

NELJA SELEKTSIOONIRAJA GENEETILINE OSAKAAL EESTI HOLSTEINI ARETUSPROGRAMMIS

E. Pärna, A. Meier

Sissejuhatus

Piimaveiste aretusprogrammid kujutavad endast aretusprogrammide eri juhtumit, sest neil on 4 selektsioonirada: pulliisad (PI), pulliemad (PE), lehmaisad (LI) ja lehmaemad (LE). Nimetatud radade osakaal geneetilises progressis on erinev.

Antud töös käsitletakse nelja selektsiooniraja geneetilist osakaalu eesti holsteini aretusprogrammis ning selektsiooniedu suurendamise võimalusi superovulatsiooni ja embrüosiirdamise süsteemi MOET (MOET, Multiple Ovulation and Embryo Transfer) abil.

Materjal ja meetodika

Eesti holsteini populatsiooni parameetreid on tuletatud Eesti Tõuloomakasvatavate Ühistu ning Põllumajanduse Registre ja Informatsiooni Keskuse andmete alusel. Eesti holsteini aretuseesmärk on defineeritud agregaatgenotüübi kujul ning selle matemaatiline kuju on esitatud varasemates töödes (Pärna, Saveli, 1998).

Selektsiooni intensiivsus erinevates selektsiooniradades leiti Falconeri ja Mackay (1996) järgi ning selektsiooni täpsus ja generatsiooni intervall Brascampi *et al.* (1995) järgi. Seleksiooniedu leidmiseks kasutati Rendeli ja Robertsoni (1950) meetodit ning selektsiooni indeksi programmi SIP (Wagenaar *et al.*, 1995).

Eesti holsteini geneetilised parameetrid (päritavus, fenotüübilised ja geneetilised korrelatsioonid ja standardhälbed), piimatunnuste majanduslikud kaalud ning nende tuletamiseks vajalikud majanduslikud ja energeetilised parameetrid on esitatud varasemates publikatsioonides (Pärna, Saveli 1998; Pärna, 1999). Meie poolt 1997. a. hinnatud eesti holsteini geneetiliste parameetrite väärtused langesid kokku 2000. a. Interbulli poolt läbi viidud eesti holsteini hindamise tulemustega (Weigel *et al.*, 2000). Seega pole eesti holsteini populatsiooni parameetrites ajavahemikus 1997...2000 olulisi muutusi toimunud. Geneetiliste terminite lühendite puhul kasutatakse rahvusvahelist tähistust (Falconer, Mackay, 1996).

Vastavalt eesti holsteini tõugu veiste aretuses praktiseeritavale skeemile kasutatakse parandajaid pulle 3...5 aastat, pulliisad 1...2 aastat ning neil hinnatakse 2...5 poega. Vastavalt pullide kasutamise erinevatele variantidele on leitud selektsiooni intensiivsused ning selektsiooniedu erinevates selektsiooniradades.

Tulemused ja arutelu

Selektsiooni intensiivsus 4 selektsioonirajas

Eesti holsteini aretusprogrammi optimeerimiseks kasutati 1997. a. andmeid, mille alusel leiti selektsiooni intensiivsused erinevates selektsiooni radades (tabel 1).

Reaalselt võiks Eesti lehmapiimasektsiooni suureks lugeda 100 000 looma ning karja keskmiseks vanuseks 3 laktatsiooni, seega 33% lehmadest tuleks igal aastal asendada. Reproduktsioonimääraga 1 vasikas aastas tuleks vähemalt 50% kõigist vastsündinud lehmvasikatest alles hoida asenduskarjaks. Eeldades mõningast kaotust pidamisperioodil, kaasa arvatud surnult sündinud, võiks see number olla veidi suurem, näiteks 70%. Seega, selektsioonirajas LE (lehmaemad) oleks vajalik asendada 70% lehmadest ning seega ei saa ka selektsiooni intensiivsus olla kuigi suur. Nii on holsteinide selektsiooni intensiivsus lehmaemade selektsioonirajas Hollandis 0,424 (Groen, 1989), Kanadas 0,35 (Dekkers, 1992) ning Austraalias 0,47 (Werf, 2000). Eesti holsteinide lehmaemade selektsiooni intensiivsus on tunduvalt kõrgem kui eelpool nimetatud maades, kuna meil on asendusnoorkarja osa 25,6% (Hollandis 75%, Kanadas 80% ning Austraalias 70%).

Eesti holsteini pulliemade valik tagab kõrge selektsiooni intensiivsuse ($i=3,06$). Hollandis, Kanadas ja Austraalias on pulliemade valiku intensiivsus eelpool tsiteeritud autorite andmetel 3,367, 2,42 ja 2,79.

Eesti holsteini pulliisade valiku intensiivsus on kõikide stsenaariumide korral suhteliselt madal (tabel 1). Kõige kõrgem on see variandi puhul, kus pulle kasutatakse 2 aastat ja neil hinnatakse 5 poega. Seleksiooni intensiivsus 1,398 on aga võrreldes Hollandi (2,135), Kanada (2,42) ja Austraaliaga (2,65) madal. Lehmaisade puhul on selektsiooniedu saamiseks arvestatav ainult variant, kus pulle kasutatakse 5 aastat ($i=0,257$), teiste

stsenariumide korral on selektsiooni intensiivsus 0 ning see kõrvaldab lehmaisade panuse selektsiooniedusse täielikult. Hollandi, Kanada ja Austraalia holsteinide lehmaisade selektsiooni intensiivsus on vastavalt 1,842; 1,76 ning 1,76.

Tabel 1. Selektsooni intensiivsus 4 selektsioonirajas tulenevalt pullide kasutamise stsenaariumist
Table 1. Selection intensity in 4 selection path in different scenarios of using bulls

Selektsioonirada <i>Selection path</i>	Pullide kasutamine <i>Exploitation of bulls</i> (years)	Hinnatud noorpulle <i>Number of evaluated</i> <i>sons</i>	Selektsiooni intensiivsus (i) <i>Selection intensity (i)</i>
PI noorpullide variant 1 / case 1	1	2	0,400
hulgast variant 2 / case 2	1	5	1,087
SS from YB variant 3 / case 3	2	2	1,057
variant 4 / case 4	2	5	1,398
LI noorpullide variant 1 / case 1	3		0
hulgast variant 2 / case 2	4		0
SD from YB variant 3 / case 3	5		0,257
PE aktiivsest lehmapopulatsioonist <i>DS from active</i> <i>cow population</i>			3,06
LE kogu populatsioonist <i>DD of total population</i>			1,000

Tabel 2. Nelja selektsiooniraja geneetiline osakaal eesti holsteini aretusprogrammis

Table 2. Genetic contribution and its components for each for the 4 selection paths in Estonian Holstein breeding program

Selektsiooni-rada <i>Selection path</i>	Selektsiooni intensiivsus <i>Selection intensity (i)</i>	Generatsiooni intervall <i>Generation interval (L)</i>	Selektsiooni täpsus <i>Selection accuracy</i> (r_{IH})	Selektsiooniedu (kg/aasta) <i>Response</i> (kg/year)	% selektsiooniedus <i>% contribution to genetic gain</i>
PI	1,398	7	0,73	86	28,3
PE	3,06	6	0,66	198,6	58,1
LI	0,257	6,8	0,73	16,3	5,3
LE	1,0	4,5	0,30	39,3	8,3

Et selektsiooniedu on linearses sõltuvuses selektsiooni intensiivsusest, generatsiooni intervallist ja selektsiooni täpsusest, on erinev ka erinevatest selektsiooniradadest saadav geneetiline progress. Kui tavapäraselt peaks geneetiline progress suuresti olenema pulliisade valikust ning sealt saadav selektsiooniedu võiks olla 45% kogu selektsiooniedust (Werf, 2000), siis meil on pulliisade osakaal geneetilises progressis 28,3%. Eesti holsteini pulliemade osakaal selektsiooniedus tervikuna on seetõttu tavapärasest suurem, ulatudes 58,1%-ni. Lehmaisade ja lehmaemade osakaal valikuedus on väike, vastavalt 5,3% ja 8,3%.

Eesti holsteini aretusprogrammi selektsiooniedu on $0,15\sigma_H$ (0,15 geneetilist standardhälvet). Geneetilise standardhälbe suuruseks on 590 kg piima (Pärna, Saveli 1998). Seega on eesti holsteini aretusprogrammi selektsiooniedu aastas 85,1 kg piima lehma kohta. Selektsooni aastas majanduslik väärtus on 95,2 krooni lehma kohta. Et lehmapopulatsiooni suuruseks on 105 800, siis aretusprogrammi geneetilise progressi majanduslik väärtus aastas on 10,1 miljonit krooni.

Embrüosiirdamise kasutamine pulliemade selektsioonirajas

Selektsiooniedu suurendamise ühe võimalusena vaadeldakse embrüosiirdamise kasutamist eesti holsteini pulliemade saamiseks. Embrüosiirdamise osatähtsus pulliemade saamisel varieerub 25...100%-ni ning eraldi leidis käsitlemist MOET-süsteem.

Selektsiooniedu pulliemade selektsioonirajas suurenes embrüosiirdamise protsendi suurenemisega (tabelid 3 ja 4). Kui ilma embrüosiirdamiseta oli pulliemade selektsioonirajas geneetiline progress 198,6 kg

piima aastas, siis 100% embrüosiirdamise puhul tõusis see 215,3 kg aastas e. 8,4%. Kogu programmi selektsiooniedu suurenes 85,1-lt kg/aasta/lehm 89,2-ni kg/aasta/lehm e. 4,8%.

MOET-süsteemi kasutamisega on võimalik saada aastas lehma kohta rohkem järglasi. Esimene grupp, kus sellise tehnoloogia rakendamine on kasulik, on pulliemade selektsioon. See tõstab selektsiooni intensiivsust pulliemade selektsioonirajas. Oletame, et kõigilt superovuleeritud pulliemadelt saadakse aastas 5 järglast. Siis on 150 pulliema asemel vaja ainult 30 eliitlehma. Selektiivse intensiivsuse pulliemade selektsioonirajas suureneks 3,06-lt 3,687-ni ning selektsiooniedu aastas 0,34 σ_H -lt 0,41 σ_H -ni (198,6 kg-lt 239,3 kg-ni) e. 20,5%. Kui kõik pulliemand saadakse MOET abil, siis eesti holsteini aretusprogrammi geneetiline progress oleks 11,9% e. 95,2 kg piima aastas lehma kohta.

Nicholas ja Smith (1983) näitasid oma eepohhi rajavas töös, et MOET mõju aretusprogrammile võib olla palju suurem (kuni 30%), kui aretusprogramm on täielikult ümber struktureeritud. Põhiidee on selles, et kui pulliemadel oleks rohkem järglasi, oleks noorpullide aretusväärtust lihtne saada mitte järglaste, vaid poolõdede andmete alusel. See vähendaks küll selektsiooni täpsust, kuid kaotuse kompenseeriks pullide generatsiooni intervalli lühenemine. Kuigi Nicholas ja Smith ülehindasid mõnevõrra MOET aretusprogrammide potentsiaalset selektsiooniedu (Werf, 2000), on nende töö suur tähtsus aretusprogrammide koostamise mõistmisel. Nad näitasid, et uued reproduktiivtehnikad mitte lihtsalt ei muuda traditsiooniliste aretusprogrammide üksikuid parameetreid, pigem tuleb kasutusele võtta alternatiivsed programmid, et kasutada selliseid tehnikaid märksa efektiivsemalt.

Tabel 3. Selektiivseid PE selektsioonirajas embrüosiirdamise (ET) ja MOET puhul
Table 3. Response to selection in the path DS with embryo transfer (ET) and MOET

Embrüosiirdamise (ET) % <i>ET %</i>	Selektiivseid intensiivsus <i>Intensity (i)</i>	Selektiivseidiedu (kg/generatsioon) <i>Response per generation (kg)</i>	Selektiivseidiedu (kg/a.) <i>Response per year (kg)</i>	Selektiivseidiedu suurenemine (%) <i>% contribution to genetic gain</i>	Pulliemande arv <i>Number of dams of sires</i>
0	3,06	1191,6	198,6		223,9
25	3,142	1222,7	203,8	2,6	162,9
50	3,22	1253,9	209,0	6,2	127,9
75	3,273	1274,5	212,4	6,9	105,3
100	3,317	1291,6	215,3	8,4	89,6
MOET	3,687	1435,7	239,3	20,5	30

Tabel 4. Aretusprogrammi selektiivseidiedu embrüosiirdamise (ET) ja MOET puhul
Table 4. Response to selection in a breeding program with embryo transfer (ET) and MOET

Selektiivseidierada <i>Selection path</i>	ET % PE-s <i>ET in selection path DS</i>					
	0	25	50	75	100	MOET
PI SS	86	86	86	86	86	86
PE DS	198,6	203,8	209,0	212,4	215,3	239,3
LI SD	16,3	16,3	16,3	16,3	16,3	16,3
LE DD	39,3	39,3	39,3	39,3	39,3	39,3
Selektiivseidiedu aretusprogrammis (kg/aasta/lehm) <i>Response in a breeding program (kg/year/cow)</i>	85,1	86,4	87,7	88,5	89,2	95,2
Selektiivseidiedu suurenemine % <i>Gain of response (%)</i>	–	1,5	3,1	4,0	4,8	11,9

Kokkuvõte

Eesti holsteini 4 selektiivseidierajaga aretusprogrammi aastane selektiivseidiedu on 85,1 kg lehma kohta. Nelja selektiivseidieraja geneetiline osakaal on erinev: pulliemadel 58,1%, pulliisadel 28,3%, lehmaisadel 5,3% ja lehmaemadel 8,3%. Embrüosiirdamise kasutamine pulliemade selektiivseidierajas suurendab selektiivseidiedu PE

rajas 2,6...8,4%, MOET 20,5%. Aretusprogrammi selektsiooniedu tervikuna suureneb 1,5...4,8%, MOET puhul 11,9%. MOET kasutamisega on aastane selektsiooniedu 95,2 kg lehma kohta. Selektiooniedu aastane majanduslik väärtus on 95,2 kr. lehma kohta ning eesti holsteini aretusprogrammi geneetilise progressi majanduslik väärtus aastas on 10,1 miljonit kr.

Kirjandus

- Brascamp, P., Bovenhuis, H., Van der Werf J. Animal Genetics. Wageningen Agricultural University, 1995. – 144 p.
- Groen, A. F. Cattle breeding goals and production circumstances. – Ph.D. Thesis, Department of Farm Management and Department of Animal Breeding, Wageningen Agricultural University, Wageningen, The Netherlands, 1989.
- Dekkers, J. C. M. Structure of breeding programs to capitalize on reproductive technology for genetic improvement. J. Dairy Sci., vol. 75, p. 2880...2891, 1992.
- Falconer, D. S., Mackay, T. F. C. Introduction to Quantitative Genetics. Longman, 1996. – 464 p.
- Nicholas, F. W., Smith, C. Increased rates of genetic change in dairy cattle by embryo transfer and splitting. – Anim. Prod., vol. 36, p. 341...353, 1983.
- Pärna, E., Saveli, O. Selection on the major components of milk to maximise profit in dairy herds. – Proc. of the 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Armidale, NSW, Australia, vol. 25, p. 399...402, 1998.
- Pärna, E. Selection response in Estonian Holstein breeding program. – Animal Husbandry, Scientific Articles, vol 35, p. 67...77, 1999.
- Rendel, J. M., Robertson, A. Estimation of milk yield by selection in a closed herd of dairy cattle. – Genetics, vol. 50, No. 1, p. 1...8, 1950.
- Wagenaar, D., Van Arendonk, J., Kramer, M. Selection index program (SIP). User manual. Wageningen Agricultural University. 1995.
- Weigel, K., Rekaya, R., Fikse, F., Zwald, N., Gianola, D. Preliminary Report on International Dairy Sire Evaluation Using Individual Performance Records. – Proc. of The 2000 Interbull Meeting. Bled, Slovenia, p. 3...7.
- Werf, J. Animal Breeding. Use of New Technologies. – Ed. B.Kinghorn, J.van der Werf and M.Ryan., University of Sydney, 2000. – 308 p.

Genetic Contribution for the Four Selection Path in Estonian Holstein Breeding Program

E. Pärna, A. Meier

Summary

Genetic response of Estonian Holstein breeding program is 0.15σ (85.1 kg/year/cow). Economic value of response in Estonian Holstein breeding program is 10.1 million EEK. Contribution to genetic gain in selection path SS is 28.3%, in DS 58.1%, in SD 5.3% and in DD 8.3%. Gain in response in DS selection path by using ET was 2.6...8.4%, by using MOET 20.5%. Genetic gain of the breeding program by using MOET in selection path DS was 11.9%, annual genetic gain was 95.2 kg/cow.