

Tori hobusetõu ja selle alampopulatsioonide ning teiste kohalike Eesti hobusetõugude geneetiline analüüs ning nende sarnasuse või eristatuse võrdlus

Sirje Värv
Erkki Sild
Tanel Kaart
Krista Jõgi
Mirjam Vallas
Haldja Viinalass

EPKK infopäev „Aretuse õiguslik reguleerimine“
18. detsember 2020



Euroopa Liit
Euroopa
Regionaalarengu Fond



Eesti
tuleviku heaks



Euroopa Maaelu Arengu
Põllumajandusfond:
Euroopa investeeringud
maapiirkondadesse

Sissejuhatus

- Viimaste aastate jooksul on aretusühingute poolt tõstatatud küsimus tori hobuse tõu alampopulatsioonide kohta
- Arvamuste paljusus
- Polnud selge, kas tori tõug tervikuna või osa populatsioonist (alampopulatsioon/alampopulatsioonid) vastavad ohustatud tõu kriteeriumitele
- Maaeluministeerium kuulutas välja hanke uuringu läbiviimiseks



Dharma 25 013 T /
233402000733806, TA
Foto: <https://ehs.ee/>



Vana-tori hobune.
Foto: H. Viinalass



Orsella
233402000809907, TB
Foto: <https://ehs.ee/>

Eesmärk

- Teaduslikult uurida tori hobusetõu erinevate alampopulatsioonide erinevust üksteisest ning nende võimalikku sarnasust teiste Eestis aretavate ja kasvatatavate hobusetõugudega.
- Anda sisend poliitiliste otsuste tegemiseks selgitades välja loomapopulatsioonide olukorra.

Küsimused

- Kas eristuvad alampopulatsioonid tori tõus on olemas
- Juhul, kui alampopulatsioonid on olemas, siis kui kaugel üksteisest on alampopulatsioonid geneetiliselt
- Kas tori tõu alampopulatsioonid on omavahel geneetiliselt sarnased või on mõni alampopulatsioon kaugenenud ja sarnaneb enam mõne teise Eestis aretatava kohaliku hobuse tõuga või Eestis kasvatatava rahvusvahelise tõu populatsiooniga või on see üldse teistest alampopulatsioonidest ning eelnimetatud tõugudest eristunud
- Kas tori tõug või tema alampopulatsioonid vastavad ohustatud tõu määratlusele.

Materjal ja metoodika

I

- Proovide kogumine ja nummerdamine
 - Uuringu läbiviimiseks koguti hobustelt karvaproovid vastavalt EMÜ VLI geneetikalaboris kasutatavale protokollile.
 - EMÜ edastas VTA-le proovimaterjali võtmise ja pakendamise juhendi ning viis läbi ka praktilise koolituse proovimaterjali kogumiseks.
 - VTA spetsialistid kogusid hobustelt karvaproovid ja andsid need EMÜ-le **anonüümsena nummerdatult**.
 - Uurijatel puudus igasugune teave hobuste tõuraamatulise kuuluvuse, tõuraamatu alaosadesse kuuluvuse, sünniaja, põlvnemise, vanuselise struktuuri, soo, fenotüübi jne kohta.

Materjal ja metoodika

II

- Uuritavate hobuste valik
 - Vastavalt Hankija poolt kehtestatud andmete struktuurile kaasati uuringusse hobused kõigist tori hobusetõu alampopulatsioonidest selle tõuraamatu osade mõttes, põhilistest komponenttõugudest ja teistest Eestis kasvatatavatest hobusetõugudest – kokku 192 hobust.
- Valimi koostamine
 - Uuringusse kaasatavate hobuste osas tegid valiku VTA spetsialistid võttes arvesse EMÜ poolseid soovitusi.
 - Soovitasime hobuste valiku puhul lähtuda põhimõttest, et oleksid esindatud tõugudesisesed genealoogilised liinid (täkuliinid, märaperekonnad), geograafiline jaotus (erinevad karjad) ja hobused oleksid fenotüübiliselt varieeruvad ning valikut tehes välditakse proovide võtmist omavahel lähisuguluses olevatelt loomadelt.

Materjal ja metoodika

III

- Genotüpiseerimine viidi läbi firmas Neogen Europe, The Dairy School, Auchincruive, Ayr, Scotland, KA6 5HU.
- Genotüpiseerimiseks kasutati hobuste tihedat geenikiipi (*Affymetrix Axiom Equine HD Array*), kokku 670 000 SNP-d.
 - Nimetatud tihe geenikiip tagab suurima hobusetõugudel teadaoleva genoomse variatsiooni ja on seetõttu sobivaim limiteeritud arvu proovide juures.
- Genotüpiseeriti 192 hobust
- SNP – üksiknukleotiidne polümorfism (ingl. *Single Nucleotide Polymorphism*). Kindlas DNA-punktis oleva üksiku aluspaari vahetusvarieeruvus populatsioonis

Tulemused

- Analüüsiti 190 hobust
 - 2 proovi, mis olid geneetiliselt identsed (99,7%) jäeti analüüsist välja
- 670 000 markerist valiti välja 222 757 kõige informatiivsemat markerit

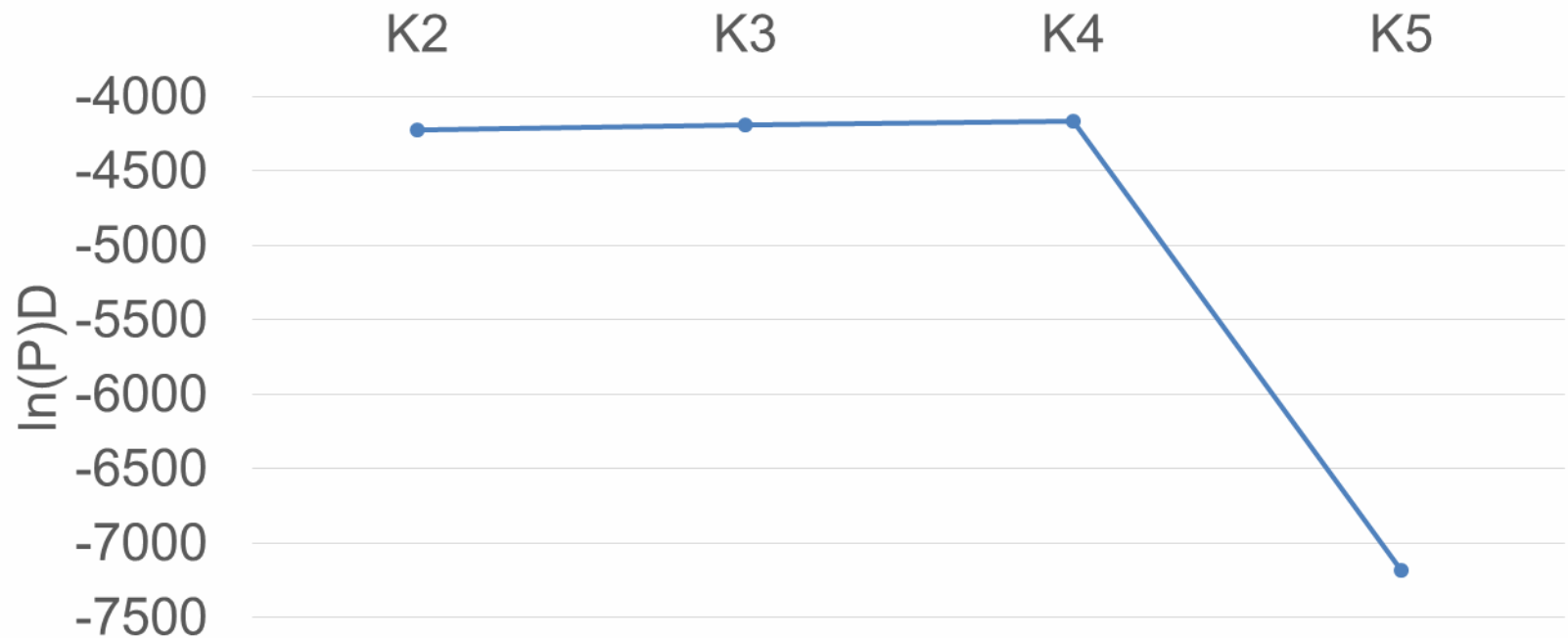
Teave hobuste kohta

- Pärast vahearuande esitamist saime teada proovinumbritele vastava **hobuste tõuraamatulise kuuluvuse**
- Hobused kuulusid järgmistesse Eestis peetavasse tõuraamatusse (eesti hobune, eesti raskeveohobune, eesti sporthobune, trakeeni, tori hobune), sh
 - tori tõugu hobuste proovid olid kogutud tõuraamatu kolme alaosasse kuuluvatelt hobustelt: tori TA, tori TB ja vana-tori

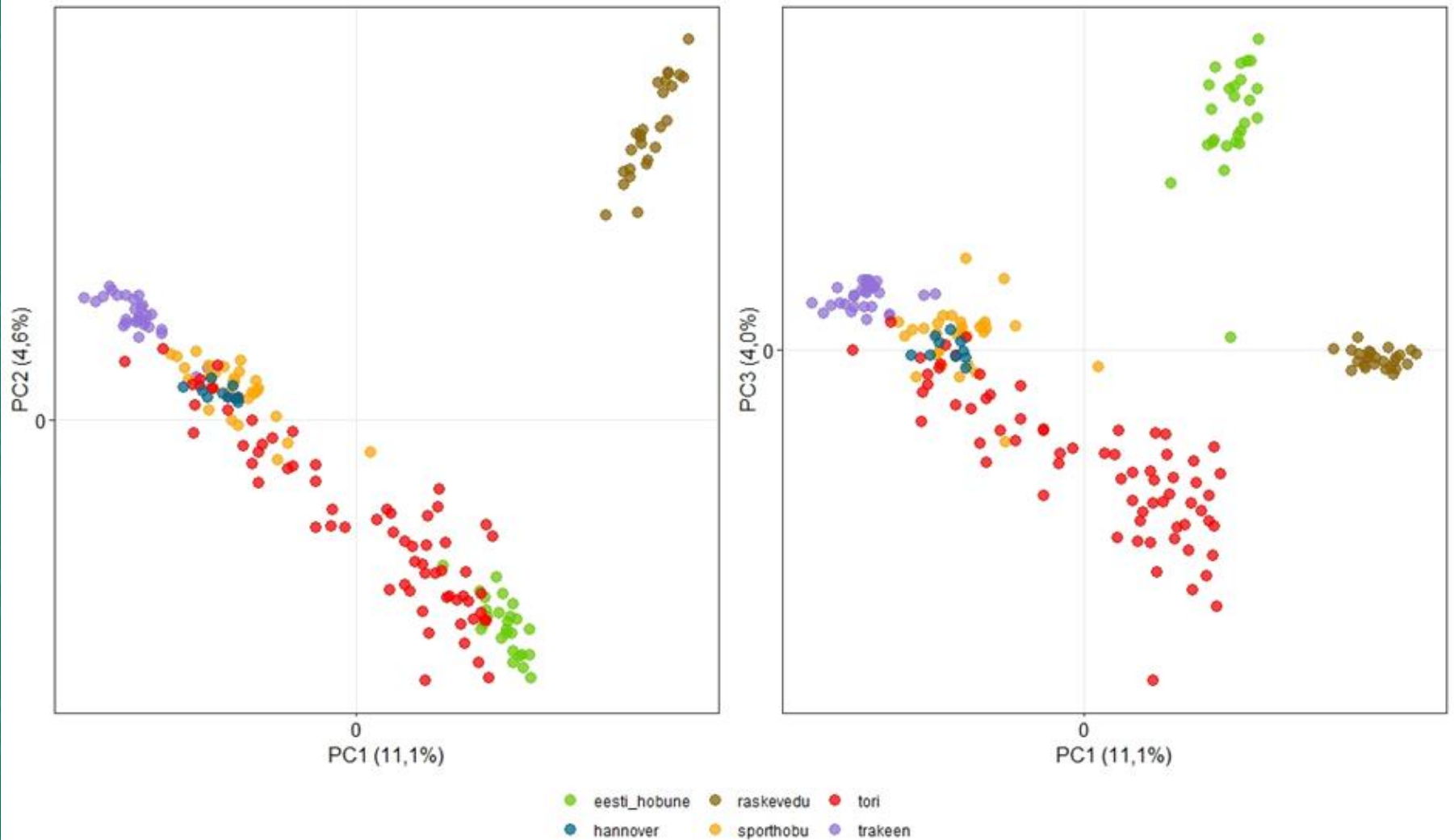
Tabel. Hobuste tõuraamatuline kuuluvus

Tõuraamatuline kuuluvus	Hobuste arv
Eesti hobune	26
Eesti raskeveohobune	26
Eesti sporthobune	30
Hannover	10
Tori TA	30
Tori TB	30
Trakeen	30
Vana-tori	10
Kokku	192

Võimalike populatsioonide arv



Peakomponentanalüüs



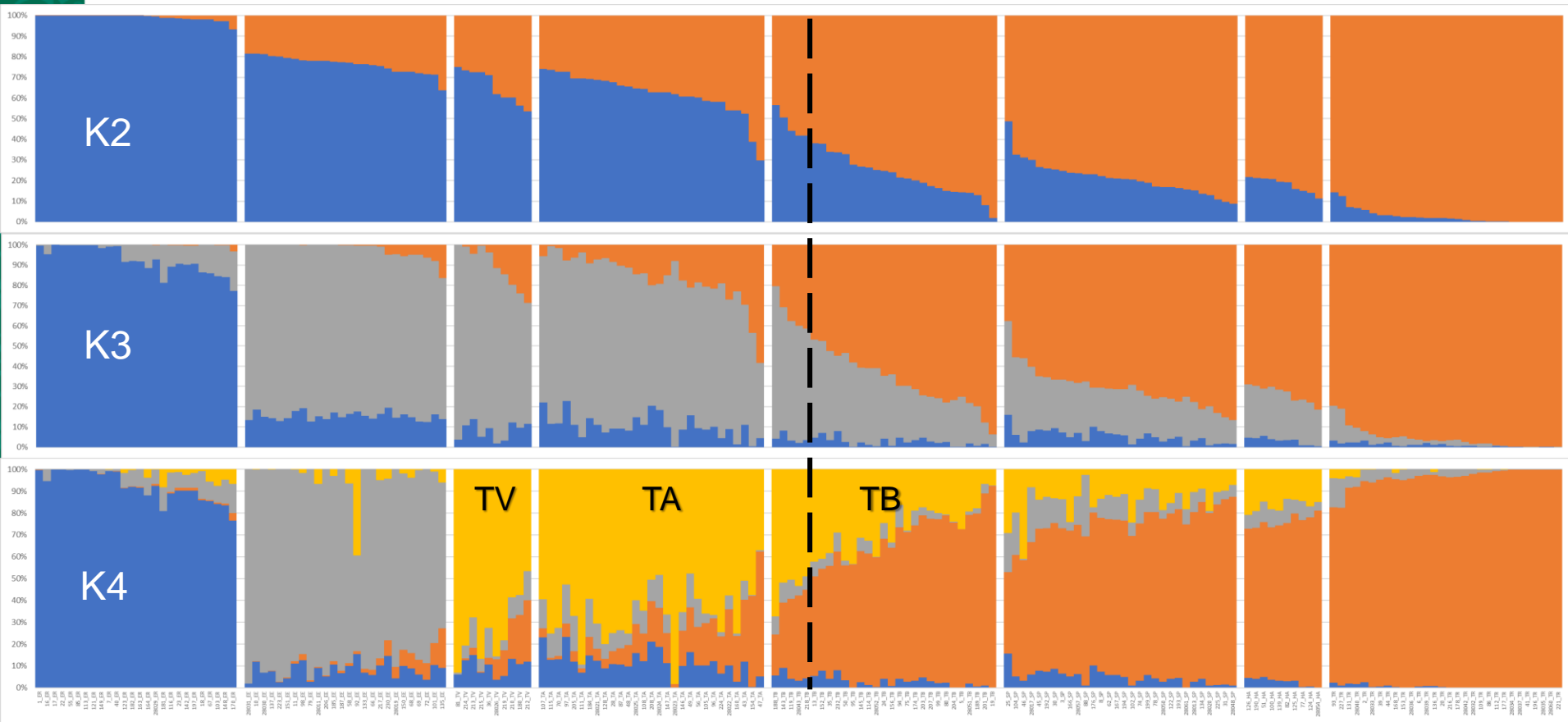
Hobuste jaotumine klastritesse

Tõug/ TR osa	Geneetiline klaster/populatsioon				Arv kokku
	eesti	raskeveo	soojavereline	tori	
Eesti hobune	26 (100%)				26
Eesti raskeveohobune		26 (100%)			26
Trakeen			30 (100%)		30
Tori, sh			27 (40%)	41 (60%)	68
tori TA			3 (10%)	26 (90%)	29
tori TB			24 (83%)	5 (17%)	29
tori TV				10 (100%)	10
Hannover			10 (100%)		10
Eesti sporthobune			28 (93%)	2 (7%)	30

Klasteranalüüsi põhise populatsiooni ja hobuste tõuraamatu kuuluvuse võrdlus

Geenikomponentide jaotus

Raskeveo	Eesti hobune	Tori			Sporthobune	HA	Trakeen
----------	--------------	------	--	--	-------------	----	---------



190 hobust (tulpades)

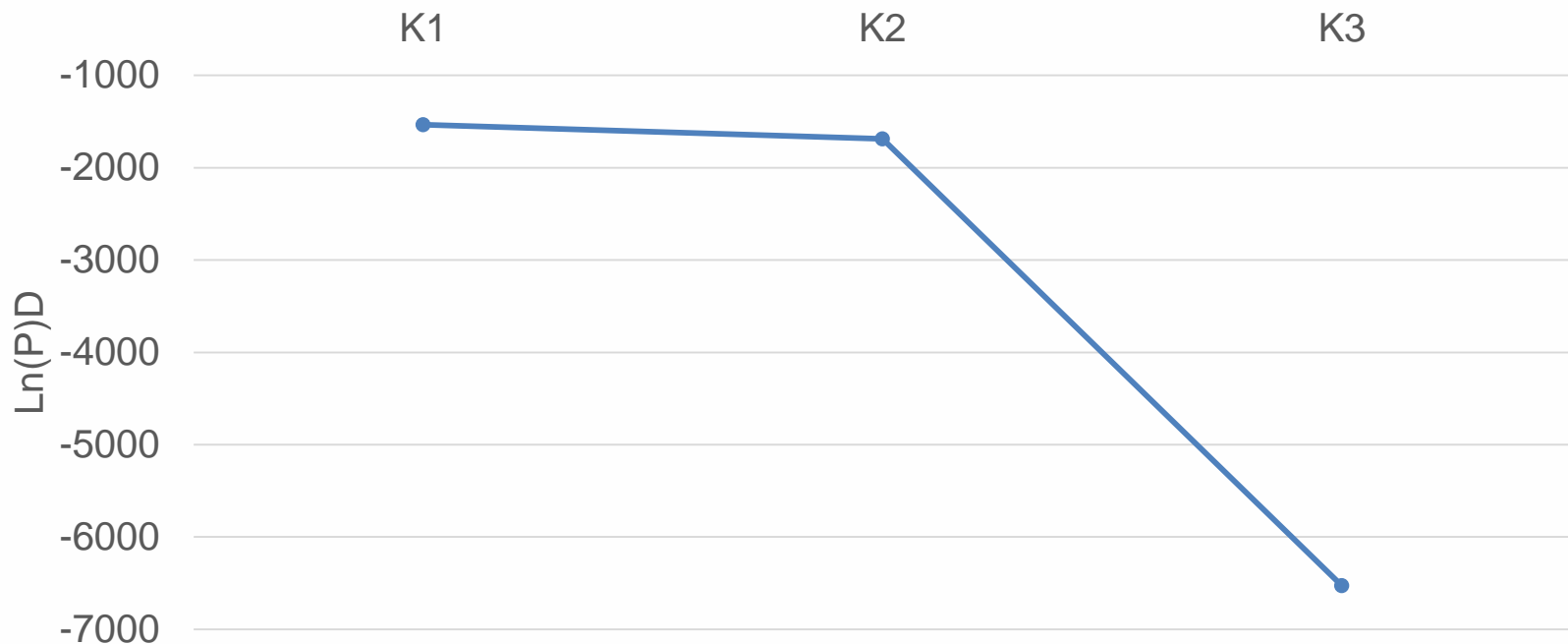
Tõugude paariviisiline F_{ST}

ER – eesti raskeveohobune
 TR – trakeen
 ES – eesti sporthobune
 TB – tori TR TB alaosa hobused
 EE – eesti hobune
 TA – tori TR TA alaosa hobused
 TV – vana-tori
 HA – hannover

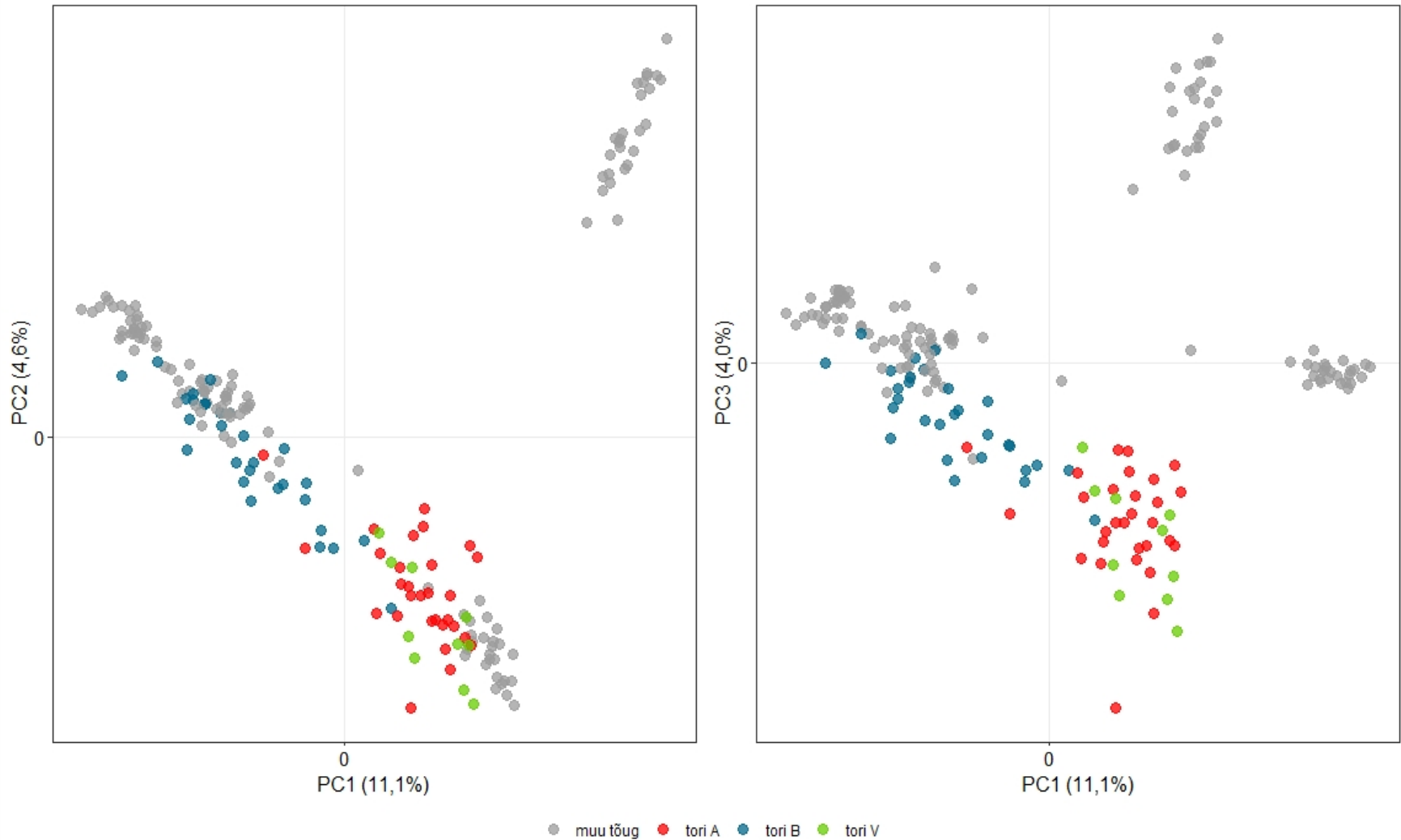
Tõug	ER	TR	ES	TB	EE	TA	TV	HA
ER	0	0,102	0,074	0,072	0,057	0,051	0,058	0,085
TR	0,102	0	0,013	0,016	0,074	0,056	0,066	0,02
ES	0,074	0,013	0	0,003	0,048	0,029	0,035	0,001
TB	0,072	0,016	0,003	0	0,047	0,019	0,024	0,004
EE	0,057	0,074	0,048	0,047	0	0,035	0,038	0,054
TA	0,051	0,056	0,029	0,019	0,035	0	0	0,032
TV	0,058	0,066	0,035	0,024	0,038	0	0	0,038
HA	0,085	0,02	0,001	0,004	0,054	0,032	0,038	0

F_{ST} – geneetilise diferentseerumise indeks (väärtused 0 kuni 1)

Võimalike populatsioonide tõenäosus tori tõus

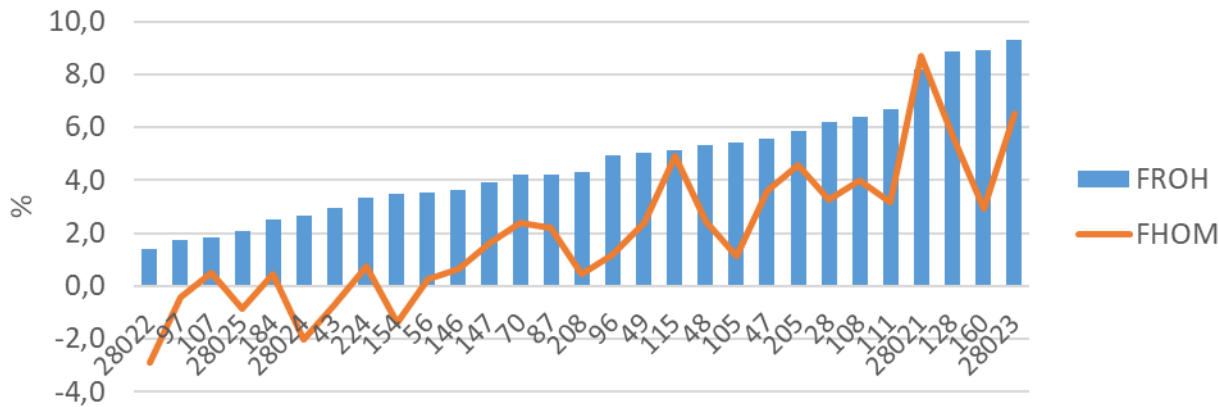


Tori tõug

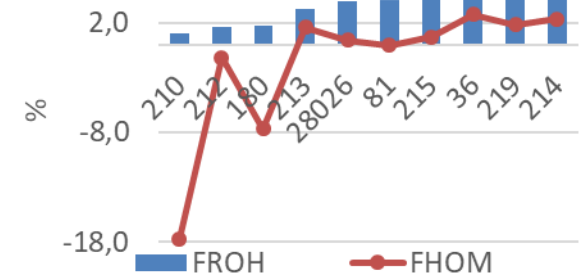


Inbriidingu näitajad

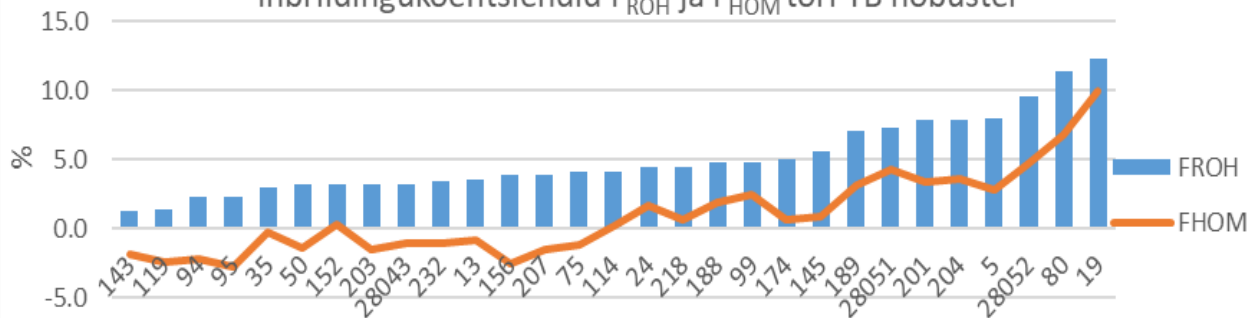
Inbriidingukoefitsiendid F_{ROH} ja F_{HOM} tori TA hobustel



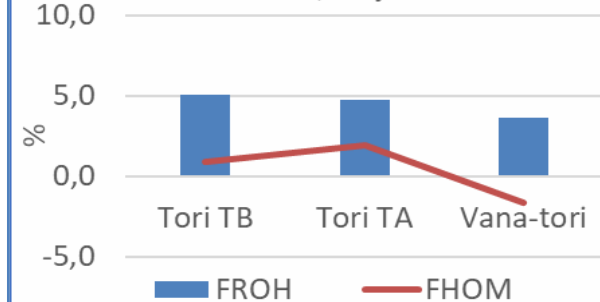
Inbriidingukoefitsiendid F_{ROH} ja F_{HOM} vana-tori tõuraamatu hobustel



Inbriidingukoefitsiendid F_{ROH} ja F_{HOM} tori TB hobustel



Keskmine inbriiding tori hobusetõu tõuraamatu TA, TB ja TV lõikes



F_{HOM} – genoomne inbriidingukoefitsient; suhtarv, mis arvutatakse SNP-de empiirilise ja loomade juhuslikule ristumisele vastava teoreetilise homosügootsuse erinevuse alusel (väärtused -1 kuni +1)
 F_{ROH} – genoomne inbriidingukoefitsient (väärtused 0 kuni 1); arvutatakse kumulatiivse ROH pikkuse suhtena SNP-dega hõlmatud genoomi pikkusesse (antud uuringus: SNP-dega oli hobuste genoom kaetud 2 279 899 829 aluspaari ulatuses)

Populatsioonide panused üldisesse geneetilisse variatsiooni (Edingu järgi)

Tõug	P, %	Geneetilise panuse suurenemine või vähenemine selle tõu kao korral (gruppide arv-1), %								UP
		-ER	-TR	-ES	-TB	-EE	-TA	-TV	-HA	
ER	13,8		13,2	14,3	13,7	17,6	15,6	14,1	13,8	0,0052
TR	16,0	14,6		20,9	19,7	16,2	14,8	15,8	16,7	0,0025
ES	15,9	18,3	25,4		20,8	19,2	17,1	15,8	18,6	0,0012
TB	15,3	14,8	22,8	20,5		15,3	20,4	16,3	16,9	0,0012
EE	13,5	19,0	13,6	14,6	13,5		15,2	13,9	13,6	0,0035
TA	15,1	21,3	13,3	16,0	18,7	19,2		19,0	15,2	0,0016
TV	5,2	6,6	4,7	5,1	6,3	6,8	11,4		5,1	0,0003
HA	5,2	5,3	6,9	8,6	7,1	5,6	5,5	5,1		0,0003

P – üldine panus, UP – unikaalne panus

Kokkuvõte

|

- Kas eristuvad alampopulatsioonid tori tõus on olemas?
 - Tori tõu tõuraamatu osade TA, TB ja TV tõuraamatu hobuste populatsiooni-geneetiline analüüs näitas tori hobuste jaotumist **mitte rohkem kui kahte erinevasse geneetilisse klastrisse**.
 - **Vana-tori tõuraamatu hobused tõusisest alampopulatsiooni geenandmete alusel ei moodusta**. Tori tõugu hobuste tõuraamatu TA-osasse kantud hobuste ja vana-tori tõuraamatu hobuste vahel geneetiline eristumine puudub (diferentseerumisindeks on 0)
- Juhul, kui alampopulatsioonid on olemas, siis kui kaugel üksteisest on alampopulatsioonid geneetiliselt?
 - Geneetilise struktuuri analüüs näitas, et tori tõuraamatu TB-osa hobuste profiilil iseloomustab neljast geenikomponendist suurem soojaverelise-geenikomponendi osatähtsus ja tori madalam osatähtsus kui TA ja TV hobustel.
 - **Tori TB hobused ei ole puhtatõulised aretusprogrammi ega geenandmete alusel. Uuritud TB hobused on valdavalt ristandid, tori TB ei moodusta rangelt eristatavat geneetilist struktuuri (alam)populatsiooni tähenduses ja geneetiliselt eristatavat alampopulatsiooni olemasolu tori TB hobuste baasil ei saa uuringu põhjal üheselt kinnitada**.
 - Tori hobuste tõu- ja klastrikuuluvus langes hästi kokku tori universaalsuuna (TA) ja TV hobuste puhul.

Kokkuvõte



- Kas tori tõu alampopulatsioonid on omavahel geneetiliselt sarnased või on mõni alampopulatsioon kaugenenud ja sarnaneb enam mõne teise Eestis aretatava kohaliku hobusetõuga või Eestis kasvatatava rahvusvahelise tõu populatsiooniga või on see üldse teistest alampopulatsioonidest ning eelnimetatud tõugudest eristunud?
 - Tori tõu TA-, TB- ja TV-osad on omavahel sarnased
 - Tori TA-, TB- ja TV-osad erinevad kõige vähem eesti sporthobustest ning hannoveri tõust
 - Kõige sarnasem on sporthobuste populatsioonile tori tõusisestest gruppidest TB-osa
 - Geneetiliselt kõige kaugemad on tori TA ja TV hobused trakeenidest ning TB hobused eesti raskeveo hobusetõust.

Kokkuvõte



- Kas tori tõug või tema alampopulatsioonid vastavad ohustatud tõu määratlusele?
 - Tori tõug on unikaalse genofondiga eristudes teistest kohalikest hobuse-tõugudest, eesti hobusest ja eesti raskeveohobusest.
 - Tori tõug kuulub üldist populatsiooni suurust silmas pidades FAO ohustatud tõu kategooriasse
 - Tori tõug vastab ohustatud tõu määratlusele – märade arv on kokku 671 (PRIA 15.12.2020), aretuseks kasutatavate emasloomade arv on veelgi väiksem
 - Tori tõug on pikaajalise sihikindla aretustöö tulemus, mistõttu lisaks geneetilisele komponendile tõu säilitamisel ei tohi ära unustada ka selle kultuurilist aspekti.
 - Tõu säilitamise seisukohast ei ole mõttekas eristada TV hobuseid
 - Tori tõu jätkusuutlikuks säilitamiseks tuleb valikuvõimaluste tagamiseks säilitada tõus võimalikult suur geneetiline muutlikkus kasutades proportsionaalselt arvukalt erinevaid aretusiselasloomi, aretusliine ja suurendades hobuste arvukust.