

**LÄNSISUOMENKARJAN POPULAATION NYKYTILANNE JA
VANHOJEN SONNIEN KÄYTTÖ SUKUSIITOSASTEEN NOUSUN
HILLITSIJÄNÄ**

Katerina Sjöblom
Maisterintutkielma
Helsingin yliopisto
Maataloustieteiden laitos
Kotieläinten jalostustiede
Maaliskuu 2017

Tiedekunta/Osasto — Fakultet/Sektion — Faculty Maatalous-metsätieteellinen tiedekunta		Laitos — Institution — Department Maataloustieteiden laitos	
Tekijä — Författare — Author Kateriina Sjöblom			
Työn nimi — Arbetets titel — Title Länsisuomenkarjan populaation nykytilanne ja vanhojen sonnien käyttö sukusiitosasteen nousun hillitsijänä			
Oppiaine — Läroämne — Subject Kotieläinten jalostustiede			
Työn laji — Arbetets art — Level Maisterintutkielma		Aika — Datum — Month and year maaliskuu 2017	Sivumäärä — Sidoantal — Number of pages 51 s.
Tiivistelmä — Referat — Abstract Länsisuomenkarja on pienilukuinen populaatio, joka on altistunut sukulaistumiselle ja sukusiitosasteen nousulle. Tutkimuksen tavoitteena oli selvittää länsisuomenkarjan populaation nykytilanne laskemalla tehollinen populaatiokokoo, sukusiitosasteen kehitys vuosina 1950–2014 sekä sukusiitosasteen muutos sukupolvea kohden eri ajanjaksoina. Lisäksi tavoitteena oli tarkastella vanhojen 1960–80-luvulla syntyneiden sonnien käytön vaikutusta populaation perinnölliseen tasoon sekä sukulaistumisen ja sukusiitoksen rajoittamiseen. Populaatioparametrien laskennassa käytettiin sovelluksia RelaX2 ja EVA. Länsisuomenkarjan teholliseksi populaatiokokoksi saatiin 103, mikä on suositusten (50–100) rajoissa. Niin ikään sukusiitosasteen muutos sukupolvea kohden vuosina 1950–2014 oli 0,58 %, mikä on suositusten rajoissa (0,5–1 %). Kuitenkin sukusiitosasteen muutos sukupolvea kohden viime vuosikymmeninä on ollut hieman yli suositusten (1,2 %). Länsisuomenkarjan populaation keskimääräinen sukusiitosaste on noussut tasaisesti vuodesta 1970 alkaen. Sonneista, joilla vielä on annoksia varastossa, alhaisimmat sukulaisuudet nuoriin naaraisiin olivat seuraavilla sonneilla: Ryhti 0,22 %, Viinamäen Akvaviitti 0,33 % ja Lehmonniemen Aromi 0,49 %. Suurimmat geneettiset kontribuutiot nykyiseen sukupolveen olivat seuraavilla sonneilla: Opari 15,0 %, Tahto 12,6 % ja Pennalan Vekkuli 9,8 %. Simuloitu vanhojen sonnien käyttö parituksissa sai aikaan keskimääräisen sukulaisuuden laskun sekä sukusiitosasteen nousun hidastumisen. Vanhojen sonnien käytöllä oli kuitenkin odotettu negatiivien vaikutus perinnölliseen edistymiseen (kokonaisjalostusarvoon). Lyhyellä aikajänteellä tarkasteltuna länsisuomenkarjan populaatio vaikuttaisi olevan suhteellisen hyvässä tilassa. Kuitenkin sukusiitosasteen nousu saattaa uhata populaation monimuotoisuutta pitkällä tähtäimellä. Vanhojen sonnien harkittu käyttö kahden tai kolmen uuden nuorsonnin tuottamiseksi sukupolvea kohti saattaisi olla järkevä ratkaisu.			
Avainsanat — Nyckelord — Keywords länsisuomenkarja, tehollinen populaatiokokoo, sukusiitosaste, sukusiitosasteen muutos, alkuperäisrodut			
Säilytyspaikka — Förvaringsställe — Where deposited Maataloustieteiden laitos ja Viikin kampuskirjasto			
Muita tietoja — Övriga uppgifter — Further information Työtä ohjasi Jarmo Juga			

HELSINGIN YLIOPISTO — HELSINGFORS UNIVERSITET — UNIVERSITY OF HELSINKI

Tiedekunta/Osasto — Fakultet/Sektion — Faculty Faculty of Agriculture and Forestry		Laitos — Institution — Department Department of Agricultural Sciences	
Tekijä — Författare — Author Kateriina Sjöblom			
Työn nimi — Arbetets titel — Title The Western Finncattle population today and the use of old AI-bulls to control the inbreeding rate			
Oppiaine — Läroämne — Subject Animal breeding science			
Työn laji — Arbetets art — Level Master's thesis		Aika — Datum — Month and year March 2017	Sivumäärä — Sidoantal — Number of pages 51 p.
Tiivistelmä — Referat — Abstract <p>The Western Finncattle is a small population which has been exposed to the increased level of inbreeding. The aim of the study was to examine the present state of the Western Finncattle population structure by calculating the effective population size, the inbreeding coefficient from 1950 to 2014 and the rate of inbreeding per generation for different time periods. Furthermore, the aim was to evaluate the effect of re-using old AI (artificial insemination) -bulls born between 1960s and 1980s.</p> <p>Software packages RelaX2 and EVA were used to calculate the population parameters. The estimated effective population size was 103 which meets recommendations (50–100). The rate of inbreeding per generation averaged 0.58 % between the years 1950 and 2014 which also meets recommendations (0.5–1 %). Nevertheless, the rate of inbreeding per generation has been slightly over recommendations (1.2 %) in recent decades. The average inbreeding coefficient has increased constantly since year 1970.</p> <p>The lowest average relationship to the current cow population was found for the following AI-bulls (semen still in storage): Ryhti 0.22, Viinamäen Akvaviitti 0.33 and Lehmonniemen Aromi 0.49. Major genetic contributions were found from bulls Opari 15.0 %, Tahto 12.6 % and Pennalan Vekkuli 9.8 %. A simulation study on the use of old AI-bulls in the population resulted in decrease in average relationship and rate of inbreeding. The use of old bulls had an expected negative impact on the genetic gain.</p> <p>The Western Finncattle population seems to have an acceptable level of effective population size and rate of inbreeding per generation. Still, the increase in average inbreeding and the reduction of effective population size may threaten the population in the future. Supervised use of old AI-bulls to produce two to three new young AI-bulls per generation could be a sensible recommendation to control the future rate of inbreeding. In the long term managing the effective population size is necessary.</p>			
Avainsanat — Nyckelord — Keywords Western Finncattle, effective population size, inbreeding coefficient, rate of inbreeding, local breeds			
Säilytyspaikka — Förvaringsställe — Where deposited Department of Agricultural Sciences and Viikki Campus Library			
Muita tietoja — Övriga uppgifter — Further information Supervisor Jarmo Juga			

SISÄLLYS

1 JOHDANTO	6
2 PIENTEN POPULAATIOIDEN SÄILYTYS, ESIMERKKINÄ LÄNSISUOMENKARJA	7
2.1 Länsisuomenkarjan historia ja nykypäivä.....	7
2.2 Alkuperäisrotujen säilytys.....	8
2.2.1 Geneettinen vaihtelu.....	9
2.2.2 Introgressio ja genominen valinta	13
2.3 Pienen populaation haasteet	14
2.3.1 Sukusiitosaste	15
2.3.2 Tehollinen populaatiokoko.....	15
2.3.3 Tavoitellut N_e :n ja ΔF :n arvot	16
2.3.4 ΔF :n ja ΔG :n yhteys	16
2.4 Optimikontribuutio	17
3 TUTKIMUKSEN TAVOITTEET.....	18
4 AINEISTO JA MENETELMÄT	19
4.1 Aineiston kuvaus.....	19
4.2 Aineiston rajaus.....	19
4.3 Populaatioparametrien laskenta	20
4.4 Vanhojen sonnien vaikutuksen arviointi.....	21
4.4.1 Paritettavien eläinten valinta	22
4.4.2 Syntymävuosien korjaus	22
4.4.3 EVA-ajot	23
5 TULOKSET	24
5.1 Keskimääräinen sukusiitosaste	24
5.2 Tehollinen populaatiokoko ja ΔF sukupolvea kohden	25
5.3 Sonnien sukulaisuuslaskelmat.....	26
5.4 Vanhojen sonnien käytön vaikutukset	28
6 TULOSTEN TARKASTELU	30

6.1 Keskimääräinen sukusiitosaste	30
6.2 Tehollinen populaatiokoko ja sukusiitosasteen muutos sukupolvea kohden.	34
6.3 Sonniien sukulaisuuslaskelmat ja vanhojen sonniien käytön vaikutukset	39
6.4 Tulevaisuus.....	42
7 JOHTOPÄÄTÖKSET	44
8 KIITOKSET	46
LÄHTEET	47
LIITE 1: EVA-PARITUKSIIN VALITUT VANHAT LÄNSISUOMENKARJAN SONNIT	51

1 JOHDANTO

Länsisuomenkarja (LSK) on eräs maailman korkeatuottoisimpia maatiaiskarjarotuja (Karja & Lilja 2007). Se ei ole uhanalainen, mutta kuitenkin pienilukuinen. Kantaa verotti etenkin 1960-luvulla alkanut friisiläiseläinten tuonti Suomeen, jonka seurauksena LSK-lehmien lukumäärä laski jyrkästi (Maijala 1998). ProAgrian tilastojen (2014) mukaan nykyisin tuotosseurannassa olevien LSK-lehmien lukumäärä on alle 2000 yksilöä. Määrä on ollut hitaassa laskussa vuosien ajan.

Keinosiemennyskäyttöön ostettujen LSK-sonnien sukulaisuusaste tuotosseurantakarjojen elossa oleviin lehtiin on laskettu ennen ostopäätöstä nyt noin kymmenen vuoden ajan (Katarina Hägg, Viking Genetics, sähköpostiviesti kirjoittajalle 28.4.2015). Tänä päivänä kuitenkin suurimmalla osalla keinosiemennykseen tarjolla olevista sonneista sukulaisuusaste lehmäpopulaatioon on yli 12 %. Tällöin syntyvien jälkeläisten sukusiitosasteeksi tulee keskimäärin noin 6 %. Vanhojen sonnien käytöstä uusien nuorsonnien isinä on ollut keskustelua jo vuosia (Juha Kantanen, Luke, sähköpostiviesti kirjoittajalle 7.4.2014). Tavallisesti tällaiset vanhat sonnit ovat syntyneet 1960–1980-luvuilla ja niiden sukulaisuusaste nykypäivän lehtiin on alhaisempi kuin tarjolla olevien nuorsonnien. Tuotos- ja rakenneominaisuuksien tason mahdollinen lasku on vähentänyt halua käyttää vanhoja sonneja paritukseen.

Pienen populaation haasteena on pienenevä tehollinen populaatiokoko ja sen seurauksena geneettisen vaihtelun aleneminen ja nouseva sukusiitosaste (Hiemstra ym. 2010). Länsisuomenkarjan eläinten lukumäärän lasku on altistanut populaation sukulaistumiselle.

Jalostusohjelman tulevaisuuden kannalta on tärkeää selvittää, mikä on LSK-populaation keskimääräisen sukusiitoksen ja tehollisen populaatiokoon tila. Tämän tutkielman tavoitteena oli selvittää länsisuomenkarjan populaation nykytilannetta ja mahdollisuuksia hillitä sukusiitoksen nousua käyttämällä vanhoja keinosiemennyssonneja, jotka eivät ole läheistä sukua nykyiselle populaatiolle.

2 PIENTEN POPULAATIOIDEN SÄILYTYS, ESIMERKKINÄ LÄNSISUOMENKARJA

2.1 Länsisuomenkarjan historia ja nykypäivä

Suomenkarja on Suomen alkuperäisrotu, jota on kolme eri tyyppiä: länsisuomenkarja (LSK), itäsuomenkarja (ISK) ja pohjoissuomenkarja (PSK). Suomenkarjan ja sen rotujen historiaa ja säilytystyön aloittamista on perusteellisesti selvittänyt Maijala (1998). Aikakaudesta riippuen suomenkarjan kolme tyyppiä ovat olleet yksi ja sama rotu tai kolme erillistä rotua. 1800-luvulla tunnettiin suomenkarjan kolme eri tyyppiä, mutta näitä maatiaisrotuja ei nähty rotukarjana, jolla olisi ollut jalostuksellista arvoa. Valtio tukikin ulkomaisten jalostuseläinten tuontia karjakannan parantamiseksi. Parhaita maataiseläimiä pyrittiin risteyttämään tuontieläinten kanssa halutun lopputuloksen saamiseksi. Ayrshiren syrjäyttäessä maatiaiskarjaa kaikkien kolmen suomenkarjatyyppin lukumäärä laski. Kuitenkin 1800-luvun lopussa havahduttiin arvostamaan maatiaisrotujen sopeutumiskykyä paikallisiin olosuhteisiin. Suomenkarjoille perustettiin omat karjanjalostusyhdistykset viemään rotujen asemaa eteenpäin. Länsi-Suomen Karjanjalostusyhdistys perustettiin vuonna 1904. Vuonna 1939 syttynyt sota verotti ankarasti lehmien lukumäärää. Tuottavuudesta tuli entistäkin tärkeämpi ominaisuus. Vuonna 1946 perustettiin Suomen Karjanjalostusyhdistys ja kolme suomenkarjarotua yhdistettiin. Keinosiemennys alkoi Suomessa 1947, mikä edesauttoi länsisuomalaisen tyyppin yleistymistä ja kahden muun tyyppin häviämistä. Länsisuomalaisilla sonneilla siemennettiin myös itä- ja pohjoissuomenkarjaa tuottavuuden parantamiseksi. 1960-luvun alussa friisiläisiä alettiin risteyttää järjestelmällisesti suomenkarjan eläinten kanssa. Tämä johti tarkkailussa olevien suomenkarjan eläinten jyrkkään laskuun 1960–1970-luvuilla, jolloin niiden osuus laski 50 prosentista alle viiteen prosenttiin. Vuonna 1983 kotieläinten geenitietoimikunta tutki kotieläinvarojen tilannetta Suomessa ja päätyi suosittelemaan suomenkarjan kolmen eri tyyppin säilyttämistä erillisinä rotuinaan.

ProAgrian mukaan vuonna 2014 suomenkarjan eläimiä oli tuotosseurannassa 2723 lehmää, joista LSK:ta oli 1818 (67 %), PSK:ta 539 (20 %) ja ISK:ta 366 (13 %). Suomenkarjan osuus oli samana vuonna 1,2 % kaikista tuotosseurannassa olevista lehmistä. LSK:n keskimääräinen vuosituotos oli 6777 kg (valkuais-% 3,45 ja rasva-% 4,43), PSK:n 5410 kg (valkuais-% 3,39 ja rasva-% 4,26) ja ISK:n 3783 kg (valkuais-% 3,44 ja rasva-

% 4,24). Ayrshiren ja holsteinin vastaavat luvut olivat 8749–3,44–4,27 ja 9707–3,31–3,96. Vuonna 2014 suomenkarjan ensikoiden yleisimmät poiston syyt olivat huono tuotos (30,8 %), huono hedelmällisyys (25,3 %), utaretulehdus (12,1 %) ja huono luonne (11,5 %). Ayrshire-ensikoiden yleisimmät poiston syyt olivat huono hedelmällisyys (29,3 %), huono tuotos (16,3 %) ja utaretulehdus (12,9 %). Vastaavasti holsteinensikoilla yleisimpiä poiston syitä olivat huono hedelmällisyys (27,1 %), utaretulehdus (15,5 %) ja huono tuotos (12,0 %). Suomenkarjan ensikoita poistettiin suhteessa vähemmän muun muassa jalkasairauksien, jalkarakenteen, poikimavaikeuden, ruoansulatuskanavan sairauden tai muun sairauden vuoksi kuin ayrshire- ja holsteinensikoita. Yli kaksi kertaa poikineilla lehmillä yleisin poiston syy kaikissa roduissa oli utaretulehdus ja toisena huono hedelmällisyys. Huomionarvoista on, että suomenkarjan ensikoita poistetaan huonon tuotoksen vuoksi suhteessa selkeästi enemmän kuin ayrshire- ja holsteinensikoita. Tärkeää onkin parantaa LSK:n tuotosta, jotta rotu säilyy karjanomistajille potentiaalisena vaihtoehtona.

Länsisuomenkarjan tapauksessa kyseessä ei ole pelkkä säilytystyö, vaan rotu on edelleen korkeatuottoinen ja jalostuspäätöksissä tulee huomioida perinnöllinen edistymisen. Rodun elävä geenipankki (in situ) toimii Ahlmanin koulun Säätiön opetusmaatilalla Tampeereella (Juha Kantanen, Luke, sähköpostiviesti kirjoittajalle 7.4.2014). Lisäksi länsisuomenkarjalta kerätään siementä ja alkioita säilytykseen (ex situ).

Länsisuomenkarjan jalostusohjelmasta vastaa Viking Genetics, joka ostaa vuosittain 5–8 uutta nuorsonnia (Katarina Hägg, Viking Genetics, sähköpostiviesti kirjoittajalle 28.4.2015). Nuorsonnioiden valinnoissa kiinnitetään erityistä huomiota sonniin – muun muassa niiden tuotokseen ja kestävyysominaisuuksiin. Sonnioiden ostoissa pyritään myös valitsemaan sonneja, joiden keskimääräinen sukulaisuus lehmäpopulaatioon on alle 10 %.

2.2 Alkuperäisrotujen säilytys

Eurooppalaisella tai kansainvälisellä tasolla katsottuna alkuperäisrotujen säilytys on osa lajin geneettisen monimuotoisuuden vaalimista (Hiemstra ym. 2010). Eri rodut voidaan nähdä homogeenisina linjoina, joiden välillä on kuitenkin runsaasti geneettistä vaihtelua. Tällöin koko lajin sisällä on paljon geneettistä vaihtelua ja riski kokonaisdiversiteetin katoamiselle on alhainen. Monimuotoisuus voidaan nähdä niin rotujen sisäisenä kuin rotu-

jen välisenäkin monimuotoisuutena (Bennewitz ym. 2008). Rotujen sisäisellä monimuotoisuudella tarkoitetaan populaation yksilöiden poikkeamista rodun keskiarvosta. Rotujen välinen monimuotoisuus puolestaan kuvaa populaatioiden erilaisista keskiarvoista syntyvää vaihtelua.

Hiemstran ym. (2010) mukaan geneettisesti monimuotoinen laji tai rotu kykenee todennäköisemmin sopeutumaan muuttuviin olosuhteisiin. Jalostusvalintaa voidaan tehdä, kun populaatiossa on vaihtelua jalostettavan ominaisuuden suhteen. Lisäksi yksilöiden elinvoimaominaisuuksien heikkeneminen on yhteydessä geneettiseen vaihteluun muun muassa sukusiitosasteen nousun ja sitä seuraavan sukusiitosdepression ja sattumasta johtuvan haitallisten alleelien lisääntymisen myötä. Alkuperäisrotujen säilytys ei ole tärkeää pelkästään geneettisen monimuotoisuuden säilymisen kannalta, vaan alkuperäisrotujen historia on usein sidoksissa alueella eläneiden ihmisten historiaan. Alkuperäisrotuihin liitetäänkin muun muassa kulttuuriin sekä ympäristöön liittyviä arvoja ja sosiaalisia merkityksiä. Rodun säilymisen kannalta myös sen käyttötarkoituksella on merkitystä. Rodun tulee tuottaa jotakin hyödyllistä, jotta tuottajat ovat halukkaita pitämään sitä karjassaan. Alkuperäisroduista saatava hyöty voi olla valtaroduista eroavat tuotteet (esimerkiksi juustonvalmistukseen sopivampi maito) tai ominaisuudet kuten kestävyys, parempi ilmastoon sopeutuminen tai hedelmällisyys.

2.2.1 Geneettinen vaihtelu

Maatiaisroduilla tavataan valtaroduista eroavaa geneettistä muuntelua (Kantanen ym. 2015). Tulevaisuuden muutokset voivat vaatia suhteellisen nopeitakin toimia eläinten sopeuttamiseksi (Hill 2000, Kantanen ym. 2015). Onkin tärkeää säilyttää populaatioiden välistä geneettistä vaihtelua tulevaisuuden tarpeiden varalle.

Hill (2000) on tutkinut pienten suljettujen populaatioiden vaihtelun tilaa ja muuttumista. Suljetussa populaatiossa vaihtelua menetetään joka sukupolvessa geneettisen ajautumisen myötä. Toisaalta vaihtelua saadaan lisää mutaatioiden kautta. Suurivaikutteisilla geeneillä on riski kadota populaatiosta vain jos niillä on alhainen esiintyvyys (frekvenssi) tai populaatio on kooltaan pieni. Pienissä populaatioissa on vaikea päästä eroon haitallisista mutaatioista, koska jalostuseläinten karsintaa ei voida tehdä tehokkaasti. Mitä pienempi haitallisten mutaatioiden keskimääräinen vaikutus on, sitä vaikeampi näitä mutaatioita on

eliminoida ja sitä suurempi on niiden kumulatiivinen vaikutus elinvoimaan keskimäärin. Pieni populaatio on siten alttiimpi haitallisten mutaatioiden vaikutukselle. Mikäli populaatio pyritään säilyttämään ilman valintaa, geneettinen vaihtelu kasvaa. Tätä vaihtelua on kuitenkin yhä vaikeampi hyödyntää, mikäli säilytettävä populaatio on jäänyt perinnöllisen edistymisen suhteen jälkeen muista populaatioista, joissa puolestaan on tehty valintaa. Jalostusohjelmissa joudutaankin jatkuvasti tasapainoilemaan vaihtelun säilyttämisen ja jalostusvalinnan välillä.

Risteyttäminen toiseen rotuun tai toisiin rotuihin on selkeä tapa tuoda populaatioon uutta geneettistä materiaalia. Kuitenkin risteyttämällä toiseen rotuun on vaarana menettää säilytettävälle rodulle tyypillisiä ja monesti myös ainutlaatuisia piirteitä. Uusien rotujen siemenen ja jalostuseläinten tuonti on ollut Pohjois-Euraasiassa uhka kansallisten alkupe-räisrotujen geeniperimän säilymiselle historiallisesti ja on sitä todennäköisesti myös tulevaisuudessa (Li ym. 2007). Osa rodusta on säilynyt geeniperimältään lähes koskemattomina muun muassa eristyneisyyden vuoksi. Joihinkin rotuihin on sekoittunut suuressa määrin niin sanottuja valtarotuja. Yleensä Pohjois-Euraasiassa risteytyksiä on tehty perustuen joko käyttötarkoitukseen tai ulkonäköön. Kuitenkin suomalaisille nautapopulaatioille näyttäisi olevan tyypillisempää maantieteelliseen sijaintiin perustuvat risteytykset.

Bennewitz ym. (2008) ovat pohtineet risteyttämistä rotujen sisäisen ja välisen monimuotoisuuden kannalta. Rotujen välisen monimuotoisuuden säilyttämiseksi rodut pidetään usein erillisinä populaatioina. Joissain tapauksissa voi kuitenkin olla hyvin hankala tai jopa mahdotonta säilyttää erittäin uhanalainen rotu suljettuna populaationa. Mikäli tällainen rotu on tärkeä monimuotoisuuden kannalta, voi olla hyödyllistä yhdistää se yhteen tai useampaan toiseen rotuun, jotta osa tämän rodun kantamasta geneettisestä monimuotoisuudesta säilyisi. Mikäli uhanalaisista rodusta yhdistetään ”synteettinen” rotu, saadaan populaatio, jossa on alhainen sukusiitos ja korkea rodun sisäinen monimuotoisuus. Kuitenkin tällöin menetetään rotujen välinen monimuotoisuus. Esimerkiksi voi olla järkevää yhdistää rodut tilanteessa, jossa on kaksi rotua, joilla molemmilla on niin korkea riski sukupuutolle, ettei ole mahdollista enää pitää niitä suljettuina populaatioina seuraavien vuosikymmenten ajan säilytysohjelmista huolimatta. Ilman risteyttämistä molempien rotujen sisäinen monimuotoisuus todennäköisesti menetettäisiin. Tällöin risteytys lisääisi todennäköisyyttä tämän geneettisen materiaalin säilymiselle. Mikäli rotuja sulaute-

taan yhteen, rotujen olisi hyvä olla läheistä sukua, jotta rotujen välisen monimuotoisuuden menetys minimoitaisiin. Jos tiedetään sukupuuton todennäköisyys ja tehollinen populaatiokoko, voidaan laskea millaista rotujen yhdistelmää kannattaa käyttää, jotta geneettinen monimuotoisuus säilytetään mahdollisimman tehokkaasti.

Perinnöllisen edistymisen nimissä voi olla järkevää yhdistää rotuja. Yleensä perinnöllinen edistyminen on nopeampaa, mikäli populaatio pidetään yhtenä sen sijaan, että sitä jaettaisi osiin (Hill 2000). Kun tehollinen populaatiokoko ja siten myös geneettinen vaihtelu ovat alhaisempia osapopulaatioiden sisällä, valinnan tulos heikkenee. Kyse on pitkälti siitä, halutaanko maksimoida perinnöllistä edistymistä vai säilyttää (rotujen välistä) vaihtelua. ISK:n ja PSK:n tapauksessa kyseessä on nimenomaan säilytystyö, jossa ei pyritäkään saamaan aikaan perinnöllistä edistymistä. Päätös pitää kolme suomenkarjan rotua erillisinä rotuina voi olla perusteltua, sillä rotujen pitäminen erillään säilyttää rotujen välistä geneettistä monimuotoisuutta.

Säilytysohjelmissa rotujen säilytysarvoa ja risteytyksiä mietittäessä geneettisen monimuotoisuuden ylläpidon lisäksi voidaan huomioida myös muun muassa rodun hyötykäyttömahdollisuudet, sopeutuminen tiettyyn tuotantoympäristöön sekä kulttuurinen arvo (Bennewitz ym. 2008). Myös suomenkarjan rotujen erilainen kulttuurinen (ja maantieteellinen) tausta puhuvat rotujen erillään pitämisen puolesta. Voidaan myös kysyä, mitä halutaan säilyttää: käyttötarkoitus tai ulkonäkö, sekä ratkaista mitä rotuja voidaan yhdistää tai pitää erillään. Li ym. (2007) mukaan poikkeava ulkonäkö voi olla eräs säilyttämisen peruste. Kaikilla kolmella suomenkarjan rodulla on oma tunnusomainen ulkonäkönsä, vaikkakin pienehkö koko on kaikille yhteistä. Myös käyttötarkoitus puoltaa rotujen pitämistä erillään: PSK:n ja ISK:n maidon juustoutumisominaisuudet ovat erityisen hyvät ja eroavat LSK:n maidon koostumuksesta, joka on lähempänä valtarotujen maidon koostumusta.

Suomenkarjan kolme rotua ovat maailmanlaajuisesti ainutlaatuisia. Muun muassa kulttuurihistorialliset, ulkonäölliset ja käyttötarkoitukselliset perustelut tukevat kolmen rodun säilyttämistä erillisinä rotuina. Niin ikään risteyttäminen muihin rotuihin vaarantaisi rotujen ainutlaatuisuuden. Rotujen säilyttäminen erillisinä populaatioina lisää rotujen välistä vaihtelua, mikä pitää rodut eräänlaisina ”tulevaisuuden geenipankkeina”.

Risteyttämisen sijasta populaatioon voidaan tuoda siitä aiemmin eriytynyttä geneettistä materiaalia esimerkiksi tuontien kautta. LSK:n kohdalla vastaavia populaatioita ei juuri ole maailmalla. Kuitenkin LSK-sonnien spermaa on säilötty vuosikymmenten ajan nestemäiseen tyypeen. Pienen populaation säilyttämiseksi tai elvyttämiseksi voidaan käyttää varastossa olevaa geneettistä materiaalia (alkiot ja sulusolut). Populaation säilötty geneettinen materiaali voi niin ikään lisätä populaation geneettistä vaihtelua. Tässä tutkielmassa on keskitytty nimenomaan vanhojen sonnien käyttöön ja käytön vaikutuksiin.

Vanhoilla 1960–80-luvuilla syntyneillä sonneilla saattaa olla geneettistä vaihtelua, joka on kadonnut nykypäivän populaatiosta. Tuon vaihtelun takaisin tuominen populaatioon voisi lisätä populaation kokonaisvaihtelua ja alentaa keskimääräistä sukusiitosastetta. Sonnien tunnistamiseksi lasketaan sonnien keskimääräiset sukulaisuudet nykypäivän populaatioon. Alhaisimmat keskimääräiset sukulaisuudet omaavat sonnit ovat niitä, joilla todennäköisimmin on nykypäivän populaatioon nähden erilaista muuntelua. Kuitenkin keskustelua on herättänyt se, että siihen saattaa olla syynsä, että nämä sonnit ovat aikanaan jääneet vähemmälle käytölle tai niiden jälkeläisiä on käytetty vähemmän jalostukseen. Niillä saattaa olla esimerkiksi ei-toivottuja ominaisuuksia. Joka tapauksessa jalostusta on tehty menneiden vuosikymmenten aikana ja voidaan olettaa, että vanhat sonnit ovat perinnöllisesti heikompia tärkeissä ominaisuuksissa muun muassa tuotoksessa ja utarerakenteessa verrattuna nykypopulaatioon. Missä määrin tulisi tinkiä perinnöllisestä edistymisestä suuremman vaihtelun ja alhaisemman sukusiitoksen saavuttamiseksi?

Hill'in (2000) mukaan perinnöllisen edistymisen menetys tulisi korjata nopeasti tuomalla uutta vaihtelua takaisinristeyttämällä vaihtelua kaikkiin muihin kuin alleeliyhdistelmittään säilytettäviin lokuksiin hyödyntämällä vaihtelun tuonnissa ja säilytyksessä markkeritietoja. Vaihtoehtoisesti saavutettu geneettinen vaihtelu voi olla niin suurta, että se korvaa menetetyn perinnöllisen edistymisen. Vaikeampi tilanne on silloin, kun valinnan tavoitteet muuttuvat. Mikäli muutos tapahtuu vaiheittain, kaupallisten populaatioiden olemassa olevaa vaihtelua pystytään todennäköisemmin hyödyntämään. Populaatiot, joita pidetään vain kokonaisvaihtelun lisäämiseksi, eivät todennäköisesti ole hyödyksi, ellei haluttua kvantitatiivisen ominaisuuden lokusta (QTL, quantitative trait locus) ole pystytty identifioimaan. Tulevaisuuden muutokset voivat vaatia suhteellisen nopeitakin toimia eläinten sopeuttamiseksi (Kantanen ym. 2015). Teknologia, kuten markkereilla ohjattu

introgressio ja genominen valinta, saattavat tulevaisuudessa auttaa lisäämään vaihtelua ja lajin sopeutumista muuttuviin olosuhteisiin.

2.2.2 Introgressio ja genominen valinta

Kantasen ym. (2015) mukaan ilmastonmuutos ja muuttuvat tuotantoympäristöt tuovat haasteita tuotantoeläinten jalostukseen tulevaisuudessa. Todennäköisesti korkea tuotos ja tuotannon tehokkuus ovat tärkeitä tekijöitä tulevaisuudessa, sillä tehokkuus merkitsee vähemmän tarvittavia eläimiä ja siten vähemmän metaanipäästöjä. Hedelmällisyys on tehokkuutta, sillä hedelmällisyyden parantaminen puolestaan vähentää aikaa, jona eläimet eivät ole tuotannossa. Erityisesti terveysominaisuudet ovat tärkeitä populaatiolle sopeuttaessa uusiin ympäristöolosuhteisiin sekä tuotantotapoihin. Esimerkiksi ilmaston lämpeneminen voi tuoda mukanaan uusia tauteja Pohjoismaihin. On havaittu, että rotujen välillä ja sisällä on eroja yksilöiden välisessä kuumuuden siedossa kuin myös tautien vastustuskyvyssä. Tavallisesti kaupalliset valtarodut ovat hyviä tuotoksessa ja tehokkuudessa. Kuitenkin maatiaisrodut ovat perinteisesti hyviä hedelmällisyys- ja terveysominaisuuksiltaan. Tulevaisuudessa voikin olla tarvetta hyödyntää säilytettäviä rotuja kaupallisten tuotantorotujen jalostuksessa.

Introgression ja genomisen informaation hyödyntämisen avulla voidaan pyrkiä yhdistämään eri rotujen parhaita ominaisuuksia jalostustavoitteiden muuttuessa (Hill 2000, Kantanen ym. 2015). Introgression avulla on mahdollisuus tuoda risteyttämällä toisesta rodusta haluttu geneettinen ominaisuus toiseen rotuun. Esimerkiksi heikompituottoisesta rodusta voidaan tuoda uutta geeniainesta parantamaan korkeatuottoisen rodun hedelmällisyys-, terveys- tai muita haluttuja ominaisuuksia. Genomisen tiedon avulla voidaan takaisinristeytysvaiheessa valita ne yksilöt, joissa yhdistyvät molempien rotujen halutut ominaisuudet ja karsia pois esimerkiksi ne genomiset alueet, jotka ovat yhteydessä alhaisempaan tuotokseen. Näin ollen maatiaisrotujen säilyttämisellä on merkitystä myös koko lajin geneettisen vaihtelun ylläpitäjänä.

Odegårdin ym. (2009) tutkimuksessa tuotosominaisuuden mukaan valittuun kalapopulaatioon risteytettiin heikompituottoinen linja, jossa oli korkea taudinvastustuskyky. Molemmat ominaisuudet (tuotos ja taudinvastustuskyky) olivat kvantitatiivisesti periytyviä ominaisuuksia, mutta heikompituottoisessa linjassa oli merkittävä kvantitatiivisen ominaisuuden

lokus, joka vaikutti taudinkestävyYTEEN. Tutkimuksessa verrattiin takaisinristeytysvaiheessa klassista ja genomista valintaa. Tavanomainen valinta osoittautui tehottomaksi valita ne yksilöt, jotka olivat perineet taudinvastustuskykyyn yhteydessä olevan lokuksen. Genomisen valinnan avulla pystyttiin puolestaan valitsemaan seuraavan sukupolven vanhemmiksi ne yksilöt, joilla oli haluttu QTL. Tämän avulla saavutettiin suurempi perinnöllinen edistyminen etenkin taudinvastustuskyvyssä.

Myös pienet populaatiot voivat hyötyä genomisesta valinnasta. Genomiset valintaohjelmat antoivat paremman vuosituoton kuin perinteinen jalostusohjelma tanskalaisessa 68 000 jerseylehmän populaatiossa (Thomasen ym. 2014). Genomisen valintaohjelman hyödyt pienessä populaatiossa eivät olleet kuitenkaan niin suuret kuin mitä isommissa populaatioissa tehdyt tutkimukset ovat osoittaneet. Isomman populaatiokoon etuna on isompi referenssipopulaatio, mikä mahdollistaa korkeamman jalostusarvon ennusteiden luotettavuuden. Pienten populaatioiden genomisen valinnan haasteena onkin alhainen luotettavuus, jota voidaan kuitenkin yrittää nostaa referenssipopulaatiota suurentamalla. Esimerkiksi populaation naaraita tai toisten vastaavien populaatioiden sonneja voidaan genotyypittää referenssiryhmän kasvattamiseksi. Jerseyllä nuorsonneihin perustuva jalostusohjelma oli aina taloudellisesti kannattavampi kuin jälkeläisarvosteltuihin sonneihin perustuva ohjelma, johon sisältyi pidempi sukupolvien välinen aika ja odotusaikasonnien ylläpitokulut. Perinnöllisen edistymisen suhteen nuorsonneihin perustuva jalostusohjelma oli heikompi, kun genomisen valinnan luotettavuus oli alhainen. Kuitenkin luotettavuuden noustessa nuorsonneihin perustuvasta jalostusohjelmasta tuli perinnöllisen edistymisen suhteen parempi kuin jalostusohjelmasta, jossa käytettiin vain jälkeläisarvosteltuja sonneja.

Markkeriavusteisen valinnan on todettu voivan vähentää sekä sukusiitosasteen muutosta että sukusiitosastetta (Pedersen ym. 2009). Markkeriavusteinen valinta vaikuttaisi olevan hyvä työkalu, kun halutaan ylläpitää vaihtelua ja hillitä sukusiitosta ja samanaikaisesti saavuttaa perinnöllistä edistymistä.

2.3 Pienen populaation haasteet

Alkuperäisrotujen säilytyksen kannalta on tärkeä selvittää populaation nykytilanne (Hiemstra ym. 2010). Rodun monimuotoisuuden arviointi antaa kuvan siitä, onko rotu

kenties vaarassa ja jos on, niin kuinka kriittinen sen tilanne on. Mikäli merkkejä populaation geneettisen vaihtelun laskusta huomataan, tulee asiaan puuttua välittömästi. Yksilöiden epätasainen jalostuskäyttö voi johtaa pysyvään pullonkaulaan jo muutamassa sukupolvessa. Kun populaation nykytila on selvitetty, seuraava vaihe on suunnitella paritusstrategia, jota noudattamalla rodun geneettistä vaihtelua pystytään ylläpitämään. Hyviä mittareita geneettisen monimuotoisuuden arviointiin sukutauluanalyysin keinoin ovat sukusiitosasteen muutos per sukupolvi (ΔF) sekä tehollinen populaatiokoko (N_e).

2.3.1 Sukusiitosaste

Sukusiitosta tapahtuu, kun paritetaan keskenään kaksi yksilöä, joilla on yhteinen kanta-vanhempi (esim. Falconer ja Mackay 1996). Sukusiitos on vääjäämätöntä kaikissa äärellisen kokoisissa diploidisissa populaatioissa, joita myös kotieläinpopulaatiot ovat. Sukusiitosta voidaan kuvata sukusiitosasteella, F . Sukusiitosaste riippuu suuresti siitä, kuinka kauas taaksepäin populaation sukutaulu ulottuu ja kuinka täydellinen sukutaulu on (Hiemstra ym. 2010). Sukusiitosastetta tärkeämpää on tarkastella sukusiitosasteen muutosta sukupolvea kohti, ΔF (Hiemstra ym. 2010, Woolliams ym. 2015). Sukusiitosasteen muutos on suoraan yhteydessä populaatiossa tapahtuvaan heterotsygotian vähenemiseen, geneettisen vaihtelun katoamiseen ja sukusiitosdepressioon (Woolliams ym. 2015). Sukusiitoksella on todettu olevan esimerkiksi merkittävä kumulatiivisesti tuotosta laskeva vaikutus lehmän elinikäistuotokseen (Smith ym. 1998). Sukusiitosasteen muutos sukupolvea kohden on tärkeä mittari populaation tilanteen tarkasteluun (Hiemstra ym. 2010).

2.3.2 Tehollinen populaatiokoko

Tehollinen populaatiokoko (N_e) kuvaa populaation geneettistä monimuotoisuutta (esim. Hedrick 2011). Tehollinen populaatiokoko vastaa ideaalipopulaation (kaikilla vanhemmilla on yhtäläinen mahdollisuus olla minkä tahansa jälkeläisen vanhempina) kokoa. Tehollinen populaatiokoko poikkeaa usein havaitusta populaation koosta (yksilöiden lukumäärästä) (esim. Falconer ja Mackay 1996). Teholliseen populaatiokokoon vaikuttavat sonnien ja lehmien määrä sekä paritussuhde, eläinmäärän vaihtelu eri sukupolvina (geneettiset pullonkaulat) ja jälkeläisten epätasainen jalostuskäyttö (Hiemstra ym. 2010). N_e on hyvä parametri kuvaamaan populaation geneettistä tilaa sen sijaan, että katsotaan vain

pelkkää yksilöiden määrää. Tehollisen populaatiokoon ja sukusiitosasteen muutoksen (sukupuolvea kohden) välillä on yhteys (Falconer ja Mackay 1996):

$$\Delta F = \frac{1}{2N_e} \quad (1)$$

2.3.3 Tavoitellut N_e :n ja ΔF :n arvot

Pitkällä aikajänteellä tarkasteltuna populaation tila on sitä turvatumpi ja vakaampi, mitä enemmän siinä esiintyy geneettistä vaihtelua ja mitä isompi tehollinen populaatiokoko on ja mitä pienempi ΔF (esim. Hiemstra ym. 2010). Mikäli halutaan ehkäistä sukusiitostaantumien ongelmia, rajaksi on esitetty, että ΔF sukupuolvea kohden olisi 0,5-1 %, jolloin tehollinen populaatiokoko olisi 50–100.

2.3.4 ΔF :n ja ΔG :n yhteys

Perinnöllisen muutoksen nopeus riippuu valinnan intensiteetistä ja arvosteluvarmuudesta (esim. Falconer ja Mackay 1996). Pitkän ajan valinnan onnistumiseen vaikuttaa myös, kuinka paljon geneettistä vaihtelua säilytetään ja kuinka paljon sukusiitostaantumaa ilmenee (Hill 2000). Tämä aiheuttaa tavoitteiden välille ristiriitaa: Kun nostetaan valinnan intensiteettiä, seuraavan sukupolven vanhempien määrä vähenee ja tehollinen populaatiokoko laskee. Kun nostetaan arvosteluvarmuutta ja käytetään sukulaistietoja, lisätään lähisukulaisten yhteisvalintaa ja niin ikään tehollinen populaatiokoko laskee.

Perinnöllistä edistymistä voidaan kasvattaa valinnan intensiteettiä nostamalla (esim. Falconer ja Mackay 1996). Kuitenkin valinnan intensiteetin kasvaessa myös ΔF kasvaa, koska valittujen osuus pienenee. Perinnöllisen edistymisen kasvu saavutetaan tällöin sukusiitosasteen muutoksen kustannuksella. Voidaankin ajatella, että erittäin alhainen sukusiitosasteen muutos sukupuolvea kohden viittaa hyvin alhaiseen valintaan ja sitä kautta hyödyntämättömään potentiaaliin populaatiossa. Toisaalta liian korkea sukusiitosasteen muutos sukupuolvea kohden kertoo geneettisen vaihtelun katoamisesta ja vaarantaa näin perinnöllisen edistymisen tulevaisuudessa.

On osoitettu, että valinnalla voidaan saada tuloksia useiden sukupolvien ajan jopa populaatioissa, joiden tehollinen populaatiokoko on alle 100 (Hill 2000). Kuitenkin valinnan

tulos kasvaa populaatiokoon myötä. Mutaatioilla on vaikutusta valinnan tehokkuuteen. Tämä on kuitenkin toistaiseksi pystytty näyttämään toteen selkeästi vain populaatioissa, jotka ovat lähtöisin sukusiitetyistä linjoista. Hyödylliset geenit säilyvät ja fiksoituvat todennäköisemmin, mikäli valintaa tehdään. Optimi saattaa tosin olla varsin heikko valinta johtuen vastakkain vaikuttavista valinnan intensiteetistä ja tehollisesta populaatiokoosta. Tänä päivänä onkin olemassa sovelluksia, joilla voidaan yrittää löytää optimia perinnöllisen edistymisen ja sukusiitoksen nousun välille.

2.4 Optimikontribuutio

Jalostukseen käytetty yksilö siirtää genejään tuleville sukupolville tietyn osuuden (Woolliams ym. 2015). Tätä kutsutaan yksilön kontribuutioksi. Geneettiset kontribuutiot kertyvät sukupolvien kuluessa, kun esimerkiksi yhtä sonnia käytetään paljon jalostukseen ja edelleen sen jälkeläisiä käytetään paljon (Oldenbroek ja van der Waaij 2014). Näin yksilön perintötekijät leviävät populaatioon ja useiden sukupolvien jälkeen lähes kaikki populaation yksilöt ovat sukua tälle yhteiselle esi-isälle. Jos paritusta jatketaan suljetussa populaatiossa, joidenkin sukupolvien jälkeen paljon jalostukseen käytetyn yhteisen esi-isän perintötekijöitä on lähes kaikissa yksilöissä sama osuus. Kontribuutioilla on suora yhteys populaation keskimääräiseen sukusiitosasteeseen. Esimerkiksi jalostusorganisaatiot voivat asettaa sonnien käyttöön rajoituksia säädelläkseen yksilöiden kontribuutioita tulevaisuuden sukupolville ja siten säädelläkseen tulevan populaation keskimääräistä sukusiitosastetta. Yksittäisten yksilöiden suuret kontribuutiot lisäävät resessiivisten autosomaaleiden sairauksien yleistymisen ja ilmenemisen riskiä populaatiossa.

Sittemmin on siirrytty tavoittelemaan optimikontribuutiota (Woolliams ym. 2015). Optimikontribuutiomenetelmässä pyritään löytämään tehokkain tapa maksimoida perinnöllinen edistyminen rajoittamalla sukusiitosta sekä geneettisen vaihtelun häviämistä. Optimikontribuutio edellyttää vanhempien jälkeläismäärien tasaamista (Hiemstra ym. 2010). Edelleen pitää rajoittaa sellaisten vanhempien jälkeläismääriä, jotka ovat läheistä sukua muuhun populaatioon. Samanaikaisesti vähäistä sukua olevia vanhempia suositaan, sillä näiden yksilöiden oletetaan kantavan muuhun populaatioon verrattuna ainutlaatuisia vaihtelua. Optimikontribuutio ei ole tarkoitettu vain säilytysohjelmia varten. Pitkän tähtäimen valintaohjelmat hyötyvät niin ikään siitä. Esimerkiksi EVA-sovellus pyrkii samanaikaisesti maksimoimaan perinnöllisen edistymisen sekä rajoittamaan keskimääräistä

sukulaisuutta (Berg 2006). Tulos on kuitenkin hyvin riippuvainen sukutaulun ”syvyydestä” ja laadusta (Sorensen ym. 2008). Myös sukutaulun yli 25 vuotta vanhoilla eli 5–7 sukupolvea taaksepäin esiintyvillä tiedoilla on merkitystä lopputulokselle.

Gandini ym. (2014) totesivat optimikontribuutioon perustuvan valinnan olevan tehokas hillitsemään sukusiitosta ja maksimoimaan perinnöllistä edistymistä mallintamalla nuorsonnien käyttöön perustuvaa pientä maataispopulaatiota. Samalla vuosittaisella sukusiitosasteella (0,3 %) optimikontribuutiovalinta tuotti suuremman perinnöllisen edistymisen kuin perinteinen valinta. Myös Weigel ja Lin (2002) totesivat optimikontribuutioon perustuvan valinnan hillitsevän nuorten keinosiemennyssonniin keskinäistä sukulaisuutta. Tavoiteltu sukusiitosasteen nousun rajoittaminen hidasti vähän perinnöllistä edistymistä. Tämän ei kuitenkaan pitäisi olla ongelma, ellei sukusiitokselle laiteta erittäin huomattavia rajoittimia. Weigel ja Linin (2002) mukaan sukusiitoksen ja valinnan tasapainotus ei vaadi muutaman erisukuisen uroksen käyttämistä, vaan populaation uroksia ja naaraita tulisi käyttää useampia yksilöitä, joista kustakin otettaisiin tasaisempi määrä jälkeläisiä. Gandinin ym. (2014) tutkimus osoittaa, että myös pienessä muutaman sadan naaraan populaatiossa on mahdollista tehdä valintaa. Optimikontribuutioon perustuvasta valinnasta voisi olla hyötyjä useille populaatioille, mutta erityisesti pienille populaatioille, joissa ongelmana on sukusiitoksen nousu ja tehollisen populaatiokoon lasku. On tärkeää, että valintaa pystytään tekemään myös pienissä populaatioissa, jotta ne pysyvät mahdollisena vaihtoehtona tuottajille.

3 TUTKIMUKSEN TAVOITTEET

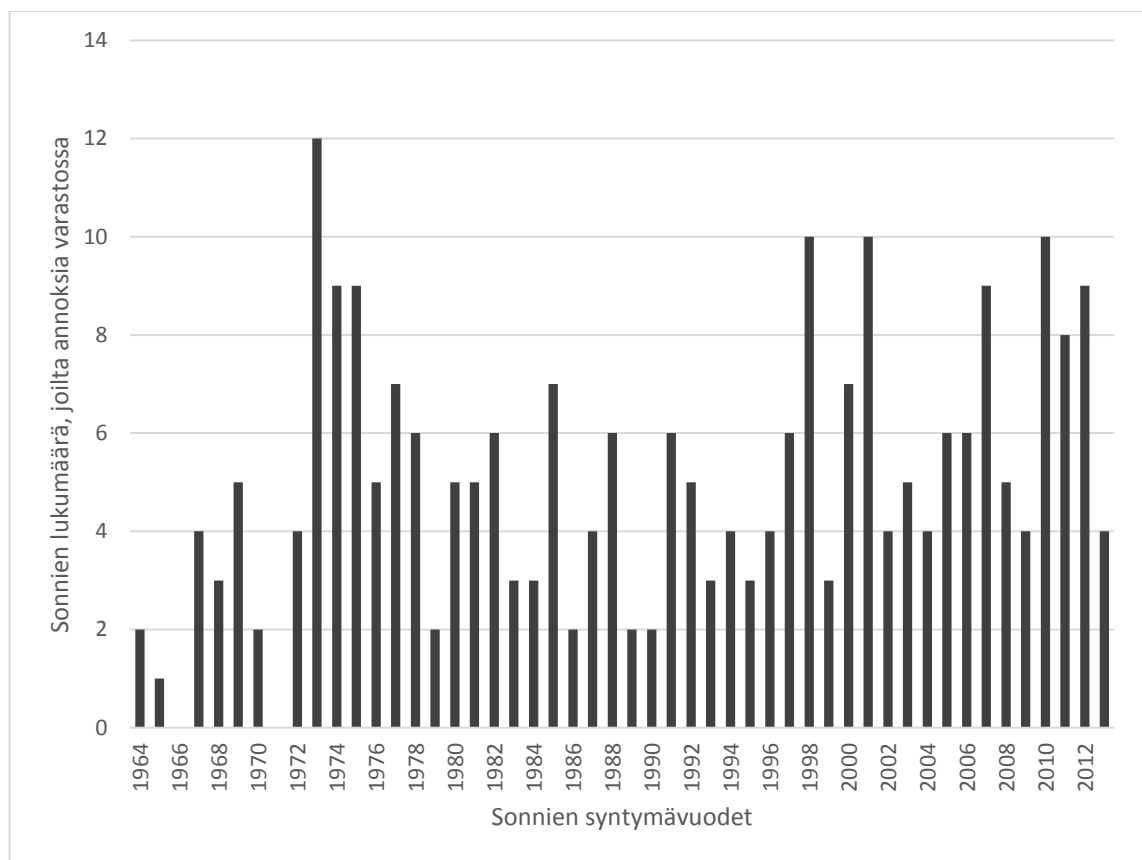
Tämän tutkimuksen tavoitteena olivat

- 1) selvittää länsisuomenkarjan populaation nykytila laskemalla tehollinen populaatiokoko, sukusiitosasteen kehitys ja muutos sukupolvea kohden.
- 2) tutkia vanhojen (1960–80-luvulla syntyneiden) sonnien käytön vaikutusta nyky populaatiossa: olisiko vanhojen sonnien käytöllä mahdollista laskea populaation keskimääräistä sukulaisuutta ja vaikuttaisiko tällainen käyttö perinnölliseen edistymiseen.

4 AINEISTO JA MENETELMÄT

4.1 Aineiston kuvaus

Faba Osk:lta saatiin aineistot sukulaisuustiedoista, sonnien ja lehmien jalostusarvoista sekä varastossa olevista länsisuomenkarjan sonnien siemenannoksista. Sukulaisuusaineisto koostui 253 944 eläimestä, joista nuorimmat olivat syntyneet vuonna 2014. Siemenannoksia oli varastossa 251 eri länsisuomenkarjan keinosiemennyssonnilta (Kuva 1).



Kuva 1. Annossonnien lukumäärät vuosittain. Sonneja yhteensä 251 (marraskuu 2014).

4.2 Aineiston rajaus

Aineiston rajaamiseen käytettiin sovelluksia Microsoft Office Excel 2010 (Microsoft Corporation, Redmond, WA, USA), RStudio 0.98.1087 (© 2009–2014 RStudio, Inc.) ja RelaX2 (Strandén ja Vuori 2006).

Käytännön syistä vanhojen sonnien käytön mallintamista varten sukulaisuusaineistosta rajattiin niin sanottu aktiivijoukko. Tästä olisi hyötyä, mikäli paritettavien eläinten joukkoa haluttaisi myöhemmässä vaiheessa muuttaa (esimerkiksi karsintarajojen lieventäminen). Aktiivijoukkoon valittiin lehmät, joilla kokonaisjalostusarvo eli NTM (Nordic Total Merit) oli 0 tai suurempi (7299 eläintä). Lisäksi aktiivijoukkoon otettiin nuoret naaraat, jotka olivat syntyneet 2013–2014, ja joilla ei ollut poistopäivää tai tuntemattomia vanhempia (1600 eläintä). Aktiivijoukkoon valittiin myös sonnit, joilla oli annoksia tai NTM (455 sonnia). Tälle eläinjoukolle (9354 eläintä) poimittiin laajempi sukutaulu LSK:n koko sukutiedostosta RelaX2-sovelluksella. Aktiivijoukon sukulaisuusaineiston kooksi muodostui 17 010 eläintä.

4.3 Populaatioparametrien laskenta

RelaX2-sovellusta käytettiin laskemaan keskimääräiset sukusiitosasteet vuosittain, sukupolvien väliset ajat, tehollinen populaatiokoko sekä sukulaisuuslaskelmia.

Tehollinen populaatiokoko laskettiin niin koko populaatiolle kuin myös aktiivijoukolle. Estimoitu tehollinen populaatiokoko, \widehat{N}_e , perustuu kaavaan (esim. Falconer ja Mackay 1996):

$$\widehat{N}_e = \frac{1}{2\overline{\Delta F}}, \quad (2)$$

missä

$$\overline{\Delta F} = \Delta F_i\text{-arvojen keskiarvo.}$$

ΔF_i on yksilön i sukusiitosasteen muutos (Gutiérrez ym. 2009):

$$\Delta F_i = 1 - (1 - F_i)^{1/(t_i-1)}, \quad (3)$$

missä

F_i = yksilön i sukusiitosaste

t_i = yksilön i sukupolvet.

Estimoidun tehollisen populaatiokoon keskivirhe, $\sigma_{\widehat{N}_e}$, laskettiin kaavalla (Gutiérrez ym. 2008):

$$\sigma_{\hat{N}_e} = \frac{2}{\sqrt{\hat{N}_e}} \hat{N}_e^2 \sigma_{\Delta F}, \quad (4)$$

missä

$\sigma_{\Delta F} = \Delta F_i$ -arvojen keskihajonta.

Keskimääräinen vuosittainen sukusiitosaste laskettiin sekä koko populaatiolle että aktiivijoukolla (RelaX2). Populaation keskimääräisen sukusiitosasteen kehitystä tarkasteltiin vuodesta 1950 vuoteen 2014.

RelaX2:n keskimääräisiin sukusiitoslaskelmiin perustuen arvioitiin sukusiitosasteen muutos sukupolvea kohden eri ajanjaksoina ja eri poluissa (isä–poika, isä–tytär, emä–poika, emä–tytär). Tätä varten käytettiin sukupolvien välistä aikaa, L , eli vanhemman keskimääräinen ikä sen jälkeläisten syntyessä. Sukupolvien väliset ajat eri ajanjaksoina ja eri poluissa laskettiin niin ikään RelaX2:lla.

RelaX2-sovelluksella laskettiin annossonnien sukulaisuudet aktiivilehmien joukkoon sekä lisäksi valittuun nuorten naaraiden joukkoon. Annossonnit olivat 251 länsisuomenkarjan keinosiemennyssonnia, joilla oli vielä annoksia varastossa. Aktiivilehmiksi valittiin tuotosseurantatilojen länsisuomenkarjan lehmät, jotka olivat syntyneet vuonna 2004 tai myöhemmin. Lehmät valittiin tuotosseurantaan kuuluvilta tiloilta, jotta eläimillä olisi kokonaisjalostusarvo (NTM). Näitä lehmiä oli yhteensä 4342. Nuoriin naaraisiin valittiin eläimet, jotka olivat syntyneet vuosina 2012–2014 ja joilla ei ollut poistopäivää ja joiden molemmat vanhemmat tunnettiin. Näitä nuoria naaraita oli yhteensä 2244. Erityisen kiinnostuksen kohteena olivat sonnien sukulaisuudet nuoriin naaraisiin, sillä nuoret naaraat ovat tärkeässä asemassa muodostamassa tulevaisuuden populaatiota. Tietoa sukulaisuuksista käytettiin hyväksi valittaessa paritettavia sonneja vanhojen sonnien käytön mallinukseen.

4.4 Vanhojen sonnien vaikutuksen arviointi

Vanhojen sonnien mahdollisen käytön vaikutusta nykypopulaatioon arvioitiin sovelluksen EVA 2.0 (Berg ym. 2006) avulla. Edellä kuvatulla tavalla koko populaatiosta oli rajattu aktiivijoukko, jota käytettiin EVA-ajossa erilaisissa paritusskenaarioissa. Kokonaisjalostusarvoa käytettiin perinnöllisen edistymisen muutoksen arviointia varten, sillä EVA-sovelluksessa on mahdollista käyttää vain yhtä jalostusarvon ennustetta.

4.4.1 Paritettavien eläinten valinta

Sukulaisuuden perusteella annossonneista valittiin 38 sonnia, joiden sukulaisuus nuorten naaraiden joukkoon oli alle 11 % ja joiden kantakirjaluokka oli SSS (valio) ja jotka olivat syntyneet 1980-luvulla tai aikaisemmin. Sonneista valittiin vain ne, joilla oli keskimääräistä alhaisempi sukulaisuus nykypopulaatioon, jotta niiden kontribuutio nykyiseen sukupolveen olisi alhainen ja jotta niillä olisi jotakin suvultaan uutta annettavaa nykypopulaatiolle. Kantakirjaluokka SSS eli valio haluttiin karsintarajaksi, jotta olisi jonkinlainen tae vanhan sonnin laadusta. Syntymävuosi rajattiin 80-luvulle tai aiemmin, jotta sonnit todella olisivat vanhoja sonneja. Nämä 38 sonnia merkittiin paritettaviksi sonneiksi EVA-ajoon (Liite 1). Lisäksi vanhojen sonnien rinnalle paritettaviksi sonneiksi valittiin uusimmat nuorsonnit. Näitä nuorsonneja oli yhteensä 11. Tavoitteena oli nähdä, missä suhteessa EVA käyttää vanhoja ja nuoria sonneja, kun sukulaistumisen nousua rajoitettiin voimakkaammin.

Paritettaviksi lehmiksi valittiin 111 lehmää, joiden NTM oli +10 tai suurempi, utararakenneindeksi 105 tai suurempi, tuotosindeksi 105 tai suurempi. Lisäksi valituilla lehmillä ei saanut olla poistopäivää ja niiden tuli olla syntyneitä vuonna 2005 tai myöhemmin. Koska paritusten tarkoitus oli simuloida uusiin nuorsonneihin johtavia parituksia, lehmien kriteerit asetettiin korkeiksi. Lehmien tuli siis olla sonninemätasoa ja siksi niiltä vaadittiin korkea NTM sekä hyvä utarakerenne ja tuotos.

Paritettaville eläimille merkittiin kokonaisjalostusarvot. Kuitenkaan neljälle vanhalle sonnille (Rumpu, Pellervo, Sutki, Naku) ei ollut indeksiä saatavilla. Näille sonneille laitettiin jalostusarvoksi -6, joka oli parituksiin valittujen 38 vanhan sonnin jalostusarvojen keskiarvo. Nuorsonneille merkittiin jalostusarvoiksi niiden odotusarvot.

4.4.2 Syntymävuosien korjaus

EVAa varten eläinten syntymävuodet tuli merkitä sukulaisuusaineistoon. Syntymävuosien tuli olla loogisesti niin, ettei jälkeläisen syntymävuosi saanut olla ennen vanhemman syntymävuotta. Aineisto sisälsi jonkin verran virheellisiä syntymävuosia, mikä esti EVA-ajon. Oikeita syntymävuosia ei ollut saatavilla, joten syntymävuodet päätettiin aineiston perusteella.

4.4.3 EVA-ajot

EVA-ajoon tuli merkitä suoritettavien paritusten määrä. Paritusten kokonaismääräksi asetettiin 30 paritusta, jotta paritusten määrä riittäisi kymmenen nuorsonnin tuottamiseksi. Noin kymmenen uuden nuorsonnin tuottamiseksi tarvitaan karkeasti 20–30 paritusta, sillä puolet syntyvistä vasikoista on lehmävasikoita. Lisäksi osa paritukseen suunnitelluista sonninemistä ei koskaan tiinehdy, osa joudutaan poistamaan ja osa vasikoista kuolee ennen keinosiemennykseen tuloa.

EVA-ajoon tuli myös merkitä yksittäisille paritettaviksi valituille eläimille maksimiparitusmäärät. Suurimmalla osalla sonneista oli siemenannoksia runsas määrä varastossa eikä yksittäisen sonninan annosten määrä ollut rajoittava tekijä. Paritettaville sonneille merkittiin maksimiparitusmääräksi 30 paritusta sonnia kohden ja lehmille yksi paritus lehmää kohden. Näin EVA-simuloinnissa oli mahdollista käyttää vain yhtä ainoaa sonnia 30 paritukseen tai jakaa 30 paritusta 30 eri sonnille.

EVA-sovelluksessa voidaan säätää yksittäisessä ajossa, kuinka iso painokerroin laitetaan seuraavan sukupolven keskimääräisen sukulaisuuden rajoittamiseksi. Kymmenessä eri ajossa painokerrointa muutettiin arvosta -10 (enemmän painoarvoa jalostusarvolle, vähemmän painoa sukulaisuuden rajoittamiselle) arvoon -100 (vähemmän painoarvoa jalostusarvolle, enemmän painoa sukulaisuuden rajoittamiselle) 10 yksikön välein. Tästä nähtiin kuinka paljon EVA käytti nuorsonneja ja vanhoja sonneja suhteessa toisiinsa erilaisilla painokertoimilla, ja mikä oli seuraavan sukupolven keskimääräinen jalostusarvo sekä keskimääräinen sukulaisuus. Lisäksi nähtiin sukusiitosasteen muutos kyseisessä sukupolvessa.

5 TULOKSET

5.1 Keskimääräinen sukusiitosaste

Länsisuomenkarjan populaation keskimääräinen sukusiitosaste on noussut tasaisesti vuodesta 1970 alkaen (Kuva 2). Vuonna 1970 koko populaation keskimääräinen sukusiitosaste oli 0,20 %, vuonna 1980 1,07 %, vuonna 1990 2,40 % ja vuonna 2000 4,15 %. Vuonna 2014 populaation keskimääräinen sukusiitosaste oli 6,33 %. Aktiivijoukon keskimääräinen sukusiitosaste mukailee hyvin koko populaation keskimääräistä sukusiitosastetta.



Kuva 2. Aktiivijoukon ja koko populaation keskimääräinen sukusiitosaste (%) vuosittain.

5.2 Tehollinen populaatiokoko ja ΔF sukupolvea kohden

Koko populaation tehollinen populaatiokoko oli 103,39 (keskivirhe 26,21) ja aktiivijoukon tehollinen populaatiokoko 78,85 (keskivirhe 13,48). Sukusiitosasteen muutos sukupolvea kohden vuosina 1950–2014 oli keskimäärin 0,58 %. Se kuitenkin vaihteli suuresti riippuen ajanjaksosta sekä käytetystä polusta (isä–poika, isä–tytär, emä–poika, emä–tytär) (Taulukko 1).

Taulukko 1. LSK:n sukusiitosasteen muutos (ΔF) sukupolvea kohden eri vuosikymmeninä ja eri poluissa.

ΔF (%) sukupolvea kohden							
	v.1950-1960	v.1960-1970	v.1970-1980	v.1980-1990	v.1990-2000	v.2000-2010	v.2010-2014
Isä-poika	0,117 %	-0,025 %	0,735 %	1,206 %	1,705 %	0,693 %	1,290 %
Isä-tytär	0,107 %	-0,019 %	0,548 %	0,875 %	1,632 %	0,773 %	1,448 %
Emä-poika	0,139 %	-0,022 %	0,655 %	0,977 %	0,816 %	0,516 %	0,996 %
Emä-tytär	0,096 %	-0,016 %	0,413 %	0,634 %	0,723 %	0,473 %	0,948 %
KA	0,115 %	-0,021 %	0,588 %	0,923 %	1,219 %	0,614 %	1,171 %

Sukusiitosasteiden muutosta sukupolvea kohden laskettaessa vuotuinen muutos kerrottiin sukupolven välisillä ajoilla, jotka vaihtelivat 3,95 vuodesta 9,57 vuoteen riippuen ajanjaksosta ja käytetystä polusta (Taulukko 2).

Taulukko 2. LSK:n sukupolvien väliset ajat (L) eri poluissa ja eri ajanjaksoina painotettuna eläinten määrällä.

Sukupolvien väliset ajat								
	v.1950-1960	v.1960-1970	v.1970-1980	v.1980-1990	v.1990-2000	v.2000-2010	v.2010-2014	v.1950-2014
Isä-jälkeläinen	5,97	7,18	6,67	6,26	9,10	6,48	6,00	6,92
Emä-jälkeläinen	6,07	6,06	5,12	4,57	3,95	3,98	4,05	4,72
Isä-poika	6,49	9,14	9,08	8,73	9,57	5,86	5,66	7,74
Isä-tytär	5,96	7,05	6,77	6,33	9,16	6,54	6,35	7,10
Emä-poika	7,74	8,12	8,10	7,07	4,58	4,37	4,37	7,06
Emä-tytär	5,36	5,90	5,10	4,59	4,06	4,00	4,16	4,68
KA	6,01	6,70	5,97	5,47	6,72	5,28	5,03	5,91

5.3 Sonnien sukulaisuuslaskelmat

251 annossonnille laskettiin sukulaisuudet nuoriin naaraisiin (syntyneet 2012–2014, ei poistopäivää, molemmat vanhemmat tiedossa). Sukulaisuus vaihteli 0,22 prosentista 18,55 prosenttiin (Taulukko 3). Nuorsonnien sukulaisuus nuoriin naaraisiin vaihteli 10,24 prosentista 14,93 prosenttiin (Taulukko 4).

Taulukko 3. Annossonnien sukulaisuudet nuoriin naaraisiin LSK-populaatiossa. 20 alhaisinta ja 20 korkeinta sukulaisuutta.

Annossonnit - Alhaisin sukulaisuus			Annossonnit - Korkein sukulaisuus		
kknro	Nimi	Sukulaisuus (%)	kknro	Nimi	Sukulaisuus (%)
13343	Ryhti	0,224 %	14272	Kummun Suomi	18,550 %
13683	Viinamäen Akvaviitti	0,332 %	13887	Rantakartanon Töllli	18,511 %
13684	Lehmonniemen Aromi	0,487 %	14381	Kummun Vasuri	18,078 %
13438	Sarkka	0,723 %	14380	Perälän Vipu	18,051 %
13403	Rumpu	0,735 %	13745	Niittymäen Jere	17,619 %
13474	Setä Samuli	0,867 %	14145	Peltolan Oire	16,887 %
13649	Palomäen Ymisti	0,946 %	14252	Pesosen Reete	16,816 %
13426	Seppä	0,995 %	14246	Tienvieren Palle	16,332 %
13751	Yläuurasjärven Jonne	1,006 %	14790	Välimäen Elämys	16,298 %
13643	Taipaleen Yni	1,019 %	14077	Pesosen Mikki	16,287 %
13716	Puroharjun Elu	1,036 %	13897	Rantakartanon Ujo	16,230 %
13187	Pellervo	1,216 %	13782	Seppälän Lölli	16,110 %
13709	Mehtälän Erkko	1,352 %	14487	Mäen Ärjy	15,934 %
13227	Puli	1,367 %	15051	Kummun Ilta-Ilmari	15,924 %
13737	Seppälän Iro	1,460 %	13980	Mäen Ennätys	15,838 %
13436	Sapliini	1,574 %	14329	Peltolan Urakka	15,765 %
13733	Pakolan Isku	1,669 %	14136	Hirsimaan Nyrkki	15,756 %
13627	Ville-Veikko	1,804 %	14158	Sipilän Pinssi	15,595 %
13740	Syrjälän Iiso	2,114 %	14006	Mäen Ikituuri	15,456 %
13221	Patukka	2,164 %	13694	Uutelan Apuri	15,385 %

Taulukko 4. Ajankohtaisten (kevät 2015) nuorsonnien sukulaisuudet nuoriin naaraisiin LSK-populaatioissa.

Nuorsonnit		
kknro	Nimi	Sukulaisuus (%)
15278	Henttulan Kalle	10,24 %
15290	Henttulan Kaaleppi	11,60 %
15468	Uusikukkulan Letkee	12,60 %
15404	Kivisillan Lyly	12,74 %
15467	Ahlmanin Loru	12,80 %
15334	Kurkelan Kumpu	13,48 %
15389	Hulikan Linnunrata	13,60 %
15387	Mäki-Sipilän Launo	13,62 %
15333	Peltolan Kohtalo	13,75 %
15280	Kuuselan Kreivi ET	14,28 %
15481	Bisan Lippis	14,93 %

Länsisuomenkarjan sonnien ja lehmien kymmenen suurinta geneettistä kontribuutiota nykypäivän populaatioon vaihtelivat seitsemästä prosentista viiteentoista prosenttiin (Taulukko 5). Yksi lehmä ja kaksi sonnia olivat syntyneet 1950-luvulla. Lopuista sonneista kaksi oli syntynyt 1960-luvulla, kaksi 70- ja 80 -lukujen taitteessa ja kolme 2000-luvulla.

Taulukko 5. Suurimmat geneettiset kontribuutiot nykypopulaatioon länsisuomenkarjalla.

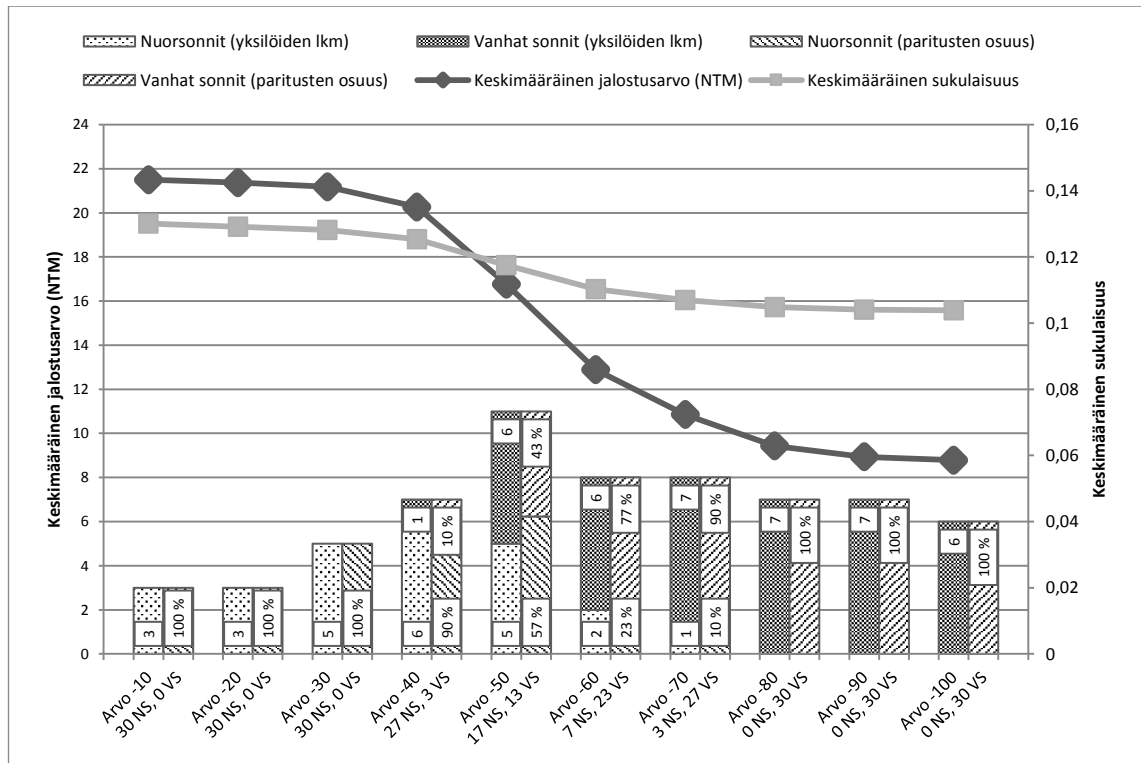
Geneettiset kontribuutiot nykypopulaatioon						
kknro	sukupuoli	nimi	isä	emänisä	syntynyt	gen. kontribuutio
SSS 13088	sonni	Opari	Upari SSS 9301	Raineri S 8321	1966	15,00 %
SSS 8612	sonni	Tahto			1956	12,57 %
SSS 14369	sonni	Pennalan Vekkuli	Turpeisen Ropsi SSS 14251	Peltolan Nootti SSS 14137	2006	9,81 %
SSS 13745	sonni	Niittymäen Jere	Opari SSS 13088	Pisto SSS 13195	1978	9,70 %
SSS 13782	sonni	Seppälän Lölli	Ahtialan Ölli SSS 13660	Rynnistys SSS 13322	1980	9,52 %
SSS 14361	sonni	Rajakallion Vesseli	Riikolan Sihinä SSS 14264	Rajakallion Kaleva SSS 14062	2006	7,84 %
SSS 9301	sonni	Upari	Pulmuri SSS 2550	Timantti S 11063	1957	7,74 %
SSS 13322	sonni	Rynnistys	Tahto SSS 8612	Reilu SSS 3447	1968	7,64 %
50-0207792	lehmä	Hauska	Raineri S 8321		1959	7,50 %
SSS 14264	sonni	Riikolan Sihinä	Kurin Ylväs SSS 13679	Niittymäen Jere SSS 13745	2003	6,98 %

5.4 Vanhojen sonnien käytön vaikutukset

Keskimääräinen jalostusarvo (NTM) sekä keskimääräinen sukulaisuus laskivat, kun vanhojen sonnien osuus kasvoi ja nuorten sonnien osuus laski. Lisäksi havaittiin odotetusti, että sukupolvien välinen aika kasvoi. Niin ikään sukusiitosasteen nousu hidastui ja keskimääräinen sukusiitos laski, kun vanhoja sonneja otettiin mukaan parituksiin.

Suurimpaan perinnölliseen edistymiseen päästiin, kun sukulaisuuden nousua ei rajoitettu (Kuva 3). Tällöin seuraavan sukupolven keskimääräinen jalostusarvo oli 21,7, keskimääräinen sukulaisuus 13,4 % ja sukusiitosasteen muutos 0,55 %. Kun keskimääräisen sukulaisuuden nousua rajoitettiin hyvin voimakkaasti, jolloin kaikki parituksissa käytettävät sonnit olivat vanhoja sonneja, keskimääräinen jalostusarvo laski arvoon 9,4 ja keskimääräinen sukulaisuus 10,5 %:iin. Sukusiitosasteen muutos oli noin -1,0 %. Kun sukulaisuuden painotus oli keskimääräinen ja vanhoja ja nuoria sonneja käytettiin suunnilleen saman verran, niin keskimääräiseksi jalostusarvoksi saatiin 16,8, keskimääräiseksi sukulaisuudeksi 11,7 % ja sukusiitosasteen muutokseksi -0,33 %. Kuvassa 3 on esitetty EVA-ajojen tulokset, joissa näkyy syntyvän sukupolven ennustettu keskimääräinen jalostusarvo ja yksilöiden välinen keskimääräinen sukulaisuus.

Kun sukulaisuuden rajoitus oli alhainen (arvo -10) EVA-sovellus käytti 30 paritukseen vain kolmea nuorsonnia (Kuva 3). Vasta kun sukulaisuuden rajoitus nousi arvoon -40, EVA käytti yhtä vanhaa sonnia ja kuutta nuorsonnia, jakaen 30 parituksesta kolme vanhalle sonnille. Kun sukulaisuuden rajoitusta kiristettiin hieman (arvoon -50), EVA käytti parituksiin kuutta vanhaa sonnia ja viittä nuorta sonnia jakaen parituksista 13 vanhoille sonneille ja 17 nuorsonneille. Kun sukulaisuuden rajoitusta kiristettiin entisestään (arvoon -60), parituksissa käytettiin enää kahta nuorsonnia vanhojen sonnien luvun pysyessä kuudessa. Tällöin paritukset jaettiin 23 paritusta vanhoille sonneille ja seitsemän nuorsonneille. EVA suosi parituksissa viittä vanhaa sonnia (Taulukko 6). Eniten parituksissa käytetty vanha sonni oli Mattilan Yrsky (i. Naku ei. Jyrsky), jonka sukulaisuus nuoriin naaraisiin oli 5,5 % ja jalostusarvo 4.



Kuva 3. EVA-ajot. Keskimääräisen kokonaisjalostusarvon ja keskimääräisen sukulaisuuden vaihtelu sekä nuorten ja vanhojen sonnien jakaumat.

Taulukko 6. EVA-ohjelman eniten käyttämät vanhat sonnit.

TOP5 Vanhat sonnit EVA-ajon mukaan							
	kkno	Nimi	Isä	Emänisä	Syntymävuos	Sukulaisuus (%)	NTM
1.	SSS 13674	Mattilan Yrsky	Naku SSS 12975	Jyrsky SSS 11522	1973	5,462 %	4
2.	SSS 13545	Tokka	Erka SSS 10400	Kallu SSS 10564	1970	6,019 %	3
3.	SSS 13403	Rumpu	Kallu SSS 10564	Turkimo SSS 7630	1968	0,735 %	-6
4.	SSS 13683	Viinämäen Akvaviitti	Optimisti SSS 12842		1974	0,332 %	-7
5.	SSS 13667	Eerolan Ärä	Naku SSS 12975	Ara SSS 8837	1973	2,630 %	-3

6 TULOSTEN TARKASTELU

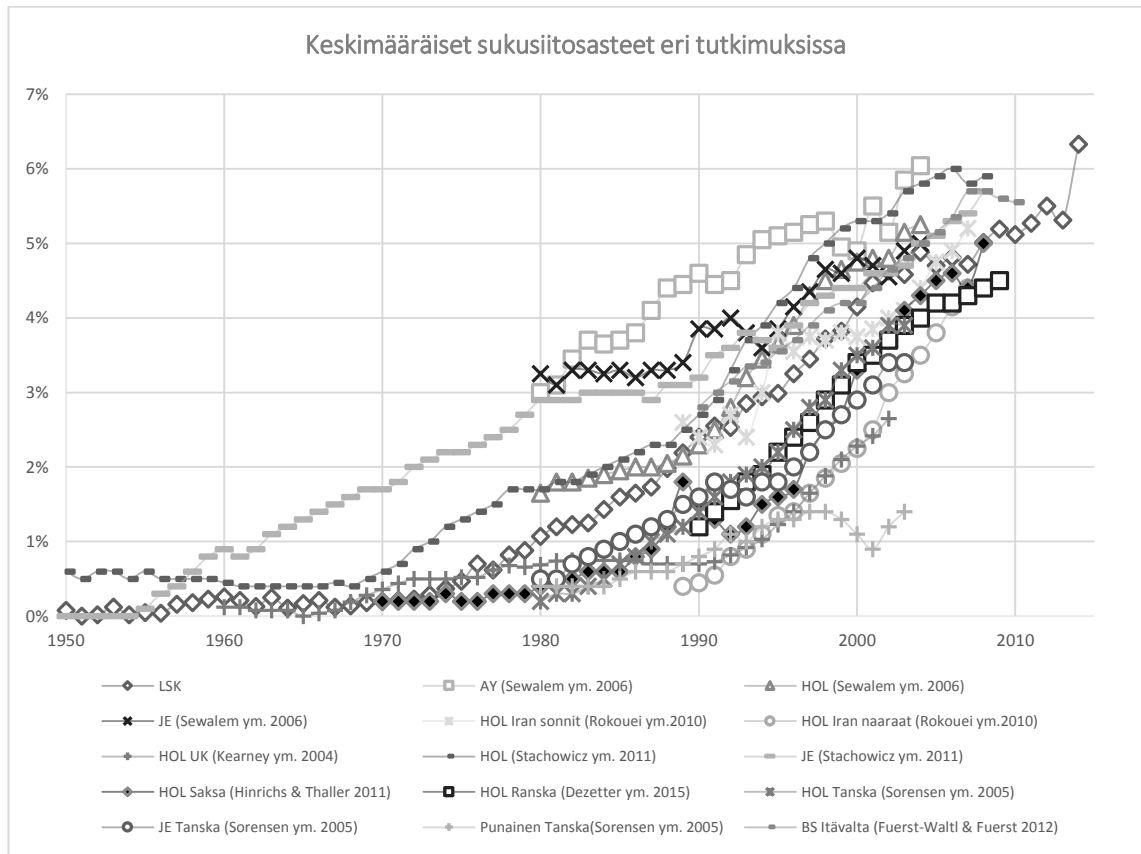
6.1 Keskimääräinen sukusiitosaste

Populaation keskimääräinen sukusiitosaste on noussut suhteellisen nopeaa tahtia 1970-luvulta alkaen. Lehmien lukumäärän jyrkkä lasku etenkin 1960-luvulla alkaneen risteyttämisen seurauksena heijastuu selkeään sukusiitosasteen nousuun 1970-luvun tietämällä. Käytännössä keskimääräisen sukusiitosasteen nousu on vaikeuttanut sonnien valintaa keinosiemennyksen käyttöön (Katarina Hägg, Viking Genetics, sähköpostiviesti kirjoittajalle 28.4.2015). Useimmiten tarjolla olevien sonnien sukulaisuusaste populaatioon on yli 12 %. Tällöin syntyvän jälkeläisen sukusiitosaste on keskimäärin noin 6 %, mikä on myös populaation keskimääräinen sukusiitosaste.

Myös muilla nautapopulaatioilla keskimääräiset sukusiitosasteet ovat kasvaneet (Kuva 4). Esimerkiksi vuosina 1980–2004 kanadalaisen ayrshiren keskimääräinen sukusiitosaste oli 3,99 %, holsteinin 3,20 % ja jerseyyn 3,60 % (Sewalem ym. 2006). Keskimääräinen sukusiitosaste nousi kaikilla kolmella rodulla tarkasteltuna ajanjaksona. Viimeisenä tarkasteluvuonna eli vuonna 2004 se oli kaikkein korkein ollen 6,04 % ayrshirella, 5,04 % holsteinilla ja 5,00 % jerseyllä. Niin ikään tanskalaisen holsteinin ja jerseyyn keskimääräiset sukusiitosasteet ovat nousseet 1980–2000-luvuilla (Sorensen ym. 2005).

Fuerst-Waltl ja Fuerst'in (2012) tutkimassa itävaltalaisessa brown swiss -populaatiossa keskimääräinen sukusiitosaste nousi tasaisesti vuodesta 1990 aina hieman 2000-luvun puolivälin jälkeen, josta eteenpäin keskimääräisen sukusiitosasteen kehitys oli jopa laskevan suuntainen vuoteen 2010 (Kuva 4). LSK:n keskimääräisen sukusiitosasteen kuvaaja on ollut melko samankaltainen kuin brown swissillä. Niin ikään LSK:n kuvaajassa havaitaan 2000-luvun puolen välin tienoilla pientä tasoittumista, joskin aikaisemmin kuin brown swissillä. Myös kanadalaisessa holsteinipopulaatiossa havaitaan sukusiitosasteen nousun hidastumista 2000-luvulla (Stachowicz ym. 2011). 2000-luvun jossain populaatioissa näkyvät hetkelliset taantumukset sukusiitosasteen nousussa, kertovat todennäköisesti 1990–2000-luvuilla jalostajien havahtumisesta nousseisiin sukusiitosasteisiin ja yrityksestä hidastaa sukusiitosasteen nousua populaatioissa. Tanskan punaisen rodun keskimääräisen sukusiitosasteen kuvaaja on muista roduista poikkeava (Kuva 4). Tanskan punaisen rodun keskimääräisen sukusiitosasteen kehitys on ollut maltillista ja tässä populaatiossa

keskimääräinen sukusiitosaste on jopa laskenut vuosina 1998–2001 johtuen muun muassa risteytyksistä (Sorensen ym. 2005).



Kuva 4. Keskimääräiset sukusiitosasteet nautapopulaatioissa eri tutkimuksissa.

Molekyyligeneettisten menetelmien yleistyttyä myös keskimääräisiä sukusiitosasteita on arvioitu eläinten genomitiedon avulla. Pohjoisamerikkalaisen wagyukarjapopulaation keskimääräiset sukusiitosasteet selvitettiin sukutauluanalyysin lisäksi 47 yksilön genotyypityksestä (Scraggs ym. 2014). Genomisten sukusiitosasteiden (populaation keskimääräinen genominen sukusiitosaste 9,08 %) todettiin olevan korkeampia kuin sukutauluanalyysilaskelmiin perustuvien sukusiitosasteiden (populaation keskimääräinen sukutauluanalyysin sukusiitosaste 4,8 %). Tämä viittaa siihen, että sukutauluanalyysillä laskettu sukusiitosaste saattaa aliarvioida todellisen sukusiitosasteen, kun perustajapopulaation eläinten sukusiitosasteeksi on oletettu 0 % tai johtuen sukutauluvirheistä ja epätäydellisestä sukuaineistosta. Decker ym. (2012) päätyivät samansuuntaiseen päätelmään kuin Scraggs ym. (2014). He tarkastelivat pohjoisamerikkalaisen anguspopulaation aineistoa yli 50 vuoden ajalta syntyneistä eläimistä ja havaitsivat, että sukutauluanalyysin

sukusiitosasteet olivat alhaisemmat kuin genomiset sukusiitosasteet. Todennäköisesti syynä ovat niin ikään sukutauluanalyysissä perustajasukupolven eläinten oletus ei-sukusiitetyiksi, sukutauluaineiston virheet sekä puutteet.

Verrattuna tämän tutkimuksen LSK-aineistoon esimerkiksi Scraggs'in ym. (2014) tutkimuksessa tarkasteltu ajanjakso oli huomattavasti lyhyempi: waguykarjalla sukusiitosaste laskettiin 17 vuoden aikana rekisteröidyiltä eläimiltä kun taas länsisuomenkarjalla sukusiitoslaskelmiin käytettiin tietoja yli 60 vuoden aikana syntyneiltä eläimiltä. Eri populaatioiden keskimääräiset sukusiitosasteet eivät siis ole suoraan vertailukelpoisia keskenään, sillä sukusiitosasteeseen vaikuttaa se, milloin sukutietojen kerääminen on aloitettu. Joka tapauksessa useissa nautapopulaatioissa havaittu sukusiitosasteen kasvu voi johtaa sukusiitosdepressioon. Sewalem ym. (2006) havaitsivat, että kaikilla kolmella rodulla, ayrshirellä, holsteinilla ja jerseyllä, oli kasvanut riski poistoon, mitä korkeampi eläimen sukusiitosaste oli. Erityisen suuri riski poistoon havaittiin, kun eläimen sukusiitosaste ylitti 12,5 %. Rokouei ym. (2010) havaitsivat niin ikään, että eläimillä, joiden sukusiitosaste oli korkea, oli suurempi riski tulla poistetuiksi. Lisäksi havaittiin sukusiitosasteen negatiivinen yhteys useisiin tuotantoeläimille tärkeisiin ominaisuuksiin. Esimerkiksi yhden prosentin kasvu sukusiitosasteessa aiheutti keskimäärin 18,72 maito-kg:n aleneman ensimmäisellä tuotoskaudella, 16,19 kg:n aleneman toisella kaudella ja 27,38 kg:n aleneman kolmannella kaudella. Niin ikään rasva- ja valkuaistuotos alenivat eläimen sukusiitosasteen kasvaessa. Soluluvun ja sukusiitoksen välillä ei havaittu tilastollisesti merkitsevää yhteyttä (paitsi kolmannella tuotoskaudella), joskin korkeamman sukusiitosasteen eläimillä oli taipumusta suurempaan solulukuun.

Sukusiitoksella saattaa olla vaikutusta myös lisääntymisominaisuuksiin. Poikimaväli kasvoi kolmannessa poikimisessa 0,53 vuorokautta sukusiitosasteen kasvaessa yhden prosenttiyksikön (Rokouei ym. 2010). Niin ikään hiehon poikimaikä kasvoi 0,45 vuorokautta sukusiitosasteen kasvaessa yhden prosenttiyksikön. Sukusiitetyillä hiehoilla ja lehmillä havaittiin myös suurempi riski vaikeisiin poikimisiin. Toisenlaisiakin tuloksia esiintyy. Hinrichs ja Thaller (2011) havaitsivat, että emän sukusiitosasteella ei ollut vaikutusta poikimisvaikeuteen, luomiseen tai vasikan syntymäpainoon. Syntyvän vasikan sukusiitosasteella ei niin ikään ollut vaikutusta sen syntymäpainoon tai emän poikimiseen. Kuitenkin tilastollisesti merkitsevä vaikutus havaittiin luomisessa: Mikäli vasikan sukusiitosaste nousi yhden prosenttiyksikön, niin riski vasikan syntymiselle kuolleena nousi 0,22 %. On

myös havaittu, että sukusiitosasteella on merkitystä eläimen selviämislle kahden vuoro-
kauden ikäisestä vasikasta aina ensimmäiseen poikimiseen saakka (Fuerst-Waltl ja Fuerst
2012). Tänä aikana hiehoilla, joiden sukusiitosaste oli 10 %, oli 4,9% korkeampi kuollei-
suus kuin hiehoilla, joiden sukusiitosaste oli 0 %. Nämä tulokset ovat samassa linjassa
Sewalemin ym. (2006) ja Rokouein ym. (2010) tutkimusten kanssa, joissa todettiin suku-
siitoksen kasvattavan todennäköisyyttä, että lehmä poistetaan aikaisemmin.

Ranskalaisella holsteinilla todettiin sukusiitosdepression aiheuttavan tuotoksen heikke-
nemistä, korkeampaa solulukua ja hieman heikompaa hedelmällisyyttä (Dezetter ym.
2015). Niin ikään irlantilaisessa holsteinpopulaatiossa todettiin sukusiitoksella olevan
haitallinen vaikutus maitotuotokseen, utareterveyteen, poikimaominaisuuksiin, hedel-
mällisyyteen sekä tuotantoikään (Parland ym. 2007). Tanskalaisella holsteinlehmällä oli
korkempi soluluku sekä korkeampi riski utaretulehduksille jos lehmän sukusiitosaste oli
5 % verrattuna ryhmään, jossa sukusiitosaste oli 2 % (Sorensen ym. 2006). Yhdysvalta-
laistutkimuksessa holsteinensikoilla havaittiin sukusiitoksen negatiivinen vaikutus sekä
eläinten maitotuotokseen että elinikään (Thompson ym. 2000). Etenkin vaikutus elin-
ikään oli merkittävä taloudellisesta näkökulmasta, sillä ennen aikaisten poistojen katsot-
tiin tulevan erittäin kalliiksi. Myös toisessa yhdysvaltalaisessa holsteinpopulaatiossa su-
kusiitoksen kasvu heijastui negatiivisesti tuotokseen ja lisääntymisominaisuuksiin (Bjel-
land ym. 2013). Kuitenkaan alkion elinvoimaan sukusiitosasteella ei ollut merkittävää
vaikutusta (Bjelland ym. 2015).

Keskimääräisen sukusiitosasteen nousu on tyypillistä kaikille nautapopulaatioille johtuen
muun muassa pienestä populaatiokoosta tai valinnasta. LSK:n keskimääräisen sukusiitos-
asteen muutos ei siis ole poikkeuksellista, vaan sitä nähdään myös muissa populaatioissa
(Kuva 4). Sukusiitoksesta ilmeneviä haittoja on tavattu lähes kaikissa näissä populaati-
oissa huolimatta siitä, onko niiden keskimääräinen sukusiitosaste korkeampi tai alhai-
sempi kuin LSK:n keskimääräinen sukusiitosaste. Voidaan siis olettaa, että LSK-popu-
laatioonkin kohdistuu samankaltaisia sukusiitosdepression vaikutuksia. Korkea keski-
määräinen sukusiitosaste saattaa altistaa populaation muun muassa maitotuotoksen las-
kulle, lisääntymisominaisuuksien kuten hedelmällisyyden ja poikimaominaisuuksien
heikkenemiselle, lisätä ennen aikaisen poiston riskiä sekä mahdollisesti myös heikentää

utareterveyttä. Lisäksi on riski, että sukutauluanalyysiin perustuva laskenta aliarvioi populaation keskimääräisen sukusiitosasteen, jolloin populaation todellinen keskimääräinen sukusiitosaste on jopa oletettua korkeampi.

6.2 Tehollinen populaatiokoko ja sukusiitosasteen muutos sukupolvea kohden

Lyhyellä aikajänteellä tarkasteltuna länsisuomenkarjan populaatio vaikuttaisi olevan suhteellisen hyvässä tilanteessa, sillä tehollisen populaatiokoon laskelmat sijoittuvat edellä kuvattujen viitearvojen 50–100 tuntumaan. Kuitenkin keskimääräinen sukusiitosaste nousee koko ajan. Havaittu sukusiitosasteen muutos (0,58 %) sukupolvea kohden vuosina 1950–2014 on suositusten rajoissa (ΔF korkeintaan 0,5–1 %). Kuitenkin suurta vaihtelua esiintyy vuosikymmenten välillä (Taulukko 1). 1960-luvulla sukusiitosasteen muutos sukupolvea kohden oli jopa negatiivinen, mikä tarkoittaa, että uutta vaihtelua saavutettiin enemmän kuin olemassa olevasta vaihtelusta menetettiin. Ottamatta huomioon 2000-luvun varsin alhaista sukusiitosasteen muutosta ($\Delta F=0,61$ %), sukusiitosasteen muutoksessa vaikuttaisi olevan nouseva trendi viimeisinä vuosikymmeninä. Itse asiassa 1990-luvulla ja 2010-luvulla sukusiitosasteen muutos sukupolvea kohden vaikuttaisi ylittävän suositellun yhden prosentin rajan ollen noin 1,2 %. Sukusiitosasteen kasvu antaa viitteitä siitä, että populaation monimuotoisuus saattaa olla uhattuna tulevaisuudessa.

Vuosina 1950–2014 syntyneiden eläinten aineistosta laskien LSK:n sukupolvien välinen aika on ollut keskimäärin noin kuusi vuotta. Sukupolvien välisen ajan pituus on vaihdellut eri vuosikymmeninä (Taulukko 2). Esimerkiksi 1960-luvulla sekä 1990-luvulla sukupolvien väliset ajat olivat keskimääräistä korkeampia, mikä saattaa kertoa vanhojen sonnien käytöstä tai jälkeläisarvosteltujen sonnien suuremmasta käytöstä suhteessa nuorsonneihin. Viime vuosina LSK:n sukupolvien välinen aika on ollut varsin lyhyt (noin viisi vuotta), mikä johtunee nuorsonnien runsaasta käytöstä. Sukupolvien väliset ajat ovat myös eronneet eri poluissa. Esimerkiksi isän–jälkeläisen välinen L on ollut suurempi kuin emän–jälkeläisen välinen L pois lukien 1950-luku. 1950–70-luvuilla emän ja jälkeläisen välinen sukupolvien välinen aika oli melko korkea verrattuna pariin viimeiseen vuosikymmeneen. Tämä saattaa kertoa sekä 1950–70-lukujen kestävästä lehmistä että viime vuosikymmeninä vähentyneistä poikimakerroista. Isä–poika-polussa havaittiin korkein L ja emä–tytär-polussa puolestaan alhaisin L.

Länsisuomenkarjalle saatu tehollinen populaatiokoko 103,39 on verrattain hyvä suhteessa muihin pieniin populaatioihin. Santana ym. (2011) saivat brasilialaisen kesyn vesipuhvelipopulaation teholliseksi populaatiokooksi 40,10 (SE=1,27). Tutkimuksessa löytyi viitteitä geneettisiin pullonkauloihin ja epätasaiseen kontribuutioon, mitkä vähentävät geneettistä monimuotoisuutta. Pohjoisamerikkalaisen wagyukarjan tehollinen populaatiokoko oli vuosina 1994–2011 rekisteröidyillä eläimillä 17,0 (SE=3,19) (Scraggs ym. 2014).

95 (nguni), 87 (drakensberger), 77 (bonsmara) ja 41 (afrikaner) olivat neljän eteläafrikkalaisen sanga-rodun teholliset populaatiokoot käytettäessä genomista analyysiä (Makina ym. 2015). Kaikkien neljän rodun tehollinen populaatioko oli laskenut sukupolvien kuluessa. Suurin tehollisen populaatiokoon lasku havaittiin noin 500 vuoden aikana (noin 100 sukupolvea) kaikilla, mikä johtunee rotujen muodostuksessa tapahtuneesta merkittävästä pullonkaulasta, kun populaatiot eriytyivät alapopulaatioihin eli rotuihin. Kolmella eteläafrikkalaisella rodulla (nguni, drakensberger ja bonsmara) havaittiin joka sukupolvessa korkeampi tehollinen populaatiokoko kuin neljännellä rodulla (afrikaner), mikä on seurausta todennäköisesti sekä kolmen rodun keskinäisestä sekoittumisesta että neljännän rodun historiassa tapahtuneesta pullonkaulasta. Vertailuroduilla holsteinilla ja anguksella havaittu matalampi tehollinen populaatiokoko verrattuna kolmeen eteläafrikkalaiseen rotuun, on mahdollisesti seurausta näissä roduissa tapahtuneesta laajasta keinosiemen-nyksen käyttämisestä ja harvojen valiosonnien käytöstä vuoden 1970 jälkeen.

Myös suurempia arvioita tehollisesta populaatiokoosta esiintyy. Korealaisen hanwookarjan teholliseksi populaatiokooksi saatiin SNP-tutkimuksessa noin 300 (Li ja Kim 2015). Hanwoon tehollinen populaatiokoko oli laskenut asteittain sukupolvi toisensa jälkeen. Sukupolvien 25–50 sekä 10–25 kohdalla havaittiin poikkeavan jyrkkä tehollisen populaatiokoon lasku. Ensimmäinen selittynee rodun muodostuksella ja jälkimmäinen nykyaikaisella jalostusohjelmalla, johon kuuluu muun muassa keinosiemen-nyksen alkaminen.

Genomisen aineiston pohjalta herefordin teholliseksi populaatiokooksi saatiin 153 ja brafordin (herefordin ja zebun risteytyksiä) 220 Brasiliassa (Biegelmeyer ym. 2016). Viimeisen 50 sukupolven aikana herefordin ja brafordin teholliset populaatiokoot olivat laskeneet tasaisesti kuten muillakin nautaroduilla johtuen muun muassa keinosiemen-nyksen käyttöönotosta ja käytettyjen sonnien pienemmästä lukumäärästä. Noin 30 sukupolvea

sitten brafordin ja herefordin teholliset populaatiokoot olivat hyvin lähellä toisiaan, brafordilla 315 ja herefordilla 309. Tutkimuksessa havaittiin, että brafordin tehollinen populaatiokoko oli parina viime sukupolvena kasvanut voimakkaasti, kun taas herefordin tehollinen populaatiokoko oli alkanut laskea neljä sukupolvea sitten. Brasilialaiset brafordit polveutuvat nelore-rodun zebuista. Viime vuosina brasilialaisten brafordien monimuotoisuutta on yritetty lisätä risteyttämällä rotuun brahman-rodun zebuista, mikä näyttää kasvattaneen tehollista populaatiokokoa. Vastaavasti brasilialaisten herefordien tehollisen populaatiokoon lasku näyttää olevan yhteydessä viime aikojen sonnivalintoihin, joissa on käytetty vain pientä määrää puhdasrotuisia herefordsonneja. Sonnivalinnoilla näyttää olevan merkittävä vaikutus teholliseen populaatiokokoon jo muutamassa sukupolvessa. Brasilialaisten tutkimus osoittaa, että vaikka kahden rodun lähtötilanne olisi samankaltainen, niin erilaisilla jalostusvalinnoilla voidaan vaikuttaa suhteellisen nopeasti populaation tilanteeseen.

Kaupallisten valtarotujen teholliset populaatiokoot voivat olla yllättävän pieniä, vaikka rotu itsessään olisi maailmanlaajuisesti hyvin yleinen. Holsteinpopulaatioista on saatu erilaisia tuloksia tutkimuksista riippuen. Kanadalaisen holsteinpopulaation tehollinen populaatiokoko oli 114 vuosina 2000–2007 (Stachowicz ym. 2011). Kanadalaisen holsteinin tehollinen populaatiokoko oli vaihdellut suuresti ollen 1970-luvulla 63, 1980-luvulla 97, ja 1990-luvulla 33. Rodríguez-Ramilo ym. (2015) saivat espanjalaisen holsteinpopulaation teholliseksi populaatiokooksi 66–79 käyttäen sekä genomista että sukutauluanalyysiä.

Kanadalaisen jerseyyn tehollinen populaatiokoko oli 54 ja sen ennustettiin laskevan entisestään johtuen kasvavasta sukulaisuudesta sekä sukusiitoksesta (Stachowicz ym. 2011). 1970-luvulla kanadalaisen jerseyyn tehollinen populaatiokoko oli ollut 64, 1980-luvulla 153 ja 1990-luvulla 70.

Tanskalaisen holsteinin tehollinen populaatiokoko oli 49, jerseyyn 53 ja punaisen rodun 47 (Sorensen ym. 2005). Tulevaisuudessa holsteinin ja jerseyyn tehollisten populaatiokoiden ennustettiin laskevan, kun taas tanskalaisen punaisen tehollisen populaatiokoon ennustettiin jopa nousevan hieman. Tanskan punainen kärsi sukusiitosdepressiosta 1970-luvulla, jonka seurauksena rotua risteytettiin Yhdysvalloista tuotuun brown swissiin sekä

punaiseen holsteiniin. 1990-luvulla rotuun tuotiin Ruotsin punavalkoista rotua. Risteyttäminen oli vaikuttanut suotuisasti rodun keskimääräisen sukusiitosasteen kehitykseen sekä teholliseen populaatiokokoon.

Huolimatta siitä, että LSK-populaatio on yksilömäärällisesti pieni, sen tehollinen populaatiokoko on jopa suurempi kuin monilla kaupallisilla roduilla, joissa on tehty ankaraa jalostusvalintaa. Risteytykset ovat vaikuttaneet pienten populaatioiden teholliseen populaatiokokoon positiivisesti. LSK:n tila näyttäisi olevan sen verran hyvä, ettei tarvetta risteytykseen ole, vaan N_e :n ja ΔF :n hallinnassa voidaan käyttää optimikontribuutiomenetelmää ja säilöttyä geneettistä materiaalia (vanhat erisukuiset sonnit).

Länsisuomenkarjan tapauksessa laskettiin tehollinen populaatiokoko hyvin suurelle aikavälille. Sen sijaan, että olisi laskettu tehollinen populaatiokoko vuosina 1950–2014 syntyneille eläimille, olisi tehollista populaatiokokoa voinut tarkastella myös eri vuosikymmeninä, kuten sukusiitosasteen muutosta sukupolvea kohden tarkasteltiin. Sukusiitosasteen muutosta sukupolvea kohden tarkasteltaessa havaittiin, että pitkälle aikavälille (vuosina 1950–2014 syntyneille eläimille) laskettu ΔF oli suositusten rajoissa, mutta viime vuosikymmeninä se oli kasvanut ajoittain yli suositusten. Matemaattisen yhteyden takia tilanne on sama tehollisessa populaatiokoossa.

Waguykarjalla sukusiitosaste oli noussut 0,03 % vuodessa vuosien 1994–2011 aikana (Scraggs ym. 2014). Sukupolvien välinen aika oli keskimäärin 5,14 vuotta tarkasteltuna ajanjaksona. Waguykarjalle, jolla oli todettu erityisen pieni tehollinen populaatiokoko ($N_e=17,0$), suositeltiin erisukuisten sonnien mahdollisimman laajaa käyttöä sekä populaation risteyttämistä toisiin rotuihin sukusiitoksen haitallisten vaikutusten minimoimiseksi sekä geneettisen monimuotoisuuden lisäämiseksi (Scraggs ym. 2014).

Kanadalaisella holsteinpopulaatiolla keskimääräinen sukusiitosasteen muutos oli 1950–60 -luvulla vielä 0 % vuotta kohden tai jopa lievästi negatiivinen (Stachowicz ym. 2011). 1970–80-luvulla sukusiitosasteen muutos vuotta kohden oli keskimäärin 0,10 %, kun taas 1990-luvulla se oli 0,27 % ja vuosina 2000–2007 0,08 %. Kanadalaisen jerseyyn sukusiitosasteen muutos vuosina 1950–2007 oli keskimäärin 0,10 % vuotta kohden. Sukupolvea kohden keskimääräinen sukusiitosasteen muutos oli kanadalaisella holsteinilla 0,79 % 1970-luvulla, 0,52 % 1980-luvulla, 1,52 % 1990-luvulla ja 0,44 % vuosina 2000–

2007 (Stachowicz ym. 2011). Kanadalaisella jerseyllä sukusiitosasteen muutokset sukupolvea kohden vastaavina ajanjaksoina olivat 0,79, 0,33, 0,71 ja 0,93 %.

Tanskalaisella holsteinilla sukusiitosasteen muutos oli sukupolvea kohden 0,74 % vuosina 1983–1992 ja 1,03 % 1993–2003, jerseyllä 0,57 % 1977–1991 ja 0,94 % 1993–2003 sekä punaisella rodulla 0,32 % 1977–1998 ja 1,07 % 2001–2003 (Sorensen ym. 2005). Kaikkien kolmen populaation kohdalla todettiin sukusiitosasteen muutoksen järjestelmällisen hillitsemisen olevan erittäin tärkeää tulevaisuudessa. Myös Iso-Britannian holsteinpopulaation keskimääräinen sukusiitosasteen muutos on kasvanut huomattavasti vuodesta 1990 alkaen aiempiin vuosiin verrattuna, mikä johtuu todennäköisesti muutaman keskenään sukua olevan sonnin hyvin suuresta vaikutuksesta populaatioon 1980-luvulla (Kearney ym. 2004). Kearney ym. (2004) totesivat, että optimoidulla valinnalla voidaan vaikuttaa positiivisesti niin sukusiitosasteen muutokseen kuin perinnölliseen edistymiseenkin. LSK:n sukusiitosasteen muutoksessa sukupolvea kohden havaittu vaihtelu ($\Delta F = -0,02$ – $1,2$ %) eri ajanjaksoina on hyvin samankaltainen kuin muissakin populaatioissa ollen alhaisempi varhaisempina vuosina ja korkeampi myöhempinä vuosina.

Muun muassa keinosiemennyksen käyttö, muutamien suosittujen sonnien käyttö, voimakas jalostusvalinta ja geneettiset pullonkaulat vaikuttavat nautapopulaatioiden teholliseen populaatiokokoon alentavasti ja sukusiitosasteen muutokseen kasvavasti. Risteytysten avulla tehollinen populaatiokoko on saatu nousemaan. Jo muutamassa sukupolvessa on mahdollista saada muutoksia aikaan riippuen siitä, millaisia sonnivalintoja tehdään. Luonnollisestikin tulevat jalostuspäätökset määrittävät sen, kuinka pysyviä nämä muutokset ovat. Vaikka emme voisikaan pysäyttää sukusiitosasteen nousua kokonaan ($\Delta F \leq 0$), on merkittävää edes hidastaa sen muutosta.

Populaatioille, joille ei ole olemassa erisukuisia osapopulaatioita (tuonnit) tai säilyttyä geneettistä materiaalia (sukusolut tai alkiot), risteytykset ovat tällä hetkellä ainoita vaihtoehtoja lisätä populaation geneettistä vaihtelua. Tekniikka kehittyy ja saattaa tuoda apuja geneettisen vaihtelun lisäämiseen tulevaisuudessa, mutta kuten Hill (2000) sanoi, tulevaisuuden suhteen varmaa on vain epävarmuus. Emme voi tietää millaisia tekniikoita meillä on tulevaisuudessa käytettävissämme, emmekä myöskään niitä paineita ja odotuksia, joita kotieläinjalostus tulevaisuudessa kohtaa. Siksi onkin järkevää pyrkiä säilyttämään geneettistä vaihtelua joka sukupolvessa – jo ennen kuin umpikujaan törmätään.

6.3 Sonnien sukulaisuuslaskelmat ja vanhojen sonnien käytön vaikutukset

Jalostusorganisaatiolla on ollut vaikeuksia löytää vuosittaisiin länsisuomenkarjan sonnien ostoihin nuorsonneja, joiden keskimääräinen sukulaisuus lehmäpopulaatioon olisi alle 10 % tai edes alle 12 %. Tästä kertoo muun muassa kevään 2015 ajankohtaisten nuorsonnien keskimääräinen sukulaisuus nuoriin naaraisiin, mikä oli kaikilla sonneilla yli 10 % ja vain kahdella alle 12 % (Taulukko 4).

Annoksia on varastossa kaikkiaan noin 250 LSK-sonnilta, joista suurimmat sukulaisuudet nuoriin naaraisiin on seuraavilla sonneilla: Kummun Suomi 18,6 %, Rantakartanon Tölli 18,5 %, Kummun Vasuri 18,1 %, Perälän Vipu 18,1 % ja Niittymäen Jere 17,6 % (Taulukko 3). Alhaisin sukulaisuus puolestaan löytyy sonneilta Ryhti 0,2 %, Viinamäen Akvaviitti 0,3 %, Lehmonniemen Aromi 0,5 %, Sarkka 0,7 % ja Rumpu 0,7 %.

Kaikkein suurin kontribuutio (15 %) nykypäivään on sonnilla Opari (Taulukko 5). Kymmenen suurimman kontribuution joukossa on myös Oparin isä Upari 7,7 % sekä Oparin emä Hauska 7,5 %. Opari on itse isänä Niittymäen Jerelle, jonka kontribuutio nykypäivän populaatioon on 9,7 %. Niin ikään Niittymäen Jere on emänisänä Riikolan Sihinälle, jonka kontribuutio populaatioon on 7,0 %. Edelleen Riikolan Sihinä on isänä Rajakallion Vesselille, jonka kontribuutio on 7,8 %.

Toiseksi suurin kontribuutio on sonnilla nimeltä Tahto (12,6 %) (Taulukko 5). Lisäksi Tahdon pojan Rynnistyksen kontribuutio on 7,6 %. Rynnistys on emänisänä sonnille Seppälän Lölli, jonka kontribuutio on 9,5 %. Itse asiassa Tahto on Seppälän Löllille sukua sekä isän että emän takaa ollen Löllin isänisänisä sekä emänisänisä. Kolmanneksi suurin kontribuutio on Pennalan Vekkulilla (9,8 %). Näin ollen kymmenen suurimman kontribuution joukkoon mahtuu vain pari eri sukulinjaa. Itse asiassa nämäkään eivät ole niin eri linjoja, sillä Pennalan Vekkulin takaa löytyy niin Seppälän Lölli kuin myös Rynnistys ja Opari useammasta haarasta: Pennalan Vekkulin isän Turpeisen Ropsin takaa löytyy Opari ja Seppälän Lölli. Vekkulin emänisän Peltolan Nootin takaa löytyvät Rynnistys ja Opari. Edelleen Vekkulin emänemänisän takaa löytyy sekä Rynnistys että Opari. Myös Seppälän Lölli linkittyy Oparin sukuun siten, että Seppälän Löllin emänemänisän Kalle Kustaan emänisä on Pulmuri, joka on Uparin isä.

Kanadalaisella holsteinilla kymmenen suurinta geneettistä kontribuutiota vaihtelivat 2,8 %:sta 16,8 %:iin muodostaen yhteensä 70,0 % vuosina 2000–2008 syntyneiden eläinten perimästä (Stachowicz ym. 2011). Vastaavasti kanadalaisen jerseyyn kymmenen suurinta geneettistä kontribuutiota vaihtelivat 4,4 %:sta 12,7 %:iin muodostaen 78,7 % vuosina 2000–2007 syntyneiden eläinten perimästä. Tankalaisella holsteinilla kymmenen suurinta geneettistä kontribuutiota vaihtelivat 2,7 %:sta 13,8 %:iin muodostaen noin 70 % populaation perimästä (Sorensen ym. 2005). Tankalaisella jerseyllä vastaava vaihtelu oli 3,0 %:sta 12,1 %:iin (yhteensä 61 %) ja tanskalaisella punaisella 2,5 %:sta 9,4 %:iin (yhteensä 46 %). Länsisuomenkarjalla, holsteinilla ja kanadalaisella jerseyllä on käytetty yksipuolisesti sonneja ja sukulinjoja, mikä näkyy eräiden eläinten ja sukujen suurina geneettisinä kontribuutioina. Tanskalaisella punaisella sonnien ja sukulinjojen käyttö on ollut monipuolisempaa.

Eri tekijät saattoivat vaikuttaa siihen, mitkä vanhoista sonneista nousivat esiin juuri tässä tutkimuksessa. Esimerkiksi neljälle vanhalle sonnille ei ollut indeksiä saatavilla, jolloin niille laitettiin jalostusarvoksi -6. Tämä arvo oli parituksiin valittujen vanhojen sonnien jalostusarvojen keskiarvo. Nämä neljä sonnia olivat syntyneet 1960-luvulla, kun taas muut vanhat sonnit olivat syntyneet 70–80-luvuilla. Näin ollen valittu jalostusarvo -6 saattoi olla hieman liian optimistinen, olettaen, että perinnöllistä edistymistä on tapahtunut ja uudempi sukupolvi on vanhempaa parempi. Simuloinneissa tietyt sonnit saattoivat nousta esiin myös perustuen parituksiin valikoituneiden lehmien sukuun. Lisäksi muidenkin vanhojen sonnien kuin pelkästään valiosonnien (60–80-luvun nuorsonnit) ottaminen mukaan olisi mahdollisesti tuonut lisää vaihtelua populaatioon simuloinneissa. Huolimatta siitä, mitkä sonnit nousivat esiin simuloinneissa, simuloinnin tulokset (vaikutukset muun muassa perinnölliseen edistymiseen ja sukusiitosasteen muutokseen) ovat yleistettävissä vanhojen sonnien käytön vaikutuksia arvioitaessa.

Mikäli sukusiitosasteen nousua halutaan jarruttaa, on se mahdollista lisäämällä populaatioon vanhoja sonneja, joilla on alhainen keskimääräinen sukulaisuus nykyiseen sukupolveen. Kuitenkin vanhojen sonnien lisääminen populaatioon tulisi vaikuttamaan radikaalisti perinnölliseen edistymiseen (keskimääräinen jalostusarvo). Mikäli perinnöllisen edistymisen laskusta huolimatta haluttaisiin laskea sukusiitosastetta sukupolvea kohti, voisi suositella ratkaisua, jossa vanhoja sonneja käytettäisi maltillisesti. Esimerkiksi jos käytetään kuutta nuorta sonnia ja kahta vanhaa sonnia (Taulukon 6 sonnit sijoilla 1. ja 2.),

niin keskimääräinen jalostusarvo olisi 19,4, keskimääräinen sukulaisuus 12,3 % ja sukusiitosasteen muutos per sukupolvi -0,025 %. Radikaalimpana esimerkkinä olisi vaihtoehto, jossa käytettäisiin kolmea vanhaa sonnia (Taulukon 6 sonnit sijoilla 1., 2. ja 3.). Tällöin keskimääräinen jalostusarvo 18,8, keskimääräinen sukulaisuus 12,2 % ja sukusiitosasteen muutos per sukupolvi noin -0,1 %. Kummassakin tapauksessa sukusiitosasteen muutos sukupolvea kohden saataisiin laskuun ($\Delta F < 0$).

Kuitenkin on huomioitava, ettei parin tai muutaman vanhan sonnin käyttö yhdessä sukupolvessa tee pitkän ajan muutosta. Mikäli muutosta populaation keskimääräiseen sukusiitosteeseen sekä teholliseen populaatiokokoon halutaan pitkällä tähtäimellä, tulee käytettävien sonnien sukulaisuus lehmäpopulaatioon huomioida joka sukupolvessa. Toisaalta myös perinnöllisestä edistymisestä on huolehdittava, jotta populaation alkuperäinen käyttötarkoitus ei kärsi ja rotu pysyy sopivana vaihtoehtona tuottajille.

Introgressiolla ja genomisella valinnalla saattaisi olla potentiaalia toimia myös säilytettävän rodun sisällä. Genomitutkimus saattaisikin olla yksi vaihtoehto, jolla kehittää vanhojen sonnien käyttökelpoisuutta. Käytettäessä vanhoja sonneja nyky populaatioon, voitaisiin teoriassa syntyvistä jälkeläisistä genomisen tiedon avulla karsia pois niitä genomisia alueita, jotka vaikuttavat tuotantoon alentavasti. Hankalampaa lienee määrittää sitä, mitä vaihtelua vanhojen sonnien perimästä halutaan säilyttää.

Tarvetta olisi LSK:n tai ylipäätään suomenkarjan genomisen muuntelun paremmalle ymmärtämiselle. Näiden rotujen perimän muuntelun ja monimuotoisuuden ymmärtäminen auttaisi niin monimuotoisuuden säilyttämistä kuin myös saattaisi mahdollistaa paremman jalostusvalinnan haluttujen QTL:ien tunnistamisen myötä.

Kustannusten lisäksi pienen populaation genomisen valinnan haasteita ovat Thomasenin ym. (2014) mukaan alhainen luotettavuus johtuen pienestä referenssipopulaatiosta. Tanskalaisella jerseyllä pystyttiin kasvattamaan referenssipopulaatiota lisäämällä aineistoon yhdysvaltalaisen jersey populaation genotyypit. Suomenkarjalla ei kuitenkaan ole vastaavaa mahdollisuutta. Lisäksi tuotosseurannassa olevien suomenkarjan lehmien määrä on huomattavasti Tanskan jersey populaatiota alhaisempi: vuonna 2014 suomenkarjan lemmiä oli tuotosseurannassa noin 2700. Genomisella valinnalla saattaisi olla merkitystä LSK-populaatiolle, mutta genomisen tiedon hyödyntäminen vaatisi soveltamista pienen populaatiokoon vuoksi (Juha Kantanen, Luke, sähköpostiviesti kirjoittajalle 22.2.2016).

6.4 Tulevaisuus

Tämän tutkielman tulosten pohjalta jalostusorganisaatio on vuoden 2015 lopulla päätyntyt toteuttamaan nelivuotisen suunnitelman vanhojen sonnien käytöstä LSK-populaation sukulaisuusrakenteen parantamiseksi. Suunnitelma toteutetaan vuosina 2016–2019. Suunnitelmaan on valittu 12 sonnia (Taulukko 7), joiden sukulaisuusaste aktiivilehmiin on mahdollisimman alhainen. Sonnien valinnassa on myös huomioitu sonnien keskinäinen sukulaisuus. Jokaisella valitulla sonnilla on tarkoitus tehdä 10–15 paritusta ja 1–2 alkiohuuhtelua. Geenipankki kustantaa yhden huuhtelun jokaiselle 12 sonnille. Yksi sonni on käytössä noin neljän kuukauden ajan, jolloin yhtenä vuotena käytetään kolmea eri vanhaa sonnia. Valitut sonnit ovat 1970-luvulla syntyneitä paitsi Ettma, joka on syntynyt 1999 Ruotsissa ja jonka annoksia on tuotu Suomeen. Ettman emänisä on Mattilan Yrsky.

Taulukko 7. Vuosina 2016–2019 toteutettavan suunnitelman valitut vanhat sonnit.

Valitut vanhat sonnit					
Nimi	kknro	Synt.vuosi	Isä	Emänisä	Sukul.aste (%) aktiivilehmiin
Pakolan Isku	S 13733 D	1977	Patukka	Reipas	1,50
Ettma	S 15473 D	1999	V. Etto	M. Yrsky	2,90
Mehtälän Erkkö	S 13709 D	1975	Nasku	Ponsi	1,31
Kivisen Önni	SSS 13662 C	1973	Masi	Tahto	4,01
Viinamäen Akvaviitti	SSS 13683 C	1974	Optimisti	Punnus	0,38
Piukun Akku	SSS 13690 B	1974	Naku	Naula	2,65
Yläuurasjärven Jonne	S 13751 D	1978	Pellervo	Nuppi	0,91
Roppilan Ärrä	SSS 13641 B	1973	Makarios	Iiro	5,12
Puroharjun Elu	S 13716 D	1975	Melu	Koitto	1,00
Ville-Veikko	S 13627 C	1972	Kalle Kustaa	Alppi	1,59
Taipaleen Yni	SSS 13643 C	1973	Optimisti	Taru	1,02
Yliojan Kide	S 13773 D	1979	Touhu	Rynnistys	5,53

Paritukseen valittavat lehmät valitaan jalostusarvojen, fenotyyppisten tulosten (muun muassa rakennearvostelu) ja suvun perusteella. Parituksissa halutaan maksimoida syntyvän jälkeläisen tuoma hyöty populaation sukulaisuusasteeseen, jolloin parituksissa vältetään lehmiä, joiden isien vaikutus populaatiossa on jo hyvin merkittävä. Valintaan vaikuttaa myös yhdistelmän sukulaisuusaste aktiivilehmiin. Syntyvän jälkeläisen sukulaisuusaste

aktiivilehmiin saa olla korkeintaan 8 %. Suunnitelman toteuttamisaikana keinosiemen-nykseen tullaan hankkimaan vuosittain 7–8 LSK-sonnia, joista puolet tulee olemaan vanhojen sonnien jälkeläisiä.

Ensimmäiset vanhojen sonnien jälkeläiset syntyvät aikaisintaan vuoden 2016 lopulla. Tällöin ensimmäinen vanhan sonnin poika on nuorsonnikäytössä vuoden 2018 alussa. Vanhojen sonnien vaikutusten pitäisi tulla näkyviin alkaen vuodesta 2019, kun vanhojen sonnien nuorsonnikäytössä olleiden poikien jälkeläiset alkavat syntyä. Selvempi vaikutus havaitaneen 2020-luvulla, kun jälkeläisten tuotoksista ja muista ominaisuuksista saadaan tietoa.

Jalostusorganisaatio painottaa vanhojen sonnien käyttöön harkintaa ja malttia, sillä populaatorakenteen tervehdyttäminen ei saa uhata rodun alkuperäistä käyttötarkoitusta. Parituksissa syntyy myös tyttäriä vanhoille sonneille. Nämä vanhojen sonnien tyttäret ovat arvokkaita niiden alhaisemman sukulaisuuden vuoksi ja niitä voidaan käyttää sonnineminä, mikäli ne ovat ominaisuuksiltaan sonninemätasoa.

7 JOHTOPÄÄTÖKSET

Sukusiitosaste on yhteydessä muun muassa eläimen selviytymiseen, tuotokseen ja lisääntymisominaisuuksiin. Korkea sukusiitosaste laskee selviytymisen ennustetta jo ennen syntymää kuin myös lisää riskiä tuotannosta poistamiseen. Se vaikuttaa niin ikään tuotoksen määrään, sekä maitokiloihin että pitoisuuksiin. Korkealla sukusiitoksella vaikuttaisi myös olevan negatiivinen vaikutus hedelmällisyyteen, mikä näkyy esimerkiksi pidentyneenä poikimavälinä sekä myöhäisempänä hiehon poikimaikänä. Useissa tutkimuksissa havaittujen sukusiitokseen yhdistettyjen ongelmien vuoksi sukusiitosta ei tulisi jättää huomiotta. Populaation sukusiitosasteen kasvaessa sopivien parituskumppaneiden löytäminen vaikeutuu. Sukusiitos aiheuttaa ongelmia niin eläimen omalle hyvinvoinnille kuin myös tuotannolle. Mikäli rotu halutaan pitää elinvoimaisena ja tuottavana, on sukusiitosta vältettävä.

Tulevaisuuden jalostustavoitteita on vaikea ennustaa. Tinkimällä hieman nykypäivän hyödyistä kuten voimakkaasta valinnasta ja nopeasta perinnöllisestä edistymisestä, voidaan ylläpitää suurempaa vaihtelua sekä suurempi tehollinen populaatiokoko. Halutaanko perinnöllistä edistymistä nopeasti sillä riskillä, että menetetään arvokasta vaihtelua, joka voisi auttaa tulevaisuudessa jalostustavoitteiden muuttuessa? Toisaalta meidän tulee pitää rotu karjanomistajille kilpailukykyisenä vaihtoehtona.

Länsisuomenkarjan tehollinen populaatiokoko ($N_e=103,39$) on suositusten rajoissa ja näyttäisi, että sukusiitostaantumien ongelmia pystytään välttämään ainakin lyhyellä aikajänteellä. Pienen populaation ollessa kyseessä risteytys on myös eräs vaihtoehto. LSK-populaatio on kuitenkin toistaiseksi riittävän vakaalla pohjalla, ja jalostusta voidaan tehdä populaation sisäisesti, eikä risteytystä tarvita. Kuitenkin keskimääräisen sukusiitosasteen nousu sekä sukusiitosasteen nousu sukupolvea kohti viime vuosina antavat viitteitä mahdollisesta populaation monimuotoisuuden laskusta.

Vanhojen sonnien käyttö populaatioon vaikuttaisi alentavan keskimääräistä sukulaisuusastetta sekä sukusiitosasteen muutosta sukupolvea kohti. Kuitenkin vanhojen sonnien käyttö hidastaisi perinnöllistä edistymistä.

Pidemmällä tähtäimellä kahden tai kolmen vanhan sonnin käyttö sonnininä kahden tai kolmen uuden nuorsonnin tuottamiseksi sukupolvea kohti saattaisi olla järkevä ratkaisu.

Tämä tarkoittaisi keskimääräisen jalostusarvon alenemista noin 2-3 NTM-yksikön verran seuraavassa sukupolvessa. Tällöin keskimääräinen sukulaisuus laskisi 13,4 prosentista noin 12,2–12,3 prosenttiin ja sukusiitosasteen nousu pysähtyisi seuraavassa sukupolvessa (ΔF :n arvosta 0,5 % arvoihin -0,025 % ja -0,1 %).

Länsisuomenkarjan populaation tila on suhteellisen hyvällä pohjalla, joskin sukusiitosasteen kasvuun ei ole varaa tulevaisuudessa. Vanhojen sonnien harkittu käyttö voisi hillitä sukusiitosasteen kasvua, mutta näkyisi negatiivisesti perinnöllisessä edistymisessä ainakin lyhyellä aikajänteellä. Ylipäätään pitkällä tähtäimellä on tärkeää huolehtia N_e :n hallinnasta muun muassa käyttämällä eri sonneja laajasti ja minimoimalla käytettävien sonnien välinen sukulaisuus.

8 KIITOKSET

Haluan kiittää tutkielmani ohjaajaa Jarmo Jugaa sekä Asko Mäki-Tanilaa, Jukka Pösöä ja Katarina Häggiä työn eri vaiheissa. Kiitos mielenkiintoisesta aiheesta Juha Kantaselle. Erityiskiitos Terhi Vahlstenille merkittävästä avusta EVA:n kanssa. Kiitos Faba Osk:lle aineistosta.

LÄHTEET

Bennewitz, J., Simianer, H. & Meuwissen, T. 2008. Investigations on merging breeds in genetic conservation schemes. *Journal of Dairy Science* 91: 2512-2519.

Berg, P., Nielsen, J. & Sørensen, M. 2006. EVA: Realized and predicted optimal genetic contributions. 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, August 13-18 2006, Belo Horizonte, MG, Brasil.

Biegelmeyer, P., Gulias-Gomes, C., Caetano, A., Steibel, J. & Cardoso, F. 2016. Linkage disequilibrium, persistence of phase and effective population size estimates in Hereford and Braford cattle. *BMC Genetics* 17:32.

Bjelland, D., Weigel, K., Coburn, A. & Wilson, R. 2015. Using a family-based structure to detect the effects of genomic inbreeding on embryo viability in Holstein cattle. *Journal of Dairy Science* 98: 4934-4944.

Bjelland, D., Weigel, K., Vukasinovic, N. & Nkrumah, J. 2013. Evaluation of inbreeding depression in Holstein cattle using whole-genome SNP markers and alternative measures of genomic inbreeding. *Journal of Dairy Science* 96: 4697-4706.

Decker, J., Vasco, D., McKay, S., McClure, M., Rolf, M., Kim, J., Northcutt, S., Bauck, S., Woodward, B., Schnabel, R. & Taylor, J. 2012. A novel analytical method, Birth Date Selection Mapping, detects response of the Angus (*Bos Taurus*) genome to selection on complex traits. *BMC Genomics* 13:606.

Dezetter, C., Leclerc, H., Mattalia, S., Barbat, A., Boichard, D. & Ducrocq, V. 2015. Inbreeding and crossbreeding parameters for production and fertility traits in Holstein, Montbéliarde, and Normande cows. *Journal of Dairy Science* 98: 4904-4913.

Falconer, D.S. & Mackay, T.F.C. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*. 4. painos. Essex, England. Pearson Education Limited. 464 s.

Fuerst-Waltl, B. & Fuerst, C. 2012. Effect of inbreeding depression on survival of Austrian Brown Swiss calves and heifers. *Journal of Dairy Science* 95: 6086-6092.

Gandini, G., Stella, A., Del Corvo, M. & Jansen, G. 2014. Selection with inbreeding control in simulated young bull schemes for local dairy cattle breeds. *Journal of Dairy Science* 97: 1790-1798.

- Gutiérrez, J., Cervantes, I., Molina, A., Valera, M. & Goyache, F. 2008. Individual increase in inbreeding allows estimating effective sizes from pedigrees. *Genetics Selection Evolution* 40: 359-378.
- Gutiérrez, J., Cervantes, I. & Goyache, F. 2009. Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 126: 327-332.
- Hedrick, P.W. 2011. *Genetics of populations*. 4. painos. Sudbury, the United States of America. Jones and Bartlett Publishers. 675 s.
- Hiemstra, S.J., de Haas, Y., Mäki-Tanila, A. & Gandini, G. 2010. *Local cattle breeds in Europe*. Wageningen, The Netherlands. Wageningen Academic Publishers. 154 s.
- Hill, W. 2000. Maintenance of quantitative genetic variation in animal breeding programmes. *Livestock Production Science* 63: 99-109.
- Hinrichs, D. & Thaller, G. 2011. Pedigree analysis and inbreeding effects on calving traits in large dairy herds in Germany. *Journal of Dairy Science* 94: 4726-4733.
- Kantanen, J., Lovendahl, P., Strandberg, E., Eythorsdottir, E., Li, M.-H., Kettunen-Praebel, A., Berg, P. & Meuwissen, T. 2015. Utilization of farm animal genetic resources in a changing agro-ecological environment in the Nordic countries. *Frontiers in Genetics* 6/52. Review.
- Karja, M. & Lilja, T. 2007. Alkuperäisrotujen säilyttämisen taloudelliset, sosiaaliset ja kulttuuriset lähtökohdat. *Maa- ja elintarviketalous* 106. Jokioinen: MTT. 311 s.
- Kearney, J., Wall, E., Villanueva, B. & Coffey, M. 2004. Inbreeding trends and application of optimized selection in the UK Holstein population. *Journal of Dairy Science* 87: 3503-3509.
- Li, Y. & Kim, J.-J. 2015. Effective population size and signatures of selection using Bovine 50K SNP chips in Korean native cattle (Hanwoo). *Evolutionary Bioinformatics* 2015/11: 143-153.
- Li, M., Tapio, I., Vilkki, J., Ivanova, Z., Kiselyova, T., Marzanov, N., Cinkulov, M., Stojanovic, S., Ammosov, I., Popov, R. & Kantanen, J. 2007. The genetic structure of cattle populations (*Bos taurus*) in northern Eurasia and the neighbouring Near Eastern regions: implications for breeding strategies and conservation. *Molecular Ecology* 16: 3839-3853.
- Maijala, K. 1998. *Jalostustyöllä tulosta. 100 vuotta naudan- ja sianjalostusta*. Helsinki. Suomen Kotieläinjalostusosuuskunta.

- Makina, S., Taylor, J., van Marle-Köster, E., Muchadeyi, F., Makgahlela, M., MacNeil, M. & Maiwashe, A. 2015. Extent of linkage disequilibrium and effective population size in four South African Sange cattle breeds. *Frontiers in Genetics* 6:337.
- Odegård, J., Sonesson, A., Yazdi, M & Meuwissen, T. 2009. Introgression of a major QTL from an inferior into a superior population using genomic selection. *Genetics Selection Evolution* 41: 38.
- Oldenbroek, K. & van der Waaij, L. 2014. Textbook animal breeding. Centre for Genetic Resources and Animal Breeding and Genomics Group, Wageningen University and Research Centre, the Netherlands. 311 s. <https://wiki.groenkennisnet.nl/display/TAB/Textbook+Animal+Breeding+and+Genetics>
- Parland, S., Kearney, J., Rath, M. & Berry D. 2007. Inbreeding effects on milk production, calving performance, fertility, and conformation in Irish Holstein-Friesians. *Journal of Dairy Science* 90: 4411-4419.
- Pedersen, L., Sorensen, A. & Berg, P. 2009. Marker-assisted selection can reduce true as well as pedigree-estimated inbreeding. *Journal of Dairy Science* 92: 2214-2223.
- Rodríguez-Ramilo, S., Fernández, J., Toro, M., Hernández, D. & Villanueva, B. 2015. Genome-wide estimates of coancestry, inbreeding and effective population size in the Spanish Holstein population. *PLoS ONE* 10(4): e0124157.
- Rokouei, M., Vaez Torshizi, R., Moradi Shahrabak, M., Sargolzaei, M. & Sorensen, A.C. 2010. Monitoring inbreeding trends and inbreeding depression for economically important traits of Holstein cattle in Iran. *Journal of Dairy Science* 93:3294-3302.
- Santana, M., Aspilcueta-Borquis, R., Bignardi, A., Albuquerque, L. & Tonhati, H. 2011. Population structure and effects of inbreeding on milk yield and quality of Murrah buffaloes. *Journal of Dairy Science* 94: 5204-5211.
- Scraggs, E., Zanella, R., Wojtowicz, A., Taylor, J., Gaskins, C., Reeves, J., de Avila, J. & Neiberghs, H. 2014. Estimation of inbreeding and effective population size of full-blood wagyu cattle registered with the American Wagyu Cattle Association. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 131: 3-10.

Sewalem, A., Kistemaker, G.J., Miglior, F. & Van Doormaal, B.J. 2006. Analysis of inbreeding and its relationship with functional longevity in Canadian dairy cattle. *Journal of Dairy Science* 89: 2210-2216.

Smith, L.A., Cassell, B.G. & Pearson R.E. 1998. The effects of inbreeding on the lifetime performance of dairy cattle. *Dairy Sci* 81:2729-2737.

Sorensen, A., Madsen, P., Sorensen, M. & Berg, P. 2006. Udder health shows inbreeding depression in Danish Holsteins. *Journal of American dairy Science* 89: 4077-4082.

Sorensen, A.C., Sorensen, M.K. & Berg, P. 2005. Inbreeding in Danish dairy cattle breeds. *Journal of Dairy Science* 88: 1865-1872.

Sorensen, M.K., Sorensen, A.C., Baumung, R., Borchersen, S. & Berg, P. 2008. Optimal genetic contribution selection in Danish Holstein depends on pedigree quality. *Livestock Science* 118: 212-222.

Stachowicz, K., Sargolzaei, M., Miglior, F. & Schenkel, F. 2011. Rates of inbreeding and genetic diversity in Canadian Holstein and Jersey cattle. *Journal of Dairy Science* 94: 5160-5175.

Strandén, I. & Vuori, K. 2006. Relax2: pedigree analysis programme. 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, August 13-18 2006, Belo Horizonte, MG, Brasil.

Thomasen, J., Egger-Danner, C., Willam, A., Guldbrandtsen, B., Lund, M. & Sorensen, A. 2014. Genomic selection strategies in a small dairy cattle population evaluated for genetic gain and profit. *Journal of Dairy Science* 97: 458-470.

Thompson, J., Everett, R. & Hammerschmidt, N. 2000. Effects of inbreeding on production and survival in Holsteins. *Journal of Dairy Science* 83: 1856-1864.

Weigel, K. & Lin, S. 2002. Controlling inbreeding by constraining the average relationship between parents of young bulls entering AI progeny test programs. *Journal of Dairy Science* 85: 2376-2383.

Woolliams, J.A., Berg, P., Dagnachew, B.S. & Meuwissen, T.H.E. 2015. Genetic contributions and their optimization. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 132: 89-99.

LIITE 1: EVA-PARITUKSIIN VALITUT VANHAT LÄNSISUOMENKARJAN SONNIT

Parituksiin valitut vanhat sonnit						
Nimi	kknro	kkluokka	Synt.vuosi	Annokset	Sukulaisuus (%)	NTM
Viinamäen Akvaviitti	13683	SSS	1974	363	0,332 %	-7
Rumpu	13403	SSS	1968	385	0,735 %	
Taipaleen Yni	13643	SSS	1973	160	1,019 %	-8
Pellervo	13187	SSS	1967	400	1,216 %	
Eerolan Ärä	13667	SSS	1973	400	2,630 %	-3
Syrjälän Öömi	13671	SSS	1973	430	2,708 %	-9
Piukun Akku	13690	SSS	1974	308	3,082 %	-6
Sutki	13476	SSS	1969	284	3,325 %	
Mikkolan Näky	13831	SSS	1982	400	3,719 %	-7
Vaaralan Etto	13707	SSS	1975	400	3,824 %	-10
Kivisen Önni	13662	SSS	1973	400	4,468 %	-9
Kurin Ylväs	13679	SSS	1973	188	4,536 %	-2
Naku	12975	SSS	1965	239	4,613 %	
Mattilan Yrsky	13674	SSS	1973	380	5,462 %	4
Touhu	13574	SSS	1970	202	5,522 %	-5
Hakamaan Nuutti	13824	SSS	1982	214	5,648 %	-8
Roppilan Ärrä	13641	SSS	1973	369	5,708 %	-13
Hautasen Vaaka	13636	SSS	1972	397	5,716 %	-8
Tokka	13545	SSS	1970	175	6,019 %	3
Ylätalon Vakaumus	13638	SSS	1972	400	6,088 %	-11
Mäen Nato	13830	SSS	1982	400	6,090 %	1
Mäki-Kojolan Arios	13681	SSS	1974	400	6,371 %	-14
Takamaan Maskotti	13812	SSS	1981	385	6,719 %	-5
Niittymäen Lohtu	13778	SSS	1980	290	6,984 %	-9
Kurin Vippi	13637	SSS	1972	31	7,035 %	-5
Niittymäen Mehu	13795	SSS	1981	400	7,064 %	-8
Kivilehdon Isto	13742	SSS	1977	365	7,143 %	-7
Mäen Lataus	13777	SSS	1980	400	8,178 %	-11
Kuoppalan Ennätys	13714	SSS	1975	524	8,466 %	-7
Kosolan Mouhu	13804	SSS	1981	332	8,681 %	6
Kopun Arpo	13688	SSS	1974	397	8,881 %	-4
Ollinahon Ennustus	13705	SSS	1975	300	9,145 %	-8
Juntin Yntti	13673	SSS	1973	406	9,172 %	-13
Mikkolan Onkija	13843	SSS	1983	400	10,024 %	-6
Ahtialan Ölli	13660	SSS	1973	394	10,224 %	2
Juholan Ipa	13739	SSS	1977	400	10,737 %	-6
Repolan Sentti	13871	SSS	1986	400	10,983 %	4
Kangasnokan Vako	13909	SSS	1989	400	10,987 %	0