



Euroopa Maaelu Arengu
Põllumajandusfond:
Euroopa investeringud
maapiirkondadesse

Loomade genotüpiseerimine ja tulemuste interpreteerimine

Haldja Viinalass

26.04.2022 – EPKK infopäev „Põllumajandusloomade aretus – lihaisekasvatuseks“

MIKS ON VAJA LOOMI GENEETILISELT IDENTIFITSEERIDA?

- Põlvnemisandmete kontrollimine
 - tõuloomade põlvnemisandmete õigsuse kontrollimiseks
 - aretustöö täpsustamiseks
 - sperma ja embrüote ostul-müügil
 - isasloomadele järglaste põhjal antava hinnangu täpsustamiseks
- Identsuse kontrollimine
- Mono-ja disügootsete kaksikute eristamine
- Pärilike tunnuste määramine
 - Soovitavad tunnused (nt piimavalkude pärilikud tüübid)
 - Soovimatud tunnused (nt geenidefektid)
- Genofondiuringud
- Markerseleksioon
- Genoomseleksioon
- Kriminialistika

PÕLVNEMISANDMETE ÕIGSUSE KONTROLLIMINE

- Kohustuslik aretuses kasutatavatele isasloomadele – reeglistik rakendatud aretusorganisatsioonide poolt (aretuseks kasutatavad isasloomad, pulliemad, jne)
- Emasloomal on mitu seemendust või paaritust – milline seemendus/paaritus oli tiinestav
 - Lehmal on kaks seemendust kahelt või enamalt pullilt kuni 15-päevase vahega
 - Lehma tiinusperiood on 15 päeva lühem või pikem antud tõu keskmisest tiinusperioodist, arvestatuna viimasest seemendamise kuupäevast
- Kahtlus põlvnemisandmete õigsuses (omanik ise või ostja)
- Loomad, kellel on probleemid märgistusega
- Embrüosiirdevasikad – põlvnemine geneetilistest vanematest
- Kloonvasikad – identsus rakuliiniga

SEADUSANDLUSEST

EUROOPA PARLAMENDI JA NÕUKOGU MÄÄRUS (EL) 2016/1012,

8. juuni 2016,

tõupuhaste aretusloomade, ristanaretussigade ja nende aretusmaterjali aretuse, turustamise ning nende liitu sissetoomise suhtes kehtivate zootehniliste ja genealoogiliste tingimuste kohta, millega muudetakse määrust (EL) nr 652/2014, nõukogu direktiive 89/608/EMÜ ja 90/425/EMÜ ning tunnistatakse kehtetuks teatavad õigusaktid tõuaretuse valdkonnas (tõuaretuse määrus)

- Kui tõupuhtaid aretusveiseid, -lambaid, -kitsi ja -hobuslasi kasutatakse kunstliku seemenduse jaoks sperma kogumiseks, nõuavad aretusühingud, et tõhupuhtad aretusloomad identifitseeritakse veregrupi analüüsi või muud sobiva meetodi abil, mis tagavad vähemalt samal tasemel usaldusväärset nagu DNA analüüs.
- Kui aretusveiseid, -sigu, -lambaid, -kitsi ja -hobuslasi kasutatakse munarakkude ja embrüote kogumiseks ning aretussigu kasutatakse kunstliku seemenduse jaoks sperma kogumiseks, võivad aretusühingud ja -ettevõtted nõuda, et neid tõuloomi identifitseeritaks veregrupi analüüsi või muud sobiva meetodi abil, mis tagavad vähemalt samal

PÕLVNEMISANDMETE ÕIGSUSE JUHUSLIK KONTROLL

Aretusprogrammidest:

- Igal aastal uuritakse ca 1% tõuraamatusse kantud veiste põlvnemisandmete õigsust.
 - Uuritavate loomade valik peab olema juhuslik.
 - Korra, mitmenda tõuraamatusse või aretusregistrisse kantava isendi põlvnemisandmete vastavust uuritakse, kehtestab aretusühing oma tõuraamatu pidamise eeskirjas.

KUIDAS KIRJELDADA?

- Traditsiooniliselt kasutatakse loomakasvatuses välimiku (eksterjööri) tunnuseid – fenotüüp
- Geneetiliste markerite abil – genotüübi kirjeldus geneetilise polümorfismi esinemise tõttu
- **Geneetiline marker** – ühe kromosoomi teatud kindel piirkond, mingi konkreetne geen, mittekodeeriv järjestus või ka üksik nukleotiid, mida saab kasutada indiviidi, populatsiooni või liigi identifitseerimiseks.
 - Spetsiifilised identifitseeritavad pärilikud polümorfismid
 - DNA polümorfism on kas
 - nukleotiidi(de) asendus
 - insertioon (nukleotiidi(de) lisandumine)
 - deletsioon (nukleotiidi(de) kadu)
 - Laboratoorselt detekteeritavad genotüpiseerimise teel
 - DNA muutlikkus võib olla näha fenotüübiliselt
 - Iga uus variatsioon ei pruugi muuta fenotüübilist variatsiooni

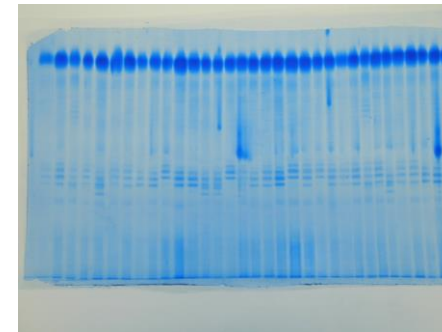
KUIDAS KIRJELDADA?

- Ajalooliselt loomakasvatuses kasutatud geneetilised markerid:

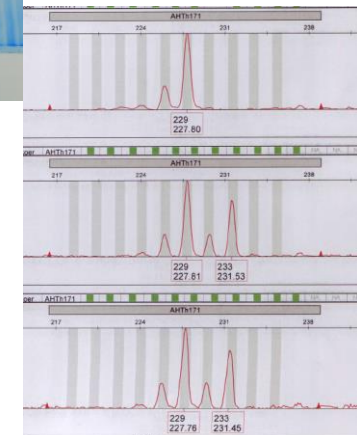
- veregrupid (hemolüüsi- ja aglutinatsioonitest)



- vereseerumi valgutüübid (detekteerimine elektroforeetiliselt)



- DNA (PCR-RFLP, mikrosatelliidid, mtDNA, SNP)



GENEETILINE POLÜMORFISM

- Populatsioonisisene polümorfism
- Polüalleelsus ehk mitmealleelsus
 - nähtus, mil uuritaval geenil (või muul geneetilisel markeril) on samas lookuses enam kui kaks alleeli
- On seotud populatsiooni geneetilise struktuuriga
- Polümorfismiga säilitatakse konkreetses populatsioonis stabiilne geneetilise muutlikkuse olemasolu
- Igas populatsioonis esineb sellele spetsiifiline polümorfism

GENEETILISED MARKERID

PÕLVNEMISANDMETE ÕIGSUSE KONTROLLIMINE

- Kasutatakse indiviidide geneetiliseks identifitseerimiseks ja põlvnemisandmete õigsuse kontrollimiseks
- Geneetiliste markerite kasutamine põlvnemisandmete kontrolliks põhineb
 - nende kodominantsel pärandumisel vastavalt Mendeli seadustele
 - tunnuste muutumatusel ontogeneesis.
- Põlvnemisandmete kontroll toimub välistamise meetodil.

UURIMISMATERJAL

- Veri
 - Karvad
 - Sperma
 - Limaskesta rakud
 - Koeproovid
- NB! Omavahel ei ole võrreldavad DNA mikrosatelliitide ja SNP-de tulemused!



DNA MIKROSATELLIIDID

- DNA järjestused, mis koosnevad tandeemselt korduvatest 2 – 6 nukleotiidi (aluspaari) pikkustest motiividest
- Korduste arv varieerub indiviiditi, mis annabki võimaluse indiviidide identifitseerimiseks ja teistega võrdlemiseks
- Rahvusvaheline Loomageneetika Ühing (ISAG) on kehtestatud miinimumstandardid loomade genotüüpiseerimiseks ja ühtlustanud nõuded, mis andmed peavad sisalduma DNA-tüüpiseerimise sertifikaadil.

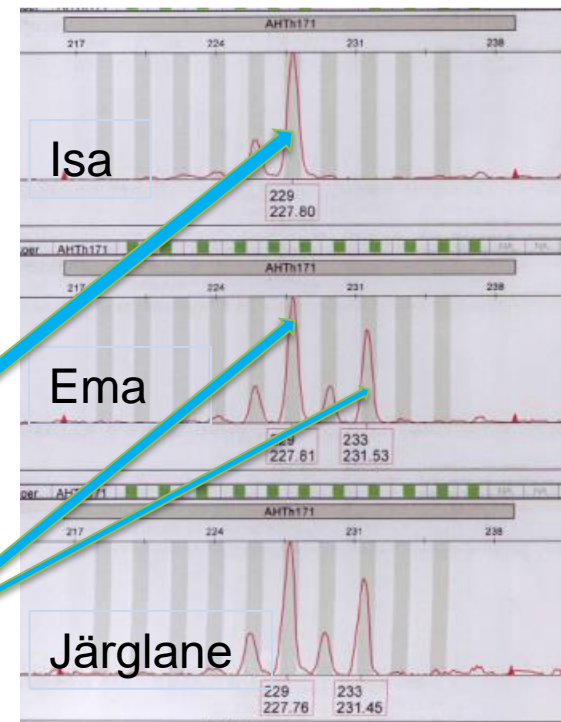


Siin: **CA-kordused, kokku 8 kordust**, mikrosatelliidi pikkus $50+16+50 = 116$ ap

Teisel indiviidil võib olla nt 4 kordust või 6 kordust, mikrosatelliitide pikkused vastavalt 108 ap ja 112 ap

DNA MIKROSATELLIIDID

- Isendi genotüübi moodustavad kaks alleeli
- Iga indiviid saab uuritud lookuses ühe alleeli oma emalt ja ühe alleeli oma isalt
- Uuritava DNA lõigu varianti nimetatakse alleeliks.
- Homosügootsel isendil on uuritava lookuse mõlemad alleelid ühesuguse pikkusega (nt 90 ja 90, 106 ja 106).
- Heterosügootsel isendil on uuritavas lookuses olevad alleelid erineva pikkusega (nt 90 ja 106).



- Järglase ja ema genotüüpi võrreldes on võimalik leida, millise alleeli on järglane pärinud oma emalt
- Teine alleel peab olema päritud isalt
- Geneetiliseks isaks saab olla ainult isasloom, kellel on see alleel olemas
- Põlvnemise üle otsustatakse järglase ja tema vanemate genotüüpide võrdlemise alusel

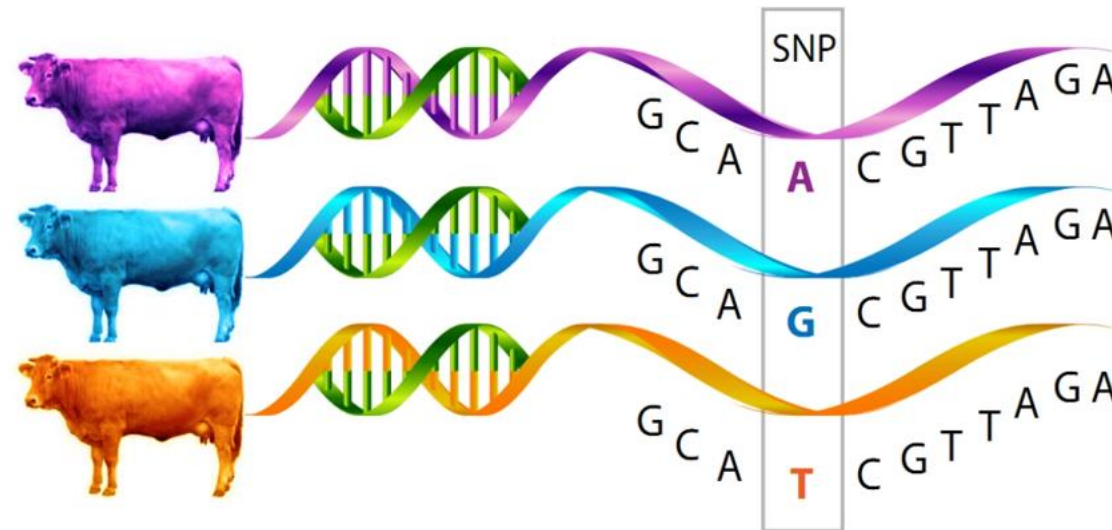
PÕLVNEMISANDMETE ÕIGSUSE KONTROLLIMINE

- Põlvnemisandmete kontroll toimub välistamise meetodil – järglasel ei saa esineda markerit, mis puudub tema vanemal.
- Täisperekonnaanalüüs
 - Võrreldakse järglast tema mõlema vanemaga
- Osaline perekonnaanalüüs
 - Võrreldakse järglast ainult ühe vanemaga

Geneetilised lookused	TGLA227		BM2113		TGLA53		ETH10		SPS115		ETH3		ETH225		BM1824		TGLA126		TGLA122		INRA23		BM1818	
	89	93	125	127	160	160	217	219	252	256	111	119	138	152	178	180	115	117	151	153	198	208	262	262
Isakandidaat 1	89	93	125	127	160	160	217	219	252	256	111	119	138	152	178	180	115	117	151	153	198	208	262	262
Lehm Moosi	81	93	127	137	160	160	219	219	252	256	117	119	144	152	180	182	115	115	141	151	200	208	260	260
Järglane	81	89	125	127	160	160	219	219	256	256	117	117	140	152	178	182	115	115	141	151	198	208	260	262

Otsus: Siin toodud isakandidaat 1 on järglase isana välistatud, ema on vastavuses.

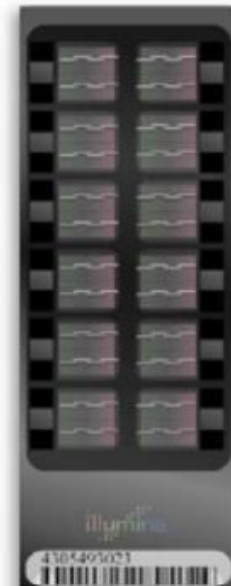
SNP-d



SNP – üksiknukleotiidne polümorfism (*single nucleotide polymorphism*)

Kindlas DNA-punktis oleva üksiku aluspaari vahetusvarieeruvus populatsioonis

Erineva tihedusega geenikiipide kasutamine – SNP-de põhjal genotüpiseerimine



MELD	atcgcgtgtagctagt	gctagctgctagctagctgatgca
ROM1_read12667	t.....
AWA1_read00345
SBF1_read06734
TEX1_read00234	t.....
ROM1_read10385	t.....
TEX1_read39890

SNP – üksiknukleotiidne polümorfism
(*single nucleotide polymorphism*)

Illumina SNP-kiip 2,5 x 8 cm, iga ruut võrdub 12 prooviga kiibil

Erinevad tõud geenikiibil, kõige ülemine on referentsjärjestus. Punktid näitavad identsust referentsjärjestusega

PÄRILIKE TUNNUSTE MÄÄRAMINE

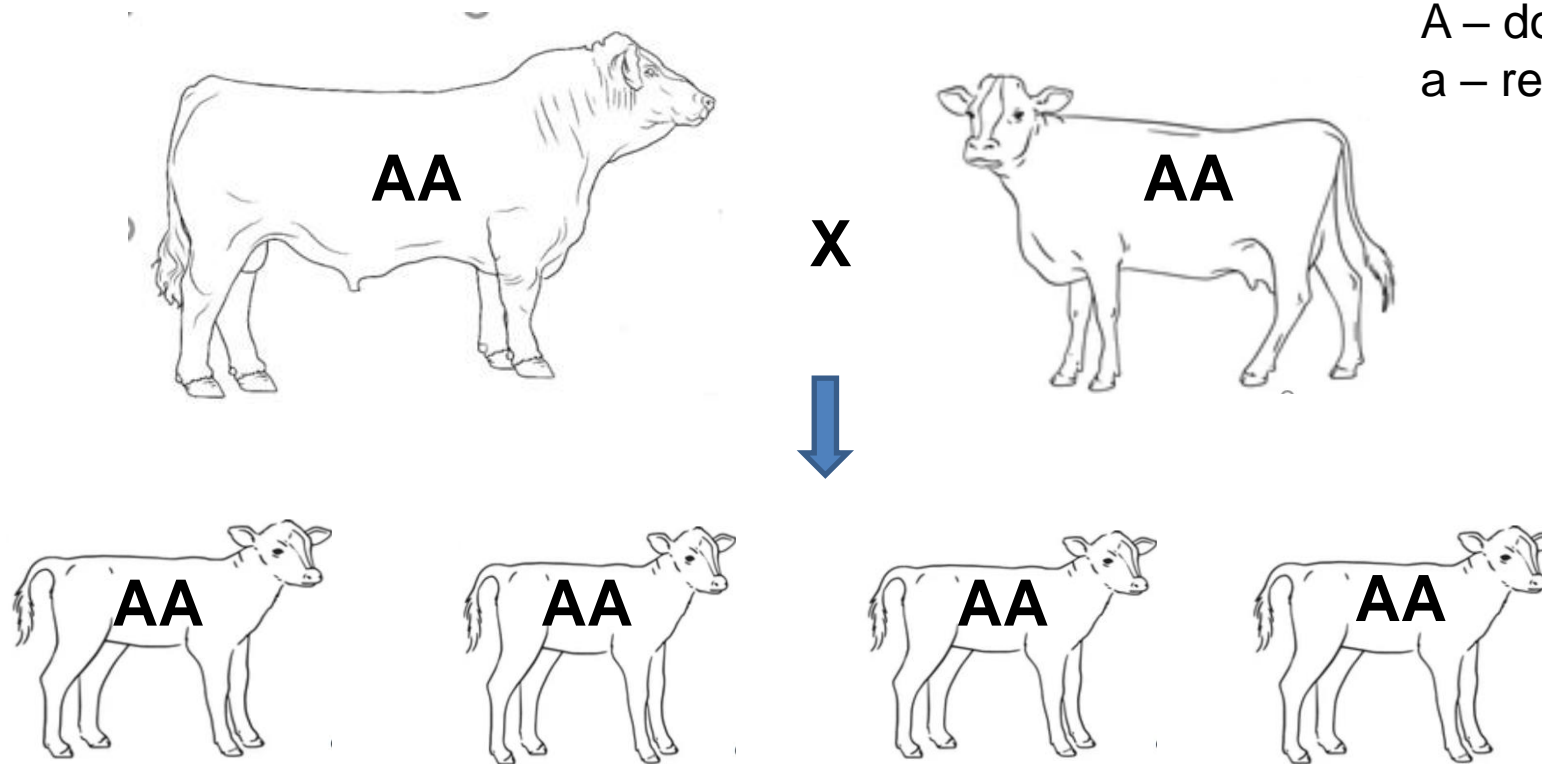
- Geneetilisi defekte kandvate suguloomade tuvastamine DNA analüüsidega võimaldab aretajatel paaride valikuga vältida retsessiivsete homosügootsete isendite saamist



Näide kompleksse lüüsisamba
väärarengu kohta

NÄIDE PÄRANDUMISE KOHTA

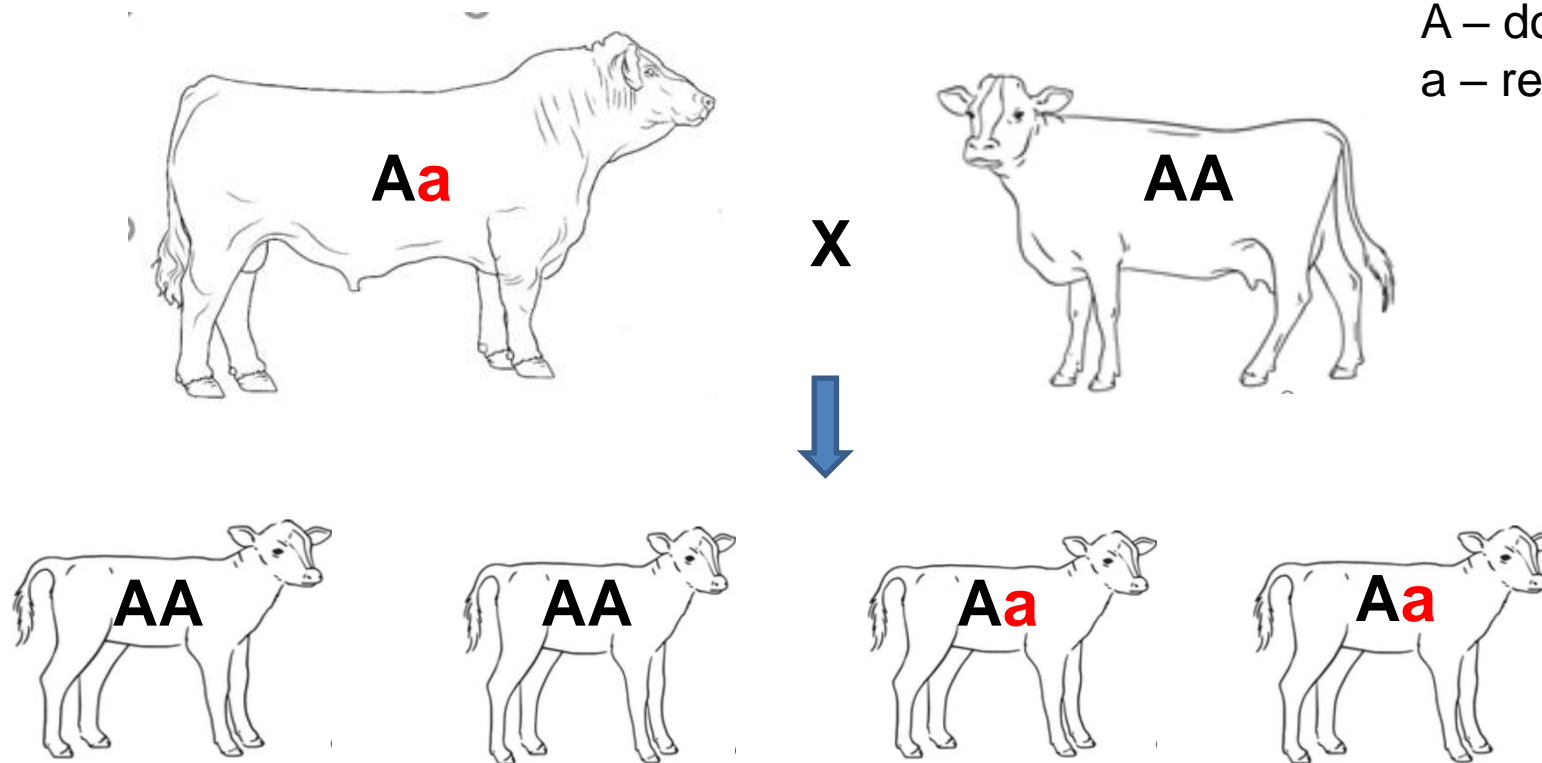
Autosomaalne retsessiivne defekt
A – dominantne
a – retsessiivne



Kõik terved

NÄIDE PÄRANDUMISE KOHTA

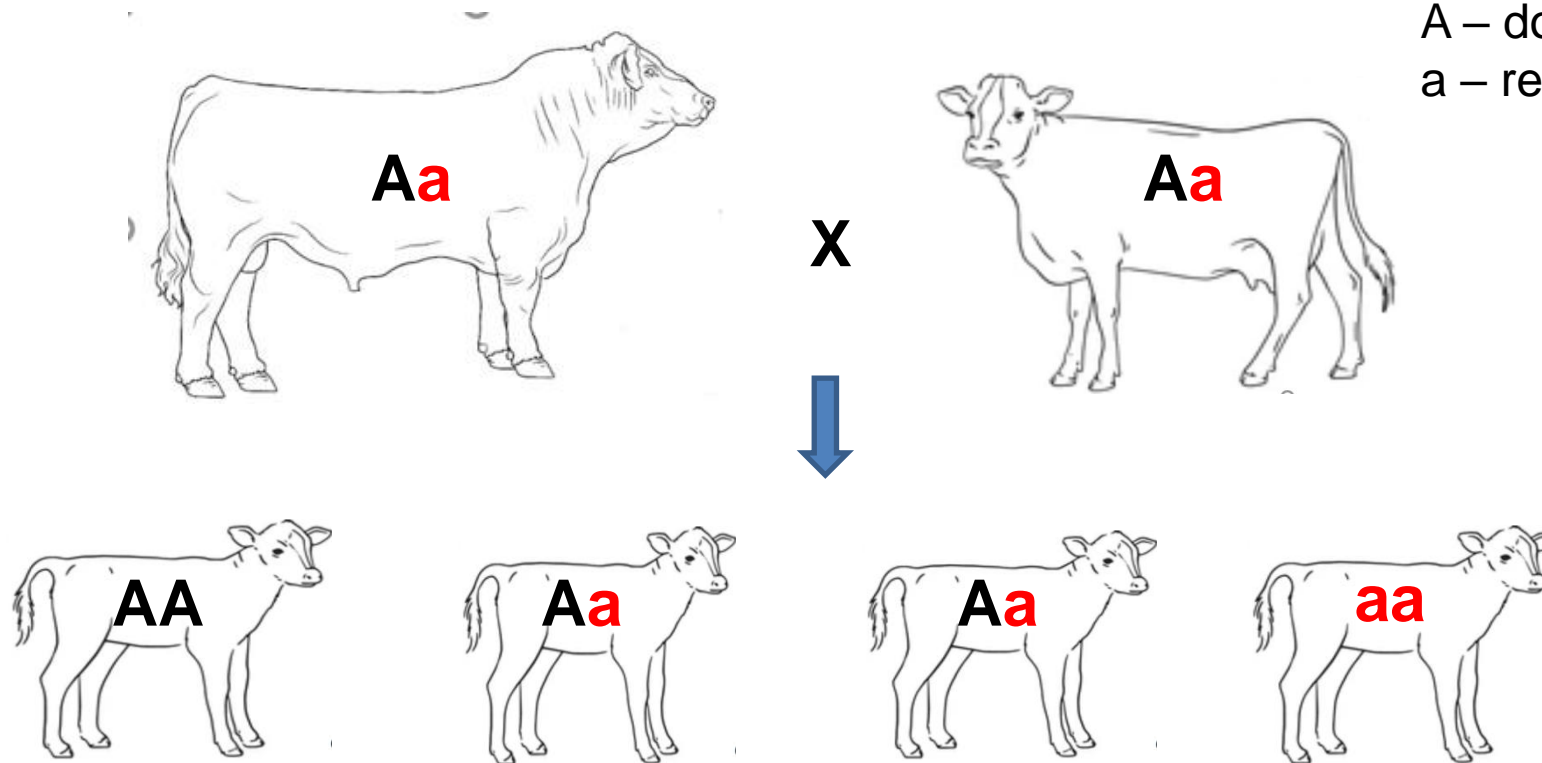
Autosomaalne retsessiivne defekt
A – dominantne
a – retsessiivne



Kõik terved, kuid pool järglastest defekti kandjad

NÄIDE PÄRANDUMISE KOHTA

Autosomaalne retsessiivne defekt
A – dominantne
a – retsessiivne

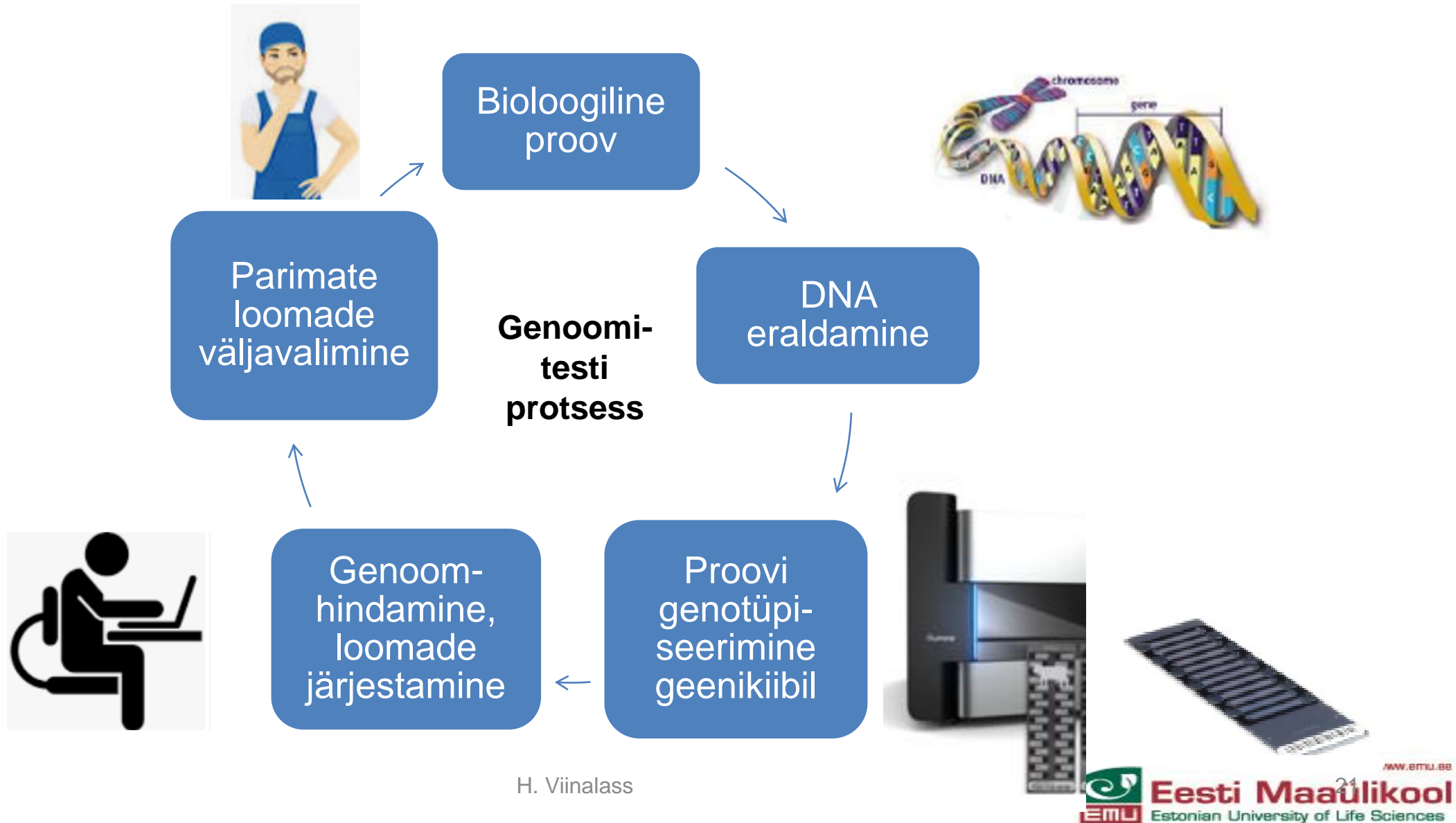


Kolm tervet, sh kaks defekti kandjat ja üks defektne järglane

GEENIDEFEKTID JA ARETUSPROGRAMMID

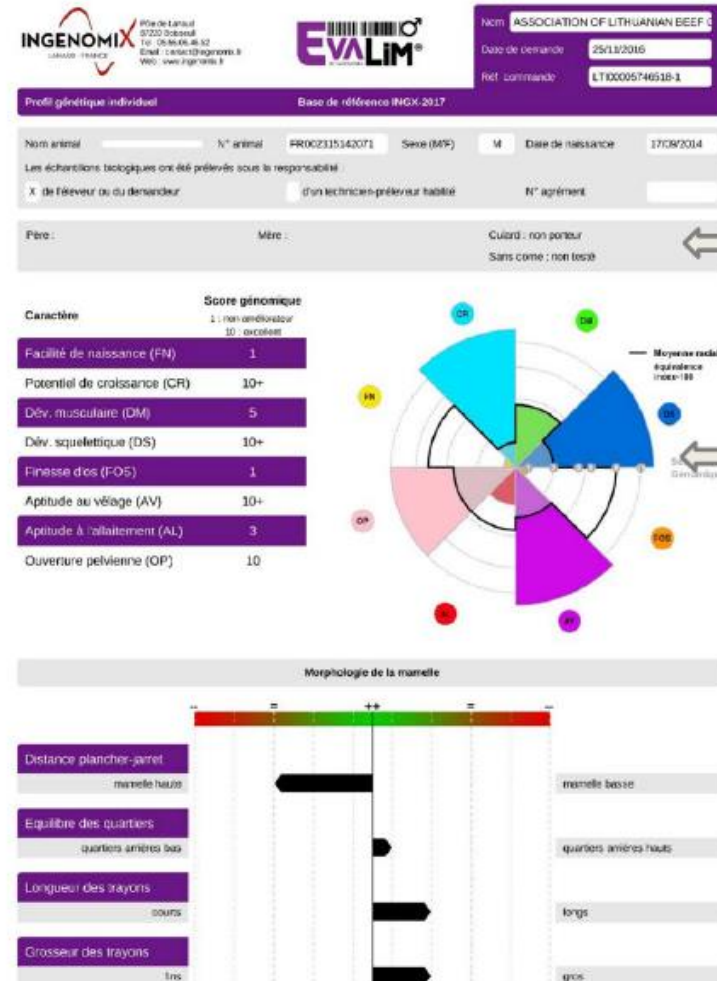
- Eesmärk - vältida defektsete geenide edasikandumist vanematelt järglastele.
- Saavutatakse geneetilise haiguse või defektgeeniga loomade praakimisega.
- Ei tähenda ilmtingimata loomade tapmist - neid loomi ei kasutata aretuses
 - Põllumajandusloomade puhul kasutatakse neid nn tarbeloomadena.
- See ei välista ka täielikult selliste loomade kasutamist paarituses, kuid see peab olema kontrolli all
- Genotüpiseerimine – eristada normaalseid homosügootse heterosügootidest (kandjatest).
- Defekti esinemist loomadel on võimalik vältida, kui üks paarituses kasutatav vanem on homosügootne normaalse alleeli osas.
- Kuna aretuses kasutatavate isasloomade arv on väiksem kui emasloomade arv, siis reeglina ei lubata aretuses kasutada defekti suhtes heterosügootseid ja tabandunud isendeid.
- Enamus geenidefekte on retsessiivsed homosügootsed

Genoomitest – kuidas see käib?



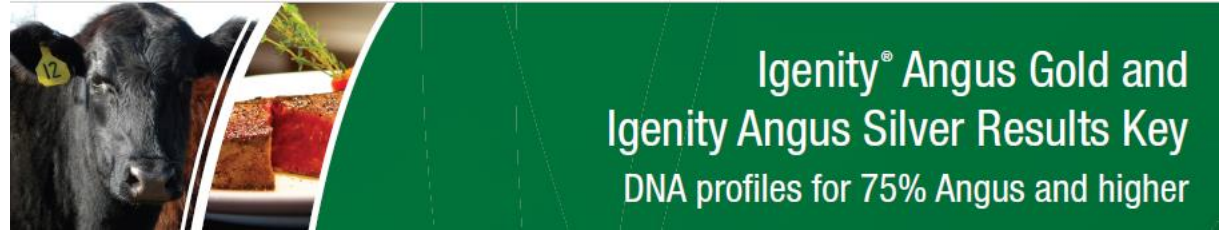
EVALIM

- 8 + 4 tunnust looma kohta
 - Poegimiskergus, kasvu potentsiaal, lihastus, looma mõõtmed, luustiku jämedus, tütarde poegimiskergus, piimakus, vaagna avatus + neli udara tunnust: kõrgus, tasakaal, nisade jämedus ja pikkus
- Tulemusi võrreldakse varem uuritud loomadega
- 2020 – referentspopulatsiooni suurus ca 25000 looma
- Graafikul must joon on populatsiooni keskmine ja väljendab suurust 100.
- Üldjuhul, mida enam >100, seda parem antud tunnuse osas loom on



Põlvnemisandmete kontrollimine

Tõu keskmine on toodud musta pidevjoonega



- Igenity Beef profiil annab teavet 16 tunnuse ja kolme indeksi kohta, võimaldades veised järjestada.
- Loomadele antakse molekulaarse aretusväärtuste hinnang (*Molecular Breeding Value* – MBV).
- Kasutusel Kanadas, USA-s, UK-s, Brasiilias jt riikides.
- DNA-testimine annab genotüübiinfo põhineva võimaluse loomade valikuks emapoolsete tunnuste, jõudlustunnuste ja rümbaomaduste põhjal, mullikate asendamiseks võimaldades loomaomanikul otsustada, millist mullikat müüa, parandada oma karja tervist, viia efektiivsemalt läbi paaridevalikut.
- Lisainfo olemasolul oma loomade kohta võrreldes tavapärase jõudluskontrolliga on geenitestide kasutajatel kiirem ja täiendav võimalus oma karjade efektiivsemaks ja kasumlikumaks majandamiseks.



Igenity® Angus Gold and Igenity Angus Silver Results Key DNA profiles for 75% Angus and higher

- Tõud:
 - aberdiin-angus, hereford, limusiin, simmental, šarolee (selle tõu puhul on tulemuste usaldusväärsus madalam)
- Interpreteerimine
 - Igenity hinded on mõeldud keeruliste andmete lihtsustamiseks, et neid oleks teisi kriteeriumeid arvestades mugav kasutada oma karja täienduse ning juurdekasvu planeerimisel.
- Genoomaretusväärtus
 - Genotüpiseerida GGP Bovine 100K kiibil ja saata genotüübiandmed tunnustatud andmetöötluskeskusse, kus viiakse läbi genoomhindamist.

H. Viinalass

Emapoolsed tunnused

Sünnimass

Poegimiskergus, otsene

Poegimiskergus, emapoolne

Karjaspüsivus

Mullikate tiinestuvus

Käsitletavus

Piimakus

Jõudlustunnused

Residual Feed Intake

Keskmine ööpäevane juurdekasv

Võõrutusmass

Aastase veise mass

Rümbaomadused

Õrnus

Marmorsus

Lihassilma pindala

Rasvakihi paksus

Rümbamass (Hot Carcass Weight)

Molekulaarne aretusväärtus

(*Molecular Breeding Value* – MBV) on järglaste antud prognoositud väärtus võrreldes nende eakaaslastega.

Kõrgemad tulemused pole tingimata paremad – need tähendavad vaid, et vastaval loomal on kõrgem geneetiline potentsiaal vastava tunnuse osas.

MBV ei ole genoomne aretusväärtus



Igenity® Angus Gold and Igenity Angus Silver Results Key

DNA profiles for 75% Angus and higher

- Interpreteerimine (1-10 punktiline skoor)

Understanding 1 to 10 Igenity scoring: This chart allows you to cross reference the 1–10 Igenity scores for traits with their corresponding Molecular Breeding Values (MBV) or expected effects. This MBV is the prediction of how future progeny of an animal are expected to perform compared to the progeny of other profiled animals. Higher scores are not necessarily better – they just mean the animal has more genetic potential for that trait. Igenity scores are designed to simplify complex data and make it convenient for you to use this cutting-edge information along with other criteria you use to select your replacement breeding stock.

Comparing scores between profiled animals: The examples below show you how to equate Igenity scores to variation in MBVs, or expected effects, from the genetic effects table.

Helfer Pregnancy Rate (HPR)	Igenity Score	Genetic Effect	Description
Animal A	8	4.3%	Animal A will produce daughters with a 3.1% higher probability of conceiving during a normal breeding season compared to daughters of Animal B.
Animal B	3	1.2%	
		3.1%	

Calving Ease Maternal	Igenity Score	Genetic Effect	Description
Animal A	8	12.5%	Animal A is expected to produce daughters with an 8.9% higher probability of calving unassisted as first-calf helpers compared to progeny of Animal B.
Animal B	3	3.6%	
		8.9%	

Average Daily Gain (ADG)	Igenity Score	Genetic Effect	Description
Animal A	8	0.27 lbs.	Animal A is expected to produce progeny that will gain 0.16 pounds more per day than progeny of Animal B, and therefore weigh 28.50 pounds more after 150 days on feed.
Animal B	3	0.11 lbs.	
		0.16 lbs. per day	

Näiteid sertifikaatidest



DNA Genotype Certificate

Neogen Canada Inc.
7323 Roper Road NW
Edmonton, Alberta, T6E 0W4, Canada
Phone: 1-855-324-9774 Email: neogencanada@neogen.com

Case No. NC19BV0039939-1

ANIMAL INFORMATION

Species BOVINE
Breed ANGUS
Name [REDACTED]
Registration No. [REDACTED]

Gender MALE
Date of Birth 08-January-2018
Tag 60F
Tattoo HAMI 60F

Notes

NO PARENTAGE PERFORMED.
GENOTYPING COMPLETE.
GENOTYPE STORED AT NEOGEN CANADA.
MISSING PARENT GENOTYPES.
MISSING SIRE: MAY-WAY BREAKOUT 1310 REG#: 1838287 TATTOO: IMP 1310A TAG: 1310
MISSING DAM: HF MAYFLOWER 191Z REG#: 1683163 TATTOO: HAMI 191Z TAG: 191Z

Alternate Identification:

GENOTYPE RESULTS Adjusted to ISAG (1995) standard

AVAILABLE AT THE REGISTRY OFFICE

FILED AT TESTING LABORATORY

TGLA53	170 / 176	SPS115	248 / 280
CYP21	/	TGLA126	115 / 117
SPS113	/	TGLA122	151 / 151
BM1818	/	INRA23	206 / 214
TGLA48	/	TGLA227	89 / 97
MGTG4B	/	ETH225	148 / 150
BM1824	178 / 182	ETH10	219 / 219
RM067	96 / 96	ETH3	121 / 125
BM2113	135 / 141		/

SAMPLE SUBMITTED BY:

Hamilton Farms
274132 Range Rd 33
Rocky View County AB T4C 2Y2

Date Issued 4/12/2022

Issued By Canadian Angus Association
292140 Wagon Wheel Blvd
Rocky View County AB T4A 0E2

Direct: 403 571 3580
Toll Free: 1 888 571 3580



Based on samples and information received, this animal qualifies as an offspring of:

Sire: N/A

Dam: N/A

Identitetsbevis Härstamningsverifiering

SE-85266-7838-6

Namn: VITA FALL AB
Adress: FALL
61010 LJUSFALLSHAMMAR

INDIVID		SIRE		DAM	
SE-identitet	[REDACTED]	SE-identitet	SE-800015-1976-5	SE-identitet	SE-85266-1282-8
Int. Identitet	[REDACTED]	Int. Identitet	000000073077	Int. Identitet	85266-1282-13
Kön	M	Kön	M	Kön	F
Stamboksnr	99725	Stamboksnr	700056	Stamboksnr	116427
Ras	SIM	Ras	SIM	Ras	SIM
Namn	[REDACTED]	Namn	GULLI AV STUSTAD P	Namn	S Isa av Fall
Födelsedatum	20190119	Födelsedatum	20110331	Födelsedatum	20130308
DNA Microsat.	Verifierad		J - D		J - D
Genomic	Verifierad		J - G		J - G

SNP

Genomisk test gjord för individ – Lagring av underlag och rutiner för verifiering görs i samarbete med SEGES-FABA, vid SEGES i Danmark. Vid frågor Kontakta Växa Sverige 010 – 471 00 00, e-post: harstamning@vxa.se

DNA-Microsatelliter Labnummer: 537623

ETH3	117/127	SPS115	248/248	TGLA227	91/93
ETH225	140/148	BM2113	131/131	TGLA126	117/123
BM1824	180/188	TGLA53	172/172	TGLA122	151/151
ETH10	213/217	INRA023	206/206		

Monogena Egenskaper Labnummer: 812003

AH2	F	BTA12	F	BTA23	F	BL	F	Polled	PP*
SD	F	BH2	F	B.Casein	F	HH1	F	PA	F
HH3	F	HH4	F	HH6	F	HH7	F		
JH1	F	RP1	F	PI	F	SM	F		

S=Homozygot bärare, C=Heterozygot bärare, F=Fri
*PP=Homozygot pollad, Pp=Heterozygot pollad, pp=Fri, bär horn

Näiteid sertifikaatidest



Maxxam DNA Genotype Certificate

Maxxam Analytics
335 Laird Rd, Unit 2, Guelph, Ontario, N1H 6J3, Canada
Phone: (519) 836 2400 Fax: (519) 836 5782 Website: www.maxxamanalytics.com

Barcode(s): HDC1442318-MV

DNA Case No. HD2010001034

ANIMAL INFORMATION at MAXXAM

Species BOVINE
Breed HEREFORD
Name [REDACTED]

Registration No. [REDACTED]
Tattoo [REDACTED]

GENOTYPE RESULTS

Adjusted to the International Society of Animal Genetics standard

ETH3	119 / 119	INRA23	206 / 214
ETH225	148 / 150	TGLA53	162 / 162
BM1824	182 / 188	CYP21	187 / 192
TGLA126	115 / 115	BM1818	266 / 266
TGLA122	149 / 169	RM067	94 / 96
TGLA227	91 / 91	MGTG4B	139 / 139
BM2113	135 / 139	SPS113	153 / 153
ETH10	215 / 217		/
SPS115	252 / 260		/

Based on samples and information received, this animal qualifies as an offspring of:

Sire: TRIPLE-A 14M STOCKY 34S

Reg # C02904974 (PUT 34S)

HD2011002642

Dam: SQUARE-D ELLIE 37T

Reg # C02902164 (SAZ 37T)

HD2010002047

Notes

QUALIFIED SIRE: TRIPLE-A 14M STOCKY 34S Reg#: C02904974 Case Number: DC215467 Tattoo: PUT 34S
QUALIFIED DAM: SQUARE-D ELLIE 37T Reg#: C02902164 Case Number: N/A Tattoo: SAZ 37T

DILUTOR

Free

IDIOPATHIC EPILEPSY

Free

HYPOTRICHOSIS

Free

SAMPLE SUBMITTED BY:

7D54500

JAMES SPENCER DUKE
RR 2
LANGBANK SK SOG 2X0

Date Issued 02/05/2011

Info EPJ-s

Geneetiline ekspertiis

Looma andmed

Loomaomanik	
Nimi, Inv. nr.	
Registri number	
Sünniaeg	
Isa	
Ema	

Vaata eelnevalt logitud 7. kirjet

Geneetilise ekspertiisi andmete muutmine

*Lab nr (numbriline väli)	<input type="text" value="138361"/>
*Väljastamise kuupäev (DD.MM.YYYY)	<input type="text" value="15.01.2022"/>
Geneetiliselt identifitseeritud	<input checked="" type="checkbox"/>
Isa uurimine	<input type="text" value="vastavuses"/>
Ema uurimine	<input type="text" value="identifitseerimata"/>
Isa saab olla	<input type="text"/>
Kasutatud markersüsteem	<input type="text" value="SNP"/>
Kommentaar	<input type="text" value="Ingenomix FRA"/>

Salvesta

Kustuta



EE  VikingGenetics genoomhinded

Tunnus	Väärtus	Tunnus	Väärtus
Hinnatud	02.03.2021	SKAV	-1
VG_Piim	99	VG_Piimarasv	103
VG_Piimavalk	101	SPAV	103
Piimatüüp	113	Tüüp	111
Jalad	108	Udar	105
Tootlik aeg	102	Sigivus	95
Suurus	110	Rinna laius	104
Kere sügavus	114	Laudja sirgus	95
Laudja laius	100	Sõranurk	99
Kanna kvaliteet	102	Tagajalad tagant	111
Tagajalad küljelt	96	Tagaudara kõrgus	107
Keskside	103	Esinisade asetus	102
Taganisade asetus	99	Eesudara kinnitus	102
Udarapõhja kõrgus	98	Esinisade pikkus	112
Lüpsikiirus	98	Elussünd isapoolne	106
Poegimisvõime isapoolne	106	Poegimisvõime emapoolne	96
Sarvilisus	Horned	Kappa kaseiinitüübid	
BLAD	Free	HH1	Free
HH3	Free	HH6	Free
HH7	Free	Kolesterooli defitsiidi sündroom	PossibleFree
Beeta kaseiinitüübid	BetacaseinA2A2	Kasv	105
Udara tervis	91	Muud haigused	95
Sõra tervis	84	Noorkarja elujõulisus	104
Seljoon	102	Luustiku kvaliteet	105
Tagaudara laius	103	Nisa jämedus	102
Udara tasakaal	102	SMA	Free
WE	PossibleFree	JH1	Free
BTA12	Free	BTA23	Free
PIRM	Free	AMC	PossibleFree
ARMC3	PossibleFree	RP1	Free
AH2	Free		

KOKKUVÕTTEKS

- Geneetiliste uuringute tulemused peavad olema looma andmete juures
- Erinevates markersüsteemides esitatud info ei ole omavahel võrreldav
- Erinevate geneetiliste uuringute informatsioon looma väärtuse kohta ei ole üheselt võrreldav