

Itä-, länsi- ja pohjoissuomenkarjan
populaatiorakenne biokemiallisen ja
polymorfismin ja rungon mittojen
perusteella

Juha Kantanen

Helsingin Yliopisto
Kotieläinten jalostustieteen laitos

Helsinki 1991

Julkaisijat:

Kotieläinten jalostustieteen laitos, Helsingin Yliopisto, Viikki
Kotieläinjalostuslaitos, Maatalouden Tutkimuskeskus, Jokioinen

**Itä-, länsi- ja pohjoissuomenkarjan
populaatiorakenne biokemiallisen
polymorfismin ja rungon mittojen
perusteella**

Juha Kantanen

kotieläinten jalostustieteen
pro gradu-työ 1991

ISBN 951-45-6005-1

ISSN 0356-1429

Helsinki 1991

Yliopistopaino

Tiivistelmä

Tutkimuksen tarkoituksena oli selvittää, mitkä veriryhmäjärjestelmien alleelit ja proteiinivariantit ovat ominaisia Suomen alkuperäisille nautaroduille, itä-, länsi- ja pohjoissuomenkarjalle (ISK, LSK ja PSK). Verityypitysaineiston perusteella arvioitiin rotujen geneettinen tasapainotila, heterotsygotia-aste ja rotujen väliset geneettiset etäisyydet. Lisäksi tarkasteltiin ISK-, LSK- ja PSK-lehmien rungon ja raajojen mittoja. Tutkimusaineisto koostui kolmesta osasta. Veriryhmien ja -proteiinien tutkimusaineisto saatiin verityypitysmäärityksistä, jotka tehtiin 418 eläimen verestä Ok. Suomen Keinosiemennyskeskuksen veriryhmälaboratoriossa. Verinäytteet analysoitiin hemolyyttistä testiä käyttäen. Seerumiproteiinit määritettiin yksi- tai kaksisuuntaisella elektroforeesimenetelmällä. Rungon mittausaineistoa varten mitattiin 208 ISK-, LSK- ja PSK-lehmää. Aineistosta laskettiin 11 rungon mitan keskiarvot, hajonnat ja vaihtelukertoimet. Kiinteiden tekijöiden mallilla arvioitiin rodun, maantieteellisen alueen, tiineyskuukauden, poikimakerran ja karjantarkkailuun kuulumisen vaikutusta mittojen vaihteluun. Suomenkarjan karjantarkkailun tiedot vuosilta 1988–89 saatiin Maatalouden Laskentakeskuksesta. Tutkimusaineiston tarkkailuun kuuluvia lehmiiä voitiin pitää lähes edustavana otoksena koko sk-tarkkailuaineistosta vuoden 1989 tietojen osalta. LSK oli laskettujen 7 lokuksen perusteella geneettisessä tasapainotilassa. ISK ei ollut yhden eikä PSK kahden lokuksen osalta tasapainossa. Eri lokusten heterotsygotia-asteiden perusteella arvioituna ISK oli geneettisesti muuntelevin rotu. Sen heterotsygotia-aste oli korkeampi kuin muiden rotujen, koska se oli osittain jakautunut geneettisesti erilaisiin sukulinjoihin. Vähiten muuntelua ilmeni PSK:ssa. ISK:n, LSK:n ja PSK:n väliset geneettiset etäisyydet vaihtelivat arviointiin käytetyn lokusryhmän mukaan. Kahden veriryhmä- ja viiden proteiinijärjestelmän perusteella LSK:n ja PSK:n välinen etäisyys oli pienempi kuin LSK:n ja ISK:n. ISK:n ja PSK:n välinen etäisyys oli suurin arvioiduista. ISK:n, LSK:n ja PSK:n väliset etäisyydet olivat lähes yhtä suuria tai suurempia kuin ayrshiren ja friisiläisen välinen. Veriryhmä- ja proteiinijärjestelmien perusteella ISK, LSK ja PSK olivat kolme eri rotua. LS-varianssianalyysin mukaan LSK oli puhtaista roduista rungon mitoiltaan suurin ja PSK pienin. Etelä-Suomen alkuperäisrotujen lehmät olivat kookkaimpia ja Pohjois-Suomen pienimpiä. Alueelliset erot johtuvat mahdollisesti Pohjois-Suomen ympäristöolosuhteista, jotka ovat karjankasvatukselle epäedullisemmat. Tiineyskuukaudella, poikimakerralla ja karjantarkkailuun kuulumisella oli tilastollisesti erittäin merkitsevä ($p < 0.001$) vaikutus useimpien rungon mittojen vaihteluun.

Sisällys

1 Johdanto	1
2 Veren biokemiallinen polymorfismi	3
2.1 Naudan veriryhmäjärjestelmät	3
2.2 Eräitä naudan veren proteiineja	4
3 Naudan geneettinen muuntelu	6
3.1 Geneettisen muuntelun muodostuminen	6
3.2 Rotujen fylogeniikka	7
3.3 Populaation homotsygotian ja geneettisen tasapainon arviointi	7
4 Geneettisen muuntelun väheneminen rotujen välisesti	9
5 Geneettisen muuntelun väheneminen rotujen sisäisesti	10
5.1 Sukusiitoksen vaikutus	10
5.2 Geneettisen ajautumisen vaikutus	12
5.3 Valinnan vaikutus	14
6 Muuntelun säilyminen pienessä populaatiossa	16
6.1 Elävien eläinten säilytys	16
6.1.1 Esimerkkejä paritusjärjestelmistä	17
6.1.2 Esimerkki jalostusohjelmasta	18
6.2 Alkioiden pakastus	19
6.3 Munasolujen ja siittiöiden pakastus	20
6.4 DNA:n säilytys	21
7 Itä-, länsi- ja pohjoissuomenkarja esimerkkipopulaatioina	22
7.1 Tilastotietoa suomenkarjasta	22
7.2 Suomenkarjan geneettisiä erityispiirteitä	23
8 Tutkimusaineisto ja tutkimusmenetelmät	26
8.1 Tutkimusaineisto	26
8.1.1 Tutkitut rodut, eläinten polveutuminen ja maantieteellinen sijainti	26
8.1.2 Veriryhmätutkimustiedoston sisältö	29
8.1.3 Rungon mittaustiedoston sisältö	29
8.2 Verityypitysaineiston tutkimusmenetelmät	30

8.2.1	Suljettujen järjestelmien alleelifrekvenssien laskeminen ja geneettisen tasapainotilan arviointi	32
8.2.2	Muiden veriryhmäjärjestelmien fenotyyppi- ja alleelifrekvenssien laskeminen	32
8.2.3	Heterotsygotia-asteen ja geneettisen etäisyyden arviointi	33
8.3	Rungon mittaussaineiston tutkimusmenetelmät	34
8.3.1	Mittauskohdat	34
8.3.2	Aineiston käsittely	35
8.4	Karjantarkkailutulosten aineisto	37
9	Veriryhmätutkimusten tulokset	38
9.1	Suljettujen järjestelmien alleelifrekvenssit	38
9.1.1	F- ja R'-veriryhmäjärjestelmät	38
9.1.2	Postalbumiini (Pa)	38
9.1.3	Transferrini (Tf)	38
9.1.4	Post-transferrini 1 ja 2 (Ptf 1 ja Ptf 2)	39
9.1.5	α 1-proteaasi inhibiittori (Pi-2)	40
9.2	Geneettinen tasapainotila suljettujen järjestelmien perusteella	40
9.3	Avoimet järjestelmät	41
9.3.1	J-, L-, M-, T'- ja Z-veriryhmäjärjestelmien alleelifrekvenssit	41
9.3.2	B-veriryhmäjärjestelmä	42
9.3.3	C-, A- ja S-veriryhmäjärjestelmät	46
9.4	Eläinten väliset alueelliset erot	48
9.5	Isolaation (eristyneisyyden) vaikutus ISK-rodussa	49
9.6	Eri rotujen geneettinen muuntelu	50
9.7	Eri rotujen geneettinen etäisyys	50
10	Rungon mittojen tulokset	55
10.1	Rungon mittojen keskiarvot, hajonnat ja vaihtelukertoimet	55
10.2	Tutkittujen tekijöiden vaikutus rungon mittojen vaihteluun	57
10.2.1	Alueen vaikutus	57
10.2.2	Rodun vaikutus	57
10.2.3	Muiden tekijöiden vaikutuksia	59
10.2.4	Isän syntymävuoden vaikutus LSK-aineistossa	60
10.2.5	ISK-sonnien vaikutus	61
10.2.6	PSK:n emälinjojen vaikutus	66
10.3	Rungon mittojen väliset fenotyyppiset korrelaatiot	66

11	Maidontuotanto-ominaisuuksien keskiarvot, hajonnat ja vaihtelukertoimet	69
12	Tutkimustulosten tarkastelua ja johtopäätökset	71
	Kirjallisuus	75
	Liitteet	83
	Liite 1. Tutkittujen eläinten maantieteellinen sijainti	83
	Liite 2. Mittauskohdat	84
	Liite 3 . Ay- ja fr-eläinten alleelifrekvenssit (%)	85

Taulukot

1	Lisääntyvien naaraiden ja urosten lukumäärä vaikuttaa teholliseen populaatiokokoon.	11
2	Heterotsygotian menetys (%) alkuperäisestä heterotsygotiasta 1, 5, 10 ja 50 sukupolven kuluttua eri h^2 - ja N_e -arvoilla (SCHÜLER ja HERRENDÖRFER 1984)	14
3	Pakastettavien alkioiden määrä, kun tuotetaan alkionsiirto 25 fertiiliä hiehoa (BREM 1988).	20
4	Karjantarkkailuun kuuluneiden suomenkarjan lehmien osuus (%) kaikista tarkkailuun kuuluneista lehmistä neljän maatalouskeskuksen (maanviljelysseuran) alueella (ANON. 1949, 1953, 1961, 1967, 1972, 1976, 1981, 1986).	22
5	Suomenkarjan (Sk) määrän muutokset (ANON 1972, 1974, 1976, 1978, 1981, 1986, 1988b, 1989 ja 1990).	24
6	Tuotantotietoja suomenkarjasta (Sk) ja kaikista Suomen tarkkailulehmistä (Ty) (ANON. 1962, 1967, 1972, 1976, 1981, 1986, HELANDER 1990. Suullinen tiedonanto.)	24
7	Tutkimuksen eläinten rotu- ja sukupuolijakauma.	27
8	Puhdasrotuisten eläinten polveutuminen. Rungon mittaustuloksissa on ilmoitettu ainoastaan lehmien isät.	28
9	Testatut veriryhmätekijät	31
10	F- ja R'-veriryhmä- ja proteiinjärjestelmien alleelifrekvenssit (%) roturyhmittäin ja frekvenssierojen tilastollinen merkitsevyys.	39
11	Geneettisen tasapainon toteaminen	40
12	J-, L-, M-, T'- ja Z-järjestelmien alleelifrekvenssien arviot (%) ja frekvenssien keskivirheet	42
13	Fenotyyppien perusteella lasketut B-tekijäfrekvenssit (%)	44

14	B-alleeliryhmien frekvenssit (%) roduittain	45
15	C-veriryhmätekiöiden frekvenssit (%)	47
16	A-veriryhmän fenotyyppien frekvenssit (%) roduittain . .	47
17	A-veriryhmän alleeliden frekvenssit (%)	48
18	Eri rotujen S-veriryhmän fenotyyppien frekvenssit (%) . .	48
19	Alleelifrekvenssit (%) a_1 - ja a_2 -alueilla	49
20	Isolaation (eristyneisyyden) vaikutus alleelifrekvensseihin (%) ISK-rodussa	52
21	Rotujen heterotsygotia-aste (h ja H) (%)	53
22	Rotujen väliset geneettiset etäisyydet kolmea eri lokusryh- mää käyttäen.	53
23	ISK-, LSK- ja PSK-lehmien rungon mittojen keskiarvot (senttimetreissä), hajonnat ja vaihtelukertoimet	55
24	Rungon mittojen pienimmät ja suurimmat arvot (sentti- metrejä)	56
25	Alueen vaikutus rungon mittoihin. Luvut ovat poikkeamia LS-yleiskeskiaivoista	58
26	Rodun vaikutus rungon mittojen vaihteluun. Luvut ovat poikkeamia LS-yleiskeskiaivoista.	60
27	Tiineyden vaikutus rinnan ympärykseen ja leveyteen. Lu- vut ovat poikkeamia LS-yleiskeskiaivoista.	61
28	Poikimakerran vaikutus rungon mittoihin. Luvut ovat poik- keamia LS-yleiskeskiaivoista.	62
29	Karjantarkkailuun kuulumisen vaikutus. Luvut ovat poik- keamia LS-yleiskeskiaivoista.	63
30	ISK-sonnien vaikutus rungon mittoihin. Luvut ovat poik- keamia ISK-aineiston LS-yleiskeskiaivoista.	64
31	Isolaation (eristyneisyyden) vaikutus ISK:n rungon mittoi- hin. Luvut ovat poikkeamia ISK:n omien sonnien tyttären LS-yleiskeskiaivoista	65
32	Emälinjan vaikutus lehmien rungon mittojen vaihteluun PSK-aineistossa	67
33	Rungon mittojen väliset fenotyyppiset korrelaatiot	68
34	Tarkkailutulosten keskiarvot, hajonnat ja vaihtelukertoimet	70
35	Karjantarkkailutulosten vaihteluvälit	70
36	Eläinten jakauma (%) poikimakertojen mukaan	70

Kuvat

- 1 ISK:n, LSK:n ja PSK:n sekä LSK:n, ay:n ja fr:n välisiä geneettisiä etäisyyksiä kuvaavat dendrogrammit (lokusryhmät 1, 2 ja 3) 54

1 Johdanto

Kotieläimistä on kehitetty erilaisia rotuja. Rodulla tarkoitetaan samaan lajiin kuuluvaa eläinryhmää, jonka yksilöt poikkeavat rotuominaisuuksiltaan muista saman lajin eläinryhmistä. Sopeutuminen paikalliseen ympäristöön vaikutti rotuominaisuuksien syntyyn. Suurin osa jäljellä olevista nautaroduista poikkeaa alkuperäisestä, kesystä naudasta sekä luonteeltaan että tuotanto-ominaisuuksiltaan. Kesyjen eläinten perimä sisältää valtaosaltaan sellaisia geeniyhdistelmiä, jotka ovat luonnonolosuhteissa epäedullisia. Näitä geeniyhdistelmiä on toisaalta tarvittu ihmisen harjoittamassa kotieläintuotannossa.

Kesy nauta (*Bos taurus*) polveutuu 1600-luvulla sukupuuttoon kuolleesta alkunaudasta (*Bos taurus primigenius*). Täten naudan geeniaines on ainoastaan kesytetyissä nautaroduissa.

Kotieläinlajeja voidaan pitää geneettisesti eli perinnöllisesti monimuotoisena, jos lajista on olemassa useita erityyppisiä rotuja. Rotujen välisiä geneettisiä eroja voidaan tarkastella veriryhmäalleleiden ja eri proteiinien varianttien frekvenssien, rakenteellisten ominaisuuksien ja tuotantokyvyn perusteella. Ihminen on kaventanut kotieläinlajien geneettistä muuntelua hävittämällä kotieläinrotuja. Monet paikalliset rodut ovat lisäksi vaarassa kuolla sukupuuttoon.

Pienen, uhanalaisen rodun geneettinen monimuotoisuus kapenee muun muassa sukusiitoksen vuoksi. Uhanalainen rotu tarvitsee säilytysohjelman, jotta rodun geneettisiä erityisominaisuuksia ei menetetä. Säilytysohjelman perustaksi tarvitaan tutkimusta muun muassa rodun populaatiotirakenteesta ja ominaisuuksista.

Maamme alkuperäinen nautarotu, suomenkarja, jakaantuu itä-, länsi- ja pohjoissuomenkarjaan. Kielitieteen avulla on voitu päätellä, että esi-isillämme oli jo pari tuhatta vuotta sitten vaaleapäisiä kyyttöjä ja yksivärisiä sarvipäitä, joista itä- ja länsisuomenkarja polveutuvat (VILKUNA 1976). Yksi varhaisimmista Pohjois-Skandinavian karjaa kuvaavista kirjoituksista on vuodelta 1296. Lapin karjaa luonnehdittiin sarvettomaksi ja väriltään vaaleaksi tai vaaleankeltaiseksi (PELTOVUOMA 1916). Vuonna 1989 suomenkarjaa oli 9800 lehmää (ANON 1990). Suurin osa suomenkarjasta kuuluu länsisuomenkarjaan, sillä itä- ja pohjoissuomenkarjaa on jäljellä enää muutamia kymmeniä yksilöitä.

Tutkimuksen kirjallisuusosan perusteella selvitetään, miten naudan veriryhmiä ja veren proteiinijärjestelmiä voidaan hyödyntää tutkittaessa nautarotujen sukulaissuhteita ja homotsygotia-astetta. Lisäksi tarkastel-

laan geneettistä muuntelua supistavia tekijöitä ja menetelmiä, joilla voidaan säilyttää uhanalaisia rotuja ja niiden geenimateriaalia.

Tutkimusaineiston perusteella selvitetään, mitkä veriryhmäjärjestelmien alleelit ja proteiinivariantit ovat tyypillisiä itä-, länsi- ja pohjois-suomenkarjalle. Veritutkimusten perusteella arvioidaan näiden rotujen välisiä geneettisiä etäisyyksiä. Myös näiden rotujen tuotanto- ja rakennemuutoksia tarkastellaan.

2 Veren biokemiallinen polymorfismi

Veriryhmäjärjestelmät sekä punasolujen ja seerumin proteiinit ovat polymorfisia järjestelmiä. Polymorfismilla tarkoitetaan sitä, että populaatiossa esiintyy samanaikaisesti useita fenotyyppisiä tai geenejä. Vähälukuisimman muodon esiintymistaaajuus eli frekvenssi on niin suuri, että se ei johdu pelkästään toistuvista mutaatioista. Locus on polymorfinen eli muunteleva, kun yleisimmän alleelin taajuus ei ylitä 0.99:ä. (FALCONER 1981).

2.1 Naudan veriryhmäjärjestelmät

Naudan veriryhmätutkimuksissa edistytettiin 1940-luvulla, kun FERGUSON (1941), FERGUSON *ym.* (1942) ja STORMONT (1950) löysivät naudan verestä 40 erilaista veriryhmätekijää (faktoria) eli antigeenia. Tekijät saivat tunnuksikseen kirjaimet siten, että ensimmäisenä löydettyä veriryhmätekijää alettiin kutsua A:ksi, toisena havaittua B:ksi ja niin edelleen.

Yksilön veriryhmän määrävät veren punasolujen pintaan sijoittuneet glykoproteiinit, jotka antavat punasoluille niille tyypillisen pintarakenteen eli antigeeniominaisuuden. Veren seerumi sisältää vasta-ainetta eli agglutiniinia eli antibodia sitä antigeenia vastaan, jota yksilöllä ei ole. Seerumilla tarkoitetaan veren soluväliainetta eli plasmaa, josta on poistettu fibrinogeeni. Esimerkikiksi A-veriryhmään kuuluvalla ihmisellä on seerumissa anti-B:tä. Vasta-aine aiheuttaa vierastyypipisten punasolujen sakkautumisen eli agglutinaation (NEIMANN-SØRENSEN 1958).

Naudalta on löydetty yli 50 erilaista veriryhmätekijää (LARSEN *ym.* 1974). Uusien veriryhmätekijöiden löytyminen on mahdollista. Kunkin veriryhmätekijän periytymiseen vaikuttavat multippelit alleelit eli saman geenin useat muodot, jotka periytyvät kodominantisti. Kodominantit alleelit tuottavat heterotsygootissa kumpikin oman geenituotteen (SORSA *ym.* 1979). Naudan veriryhmätekijät muodostavat 11 veriryhmäjärjestelmää (A, B, C, F, J, L, M, S, Z, R' ja T'). Kunkin järjestelmän tekijöiden geenit sijaitsevat samassa kytkentäryhmässä. Nämä geenit ovat autosomaalisia eli sijaitsevat muissa kuin sukupuolikromosomeissa.

B-veriryhmäjärjestelmä sisältää eniten veriryhmätekijöitä. Veriryhmälaboratorion polveutumistarkistuksissa määritetään 24 B-tekijää. B-tekijöitä koodaavan DNA-osan pituus on 0.7 senttimorgania. Osa geeneistä sijaitsee kromosomeissa peräkkäin geeniryhmänä (GROSCLAUDE *ym.* 1979). Tämän takia yksilön fenotyypissä havaitaan tekijöiden muodostamia yhdistelmiä, jotka periytyvät vanhemmalta jälkeläiselle yhtenä kokonaisuutena (RUITERKAMP *ym.* 1977). Kromosomin sisäinen rekombi-

naatio luo uusia tekijäyhdistelmiä, ja tätä geenien kytkennän purkautumisen yleisyyttä käytetään geenien välimatkan mittana. GROSCLAUDEN ym. (1979) mukaan eri roduilla B-veriryhmätekiäjien geenikartta on samanlainen, koska kesyn naudan (*Bos taurus*) rodut polveutuvat samasta alkunaudasta. Nautaroduilla on havaittu enimmillään 200 erilaista tekijäyhdistelmää, joista ainoastaan noin 20:n yhdistelmän frekvenssi ylittää yhden prosentin.

C-veriryhmäjärjestelmä on geneettisiltä ominaisuuksiltaan B-järjestelmän kaltainen. Myös C-tekiäjät muodostavat yhdistelmiä, jotka periytyvät vanhemmalta jälkeläiselle yhtenä yksikkönä (GUÉRIN ym. 1981).

A-, B-, C-, J-, L-, M-, S-, Z- ja T'-veriryhmäjärjestelmiä kutsutaan avoimiksi järjestelmiksi. Näissä järjestelmissä yksilön genotyyppiä ei yleensä saada selville tarkastelemalla pelkästään yksilön fenotyyppiä, vaan genotyypin määrittämiseksi on tunnettava vanhempien tai jälkeläisten veriryhmät. Suljetuissa järjestelmissä, joita ovat muun muassa F- ja R'-veriryhmäjärjestelmät sekä useat veren polymorfiset proteiinit, genotyypit voidaan todeta suoraan fenotyypistä (LARSEN ym. 1974). Avoimessa järjestelmässä on dominanssi periytyminen ja suljetussa järjestelmässä kodominanssi.

2.2 Eräitä naudan veren proteiineja

Veriryhmien lisäksi verestä tutkittavia polymorfisia järjestelmiä ovat erilaiset proteiinit. Näitä ovat muun muassa seerumialbumiini, postalbumiini, transferriini, posttransferriini ja entsyymit. Näistä proteiineista esiintyy erilaisia proteiinityyppejä eli variantteja, jotka poikkeavat toisistaan aminohappokoostumukseltaan. Kunkin variantin esiintymistä säätelee yksi geeni.

Eri proteiinivariantit ovat alunperin syntyneet mutaatioista siten, että proteiinin polypeptidiketjussa on aminohappoja korvautunut toisilla aminohapoilla (LUSH 1970). Mutaatiot ovat yleensä olleet neutraaleja eivätkä ole vaikuttaneet proteiinin fysiologisiin toimintoihin (CREIGHTON 1984).

Albumiinit luokitellaan yhtenäisiin proteiineihin, joiden hydrolyysissä saadaan ainoastaan aminohappoja (ERKAMA 1974). Postalbumiini on saanut nimensä sen mukaan, miten se sijaitsee elektroforeesigeelissä albumiinin nähden. Postalbumiinin nauhat havaitaan geelissä albumiinin alapuolella. Seerumin postalbumiini osallistuu tyroksiinin kuljetukseen (CREIGHTON 1984). Tavallisimmat naudan postalbumiinin genotyypit ovat FF (=AA), FS (=AB) ja SS (=BB).

Transferriini luokitellaan glykoproteiineihin. Se sisältää proteiinien

lisäksi muun muassa runsaasti mannoosia (ERKAMA 1978). Transferriini-molekyylistä voidaan havaita kaksi puoliskoa, jotka ovat koostumukseltaan samanlaisia. On mahdollista, että transferriinigenissä on tapahtunut duplikaatio evoluution aikana (MAEDA ym. 1980). Transferriini osallistuu raudan kuljetukseen ja varastointiin seerumissa (ERKAMA 1978).

Elektroforeesigeelissä voidaan havaita kaksi proteiiniryhmää posttransferriinin alueella. Posttransferriini 1 (Ptf 1) sijaitsee transferriinin alapuolella ja posttransferriini 2 (Ptf 2) on puolestaan Ptf 1:n alla. Ptf 1:n variantteja voidaan merkitä A:lla ja B:llä ja Ptf 2:n variantteja F:llä ja S:llä (GAHNE ym. 1977).

Useissa tutkimuksissa on pyritty löytämään veren biokemiallisen polymorfismin yhteyksiä kvantitatiivisiin tuotanto-ominaisuuksiin (muun muassa ASHTON 1960, NEIMANN-SØRENSEN & ROBERTSON 1961 ja KUSHNER ym. 1973). Kvantitatiiviseen ominaisuuteen vaikuttavat useat geenit ja ympäristötekijät.

3 Naudan geneettinen muuntelu

3.1 Geneettisen muuntelun muodostuminen

Geneettiseen muunteluun vaikuttavien tekijöiden suhteellisesta merkityksestä on esitetty kaksi teoriaa: selektionistinen ja neutralistinen teoria. Selektionismin mukaan ne alleelien taajuudet, joita esimerkiksi elektroforeesissa voidaan todeta, ovat seurausta luonnonvalinnan vaikutuksesta alleelien taajuuksiin. Mutaatiot tuottavat erilaisia alleeleita. Uudet alleelit voivat olla edullisia tiettyinä genotyyppien yhdistelminä. Tällöin niiden frekvenssi kasvaa ja syntyy polymorfismi. Luonnonvalinta voi suosia heterotsygootteja, mikä ilmenee heteroosina muun muassa hedelmällisyydessä (*tasapainottava valinta*). Neutralismin mukaan geneettinen ajautuma eli alleelifrekvenssien satunnainen vaihtelu sukupolvittain vaikuttaa alleelien runsaussuhteisiin enemmän kuin tasapainottava valinta. Neutralismissa on korostettu, että valtaosa elektroforeettisesta muuntelusta on valinnan kannalta merkityksetöntä (LOKKI ym. 1986). Uutta muuntelua syntyy myös meioosissa. Meioosi tuottaa uusia geeniyhdistelmiä sekä kromosomien vapaan yhdistymisen että kytkeytyneiden geenien välisen geenienvaihdunnan kautta.

BRAENDin (1981) mukaan kotieläinten veriryhmien ja proteiinipolymorfismin tutkimusten perusteella voidaan olettaa, että luonnonvalinta on vaikuttanut mutaation kautta syntyneiden alleelien taajuuksiin. Ympäristöolosuhteiden mukaan eri veriryhmätekijöiden ja proteiinivarianttien yleisyys vaihtelee. BRAEND (1981) toteaa, että jos polymorfismi on syntynyt valinnan kautta lajien ja rotujen kehityksen alkuaikoina, on geneettinen ajautuma mahdollistanut polymorfismin olemassaolon evoluution aikana. KIDD ja CAVALLI-SFORZA (1974) tutkivat geneettisen ajautuman vaikutusta Norjan alkuperäisrotujen ja näistä polveutuneen islanninkarjan geneettiseen erilaistumiseen. Aineistona oli kahdeksan veriryhmäjärjestelmän alleelifrekvenssit. Norjan alkuperäisrotujen ja islanninkarjan alleelifrekvenssierot kunkin lokuksen osalta olivat samansuuruisia. Lokusten alleelifrekvenssien muuntelu oli niin ikään yhtäsuurta. Näiden havaintojen vuoksi tutkijat pitivät geneettistä ajautumaa valintaa tärkeämpänä tekijänä kyseessä olevien rotujen välisten geneettisten erojen synnyssä. Valinta — tasapainottavaa valintaa lukuunottamatta — vaikuttaa eri lokuksiin eri tavoin.

MANWELLin ja BAKERin (1976) hypoteesin mukaan eri proteiinivariantit olisivat voineet syntyä siten, että geneettisesti läheiset eläinlajit olisivat sulautuneet yhdeksi lajiksi. MANWELLin ja BAKERin (1976) mukaan kaksi läheistä lajia, joista toisella oli hemoglobiinin Hb^A-variantti

ja toisella Hb^B-variantti, ovat pariutuessaan muodostaneet nykyisen kesyn lampaan (*Ovis aries*). Lammasedut, joilla Hb^A-variantti on selvästi yleisempi kuin Hb^B-variantti, ovat sopeutuneet erityisesti vuoristoalueille. Vastaavasti Hb^B-variantti on yleinen alankoseutujen lammaseduilla. Villillä, iranilaisella lampaalla on ainoastaan Hb^B-variantti, joten se voi olla läheinen laji kesyn lampaan esi-isälle.

3.2 Rotujen fylogeniikka

Fylogeniikassa tutkitaan suvun kehitystä.

Veriryhmäalleelien ja eri proteiinien varianttien frekvenssit muodostavat tärkeimmän ja harhattomimman aineiston populaatioiden välisen geneettisten etäisyyksien ja rotujen evoluution tarkastelussa (KIDD ja PIRCHNER 1971). Erityisesti proteiinit soveltuvat tutkimuksiin hyvin, koska proteiinien on todettu olevan neutraaleja valinnan vaikutuksille (YAMAZAKI ja MARUYAMA 1974). Myös morfologisia erityispiirteitä, kuten kallon muotoa, nupoutta ja sarvellisuutta, voidaan käyttää apuna rotujen luokittelussa (JOHANSSON 1953).

Nautarotujen fylogeneettisiä sukupuita ovat laatineet muun muassa KIDD ja PIRCHNER (1971) Itävallan roduista, KIDD *ym.* (1980) muun muassa Espanjan ja Portugalin paikallisroduista ja ASTOLFI *ym.* (1983) Italian alkuperäisroduista. BAKER ja MANWELL (1980) tutkivat usean nautarodun proteiinipolymorfismia. Polymorfismista saatujen alleelifrekvenssien perusteella tutkijat muodostivat roturyhmiä ja laativat nautan fylogeneettisen sukupuun.

3.3 Populaation homotsygotian ja geneettisen tasapainon arviointi

Populaation geneettistä muuntelua voidaan arvioida polymorfisten lokusten ja kunkin lokuksen alleelien lukumäärän sekä näiden alleelien frekvenssien perusteella. Alleelisen monimuotoisuuden perusteella lasketaan populaation homotsygotia-aste. Populaation keskimääräinen homotsygotia-aste on kunkin lokuksen geenifrekvenssien neliöiden summa, joka jaetaan lokusten lukumäärällä (RENDEL 1967). Nautarotujen homotsygotia-asteita on laskettu erityisesti B-veriryhmäjärjestelmän perusteella, koska monimutkainen B-järjestelmä sisältää useita alleeleita.

Vuonna 1972 häviämisuhanalaisen Unkarin harmaarodun homotsygotia-aste, joka arvioitiin B-veriryhmäjärjestelmän perusteella, oli 11.5 prosenttia. Vuonna 1982 homotsygotia-aste oli kohonnut 13.6 prosenttiin (BODÓ 1984).

Veriryhmä- ja proteiinipolymorfismin lisäksi populaation geneettisestä muuntelusta voidaan saada selvyyttä, jos tarkastellaan myös muita kvantitatiivisia ominaisuuksia. BODÓN (1989) mukaan esimerkiksi karvapeitteen väri soveltuu tähän tarkasteluun. Jos uhanalaisen rodun yksilöt ovat karvapeitteen väriykseltään samanlaisia, on muuntelu vähäistä karvan väriin vaikuttavissa lokuksissa ja mahdollisesti myös muissa lokuksissa.

Populaatiossa, jossa parituminen on satunnaista, ei eri genotyyppien suhteellisissa määrissä tapahdu muutoksia siirryttäessä sukupolvesta toiseen. Tämän vuoksi myös alleelien taajuudet säilyvät jatkuvasti samoina, ellei mikään evoluutiovoima (mutaatio, valinta, migraatio, satunnaisajautuma ja isolaatio) vaikuta. Tämä alleelisuhteiden tasapainolaki eli Hardyn ja Weinbergin laki, jonka ensimmäisinä totesivat englantilainen G. Hardy ja saksalainen W. Weinberg vuonna 1908, on populaatiogeneetiikan ja evoluutioteorian perusta (FALCONER 1981).

Populaation geneettinen tasapaino voidaan arvioida kodominantisti periytyvistä järjestelmistä, joissa fenotyyppien lukumäärä on suurempi kuin alleelien lukumäärä. Naudan F- ja R'-järjestelmät sekä polymorfiset proteiinit soveltuvat tasapainotilan laskentaan (NEIMANN-SØRENSEN 1958).

BRAEND ym. (1962) arvioivat islanninkarjan geneettistä tasapainotilaa transferriinivarianttien ja Z-veriryhmäjärjestelmän avulla. Islanninkarja oli tasapainotilassa. LARSEN ym. (1974) tutkivat jerseyrodun F-, transferriini- ja kaseiinijärjestelmiä. Tutkimuksen mukaan myös jersey oli tasapainotilassa.

4 Geneettisen muuntelun väheneminen rotujen välisesti

Kotieläinaineksen geneettinen muuntelu voi vähetä sekä rotujen välisesti että rotujen sisäisesti. Muuntelun vähenemisellä tarkoitetaan tapahtumasarjaa, jossa ryhmä keskenään lisääntyviä yksilöitä saavuttaa täydellisen homotsygotian ilman mutaation ja migraation vaikutusta. Populaatio menettää kykynsä muuttua geneettisesti eli sopeutua (LOKKI ym. 1986).

Rotujen välisesti tai kotieläinlajin sisäisesti geneettinen monimuotoisuus vähenee, kun primitiiviset ja parannetut paikalliset rodut harvinaistuvat ja lopulta häviävät (KOMITEAMIENTÖ 1983).

Rotu on häviämisuhanalainen, jos rodun yksilömäärä on niin pieni, että rodun tehokas jalostustyö ei ole mahdollista ja rodun uhkana on sukusiitos (MAIJALA 1986).

Kun kotieläinpopulaation lisääntyvien naaraiden lukumäärä on yli 10000, on populaatio BODÓN (1989) mukaan *normaalissa* tilassa. Populaatio voi tällöin lisääntyä siten, että populaatiossa ei ilmene geenikatoa. Jos vanhempaispopulaatio valitaan ankarasti, voi populaation monimuotoisuus vähetä. Kun lisääntyviä naaraita on 5000–10000 yksilöä, on populaation tila *epävarma*. Vähenevän yksilömäärän vuoksi esimerkiksi sukusiitoksen mahdollisesti aiheuttamat ongelmat lisääntyvät populaatiossa. Jos populaatiossa on vain 1000–5000 naarasta, on populaatio *haavoittuvassa* tilassa. BODÓN (1989) mukaan populaatio on *uhanalainen*, jos naaraita on 100–1000. Populaation sukusiitosaste kasvaa, ja populaatio on vaarassa kuolla sukupuuttoon. Kun naaraita on jäljellä alle 100 yksilöä, on populaatio erittäin lähellä häviämistä (*kriittinen* tila). Jos populaatio halutaan pelastaa, on populaation kokoa lisättävä.

Vuonna 1984 Euroopassa oli 241 uhanalaista rotua, joista nautarotuja 81 (MAIJALA ym. 1984). Useita rotuja on hävinnyt. Norjassa oli 1900-luvun alussa 33 nautarotua, mutta nykyään on enää jäljellä 10. Lähes kaikki Norjan lehmät kuuluvat NRF-rotuun. Isossa-Britanniassa on 1900-luvulla kuollut kuusi nautarotua sukupuuttoon. Nämä rodut olivat *alderney*, *caithness*, *castlemartin*, *irish dun*, *sheeted somerset* ja *suffolk dun* (ALDERSON 1981). Itä- ja erityisesti pohjoissuomenkarja olivat häviämässä, mutta nykyisin näillä roduilla ei ole vaaraa kuolla sukupuuttoon.

Alkuperäisrotujen kuollessa sukupuuttoon menetetään tuhansien vuosien aikana kehittyntä geeniaainesta. Geneettisesti poikkeuksellisen rodun tai linjan häviäminen on vahingollisempaa kuin sellaisen, jolla on poikkeuksellisen tiheässä eri populaatioissa yleisesti esiintyviä geenejä (OROZCO 1964).

5 Geneettisen muuntelun väheneminen rotujen sisäisesti

Sekä häviämisuhanalaisten rotujen että valtarotujen geneettinen muuntelu voi supistua.

5.1 Sukusiitoksen vaikutus

Sukusiitosaste (F) mittaa samasta alkuperästä, käytännössä vanhempien yhteiseltä esi-isältä, olevien saman lokuksen identtisten geenien osuutta kunkin yksilön genotyypistä. Sukusiitosaste lasketaan kaavalla (FALCONER 1981):

$$F = \sum_{i=1}^n \left[\left(\frac{1}{2} \right)^{n_i} (1 + F_i) \right]$$

n_i = sukupolvien lukumäärä yksilön isästä yhteisen esi-vanhemman kautta yksilön emään.

F_i = yhteisen kantavanhemman sukusiitosaste.

Sukusiitosasteen nousu tapahtuu sukupolvittain (t = sukupolvi) seuraavasti (FALCONER 1981):

$$F_t = \frac{1}{2N_e} + \left(1 - \frac{1}{2N_e} \right) F_{t-1}$$

Useiden rotujen sukusiitosaste kasvaa noin 0.5 prosenttiyksikköä sukupolven aikana (DALTON 1981), mikä vastaa 0.1–0.2 prosenttiyksikön nousua sukusiitosasteeseen vuosittain.

N_e on tehollinen populaatiokoko. N_e on usein paljon pienempi kuin lisääntyvien yksilöiden lukumäärä. Tehollinen populaatiokoko lasketaan populaatioiden urosten (N_m) ja naaraiden (N_f) lukumäärän perusteella kaavalla (FALCONER 1981):

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

Kaavan avulla voidaan laskea tehollinen populaatiokoko, jos sukupolvet eivät ole päällekkäisiä. Nautakarjalla tehollisen populaatiokoon tulisi olla vähimmilläänkin 10–50 (MAIJALA 1974) (Taulukko 1). Kun tehollinen populaatiokoko on 6.67, kasvaa sukusiitosaste yhden sukupolven aikana noin 7.5 prosenttia.

Taulukko 1: Lisääntyvien naaraiden ja urosten lukumäärä vaikuttaa teolliseen populaatiokokoon.

M/N	10	50	100	200	500	1 000	2 000	5 000
2	6.67	7.69	7.84	7.92	7.97	7.98	7.99	8.00
5	13.33	18.18	19.05	19.51	19.80	19.90	19.95	19.98
10	10.00	33.33	36.36	38.10	39.22	39.60	39.80	39.92
20	26.67	57.14	66.67	72.73	76.92	78.43	79.21	79.68
50	33.33	100.00	133.33	160	181.82	190.48	195.12	198.02
100	36.36	133.33	200.00	266.67	333.33	363.64	380.95	398.41
200	38.10	160.00	266.67	400.00	571.43	666.67	727.27	769.23

N=lisääntyvien naaraiden lukumäärä

M=lisääntyvien urosten lukumäärä

Häviämisuhanalaisen Unkarin harmaarodun lehmien sukusiitosaste oli 0.47 prosenttia vuonna 1972 ja 1.60 prosenttia vuonna 1982 (BODÓ 1984). Rodun sukusiitosaste ei siten ollut korkea. O'HUIGIN (1982) on laskenut harvinaisen kerrykarjan sukusiitosasteet vuodesta 1879 vuoteen 1978. Sadan vuoden aikana populaation sukusiitosaste kohosi nolasta 11.98 prosenttiin. Korkein sukusiitosaste, 14.02 prosenttia, mitattiin vuonna 1977. Vuonna 1978 kerrykarjan lehmien sukusiitosaste oli 13.3 prosenttia ja sonien 10.21 prosenttia. Pienten, uhanalaisten populaatioiden sukusiitosaste on yleensä korkeampi kuin valtarotujen.

Sukusiitosaste (F) kuvaa sukusiitetyn populaation heterotsygotian vähenemistä suhteessa siihen heterotsygotiaan, mikä esiintyy satunnaisesti pariutuvassa populaatiossa. Jos sukulaiset pariutuvat, yhteensulautuvat geneettisesti samankaltaiset sukusolut. Populaatio saattaa eriytyä linjoihin sukusiitoksen vuoksi. Linjojen sisäinen heterotsygotia vähenee. Koska linjat ovat geneettisesti erilaisia, kasvaa heterotsygotia linjojen välillä (FALCONER 1981).

Hyödylliset, resessiiviset alleelit voivat hävitä lopullisesti tai voivat olla joissakin linjoissa erittäin yleisiä sukusiitoksen ja homotsygotian lisääntymisen vuoksi. On mahdollista, että uhanalaisten rotujen harvinaiset alleelit ovat tulevaisuuden kotieläinjalostuksessa tarpeellisia. Toisaalta sukusiitos kasvattaa todennäköisyyttä, että myös haitalliset, resessiiviset alleelit ilmenevät yksilön fenotyypissä (CROW 1986).

Kun populaation tai populaation linjan yksilöt ovat keskenään sukua, toistuvat eri yksilöiden genotyypeissä samat veriryhmäjärjestelmien alleel-

lit ja proteiinien variantit. Unkarin harmaarodun B-veriryhmäjärjestelmässä havaittiin 29 veriryhmätekiäyhdistelmää eläimillä, jotka eivät olleet sukusiitettyjä. Sukusiitetyiltä löytyi näitä 21 ja voimakkaasti sukusiitetyiltä 14 (FÉSZ 1984).

Sukusiitoksen aiheuttama sukusiitostaantuma voidaan todeta kotieläinten alentuneina tuotoksina, heikentyneenä hedelmällisyytenä ja lisääntyneenä poikaskuolleisuutena (HUDSON ja VAN VLECK 1984). Sukusiitoksen vaikutukset ilmenevät hitaasti. Usein on vaikea havaita sukusiitostaantumaa esimerkiksi lehmien tiinehtymisessä, koska muun muassa lääkkityksellä voidaan lisätä eläinten hedelmällisyyttä. Unkarin harmaarotua tutkittaessa havaittiin, että sukusiitosasteen ja lehmien lisääntymiskyvyn välinen yhteys, korrelaatiokerroin, oli 0.134 (BODÓ 1989).

Samansuuruisen sukusiitosasteen vaikutus vaihtelee populaatioittain. Sukusiitos ilmenee niin ikään erilaisena sukusiitostaantumana sukusiitetyin populaation eri sukulinjoissa. Kotieläimet yleensä kestävät sukusiitosta paremmin kuin villieläimet, koska esimerkiksi rotujen muodostuksessa on käytetty sukusiitosta. Tällöin ne eläimet, joiden fenotyypissä haitalliset, resessiiviset geenit ovat esiintyneet, ovat karsiutuneet pois heikon elinvoimaisuuden vuoksi (O'HUIGIN 1982).

Heterotsygotian, harvinaisten alleelien ja rodun elinvoimaisuuden säilymiseksi pienten kotieläinpopulaatioiden sukusiitosaste tulisi pitää mahdollisimman alhaisena.

5.2 Geneettisen ajautumisen vaikutus

Alleelitaajuuden q satunnaista vaihtelua pienessä kotieläinpopulaatiossa kutsutaan geneettiseksi ajautumiseksi tai satunnaisajautumiseksi. Migraation, mutaation ja valinnan puuttuessa geenifrekvenssien muutokseen vaikuttaa satunnaisajautuma. Perättäisissä sukupolvissa q :n arvo voi muuttua ilman, että taajuus hakeutuu kohden mitään tiettyä arvoa. On mahdollista, että tarkasteltava alleeli sattumalta häviää ($q = 0$) tai alleeli fiksoituu ($q = 1$). Nämä tilanteet ovat "kuolleita pisteitä", koska niissä populaation muuntelu loppuu. Tällöin satunnaisajautuma on prosessina palautumaton (LOKKI ym. 1986).

Lienee mahdotonta, että useita veriryhmätekiäjiä sisältävissä järjestelmissä (B- ja C-järjestelmät) jokin alleeli fiksoituisi eli tarkasteltavassa populaatiossa ei muita alleleleita enää olisi. Sitä vastoin häviämisuhanalaisesta populaatiosta voi kadota jokin harvinainen alleeli sattuman tai sukusiitoksen vuoksi. Eläimet, joilla on harvinainen alleeli, voivat kuolla. Vanhempaispopulaation gameetit eivät välttämättä sisällä tarkasteltavaa

alleelia. Jos populaation alleelitaajuuksien kehitystä ei ole seurattu useiden sukupolvien ajan, ja taajuusarviot ($q = 0$ tai $q = 1$) perustuvat vain yhden sukupolven havaintoihin tai vain otokseen siitä, ei voida varmuudella todeta, onko tapahtunut satunnaisajautumisen vuoksi alleelin fiksoituminen tai häviö.

Geneettisen ajautuman aiheuttama varianssi (V_d) sukupolvesta toiseen on $V_d = \frac{\sigma_g^2}{N_e}$. Kaavassa σ_g^2 on additiivinen, geneettinen varianssi, joka lasketaan tarkasteltavan ominaisuuden heritabiliteetin perusteella kaavalla (SCHÜLER ja HERRENDÖRFER 1984):

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_u^2} = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_p^2}$$

σ_u^2 = ympäristön aiheuttama varianssi

σ_p^2 = fenotyyppinen varianssi

Kaavassa ei ole huomioitu dominanssia eikä epistasiaa. SCHÜLER ja HERRENDÖRFER (1984) ovat arvioineet heterotsygotian prosentuaalisen menetyksen sukupolvessa kaavalla:

$$L_1 = \frac{V_d}{\sigma_p^2} = \frac{\sigma_g^2}{N_e \sigma_p^2} = \frac{h^2}{N_e}$$

Muuntelun supistuminen on suoraan verrannollinen heritabiliteettiin ja kääntäen verrannollinen teholliseen populaatiokokoon (Taulukko 2). Kvantitatiivisen ominaisuuden muuntelu vähenee sitä voimakkaammin, mitä korkeampi ominaisuuden heritabiliteetti on, ja mitä pienempi tehollinen populaatiokoko on. Siten hedelmällisyyteen vaikuttavien geenien alleelinen muuntelu supistuu maidon valkuaispitoisuuteen vaikuttavaa muuntelua hitaammin, koska hedelmällisyysominaisuuksien heritabiliteetti on 0.01–0.1 ja valkuaispitoisuuden 0.5.

Niin sanottu perustajanvaikutus eli "pullonkaula"-vaikutus (*founder effect*) on pienessä populaatiossa satunnaisajautuman ja valinnan aiheuttama tapahtumasarja (FALCONER 1981). Populaation koko voi vähetä erittäin nopeasti esimerkiksi ympäristön saastumisen (villieläimet) tai alkuperäisrodun vaihdon (kotieläimet) vuoksi. On epätodennäköistä, että populaation uudelleen perustavien yksilöiden genomi sisältäisi kaiken alkuperäisestä muuntelusta. Kun populaation koko romahtaa, menetetään samalla harvinaisia geenejä ja geeniyhdistelmiä. SIRKKOMAA (1983) mukaan alkuperäisen populaation muuntelun häviö oli sitä pienempi, mitä

Taulukko 2: Heterotsygotian menetys (%) alkuperäisestä heterotsygotiasta 1, 5, 10 ja 50 sukupolven kuluttua eri h^2 - ja N_e -arvoilla (SCHÜLER ja HERRENDÖRFER 1984)

t	1			5		
h^2	0.1	0.3	0.5	0.1	0.3	0.5
N_e						
10	0.010	0.030	0.050	0.045	0.135	0.225
50	0.002	0.006	0.010	0.010	0.029	0.049
100	0.001	0.003	0.005	0.005	0.015	0.025
1 000	—	—	—	—	0.002	0.002

t	10			50		
h^2	0.1	0.3	0.5	0.1	0.3	0.5
10	0.080	0.241	0.401	0.185	0.554	0.923
50	0.019	0.057	0.096	0.079	0.237	0.395
100	0.010	0.020	0.049	0.044	0.133	0.222
1 000	0.001	0.003	0.005	0.005	0.015	0.025

t = sukupolvi

h^2 = heritabiliteetti

N_e = tehollinen populaatiokoko

enemmän perustajayksilöitä oli. Muuntelu hävisi nopeasti, jos uroksia oli vain muutama. Muuntelu, joka arvioitiin alleleiden lukumäärän perusteella, väheni voimakkaammin viiden alleelin lokuksessa kuin kahden alleelin lokuksessa. Muuntelun supistuminen oli vähäistä, jos lokuksen alleleiden frekvenssit olivat yhtäsuuria.

Päinvastaisia tuloksia saatiin, kun tutkittiin banaani- ja huonekärpäs-populaatioiden geneettistä muuntelua. Tutkitut populaatiot lähes kuolivat sukupuuttoon. Havaittiin, että joissakin populaatioissa geneettinen muuntelu kasvoi. Monien harvinaisten, resessiivisten ja joskus myös haitallisten alleleiden frekvenssit olivat kasvaneet, ja uusia geeniyhdistelmiä muodostui (LEWIN 1990).

5.3 Valinnan vaikutus

Jalostusvalinnalla on yleensä geneettistä muuntelua supistava vaikutus (MAIJALA 1981). LERNERIN ja DONALDIN (1966) mukaan edistymisen valinnassa johtaa aina geneettisen muuntelun supistumiseen jalostuslinjassa.

YOUNG (1966) tutki, kuinka kauan ominaisuuksien additiivinen, geneettinen muuntelu säilyi 1 000:n yksilön kuvitellussa populaatiossa. Muuntelu hävisi sitä nopeammin, mitä ankarammin seuraavan jälkeläispolven vanhemmat valittiin, ja mitä korkeampi valinnan kohteena olevan ominaisuuden heritabiliteetti oli. Uusien geeniyhdistelmien syntymistodennäköisyydellä oli vähäinen merkitys muuntelun häviämisenopeuteen.

YAMADAN (1981) mukaan on todennäköisempää, että geeni häviää satunnaisajautuman vuoksi kuin valinnan takia. Geenin häviö on sitä todennäköisempää valinnan takia, mitä alhaisempi geenin taajuus on ja mitä pienempi tehollinen populaatiokoko on.

Elimistön proteiinivarianttien ja erityisesti monimutkaisten veriryhmäjärjestelmien alleeliden taajuuksien perusteella voidaan päätellä valinnan seurauksia. Tehokkaasti jalostetuilla roduilla on yleensä vähemmän muun muassa B-järjestelmän alleeliryhmiä kuin alkuperäis- tai parannetuilla maataisroduilla, jos alkuperäisrotua ei ole sukusiitetty (RENDEL 1967). Pitkälle jalostetuista tanskan punaisesta, Ruotsin punakirjavasta ja Hollannin friisiläisestä havaittiin 24, 23 ja 42 B-alleeliryhmää (NEIMANN-SØRENSEN 1958, RENDEL 1958, BOUW 1960). Länsisuomenkarjalla eri B-alleeliryhmiä oli 79 ja simmentalrodulla 100 ja vähän jalostetulla Puolan punaisella rodulla 132 (MAIJALA ja LINDSTRÖM 1966, BUSCHMANN 1962, RAPACZ ym. 1965).

6 Muuntelun säilyminen pienessä populaatiossa

HICKMANin (1979) mukaan ei ole varmaa keinoa säilyttää populaatio geneettisesti samankaltaisena useiden sukupolvien ajan muun muassa geneettisen ajautuman ja valinnan vuoksi. Häviämisuhanalaisia nautarotuja ja näiden geeniaineesta voidaan kuitenkin säilyttää diploidissa muodossa puhtaina rotuina, geenipoolina ja pakastettuina tsygootteina. Geenipoolilla tarkoitetaan usean rodun risteytystä. Siittiöiden ja munasolujen pakastus ovat haploideja geenien säilytysmenetelmiä.

Alkioiden ja sperman pakastukseen sekä yleensäkin eri rotujen ja eläinkantojen säilytykseen on SMITH (1984) esittänyt kolme periaatetta:

- Mieluummin säilytetään muutamia alkioita, yksilöitä ja spermaeria useista eri eläinkannoista kuin paljon yksilöitä muutamasta eläinkannasta.
- Säilytetään geeniainekseltaan ja fenotyypiltään mahdollisimman erilaisia kantoja.
- Ei risteytetä rotuja geenipooliksi, vaan pyritään pitämään ne puhdasrotuisina. Samalla säilytetään rodulle ominaiset geenit ja geeniyhdistelmät.

6.1 Elävien eläinten säilytys

Elävän säilytyspopulaation koosta on olemassa useita mielipiteitä. Populaation kokoon vaikuttavat taloudellisten, tieteellisten ja kulttuurihistoriallisten säilytysperusteiden toteutuminen. Sukusiitoksen, satunnaisajautuman ja homotsygotian kasvun ehkäisy on niin ikään huomioitava. Eräiden arvioiden mukaan tarpeellinen määrä geneettistä muuntelua säilyisi populaatiossa, jossa tehollinen koko on vähintään 500 (KOMITEAMIENTINTÖ 1983). LACYN (1987) mukaan 500 yksilön populaatio on niin sanotussa satunnaisajautuman ja mutaationopeuden välisessä tasapainotilassa. Tehollinen populaatiokoko on yli 500 esimerkiksi silloin, kun lisääntyviä naaraita on 500 ja uroksia 200. Sukusiitosaste kasvaa tällöin 0.09 prosenttia yhden sukupolven aikana (Taulukko 1). Häviämisuhanalaisen nautarodun yksilömäärän tavoitteena voidaan pitää esimerkiksi 1 000 puhdasrotuista lehmää, koska MAIJALAN ym. (1984) mukaan alle 1 000 lehmän populaatio on uhanalainen.

6.1.1 Esimerkkejä paritusjärjestelmistä

Jotta sukusiitoksen ja geneettisen ajautuman ongelmia voidaan lieventää ja alkuperäinen, rodulle ominainen geenistö saadaan säilymään, pieni kotieläinpopulaatio tarvitsee paritusjärjestelmän.

Pienen nautapopulaation paritusjärjestelmän tavoitteiden toteutumiseen eniten vaikuttava tekijä ilman, että eläimissä on lisääntymistä estäviä perinnöllisiä tai ympäristön aiheuttamia heikkoustehtäviä, on eri suvuista olevien sonnien lukumäärä. Kun sonneilla keinosiemennetään tai astutetaan toisten sonnien tyttäriä peräkkäisissä sukupolvissa, ei esiinny sukusiitosta ennen kuin samassa sukulinjassa on käytetty kaikkia rodun sonneja t:n sukupolven jälkeen. (SMITH 1984).

CHVALET ja ROCHAMBEAU (1985) ovat kehittäneet ranskalaiselle *bretonne pie noire* -rodun 312 lehmälle ja kahdeksalle sonnille paritusjärjestelmän. Sonninemiksi on valittu rodun vanhimmat lehmät. Sonnit eivät ole sukulaisia. Populaatio on jaettu kahdeksaan ryhmään, joten kunkin ryhmän lehmät keinosiemennetään samalla sonnilla. Sonneja vaihdetaan ryhmien kesken. Rodun paritusjärjestelmästä on kolme vaihtoehtoa:

- Sonnia käytetään samalle ryhmälle kahden vuoden ajan ja siirretään sitten toiseen ryhmään (vaihtoehto 1). Sonnin käyttöajaksi tulisi näin ollen 16 vuotta, minkä jälkeen sonni korvataan omalla pojallaan.
- Sonnia käytetään eri ryhmissä niin ikään 16 vuotta, mutta sonni korvataan sonnin ensimmäisen käyttövuoden aikana syntyneellä pojalla (vaihtoehto 2).
- Sonnilla voidaan keinosiementää ainoastaan kahden vuoden ajan. Tämän jälkeen aletaan keinosiementää sonnin omalla pojalla (vaihtoehto 3).

Kun tätä paritusjärjestelmää on toteutettu 40 vuoden ajan, on sukusiitosaste 5.5 prosenttia (vaihtoehto 1), 2.3 prosenttia (vaihtoehto 2) tai 1.8 prosenttia (vaihtoehto 3). Kaikissa vaihtoehtoissa hävisi rodun alkuperäistä geenistöä, joten muun muassa alkionsiirron on turvattava alkuperäisen geeniaineksen säilyminen.

Keinosiemennys mahdollistaa vanhojen sonnien pitkäaikaisen käytön. Samalla sukupolviväli kasvaa. Rodulle ominainen geenistö säilyy, jos rodun sonnien perimä sisältää edustavan otoksen koko rodun geenipoolista. Jos näin ei ole, häviävät ne ainutkertaiset geenit, jotka ovat olleet alkuperäisessä lehmäpopulaatiossa (CHEVALET ja ROCHAMBEAU 1985).

YAMADA (1981) tutki alleelien häviötä ja sukusiitosastetta pienessä populaatiossa, joka jaettiin useisiin osapopulaatioihin tai säilytettiin yhtenä populaationa. Eri osapopulaatiot eivät olleet sukua keskenään. YAMADAN (1981) oletuksena oli, että mitä enemmän erilaisia linjoja populaatiosta muodostettiin, sitä epätodennäköisempää tietyn geenin häviö oli. Osapopulaatioiden sisällä tapahtui sukusiitosta, minkä takia säilytettävien geenien taajuudet lähenivät 1.0:tä. Sellainen geeni, jonka alkuuperäinen frekvenssi oli 0.5, säilyy eri linjoihin jaetussa populaatiossa paremmin kuin yleinen tai harvinainen geeni. YAMADAN (1981) mukaan koko populaation sukusiitosasteen nousu voitiin estää, jos osapopulaatioita paritettiin tietyin väliajoin.

YAMADA ja KIMURA (1984) eivät pitäneet osapopulaatioihin jakoa hyvänä säilytystapana. Osapopulaatioiden sukusiitos ilmenee heikentyneenä hedelmällisyytenä ja elinvoimana. Lopulta eri osapopulaatiot voivat hävitä lisääntymisheikkouden takia.

BODÓ (1989) totesi, että veren polymorfismia voidaan hyödyntää uhanalaisten rotujen paritusjärjestelmää laadittaessa. Veritutkimuksin voidaan selvittää epäselvät polveutumiset, ja siten välttää tarpeetonta sukulaisten paritusta. Toisaalta voidaan kasvattaa jälkeläispopulaation heterotsygotiaa ja saada heteroosia parittamalla geneettisesti ja fenotyyppisesti erilaiset vanhemmat. Jos huomioidaan veriryhmät ja proteiinipolymorfismi, on mahdollista kasvattaa 12–14 kromosomin kyseessä olevien markkerilokusten heterotsygotiaa. BODÓN (1989) mukaan uhanalaisen rodun veriryhmien ja seerumi-proteiinien polymorfismi olisi hyvä säilyttää, vaikka rotujen suojelussa halutaan säilyttää erityisesti monia muita geenejä.

6.1.2 Esimerkki jalostusohjelmasta

LANDIN (1981) mukaan kotieläintuotannon, jalostusmenetelmien ja eläinkunnan tuotteiden kysynnän muutoksiin voidaan varautua kehittämällä eläinaineksesta geneettisesti erilaisia linjoja. Linjassa voidaan kehittää yhtä tai useampaa ominaisuutta, kuten rodun erityisominaisuutta, rehunkäyttökykyä, lisääntymistehokkuutta ja tautien vastustuskykyä. Kun kotieläintuotantoa muutetaan, voidaan tietty osa eri linjoista risteyttää keskenään. Myös uhanalaisten rotujen hyviä ominaisuuksia voidaan säilyttää tietyssä jalostuslinjassa. Rotujen säilytys ei näin ollen olisi ainoastaan passiivista toimintaa, vaan uhanalaiset rodut olisivat taloudellisesti merkittävä ryhmä kotieläintuotannossa.

BODÓN (1989) mukaan myös rodun sisällä voidaan muodostaa erilaisia osapopulaatioita, joiden jalostustavoitteet vaihtelevat. Lisääntyviä lehmä tulisi tällöin olla vähintään 1000 yksilöä. BODÓN (1989) mukaan eläimiä voitaisiin valita esimerkiksi niiden biologisen arvon perusteella. Biologinen arvo ilmaistaan muun muassa yksilöiden välisinä eroina hedelmällisyydessä, tautien vastustuskyvyssä, pitkäikäisyydessä ja kasvukyvyssä.

Jos uhanalaista rotua säilytetään luonnontilassa esimerkiksi luonnon-suojelualueella, voidaan eläinten oman sosiaalisen arvojärjestyksen antaa ratkaista, mitkä eläimet pariutuvat. Luonnon populaation tavoin kiimattapeluissa parhaiten menestyneet sonnit astuisivat lehmät (*etologinen "jalostus"*). Tätä menetelmää voidaan pitää uhanalaisen rodun äärimmäisenä säilytysmuotona. Populaation sukupolvien väliseen geneettiseen muutokseen vaikuttavat luonnonvalinta, geneettinen ajautuma ja mahdollinen ihmisen valinta (BODÓ 1989).

6.2 Alkioiden pakastus

Kotieläinten geeniinestä voidaan säilyttää tsygootteja ja niitä kehittyneempiä alkioita pakastamalla. Jos kehitetään uhanalaiselle rodulle alkioiden siirto- ja pakastusohjelma, voitaneen ratkaista useimmat eläinlajien säilytykseen liittyvät ongelmat. Alkioissa säilyvät rodulle ominaiset geenit, geenifrekvenssit ja geeniyhdistelmät sekä mahdollinen sytoplasmaattinen perimä. Jos havaitaan elävänä säilytettävässä nautapopulaatiossa epämieluisia geenifrekvenssien muutoksia, kuten geenien fiksoitumista tai häviämää, voidaan alkionsiirtoin tuotettujen vasikoiden avulla palauttaa populaation alkuperäistä geeniinestä. Alkioiden pakastuksen aikana ei ilmene mutaatioin syntynyttä muuntelua. Populaation geneettinen mukautuminen luonnon olosuhteisiin sekä ihmisen jalostusvalinta eivät vaikuta pakastealkioihin (MAIJALA 1986).

Jos saman lehmän ja sonnin parituksista on tuotettu N kappaletta alkioita, on todennäköisyys, että yksikään alkioista ei sisällä tiettyä geeniä geenifrekvenssillä p , $(1 - p)^{4N}$. Jos parituksista on tuotettu runsaasti alkioita ($N > 10$), on hyvin todennäköistä, että geenifrekvenssillä $p > 0.1$ esiintyvä geeni on alkioissa (SMITH 1984).

Alkioiden selviäminen pakastuksesta, alkioiden kantajaemien tiineysprosentti ja tuotettavien vasikoiden määrä vaikuttavat uhanalaisen rodun alkiovaraston suuruuteen (Taulukko 3). Kun alkiovarastoa käytetään ja tuotetaan uusia alkioita, heterotsygotia voi vähetä, geenifrekvenssit voivat muuttua ja sukusiitos on mahdollista.

Taulukko 3: Pakastettavien alkoiden määrä, kun tuotetaan alkionsiirroin 25 fertiiliä hiehoa (BREM 1988).

Pakastuksen kestävät alkiot (%)	Alkoiden tiinehtymis- prosentti				
	20	30	40	50	60
50	616	411	308	247	206
60	513	342	257	206	171
70	440	293	220	176	147
80	385	257	193	154	129
90	342	228	171	137	114

6.3 Munasolujen ja siittiöiden pakastus

Kun naudan hedelmöitymättömiä munasoluja pakastetaan, voidaan säilyttää lehmäpopulaatiolle ominaisia geenejä ja geeniyhdistelmiä. Pakastettujen munasolujen lisäksi tarvitaan myös pakastettuja siittiöitä, jotta munasolut voidaan hedelmöittää *in vitro*. Esimerkiksi nautojen tiinehtyminen on onnistunut *in vitro*-hedelmöityksellä, jonka jälkeen hedelmöitetty munasolut siirretään kantajalehmiin (BRACKETT 1981). Munasolujen pakastuksen lisäksi voi olla hyödyllistä säilyttää nestemäisessä tyypessä myös munasarjoja tai sukurauhaskudosta tulevaisuuden tarpeita varten.

SMITHIN (1984) mukaan vähintään 25:stä uhanalaisen rodun sonnista tulisi pakastaa siittiöitä. Tällä määrällä erisukuisia sonneja on mahdollista saada teholliseksi populaatiokooksi 25. Uhanalaisessa populaatiossa sonnien määrän tulisi BODO'n (1989) mukaan olla selvästi suurempi kuin normaalissa tilassa (naaraita yli 10 000) olevassa rodussa. MAIJALAN ym. (1984) mukaan pakaste-erän tulisi olla niin suuri, että sonni saa tarvittaessa vähintään 20 jälkeläistä.

Pakastesiittiöiden avulla voidaan säilyttää rodun geenejä ja mahdollisesti myös geeniyhdistelmiä. Tosin meiosisissa tapahtuva kromosomien sisäinen rekombinaatio purkaa vanhoja geeniyhdistelmiä. Todennäköisyys, että tietty geeni on pakastevarastossa, riippuu geenifrekvenssistä p ja sonnien lukumäärästä N . SMITHIN (1984) mukaan todennäköisyys, että säilytettävää geeniä ei ole saatu pakastevarastoihin, on $(1 - p)^{2N}$.

Siittiöin ei voida säilyttää sytoplasmaattista perimää. Pakastesiittiöiden merkitys geeniaineksen säilytyksessä vähenee, jos puhdasrotuisia leh-

miä ei ole enää jäljellä (MAIJALA 1986). Rodun uudelleen luominen kestää seitsemän sukupolven ajan pakastesiittiöiden avulla, kun käytetään jatkuvaa risteytystä jonkun toisen rodun kanssa.

6.4 DNA:n säilytys

Naudalla on 30 kromosomiparia, josta vuonna 1988 oli kartoitettu 57 geeniä (LALLEY ym. 1988). Geenejä on hankala paikantaa naudan kromosomeihin, koska naudan kromosomeja on vaikea erottaa toisistaan näiden vähäisen muodon ja koon vaihtelun vuoksi. Nykyistä tarkempaa geenikarttaa ja muuta genomien rakennetta koskevaa tietoa voidaan hyödyntää, kun muun muassa arvioidaan perinnöllistä muuntelua ja rotujen välisiä sukulaisuuksia ja suunnitellaan geeniaineksen säilytystä. Tulevaisuudessa voi olla mahdollista, että geeniaineesta säilytetään elävien populaatioiden, alkioiden ja gameettien lisäksi myös yksittäisinä geeneinä eli DNA:n pätkinä. Näitä DNA:n pätkiä voidaan siirtää (*geenisiirto*) jopa toisiin kottieläinlajeihin. Geenisiirtojen oletetaan lisäävän geneettistä muuntelua (MAIJALA 1989).

Kartoitetun DNA:n säilytys ei nykyään ole mahdollista. Sitä vastoin kartoittamattomasta DNA:ta voidaan säilöä. Koska kartoittamattomasta DNA:sta ei tiedetä, mihin ominaisuuteen se eläimessä vaikuttaa, ei kartoittamattomasta DNA:sta voi tulla tärkein geeniaineksen säilytysmuoto. DNA-pätkien hyödyntäminen esimerkiksi geneettisen muuntelun säilymiseksi voi osoittautua teknisesti mahdottomaksi nykyisellä siirtomenetelmällä. MAIJALAN (1989) mukaan siirtogeenejä ei voida sijoittaa haluttuihin genomien kohtiin. Ne voivat aiheuttaa mutaatioita (REXROAD 1986). Siirtogeenin saaneiden eläinten kasvussa, terveydessä ja hedelmällisyydessä on havaittu kielteisiä sivuvaikutuksia (BREM ym. 1988).

7 Itä-, länsi- ja pohjoissuomenkarja esimerkkipopulaatioina

7.1 Tilastotietoa suomenkarjasta

Suomessa oli neljä karjanjalostusyhdistystä vuoteen 1947 asti, jolloin itä-, länsi- ja pohjoissuomenkarja yhdistettiin suomenkarjaksi. Itä-, Länsi- ja Pohjois-Suomen karjanjalostusyhdistykset ja Ayrshireyhdistys toimivat maan eri osissa. Itä- ja Keski-Suomen maanviljelysseurojen alueilla jalostettiin lähinnä itäsuomenkarjaa, Oulun ja Perä-Pohjolan seuduilla pohjoissuomenkarjaa ja Hämeessä ja Satakunnassa länsisuomenkarjaa. Ayrshirekarjaa pidettiin alunperin maan ruotsinkielisillä alueilla ja länsisuomenkarjan lisäksi myös Etelä-Pohjanmaalla ja Lounais-Suomessa. Itäsuomenkarjan ohella ayrshirerotua oli Viipurin maanviljelysseuran alueella. Taulukosta 4 nähdään karjantarkkailuun kuuluneiden suomenkarjan lehmien osuuden muutokset neljän eri maanviljelysseuran (vuodesta 1965 maatalouskeskus) alueilla.

Taulukko 4: Karjantarkkailuun kuuluneiden suomenkarjan lehmien osuus (%) kaikista tarkkailuun kuuluneista lehmistä neljän maatalouskeskuksen (maanviljelysseuran) alueella (ANON. 1949, 1953, 1961, 1967, 1972, 1976, 1981, 1986).

Tarkkailu- vuosi	Maatalouskeskukset			
	U	H	P	L
1940/41	27.3	78.3	97.5	97.6
1950/51	21.0	75.2	97.6	89.7
1960/61	13.6	67.6	86.1	94.2
1965/66	10.5	55.6	54.5	77.1
1970/71	6.0	14.9	27.7	48.3
1975	2.7	7.1	11.2	22.9
1980	0.9	2.7	3.2	8.2
1985	0.5	1.4	1.5	3.9

U = Uudenmaan maatalouskeskus

H = Hämeen maatalouskeskus

P = Pohjois-Karjalan maatalouskeskus

L = Lapin maatalouskeskus

Suomenkarja oli 1960-luvun puoliväliin asti valtarotu maan itä- ja pohjoisosissa. Taulukosta 5 ilmenevät suomenkarjan määrässä tapahtuneet muutokset 1970- ja 1980-luvuilla. Tarkkailuun kuuluneiden suomenkarjan lehmien osuus koko suomenkarjan populaatiosta on kasvanut.

Itä- ja pohjoissuomenkarjaa ei ole tilastoissa eroteltu länsisuomenkarjasta. Tämän tutkimuksen perusteella puhdasrotuisia ISK-lehmiä oli noin 40 yksilöä ja PSK-lehmiä noin 30 yksilöä. Euroopan kotieläintuotanto-liiton työryhmä luokitteli suomenkarjan uhanalaiseksi roduksi (MAIJALA ym. 1984). Pohjoissuomenkarja on noin kahdeksanneksi uhanalaisin ja itäsuomenkarja noin 10. uhanalaisin nautarotu Euroopassa. Länsisuomenkarja ei ole tällä hetkellä häviämistä vaarassa, mutta LSK:n määrä on vähentynyt erittäin nopeasti 1970- ja 1980-luvuilla.

Huolimatta siitä, että suomenkarjan määrä on vähentynyt, ovat suomenkarjan tuotokset kohonneet osittain parantuneen ruokinnan ja hoidon ja osittain tehostuneen jalostuksen vuoksi (Taulukko 6).

7.2 Suomenkarjan geneettisiä erityispiirteitä

Itä-, länsi- ja pohjoissuomenkarja kuuluvat Pohjois-Euroopan ja tarkemmin Skandinavian rotuihin, joihin luokitellaan myös islanninkarja, Ruotsin tunturirotu, Ruotsin ruskea nupokarja ja Norjan alkuperäisrodut, esimerkiksi telemark, døla ja trønder (BAKER ja MANWELL 1980).

MAIJALA ja LINDSTRÖM (1966) vertailivat 540 länsisuomenkarjan (LSK) ja 1300 ayrshiren (ay) sonnien B-veriryhmäjärjestelmän alleeleita. Tutkimuksessa oli aineistona myös muiden Pohjoismaiden rotuja. LSK:lla oli 50 prosenttia sille ominaisia B-alleeleita, jotka puuttuivat ay:ltä. Vastaavasti ay-karjassa oli 18 prosenttia sille ominaisia alleeleita. LSK:lta havaittiin yli 80 erilaista B-alleelia, mutta ay:ltä löydettiin 47. $B^{Y_2D'G'}$ -alleeli osoittautui LSK:lle ominaiseksi alleeliksi, koska sitä ei esiintynyt ay:llä eikä muilla tutkituilla roduilla. MAIJALAN & LINDSTRÖMIN (1966) tutkimus osoitti, että länsisuomenkarjalla ja ayrshirellä oli yhteisiä alleeleita vain 19 prosenttia kaikista B-veriryhmäalleeleista.

VASENIUKSEN (1965) mukaan suomenkarjan Tf^A -alleelin frekvenssi oli 40.7, Tf^D :n 53.1 ja Tf^E :n 6.2 prosenttia. Suomen ayrshiren vastaavat frekvenssit olivat 28.9, 60.6 ja 10.5 prosenttia. Ero ayrshiren ja suomenkarjan välillä on tilastollisesti merkitsevä. Tutkimuksessa löydettiin Pyhäjoealta suomenkarjalle kuuluva harvinainen $Tf^{Pyhäjoki}$ -alleeli, jonka elektroforeettinen liikkuvuus oli muita variantteja nopeampi.

MAIJALA & LINDSTRÖM (1966) tutkivat suomenkarjapopulaation geneettistä tasapainoa ja homotsygotia-astetta. Länsisuomenkarja oli F-

Taulukko 5: Suomenkarjan (Sk) määrän muutokset (ANON 1972, 1974, 1976, 1978, 1981, 1986, 1988b, 1989 ja 1990).

Vuosi	Sk:a yht.	%:a lehmistä	Sk:a ty:ssa	Sk:sta %:a ty:ssa	Ty-lehmistä %:a Sk:a
1970/71	307 600	34.6	46 101	15.0	18.3
1972/73	234 200	30.0	33 067	14.1	12.8
1975	168 100	20.5	18 289	10.9	7.4
1977	89 700	11.9	11 667	13.0	4.6
1980	42 800	5.9	7 009	16.4	2.5
1985	19 800	3.2	4 153	22.3	1.4
1987	16 400	2.9	3 621	20.4	1.1
1988	11 600	2.2	3 231	27.9	1.1
1989	9 800	1.9	3 020	30.8	1.0

ty = tarkkailuyhdistys

Taulukko 6: Tuotantotietoja suomenkarjasta (Sk) ja kaikista Suomen tarkkailulehmistä (Ty) (ANON. 1962, 1967, 1972, 1976, 1981, 1986, HELLANDER 1990. Suullinen tiedonanto.)

Tarkkailuvuosi	Maito, kg		Rasva, kg		Valk., kg		Elopaino	
	Sk	Ty	Sk	Ty	Sk	Ty	Sk	Ty
1960/61	3 370	3 792	155	172			381	405
1965/66	3 751	4 224	175	192			394	414
1970/71	4 094	4 660	188	207			409	429
1975	4 332	5 041	196	221			428	455
1980	4 755	5 580	216	244	162	187	447	480
1985	4 885	5 680	220	251	163	186	458	491
1989	5 220	6 212	232	271	174	201	465	498

veriryhmäjärjestelmän perusteella geneettisessä tasapainotilassa. B-järjestelmän alleelifrekvensseistä arvioituna länsisuomenkarjan homotsygotia-aste oli yli kaksi kertaa suurempi kuin ayrshiren homotsygotia-aste.

TERVALA ym. (1983) havaitsivat, että suomenkarjan maidon proteiini-varianttien frekvenssit poikkesivat ayrshiren ja friisiläisen frekvensseistä. κ -kaseiinin A- ja B-variantteja sisältävällä maidolla lienee keskimäärin parhaat juoksettumisominaisuudet. κ -kaseiinin AB-genotyyppiä esiintyi 41:llä prosentilla suomenkarjan lehmistä, mutta ainoastaan 25:llä prosentilla friisiläislehmistä ja 29:llä prosentilla ayrshirelehmistä oli AB-genotyyppi.

Suomenkarja on hedelmällinen rotu. JOKISEN ja LINDSTRÖMIN (1977) mukaan suomenkarjan sonnien sperma säilytti hedelmöittämiskykynsä paremmin kuin ayrshiresonnien sperma, kun tutkittiin vähintään neljä vuotta säilytetyn sonnin siemenen uusimattomuusprosentteja. Suomenkarjan sonnien uusimattomuusprosentti oli 7.5 prosenttiyksikköä parempi kuin ayrshiresonnien ja 4.0 prosenttiyksikköä parempi kuin friisiläis sonnien. Suomenkarjan sonnit ovat spermantuotanto-ominaisuuksiltaan parempia kuin ay- tai fr-sonnit (RAUKOLA 1990). MAIJALA ja OSVA (1990) tutkivat eri rotujen taipumusta synnyttää kaksosia. Kun aineistona oli vähintään kolme kertaa poikineet lehmät, oli 5.75 prosenttia suomenkarjan poikimisista kaksossynnytyksiä. Vastaavan ikäisten ayrshirelehmien kaksossynnytystiheys oli 3.40 prosenttia ja friisiläislehmien 3.15 prosenttia. Luonnon olosuhteissa hedelmällisyys on lajin kannalta tärkeä ominaisuus. Ne yksilöt, jotka lisääntyvät tehokkaimmin, kasvattavat omien geeniensä osuutta populaatiossa. Hyvä hedelmällisyys on etu myös rotujen säilytyksessä.

Lehmän nupoutta suositaan käytännön karjanhoidossa. Suomenkarjan lehmät ovat yleensä perinnöllisesti nupoja. Suomenkarjalla on poikimista helpottava lantiorakenne. RAJAKANKAAN (1988) mukaan suomenkarjan lehmillä oli vähiten poikimavaikeuksia, sillä suomenkarjan vasikkakuolleisuus oli 0.6 prosenttia. Friisiläislehmistä liki neljännes tarvitsi poikimaa.

Suomenkarjan jalkarakennetta pidetään yleensä hyvänä. RAJAKANKAAN (1988) mukaan suomenkarjan lehmistä 2.3 prosentilla oli vennot vuohiset. Friisiläisrodulla vastaava luku oli 5.4 prosenttia ja ayrshirellä 7.6 prosenttia. Suomenkarjan lehmillä oli suhteellisesti eniten normaaliasentoisia sorkkia (92.2 %:a lehmistä) ja vähiten kierresorkkia (1.1 %:a lehmistä).

8 Tutkimusaineisto ja tutkimusmenetelmät

8.1 Tutkimusaineisto

Tutkimus koostui kolmesta eri aineistosta:

- veriryhmä- ja veren proteiinimääritysten tuloksista
- ISK-, LSK- ja PSK-lehmien ja -hiehojen rungon mittaustuloksista
- suomenkarjan karjantarkkailurekisteristä vuosilta 1988 ja 1989

Veriryhmien ja veren proteiinien tutkimusaineisto saatiin verityypitys-määrityksistä, jotka tehtiin maa- ja metsätalousministeriön kotieläinten geenipankkityöryhmän rekisterin polveutumistarkistuksien vuoksi. Veret analysoitiin Osuuskunta Suomen Keinosiemennyskeskuksen veriryhmälaboratoriossa, Vantaan Tikkurilassa. Analyysit tehtiin 1.11.1989 – 30.6.1990 välisenä aikana.

ISK:n, LSK:n ja PSK:n hiehojen ja lehmien rungon ja raajojen mitat mitattiin 18.1.1990 – 28.1.1990 välisenä aikana. Mittausaineistossa oli myös näiden rotujen risteytyseläimiä. Kuuden mitatun eläimen polveutumista ei ole tarkistettu veriryhmämäärittelyllä.

Suomenkarjan karjantarkkailun tulokset vuosilta 1988 ja 1989 saatiin Maatalouden laskentakeskuksesta. Aineisto sisälsi lehmien, hiehojen ja lehmävasikoiden tunnistetiedot, polveutumis-, syntymä- ja tuotantotiedot. Tunnistetietoja olivat maatalouskeskuksen numero, karjanumero, korvanumero ja kantakirjanumero.

8.1.1 Tutkitut rodut, eläinten polveutuminen ja maantieteellinen sijainti

Verityypitysmäärittelyissä testattiin 418 eläintä. Rungon mittaussaineisto koostui 277 eläimen mittaustuloksista. Mittaustuloksia saatiin 69 hiehosta ja 208 lehmästä (Taulukko 7).

Rodut luokiteltiin seuraavasti:

- polveutumiseltaan puhdasrotuisiksi todetut itä- ja länsisuomenkarjan eläimet (ISK ja LSK)
- polveutumiseltaan puhdasrotuiset tai lähes puhdasrotuiset pohjoissuomenkarjan eläimet (PSK). Tähän ryhmään hyväksyttiin myös PSK:n ja Ruotsin tunturirodun (SKB) risteytyseläimet.

Taulukko 7: Tutkimuksen eläinten rotu- ja sukupuolijakauma.

Rotu	ISK	LSK	PSK	ISK × LSK	ISK _{>50}	PSK × LSK	SKB	S	Yht.
Veritutkimusaineisto									
Lehmät	52	117	37	42	39	26	17	23	353
Sonnit	22	4	18	3	7	5	1	5	65
Yht.	74	121	55	45	46	31	18	28	418
Rungon mittausaineisto									
Lehmät	34	86	27	33	13	4	11		208
Hiehot	3	28	14	9	9	3	3		69

- ISK:n ja LSK:n ensimmäisen polven (F₁-polven) risteytyseläimet (ISK × LSK).
- eläimet, joiden perimässä oli yli 50 prosenttia ja korkeintaan 87.5 prosenttia ISK-ainesta ja alle 50 prosenttia LSK-ainesta (ISK_{>50}).
- PSK:n ja LSK:n risteytyseläimet (PSK × LSK).
- Ruotsin tunturirotu (SKB) ilman PSK:n vaikutusta. LSK-rodun aineista SKB-eläimissä oli korkeintaan 25 prosenttia.
- Eläimet, joita ei voitu luokitella muihin mainittuihin luokkiin (S). Näiden eläinten perimä sisälsi eniten LSK:n geeniaineesta. S-ryhmän eläimiä ei mitattu.

Verityypitysaineistossa eläimet olivat vähintään kolmen kuukauden ikäisiä. Rungon mittausaineistossa ei ollut vasikoita eikä sonneja. Hiehot olivat vähintään vuoden ikäisiä eläimiä, jotka eivät olleet vielä poikineet.

Verityypitysaineistossa ISK-keinosiemennyssonneilla oli keskimäärin 3.7 jälkeläistä (vaihteluväli 1–9), LSK-keinosiemennyssonneilla 2.4 jälkeläistä (vaihteluväli 1–8) ja PSK-keinosiemennyssonneilla 4.3 jälkeläistä. PSK-sonni R. Oskarilla oli verityypitysaineistossa 18 jälkeläistä. Tilojen omia ISK-sonneja arvioitiin olleen vähintään 15 ja korkeintaan 30. Rungon mittausaineistossa isien lukumäärä oli pienempi kuin verityypitysaineistossa (Taulukko 8).

Verityypitysaineiston eläimet jaettiin eläimen tuotantokarjan sijainnin mukaan kahteen alueeseen. Alueeseen α_1 kuuluivat Hämeen, Kymen, Mikkelin, Pohjois-Karjalan, Turun ja Porin ja Uudenmaan läänien sekä Kuopion läänin Leppävirran ja Kangaslammin kuntien eläimet. Alue α_2

Taulukko 8: Puhdasrotuisten eläinten polveutuminen. Rungon mittausaineistossa on ilmoitettu ainoastaan lehmien isät.

	Verityypitysaineisto			Rungon mittausaineisto		
	ISK	LSK	PSK	ISK	LSK	PSK
Ks-sonni	7	48	10	3	46	6
Ei ks-sonni	15 - 30	2	6 - 8	n. 15	-	4
Yht.	22 - 37	50	16 - 18	n. 18	46	10

Ks-sonni = eläimen isänä keinosiemennyssonni

Ei ks-sonni = muu kuin keinosiemennyssonni

sisälsi Kuopion läänin pohjoisosan, Lapin, Oulun ja Vaasan läänin eläimet. Alueella a_1 oli yhteensä 142 eläintä ja alueella a_2 276 eläintä. Kahden alueen eläinten välisiä eroja tarkasteltiin ainoastaan ISK- ja LSK-aineistosta. Alueella a_1 oli 30 ISK- ja 40 LSK-eläintä ja alueella a_2 44 ISK- ja 81 LSK-eläintä (Liite 1).

Rungon mittausaineistossa Suomi oli jaettu viiteen eri alueeseen. Etelä-Suomen alueen muodostivat Hämeen, Kymen, Turun ja Porin sekä Uudenmaan läänit. Itä-Suomi koostui Mikkelin ja Pohjois-Karjalan lääneistä. Tähän alueeseen luokiteltiin myös Kuopion läänin Leppävirran ja Kangaslammen karjat. Pohjois-Savon alue oli Kuopion läänin pohjoisosa. Oulun lääni muodosti oman alueen ja Lapin lääni Pohjois-Suomen alueen (Liite 1).

Mitatuista lehmistä 64.9 prosenttia kuului karjantarkkailuun. ISK-lehmistä oli karjantarkkailussa 32.4 prosenttia, LSK-lehmistä 86.0 prosenttia ja PSK-lehmistä 70.4 prosenttia. ISK-lehmät olivat keskimäärin poikineet viisi kertaa. Luku oli arvio, koska kaikkien ISK-lehmien poikimakertojen tarkkaa määrää ei tiedetty. LSK-lehmät olivat ennen mitausajankohtaa poikineet keskimäärin 3.4 kertaa ja PSK-lehmät 3.2 kertaa.

8.1.2 Veriryhmätutkimustiedoston sisältö

Veriryhmätutkimusten tiedosto sisälsi seuraavat tiedot:

1. Eläimen tunnistetiedot

- nimi
- korvanumero
- kantakirjanumero
- tuotantokarjan maantieteellinen sijainti eli alue
- laboratorionumero
- rotu
- sukupuoli
- syntymävuosi tai arvio siitä

2. Eläimen polveutumistiedot

- Isän nimi ja kantakirjanumero. Tilojen omille sonneille annettiin numerotunnukset.
- Isän laboratorionumero
- Emän nimi ja kantakirjanumero
- Emän laboratorionumero

3. Eri veriryhmäjärjestelmistä ja proteiinimäärityksistä saadut tulokset.

8.1.3 Rungon mittaustiedoston sisältö

Rungon mittaustiedosto sisälsi seuraavat tiedot:

1. Eläimen tunnistetiedot

- Nimi
- Korvanumero tai tätä vastaava numero tarkkailun ulkopuolissa karjoissa
- Laboratorionumero, jos eläin oli testattu
- Syntymäaika (ei kaikilla)
- Syntymäkuukausi tai arvio siitä
- Maatalouskeskus

- Karjanumero
- Rotu

2. Lehmän polveutumistiedot

- Isän nimi ja kantakirjanumero, jos isä oli keinosiemennyssonni
- Isän sukuryhmä ja syntymävuosi (LSK-sonnit)
- Emän nimi
- Emän kantakirjanumero, jos emä oli kantakirjattu
- Emän laboratorionumero, jos emä oli testattu
- Isänisän nimi ja kantakirjanumero, jos isänisä oli keinosiemen-nyssonni
- Isänemän kantakirjanumero, jos isänemä oli kantakirjattu
- Emänisän nimi ja kantakirjanumero
- Emänemän kantakirjanumero tai laboratorionumero, jos emän-
emä oli kantakirjattu tai testattu
- Emänemänisän kantakirjanumero

3. Mittaustulokset

4. Muut tiedot

- Karjantarkkailuun kuuluminen
- Tiineyskuukausi
- Poikimakerta
- Mittauspäivämäärä
- Mittauskellonaika

Kaikkia polveutumistietoja ei saatu karjoista, jotka eivät kuuluneet karjantarkkailuun.

8.2 Verityypitysaineiston tutkimusmenetelmät

Verinäytteet analysoitiin kansainvälistä hemolyyttistä testiä käyttäen. Menetelmä oli pääpiirteittäin samanlainen kuin BRAENDIN (1959) käyttämä. Pestyjen punasolujen laimennokset tiputettiin tutkimuslevyille, jotka sisälsivät isoimmunisoituja vasta-aineita (reagensseja). Lopuksi lisättiin pi-sara hemolyysireaktion aiheuttavaa kanin komplementtia (Taulukko 9).

Taulukko 9: Testatut veriryhmätekijät

Järjestelmä	Testatut tekijät
A	A, H
B	B, G, K, I ₁ , I ₂ , O ₁ , O ₃ , O _x , P Q, T ₁ , T ₂ , Y ₁ , Y ₂ , A' ₂ , B', B'' D', E' ₂ , E' ₃ , G', I', J', K', O' P', Y', F' ₁
C	C ₁ , C ₂ , E, R ₁ , R ₂ , W X ₁ , X ₂ , L', X', C'', F''
F	F, V
J	J
L	L
M	M
S	H', S, U ₁ , U'
Z	Z
R'	R', S'
T'	T'

Naudan seerumiproteiinit määritettiin yksisuuntaisella (GAHNE ym. 1977) tai kaksisuuntaisella (JUNEJA ja GAHNE 1980) elektroforeesimenetelmällä polyakryyliamidigeelien avulla. Tutkimuksessa huomioitiin viisi veren proteiiniryhmistä:

- postalbumiinin (Pa) variantit: F ja S
- transferriini (Tf): A, D ja E
- post-transferriini 1 (Ptf 1): A ja B
- post-transferriini 2 (Ptf 2): F ja S
- α 1-proteaasi inhibiittori (Pi-2): F, I ja S

Tutkimustulosten tarkastelussa kukin variantti tarkoittaa myös vastaavaa alleelia, joka koodaa tätä proteiinimuotoa.

8.2.1 Suljettujen järjestelmien alleelifrekvenssien laskeminen ja geneettisen tasapainotilan arviointi

Suljettujen järjestelmien — F- ja R'-veriryhmäjärjestelmien sekä proteiinien — alleelifrekvenssit laskettiin genotyyppien frekvenssien perusteella. Genotyyppien frekvenssit laskettiin FALCONERin (1981) mukaan. Olkoon homotsygootin genotyypin F/F:n frekvenssi P , heterotsygootin F/V:n H ja homotsygootin V/V:n Q sekä $P + H + Q = 1$. Tällöin F-alleelin frekvenssi p on $p = P + \frac{1}{2}H$ ja vastaavasti V-alleelin frekvenssi q on $q = Q + \frac{1}{2}H$ tai $q = 1 - p$.

Hardyn ja Weinbergin lain mukaan geneettistä tasapainoa arvioitiin tarkastelemalla, määräytyvätkö odotetut suljettujen järjestelmien genotyyppifrekvenssit havaittujen geenifrekvenssien perusteella. Olkoot lokuksen alleelien frekvenssit p ja q . Hardyn ja Weinbergin lain mukaan homotsygoottisten genotyyppien p^2 ($= P$) ja q^2 ($= Q$) sekä heterotsygoottisten genotyyppien $2pq$ ($= H$) välillä pätee lauseke: $p^2 + 2pq + q^2 = 1$. Kun tiedetään sekä p että q , voidaan lausekkeen avulla laskea odotetut genotyyppifrekvenssit. Veriryhmämäärityksen ja elektroforeesin avulla saadaan havaitut genotyyppi-arvot. Havaittujen ja odotettujen genotyyppifrekvenssien erojen tilastollisen merkittävyyden toteamiseen käytettiin χ^2 -testiä. Taulukkoarvojen ja todettujen χ^2 -arvojen vertailuun tarvittava vapausaste (df) laskettiin siten, että genotyyppien lukumäärästä vähennettiin lokuksen alleelien lukumäärä.

ISK- ja LSK-aineistosta tutkittiin, poikkesivatko a_1 - ja a_2 -alueiden eläinten suljettujen järjestelmien alleelifrekvenssit tilastollisesti merkittävästi toisistaan. ISK-rodusta arvioitiin, mikä vaikutus isolaatiolla eli eristyksellä on ollut veren biokemialliseen polymorfismiin.

Eri rotujen alleelifrekvenssien erojen tilastollista merkittävyyttä tarkasteltiin χ^2 -riippumattomuustestillä. Vastaavaa testiä käytettiin myös aluiden välisten erojen ja isolaation aiheuttamien erojen tutkimiseen (RANTA ym. 1989).

8.2.2 Muiden veriryhmäjärjestelmien fenotyyppi- ja alleelifrekvenssien laskeminen

J-, L-, M-, Z- ja T'-järjestelmät sisältävät kaksi alleelia. Näiden lokusten suhteen heterotsygoottia genotyyppiä (esimerkiksi J/j) on usein vaikea erottaa homotsygootista (J/J). Genettisessä tasapainossa olevan populaation homotsygoottien (JJ ja jj) sekä heterotsygootin (Jj) genotyypin frekvenssit ovat:

$$\begin{aligned} (JJ) &= p_J^2 \\ (Jj) &= 2p_Jq_j \\ (jj) &= q_j^2 \end{aligned}$$

Tarkasteltavan veriryhmäjärjestelmän fenotyyppifrekvenssit ovat:

$$\begin{aligned} (J) &= p_J^2 + 2p_Jq_j \\ (j) &= (jj) = q_j^2 \end{aligned}$$

Resessiivisen J_j -alleelin frekvenssi on tällöin: $q_j = \sqrt{(j)}$. Tästä seuraa, että $p_J = 1 - q_j$. Frekvenssin estimaatin keskivirhe (S.E.) on $s = \sqrt{\frac{1-q_j^2}{4n}}$, jossa n on tutkittujen eläinten lukumäärä (NEIMANN-SØRENSEN 1958).

Jotta B-tekijöiden muodostamat tekijäyhdistelmät eli B-alleeliryhmät voidaan määrittää, on tiedettävä tutkittavan yksilön vanhempien ja mahdollisesti myös jälkeläisen B-fenotyyppi. 32 ISK-, 58 LSK- ja 38 PSK-eläimen molemmat B-alleeliryhmät pystyttiin tunnistamaan. ISK $\times$ LSK-, ISK_{>50}- ja SKB-eläimillä vastaavat luvut olivat 32, 23 ja 9. Yksi B-alleeliryhmä tunnistettiin 23 ISK-, 41 LSK-, 17 PSK-, 11 ISK $\times$ LSK-, 23 ISK_{>50}- ja 9 SKB-eläimen fenotyyppistä. Koska tiedot eri rotujen B-alleelien todellisista frekvensseistä eivät ole täydellisiä, tarkasteltiin myös eri B-veriryhmätekijöiden frekvenssejä fenotyyppien perusteella.

C-järjestelmästä laskettiin eri tekijöiden frekvenssit. Frekvenssit saatiin siten, että laskettiin prosenttiosuus, kuinka monen yksilön fenotyyppissä tarkasteltava veriryhmätekijä oli testatuista eläimistä.

A-järjestelmän alleelien frekvenssit arvioitiin ISK:lle, LSK:lle, PSK:lle ja SKB:lle FALCONERIN (1981) mukaan. Näillä roduilla oli kolme alleelia: A^A , A^{AH} ja A^a . Kaikista fenotyypeistä ei voitu todeta, oliko yksilö genotyyppiltään homotsygootti (esimerkiksi A/A) tai heterotsygootti (A/a). S-veriryhmästä on esitetty ainoastaan eri fenotyyppien taajuudet.

8.2.3 Heterotsygotia-asteen ja geneettisen etäisyyden arviointi

Tässä tutkimuksessa on rotujen heterotsygotia-aste arvioitu F- ja R'-veriryhmäjärjestelmien ja proteiinien perusteella. Lokuksen heterotsygotia-aste arvioitiin kaavalla: $h = 1 - \sum p_i^2$. Kaavassa p_i tarkoittaa tietyn alleelin frekvenssiä ja i lokuksessa olevien erilaisten alleelien lukumäärää. Jos lokuksessa on vain kaksi alleelia, oli lokuksen heterotsygotia-aste edellisen kaavan mukaan $h = [1 - (p^2 + q^2)] = 2pq$. Eri lokusten heterotsygotia-asteista laskettiin keskiarvo (H), mikä kuvaa rodun geneettistä muuntelua laskennassa käytettyjen lokusten suhteen (FERGUSON 1980). Geneettinen muuntelu laskettiin aineistosta, josta oli karsittu puoli- ja täyssisarret pois.

ISK:n, LSK:n ja PSK:n välinen geneettinen etäisyys laskettiin NEIN (1972) esittämän periaatteen mukaan. Olkoot I_{ab} , I_a ja I_b kaikkien lokusten yli lasketut aritmeettiset keskiarvot luvuille $\sum a_i b_i$, $\sum a_i^2$ ja $\sum b_i^2$ (a_i = tarkasteltavan lokuksen i :n alleelin frekvenssi populaatiossa A, b_i = i :n alleelin frekvenssi populaatiossa B). Kahden populaation geneettinen samankaltaisuus mitataan tällöin seuraavasti:

$$I = \frac{I_{ab}}{\sqrt{I_a I_b}}$$

Tällöin on kahden populaation välinen geneettinen etäisyys: $D = -\ln I$. Luku ilmoittaa geneettisessä koodissa olevien kodonierojen lukumäärää lokusta kohden. Jos $D = 0$, ovat populaatiot geneettisesti täysin samankaltaisia. Jos $D = 1$, ovat populaatiot täysin erilaisia.

Geneettinen etäisyys laskettiin kolmella eri aineistolla:

- F- ja R'-järjestelmien ja Pa:n, Tf:n, Ptf 1:n, Ptf 2:n ja Pi-2:n alleelifrekvenssien perusteella (lokusryhmä 1).
- J-, L-, M-, Z-, T'-veriryhmien alleelifrekvenssien ja B-alleeliryhmien frekvenssien perusteella (lokusryhmä 2).
- Nämä molemmat aineistot yhdessä (lokusryhmä 3).

LSK:n ja ayrshiren sekä LSK:n ja friisiläisen välistä geneettistä etäisyyttä arvioitiin suljettujen järjestelmien perusteella (lokusryhmä 1). Näiden rotujen välistä geneettistä etäisyyttä pidettiin vertailuarvona tarkasteltaessa alkuperäisrotujen välistä geneettistä etäisyyttä.

Populaatioiden välistä geneettistä yhtäläisyyttä voidaan mitata useilla eri tavoilla. CHAKRABORTY ja TATENO (1976) totesivat, että useat eri menetelmät antoivat samanlaisia geneettisiä etäisyyksiä populaatioiden välille.

8.3 Rungon mittausaineiston tutkimusmenetelmät

8.3.1 Mittauskohdat

Mitattavat eläimen kohdat olivat (Liite 2):

- | | | |
|-------------------|-----------------------|----------------------|
| 1. Säkäkorkeus | 5. Rintakehän syvyys | 9. Takasäären pituus |
| 2. Takakorkeus | 6. Rinnan ympärys | 10. Pään leveys |
| 3. Lantion leveys | 7. Rungon pituus | 11. Pään pituus |
| 4. Rinnan leveys | 8. Takasäären ympärys | |

Säkä- ja takakorkeus mitattiin niin sanotulla mittakepillä ja rinnan leveys ja syvyys ja lantion leveys mittakepissä olleella harpilla. Muiden mittojen toteamiseen käytettiin mittanauhaa.

Mittaustulokset ilmoitettiin puolen senttimetrin tarkkuudella. Säkäkorkeus oli mitta maasta (lattiasta) eläimen sään korkeimpaan kohtaan. Takakorkeus ja lantion leveys mitattiin lonkkaluiden kohdalta. Rinnan leveys arvioitiin etulapojen takaa. Samasta kohdasta saatiin myös rinnan syvyyden ja rinnan ympäryksen mitat. Rungon pituus mitattiin selkärangaa pitkin etulavan etuosasta istuinkannikkaan. Takasäären ympärys otettiin keskisäären ohuimmasta kohdasta. Takasäären pituus oli kantaluun ja vuohisluun välinen mitta. Mittaus ei tapahtunut säärtä pitkin. Mittaukset tehtiin oikeasta takasäärestä. Pään leveys mitattiin ohimolta, otsan kapeimmasta kohdasta silmien yläpuolelta ja pään pituus päälaenluun korkeimmasta kohdasta turvan alareunaan naaman keskikohdalta.

8.3.2 Aineiston käsittely

Aineisto analysoitiin Helsingin yliopiston kotieläinten jalostustieteen laitoksen mikrotietokoneella WSYS-ohjelmistoa käyttäen (VILVA 1989). Analyyseissa käytettiin pienimmän neliösumman varianssianalyysia. Käytetyt mallit olivat kiinteiden tekijöiden malleja. Myös lehmän isä oli kiinteänä tekijänä. Varianssianalyysien lisäksi laskettiin rungon mittojen keskiarvot, hajonnat ja vaihtelukertoimet eri roduille.

Analyysien tavoitteena oli selvittää, mitkä tekijät vaikuttavat alkupe-räisrotujen rungon mittojen vaihteluun tilastollisesti merkitsevästi. Analyyseissa eivät olleet mukana hiehot. Analyyseissa käytettiin mallia (malli 1):

$$Y_{ijklmn} = \mu + a_i + ty_j + r_k + t_l + p_m + e_{ijklmn} \quad (1)$$

Mallissa:

Y	=	rungon eri mitat
u	=	keskiarvo
a_i	=	alue ($i = 1-5$)
ty_j	=	karjantarkkailuun kuuluminen ($j = 1$ tai 2)
r_k	=	rotu ($k = 1-7$)
t_l	=	tiineyskuukausi ($l = 1-4$)
p_m	=	poikimakerta ($m = 1-4$)
e_{ijklmn}	=	jäännös

Tätä mallia käytettiin myös, kun tutkittiin syntymävuodenajan vai-kutusta hiehojen ja kerran tai kaksi kertaa poikineiden lehmien rungon

mittojen vaihteluun. Tässä yhteydessä ty_j oli korvattu syntymävuodenajalla s_j . Talvella (joulu- – helmikuussa) syntyneitä eläimiä oli 46, keväällä (maalis- – toukokuussa) 35, kesällä (kesä- – elokuussa) 18 ja syksyllä (syys- – marraskuussa) 50.

Alueen (a_i) ja rotujen (r_k) luokittelut esitettiin tutkimusaineiston yhteydessä. Tarkkailuun kuulumisen (ty_j) luokiteltiin seuraavasti:

$$\begin{aligned} ty_1 &= \text{on karjantarkkailussa} \\ ty_2 &= \text{ei ole karjantarkkailussa} \end{aligned}$$

Tiineyskuukaudesta muodostettiin viisi luokkaa. Ensimmäisessä luokassa (t_1) olivat lehmät, jotka eivät olleet tiineitä tai viimeisestä siemennyksestä tai astutuksesta oli kulunut korkeintaan kuukausi. Viidennessä luokassa (t_5) olivat kahdeksannella tai yhdeksännellä tiineyskuukaudella olleet lehmät.

Poikimakerran (p_m) mukaan lehmät luokiteltiin:

$$\begin{aligned} p_1 &= \text{yhden kerran poikineet} \\ p_2 &= \text{kaksi kertaa poikineet} \\ p_3 &= \text{kolme kertaa poikineet} \\ p_4 &= \text{vähintään neljä kertaa poikineet} \end{aligned}$$

Puhdasrotuisten ISK-lehmien (r_1) tarkastelussa oli mallina (*malli 2*):

$$Y_{ij} = \mu + s_i + e_{ij} \quad (2)$$

Mallissa s_i tarkoittaa lehmän isää. Isät luokiteltiin siten, että:

$$\begin{aligned} s_1 &= \text{omat sonnit} \\ s_2 &= \text{keinosiemennyssonnit} \end{aligned}$$

Omien sonnien tyttäret jaoteltiin vielä syntymäkarjan mukaan. Osa mitatuista lehmistä oli isolaatiokarjoista, joissa lehmiä oli astutettu ainoastaan tilan omilla sonneilla. Osalla mitatuista lehmistä oli isänä muiden karjojen kuin oman syntymäkarjan sonni.

LSK-aineistoa tarkasteltiin mallilla, jossa rotu (r_k) korvattiin lehmän isällä (is_k). LSK-aineiston mallissa is_i -tekijä tarkoittaa lehmän isän syntymävuotta. Lehmät luokiteltiin isän syntymävuoden mukaan neljään luokkaan:

$$\begin{aligned} is_1 &= \text{isä syntynyt vuosina 1965 – 1975} \\ is_2 &= \text{isä syntynyt vuosina 1976 – 1978} \\ is_3 &= \text{isä syntynyt vuosina 1979 – 1982} \\ is_4 &= \text{isä syntynyt vuosina 1983 – 1987} \end{aligned}$$

PSK:n eri emälinjojen (e_l) vaikutusta mittojen vaihteluun tutkittiin mallilla (malli 3):

$$Y_{ij} = \mu + e_l + e_{ij} \quad (3)$$

Kun tarkasteltiin uhanalaisen PSK:n lehmien sukutauluja, havaittiin, että useiden lehmien emänä tai emänemänä olivat samat lehmät. PSK:n kantaemien perusteella voitiin muodostaa emälinjoja. Näitä linjoja oli yhdeksän. Kolme emälinjaa oli vain yhden lehmän varassa. LS-varianssi-analyysillä tarkasteltiin, onko eri emälinjojen rungon mittojen välillä tilastollisesti merkitseviä eroja. Luokat, joissa oli vain yhden lehmän mitaustulokset, yhdistettiin. PSK-emälinjojen lisäksi LS-analyysissä olivat mukana Ruotsin tunturirotuun ja länsisuomenkarjaan kuuluneiden emien jälkeläiset, joiden isänä oli PSK-geenipankkisonni. Näistä muodostettiin kaksi luokkaa. Yhteensä luokkia oli kahdeksan.

8.4 Karjantarkkailutulosten aineisto

Vuoden 1989 aineiston tuotantotiedoista tarkasteltiin 365 päivän maito-, rasva- ja valkuaistuotosta, maidon rasva- ja valkuaisprosenttia sekä elopainoa. Aineistosta karsittiin alle 1 500 kiloa tuottaneet lehmät pois. Tuotantotietojen keskiarvot, hajonnat ja vaihtelukertoimet laskettiin koko tarkkailuaineistolle sekä veriryhmämääritysten ja rungon mittojen aineistona olleille karjoille. Tutkimusaineiston karjoista muodostettiin oma tiedosto. Näiden kahden luokan välisten erojen avulla selvitettiin, oliko tämän tutkimuksen aineisto tuotanto-ominaisuuksien perusteella edustava otos koko suomenkarjan tarkkailuaineistosta. Tuotanto-ominaisuuksien lisäksi vertailtiin myös tarkkailuaineiston ja tutkimusaineiston poikimakertojen välisiä eroja.

9 Veriryhmätutkimusten tulokset

9.1 Suljettujen järjestelmien alleelifrekvenssit

9.1.1 F- ja R'-veriryhmäjärjestelmät

Tutkituilla suomenkarjan roduilla F^F ja $R'^{S'}$ olivat yleisimmät alleelit (Taulukko 10). F^V oli erityisesti LSK:lle ominainen alleeli. PSK:n ja LSK:n alleelifrekvenssit poikkesivat toisistaan vähemmän kuin ISK:n ja LSK:n alleelifrekvenssit. Kun ISK-aineoksen osuus kasvoi ja LSK-aineoksen osuus pieneni ISK:n ja LSK:n välisten risteytyseläinten perimästä, yleistyivät sekä F^F - että $R'^{R'}$ -alleelit. χ^2 -riippumattomuustestin mukaan puhdasrotuisen ISK:n, LSK:n ja PSK:n F-järjestelmän alleelifrekvenssit poikkesivat toisistaan tilastollisesti erittäin merkittävästi ($p < 0.001$). R'-järjestelmän alleelifrekvenssien erot eivät olleet tilastollisesti merkitseviä.

9.1.2 Postalbumiini (Pa)

Pa^F -alleeli oli ISK:lle ominainen. Tämä alleeli oli ISK:lla yli kaksi kertaa yleisempi kuin LSK:lla ja yli kolme kertaa yleisempi kuin PSK:lla. Pa-alleelien frekvenssit olivat LSK:lla ja PSK:lla lähempänä toisiaan kuin ISK:lla ja LSK:lla ($p < 0.001$) (Taulukko 10).

9.1.3 Transferriini (Tf)

Tf^D oli tavanomaisin alleeli kaikilla muilla roduilla paitsi ISK:lla ja lähes puhdasrotuisella ISK:lla ($ISK_{>50}$), joilla yleisimmin oli perimässään Tf^A -alleeli (Taulukko 10). Tf^E -alleelia voidaan pitää PSK:lle ominaisena, sillä sen frekvenssi oli PSK:lla peräti 21.8 prosenttia. ISK:lla Tf^E :n frekvenssi oli 6.1 prosenttia ja LSK:lla 5.4 prosenttia. ISK:n, LSK:n ja PSK:n alleelifrekvenssien erot olivat tilastollisesti erittäin merkitseviä ($p < 0.001$) (Taulukko 10).

Pohjois-Euroopan roduilla yleisin Tf-alleeli on Tf^D . ISK:ta voidaan pitää Tf-lokuksen suhteen poikkeavana pohjoiseurooppalaisena rotuna, koska Tf^A oli ISK:lla yleisin alleeli. Friisiläisrodun tavallisin alleeli on Tf^A . Tf^E on harvinaisin alleeli *Bos taurus*-roduilla. Esimerkiksi jerseyttä tämä alleeli puuttuu lähes kokonaan. Tf^E on yleisimmillään Skandinaavian roduilla, kelttiläisillä roduilla, *Bos indicus*-roduilla ja sangarodulla. BAKERIN & MANWELLIN (1980) hypoteesin mukaan Tf^E -alleeli on yhteydessä rodun kestävyYTEEN. Rodut, joilla Tf^E on yleinen, ovat usein eläneet vaativissa ympäristöolosuhteissa.

Taulukko 10: F- ja R'-veriryhmä- ja proteiinjärjestelmien alleelifrekvenssit (%) roturyhmittäin ja frekvenssierojen tilastollinen merkitsevyys.

Alleeli	ISK	LSK	PSK	Til.merk.	ISK x LSK	ISK _{>50}	PSK x LSK	SKB	S
N	74	121	55		45	46	31	18	28
F ^R	96.6	67.3	76.3		83.3	92.4	82.2	77.8	71.4
F ^V	3.4	32.7	23.7	p < 0.001	16.7	7.6	17.8	22.2	28.6
R ¹ R ²	2.7	0.4	—		2.2	2.2	—	2.2	—
R ¹ S ¹	97.3	99.6	100.0	N.S.	97.8	97.8	100.0	97.8	100.0
Pa ^R	25.0	10.7	7.3		23.3	29.4	14.5	5.6	8.9
Pa ^S	75.0	89.3	92.7	p < 0.001	76.7	70.6	85.5	94.4	91.1
Tf ^A	52.0	38.0	22.7		46.7	70.6	22.6	27.8	37.5
Tf ^D	41.9	56.6	55.5		47.8	29.4	66.1	72.2	55.4
Tf ^E	6.1	5.4	21.8	p < 0.001	5.5	—	11.3	—	7.1
Ptf 1 ^A	53.4	45.5	51.8		52.2	46.7	41.9	19.5	37.5
Ptf 1 ^B	46.6	54.5	48.2	N.S.	47.8	53.3	58.1	80.5	62.5
Ptf 2 ^R	97.3	97.9	74.6		93.3	90.2	83.9	86.1	85.7
Ptf 2 ^S	2.7	2.1	25.4	p < 0.001	6.7	9.8	16.1	13.9	14.3
Pi-2 ^S	77.7	92.2	99.1		73.3	68.4	100.0	100.0	85.7
Pi-2 ^F	9.5	4.5	—		16.7	12.0	—	—	10.7
Pi-2 ^I	12.8	3.3	0.9	p < 0.001	10.0	19.6	—	—	3.6

N = testattujen eläinten lukumäärä

Til.merk. = tilastollinen merkitsevyys

p < 0.001 = erittäin merkitsevä ero

N.S. = ei tilastollisesti merkitsevä ero

PSK oli 1900-luvun puoliväliin asti valtarotu Pohjois-Suomessa, joka on yksi maailman pohjoisimmista karjanhoitoalueista. Luonto muokkasi PSK:sta kestävän ja vaatimattoman rodun. Tämän tutkimuksen mukaan Tf^E-alleeli oli yleinen PSK:lla. Saadut tutkimustulokset tukevat siten BAKERIN & MANWELLIN (1980) hypoteesia.

9.1.4 Post-transferriini 1 ja 2 (Ptf 1 ja Ptf 2)

Ptf 1:n eri variantteja tutkittiin kaksisuuntaisella ja Ptf 2:n variantteja yksisuuntaisella elektroforesilla. ISK:n ja PSK:n yleisin Ptf 1-alleeli oli Ptf 1^A (frekvenssit 53.4 ja 51.8 %), mutta LSK:lla Ptf 1^B oli yleisempi kuin Ptf 1^A. SKB-rodun eläimet poikkesivat selvästi muista tutkituista roduista, koska Ptf 1^A-alleelin frekvenssi oli vain 19.5 prosenttia. Tämä saattaa johtua sattumasta, koska tutkittuja tunturirodun eläimiä oli vain 18 yksilöä (Taulukko 10).

ISK:n ja LSK:n väliset erot Ptf 2:n alleelifrekvensseissä olivat pieniä.

Taulukko 11: Geneettisen tasapainon toteaminen

Lokus	χ^2 -testin tulos		
	ISK	LSK	PSK
F	0.086	2.588	5.252*
R'	0.054	0.004	0
Pa	0.718	0.325	2.320
Tf	7.360*	2.158	2.327
Ptf 1	0.801	0.135	3.042*
Ptf 2	0.057	0.050	0.162
Pi-2	2.425	4.295	0.505

χ^2 -testin tilastollinen merkitsevyys

on ilmoitettu yläindeksinä:

* = havaittujen ja odotettujen genotyypp.

frekv:it erosivat merkitsevästi ($p < 0.05$)

Ptf 2^F-alleelin frekvenssi oli LSK:lla ainoastaan 0.6 prosenttiyksikköä suurempi kuin ISK:lla. PSK poikkesi muista roduista. Ptf 2^S:n frekvenssi oli PSK:lla yli yhdeksän kertaa suurempi kuin ISK:lla ja yli 10 kertaa suurempi kuin LSK:lla ($p < 0.001$) (Taulukko 10).

9.1.5 $\alpha 1$ -proteaaasi inhibiittori (Pi-2)

Pi-2^I oli ISK:lle tyypillinen alleeli. Sen frekvenssi oli 12.8 prosenttia (Taulukko 10). LSK:lla ja erityisesti PSK:lla Pi-2^I oli harvinainen. Myös Pi-2^F oli ISK:lla yleisempi kuin LSK:lla. PSK:lla Pi-2^F-alleelia ei löydetty tutkituista yksilöistä. PSK:lla Pi-2^S-alleeli oli melkein fiksoitunut. Lähes puhdasrotuisilla ISK-eläimillä (ISK_{>50}) Pi-2^I-alleeli oli yleisempi kuin puhdasrotuisilla ISK-eläimillä. Rotujen väliset erot olivat tilastollisesti erittäin merkitseviä ($p < 0.001$).

9.2 Geneettinen tasapainotila suljettujen järjestelmien perusteella

ISK:n, LSK:n ja PSK:n geneettistä tasapainotilaa arvioitiin F- ja R'-veriryhmäjärjestelmien ja proteiinien perusteella (Taulukko 11).

LSK oli laskettujen seitsemän lokuksen perusteella geneettisessä tasapainotilassa. ISK ei ollut Tf-lokukseen suhteen tasapainossa, mutta sitä

vastoin kuudessa muussa lokuksessa ei todettu geneettistä tasapainottomuutta. Ero havaittujen ja odotettujen Tf-genotyyppien välillä oli merkitsevä ($p < 0.05$).

PSK oli viiden lokuksen perusteella geneettisessä tasapainossa. F- ja Ptf 1-lokusten osalta havaittiin, että populaatio ei ollut Hardyn ja Weinbergin lain edellyttämässä tasapainotilassa. Havaittujen ja odotettujen genotyyppien välinen ero oli tilastollisesti merkitsevä ($p < 0.05$).

PSK:ssa oli F-lokuksen suhteen enemmän heterotsygootteja yksilöitä kuin F-veriryhmän alleelifrekvenssien perusteella oli odotettavissa. Tätä tulosta voitaneen pitää mieluaisana, koska uhanalaisten rotujen säilytyksessä pyritään kasvattamaan kunkin lokuksen heterotsygotiaa. PSK:n osalta Ptf 1-lokuksessa ja ISK:n osalta Tf-lokuksessa oli odotettua enemmän homotsygootteja genotyyppieä.

9.3 Avoimet järjestelmät

9.3.1 J-, L-, M-, T¹- ja Z-veriryhmäjärjestelmien alleelifrekvenssit

J-, L-, M-, T¹- ja Z-veriryhmäjärjestelmät sisältävät vain yhden antigeenin. Veriryhmäanalyyseissa antigeeni havaitaan yksilön fenotyypissä, jos yksilön perimässä on kyseistä antigeenia periyttävä dominoiva alleeli.

J^J-alleelin frekvenssi vaihteli rodulta toiselle siten, että alleelin taajuus oli pienimmillään PSK:lla (8.6 %) ja suurimmillaan LSK:lla (38.4 %) (Taulukko 14). J^J-alleeli oli kaikilla roduilla yleisempi kuin J^J.

M^M-alleeli oli harvinainen. ISK:lla tätä alleeliä ei ollut lainkaan. PSK:lla ja PSK:n ja LSK:n risteytyseläimillä M^M-alleeli esiintyi yleisemmin kuin muilla ryhmillä.

L^L-alleelin taajuus oli korkein ISK:n ja LSK:n risteytyseläimissä (ISK x LSK-eläimillä 40.3 % ja ISK_{>50}-eläimillä 42.9 %). ISK:lla L^L-alleeli oli harvinaisempi (18.6 %) kuin LSK:lla (27.8 %). Saadut tutkimustulokset näiden neljän ryhmän välillä eivät siten ole johdonmukaisia. Puhdasrotuisessa ISK-populaatiossa L^L-alleelin frekvenssi voi kasvaa tulevaisuudessa, kun lähes puhtaita ISK-lehmiä siemennetään ISK-geenipankkisonneilla ja pyritään puhtaaseen ISK-rotuun.

T^{T'}-alleeli oli ominainen LSK:lle ja Ruotsin tunturirodulle, joilla tämän alleelin arvioitiin esiintyvän frekvensseillä 10.9 prosenttia ja 11.2 prosenttia. Myös ISK x LSK-eläimillä T^{T'}-alleeli oli keskimääräistä yleisempi.

Z^Z-alleeliä havaittiin eniten ISK:lla, ISK x LSK- ja ISK_{>50}-eläimillä. Näillä ryhmillä Z^Z:n arvioitujen frekvenssien olivat 31.2, 38.5 ja 67.0 prosent-

Taulukko 12: J-, L-, M-, T'- ja Z-järjestelmien alleelifrekvenssien arviot (%) ja frekvenssien keskivirheet

Alleeli	ISK	LSK	PSK	ISK × LSK	ISK _{>50}	PSK × LSK	SKB	S
N	74	121	55	45	46	31	18	28
J ^J	29.3	38.4	8.6	31.7	32.4	21.7	15.0	29.3
J ^j	70.7	61.6	91.4	68.3	67.6	78.3	85.0	70.7
S.E.	4.1	3.6	2.7	5.4	5.4	5.6	6.2	6.7
L ^L	18.6	27.8	21.4	40.3	42.9	19.7	19.7	26.8
L ^l	81.4	72.2	78.6	59.7	57.1	80.3	80.3	73.2
S.E.	3.4	3.2	4.2	6.0	6.1	5.4	6.2	6.4
M ^M	—	5.6	6.4	2.2	2.2	6.7	—	3.6
M ^m	100.0	94.4	96.3	97.8	97.8	93.3	100.0	96.4
S.E.	—	1.5	1.8	1.6	1.5	3.2	—	2.5
T ^{T'}	4.1	10.9	4.7	10.6	7.9	3.3	11.2	13.4
T ^{t'}	95.9	89.1	95.3	89.4	92.1	96.7	88.8	86.6
S.E.	1.7	2.1	2.0	3.3	2.9	2.3	5.6	4.7
Z ^Z	31.2	21.3	21.4	38.5	67.0	26.0	18.3	19.8
Z ^z	68.8	78.7	78.6	61.5	33.0	74.0	81.7	80.2
S.E.	4.2	2.8	4.2	5.9	6.9	6.0	6.8	5.6

N = testattujen eläinten lukumäärä

S.E. = frekvenssin arvion keskivirhe

tia. Lähes puhtaat ISK-eläimet olivat poikkeava ryhmä Z-järjestelmän perusteella, koska tässä ryhmässä Z^Z-alleeli oli yleisempi kuin Z^z-alleeli. LSK:n ja PSK:n välinen Z^Z-alleelifrekvenssin ero oli vain 0.1 prosenttiyksikköä.

9.3.2 B-veriryhmäjärjestelmä

ISK-eläinten fenotyypeistä löydettiin yhteensä 24 B-veriryhmätekiötä, LSK:lta 26, PSK:lta 18 ja Ruotsin tunturirodulta (SKB) 14 (Taulukko 13).

LSK:n yleisin B-tekiö oli O₁, joka ilmeni 70 LSK-eläimen fenotyyppissä (57.9 %). Muita LSK:lle tavallisia B-tekiöitä olivat G, Y₂, B ja A'₂. Myös ISK:n ja PSK:n yleisin B-tekiö oli O₁. ISK:lla tämän tekiön taajuus oli 56.8 prosenttia ja PSK:lla peräti 87.3 prosenttia. Tyypillisiä B-tekiöitä olivat ISK-rodussa G', Y₂, G, A'₂ ja I₁ ja PSK-rodussa A'₂, E'₂, G ja G'. Samat tekiöt – Y₂, O₁, G, A'₂ ja E'₂ – esiintyivät runsaimmin myös SKB-eläinten fenotyyppissä.

ISK:lla olivat B', P, P' ja Y' yleisempiä kuin muilla roduilla. Näiden tekijöiden taajuudet olivat 6.8, 2.7, 9.5 ja 8.1 prosenttia. Yhdenkään PSK-eläimen fenotyyppissä ei ollut P-, P'- ja Y'-tekijöitä, mitkä esiintyivät harvinaisina LSK-aineistossa. B'-tekijää ei ollut LSK:lla. ISK_{>50}-ja ISK x LSK-eläimillä P, P' ja Y' esiintyivät useammin kuin puhtailla ISK-eläimillä.

ISK- ja PSK-eläinten fenotyyppissä ei ollut Q-, J'- ja K'-tekijöitä, jotka esiintyivät harvinaisina LSK-aineistossa. Q- ja J'-tekijöitä havaittiin LSK:n lisäksi vain S-roturyhmässä.

A'₂ ja erityisesti E'₂ olivat PSK:lle ja SKB:lle ominaisia veriryhmäteknijöitä. LSK:lla E'₂:n frekvenssi oli 17.4 prosenttia, mutta ISK:lla se oli selvästi harvinaisempi kuin muilla roduilla (6.8 %).

ISK:lla oli 16, LSK:lla 27 ja PSK:lla 15 erilaista B-alleeliryhmää (Taulukko 14).

ISK:n yleisimmät B-alleeliryhmät olivat b (frekvenssi 21.59 %), I₁ (17.05 %), O₁ (9.09 %), A'₂E'₃G' (9.09 %) ja GO₁ (7.95 %). B-alleeliryhmien perusteella voitiin havaita, että ISK oli osittain jakautunut eri sukulinjoihin. Karjoissa, joissa lehmät oli astutettu tilan omilla sonneilla, oli näille karjoille ominaisia B-alleeliryhmiä. I₁, A'₂E'₃G', GO₁Y₂-, D'G'T'- ja b-alleeliryhmät olivat tyypillisiä viidessä eri karjassa. Puolet (neljä eläintä) erään pohjoissavolaisen ISK-karjan eläimistä, joiden genotyyppi tunnistettiin, oli genotyypeiltään I₁/A'₂E'₃G'.

I₁-alleelia oli toisaalta myös LSK-eläinten ja ISK:n ja LSK:n risteytyseläinten genotyypeissä, ja A'₂E'₃G' oli harvinainen alleeliryhmä lähes puhdasrotuisilla ISK-eläimillä (ISK_{>50}). Nämä ISK-, ISK x LSK- ja ISK_{>50}-eläimet eivät olleet sukua keskenään. GO₁Y₂-alleeliryhmä esiintyi kahdessa omia sonneja käyttäneessä karjassa. Tämä ryhmä oli yleinen LSK:lla ja ISK_{>50}-eläimillä.

Kun otetaan sonneja sukulinjoista keinosiemennyskäyttöön, on ISK-linjojen eläinaines kaikkien ISK:n karjankasvattajien käytössä. Samalla tietyt B-alleeliryhmät yleistyvät ISK-rodulle ominaisiksi. BY₂P'Y'-, GO₁Y₂-, O₁Y₁-, PY₂P'Y'- ja I'-ryhmät yleistynevät ISK-rodussa. Kyseiset alleeliryhmät olivat lähes puhdasrotuisilla ISK-eläimillä tavanomaisempia kuin puhdasrotuisella ISK:lla. Näissä ryhmissä esiintyvät B-tekijät (P, P' ja Y') olivat niin ikään ISK_{>50}-eläimillä yleisempiä kuin ISK:lla.

Taulukko 13: Fenotyyppien perusteella lasketut B-tekijäfrekvenssit (%)

Tekijä	ISK	LSK	PSK	ISK x LSK	ISK _{>50}	PSK x LSK	SKB	S
N	74	121	55	45	46	31	18	28
B	13.5	39.7	10.9	37.8	34.8	29.0	22.2	35.7
B''	8.1	9.1	5.5	17.8	8.7	6.5	—	3.6
B'	6.8	—	3.6	2.2	—	—	—	—
G	28.4	56.2	29.1	44.4	43.5	35.5	44.4	50.0
K	1.4	14.9	10.9	13.3	4.3	—	16.7	17.9
I ₁	20.3	15.7	—	8.9	2.2	—	—	7.1
I ₂	5.4	14.9	7.3	15.6	4.3	16.1	—	7.1
O ₁	56.8	57.9	87.3	60.0	63.0	83.9	55.6	75.0
O ₃	—	—	—	—	—	—	—	—
O _x	2.7	5.8	—	11.1	—	—	11.1	3.6
P	2.7	1.7	—	8.9	15.2	—	—	—
Q	—	3.3	—	—	—	—	—	3.6
T ₂	6.8	1.7	12.7	2.2	—	—	—	3.6
Y ₂	29.7	54.5	23.6	37.8	43.5	48.4	77.8	46.4
A' ₂	21.6	34.7	65.5	33.3	10.9	35.5	44.4	42.9
D'	13.5	28.9	12.7	15.6	4.3	9.7	16.7	14.4
E' ₂	6.8	17.4	41.8	15.6	10.9	16.1	38.9	28.6
E' ₃	18.9	10.7	14.5	6.7	4.3	22.6	33.3	7.1
G'	36.5	32.2	29.1	22.2	17.4	25.8	50.0	17.9
I'	10.8	4.1	9.1	8.9	28.3	29.0	—	7.1
J'	—	1.7	—	—	—	—	—	3.6
K'	—	0.8	—	—	2.2	—	—	3.6
O'	2.7	4.1	—	6.7	—	—	—	3.6
P'	9.5	2.5	—	13.3	19.6	3.2	—	7.1
Y'	8.1	5.0	—	11.1	19.6	9.7	—	7.1
T ₁	—	—	—	—	—	—	—	—
Y ₁	4.1	9.1	5.5	15.6	15.2	—	11.1	10.7
F' ₁	1.4	5.0	5.5	6.7	2.2	—	5.6	3.6

N = testattujen eläinten lukumäärä

Taulukko 14: B-alleeliryhmien frekvenssit (%) roduittain

All-ryhmä	ISK	LSK	PSK	ISK × LSK	ISK _{>50}	SKB
N	56	99	55	43	46	18
b	21.59	—	3.23	6.67	—	—
B	—	—	—	—	1.45	—
BGKE' ₂	—	5.73	6.45	2.67	2.90	11.11
BGKE' ₂ O'	—	—	—	2.67	—	—
BGKA' ₂ O'	—	—	—	1.33	—	—
BGO ₁	—	8.92	—	4.00	1.45	—
BI ₁	—	5.10	—	2.67	—	—
BI ₁ QJ'O'	—	0.64	—	—	—	—
BO ₁ Y ₂ D'	—	1.27	—	1.33	—	3.70
BP	—	—	—	—	2.90	—
BPP'	—	1.27	—	1.33	2.90	—
BY ₂ PY'	—	—	—	1.33	1.45	—
BY ₂ P'Y'	6.82	—	—	2.67	8.70	—
GO ₁	7.95	1.27	1.08	5.33	5.80	7.41
GO ₁ G'	—	—	—	—	1.45	—
GO ₁ Y ₁	—	0.64	—	1.33	—	—
GO ₁ Y ₂	2.27	15.29	2.15	6.67	13.04	7.41
GO ₁ T ₂ D'G'	—	1.27	7.53	1.33	—	—
I ₁	17.05	3.19	—	4.00	2.90	—
I ₂	2.27	10.19	4.30	9.33	2.90	—
O ₁	9.09	—	—	5.33	5.80	—
O ₁ Y ₁	—	—	—	4.00	8.70	—
O ₁ Y ₂	4.55	0.64	1.08	2.67	1.45	—
O ₁ A' ₂	3.41	—	35.48	—	—	18.52
O ₁ A' ₂ B'	—	—	2.15	—	—	—
O ₁ E' ₂	—	—	18.28	—	—	7.41
O ₁ E' ₂ G'	4.55	—	—	4.00	4.34	—
O ₂ A' ₂	—	4.72	—	4.00	—	7.41
PY ₂ P'Y'	—	—	—	2.67	2.90	—
QE' ₃	—	0.64	—	—	—	—
Y ₁	—	0.64	—	—	1.45	—
Y ₁ D'G'	2.27	1.27	—	2.67	—	—
Y ₁ E' ₃ GY ₂	—	1.27	—	—	—	—
Y ₁ E' ₃ G'	—	—	—	—	—	7.41
Y ₂	—	1.91	2.15	—	—	3.70
Y ₂ A' ₂	—	1.91	—	—	—	—
Y ₂ D'G'	—	13.38	—	4.0	1.45	3.70
Y ₂ E' ₂ G'	—	—	8.60	—	—	3.70
Y ₂ E' ₂ G'Y'	—	0.64	—	—	—	—
Y ₂ E' ₃ G'	—	—	—	—	—	18.52
A' ₂	—	13.38	1.08	8.00	2.90	—
A' ₂ E' ₃ G'	9.09	—	—	—	2.90	—
D'G'T'	4.55	—	—	—	1.45	—
E' ₂	1.14	1.27	—	—	1.45	—
E' ₃	—	1.91	1.08	2.67	—	—
G'	1.14	—	—	—	1.45	—
I'	2.27	1.27	5.37	5.33	15.94	—
P'	—	0.64	—	—	—	—
YHT.	100.01	100.27	100.01	100.00	100.02	100.00

N = eläinten lukumäärä, joiden fenotyypistä tunnistettiin joko 1 tai 2 alleelia

LSK:lle tyypillisiä B-alleeliryhmiä olivat GO_1Y_2 (frekvenssi 15.29 %), $Y_2D'G'$ (13.38 %), A'_2 (13.38 %), I_2 (10.19 %) ja BGO_1 (8.92 %). Nämä ryhmät olivat harvinaisia sekä ISK:lla että PSK:lla. $Y_2D'G'$ - ja BGO_1 -alleeliryhmiä ei havaittu PSK:lla, ja ISK:lta puuttui näiden lisäksi myös A'_2 .

$O_1A'_2$ (frekvenssi 35.48 %), $O_1E'_2$ (18.28 %), $Y_2E'_2G'$ (8.60 %), $GO_1T_2D'G'$ (7.53 %) ja $BGKE'_2$ (6.45 %) olivat PSK:n yleisimmät B-alleeliryhmät. $O_1A'_2$ -alleeliryhmä oli 33 PSK-eläimellä. Homotsygootti $O_1A'_2/O_1A'_2$ -yksilöitä ei esiintynyt niissä eläimissä, joiden molemmat B-ryhmät tunnistettiin. Todennäköinen syy, miksi $O_1A'_2$ -alleeliryhmä oli yleinen PSK:lla, oli R. Oskarin (S 13866) runsas käyttö keinosiemennyksessä. Tällä sonnilla oli kyseinen ryhmä genotyyppissään. R. Oskari oli yksi ensimmäisistä geenipankkisonneista, joista pakastettiin spermaa.

$O_1A'_2$ -ryhmä oli harvinainen ISK:lla (3.41 %) ja yleinen tunturirodulla (18.52 %). $O_1E'_2$ - ja $Y_2E'_2G'$ -alleeliryhmiä esiintyi PSK:n lisäksi tunturirodulla. Y_2 -alleelia havaittiin LSK:lla, PSK:lla ja SKB:llä, mutta ISK:lla tätä alleelia ei ollut.

ISK:lla, LSK:lla ja PSK:lla oli viisi yhteistä B-alleeliryhmää. GO_1 ja GO_1Y_2 esiintyivät myös muilla roturyhmillä. Kaikilla muilla roduilla paitsi SKB:llä esiintyi I_2 -, O_1Y_2 - ja I' -ryhmät.

MAIJALA ja LINDSTRÖM (1966) tarkastelivat suomenkarjan B-alleeliryhmien taajuuksia yhdistetyn ISK-, LSK- ja PSK-sonnien aineiston sekä pelkkien LSK-sonnien perusteella. Muutamat alleeliryhmät, esimerkiksi GE'_2 , O_1Y_1 , $O_2QJ'K'O'$, P' ja PY_2 , esiintyivät harvinaisina, kun myös ISK- ja PSK-sonnit olivat mukana tarkastelussa. GO_1Y_2 - ja $Y_2D'G'$ -alleeliryhmät olivat erityisesti LSK:lla yleisiä B-järjestelmässä sekä MAIJALAN ja LINDSTRÖMIN (1966) että tämän tutkimuksen mukaan. $Y_2D'G'$ -alleeliryhmää pidetään suomenkarjalle ominaisena alleelina. Resessiivinen b-alleeli oli MAIJALAN ja LINDSTRÖMIN (1966) tutkimuksessa yleinen LSK-aineistossa. Tässä tutkimuksessa LSK-aineistosta b-alleelia ei esiintynyt, mutta se oli yleinen ISK:lla.

9.3.3 C-, A- ja S-veriryhmäjärjestelmät

Testatuista C-tekijöistä esiintyi ISK-rodussa 10, LSK-rodussa 12 ja PSK-rodussa 11 (Taulukko 15). LSK:n yleisin tekijä oli C_1 (frekvenssi 69.4 %). LSK-eläinten fenotyyppistä havaittiin usein myös E, R_2 , W, X_2 ja L' . ISK:lle ominaisia C-tekijöitä olivat C_1 , W, E, C'' ja L' ja PSK:lle W, C'' , X_2 , C_1 ja R_2 . PSK:lla oli X_1 -tekijä (frekvenssi 36.4 %) selvästi yleisempi kuin LSK:lla (5.0 %). ISK- ja $ISK_{>50}$ -eläimiltä tämä tekijä puuttui.

Taulukko 15: C-veriryhmätekiöiden frekvenssit (%)

Tekijä	ISK	LSK	PSK	ISK x LSK	ISK _{>50}	PSK x LSK	SKB	S
C ₁	67.6	69.4	43.6	82.2	93.5	74.2	33.3	71.4
C ₂	10.8	5.8	1.8	4.4	6.5	16.1	—	3.6
E	60.8	57.9	36.4	60.0	78.3	74.2	44.4	85.7
R ₁	—	0.8	—	—	—	—	—	—
R ₂	29.7	52.9	40.0	42.2	45.7	38.7	33.3	50.0
W	67.6	47.9	58.2	53.3	80.4	74.2	83.3	71.4
X ₁	—	5.0	36.4	2.2	—	16.1	16.7	10.7
X ₂	16.8	38.8	45.5	13.3	6.5	35.5	44.4	25.0
L'	32.4	35.5	27.3	20.0	30.4	6.5	11.1	21.4
X'	6.8	17.4	23.6	13.3	2.2	3.2	22.2	7.1
C''	33.8	28.9	52.7	26.7	21.7	32.3	38.9	39.3
F''	1.4	2.5	3.6	6.7	2.2	—	—	3.6

Taulukko 16: A-veriryhmän fenotyyppien frekvenssit (%) roduittain

Fenot.	ISK	LSK	PSK	ISK x LSK	ISK _{>50}	PSK x LSK	SKB	S
a	41.9	33.1	36.4	33.3	60.9	35.5	61.1	60.7
A	44.6	54.5	36.3	46.4	34.8	38.7	27.8	35.7
AH	13.6	12.4	27.2	17.8	2.2	25.8	11.2	3.6
H	—	—	—	2.2	2.2	—	—	—

ISK-, LSK-, ISK x LSK- ja PSK x LSK-eläimillä fenotyyppi A oli yleisin. A-fenotyyppi voi olla joko A/a- tai A/A-genotyyppi. Muilla roduilla ja roturisteytyksillä oli resessiivinen homotsygootti a/a yleisin fenotyyppi. ISK x LSK- ja ISK_{>50}-eläimillä löydettiin harvinainen fenotyyppi H (Taulukko 16).

ISK:lla, LSK:lla, PSK:lla ja SKB:llä yleisin alleeli oli resessiivinen A^a ja harvinaisin A^{AH} (Taulukko 18). PSK:lla A^{AH}-alleeli oli selvästi yleisempi kuin muilla roduilla.

Eri S-veriryhmäjärjestelmän alleeleiden frekvenssejä ei arvioitu, vaan laskettiin ainoastaan fenotyyppien frekvenssit (Taulukko 18). s-fenotyypin frekvenssi on myös resessiivisen homotsygootti s/s-genotyypin frekvenssi.

Resessiivisiä homotsygootteja s/s oli eniten ISK:ssa (37.8 %) ja vähiten PSK:ssa ja lähes puhdasrotuisissa ISK-eläimissä (9.1 % ja 8.7 %).

s/s-genotyypin lisäksi H'- ja SH'-fenotyypppejä löydettiin kaikilta ro-

Taulukko 17: A-veriryhmän alleeleiden frekvenssit (%)

Alleeli	ISK	LSK	PSK	SKB
A ^a	64.7	57.5	60.3	78.2
A ^A	28.3	36.1	24.9	16.1
A ^{AH}	7.0	6.4	14.8	5.7

Taulukko 18: Eri rotujen S-veriryhmän fenotyyppien frekvenssit (%)

Fenot.	ISK	LSK	PSK	ISK × LSK	ISK _{>50}	PSK × LSK	SKB	S
s	37.8	27.3	9.1	35.6	8.7	12.9	16.7	10.7
H'	39.2	43.8	81.8	40.0	73.9	71.0	55.5	71.4
SH'	23.0	24.8	5.5	22.2	17.4	16.1	5.7	10.7
H'U'	—	1.6	3.6	—	—	—	11.1	3.6
SH'U'	—	0.8	—	—	—	—	—	—
U'	—	1.7	—	2.2	—	—	—	3.6
H'UU'	—	—	—	—	—	—	11.1	—

duilta ja roturisteytyksiltä. Koko aineiston yleisin fenotyyppi oli H'. PSK:sta peräti 81.8 prosenttia oli fenotyypiltään H'.

Sekä puhtaissa että lähes puhtaissa ISK-eläimissä ei ollut eläimiä, joiden fenotyyppi olisi ollut U'. ISK × LSK-eläimissä esiintyi harvinaisena U'-fenotyyppi. LSK:lla oli kolmea erilaista fenotyyppiä, joissa U' oli yhtenä tekijänä.

LSK oli roduista muuntelevin. LSK-aineistossa oli kuusi erilaista fenotyyppiä. Sekä ISK- että PSK-aineistossa oli neljä fenotyyppiä.

9.4 Eläinten väliset alueelliset erot

Alueiden välisiä geneettisiä eroja tutkittiin kahdeksan lokuksen (F- ja R'-veriryhmäjärjestelmät, Pa, Tf, Ptf 1, Ptf 2 ja Pi-2) perusteella. Alueellisten erojen selvittämiseksi käytettiin aineistona puhdasrotuisia ISK- ja LSK-eläimiä.

ISK:lla alueiden väliset, toisin sanoen ISK-rodun sisäiset, erot olivat suurimpia Pa-lokuksessa ja Tf^A- ja Tf^D-alleeleissa (Taulukko 19). a₂-alueen ISK-aineistossa Pa^F-alleeli oli yli viisi kertaa ja Tf^A-alleeli yli neljä kertaa yleisempi kuin a₁-alueen ISK-eläimissä. Tf^D-alleeli oli 3.5 kertaa

Taulukko 19: Alleelifrekvenssit (%) a_1 - ja a_2 -alueilla

Alleelit	ISK		LSK	
	a_1	a_2	a_1	a_2
N	30	44	40	81
F^F	91.6	100.0	61.3	70.4
F^V	8.4	—	38.7	29.6
$R'S'S'$	95.0	98.8	100.0	99.4
$R'S'R'$	5.0	1.2	—	0.6
Pa^S	93.3	62.5	86.2	90.7
Pa^F	6.7	37.5	13.8	9.3
Tf^A	16.6	76.1	43.8	35.2
Tf^D	71.1	20.5	53.7	58.0
Tf^E	11.7	3.4	2.5	6.8
$Ptf\ 1^A$	63.3	46.6	42.5	46.9
$Ptf\ 1^B$	36.7	53.4	57.5	53.1
$Ptf\ 2^F$	98.3	96.6	96.2	98.8
$Ptf\ 2^S$	1.7	3.4	3.8	1.2
$Pi-2^S$	70.0	83.0	91.3	92.6
$Pi-2^F$	13.3	6.8	5.0	4.3
$Pi-2^I$	16.7	10.2	3.7	3.1

N = testattujen eläinten lukumäärä

yleisempi a_1 -alueella kuin a_2 -alueella. F^V -alleelia ei esiintynyt a_2 -alueella. Alueiden a_1 ja a_2 ISK-eläinten väliset alleelifrekvenssien erot olivat tilastollisesti merkitseviä Pa -, Tf - ($p < 0.001$) ja $Ptf\ 1$ -loluksen ($p < 0.05$) osalta.

Alueiden väliset erot olivat LSK-rodulla pienempiä kuin ISK:lla. Alleelifrekvenssit eivät poikenneet alueiden välillä tilastollisesti merkitsevästi. F-järjestelmän alleeleiden ja Tf^A -alleeleiden frekvenssit poikkesivat taajuuksien perusteella eniten (Taulukko 19).

9.5 Isolaation (eristyneisyyden) vaikutus ISK-rodussa

Puhdasrotuisista ISK-eläimistä oli 39 yksilöä karjoista, joissa ei ole käytetty tilan ulkopuolisia sonneja useiden sukupolvien aikana. Näitä iso-

laatiokarjoja oli neljä kappaletta. On todennäköistä, että ainakin osa kyseisten karjojen ISK-eläimistä on sukusiitettyjä.

Isolaatiokarjojen ja muiden kuin isolaatiokarjojen ISK-eläinten väliset alleelifrekvenssien erot olivat pieniä (Taulukko 20). Keskimäärin isolaatiokarjasta puuttui 3.25 alleelia. Yli 10 ISK-eläimen karjoista ei löydetty keskimäärin kahta alleelia ja alle 10 eläimen karjoista 4.5 alleelia. Isolaatiokarjojen muodostamalta ryhmältä puuttui $R'^{R'}$ -alleeli. Muiden karjojen eläimiltä ei havaittu F^V -alleelia.

Ainoastaan Pi-2-lokuksen suhteen isolaatiokarjojen ja muiden kuin isolaatiokarjojen alleelifrekvenssien erot poikkesivat toisistaan tilastollisesti merkitsevästi ($p < 0.01$).

Isolaatiokarjojen ISK-eläimissä oli vähemmän heterotsygootteja yksilöitä kaikkien muiden lokusten paitsi F-veriryhmän suhteen kuin muiden karjojen eläimissä.

Isolaatiokarjojen eläimet olivat genotyypeiltään samankaltaisia, kun tarkasteltiin kutakin karjaa erikseen. Alleeleita oli mahdollisesti fiksoitunut tai hävinnyt. Sitä vastoin isolaatiokarjojen välillä oli eroja, minkä vuoksi näiden karjojen eläinten ryhmä oli kokonaisuutena geneettisesti muunteleva.

9.6 Eri rotujen geneettinen muuntelu

Eri lokusten heterotsygotia-asteiden keskiarvon (H) perusteella arvioituna geneettisesti muuntelevin rotu oli ISK (Taulukko 21). Vähiten heterotsygotiaa ilmeni PSK:lla.

Tf-lokus oli muuntelevin kaikilla roduilla. Myös Ptf 1-lokuksen heterotsygotia-aste oli korkea. PSK:lla ei esiintynyt muuntelua R' -veriryhmässä, koska kaikki tutkitut PSK-eläimet olivat S'/S' -genotyyppejä. R' -järjestelmä oli homotsygoottisin myös LSK-rodulla. PSK:lla oli eniten ja ISK:lla oli vähiten muuntelua Ptf2-lokuksessa. Niin ikään LSK:lla Ptf2:n heterotsygotia-aste oli alhainen.

Heterotsygotia-astetta (H) voidaan myös käyttää mittana populaatioiden välisille geneettisille eroille. Heterotsygotia-asteen perusteella LSK ja PSK olivat geneettisesti lähempänä kuin LSK ja ISK. ISK:n ja PSK:n välinen geneettinen ero oli suurin.

9.7 Eri rotujen geneettinen etäisyys

F-, R' -järjestelmien sekä Pa-, Tf-, Ptf1-, Ptf2- ja Pi-2-proteiinien alleelien frekvenssien perusteella arvioituna LSK ja PSK olivat geneettisesti kaikista samankaltaisimpia (Taulukko 22 ja kuva 1). Ay:n ja fr:n välinen

geneettinen ero oli hieman suurempi kuin LSK:n ja PSK:n ero. LSK ja fr olivat geneettisesti lähempänä toisiaan kuin LSK ja ISK tai LSK ja ay. ISK:n ja PSK:n välinen geneettinen etäisyys oli suurin tutkituista rotueroista. Näiden rotujen geneettinen ero oli yli kaksi kertaa suurempi kuin ay:n ja fr:n.

PSK:n ja SKB:n välinen geneettinen etäisyys oli 0.030, kun aineistona oli suljettujen järjestelmien alleelifrekvenssit. SKB poikkesi muista roduista Ptf 1-lokukseen alleelifrekvenssien suhteen (Taulukko 10). Kun PSK:n ja SKB:n geneettinen etäisyys arvioitiin suljettujen järjestelmien aineiston perusteella ilman Ptf 1:n alleelifrekvenssejä, saatiin näiden rotujen väliseksi geneettiseksi etäisyydeksi 0.010.

Kun käytettiin aineistona J-, M-, L-, Z-, T'-, A- ja B-järjestelmien alleelien frekvenssejä (*lokusryhmä 2*), oli LSK:n ja PSK:n välinen geneettinen etäisyys suurempi ja ISK:n ja PSK:n etäisyys pienempi kuin ensimmäistä lokusryhmää käytettäessä. LSK:n ja ISK:n välinen geneettinen ero säilyi yhtä suurena. LSK:n ja PSK:n geneettinen etäisyys oli suurin.

ISK:n ja PSK:n välillä geneettinen etäisyys oli suurin, kun aineistona oli 14 lokuksen alleelien frekvenssit *lokusryhmä 3*. LSK:n ja PSK:n välinen ero oli hieman suurempi kuin LSK:n ja ISK:n välinen etäisyys.

Luotettavimpana lokusryhmänä, jolla rotujen välisiä geneettisiä eroja tutkittiin, voitiin pitää ensimmäistä lokusryhmää. F-, R'-, Pa-, Tf-, Ptf 1-, Ptf 2- ja Pi-2-järjestelmien alleelien frekvenssit olivat tarkkoja lukuja, mutta muiden lokusten alleelifrekvenssit olivat arvioita todellisista taajuuksista, joita ei tiedetty. Erityisesti osa B-veriryhmäjärjestelmän alleeliryhmistä on ominaisia vain tietyille roduille. Siten B-ryhmien frekvenssien selvittämien on tärkeää, kun tarkastellaan rotujen välisiä geneettisiä etäisyyksiä. Tässä tutkimuksessa ei pystytty määrittämään kaikkien eläinten B-alleeliryhmiä, ja lasketut B-ryhmien frekvenssit olivat siten arvioita varsinaisista frekvensseistä.

Taulukko 20: Isolaation (eristyneisyyden) vaikutus alleelifrekvensseihin (%) ISK-rodussa

Alleeli	Isol. karjat	Ei isol. karjat
N	39	35
F ^F	93.6	100.0
F ^V	6.4	–
R'S ^{S'}	100.0	94.3
R'S ^{R'}	–	5.7
Pa ^S	75.6	74.3
Pa ^F	24.4	25.7
Tf ^A	47.4	57.2
Tf ^D	46.2	37.1
Tf ^E	6.4	5.7
Ptf 1 ^A	60.3	45.7
Ptf 1 ^B	39.7	54.3
Ptf 2 ^F	100.0	94.3
Ptf 2 ^S	–	5.7
Pi-2 ^S	84.6	70.0
Pi-2 ^F	11.5	7.1
Pi-2 ^I	3.9	22.9

N = testattujen eläinten lukumäärä

Isol. karjat = ISK-karjat, joissa lehmät on astutettu tilan omilla sonneilla.

Ei isol. karjat = ISK-lehmät, jotka on astutettu ks- tai muilla kuin tilojen omilla ISK-sonneilla.

Taulukko 21: Rotujen heterotsygotia-aste (h ja H) (%)

Lokus	ISK	LSK	PSK
N	21	50	15
F	13.19	46.08	27.82
R'	13.19	1.98	0.00
Pa	36.27	21.12	18.00
Tf	58.04	55.04	53.14
Ptf 1	48.99	47.12	49.78
Ptf 2	4.68	3.92	27.82
Pi-2	44.93	20.14	6.38
H	31.33	27.91	26.13

N=laskennassa käytettyjen

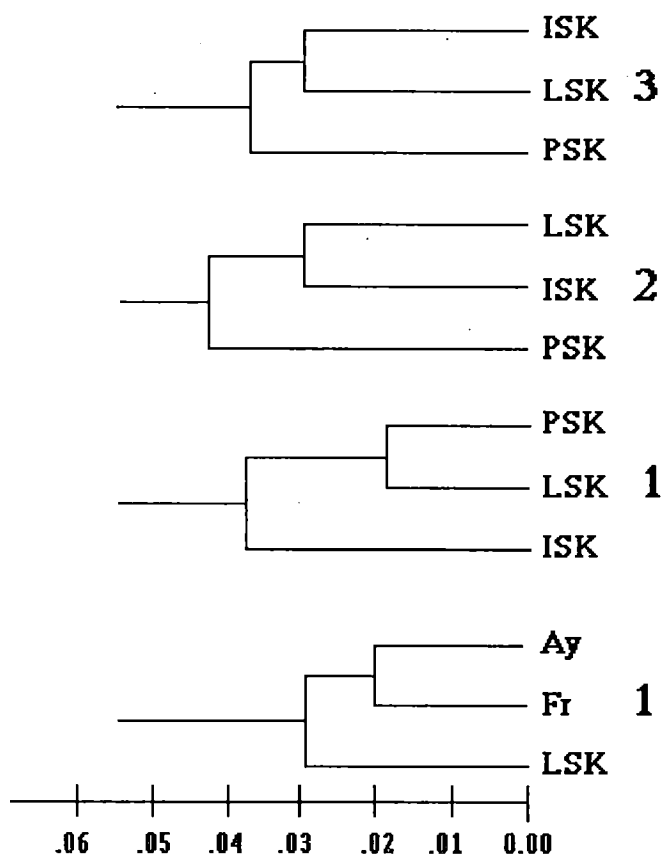
yksilöiden lukumäärä

H=yksittäisten lokusten hetero-

tsygotia-asteiden (h) keskiarvo

Taulukko 22: Rotujen väliset geneettiset etäisyydet kolmea eri lokusryhmää käyttäen.

	Lokusryhmä 1		Lokusryhmä 1		Lokusryhmä 2		Lokusryhmä 3	
	Ay	Fr	ISK	PSK	ISK	PSK	ISK	PSK
LSK	0.034	0.025	0.030	0.019	0.030	0.052	0.030	0.035
ISK				0.046		0.034		0.040
Ay		0.020						



Kuva 1: ISK:n, LSK:n ja PSK:n sekä LSK:n, ay:n ja fr:n välisiä geneettisiä etäisyyksiä kuvaavat dendrogrammit (lokusryhmät 1, 2 ja 3)

10 Rungon mittojen tulokset

10.1 Rungon mittojen keskiarvot, hajonnat ja vaihtelukertoimet

Rinnanympäryksen arvojen laskennassa on karsittu 8. tai 9. kuukautta tiineenä olleet yksilöt pois. Rinnanympäryksen arvot laskettiin 28 ISK-, 77 LSK- ja 24 PSK-lehmän perusteella (Taulukko 23).

LSK-lehmien kaikkien rungon mittojen keskiarvot olivat suurimpia. LSK:n ja ISK:n välinen ero säkäkorkeudessa oli 4.8 senttimetriä ja takakorkeudessa 5.4 senttimetriä. PSK oli säkäkorkeudeltaan 5.1 ja takakorkeudeltaan 5.4 senttimetriä LSK:a pienempi. ISK:n keskiarvot olivat suurempia kuin PSK:n keskiarvot säkäkorkeudessa, rinnan leveydessä, rungon pituudessa ja pään mitoissa. Vastaavasti PSK osoittautui kookkaammaksi kuin ISK lantion leveydessä, rinnan syvyydessä ja ympäryksessä sekä takasäären pituudessa. Keskiarvoista laskettuna säkä- ja takakorkeuden erotus on ISK:lla 2.4, LSK:lla 3.0 ja PSK:lla 2.7 senttimetriä.

Pienin puhdasrotuinen ISK-lehmä oli säkäkorkeudeltaan 108.5 sentti-

Taulukko 23: ISK-, LSK- ja PSK-lehmien rungon mittojen keskiarvot (senttimetreissä), hajonnat ja vaihtelukertoimet

Mitta	ISK (n = 34)			LSK (n = 86)			PSK (n = 27)		
	μ	σ	V%	μ	σ	V%	μ	σ	V%
SK	117.8	6.21	5.27	122.6	4.52	3.69	117.5	3.25	2.77
TK	120.2	6.07	5.05	125.6	4.80	3.82	120.2	3.32	2.76
LL	47.4	4.33	9.14	49.5	3.38	6.83	47.6	2.58	5.42
RL	37.6	5.07	13.48	39.9	3.59	9.00	37.5	3.87	10.32
RS	65.4	4.06	6.21	68.1	3.14	4.61	66.4	2.21	3.33
RY	173.3	13.13	7.58	180.1	8.52	4.73	173.7	8.46	4.87
RP	141.3	8.29	5.87	146.4	6.50	4.44	138.9	4.53	3.26
TY	18.0	1.37	7.61	18.7	1.09	5.83	18.0	1.02	5.67
TP	38.7	2.63	6.80	40.6	1.75	4.31	38.9	1.35	3.47
PL	20.2	1.59	7.87	21.0	1.69	8.05	19.6	1.36	6.94
PP	48.4	3.53	7.29	50.4	2.64	5.24	48.0	1.81	3.77

Käytetyt lyhenteet:

SK = säkäkorkeus

RS = rinnan syvyys

TP = takasäären pituus

TK = takakorkeus

RY = rinnan ympäryys

PL = pään leveys

LL = lantion leveys

RP = rungon pituus

PP = pään pituus

RL = rinnan leveys

TY = takasäären ympäryys

μ = keskiarvo

σ = hajonta

V% = vaihtelukerroin = $\frac{\sigma}{\mu} \times 100$

Taulukko 24: Rungon mittojen pienimmät ja suurimmat arvot (senttimetrejä)

Mitta	ISK	LSK	PSK
SK	108.5 – 133.5	115.0 – 136.0	108.5 – 123.0
TK	110.0 – 134.5	115.0 – 139.0	110.0 – 125.5
LL	40.5 – 57.5	37.5 – 59.0	41.0 – 53.0
RL	29.0 – 49.5	37.5 – 59.0	41.0 – 53.0
RS	55.0 – 74.5	58.5 – 79.0	61.5 – 69.5
RY	154.0 – 206.0	157.0 – 201.0	154.0 – 190.0
RP	127.0 – 163.0	132.0 – 162.0	130.0 – 148.0
TY	15.0 – 22.0	16.5 – 21.0	16.5 – 22.0
TP	36.0 – 49.0	36.5 – 45.5	35.0 – 42.0
PL	17.0 – 24.0	17.5 – 22.5	17.0 – 22.5
PP	41.5 – 58.0	41.5 – 57.0	44.0 – 52.0

Mittojen lyhenteet ilmoitettu taulukossa 23

metriä ja suurin 133.5 senttimetriä. Samat lehmät olivat myös takakorkeudeltaan rodun pienin ja suurin yksilö (110.0 cm ja 134.5 cm). ISK:n suurin rinnan ympärys, 206 senttimetriä, mitattiin lehmältä, joka oli 7. tiineyskuukaudella (Taulukko 24).

LSK:n säkäkorkeus vaihteli 115.0 senttimetrinä 136.0 senttimetriin ja takakorkeus 115.0 senttimetrinä 139.0 senttimetriin. Pienin LSK-lehmiltä mitattu rinnan ympärys oli 157.0 ja suurin 201.0 senttiä. Rinnan ympärykseltään suurin lehmä oli 4. tiineyskuukaudella (Taulukko 24).

PSK-rodun pienimmän lehmän säkäkorkeus oli 108.5 ja suurimman 123.0 senttimetriä. Rinnan ympärys vaihteli PSK-lehmillä 154.0 sentistä 190.0 senttiin (Taulukko 24). Säkä- ja takakorkeudeltaan LSK:n ja PSK:n pienimmät ja suurimmat lehmät eivät olleet pienimpiä ja suurimpia kaikissa rungon mitoissa.

Vaihtelukerroin oli kaikilla roduilla suurin rinnan leveydessä. ISK:lla ja PSK:lla takakorkeuden ja LSK:lla säkäkorkeuden vaihtelukerroin oli pienin. ISK:n pään leveyden vaihtelukerroin oli pienempi kuin LSK:n pään leveyden vaihtelukerroin, mutta kaikkien muiden ISK:n rungon mittojen vaihtelukertoimet olivat suurimmat. PSK:n rinnan leveyden vaihtelukerroin oli korkeampi kuin LSK:n rinnan leveyden (Taulukko 23).

RAJAKANKAAN (1988) tutkimuksen suomenkarjan lehmien säkäkorkeuden keskiarvo oli 124.8 senttiä, hajonta 4.46 ja vaihtelukerroin 3.57

prosenttia. Rinnan ympäryksen vastaavat luvut olivat 180.0 senttimetriä (keskiarvo), 8.01 (hajonta) ja 4.45 prosenttia (vaihtelukerroin). RAJAKANKAAN (1988) aineisto sisälsi todennäköisesti ainoastaan LSK-lehmiä. Tutkimuksen lehmät kuuluivat karjantarkkailuun.

KENTTÄMIES ym. (1974) saivat suomenkarjan lehmien rinnan ympäryksen keskiarvoksi 179.3 senttimetriä, hajonnaksi 7.8 ja vaihtelukertoimeksi 4.35 prosenttia.

10.2 Tutkittujen tekijöiden vaikutus rungon mittojen vaihteluun

Eri tekijöiden vaikutusta rungon mittojen vaihteluun tutkittiin koko aineiston perusteella, jos tulosten tarkastelun yhteydessä ei ole toisin mainittu.

10.2.1 Alueen vaikutus

Alueiden välillä oli erittäin merkitseviä eroja ($p < 0.001$) säkä- ja takakorkeudessa, rinnan ympäryksessä ja takasäären pituudessa.

Etelä-Suomen (alue 1) alkuperäiskarjan lehmät olivat suurimpia säkä- ja takakorkeudeltaan, lantion leveydeltään, rinnan syvyydeltään, rinnan ympärykseltään ja takasäären mitoiltaan (Taulukko 25). Nämä lehmät olivat toisaalta keskimääräistä lyhyempiä rungon pituudessa ja pään leveydessä.

Pohjois-Suomen (alue 5) lehmät olivat 10 rungon mitassa matalimpia, kapeimpia ja lyhyimpiä. Pohjois-Suomen lehmien säkäkorkeus oli LSK-keskiarvoista laskettuna lähes 5 senttiä Etelä-Suomen lehmiä pienempi.

RAJAKANGAS (1988) ei havainnut tilastollisesti merkitseviä eroja eri alueiden suomenkarjan lehmien rinnan ympäryksessä ja säkäkorkeudessa.

10.2.2 Rodun vaikutus

LSK:n kaikkien rungon mittojen LS-keskiarvot olivat suurempia kuin puhdasrotuisella ISK:lla ja PSK:lla. ISK oli puolestaan kookkaampi kuin PSK kaikissa muissa mitoissa paitsi lantion leveydessä (Taulukko 26).

ISK:n LS-keskiarvot olivat pienempiä kuin ISK:n ja LSK:n risteytyslehmien ja lähes puhdasrotuisten ISK-lehmien. ISK $\times$ LSK-lehmät olivat kuudessa rungon mitassa suurempia kuin eläimet, joiden perimä sisälsi enemmän kuin 50 prosenttia ja korkeintaan 87.5 prosenttia ISK:n geeniaineesta.

Taulukko 25: Alueen vaikutus rungon mittoihin. Luvut ovat poikkeamia LS-yleiskeskisarvoista

Alue	LS-ka	alue 1	alue 2	alue 3	alue 4	alue 5	F-testi
N	208	22	41	31	60	53	
SK	121.45	3.116	-0.924	-1.423	0.904	-1.672	***
TK	124.77	3.638	-0.162	-1.197	0.326	-2.604	***
LL	49.38	1.619	-0.783	0.402	0.271	-1.510	**
RL	38.84	0.608	0.033	0.936	0.629	-2.207	**
RS	67.14	1.254	-0.828	-0.275	0.753	-0.904	**
RY	117.81	2.739	-0.093	-0.124	2.500	-5.022	***
RP	144.28	-1.460	2.269	0.188	0.665	-1.662	N.S.
TY	18.58	0.648	0.216	-0.272	-0.079	-0.513	**
TP	40.34	1.404	0.007	-0.261	-0.258	-0.892	***
PL	20.43	-0.741	0.313	0.373	0.378	-0.321	*
PP	50.01	0.841	-0.317	-0.098	0.142	-0.568	N.S.

N = havaintojen lukumäärä

F-testi ilmoittaa erojen tilastollisen merkitsevyyden:

*** = erittäin merkitsevä ($p < 0.001$)

** = merkitsevä ($p < 0.01$)

* = jokseenkin merkitsevä ($p < 0.05$)

N.S. = ei tilastollisesti merkitseviä eroja

Käytetyt lyhenteet:

SK = säkäkorkeus

RS = rinnan syvyys

TP = takasäären pit

TK = takakorkeus

RY = rinnan ympärys

PL = pään leveys

LL = lantion leveys

RP = rungon pituus

PP = pään pituus

RL = rinnan leveys

TY = takasäären ymp

Käytetyn mallin (malli 1) mukaan ISK:n ja LSK:n säkäkorkeuden LS-keskiarvojen ero oli 3.3 senttimetriä, takakorkeuden 4.3 senttimetriä ja rinnan ympäryksen 6.2 senttimetriä. Vastaavien mittojen erot olivat LSK:n ja PSK:n välillä 5.4 (säkä), 5.5 (taka) ja 6.5 (ympärys) senttimetriä ja ISK:n ja PSK:n välillä 2.0 (säkä), 1.2 (taka) ja 0.3 (ympärys) senttimetriä.

Vain neljästä PSK:n ja LSK:n risteytyslehmästä oli mittaustuloksia. Näiden eläinten 10 rungon mitan LS-keskiarvot olivat suurimpia. Tosin PSK x LSK-lehmien mittojen LS-keskiarvojen keskivirheet olivat suurimpia ja LSK-lehmien keskivirheet pienimpiä. Siten LSK:n saamat tulokset olivat kaikista luotettavimpia.

Rodulla oli kaikkiin mittoihin merkitsevä ($p < 0.05$) tai erittäin merkitsevä ($p < 0.001$) vaikutus. Pään pituuteen rodun vaikutus oli erittäin merkitsevä ($p < 0.001$) ja pään leveyteen merkitsevä ($p < 0.05$). Pään muodon ja yleensä pääkallon eroja on käytetty rotujen välisten morfologisten erojen tarkastelussa.

10.2.3 Muiden tekijöiden vaikutuksia

Tiineydellä oli merkitsevä vaikutus rinnan ympäröksen ($p < 0.05$) ja rinnan leveyden eroihin ($p < 0.01$) (Taulukko 27). Yli viisi kuukautta tiineenä olleiden lehmien rinnan ympärys ja leveys olivat selvästi suurempia kuin alle viisi kuukautta tiineenä olleiden rinnanmitat. Ero rinnan ympäröyksessä vaihteli 2–6 senttimetriin ja rinnan leveydessä noin 1–3 senttimetriin.

KENTTÄMIEHEN ym. (1974) mukaan lehmän tiineysvaihe vaikuttaa merkitsevästi elopainoon ja rungon mittoihin. Tiineysaikana lehmän paino kohoaa sikiön ja kohdun suurenemisen, kohdun nesteiden lisääntymisen ja usein myös kunnan kohoamisen vuoksi. Viidennen tiineyskuukauden vaiheilta lähtien paino alkaa kohota. Tällöin maidontuotanto vähitellen ehtyy. RAJAKANKAAN (1988) mukaan lehmien rinnan ympärys ja säkäkorkeus olivat pienimmillään 3–6 kuukauden kuluttua poikimisesta. Tämän jälkeen ne suurenivat, mitä kauemmin oli aikaa poikimisesta.

Poikimakerralla, toisin sanoen lehmän iällä, oli tämän tutkimusaineiston perusteella erittäin merkitsevä ($p < 0.001$) vaikutus lantion leveyteen, rinnan syvyyteen, rinnan ympäröykseen ja rungon pituuteen (Taulukko 28).

Kolme kertaa poikineet lehmät olivat kookkaimpia ja yhden kerran poikineet lehmät pienimpiä kaikissa rungon mitoissa. Näiden kahden luokan väliset erot olivat säkäkorkeuden LS-keskiarvoista laskettuna 2.7 senttimetriä, takakorkeuden 0.8 senttimetriä ja rinnan ympäröksen 6.1 senttimetriä.

Karjantarkkailuun kuului 64.9 prosenttia mitatuista lehmistä. Karjantarkkailuun kuuluneet lehmät olivat kookkaampia kuin tarkkailuun kuulumattomat lehmät (Taulukko 29). Eläinten väliset erot olivat erittäin merkitseviä ($p < 0.001$) rinnan leveydessä (ero noin 3.0 cm LS-keskiarvojen perusteella), rinnan syvyydessä (noin 3.0 cm) ja ympäröyksessä (noin 9.0 cm), rungon pituudessa (yli 4.0 cm), takasäären pituudessa (0.5 cm) ja pään leveydessä (noin 1.0 cm).

Tämän tutkimusaineiston eläimiä mitattiin kello 8.00 ja kello 22.00 välisenä aikana. Aamupäivällä mitattiin 90 lehmää (42.3 % mitatuista lehmistä) ja iltapäivällä 118 lehmää (52.7 %). Tämän tutkimuksen perusteella ei havaittu tilastollisesti merkitseviä eroja aamu- tai iltapäivällä mitattujen eläinten tuloksissa. KENTTÄMIEHEN ym. (1974) tutkimusaineiston eläimet mitattiin yleensä aamupäivisin. Tällöin ruoansulatus-

Taulukko 26: Rodun vaikutus rungon mittojen vaihteluun. Luvut ovat poikkeamia LS-yleiskeskiaivoista.

Rotu	ISK	LSK	PSK	ISK x LSK	ISK _{>50}	PSK x LSK	SKB	F-testi
N	34	86	27	33	13	4	11	
SK	-2.468	0.871	-4.488	0.513	-0.631	3.945	2.258	***
TK	-3.388	0.883	-4.623	0.332	0.288	3.968	2.541	***
LL	-2.278	-0.067	-2.064	-0.246	0.390	3.000	1.269	***
RL	-1.319	0.663	-1.449	-1.092	0.999	-0.725	2.923	*
RS	-1.342	0.137	-1.560	0.889	0.353	1.670	-0.147	*
RY	-4.977	1.218	-5.262	0.269	1.671	3.252	3.829	***
RP	-4.515	0.823	-5.871	2.449	0.827	3.236	3.052	***
TY	-0.529	-0.008	-0.681	0.042	0.090	0.631	0.454	*
TP	-1.335	0.459	-1.363	-0.069	-0.409	1.878	0.838	***
PL	-0.358	0.174	-1.087	0.355	0.012	0.561	0.343	*
PP	-1.271	0.195	-2.201	0.580	1.679	0.893	0.125	***

N = havaintojen lukumäärä

Erojen tilastollinen merkitsevyys:

*** = erittäin merkitsevä ($p < 0.001$)

* = jokseenkin merkitsevä ($p < 0.05$)

Käytetyt lyhenteet:

SK = säkäkorkeus RS = rinnan syvyys

TP = takasäären pituus

TK = takakorkeus RY = rinnan ympäryys

PL = pään leveys

LL = lantion leveys RP = rungon pituus

PP = pään pituus

RL = rinnan leveys TY = takasäären ympäryys

kanavan sisällöllä ei liene merkittävää vaikutusta ympäryys- ja leveysmittoihin.

Tutkimusaineiston hiehojen ja yksi tai kaksi kertaa poikineiden lehmien mittaustuloksista tarkasteltiin, oliko syntymävuodenajalla vaikutusta nuorten eläinten mittaustulosten vaihteluun. Tilastollisesti merkitseviä eroja ei ollut. Keväällä syntyneiden eläinten säkä- ja takakorkeuden sekä rinnan ympäryksen LS-keskiarvot olivat korkeammat kuin muilla luokilla.

10.2.4 Isän syntymävuoden vaikutus LSK-aineistossa

LSK-lehmät jaettiin neljään luokkaan isän syntymävuoden mukaan. Vuosina 1965–1975 syntyneillä sonneilla oli 21, vuosina 1976–1978 syntyneillä niin ikään 21, vuosina 1979–1982 syntyneillä 22 ja nuorimmilla sonneilla 19 tyttäretä.

Luokkien välillä oli merkitseviä eroja ($p < 0.05$), kun tarkasteltiin

Taulukko 27: Tiineyden vaikutus rinnan ympärykseen ja leveyteen. Luvut ovat poikkeamia LS-yleiskeskisarvoista.

Tiin.kk	N	RY	RL
0 - 1	84	-1.534	-0.589
2 - 3	41	-1.988	-1.218
4 - 5	18	-1.273	-0.822
6 - 7	38	1.085	0.668
8 - 9	27	3.710	1.960
F-testi		*	**

N = havaintojen lukumäärä

Erojen tilastollinen merkitsevyys:

** = merkitsevä ($p < 0.01$)

* = merkitsevä ($p < 0.05$)

RY = rinnan ympäryys

RL = rinnan leveys

eläinten lantion leveyttä. Muiden rungon mittojen osalta luokat eivät poikenneet toisistaan tilastollisesti merkitsevästi. Aikavälillä 1965–1975 syntyneiden sonnien tyttäret olivat kookkaimpia säkä- ja takakorkeudeltaan, lantion ja rinnan leveydeltään, rinnan syvyydeltään ja ympärykseltään ja rungon pituudeltaan. Vuosina 1976–1978 syntyneiden sonnien tyttäret olivat pienimpiä kahdeksan rungon mitan perusteella.

10.2.5 ISK-sonnien vaikutus

Puhdasrotuiset ISK-lehmät jaettiin kahteen luokkaan sen mukaan, oliko isä keinosiemennyssonni tai tilan oma ISK-sonni. Luokkien väliset erot olivat kuuden mitan osalta erittäin merkitseviä ($p < 0.001$) ja muiden mittojen osalta merkitseviä (joko $p < 0.01$ tai $p < 0.05$) (Taulukko 30). Keinosiemennyssonniin tyttäret olivat selvästi kookkaampia kuin tilojen omien sonnien tyttäret. Ero oli muun muassa säkäkorkeudessa 8.3 senttimetriä, takakorkeudessa 9.4 senttimetriä ja rinnan ympäryksessä peräti 22.7 senttimetriä.

Mitattuja isolaatiokarjojen ISK-lehmiä oli 17. Kahdeksan ISK-lehmän isänä oli syntymäkarjan ulkopuolinen, jonkin toisen karjan ISK-sonni. Iso-laatiokarjoissa on tapahtunut sukusiitosta. Sukusiitetyt eläimet olivat

Taulukko 28: Poikimakerran vaikutus rungon mittoihin. Luvut ovat poikkeamia LS-yleiskeskisarvoista.

Poik.krt.	1.	2.	3.	> 3.	F-testi
N	40	43	41	84	
SK	-1.323	0.437	1.375	-0.489	*
TK	-0.130	0.339	0.710	-0.919	N.S.
LL	-2.574	-0.311	2.040	0.845	***
RL	-0.410	-0.277	0.782	-0.096	N.S.
RS	-1.223	-0.353	0.962	0.618	**
RY	-2.951	-1.434	3.128	1.257	**
RP	-4.937	0.908	2.304	1.725	***
TY	-0.082	-0.091	0.190	-0.017	N.S.
TP	-0.348	0.337	0.251	-0.240	N.S.
PL	-0.175	-0.235	0.364	0.046	N.S.
PP	-1.451	0.065	1.141	0.246	***

N = havaintojen lukumäärä

Erojen tilastollinen merkitsevyys:

*** = erittäin merkitsevä ($p < 0.001$)

** = merkitsevä ($p < 0.01$)

* = jokseenkin merkitsevä ($p < 0.05$)

Käytetyt lyhenteet:

SK = säkäkorkeus

RP = rungon pituus

TK = takakorkeus

TY = takasäären ympärys

LL = lantion leveys

TP = takasäären pituus

RL = rinnan leveys

PL = pään leveys

RS = rinnan syvyys

PP = pään pituus

RY = rinnan ympärys

Taulukko 29: Karjantarkkailuun kuulumisen vaikutus. Luvut ovat poikkeamia LS-yleiskeskisarvoista.

Mitta	Ty-karja	Ei ty-karja	F-testi
<i>N</i>	135	73	
Säkäkorkeus	0.719	-0.719	N.S.
Takakorkeus	0.971	-0.971	*
Lantion leveys	0.783	-0.783	*
Rinnan leveys	1.716	-1.716	***
Rinnan syvyys	1.355	-1.355	***
Rinnan ympärys	4.589	-4.589	***
Rungon pituus	2.208	-2.208	***
Takasäären ympärys	0.366	-0.366	***
Takasäären pituus	0.246	-0.246	N.S.
Pään leveys	0.598	-0.598	***
Pään pituus	0.601	-0.601	*

N = havaintojen lukumäärä

Ty-karja = karjantarkkailuun

kuuluneet lehmät

Ei ty-karja = karjantarkkailuun

kuulumattomat lehmät

Erojen tilastollinen merkitsevyys:

*** = erittäin merkitsevä ($p < 0.001$)

* = jokseenkin merkitsevä ($p < 0.05$)

N.S. = ei tilastollisesti merkitseviä eroja

Taulukko 30: ISK-sonnien vaikutus rungon mittoihin. Luvut ovat poikkeamia ISK-aineiston LS-yleiskeskisarvoista.

Mitta	LS-ka.	Ei-ks	Ks.	F -testi
N	34	25	9	
Säkäkorkeus	119.74	-4.144	4.144	***
Takakorkeus	122.37	-4.688	4.688	***
Lantion leveys	48.64	-2.581	2.581	**
Rinnan leveys	39.38	-3.841	3.841	***
Rinnan syvyys	66.47	-2.367	2.367	**
Rinnan ympärys	173.75	-11.362	11.362	*
Rungon pituus	143.67	-4.946	4.946	**
Takasäären ympärys	18.40	-0.937	0.937	***
Takasäären pituus	39.49	-1.673	1.673	***
Pään leveys	49.62	-2.496	2.469	***
Pään pituus	20.57	-0.767	0.767	*

N = ISK-lehmien lukumäärä

Ei-ks = isänä ei ollut keinosiemennyssonni

Ks = isänä oli keinosiemennyssonni

Erojen tilastollinen merkitsevyys:

*** = erittäin merkitsevä ($p < 0.001$)

** = merkitsevä ($p < 0.01$)

* = jokseenkin merkitsevä ($p < 0.05$)

Taulukko 31: Isolaation (eristyneisyyden) vaikutus ISK:n rungon mittoihin. Luvut ovat poikkeamia ISK:n omien sonnien tyttären LS-yleiskeskisarvoista

Mitta	LS-ka.	Ei isol.	Isol.	F -testi
N	25	8	17	
Säkäkorkeus	116.63	2.868	-2.868	**
Takakorkeus	118.53	2.349	2.349	*
Lantion leveys	47.10	2.897	-2.897	***
Rinnan leveys	36.32	2.176	-2.176	***
Rinnan syvyys	64.78	1.903	-1.903	*
Rinnan ympärys	166.44	11.250	-11.250	N.S.
Rungon pituus	140.42	4.710	-4.710	***
Takasäären ympärys	17.69	0.627	0.627	**
Takasäären pituus	38.20	1.051	-1.051	***
Pään leveys	19.90	0.285	-0.285	N.S.
Pään pituus	47.87	2.072	-2.072	***

N = havaintojen lukumäärä

Ei isol. = karjat, joissa lehmät on astutettu muiden karjojen ISK-sonneilla.

Isol. = karjat, joissa lehmät on astutettu tilan omilla sonneilla.

Erojen tilastollinen merkitsevyys:

*** = erittäin merkitsevä ($p < 0.001$)

** = merkitsevä ($p < 0.01$)

* = jokseenkin merkitsevä ($p < 0.05$)

N.S. = ei tilastollisesti merkitseviä eroja

kaikissa rungon mitoissa pienimpiä. Viiden mitan osalta erot olivat tilastollisesti erittäin merkitseviä ($p < 0.001$). Erot olivat säkäkorkeudessa 5.7 senttimetriä, takakorkeudessa 4.7 senttimetriä ja rinnan ympäryksessä 22.5 senttimetriä (Taulukko 31).

Vaikka luokissa oli vähän havaintoja, voidaan todeta, että isolaatiolla ja sitä seuranneella sukusiitoksella on ollut lehmän kokoa (elopainoa) pienentävä vaikutus, vaikka sukusiitoksen ja karjan vaikutusta ei voitu erottaa toisistaan. Sukusiitoksen on todettu alentavan nautan kokoa (YOUNG ym. 1969).

10.2.6 PSK:n emälinjojen vaikutus

Emälinjojen välillä oli erittäin merkitseviä eroja ($p < 0.001$) säkä- ja takakorkeudessa ja rinnan ympäryksessä. LSK-emien tyttaret olivat selvästi kookkaampia yhdeksässä rungon mitassa. Ruotsin tunturirodun emälinjan lehmät olivat kuuden rungon mitan osalta keskiarvoja suurempia (Taulukko 32).

Pienestä populaatiokoosta huolimatta PSK-emälinjojen välillä oli eroja. Kun tarkasteltiin ainoastaan PSK-emälinjoja, todettiin, että säkäkorkeuden LS-keskiarvojen erot vaihtelivat 0.3 senttimetristä 10.0 senttimetriin, takakorkeuden 0.5:stä 8.7:ään ja rinnan ympäryksen 0.03:sta 11.5:een. Säkä- ja takakorkeudeltaan pienimmässä emälinjassa (emälinja 4) oli kolme todennäköisesti sukusiitettua lehmää. Näiden lehmien sukusiitosastetta ei tiedetty.

10.3 Rungon mittojen väliset fenotyyppiset korrelaatiot

Rungon mittojen fenotyyppiset korrelaatiot laskettiin koko aineiston perusteella (malli 1). Eri mittojen fenotyyppiset korrelaatiot olivat positiivisia. Säkäkorkeudeltaan keskimääräistä kookkaampi eläin oli keskimääräistä suurempi myös muissa ominaisuuksissa (Taulukko 33). Voimakkaimmat yhteydet olivat säkä- ja takakorkeuden (korrelaatio 0.91), säkäkorkeuden ja rungon pituuden (0.77) sekä rinnan syvyyden ja ympäryksen välillä (0.76). Rinnan leveyden ja pään pituuden (0.22), pään leveyden ja pituuden (0.32) sekä rinnan ja pään leveyden (0.32) väliset korrelaatiot olivat pienimmät.

Taulukko 32: Emälinjan vaikutus lehmien rungon mittojen vaihteluun PSK-aineistossa

Emälinjat										F-testi
	LS-ka.	1	2	3	4	5	6	7	8	
N	42	5	4	2	5	7	4	5	10	
SK	118.99	-2.092	-0.743	-0.493	-6.193	0.650	3.757	0.507	4.607	***
TK	121.81	-1.414	0.811	-0.064	-6.414	-0.600	2.311	0.886	4.486	***
LL	48.48	-1.777	-0.602	0.773	-1.277	0.738	0.398	-1.277	3.023	N.S.
RL	37.56	-0.760	-1.560	-0.810	0.540	1.797	-3.685	-1.860	6.340	**
RS	66.51	-0.308	0.367	-0.758	-2.208	1.706	-0.133	-1.008	2.342	*
RY	174.35	-2.855	-0.855	-4.605	-4.155	6.859	-3.730	-3.755	13.095	***
RP	141.24	-5.742	-4.242	-1.242	-1.242	0.472	2.883	0.858	8.258	**
TY	18.13	-0.228	0.122	-0.378	-0.528	0.372	-0.253	-0.028	0.922	N.S.
TP	39.48	-0.979	0.396	-0.229	-1.979	-0.050	1.396	0.421	1.021	**
PL	19.79	-0.988	-0.913	-0.538	-0.888	1.641	0.212	0.112	1.362	**
PP	48.54	-1.444	-0.919	-0.794	-1.644	0.384	.956	0.256	2.206	N.S.

Luvut ovat poikkeamia LS-yleiseskiarvoista

N = eläinten lukumäärä

Emälinjat 1-6 = kantaemät PSK-rotuisia

Emälinja 7 = kantaemät SKB-rotuisia

Emälinja 8 = kantaemät LSK-rotuisia

Käytetyt lyhenteet:

SK = säkäkorkeus RS = rinnan syvyys TP = takasäären pituus

TK = takakorkeus RY = rinnan ymp. PL = pään leveys

LL = lantion leveys RP = rungon pituus PP = pään pituus

RL = rinnan leveys TY = takasäären ymp.

Taulukko 33: Rungon mittojen väliset fenotyyppiset korrelaatiot

Mitta	TK	LL	RL	RS	RY	RP	TY	TP	PL	PP
SK	0.91	0.61	0.35	0.73	0.70	0.77	0.62	0.67	0.38	0.70
TK		0.59	0.37	0.74	0.70	0.74	0.66	0.69	0.38	0.65
LL			0.49	0.59	0.74	0.67	0.55	0.57	0.37	0.44
RL				0.39	0.71	0.48	0.44	0.33	0.32	0.22
RS					0.76	0.72	0.59	0.55	0.41	0.59
RY						0.73	0.69	0.57	0.43	0.51
RP							0.62	0.59	0.49	0.62
TY								0.56	0.41	0.53
TP									0.34	0.48
PL										0.32

Käytetyt lyhenteet:

SK = säkäkorkeus RS = rinnan syvyys TP = takasäären pituus

TK = takakorkeus RY = rinnan ymp. PL = pään leveys

LL = lantion leveys RP = rungon pituus PP = pään pituus

RL = rinnan leveys TY = takasäären ympärys

11 Maidontuotanto-ominaisuuksien keskiarvot, hajonnat ja vaihtelukertoimet

Vuoden 1989 karjantarkkailutulosten perusteella arvioitiin, vastasivatko ne lehmät, jotka muodostivat veriryhmämääritysten ja rungon mittojen tutkimusaineiston, tuotannoltaan ja ikäjakaumaltaan keskiwertoja suomenkarjan tarkkailueläimiä. Vertailussa on käytetty 365 päivän tuotoksia.

Tutkimuslehmät olivat keskimäärin tuottaneet enemmän maitoa (ero 291 kiloa), maitorasvaa (20.3 kiloa) ja valkuaista (12.4 kiloa) kuin tarkkailuaineiston kaikki suomenkarjan lehmät. Tutkimuseläimet olivat niin ikään painavampia, ja niiden maidon rasva- ja valkuaispitoisuudet olivat korkeampia kuin tarkkailuaineiston. Tutkimuslehmien maito-, rasva- ja valkuaistuotosten ja elopainon vaihtelukertoimet olivat suurempia kuin tarkkailulehmillä yleensä. Rasva- ja valkuaispitoisuuksien vaihtelukertoimet olivat pienempiä kuin koko tarkkailuaineiston rasva- ja valkuaispitoisuuksien vaihtelukertoimet (Taulukko 34).

Maitotuotokseltaan suomenkarjan paras ja heikoin lehmä olivat mukana myös tutkimusaineistossa. Molempien luokkien eri ominaisuuksien ääriarvot olivat samansuuruisia lukuun ottamatta elopainoa. Tutkimusaineiston painavin lehmä oli 190 kiloa kevyempi kuin tarkkailuaineiston painavin yksilö (Taulukko 35).

Tarkkailuaineiston ja tutkimusaineiston lehmien keskimääräiset poikimakerrat olivat lähes yhtäsuuret (Taulukko 36). Koko tarkkailuaineiston lehmät olivat hieman iäkkäämpiä kuin tutkimuseläimet.

Tutkimusaineiston tarkkailuun kuuluvia lehmiä voidaan pitää lähes edustavana otoksena koko suomenkarjan tarkkailuaineistosta, kun tarkasteltiin vuoden 1989 karjantarkkailun 365 päivän tuotoksia. Poikimakerrojen perusteella luokkien välillä ei ollut eroja. Rungon mittojen aineistossa oli tarkkailun ulkopuolisia lehmiä 35.1 prosenttia. Osa tarkkailuun kuulumattomista ISK-karjoista, joissa lehmät astutettiin tilan omilla sonneilla, oli todennäköisesti tuotannoltaan erilaisempia kuin tarkkailukarjat keskimäärin. Tältä osalta tutkimusaineisto poikkesi koko karjantarkkailuaineistosta.

Taulukko 34: Tarkkailutulosten keskiarvot, hajonnat ja vaihtelukertoimet

	Koko tarkk.aineisto ($N = 2139$)			Tutkimusaineisto ($N = 122$)		
	μ	σ	V%	μ	σ	V%
Maitotuotos, kg	5247.1	1225.7	23.36	5538.1	1467.7	26.50
Rasvatuotos, kg	233.5	54.6	23.38	253.8	63.9	25.18
Valkuaistuotos, kg	175.0	40.1	22.91	187.4	49.9	26.63
Rasva%	4.48	0.5	11.16	4.61	0.5	10.85
Valkuais%	3.35	0.2	5.97	3.39	0.2	5.90
Elopaino, kg	472.6	55.7	11.79	481.2	57.0	11.85

N = laskennassa käytettyjen eläinten lukumäärä

μ = keskiarvo

σ = hajonta

$V\% = \frac{\sigma}{\mu} \times 100 = \text{vaihtelukerroin}$

Taulukko 35: Karjantarkkailutulosten vaihteluvälit

	Koko tarkkailuaineisto	Tutkimusaineisto
Maitotuotos, kg	2 054 – 10 345	2 054 – 10 345
Rasvatuotos, kg	74.7 – 472.6	90.6 – 472.6
Valkuaistuotos, kg	64.2 – 352.3	70.7 – 352.3
Rasva%	2.99 – 6.59	3.44 – 5.79
Valkuais%	2.64 – 4.48	2.75 – 3.97
Elopaino, kg	300 – 800	320 – 610

Taulukko 36: Eläinten jakauma (%) poikimakertojen mukaan

Poikimakerta	Koko tarkkailuaineisto	Tutkimuskarjat
N	1993	118
μ	3.8	3.7
1	2.0	1.7
2	29.8	30.5
3	24.3	25.4
> 3	43.9	42.4

N = laskennassa käytettyjen lehmien lukumäärä

μ = poikimakerran keskiarvo

12 Tutkimustulosten tarkastelua ja johtopäätökset

ISK:n, LSK:n ja PSK:n väliset erot eivät rajoitu erilaiseen karvapeitteeseen. Näille roduille olivat ominaisia tietyt veriryhmäjärjestelmien ja proteiinien alleelit, esimerkiksi ISK:lle $Pi-2^I$, LSK:lle $B^{Y_2D'G'}$ ja PSK:lle Tf^E .

LSK, ay ja fr ovat kolme eri rotua. Friisiläisrotu oli geneettisesti lähempänä LSK:a kuin ayrshire, vaikka ayrshire kuuluu BAKERIN & MANWELLIN (1980) mukaan samaan Pohjois-Euroopan roturyhmään kuin LSK. Suomen friisiläisrodussa on enemmän länsisuomenkarjan vaikutusta kuin ayrshiressä. Länsisuomenkarjaa ja friisiläistä risteytettiin keskenään erityisesti 1970-luvulla, mutta länsisuomenkarjaa ja ayrshireä risteytettiin jo 1950- ja 1960-luvuilla.

LSK:n ja PSK:n välinen geneettinen etäisyys oli lähes yhtä suuri kuin ay:n ja fr:n välinen etäisyys. ISK:n ja LSK:n välillä eroa oli hieman vähemmän kuin LSK:n ja ay:n välillä, mutta ISK:n ja PSK:n välinen geneettinen ero oli yli kaksi kertaa suurempi kuin ay:n ja fr:n ero. Suljettujen järjestelmien alleelifrekvenssien perusteella LSK:n ja PSK:n välinen geneettinen etäisyys oli pienempi kuin ISK:n ja LSK:n tai ISK:n ja PSK:n. Myös Helsingin yliopiston Biotekniikan instituutissa tehtyjen DNA-sormenjälkitutkimusten mukaan LSK ja PSK olivat geneettisesti lähempänä toisiaan kuin ISK ja LSK (VARVIO 1990, suullinen tiedonanto).

CONZALEZ ym. (1987) ovat käyttäneet NEIN (1972) kaavaa arvioidessaan seitsemän Espanjan alkuperäisnautarodun geneettistä etäisyyttä. Aineistona oli 10 polymorfisen lokuksen alleelien frekvenssit. Pienin kahden rodun välinen etäisyys oli 0.007 ja suurin 0.174. Kahden rodun välinen geneettinen etäisyys oli 14 vertailussa pienempi kuin 0.050.

Veriryhmäjärjestelmien ja proteiinien polymorfismin perusteella voidaan todeta, että ISK, LSK ja PSK ovat kolme eri rotua. Koska alleelien frekvenssit olivat osittain yhtäsuuria, ovat ne läheistä sukua toisilleen. Rotujen väliseen geneettiseen etäisyyteen ovat vaikuttaneet rotujen erilainen historia, luonnon valinta, jalostus, satunnaisajautuma ja sukusiitos.

Se eläinainees, josta ISK:n, LSK:n ja PSK:n jalostus aloitettiin 1800-luvun lopulla ja 1900-luvun alussa, sijaitsi valtaosaltaan Suomen eri osissa. Rotujen kantaeläimet ovat voineet olla geneettisesti erilaisia. Tähän erilaisuuteen on mahdollisesti vaikuttanut erityisesti luonnonvalinta. Kun jalostustoiminta aloitettiin maassamme, muodostettiin jokaiselle rodulle oma jalostusyhdistys. Rodut olivat siten erillään toisistaan. Risteytystä lienee kuitenkin tapahtunut varsinkin niissä pitäjissä, jotka sijaitsivat jalostusyhdistysten maantieteellisten toiminta-alueiden rajoilla. Vuonna

1947 muodostettiin suomenkarjarotu alkuperäisrotujen jalostuksen tehostamiseksi ja yhtenäistämiseksi. Jalostuksessa keskityttiin LSK:n jalostukseen. ISK- ja PSK-populaatioissa on tapahtunut niin sanottu pullonkaulausvaikutus. Rotujen geenifrekvenssit ovat olleet alttiina geneettisen ajautuman vaikutuksille. Lisäksi ISK oli jakautunut eri sukulinjoihin isolaation ja sitä seuranneen sukusiitoksen vuoksi, mikä on mahdollisesti lisännyt rotujen erilaisuutta.

PSK:a on 1900-luvun alussa risteytetty sekä Ruotsin tunturirodun että Norjan tunturirodun kanssa (PELTOVUOMA 1916). Nykyisessä PSK:ssa on Ruotsin tunturirodun vaikutusta (*migraatio*). Ruotsin tunturirotu oli todennäköisesti erittäin läheinen rotu PSK:lle, koska nykyinen PSK – tunturirodun vaikutuksesta huolimatta – on läheisempi rotu LSK:lle kuin nykyinen ISK. Kuuden lokuksen peusteella PSK:n ja SKB:n välinen geneettinen etäisyys oli 0.010. Voitaneen puhua jopa Pohjois-Skandinavian valkeasta rodusta, josta oli osapopulaatioita eri maissa.

Kotieläinten geenipankkitoiminnan alkaessa vuonna 1983 päätettiin säilyttää itä-, länsi ja pohjoissuomenkarja erillään. Tämän tutkimuksen perusteella päätös oli oikea.

ISK:lla oli korkein heterotsygotia-aste (H), koska rotu oli osittain jakautunut sukulinjoihin. Isolaatiokarjojen sisäinen muuntelu oli vähäisempää kuin karjojen välinen muuntelu. Myös alueiden a_1 ja a_2 ISK-eläimet olivat osittain geneettisesti erilaisia. Tulevaisuudessa voidaan lisätä ISK:n heterotsygotiaa, kun risteytetään eri sukulinjoja keskenään. Lisäksi saadaan uutta geeniaainesta, kun lähes puhdasrotuisia ISK-lehmiä keinosiemennetään ISK-sonneilla ja pyritään puhtaaseen ISK-rotuun. YAMADAN (1981) mukaan pieni populaatio voidaan jakaa eri linjoihin geeniaineksen säilytyksen vuoksi. Kun linjan sisäinen sukusiitosaste kasvaa, voidaan linjoja risteyttää keskenään. Tämä tilanne on kehittynyt ISK-rotuun eriytymisen ja sitä seuranneen sukusiitoksen vaikutuksesta.

PSK:n heterotsygotia-aste (H) oli hieman alhaisempi kuin LSK:n. PSK:ssa eri sukulinjoja oli vähemmän kuin ISK:ssa. LSK:n ISK:a alhaisempi heterotsygotia-aste voi johtua LSK:n jalostusvalinnasta. Heterotsygotia-asteen arvioinnissa käytettiin aineistona LSK-eläimiä, jotka eivät olleet toistensa puoli- tai täyssisaria. Osa eläimistä oli kuitenkin sukua keskenään emänisän tai isänisän kautta, sillä esimerkiksi sonnininä on käytetty samoja, jalostusarvoltaan parhaita sonnejia. Alueiden a_1 ja a_2 LSK-eläinten alleelifrekvenssit eivät poikenneet toisistaan tilastollisesti merkitsevästi.

ISK ja PSK eivät olleet kaikkien lokusten suhteen geneettisessä tasapainotilassa. Isolaatio, sukusiitos ja geneettinen satunnaisajutuma ovat

vaikuttaneet rotujen geneettiseen tasapainotilaan. Jotta ISK ja PSK saadaan geneettiseen tasapainoon, on kasvatettava näiden rotujen populaatiokoko. Uhanalaisen rodun sonneja pitäisi olla suhteessa lehmämäärään enemmän kuin valtaroduissa. Tällä tavoin voidaan kasvattaa populaation tehollista kokoa ja vähentää sattuman vaikutusta sukupolvien välillä. Lisäksi kaikkia ISK- ja PSK-sonneja tulee käyttää monipuolisesti.

ISK:n ja PSK:n tulevaisuuden ongelmana voi olla sukusiitos. Nykyisin erityisesti ISK:ssa on mahdollista välttää tarpeetonta sukusiitosta. Jos ilmenee sukusiitostaantumaa tai halutaan edistää ISK:n ja PSK:n jalostusta, on ratkaistava, risteytetäänkö ISK:a ja PSK:a LSK:n kanssa vai tuodaanko ISK:an ja PSK:an uutta geeniaainesta muiden maiden maatiaisroduista. Näiden maatiaisrotujen tulisi olla läheistä sukua ISK:lle ja PSK:lle. Kulttuurihistoriallisen säilytysperusteen vuoksi on tärkeää, että ISK ja PSK säilyttävät perinteisen fenotyypinsä. Jos näitä rotuja risteytetään LSK:n kanssa, muuttuvat ne karvapeitteen väriykseltään ruskeiksi. Rotujen välisiä risteytyksiä tulisi mahdollisesti ensisijaisesti käyttää sukusiitostaantumaa ehkäisemiseksi. Lisäksi risteytysten määrää tulisi rajoittaa. Vaarana voi olla, että risteytyksiin käytettävää rotua suositetaan eläinvalinnoissa. Tällöin ISK ja PSK olisivat entistä uhanalaisempia.

ISK:n, LSK:n ja PSK:n eri sukuja tulisi säilyttää muun muassa alkioiden ja siittiöiden pakastuksen avulla. Karjankasvattajille tulisi välittää tietoa erityisesti LSK:n tuotanto-ominaisuuksista, jotta rodun populaatiokoko kasvaisi ja rodun jalostusmahdollisuudet säilyisivät.

ISK:n rungon mittojen vaihtelukertoimet olivat pään leveyden vaihtelukerrointa lukuunottamatta suurimmat. ISK:lla oli myös korkein heterotsygotia-aste.

LS-varianssianalyysin mukaan LSK oli puhtaistaroduista suurin, mutta kookkain roturyhmä oli PSK:n ja LSK:n risteytyslehmät. PSK:n ja LSK:n risteytyseläinten perimä sisälsi enemmän LSK:n geeniaainesta kuin PSK:ainesta. ISK ja PSK olivat jokaisessa mitassa keskimääräistä pienempiä. PSK oli tutkituistaroduista pienin.

Puhdasrotuiset ISK-lehmät olivat kaikissa rungon mitoissa ISK:n ja LSK:n risteytyseläimiä ($ISK \times LSK$ ja $ISK_{>50}$) pienempiä. Kun on risteytetty ISK- ja LSK-eläimiä keskenään, on mahdollisesti pystytty hyödyntämään heteroosia. Sukusiitostaantuma ei ole ollut näiden risteytyseläinten rasitteena.

Rotujen väliset rungon mittojen erot johtuivat lähinnä jalostuksesta. LSK-rotua on jalostettu samoin periaattein kuin ay- ja fr-rotuja. Tulevien keinosiemennyssonnien kasvukokeissa on karsittu heikkokasvuism-

mat sonnit. Sonniien karsinnalla on pyritty kasvattamaan lehmien kokoa. Koska ISK- ja PSK-rodun sonneja ei ole ollut kasvukokeissa (vuonna 1989 kasvukokeissa oli PSK-sonni Sorjosen Veikko PSK S 13913), ei tehokasta koon jalostusta ole voitu tehdä ISK- ja PSK-roduissa. Osittain erilainen jalostusvalinta on voinut vaikuttaa rotujen välisiin geneettisiin eroihin.

Erityisesti ISK:n rasitteena oli tämän tutkimuksen perusteella sukusiitostaantuma. Sukusiitoksen ja karjan hoito-olosuhteiden välisiä vaikutuksia ei voitu erottaa toisistaan, koska sukusiitettuja lehmiä oli vain tietyissä karjoissa. Sukusiitoksella oli tilastollisesti erittäin merkittävä vaikutus viiden rungon mitan vaihteluun, kun tarkasteltiin ISK-lehmiä. On todennäköistä, että ilman sukusiitosta ISK-lehmät olisivat nykyistä kookkaampia. Kun keinosiemennys tai tilojen välinen ISK-sonniien vaihto yleistyy, voidaan sukusiitoksen vaikutus ehkäistä ja mahdollisesti kasvat-
taa ISK-rodun kokoa. Nykyisessä PSK:ssa sukusiitos on harvinaisempaa kuin ISK:ssa.

Etelä-Suomen lehmät olivat kookkaimpia kahdeksan rungon mitan perusteella ja Pohjois-Suomen eläimet pienimpiä kaikkien rungon mittojen perusteella. Lapin lääni on yksi maailman pohjoisimmista alueista, joissa voidaan harjoittaa karjanhoitoa ja maataloutta. Muun muassa kasvu-olosuhteet ovat Pohjois-Suomessa epäedullisemmat kuin Etelä-Suomessa. Laidunkausi on niin ikään lyhyempi Pohjois-Suomessa kuin maan muissa osissa. On mahdollista, että Pohjois-Suomen ympäristöolosuhteet heikentävät eläinten kasvua. Etelä- ja Keski-Suomen sekä Pohjois-Suomen LSK-eläimet todettiin geneettisesti samankaltaisiksi (Taulukko 18). Ympäristön vuoksi eläinten koko täysikasvuisena jää todellista kasvutaipumusta pienemmäksi.

Kirjallisuus

- ALDERSON, G.L.H. 1981. The conservation of animal genetic resources in the United Kingdom. FAO Anim. Prod. and Health Paper. 24: 53 - 76.
- ANON. 1949. Tilastoa Suomen karjantarkkailutoiminnasta. Maataloushallituksen tiedonantoja. No. 289.
- ANON. 1953. Tilastoa Suomen karjantarkkailutoiminnasta. Maataloushallituksen tiedonantoja. No. 308.
- ANON. 1961. Tilastoa Suomen karjantarkkailutoiminnasta. Maataloushallituksen tiedonantoja. No. 349.
- ANON. 1967. Tilastoa Suomen karjantarkkailutoiminnasta. Maataloushallituksen tiedonantoja. No. 360.
- ANON. 1972. Tilastoa Suomen karjantarkkailutoiminnasta. Maatilahallituksen tiedonantoja. No. 372.
- ANON. 1974. Tilastoa Suomen karjantarkkailutoiminnasta. Maatilahallituksen tiedonantoja. No. 378.
- ANON. 1976. Tilastoa Suomen karjantarkkailutoiminnasta. Maatilahallituksen tiedonantoja. No. 383.
- ANON. 1978. Tilastoa Suomen karjantarkkailutoiminnasta. Maatilahallituksen tiedonantoja. No. 389.
- ANON. 1981. Tilastoa Suomen karjantarkkailutoiminnasta. Maatilahallituksen tiedonantoja. No. 399.
- ANON. 1986. Tilastoa Suomen karjantarkkailutoiminnasta. Maatilahallituksen tiedonantoja. No. 410.
- ANON. 1988a. Preservation of animal resources. FAO Committee on agriculture. Tenth session. Rome. 26 April - 5 May 1989.
- ANON. 1988b. Maataloustilastollinen kuukausikatsaus. Maatilahallitus. No. 1.
- ANON. 1989. Maataloustilastollinen kuukausikatsaus. Maatilahallitus. No. 1.
- ANON. 1990. Maataloustilastollinen kuukausikatsaus. Maatilahallitus. No. 1.
- ASHTON, G.C. 1960. β -globulin polymorphism and economic factors in dairy cattle. J. Agr. Sci. 54: 321.

- ASTOLFI, P., PAGNACCO, G. ja GUGLIELMINO-MATESSI, C.R. 1983. Phylogenetic analysis of native Italian cattle breeds. *Z. Tierz. Zücht.biol.* 100: 87 – 100.
- BAKER, C.M.A. ja MANWELL, C. 1980. Chemical classification of cattle. 1. Breed groups. *Anim. Blood Grps biochem. Genet.* 11: 127 – 150.
- BODÓ, I. 1984. Maintenance of living herds of large farmanimals. *Manual for Train. Cours. Anim. Genet. Resourc. Conserv. Managem.* Vol. II: 37 – 47.
- BODO', I. 1989. Methods and experiences with in situ preservation of farm animals. *FAO Anim. Prod. and Health Paper.* 80: 85 – 102.
- BOUW, J. 1960. The genetical composition of the Dutch cattle breeds as determined by the frequencies of blood groups. *Z. Tierz. Zücht.biol.* 74: 248 – 266.
- BRACKETT, B.G. 1981. Applications of in vitro fertilization. *Kirjassa: New technologies in animal breeding.* Toim. Brackett, B.G., Seidel, G.E. & Seidel, S.M. New York. Academic Press. 228.
- BRAEND, M. 1959. Blood groups of cattle in Norway. Oslo. Skandinaviske Bladforlag. 144 s.
- BRAEND, M. 1979. Blood groups of Nigerian cattle. Comparative aspects. *Anim. Blood Grps biochem. Genet.* 10: 49 – 56.
- BRAEND, M. 1981. Measures of genetic variability and aids to selection using blood types. *FAO Anim. Prod. and Health Paper.* 24: 243 – 267.
- BRAEND, M., RENDEL, J., GAHNE, B. ja ADALSTEINSSON, S. 1962. Genetic studies on blood groups, transferrins and hemoglobins in Icelandic cattle. *Hereditas.* 48: 264 – 283.
- BREM, G. 1988. Ex situ Kryokonservierung von Genom und Genen gefährdeter Rinderrassen. (Ref. Anon 1988a).
- BREM, G., BREINIG, B., MÜLLER, M., KRÄUSSLICH, H. ja WINNAKER, E.L. 1988. Production of transgene pigs and possible application in pig breeding. (Ref. Maijala, K. 1989).
- BUSCHMANN, H. 1965. Blutgruppengenetische Untersuchungen an süddeutschen Rinderrassen. *Z. Tierz. Zücht.biol.* 78: 12 – 25.
- CHAKRABORTY, R. ja TATENO, Y. 1976. Correlations between some measures of genetic distance. *Evolution.* 30: 851 – 853.

- CHEVALET, C. ja ROCHAMBEAU, H. DE. 1985. Predicting the genetic drift in small populations. *Livestock Prod Sci.* 13: 207 – 218.
- CREIGHTON, T.E. 1984. *Proteins. Structures and molecular properties.* New York. W.H. Freeman and comp. 515 s.
- CROW, J.F. 1986. *Basic concepts in population, Quantitative, and evolutionary Genetics.* New York. W.H. Freeman and comp. 273 s.
- DALTON, D.C. 1980. *An introduction to practical animal breeding.* London. Granada. 162 s.
- ERKAMA, J. 1974. *Biokemia I.* Helsinki. Oy Gaudeamus Ab. 451 s.
- ERKAMA, J. 1978. *Biokemia II.* Helsinki. Oy Gaudeamus Ab. 477s.
- FALCONER, D. 1981. *Introduction to quantitative genetics.* New York. Longman Inc. 340 s.
- FERGUSON, A. 1980. *Biochemical Systematics and Evolution.* Glasgow. Blakkie and Son. 194s.
- FERGUSON, L.C. 1941. Heritable antigens in the erythrocytes of cattle. *J. Immunol.* 40: 213 – 242.
- FERGUSON, L.C., STORMONT, C. ja IRWIN, M.R. 1942. On additional antigens in the erythrocytes of cattle. *J. Immunol.* 44: 147 – 164.
- FÉSÜS, L. 1984. The role of genetic polymorphism reserch in the conservation of rare breeds threatened by extinction. *Manual fot Train. Cours. Anim. Genet. Resourc. Conserv. Managem. Vol II:* 78 – 86.
- GAHNE, B., JUNEJA, R.K. ja GROLMUS, J. 1977. Horizontal polyacrylamide gradient gel electrophoresis for the simultaneous phenotyping of transferrin, post-transferrin, albumin and post-albumin in the blood plasma of cattle. *Anim. Blood Grps biochem. Genet.* 8: 127 – 137.
- GONZALEZ, P., TUÑON, M.J. ja VALLEJO, M. 1987. Genetic relationships between seven Spanish native breeds of cattle. *Anim. Genet.* 18: 249 – 256.
- GROSCLAUDE, F., GUÉRIN, G ja HOULIER, G. 1979. The genetic map of cattle blood groups as observed in French breeds. *Anim. Blood Grps biochem. Genet.* 10: 199 – 218.
- GUÉRIN, G, GROSCLAUDE, F. ja HOULIER, G. 1981. The C system of cattle blood groups. 2. Partial genetic map of the system. *Anim. Blood Grps biochem. Genet.* 12: 15 – 21.

- HICKMAN, C.G. 1979. Management of animal resource systems. (Ref. YAMADA, Y. 1981).
- HILL, W.G. 1982. Prediction of response to artificial selection from new mutations. *Genet. Res.* 40: 255 – 278.
- HUDSON, G.F.S. ja VAN VLECK, L.D. 1984. Effects of inbreeding on milk and fat production, stayability, and calving interval of registered Ayrshire cattle in the Northeastern United States. *J. Dairy Sci.* 67: 171 – 179.
- JOHANSSON, I. 1953. *Husdjursraserna*. Stockholm. Rydahls Boktryckeri Aktiebolag. 523 s.
- JOKINEN, L. ja LINDSTRÖM, U. 1977. Pillereiden ei-uusintatulokset 4 vuoden säilytyksen jälkeen verrattuna tuloksiin 1 vuoden säilytyksen jälkeen. Helsingin yliopiston kotieläinten jalostustieteen laitoksen tiedote. 14: 1 – 12.
- JUNEJA, R.K. 1981. Studies on genetic polymorphism of plasma proteins in domestic animals. Uppsala. Sveriges lantbruksuniversitet.
- JUNEJA, R.K. ja GAHNE, B. 1980. Two-dimensional gel electrophoresis of cattle plasma proteins. Genetic polymorphism of an α_1 -protease inhibitor. *Anim. Blood Grps biochem. Genet.* 11: 215 – 228.
- KENTTÄMIES, H., TAIVALANTTI, P. ja VEHEMAAN-KREULA, E. 1974. Lehmien elopainon määrittäminen rinnan ympäryksen avulla. *Kehittyvä maatalous*. 18: 3 – 15.
- KIDD, K.K. ja PIRCHNER, F. 1971. Genetic relationships of Austrian cattle breeds. *Anim. Blood Grps biochem. Genet.* 2: 145 – 158.
- KIDD, K.K. ja CAVALLI-SFORZA, L.L. 1974. The role of genetic drift in the differentiation of Icelandic and Norwegian cattle. *Evolution*. 28: 381 – 395.
- KIDD, K.K., STONE, W.H., CRIMELLA, C. CARENZI, C., CASATI, M. ja ROGNONI, G. 1980. Immunogenetic and population genetic analyses of Iberian cattle. *Anim. Blood Grps biochem. Genet.* 11: 21 – 38.
- KOMITEAMIENTINTÖ 1983. Maa- ja metsätalousministeriön geeniaines-toimikunta. Helsinki. 36 s.
- KUSHNER, H.F., ZUBAREVA, L.A., SOLOMONOVA, O.N. ja KUZNETSOV, N.I. 1973. The relationship between the types of transferrin, amylase and haemoglobin and cow fertility in two cattle breeds. *Anim. Blood Grps biochem. Genet.* 4: 119 – 122.

- LACY, R.C. 1987. Loss of genetic diversity from managed populations: interacting effects of drift, mutation, immigration, selection, and population subdivision. *Conservation Biology*. 2: 143 – 158.
- LALLEY, P. ja MCKUSICK, V. 1985. Report of committee on comparative gene mapping. *Cytogenet. Cell Genet.* 40: 536 – 566.
- LAND, R.B. 1981. An alternative philosophy for livestock breeding. *Livestock Prod. Sci.* 8: 95 – 99.
- LARSEN, B., GRUCHY, C.L. ja MOUSTGAARD, J. 1974. Studies on blood groups and polymorphic protein systems in Jersey cattle on the isle of Jersey. *Acta Agric. Scand.* 24: 99 – 110.
- LERNER, I.M. ja DONALD, H.P. 1966. Modern development in animal breeding. London. Academic Press. 294 s.
- LEWIN, R. 1990. Population 'bottlenecks' enhance a species' genetic resources. *New Scientist*. 1703: 32.
- LOKKI, J., SAURA, A. ja TIGERSTEDT, P.M.A. 1986. Evoluutio ja populaatiot. Porvoo. WSOY. 332 s.
- LUSH, I.E. 1970. The extent of biochemical variation in mammalian populations. *Symp. Zool. Soc. Lond.* 26: 43 – 71.
- MAEDA, K., MCKENZIE, H.A. ja SHAW, D.C. 1980. Nature of the heterogeneity within genetic variants of bovine serum transferrin. *Anim. Blood Grps biochem. Genet.* 11: 63 – 75.
- MAIJALA, K. 1974. Conservation of animal breeds in general. *Proc. 1st World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod.* Vol. II: 37 – 46.
- MAIJALA, K. 1981. Kotieläinten perinnöllisen muuntelun säilyttäminen. Helsingin yliopiston kotieläinten jalostustieteen laitoksen tiedote. 45: 1 – 52.
- MAIJALA, K. 1986. Motives, possibilities and methods of maintaining numerically small cattle breeds. *World Rev. of Anim. Prod.* 1: 43 – 50.
- MAIJALA, K. 1989. Naudan geenikartoitus. Helsingin yliopiston kotieläinten jalostustieteen laitoksen tiedote. 87: 1 – 17.
- MAIJALA, K. ja LINDSTRÖM, G. 1966. Frequencies of blood group genes and factors in the Finnish cattle breeds with special regard to breed comparisons. *Ann. Agric. Fenn.* 5: 76 – 93.

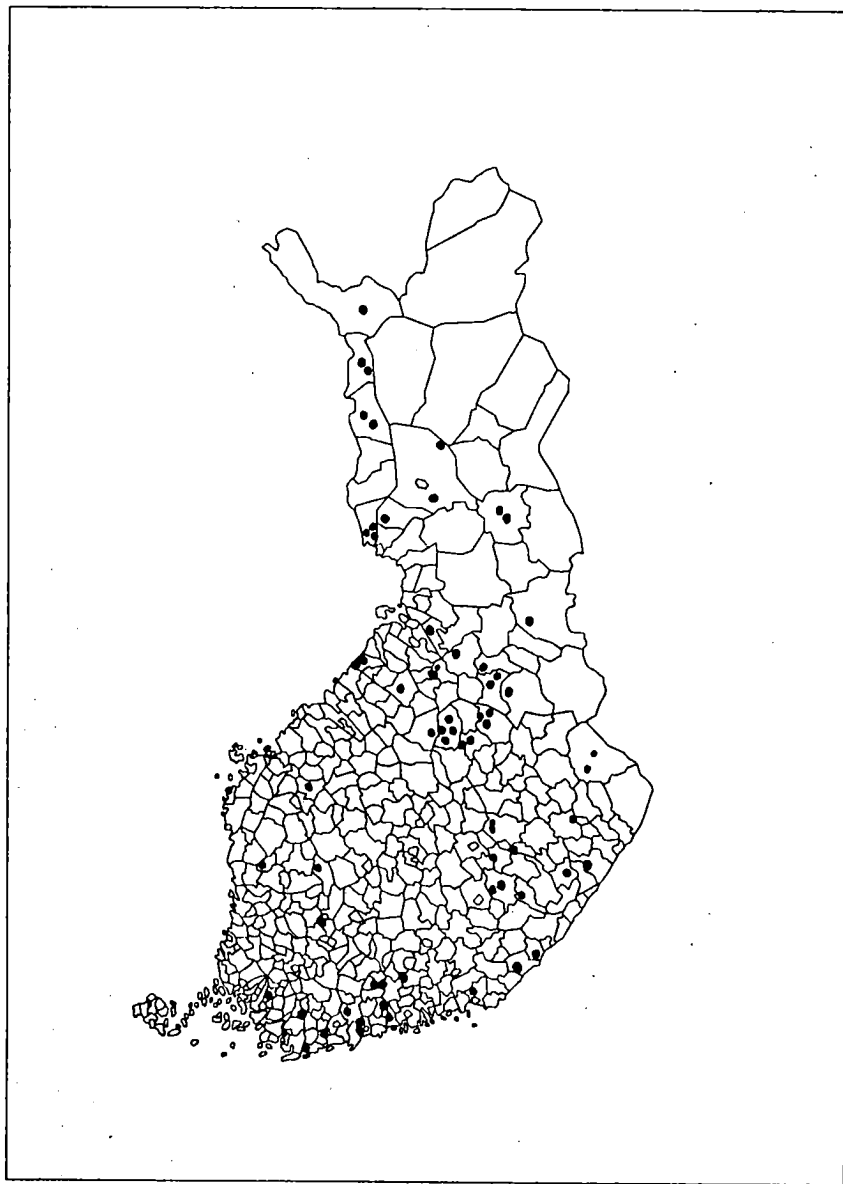
- MAIJALA, K. ja OSVA, A. 1990. Genetic correlations of twinning frequency with other economic traits in dairy cattle. *J. Anim. Breed. Genet.* 107: 7 – 15.
- MAIJALA, K., CHEREKAEV, A.V., DEVILLARD, J.M., REKLEWSKI, Z., ROGNONI, G., SIMON, D.L. ja STEANE, D.E. 1984. Conservation of animal genetic resources in Europe. Final report of an E.A.A.P. working party. *Livestock Prod. Sci.* 1: 3 – 22.
- MANWELL, C. ja BAKER, C.M.A. 1976. Protein polymorphisms in domesticated species: Evidence for hybrid origin? *Kirjassa: Population Genetics and Ecology*. New York. Academic Press. (Ref. Juneja, R.K. 1981.)
- NEI, M. 1972. Genetic distance between populations. *American Naturalist*. 106: 283 – 292.
- NEIMANN-SØRENSEN, A. 1958. Blood groups of cattle. Immunogenetic studies on Danish cattle breeds. København. Nordlunds Bogtrykkeri. 177 s.
- NEIMANN-SØRENSEN, A. ja ROBERTSON, A. 1961. The association between blood groups and several production characteristics in three Danish cattle breeds. *Acta Agric. Scand.* 11: 163 – 196.
- O'HUIGIN, C. 1982. A population genetic study of the pedigree Kerry cattle population. Trinity college. Dublin. 107 s.
- OROZCO, R. 1964. On the possibility of organizing a national program for the preservation of chicken breeds and strains. *Proc. 2nd Eur. Poultry Conf., Bologna.* 385 – 398. (Ref. Maijala, K. 1981.)
- PELTOVUOMA, A. 1916. Perä-Pohjolan karja. Helsinki. Otava. 113 s.
- RAJAKANGAS, A-M. 1988. Lypsylehmien rakenneominaisuuksien perinnölliset tunnusluvut. Helsingin yliopiston kotieläinten jalostustieteen laitoksen tiedote. 84: 1 – 67.
- RANTA, E., RITA, H. ja KOUKI, J. 1989. *Biometria. Tilastotiedettä ekologeille.* Yliopistopaino. Helsinki. 569s.
- RAPACZ, J., DOLA, L. ja JAKÓBIEC, J. 1965. Blood group studies on B-groups in Polish Red cattle. *Proc. 9th Eur. Anim. Blood Grp. Conf., Praha.* 1964. (Ref. Rendel, J. 1967.)
- RAUKOLA, I. 1990. Sonniin sperman määrä- ja laatutekijöiden yhteydet ja niiden vaihteluun vaikuttavat tekijät. Helsingin yliopiston kotieläinten jalostustieteen laitoksen tiedote. 88: 1 – 60.

- RENDEL, J. 1958. Studies of cattle blood groups. IV. The frequencies of blood group genes in Swedish cattle breeds, with special reference to breed structure. *Acta Agric. Scand.* 8: 191 – 215.
- RENDEL, J. 1967. Studies of blood groups and protein variants as a means of revealing similarities and differences between animal populations. *Anim. Breed. Abst.* 35: 371 – 383.
- REXROAD, C.E. 1986. History of genetic engineering of laboratory and farm animals. (Ref. Majjala, K. 1989.)
- RUITERKAMP, W.A., SPEK, C.M. ja BOUW, J. 1977. Gene clusters in the blood group system B of cattle. *Anim. Blood Grps biochem. Genet.* 8: 231 – 240.
- SCHÜLER, L. VON ja HERRENDÖRFER, G. 1984. Die genetische Drift in Auszuchtpopulationen. *Z. Versuchstierkunde.* 26: 181 – 184.
- SIRKKOMAA, S. 1983. Calculations on the decrease of genetic variation due to the founder effect. *Hereditas.* 99: 11 – 20.
- SMITH, C. 1984. Genetic aspects of conservation in farm livestock. *Livestock Prod. Sci.* 1: 37 – 48.
- SORSA, V., MÄKELÄ, P., SORSA, M., LEISTI, J. ja SALKINOJA-SALONEN, M. 1979. Perinnöllisyys. Porvoo. WSOY. 191 s.
- STORMONT, C. 1950. Additional gene-controlled antigenic factors in the bovine erythrocyte. *Genetics.* 35: 76 – 94.
- TERVALA, H-L., ANTILA, V., SYVÄJÄRVI, J. ja LINDSTRÖM, U.B. 1983. Variations in the renneting properties of milk. *Meijeritieteellinen aikakauskirja.* 2: 24 – 33.
- VASENIUS, L. 1965. Transferrin polymorphism in Finnish Ayrshire cattle. *Ann. Acad. Sci. Fenn. Ser. A IV. Biol.* 98: 1 – 58.
- VILKUNA, K. 1976. Isien työ, veden ja maan viljaa, arkityön kauneutta. Helsinki. Otava. 359 s.
- VILVA, V. 1989. WSYS-ohjelmisto. Helsingin yliopiston kotieläinten jalostustieteen laitos. Helsinki.
- YAMADA, Y. 1981. The importance of mating systems in the conservation of animal genetic resources. *FAO Anim. Prod. Health Paper.* 24: 268 – 278.
- YAMADA, Y. ja KIMURA, K. 1984. Survival probability in small livestock populations. *FAO Anim. Prod. Health Paper.* 44/1: 105 – 110.

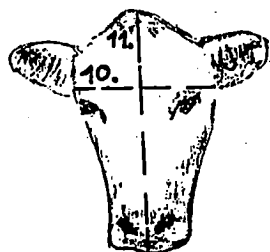
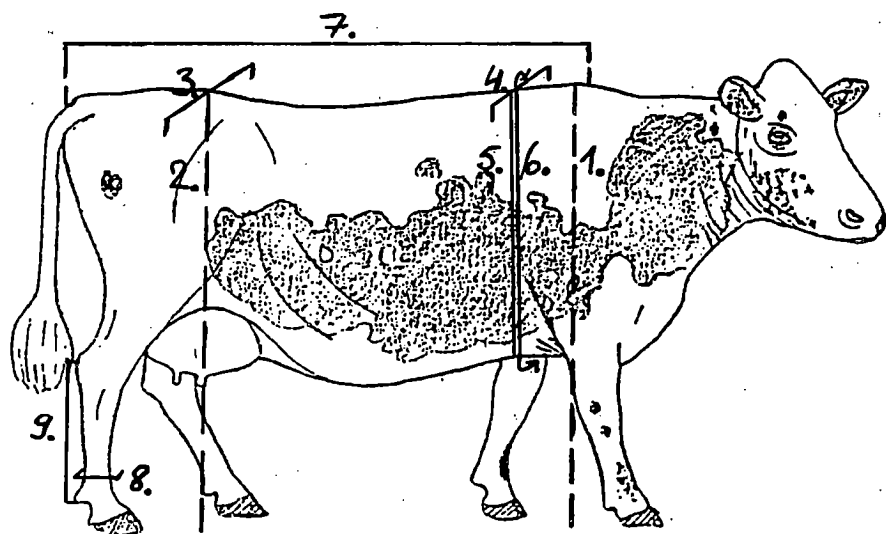
- YAMAZAKI, T. ja MARUYAMA, T. 1974. Evidence that enzyme polymorphisms are selectively neutral, but blood group polymorphisms are not. *Science*. 183: 1091 – 1092.
- YOUNG, S.S.Y. 1966. Computer simulation of directional selection in large populations. I. The programme, the additive and the dominance models. *Genetics*. 53: 189 – 205.
- II. The additive x additive and mixed models. *Genetics*. 56: 73 – 87.
- YOUNG, C.W., TYLER, W.J., FREEMAN, A.E., VOELKER, H.H. MCGILLIARD, L.D. ja LUDWICK, T.M. 1969. Inbreeding investigations with dairy cattle in the north central region of the United states. *Tech. Bulletin Minn. Agric. Exp. Sta.* 266: 1 – 14.

Liitteet

Liite 1. Tutkittujen eläinten maantieteellinen sijainti



Liite 2. Mittauskohdat



Liite 3. Ay- ja fr-eläinten alleelifrekvenssit (%)

Lokus	<i>N</i>	F^F	F^V	R^{S^I}	R^{R^I}	Tf^A	Tf^D	Tf^E	P_a^S
Ay	50	90.0	10.0	73.0	27.0	44.0	45.0	11.0	76.0
Fr	50	97.0	3.0	96.0	4.0	43.0	55.0	2.0	81.0
		P_a^F	$Ptf\ 1^A$	$Ptf\ 1^B$	$Ptf\ 2^F$	$Ptf\ 2^S$	$Pi-2^S$	$Pi-2^F$	$Pi-2^I$
Ay		24.0	55.0	45.0	99.0	1.0	85.0	15.0	—
Fr		19.0	40.0	60.0	94.0	6.0	76.0	17.0	7.0

N = eläinten lukumäärä

KOTIELÄINJALOSTUKSEN TIEDOTE-SARJASSA ILMESTYNYT:

1. UUSITALO, H. , 1975. Valintaindeksien rakentaminen kanojen jalostusarvostelua varten. *Lisensiaattityö*, 119 s.
2. RUOHOMÄKI, H. , 1975. Nuoren lihanaudan teurasominaisuuksien arvioimisesta. *Lisensiaattityö*, 197 s.
3. MAIJALA, K. , 1975. Kotieläinjalostus ja sen tutkimus. *Esitelmä maataloustutkimuksen päivillä*, 26 s.
4. HELLMAN, T. , 1975. Maidon lysotsyymiaktiivisuudesta ja utaretulehduksesta Viikin karjassa. *Pro gradu-työ*, 77 s.
5. MAIJALA, K. , 1975. Pohjoismaiden maataloustuotanto tulevaisuuden resurssitilanteessa. *Esitelmä Pohjoismaiden Maataloustutkijain Yhdistyksen 15. kongressissa Reykjavikissa*, 36 s.
6. MAIJALA, K. , 1975. 50 vuotta kotieläinten jalostustutkimusta Suomessa — tutkimus tänään ja huomenna. *Esitelmä Maa- ja kotitalouden Erikoisyhdistysten Liiton luentopäivillä Helsingissä 28.11.1974*, 21 s.
7. NIEMINEN, P. , 1975. Ultraäänikuvauksella arvioidun lihakkuuden yhteys sonnien kasvukoetuloksiin. *Pro gradu-työ*, 95 s.
8. MAIJALA, K. , 1975. Yleisiä näkökohtia kotieläinten jalostustavoitteiden määrittelyssä. *Esitelmä Pohjoismaiden Maataloustutkijain Yhdistyksen 15. kongressissa Reykjavikissa 9.7.1975*, 18 s.
9. OJALA, M., PUNTILA, M.-L., VARO, M. ja LAAKSO, P. , 1976. Sonniemittauksia yksilötestausasemilla. 45 s.
10. HELLMAN, T., OJALA, M. ja VARO, M. , 1976. Ultraäänikuvauksen käyttö pössien yksilöarvostelussa. 15 s.
11. LINDSTRÖM, U. , 1976. Voidaanko jalostuksella vaikuttaa utaretulehdusalttiuteen? 19 s.
12. RUOHOMÄKI, H. ja HAKKOLA, H. , 1976. Lihantuotantokokeiden tuloksia. 15 s.
13. Lammaspäivä 2.2.1977. 21 s.
14. JOKINEN, L. ja LINDSTRÖM, U. , 1977. Pillereiden ei-uusintatulokset 4 vuoden säilytyksen jälkeen verrattuna tuloksiin 1 vuoden säilytyksen jälkeen. 12 s.
15. LINTUKANGAS, S. , 1977. Erilaisten virhelähteiden ja erityisesti tuotostason ja maantieteellisen alueen vaikutus Ay-sonniemittauksiin. *Pro gradu-työ*, 114 s.

16. MAIJALA, K. ja SYVÄJÄRVI, J. , 1977. Mahdollisuudesta kehittää monisynnyttävää nautakarjaa valinnan avulla. 23 s.
- 17a.-d. Rehuhyötysuhdetta käsittelevät esitelmät. *Suomen Maataloustieteellisen Seuran kokous 26.1.1977*,
18. RUOHOMÄKI, H. , 1977. Erirotuisten lihanautojen elopainot ja iät 160 kilon teuraspainossa. 12 s.
19. Nauta- ja sikapäivä 14.11.1977. 23 s.
20. LINDSTRÖM, U. , 1978. Maidon valkuainen. 13 s.
21. HELLMAN, T. ja OJALA, M. , 1978. Karjujen ultraäänikuvaus. 23 s.
22. LINDSTRÖM, U. , 1978. Jalostuksella terveempiä eläimiä. 21 s.
23. RUOHOMÄKI, H. , 1978. Nuorten lihanautojen mittojen ja painojen välisistä yhteyksistä kasvukauden aikana sekä mittojen merkityksestä elopainon arvioimisessa. 39 s.
24. LINDSTRÖM, U. , 1978. Ravintohuolto meillä ja muualla. 10 s.
25. LINDSTRÖM, U. , 1978. *Matkakertomus Euroopan Kotieläintuotantoliiton (EAAAP) 29. vuosikokouksesta Tukholmassa 5.-7.6.1978*, 16 s.
26. HAAPA, M. , 1978. Kasvatusasematoiminnasta Tanskassa. *Matkakertomus*, 27 s.
27. RUOHOMÄKI, H. , 1978. Lihanautakokeiden tuloksia II. 19 s.
28. LINDSTRÖM, U. , 1978. Pihvisonnien käyttö lypsykarjoissa. 14 s.
29. LAMPINEN, K. , 1978. Poikimaväli ja/tai siemennysten määrä tiineyttä kohti lehmien hedelmällisyyden mittoina sonnien jälkeläisarvostelussa. *Pro gradu-työ*, 86 s.
30. MROUÉ, B. , 1979. Pässien yksilökokeen käyttöarvo kasvuominaisuuksien arvostelussa. *Lisensiaattityö*, 150 s.
31. BONSDORFF, M. VON, NÄSI, M., SEPPÄLÄ, J., HELLMAN, T. ja KENTTÄMIES, H. , 1979. *Selostus nautakarjatalouden jatkokoulutuskurssista "The Management and Breeding of Cattle", Edinburgh - Aberdeen 7.-20.5.1978*, 79 s.
32. RUOHOMÄKI, H. , 1979. Lihanautakokeiden tuloksia III. 26 s.
33. KALLIO, M. , 1979. Sperman määrän ja laadun perinnöllisyydestä Salpausselän Keinosiemennysyhdistyksen sonneilla. *Laudaturtyö*, 110 s.
34. KATAJAMÄKI, U. , 1979. Yksilöarvostelun mahdollisuudet suomenlampaan lihantuotantokyvyn jalostamisessa. *Pro gradu-työ*, 83 s.

35. LAHDENRANTA, M. , 1979. Emien vaikutus oriiden juoksijajälkeläisarvosteluun suomenhevosella. *Pro gradu-työ*, 145 s.
36. LINDSTRÖM, U. , 1979. Kohti pehmeämpää teknologiaa ruoantuotannossa. 11 s.
37. LINDHOLM, S. , 1979. Suomalaisten lehmien lypsettävyys ja siihen vaikuttavat tekijät. *Laudaturtyö*, 51 s.
38. LEUKKUNEN, A. , 1979. Pahnuekoko ja porsimisväli emakon hedelmällisyyden kuvaajina keinosiemennyskarjujen jälkeläisarvostelussa kenttäaineiston perusteella arvioituna. *Pro gradu-työ*, 72 s.
39. PUNTILA, M.-L. , 1979. Ultraäänimittaukset nuorten sonnien teuraslaatua arvioitaessa. *Pro gradu-työ*, 97 s.
40. RUOHOMÄKI, H. , 1980. Lihakarjakokeiden tuloksia IV. 29 s.
41. Jalostuspäivä 9.4.1980. 43 s.
42. Lammaspäivä 24.4.1980. 33 s.
43. SIRKKOMAA, S. , 1980. Simulointitutkimus sukusiitoksen ja voimakkaan valinnan käytöstä munijakanojen jalostuksessa. *Pro gradu-työ*, 90 s.
44. RUOHOMÄKI, H. , 1980. Eri rotuisten lihanautojen elopainot ja iät 160, 180, 210 ja 250 kilon teuraspainossa. 13 s.
45. MAIJALA, K. , 1981. Kotieläinten perinnöllisen muuntelun säilyttäminen. 52 s.
46. RUOHOMÄKI, H. , 1981. Lihakarjakokeet vuosina 1960-1980. 30 s.
47. Jälkeläisarvosteluseminaari 12.5.1981. 44 s.
48. MAIJALA, K. , 1981. Jalostus ja lisääntyminen vaikuttavina tekijöinä lihanaudan tuotannossa. 20 s.
49. SYRJÄLÄ-QVIST, L., BOMAN, M. ja MOISIO, S. , 1981. Lammastalouden rakenne ja merkitys elinkeinona Suomessa. 25 s.
50. LEUKKUNEN, A. , 1982. Keinosiemennyskarjujen jälkeläisarvostelu tyttären porsimistulosten perusteella. *Lisensiaattityö*, 88 s.
51. LAURILA, T. , 1982. Kilpailutulosten käyttö ratsuhevosten suorituskyvyn mittaamisessa. *Pro gradu-työ*, 84 s.
52. LINDSTRÖM, U. , 1982. Merkkigeenien ja -aineiden käyttöarvosta kotieläinjalostuksessa. 13 s.
53. LEUKKUNEN, A. , 1982. Heikkolaatuisen rehun hyväksikäytön geneettinen edistäminen. 24 s.
54. OJALA, M. , 1982. Eri kudoslajien kasvurytmi naudoilla. 22 s.

55. OJALA, M. , 1982. Vanhempien tuotantotietojen ja eräiden ympäristötekijöiden yhteys sonniin kasvukoetuloksiin. *Laudaturtyö*, 54 s.
56. OJALA, M. , 1982. Kilpailutulosten käyttöarvosta ravihevosten jalostuksessa. *Lisensiaattityö*, 16 s.
57. KENTTÄMIES, H. , 1982. Naudanlihantuotantoon vaikuttavista geneettisistä tekijöistä ja ympäristötekijöistä sekä kasvun mittaamisesta kenttäkokeissa. *Lisensiaattityö*, 104 s.
58. HUHTANEN, P. , 1982. Suomenkarjan kokonaistaloudellisuus muihin rotuihin verrattuna. *Laudaturtyö*, 82 s.
59. KUOSMANEN, S. , 1983. 305-pv:n maitotuotoksen ennustaminen osatuotostietojen perusteella. *Pro gradu-työ*, 100 s.
60. HEISKANEN, M.-L. , 1983. Hevosen keinosiemennys tuore- ja pakastepermalla. *Pro gradu-työ*, 63 s.
61. MARKKULA, M. , 1984. Kanojen yleiseen sairaudenvastustuskykyyn liittyviä tekijöitä. 24 s.
62. MÄNTYSAARI, E. , 1984. Valintaindeksi jälkeläisarvosteltujen keinosiemennyssonniin kokonaisjalostusarvon kuvaajana. *Pro gradu-työ*, 86 s.
63. LAUKKANEN, H. , 1984. Maidon sähkönjohtokykyyn vaikuttavat tekijät ja johtokyvyn käyttömahdollisuuksista utaretulehduksen vastustamisessa. *Pro gradu-työ*, 68 s.
64. SYVÄJÄRVI, J. , 1984. Tutkimuksia maitorotuisten sonniin jälkeläisarvostelun varmistamiseksi ja monipuolistamiseksi. *Lisensiaattityö*, 14 s.
LIITE: Tarkkailulehmien maidon solupitoisuuden vaihtelu ja yhteys maidontuotantoon. 78 s.
65. MAIJALA, K. , 1984. Ulkomaisia kokemuksia suomenlampaasta ja sen risteytyksistä. 27 s.
66. ARONEN, P. , 1985. Liharotuisten nautojen painoihin vaikuttavista tekijöistä ja painojen korjaamisesta. *Pro gradu-työ*, 80 s.
67. JUGA, J. , 1985. Karjansisäinen lehmien arvostelu. *Pro gradu-työ*, 93 s.
68. HIMANEN, A. , 1985. Tilatason jalostussuunnitelmien toteutuminen. *Pro gradu-työ*, 45 s.
69. SEVÓN-AIMONEN, M.-L. , 1985. Risteytysvaikutus sikojen tuotant ominaisuuksissa. *Pro gradu-työ*, 89 s.
70. SAASTAMOINEN, M. , 1985. Lypsylehmän karkearehun syönti- ja hyväksikäyttökyvyn jalostusmahdollisuudet. *Pro gradu-työ*, 76 s.
71. FALCK-BILLANY, H. , 1985. Celltalets samt vissa polymorfa proteiner användbarhet vid avel för mastitresistens. *Pro gradu-työ*, 54 s.

72. FALCK-BILLANY, H. ja MAIJALA, K. , 1985. Jalostusvalinnan mahdollisuudet muuttaa maidon rasva- ja valkuaiskoostumusta. 38 s.
- 73a. OJALA, M. , 1986. Use of race records for breeding evaluation of trotters in Finland. *Väitöskirja*, 18 s. , 4 liitettä.
- 73b. OJALA, M. , 1986. Use of race records for breeding evaluation of trotters in Finland. *Väitöskirjan lyhennelmä*, 18 s.
74. SÄYNÄJÄRVI, M. , 1986. Sukusiitoskertoimet suomalaisessa ayrshire-populaatiossa ja sukusiitoksen vaikutukset eri ominaisuuksiin. *Pro gradu-työ*, 59 s.
75. PYLVÄNÄINEN, H. , 1987. Ravikilpailuominaisuuksien perinnölliset tunnusluvut eri ikävuosina ja ikävuosien välillä. *Pro gradu-työ*, 87 s.
76. LAMPINEN, A. , 1987. Maitorotuisten keinosiemennyssonnien kasvukyky ja sen arvostelu. *Pro gradu-työ*, 79 s.
77. ALASUUTARI, T. , 1987. Maitorotuisten sonnien tyttären karsiintuminen ja sonnien jalostusarvojen toistuvuus. *Pro gradu-työ*, 127 s.
78. TIKKANEN, S. , 1987. Minkin pentuekoon periytyvyys. *Pro gradu-työ*, 46 s.
79. TUORI, M. , 1987. Lypsykäyrän muotoa kuvaavien tunnuslukujen ja lypsykauden tuotosten toistuvuus Viikin karjassa. *Laudaturtyö*, 65 s.
80. MÄNTYHAHO, M. , 1988. Maidon rasvahappokoostumukseen vaikuttavista tekijöistä. *Pro gradu-työ*, 82 s.
- 81a. SIRKKOMAA, S. , 1988. Use of inbreeding to increase the response to selection. *Väitöskirja*, 29 s. , 5 liitettä.
- 81b. SIRKKOMAA, S. , 1988. Use of inbreeding to increase the response to selection. *Väitöskirjan lyhennelmä*, 29 s.
82. SIRKKOMAA, S. ja OJALA, M. , 1988. Geeniteknologian hyväksikäyttömahdollisuudet kotieläinjalostuksessa. 50 s.
83. LIUTTULA, M. , 1988. Lammastarkkailun tulosten käyttömahdollisuudet lampaanjalostuksessa. *Pro gradu-työ*, 92 s.
84. RAJAKANGAS, A.-M. , 1988. Lypsylehmien rakenneominaisuuksien perinnölliset tunnusluvut. *Pro gradu-työ*, 75 s.
85. VOUTILAINEN, U. , 1989. Punnitustarkkailun tulosten käyttömahdollisuudet lihakarjan jalostuksessa. *Pro gradu-työ*, 72 s.
86. UKKONEN, M. , 1989. Lypsettävyysominaisuuksien vaihteluun vaikuttavat tekijät ja perinnölliset tunnusluvut. *Pro gradu-työ*, 79 s.
87. MAIJALA, K. , 1989. Naudan geenikartoitus. 17 s.

88. RAUKOLA, I. , 1990. Sonnien sperman määrä- ja laatutekijöiden yhteydet ja niiden vaihteluun vaikuttavat tekijät. *Pro gradu-työ*, 60 s.
89. KORHONEN, T. , 1990. Maidon laktoosipitoisuuteen vaikuttavat tekijät sekä laktoosipitoisuuden yhteydet solulukuun ja maidon muihin aineosiin. *Pro gradu-työ*, 63 s.
90. TORNIAINEN, P. , 1991. Maidon aineosien vaihteluun vaikuttavat tekijät ja perinnölliset tunnusluvut Suomen lypsykarjaroduissa. *Pro gradu-työ*, 71 s.
91. UIMARI, P. , 1991. Dominanssin vaikutus eläinten jalostusarvojen ennustamisessa. *Pro gradu-työ*, 61 s.
92. SAASTAMOINEN, M. , 1991. Ravihevosen kasvuun, kehitykseen ja kilpailutuloksiin vaikuttavat tekijät. *Lisensiaattityö*, 32 s.
93. KANTANEN, J. , 1991. Itä-, länsi- ja pohjoissuomenkarjan populaatio-rakenne biokemiallisen polymorfismin ja rungon mittojen perusteella. *Pro gradu-työ*, 85 s.

ISBN 951-45-6005-1

ISSN 0356-1429

Helsinki 1991

Yliopistopaino