

**TUONTIPOPULAATIOIDEN VAIKUTUS SUOMALAISEN HOLSTEININ JA
AYRSHIREN PERINNÖLLISEEN MUUTOKSEEN**

Antti Kumpula
Maisterintutkielma
Helsingin Yliopisto
Maataloustieteiden osasto
Kotieläinten jalostustiede
Toukokuu 2020

Tiedekunta/Osasto — Fakultet/Sektion — Faculty Maatalous-metsätieteellinen tiedekunta		Osasto — Sektion — Department Maataloustieteiden osasto	
Tekijä — Författare — Author Antti Kumpula			
Työn nimi — Arbetets titel — Title Tuontipopulaatioiden vaikutus suomalaisen holsteinin ja ayrshiren perinnölliseen muutokseen			
Oppiaine — Läroämne — Subject Kotieläinten jalostustiede			
Työn laji — Arbetets art — Level Maisterintutkielma	Aika — Datum — Month and year 05/2020	Sivumäärä — Sidoantal — Number of pages 49 s.	
Tiivistelmä — Referent - Abstract <p>Eläinpopulaatiota on mahdollista kehittää halutusti tekemällä valintaa ja/tai tuomalla haluttua eläinainesta muista populaatioista. Tämän tutkimuksen tavoitteena oli selvittää millä tavoin eri maissa tehty jalostus on vaikuttanut tuontieläinten kautta suomalaisten holstein- ja ayrshirepopulaatioiden perinnölliseen muutokseen. Tutkimusaineisto saatiin Faba osk:lta. Analyseissä hyödynnettiin yli miljoonan holsteinin ja yli 2 miljoonan ayrshiren jalostusarvon ennusteita sekä sukupuutietoja ajalta 1986 – 2019. Populaation perinnöllinen muutos laskettiin vuosikohtaisesti sekä jaettiin maakohtaisiin kontribuutioihin R-ohjelman moduulia 'AlphaPart' käyttäen. Käytetty menetelmä perustui jalostusarvojen pilkkomiseen Mendelistisiin segregaatiotermeihin ja perussukupolven eläinten geneettisiin vaikutuksiin.</p> <p>Suomalaisen holsteinpopulaation geneistä suurin osa oli peräisin Yhdysvalloista. Yhdysvaltalaisella eläinaineksella oli suurin positiivinen kontribuutio kokonaisjalostusarvon, tuotoksen, kestävyuden ja utarerakenteen perinnölliseen muutokseen. Sillä oli vastaavasti suurin negatiivinen vaikutus hedelmällisyyteen ja muihin hoitoihin. Tanskasta lähtöisin olevien geenien määrä oli tuontimaista kolmanneksi suurin, mutta maan tuontieläimillä oli suurin positiivinen kontribuutio hedelmällisyyteen, utareterveyteen, poikimahelpouteen ja muihin hoitoihin. Myös muissa ominaisuuksissa maan kontribuutio oli tuontipopulaatioista toiseksi positiivisin.</p> <p>Ayrshirellä tuontieläinten vaikutus on ollut jonkin verran holsteinia vähäisempi. Tuontimaista ruotsalaisen eläinaineksen geenien osuus oli suurin, kuten myös kontribuutio useimmissa ominaisuuksissa. Tanskalaisten eläinten geenien osuus on kasvanut nopeasti vuodesta 2010 lähtien. Ruotsalainen ja tanskalainen eläinainekset ovat vaikuttaneet samankaltaisesti, parantaen kokonaisjalostusarvoa, tuotosta, kestävyyttä, poikimahelpoutta ja utarerakennetta. Maiden eläinaineksella on ollut vastaavasti negatiivinen vaikutus muihin hoitoihin.</p> <p>Tutkimuksen tulosten perusteella voidaan sanoa, että tuontieläimillä on ollut merkittävä vaikutus suomalaisten populaatioiden perinnölliseen muutokseen viimeisten vuosikymmenten aikana. Erityisesti holsteinilla yhdysvaltalaisen ja tanskalaisten eläinten vaikutus perinnöllisiin trendeihin on ollut huomattava.</p>			
Avainsanat — Nyckelord — Keywords perinnöllinen muutos, tuonti, kontribuutio, ominaisuus, holstein, ayrshire			
Säilytyspaikka — Förvaringsställe — Where deposited Maataloustieteiden osasto			
Muita tietoja — Övriga uppgifter — Further information Työtä ohjasi yliopistonlehtori Jarmo Juga			

Tiedekunta/Osasto — Fakultet/Sektion — Faculty Faculty of Agriculture and Forestry		Osasto — Sektion — Department Department of Agricultural Sciences	
Tekijä — Författare — Author Antti Kumpula			
Työn nimi — Arbetets titel — Title Partitioning of genetic trends by origin in Finnish Holstein and Ayrshire populations			
Oppiaine — Läroämne — Subject Animal breeding			
Työn laji — Arbetets art — Level Master's thesis		Aika — Datum — Month and year 05/2020	Sivumäärä — Sidoantal — Number of pages 49 p.
Tiivistelmä — Referat — Abstract <p>Animal population can be improved by domestic selection and/or with importation of foreign genotypes. The aim of this study was to find out how big impact import of genetic material from different countries has had on genetic trends of different traits in Finnish Holstein and Ayrshire populations. The data were received from FABA co-op. The analyzes utilized breeding values and pedigree information from over 1 million Holsteins and over 2 million Ayrshires born between 1986 – 2019. Genetic trends were calculated annually and partitioned to country contributions using R-software's package 'AlphaPart'. Used method is based on partitioning the breeding values to Mendelian sampling terms and the genetic effect of the base population founder animals.</p> <p>The largest proportion of Holstein genes in Finnish population was from the USA. Animals from the USA had the greatest positive impact on the total merit, yield, longevity and udder conformation. By contrast they also had the biggest negative impact on fertility and general health. Gene proportion from Denmark was the third largest from the foreign countries, but it had the greatest positive impact on fertility, udder health, calving ease (maternal) and general health. It also had the second biggest positive impact on all the other traits among foreign countries.</p> <p>Foreign animals have had a smaller impact on the Finnish Ayrshire population compared to Holstein. In many traits the contribution of Finnish breeding animals stayed the greatest. For foreign countries importations from Sweden had the greatest contribution to genes and most of the traits. Gene proportion from Denmark has increased rapidly after year 2010. Both Swedish and Danish importations have had a similar impact, improving the total merit, yield, longevity, calving ease (maternal) and udder conformation. Both Swedish and Danish animals have had a negative contribution to general health.</p> <p>According to the results of this study, we can conclude that importations of genetic material from foreign countries have had a major impact on the Finnish populations during the last decades. Especially for Holstein, the importations from USA and Denmark have had a significant impact on the local genetic trends.</p>			
Avainsanat — Nyckelord — Keywords genetic trend, partitioning, origin, trait, contribution, Holstein, Ayrshire, import			
Säilytyspaikka — Förvaringsställe — Where deposited Department of Agricultural Sciences			
Muita tietoja — Övriga uppgifter — Further information Supervisor: University Lecturer Jarmo Juga			

SISÄLLYS

1	JOHDANTO	5
2	POPULAATION PERINNÖLLINEN MUUTOS	5
2.1	Tuonti ja innovaatiot.....	7
2.2	Lypsykarjanjalostus Suomessa ja maailmalla	8
2.2.1	Jalostustavoitteet	8
2.2.2	Eläintuonnin historia.....	9
2.2.3	Perinnöllinen taso.....	12
3	TUTKIMUKSEN TAVOITTEET	13
4	AINEISTO JA MENETELMÄT	14
4.1	Aineiston kuvaus ja rajaus	14
4.2	Menetelmät.....	16
5	TULOKSET	19
5.1	Holstein	19
5.2	Ayrshire	28
6	TULOSTEN TARKASTELU	37
6.1	Holstein	38
6.2	Ayrshire	41
7	JOHTOPÄÄTÖKSET	43
8	KIITOKSET	45
	LÄHTEET	46

1 JOHDANTO

Lypsykarjanjalostus on kehittynyt ja kansainvälistynyt viimeisen vuosisadan aikana merkittävästi. Useat innovaatiot kuten keinosiemennys, siemenannosten pakastus, alkionsiirto ja genomivalinta ovat vauhdittaneet sekä kansainvälistä eläineineksen liikettä kuin myös perinnöllistä muutosta (Funk 2006, García-Ruiz ym. 2016). Kansainvälisellä tasolla jalostus on ollut vielä 2000-luvulle saakka erittäin vahvasti tuotospainotteista, jolla on useissa tutkimuksissa todettu olevan negatiivinen vaikutus useisiin terveysominaisuuksiin (muun muassa Haile-Mariam ym. 2003, Heringstad ym. 2003). 2000-luvun aikana eri maiden jalostustavoitteet ovat yhtenäistyneet terveysominaisuuksien merkityksen yhä kasvaessa (Holstein International 2019).

Suomalainen lypsykarjanjalostus on ollut terveys- ja hedelmällisyysominaisuuksien jalostuksen edelläkävijöitä yhdessä muiden Pohjoismaiden kanssa jo 1980-luvulta lähtien (Pedersen ja Jensen 1996, Juga ym. 1999, Lindhé 2001). Tästä huolimatta myös Suomi on ollut riippuvainen tuontieläimistä, erityisesti holsteinrodun kohdalla (Matinoli 2007). Yhteispohjoismainen jalostusyhteistyö Tanskan ja Ruotsin kanssa 2000-luvulla on lisännyt maiden tuontimääriä molemmilla roduilla jalostuksen keskittyessä vahvasti terveysominaisuuksien kehittämiseen (NAV 2020a, Holstein International 2019).

Tämän tutkimuksen tavoitteena oli selvittää miten ja kuinka paljon eri maissa tehty eläinvalinta on vaikuttanut tuontieläinten kautta suomalaisten holstein- ja ayrshirepopulaatioiden perinnölliseen muutokseen viimeisten vuosikymmenten aikana. Tulosten pohjalta tarkoituksena oli kyetä havainnoimaan tuontien onnistumista ja merkittävyyttä sekä syitä trendien taustalla.

2 POPULAATION PERINNÖLLINEN MUUTOS

Perinnöllistä eli geneettistä muutosta tapahtuu suvullisessa lisääntymisessä aina edetessä sukupolvesta toiseen joko satunnaisen ajautumisen tai; sekä että valinnan seurauksena. Jalostuksen eli ihmisen tekemän valinnan tavoitteena on yleensä maksimoida perinnöllinen edistyminen tavoitelluissa ominaisuuksissa, minimoiden kuitenkin negatiiviset vaikutukset muihin ominaisuuksiin. Vanhempainvalinnalla on suuri merkitys perinnöllisen edistymisen maksimoinnissa, sillä yksilön geneistä

puolet tulevat isältä ja puolet emältä. Tämän lisäksi yksilön geneettiseen tasoon eli jalostusarvoon vaikuttaa myös geneettinen rekombinaatio eli vanhempien alleelien järjestäytyminen sattumanvaraisesti uusiksi yhdistelmiksi. Yksilön poikkeavuutta sen vanhempien keskiarvosta ja samalla myös täyssisarryhmän keskiarvosta kuvataan Mendelistisellä segregatiolla. Mahdollisimman tehokkaan jalostuksen kannalta on tärkeä pystyä arvioimaan yksilön paremmuutta verrattuna sekä sen sisarryhmään, että muuhun populaatioon. Tällöin seuraavan sukupolven vanhemmiksi valitut eläimet edustavat populaation parasta eläinainesta ja haluttua genotyyppiä.

Populaatiotasolla perinnöllistä muutosta voidaan aikaansaada tekemällä eläinvalintaa ja/tai tuomalla haluttua eläinainesta muista populaatioista. Eläinvalinnan tavoitteena on valita mahdollisimman tehokkaasti seuraavan sukupolven vanhempaiseläimet ja käyttää niitä haluttujen genotyyppien leviämiseksi populaatiossa. Kehittyneissä maidontuotantomaisissa valinta perustuu luotettaviin jalostusarvon ennusteisiin. Populaation sisällä tapahtuvan valintajalostuksen lisäksi on myös vaihtoehtona tai lisänä mahdollista tuoda parempaa eläinainesta muista populaatioista. Tämä edellyttää kuitenkin tuontieläinten luotettavaa vertailua muihin populaation eläimiin.

Populaation vuotuista perinnöllisen muutoksen määrää voidaan laskea yhtälöstä 1. Perinnöllistä muutosta voidaan kasvattaa parantamalla jalostusarvojen arvosteluvarmuutta, kasvattamalla valinnan intensiteettiä (toisin sanoen valitsemalla pienempi määrä seuraavan sukupolven vanhempaiseläimiä), lisäämällä geneettisen vaihtelun määrää (esimerkiksi tuonti geneettisesti erilaisista populaatioista) sekä lyhentämällä sukupolvien välistä aikaa.

$$\Delta G = \frac{r_{TI}i\sigma_G}{L}, \quad (1)$$

jossa

ΔG = geneettinen muutos

r_{TI} = jalostusarvon luotettavuus (arvosteluvarmuus)

i = valinnan intensiteetti

σ_G = geneettinen vaihtelu

L = sukupolvien välinen aika.

2.1 Tuonti ja innovaatiot

Historiallisesti yksiä merkittävimpiä askelia nautakarjanjalostuksessa ovat olleet keinosiemennyksen sekä siemenannosten pakastamisen käyttöönotto (Moore ja Hasler 2017). Menetelmien avulla yhdelle sonnille voi syntyä jopa useita tuhansia jälkeläisiä. Erityisesti keinosiemennyssonnioiden kohdalla valinnan onnistumisella on tällöin suuri merkitys koko populaation perinnöllisen muutokseen suuruuteen (García-Ruiz ym. 2016). Vastaavasti myös emäpuolella alkionsiirron avulla hyvälle hieholle tai lehmälle voidaan tuottaa useita jälkeläisiä yhtä aikaa, vaikkakin määrät ovat huomattavasti sonneja pienempiä. Alkionsiirto on menetelmänä kalliimpi, mikä rajoittaa sen laajempaa käyttöä. Sommerin ja Youngsin vuonna 2016 julkaiseman raportin mukaan Yhdysvalloissa vuonna 2015 keinosiemennyksessä olleista holsteinsonneista 81 % oli saanut alkunsa alkionsiirron avulla.

Siemenannosten pakastamisen tuoman hyvän säilyvyyden ansiosta hyvää eläinainesta voitiin kuljettaa helposti suuria määriä myös muihin populaatioihin. Kansainvälistä eläinkauppaa hidasti kuitenkin kymmeniä vuosia maiden välisten eläinten vertailun vaikeus (Funk 2006). 1980-luvulla tuontisonneja vertailtiin lähinnä erinäisillä muunnosyhtälöillä perustuen sonnien tyttärien tuloksiin tuonti- ja vientimaiden välillä (Goddard 1985, Funk 2006). Larry Schaeffer kehitti vuonna 1994 MACE-menetelmän (Multiple Across-Country Evaluations), mikä oli tilastollisilta ominaisuuksiltaan selvästi aikaisempia menetelmiä parempi (Schaeffer 1994). Vuonna 1983 perustettu kansainvälinen sonnien arviointijärjestelmä Interbull on laskenut vuodesta 1995 lähtien kansainvälisiä arviointeja MACE-menetelmän avulla kaikkien jäsenmaidensa sonneille (Interbull 2019). Kansainvälisten arviointien avulla eläinten vertailu populaatioiden välillä on helpottunut, mikä on parantanut jalostusarvojen luotettavuutta sekä helpottanut tuontipäätösten tekoa.

Populaation sisällä genomivalinnan sekä sukupuolilajitellun siemenen käytöllä on mahdollista nopeuttaa perinnöllistä muutosta (Sørensen ym. 2011, García-Ruiz ym. 2016). Tuonnin kannalta jalostusohjelman nopeudella on merkitystä erityisesti silloin, jos populaatiot ovat samantasoisia. Tällöin nopeamman jalostusohjelman omaavassa populaatiossa on mahdollista aikaansaada enemmän perinnöllistä muutosta tietyssä ajassa. Populaatioiden perinnöllisen tason eron kasvaessa, voi tuonti nopeammin edistyvästä populaatiosta tulla entistä hyödyllisemmäksi. Jos tuontipopulaatio on tasoltaan

huomattavasti parempi, ei oman jalostusohjelman nopeudella ole yhtä merkittävää vaikutusta perinnölliseen muutokseen verrattuna tuonnilla saatavaan hyötyyn.

2.2 Lypsykarjanjalostus Suomessa ja maailmalla

2.2.1 Jalostustavoitteet

Julkaisussa Juga ym. (1999) on kerrottu, että Suomi otti käyttöön sonnien kokonaisjalostusarvoon perustuvan valinnan vuonna 1983. Ensimmäisinä vuosinaan kokonaisjalostusarvo sisälsi 9 ominaisuutta: rasvakorjatun maitomäärän, valkuaistuotoksen, kasvun, uusimattomuus-%:n, tyhjäkauden pituuden, vasikkakuolleisuuden, lypsettävyyden, luonteen ja utarerakenteen (Juga ym. 1999). Vuonna 1986 kokonaisjalostusarvoon lisättiin terveys- ja hedelmällisyysominaisuuksia ja vuonna 1988 myös soluluku (Juga ym. 1999). Kokonaisjalostusarvo koki useita muutoksia ominaisuuksissaan ja painotuksissaan 1990-luvulla, mutta pääpaino säilyi tuotosominaisuuksissa, hedelmällisyydessä ja utareterveydessä (Juga ym. 1999). Pienen painoarvon ominaisuudet, kuten vasikkakuolleisuus, lypsettävyys ja muut kuin utareterveyteen liittyvät sairaudet poistettiin kokonaisjalostusarvosta 1990-luvun alussa, koska niillä ei ollut käytännön vaikutusta sonnien paremmuuteen. Myös lehmien kokonaisjalostusarvo julkaistiin ensimmäistä kertaa vuonna 1991 sisältäen alkuun tuotosominaisuuksia ja myöhemmin myös muita ominaisuuksia sonnien arvostelun tapaan (Juga ym. 1999).

2000-luvulla Suomi aloitti pohjoismaisen jalostusyhteistyön Ruotsin ja Tanskan kanssa, yhtenäistämällä jalostusarvojen laskentaa (Aro ym. 2012, s. 51). Vuonna 2002 perustettiin yhteispohjoismainen jalostusarvosteluyhdistys NAV (Nordic Cattle Genetic Evaluation), jossa oli alkuun mukana myös Norja (Aro ym. 2012, s. 51). Yhteispohjoismaalainen kokonaisjalostusarvo NTM (Nordic Total Merit) julkaistiin ensimmäistä kertaa vuonna 2008 (Aro ym. 2012, s. 52). Suomalainen ayrshire liittyi osaksi punaisten rotujen jalostusohjelmaa yhdessä Ruotsin punaisen (SRB) ja Tanskan punaisen (RDM) kanssa. Myös holsteinilla on yhteinen jalostusohjelma. Vuonna 2020 NTM-kokonaisjalostusarvo sisälsi 60 eri osaindeksiä, jotka ovat koottuna 14 eri ominaisuuteen (Viking Genetics 2020). Nämä ominaisuudet olivat tuotos, kasvu, hedelmällisyys, syntymä- ja poikimaindeksit, utareterveys, muut hoidot, kestävyys, sorkkaterveys, elinvoima, jalat, utare, lypsettävyys ja luonne (NAV 2020a).

Toisin kuin Suomessa ja muissa pohjoismaissa, joissa hedelmällisyys ja terveystoiminnat ovat olleet osana kokonaisjalostusarvoa jo 1970 ja 1980-luvuilta lähtien (Pedersen ja Jensen 1996, Juga ym. 1999, Lindhé 2001), useissa kehittyneissä maidontuotantomaissa jalostus perustui vielä 1990-luvullakin suurimmalta osin tuotosominaisuuksien ja rakenteen jalostukseen (Leitch 1994, Holstein International 2019). Esimerkiksi vuonna 1996 Alankomaissa, Saksassa ja Ranskassa holsteinin kokonaisjalostusarvo koostui pelkästään tuotosominaisuuksista (Holstein International 2019). 2000-luvulla hedelmällisyys- ja terveystoiminnat ovat tulleet viimeistään osaksi useimpien maiden kokonaisjalostusarvoja (Miglior ym. 2005), niiden merkitysten yhä usein kasvaessa (Holstein International 2019).

2.2.2 Eläintuonnin historia

Eläintuonti Suomeen oli ennen 1800-luvun puoliväliä vähäistä, mikä mahdollisti maataisrotujen (myöhemmin kolme suomenkarjarotua: länsisuomenkarja, itäsuomenkarja ja pohjoissuomenkarja) kehittymisen. Parempaan eläinainekseen toivossa ensimmäisiä ayrshirerodun eläimiä alettiin tuoda Suomeen Skotlannista sekä Ruotsista vuodesta 1845 lähtien (Maijala 1998, s. 53). Vuoteen 1923 mennessä Suomeen oli tuotu näistä maista noin 1 600 ayrshirerotuista eläintä (Maijala 1998, s. 53). Seuraavat ayrshiretuonnit alkoivat vasta vuonna 1969 (Maijala 1998, s. 53). Vuoteen 1980 mennessä siemenannoksia tuotiin yhteensä noin 11 000 kappaletta Englannista, Yhdysvalloista, Norjasta ja Ruotsista (Maijala 1998, s. 53). Tämän jälkeen ayrshireä tuotiin 2000-luvulle asti lähinnä Ruotsista (Maijala 1998, s. 53).

Maijalan (1998, s. 17, 53) teoksessa kerrotaan, että aiemmin jo 1800-luvulla kokeiltua friisiläisrotua alettiin tuoda 1960-luvulta lähtien uudelleen Suomeen niin eläiminä kuin myös siemenannoksina. Eläimet olivat pääsääntöisesti lähtöisin Ruotsista ja Tanskasta sekä siemenannokset Ruotsista, Yhdysvalloista, Alankomaista ja Tanskasta.

Eläinaineksen vertailu maiden välillä oli vielä 1960 ja 1970-luvuilla vaikeaa, mikä piti kansainvälisen eläinkaupan maltillisena (Funk 2006). Pohjois-Amerikasta Eurooppaan tuotujen friisiläissukuisten holsteinien siemenannosten määrät olivat vähäisiä. Siemennyksistä syntyneiden pohjoisamerikkalaisien sonnien jälkeläiset havaittiin kuitenkin pian ylivoimaisiksi maidontuotanto-ominaisuuksiltaan

verrattuna muihin paikallisiin mustavalkorotuihin (Funk 2006). Holsteinin vientiä vauhditti erityisesti Puolassa 1970-luvulla tehty tutkimus, jossa vertailtiin kymmenen eri valtion friisiläistaustaisten eläinten perinnöllistä tasoa (Zarnecki ja Stolzman 1986). Tuloksista selvisi, että pohjoisamerikkalaisten sonnien jälkeläiset olivat erityisesti tuotosominaisuuksissa huomattavasti länsieurooppalaisia parempia.

Pohjoisamerikkalaisen holsteinin tuonnin vaikutus alkoi näkyä Suomessa useita muita Euroopan maita hitaammin. Vuonna 1980 syntyneillä suomalaisilla friisiläisrodun nuorsonneilla holsteingeenejä oli vain 20,5 % (Lidauer ja Mäntysaari 1996), kun taas esimerkiksi Saksassa vastaava luku oli 72 % ja Italiassa peräti 90 % (Cunningham 1983). Vuonna 1990 holsteingeenien osuus suomalaisten friisiläissonnien geeneistä oli 56,7 % (Lidauer ja Mäntysaari 1996), vaikka tuontiholsteinannosten käyttö oli vielä vuosina 1990-91 vain noin 1,5 – 1,8 % rodun kaikista siemennyksistä (Martinoli 2007). Tämä johtui siitä, että tuontisonnien käyttö sonnininä oli suurta (Martinoli 2007). 1980-luvulla käyttölistasonneista noin puolet polveutui tuonti-ististä (Martinoli 2007).

Suurin syy pohjoisamerikkalaisen holsteinin leviämislle niin Suomeen kuin muuhunkin Eurooppaan oli useissa kokeissa todistettu korkea maitotuotos muihin friisiläissukuisiin eläimiin verrattuna (Cunningham 1983). Pohjoisamerikkalaisella holsteineilla oli myös keskimäärin parempi utarerakenne (Cunningham 1983). Tällöin vielä erittäin tuospainoisessa jalostuksessa holsteinin hyödyt ylittivät haitat, sillä esimerkiksi Oldenbroekin (1980) sekä Koenenin ym. (1994) tutkimuksista selvisi, että holsteinilla oli selkeä negatiivinen vaikutus lisääntymisominaisuuksiin. Myös Lidauerin ja Mäntysaaren (1996) suomalaisesta friisiläispopulaatiosta tekemä tutkimus vahvistaa aiemmat havainnot, vaikkakin holsteinin positiivinen vaikutus valkuaistuotukseen oli odotettua pienempi.

Holsteinin/friisiläisen siemenannosten tuonti oli Suomeen vielä 1990-luvun alkupuoliskolla melko vähäistä vuotuisen kokonaismäärän pysyessä alle 10 000 annoksessa, mutta alkoi kasvaa huomattavasti vuodesta 1996 lähtien (Martinoli 2007). Pohjoismaisen yhteistyön aloittaminen 2000-luvun alussa kasvatti erityisesti Pohjoismaista tuotujen siemenannosten määrää, kokonaistuontien ylittäessä 80 000 annosta vuonna 2004 (Martinoli 2007). Yhteispohjoismaisen kokonaisjalostusarvon tultua voimaan vuonna 2008, siementuontien määrä kasvoi entisestään: vuoden 2015 tilaston mukaan Suomeen tuotiin noin 350 000 holstein rodun siemenannosta (Nauholz 2020). Ruotsista siemenannoksia

tuotiin 1988 – 2001 välisenä aikana vuositasolla alle 10 000 kappaletta, mutta määrä on sittemmin kasvanut noin 7 000 – 50 000 annokseen vuoteen 2016 mennessä (Matinolli 2007, Nauholz 2020). Tanskasta siemenannoksia alettiin tuoda säännöllisemmin vasta vuonna 1998, määrien vaihdellessa vuositasolla 0 ja 25 000 välillä vuoteen 2005 saakka (Matinolli 2007, Nauholz 2020). Vuodesta 2006 lähtien määrät ovat kasvaneet noin 45 000 annoksesta noin 285 000 annokseen vuonna 2014 (Nauholz 2020).

Pohjoismaiden ulkopuolisten maiden holsteinin kokonaistuontimäärät ovat kasvaneet 1990-luvun puolivälistä lähtien (Matinolli 2007, Nauholz 2020). Alankomaista tuontimäärät ovat vaihdelleet vuosittain 0 – 12 000 annoksen välillä vuoden 1993 jälkeen (Matinolli 2007, Nauholz 2020). Saksasta siemenannoksia on tuotu Suomeen vuoden 2001 jälkeen vuositasolla noin 2 500 – 15 000 kappaletta (Matinolli 2007, Nauholz 2020). Yhdysvalloista annoksia on tuotu Suomeen vaihtelevasti 0 ja noin 15 000 kappaletta välillä, vuosina 2008 ja 2009 lukuun ottamatta, jolloin määrät olivat noin 27 000 ja 33 000 kappaletta (Nauholz 2020). Ranskasta tuotiin vuosittain 1996 – 2005 välisenä aikana siemenannoksia noin 3 000 – 10 000 kappaletta, jonka jälkeen tuontimäärät ovat kuitenkin laskeneet muutamisiin satoihin (Matinolli 2007, Nauholz 2020). Kanadalaista holsteinin siementä alettiin tuoda Suomeen vuonna 2000, annosmäärien vaihdellessa vuoteen 2006 mennessä noin 100 ja 9 000 välillä (Matinolli 2007, Nauholz 2020). Vuodesta 2007 lähtien annosmäärät Kanadasta ovat kasvaneet 10 000 annoksesta noin vuoden 2016 tilastoituun 50 000 annokseen, tehden Kanadasta toiseksi suurimman holsteinin siemenannosten tuontimaan Tanskan jälkeen (Matinolli 2007, Nauholz 2020). Italiasta, Australiasta, Isosta-Britanniasta, Espanjasta, Sveitsistä, Tšekistä ja Unkarista on myös tuotu pieniä määriä holsteinrodun siementä (Nauholz 2020).

Ayrshiren tuontimääriä ei tiedettävästi ole julkaistu tilastoituna ja eriteltynä maittain ennen vuotta 2003. Ruotsista tuotiin vuositasolla Nauholzin (2020) tilaston mukaan noin 6 000 – 55 000 ruotsalaisen punaisen rodun (SRB) siemenannosta vuosina 2003 – 2009. Vuosina 2010 – 2016 tuontimäärät olivat 80 000 – 188 000 siemenannoksen luokkaa (Nauholz 2020). Tanskan punakirjavan rodun (RDM) tuonnit alkoivat kunnolla vasta vuonna 2009, jonka jälkeen siemenannoksia on tuotu vuoteen 2016 mennessä noin 70 000 – 144 000 kappaletta vuotta kohden (Nauholz 2020). Kanadasta ayrshiren tuontimäärät nousivat tasaisesti 2003 vuoden noin 4 000 siemenannoksesta aina noin 31 000 siemenannokseen vuonna 2013, jonka jälkeen määrä laski noin 21 000 kappaleeseen vuoteen 2016 mennessä

(Nauholz 2020). Ayrshireä on tuotu pienemmissä määrin 1990-luvun lopun jälkeen myös Yhdysvalloista, Norjasta, Isosta-Britanniasta, Liettuasta ja Saksasta (Nauholz 2020).

2.2.3 Perinnöllinen taso

NAV:in verkkosivuilta on nähtävissä perinnöllisen edistymisen trendejä sekä sonneille, että lehmille rotu- ja maakohtaisesti (vain Suomi, Ruotsi ja Tanska) viimeisen 20 vuoden ajanjaksolta (NAV 2020b). Trendit on muodostettu laskemalla jokaisen vuosiluokan sonnien tai lehmien jalostusarvon ennusteita kuvaavien indeksien keskiarvo. Myös CDCB (Council of Dairy Cattle Breeding) esittää kansainvälisiä geneettisiä ja fenotyypisiä trendejä sivuillaan rotu- ja sukupuolikohtaisesti (CDCB 2020). NAV:in verkkosivuilta löytyy myös taulukoidusti eri maiden sonnien indeksikeskiarvoja pohjoismaisella asteikolla (NAV 2020c). Sonnikeskiarvoja tarkasteltaessa on kuitenkin huomattava, etteivät ne indikoi suoraan millaista perinnöllistä muutosta populaatiossa todella tapahtuu. Muutos on riippuvainen käytettyjen sonnien tasosta ja niiden käyttömääristä. Lasketut keskiarvot eivät myöskään kerro millainen perinnöllinen tausta eläimillä on.

Holsteinilla populaatioiden välillä on suuriakin eroja (NAV 2020c). Vuosina 2012 – 2019 syntyneistä jälkeläisarvostelun saaneista sonneista keskiarvoisesti kolmella Pohjoismaalla sekä Yhdysvalloilla oli korkein kokonaisjalostusarvo (NAV 2020c). Tuotoksessa yhdysvaltalaiset ja kanadalaiset sonnit olivat hieman kolmea Pohjoismaata parempia (NAV 2020c). Ne olivat parhaita myös utarerakenteeltaan (NAV 2020c). Yhdysvaltalaiset sonnit olivat myös kestävydessä ja poikimahelppoudessa keskiarvoisesti parhaita (NAV 2020c). Kolmen Pohjoismaan sonnit olivat parhaita hedelmällisyydessä sekä utareterveydessä (NAV 2020c).

Pohjoismaisissa punaisissa roduissa oli suuriakin eroja ennen yhteispohjoismaisen kokonaisjalostusarvon tuloa, mutta ne ovat sittemmin tasoittuneet useassa ominaisuudessa lähes samalle tasolle (NAV 2020b). Tanskalaisen ja ruotsalaisen populaation kokonaisjalostusarvo on ollut koko 2000-luvun ajan Suomea korkeampi (NAV 2020b). Ero Ruotsiin on kaventunut 2010-luvun aikana, mutta ero Tanskaan on pysynyt noin viidessä indeksipisteessä (NAV 2020b). Tanskalainen populaatio on ollut tuotosominaisuuksiltaan ja utarerakenteeltaan pohjoismaista selkeästi paras, mutta vastaavasti utareterveydessä ja muissa hoidoissa heikoin (NAV 2020b). Ruotsalainen populaatio on ollut vastaavasti

paras hedelmällisyydessä ja poikimahelppoudessa sekä myös muissa hoidoissa vuoden 2007 jälkeen (NAV 2020b). Muissa hoidoissa Suomi oli maista selkeästi paras vielä 2000-luvun alulla, mutta on sittemmin vajonnut maista heikoimmaksi (NAV 2020b). Kestävyydessä Suomi on ollut keskiarvoisesti muita maita hieman heikompi (NAV 2020b).

NAV:in (2019) julkaisemien sonnikeskiarvojen perusteella vuosina 2012 – 2019 syntyneet kanadalaiset ayrshiresonnit ovat olleet kokonaisjalostusarvo NTM:ssä huomattavasti pohjoismaalaisia heikompia. Myös niiden tuotos, kestävyys, hedelmällisyys ja utareterveys oli keskimäärin heikompi (NAV 2019). Poikimahelppoudessa sonnit ovat olleet suurin piirtein samaa luokkaa kolmen Pohjoismaan sonnien kanssa (NAV 2019). Utarerakenteessa kanadalaiset sonnit olivat vastaavasti Pohjoismaalaisia sonneja parempia (NAV 2019).

3 TUTKIMUKSEN TAVOITTEET

Tutkimuksen tavoitteena oli selvittää, miten eri maissa tehty eläinvalinta on vaikuttanut tuontieläinten kautta suomalaisten holstein- ja ayrshirepopulaatioiden ominaisuuksien perinnölliseen muutokseen viimeisten vuosikymmenten aikana. Tarkoituksena oli jakaa suomalaisten populaatioiden perinnöllisen muutoksen trendi maakohtaisiin vaikutuksiin eli kontribuutioihin.

Kirjallisuuden perusteella oletuksena oli, että holsteinin perinnöllinen muutos olisi vahvasti riippuvainen tuonnista ja tuontieläinten perinnöllisestä tasosta. Erityisesti yhdysvaltalaisella eläinaineksella oletettiin olevan suuri positiivinen vaikutus tuotokseen sekä negatiivinen vaikutus hedelmällisyys- ja terveysominaisuuksissa. Pohjoismaiden vaikutuksen hedelmällisyys- ja terveysominaisuuksiin ei oletettu olevan yhtä negatiivinen.

Ayrshirellä Suomessa tehdyn jalostuksen vaikutuksen oletettiin olevan suurin holsteinia pienempien tuontimäärien takia. 2000-luvun aikana ensin ruotsalaisen ja myöhemmin 2010-luvun vaihteessa myös tanskalaisen eläinaineksen vaikutusten oletettiin kasvavan. Tanskalaisella eläinaineksella oletettiin olleen positiivinen vaikutus erityisesti tuotoksen sekä utarerakenteen perinnölliseen

muutokseen. Ruotsalaisella eläinaineksella oletettiin vastaavasti olleen positiivinen vaikutus poikimahelpouden perinnölliseen tasoon.

4 AINEISTO JA MENETELMÄT

4.1 Aineiston kuvaus ja rajaus

Tämän tutkimuksen aineisto saatiin Faba osk:lta 13.9.2019. Aineisto oli jaettu erikseen sukutiedostoon sekä erillisiin NTM-indeksitiedostoihin roduittain ja sukupuolittain. NTM-indeksitiedostot sisälsivät kaikki pohjoismaisen jalostusarvosteluyhdistys NAV:in sonnit ja lehmät, joilla on suomalainen ID-tunnus. Indeksitiedostoissa olivat myös ominaisuuskohtaiset jalostusarvojen ennusteet (jos tiedossa) sekä tieto jalostusarvon ennusteiden ominaisuuskohtaisesta arviointimenetelmästä (NAV-jälkeläisarvostelu, Interbull-arvostelu, genomiarvostelu, polveutumisarvostelu, rodun syntymävuosi-kohtainen keskiarvo). Holsteinlehmistä aineistoa oli 1 404 066 eläimeltä, holsteinsonneilta 3 574 eläimeltä, ayrshirelehmistä 3 367 086 eläimeltä ja ayrshiresonneista 4 165 eläimeltä.

Sukutiedosto sisälsi molempien rotujen eläimet, joita oli yhteensä 6 403 737 yksilöä. Eläimistä oli tiedossa niiden ID-tunnus sekä mahdollisesti tiedossa olevien vanhempien ID-tunnukset, syntymävuosi, syntymämaa sekä sukupuoli. Kaikki aineiston eläimet olivat syntyneet aikavälillä 1945 – 2019. Yksilöt, joilta puuttui syntymävuosi, poistettiin aineistosta.

Tutkittaviksi ominaisuuksiksi päätettiin valita kokonaisjalostusarvo NTM:n lisäksi 7 itsenäistä ominaisuutta, jotka olivat tuotos, hedelmällisyys, utareterveys, kestävyys, poikimahelpous, muut hoidot ja utarerakenne. Useat ominaisuudet koostuvat pienemmistä osa-indekseistä, joilla on oma painoarvonsa ominaisuuden jalostusarvoon. Esimerkiksi tuotosindeksi koostuu maito- ja rasva- ja valkuais- tuotoksesta. Ominaisuudet pyrittiin valitsemaan huomioiden niiden merkitys, niiden väliset korrelaatiot, jalostushistoria sekä maiden väliset eroavaisuudet. Aineistosta laskettiin myös eri maista peräisin olevien geenien määrä, jotta maiden välisiä eroja ominaisuuksissa voitaisiin suhteuttaa keskenään. Analyysiin ei otettu lainkaan mukaan rodun syntymävuosikohtaiseen keskiarvoon perustuvia

jalostusarvon ennusteita, joita käytetään korvaamaan puuttuvia indeksitietoja. Ne eivät anna tutkimuksen kannalta riittävän tarkkaa kuvaa yksilön perinnöllisestä tasosta tai valinnan onnistumisesta.

Jotta kaikista ominaisuuksista olisi riittävä määrä luotettavia jalostusarvon ennusteita ja ominaisuuksien trendien vertailu keskenään onnistuisi, päätettiin tarkasteluajanjaksoksi rajata aikaväli 1986 – 2019. NAV käyttää jalostusarvojen laskennassaan Suomessa, Ruotsissa ja Tanskassa tallennettua fenotyyppidataa (NAV 2020a). Eri ominaisuuksien laskennassa tarvittavia tietoja on tallennettu ominaisuudesta ja maasta riippuen vaihteleva aika. Eläimelle, joka on syntynyt ennen tietojen tallennuksen aloittamista, on mahdollista laskea jalostusarvo sen jälkeläisten avulla. NAV:in jalostusarvojen laskennassa hyödynnetään tuotostietoja aikaisintaan vuodesta 1988, hedelmällisyydestä vuosista 1982 ja 1983, utareterveydestä vuodesta 1984, kestävyydestä ja poikimahelppoudesta vuodesta 1985 sekä muista hoidoista ja utarerakenteesta vuodesta 1990 lähtien (NAV 2020a).

Osalla maista eläinten lukumäärä jäi pieneksi, jonka vuoksi ne päätettiin yhdistää OTH-nimikkeeseen alle. Holsteinilla analyyseissä oli yli miljoonaa eläintä (taulukko 1) ja ayrshirellä vastaavasti yli 2 miljoonaa (taulukko 2). Maakohtaiset geeniosuudet laskettiin kokonaisjalostusarvo NTM:n eläimistä, koska siinä indeksin omaavien eläinten määrä oli suurin.

Taulukko 1. Analyyseissä käytettyjen holsteinrotuisten eläinten lukumäärät ominaisuuksittain ja syntymämaittain.

Syntymämaa	Ominaisuus							
	NTM	Tuotos	Hedelmällisyys	Utareterveys	Kestävyys	Poikimahelppous	Muut hoidot	Utarerakente
CAN	975	972	908	933	910	958	882	940
DEU	474	447	439	447	442	460	381	447
DNK	2 028	2 024	2 023	2 024	2 022	2 025	2 019	2 025
FIN	1 197 947	1 125 914	1 040 265	1 134 795	1 075 527	1 129 287	1 096 480	1 044 683
FRA	265	253	253	261	259	265	244	258
NLD	547	529	503	513	506	523	471	516
SWE	1 210	1 209	1 210	1 210	1 208	1 209	1 208	1 210
USA	1 776	1 761	1 677	1 723	1 703	1 748	1 659	1 701
OTH	187	169	169	173	170	181	157	170
Yhteensä	1 205 409	1 133 278	1 047 447	1 142 079	1 082 747	1 136 656	1 103 501	1 051 950

CAN = Kanada, DEU = Saksa, DNK = Tanska, FIN = Suomi, FRA = Ranska, NLD = Alankomaat, SWE = Ruotsi, USA = Yhdysvallat, OTH = Australia, Itävalta, Belgia, Bulgaria, Sveitsi, Tšekki, Espanja, Viro, Iso-Britannia, Irlanti, Italia ja Uusi-Seelanti

Taulukko 2. Analyysissä käytettyjen ayrshirerotuisten eläinten lukumäärät ominaisuuksittain ja syntymämaittain.

Syntymä- maa	Ominaisuus							
	NTM	Tuotos	Hedelmäl- lisyyys	Utareter- veys	Kestävyys	Poikima- helppous	Muut hoidot	Utarera- kenne
CAN	616	522	506	587	518	592	452	567
DNK	723	721	721	721	721	720	721	721
FIN	2 412 133	2 330 661	1 996 920	2 342 461	2 276 259	2 348 010	2 303 931	2 147 512
SWE	1 844	1 832	1 838	1 841	1 837	1 841	1 838	1 836
OTH	215	172	172	185	172	193	114	172
Yhteensä	2 415 531	2 333 908	2 000 157	2 345 795	2 279 507	2 351 356	2 307 056	2 150 808

CAN = Kanada, DNK = Tanska, FIN = Suomi, SWE = Ruotsi, OTH = Sveitsi, Iso-Britannia, Norja, Uusi-Seelanti ja Yhdysvallat

Alkuperäisaineistot luettiin ensimmäisenä sisään IBM SPSS Statistics 25 (versio 25 © Copyright IBM Corporation and its licensors 1989, 2017) -ohjelmaan, joka kykeni erottamaan tiedostojen sarakkeet oikeaoppisesti toisistaan huolimatta sarakkeen erottajan puutteesta. Kun erottajat oli lisätty sarakkeiden väliin, voitiin aineisto lukea sisään ohjelmaan RStudio (versio 1.2.1335 © 2009-2019 RStudio, Inc.), jolla perinnöllisen muutoksen analyysit kokonaisuudessaan suoritettiin. RStudio vaatii toimiakseen myös R-ohjelman perusversion (versio 3.5.3 © 2019 The R Foundation for Statistical Computing).

4.2 Menetelmät

Perinnöllisen muutoksen osittamiseen eli maakohtaisten kontribuutioiden laskemiseen käytettiin Garcia-Cortésin ym. (2008) kehittämää ja myöhemmin myös muun muassa Gorjancin ym. (2011) hyödyntämää menetelmää, joka perustuu jalostusarvojen osittamiseen polkumallisesti. Menetelmän tarkoituksena on osittaa ensin yksilön jalostusarvo polkukohtaisesti perustuen vanhempien jalostusarvoihin ja yksilön Mendelistiseen segregatiotermiin. Yksilön J jalostusarvo voidaan esittää yhtälön 2 mukaisesti

$$A_J = \frac{1}{2}A_I + \frac{1}{2}A_E + M_J, \quad (2)$$

jossa

A_J = jälkeläisen jalostusarvo

A_I = isän jalostusarvo

A_E = emän jalostusarvo

M_J = Mendelistinen segregatiotermi.

Vanhempien jalostusarvot voidaan jakaa samantapaisesti osiin isovanhemmittain ja samaa voidaan jatkaa aina peruspopulaatioon saakka. Tällöin yksilön J jalostusarvo voidaan esittää peruspopulaatioon kuuluvan esivanhemman geenivaikutuksen (perustajavaikutus) ja sen jälkeisten sukupolvien segregatiotermien summana (Woolliams 1999). Peruspopulaation eläinten jalostusarvojen oletetaan koostuvan vain segregatiovaikutuksesta, eli $A_P = M_P$. Tällöin yksilön jalostusarvo on yhtä kuin Mendelistinen segregatiotermi. Menetelmä edellyttää sitä, ettei jalostusarvoissa ole vääristymiä ympäristövaikutusten seurauksena (Gorjanc 2011).

Yksilökohtainen segregatiotermi (M_J) voidaan lukea yksilön syntymämaan aikaansaamaksi geneettiseksi muutokseksi, sillä valinta kyseisen eläimen tuomisesta populaatioon on tehty tässä maassa (Gorjanc 2011). Myös seuraavien sukupolvien aikana supistuva segregatiotermi voidaan lukea edelleen kyseisen muutoksen aikaansaaneen maan ansioksi. Yksilön segregatiotermeistä koostuva jalostusarvo voidaan tällöin laskea yhteen maittain, jolloin saamme eri maiden kontribuutioiden osuudet yksilön jalostusarvosta yhtälön 3 mukaisesti.

$$A_J = A_X + A_Y + A_Z, \quad (3)$$

jossa

A_J = yksilön jalostusarvo

A_X, A_Y ja A_Z = maiden X, Y ja Z kontribuutiot yksilön J jalostusarvoon.

Esimerkiksi yksilön J jalostusarvoksi voidaan olettaa 120. Maan X vaikutus/kontribuutio yksilön kokonaisjalostusarvoon on ollut 60 jalostusarvon indeksipistettä (segregatiotermien ja perustajavaikutuksen summa). Maa Y on kontribuoinut yksilön J jalostusarvoon 40 indeksipistettä ja maa Z 20 indeksipistettä. Peruspopulaatiolla koko geneettinen kontribuutio luokitellaan aiemmin yllä

mainitusti yksilön syntymämaalle $A_P = A_X$. Yksilökohtaisten kontribuutioiden osituksen jälkeen voidaan kaikista eläimistä laskea vuosikohtaisten kontribuutioiden keskiarvo. Vuosikohtaisten maa-kontribuutioiden summasta muodostuu aina vuosikohtainen kokonaistrendi, joka kuvastaa suomalaisen populaation keskimääräistä perinnöllistä tasoa kyseisenä vuotena.

Käytetty menetelmä edellyttää, että kaikilla analyysissä olevilla eläimillä on oma jalostusarvon ennuste. Tällöin yksilökohtainen segregatiotermi voidaan laskea sen oman jalostusarvon ja vanhempien jalostusarvojen keskiarvon erotuksena. Koska useassa ominaisuudessa tietojen tallentaminen on aloitettu vasta 1990-luvulla tai jopa sen jälkeen, on sitä vanhempien saatavilla olevien jalostusarvon ennusteiden määrä rajallinen. Sukupuutietoja on huomattavasti kattavammin saatavilla, mutta pelkkää sukutietoa ei Mendelistiseen segregatiotermiin perustuvassa laskennassa voida hyödyntää. Tämä johtuu siitä, ettei tietyistä maasta tulevien geenien osuus suoraan määrittele perinnöllisen muutoksen määrää (Gorjanc 2011).

Jalostusarvon ennusteiden kattavuuden vuoksi peruspopulaatio asetettiin vuoteen 1986 ja kaikki aiemmat suku- ja indeksitiedot poistettiin. Myös myöhemmin populaatioon tulleet eläimet käsiteltiin peruspopulaation tavoin, jos niiden vanhempien jalostusarvoja ei tiedetty. Kaikki maakohtaiset kontribuutiot ovat riippuvaisia peruspopulaation eläinten syntymämaan jakaumasta sekä niiden myöhemmästä käytöstä, kuten Gorjanc (2011) työssään havainnollistaa. Tämän tutkimuksen tapauksessa kaikki vuonna 1986 syntyneet eläimet oletettiin 100 % syntymämaansa yksilöiksi, vaikka todellisuudessa sekä holsteinia, että ayrshireä on tuotu Suomeen myös sitä ennen.

Jotta maakohtaisia kontribuutioita voitiin verrata keskenään, oli populaatiosta laskettava myös maakohtainen geenijakauma. Tämä tehtiin Gorjancin (2011) mallin mukaisesti asettamalla kaikkien yksilöiden jalostusarvoksi luku 1 ja suorittamalla analyysi muutoin samalla tavalla. Tällöin kaikki Mendelistiset segregatiotermit ovat 0 perussukupolvea lukuun ottamatta, mikä mahdollistaa geenivirran seuraamisen sukuun avulla.

Geneettisten kontribuutioiden laskemiseen käytettiin Gregor Gorjancin luomaa R-ohjelman moduulia AlphaPart (versio 0.7.0) (Gorjanc ja Obsteter 2019). Kontribuutioiden laskemiseen tarvitaan tieto laskettavasta ominaisuudesta (jalostusarvon ennuste), yksilökohtaisen ID-tunnus sekä yksilön

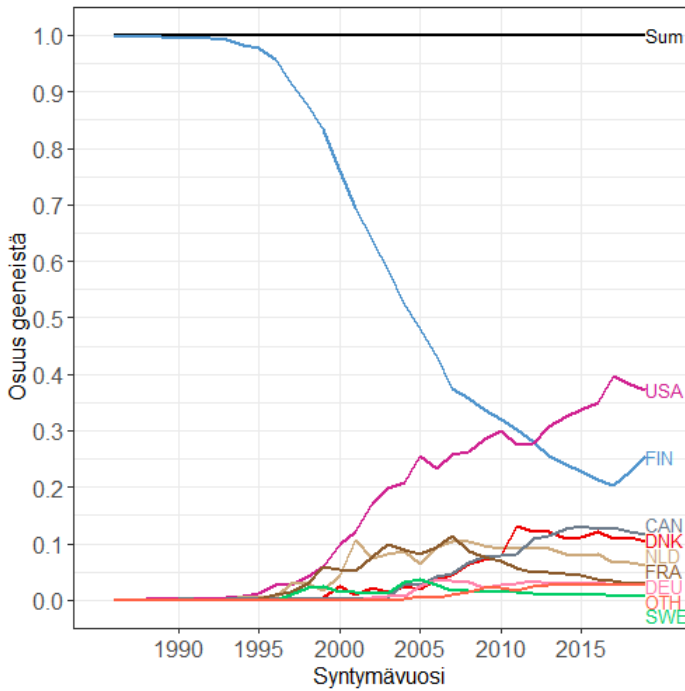
isän sekä emän ID-tunnisteet. Polkukohtaiseen laskemiseen tarvitaan myös polkuinformaatio, joka tässä tutkimuksessa oli syntymämaa. Saadut tulokset laskettiin vuosikohtaisesti syntymävuositiedon avulla, jotta perinnöllistä muutosta sekä kontribuutioiden vaihtelua voitiin havainnoida.

5 TULOKSET

Tutkimuksen tulokset on jaoteltu roduttain omiin kappaleisiinsa. Molemmille rodulle on laskettu eri maista lähtöisin olevien geenien osuus suomalaisessa populaatiossa vuodesta 1986 lähtien (kuva 1 ja kuva 10). Kaikkien kuvaajien X-akselilla on eläinten syntymävuosi. Kokonaisjalostusarvon ja eri ominaisuuksien tuloskuvaajissa Y-akselilla on jalostusarvojen vuosikeskiarvojen poikkeama vuoden 1986 tasosta perinnöllisen hajonnan yksiköissä (GSD = Genetic Standard Deviation). 10 jalostusarvon indeksipistettä vastaa yhtä standardoitua perinnöllisen hajonnan yksikköä. Suomalaisen eläinpopulaation perinnöllinen trendi on kuvaajien musta Sum-käyrä. Perinnöllisen muutoksen trendi on positiivinen käyrän ollessa kasvava ja negatiivinen käyrän ollessa laskeva. Maakohtaiset käyrät kuvaavat kyseisestä maasta tulleen eläinaineksen sen hetkistä kontribuutiota perinnölliseen trendiin. Maakohtaiseen kontribuutioon vaikuttavat kyseisen maan jalostustavoitteet ja sonnivalinta sekä Suomen tuontipäätökset. Vuosittaisiin kontribuutioihin vaikuttavat myös vanhemmiksi valittujen eläinten valintaero sekä jälkeläisten määrä.

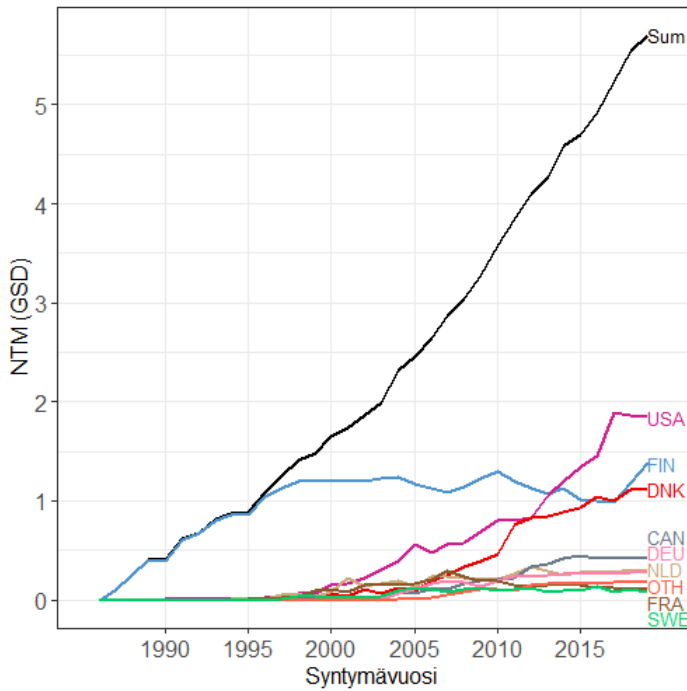
5.1 Holstein

Suomalaislähtöisten eläinten geenien osuus on pienentynyt vuosittain kuvan 1 mukaisesti. Saatu muutos on kuitenkin todellista jyrkempi, koska kaikki vuonna 1986 Suomessa syntyneet eläimet oletettiin 100 % suomalaisiksi. Viimeisen 15 vuoden aikana vuosittainen muutos on pienentynyt, mikä vastaa realistisemmin tapahtunutta kehitystä. Vuonna 2019 suomalaisten eläinten geenien osuus populaatiossa oli noin 25 %. Yhdysvaltalaisten eläinten geenien osuus oli vastaavasti noin 37 %. Seuraavana tuontimaista tulivat Kanada (11 %), Tanska (10 %) ja Alankomaat (6 %).



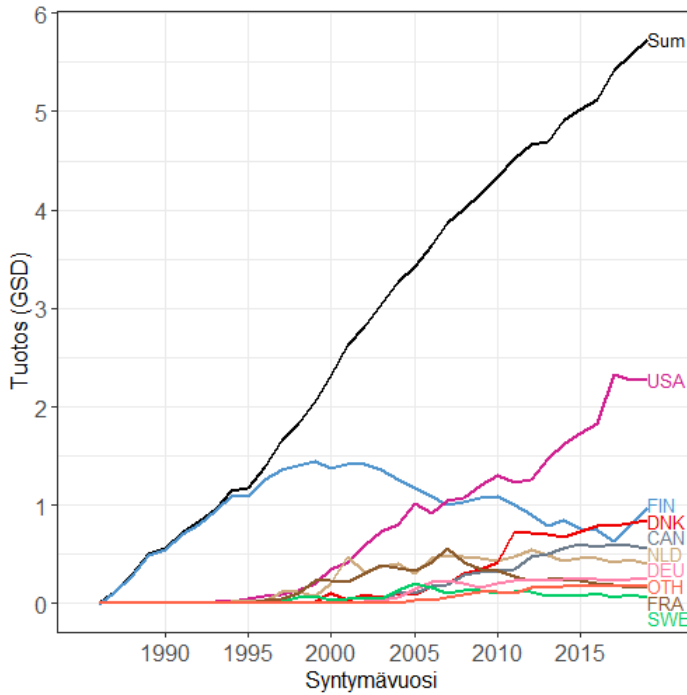
Kuva 1. Holsteingeenien jakautuminen alkuperämaittain.

Kokonaisjalostusarvossa kehitys on ollut voimakkaasti positiivinen (kuva 2) sillä vuodesta 1986 kehitystä on tapahtunut noin 5,70 perinnöllisen hajontayksikön verran. Suurin yksittäinen vaikutus on ollut yhdysvaltalaisella eläinaineksella (1,84 GSD). Suomalaisen jalostuksen huomattavin vaikutus on ollut ensimmäisen kymmenen tarkasteluvuoden aikana, jonka jälkeen huomattavaa muutosta kontribuutiosta ei ole tapahtunut. Suomen ensimmäisten vuosien kontribuution kasvua selittää peruspopulaation asettaminen vuoteen 1986. Tällöin Suomen aikaansaama muutos on Suomessa tehdyn jalostustyön sekä ennen vuotta 1986 Suomeen tuodun eläingenetiikan yhteisvaikutus. Suomalaisen eläinaineksen kontribuutio oli tarkastelujaksolla 1,38 perinnöllistä hajontayksikköä. Tanskalaisen eläinaineksen kontribuutio oli tarkastelujaksolla vastaavasti 1,12 perinnöllistä hajontayksikköä.



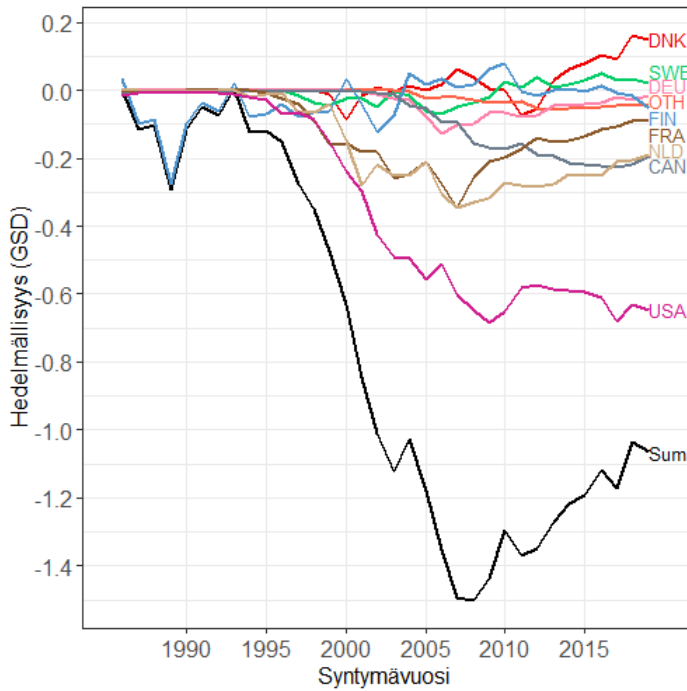
Kuva 2. Holsteinin kokonaisjalostusarvo NTM:n maakohtaiset kontribuutiot.

Holsteinilla tuotoksen perinnöllinen muutos on ollut erittäin positiivista annetulla tarkastelujaksolla (kuva 3). Kokonaisuutena on tapahtunut vuodesta 1986 yhteensä 5,73 hajontayksikön verran, johon suurin vaikutus on ollut yhdysvaltalaisella eläinaineksella (2,28 GSD). Yhdysvaltojen jälkeen merkittävimmät kontribuutiot ovat olleet suomalaisella (0,97 GSD), tanskalaisella (0,85 GSD) ja kanadalaisella (0,56 GSD) eläinaineksella.



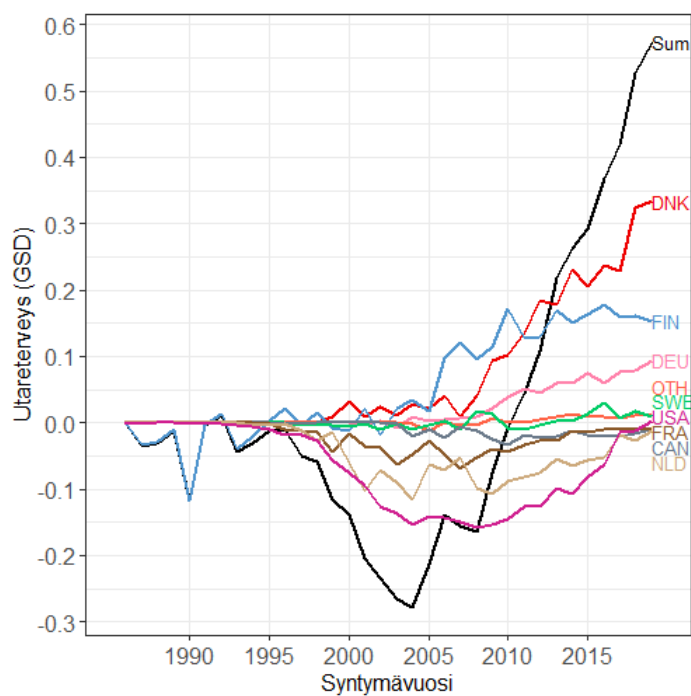
Kuva 3. Holsteinin tuotoksen maakohtaiset kontribuutiot.

Hedelmällisyyden perinnöllisen muutoksen trendi on ollut vahvasti negatiivinen vuoteen 2008 saakka, käyden jopa 1,50 perinnöllisen hajontayksikön verran negatiivisella puolella vuoden 1986 tasoon nähden (kuva 4). Vuoden 2008 jälkeen trendi on kuitenkin kääntynyt positiiviseksi perinnöllisen muutoksen ollessa koko tarkastelujaksolla -1,07 keskihajontayksikköä. Yksittäisistä maista yhdysvaltalaisella tuonnilla on ollut suurin vaikutus hedelmällisyyden negatiiviseen trendiin (-0,65 GSD). Suurin positiivinen vaikutus perinnölliseen muutokseen on ollut tanskalaisella eläinaineksella (0,15 GSD). Suomessa tehdyn jalostuksen vaikutus on ollut vähäinen sijoittuen maiden keskivaiheille (-0,05 GSD).



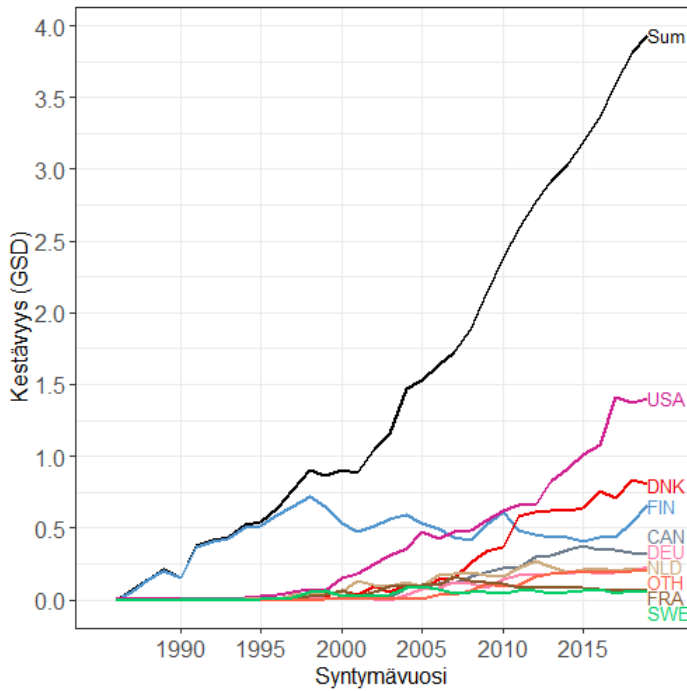
Kuva 4. Holsteinin hedelmällisyyden maakohtaiset kontribuutiot.

Utareterveydessä on kuvasta 5 havaittavissa negatiivinen trendi vuoteen 2004 saakka (-0,28 GSD), jonka jälkeen kehitys on kääntynyt selvästi positiiviseksi. Vuoteen 1986 verrattuna positiivista perinnöllistä muutosta on tapahtunut yhteensä 0,57 hajontayksikön verran. Merkittävimmät positiiviset kontribuutiot ovat olleet tanskalaisella (0,33 GSD), suomalaisella (0,15 GSD) ja saksalaisella (0,09 GSD) eläinaineksella.



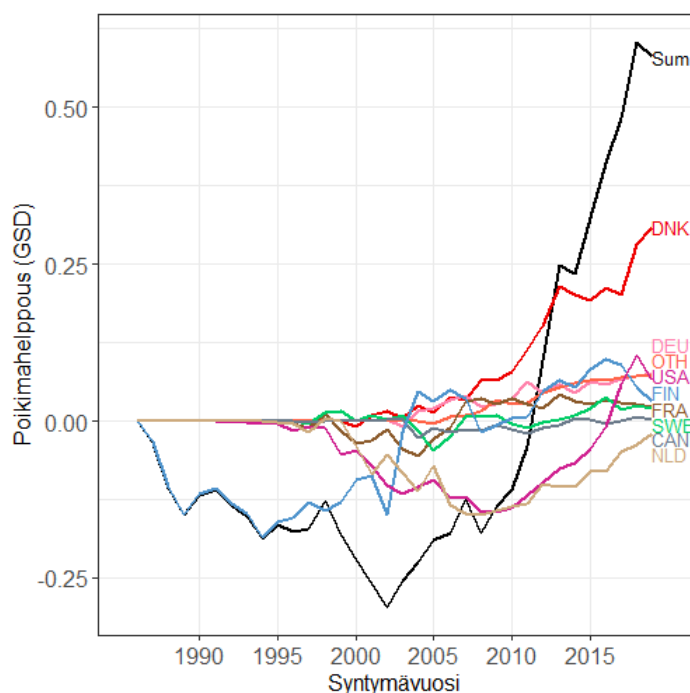
Kuva 5. Holsteinin utareterveyden maakohtaiset kontribuutiot.

Kestävyydessä perinnöllinen muutos on ollut tarkastelujaksolla suurta (kuva 6): muutosta on tapahtunut vuoden 1986 tasosta 3,93 hajontayksikön verran. Kestävyyden perinnölliseen muutokseen suurin kontribuutio on ollut yhdysvaltalaisella (1,41 GSD), tanskalaisella (0,81 GSD) ja suomalaisella (0,66 GSD) eläinaineksella.



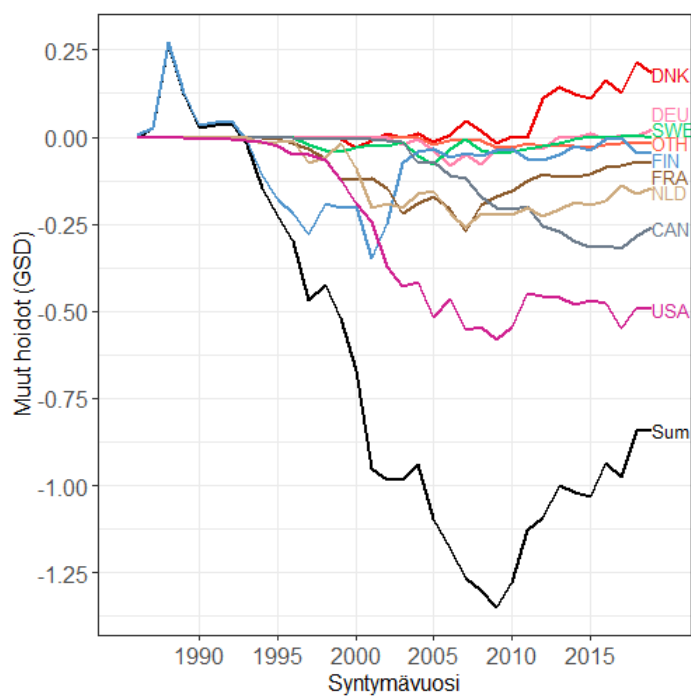
Kuva 6. Holsteinin kestävyiden maakohtaiset kontribuutiot.

Poikimahelppoudessa lievä negatiivinen trendi kääntyi selvästi positiiviseksi vuonna 2009 (kuva 7). Tarkastelujaksolla kokonaismuutos oli yhteensä 0,58 perinnöllistä hajonnan yksikköä. Merkittävin vaikutus on ollut tanskalaisella eläintuonnilla (0,31 GSD), muiden maiden osuuksien jäädessä 0,08 ja -0,02 keskihajonnan yksikön välille.



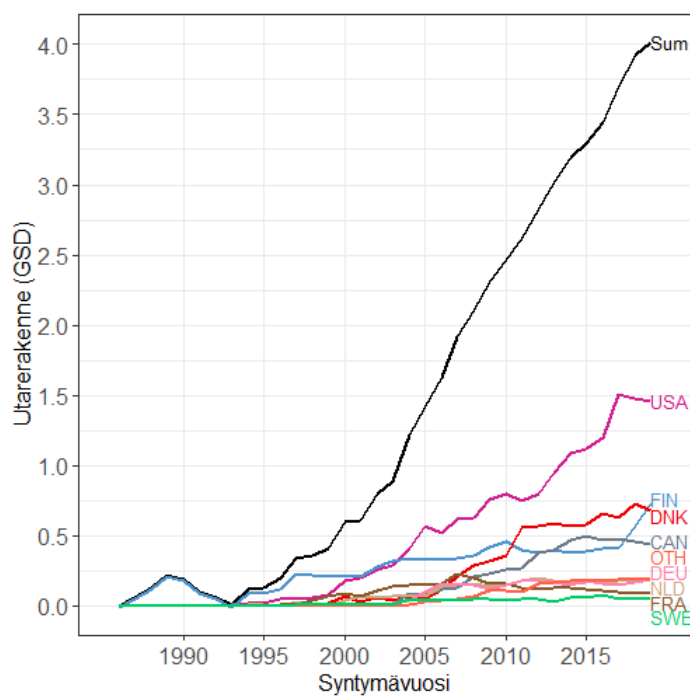
Kuva 7. Holsteinin poikimahelppouden maakohtaiset kontribuutiot.

Muissa hoidoissa perinnöllinen trendi on ollut vahvasti negatiivinen aina vuoteen 2009 saakka, jonka jälkeen kehitys on kääntynyt positiiviseksi (kuva 8). Suurimmillaan negatiivinen muutos oli -1,35 perinnöllisen hajonnan yksikköä, nousten vuoteen 2019 mennessä -0,84 hajontayksikköön. Negatiivisesti ominaisuuteen ovat kontribuoineet erityisesti yhdysvaltalainen (-0,49 GSD) sekä kanadalainen (-0,26 GSD) eläinainees. Vuonna 2019 ainoat positiiviset kontribuutiot olivat tanskalaisella (0,18 GSD) ja saksalaisella (0,02 GSD) eläinaineesella.



Kuva 8. Holsteinin muiden hoitojen maakohtaiset kontribuutiot.

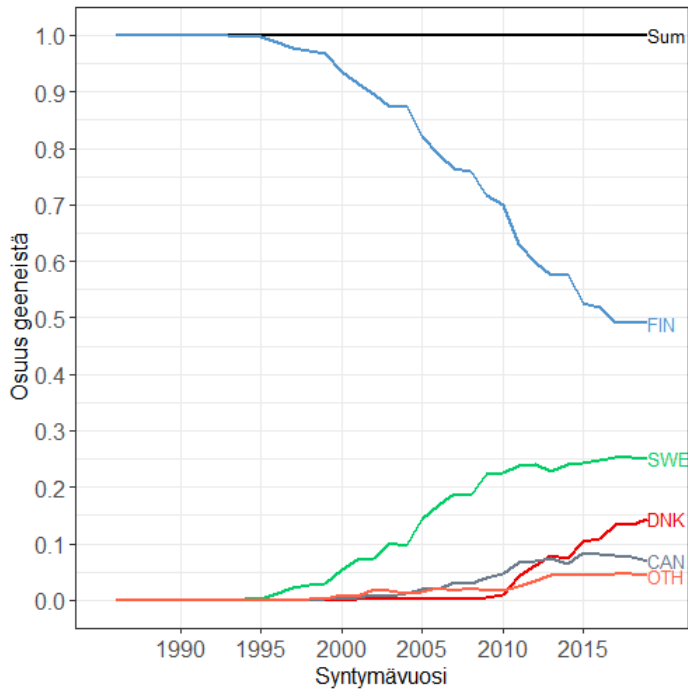
Holsteinin utarerakenteen perinnöllinen trendi on ollut voimakkaasti positiivinen (kuva 9). Kasvua on tapahtunut 4,01 perinnöllisen hajontayksikön verran. Yhdysvaltalaisen eläinaineksen vaikutus on ollut trendiin noin 1,46 perinnöllisen hajonnan yksikköä. Suomalaisen (0,73 GSD), tanskalaisen (0,68 GSD) ja kanadalaisen (0,44 GSD) eläinaineksen kontribuutiot ovat olleet myös positiivisia.



Kuva 9. Holsteinin utärerakenteen maakohtaiset kontribuutiot.

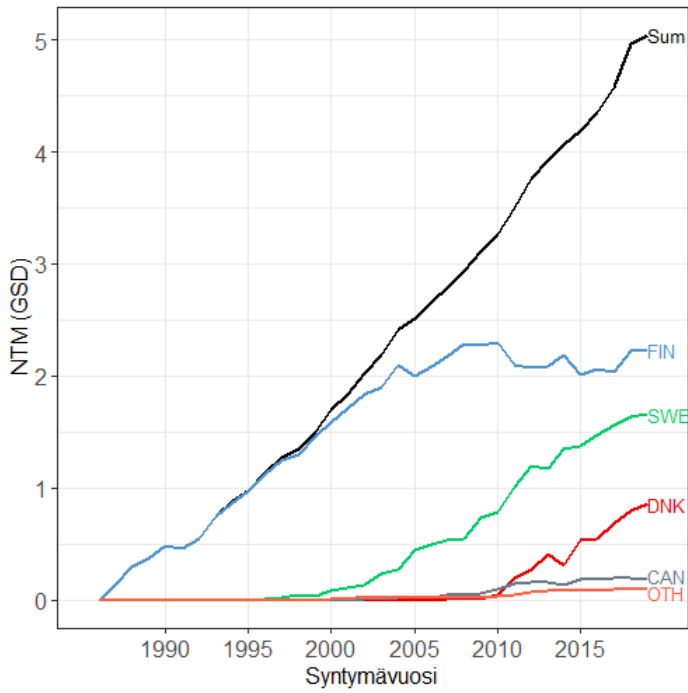
5.2 Ayrshire

Ayrshiren suomalaisten eläinten geenien osuus on laskenut vuosittain koko tarkastelujakson ajan (kuva 10). Kuten holsteinin kohdalla, myös ayrshirellä muutos on todellista jonkin verran jyrkempi johtuen peruspopulaation asettamisesta vuoteen 1986. Vuonna 2019 suomalaisten eläinten geenien osuus oli noin 49 %. Ruotsalaisten eläinten genejä oli noin 25 %, tanskalaisten 14 %, kanadalaisten 7 % ja muiden maiden 4 %.



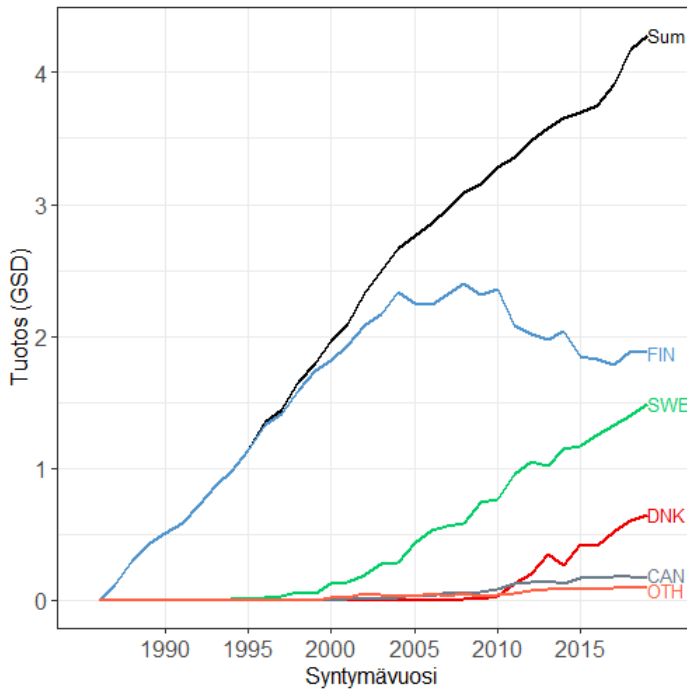
Kuva 10. Ayrshiregeenien jakautuminen alkuperämaittain.

Kokonaisjalostusarvo NTM:ssä on ollut vahva positiivinen trendi (kuva 11). Vuoteen 2019 mennessä perinnöllistä muutosta on tapahtunut noin 5,03 perinnöllisen hajontayksikön verran. Eniten trendiin ovat kontribuoineet suomalainen (2,24 GSD), ruotsalainen (1,66 GSD) ja tanskalainen (0,86 GSD) eläinainees.



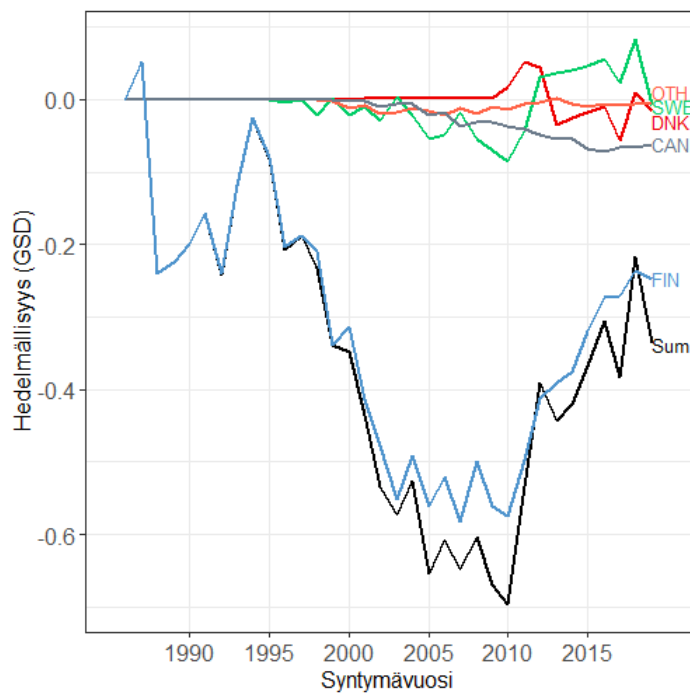
Kuva 11. Ayrshiren kokonaisjalostusarvo NTM:n maakohtaiset kontribuutiot.

Ayrshiren perinnöllinen muutos on ollut vahvasti positiivista tuotoksen suhteen annetulla ajanjaksolla (kuva 12). Kokonaisuutosta aikavälillä on tapahtunut yhteensä 4,28 perinnöllisen hajonnan yksikön verran. Suurin vaikutus on ollut suomalaisella (1,88 GSD) ja ruotsalaisella (1,49 GSD) eläinaineksellä.



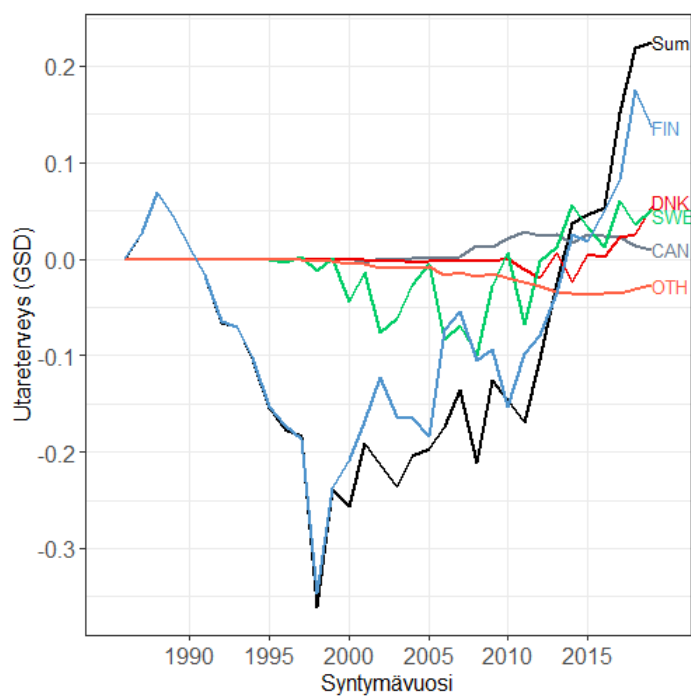
Kuva 12. Ayrshiren tuotoksen maakohtaiset kontribuutiot.

Hedelmällisyydessä perinnöllisen muutoksen trendi on ollut negatiivinen vuoteen 2010 saakka, jolloin taso oli 0,7 perinnöllisen hajonnan yksikön verran negatiivisella lähtötasoon verrattuna. Kuten kuvasta 13 selviää, tämän jälkeen trendi on ollut positiivisesti nouseva. Suurin vaikutus trendin muutokseen on ollut suomalaisen eläinaineksen paranemisella. Koko tarkastelujaksolla perinnöllinen muutos oli -0,34 hajonnan yksikköä. Suomalaisen eläinaineksen osuus negatiivisesta muutoksesta oli -0,25 hajonnan yksikköä. Seuraavaksi suurin kontribuutio oli kanadalaisella eläinaineksella (-0,06 GSD). Muiden maiden kontribuutio oli hyvin pientä.



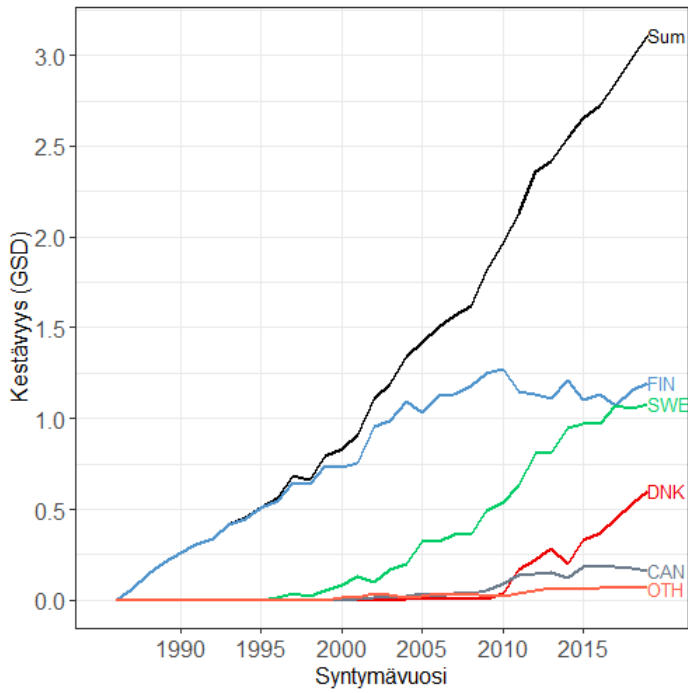
Kuva 13. Ayrshiren hedelmällisyyden maakohtaiset kontribuutiot.

Utareterveyden osalta perinnöllinen trendi on ollut laskeva aina vuoteen 1998 saakka, muutoksen käydessä 0,36 hajonnan yksikön verran negatiivisella puolella (kuva 14). Tämän jälkeen trendi on ollut positiivinen ja sidoksissa vahvasti Suomessa tehtyyn eläinvalintaan. Koko tarkastelujaksolla utareterveyden perinnöllinen muutos oli 0,22 hajonnan yksikköä. Suomen osuus oli suurin (0,14 GSD), muiden maiden kontribuutioiden vaihdella 0,06 ja -0,03 perinnöllisen hajonnan yksikön välillä.



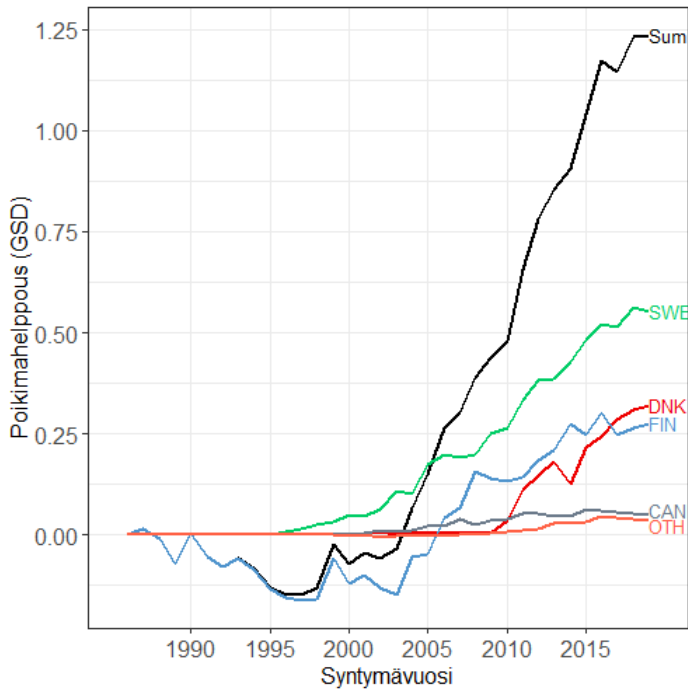
Kuva 14. Ayrshiren utareterveyden maakohtaiset kontribuutiot.

Kestävyyden perinnöllinen muutos on ollut ayrshirellä vahvasti positiivista (kuva 15). Kokonaisuutos tarkasteluvälillä oli yhteensä 3,11 perinnöllistä hajonnan yksikköä. Suurin vaikutus maakohtaisella tasolla on ollut suomalaisella (1,20 GSD) ja ruotsalaisella (1,08 GSD) eläinaineksella.



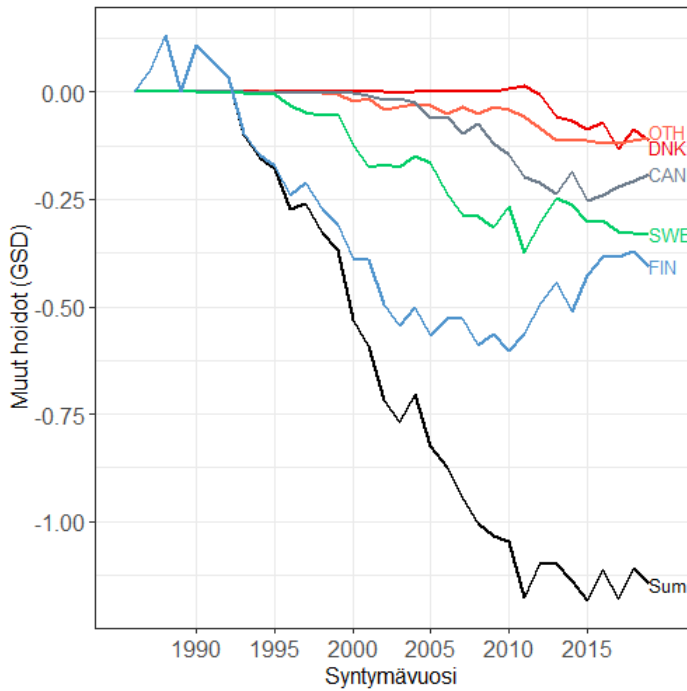
Kuva 15. Ayrshiren kestävyys maakohtaiset kontribuutiot.

Poikimahelpoudessa on nähtävissä selkeä positiivinen trendi vuodesta 2004 lähtien (kuva 16). Kokonaisuudessa tarkastelujaksolla oli 1,24 perinnöllisen hajonnan yksikköä. Merkittävin vaikutus trendiin on ollut ruotsalaisella eläinaineksella (0,53 GSD). Tanskalaisella (0,32 GSD) ja suomalaisella eläinaineksella (0,28 GSD) on ollut myös positiivinen kontribuutio.



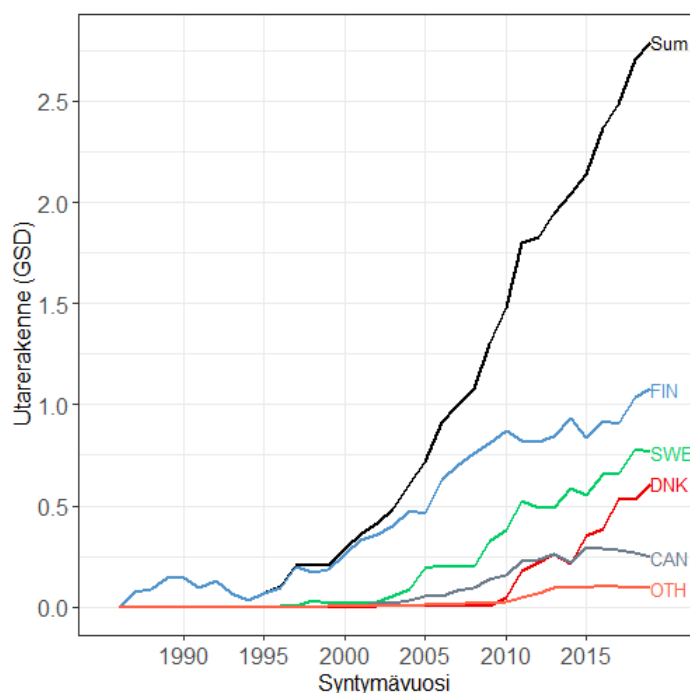
Kuva 16. Ayrshiren poikimahelpouden maakohtaiset kontribuutiot.

Ominaisuudessa muut hoidot perinnöllinen trendi on ollut negatiivinen lähes koko tarkastelujaksolla, muutoksen pysähtyttyä vuoden 2010 tienoilla (kuva 17). Kokonaismuutos vuoden 1986 tasoon nähden oli -1,14 perinnöllisen hajonnan yksikköä, johon suurimmin vaikutti Suomessa tehty eläinvalinta (-0,41 GSD). Myös muiden maiden vaikutus oli negatiivinen.



Kuva 17. Ayrshiren muiden hoitojen maakohtaiset kontribuutiot.

Utarerakenteessa on ollut kuvasta 18 päätellen vahva positiivinen trendi, kokonaismuutoksen ollessa noin 2,79 perinnöllisen hajonnan yksikköä. Suurin kontribuutio on ollut suomessa tehdyllä eläinvalinnalla (1,08 GSD). Ruotsalaisen (0,77 GSD) ja tanskalaisen (0,61 GSD) tuontiaineksen vaikutus on ollut myös positiivinen.



Kuva 18. Ayrshiren utärerakenteen maakohtaiset kontribuutiot.

6 TULOSTEN TARKASTELU

Tämän tutkimuksen tarkoituksena oli selvittää eri maista tuodun eläinaineksen kontribuutioita suomalaisten holstein- ja ayrshirepopulaatioiden perinnölliseen muutokseen. Analyysissä hyödynnettiin Gorjancin luomaa R-ohjelman moduulia (Gorjanc ja Obsteter 2019), joka pilkkoi yksilökohtaiset jalostusarvot Mendelistisiin segregaatitermeihin ja perustajavaikutuksiin. Käytetyn menetelmän rajallisuuden takia kaikki peruspopulaation yksilöt oli oletettava täysin syntymämaansa eläimiksi. Koska aineisto koostuu pääsääntöisesti suomalaisista eläimistä, näyttäytyy lähes kaikki perinnöllinen muutos ensimmäisen kymmenen vuoden aikana olevan peräisin suomalaisesta jalostuksesta. Todellisuudessa Suomen kontribuutio koostui tällöin sekä suomessa tehdystä eläinvalinnasta kuin myös ennen vuotta 1986 tuodun eläinaineksen vaikutuksesta. Peruspopulaation asettamisen vaikutuksen pienentyttyä (perustajavaikutuksen/segregaatitermin supistuessa), antavat kuvaajien viimeiset vuodet todellisemman kuvan perinnöllisen muutoksen kontribuutioista. Tuloksia kannattaakin tarkastella pääsääntöisesti viimeisen 10 – 15 vuoden ajanjaksolta.

Molempien rotujen trendikuvaajat ovat hyvin yhdenlaisia NAV:in suomalaisten lehmien trendikuvaajien kanssa (NAV 2020b). Vaikka tutkimuksessa oli mukana myös sonneja sekä ulkomaalaisia eläimiä, koostui aineisto suurimmaksi osin suomalaisista lehmistä. Trendikuvaajien yhtäläisyydestä voidaan päätellä, ettei aineiston rajaamisella ja käsittelyllä ole ollut huomattavaa negatiivista vaikutusta trendien luotettavuuteen.

6.1 Holstein

Suomalaislähtöisen eläinaineksen geenien osuus suomalaisessa holsteinpopulaatiossa oli odotetusti laskeva, vaikkakin muutos oli peruspopulaation asettamisen takia todellista jyrkempi. Tuontisonnien käyttö oli vain muutaman prosentin luokkaa vielä 1990-luvun alulla (Matinolli 2007), mutta myös suomalaiset sonnit kantoivat jo tällöin runsaasti pohjoisamerikkalaisen holsteinin geneejä (Lidauer ja Mäntysaari 1996). Tuontieläinaineksen määrät ovat kasvaneet viimeisten vuosikymmenten aikana (Matinolli 2007, Nauholz 2020), mikä on kasvattanut holsteingenien osuutta entisestään. Maakoh- taisten kontribuutioiden kehitys on riippuvainen tuotujen sonnien määrästä sekä käytöstä seuraavan sukupolven vanhempina. Yhdysvaltalaisista holsteinia ei ole tuotu Suomeen vuositasolla huomattavan suuria määriä verrattuna muihin suuriin tuontimaihin, mutta sen käyttö sonnininä on ollut suurta (Matinolli 2007). Myös muiden tuontimaiden eläimet polveutuvat pitkälti yhdysvaltalaisesta holstei- nista (Cunningham 1983), mutta peruspopulaation asettaminen vuoteen 1986 poistaa tuontieläinten- kin aiemman sukuhistorian. Kanadalaisen holsteinin geenien osuus on hieman Tanskaa suurempi huolimatta Tanskan suuremmista tuontimääristä. Vastaavasti ruotsalaisten holsteinsonnien kontri- buutio on ollut geneissä hyvin pieni huolimatta suurehkoista tuontimäärästä.

Kokonaisjalostusarvon vahvaan positiiviseen trendiin suurin kontribuutio on ollut yhdysvaltalaisella eläinaineksella. Tuotoksella on korkean taloudellisen merkittävyytensä vuoksi suurin yksittäisen omi- naisuuden painokerroin kokonaisjalostusarvoon (NAV 2020a). Saaduista tuloksista selviää, että yh- dysvaltalaisen eläinaineksen kontribuutio on ollut myös tuotoksessa selkeästi suurin: vuonna 2019 noin 40 % perinnöllisestä muutoksesta. Tämä selittää osaltaan yhdysvaltalaisen eläinaineksen suurta kontribuutiota myös kokonaisjalostusarvoon. Sekä geeniosuudessa, että tuotoksessa Yhdysvaltojen kontribuutio on selkeästi muita tuontimaita suurempi. Kokonaisjalostusarvossa ero Yhdysvaltojen ja Tanskan kontribuutioissa on kuitenkin suhteessa huomattavasti pienempi.

Yhdysvaltalaisen eläinaineksen tuomaa positiivista kontribuutiota tuotoksessa tukevat osaltaan USDA:n sekä NAV:in tilastot. USDA:n joulukuun 2019 tilaston mukaan tuotosominaisuuksiltaan 100 parhaasta kansainvälisestä holsteinsonnista 63 – 74 riippuen tuotosominaisuudesta, oli alun perin rekisteröity Yhdysvalloissa (VanRaden ja Tooker 2019). Myös NAV:in julkaisemassa maakohtaisessa indeksivertailussa vuoden 2012 jälkeen syntyneiden yhdysvaltalaisten sonnien tuotosindeksi oli keskimäärin 1,5 indeksipistettä korkeampi verrattuna Tanskan, Suomen ja Ruotsin keskiarvoon (NAV 2019). Yhdysvaltalaista eläinainesta on tuotu Suomeen erityisesti korkeatuottoisuutensa vuoksi, mikä on sittemmin realisoitunut myös suomalaisen holsteinpopulaation perinnöllisessä muutoksessa.

Hedelmällisyydessä on ollut vahva negatiivinen trendi aina vuoteen 2008 saakka, johon huomattavasti eniten on kontribuoinut yhdysvaltalainen eläinaineksen. Yhdysvaltalaisten sonnien vahvaa negatiivista vaikutusta voidaan selittää sillä, ettei maan NM\$-kokonaisjalostusarvo sisältänyt lainkaan hedelmällisyysominaisuuksia ennen vuotta 2003 (VanRaden 2004). Kanadalaisella, alankomaalaisella ja ranskalaisella tuontiaineksella on ollut myös negatiivinen vaikutus suomalaisen holsteinin hedelmällisyyteen, vaikkakin yhdysvaltalaista kontribuutiota huomattavasti pienempi. Kanadaa lukuun ottamatta kaikkien muiden maiden negatiivisten kontribuutioiden kasvu pysähtyi tai kääntyi päinvas- taiseksi viimeistään vuoden 2008 tienoilla. Kanadan myöhäistä negatiivista kontribuutiota selittää osittain se, ettei kanadalaisten sonnien siemenannoksia tuotu Suomeen kuin vasta 2000-luvun alussa (Matinolli 2007). Kanada otti hedelmällisyyden kokonaisjalostusarvoonsa myös huomattavan myöhään vuonna 2005 (CDN 2011). Suomessa ja Tanskassa hedelmällisyys on ollut osa kokonaisjalostusarvoa 1980-luvun alusta lähtien (Pedersen ja Jensen 1996) ja Ruotsissa jo vuodesta 1975 (Lindhé 2001). Erityisesti tanskalaisten tuontieläinten vaikutus on ollut positiivinen jopa koko tarkastelujaksolla.

Utareterveydessä on ollut nähtävissä negatiivinen suuntaus aina vuoteen 2004 saakka, jolloin perinnöllinen trendi on kääntynyt positiiviseksi. 1995 – 2004 välisen ajanjakson negatiiviseen perinnölliseen muutokseen ovat vaikuttaneet eniten yhdysvaltalainen ja alankomaalainen tuontieläinaineksen. Vuoteen 2019 mennessä lähes kaikki negatiivinen kontribuutio on kuitenkin hävinnyt. Positiivisin vaikutus ominaisuuteen on ollut koko tarkastelujakson aikana tanskalaisella eläinaineksella. Tanskassa utareterveys lisättiin jalostusarvosteluun vuonna 1992 (Nielsen ym. 2000). Myös suomalaisella ja saksalaisella jalostuksella on ollut positiivinen kontribuutio ominaisuuteen. Saksasta peräisin

olevien geenien osuus oli hyvin pieni, mihin suhteutettuna sen vaikutus utareterveyteen on ollut huomattava. Saksa lisäsi utareterveyden osaksi kokonaisjalostusarvoaan vuonna 1997 (Täubert ym. 2013). Tuontimaista kuitenkin vain Tanskalla ja Yhdysvalloilla utareterveysominaisuuksia sisältyi kokonaisjalostusarvoon vuonna 1994 (Leitch 1994).

Kestävyyden perinnöllinen muutos on ollut vahvasti positiivista koko tarkastelujaksolla. Suurin positiivinen kontribuutio on ollut yhdysvaltalaisella tuonnilla; maan NM\$-indeksi sisälsi kestävyyden korkealla painoarvolla jo vuonna 1994 (Leitch 1994). Kestävyys oli omana indeksinään osana kansallista kokonaisjalostusarvoa kaikissa tutkimuksen maissa vuoteen 2004 mennessä (VanRaden 2004, Toivakka ym. 2005). NAV:in maakohtaisessa indeksivertailussa yhdysvaltalaisien vuosina 2012 – 2019 syntyneiden jälkeläisarvosteltujen sonnien kestävyys oli keskimäärin 1,6 indeksipistettä kolmen Pohjoismaan keskiarvoa parempi (NAV 2019).

Poikimahelppoudessa perinnöllisen muutoksen trendi oli kokonaisuudessaan negatiivinen vuoteen 2002 saakka, jonka jälkeen se kääntyi positiiviseksi, suuntauksen vahvistuessa entisestään vuoden 2009 jälkeen. Yhdysvaltalaisen ja alankomaalaisen eläinaineksen vaikutus jatkui kuitenkin negatiivisena aina vuoteen 2009 asti. Vielä 1990-luvulla useassa tutkimuksessa pohjoisamerikkalaisen holsteinin todettiin aiheuttavan lisääntyneitä poikimavaikeuksia (McGuirk 1995, Pedersen ym. 1995). Sitten yhdysvaltalaisien eläinten perinnöllinen taso on parantunut: joulukuun 2019 vertailussa yhdysvaltalaisen sonnien poikimahelppousindeksi oli keskimäärin 3 indeksipistettä kolmen Pohjoismaan keskiarvon yläpuolella (NAV 2019). Eläinaineksen perinnöllisen tason parantuminen onkin poistanut Yhdysvaltojen aiemman negatiivisen kontribuution ominaisuudessa. Vuonna 2004 poikimahelppous oli osana kansallista kokonaisjalostusarvoa Tanskassa, Alankomaissa, Yhdysvalloissa ja Ruotsissa (VanRaden 2004). Tanska erottuu muista maista selkeästi positiivisimmalla kontribuutiolla, mikä selittyy osaltaan pitkäaikaisella poikimaominaisuuksien jalostuksella jo 1980-luvun alulta lähtien (Pedersen ym. 1995). Leitchin (1994) kokoamassa maakohtaisten kokonaisjalostusarvojen vertailussa ainoastaan Tanskalla poikimahelppous oli osana valintaindeksiä vuonna 1994.

Muut hoidot-indeksin suuntaus oli vahvasti negatiivinen vuoteen 2009 saakka, jolloin trendi kääntyi positiiviseksi. Suurin vaikutus negatiiviseen trendiin on ollut yhdysvaltalaisella, kanadalaisella, alankomaalaisella ja ranskalaisella eläinaineksella. Tanskalla on ainoana maana ollut selvästi positiivinen

kontribuutio. VanRadenin (2004) kokoaman maakohtaisten valintaindeksien vertailussa vain Tanskalla ja Ruotsilla muut terveystongelmat sisältyivät kokonaisjalostusarvoon vuonna 2004.

Holsteinin utarerakenteessa on ollut nähtävissä vahva positiivinen trendi, mikä näkyy myös NAV:in trendikuvaajassa (NAV 2020b). Yhdysvaltalaisella eläinaineksella on ollut suurin kontribuutio ominaisuuden positiiviseen muutokseen, mikä selittyy eläinaineksen suurella käytöllä sekä sonnien korkealla utarerakenneindeksillä. Vuoden 2013 jälkeen syntyneiden yhdysvaltalaisien sonnien keskimääräinen utarerakenneindeksi oli 7 indeksipistettä kolmen Pohjoismaan keskiarvon yläpuolella (NAV 2019). Kanadalaisten sonnien keskiarvo oli myös 8,7 indeksipistettä korkeampi (NAV 2019), mutta tanskalaisten sonnien kontribuutio on pysynyt tästä huolimatta suurempana.

6.2 Ayrshire

Ayrshiren perinnöllinen muutos on ollut holsteinia vähemmän tuonnista riippuvaa, mikä näkyy suomalaisen eläinaineksen suurempana geeniosuutena. Punaisten rotujen tuontimäärät ovat kuitenkin nousseet yhteispohjoismaisen jalostusyhteistyön alettua 2000-luvulla. Tämä näkyy erityisesti ruotsalaisten ja tanskalaisten eläinten geenien yleistymisenä. Pisin yhteistyö tuonneissa Suomella on ollut Ruotsin kanssa, minkä vuoksi ruotsalaisen rodun geenien osuus on tuontiroduista korkein. Tanskalaista punakirjavaa rotua alettiin tuoda vasta myöhemmässä vaiheessa yhteispohjoismaisen kokonaisjalostusarvon tultua voimaan, jonka jälkeen tanskalaisten eläinten geenien osuus on kasvanut nopeasti.

Kokonaisjalostusarvo NTM:ssä positiivinen trendi on ollut odotetusti suurta (NAV 2020b). Sama trendi on nähtävissä myös korkean painoarvon omaavassa tuotoksessa. Geeniosuuteen suhteutettuna ruotsalainen ja tanskalainen tuontieläinainekset ovat olleet kokonaisjalostusarvon ja tuotoksen suhteen hieman suomalaista parempia. Ruotsalaisen sekä erityisesti tanskalaisen punaisen rodun lehmäpopulaation taso on ollut kokonaisjalostusarvossa jonkin verran suomalaista parempi (NAV 2020b). Tuotoksessa tanskalaisen populaation taso on ollut vastaavasti suomalaista ja ruotsalaista parempi (NAV 2020b). Suomessa maitotuotoksella on ollut positiivinen taloudellinen painokerroin ennen yhteispohjoismaista kokonaisjalostusarvoa, kun taas vastaavasti Ruotsissa ja Tanskassa tuotoksen jalostus on painottunut enemmän maidon kuiva-ainekiloihin (Pedersen ym. 2008). Yhteispohjoismaisessa

kokonaisjalostusarvossa maitotuotoksella on negatiivinen painokerroin vastoin Suomen aiempia jalostustavoitteita (Viking Genetics 2020), jonka vuoksi suomalaisen populaation perinnöllinen taso on tuotoksessa muita Pohjoismaita heikompi.

Hedelmällisyydessä perinnöllisen muutoksen trendi oli negatiivinen vuoteen 2010 saakka johtuen vahvasti Suomessa tehdystä valinnasta. Vuodesta 2011 lähtien trendi on ollut vastaavasti positiivinen ja sidoksissa Suomen negatiivisen kontribuution pienenemiseen. Muiden maiden kontribuutio ominaisuuden kokonaistrendiin on ollut vähäinen huolimatta niiden kasvavasta geeniosuudesta. Ruotsalaisen punaisen lehmäpopulaation perinnöllinen taso on ollut ominaisuudessa korkein (NAV 2020b), mutta se ei näy juurikaan maan kontribuutiossa. Perinnöllisen trendin kääntyminen positiiviseksi voi olla osaltaan tulosta genomivalinnasta. Esimerkiksi García-Ruiz ym. 2016 totesivat tutkimuksessaan genomivalinnan parantavan matalan periytymisasteen ominaisuuksien perinnöllistä muutosta. Vastaavaa muutosta ei ole kuitenkaan havaittavissa tuontieläinten kontribuutioissa.

Utareterveydessä ei tapahtunut suurta muutosta ennen vuotta 2012, ominaisuuden pysyessä lievästi negatiivisella vuoden 1986 tasoon nähden. Vuonna 2012 trendi kääntyi voimakkaaseen nousuun, selittyen suurimmaksi osin Suomessa tehdyllä eläinvalinnalla. Muiden maiden kontribuutio ominaisuuteen on ollut vähäinen. Perinnölliseltä tasoltaan suomalainen lehmäpopulaatio on ollut samaa tasoa ruotsalaisen kanssa, mikä ei kuitenkaan näy juuri Ruotsin kontribuutiossa. Positiivista trendimuutosta 2010-luvun alulla selittänee osaltaan myös utareterveydessä genomivalinta. Utareterveyden on todettu korreloivan myös positiivisesti hedelmällisyyden kanssa (muun muassa Pritchard ym. 2012).

Kestävyydessä perinnöllinen muutos on ollut selvästi positiivista koko tarkastelujaksolla. Suomalaisen eläinaineksen kontribuutiossa ei ole tapahtunut merkittävää muutosta viimeisen kymmenten vuoden aikana. Sen sijaan ruotsalaisen ja tanskalaisen eläinaineksen kontribuutiot ovat kasvaneet tuontimäärienkin kasvaessa. Niiden suhteellinen kontribuutio on ollut jonkin verran Suomea suurempi. NAV:in trendikuvaajien perusteella suomalaisen ayrshirepopulaation kestävyys on ollut keskiarvoisesti hieman ruotsalaista ja tanskalaista heikompi (NAV 2020b).

Poikimahelppoudessa ei tapahtunut kokonaistasolla suurta muutosta ennen vuotta 2004, trendin kääntymässä vahvasti positiiviseksi. Suurin positiivinen kontribuutio perinnölliseen muutokseen on ollut

ruotsalaisella eläinaineksella. Ruotsissa poikimahelpouden perinnöllinen taso on ollut koko 2000-luvun ajan Suomea parempi. Vuonna 2003 maiden lehmien jalostusarvojen keskiarvon ero oli 9 indeksipistettä Ruotsin hyväksi (NAV 2020b). Myös Tanskan taso on ollut Suomea korkeampi, vaikkakin kaikkien kolmen maan välinen ero on kaventunut huomattavasti yhteispohjoismaisen jalostusohjelman alettua (NAV 2020b).

Muissa hoidoissa perinnöllinen kokonaistrendi oli negatiivinen vuoteen 2011 asti, jonka jälkeen muutosta ei ole tapahtunut. Sama trendi on havaittavissa myös NAV:in trendikuvaajassa (NAV 2020b). Syy negatiivisen trendin pysähtymiselle on suomalaisen jalostuksen negatiivisen kontribuution pieneminen, mikä voi olla osittain seurausta genomivalinnasta. Toisaalta genominen valinta on ollut käytössä myös muissa maissa, mutta yhtä suurta vaikutusta ei ole havaittavissa: Ruotsin, Tanskan, Kanadan ja muiden maiden negatiiviset kontribuutiot ovat säilyneet samalla tasolla tai jopa kasvaneet 2010-luvun aikana. Tuontimaiden negatiivisia kontribuutioita voivatkin selittää paremmin Suomen tuontipäätökset.

Utarerakenteessa on ollut vahva positiivinen trendi, mihin suurin kontribuutio on ollut suomalaisella eläinaineksella. Suhteellisesti geeniosuuksiin verrattuna tanskalaisella eläinaineksella on ollut suurempi kontribuutio ominaisuuden kehitykseen verrattuna suomalaiseen ja ruotsalaiseen eläinainekseen. NAV:in (2020b) lehmätrendikuvaajista huomaa, että tanskalaisen populaation utarerakenne on ollut maista selkeästi paras. Myös kanadalaisella eläinaineksella on ollut selkeä positiivinen kontribuutio, mikä selittyy maan korkealla perinnöllisellä tasolla ominaisuudessa (NAV 2019).

7 JOHTOPÄÄTÖKSET

Holsteinrodun kohdalla perinnöllinen muutos on ollut viimeisten vuosikymmenten aikana vahvasti riippuvainen tuonnista ja tuontieläinten perinnöllisestä tasosta. Merkittävin tuontimaa on ollut Yhdysvallat, jonka osuus suomalaisen holsteinpopulaation geneeistä on kasvanut viimeisiin vuosiin saakka. Yhdysvaltalaisella eläinaineksella on ollut suuri positiivinen kontribuutio erityisesti tuotoksen perinnölliseen muutokseen, mutta myös kestävyYTEEN ja utarerakenteeseen. Vastaavasti se on vaikuttanut negatiivisesti erityisesti hedelmällisyyteen ja muihin hoitoihin. Utareterveydessä sekä poikimahelpoudessa yhdysvaltalaisten tuontieläinten perinnöllinen taso on parantunut viimeisen 15

vuoden aikana, mikä poissulkenut maan aiemman negatiivisen kontribuution mainituissa ominaisuuksissa.

Yhdysvaltojen lisäksi tuloksista erottuu erityisesti Tanska. Tanskalaisella eläinaineksella on ollut suurin positiivinen kontribuutio kaikissa hedelmällisyys- ja terveystoimainaisuuksissa kestävyttä lukuun ottamatta sekä lopuissakin ominaisuuksissa tuontipopulaatioista toiseksi korkein heti Yhdysvaltojen jälkeen. Kun verrataan maakohtaisia geeniosuuksia pohjoismaisen kokonaisjalostusarvo NTM:n kasvuun, on tanskalainen eläinaineksella ollut yhdysvaltalaisesta huomattavasti tehokkaampi.

Yhdysvaltojen ja Tanskan ohella muilla tuontimailla ei ole ollut yhtä suurta kontribuutiota suomalaisen holsteinpopulaatioon. Kanadalaisen holsteinin osuus geneistä oli Tanskaakin suurempi, mutta sen kontribuutio kokonaisjalostusarvoon on ollut alle puolet Tanskaan verrattuna. Kanadalainen tuontieläinaineksella on kontribuoinut negatiivisesti hedelmällisyydessä ja muissa hoidoissa eikä sen tuoma positiivinen kontribuutio muissa ominaisuuksissa ole yltänyt Tanskan tasolle. Alankomaiden ja Ranskan osuus geneistä on laskenut jo yli kymmenen vuoden ajan eikä mailla ole ollut enää yhtä suurta kontribuutiota ominaisuuksien kehitykseen. Alankomaalainen eläinaineksella kontribuoi positiivisesti tuotoksen ja kestävyuden perinnölliseen tasoon, mutta vastaavasti negatiivisesti hedelmällisyyteen ja muihin hoitoihin. Saksalainen eläinaineksella on pieneen geeniosuuteensa verrattuna kontribuoinut muita pienempiä tuontimaita positiivisemmin. Ruotsalaisella eläinaineksella ei ole suhteellisen suurista tuontimääristä lukuun ottamatta ollut juuri minkäänlaista vaikutusta.

Suomalaisella jalostuksella on ollut positiivinen kontribuutio holsteinin kokonaisjalostusarvoon pienevästä geeniosuudesta huolimatta. Suomen kontribuutio on säilynyt positiivisena myös tuotoksessa ja kestävyudessa, vaikkakin vaikutus on ollut keskiarvoisesti hieman laskeva. Utareterveydessä ja -rakenteessa positiivinen kontribuutio on vastaavasti jopa kasvanut.

Ayrshirellä ruotsalaisen ja tanskalaisen eläinaineksen osuus on kasvanut yhteispohjoismaisen jalostusyhteistyön alettua. Ruotsalainen tuontieläinaineksella on ollut erityisen hyvä parantamaan suomalaisen populaation tuotosta, kestävyttä, poikimahelpoutta ja utarerakennetta. Tanskalainen eläinaineksella on kontribuoinut vastaavasti suuresti tuotoksen, kestävyuden ja utarerakenteen perinnölliseen tasoon.

Kanadalaisen ayrshiren kontribuutio suomalaisen populaation tasoon on ollut vähäinen, joskin huomattavin muiden hoitojen negatiivisessa sekä utarerakenteen positiivisessa kontribuutiossa.

Ayrshirellä Suomessa tehty jalostus on kontribuoinut erityisesti hedelmällisyyden, utareterveyden ja muiden hoitojen perinnölliseen tasoon. Negatiivisten perinnöllisten trendien pysähtyminen ja kääntyminen positiiviseksi hedelmällisyydessä ja utareterveydessä ovat olleet pääsääntöisesti Suomessa tehdyn jalostuksen ansiota. Tästä huolimatta kontribuutio myös muissa ominaisuuksissa on säilynyt positiivisena. Geeniosuuteensa suhteutettuna ruotsalainen ja tanskalainen tuontieläinainekset ovat nostaneet kokonaisjalostusarvoa hieman suomalaista eläinainesta tehokkaammin. Tämä voinee johtua osaltaan erityisesti tuotoksen suuresta painoarvosta kokonaisjalostusarvoon: Suomen kontribuutio tuotoksessa oli suhteellisesti Ruotsia ja Tanskaa pienempi.

Molempien rotujen perinnöllinen muutos on ollut 2010-luvulla ayrshiren muita hoitoja lukuun ottamatta positiivista, mikä kuvastaa hyvin jalostuksen monipuolistumista ja eri ominaisuuksien merkityksen ymmärryksen lisääntymistä. Holsteinilla useiden tuontimaiden negatiivisten kontribuutioiden kasvu on pysähtynyt tai kääntynyt jopa päinvastaiseksi. Erityisesti yhdysvaltalainen tuontieläinainekset on parantunut tasapainoisemman jalostuksen sekä tehokkaamman tuonnin seurauksena. Geeniosuuteensa suhteutettuna tanskalainen eläinainekset on kuitenkin kontribuoinut suomalaisen holsteinin perinnölliseen muutokseen positiivisesti tehokkaammin kaikissa ominaisuuksissa. Yhteispohjoismaisen jalostusyhteistyön aloittamisella ja Tanskan tuontien kasvulla onkin ollut selkeä positiivinen vaikutus erityisesti suomalaisen holsteinpopulaation kehitykseen. Vaikutus on ollut positiivinen myös ayrshirellä, vaikkakin Suomen kontribuutio on säilynyt yhä suurimpana useimmissa ominaisuuksissa. Ruotsalaisen ja tanskalaisen eläinaineksen vaikutus useiden ominaisuuksien perinnölliseen muutokseen on ollut huomattava viimeisen kymmenen vuoden aikana.

8 KIITOKSET

Haluan kiittää työni aiheesta ja koko prosessin ammattitaitoisesta ohjauksesta tutkielmani ohjaajaa, kotieläinten jalostustieteen dosentti Jarmo Jugaa. Suuri kiitos myös Faba osk:n tutkimusagronomi Jukka Pösölle tutkimukseen saadusta aineistosta. Haluan kiittää lisäksi myös opiskelutovereitani vertaistuesta sekä läheisiäni kaikesta jaksamisesta opiskelujeni aikana.

LÄHTEET

- Aro, J., Hilpelä-Lallukka, R., Niemi, A-M., Toivonen, M. & Vahlsten T. 2012. Mittaa ja valitse: Lypsykarjanjalostuksella tuloksiin. Helsinki: Opetushallitus. 166 s.
- CDCB 2020. Genetic and phenotypic trend. <https://queries.uscdeb.com/eval/summary/trend.cfm>. Council on Dairy Cattle Breeding. Viitattu 9.3.2020.
- CDN 2011. Genetic gains achieved. <https://www.cdn.ca/document.php?id=238>. Canadian Dairy Network. Julkaistu 2011. Viitattu 20.3.2020.
- Cunningham, E.P. 1983. Structure of dairy cattle breeding in Western Europe and comparisons with North America. *Journal of Dairy Science* 66: 1579-1587.
- Funk, D.A. 2006. Major advances in globalization and consolidation of the artificial insemination industry. *Journal of Dairy Science* 89: 1362-1368.
- Garcia-Cortes, L.A., Martinez-Avila, J.C. & Toro, M.A. 2008. Partition of genetic trend to validate multiple selection decisions. *Animal* 2: 821-824.
- García-Ruiz, A., Cole, J.B., VanRaden, P.M., Wiggans, G.R., Ruiz-López, F.J. & Van Tassell, C.P. 2016. Changes in genetic selection differentials and generation intervals in US Holstein dairy cattle as a result of genomic selection. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 113: E3995-E4004.
- Goddard, M. 1985. A method of comparing sires evaluated in different countries. *Livestock Production Science* 12: 321-331.
- Gorjanc, G. & Obsteter, J. 2019. Partition/decomposition of additive genetic values by paths of information. <https://CRAN.R-project.org/package=AlphaPart>. Viitattu 7.4.2020.
- Gorjanc, G., Potočnik, K., García-Cortés, L.A., Jakobsen, J. & Dürr, J. 2011. Partitioning of international genetic trends by origin in Brown Swiss bulls. *Interbull Bulletin* 44: 81-86.
- Haile-Mariam, M., Bowman, P.J. & Goddard, M.E. 2003. Genetic and environmental relationship among calving interval, survival, persistency of milk yield and somatic cell count in dairy cattle. *Livestock Production Science* 80: 189-200.

- Heringstad, B., Chang, Y.M., Gianola, D. & Klemetsdal, G. 2003. Genetic analysis of longitudinal trajectory of clinical mastitis in first-lactation Norwegian cattle. *Journal of Dairy Science* 86: 2676-2683.
- Holstein International 2019. Worldwide breeding index 2019: Focus on fat, new traits and additional indexes. <https://www.holsteininternational.com/clients/articles/3025>. Holstein International. Julkaistu 2019. Viitattu 17.3.2020.
- Interbull 2019. Interbull centre activity report: February 2018 – May 2019. https://interbull.org/static/web/ITBC_Activity_Report_2018-2019.pdf. International Bull Evaluation Service. Julkaistu 2019. Viitattu 24.3.2020.
- Juga, J., Mäntysaari, E.A. & Pösö, J. 1999. Economic response to total merit selection in Finnish Ayrshire breeding. *Interbull Bulletin* 23: 79-87.
- Koenen, E., Berglund, B., Philipsson, J. & Groen, A. 1994. Genetic parameters of fertility disorders and mastitis in the Swedish Friesian breed. *Acta Agriculturae Scandinavica A – Animal Sciences* 44: 202-207.
- Leitch, H.W. 1994. Comparison of international selection indices for dairy cattle breeding. *Interbull Bulletin* 10.
- Lidauer, M. & Mäntysaari, E. 1996. Genetic constitution of the Finnish black and white cattle population and the influence of holsteinization on protein yield, days open and somatic cell count. *Acta Agriculturae Scandinavica A – Animal Sciences* 46: 193-200.
- Lindhé, B. 2001. Genetic evaluations for fertility – Experience from Scandinavia. *Teoksessa: Recording and evaluation of fertility traits in UK dairy cattle (Proceedings of a workshop held in Edinburgh 19th and 20th November 2001)*. s. 54-56.
- Maijala, K. 1998. Jalostustyöllä tulosta: 100 vuotta naudan- ja sianjalostusta. Helsinki: Suomen Kotieläinjalostusosuuskunta. 74 s.
- Matinolli, M. 2007. 30 vuotta suomalaista holsteinjalostusta. http://www.holstein-finland.com/index2.php?sivu=yhdistys-holsteinin_historiaa&kieli=fi. Suomen Holstein Klubi. Viitattu 18.3.2020.
- McGuirk, B.J., Going, I. & Gilmour, A.R. 1995. The evaluation of Holstein Friesian sires for calving ease in the UK. *Interbull Bulletin* 11.

- Miglior, F., Muir, B.L. & Van Doormal, B.J. 2005. Selection indices in Holstein cattle of various countries. *Journal of Dairy Science* 88: 1255-1263.
- Moore, S.G. & Hasler, J.F. 2017. A 100-Year Review: Reproductive technologies in dairy science. *Journal of Dairy Science* 100: 10314-10331.
- Nauholz, H. 2020. ETT:n tilastot: Naudan sperman tuonti Suomeen 1995 – 2016. Sähköpostikeskustelu 3.2.2020.
- NAV 2019. Interbull-jalostusarvot – Vertaile sonneja kaikkialta maailmasta. Joulukuu 2019. <https://www.nordicebv.info/fi/interbull/>. Nordic Cattle Genetic Evaluation. Viitattu 20.3.2020.
- NAV 2020a. NAV routine genetic evaluation of Dairy Cattle – data and genetic models. January 2020. https://www.nordicebv.info/wp-content/uploads/2020/01/NAV-routine-genetic-evaluation_including-saved-feed-26122019.pdf. Nordic Cattle Genetic Evaluation. Viitattu 8.4.2020.
- NAV 2020b. Perinnöllinen edistyminen. <https://www.nordicebv.info/fi/ntm-and-breeding-values/genetic-trends/>. Nordic Cattle Genetic Evaluation. Viitattu 9.3.2020.
- NAV 2020c. Interbull-jalostusarvot – Vertaile sonneja kaikkialta maailmasta. Huhtikuu 2020. <https://www.nordicebv.info/fi/interbull/>. Nordic Cattle Genetic Evaluation. Viitattu 9.4.2020.
- Nielsen, U.S., Aamand, G.P. & Mark, T. 2000. National genetic evaluation of udder health and other health traits in Denmark. *Interbull Bulletin* 25.
- Oldenbroek, J.K. 1980. Breed and crossbreeding effects in a crossing experiment between Dutch Friesian and Holstein Friesian cattle. *Livestock Production Science* 7: 235-241.
- Pedersen, J., Jensen, J. & Madsen, P. 1995. Evaluation of calving performance of Danish dairy sires. *Interbull Bulletin* 11.
- Pedersen, J. & Jensen, J. 1996. Evaluation of female fertility of Danish dairy sires. *Interbull Bulletin* 12: 72-77.
- Pedersen, J., Sørensen, M.K., Toivonen, M., Eriksson, J-Å. & Aamand, G.P. 2008. Report on economic basis for a Nordic Total Merit index. <http://www.nordicebv.info/wp-content/uploads/2015/05/Report-on-Economic-Basis-for-a-Nordic-Total-Merit-Index.pdf>. Nordic Cattle Genetic Evaluation. Viitattu 5.5.2020.

- Pritchard, T., Coffey, M., Mrode, R. & Wall, E. 2012. Genetic parameters for production, health, fertility and longevity traits in dairy cattle. *Animal* 7: 34-46.
- Schaeffer, L.R. 1994. Multiple-country comparison of dairy cattle. *Journal of Dairy Science* 77: 2671-2678.
- Sommer, M.M. & Youngs, C.R. 2016. Impact of embryo transfer technology on the production of artificial insemination sires for the U.S. dairy cattle industry. *Animal Industry Report: AS 662, ASL R3072*.
- Sørensen, M.K., Voergaard, J., Pedersen, L.D., Berg, P. & Sørensen, A.C. 2011. Genetic gain in dairy cattle populations is increased using sexed semen in commercial herds. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 128: 267-275.
- Toivakka, M., Nousiainen, J.I. & Mäntysaari, E.A. 2005. Estimation of economic values of longevity and other functional traits in Finnish dairy cattle. <https://pdfs.semanticscholar.org/fd36/e248160912fc3425fadd306f28fd87cb0290.pdf>. Luonnonvarakeskus. Julkaistu 2013. Viitattu 2.4.2020.
- Täubert, H., Rensing, S., Stock, K.-F. & Reinhardt, F. 2013. Development of a breeding value for mastitis based on SCS-results. *Interbull Bulletin* 47: 161-165.
- VanRaden, P.M. 2004. Invited Review: Selection on Net Merit to improve lifetime profit. *Journal of Dairy Science* 87: 3125-3131.
- VanRaden, P.M. & Tooker, M.E. 2019. Source of bulls with highest and lowest evaluations for various traits by country scale. https://queries.uscdcb.com/eval/summary/top100.cfm?t100_tbl=regHOM. Council on Dairy Cattle Breeding. Viitattu 19.3.2020.
- Viking Genetics 2020. NTM. <http://www.vikinggenetics.fi/yritys/ainutlaatuisuus/ntm>. Viking Genetics. Viitattu 10.3.2020.
- Woolliams, J.A., Bijma, P. & Villanueva, B. 1999. Expected genetic contributions and their impact on gene flow and genetic gain. *Genetics* 153: 1009-1020.
- Zarnecki, A. & Stolzman, M. 1986. A Preliminary comparison of later lactation yield of different Friesian strains in Poland. 3rd World Congress on Genetics Applied to Livestock Production 4: 112-114.