


ÕPIOBJEKT


„Genoomseleksioon“

Tanel Kaart


<http://ph.emu.ee/~ktanel/genoomseleksioon/>



www.emu.ee
Eesti Maaülikool
Estonian University of Life Sciences



Europa Liit
Euroopa Sotsiaalfond




Eesti tuleviku heaks

[Õpiobjektid](#) -> Genoomseleksioon

GENOOMSELEKTSIOON

<p>Õpiobjekti kirjeldus Õpjuhhis</p> <p>Sugulaste-põhine aretus Markerseleksioon Genoomseleksioon</p> <ul style="list-style-type: none">× Sissejuhatus× Genoomseleksiooni olemus× Seleksiooni intensiivsus× Hinnangute täpsus× Referentspopulatsiooni suurus× Geneetiliste markerite hulk× Geneetilise mitmekesisuse vähenemine× Genoomaretusväärtuste piiratus× Genoomseleksioon praktikas <p>4. Enesekontroll</p> <ul style="list-style-type: none">× Test× Vastused <p>Lisa</p> <ul style="list-style-type: none">× Kogu materjal ühe pdf-failina: genoomseleksioon.pdf	<p>Õpiobjekti kirjeldus</p> <p>Õppekava: Loomakasvatus (449)</p> <p>Õppeaine: VL.0192 Loomade aretusväärtuse hindamine ja aretusprogrammid</p> <p>Maht: 0,2 EAP</p> <p>Sihtrühm: EMÜ VLI looma- ja kalakasvatuse magistrandid ja teised asjahuvilised</p> <p>Õpiobjekti vajalikkuse põhjused:</p> <p>Õpiobjekt tutvustab viimastel aastatel maailmas kiirelt levinud loomade genoomseleksiooni teostamise põhimõtteid, plusse ja miinuseid; käsitletakse eelduseid genoomaretusväärtuste hindamiseks ning laialdase genoomseleksiooni mõjusid populatsiooni struktuurile. Õpiobjekti eesmärgiks on toetada üliõpilasi tänapäevaste aretuse-alaste teadmiste omandamisel.</p> <p>Eesmärk: Õpiobjekti eesmärk on toetada õppeaine omandamist ja olla toeks edasisel teadustööl.</p> <p>Õpiobjekti läbinu:</p> <ul style="list-style-type: none">• mõistab järglastepõhise, marker- ja genoomseleksiooni sarnasusi ja erinevusi;• on tuttav genoomaretusväärtuste leidmise põhimõtetega;• mõistab genoomseleksiooni plusse ja miinuseid;• omab võimalust enesekontrolliks. <p>Sisu ja tehniline teostus: Tanel Kaart</p> <p>Eesti Maaülikool kevadsemester 2013</p> <p style="text-align: right;">Järgmine ></p>
---	---

 Creative Commons Attribution-NonCommercial-NoDerivs 3.0 Unported License

1. Sugulaste-põhine aretus

Traditsiooniline sugulaste-põhine (valdavalt järglaste-põhine) aretus on viimase 50 aasta jooksul näidanud oma efektiivsust suurendamaks põllumajandusloomade geneetilist potentsiaali. Kuigi selles, et näiteks eesti holsteini tõugu veiste keskmine piimatoodang on 1965. aasta 3280 kg-lt kasvanud 2010. aastaks peaaegu 7800 kg-ni, on suur roll nii söötmisski kui ka pidamistingimuste muutumises, on toodangu kasvu peapõhjus siiski veisepopulatsiooni geneetilise võimekuse kasv kasutamaks ära muutunud tingimusi ja andmaks enam piima. Geneetilise hindamise korrektsust potentsiaalselt mõjutavate mittegeneetiliste faktorite mõju arvesse võtmine nn BLUP-mudelitel kujul ning nende mudelite areng isamudelist tänapäeval rakendatavate kontrollpäeva loomamudeliteni on viinud aretusloomade fenotüübi- ja põlvnemisandmetel baseeruva selektsiooni maksimaalselt täpseks.

Täpsemalt sugulaste-põhise aretuse taga olevate tänapäeval kasutatavate matemaatiliste ja geneetiliste mudelite kohta vt õpiobjekt "Aretusväärtuste hindamine isa ja looma mudelist".

Eesti piimaveiste geneetilise hindamise meetodika tarvis vt Jõudluskontrolli Keskuse materjali "Piimaveiste põlvnemis- ja jõudlusandmete kogumise, nende õigsuse kontrollimise, töötlemise ja säilitamise kord".

Kokku hinnatakse Eesti piimaveistele nn BLUP-meetodil üle 40 erineva aretusväärtuse, mille alusel pannakse kokku ja avaldatakse (hinnangute piisava usaldusväärsuse korral) kaheksa suhtelist punktiskaalal esitatud aretusväärtust:

- jõudlustunnuste üldaretusväärtus (SPAV),
- udara tervise tunnuste üldaretusväärtus (SSAV),
- välimikutunnuste üldaretusväärtus (SVAV),
- suhteline koguaretusväärtus (SKAV),
- uuslõpsiperioodi pikkuse suhteline aretusväärtus (SGAV),
- tootliku aja suhteline aretusväärtus (STAV),
- poegimiskerguse suhteline aretusväärtus,
- surnultsünni suhteline aretusväärtus.

Hinnatud aretusväärtused avaldab oma kodulehel Jõudluskontrolli Keskus: (www.jkkeskus.ee/page.php?page=1091), samuti on aretuses kasutatavate pullide aretusväärtused leitavad Eesti Tõuloomakasvatajate Ühistu kodulehelt (www.etky.ee/est/pullid.php).

2. Markerseleksioon

Geneetika arenguga lisandus põllumajandusloomade aretusse võimalus võtta arvesse loomade erinevusi DNA-tasandil – vastavat selektsioonimeetodit nimetatakse markerseleksiooniks. Küllaltki levinud on tõuloomade genotüpiseerimine üksikute midagi halba või head kaasa toovate (sageli retsessiivsete) geenilookuste osas.

Näiteks genotüpiseeritakse tõupullid BLAD- ja CVM-geenide suhtes vältimaks antud lookuste osas heterosügootsete loomade (nö geeni kandjate) aretuses kasutamist. Piimavalgu κ -kaseiini ja β -laktoglobuliini geenide määramine noorpullidel loob võimaluse selekteerida juustutootmise efektiivsust suurendavate alleelide kandjaid. Vastavad aretussuunad ja meetodid on ära toodud ka eesti holsteini tõu aretusprogrammis (www.etky.ee/est/aretus2.php?id=33).

Lammastel on leitud, et PrP-geeni ARR-alleeliga kaasneb resistentsus transmissiivse spongiformse entsefalopaatia (lammaste puhul on haigus tuntud ka kui **skreip**) suhtes. Kuigi Eestis pole skreipi seni registreeritud, on lammaste aretusprogrammi üheks eesmärgiks seatud ARR-alleeli esinemissageduse suurendamine lambakarjades. Selleks on Eesti Lambakasvatajate Selts sätestanud, et kõigis jõudluskontrolli all olevates karjades tuleb alates 2005. a. enne jäärade aretuses kasutamist kohustuslikus korras määrata nende PrP genotüüp. Utte osas viiakse läbi sõeluuring. Vt täpsemalt: www.lammas.ee/est/skreip/.

Samas, et enamiku majanduslikult oluliste tunnuste väärtused kujunevad siiski suure hulga väga väikese mõjuga geenide ja keskkonna koosmõju tulemusena, ei ole vastavate DNA-piirkondade (nn **põhigeenide** ehk **QTL-de**; *QTL – quantitative trait locus* e kvantitatiivse tunnuse lookus) tuvastamine markerseleksioonis kasutamiseks vajaliku täpsusega realiseerunud. Näiteks on erinevad uuringud leidnud kokku üle 1000 piimatoodanguga potentsiaalselt seotud geneetilise markeri, samas on uuringute kooskõla suhteliselt nõrk ja ühegi lookuse keskmine efekt ei ole suurem kui 2-3% kogu aditiivgeneetilisest mõjust.

3. Genoomseleksioon

3.1. Genoomseleksiooni olemus

Genoomseleksioon erineb markerseleksioonist seeläbi, et

- loomi ei püüta genotüpiseerida ja selekteerida üksnes väikese hulga teadaolevalt märkimisväärsel mõju omavate markerlookuste alusel vaid
- oma arvuline efekt, olgu see kuitahes väike, hinnatakse kõigile vaatluse alla võetud DNA-piirkondadele ning loomi selekteeritakse kõigi nende DNA-piirkondade summaarse efekti (nn **genoomaretusväärtuse**) alusel.

Genoomseleksioon baseerub järgmisel loogikal:

tänapäevased efektiivsed ja odavad genotüpiseerimise tehnoloogiad võimaldavad kogu genoomi suhteliselt ühtlast ja tihedat katmist tuhandete ühenukleotiidiliste polümorfismidega (SNP-dega; SNP – single-nucleotide polymorphism)



Morgani seaduste kohaselt peegeldab iga DNA piirkond – ja seega ka iga SNP – enese ümber paikneva (aheldunud) DNA-piirkonna mõju

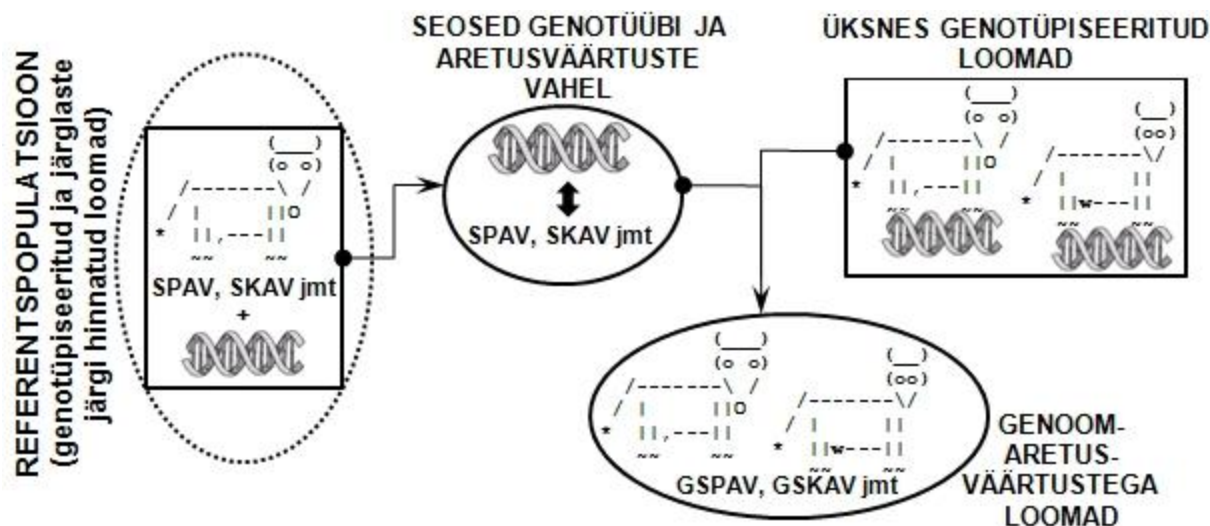


tänu markerite tihedusele on iga mõju omav DNA-piirkond - ükskõik, kas teadaolev või mitte – eeldatavalt aheldunud vähemalt ühe SNP-ga ja seega kujutab kõigi SNP-efektide summa enesest hinnangut kogu genoomi mõjule

3.2. Genoomaretusväärtuste hindamine

Genoomseleksioon baseerub **genoomaretusväärtustel**. Genoomaretusväärtuste hindamine koosneb mitmest etapist - vt joonis 1.

1. Esimese, hinnangute usaldusväärsuse seisukohast oluliseima etapina võetakse vaatluse alla loomade populatsioon, kelle kohta on teada võimalikult täpsed aretusväärtuste hinnangud (enamasti on tegu pullidega, kelle aretusväärtused on järglaste järgi suure täpsusega hinnatud) - taolist populatsiooni nimetatakse referentspopulatsiooniks.
2. Teisel etapil need loomad genotüpiseeritakse.
3. Kolmandal etapil leitakse genotüübi ja aretusväärtuste vahelised seosed hinnates kõigile DNA-piirkondadele oma ükskõik kui väikese mõju (et genotüpiseerimise tulemusena saadud markerite paneel katab kogu genoomi suhteliselt ühtlaselt, avaldub looma aretusväärtus tema tuhandete geneetiliste markerite mõjude summana ning sestap on loomulik eeldada, et referentspopulatsiooni loomade aretusväärtuste erinevus peegeldun ka geeniandmete erinevuses - tulemuseks ongi nimetatud genotüübi ja aretusväärtuste vahelised seosed).
4. Edasi genotüpiseeritakse huvi pakkuvad ning sugulaste ja oma näitajate alusel veel mitte hinnatavad loomad ning arvutatakse neile, kasutades eelmisel sammul leitud seoseid genoomaretusväärtused, mis peegeldavad võimalikult hästi ja mõnikord täpsemaltki tegelikke polügeenseid aretusväärtuseid.



Joonis 1. Genoomaretusväärtuste hindamise skeem.

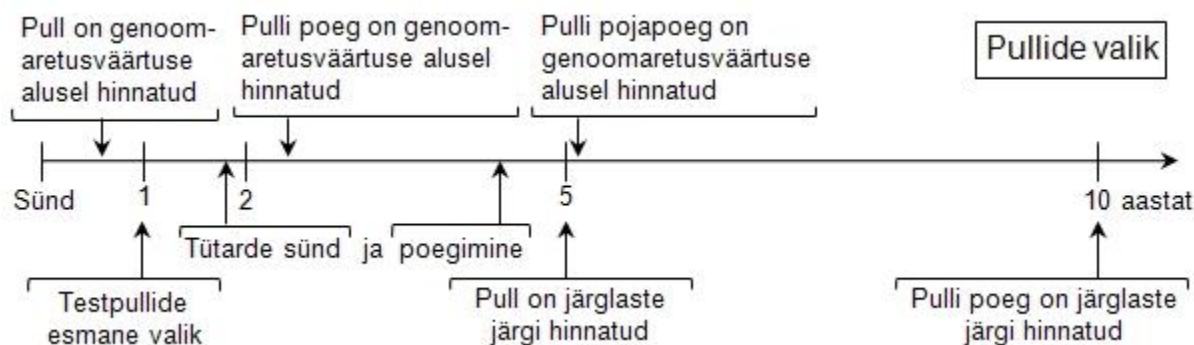
Üksikutele DNA-piirkondadele efektide hindamiseks võib aretusväärtuste asemel kasutada ka fenotüübiväärtuseid, aga siis on genoomselektiooni tulemused ebatäpsemad (sest fenotüübiväärtused on peale geneetiliste efektide mõjutatud ka mitmesuguste mittegeneetiliste efektide poolt, mille mõju elimineerimine statistiliste analüüsidega ei ole enamasti 100%-line).

3.3. Selektiooni intensiivsus

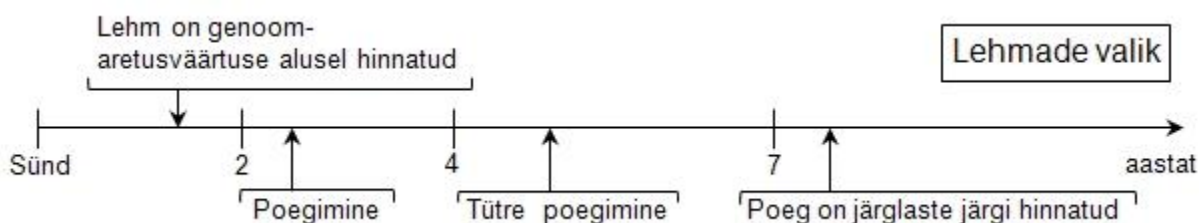
Genoomselektiooni peamiseks plussiks on võimalus hinnata looma (näiteks pulli) geneetilist potentsiaali juba koheselt peale sündi (kuigi praktikas hinnatakse loomade genoomaretusväärtused enamasti nende täisealiseks saamisel).

Varasem hindamine võimaldab

1. generatsiooniintervalli enam kui kahekordset vähendamist – kui klassikalise järglaste järgi hindamise puhul kulub pulli aretuses kasutamiseks lugemiseks vähemalt 4,5 aastat, misjärel kulub veel vähemalt 3 aastat selleks, et oma headust juba tõestanud pullide järglased omakorda poegiks ja lüpsma hakkaksid, siis genoomselektiooni puhul jääks esimene 4,5 aastat ära (joonis 2), ka potentsiaalsete pulliemade selektioon toimub genoomaretusväärtuse alusel varem (joonis 3), – kokkuvõttes saavutatakse aretuseesmärk kiiremini;
2. aretuses kasutamiseks mitteosutuvate indiviidide varasemat realiseerimist – kaovad ära loomade söötmine ja pidamisega seotud kulud.



Joonis 2. Pullide geneetilise hindamise ajaskaala traditsioonilise vanemate ja järglaste järgi hindamise (allpool ajatelge) ning genomiselektiooni (ülalpool ajatelge) rakendamise korral piimaveistel.



Joonis 3. Lehmade geneetilise hindamise ajaskaala traditsioonilise vanemate ja järglaste järgi hindamise (allpool ajatelge) ning genomiselektiooni (ülalpool ajatelge) rakendamise korral piimaveistel.

3.4. Hinnangute täpsus

Genotüpiseerimise andmete kasutamine loob täiendavaid võimalusi loomade eristamiseks. Näiteks, kuigi täisõvede sarnasus on klassikalise geneetika seaduspärase kohaselt 50%, on nende eristamine geneetilise potentsiaali alusel võimalik alles järglaste järgi, genomiselektioon võimaldab seda aga koheselt sünnijärgselt.

Geeniandmetel baseeruvad sugulus- ja inbriidingukoefitsiendid võimaldavad senisest täpseni arvestada loomadevahelist sugulust ning hoida efektiivsemalt kontrolli all homosügootsuse ja inbriidingu kasvu populatsioonis.

Genomaretusväärtuste hinnangute täpsus on ühesugune sõltumata looma soost ja hinnatavast tunnusest (suurusjärku 0,5-0,7; madalama päritavusega tunnuste puhul peab lihtsalt referentspopulatsioon olema suurem). Sestap on genomaretusväärtus sobiv selekteerimaks loomi funktsionaalsete tunnuste (tervis, sigivus) alusel. Samas tuleb leppida tõsiasjaga, et siiani järglaste järgi hinnatud pullide aretusväärtuste hinnangute täpsus langeb harjumuspäraselt 0,8-0,9-ilt 0,6-le. Lahenduseks on kaasata genomaretusväärtuse arvutamise valemisse lisaks geeniandmetele järglaste fenotüübiandmed, aga need saavad kättesaadavaks alles aastaid peale pulli genomaretusväärtuse alusel valimist.

3.5. Referentspopulatsiooni suurus

Võimalikult suurt referentspopulatsiooni (tuhanded järglaste järgi hinnatud ja genotüpiseeritud pullid) on vaja, omistamiseks kõigile markeralleelidele võimalikult täpselt mingit arvulist efekti. Näiteks soovides 20 000 pulli aretusväärtuse alusel hinnata 50 000

geneetilise markeri efekti, on ilmselgelt tegu üheselt mittelahenduva ülesandega. Reaalsuses on ülesanne lahendatav üksnes väga keerukate matemaatiliste mudelite abil ja sedagi vaid tänu sellele, et enamuse loomi on enamuste markeralleelide poolest ühesugused. Võimalikult suure ning võimalikult täpsete fenotüübi-, põlvnemis- ja genotüübiandmetega ning aretusväärtustega referentspopulatsiooni olemasolu on siiski peamine tingimus genoomselektiooni rakendamiseks.

Mida madalam on huvipakkuva tunnuse päritavus, seda suuremat referentspopulatsiooni on geneetiliste markerite mõjude hindamiseks vaja. Seega on sageli madalama päritavusega sigimis- ja tervisenäitajate geneetilisel hindamisel referentspopulatsiooni kvaliteet veelgi määravama tähtsusega, võrreldes toodangunäitajate geneetilise hindamisega.

Referentspopulatsioon ning selle baasil hinnatud seosed genotüübiandmetega ei ole mingid lõplikud suurused. Tänu populatsiooni struktuuri ja genoomi osade vaheliste seoste muutumisele ajas on korrektsete genoomaretusväärtuste saamiseks vajalik geneetiliste markerite paneeli ja loomade aretusväärtuste vaheliste seoste ümberhindamine iga paari generatsiooni järel. Lisaks tuleb kogu töö teha uuesti uue markerite paneeli kasutuselevõtu korral.

3.6. Geneetiliste markerite hulk

Genoomselektiooni juba rakendavates riikides baseeruvad hinnangud 50 000 SNP-l, kasutamiskvaliteet on saanud 800 000 SNP-d määrata võimaldav geenikiip ning ilmselt pole kaugel aeg, mil muutub igapäevaseks kogu veise kolmest miljardist nukleotiidipaariist koosneva genoomi sekveneerimine (esimesed veise genoomi sekveneerimise tulemused publikatsiooniga 2009. aastal - vt Bovine Genome Project).

Samas ei pruugi suurema hulga geneetiliste markerite kasutamine genoomselektioonil olla sugugi põhjendatud.

- Sest, mida tihedamalt on genoom geneetiliste markeritega kaetud, seda suurem peab olema referentspopulatsioon, hindamaks kõigile markeritele mingit arvulist efekti. Näiteks modelleerimiskatsed on näidanud, et praegusel hetkel erinevate riikide ja konsortsiumite poolt kokku pandud 2 000 kuni 20 000 pealiste referentspopulatsioonide puhul ei anna 50 000-lt geneetiliselt markerilt 800 000-le markerile üleminek peaaegu mingit võitu genoomaretusväärtuste täpsuses - lihtsalt ei ole piisavalt infot hindamaks lisandunud markerite mõju.
- Pigem näitavad uuringud, et tänu genoomi suhtelisele püsivusele on kogu 50 000-markerilise paneeli info 80-90%-lise täpsusega ära kirjeldatav ka vaid sobivalt valitud 3 000 markeri abil. Ja kui inimgeneetikast on teada, et kahe juhuslikult valitud inimese vaheline geneetiline erinevus on vaid 1-2%, st, et erinevad on vaid ligikaudu 30-50 000 SNP-d, siis ega piimaveiste puhul olukord palju erinev pole. Seega ei ole tihedama markeritepaneeli kasutamiseks genoomselektioonil praeguste teadmiste valguses suurt mõtet

3.7. Geneetilise mitmekesisuse vähenemine

Genoomselektiooni rakendamise tagajärjel väheneb tunduvalt aretuses kasutatavate loomade hulk (testpulle pole enam vaja!) ning valituks osutuvad valdavalt samade perekondade esindajad. Tulemusena väheneb senisest kiiremini geneetiline mitmekesisus, eeldatavalt muutuvad vaid mõne generatsiooniga homosügootseks mitmed majanduslikult oluliste tunnuste avaldumisega seotud genoomi piirkonnad. Lahenduseks oleks teadlik geneetiline

mitmekesisuse säilitamine ja loomade valik, garanteerimaks fikseeritud inbriidingu taset; aga samas kaasneb sellega ka geneetilise edu ja majandusliku tulu vähenemine.

Teisalt annab genoomseleksioon potentsiaalse võimaluse kaasata aretusse loomi, kelle puhul klassikaliste aretusmeetodite puhul seda kindlasti poleks juhtunud. Nimelt võib ka suhteliselt tagasihoidliku sugupuuga loom lihtsalt juhuslikult saada oma vanematelt päranduseks vaid nõ head alleelid. Klassikalise aretuse seisukohalt on sellise võimaluse tõenäosus liiga väike ja sestap praagitakse mitte piisavalt hea sugupuuga loomad juba nooruses. Genoomseleksioon aga võimaldab taolised hea genotüübiga aga keskpärase põlvnemisega loomad tuvastada nii tuua seeläbi aretusse nõ värsket verd.

3.8. Genoomaretusväärtuste piiratus

Genoomaretusväärtuste hindamiseks vajalikud genotüübi ja aretusväärtuste vahelised seosed on täpselt hinnatavad vaid väga suurte ühtsete referentspopulatsioonide baasil.

Sestap ei pruugi genoomseleksiooni teostamine olla mõttekas

- väikesearvulistel tõugudel (näiteks kohalikel rahvuslikel tõugudel) ja/või
- ebatraditsiooniliste tingimuste tarvis (näiteks mahefarmidele sobivate loomade aretamisel).

Lahendusena on teoreetilistes uuringutes püütud panna referentspopulatsiooni kokku mitmest tõust ning sedasi saadud markerefektide hinnangud töötavad keskmiselt hästi kõigi kaasatud tõugude puhul, aga siiski mitte nii hästi, kui vaid sama tõu alusel leitud hinnangud.

Interpull on sarnaselt erinevates riikides järglaste järgi hinnatud aretusväärtuste transformeerimise mudelitele (MACE) võtnud analoogse meetodika kasutusele ka genoomaretusväärtuste tarvis (GMACE).


Siiski on genoomaretusväärtuste puhul keeruline erinevate populatsioonide (riikide, tõugude) põhiste hinnangute võrdlemine ja erinevate söötmiss- pidamistingimuste tarvis sobivamate indiviidide selekteerimine.

3.9. Genoomseleksioon praktikas

2013. aasta kevadeks on genoomseleksioon kujunenud standardseks piimaveiste aretuses kasutatavaks meetodiks maailmas. Et piimakarjakasvatus ja aretus on rahvusvaheline äri, peavad erinevates riikides ja organisatsioonide poolt hinnatavad genoomaretusväärtused olema omavahel võrreldavad. Selleks on Interpull sarnaselt klassikalisele aretusele välja töötanud meetodika genoomaretusväärtuste usaldusväärsuse kontrollimiseks (vt Interbull validation test for genomic evaluations – GEBV test) ning nende samale skaalale teisendamiseks (GMACE).



2013. aasta esimese rahvusvahelise hindamise tarvis saatsid piima-, rasva- ja/või valgutoodangu genoomaretusväärtused 19 kompaniid 18 riigi 37 veisepopulatsiooni kohta (vt GEBV test - February 2013). Veiste genoomseleksiooni on kasutusele võtnud USA, Kanada, Austraalia, Uus-Meremaa, Jaapan, Prantsusmaa, Itaalia, Hispaania, Suurbritannia, Holland, Saksamaa, Belgia, Šveits, Soome, Rootsi, Taani, Poola ja Sloveenia. Seejuures on põhjamaad Soome, Rootsi ja Taani koondunud ühe organisatsiooni alla (vt Nordic Cattle Genetic Evaluation).

Erinevad aretusorganisatsioonid maailmas avaldavad kõrvuti tavapärasel viisil hinnatud pullide edetabelitele ka genoomaretusväärtustel baseeruvaid järjestusi - vt näiteks erinevat tõugu pullide nimekirju firma  VikingGenetics' [VikingGenetics](#) kodulehel.

Ka mõne [Eesti Tõuloomakasvatajate Ühistu kodulehel pakutava pulli](#) juures võib leida märkuse "Genoomhinnatud pull!".

Eestis endas ei ole genoomselektiooni rakendamise osas siiani otsustavaid samme astunud. Ega siin tänu veisepopulatsiooni väiksusele üksi midagi teha olegi, ainuke variant oleks ühineda mõne genoomselektiooni juba teostava organisatsiooniga (näiteks põhjamaade Soome, Rootsi ja Taaniga). Samas, arvestades piimaveisekasvatuse veelgi suuremat globaliseerumist ja "holsteiniseerumist", ei ole omaette aretuse läbiviimine kommertstõugudel nii või teisiti varsti enam majanduslikult mõttekas. Ja kohalike tõugude puhul ei ole genoomselektioon tänu populatsioonide väiksusele praegusel kujul jällegi teostatav.

4. Enesekontroll

4.1. Test

NB! Õigeid vastuseid võib olla rohkem kui üks.

1. Kas genomaretusväärtuste hinnangute täpsus sõltub uuritava tunnuse geneetilise determineerituse määrast ehk päritavusest?
 - a. Ei.
 - b. Jah, mida madalam päritavus, seda madalama täpsusega hinnangud.
 - c. Jah, mida madalam päritavus, seda suurema täpsusega hinnangud.
2. Kas see, kuivõrd mingi geen lehmade piimatoodangut mõjutab, on erinevatel ajahetkedel ja populatsioonides samasugune?
 - a. Jah.
 - b. Ei, geeni mõju võib muutuda tänu populatsiooni struktuuri ja genoomi osade vaheliste seoste muutumisele ajas.
 - c. Ei, erinevates populatsioonides võib tänu erinevatele söötmis-pidamistingimustele olla geeni mõju erinev.
3. Millised loomad moodustavad genomselektiooni puhul referentspopulatsiooni?
 - a. Genotüpiseeritud ja järglaste järgi hinnatud loomad, kelle alusel leitakse seosed üksikute geenide ja aretusväärtuse vahel.
 - b. Kõik loomad, kellele hinnatakse aretusväärtused vaid nende genotüpiseerimise andmetele tuginedes (st loomad, kellele hinnatakse vaid genomaretusväärtused).
4. Miks rakendatakse tänapäeva piimaveiste aretuses genomselektiooni?
 - a. Looma sobivus aretuseks on võimalik kindlaks teha koheselt peale sündi.
 - b. Sama isa ja ema järglaste geneetilist potentsiaali on võimalik eristada ilma neid loomi aretuses kasutamata.
 - c. On võimalik tuvastada keskpärase põlvnemisega aga lihtsalt juhuslikult oma vanemait head geenid pärinud loomi.
 - d. Pulli genomaretusväärtus annab tema geneetilisest potentsiaalist korrektsema pildi kui järglaste järgi hinnatud klassikaline aretusväärtus.
5. Miks ei kasutata genomselektiooni kohalike tõugude puhul?
 - a. See, milline on ema ja isa genotüüp, ei võimalda midagi prognoosida nende järglaste kohta, sest enamasti on tegu nõ aborigeensete tõugudega, kelle puhul jõudlus pole primaarne ja pole seega ka päritav.
 - b. Kommertstõugude baasil hinnatud genotüübi ja aretusväärtuste vahelised seosed ei pruugi kehtida kohalike tõugude ja olude puhul.
 - c. Loomade arv on liiga väike genotüübi ja aretusväärtuste vaheliste seoste korrektseks hindamiseks.

4.2. Testi vastused

1. b.
2. b. ja c.
3. a.
4. a., b. ja c.
5. b. ja c.