel mullikana ja lehmana), vastavalt emapoolsed ja otsesed aretusväärtused.
* Suhteline poegimise üldaretusväärtus, otsene	Calving, direct	
Tervis		
– Sõratervise indeks	Claw Health Index ^h	$0,0525*SU + 0,0679*SH + 0,0697*HH$ $+ 0,0473*DE + 0,0183*SP + 0,0091*WLS + 0,0146*CSC;$ SU – tallahaavand, SH – talla verevalum, HH – päka erosioon, DE – digitaalne dermatiit, interdigitaalne e pindmine dermatiit, SP – verrukoosne dermatiit, interdigitaalne hüperplaasia, WLS – topeltald, valgejoone haigus, CSC – korgitser.
– Suhteline tervise üldaretusväärtus	General Health Index ^h	$2,04*ERP + 1,78*LRP + 3,12*OMB$ $+ 1,45*KET + 1,57*FLP;$ ERP – sigimisprobleemid (0-40 lüpsipäeval), LRP – sigimisprobleemid (41-305 lüpsipäeval), OMB – ainevahetushaigused, KET – ketoos, FLP – jalgade ja sõrgade probleemid.
Juurdekasv		
– Suhteline pulliku kasvukiiruse aretusväärtus	Growth Index	$111,4*CGS + 111,4*CGL + 13,6*CS;$ CGS – ööpäevane massi-iive lühikese nuumaperioodi (kuni 550 päeva) kestel, CGL – ööpäevane massi-iive pika nuumaperioodi (üle 550 päeva) kestel, CS – rümba lihaku (EUROP-klassifikatsiooni kohaselt).

Kõik genoomaretusväärtused (va suhteline koguaretusväärtus NTM) on hinnatud punktiskaalal, kus baasloomadeks, kelle keskmine on 100 punkti, on Põhjamaades (Soome-Rootsi-Taani) aastatel 2015-2018 sündinud lehmad, ja baasloomadeks, kelle standardhälve on 10 punkti, on Põhjamaades aastatel 1997 ja 1998 sündinud seemenduspullid. NTM puhul on keskmine 0 ja standardhälve 10 punkti. Täpsemalt vt <https://www.nordicebv.info>.

¤ Arvutatakse eraldi laktatsioonide 1-3 tarvis, mis summeeritakse ühte indeksisse kaaludega 0,30, 0,25 ja 0,45.

+, *, – märgivad vastavalt tunnuseid ja indekseid, mida hinnatakse ka Eestis (+, kuigi enamasti ei ole tunnuste definitsioon ja/või hindamismudel täpselt samad), millega sisuliselt samasuguseid tunnuseid või indekseid hinnatakse Eestis (*) ja mida Eestis ei hinnata (–).

ÜLEVAADE EPK LEHMIKUTE GENEETILISEST POTENTIAALIST JA VARIEERUVUSEST GENOOMARETUSVÄÄRTUSTE ALUSEL

Ülevaade EPK lehmikutele hinnatud genoomaretusväärtustest on esitatud joonistel 1 kuni 6.

Põhjamaade skaalal hinnatud koguaretusväärtuse osas ei erine EPK lehmikud Põhjamaade punast tõugu piimalehmadest kuigivõrd – keskmine aretusväärtus on pisut kõrgem kui 3-5 aastat tagasi sündinud Põhjamaade lehmadel ja varieeruvus on sama suurusjärku (joonis 1A). See tähendab, et koguaretusväärtuse osas ilmneb mõningane geneetiline progress – nooremad loomad on keskmiselt paremad – ja samas eksisteerib normaalne populatsioonisisene varieeruvus – ka tulevikus on võimalik aretusega populatsiooni geneetilist struktuuri muuta. Koguaretusväärtuste jaotuse kaks küüru vastavad täpsema analüüsi kohaselt erineva sünnimaaga isade tütardele (joonis 1B) – Eesti päritolu isade tütarde koguaretusväärtused on keskmiselt madalamad, kui Soome-Rootsi-Taani päritolu isade tütarde koguaretusväärtused. Siiski ei on ka selles erinevuses oma nüansid, nimelt ilmnevad madalama ja kõrgema koguaretusväärtusega lehmikute grupid ka isa päritolumaade kaupa, seda eriti selgelt Rootsist pärit isade korral.

Erinevaid tunnusegruppe summeerivate genoomaretusväärtuste analüüsitulemustest (joonised 2 ja 3) hakkavad silma järgmised aspektid.

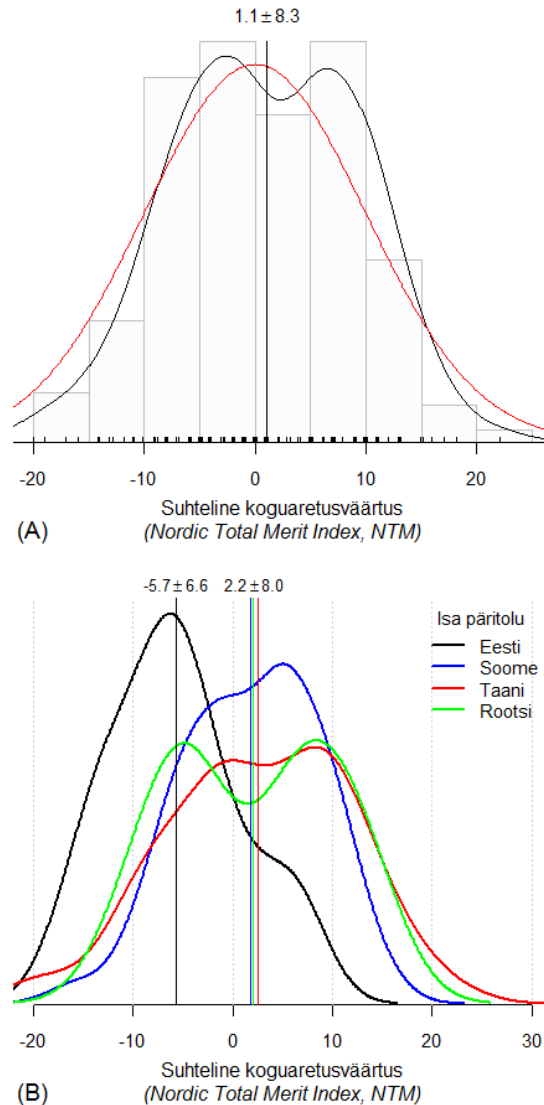
1) Sarnaselt koguaretusväärtustele jagunevad lehmikud kahte gruppi ka suhtelise piimajõudluse aretusväärtuse osas – on kõrgema ja on madalama piimajõudluse potentsiaaliga loomad. Siiski ei peegelda see esmapilgul loogilisena tunduvat seost koguaretusväärtuste jaotusega (moodustab ju suhteline piimajõudluse aretusväärtus koguaretusväärtusest 63%), kus eristusid Eesti ja Põhjamaade päritolu isade tütreid. Joonise 3 alusel on erineva päritoluga isade tütarde keskmised piimajõudluse aretusväärtused suhteliselt sarnased. Küll aga eristuvad kaks gruppi kõigi isade päritolumaade puhul, tänu millele joonistuvad kaks gruppi välja ka kokkuvõttes.

2) Teistest üldaretusväärtustest-indeksitest selgelt suuremate väärtustega on suhteline noorkarja elujõulisuse aretusväärtus, mis mõõdab loomade geneetilist potentsiaali püsida karjas kuni täisealiseks saamiseni. Samas loomade tootliku aja üldaretusväärtuse osas on olukord keskpärane (aga mitte halb).

3) Negatiivse poole pealt eristuvad terviseriskidega seotud üldaretusväärtused – suhteline udaraterivise üldaretusväärtus, suhteline tervise üldaretusväärtus ja eelkõige sõraterivise indeks. Viitab see sellele, et pullide valikul ei ole eriti palju juhitud nende poolt järglastele pärandatavatest terviseriskidest (Eestis vastavaid aretusväärtusi ka ei hinnata). Eraldi huvitav on sõraterivise indeks, mille väärtused on keskmiselt kehvemapoolsed, aga mille osas leidub suhteliselt suurel hulgal ka väga madala geneetilise jala- ja sõrahaiguste riskiga (ehk kõrge aretusväärtusega) lehmikuid – selle indeksi varieeruvus ja seeläbi ka EPK lehmikute vastav geneetiline mitmekesisus on selgelt kõige suurem.

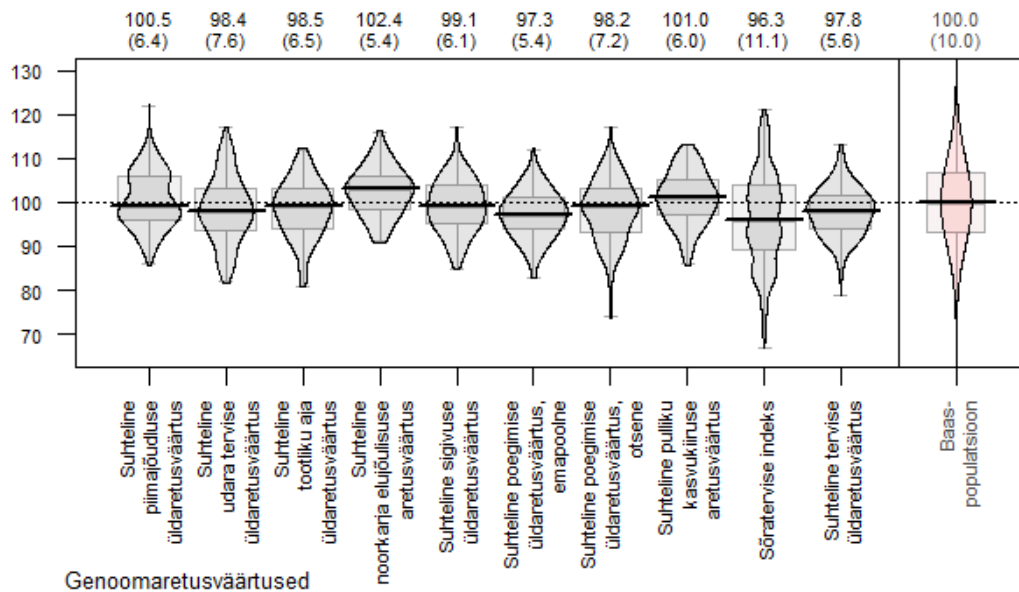
4) Eesti päritolu pullide tütreid eristuvad eelkõige suhteliste udara tervise, tootliku aja, sigivuse ja poegimise aretusväärtuste poolest – kõigi nende puhul on Eesti päritolu pullide tütarde keskmine geneetiline potentsiaal madalam (joonis 3). Ja just see erinevus tingib Eesti

ja Põhjamaade päritolu pullide tütarde erinevuse koguaretusväärtuse kontekstis – funktsionaalsete tunnuste aretusväärtused moodustavad 29% koguaretusväärtusest. Samas on Eesti päritolu pullide tütarde keskmisest kõrgem pulliku kasvukiiruse aretusväärtus.

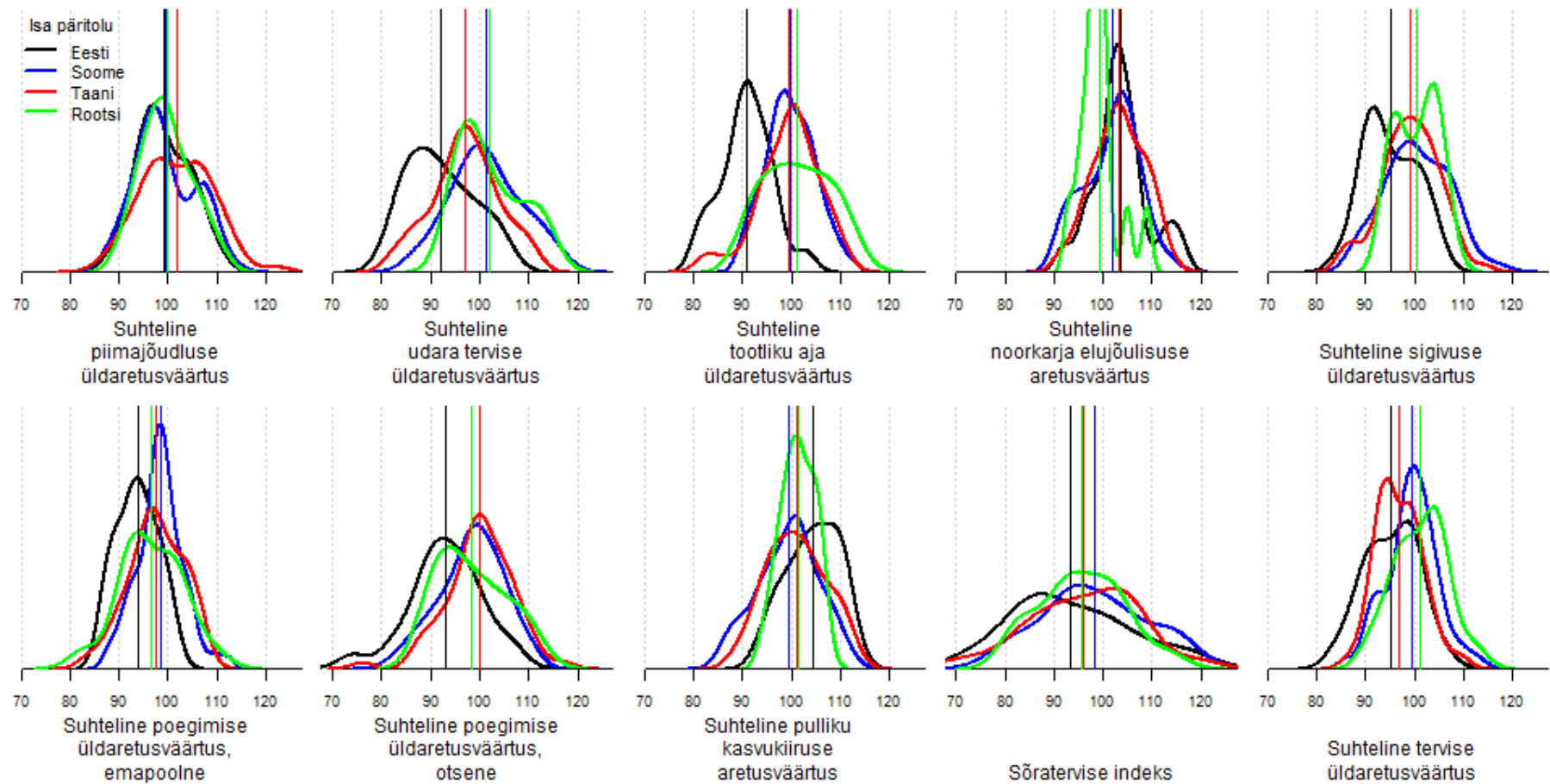


Joonis 1. (A) Suhtelise koguaretusväärtuse jaotus kõigil analüüsitud eesti punast tõugu lehmikutel ($n=156$, must joon ja taustal olev histogramm), väikesed mustad kriipsud x-telje kohal näitavad üksikuid loomi, punase joonega on märgitud koguaretusväärtuse jaotus baaspopulatsioonis (baas-loomadeks, kelle keskmine on 0 punkti, on Põhjamaades aastatel 2015-2018 sündinud lehmad, ja baasloomadeks, kelle standardhälve on 10 punkti, on Põhjamaades aastatel 1997 ja 1998 sündinud seemenduspullid). (B) Suhtelise koguaretusväärtuse jaotus eesti punast tõugu lehmikutel sõltuvalt isa päritolust. Mõlemal

joonisel on arvuliselt välja toodud aretusväärtuste keskmine ja standardhälve (joonisel B on importpullide järglased kõik kokku võetud).

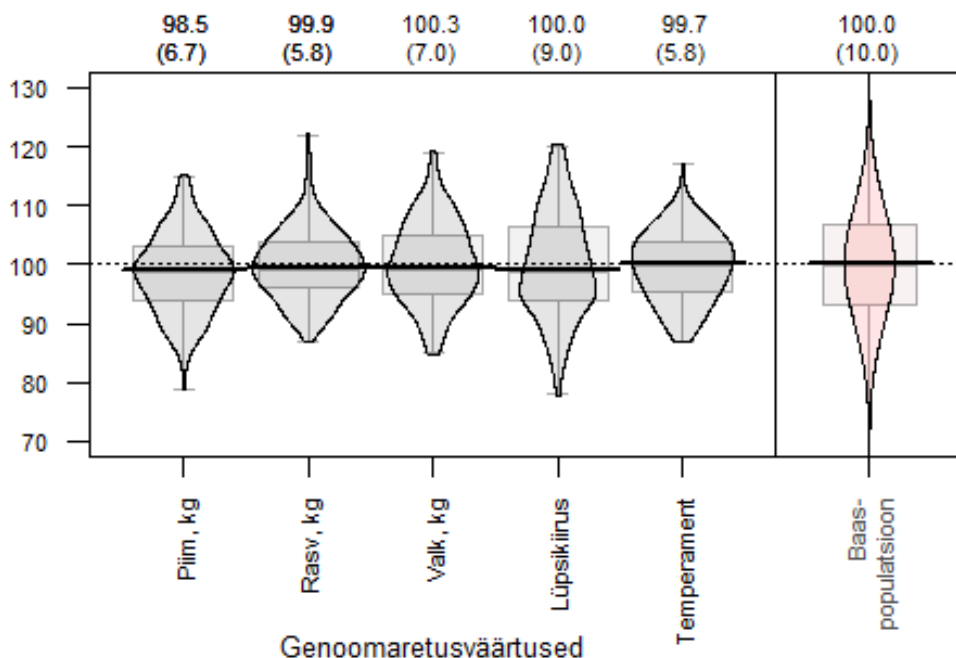


Joonis 2. Eesti punast tõugu lehmikute (n=156) erinevaid tunnusegruppe summeerivad genoom-aretusväärtused. Esitatud on aretusväärtuste jaotus, keskmise 50% aretusväärtuste paiknemine (taustal olev hall kast) ja mediaan (mustad horisontaaljooned), arvuliselt on joonise kohal välja toodud aretusväärtuste keskmised ja standardhälbed. Võrdluseks on esitatud aretusväärtuste jaotus baaspopulatsioonis (baasloomadeks, kelle keskmine on 100 punkti, on Põhjamaades aastatel 2015-2018 sündinud lehmad, ja baasloomadeks, kelle standardhälve on 10 punkti, on Põhjamaades aastatel 1997 ja 1998 sündinud seemenduspullid).



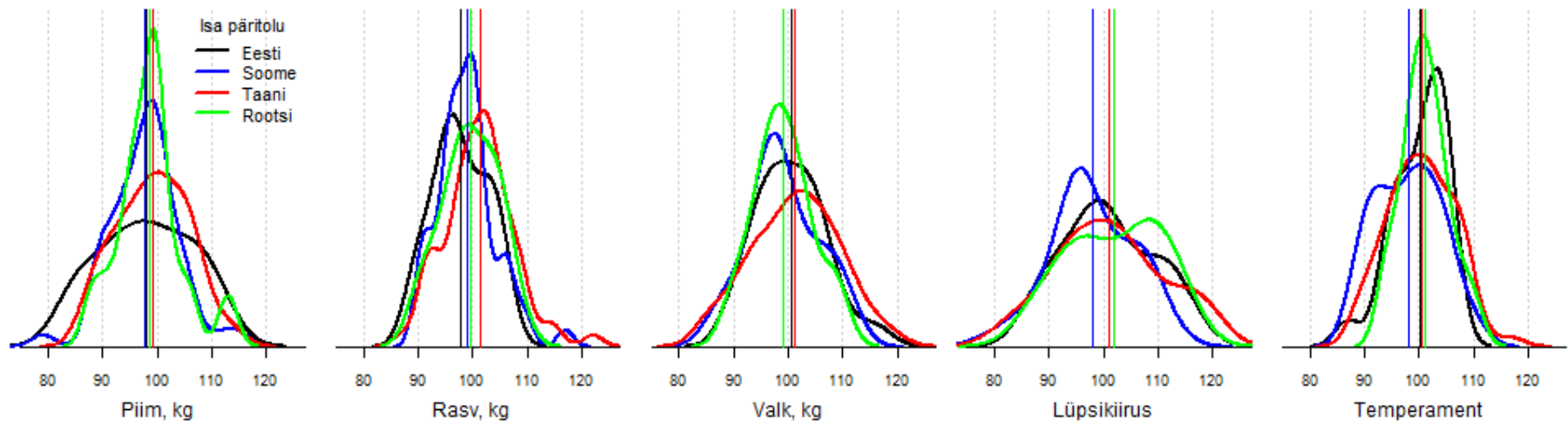
Joonis 3. Eesti punast tõugu lehmikute erinevaid tunnusegruppe summeerivate genoom-aretusväärtuste jaotus isa päritolumaa järgi. Vertikaalsed jooned märgivad erineva päritoluga isade tütarde keskmisi.

Piimajõudlusnäitajate ja lüpsitunnuste genoomaretusväärtuste jaotus on ootuspärane (joonis 4). Piimatoodangu osas on EPK lehmikute keskmine geneetiline potentsiaal küll pisut madalam, aga 1,5-punktiline erinevus tähendab hinnanguliselt 105 kg laktatsioonitoodangus (<https://nordic.mloy.fi/NAVBull/Phenotypes/ENG/RDC>). Samas paremate ja halvemate lehmikute oodatav laktatsioonitoodang erineb peaaegu 2500 kg võrra (erinevus ~35 punkti). Märkimisväärseid erinevusi ei ilmne ka erineva päritoluga isade tütarde vahel (joonis 5).

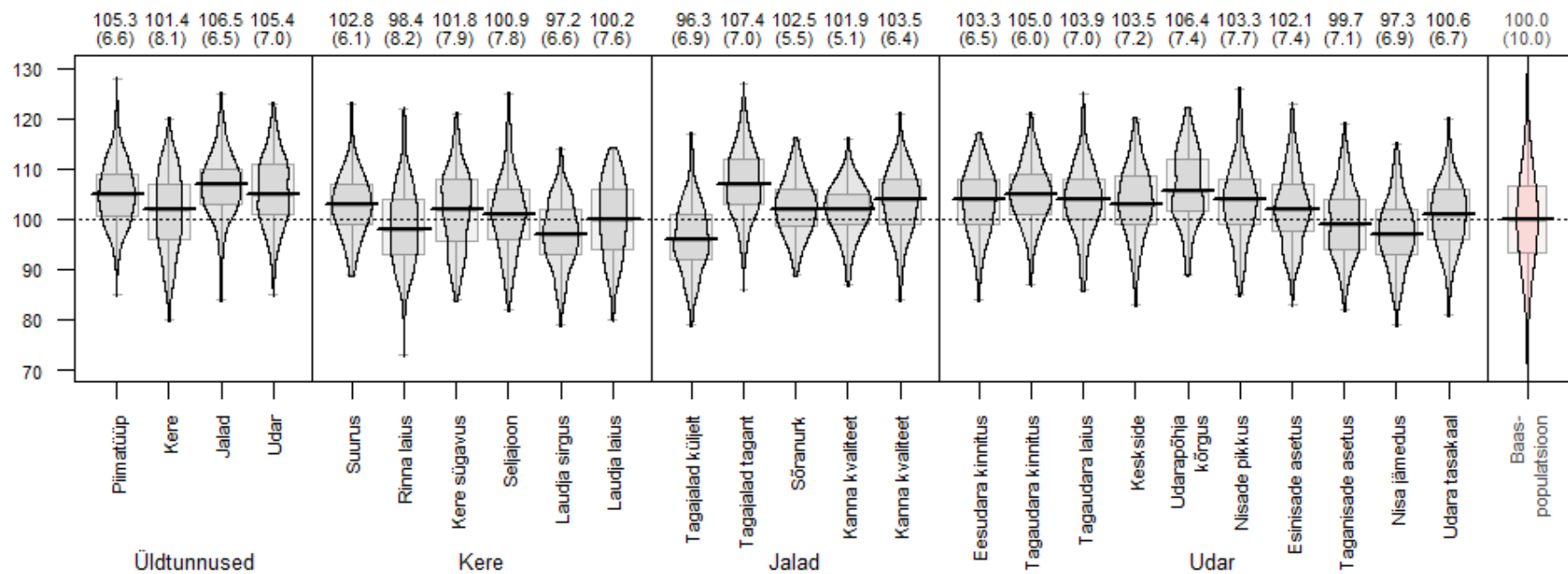


Joonis 4. Eesti punast tõugu lehmikute (n=156) piimajõudlusnäitajate ja lüpsitunnuste genoom-aretusväärtuste jaotus. Taustal olev hall kast näitab keskmise 50% aretusväärtuste paiknemist ja must horisontaaljoon mediaani, arvuliselt on joonise kohal välja toodud aretusväärtuste keskmised ja standardhälbed. Võrdluseks on esitatud aretusväärtuste jaotus baaspopulatsioonis (baasloomadeks, kelle keskmine on 100 punkti, on Põhjamaades aastatel 2015-2018 sündinud lehmad, ja baasloomadeks, kelle standardhälve on 10 punkti, on Põhjamaades aastatel 1997 ja 1998 sündinud seemenduspullid).

Välimikutunnuste genoomaretusväärtuste (Joonis 6) varieeruvus on sama suurusjärku, mis viitab sellele, et otsest suunatud valikut ei ole teostatud ühegi tunnuse osas ja vajadusel on oma populatsioonist võtta mistahes välimikutunnust mistahes suunas muutvaid vanemloomi. See, miks mõnede välimikutunnuste aretusväärtused paiknevad rohkem ülevalpool ja mõnede välimikutunnuste aretusväärtused rohkem allpool 100-punkti piiri, võib viidata eesti punast tõugu veiste kasvatajate eelistustele, aga pigem peegeldab see erinevate välimikutunnuste erinevaid definitsioone meil ja Põhjamaades ning eelkõige võimalikke erinevusi välimikutunnuste optimaalsetes väärtustes (Põhjamaades hinnatavad välimikutunnuste aretusväärtused näitavad geneetilist erinevust kokkuleppelisest optimumist).

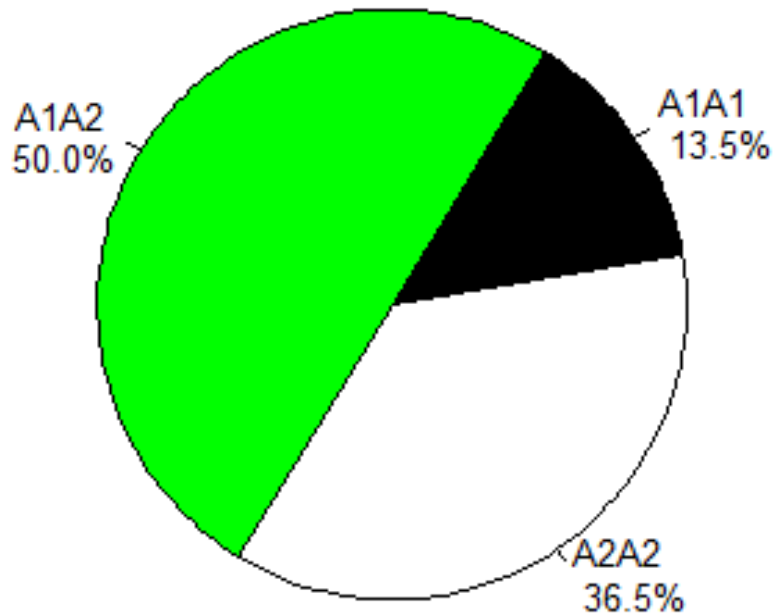


Joonis 5. Eesti punast tõugu lehmikute piimajõudlusnäitajate ja lüpsitunnuste genoom-aretusväärtuste jaotus isa päritoluma järgi. Vertikaalsed jooned märgivad erineva päritoluga isade tütarde keskmisi.



Joonis 6. Eesti punast tõugu lehmikute (n=156) välimikutunnuste genomaretusväärtuste jaotus. Taustal olev hall kast näitab keskmise 50% aretusväärtuste paiknemist ja must horisontaaljoon mediaani, arvuliselt on joonise kohal välja toodud aretusväärtuste keskmised ja standardhälbed. Võrdluseks on esitatud aretusväärtuste jaotus baaspopulatsioonis (baasloomadeks, kelle keskmine on 0 punkti, on Põhjamaades aastatel 2015-2018 sündinud lehmad, ja baasloomadeks, kelle standardhälve on 100 punkti, on Põhjamaades aastatel 1997 ja 1998 sündinud seemenduspullid).

Uuritud eesti punast tõugu lehmikute β -kaseiini genotüüpide jaotus on toodud joonisel 7. Kuigi pooled kõigist lehmikutest ($n=78$) on heterosügootid, on A1- ja A2-alleelide suhtes homosügootsete lehmikute osakaalud selgelt erinevad. Alleeli A2 suhtes homosügootseid lehmikuid on 36,5% ($n=57$) ja alleeli A1 suhtes homosügootseid lehmikuid vaid 13,5% ($n=21$).



Joonis 7. Eesti punast tõugu lehmikute ($n=156$) jaotus nende β -kaseiini genotüübi alusel.

KOKKUVÕTE EESTI PUNAST TÕUGU LEHMIKUTE GENOOMARETUS VÄÄRTUSTEST

- 1) Genoomhinnatud eesti punast tõugu (EPK) lehmikute hulgas eksisteerib kõigi hinnatud aretusväärtuste ja -indeksite osas valikute tegemiseks piisav geneetiline varieeruvus. Siiski on varieeruvus suhteliselt suurem piimajõudlusnäitajate ja väiksem tervisetunnuste osas. Kuna Eestis geneetilisi haigusriske (so haiguste aretusväärtuseid) veel ei hinnata, enamuse farmide puhul ei talletata andmebaasides ka loomade haiguste ja ravi andmeid, on loomade genoomiandmete alusel välismaal ülimahukate andmebaaside alusel arvatud genoomaretusväärtused ainsad võimalused geneetiliste riskide populatsioonipõhise varieeruvuse ja individuaalsete geneetiliste riskide hindamiseks.
- 2) Võrreldes Põhjamaadega on EPK lehmikutel madalamad terviseriskidega seotud üldaretusväärtused – suhteline udaraterwise üldaretusväärtus, suhteline tervise üldaretusväärtus ja eelkõige sõraterwise indeks. Viitab see sellele, et pullide valikul ei ole eriti palju juhitud nende poolt järglastele pärandatavatest terviseriskidest. Samas on keskmine noorkarja elujõulisuse aretusväärtus (mõõdab loomade geneetilist potentsiaali püsida karjas kuni täisealiseks saamiseni) EPK lehmikutel kõrgem.
- 3) Sõraterwise indeksi keskmine väärtus on küll kehvemapoolne, aga varieeruvus on 1,5-2 korda suurem, kui teistel aretusväärtustel ja -indeksitel. See tähendab, et EPK lehmikute hulgas leidub suhteliselt suurel hulgal ka väga madala geneetilise jala- ja sõrahaiguste riskiga (ehk kõrge aretusväärtusega) lehmikuid, aga ka üksjagu ülimalt suure geneetilise riskiga lehmikuid. Hetkel nende varajaseks tuvastamiseks peale genoomaretusväärtuste võimalusi pole.
- 4) Paljude aretusväärtuste osas jagunevad EPK lehmikud kahte gruppi, kusjuures suhtelise koguaretusväärtuse, suhteliste udara tervise, tootliku aja, sigivuse ja poegimise aretusväärtuste osas jookseb piir ligikaudu Eesti päritolu pullide järglaste ja Põhjamaade päritolu pullide järglaste vahelt – Eesti päritolu pullide tütarde keskmine geneetiline potentsiaal on madalam.
- 5) Suhtelise piimajõudluse aretusväärtuse osas – kus samuti eristuvad kõrgema ja madalama piimajõudluse potentsiaaliga loomade grupid – on erineva päritoluga isade tütarde keskmised suhteliselt sarnased. Küll aga on suhtelise piimajõudluse aretusväärtuse jaotused bimodaalsed (nõ kahe küüruga) kõigi isade päritolumaade puhul. Et sarnane trend ilmneb pisut nõrgamalt ka paljude teiste aretusväärtuste puhul, peegeldab see mingit üldisemat suundumust punaste tõugude aretuses.
- 6) Rohkem kui kolmandik EPK lehmikutest (36,5%) on β -kaseiini genotüübiga A2A2, mis on ka sagedaseim homosügootne genotüüp selles lookuses.

SOOVITUSED

Analüüsist selgub vajadus juurutada farmides ja sellega kaasnevalt ka jõudluskontrollis terviseväärtuste hindamine. Haigusriskide (so haiguste aretusväärtuseid) hindamiseks tuleks talletata andmebaasides ka loomade haiguste ja ravi andmeid. Sinnamaani on loomade genoomiandmete alusel välismaal ülimahukate andmebaaside alusel arvatud genoomaretusväärtused ainsad võimalused geneetiliste riskide populatsioonipõhise varieeruvuse ja individuaalsete geneetiliste riskide hindamiseks.

Püsivalt registreeritavad andmed võiksid olla:

- Sõratervise tunnused
- Mastiit
- Ainevahetushaigused

Kuvada EPJ programmis Vissuke soovitused väärtuste hindamisele, kuna tunnused eri riikides on erinevad

Eraldi küsimus, kas on vaja ka sisse seada Eesti indeksite (aretusväärtuste) uuendamine, mis võiks toimuda näiteks iga 5 aasta tagant. See on vajalik mitte ainult koostöö tarvis vaid tarvilik ka loomakasvatajatele ning aretajatele eri loommaterjali soetamisel ning tulemuste hindamisel

LISA 1 PROGRAMMIS VISSUKE GENOOMHINNATUD LOOMA INFO KUVAMISE NÄIDISED

Karjasolevad genoomhinnatud lehmikud

Reg. nr.	Inv. nr.	Nimi	Allikas	SKAV	Euro	Piim	Piimarasv	Piimavalk	Rasva %	Valgu %	SPAV	SSAV	Piimatüüp	Tüüp	Jalad	Udar	SVAV	Tootlik aeg
EI	1333		VIT	111	726	-109	33	20	,38	,24	117	100	96	96	92	96	92	98
EE	1365	Viking		17							112		104	112	99	104		108
EE	1455	Viking		-5							95		94	105	99	103		92
EE	1588	Viking		5							100		111	96	119	104		112
EE	1597	Viking		9							106		96	97	101	101		94
EE	1603	VIT		117	952	-204	39	6	,55	,15	112	115	86	84	105	93	91	109
EE	6214	VIT		113	807	401	17	15	,01	,01	111	108	100	96	93	102	96	105
EE	6318	VIT		112	696	-344	30	1	,46	,13	108	126	93	106	97	85	90	111
EE	6394	VIT		126	1120	303	42	19	,3	,08	119	107	117	103	106	116	116	113
EE	7019	VIT		118	884	798	-4	20	-,33	-,07	109	110	94	99	108	101	103	115
EE	7201	Viking		-17							96		104	114	94	100		84
EE	7218	VIT		105	191	-645	-13	-7	,13	,17	94	115	93	98	102	109	105	109
EE	7279	Viking		13							108		99	105	119	110		101

EE VikingGenetics genoomhinded

Tunnus	Väärtus	Tunnus	Väärtus
Hinnatud	02.03.2021	SKAV	17
VG_Piim	104	VG_Piimarasv	113
VG_Piimavalk	108	SPAV	112
Piimatüüp	104	Tüüp	112
Jalad	99	Udar	104
Tootlik aeg	108	Sigivus	102
Suurus	107	Rinna laius	110
Kere sügavus	109	Laudja sirgus	99
Laudja laius	108	Sõranurk	111
Kanna kvaliteet	94	Tagajalad tagant	100
Tagajalad küljelt	80	Tagaudara kõrgus	105
Keskside	113	Esinisade asetus	99
Taganisade asetus	99	Eesudara kinnitus	109
Udarapõhja kõrgus	114	Esinisade pikkus	91
Lüpsikiirus	118	Elussünd isapoolne	107
Poegimisvõime isapoolne	104	Poegimisvõime emapoolne	100
Sarvilisus	Horned	Kappa kaseiinitüübid	
BLAD	Free	HH1	Free
HH3	Free	HH6	Free
HH7	Free	Kolesterooli defitsiidi sündroom	PossibleFree
Beeta kaseiinitüübid	BetacaseinA1A2	Kasv	111
Udara tervis	103	Muud haigused	100
Sõra tervis	108	Noorkarja elujõulisus	95
Seljoon	103	Luustiku kvaliteet	97
Tagaudara laius	98	Nisa jämedus	92
Udara tasakaal	94	SMA	Free
WE	PossibleFree	JH1	Free
BTA12	Free	BTA23	Free
PIRM	Free	AMC	PossibleFree
ARMC3	PossibleCarrier	RP1	Free
AH2	Free		

Sulge