

**SUOMENHEVOSEN GENEETTINEN MONIMUOTOISUUS JA VUOSINA 2000-2021  
SYNTYNEIDEN HEVOSTEN SUKULAISTUMISEN KEHITYS ARVIOITUNA  
SUKUPUUTIEDOISTA**

Liisa Venho

Maisterintutkielma

Helsingin yliopisto

Maataloustieteiden laitos

Kotieläinten jalostustiede

2023

Tiedekunta/Osasto — Fakultet/Sektion — Faculty		Osasto — Sektion — Department	
Maatalous-metsätieteellinen tiedekunta		Maataloustieteiden osasto	
Tekijä — Författare — Author			
Liisa Venho			
Työn nimi — Arbetets titel — Title			
Suomenhevosen geneettinen monimuotoisuus ja vuosina 2000–2021 syntyneiden hevosten sukulaistumisen kehitys arvioituna sukupuutiedoista			
Oppiaine — Läroämne — Subject			
Kotieläinten jalostustiede			
Työn laji — Arbetets art — Level	Aika — Datum — Month and year	Sivumäärä — Sidoantal — Number of pages	
Maisterintutkielma	5/2023	54 +3	
Tiivistelmä – Referent - Abstract			
<p>Suomenhevonen on suomalainen alkuperäisrotu, joka on historiansa aikana kohdannut useita pullonkaulailmiöitä, jotka ovat pienentäneet rodun geneettistä monimuotoisuutta. Tämän tutkielman tavoitteena oli tarkastella rodun geneettisen monimuotoisuuden tilaa sukupuuaineiston avulla, keskittyen nykypopulaation (vuosien 2000 ja 2021 välillä syntyneiden yksilöiden) geneettisen vaihtelun tasoon ja sukulaisuuteen. Tutkielmassa selvitettiin sukusiitosasteen, sukulaisuuden sekä tehollisen populaatiokoon ja sukupolvien välisen ajan muutoksien lisäksi tällä hetkellä käytössä olevien jalostusorien sukulaisuutta tämän hetken populaatioon. Tämän lisäksi selvitettiin yksilöt, jotka ovat antaneet suurimman geneettisen vaikutuksen nykypopulaatioon.</p> <p>Aineisto tutkielmaan saatiin Suomen Hippos ry:ltä ja se sisälsi yhteensä 88 782 yksilöä. Vuosien 2000 ja 2021 välisenä aikana syntyneen ikäluokan keskimääräinen sukusiitosaste oli 4,5 %. Keskimääräiset sukusiitosasteet ovat kasvaneet viimeisten vuosikymmenten aikana, mutta vuosittainen kasvu on ollut melko maltillista. Suomenhevosen keskimääräinen sukupolvien välinen aika on noin 13 vuotta ja tänä aikana tapahtuva sukusiitosasteen kasvu on tällä hetkellä noin 0,97 %. Koko viimeisimmän ikäluokan sukulaisuus toisiinsa oli keskimäärin 10,5 %. Oriiden ja tammojen välinen sukulaisuusaste on vuodesta 2013 eteenpäin pysynyt yli 11 %. Tehollinen populaatiokokoo oli tässä tutkimuksessa vuosien 2000 ja 2021 välillä syntyneillä 93,5. Tehollinen populaatiokokoo on laskenut vuonna 2000 syntyneen ikäluokan 108,6 yksilöstä vuonna 2021 syntyneiden 94,6 yksilöön. Tehollinen populaatiokokoo on kuitenkin pysynyt edelleen yli 50 yksilön, jonka on katsottu olevan raja sille, ettei sukusiitoksen aiheuttamat ongelmat vielä näy populaatiotasolla.</p> <p>Tämän päivän suomenhevosen perimään suurimman vaikutuksen ovat antaneet oriit Murto, Eri-Aaroni, Suikku, Vokker ja Vieteri. Suurin osuus vuosien 2000–2021 välisenä aikana syntyneisiin hevosiin tulee Murrosta, 14,2 %. Näiden viiden orin valta-asema nykypopulaation perimässä on vahva, sillä orit kytkeytyvät kaikki sukunsa puolesta yhteen. 2000-luvun 20 käytetyintä jalostusoria olivat kaikki juoksijasuunnalta. Käytetyimpien oriiden sukulaisuus nykypopulaation tammoihin vaihteli 10,1–18,4 %. Jalostukseen käytetyistä oreista pienin sukulaisuus nykypopulaation tammoihin oli 4,0 %. Alle 6,0 % sukulaisuus oli kahdeksalla orilla. Näistä oreista yksikään ei ollut juoksijasuuntainen.</p> <p>Suomenhevosen geneettinen monimuotoisuus on pysynyt kohtuullisella tasolla, mutta huomionarvoista on, että etenkin juoksijasuunnan jalostusorien läheinen sukulaisuus toisiinsa tulee tulevaisuudessa todennäköisesti nopeuttamaan rodun sukulaistumista. Jalostukseen käytettävien oriiden laajempi geneettinen monimuotoisuus ja tasaisempi tammamäärä yhtä oria kohden, voisi hidastaa rodun sukulaistumista ja nostaa tehollista populaatiokokoa.</p>			
Avainsanat — Nyckelord — Keywords			
Suomenhevonen, sukulaisuus, sukusiitosaste, geneettinen monimuotoisuus, sukupuuanalyysi			
Säilytyspaikka — Förvaringsställe — Where deposited			
Maataloustieteiden osasto			
Muita tietoja — Övriga uppgifter — Further information			
Työn ohjasi Pekka Uimari, Katja Martikainen ja Katri Sarviaho			

Tiedekunta/Osasto — Fakultet/Sektion — Faculty		Osasto — Sektion — Department	
Faculty of Agriculture and Forestry		Department of Agricultural Sciences	
Tekijä — Författare — Author			
Liisa Venho			
Työn nimi — Arbetets titel — Title			
The genetic diversity of the Finnhorse and the development of the relatedness of horses born in 2000-2021 estimated from pedigree data			
Oppiaine — Läroämne — Subject			
Animal breeding			
Työn laji — Arbetets art — Level	Aika — Datum — Month and year	Sivumäärä — Sidoantal — Number of pages	
Master's thesis	5/2023	54 +3	
Tiivistelmä – Referent - Abstract			
<p>The Finnhorse is the only native horse breed in Finland. Finnhorse has faced several genetic bottlenecks that have reduced the breed's genetic diversity. The aim of this study was to analyse breed's genetic diversity using pedigree data, focusing on the level of genetic variation and relatedness of the current population (individuals born between 2000 and 2021). In addition to the changes in the inbreeding rate, relatedness, effective population size and generation interval, the study investigated the individuals that have had the greatest genetic impact on the current population, as well as the relationship coefficients of currently used breeding stallions to the current population. Data, including 88 782 animals, was received from Suomen Hippos ry. The average inbreeding coefficient of the horses born between 2000 and 2021 was 4,5 %. The average inbreeding coefficients have increased during the last decades, but the annual growth has been moderate. The mean generation interval was 12,5 years. The growth of the inbreeding coefficient over the past 13 years was 0,97 %. The average relationship of the latest age group to each other was 10,5 %. Relationship between stallions and mares has been increasing throughout the 21<sup>st</sup> century. After 2013, the average coefficient of relationship between sexes has remained above 11 %. In this study, the effective population size was 93,5 for those born between 2000 and 2021. The effective population size has decreased from 108,6 individuals of the age group born in 2000 to 94,6 individuals born in 2021. However, the effective population size has remained above 50 individuals, which is considered the limit for the occurrence of problems caused by inbreeding at the population level.</p> <p>Current Finnhorse population can be traced back to five founder stallions: Murto, Eri-Aaroni, Suikku, Vokker and Vieteri. Out of those, Murto has the most remarkable contribution on the population born between 2000 and 2021: around 14,2 %. The five founder stallions are all connected by their lineage. The most used breeding stallions of the 21<sup>st</sup> century were all from trotter breeding direction and their relationship to the mares of the current population ranged from 10,1 to 18,4 %. The lowest relatedness of all breeding stallions to the mares of the current population was 4,0 %. Eight stallions had less than 6,0 % relatedness. None of them were from trotter breeding direction.</p> <p>The genetic diversity of the Finnhorse has remained at a reasonable level, but it is worth noting that the close relationship of breeding stallions in the trotting direction will probably increase rate of relationship in the future. A wider use of genetically divers stallions and a more even number of mares per stallion could slow down the rate of relationship of the breed and increase the effective population size.</p>			
Avainsanat — Nyckelord — Keywords			
Finnhorse, relationships, inbreeding, genetic diversity, pedigree analysis			
Säilytyspaikka — Förvaringsställe — Where deposited			
Department of Agricultural Sciences and Viikki Campus Library			
Muita tietoja — Övriga uppgifter — Further information			
Supervisors Pekka Uimari, Katja Martikainen and Katri Sarviaho			

## SISÄLLYS

<b>1 JOHDANTO</b> .....	<b>5</b>
<b>2 SUOMENHEVONEN</b> .....	<b>6</b>
2.1 Suomenhevosen geneettinen historia .....	7
2.2 Suomenhevosen kantakirja ja jalostustavoitteet.....	10
<b>3 PERINNÖLLISEN VAIHTELUN MITTAAMINEN</b> .....	<b>13</b>
3.1 Sukusiitos ja sukulaisuusaste.....	14
3.2 Tehollinen populaatiokoko.....	17
3.3 Sukupolvien välinen aika.....	18
3.4 Geneettiset kontribuutiot (merkittävimmät kantaeläimet) .....	19
<b>4 TUTKIMUKSEN TAVOITTEET</b> .....	<b>20</b>
<b>5 AINEISTO JA MENETELMÄT</b> .....	<b>21</b>
5.1 Aineisto .....	21
5.2 Tutkittavat muuttujat .....	22
5.3 Menetelmät .....	23
5.3.1 Sukusiitoksen laskeminen.....	23
5.3.2 Sukulaisuusasteen kehitys.....	23
5.3.3 Tehollinen populaatiokoko.....	24
5.3.4 Sukupolvien välinen aika .....	25
5.3.5 Nykypopulaatioon suurimman geneettisen vaikutuksen antaneet yksilöt.....	25
5.3.6 Jalostukseen käytettävien oriiden sukulaisuudet populaatioon .....	26
<b>6 TULOKSET</b> .....	<b>26</b>
6.1 Sukusiitoksen taso .....	28
6.2 Sukulaisuusasteen kehitys.....	31
6.3 Tehollinen populaatiokoko.....	32
6.4 Sukupolvien välinen aika.....	33
6.5 Nykypopulaatioon suurimman geneettisen vaikutuksen antaneet yksilöt.....	34
6.6 Jalostukseen käytettävien oriiden sukulaisuudet populaatioon .....	35
<b>7 TULOSTEN TARKASTELU</b> .....	<b>39</b>
7.1 Sukusiitoksen ja sukulaisuuden kehitys .....	40
7.2 Tehollinen populaatiokoko.....	42
7.3 Sukupolvien välinen aika.....	43
7.4 Geneettiset kontribuutiot .....	44
7.5 Jalostukseen käytettävien oriiden sukulaisuudet populaatioon .....	45
<b>8 JOHTOPÄÄTÖKSET</b> .....	<b>46</b>
<b>9 KIITOKSET</b> .....	<b>49</b>
<b>LÄHTEET</b> .....	<b>49</b>
<b>LIITE 1: ORISTA MURTO (2306) POLVEUTUVIA ISÄLINJOJA</b> .....	<b>55</b>
<b>LIITE 2: ORISTA ULJAANPOIKA (1649) POLVEUTUVIA ISÄLINJOJA</b> .....	<b>56</b>
<b>LIITE 3: OREISTA LOHDUTUS (Yh 232) JA KIRPPU (Tt 710) POLVEUTUVIA ISÄLINJOJA</b> .....	<b>57</b>

## 1 JOHDANTO

Suomenhevonen on Suomen ainoa alkuperäinen hevosrotu. Suomalaisen hevosen historia ulottuu lähes 1000 vuoden päähän, mutta 1800-luvun loppupuolella suomalaisesta hevosesta syntyi suomenhevonen. Suomenhevosen historia kytkeytyy kiinteästi Suomen kansan historiaan (Solala 2021). Rodun huippuvuodet olivat toisen maailmansodan jälkeisinä jälleenrakennusvuosina, kun suomenhevosia oli maassamme yli 400 000 (Peltonen ym. 2007). Yhteiskuntarakenteen muutos vaikutti voimakkaasti maamme suomenhevoscantaan (Solala 2021) ja maatalouden koneellistuminen aikaansai rodun historian suurimman pullonkaulailmiön. Suomenhevosten määrä oli pienimmillään vuonna 1987, kun yksilöitä oli jäljellä enää 14 000 (Peltonen ym. 2007). Rodun käyttötarkoitus muuttui peltoja kyntävästä työhevosesta raviradoilla menestyvään urheilijaan. Samalla on kadotettu valtava määrä rodun geneettisestä monimuotoisuudesta: 1920-luvun yli 130 isälinjasta on jäljellä enää neljä (Peltonen ja Saastamoinen 2007).

Suomi on ollut mukana eläingenivarojen säilytyksen eturintamassa, sillä jo vuonna 1970 tehtiin ensimmäinen kartoitus Suomen alkuperäisroduista (Peippo 2023). Vuonna 1992 Suomi allekirjoitti kansainvälisen biodiversiteettisopimuksen, jota pidetään merkittävimpänä kotieläinten geenivarojen säilyttämistä koskevana sopimuksena. Suomen kansallinen eläingenivaraohjelma noudattaa maailmanlaajuista toimenpidesuunnitelmaa eläingenivaroille ja sen ylläpitäjänä Suomessa on Luonnonvarakeskus. Kansallisen eläingenivaraohjelman päätavoitteena on Suomessa perinteisesti kasvatettujen kotieläinlajien geneettisen monimuotoisuuden turvaaminen (Kansallinen geenivaraohjelma 2017). Suomenhevosen kohdalla merkityksellistä on vuonna 2018 perustettu suomenhevosen geenipankki. Geenipankin tarkoituksena on säilyttää suomenhevosen jäljellä olevien sukulinjojen monimuotoisuutta sekä erityisesti perinteistä työhevostyyppin suomenhevosta. Geenipankissa on tällä hetkellä (2023) tallennettuina 12 suomenhevosorin siittiöitä ja tavoitteena on pakastaa 100 annosta 25 hevoselta (NordGen 2023).

Suomenhevosen kantakirja suljettiin vuonna 1907, jonka jälkeen rotuun ei ole päässyt uutta geneettistä ainesta. Suljettu populaatio tulee väistämättä sukulaistumaan, joten on tärkeää tarkastella rodun geneettisen monimuotoisuuden tasoa, jottei se pääse pienenemään hallitsemattomasti. Pienessä populaatiossa tehollinen populaatiokoko laskee ja geneettinen monimuotoisuus vähenee sukusiitosasteen noustessa. Populaation sukulaistuessa kasvaa todennäköisyys läheistenkin sukulaisten parittamiselle, jolloin jälkeläisestä tulee sukusiitetty. Sukusiitos puolestaan kasvattaa todennäköisyyttä sille, että yksilö perii samalta esivanhemmalta lokuksen molemmat alleelit, jolloin perimän homotsygotia kasvaa. Resessiivisen alleelin säätelämän ominaisuuden haitallinen vaikutus näkyy yksilössä vasta homotsygotian seurauksena (Falconer 1985 s. 13). Liiallinen sukusiitos voi aiheuttaa sukusiitostaantumaa, joka näkyy yksilössä esimerkiksi hedelmällisyyden ja elinvoiman vähenemisenä. Pitkään jatkuessaan tämä vaikuttaa koko populaation selviytymiskykyyn (Woolliams ym. 2015). Sukusiitoksen välttämien ja populaation sukulaisuuden pitäminen mahdollisimman matalalla tasolla on mahdollista, mutta se vaatii huomiota jalostusvalintoja ja parituksia tehtäessä.

Tämän tutkielman tavoitteena oli tarkastella suomenhevosen geneettisen monimuotoisuuden tilaa keskittyen nykypopulaation geneettisen vaihtelun tasoon ja sukulaisuuteen. Tutkielmassa tarkasteltiin sukusiitosasteen sekä sukulaisuuden, tehollisen populaatiokoon ja sukupolvien välisen ajan muutoksia rodussa. Lisäksi luotiin katsaus nykypopulaatioon suurimman geneettisen vaikutuksen antaneisiin yksilöihin sekä tarkasteltiin tämän hetken jalostuskäytössä olevien oriiden sukulaisuutta nykypopulaation tammoihin.

## **2 SUOMENHEVONEN**

Suomenhevonen on ainoa alkuperäinen hevosrotu Suomessa. Suomenhevosia on noin 19 000, mikä kattaa vajaan neljäsosan koko Suomen hevoskannasta (Hippolis 2021). Rotu on keskikokoinen, hyväryhtinen ja rakenteeltaan sopusuhtainen ja sen runko on pyöreä ja lihaksikas. Suomenhevosen rotumääritelmän mukaan tavoitteena on jalostaa monipuolisia hevosia, jotka ovat suorituskykyisiä, helposti käsiteltäviä, hyväliikkeisiä sekä kestäviä ja terveitä. Luonteeltaan suomenhevonen on yhteistyöhaluinen, ritteliäs ja nöyrä (Suomenhevosen jalostusohjelma 2022).

Suomenhevosen kantakirja on suljettu vuonna 1907 ja siitä eteenpäin sitä on jalostettu puhtaana rotuna (Peltonen 2014). Rodun monipuolisuudesta kertoo sen käytettävyys kaikissa hevosharrastuksen ja -urheilun lajeissa. Suomenhevosen jalostussuuntia on neljä: juoksija, ratsuhevonen, pienhevonen sekä työ- ja käyttöhevonen (Suomenhevosen jalostusohjelma 2022). Rodun nykyistä ja tulevaa käyttöä sekä säilyttämistä ajatellen on huomioitava sen käyttötarkoituksen muutokset ja rodun tehtävät eri aikakausina. Maatalouden koneellistuksessa ja traktoreiden yleistyessä suomenhevosten työkäyttö loppui lähes kokonaan sotien jälkeen. Suomenhevosten kokonaislukumäärä laski vuosien 1950 ja 1980 välillä jopa 95 % (Peltonen ym. 2007). Ratsastus- ja etenkin ravikäytön lisääntyminen on pitänyt rodun kuitenkin elinvoimaisena, joskin näin pienellä populaatiolla uhka geenipohjan kaventumiseen on huomattava. Tänä päivänä raviurheilu on suomenhevosen merkittävin käyttömuoto ja yli 75 % suomenhevosista onkin raviurheilun käytössä (Peltonen ym. 2007).

## **2.1 Suomenhevosen geneettinen historia**

Suomalaisen hevosen tunnettu historia ulottuu noin tuhannen vuoden päähän. Hevonen on tullut Suomeen ihmisten mukana ja hevosia tiedetään myydyin Suomeen 1200 -luvulla (Peltonen ja Saastamoinen 2007). Kaikkien nykyisten kesyhevosten perimä on tämän hetken tiedon mukaan lähes yksinomaan peräisin Don- ja Volga-jokia ympäröivien arojen ns. DOM2-hevosilta, jotka aroilta levitessään syrjäyttivät monet muut paikalliset hevoset. Suomenhevokset eivät siis todennäköisesti polveudu paikallisista villeistä metsähevosista, vaikka näin on pitkään oletettu (Niskanen 2022a).

Aiemmissä tutkimuksissa (Petersen ym. 2013, Sild ym. 2019) on osoitettu suomenhevosen olevan läheistä sukua monien pohjoismaisten (norjanvuonohevonen, pohjoisruotsinhevonen, gotlannin russ, islanninhevonen) ja itäisten (eestinhevonen, mongolianhevonen, jakutianhevonen, mezeninhevonen) hevosrotujen kanssa. Suomenhevosen katsotaan kuuluvan geneettisesti pohjoismaiseen ja itäiseen ryhmään. Nämä ryhmät ovat kehittyneet maantieteellisesti eriytyneillä alueilla, jolloin ne ovat sopeutuneet erityisen hyvin paikallisiin olosuhteisiin (Sild ym. 2019).

Suomenhevonen syntyi käsitteenä vasta 1800-luvun loppupuolella, sitä ennen oli olemassa vain suomalainen hevonen, josta vähitellen kehittyi suomenhevonen (Johansson 2014). Suomalaisen hevosen jalostuksessa on käytetty monia lämminverirotuja. Todennäköisesti perussuomalaiseen hevoseen ei sekoittunut vierasperäisiä rotuja ennen 1500-luvun puoliväliä, mutta 1500–1700 lukujen aikana Suomeen tuotiin friisiläishevosea ja oldenburginhevosea, joiden tarkoitus oli tuoda kotimaiseen hevoseemme lisää kokoa (Peltonen ja Saastamoinen 2007, Johansson 2014). Alkuperäinen suomalainen hevonen kun oli melko pieni ja raskas ratsukäyttöön. Vielä 1800-luvulle asti suomalaiseen hevoseen risteytettiin lämminverirotuja, mutta kasvavaa työhevostarvetta varten myös raskaampia ardennerhevosea sekä vaunuhevosjalostukseen käytettyjä norfolkinhevosea (Peltonen ja Saastamoinen 2007). Suomalaisten hevosten kokonaismäärät 1800-luvulla olivat suuria, joten kartanoiden yksittäisten vierasrotuisten hevosten vaikutus niihin ei ollut kovin merkittävä. 1800-luvun lopulla kansallisaatteen heräämisen myötä, myös alkuperäisen suomalaisen hevosen rotuominaisuuksia alettiin arvostaa eri tavalla. Tämä toimi vihdoin yhtenä sysäyksenä puhtaan suomenhevosen jalostuksen alkamiseen (Peltonen ja Saastamoinen 2007).

Ensimmäiset valtion järjestämät toimet suomenhevosen jalostuksen edistämiseksi olivat 1800-luvun puolivälin jälkeen alkunsa saaneet yleiset kilpa-ajot ja ruununorijärjestelmä. Valtio hankki vuosittain useamman ruununorin jokaiseen Suomen lääniin. Järjestelmä toimi hyvin ja edisti suomalaisen hevosen jalostusta suomenhevoseksi, vaikka suureen ruununorimäärään väistämättä mahtui niin hyviä kuin huonojakin yksilöitä (Johansson 2014). Suomenhevosen valtion kantakirjan perustaminen vuonna 1907 oreille ja muutamaa vuotta myöhemmin tammoille oli alku rodun puhdasjalostukselle.

Suomenhevosen isäsukujen määrä on pienentynyt 1920-luvun yli 130:stä tämän päivän neljään isäskuun. Rodun isäsukujen kantaoriit ovat Jaakko I (Tt118), Kirppu (Tt 710), Eino (680), Manu (49) ja Uljaanpoika (1649). Näistä 2000-luvulla jatkuu edelleen neljä isäorilinjaa: Murto (2306), Kirppu, Eino ja Uljaanpoika (LIITTEET 1–3). Manun isälinja on jo sammunut, mutta sen suku jatkuu emien kautta (Peltonen ja Saastamoinen 2007).

Vuonna 1917 syntynyt Murto on kantaori Jaakko I:n poika (Saranpää 2014). Murrolla on ollut selvästi voimakkain vaikutus nykypäivän suomenhevosen kehityksessä ja sen voidaan katsoa olevan ehkä merkittävin suomenhevonen kautta aikojen. Murrosta lähtöisin oleva isälinja on tuottanut useita paljon käytettyjä juoksijaoreja: Eri-Aaronin, Vokkerin, Suikun ja Hilun (LIITE 1) (Johansson 2014). Tänä päivänä Suomesta ei löydy suomenhevosta, jonka suvussa Murto ei esiintyisi vähintään kerran (Saranpää 2014). Tulevaisuudessa Murron isälinja jatkuu edelleen vahvana Vokkerin pojan, Vieskerin kautta. Viesker vaikutti jalostuksessa vuosina 1997–2021. Jälkeläisiä se jätti 1505 kpl (Heila jalostusjärjestelmä 2022), joten näistä jälkeläisistä todennäköisesti löytyy tulevaisuudessa vielä useampi jatkaja tälle isälinjalle.

Kantaori Kirppu syntyi vuonna 1879 ja siitä alkava suora isälinja on pitkäikäisin (LIITE 3). Isälinjasta mainittakoon ravikuninkaas Ihme-Toti ja Riuska (Ojala 2007). Kirpun isälinja jatkuu tänä päivänä muun muassa Ihme-Totin pojanpojan, Toton kautta, mutta isälinja on hiipunut ja sen jatkuminen tulevaisuudessa on epävarmaa. Kantaori Einosta on jäljellä vain yksi isälinja, joten sitä kutsutaankin usein Einosta polveutuvan Lohdutuksen mukaan nimellä Lohdutuksen linja (LIITE 3). Lohdutus syntyi 1929 ja linja jatkuu vahvana etenkin Lohdutuksen pojan, Ero-Lohkon ansiosta. Neljäs isäori, Uljaanpoika syntyi 1914 (LIITE 2). Uljaanpojan isälinja jatkuu vahvana oriiden Luonnos ja Vieteri kautta (Ojala ym. 2007).

Suomenhevosen jalostuksen tavoitteet ovat viimeisinä vuosikymmeninä eriytyneet kantakirjan eri linjoihin jakamisen myötä. Kantakirja jaettiin juoksija-, ratsu-, pien- ja työhevossuuntaan vuonna 1971, jolloin rodun eläinmäärä oli enää alle 20 % vuoden 1950 eläinmäärästä (Maijala 2007, Peltonen 2014). Juoksijasuurta muodostui vallitsevaksi jalostussuunnaksi. Suomenhevosten lukumäärän voimakas pienentyminen näiden vuosien välillä kohdistui erityisesti työhevosiin, jolloin työhevoslinjaisen geeniaineksen määrä pieneni huomattavasti (Maijala 2007). Pienhevos- ja ratsusuunnalla populaatioiden määrät olivat aina 1980-luvun loppupuolelle saakka hyvin pieniä, mutta viime vuosikymmeninä ne ovat vähitellen kasvaneet.

Kvist ym. (2019) mukaan suomenhevosen eri jalostuslinjat eivät ole geneettisesti voimakkaasti erilaistuneita. Tämä johtuu todennäköisesti siitä, että monilla jalostuksessa huomioitavilla ominaisuuksilla on alhainen periytyvyys ja jalostukseen käytettävä geenipooli on monimuotoista ja usein useammilla jalostussuunnilla käytettyä. Useita hevosia on lisäksi rekisteröity useampiin jalostuslinjoihin, jotka on perustettu melko hiljattain, jolloin voimakasta eriytymistä ei ole ehtinyt tapahtua.

## **2.2 Suomenhevosen kantakirja ja jalostustavoitteet**

Suomenhevosen valtion kantakirja perustettiin vuonna 1907 osana hevoslainsäädännön muutosta. Samalla määriteltiin myös suomenhevosen virallinen rotumääritelmä (Solala 2021). Vaikka kantakirja perustettiin virallisesti vasta 1907, alkoi Suomen hevoscannan parantamiseksi tehty työ jo vuonna 1835, jolloin hevosjalostus vietiin suomalaiseen lainsäädäntöön. Keisarillisen Suomen senaatin hevosjalostusohjelmaa toteutettiin ruununorijärjestelmällä ja ruununoriiden parhaiden varsojen palkitsemisella (Johansson 2014). Valtion kilpa-ajojen avulla aloitettiin myös hevosten käyttöominaisuuksien mittaaminen. Hevoskasvatusta alettiin ohjata kohti suunnitelmallisempaa jalostuseläinten valintaa kieltämällä oriiden päästäminen yhteislaitumille vuodesta 1888 lähtien (Solala 2021). Koska jalostustyön tarkoituksena oli suomalaisen hevoscannan parantaminen sen ominaisuuksia parantamalla, ei hevoscannan yhtenäisyyteen vielä tuolloin kiinnitetty huomiota. Suomalaista hevoscantaa paranneltiin myös risteyttämällä kantaan ulkomaisia hevosia (Peltonen ja Saastamoinen 2007).

Kantakirjaa perustettaessa siihen hyväksyttiin aluksi vain vankkoja työhevostyyppisiä hevosia, sillä niiden jalostusta arvostettiin eniten. Alussa kantakirjaus perustui vain ulkomuotoarvosteluun ja tärkeimmät arvostelutavoitteet olivat suuri koko (yli 148 cm) ja ”vierasperäisten” ominaisuuksien, kuten laajojen valkoisten merkkien ja liiallisen jalomuotoisuuden, puuttuminen. Suomenhevosen värinä suosittiin rautiasta, joskin myös ruunikoita ja mustia hevosia voitiin hyväksyä kantakirjaan (Johansson 2014). Suomenhevosen geneettisen monimuotoisuuden määrä on oletettavasti vähentynyt merkittävästi tämän tyyppi- ja värivalinnan myötä. Vuonna 1871 vain 23 % suomenhevosista oli rautiaita, kun taas vuonna 1920 kaikista kantakirjatuista suomenhevosista rautiaita oli jo yli 85 % (Perttunen 2007). Kuitenkin suomenhevosen jalostus monipuoliseksi työhevoseksi on myöhemmin paljastunut tekijäksi, joka pelasti rodun jatkuvuuden huolimatta sen käyttötarkoituksen muutoksesta. Kantakirjan perustamisen alussa jalostusvaatimuksissa nimittäin kiinnitettiin huomiota vetokyvyn lisäksi matkaa jouduttavaan askellukseen ja liikkuvuuteen (Niskanen 2022b).

Vasta 1920-luvulla arvosteluperusteiksi otettiin myös suorituskyvyn kokeet, joihin kuuluivat käynti- ja juoksunopeuden mittaaminen, luonteen ja liikkeiden arvostelu sekä kuormanveto. Puolustusvoimien tarve ratsuhevosille johti toisen jalostussuunnan kehittämiseen (Peltonen 2014). Vuonna 1924 perustettiin kevytmuotoisten hevosten kantakirja, joka myöhemmin tunnettiin nimellä yleishevoscantakirja. Tavoitteena oli kehittää raskasmuotoisen työhevosen rinnalle kevytmuotoinen ratsuhevostyyppi, joka soveltuisi ratsuksi sotaväen käyttöön (Niskanen 2022b). Yleishevosen toivottu rakenne oli täysin päinvastainen aiempaan työhevossuuntaan verrattuna: yleishevoselta toivottiin kevyttä pitkähäköä kaulaa, väljää pään ja kaulan liittymää, lyhyempää runkoa ja selväpiirteistä säkää (Peltonen 2014). Käytännössä kevytrakenteisiä juoksijatyyppisiä hevosia oli kantakirjattu yleishevossuuntaan, kunnes vuonna 1965 perustettiin juoksijahevosille oma kantakirja (Niskanen 2022b). Valintaperusteena juoksijakantakirjaan käytettiin aluksi hevosen saavuttamaa ennätystä. Myöhemmin vaatimukseen lisättiin vähimmäisvoittosumma sekä vuonna 1985 jalostusindeksit. Vuonna 1978 voimaan tulleilla ravikilpailusäännöillä oli suuri vaikutus juoksijakasvatukseen, sillä sääntöjen mukaan ravikilpailuoikeuden saa vain hevonen, jonka isä on jalostukseen hyväksytty. Kantakirjaan hyväksymättömiä oreja saa kuitenkin edelleen käyttää oriinomistajan omilla tammoilla (Ojala ym. 2007).

Ratsuominaisuuksia ei yleishevosten kantakirjauksessa testattu, vaan kantakirjaan hyväksyttäviltä tammoilta ja oreilta vaadittiin samat kokeet kuin työhevuskantakirjassakin. Todennäköisesti paljon potentiaalista hevosainesta myös menetettiin alkuvaiheen tyyppijalostuksen myötä. Oletetun vierasverisyyden takia hylättiin paljon sellaista hevosainesta, joka olisi ollut hyödyksi tulevalle ratsuhevosjalostukselle (Ojala ym. 2007).

Vuonna 1971 kantakirjaan perustettiin omat suunnat ratsu- ja pienhevosille. Tavoitteena oli vastata suomenhevosen muuttuneeseen käyttötarkoitukseen ja tuoda se vaihtoehdoksi voimakkaasti kasvavalle ratsu- ja ponituonnille (Peltonen 2014). Ratsuhevosten kantakirjausmäärä ylitti työhevossuunnalle kantakirjattujen hevosten määrän 1980- ja 1990-lukujen taitteessa (Ojala ym. 2007). Suomenhevosen jalostusohjesääntöä päivitettiin vuonna 2021 vastaamaan entistä paremmin nykyajan suomenhevosen käyttötarkoituksen muutoksia. Työhevossuunta muutettiin työ- ja käyttöhevossuunnaksi, tavoitteena sisällyttää tähän alkuperäisen perinteisen työsuunnan hevosten lisäksi monikäyttöiset koko perheen harrastehevoset. Käyttösuunnalle kantakirjaaminen edellyttää kokeen suorittamista joko ajaen tai ratsain ja siinä arvioinnin pääpaino on hevosen yhteistyöhalukkuudella, toimivuudella, nöyrällä asenteella ja käyttöominaisuuksilla. Uuden jalostusohjelman myötä suomenhevosoriiden enimmäistammamäärä vuodessa laskettiin 120:sta sataan vuodesta 2022 alkaen (Suomenhevosen jalostusohjelma 2022). Näin saadaan jossain määrin suhteutettua oriiden käyttömääriä nykyisen populaation kokoon.

Luonteen, liikkeiden ja lahjakkuuden lisäksi hevosten terveys ja kestävyys ovat yksi tärkeimmistä ominaisuuksista nykypäivän jalostushevoselle. Vuonna 1987 otettiin käyttöön juoksijaoriiden jalkojen röntgenkuvaus. Kuvien perusteella karsitaan perinnöllisten, terveyteen vaikuttavien sairauksien kantajat jalostuskäytöstä. Tänä päivänä kaikille jalostusarvioitaville oreille tehdään röntgenin lisäksi yleinen terveystarkastus, johon kuuluu muun muassa suun, hampaiden ja mahdollisten kesäihottumaoireiden tarkastus. Lisäksi suomenhevosoriiden yksilöarvosteluun kuuluu sanallinen arvio hevosen suvusta, jossa kiinnitetään erityisesti huomiota geneettiseen monimuotoisuuteen (Suomenhevosen jalostusohjelma 2022).

Vuonna 2016 suomenhevosen kantakirjan määritelmää hevosten rekisterinä muutettiin. Aiemmin suomenhevosen kantakirja käsitti vain kantakirjaan jalostusarvostelun kautta hyväksytyt suomenhevosyksilöt, muiden hevosten kuuluessa Suomen Hippos ry:n ylläpitämään perusrekisteriin (Solala 2021). Suomenhevosen kantakirjan määritelmä muutettiin vastaamaan hevosten tunnistamiseen ja eläinjalostukseen liittyvää EU-lainsäädäntöä ja vuodesta 2016 eteenpäin suomenhevosen kantakirjassa on pääosasto, joka on jaettu perus- ja jalostusluokkaan. Perusluokkaan kuuluvat kaikki entiseen perusrekisteriin kuuluvat hevoset ja syntyvät varsat, jotka on tunnistettu asianmukaisesti ja jotka polveutuvat kantakirjan pääosastoon kuuluvista vanhemmista. Jalostusluokkaan pääsy edellyttää hevosen suorituskyvyn ja rakenteen arviointia jalostusarvostelutilaisuudessa. Jalostusarvostelluiksi on hyväksytty myös ennen vuotta 2016 kantakirjaan hyväksytyt hevoset (Suomenhevosen jalostusohjelma 2022).

### **3 PERINNÖLLISEN VAIHTELUN MITTAAMINEN**

Perinnöllinen vaihtelu on kaikille roduille elintärkeää, jotta populaatiot voivat sopeutua vaihteleviin ympäristöihin ja reagoida jalostuksen aikaansaamaan keinotekoiseen valintaan. Tämän vuoksi kaikki rotuja koskevat suojelu- ja kehittämissuunnitelmat tulisi aloittaa populaation perinnöllisen vaihtelun arvioimisella arvioimalla nykytila ja ennustamalla tulevat muutokset populaation geneettisessä vaihtelussa (Toro ym. 2011).

Suomenhevosen kantakirja on suljettu vuonna 1907, jonka jälkeen rodun jalostuksessa ei ole käytetty muita rotuja. Suljettuun rotuun ei pääse ulkopuolista ainesta, jolloin sukusiitosaste nousee. Lisäksi suomenhevosen jalostuksessa käytettävien oriiden määrä on pieni, mikä johtaa siihen, että sukulaistuminen väistämättä kasvaa. Geneettinen pullonkaula on ilmiö, joka johtaa geneettisen vaihtelun pienenemiseen ja geneettiseen ajautumiseen (Mabunda ym. 2022). Rodun jalostamisessa on alusta asti käytetty voimakasta valintaa etenkin koon ja värin suhteen ja lisäksi se on kohdannut useita pullonkaulailmiöitä, liittyen rodun jalostuksen alkuun ja myöhemmin seuranneisiin suuriin populaation kokoon vaikuttaneisiin muutoksiin (Kvist ym. 2019). Perinnöllistä vaihtelua kuvaavia parametreja on useita. Tyypillisesti käytetyimmät ovat sukusiitosasteen muutos, sukulaisuusaste, tehollinen populaatiokoko, tehollinen perustajajäsenten määrä ja tehollinen esivanhempien määrä

(Mabunda ym. 2022). Myös sukukatkerrointa on käytetty rodun monimuotoisuuden mittarina. Sukukatkerroin kuvaa hevosen eri yksilöiden määrää sukuun sisällä. Sukukatkerroin ei kuitenkaan vertaile kuin määriteltyjen sukupolven sisällä olevien yksilöiden toistumista, joten kauimmaisissa polvissa voi silti olla runsaastikin samoja yksilöitä, vaikka sukukatkerroin olisikin suuri (Back 2021).

Ennen molekyyli-markkeri-pohjaisten menetelmien yleistymistä geneettisen vaihtelun arviointiin käytettiin yleensä sukuun tarkasteluun pohjautuvia menetelmiä. Sukuun tarkasteluun perustuva menetelmä on kustannustehokas ja usein käyttökelpoinen, etenkin jos käytettävä aineisto on riittävän suuri ja täsmällinen. Molekyyli-markkerien analyysiin perustuvien menetelmien etuna ovat sukuun epätäydellisyydestä ja virheellisyydestä johtuvien virheellisten tulosten puuttuminen. Useimmin käytettyjä molekyyli-markkereita ovat PCR-pohjaiset mikrosatelliittimarkkerit (STR) ja DNA-sekvensointipohjaiset yhden nukleotidin polymorfismiin perustuvat markkerit (SNP) (Mabunda ym. 2022).

Suomenhevosen kantakirjaan on koottu sukutietoja pitkältä ajalta ja sukupuiden syvyys ylittääkin 8 tässä tutkimuksessa sukupolvea jo yli 57 %:lla aineiston hevosista. Tämän vuoksi sukupuutietojen käyttäminen tarkasteltaessa suomenhevosen geneettistä monimuotoisuutta ja populaatiorakennetta on mahdollista tehdä luotettavasti myös sukupuutiedoista. On kuitenkin huomioitava, että sukupuudatan avulla tehty tarkastelu antaa tulokseksi odotettuja, keskimääräisiä suhteita tapahtuneelle geeninsiirrolle, kun taas genomidatan käyttö antaa havaittuja todellisia suhteita (Mabunda ym. 2022). Geneettisen monimuotoisuuden taso voi siis poiketa sukutauluanalyysilla tehdyn ja genomianalyysilla tehdyn välillä.

### **3.1 Sukusiitos ja sukulaisuusaste**

Jos yksilön vanhemmat ovat sukua keskenään, voi se saada kaksi alleelia samalta esivanhemmaltaan eli alleelit ovat samaa alkuperää. Sukusiitosaste tarkoittaa todennäköisyyttä sille, että eläimen satunnaisessa lokuksessa sijaitsevat molemmat alleelit ovat peräisin samalta esivanhemmalta (Juga ym. 1999 s. 55). Tarkasteltavan yksilön X sukusiitosaste F on puolet sen vanhempien S ja D sukulaisuussuhteesta  $a_{SD}$ , eli

$$F_x = \frac{1}{2} a_{SD} \quad (1)$$

Jos vanhemmilla on useampi yhteinen kantavanhempi, se nostaa vanhempien sukulaisuussuhteen  $a_{SD}$  arvoa, jolloin myös jälkeläisten sukusiitosaste  $F_x$  nousee. Sukulaisuussuhde kuvaa kahden yksilön geneettistä samankaltaisuutta eli yksilöiden yhteisten alleelien keskimääräistä osuutta kaikista geeneistä. Sukulaisuussuhteen määritelmä perustuu siihen, että jälkeläinen saa aina puolet geeneistään kummaltakin vanhemmaltaan, jolloin yksilöiden oletettu sukulaisuus voidaan laskea. Todellisuudessa sukulaisuussuhteet voivat poiketa keskimäärin oletettavissa olevista, sillä jokaisessa parituksessa jälkeläiselle siirtyy satunnaisesti puolet sen vanhemman geeneistä (Ojala ym. 2007). Esimerkiksi täyssisarryhmässä kaikilla on sama sukupuuhun perustuva sukulaisuussuhteen arvo, mutta todellisuudessa täyssisarusten välillä toiset täyssisarukset voivat jakaa enemmän samoja alleeleja kuin toiset.

Populaation geneettistä monimuotoisuutta arvioitaessa on hyvä tarkastella keskimääräisen sukulaisuuden kehittymistä arvioimalla samana vuonna syntyneiden yksilöiden keskimääräinen sukulaisuusaste. Tarkastelemalla vuosittain populaation sukulaisuusasteiden muutosta, voidaan arvioida rodun sukulaistumisen tilaa myös tulevaisuudessa. Korkeat sukulaisuusasteet johtavat kasvaviin sukusiitosasteisiin tulevaisuudessa, sillä sukulaisuusaste kuvaa tulevaisuuden sukusiitosastetta satunnaisesti pariutuvassa populaatiossa. Kahden yksilön, joilla molemmilla on korkeat sukusiitosasteet, sukulaisuus toisiaan kohtaan voi kuitenkin olla nolla, mikäli yksilöillä ei ole yhteisiä esivanhempia. Sukulaisuusasteiden vertailu kahden yksilön tai yksilön ja populaation välillä voi olla erityisen hyödyllistä hankittaessa uusia jalostukseen käytettäviä eläimiä tai haluttaessa välttää sukusiitosta ja pitää jälkeläisten geeniperimä mahdollisimman monipuolisena.

Populaatiossa, jossa ei tapahdu valintaa ja vanhemmat pariutuvat satunnaisesti keskenään, ei tapahdu myöskään perinnöllistä edistymistä. Populaatiossa tapahtuvat muutokset ovat seurausta ainoastaan geneettisestä satunnaisajautumisesta (Juga ym. 1999 s. 130). Valinnan intensiteetin voimakkuudella voidaan vaikuttaa populaation sukulaistumiseen ja perinnöllisen edistymisen nopeuteen; korkea valinnan intensiteetti johtaa todennäköisesti populaation sukulaisuuden ja sukusiitosasteiden kasvamiseen, vaikka perinnöllinen edistyminen saattaisikin olla nopeampaa (Juga ym. 1999 s. 132). Matalalla valinnan intensiteetillä jalostukseen valittuja yksilöitä on

enemmän, mikä vähentää populaation sukulaistumista, mutta toisaalta hidastaa perinnöllistä edistymistä (Bjelland ym. 2013). Optimoidussa jalostusohjelmassa on tarkoituksena optimoida jalostuseläinten käyttö niin, että saavutetaan maksimaalinen perinnöllinen edistyminen mahdollisimman vähäisellä sukusiitosasteen muutoksella sukupolvea kohden (Woolliams ym. 2015). Menetelmän tavoitteena on valita jalostukseen käytettävät yksilöt haluttavien ominaisuuksien lisäksi sukupuutietoihin nojaten. Urosten määrää kasvattamalla ja jalostuseläinten keskinäistä sukulaisuutta välttämällä pystytään sukulaistumista pitämään hallinnassa (Hasler ym. 2011).

Käytetyn sukupuun syvyys vaikuttaa sukusiitosasteen arvioiden tasoon ja luotettavuuteen. Sukupuu, jossa on useita sukupolvia, antaa yleensä korkeamman sukusiitoksen arvion kuin sukupuu, jossa on vain vähän sukupolvia. Myös sukusiitosasteen arviot ovat luotettavampia mitä syvempi ja kattavampi käytetty sukupuu on. Sukusiitosaste ei välttämättä olekaan optimaalisin monimuotoisuuden kuvaaja pienessä populaatiossa.

Yksittäistä sukusiitosastetta parempi tapa tarkastella populaation sukulaistumista, on laskea sukusiitosasteen muutos ( $\Delta F$ ) sukupolvea kohden, sillä sen avulla pystytään seuraamaan ja ennustamaan populaation monimuotoisuuden tasoa. Sukusiitosasteen muutos sukupolvea kohden kertoo, kuinka paljon heterotsygotiaa ja geneettistä monimuotoisuutta menetetään sukupolvea kohden (Toro ym. 2011). Sukusiitosasteen muutos ei ole riippuvainen sukupuun syvyydestä, vaan suhteellisen sukusiitosasteen kasvusta sukupolvesta toiseen siirryttäessä. Sukusiitosasteen muutosta sukupolvea kohden voidaankin käyttää vertaillen eri populaatioita keskenään (Toro ym. 2011).

Sukusiitosasteen kasvu ei saisi olla suurempaa kuin 1 % sukupolvea kohden, joka vastaa 50 yksilön tehollista populaatiokokoa (FAO 2013 s. 199). Yleisesti eläinjalostuksessa pyritään välttämään läheisten sukulaisten paritusta ja syntyvän jälkeläisen sukusiitosaste pyritään pitämään alle serkusparituksesta syntyneen jälkeläisen sukusiitosasteen, eli alle 6,25 % (Juga ym. 1999 s.130). Käytännön jalostustyössä sukusiitosasteen kasvunopeuden hidastaminen vaatii sukulaisten keskenään parittamisen rajoittamista, tehollisen populaatiokoon suurentamista ja/tai suunnitelmallisia paritusohjelmia (Weigel 2001).

Sukusiitetyn yksilön homotsygotia-asteen noustessa, sukusiitostaantumien esiintymisen todennäköisyys kasvaa. Korkea sukusiitosaste vaikuttaa morfologisiin ominaisuuksiin sekä epäsuorasti lisääntymis- ja eloonjäämisasteisiin. Hevosilla sukusiitostaantumien on todettu aiheuttavan varsojen elinvoimaisuuden pienemistä, hitaampaa kasvunopeutta ja hedelmällisyyden kehittymistä, alentunutta hedelmällisyyttä sekä huonontuneita emo-ominaisuuksia (Sairanen ym. 2009, Collins ym. 2012). Myös haitallisten resessiivisten alleelien aiheuttamien sairauksien esiintyminen on todennäköisempää homotsygotia-asteen noustessa. Geneettisesti monimuotoisella populaatiolla on myös paremmat edellytykset sopeutua ympäristön mahdollisiin muutoksiin kuin populaatiolla, jossa geneettinen monimuotoisuus on voimakkaasti alentunut (Bjelland ym. 2013).

Yksittäisen yksilön korkea sukusiitosaste ei sinällään ole uhka rodulle, joskin se muodostaa riskin yksilölle itselleen. Jatkuva sukulaisten parittaminen kuitenkin kasvattaa rodun sukulaisuutta, jolloin rodussa tapahtuvia muutoksia voi olla vaikeaa pysäyttää. Käytännön jalostuksessa rodun sukulaistuminen on ongelma, johon täytyy kiinnittää huomiota, eivät niinkään yksittäiset sukusiitosprosentit (Back 2021). Rodun pitäminen riittävän monimuotoisena vaatii laajan jalostusaineuksen käytön, jolloin etenkin jalostukseen käytettävien oriiden tulisi edustaa koko populaation geenivaroja mahdollisimman laajasti ja olla toisiinsa nähden mahdollisimman erisukuisia. Tällä hetkellä etenkin suomenhevosen juoksijas suunnan jalostuksessa vaikuttavatorit ovat usein läheistä sukua keskenään, mikä aikaansaa geenipohjan kaventumista.

### **3.2 Tehollinen populaatiokoko**

Sukusiitosasteen nousua voidaan lyhyellä aikavälillä estää lähisukulaisten parituksia välttämällä. Kuitenkin pitkän ajan kuluessa sukusiitosasteen muutoksen määrää ainoastaan tehollinen populaatiokoko ( $N_e$ ) (Juga ym. 1999 s. 128). Tehollisen populaatiokoon avulla voidaan ennustaa sukulaistumisen määrää sekä sukusiitosasteen kasvua tulevaisuudessa (Toro ym. 2020). Tehollinen populaatiokoko on kääntäen verrannollinen sukusiitosasteen kasvuun.

Tehollinen populaatiokoko kuvaa sitä eläinjoukkoa, joka todellisuudessa tuottaa seuraavan sukupolven geneettisen materiaalin. Ideaalisessa populaatiossa, jossa vallitsee satunnaispariutumisen, sukupuolten määrät ovat yhtä suuret, eikä populaatioon kohdistu valintaa, tehollinen populaatiokoko on se määrä eläimiä, jotka tuottavat saman sukusiitosasteen muutoksen kuin tutkittavassa populaatiossa havaitaan (Toro ym. 2020). Tehollinen populaatiokoko on käyttökelpoinen suure geneettistä monimuotoisuutta mitattaessa, sillä sukupuutietojen puuttuessa se voidaan laskea myös demografisten tietojen tai genomisen markkeridatan avulla (Toro ym. 2011).

Tehollinen populaatiokoko on aina todellista populaatiokokoa pienempi, sillä jalostukseen käytettävillä uroksilla on yleensä huomattavasti enemmän jälkeläisiä kuin naarailla ja jalostukseen käytettävien uroksien määrä on usein koko populaation kokoon nähden pieni. Tehollisen populaatiokoon pienentyminen on vaarana erityisesti silloin, kun paritukseen käytetään hyvin suppeaa määrää uroksia (Juga ym. 1999 s. 132). Tehollisen populaatiokoon pitäminen yli suosituksien, 50–100 yksilön, vaatii paritusohjelmissa huomion kiinnittämistä geneettisesti riittävän monipuolisen jalostusaineuksen ylläpitämiseen (Toro ym. 2011).

### **3.3 Sukupolvien välinen aika**

Sukupolvien välisellä ajalla tarkoitetaan vanhempien keskimääräistä ikää jälkeläisten syntyessä. Toisin sanoen, mitä nuorempina vanhemmat saavat jälkeläisensä, sitä pienempi on sukupolvien välinen aika (Juga ym. 1999 s. 86). Koska sukupolvien välinen aika vaihtelee isän ja emän välillä, on molempien keskimääräinen ikä jälkeläisten syntyessä laskettava erikseen ja edelleen laskettava näistä keskiarvo (FAO 2013 s. 144). Sukupolvien välinen aika vaihtelee eri eläinlajeilla, mikä johtuu eri lajien erilaisten lisääntymisominaisuuksien lisäksi eläinjalostuksessa käytettävistä paritusmenetelmistä. Lypsylehmäjalostuksessa laajasti käytössä oleva genomisen valinta mahdollistaa jalostussonnien käytön entistä nuorempana, sillä jo vasikan genomidatasta voidaan päätellä sen soveltuvuus jalostukseen, jolloin ei tarvitse odottaa sonnien jälkeläisarvosteluja (Meuwissen ym. 2009).

Hevosilla jalostusarvostelut tapahtuvat pääasiassa edelleen jälkeläisarvostelu huomioiden, jolloin hevosen siirtyminen jalostukseen tapahtuu yleensä vasta mahdollisen kilpauran jälkeen ja arvosteluvarmuus kasvaa vasta yksilön jälkeläisten tullessa kilpailuikään. Hevosten keskimääräinen sukupolvien välinen aika on noin 8–10 vuotta (McCall 2012, FAO 2013 s.75). Hevosten korkea sukupolvien välinen aika on koettu usein suurimmaksi perinnöllistä edistymistä hidastavaksi tekijäksi. Mikäli sukupolvien välistä aikaa halutaan lyhentää, on seurauksena todennäköisesti arvosteluvarmuuden alentuminen, sillä nuorilta eläimiltä on käytettävissä vähemmän tuloksia jalostusarvon arviointiin, kun vanhemmilta eläimiltä (Juga ym. 1999 s.86). Toisaalta sukupolvien välisen ajan lyhentäminen johtaa geneettisen vaihtelun nopeampaan katoamiseen, joten sukupolvien välisen ajan lyhentäminen tulisi olla tavoitteena vasta, kun populaatiossa on riittävästi geneettistä vaihtelua (FAO 2013 s. 195).

### **3.4 Geneettiset kontribuutiot (merkittävimmät kantaeläimet)**

Jalostukseen käytetty yksilö siirtää tuleville sukupolvilleen geneejään aina tietyn osuuden. Mikäli siis yhtä jalostuseläintä käytetään paljon jalostukseen ja edelleen sen jälkeläisten käyttö on runsasta, kertyy geneettiset kontribuutiot sukupolvien kuluessa (Woolliams 2015). Useiden sukupolvien jälkeen voidaan olla tilanteessa, jossa lähes kaikki populaation yksilöt ovat sukua yhdelle esi-isälle. Kontribuutiolla onkin suora yhteys populaation keskimääräiseen sukusiitosasteeseen. Geneettisen kontribuution avulla voidaan arvioida yksittäisen yksilön vaikutusta valittuun populaatioon. Suurimman geneettisen vaikutuksen populaatioon antaneet yksilöt voidaan selvittää arvioimalla geneettisen vaikutuksen siirtymistä sukupolvelta toiselle. Tarkasteltaessa geneettisiä kontribuutioita pystytään arvioimaan populaation geneettistä monimuotoisuutta sekä sen kehittymistä populaation historian aikana (Boichard ym. 1997).

Geneettisen kontribuution arviointi perustuu sääntöön siitä, miten yksittäinen, satunnaisessa autosomaalisessa lokuksessa sijaitseva geeni periytyy vanhemmilta jälkeläisille. Todennäköisyys sille, että geeni on peräisin isältä, on 0,5. Emältä perityn geenin todennäköisyys on yhtä lailla 0,5 ja todennäköisyys sille, että geeni on peräisin miltä tahansa neljältä isovanhemmalta on 0,125 (Boichard ym. 1997). Alla kuvassa 1 havainnollistetaan geneettisen kontribuution

arviointimenetelmää. Kontribuutio arvioidaan listaamalla yksilön 3 kaikki polut, joiden kautta sen perintötekijöitä siirtyy nykypopulaatioon.

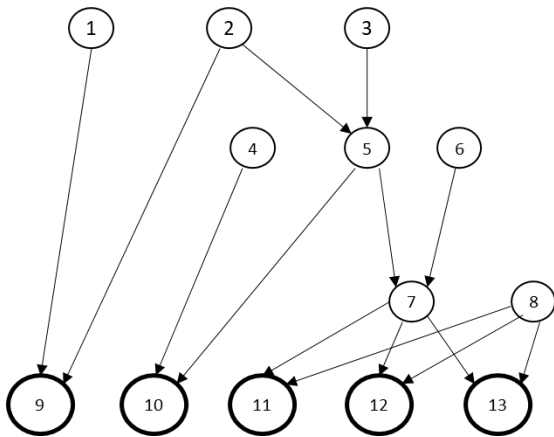
$3 \rightarrow 5 \rightarrow 10$  sukulaisuusaste  $0,5 * 0,5 = 0,25$

$3 \rightarrow 5 \rightarrow 7 \rightarrow 13$  sukulaisuusaste  $0,5 * 0,5 * 0,5 = 0,125$

$3 \rightarrow 5 \rightarrow 7 \rightarrow 12$  sukulaisuusaste  $0,5 * 0,5 * 0,5 = 0,125$

$3 \rightarrow 5 \rightarrow 7 \rightarrow 11$  sukulaisuusaste  $0,5 * 0,5 * 0,5 = 0,125$

Eläimen 3 sukulaisuusaste nykypopulaatioon (yksilöt 9-13) on  $(0,25 + 3 * 0,125) / 5 = 0,125$



Kuva 1. Esimerkkisukupuu geneettisen kontribuution estimointiin sukupuutiedoista, mukailen Boichard ym. (1997).

#### 4 TUTKIMUKSEN TAVOITTEET

Tämän maisterintutkielman tavoitteena oli tarkastella suomenhevosen geneettisen monimuotoisuuden tilaa sukupuuaineiston avulla, keskittyen nykypopulaation (vuosien 2000 ja 2021 välillä syntyneiden yksilöiden) geneettisen vaihtelun tasoon ja sukulaisuuteen. Tutkielmassa

selvitettiin sukusiitosasteen, sukulaisuuden sekä tehollisen populaatiokoon ja sukupolvien välisen ajan muutoksien lisäksi nykypopulaatioon suurimman geneettisen vaikutuksen antaneita yksilöitä sekä tällä hetkellä käytössä olevien jalostusorien sukulaisuutta tämän hetken populaatioon.

## 5 AINEISTO JA MENETELMÄT

### 5.1 Aineisto

Aineisto tutkielmaan saatiin keväällä 2022 Suomen Hippos Ry:ltä ja se käsitti kaikki Suomessa vuosien 1864–2021 välillä rekisteröidyt suomenhevoset (yhteensä 88 782 kpl). Saadusta aineistosta poistettiin hevoset, joiden roduksi oli merkitty kylmäverinen tai risteytys, tai joiden rotumerkintä puuttui kokonaan (18 kpl). Tämän jälkeen poistettiin aineistosta vielä yksi yksilö, jonka emä oli merkitty toisaalla myös isäksi, sekä 25 yksilöä, joiden isä tai emä oli aineiston mukaan syntynyt jälkeläisensä jälkeen. Tämän jälkeen käsiteltäväksi aineistoksi jäi 88 738 vuosien 1864 ja 2021 välillä syntyneitä rekisteröityä suomenhevosta. Lopullisessa aineistossa tammoja oli 57,3 % ja oreja tai ruunia 42,7 % (Taulukko 1). Analysoitavassa aineistossa oli eläimen uniikki tunnusnumero, isän ja emän tunnusnumero, sukupuoli sekä syntymäaika.

Tarkasteltaessa nykypopulaation sukulaisuuksia ja esivanhempien kontribuutioita, aineistoa rajattiin niin, että nykypopulaatiota kuvaamaan käytettiin vuosien 2000 ja 2021 välisenä aikana syntyneitä hevosia (26 875 kpl). Vaikka suomenhevosen sukupolvien välinen aika onkin noin 13 vuotta, päädyttiin työssä käyttämään pidempää aikaväliä, sillä jalostuskäytössä ja näin ollen potentiaalisina vanhempina voivat olla huomattavasti tätä vanhemmatkin yksilöt. Erityisesti jalostukseen käytettävissä oreissa on edelleen jopa 1990-luvulla syntyneitä yksilöitä, eikä parikymppinen varsova tammakaan ole harvinaisuus.

Aineiston analyysit toteutettiin käyttämällä Relax2 -ohjelmaa (Strandén ja Vuori 2006). Aineiston käsittelyyn käytettiin myös R-Studio 1.4.1717 (©2009–2021 RStudio, PBC) sekä Microsoft Office Excel 365 (Microsoft Corporation, Redmond, WA, USA) -ohjelmistoja. Aineisto analysoitiin Relax2 -

ohjelmalla sekä käyttäen ”compact” -komentoa että ilman tätä. Tällä komennolla sukupuuta karsitaan niin, että käytettävästä aineistosta poistetaan yksilöitä, jotka voivat vääristää saatuja sukusiitosarvoja. Tällä komennolla aineistosta poistetaan yksilöt, joiden molemmat vanhemmat ovat tuntemattomia ja joilla on vähemmän kuin kaksi jälkeläistä. Samoin poistetaan kaikki ne eläimet, joilla on tuntematon vanhempi, eikä yhtään jälkeläistä. Nämä yksilöt voidaan poistaa, sillä niiden sukusiitosaste on nolla, eivätkä ne aiheuta jälkeläistensä kautta sukusiitoksen mahdollisuutta. Komennon vaikutus lopullisiin tuloksiin oli kuitenkin hyvin pieni. Muutamassa vanhemmassa ikäluokassa (1940–1950 luvuilla) oli prosenttien kymmenyksen ero sukusiitosasteissa. Lopullinen analyysi tehtiin ilman ”compact” -komentoa. Aineistoa tarkasteltaessa käytettiin myös ”update” -komentoa, jolla ohjelma poistaa aineistossa mahdollisesti olevat yksilöiden duplikaatit niin, että se ottaa laskennassa huomioon vain aineiston viimeisimmän eläinyksilön tunnusnumeron.

Taulukko 1 Suomenhevosaaineiston sukupuolijakauma

Sukupuoli	Frekvenssi	Prosenttiosuus
Orit / ruunat	37 924	42,7
Tammat	50 814	57,3
Yhteensä	88 738	100

## 5.2 Tutkittavat muuttujat

Tässä työssä tutkittavia muuttujia olivat: sukusiitosaste ja sen kehittyminen, sukupolvien välinen aika, tehollinen populaatiokoko, sukulaisuudet eri sukupuolten välillä, viimeisimmän ikäluokan sukulaisuudet keskenään sekä populaation merkittävimmät kantaeläimet eli isovanhempien kontribuutio. Lisäksi arvioitiin tämän päivän jalostuksessa käytettävien oriiden sukulaisuutta ikäluokan 2000–2021 tammoihin.

## 5.3 Menetelmät

### 5.3.1 Sukusiitoksen laskeminen

Sukusiitosaste (F) laskettiin RelaX2 -ohjelmalla käyttäen muokattua Meuwissen ja Luon (1992) luomaa algoritmia. RelaX2 laskee sukusiitosasteen myös yksilöille, joiden vanhemmat ovat tuntemattomia (Stranden ja Vuori 2006). Sukusiitosaste laskettiin kaikille eläimille. Sukusiitosastetta RelaX2:lla laskettaessa käytettiin komentoa "ecg". Tällä komennolla saatiin laskettua myös ekvivalenttien täydellisten sukupolvien lukumäärä ECG (Maignel ym. 1996), jonka avulla pystytään arvioimaan sukupolven syvyyttä ja tarvittaessa rajaamaan tutkittavaa aineistoa sen mukaan. Ecg-komennolla voidaan myös estimoida tehollinen populaatiokoko. Jotta sukusiitoksen muutoksen arvioimiseen saatiin mahdollisimman luotettava aineisto, laskettiin vuosittaiset keskimääräiset sukusiitosasteet käyttäen vain yksilöitä, joiden ECG-arvo oli 5 tai enemmän. Näitä yksilöitä oli aineistossa yhteensä 69 415, joista oreja tai ruunia oli 33 497 ja tammoja 35 918. Vuosittaiset keskimääräiset sukusiitosasteet laskettiin käyttämällä R-Studio-ohjelmistoa.

### 5.3.2 Sukulaisuusasteen kehitys

Viimeisimmäksi ikäluokaksi valittiin vuosien 2000 ja 2021 välillä syntyneet hevoset, sillä nämä yksilöt ovat potentiaalisessa lisääntymisiässä ja kuvaavat melko kattavasti suomenhevosten nykypopulaatiota. Keskimääräiset sukulaisuudet laskettiin koko ikäluokalle sekä jokaisena vuonna syntyneille erikseen. Viimeisimmän ikäluokan keskimääräiset sukulaisuussuhteet laskettiin käyttäen ECG-rajasta (5 tai enemmän täydellisiä sukupolvia), mutta rajauksen merkitys oli lähes olematon, sillä vuoden 2000 jälkeen syntyneiden hevosten sukupolvien syvyys ylitti yhtä hevosta lukuun ottamatta viisi sukupolvea.

Keskimääräiset sukulaisuudet tammojen ja oriiden välillä laskettiin sekä koko populaatiosta että ECG-rajatusta aineistosta (ECG 5 tai enemmän). Sukulaisuuksia tarkasteltiin vuosittain ja tarkoituksena oli selvittää, miten suomenhevosten keskimääräiset sukulaisuussuhteet eri sukupuolten välillä ovat muuttuneet.

### 5.3.3 Tehollinen populaatiokoko

Tehollinen populaatiokoko  $N_e$  on arvioitu Gutiérrez ym. (2009) laskentakaavan mukaisesti käyttäen laskennassa sukusiitosasteen muutosta ( $\Delta F$ )

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

Missä  $\overline{\Delta F}$  on keskiarvo jokaisen yksilön sukusiitosasteen muutoksesta. Yksittäisen yksilön  $i$  sukusiitosaste on  $F_i$ , jolloin yksilön  $i$  keskimääräinen sukusiitosasteen muutos  $\Delta F_i$  voidaan laskea kaavalla

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

Jossa  $t_i$  vastaa yksilön  $i$  kokonaisten sukupolvien määrää (Maignel ym. 1996). Tehollisen populaatiokoon muutosta voidaan tarkastella syntymävuosittain, sillä  $\Delta F_i$  -arvot on laskettu erikseen jokaiselle yksilölle.

Mikäli vanhempina olevien urosten ja naaraiden lukumäärä poikkeaa paljon toisistaan, voidaan tehollinen populaatiokoko arvioida käyttäen kaavaa

$$N_e = \frac{4N_m N_f}{N_m + N_f} \quad (4)$$

Jossa  $N_m$  on jalostukseen käytetyt urokset ja  $N_f$  jalostukseen käytetyt naaraat (Falconer 1985 s. 69). Teholliseen populaatiokokoon vaikuttaa eniten lukumäärien muutokset siinä sukupuolella, joita on vähemmän. Mikäli populaation jalostukseen käytettävien tammojen määrä nousisi esimerkiksi 2000 yksilöstä 3000 yksilöön, tehollinen populaatiokoko nousisi vain hieman. Jalostukseen käytettävien orien määrän nosto puolestaan nostaisi tehollista populaatiokokoa huomattavasti enemmän.

Samoin jalostusorien määrän huomattava pieneneminen saattaisi laskea tehollista populaatiokokoa ratkaisevasti (FAO 2013 s. 167). Jalostuseläinten määriin perustuva kaava yliarvioi tehollisen populaatiokoon määrän, sillä se ei huomioi jalostuseläinten keskinäistä sukulaisuutta eikä jälkeläisten vaihtelevia määriä. Tämän vuoksi suljetulle populaatiolle luotettavamman arvion antaa sukusiitosasteen muutokseen perustuvan kaavan käyttäminen arvioitaessa tehollista populaatiokokoa.

Tehollinen populaatiokoko  $N_e$  laskettiin viimeisimmälle ikäluokalle, eli vuosien 2000 ja 2021 välillä syntyneille hevosille. Viimeisimmässä 2000–2021 syntyneiden ikäluokassa oli 26 875 yksilöä, joita käytettiin tämän ikäluokan tehollisen populaatiokoon laskentaan. Jotta tehollisen populaatiokoon muutosta pystyttiin tarkastelemaan vuosittain, laskettiin lisäksi tehollinen populaatiokoko vuosittain kaikille ikäluokille erikseen.

#### 5.3.4 Sukupolvien välinen aika

Keskimääräinen sukupolvien välinen aika laskettiin koko aineistosta. Tämän lisäksi laskettiin sukupolvien välinen aika hevosille, jotka olivat syntyneet vuosien 1930 ja 1979 välillä, sekä hevosille, jotka olivat syntyneet vuosina 1980–2021. Tarkoituksena oli selvittää, onko sukupolvien välinen aika muuttunut suomenhevosen käyttötarkoituksen muutoksen myötä, eli mikä on viimeisen 40 vuoden aikana syntyneen ikäluokan sukupolvien välinen aika ja onko se muuttunut verrattaessa sitä koko populaatioon sekä ennen vuotta 1980 syntyneisiin.

#### 5.3.5 Nykypopulaation suurimman geneettisen vaikutuksen antaneet yksilöt

Suomenhevospopulaation geenien todennäköinen alkuperä määritettiin Relax2 -ohjelmalla, käyttäen Boichard ym. (1997) menetelmää geneettisen kontribuution arviointiin. Tässä tutkielmassa tarkasteltiin kokonaiskontribuutiota, joka kuvaa esivanhempien keskimääräistä vaikutusta tutkittuun ikäluokkaan. Ohjelma laskee esivanhempien kontribuution lisäksi tehollisen perustajajäsenten määrän ja tehollisen esivanhempien määrän. Koko suomenhevospopulaation esivanhempien vaikutuksen lisäksi määritettiin nykypopulaation, eli vuosien 2000 ja 2021 välisenä

aikana syntyneiden suomenhevosten perimään eniten vaikuttaneet yksilöt. Tämän lisäksi määritettiin erikseen vuosina 1980, 1990, 2000 ja 2021 syntyneiden perimään vaikuttaneet yksilöt.

### 5.3.6 Jalostukseen käytettävien oriiden sukulaisuudet populaatioon

Jalostukseen käytettävien oriiden sukulaisuutta viimeiseen ikäluokkaan tarkasteltiin käyttämällä Hippoksen Heila -palvelua, jossa on listattuna viimeisimmän viiden vuoden aikana jalostusarvosteltujen tai astuneiden suomenhevosoriiden tiedot. Näitä oreja oli listalla yhteensä 246 yksilöä (2022). Tällä listalla olevista hevosista selvitettiin niiden sukulaisuus viimeisimmän ikäluokan tammoihin ja luotiin erikseen lista oreista, jotka ovat vähiten sukua ikäluokan tammoille. Tarkastelussa ei otettu huomioon jalostukseen käytettyjä, jalostusarvostelemattomia oreja. Ikäluokkaan, joka on syntynyt vuosien 2000 ja 2021 välillä, kuului 13 524 tammaa. Sukulaisuus laskettiin RelaX2 -ohjelmalla käyttäen ”output relationship” -komentoa. Tämä komento laskee jokaisen orin sukulaisuuden jokaiselle tammalle erikseen. Näistä arvoista laskettiin R studio -ohjelmalla keskimääräinen sukulaisuus orin ja koko ikäluokan tammojen välille.

Tämän lisäksi työssä listattiin vuosien 2000 ja 2021 välillä syntyneiden hevosten käytetyimmät isäoriit, niiden jälkeläismäärät sekä sukulaisuus viimeisimmän ikäluokan tammoihin. Jälkeläismäärät tarkistettiin Heila jalostusjärjestelmästä ja sukulaisuudet laskettiin ”output relationship” -komentoa käyttäen Relax2:lla ja R studiolla. Lopuksi laskettiin vielä vuoden 2022 käytetyimpien jalostusoriiden sukulaisuudet vuosien 2000–2021 välillä syntyneisiin tammoihin.

## 6 TULOKSET

Kaikkien suomenhevosten rekisteröinti aloitettiin vuonna 1971. Sitä aiemmin suomenhevosten lukumäärien arviointi perustui oriiden astutus- ja varsamäärien tilastoihin sekä kantakirjahevosten ja kilpailuhevosten määrien tilastotietoihin. Ennen Euroopan Unioniin liittymistä, poistohevokset menivät yleensä teurastamoihin, joten teurastustilastoja seuraamalla voitiin melko luotettavasti arvioida poistohevosten määrä (Peltonen ym. 2007). Vuodesta 1978 alkaen rekisteröitävien

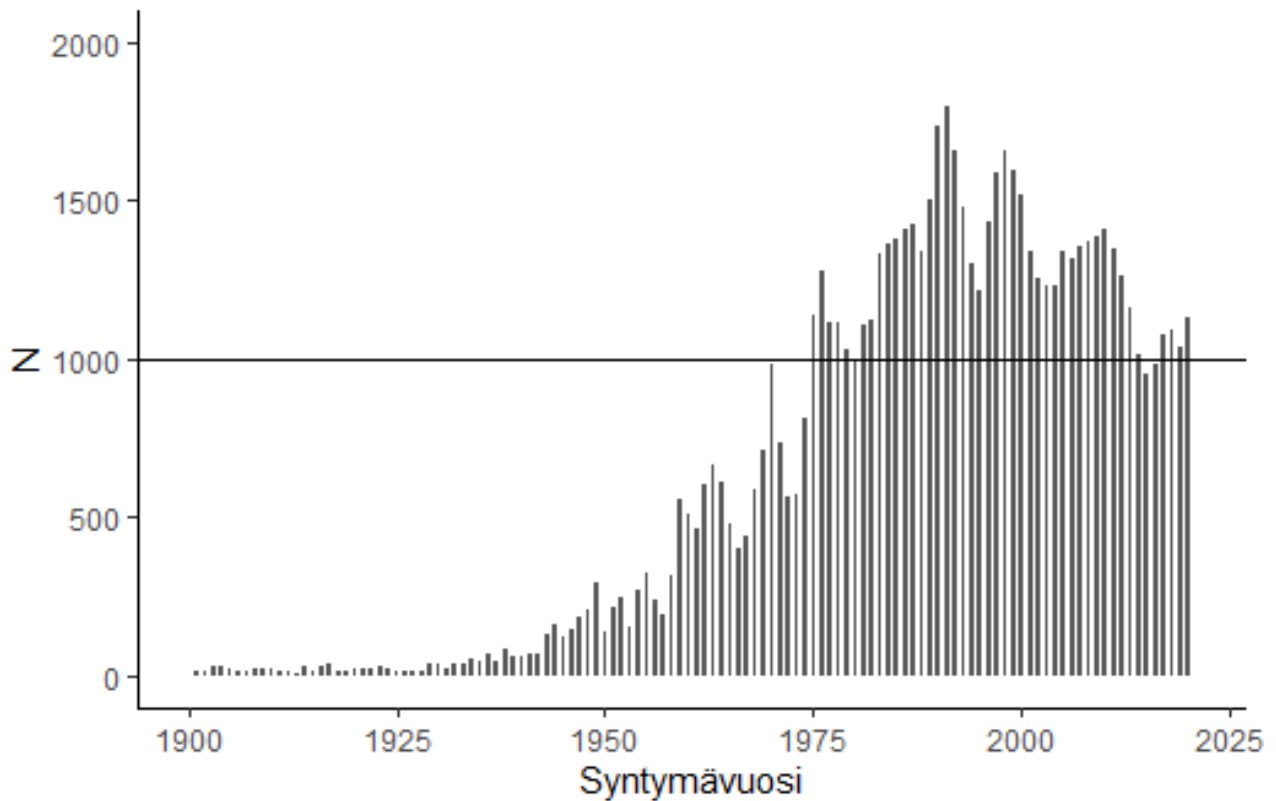
hevosten polveutuminen varmistettiin veriryhmien avulla, 1990-luvulla DNA-määrittelyin ja lisäksi vuodesta 2000 alkaen kaikki syntyvät varsat on merkitty mikrosiruin. Jo vuodesta 1971 alkaen rekisteriin merkittyjen hevosten vanhempien on oltava vähintään kolmessa polvessa merkittyinä suomenhevosten rekisteriin tai kantakirjaan (Ojala ym. 2007). Suomenhevoscannan kehitys Suomessa vuosien 1910 ja 2020 välillä, on esitetty taulukossa 2.

Taulukko 2. Suomenhevoscannan kehitys Suomessa vuosien 1910 ja 2021 välillä (Peltonen ym. 2007, Hippolis 2021).

Vuosi	Suomenhevosten lkm.
1910	297 100
1920	391 370
1930	356 650
1940	347 000
1950	408 800
1960	250 600
1970	89 800
1980	19 700
1990	15 900
2000	19 700
2005	19 310
2010	19 800
2015	19 200
2020	19 000
2021	19 000

Suomenhevosia rekisteröidään vuosittain hieman yli 1000. Alle tuhatta syntynyttä varsaa pidetään suomenhevosrodun geneettisen perimän monipuolisen säilymisen kannalta vaarallisen alhaisena. Alimmillaan syntyneiden varsojen määrä jäi vuonna 2015, jolloin syntyi ainoastaan 951 varsaa. Vuosittain rekisteröityjen suomenhevosten määrät ovat kuitenkin kasvaneet viime vuosien aikana ja vuodesta 2017 lähtien on jälleen saatu vuosittain yli 1000 syntynyttä suomenhevosvarsaa (Kuva 1).

Kuva 1. Rekisteröityjen suomenhevosten lukumäärä (N) vuosina 1900–2021.



### 6.1 Sukusiitoksen taso

Vuosittaiset keskimääräiset sukusiitosasteet laskettiin käyttäen aineistona vain niitä yksilöitä, joiden sukupolven syvyys oli viisi sukupolvea tai enemmän. Näin saatiin mahdollisimman luotettava aineisto sukusiitosasteen muutoksen arvioimiseksi. Ensimmäiset yksilöt, joiden täydellisten sukupolvien määrä oli viisi, olivat syntyneet 1930-luvulla. Yksilöiden määrät nousivat vuosittain niin, että vuonna 1971 jo yli 90 %:lla hevosista tiedossa oli vähintään viisi sukupolvea. Ikäluokalla 2000–2021 syntyneet, sukusiitosaste oli keskimäärin 4,5 %.

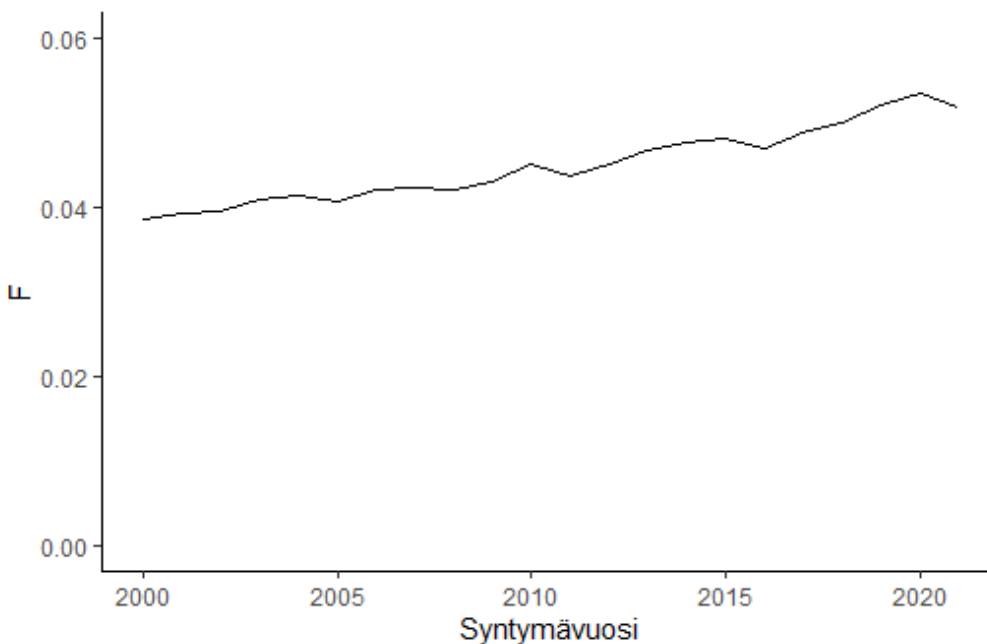
Taulukko 3. Keskimääräiset sukusiitosasteet ja sukusiitosasteen muutokset syntymävuosittain vuosien 2000–2021 välillä

Syntymävuosi	Sukusiitosaste (F)	Sukusiitosasteen muutos vuosittain ( $\Delta F$ )
2000	0,0385	0,0018
2001	0,0393	0,0008
2002	0,0395	0,0001
2003	0,0410	0,0015
2004	0,0414	0,0004
2005	0,0408	-0,0006
2006	0,0421	0,0013
2007	0,0422	0,0001
2008	0,0421	-0,0001
2009	0,0430	0,0009
2010	0,0452	0,0021
2011	0,0437	-0,0014
2012	0,0451	0,0014
2013	0,0467	0,0016
2014	0,0477	0,0010
2015	0,0482	0,0005
2016	0,0469	-0,0013
2017	0,0489	0,0020
2018	0,0500	0,0011
2019	0,0520	0,0020
2020	0,0533	0,0013
2021	0,0519	-0,0015

Keskimääräiset sukusiitosasteet ovat kasvaneet viimeisten vuosikymmenten aikana, mutta vuosittainen kasvu on ollut melko pientä. Vuonna 2000 keskimääräinen sukusiitosaste oli 3,85 %. Vuoden 2021 ikäluokassa keskimääräinen sukusiitosaste oli 5,19 % (Taulukko 3). Sukusiitosaste on kasvanut viimeisen kahdenkymmenen vuoden aikana siis noin 1,3 %. Aineistosta voidaan myös

todeta, että sukusiitosasteen keskimääräinen kasvu on pysynyt vuosien 2010 ja 2020 välillä (0,66 %) suhteellisen samana kuin vuosien 2000 ja 2010 välillä (0,67 %). Sukusiitosaste kasvoi selkeästi nopeammin vuodesta 1990 vuoteen 2000 ulottuvalla ajanjaksolla, jolloin kasvua oli 1,01 %. Sukusiitosasteen sukupolven aikana tapahtuva kasvu ei saisi ylittää 1 % (FAO 2013 s. 199). Suomenhevosen keskimääräinen sukupolvien välinen aika on noin 13 vuotta ja tänä aikana tapahtuva sukusiitosasteen kasvu on tällä hetkellä noin 0,97 %. Vuoden 2018 jälkeen keskimääräinen ikäluokittain laskettu sukusiitosaste on pysynyt 5 % yläpuolella. Kuvassa 2 on esitetty sukusiitosasteen kehittyminen vuosien 2000 ja 2021 välillä. Suljetuilla roduilla sukusiitosaste tulisi pyrkiä pitämään alle serkusparituksen, eli 6,25 %. Tarkasteltaessa yksittäisten hevosten sukusiitosasteita, todettiin, että aineistossa oli 4897 hevosta, joiden sukusiitosaste oli 6,25 % tai enemmän. Ainoastaan 622 yksilöllä sukusiitosaste oli yli 10 %. Suurin havaittu sukusiitosaste koko populaatiossa oli 39,2 %.

Kuva 2. Vuosittaisen keskimääräisen sukusiitosasteen F kasvu vuosien 2000 ja 2021 välillä

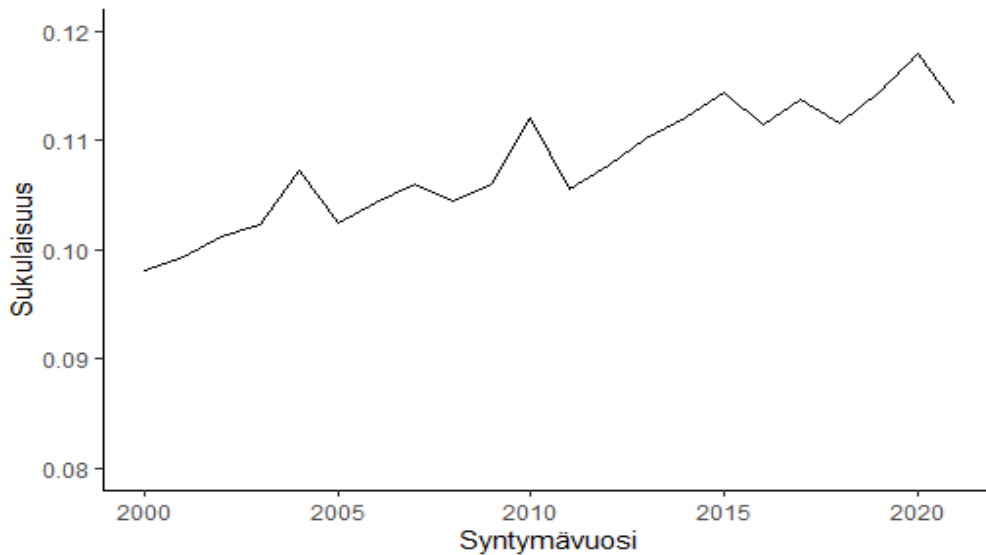


## 6.2 Sukulaisuusasteen kehitys

Eri sukupuolten väliset sukulaisuudet olivat 2000-luvun jälkeen syntyneillä yksilöillä samanlaiset huolimatta siitä, käytettiinkö sukupolvien rajausta (ECG 5 tai enemmän) vai laskettiin sukulaisuudet koko populaatiosta. Viimeisten kahdenkymmenen vuoden aikana syntyneiden hevosten sukutaulut ovat lähes poikkeuksetta tiedossa jo vähintään viiden sukupolven ajalta. Oriiden ja tammojen välinen sukulaistuminen on ollut kasvussa 2000-luvulta tähän päivään asti. Alhaisimmillaan sukulaisuusaste oli vuonna 2000 syntyneellä ikäluokalla, ollen 9,82 %. Vuoden 2013 jälkeen sukulaisuusaste sukupuolten välillä on pysynyt yli 11 %, joskin sukulaisuusasteen nousu on tasoittunut viimeisten vuosien aikana ja vuosien välillä on havaittavissa myös jonkin verran sukulaisuusasteen pienenemistä. Kuvassa 3 on esitetty koko populaation sukulaisuuden kehitys syntymävuosittain, mutta kuvaaja kuvaa myös sukupuolten välisen sukulaisuuden kehittymistä, sillä sukulaisuuksien erot mitattaessa koko populaatiosta / sukupuolten väliltä olivat prosentin sadasosan luokkaa.

Tarkasteltaessa koko viimeisimmän ikäluokan sukulaisuutta, käytettiin laskemiseen yksilöitä, jotka olivat syntyneet vuosien 2000 ja 2021 välillä. Näiden yksilöiden määrä oli 26 875 hevosta. Koko ikäluokan keskimääräinen sukulaisuus oli 10,5 %. Sukulaisuusastetta vuosittain tarkasteltaessa voitiin siis todeta 2000–2021 välillä syntyneiden hevosten sukulaisuuden olevan hyvin samanlainen eri vuosina syntyneillä, kuin tarkasteltaessa sukulaisuutta eri sukupuolten välillä. Hevosten sukulaisuusaste on noussut vuonna 2000 syntyneiden 9,8 prosentista aineiston viimeisen ikäluokan, vuonna 2021 syntyneiden, 11,3 prosenttiin (Kuva 3). Sukulaisuus on noussut vuosien 2000 ja 2021 syntyneiden ikäluokkien välillä keskimäärin 0,07 % vuodessa.

Kuva 3. Sukulaisuuden kehitys kaikilla vuosien 2000–2021 välillä syntyneillä hevosilla syntymävuosittain



### 6.3 Tehollinen populaatiokoko

Tarkasteltaessa vuosien 2000 ja 2021 välisenä aikana syntyneitä ikäluokkaa, todettiin tämän ikäluokan teholliseksi populaatiokooksi 93,5 yksilöä, keskivirhe tässä laskennassa oli 4,1. Tehollinen populaatiokoko on kuitenkin laskenut 2000-luvun aikana vuosituhannen alun ikäluokan 108,6 yksilöstä vuoden 2021 syntyneiden ikäluokan 94,6 yksilöön. Alimmillaan tehollinen populaatiokoko oli vuonna 2020 syntyneessä ikäluokassa, jolla se oli ainoastaan 91,2 yksilöä (Kuva 4). Suomenhevosen tehollinen populaatiokoko on kuitenkin pysynyt kaikissa ikäluokissa edelleen yli 50 yksilössä. Luonnonsuojelugenetiikassa 50–100 yksilön on katsottu olevan populaation minimikoko, jolloin populaatio selviää lyhytaikaisesti (Meuwissen 2009). Tällöin lisääntymiskyvyssä ei vielä näy suurempia ongelmia, eikä sukusiitoksen aiheuttamia ongelmia vielä näy populaatiotasolla. Geneettisen muuntelun säilyttämisen takia tehollisen populaatiokoon toivotaan kuitenkin olevan tätä suurempi (Meuwissen 2009).

Kuva 4. Suomenhevosen tehollinen populaatiokoko laskettuna syntymävuosittain



1930–1979	11,4	11,7	11,0	11,7	11,6	10,7	10,8
1980–2021	12,8	13,7	11,9	13,4	13,5	11,8	11,8
1864–2021	12,5	13,2	11,7	12,5	12,7	11,3	11,5

Koko populaatiosta polkumenetelmällä laskettu keskimääräinen sukupolvien välinen aika oli 12,5 vuotta. Sukupolvien välinen aika oli noussut 1,4 vuotta, verrattaessa vuosien 1930 ja 1979 välillä syntyneitä hevosia ja vuosien 1980–2021 välisenä aikana syntyneitä hevosia (Taulukko 4). Suurin muutos oli tapahtunut isän ja pojan välisen sukupolven välisen ajan välillä: 11,7 vuodesta 13,4 vuoteen. Emän ja jälkeläisen välillä sukupolvien välinen aika oli kasvanut tarkasteltavien ajanjaksojen aikana vähemmän, vain noin vuodella. Oriiden keskimääräinen sukupolvien välinen aika oli hieman pidempi kaikilla poluilla, kuin tammoilla. Ero oli vuosien 1930 ja 1979 välillä syntyneillä noin vuoden ja 1980–2021 välillä syntyneillä lähes kaksi vuotta.

### 6.5 Nykypopulaatioon suurimman geneettisen vaikutuksen antaneet yksilöt

Nykyisen suomenhevospopulaation perimään suurimman vaikutuksen ovat tehneet viisi oria: Murto, Eri-Aaroni, Suikku, Vokker ja Vieteri (Taulukko 5). Suurin osuus vuosien 2000 ja 2021 välillä syntyneisiin hevosiin tulee Murrosta, 14,2 %. Näiden viiden orin valta-asema nykypopulaation perimässä on vahva ja johtuu pitkälti siitä, että nämä hevoset kytkeytyvät kaikki sukunsa puolesta yhteen. Murto löytyy sekä Suikun, Vokkerin että Vieterin suvusta neljännessä tai viidennestä polvesta jokaiselta sekä emän että isän puolelta. Eri-Aaroni puolestaan on suoraan Murron poika. Suikku oli aikansa käytetyin suomenhevosori ja se vaikutti jalostuksessa vuodesta 1983 aina vuoteen 2004 saakka. Tänä aikana se ehti jättää 1240 jälkeläistä. Suikun vaikutus onkin nykypopulaatiossa edelleen suuri ja se takaa osaltaan sen, että Murron perimä vaikuttaa vielä tänä päivänäkin suuresti nykypopulaatiossa. Nykypopulaatioon suurimman geneettisen kontribuution antaneissa oreissa vain Lohdutus edustaa orilinjaa, josta ei löydy Murtoa. Lohdutus polveutuu oriista Eino, jonka muut orilinjat ovat jo kadonneet.

Taulukko 5. Oriiden suurimmat geneettiset kontribuutiot vuosina 2000–2021 syntyneillä sekä erikseen ikäluokilla 1980, 1990, 2000 ja 2021

Ori	1980	1990	2000	2021	2000–2021
Murto	0,1214	0,1318	0,1388	0,1427	0,1418
Eri-Aaroni	0,1263	0,1324	0,1423	0,1384	0,1395
Suikku	0,0000	0,0334	0,0803	0,1002	0,0912
Vokker	0,0050	0,0386	0,0638	0,0896	0,0816
Vieteri	0,0605	0,0679	0,0790	0,0724	0,0761
Toimi	0,0607	0,0659	0,0694	0,0714	0,0709
Hilu	0,0357	0,0494	0,0657	0,0621	0,0640
Lohdutus	0,0466	0,0563	0,0617	0,0622	0,0617
Erilo	0,0414	0,0496	0,0591	0,0640	0,0610
Vilperi	0,0583	0,0524	0,0550	0,0504	0,0541
Sopusointu	0,0531	0,0549	0,0573	0,0577	0,0576
Aromus	0,0475	0,0401	0,0412	0,0352	0,0378

## 6.6 Jalostukseen käytettävien oriiden sukulaisuudet populaatioon

Hippoksen Heila -palvelussa oli vuonna 2022 yhteensä 246 viimeisimmän viiden vuoden aikana jalostusarvosteltua tai jalostukseen käytettyä suomenhevosoria. Näistä oreista pienin sukulaisuus vuosien 2000 ja 2021 välillä syntyneisiin tammoihin oli oreilla Pikku-Laakeri ja Menni (sukulaisuusaste 4,0 %), Pikku-Laakeri on hyväksytty jalostukseen työ- ja käyttöhevossuunnalle ja sillä on 21 jälkeläistä (2022). Menni on hyväksytty jalostukseen pienhevossuunnalle ja vuonna 2022 sillä oli 14 jälkeläistä. Taulukossa 6 on listattuna näistä jalostusoreista 20 yksilöä, jotka ovat vähiten sukua vuosien 2000 ja 2021 välillä syntyneille tammoille. Huomionarvoista on, että näistä oreista vain yksi on hyväksytty jalostukseen juoksijasuunnalle. Näiden oriiden keskimääräinen jälkeläismäärä on vain 10,8 jälkeläistä oria kohden.

Taulukko 6. Jalostusarvostellut orit, jotka ovat vähiten sukua 2000–2021 syntyneille tammoille

Nimi	Sukulaisuusaste (%)	Jalostussuunta	Jälkeläisten lukumäärä
Pikku-Laakeri	4,0	Työ- ja käyttö	21
Menni	4,0	Pien	14
Isäntä	5,2	Työ	0
Pikku Verner	5,3	Pien	7
Ratsu Reima	5,5	Ratsu	15
Kaspar	5,6	Pien	0
Tuohivirsu	5,6	Työ	8
Knut	5,6	Ratsu	1
Savelan Hemuli	6,0	Ratsu	63
Rodrik	6,0	Ratsu	0
Vinkker	6,1	Juoksija	5
Vuohimäen Havu	6,2	Pien	10
Ypäjä Arska	6,3	Ratsu	9
Tihin Onni	6,3	Ratsu	8
Jules	6,4	Pien	3
Niisun Nestori	6,4	Ratsu	6
Jaaritus	6,4	Työ	26
Kuoppalan Humu	6,5	Pien	9
Johan	6,5	Pien	6
Voinokka	6,5	Pien	5

Kun tarkasteltiin 2000-luvulla syntyneen ikäluokan yleisimpiä isäoreja, käy hyvin ilmi nykypäivän suomenhevosen yleisin käyttötarkoitus: kaikki 20 eniten käytettyä oria on kantakirjattu juoksijasuunnalle. Listan ykkössijaa pitää Viesker, jonka sukulaisuus viimeisimpään ikäluokkaan on 15,2 % (Taulukko 7). Viesker ehti jättää koko jalostusuransa aikana 1505 jälkeläistä, jotka ovat syntyneet kolmen eri vuosikymmenen aikana. Näin ollen Vieskerin vaikutus tulee näkymään suomenhevospopulaatiossa vielä pitkään. Eniten käytetyistä oreista suurin sukulaisuus nykypopulaation tammoihin on orilla Turo (18,4 %). Turo on yksi oreista, jotka ovat jatkaneet aikanaan paljon käytetyn Suikun sukua eteenpäin. Suikun jälkeläisistä moni on menestynyt

raviradoilla hyvin, minkä vuoksi se esiintyy monen nykypäivän juoksijaorin sukutaulussa. Taulukon 7 jalostusoreista kuusi on suoraan Suikun jälkeläisiä ja lisäksi neljällä Suikku on toisessa polvessa.

Käytetyimmistä oreista matalin sukulaisuusaste nykypopulaation tammoihin oli orilla Cameron (10,1 %). Cameron on myös Suikun pojanpoika, ja vaikka sen isän puolen suku meneekin Murtoon sekä isän että emän puolelta, on sen emän puolen suku pääosin harvinaisempaa Lohdutus-linjaa, joka on ainoa linja, jossa Murtoa ei esiinny ollenkaan. Murron vaikutusta nykypopulaatioon kuvaa taulukko 8, jossa on listattuna viiden käytetyimmän suomenhevosorin sukulaisuus Murtoon. Murto esiintyy kaikilla viidellä hevosella vähintään 13 kertaa. Listan oreista Apassilla Murron kertaantuminen suvussa näkyy selvimmin. Sen emän puolen suvussa esiintyy seitsemään kertaan Murron poika, Eri-Aaroni. Murto itse esiintyy Apassin suvussa peräti 31 kertaa.

Taulukko 7. Käytetyimmät orit 2000–2021 syntyneiden ikäluokassa ja niiden jälkeläisten lukumäärä vuosien 2000–2021 aikana, sekä sukulaisuusaste saman ikäluokan tammoihin

Ori	Jälkeläisten lkm.	Sukulaisuusaste (%)
Viesker	1221	15,2
Liising	939	11,3
Turo	811	18,4
Sipori	570	12,9
Apassi	460	11,2
Hovi-Ari	387	15,6
Joihuri	360	10,3
Saran Salama	325	12,2
Suikun Ero	308	14,2
Costello	303	11,6
A.T. Eko	290	12,7
Jaanan Suikku	264	12,7
Frans	227	15,1
Rallaus	225	11,8
Cameron	225	10,1
Erikasson	221	11,3
K.M. Nopsa	219	12,0
Aoraus	204	12,1
Turon Into	197	13,2
Poika-Siro	194	10,4

Taulukko 8. Viiden käytetyimmän jalostusorin sukulaisuus Murtoon. Suluissa lisäksi esitetynä isän- ja emänpuolen polvet 10 polveen saakka, joissa Murto esiintyy (Heila Jalostusjärjestelmä 2022).

	Viesker	Liising	Turo	Sipori	Apassi
Murto 2306	(5+5+6+6+6+7) +	(6+6+7+7+7+7+7+8+8+8) +	(6+6+6+7+7+7+9) +	(6+6+6+7+7+7+9) +	(6+6+6+6+7+7+7+8) +
	(6+6+7+7+8+8+8+8+8)	(6+6+6+8)	(5+5+6+7+7+8+8)	(6+6+6+7+8+8)	(7+7+7+7+7+8+8+8+8+9+9+9+9+9+9+9+9+9+9+10+10+10)
Sukulaisuus Murtoon (%)	18,9	14,3	18,8	14,3	17,9

Vuonna 2022 suurimmat astutusmäärät (100 tammaa) keräsivät juoksijaoriit Kihisee ja Parvelan Retu. Parvelan Retu piti listan kärkisijaa jo kolmatta vuotta ja molempien oriiden vaikutus suomenhevosen jalostukseen tulee todennäköisesti myös tulevaisuudessa pysymään voimakkaana. Vuonna 2022 astutetuista tammoista lähtien ravikilpailuoikeuteen ovat oikeutettuja suomenhevosoriin 100 ensimmäisen tamman jälkeläiset. Enimmäismäärää on laskettu kahdellakymmenellä tammalla vuoden 2021 jälkeen. Kuten taulukosta 9 voi havaita, tammamäärän laskemisella ei ole suurta vaikutusta oriiden tasapuolisempaan jalostukseen käyttöön, sillä vain kaksi oreista olisi todennäköisesti ylittänyt tämän kiintiön.

Vuoden 2022 käytetyimpien juoksijas suunnan oriiden sukulaisuusasteen keskiarvo vuosien 2000–2021 välisenä aikana syntyneisiin tammoihin oli 12,4 %. Tämä on 0,3 % pienempi kuin vuosien 2000–2021 välisenä aikana käytetyimpien juoksijaoriiden (Taulukko 7) sukulaisuusasteen keskiarvo tähän tammaikäluokkaan. Korkeimmat sukulaisuusasteet (15,1 %) olivat hevosilla Vaellus ja Frans, jotka löytyvät listan viiden käytetyimmän oriin joukosta. Molempien orien suvuissa esiintyy kolme yleistä ns. valtaoria: Vokker, Suikku ja Vieteri vähintään kerran. Matalimmat sukulaisuudet ovat ratsu-, pien- ja työhevossuuntien oreilla. Matalin sukulaisuusaste (5,5 %) nykypopulaatioon oli ratsuoriilla Ratsu Reima. Tämän oriin suvussa ei ole yhtäkään nykypäivän juoksijapuolen käytetyimmistä oreista, ja Murron lisäksi orin suku polveutuu myös vahvasti Lohdutus-linjasta.

Taulukko 9. Vuonna 2022 eniten käytetyt jalostusorit, niiden astutuksien lukumäärät vuonna 2022 sekä sukulaisuusaste 2000–2021 syntyneisiin tammoihin.

Ori	Sukulaisuusaste (%)	Jalostussuunta	Jälkeläisten lkm.
Kihisee	0,112	Juoksija	100
Parvelan Retu	0,124	Juoksija	100
Evartti	0,119	Juoksija	67
Vaellus	0,151	Juoksija	54
Frans	0,151	Juoksija	52
Säihkeen Säpinä	0,115	Juoksija	46
Ville Kalle	0,126	Juoksija	46
Sipori	0,129	Juoksija	41
Costello	0,116	Juoksija	34
Riikin Taaleri	0,070	Pien	34
Ellin Sisu	0,111	Juoksija	34
Fiiling	0,133	Juoksija	32
Ratsu Reima	0,055	Ratsu	32
Taikatumma	0,087	Ratsu	29
Rannan Ruhtinas	0,082	Ratsu, työ	29
Välähdys	0,138	Juoksija	28
Herkko Hurmaus	0,071	Ratsu	27
Savelan Hemuli	0,060	Ratsu	26
Landen Paukku	0,111	Juoksija	23
Camri	0,104	Juoksija	22

## 7 TULOSTEN TARKASTELU

Geneettisen monimuotoisuuden tarkastelu sukupuudatan avulla sisältää heikkouksia, jotka voivat vaikuttaa tuloksien laatuun. Sukupuudatan puutteellisuus niin laadun kuin kattavuudenkin osalta voi vääristää saatuja tuloksia (Harder ym. 2005). Sukupuudatan avulla tehty analyysi ei myöskään huomioi geenien jakautumisen sattumanvaraisuutta, vaan analyysi toteutetaan todennäköisyyksiin pohjautuen. Vaikka tutkielmassani tarkasteltiin erityisesti isälinjoja ja jalostukseen vaikuttavien oriiden sukulaisuutta populaatioon, on toki huomioitava, että jälkeläinen perii puolet geeneistään myös emältään. Emälinjojen vaikutus sukulaistumiseen ei kuitenkaan ole niin merkittävä, sillä

yksittäisten tammojen jälkeläismäärät ovat pieniä ja jalostukseen käytettävien tammojen määrä on suuri verrattuna oreihin.

Suomenhevosen sukutaulutiedot ovat nykyaikaisen polveutumisen varmistamiseen perustuvan rekisteröinnin ansiosta erittäin kattavia. Puutteita sukutauluissa esiintyi lähinnä vain vanhimpien yksilöiden tiedoissa. Suurimmillaan sukupolvien syvyys oli aineistossa 13 sukupolvea ja laskennassa pääasiassa käytettyjä yksilöitä, joiden sukupolvien määrä oli yli 5 oli aineistosta 78,2 %. Vuosien 2000 ja 2021 välillä syntyneillä hevosilla yhtä yksilöä lukuun ottamatta kaikilla oli tiedossa vähintään viisi sukupolvea.

### **7.1 Sukusiitoksen ja sukulaisuuden kehitys**

Suomenhevosten sukusiitosaste on kasvanut melko tasaisesti viimeisten vuosikymmenten aikana. Sukusiitosasteen kasvu 2000-luvun ensimmäisen ja toisen vuosikymmenen aikana oli lähes yhtä nopeaa. Suurimmillaan kasvu oli kymmenen vuoden ajanjaksolla vuosien 1990 ja 2000 välillä. Suomenhevosten sukupolvien välinen aika oli noin 13 vuotta ja tänä aikana sukusiitosasteen kasvu alitti niukasti 1 %:n, jonka on todettu olevan maksimaalinen taso sukusiitosasteen nousulle sukupolvea kohden (FAO 2013 s. 199). Tulokset ovat hyvin samansuuntaisia, kuin aiemmin aiheesta tehdyissä tutkimuksissa (Oikarinen 2006, Sairanen ym. 2009, Ettala 2015). Aiempien tutkimusten valossa voidaan todeta sukusiitosasteen kasvamisen nopeutuneen selkeästi viime vuosikymmeninä. Immonen (1992) totesi sukusiitosasteen kasvun olleen vuosien 1975 ja 1988 välillä, eli yhden sukupolven aikana, noin 0,57 %. Vaikka sukusiitosasteen nousu pysyy edelleen maltillisella tasolla, eikä keskimääräinen ikäluokkien sukusiitosaste ylitä 6,25 % rajaa, jota korkeampia arvoja pidetään pitkällä aikavälillä uhkana geneettiselle monimuotoisuudelle, on kuitenkin huomioitava selkeä trendi sukusiitosasteen kasvussa.

Suomenhevonen ei ole ainoa hevosrotu, joka on joutunut kohtaamaan yhteiskunnan muutosten vaikutuksesta pullonkaulailmiöitä ja populaation geneettisen monimuotoisuuden vähenemisen uhkaa. Myös muita pohjoismaisia alkuperäisrotuja ja rotuja, joita on perinteisesti käytetty maanviljelyskäytössä ennen maatalouden koneellistumista, uhkaa populaation pieneminen tai jopa

koko rodun sammuminen. Esimerkiksi norjalaisten døle-hevosien ja nordland/lyngen -hevosien keskimääräiset sukusiitosasteet ovat varsin korkeita: rotujen noin 12 % sukusiitosaste lähenee jo samaa tasoa kuin puolisisarparitus (12,5 %) (Olsen ym. 2010). Matalampia sukusiitosasteita tavataan roduilla, joiden kantakirjat eivät ole suljettuja. Lisäksi myös rodun populaation koko ja levinneisyys vaikuttaa sukusiitosasteeseen. Saksalaisen hannover-rodun kantakirjaan pääsee hevonen, jonka suvussa on vähintään 50 % hannoveria, tai mikäli hevonen kuuluu johonkin hannover-liiton hyväksymään kantakirjaan (Finnish Hanoverian Society 2023). Hannoverin sukusiitosprosentti onkin huomattavan pieni, keskimäärin vain 1,33 % (Hamann ja Distl 2008).

Sukusiitostaantuma on usein seurausta voimakkaasta sukusiitoksesta. Erityisesti laukkakilpailuissa käytetyn englannin täysiverisen rodun perustajajäsenten pieni määrä ja menestyneiden isälinjojen suuri suosiminen jalostuksessa on johtanut sisäsiittoiseen populaatioon, jonka tehollinen populaatiokoko on pieni. Sukusiitos on rodun jalostuksessa hyvin yleistä ja kasvattajat yrittävät hyödyntää hyödyllisiä geenejä kertaamalla hyväksi todettuja isälinjoja useasti sukupuun viidessä polvessa (Hill ym. 2022). Rodulla on kuitenkin todettu vahva negatiivinen korrelaatio sukusiitoksen ja kilpailuissa menestymisen tai edes kilparadoille asti pääsemisen välillä (Todd ym. 2018). Rodun keskimääräisen sukusiitosasteen on todettu olevan 12,5 % (Cunningham ym. 2001).

Tarkasteltaessa suomenhevosten 2000–2021 syntyneiden orien ja tammojen sukulaisuutta keskenään, voitiin todeta sen olevan samanlainen kuin koko ikäluokan keskimääräisen sukulaisuuden, eli 10,5 %. Laskettaessa erikseen jokaisen vuosien 2000 ja 2021 välillä syntyneen yksilön keskimääräinen sukulaisuusaste toisiinsa, voidaan kasvun todeta olleen melko tasaista. Populaation urosten ja naaraiden keskimääräisen sukulaisuusasteen avulla voidaan ennustaa seuraavan sukupolven sukusiitosasteen tasoa. Mikäli pariutuminen on satunnaista, ennuste toteutuu. Verrattaessa toteutunutta ja ennustettua sukusiitosastetta toisiinsa, voidaan päätellä, onko jalostuksessa harjoitettu sukusiitosta vai pyritty välttämään sitä.

Ettala (2015) arvioi suomenhevosten eri jalostuslinjojen sukulaisuutta ja totesi juoksijas suunnan hevosilla olevan huomattavasti suurempi sukulaisuusaste kuin muiden suuntien hevosilla. Juoksijas suunnan hevosten sukulaisuus muuhun populaatioon noudatti kuitenkin samaa trendiä, kuin koko populaation sukulaisuusaste, joten juoksijalinja ei ole eriytynyt omaksi joukokseen muusta populaatiosta. Juoksijalinjan kasvava sukulaisuus tulee kuitenkin todennäköisesti

kasvattamaan koko populaation sukulaistumista tulevaisuudessa, mikäli juoksijalinjan jalostukseen käytettävien oriiden erisukuisuutta ei pystytä kasvattamaan.

## 7.2 Tehollinen populaatiokoko

Sukupuudataan perustuvan laskelman perusteella tehollinen populaatiokoko on edelleen pysynyt tasolla, jossa välitöntä vaara geenipoolin häviämisestä ja jalostuspohjan kutistumisesta ei ole, mutta viimeisimmän ikäluokan ja syntymävuosittain laskettujen tehollisten populaatiokokojen ollessa alle 100, on asiaan kuitenkin kiinnitettävä jatkossakin huomiota.

Koko populaatiosta laskettu tehollinen populaatiokoko on tässä tutkimuksessa samaa luokkaa, kun aiemmissa suomenhevosen geneettistä monimuotoisuutta käsittelevissä tutkimuksissa. Kvist ym. (2019) arvioivat SNP-datan avulla tehollisen populaatiokoon koko populaatiolla olevan 161. Kvist ym. tutkimuksessa tehollinen populaatiokoko laskettuna eri käyttölinjoille oli kuitenkin huomattavasti pienempi kuin tarkasteltaessa koko populaatiota. Todennäköisesti kantakirjaamattomien hevosten käyttö jalostuksessa voisi tuoda populaatioon lisää geneettistä vaihtelua.

Tehollisen populaatiokoon suuruus on kytköksissä populaation kokoon. Hevosroduilla, joiden populaatiokoko on suuri ja joiden kantakirjat eivät ole suljettuja, tehollinen populaatiokokokin on yleensä selvästi suurempi kuin populaatiokooltaan pienemmillä roduilla, joiden kantakirja on suljettu. Jo aiemmin mainittu saksalainen hannoverhevonen on lukumäärältään suurin eurooppalainen urheiluhevosenrotu. Vuosien 1980 ja 2000 välisenä aikana syntyi yli 167 000 hannovervarsoa (Hamann ja Distl 2008). Rodun tehollinen populaatiokoko oli Hamann'n ja Distl'n (2008) tutkimuksessa 372,34. Pohjoismaisista alkuperäisroduista monet ovat populaatiokooltaan hyvin pieniä. Islanninhevonen on kuitenkin poikkeus, sillä rotu on levinnyt laajasti Islannin ulkopuolelle ja koko populaation noin 180 000 yksilöstä alle puolet elää Islannissa. Rodun Islannissa elävä populaatio on kuitenkin myös sukulaistumassa. Rodun sukusiitosaste on noussut tasaisesti 2000-luvulle tultaessa ja tehollinen populaatiokoko puolestaan laskenut vuoden 1989 lasketusta 365 eläimestä 2001 vuoden 122 eläimeen (Kristjánsson 2017).

Muista pohjoismaisista hevosroduista norjalaisen vuonohevosen populaatio on myös pienentynyt viimeisten vuosikymmenten aikana. Vuonna 2010 norjanvuonohevosia rekisteröitiin noin 200 yksilöä vuodessa. Olsen ja Klemetsdahl (2010) selvittivät tutkimuksessaan keinoja, joilla rodun tehollista populaatiokokoa voitaisiin saada nostettua. Tehokkaimmiksi keinoiksi havaittiin nuorten oriiden jalostuskäytön lisääminen niin, että oreja hyväksyttiin ja käytettiin enemmän jalostukseen niiden kolmivuotiskaudella, jonka jälkeen ne suorittivat nelivuotisarvostelun, jossa jalostukseen käyttöoikeutta oli mahdollista jatkaa. Toinen tehokkaasti teholliseen populaatiokokoon vaikuttava asia oli oriiden jakaantuminen tasaisemmin tammoille, jolloin oriiden tammamääriä ehkä joudutaan rajoittamaan. Tärkeäksi koettiin myös nuorten oriiden jälkeläisten säilyttäminen mahdollisuuksien mukaan jalostuskäytössä, jolloin geenipohja saatiin pidettyä laajana.

Hevosjalostuksessa käytettävien oriiden määrä on tyypillisesti hyvin pieni verrattuna käytettyjen tammojen määrään. Suomenhevosen jalostuksessa on ongelmana pienten jalostusorimäärien lisäksi myös etenkin juoksijasuunnan jalostusoriiden suuri sukulaisuus toisiinsa nähden. Tehollisen populaatiokoon kasvattaminen toisi populaatioon lisää geneettistä monimuotoisuutta, mutta koska teholliseen populaatiokokoon vaikuttaa eniten lukumäärien muutokset siinä sukupuolella, joita on vähemmän, olisi jalostusoriiden lukumäärää pyrittävä nostamaan. Askel tähän suuntaan on suomenhevosjalostuksessa jo otettu, kun vuodesta 2022 alkaen työhevostyölinjat laajennettiin työ- ja käyttöhevoslinjaksi. Tämän laajennuksen toivotaan lisäävän kantakirjattavien suomenhevosien määrää, joka mahdollistaa tulevaisuudessa useamman orin käytön jalostuksessa.

### **7.3 Sukupolvien välinen aika**

Sukupolvien välinen aika on hevosella tyypillisesti pitkä verrattuna muihin eläinlajeihin, johtuen myöhäisestä sukukypsyydestä sekä usein jalostuskäyttöön siirtymisen myöhäisestä ajankohdasta. Eri hevostyyppien ja -rotujen välillä voidaan havaita eroja sukupolvien välisen ajan pituudessa. Tyypillisesti kylmäverisillä työhevostyyppisillä roduilla sukupolvien välinen aika on lyhyempi kuin urheiluhevosilla. Yhtenä syynä tähän on kylmäveristen hevosten käyttö lihantuotannossa. Kilpaurheilussa käytettävät lämminverirodut puolestaan siirtyvät jalostukseen usein myöhemmin saatuaan omia kilpailutuloksia ja vaikuttavat myös jalostuksessa kauemmin (Ablondi ym. 2018). Suomenhevosen sukupolvien välinen aika on muihin rotuihin verrattuna poikkeuksellisen pitkä.

Useimpien kylmäveristen työhevosrotujen sukupolvien välinen aika on noin 7–9 vuotta (Druml ym. 2009, Verrier ym. 2010) ja lämminverisistä esimerkiksi hannoverinhevosen 10,0 vuotta, lusitanon 10,3 vuotta ja quarterhevosten 10,8 vuotta (Hamann ja Distl 2008, Vicente ym. 2012, Faria ym 2018).

Suomenhevosen keskimääräinen sukupolvien välinen aika on noussut lähes kaksi vuotta verrattaessa ennen ja jälkeen 1980 luvun syntyneitä ikäluokkia. Mitä pidempään eläimet ovat jalostuskäytössä, sen pidempi tulee myös sukupolvien välinen aika olemaan. Keinosiemennyksen yleistyminen ja etenkin oriiden pitkä jalostukseen käyttöaika sekä myöhäinen jalostukseen siirtyminen ovat todennäköisesti olleet vaikuttavina tekijöinä sukupolvien välisen ajan pitenemiseen.

#### **7.4 Geneettiset kontribuutiot**

Murron ja poikansa Eri-Aaronin vaikutus tämän päivän suomenhevosen geeniperimään on kiistämättä suuri. Rodun perimään eniten vaikuttaneet hevoset ovat vahvoja juoksijapuolen periyttäjiä, mikä on odotettavaa, sillä suomenhevosen jalostus on jo vuosikymmeniä perustunut vahvasti juoksijalinjaisten hevosten jalostukseen. Vasta viime vuosikymmeninä ratsu- ja pienhevoslinjaisten hevosten jalostus on kasvanut niin, että voidaan jo puhua ”ratsu- tai pienhevossukuisista” hevosista. Etenkin Suikun ja Vokkerin runsas käyttö jalostuksessa 1970–1980 luvulta eteenpäin näkyy näiden orien vahvana vaikutuksena nykypopulaatioon. Tämän päivän suosituimmista juoksijalinjan jalostusoreista suuri osa polveutuu Suikkuun ja/tai Vokkeriin. Tällä on nyt ja todennäköisesti tulevaisuudessa voimakas vaikutus rodun sukulaistumiseen ja geneettisen monimuotoisuuden häviämiseen. 2020-luvulla suurimmat tammamäärät ovat saaneet juoksijaoriit Parvelan Retu ja Kihisee. Parvelan Retu polveutuu Vieteristä ja Kihisee Hilusta, jolloin näiden oriiden perimän osuus nykypopulaation perimästä tulee todennäköisesti nousemaan, mikäli astutustilastot pysyvät saman suuntaisina ja oriit jatkavat jalostuskäytössä pitkään.

Yksittäisen yksilön esiintyminen sukutaulussa useasti, voi aikaansaada positiivisia tai negatiivisia vaikutuksia jälkeläisen suorituskykyyn ja kilpailumenestykseen. Todd ym. (2018) tarkastelivat tutkimuksessaan australialaisen englannintäysveripopulaation sukusiitoksen vaikutuksia muun muassa kilpailumenestykseen ja kilpailu-uran pituuteen. Tutkimuksessa todettiin tiettyjen, runsaasti

kontribuovien kantaoriiden vaikuttaneen positiivisesti jälkeläisten suorituksiin ja kilpailu-uraan. Toisaalta taas tiettyjen oriiden runsas esiintyminen yksilön sukutaulussa, vaikutti negatiivisesti yksilön kilpailumenestykseen ja suorituskykyyn. Näiden negatiivisesti vaikuttaneiden kantaoriiden taustalla havaittiin useimmissa tapauksissa jokin terveyteen vaikuttava perinnöllinen ominaisuus tai sairaus tai vaihtoehtoisesti jokin käyttäytymispiirre, joka vaikutti negatiivisesti hevosen kilpailumenestykseen. Vaikka jalostukseen käytetty ori olisikin itse ollut menestyvä ja terve, saattaa näiden yksilöiden voimakas sukusiitos aikaansaada vahingollisen haitallisen alleelin esiintymisen homotsygoottina jälkeläisillä (Todd m. 2018).

Hill ym. (2022) tutkimuksessa osoitettiin lisäksi, että mikäli yksilöllä esiintyy sama esivanhempi useaan kertaan kauempana sukutaulussa, voi tällä olla jopa positiivisia vaikutuksia yksilön kilpailumenestykselle. Kuitenkin äskettäin sukutaulussa jaetut yhteiset esivanhemmat saavat puolestaan aikaan huomattavan negatiivisen vaikutuksen yksilön menestymiseen ja kelpoisuuteen laukkakilpailuissa. Homotsygoottisuusjaksot (Runs of Homozygosity, ROH) ovat genomien alueita, joissa yksilö on homotsygoottinen kaikissa kohdissa. Alueet syntyvät, kun kaksi kopiota esi-isän haplotyypistä esiintyvät yksilön genomissa ja ovat näin todennäköisempiä yksilöllä, joka on sukusiitetty. Pitkät ROH -jaksot ovat todennäköisesti peräisin äskettäisestä esi-isästä, kun taas lyhyemmät jaksot tulevat kaukaisemmalta esi-isältä (Curik ym. 2014). Tutkimuksessa epäiltiin lähimenneisyyden esivanhemmilta perittyjen pitkien ROH-jaksojen sisältävän suuremman osuuden haitallisia alleleja, jotka kumulatiivisena aiheuttavat sukusiitostaantumaa.

## **7.5 Jalostukseen käytettävien oriiden sukulaisuudet populaatioon**

2000-luvulla jalostukseen käytettyjen oriiden sukulaisuus nykypopulaation tammoihin vaihteli 4,0 % ja 18,4 % välillä. Huomionarvoista oli, että jalostukseen eniten käytettyjen oriiden listalla vasta sijalla 31 oli ensimmäinen muulle kuin juoksijasuunnalle kantakirjattu ori. Tämä ori oli ratsusuunnan jalostuksessa vaikuttanut ori Pilven-Poika. Eniten käytettyjen oriiden sukulaisuus ikäluokan tammoihin vaihteli 10,1 ja 18,4 % välillä. Sama trendi on nähtävissä myös tarkasteltaessa jalostukseen käytettyjä oreja, jotka ovat vähiten sukua nykypopulaation tammoille. Näistä kahdestakymmenestä orista vain yksi oli kantakirjattu juoksijasuunnalle. Tulokset noudattelevat

samaa linjaa aiempien tutkimusten kanssa, joissa on todettu juoksijasuunnan sukulaistumisen kasvavan muita suuntia voimakkaammin (Ettala 2015, Kvist ym. 2019).

Rodun sukulaistumiseen ovat todennäköisesti vaikuttaneet pieni, vain neljästä kantaorista polveutunut populaatio sekä nykypäivän jalostuskäytännöt, joissa jalostukseen käytettävät tammammat jakautuvat hyvin pienelle joukolle oreja. Oriiden, jotka olivat vähiten sukua nykypopulaation tammoille, jälkeläismäärät olivat yleisesti ottaen pieniä, mikä havainnollistaa sitä tosiasiaa, että valtaosa jalostukseen käytettävistä oreista kuuluu juoksijalinjan valtasukuihin. Vuodesta 2022 oriiden enimmäistammamäärää laskettiin vuosittaisesta 120 tammamman enimmäismäärästä sataan tammaan/vuosi, joskaan tämä rajaus ei vaikuta kuin 1–2 orin vuosittaisiin astumismääriin, sillä esimerkiksi vuonna 2022 vain kaksi oria ylsi tähän enimmäismäärään. Jalostukseen käytettävien oriiden lukumäärä jalostussuunnittain on myös pieni (juoksijasuunta 127 oria, ratsusuunta 58 oria, pienhevossuunta 29 oria ja käyttö/työhevossuunta 11 oria (Heila jalostusjärjestelmä 2022)), ja oriiden suvussa esiintyy runsaasti yhteisiä esi-isiä, kaikki nämä tekijät yhdessä aikaansaavat nykypopulaation sukulaistumisen kasvun voimistumista.

## **8 JOHTOPÄÄTÖKSET**

Suomenhevosen kantakirja suljettiin vuonna 1907. Suljettuun rotuun ei pääse uutta geneettistä ainesta, joten sukulaistuminen ja populaation sukusiitosasteen nousu ovat pitkällä aikavälillä väistämättömiä. Sukulaistuminen saa aikaan geneettisen monimuotoisuuden pienenemistä ja jopa ominaisuuksien katoamista. Korkea sukusiitosaste voi myös johtaa sukusiitostaantumaa, jolloin sillä on vaikutuksia yksilön hedelmällisyyteen ja elinvoimaan. Vaikka yksilön korkea sukusiitosaste itsessään ei ole haitallista muille kuin mahdollisesti yksilölle itselleen, on kuitenkin muistettava, että jatkuva sukusiitettujen yksilöiden paritus johtaa rodun sukusiitosasteen nousuun. Vaikka suljetulla rodulla sukulaistuminen onkin väistämätöntä, on siihen mahdollista vaikuttaa oikeanlaisilla jalostuskäytännöillä. Sukulaistumista rodussa voi olla vaikea pysäyttää, mikäli se on päässyt kasvamaan suureksi.

Suomenhevosen keskimääräinen sukusiitosaste on jatkanut kasvamistaan ja vaikka sukusiitosasteen muutos sukupolvea kohden onkin vielä tällä hetkellä alle ns. kriittisen rajan, alkaa se kuitenkin lähestyä tasoa, jossa rodun geneettinen monimuotoisuus katsotaan vaarantuneeksi. Myös sukulaisuusaste rodussa on kasvanut ja etenkin nykypopulaation sukulaisuus toisiinsa on merkittävää.

Vaikka rodun sukulaistumisessa ei ole tapahtunut viime vuosina erityisen nopeaa kehitystä, vaan sukulaistuminen on jatkanut melko tasaista nousua, on tämä kuitenkin huomioitava, jotta asiaan voi vielä pyrkiä vaikuttamaan. Rodun geneettisen monimuotoisuuden turvaamiseksi olisi tulevaisuudessa mietittävä keinoja erityisesti jalostuskäytössä olevien oriiden lukumäärän kasvattamiseksi ja toisaalta astutuksien jakamiseksi tasaisemmin oriiden kesken.

Rodun säilyminen on ollut pitkälti suomenhevosen ravikäytön ansiota. Ravihevosjalostuksen päämääränä on menestyvä, suorituskykyinen hevonen, joten on ymmärrettävää, että jalostuksessa halutaan käyttää hyväksi periyttäjäiksi tunnistettuja jalostusyksilöitä ja isälinjoja. Tiettyjen, usein toisilleen läheistä sukua olevien, oriiden suosiminen on kuitenkin tällä hetkellä suurin yksittäinen syy suomenhevosen sukusiitosasteen ja sukulaistumisen kasvuille. Tulevaisuudessa olisi tärkeää saada astutusmäärät jaettua tasaisemmin oriiden kesken. Yhtenä keinona on rajoittaa yksittäisten jalostusoriiden astutusmääriä entisestään. On kuitenkin huomioitava, että tämä voi johtaa siihen, että astutus jätetään kokonaan tekemättä ja syntyvien varsojen määrä laskee entisestään. Hevosalan toimijoiden taloudellinen panostus hevoskasvatukseen vaihtelee yhteiskunnan vallitsevan tilan mukaan, jolloin se heijastuu myös suoraan vuosittain syntyvien suomenhevosten määrään. Vuosittain syntyvien suomenhevosvarsojen määrä on niin vähäinen, että jokainen syntyvä varsa on rodulle hyväksi sen suvusta riippumatta, joten syntyvien varsojen määrän pienenemiseen ei oikeastaan ole varaa.

Ruotsissa ja Norjassa on lähestytty kasvavan sukulaistumisen ongelmaa palkitsemisen kautta. Vuodesta 2024 alkaen Ruotsi ja Norja siirtyvät käyttämään sukusiitosasteeseen perustuvaa palkitsemiskäytäntöä kylmäveristen jalostus- ja ravikilpailutoiminnassa. Tarkoituksena on maksaa erillinen varsapalkkio jokaiselle syntyvälle varsalle, jonka sukusiitosaste on enintään 3,4 % seitsemän sukupolven syvyydeltä laskettuna. Lisäksi opetus- ja koelähdön suorittamisesta sekä kilpailumenestyksestä saa erillisen palkkion. Hyväksytyille jalostusoreille uusi käytäntö merkitsee

esimerkiksi sitä, ettei oriin omistajan tarvitse maksaa hyväksymismaksua orista, jolla on tietyn rajan alittava sukulaisuusaste hevoskantaan nähden (Sleipner 2023). Tämänkaltainen palkitsemiskäytäntö kannustaa hevosharrastajia ja -ammattilaisia kasvattamaan kylmäverirotuja, eikä vastaavaa pelkoa syntyvien varsojen määrän pienenemisestä ole kuin oriiden jalostukseen käyttöä rajoitettaessa ehkä olisi.

Yhtenä mahdollisuutena lisätä populaation geneettistä vaihtelua on lisätä tehollista populaatiokokoa. Teholliseen populaatiokokoon vaikuttavat eniten jalostuseläinten lukumäärien muutokset siinä sukupuoleessa, joita on vähemmän. Mikäli orimäärää kasvatetaan ja jalostukseenkäyttöoikeuden saa aikaisempaa helpommin esimerkiksi suvun perusteella, voi seurauksena olla perinnöllisen edistymisen hidastuminen. Tässä kohdin olisikin punnittava hyväksytäänkö hidastuminen, jos sen avulla saadaan populaation geneettistä monimuotoisuutta kasvatettua? Kuitenkin myös tulevaisuudessa on ehdottoman tärkeää kiinnittää ensisijaisesti huomiota rodun terveyteen, jotta sukulaistumisen myötä haitalliset sairaudet tai resessiivisestä mutaatiosta johtuvat terveyteen vaikuttavat ominaisuudet eivät pääse lisääntymään populaatiossa.

Suurin osa geneettisestä materiaalista menetetään ruunauksen yhteydessä. Hevonen ruunataan usein jo nuorena, sillä ruunauksen etuina on hevosen helpompi käsiteltävyys ja hevoselle itselleen stressittömämpi elämä. Vuonna 2022 raviradoilla kilpaili yhteensä 3124 hevosta, joista tammoja oli 56 %, ruunia 34 % ja oreja vain 10 % (Heppa-järjestelmä 2023). Juoksijapuolen suomenhevosilla ruunaaminen on hieman harvinaisempaa kuin lämminverisillä, sillä suomenhevosten suurimpaan tavoitteeseen, kuninkuusraveihin, saavat osallistua vain tammat ja oriit. Ratsu- ja pienhevospuolella ruunaaminen on todennäköisesti vielä yleisempää kuin ravipuolella. Viime aikoina on keskusteltu mahdollisuudesta, jossa ruunaamisen yhteydessä kerättäisiin ja säilöittäisiin lisäkivessiittiöitä, mahdollista myöhempää käyttöä varten. Tällä keinolla voitaisiin saada pidettyä geenipoolia laajempaan ja käyttää ruunatun yksilön siittiöitä esimerkiksi, kun hevonen on jalostusarvosteltu ja kerännyt ehkä tuloksia myös kilparadoilta. Lisäkivessiittiöiden hedelmällisyys on kuitenkin huomattavasti heikompaa kuin ns. normaalien siittiöiden (Peippo 2023).

Suomenhevosen geneettinen monimuotoisuus on sukupuudatan avulla mitattuna edelleen kohtalaisen hyvä. Viimeisten vuosien aikana populaation sukulaisuuden kasvu ei kuitenkaan ole hidastunut, vaan kasvaa edelleen melko tasaisesti. Vaikka välitöntä uhkaa geenipohjan nopealle

kaventumiselle ei ole, olisi kasvua kuitenkin pyrittävä hidastamaan mahdollisuuksien mukaan tehollista populaatiokokoa nostamalla. Tulevaisuudessa olisi tärkeää käyttää populaation eri oreja laajasti minimoimalla käytettävien oriiden välinen sukulaisuus.

## 9 KIITOKSET

Haluan kiittää Suomen Hippos ry:tä mielenkiintoisesta aiheesta sekä saadusta aineistosta tutkielmaani varten. Haluan myös kiittää ohjaajiani kotieläinjalostustieteen professori Pekka Uimaria ja yliopistonlehtori Katja Martikaista asiantuntevasta ja hyvästä ohjauksesta prosessin aikana. Kiitokset myös ohjaajalleni MMM agronomi Katri Sarviaholle avusta RelaX2-ohjelman kanssa.

## LÄHTEET

Ablondi, M., Vasini, M., Beretti, V., Superchi, P., & Sabbioni, A. 2018. Exploring genetic diversity in an Italian horse native breed to develop strategies for preservation and management. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 135: 450–459.

Back, S. 2021. Hevosen sukulaistuminen ja erisukuisuus – mitä meidän pitäisi tietää asiasta? Suomen Hippos ry. <https://www.hippos.fi/hevoskasvatus/jalostuksen-erikoisartikkeli/hevosen-sukulaistuminen-ja-erisukuisuus-mita-meidan-pitaisi-tietaa-asiasta/>. Viitattu 20.1.2023.

Bjelland, D. W., Weigel, K. A., Vukasinovic, N., & Nkrumah, J. D. 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. <https://doi.org/10.3168/jds.2012-6435>

Boichard, D., Maignel, L., & Verrier, É. 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genetics selection evolution (Paris)*, 29: 5–23.

- Collins, W. C., Songsasen, N. S., Vick, M. M., Wolfe, B. A., Weiss, R. B., Keefer, C. L., & Monfort, S. L. 2012. Abnormal Reproductive Patterns in Przewalski's Mares Are Associated with a Loss in Gene Diversity. *Biology of reproduction*, 86: 28–28.  
<https://doi.org/10.1095/biolreprod.111.092676>
- Cunningham, E. P., Dooley, J. J., Splan, R. K., & Bradley, D. G. 2001. Microsatellite diversity, pedigree relatedness and the contributions of founder lineages to thoroughbred horses. *Animal Genetics*, 32: 360–364.
- Curik, I., Ferenčaković, M., & Sölkner, J. 2014. Inbreeding and runs of homozygosity: A possible solution to an old problem. *Livestock Science*, 166: 26–34.
- Druml, T., Baumung, R., & Sölkner, J. 2009. Pedigree analysis in the Austrian Noriker draught horse: Genetic diversity and the impact of breeding for coat colour on population structure. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 126: 348–356.
- Ettala, A. 2015. Suomenhevosen geneettisen vaihtelun arviointi sukupuutiedoista. Pro gradu-työ. Helsingin yliopisto, maataloustieteiden laitos. 47s.
- Falconer, D. S. 1985. *Introduction to quantitative genetics*. 2. painos. Longman. 364s.
- FAO. 2013. *In vivo conservation of Animal Genetic Resources*. Animal Production and Health Division. Food and Agriculture Organization of the United Nations.  
<https://portals.iucn.org/library/sites/library/files/documents/Bios-Cons-Gen-040.pdf>. Viitattu 20.1.2023.
- Faria, R. A. S., Maiorano, A. M., Bernardes, P. A., Pereira, G. L., Silva, M. G. B., Curi, R. A., & Silva, J. A. I. V. 2018. Assessment of pedigree information in the Quarter Horse: Population, breeding and genetic diversity. *Livestock Science*, 214: 135–141.
- Finnish Hanoverian Society. 2023. <https://www.hannoveraner.fi/>. Viitattu 27.3.2023.
- Gutiérrez, J. P., 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.  
<https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2009.00810.x>

- Hamann, H., & Distl, O. 2008. Genetic variability in Hanoverian warmblood horses using pedigree analysis. *Journal of Animal Science*, 86: 1503–1513.
- Hasler, H., Flury, C., Menet, S., Haase, B., Leeb, T., Simianer, H., Poncet, P. A., & Rieder, S. 2011. Genetic diversity in an indigenous horse breed – implications for mating strategies and the control of future inbreeding. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 128: 394–406.
- Heila Jalostusjärjestelmä. Suomen Hippos ry. 2022. <https://heppa.hippos.fi/jalostus/>
- Heppa-järjestelmä. Suomen Hippos ry. 2023. Hevosten ravitilastot. <https://heppa.hippos.fi/heppa/statistics/RacingStatisticsHorse.html>. Viitattu 17.3.2023.
- Hippolis. 2021. Hevostalous lukuina 2021. <http://www.hippolis.fi/site/wp-content/uploads/Hevostalous-lukuina-2021-LOPULLINEN.pdf>. Viitattu 20.3.2023.
- Hill, E. W., Stoffel, M. A., McGivney, B. A., MacHugh, D. E., & Pemberton, J. M. 2022. Inbreeding depression and the probability of racing in the Thoroughbred horse. *Proceedings of the Royal Society. B, Biological Sciences*, 289: 20220487–20220487.
- Johansson, R. 2014. Alkuperäisrotu. Teoksessa: Savikko, S. (Toim.). Suomenhevonen -Arjen sankari. Somerniemi, Amanita ltd.
- Juga, J., Maijala, K., Mäki-Tanila, A., Mäntysaari, E., Ojala, M., & Syväjärvi, J. 1999. Kotieläinjalostus 1. painos. Jyväskylä, Gummerus Kirjapaino.
- Kansallinen geenivaraohjelma. 2017. Eläingenivarat. <https://portal.mtt.fi/portal/page/portal/www/Tietopaketti/Eläingenivarat>. Viitattu 22.11.2022.
- Kristjánsson, P. 2017. Horse breeding. Breeding leader seminar. 1.-3.12.2017, Reykjavík.
- Kvist, L., Niskanen, M., Mannermaa, K., Wutke, S., & Aspi, J. 2019. Genetic variability and history of a native Finnish horse breed. *Genetics selection evolution*, 51.1: 35–35.
- Mabunda, R. S., Makgahlela, M. L., Nephawe, K. A., & Mtileni, B. 2022. Evaluation of Genetic Diversity in Dog Breeds Using Pedigree and Molecular Analysis: A Review. *Diversity*, 14. <https://doi.org/10.3390/d14121054>

- Maijala, K. 2007. Suomenhevosen monimuotoisuuden säilyttäminen. Teoksessa: Saastamoinen, M. (Toim.). Suomenhevonen. Suomen Hippos ry. Jyväskylä, Gummerus Kirjapaino. s. 81-90.
- Meuwissen, T. 2009. Genetic management of small populations: A review. *Acta Agriculturae Scandinavica. Section A, Animal Science*, 59: 71–79.
- Meuwissen, T & Luo, Z. 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations [algorithm]. *Genetics Selection Evolution*, 24: 305–313.
- Niskanen, M. 2022a. Kesyhevosen alkuperä, leviäminen ja koon muutos. Teoksessa: Hemmann, K. (Toim.). Suomenhevosen maa. Suomen Hevosurheilulehti Oy. s. 16–21.
- Niskanen, M. 2022b. Suomalainen hevonen ja suomenhevonen 1800-luvulla ja 1900-luvun ensimmäisen puoliskon aikana. Teoksessa: Hemmann, K. (Toim.). Suomenhevosen maa. Suomen Hevosurheilulehti Oy. s. 24–29.
- NordGen. 2023. Suomenhevonen. <https://www.nordgen.org/fi/vara-lantrasdjur/suomenhevonen/>. Viitattu 27.3.2023.
- Oikarinen, H. 2006. Muutokset suomenhevosen geneettisessä rakenteessa. Pro gradu -työ. Helsingin yliopiston kotieläintieteen laitos. 53 s.
- Ojala, I. 2007. Suomalainen hevonen ja suomenhevonen sotilashevosenä. Teoksessa: Saastamoinen, M. (Toim.). Suomenhevonen. Suomen Hippos ry. Jyväskylä, Gummerus Kirjapaino. s. 17–33.
- Ojala, M., Peltonen, T., & Saastamoinen, M. 2007. Suomenhevosen jalostus. Teoksessa: Saastamoinen, M. (Toim.). Suomenhevonen. Suomen Hippos ry. Jyväskylä, Gummerus Kirjapaino. s. 127-162.
- Olsen, H. F., & Klemetsdal, G. 2010. Management to ensure effective population size in a breeding programme for the small Norwegian horse breeds—A simulation study. *Acta Agriculturae Scandinavica. Section A, Animal Science*, 60: 60–63.

- Olsen, H. F., Klemetsdal, G., Ruane, J., & Helfjord, T. 2010. Pedigree structure and genetic variation in the two endangered Norwegian horse breeds: Døle and Nordland/Lyngen. *Acta Agriculturae Scandinavica. Section A, Animal Science*, 60: 13–22.
- Peippo, J. 2023. Suomenhevosen säilytystoimet. NordGen. Wiestin päivä, 9.3.2023, Kangasala.
- Peltonen, T. 2014. Kantakirjahevonen. Teoksessa: Savikko, S. (Toim.). Suomenhevonen -Arjen sankari. Somerniemi, Amanita ltd. 87–99.
- Peltonen, T., Maijala, K., & Perttunen, E. 2007. Monipuolinen suomenhevonen -nykypäivää ja tulevaisuutta. Teoksessa: Saastamoinen, M. (Toim.). Suomenhevonen. Suomen Hippos ry. Jyväskylä, Gummerus Kirjapaino. s. 65–90.
- Peltonen, T., & Saastamoinen, M. 2007. Suomenhevosen alkuperä ja historia—Kehittyminen omaksi roduksi. Teoksessa: Saastamoinen, M. (Toim.). Suomenhevonen. Suomen Hippos ry. Jyväskylä, Gummerus Kirjapaino. s. 9–15.
- Perttunen, E. 2007. Suomenhevosen värit. Teoksessa: Saastamoinen, M. (Toim.). Suomenhevonen. Suomen Hippos ry. Jyväskylä, Gummerus Kirjapaino. s. 108–124.
- Petersen, J. L., Mickelson, J. R., Cothran, E. G., Andersson, L. S., Axelsson, J., Bailey, E., Bannasch, D., Binns, M. M., Borges, A. S., Brama, P., Machado, A. da C., Distl, O., Felicetti, M., Fox-Clipsham, L., Graves, K. T., Guerin, G., Haase, B., Hasegawa, T., Hemmann, K., ... McCue, M. E. 2013. Genetic Diversity in the Modern Horse Illustrated from Genome-Wide SNP Data. *PLoS One*, 8.
- Sairanen, J., Nivola, K., Katila, T., Virtala, A.-M., & Ojala, M. 2009. Effects of inbreeding and other genetic components on equine fertility. *Animal*, 3: 1662–1672.
- Saranpää, K. 2014. Kuninkuusravien 90 vuotta. Teoksessa: Savikko, S. (Toim.). Suomenhevonen—Arjen sankari. Somerniemi, Amanita ltd. 275–343.
- Sild, E., Rooni, K., Värvi, S., Røed, K., Popov, R., Kantanen, J., & Viinalass, H. 2019. Genetic diversity of Estonian horse breeds and their genetic affinity to northern European and some Asian breeds. *Livestock Science*, 220: 57–66.

Sleipner. 2023. Avelschansningen – satsning för kallblodstravarens framtid.

<https://www.kallblodstravaren.se/arkiv/kallblodstravaren/2023/mars/inavelsdampande-atgarder/>. Viitattu 3.1.2023.

Solala, H. 2021. Suomalaisen hevosrodun synty, maatiaishevonen ja kotieläinjalostuksen kansainvälinen murros 1893–1907. Väitöskirja. Tampereen yliopisto.

Strandén, I., & Vuori, K. 2006. RelaX2: Pedigree analysis Program. 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, Brazil, Contribution, pp. 27-30.

Suomenhevosen jalostusohjelma. 2022. Suomen Hippos ry.

<https://www.hippos.fi/tiedostot/jalostusohjelma-suomenhevosest/>. Viitattu 13.10.2022.

Todd, E. T., Ho, S. Y. W., Thomson, P. C., Ang, R. A., Velie, B. D., & Hamilton, N. A. 2018. Founder-specific inbreeding depression affects racing performance in Thoroughbred horses. *Scientific Reports*, 8: 6167–10.

Toro, M. A., Meuwissen, T. H. E., Fernández, J., Shaat, I., & Mäki-Tanila, A. 2011. Assessing the genetic diversity in small farm animal populations. *Animal*, 5: 1669–1683.

Toro, M. A., Villanueva, B., & Fernández, J. 2020. The concept of effective population size loses its meaning in the context of optimal management of diversity using molecular markers. *Journal of animal breeding and genetics*, 137: 345–355. <https://doi.org/10.1111/jbg.12455>

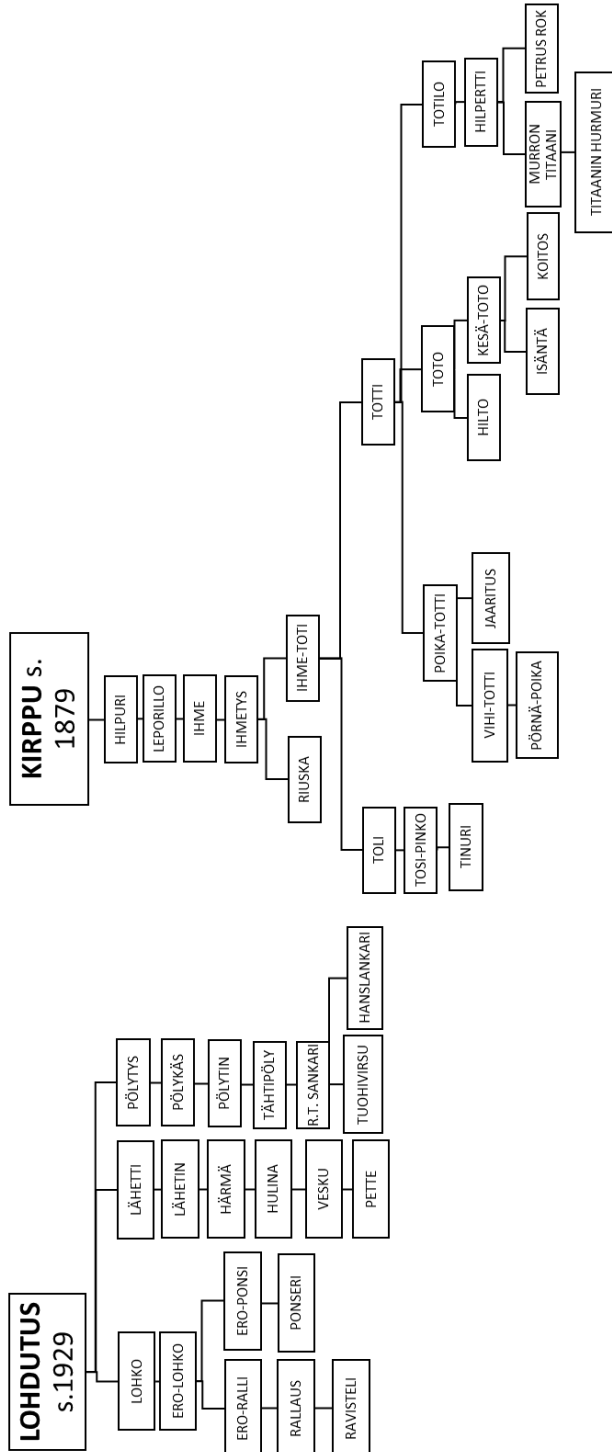
Verrier, É., Leroy, G., Blouin, C., Mériaux, J. C., Rognon, X., & Hospital, F. 2010. Estimating the effective size of farm animals populations from Pedigree or molecular data: A case study on two French draught horse breeds. 9th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production, Leipzig.

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 3: OREISTA LOHDUTUS (Yh 232) JA KIRPPU (Tt 710) POLVEUTUVIA ISÄLINJOJA



Muokattu Heila Jalostusjärjestelmän (2022) mukaan lähteestä (Ojala 2007).