

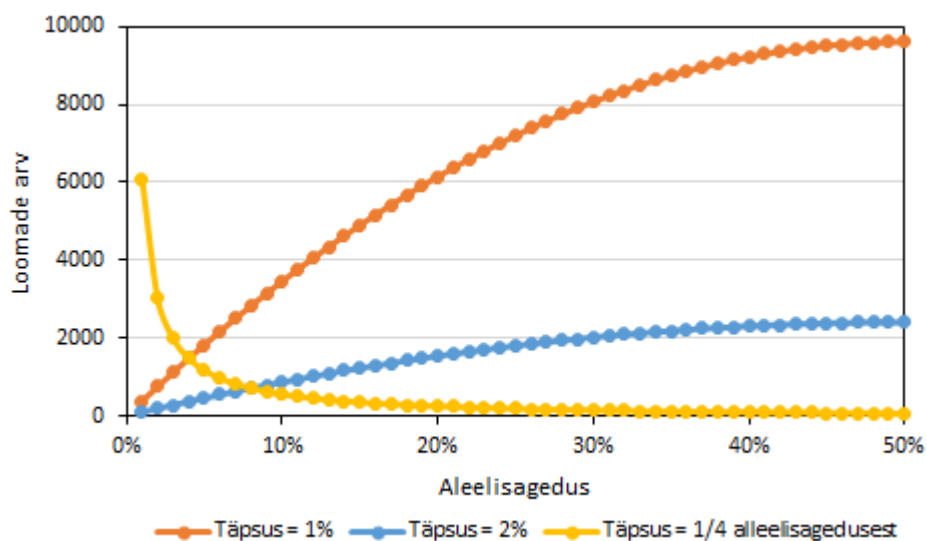
Uue Ida- ja/või Põhja-Euroopa genoomselektiooni konsortsiumi loomise eeluuring. Eesti piimaveiste genoomaretusväärtusel põhineva hindamissüsteemi ettevalmistamine.

Eesti holsteini tõugu lehmikute valimi koostamine genotüpiseerimiseks. (projekti IV osa). II etapi tööd (veebruar - kuni juuni 2019.a.).

1. Genotüpiseeritavate loomade koguarv

Välismaal läbi viidud teadusuuringud keskenduvad genotüpiseeritavate isas- ja emasloomade valiku strateegiatele aretusedu ja valiku täpsuse seisukohalt (vt näiteks Granleese, T.; Samuel, A. C.; van der Werf, J, H, V. (2019). Genotyping strategies of selection candidates in livestock breeding programs. Journal of Animal Breeding and Genetics, 136(2), 91-101). 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. Joonisel 1 on näidatud, kui palju peaks olema populatsioonist juhuslikult valitud genotüpiseeritavaid loomi vastavalt 1% ja 2%-lise täpsuse saavutamiseks erinevate tegelike alleelisageduste korral. Kuna täpsus $\pm 1\%$ tähendab alleelisageduse 0,05 (ehk 5%) korral hoopiski midagi muud kui alleelisageduse 0,45 (45%) korral, on mõistlikum rääkida suhtelisest täpsusest – näiteks täpsusest $\frac{1}{4}$ tegelikust alleelisagedusest (alleelisageduse 5% korral oleks siis täpsus 1,25% ja alleelisageduse 45% korral 10,125%). Kui genotüpiseerida 2000 mullikat, kes moodustavad ligikaudu 10% mullikate koguarvust, siis peaks seeläbi saama piisavalt täpselt hinnata alleelisagedusi vahemikus 5-95%, mis on näiteks standardseks piiriks alleelide kaasamisel ülegenoomsetesse assotsiatsiooniuringutesse.



Joonis 1. Alleelisageduste hindamise täpsus sõltuvalt genotüpiseeritud loomade arvust.

2. Loomade ja farmide valik

See, milliseid farme ja eelkõige loomi genotüpiseerimiseks valida, sõltub suuresti genotüpiseerimise eesmärkidest. Kui eesmärk on saada infot Eesti piimaveiste geneetilise taseme kohta võrreldes teiste riikidega ja geneetilise varieeruvuse kohta (sh piima kuivaine sisalduse, sigivuse ja karjas püsivuses osas), on kõige mõistlikum loomade juhuvalik suurematest farmidest. Näiteks 100-st suuremast farmist. Nende farmide mullikad moodustavad enam kui 80% kõigist Eesti mullikatest. Kuna loomade geneetiline varieeruvus farmide vahel on väike – näiteks suhtelise piimajõudluse aretusväärtuse ja põlvnemisindeksi puhul moodustab farmide vaheline erinevus vaid ligikaudu 4% kogu variatsioonist – piisaks ka vaid 50 suurema farmi loomade genotüpiseerimisest. Üks võimalik variant, kui palju loomi ja millistest farmidest genotüpiseerida, on esitatud tabelis 1. Seal toodud arvud baseeruvad aastail 2017 ja 2018 sündinud lehmvasikatel, aga ei tohiks palju erineda ka aastal 2019.

Tabeli 1. 100 suurimat farmi ja genotüpiseerimiseks valitavate loomade arv juhul, kui valida loomi 100-st farmist, ning juhul, kui valida loomi 50-st farmist. Genotüpiseeritavate loomade arv kokku on 2000.

Farmi kood	Loomade arv 100	Loomade arv 50	617	20	28	1304	13	-
721	100	141	442	19	27	118	12	-
704	66	92	402	19	27	114	12	-
918	61	86	712	19	27	1236	12	-
1417	56	79	907	19	27	1017	11	-
702	50	70	1231	19	26	1094	11	-
930	47	65	426	19	26	707	11	-
413	45	64	430	19	26	1524	11	-
952	44	62	404	18	25	509	10	-
1224	37	52	915	18	25	1055	10	-
808	37	52	511	18	25	1013	10	-
504	35	49	439	18	25	8021	10	-
1150	33	47	711	18	25	1234	10	-
1123	32	45	821	18	25	236	10	-
1108	30	42	744	18	25	225	9	-
1023	28	39	806	18	24	233	9	-
1496	28	39	730	17	24	1077	9	-
421	28	39	1114	17	-	1274	9	-
713	27	37	1403	17	-	7636	9	-
241	25	36	1001	17	-	203	9	-
1317	25	35	1206	17	-	1020	9	-
714	25	35	7637	17	-	1032	8	-
1015	25	35	717	16	-	1466	8	-
1101	23	33	1010	16	-	261	8	-
719	23	33	718	16	-	1049	8	-
407	21	30	403	15	-	7741	8	-
1505	21	29	803	15	-	502	8	-
1041	21	29	950	15	-	136	8	-
1003	20	28	1021	15	-	244	7	-
2501	20	28	1204	14	-	1211	7	-
1095	20	28	920	14	-	7720	7	-
259	20	28	716	14	-	1223	7	-
1130	20	28	1510	13	-			-
			726	13	-			-

- Kui eesmärk on kõigi Eesti piimaveiste või ka üksikute farmide geneetilise potentsiaali keskmise taseme ja varieeruvuse hindamine, tuleks genotüpiseeritavad loomad farmides valida juhuslikult.
- Kui eesmärgiks on maksimaalse geneetilise varieeruvuse hindamine, peaksid genotüpiseeritavad loomad olema võimaluse korral erinevate isade järglased.
- Kui eesmärgiks on mingi tunnuse (näiteks piima kuivainesisalduse, sigivuse või karjas püsivuse) osas geneetiliselt potentsiaalilt parimate loomade tuvastamine, tuleks genotüpiseerimiseks valida nende tunnuste osas teadaoleva informatsiooni (vanemate aretusväärtuste) parimad loomad.
- Kui eesmärgiks on tuvastada DNA piirkondi, mis assotsieeruvad mingi tunnusega, tuleks genotüpiseerimiseks valida (võimaluse korral) suguluses mitte olevad loomad antud tunnuse äärmustest – pooled loomad kehva ja pooled loomad hea sigivusega (või sigivuse aretusväärtusega/põlvnemisindeksiga).

3. Mis kasu on loomade genotüpiseerimisest?

1. Eesti holsteini tõugu piimaveiste populatsiooni seisukohast võib teatud hulga genotüübiandmete olemasolu käsitleda kui võimalikku kaasavara liitumisel mõne genoomhindamist teostava korporatsiooniga, mis omakorda võimaldaks hoolimata Eesti väiksusest enam osaleda tänapäevases globaalses ja üliintensiivses aretustegevuses.
2. Geenianndmed võimaldavad hinnata nii kogu populatsiooni kui ka konkreetse farmi/ettevõtte loomade tegelikku geneetilist mitmekesisust (ka sama pulli tütreid võivad olla väga erinevad ja vastupidi).
3. Kui lisaks genotüpiseerimisele tellida ka genoomaretusväärtuste hindamine (ja seda kindlasti mitte ainult piimatoodangu vaid võimalikult paljude tunnuste tarvis – piima kvaliteet, sigimine, tervis, elumus), siis on võimalik kõrvutada Eesti piimaveiseid otse teiste riikide piimaveistega ning tuvastada oma tegelikult geneetiliselt potentsiaalilt parimad loomad, keda käsitleda edaspidi võimalike pulliemade ja/või embrüodoonoritena.
4. Kõrvutades tänapäeva loomade geenianndmeid Eesti piimaveiste geenianndmetega 10-30 aastat tagasi (ajalooliste proovide genotüpiseerimine ja ehk isegi sekveneerimine on kavas vastava teadusprojekti raames), on võimalik hinnata aretuse mõju Eesti piimaveiste geneetilisele struktuurile; kuna viis farmi, millest on enam ajaloolisi proove, tegutsevad ka tänapäeval ja kuuluvad Eesti 100 suurima farmi hulka, on võimalik uurida karja geneetilise struktuuri muutumist isegi ühe farmi piires.

Tervisetehnoloogiate Arenduskeskus AS

28.06.2019