

Beefgeno 2019-2022

Dnro 487/03.01.02/2018

Naudanlihantuotannon omavaraisuuden ja tehokkuuden parantaminen genomivalinnalla Loppuraportti

1. Hankkeen tavoitteet

1.1. Alkuperäiset tavoitteet

Hankkeen tavoitteena oli emoihin perustuvan naudanlihantuotannon omavaraisuuden ja tuottavuuden parantaminen jalostuksen keinoin, siirtymällä perinteisestä jalostusvalinnasta genomivalintaan myös tuotantokarjojen eläimet hyödyntäen. Genomivalinnan on osoitettu tehostavan perinnöllistä edistymistä huomattavasti perinteiseen jalostusvalintaan verrattuna. Makera-hankkeen tavoitteena oli luoda genomiset arvostelumallit viidelle yleisimmälle liharodulle (hereford, aberdeen angus, charolais, limousin, simmental) ja niiden risteytyksille, mukaan lukien ensimmäisen polven risteytyseläimet. Muutos koskee kaikkia nykyisiä jalostuskohteita (paino-, teuras- ja poikimahelpouden arvostelut). Lisäksi Makera-hankkeen tavoitteena oli tutkia tehokkaamman jalostusvalinnan vaikutuksia tuotannonhaaran ympäristökestävyyteen suomalaisessa lihakarjapopulaatiossa. Muualla tehty tutkimustulokset viittaavat lihakarjan ympäristövaikutusten vähentyneen, kun jalostuksessa on siirrytty laajamittaiseen genomivalintaan ottamalla koko populaatio mahdollisimman tehokkaasti jalostusvalinnan piiriin.

Tutkimus on jaettu viiteen eri työpakettiin, jotka ovat riippuvuussuhteessa toisiinsa (Taulukko 1). WP1, joka ei pääosin kuulu Makera-rahoituksen piiriin, luo pohjan koko hankkeelle, koska siinä rakennetaan Makera-hankkeen hyödyntämät genotyyppi- ja fenotyyppitietokannat sekä tarvittava logistiikka (tilausten teko- ja seurantajärjestelmä) genotyyppityksille. WP2 ja WP3 ovat Makera-hankkeen ydintä: nykyisten arvostelumallien muokkaaminen genomiarvostelun tarpeita vastaaviksi (WP2) ja genomiarvostelumallien kehittäminen (WP3), kunhan WP1 on tuottanut tarvittavan määrän genotyyppityksiä. WP4 luo genomiarvostelumallien pohjalta työkaluja tuottajien, keinosiemennyksen ja teurastamojen käyttöön, muttei kuulu Makera-rahoituksen piiriin. Se on kuitenkin tärkeä vaihe, jotta tulokset saadaan kaikkien sidosryhmien käyttöön kentällä. WP5 kuuluu Makera-rahoituksen piiriin ja tutkii tehokkaamman jalostusvalinnan vaikutuksia tuotannon ympäristökestävyyteen.

Taulukko 1. Töiden allokointi työpaketteihin.

Työ-paketit	Päävastuu	Tehtävät		2019 kvartiilit				2020 kvartiilit				2021 kvartiilit			
				I	II	III	IV	I	II	III	IV	I	II	III	IV
WP1	Faba	Genotyypit	1				R ⁵	R			R	R			R
	Faba	Fenotyypit & sukulaisuudet	2				R	R							
WP2	EJA ¹ , Luke	Teurasominaisuudet ³	1								A ⁶ , R				
	EJA, Luke	Pelkästään emotarkkailuun kuuluvat jalostuskohteet ⁴	2									A, R			
WP3	EJA, Luke	Irlantilaisten GEBV:itten validointi	1				A, R								
	EJA, Luke	Monen rodun single-step genomi-arvostelumallien luominen & validointi	2							R		R		A, R	
	EJA, Luke	Lihanlaatuun vaikuttavien suurivaikutteisten geenien alleelifrekvenssit suomalaisilla liharoduilla	3									R			
WP4	Faba	Tuottajien, keinosiemennyksen ja teurastamojen eläinvalintojen ja tuotannonohjauksen työkalut	1												
WP5	SUST ² , Luke	Ympäristövaikutusten tutkimus	1									R		R, p ⁷	

¹Eläinjalostus

²Kestävyytutkimus ja indikaattorit

³Ominaisuudet: teuraspaino, EUROP ruhonlaatu- ja rasvaluokat

⁴Ominaisuudet: syntymäpaino, vieroituspaino (200 pv), vuodenpaino, emoindeksi, poikimahelpous isänä ja emänisänä

⁵Raportti, ⁶Arvostelumalli/sovellus, ⁷Tieteellinen julkaisu

1.2. Tavoitteiden tarkistukset ja niiden perustelut

Hankkeen tavoitteet ovat säilyneet koko hankkeen ajan pääasiassa ennallaan. Lokakuun 2020 ohjausryhmän kokouksessa hyväksyttiin työpaketin WP3/1 pois jättäminen (Taulukko 1). Syynä tähän oli Makera-hankkeen käyttämän tausta-aineiston rajautuminen. Alustavien suunnitelmien sijaan genotyyppitykset on tehty pelkästään pohjoismaisella DNA-sirulla (Euro G MD), koska ICBF:lle lähetetty testinäytejoukon toimitus eteni niin hitaasti, ettei kanava vaikuttanut mielekkäältä käytettäväksi rutiiniarvostelun kannalta. Genomi-arvostelujen rakentamisen kannalta WP3/1 -työpaketin pois jättämisellä ei ole merkitystä.

27.10.2021 -ohjausryhmän kokouksessa hyväksyttiin myös työpaketin WP3/3 pois jättäminen (Taulukko 1). Työpaketissa oli tarkoitus tutkia kalpainen ja kalpastatiinin alleelifrekvenssejä suomalaisella liharodulla. Näiden geenien on tutkimusten mukaan todettu olevan yhteydessä lihan syöntilaatuun. Kuitenkin hankkeen alusta pitäen on ollut selvää, että tuottajille tärkeämpää on saada kaikki suomalaisissa populaatioissa yleiset perinnölliset viat ja sairaudet testattua genominäytteen oton yhteydessä. Tästä syystä esitimme jo vuonna 2019 Euro G MD -sirulle lisättäväksi useita liharodutukselle tärkeitä testejä ja olemme tutkineet niiden toimivuutta vertaamalla sirun testien tuloksia muista laboratorioista tilattavien testien tuloksiin. Näin olemme saaneet yhteistyössä tanskalaisten kanssa lisättyä useita tärkeitä liharodutuksen testejä pohjoismaiseen viralliseen

testausjärjestelmään. Olemme siis priorisoineet työpaketin WP3/3 -sisällön kalpaiinin ja kalpastatiinin tarkastelusta perinnöllisiin vikoihin ja sairauksiin. Näin olemme lisänneet tuottajien kiinnostusta eläinten genotyyppityksiin. Kalpaiinin ja kalpastatiinin alleelifrekvenssit voidaan laskea tulevaisuudessa, kunhan niiden monimutkaisempi alleelien päättely on saatu lisättyä viralliseen pohjoismaiseen järjestelmään.

WP5-työpaketin artikkelin kirjoittaminen ei ole vielä alkanut, mutta se on tavoitteena kirjoittaa myöhemmin.

Syksyllä 2021 esitimme tarpeen jatkovuodelle 2022. Genomiarvostelumallien rakentamiseen tarvitaan riittävän paljon luotettavasti arvioituja vanhempia eläimiä, jotka on genotyyppitetty. Näiden ns. vertailuryhmäeläinten minimitarpeeksi arvioimme 2 000 eläintä / rotu, jotta genomisten arvostelumallien kehitys pystyttiin aloittamaan. Vaikka vertailuryhmäeläinten genotyyppitysmäärät alkoivat nousta ELY-hankkeiden myötä erittäin hyvin, vasta joulukuussa 2020 ensimmäinen viidestä mukana olevasta rodusta oli saavuttanut asetetun 2 000 vertailuryhmäeläimen rajan (Kuva 3). Genomiarvostelumallien (paino-, teuras- ja poikima-arvostelu) rakentamiseen, validointiin ja rutiiniarvosteluun siirtämiseen olisi jäänyt aikaa vain yksi vuosi. Katsoimme viisaimmaksi anoa jatkovuotta 2022, mikä myönnettiin. Tutkimushankkeen sisältöön tällä ei ollut vaikutusta.

2. Osapuolet ja yhteistyö

Tutkimus on ollut laaja yhteistyöprojekti, jossa mukana ovat olleet jalostussektori (Faba Osk, Nordic Cattle Genetic Evaluation NAV, Viking Genetics), teurastamosektori (Atria, HKScan, Snellman), Luonnonvarakeskus, tuottajat sekä Maa- ja metsätalousministeriö rahoittajana. Lisäksi ELY-keskukset ovat rahoittaneet erillisinä pilottiprojekteina vertailuryhmäeläinten genotyyppityksiä ja tuottajien neuvontaa genomivalintaan siirtymisessä. Vuoden 2022 aikana Niemi-säätiö rahoitti tutkimustyötä apurahalla.

Lihakarjan genomiarvostelua on rakennettu koko ajan silmällä pitäen tulevaisuudessa tavoitteena oleva pohjoismainen liharajan genomiarvostelu. Tämän takia yhteistyö pohjoismaisella tasolla on ollut tiivistä ja kaikki genotyyppit on tallennettu alusta pitäen pohjoismaiseen tietokantaan, jotta siirtymä kansallisesta pohjoismaiseen genomiarvosteluun tapahtuisi mahdollisimman sujuvasti (Kuva 1).

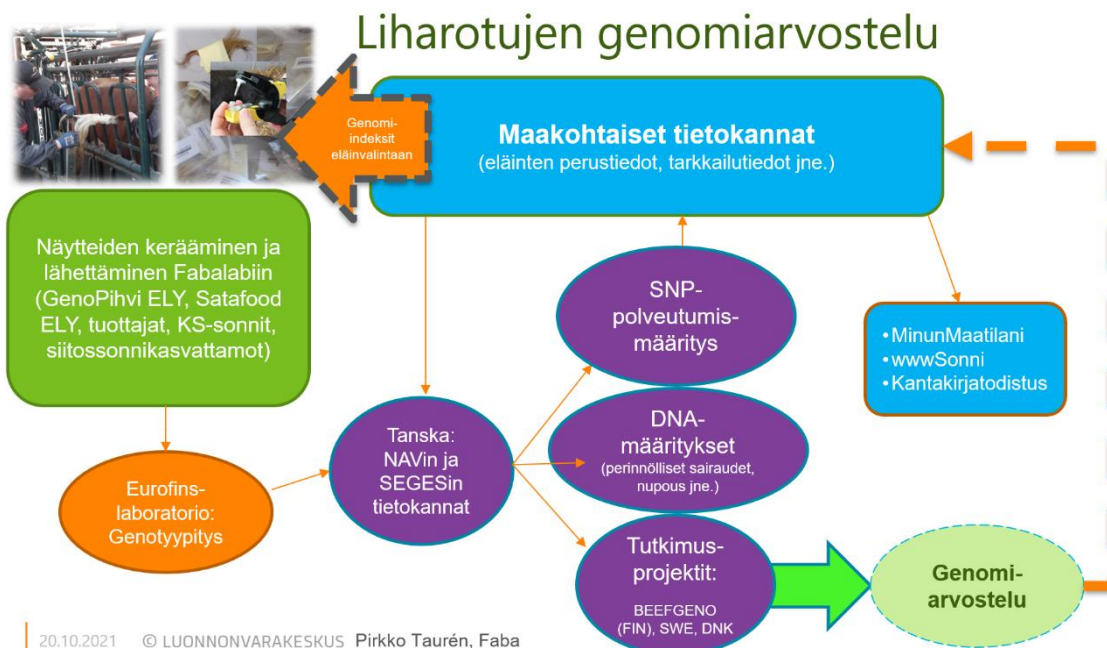
3. Hankkeen toteutus ja tulokset sekä toteutusvaiheen arviointi

Tarkastelu tehdään työpaketti kerrallaan.

WP1: Genotyyppi- ja fenotyyppitietokantojen ja logistiikan rakentaminen.

Päävastuu: Faba

Faba sai vuoden 2019 kesän aikana valmiiksi liharotuisten eläinten genotyyppityksiin tarvittavan tilaus- ja seurantajärjestelmän ja näytelogistiikan. Työtä helpotti, että lypsykarjan olemassa olevaa järjestelmää voitiin käyttää pohjana myös liharajalle. Genominäytteiden keruu pääsi vauhtiin



Kuva 1. Skemaattinen kuvaus genominäytteiden ja tietojen logistiikasta tilojen, laboratorioiden ja maakohtaisten ja pohjoismaisten tietokantojen välillä.

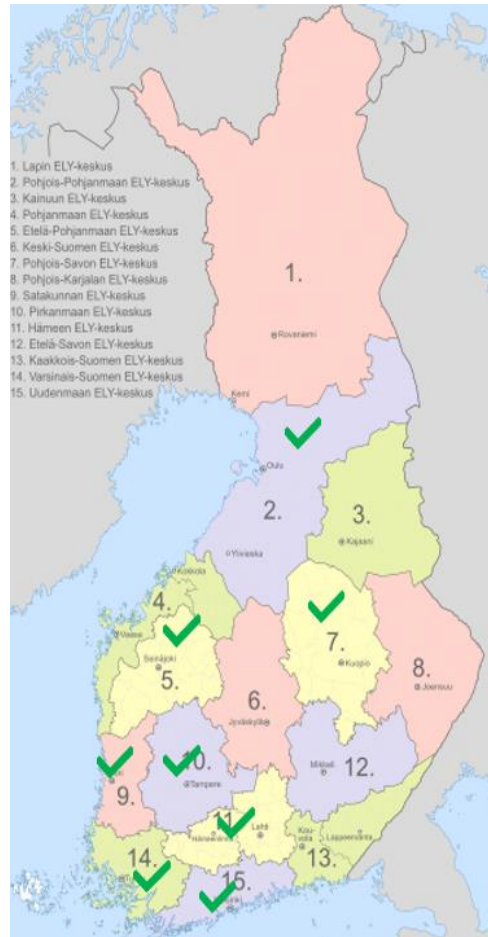
syksyllä eläinten palattua laitumelta takaisin pihatoihin. Genominäytteet analysoidaan Eurofins-laboratoriossa Tanskassa ja tallennetaan pohjoismaiseen tietokantaan (Kuva 1).

Tarvittavat fenotyypit hankkeeseen on saatu Ruokavirastolta ja lihakarjan rutiiniarvostelusta. Suurin muutos oli ensimmäisen polven risteytyseläinten sisällyttäminen sekä havainto- että sukupuutietoihin. Hankkeen edetessä siirryttiin myös käyttämään rutiiniarvostelun rajallisen sukulaistiedoston sijaan pohjoismaisessa arvostelussa käytettävää nautojen sukupuuta, koska mm. rotuosuuksien laskeminen kattavista tiedoista on luotettavampaa.

Hankkeen kannalta on ollut oleellisen tärkeää, että ELY-keskukset ovat rahoittaneet kahta hanketta, joiden avulla on saatu sponsoroitua vertailuryhmäeläinten genotyyppityksiä. Atria, HKScan ja Snellman saivat ELY-hankkeen Etelä- ja Pohjois-Pohjanmaan sekä Pohjois-Savon alueille (GenoPihvi-hankesivut: <https://www.atriatuottajat.fi/hankkeet/genopihvi-hanke/>, Kuva 2). Tätä kautta Beefgeno-hanke sai 6 622 vertailuryhmä-eläimen genomitiedot vuoden 2020 loppuun mennessä. Hankkeen kokonaisbudjetti oli 175 500 €, josta tuottajat maksoivat 20 %, loppu oli julkista rahoitusta. GenoPihvi-hankkeen lisäksi kesällä 2020 käynnistyi Satafood Kehittämisyhdistys ry:n hallinnoima Emolehmätilojen eläinaineksen kehittämishanke (<https://www.satafood.net/hankkeet/emolehmatilojen-elainaineksen-kehittamishanke/>).

Emolehmätuotannon eläinaineksen kehittämishanke toteutti Manner-Suomen maaseudun kehittämisohjelmaa 2014 - 2020 sekä Varsinais-Suomen alueellisen maaseudun kehittämissuunnitelman tavoitteita. Varsinais-Suomen elinkeino-, liikenne- ja ympäristökeskus pisteytti hakemuksen ja hyväksyi hankkeen rahoitettavaksi. Samoin Satakunnan, Pirkanmaan, Hämeen ja Uudenmaan ELY-keskukset katsoivat hankkeen palvelevan alueellisia tavoitteitaan ja hyväksyivät osallistumisen hankkeen rahoittamiseen (Kuva 2). Hankkeen yksityisen rahoituksen osuus oli 79 500 euroa, josta hankealueen tuottajat maksoivat 60,81 %. Tuottajien osuus koostui osallistumismaksusta hankkeen toimenpiteisiin sekä genotyyppitysnäytteiden osuudesta 7 € per näyte. Satafood -hankkeen kautta saatiin 7 118 eläimen genotyyppitykset. Lisäksi omakustanne-

näytteitä (tuottajat, siitossonnikasvattamot) on otettu noin 74 000 € edestä, mikä tarkoittaa hieman yli 3 000 näytettä (kertymä 6.2.2023 mennessä). Tuottajien panostus on tarkoittanut myös näytteiden ottoon ja lähetyksiin käytettyä työaikaa. Parhaimmat vertailuryhmäeläimet ovat vanhempia luotettavasti jalostusarvosteltuja emoja ja siitossonneja, joilla näytteiden otto on lypsykarjaa hankalampaa ja työläämpää.

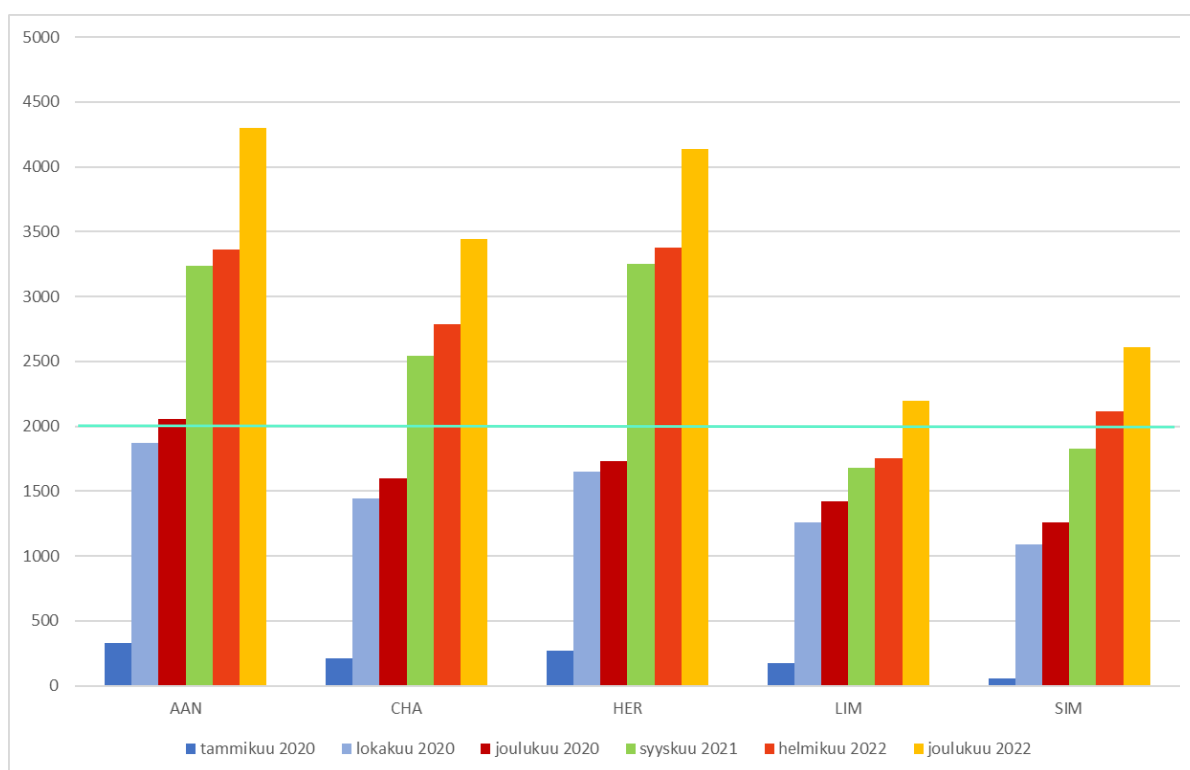


Kuva 2. ELY-alueet, jotka ovat osallistuneet liharotuisten eläinten genotyyppitysten sponsorointiin.

Genomitestattavien eläinten lukumäärä on ylittänyt kaikki odotukset ja kuvastaa hyvin sidosryhmien erittäin vahvaa sitoutumista hankkeeseen (Taulukko 2, Kuva 3). Vuoden 2023 alussa anguksen ja herefordin genotyyppitysmäärät ovat ylittäneet jo reilusti 4 000 näytteen määrän. Myös limousin on ylittänyt tavoiterajana pidetyn 2 000 genotyyppitetyn rajan. Kun tarkastellaan genotyyppitettyjen eläinten määrää suhteessa rodun syntymäpainoaineiston kokoon, eniten genotyyppityksiä on tehty anguksella ja simmentalilla (Taulukko 2).

Taulukko 2. Genotyyppitettyjen lukumäärä roduittain sekä genotyyppitettyjen määrä suhteessa syntymäpainoaineistoon (Osuus_spaino). Tilanne 6.2.2023.

Rotu	Genotyyppitettyjä, n	Tavoite, n	% tavoitteesta	Osuus_spaino, %
Angus	4321	2000	216	7.8
Charolais	3468	2000	173	4.9
Hereford	4164	2000	208	5.0
Limousin	2247	2000	112	4.2
Simmental	2636	2000	132	7.1
Yhteensä	16836	10000	168	



Kuva 3. Genotyyppitysmäärien kasvu roduittain hankkeen edetessä. Hankkeen tavoitteena oli saavuttaa vähintään 2 000 genotyyppitettyä vertailuryhmäeläintä/rotu, jotta genomiarvostelumallien luotettavuus olisi riittävä. Tämä raja saavutettiin ensin anguksella joulukuussa 2020.

Marraskuun 2022 genotyyppitysdatassa 68 % eläimistä oli naaraita ja 32 % sonneja. Pääosa genotyyppitetyistä on syntynyt vuoden 2010 jälkeen. Tätä vanhemmat eläimet ovat pääasiassa populaation kannalta merkityksellisiä keinosiemennyssonneja. Eläimistä 90 prosentilla oli syntymäpaino, 83 prosentilla vieroituspaino ja 65 prosentilla vuodempaino. Genotyyppitetyistä 63 prosentilla oli vähintään 3 havaintoa. Sen sijaan teurashavaintoja oli vain 17 prosentilla eläimistä, kuvastaen sitä, että eläimet ovat edelleen emolehminä ja siitossonneina tiloilla. Naaraista 69 prosentilla oli jälkeläisiä (min 1, keskiarvo 4.3, mediaani 4, max 18). Sonneista 23 prosentilla oli

jälkeläisiä (min 1, keskiarvo 45, mediaani 25, max 1 103). Noin 6 % genotyyppitetyistä eläimistä on ollut risteytyseläimiä. Tarkastelun perusteella tähän mennessä genotyyppitetyt eläimet ovat varsin hyviä vertailuryhmäeläimiä.

Toteutusvaiheen arviointi

Kahden ELY-hankkeen lisäksi DNA-testien mukaanotto sirulle on osoittautunut erittäin tärkeäksi tekijäksi liharotuisten eläinten genotyyppityksissä. Liharoduilla perinnöllisten sairauksien ja vikojen merkitys on lypsykarjaa suurempaa, koska tiloilla käytetään pääasiassa astujasonneja ja populaatiokoot ovat pienet. Erityisesti jalostuskarjat ovat testanneet aktiivisesti eläimiään, koska tiedolla on merkitystä siitoseläinkaupassa. On sekä kustannusten että työmäärän takia suuri etu, mikäli yhdellä näytteenotolla saadaan kaikki tarvittava kerralla.

Simmental on hyvä esimerkki sirulla olevien DNA-testien vaikutuksesta genotyyppitysmääriin. Sen genotyyppitykset käynnistyivät alkuvuodesta 2019 vielä vaatimattomasti (Kuva 3). Testitulokset osoittivat kuitenkin pian, että suomalaisessa simmental-populaatiossa on sekä vasikkakuolleisuutta aiheuttavaa BH2:ta (3 %) että veren hyytymiseen epäedullisesti vaikuttavaa trombopatiaa (1 %). Nyt simmentalin genotyyppitettyjen osuus suhteessa syntymäpainoaineistoon on anguksen ohella korkein (Taulukko 2). Tuottajat ymmärtävät, että tietämys karjan perinnöllisten sairauksien ja vikojen tilasta mahdollistaa parempien jalostuspäätösten tekemisen.

Lihakarjan jalostusarvostelu on siirtymässä kansalliselta tasolta pohjoismaiselle tasolle lypsykarjan tavoin. Puhdasrotuisten pohjoismainen perinteinen jalostusarvostelu käynnistyi marraskuussa 2021. Lisäksi Suomen, Ruotsin sekä Tanskan kansalliset genomihankkeet luovat pohjaa tulevalle genomiarvostelulle. Beefgeno MAKERA -hankkeen perusta on rakennettu niin, että se palvelee tulevaa pohjoismaista genomiarvostelua. Niinpä esimerkiksi kaikki genotyypit on tallennettu pohjoismaisiin tietokantoihin (Kuva 1). Koko pohjoismainen järjestelmä on rakennettu lypsykarjalle ja tietokantoja on jouduttu muuttamaan, jotta liharotuisten eläinten tiedot kulkevat järjestelmässä sujuvasti. Nyt Pohjoismaihin on saatu jo käyttöön sukulaisuustiedosto, josta löytyvät sekä lypsy- että liharotuiset eläimet, mikä on suuri etu.

Myös simmentalin aiemmin erilaiset rotukoodit eri tietokannoissa on harmonisoitu. Työtä on kuitenkin edelleen. Kyse on myös taloudellisista ja työvoimaresursseista. Tämä näkyy esimerkiksi siinä, että emme saa kaikkia genotyyppityssirulla olevia toimivia DNA-testejä heti osaksi virallista pohjoismaista järjestelmää, vaan niitä lisätään mukaan priorisointijärjestyksessä.

Suurin ongelma on liharotuisten keinosiemennyssonnien pohjoismaisissa tunnistetiedoissa olevat erot maiden välillä, mikä hankaloittaa eläinten löytymistä ja tietojen kulkua. Tunnistetietojen harmonisoinnista on sovittu jo periaatetasolla, mutta muutostyö on edennyt hitaasti Ruotsin ja Tanskan osalta.

WP2: Jalostusarvostelumallityö. Päävastuu: Luke, Eläingenetiikka

Aineisto ja menetelmät

Arvostelut on jaettu kolmeen ominaisuusryhmään (suluissa mallin havainnot, **julkaistavat jalostusarvot lihavoituna**): poikimahelppous (**poikimahelppous** ja syntymäpaino), paino-

ominaisuudet (**syntymä**, **vieroitus**-, **vuoden**- ja teuraspaino) ja teurasominaisuudet (syntymä-, vieroitus-, vuoden-, **teuraspaino**, **ruholuokka**, **rasvaluokka**). Osa mittauksista on mukana korreloituneina ominaisuuksina useammassa ominaisuusryhmässä. Tämä siksi, että ominaisuuksien välisen perinnöllisen yhteyden myötä käytettävissä olevan informaation määrä saadaan maksimoitua. Näin voidaan parantaa arvostelujen luotettavuutta.

Taulukko 3. Havaintojen keskiarvot roduittain.

Ominaisuus	Angus	Charolais	Hereford	Limousine	Simmental
Poikimahelppous	1.1	1.2	1.1	1.1	1.1
Syntymäpaino	37	46	40	42	46
Vieroituspaino	264	293	253	270	310
Vuodenpaino	432	485	413	440	503
Teuraspaino	333	370	333	348	363
Ruholuokka	7	9	7	9	8
Rasvaluokka	3	2	3	2	2

Ensimmäisen polven risteytyseläinten mukaanoton myötä heteroosi- ja rekombinaatiovaikutukset oli sisällytettävä malliin, samoin sukulaisuusaineiston geneettiset ryhmät täytyi rakentaa uudestaan, koska mallit eivät ole enää rotukohtaisia ja pelkästään puhdasrotuisille eläimille. Työ aloitettiin rotuosuuksien laskemisella ja tarkastelulla sekä heteroosi- ja rekombinaatiovaikutusten kovariaattien laskemisella ja mallinnusstrategioiden pohtimisella. Varianssikomponentit eri rotujen välillä ovat myös erilaisia (Taulukko 4), ja tämä pitää ottaa huomioon malleissa sovittamalla kullekin rodulle oma jäänösvarianssinsa.

Taulukko 4. Nykyisissä lihakarja-arvosteluissa käytetyt ominaisuuksien periytymisasteet roduittain.

Ominaisuus	Angus	Charolais	Hereford	Limousine	Simmental
Poikimahelppous	0.11	0.16	0.13	0.12	0.14
- maternaali	0.05	0.08	0.08	0.07	0.08
Syntymäpaino	0.41	0.39	0.43	0.37	0.39
- maternaali	0.17	0.16	0.17	0.22	0.11
Vieroituspaino	0.29	0.22	0.27	0.30	0.22
- maternaali	0.17	0.13	0.26	0.25	0.18
Vuodenpaino	0.47	0.26	0.38	0.30	0.22
- maternaali	0.15	0.15	0.24	0.24	0.10
Teuraspaino	0.50	0.40	0.47	0.40	0.40
Ruholuokka	0.34	0.36	0.30	0.45	0.45
Rasvaluokka	0.32	0.31	0.29	0.44	0.29

Monen rodun malleja varten eläimen rotuosuudet pyöristettiin 25 % tarkkuudelle. Jokaisessa ominaisuusryhmässä rotukohtaiset jalostusarvostelumallit ovat komponenteiltaan identtiset rotujen välillä. Ne eroavat vain aineiston ja käytettyjen varianssikomponenttien osalta. Monen rodun mallin

rakentaminen aloitettiin teurasominaisuuksien mallista, joka esitellään tässä tarkemmin. Muiden ominaisuusryhmien mallit sisältävät samat mallin komponentit.

Koska arvosteluihin halutaan myös risteytyseläimet, on välttämätöntä, että rotujen välinen perinnöllinen tasoero saadaan näkymään jalostusarvoissa. Toisaalta halutaan samanaikaisesti mahdollistaa rotujen erityispiirteiden mallintaminen, esimerkiksi sukupuolen vaikutus voi olla roduilla erilainen. Lopullisen teurasominaisuuksien monen rodun mallin vaikutukset määriteltiin seuraavasti:

Syntymäpaino =	Twin Sex×ROTU Cage×ROTU BM×ROTU HY DAM ANIMAL
Vieroituspaino =	Twin Sex×ROTU Cage×ROTU BM×ROTU HY DAM ANIMAL
Vuodenpaino =	Twin Sex×ROTU Cage×ROTU BM×ROTU HY DAM ANIMAL
Teuraspaino =	(Age Age²)×Sex Twin Sex×ROTU Cage×ROTU BM×ROTU HY ANIMAL
Ruholuokka =	(Age Age²)×Sex Twin Sex×ROTU Cage×ROTU BM×ROTU HY ANIMAL
Rasvaluokka =	(Age Age²)×Sex Twin Sex×ROTU Cage×ROTU BM×ROTU HY ANIMAL

Teuraspainolle ja luokituksille eläimen ikä teurashetkellä korjataan käyttäen toisen asteen polynomia. Vieroitus- ja vuodenpainon mittaukset korjattiin mittausiän suhteen jo aineiston esikäsittelyvaiheessa. Iän vaikutus korjataan pois havainnoista, koska kaikilta eläimiltä ei tehdä mittauksia saman ikäisinä. Ikävaikutus korjataan sukupuolittain, koska sonnit ja lehmät kasvavat eri nopeudella. Kaksosvaikutus Twin huomioi sen, onko syntynyt vasikka kaksonen vai ei. Sex on sukupuolen vaikutus, jossa huomioidaan myös eläimen rotuosuudet. Sonneille käytetään kaikille roduille yhteistä yleistasoja, c_{bull} , ja lehmille lehmän rotuosuuksista, p_{ib} , riippuvaa vaikutusta, c_{cow} , josta muodostuu rotukohtaisten vaikutusten c_b painotettu keskiarvo, painoina lehmän rotuosuudet. Kaavana määritelmä on

$$Sukupuolen vaikutus = \begin{cases} c_{bull}, & \text{sonneille} \\ c_{cow} = \sum_{b=1}^6 p_{ib} c_b, & \text{lehmille} \end{cases}$$

Kiinnittämällä kaikkien sonnien taso samaksi ja sallimalla lehmille rodusta riippuva yleiskeskisarvo, mahdollistetaan rotujen välisten erojen näkyminen jalostusarvoissa.

Cage on emän ikä poikimishetkellä: yleisin luokka 5 on sama kaikilla roduilla ja muut poikimaikäluokat ovat rotukohtaisia. Ikäluokkaan 5 kuuluville eläimille käytetään kaikille emille yhteistä vaikutusta ja muissa ikäluokissa rotukohtaisten vaikutusten painotettua keskiarvoa, samaan tapaan kuin sukupuolivaikutuksessakin. Koska kyse on emän iästä, käytetään painoina emän rotuosuuksia. BM on syntymäkuukausi: yleisin luokka 2 on sama kaikilla roduilla ja muut luokat saavat rotukohtaisten vaikutusten painotetun keskiarvon. DAM on satunnainen emän ympäristövaikutus ja ANIMAL on yksilön oma jalostusarvo.

Rotukohtaiset kovarianssimatriisit satunnaisvaikutuksille, mukaan lukien residuaalille, muodostettiin alkuperäisten rotukohtaisten kovarianssien painotettuna keskiarvona käyttämällä rotuosuuksia painoina.

Teurasominaisuuksien mallissa mukana on emän yleinen maternaalivaikutus (ei periytyvä) ja eläimen jalostusarvo. Emän vaikutukselle käytettiin rotukohtaisten mallien kovarianssimatriisien keskiarvoja. Puhdasrotuisille eläimille käytettiin rodun mukaista jalostusarvon kovarianssimatriisia ja risteytyksille muodostettiin kovarianssimatriisi painottamalla rotukohtaisia kovarianssimatriiseja eläimen rotuosuudella.

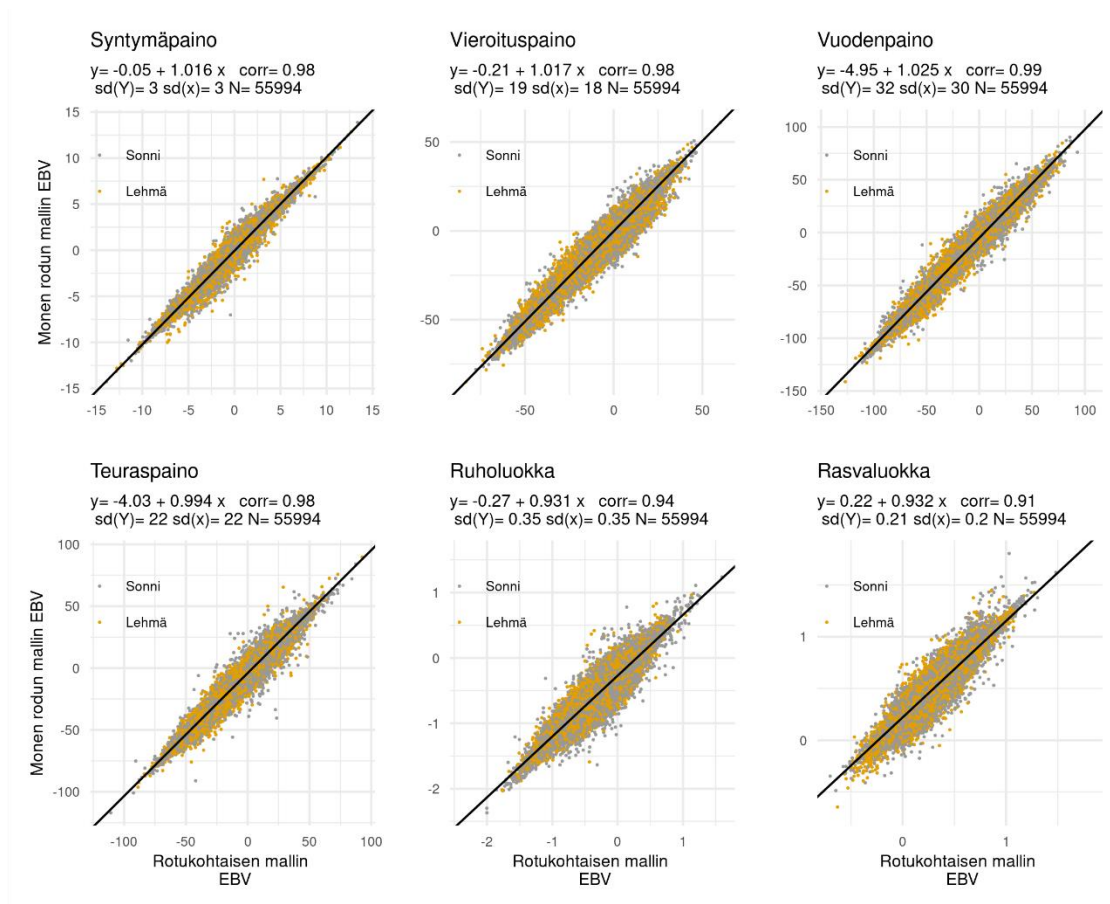
Painoarvostelussa emän maternaalivaikutuksen ja yksilön jalostusarvon lisäksi vieroituspaino sisältää emän yleisen maternaalivaikutuksen. Näille kaikille vaikutuksille käytettiin rotuosuuksien mukaisesti painotettua kovarianssimatriisia. Maternaalivaikutuksella painoina käytettiin emän rotua ja jalostusarvolle eläimen rotuosuuksia. Teknisistä syistä johtuen maternaalivaikutuksen ja jalostusarvon välistä korrelaatiota ei voi mallintaa rotukohtaisesti. Sen sijaan estimoimme pienimmän neliösumman menetelmällä kaikille roduille yhteisen kovarianssikomponentin, jota käyttämällä maternaalivaikutuksen ja jalostusarvon korrelaatio saadaan sisällytettyä malliin.

Poikimahelppouden arvostelussa emän yleinen maternaalivaikutus on mallinnettu molemmille mallin ominaisuuksille ja mallissa ovat sekä yksilön oma jalostusarvo että emän maternaalivaikutus. Varianssikomponentit luotiin samaan tapaan rotuosuuksilla painottamalla kuin muissakin malleissa. Myös tässä maternaalivaikutuksen jalostusarvon ja eläimen oman jalostusarvon välinen korrelaatio mallinnettiin kaikille roduille yhteisellä kovarianssikomponentilla.

Tulokset

Monen rodun mallin ja alkuperäisten rotukohtaisten mallien jalostusarvoja vertailtiin sironta- ja trendikuvilla sekä laskemalla erilaisia tunnuslukuja. Teurasominaisuuksien mallin jalostusarvojen vertailu yhden rodun ja monen rodun mallien välillä hereford-tarkkailueläimille on esitetty Kuvassa 4. Kuvan perusteella yhden rodun mallin ja monen rodun mallin jalostusarvojen välinen korrelaatio vaihtelee ominaisuudesta riippuen välillä 0.91–0.99. Paino-ominaisuuksissa mallien välisten jalostusarvojen kulmakerroin on lähellä ykköstä ja vakioterminä lähellä nollaa, mikä tarkoittaa sitä, että keskimäärin mallit antavat hyvin samansuuntaisia jalostusarvoja, eivätkä muutokset monen rodun mallissa vaikuta puhdasrotuisten eläinten jalostusarvoihin. Ruho- ja rasvaluokissa mallien välinen ero on suurempi, mutta hyväksyttävissä oleva. Kuvassa 5 havainnollistetaan mallien eroja eri roduilla teuraspainon jalostusarvojen avulla. Yhden rodun mallit ovat riippumattomia toisistaan, eivätkä niiden jalostusarvojen tasot mahdollista rotujen vertailua toisiinsa. Monen rodun malleissa jalostusarvojen väliset tasoerot rotujen välillä kuvaavat oikeita rotujen välisiä eroja. Rotujen väliset erot monen rodun mallin jalostusarvoissa ovat loogisia. Geneettiset trendit monen rodun ja yhden rodun malleissa ovat saman muotoisia, mikä on myös tärkeää. Kummassakin mallissa sonnien ja lehmien jalostusarvot ovat keskimäärin samalla tasolla syntymävuoden sisällä.

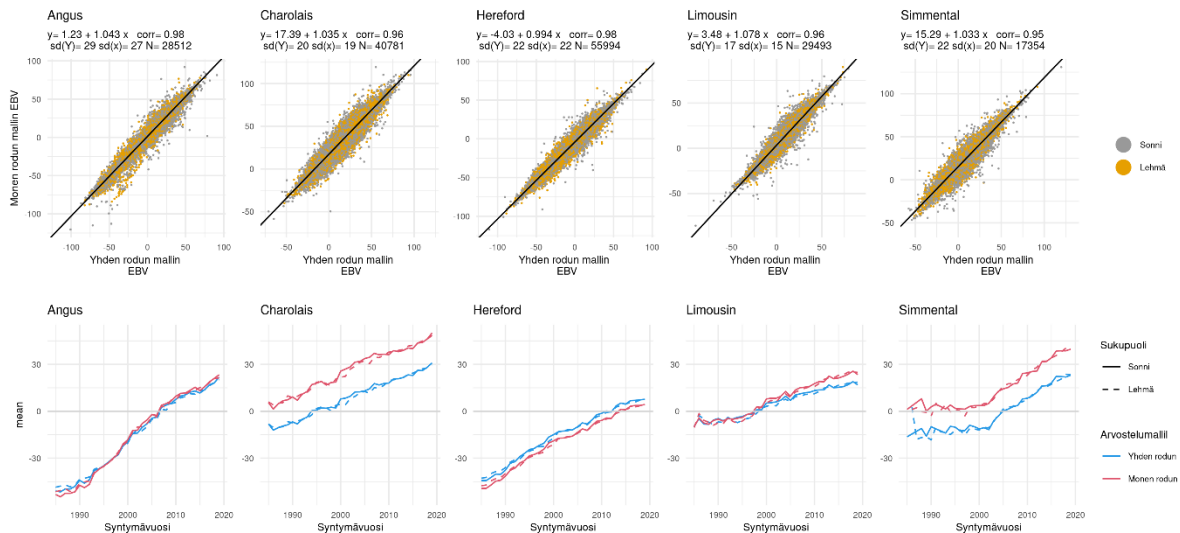
Puhdasrotuisten tarkkailueläinten korrelaatiot mallien välillä on esitetty Taulukossa 5 kaikille ominaisuuksille. Tulokset osoittavat, että jalostusarvojen korrelaatio mallien välillä on kaikilla ominaisuuksilla ja roduilla yli 90. Emäominaisuuksien (maternaali) jalostusarvojen välinen korrelaatio oli matalampi. Matalammat korrelaatiot selittyvät mallien emäominaisuuksien jalostusarvojen trendien muotojen eroilla. Erityisesti syntymäpainojen trendit erosivat toisistaan mallien välillä, mutta myös vieroituspainossa trendeissä oli eroja. Erot johtuvat monen rodun mallin myötä lisääntyneestä informaatiosta, mutta myös tarkemmasta eläimen rotumäärittelystä. Puhdasrotuisille emille tulee uusia havaintoja F1-jälkeläisistä. Myös risteytysmien kautta tuleva informaatio siirtyy monen rodun mallissa puhdasrotuisille emille ja emän isille.



Kuva 4. Hereford-tarkkailueläinten jalostusarvojen vertailu rotukohtaisen ja mönen rodun mallin välillä teurasominaisuuksien arvostelumallista.

Taulukko 5. Rotukohtaisen ja mönen rodun mallin jalostusarvojen välinen korrelaatio puhdasrotuisilla tarkkailueläimillä.

Ominaisuus	Angus	Charolais	Hereford	Limousine	Simmental
Poikimahelpous	0.92	0.95	0.96	0.94	0.94
- maternaali	0.92	0.93	0.92	0.94	0.92
Syntymäpaino	0.95	0.95	0.97	0.97	0.96
- maternaali	0.63	0.73	0.84	0.83	0.82
Vieroituspaino	0.98	0.96	0.98	0.92	0.95
- maternaali	0.8	0.92	0.94	0.92	0.93
Vuodenpaino	0.99	0.96	0.99	0.96	0.96
Teuraspaino	0.98	0.96	0.98	0.96	0.96
Ruholuokka	0.95	0.94	0.94	0.94	0.93
Rasvaluokka	0.91	0.92	0.92	0.93	0.88



Kuva 5. Yhden rodun ja monen rodun mallien tarkkailueläinten teuraspainojen jalostusarvojen vertailu. Sirontakuva (ylärivi) ja teuraspainojen geneettinen trendi (alarivi) roduittain ja sukupuolittain.

Tässä työpaketissa kehitettyä monen rodun mallia käytettiin perustana WP3:n monen rodun single-step -arvostelumallille.

Toteutusvaiheen arviointi

WP2:n työ sujui pääasiassa hyvin, joskin monen rodun mallintaminen vaati kahden eri lähestymistavan kokeilemistä, ennen kuin malli saatiin toimimaan haluamallamme tavalla. Ensimmäisessä lähestymistavassa yksinkertaistimme jalostusarvostelumallia jakamalla eläinten havainnot ominaisuuksien rotukohtaisilla geneettisillä hajonnoilla ja käyttämällä keskimääräistä periytymisastetta kaikille roduille. Tämä lähestymistapa toimi hyvin puhdasrotuisille eläimille, mutta tarkasteluissa havaitsimme sen tekevän risteytyseläinten jalostusarvojen arvioinnin ja rotujen vertailemisen mahdottomaksi. Lähestymistapaa olisi voinut parantaa palauttamalla rotukohtaiset keskiarvot havaintoihin, mutta se taas olisi vaatinut rotukohtaisten keskiarvojen määrittämisen. Päädyimme mallintamaan rotuvaikutukset jalostusarvostelumallissa ”esikorjauksen” sijaan.

WP3: Genomiarvostelumallien luominen. Päävastuu: Luke, Eläingenetiikka

Aineisto ja menetelmät

Eurofins-laboratoriolla on laatustandardit sekä näytteille että SNP-merkeille. Jotta eläin katsotaan hyväksytysti genotyyppitetyksi, genotyyppitetyn eläimen genotyyppityksen laatua kuvaavan call rate -arvon pitää olla vähintään 0.95. Vastaavasti SNP-paneeliin hyväksytään vain ne merkit, joiden laatua kuvaava GC score on vähintään 0.15. Euro G MD V3 -genotyyppityssirun julkisessa, kromosomit 1-29 sisältävässä osassa on 55 566 SNP-merkkiä. SNP-merkeistä poistettiin merkit, joilla oli vain vähän genotyyppityksiä (alle 1 000). Myös samassa kromosomikohdassa olevat mahdolliset tuplamerkit poistettiin. Mukaan valittiin GC score:n perusteella paras merkki. Minor allele frequency (MAF) -rajaksi asetettiin 1 %. Laadullinen editointi sekä lopullisten karttojen rakentaminen tehtiin R- ja PLINK-ohjelmistoilla (R 3.6.3, The R Foundation for Statistical Computing, <https://www.r->

project.org/; PLINK 1.07, S. Purcell, <http://pngu.mgh.harvard.edu/purcell/plink/>). Lopulliseen karttaan jäi 51 809 SNP-merkkiä.

Eläimille jää lähes aina joitain puuttuvia genotyyppkejä, koska laboratorioanalyysissä on useita vaiheita ja jokin vaihe voi epäonnistua. Puuttuvien genotyyppien arvot ennustettiin lopuksi FImpute-ohjelmalla (FImpute 3.0, Sargolzaei & Schenkel, HiggsGene Solutions Inc.) hyödyntäen sekä sukulaisten tietoja että populaatiossa esiintyviä haplotyyppkejä.

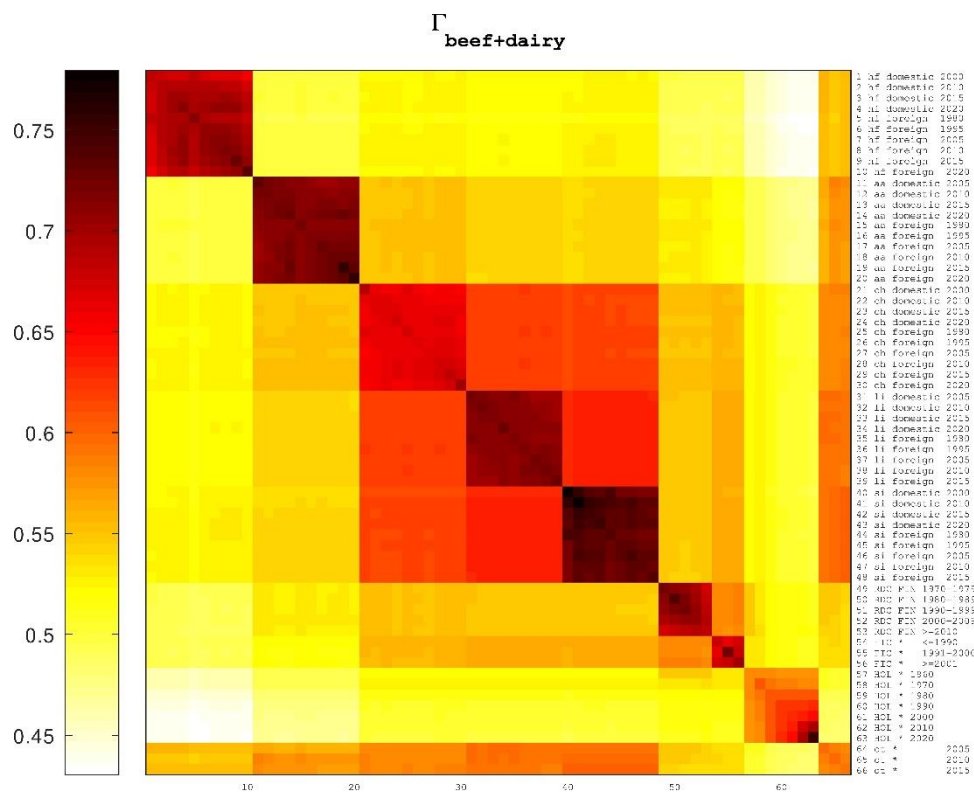
Genomiarvostelut toteutetaan genomisella eläinmallilla niin sanottuina single-step -arvosteluina. Single-step -arvosteluissa genotyyppitettyjen eläinten sukulaisuudet perustuvat SNP-merkkien perusteella laskettavaan genomiseen sukulaisuuteen, kun taas genotyyppittämättömien eläinten sukulaisuudet perustuvat sekä perinteiseen sukupuuhun että näiden eläinten yhteyksiin genotyyppitettyihin eläimiin. Kuten kaikissa jalostusarvostelumalleissa, myös genomiset arvostelut lasketaan suhteessa tiettyihin määriteltyihin peruspopulaatioihin, joista arvostelumalleissa käytetty sukupuoli alkaa. Viiden rodun yhteisarvostelun peruspopulaatioina ovat luonnollisesti rodut. Nämä peruspopulaatiot ryhmitellään edelleen syntymävuosiluokkiin sekä kotimaisten ja ulkomaisten eläinten ryhmiin, koska ryhmien geneettinen taso voi olla hyvinkin erilainen.

Single-step -arvostelujen onnistumisen kannalta on välttämätöntä, että sekä genotyyppitettyjen että genotyyppittämättömien eläinten voidaan odottaa polveutuvan samoista peruspopulaatioista. Perinteisessä arvostelumallissa peruspopulaation eläinten on oletettu olevan tuntemattomia, eivätkä sukua toisilleen. Genomitiedon perusteella nähdään kuitenkin, ettei tämä mallioletus pidä paikkaansa. Tämä aiheuttaa huomioimatta jätettynä epätasapainoa single-step -arvostelumalliin. Eläinten sukusiitosasteet tai eläinten jalostusarvojen tai rotujen keskimääräiset tasot eivät voi riippua siitä onko eläin genotyyppitetty vai ei. Lypsyroduilla tehdyn kehitystyön perusteella olemme havainneet parhaiten toimivaksi ratkaisuksi ns. perustajavanhempien (metafounder) hyödyntämisen. Tässä konseptissa kunkin peruspopulaation katsotaan olevan peräisin kaukana menneisyydessä olevasta hypoteettisesta eläinjoukosta, jossa eläimet saavat olla sukua keskenään. Tämän oletuksen ja nyt käytettävissä olevien genotyyptystietojen pohjalta pyritään arvioimaan mikä olisi jalostusarvosteluissa olevien perustajaeläinten sukusiitosaste ja keskinäiset sukulaisuudet. Metafounder-konseptissa alkuperäiset puuttuvien vanhempien ryhmät korvataan vastaavilla perustajavanhempiyryhmillä, joiden väliset riippuvuudet oletetaan tunnetuksi. Tätä varten estimoidaan SNP-aineiston ryhmäkohtaiset alleelifrekvenssit ja niiden avulla lasketaan perustajavanhempiyryhmille ns. Gamma-matriisi, joka ilmaisee tutkittavien rotujen geneettiset etäisyydet, rotukohtaiset genomiset sukusiitosasteet sekä sukusiitoksen ja sukulaistumisen kehittymisen rodun sisällä. Kun perustajavanhempiyryhmät on oikein määritelty, saadaan sukupuun perusteella laskettavat sukusiitosasteet ja eläinten väliset sukulaisuudet samalle tasolle kuin genomitiedoista laskettavat. Tämä on jalostusarvojen luotettavuuden kannalta ensiarvoisen tärkeää.

Perustajavanhempiyryhmät muodostettiin viiden yleisimmän liharodun puhdasrotuisille eläimille siten, että kotimaisille ja ulkomaisille eläimille on erilliset ryhmät, lypsyrotuisille on omat ryhmät ja muille roduille ja risteytyksille on yksi yhteinen muut-ryhmä. Kotimaisilla puhdasroturyhmillä on tarpeeksi genotyyppitettyjä eläimiä 3–4 erillisen vuosiluokkaryhmän muodostamiseksi. Ulkomaisten ryhmien vähäisestä genotyyppitettyjen lukumäärästä huolimatta vuosiluokkia voi niille tehdä enemmän ja kauemmas menneisyyteen. Perustajavanhempiyryhmien alleelifrekvenssejä estimoidessa genomitieto siirtyy sukupuussa genotyyppitettyiltä alaspäin vanhemmille ja niiden

esivanhemmille, jolloin ulkomaiset roturyhmät saavat genomitietoa omien ulkomaisten genotyyppitettyjen lisäksi kotimaisten eläinten ulkomaisten esivanhempien kautta. Muut-ryhmän genotyyppitettyt ovat käytännössä lähes kaikki risteytyksiä ja niiden vanhemmat taas yleensä puhdasrotuisia, joten muut-ryhmän perustajavanhemmille ei kerry aivan yhtä paljon alleelifrekvenssi-informaatiota.

Lihakarjan sukupuussa oleville lypsyrötyryhmille käytettiin muissa Luonnonvarakeskuksen projekteissa estimoituja alleelifrekvenssejä. Liha- ja lypsyrötujen alleelifrekvenssien yhdistämistä varten SNP-datasta on poimittu yhteiset SNP-merkit. Yhdistetty alleelifrekvensseistä laskettu Gamma-matriisi havainnollistaa hyvin eri rotujen ja niiden vuosiluokkien sisäisiä sukusiitosasteita ja välisiä sukulaisuuksia (Kuva 6).

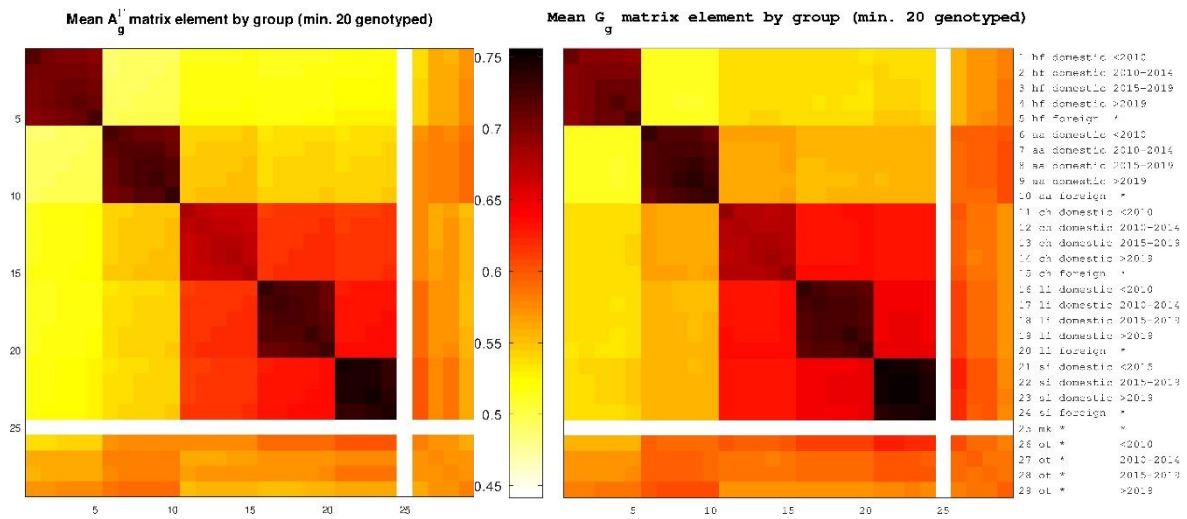


Kuva 6. Lypsyrötuisten genomitiedolla täydennetty perustajavanhempiryhmien Gamma-matriisi.

Kaikille roturyhmille pystyttiin estimoimaan sovite niiden ajalliselle käyttäytymiselle. Aikasovitteen avulla perustajavanhempiryhmiä saadaan lisättyä vuosiluokkien aikajänteen sisälle (interpolointi), mutta myös kauemmas menneisyyteen (ekstrapolointi) alkuperäisten puuttuvien vanhempien ryhmien kattamiseksi.

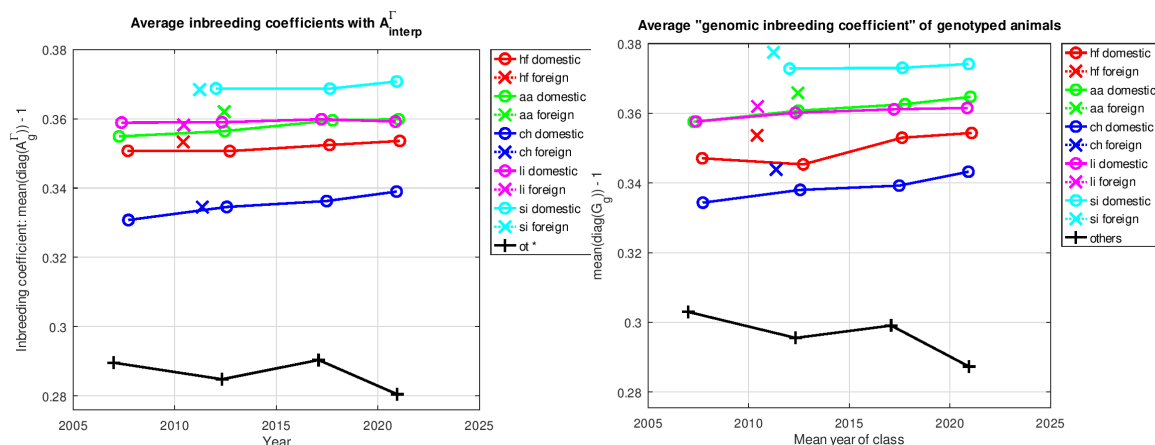
Tavanomaisia sukupuusta laskettavia sukusiitosasteita ja eläinten välisiä sukulaisuuksia saadaan korjattua lähelle genomidatan osoittamia tasoja käyttämällä apuna perustajavanhempiryhmiä ja niille estimoitua Gamma-matriisia. Kun perustajavanhempiryhmillä täydennetystä sukupuusta

lasketaan ryhmien sisäiset ja väliset keskimääräiset sukulaisuudet (A^T), nämä vastaavat hyvin genomidatasta laskettuja keskimääräisiä sukulaisuuksia (G_g) (Kuva 7).



Kuva 7. Perustajavanhemmilla ja niiden Gamma-matriisilla korjatut keskimääräiset ryhmien sisäiset ja väliset sukupuusta lasketut sukulaisuudet (vasen) verrattuna genomisiin sukulaisuuksiin (oikea).

Perustajavanhempiyryhmillä täydennetystä perinteisestä sukupuusta (A^T) lasketut sukusiitosasteet vastaavat genotyyppitettyjen eläinten osalta roturyhmittäin hyvin genomisesta sukulaisuudesta (G_g) laskettuja sukusiitosasteita (Kuva 8).



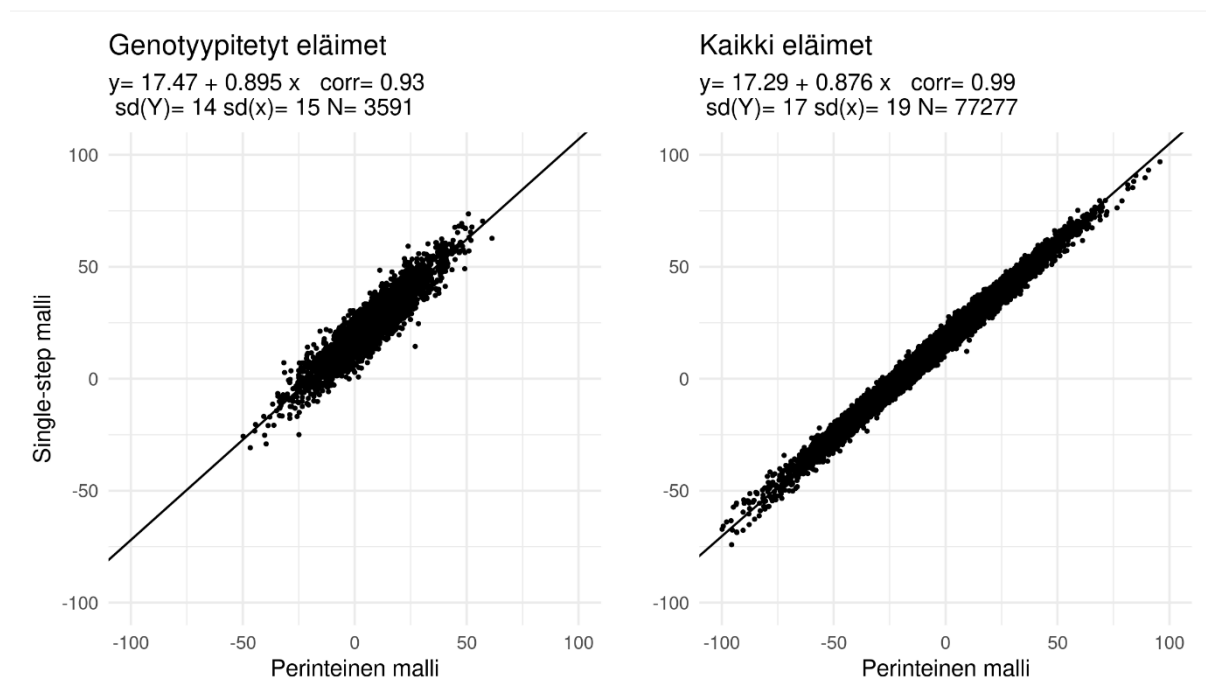
Kuva 8. Perustajavanhempiyryhmillä ja niiden Gamma-matriisilla lasketut genotyyppitettyjen eläinten ryhmäkohtaiset keskimääräiset sukusiitosasteet (vasen) verrattuna genomisiin sukusiitosasteisiin (oikea).

Monen rodun single-step -arvostelumallit luotiin sisällyttämällä WP2:ssa luotuihin monen rodun malleihin genomisen sukulaisuusmatriisi, johon sisällytettiin 30% jäännöspolygeenistä osuutta, eli oletimme genomi-informaation selittävän 70% eläinten vaihtelusta ja 30% tulevan eläinten

polveutumiseen perustuvan sukulaisuusmatriisin kautta. Eläinten sukusiitosasteet laskettiin perustajavanhempiryhmät sisältävästä sukupuusta. Single-step -arvostelumallien arvosteluvarmuuksien laskennassa noudatettiin (Gao ym. 2023) esittämää menettelyä.

Tulokset

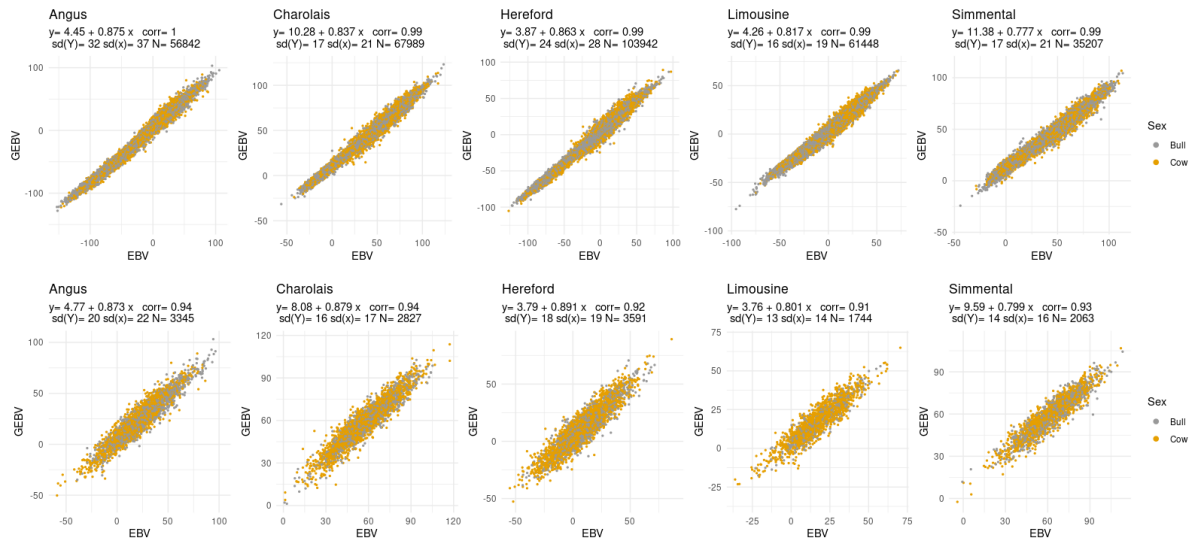
Single-step mallin ja perinteisen monen rodun jalostusarvomallin jalostusarvoja verrattiin toisiinsa erinäisin trendi- ja sirontakuvin. Vertailut tehtiin sekä genotyyppitetyille että kaikille eläimille. Kuvassa 9 on esitetty esimerkki sirontakuvasta Hereford-eläimille. Kuvan perusteella genotyyppitettyjen eläinten single-step -jalostusarvot poikkeavat perinteisen monen rodun mallin jalostusarvoista enemmän kuin genotyyppittämättömien eli genotyyppien kautta saadaan lisäinformaatiota malliin. Genotyyppitettyjen eläinten tuoma informaatiolisäys näkyy samalla tavalla myös painoarvostelun vuodenpainossa (Kuva 10) ja kaikissa muissa ominaisuuksissa.



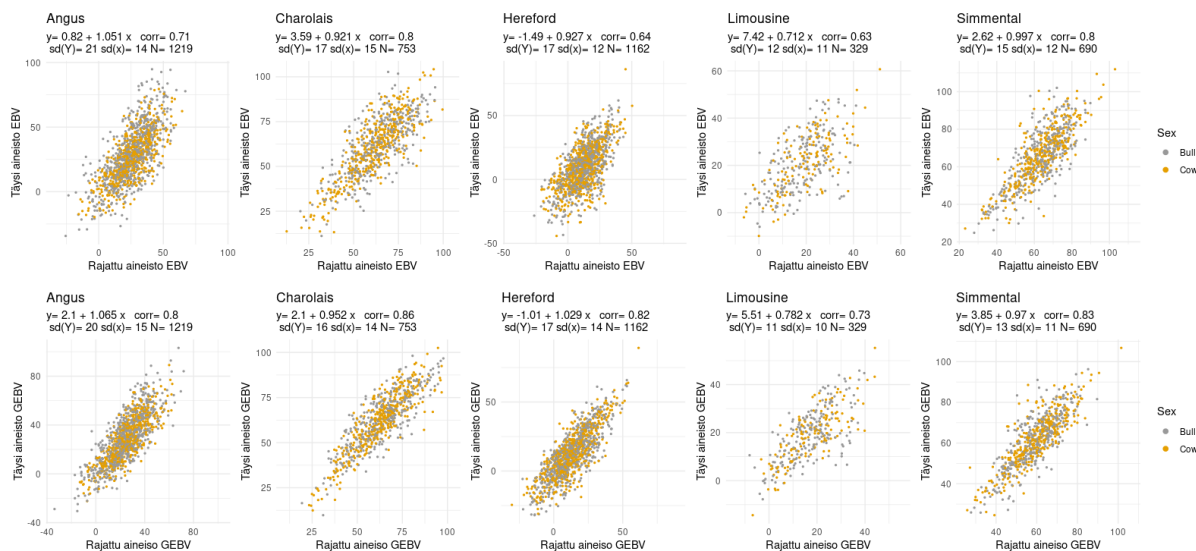
Kuva 9. Perinteisen ja single-step monen rodun mallien teuraspainon jalostusarvojen vertailua vuoden 2005 jälkeen syntyneille Hereford eläimille.

Genomisten arvostelumallien tulokset validoitiin monin tavoin laskemalla mm. geneettiset trendit, jalostusarvojen hajonnat ja jalostusarvojen korrelaatiot perinteisiin arvosteluihin. Tärkeä validointimenetelmä on myös mallin ennusteluotettavuuden tutkiminen. Siinä poistetaan nuorimpien eläinten havainnot aineistosta ja katkaistusta aineistosta laskettiin genomiset jalostusarvot. Tämän jälkeen nuorten genotyyppitettyjen eläinten genomisia jalostusarvoja käytettiin todellisten toteutuneiden havaintojen ennustamiseen. Mallin antaman ennusteen ja oikean

havainnon korrelaatiota (arvosteluvarmuus) sekä ennusteiden ja havaintojen keskimääräistä erotusta (harhattomuutta) verrattiin perinteisestä eläinmallista saataviin.



Kuva 10. Perinteisen (EBV) ja single-step (GEBV) monen rodun mallin vuoden painon jalostusarvojen vertailua kaikille eläimille (ylärivi) ja genotyyppitetyille eläimille (alarivi). Kuvan jalostusarvot ovat painoarvostelumallista.



Kuva 11. Perinteisen (EBV) ja single-step (GEBV) mallin ennustekyvyn vertailua genotyyppitetyille puhdasrotuisille eläimille täydestä ja rajatusta aineistosta arvioiduille vuoden painon jalostusarvoille. Perinteinen jalostusarvostelumalli ylärivillä ja single-step -malli alarivillä. Rajatusta aineistosta on poistettu viimeisin havaintovuosi.

Taulukko 6. Täydestä ja katkaistusta aineistosta arvioitujen genotyyppitettyjen eläinten jalostusarvojen välinen korrelaatio single-step mallille (GEBV) ja korrelaation muutos prosentteina verrattuna perinteisen mallin korrelaatioon roduttain ja ominaisuuksittain (muutos). Katkaistusta aineistossa on poistettu 2 viimeistä vuotta. Genomimallin ennustekyky on perinteistä mallia parempi.

kokonimi	ab			ch			hf			li			si		
	N	GEBV	muutos	N	GEBV	muutos	N	GEBV	muutos	N	GEBV	muutos	N	GEBV	muutos
Poikimahelpous	1821	0.73	15	1216	0.68	19	1709	0.67	34	535	0.75	1	1051	0.81	7
Syntymäpaino	1561	0.73	22	1053	0.73	22	1446	0.78	27	487	0.77	4	886	0.84	10
Vieroituspaino	1561	0.71	20	1053	0.70	19	1446	0.75	19	487	0.66	9	886	0.75	8
Vuodenpaino	1561	0.71	23	1053	0.79	16	1446	0.74	27	487	0.66	22	886	0.79	3
Teuraspaino	1561	0.75	16	1054	0.80	23	1446	0.73	38	487	0.57	37	886	0.80	10
Ruholuokka	1561	0.75	13	1054	0.90	25	1446	0.80	16	487	0.80	14	886	0.86	11
Rasvaluokka	1561	0.71	20	1054	0.89	11	1446	0.81	12	487	0.76	22	886	0.73	11

Taulukko 7. Täydestä ja katkaistusta aineistosta arvioitujen genotyyppitettyjen eläinten jalostusarvojen välinen regressiokerroin perinteiselle mallille (EBV) ja single-step -mallille (GEBV) roduttain ja ominaisuuksittain. Katkaistusta aineistossa on poistettu 2 viimeistä vuotta. Mitta kuvaa mallin harhattomuutta. Mitä lähempänä 1:tä arvo on, sitä harhattomampi mallin katsotaan olevan.

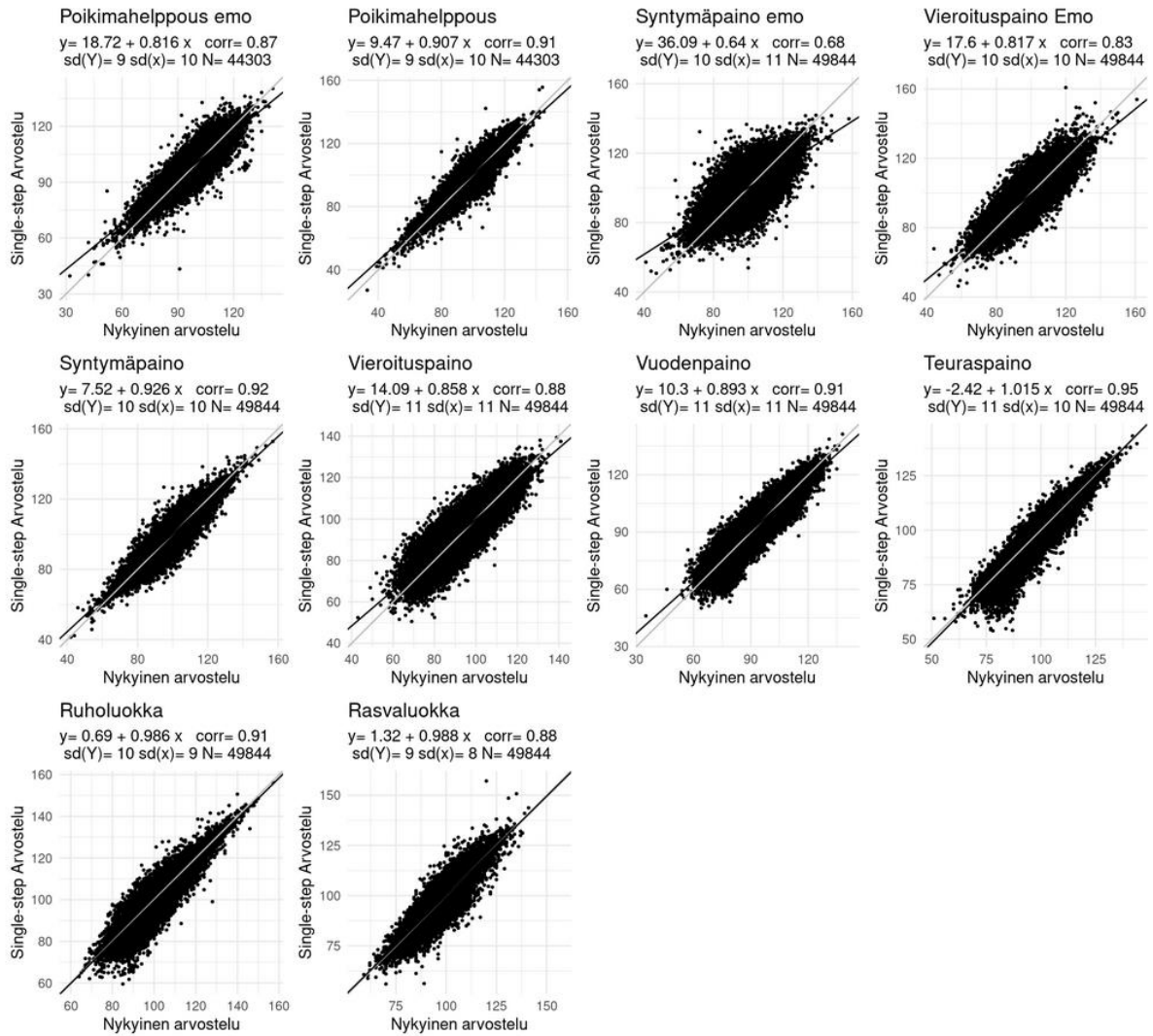
	ab		ch		hf		li		si	
	EBV	GEBV	EBV	GEBV	EBV	GEBV	EBV	GEBV	EBV	GEBV
Poikimahelpous	0.82	0.93	0.92	0.97	0.86	0.99	0.77	0.79	0.83	0.90
Syntymäpaino	0.90	1.02	0.82	0.95	0.98	1.11	0.99	1.07	1.05	1.13
Vieroituspaino	0.92	1.02	0.87	1.00	0.90	0.99	0.84	0.89	1.03	1.08
Vuodenpaino	0.89	1.00	0.89	1.04	0.91	1.02	0.78	0.88	1.11	1.09
Teuraspaino	0.93	1.00	0.81	1.00	0.84	0.97	0.60	0.72	1.08	1.10
Ruholuokka	0.97	0.99	0.88	1.07	0.94	0.97	0.73	0.86	0.89	0.98
Rasvaluokka	0.72	0.82	0.92	0.99	0.83	0.91	0.74	0.90	0.86	0.90

Genomimallien ennustekyky ja harhattomuus ovat perinteisiä malleja parempia (Kuva 11, Taulukot 6-7). Keskimääräinen ennustekyvyn kasvu roduilla vaihtelee simmental in 9 prosentista herefordin 25 prosenttiin. Alkuvuoden 2022 datapoiminnasta limousinille ja simmentalille ei voinut vielä tehdä ennustekyvyn tarkastelua, mutta loppuvuoden 2022 datapoiminnassa niiden genotyyppitysmäärät olivat jo sen verran suuret, että tämä oli mahdollista. Emoindexin ja poikimahelppous emänisänä - ominaisuuksien periytymisaste on sen verran matala, ettei ominaisuuksia voi vielä luotettavasti validoida näillä genotyyppitysmäärillä. Näiden ominaisuuksien suhteen ei vielä kannata luottaa pelkästään genomitietoon perustuviin jalostusarvoihin.

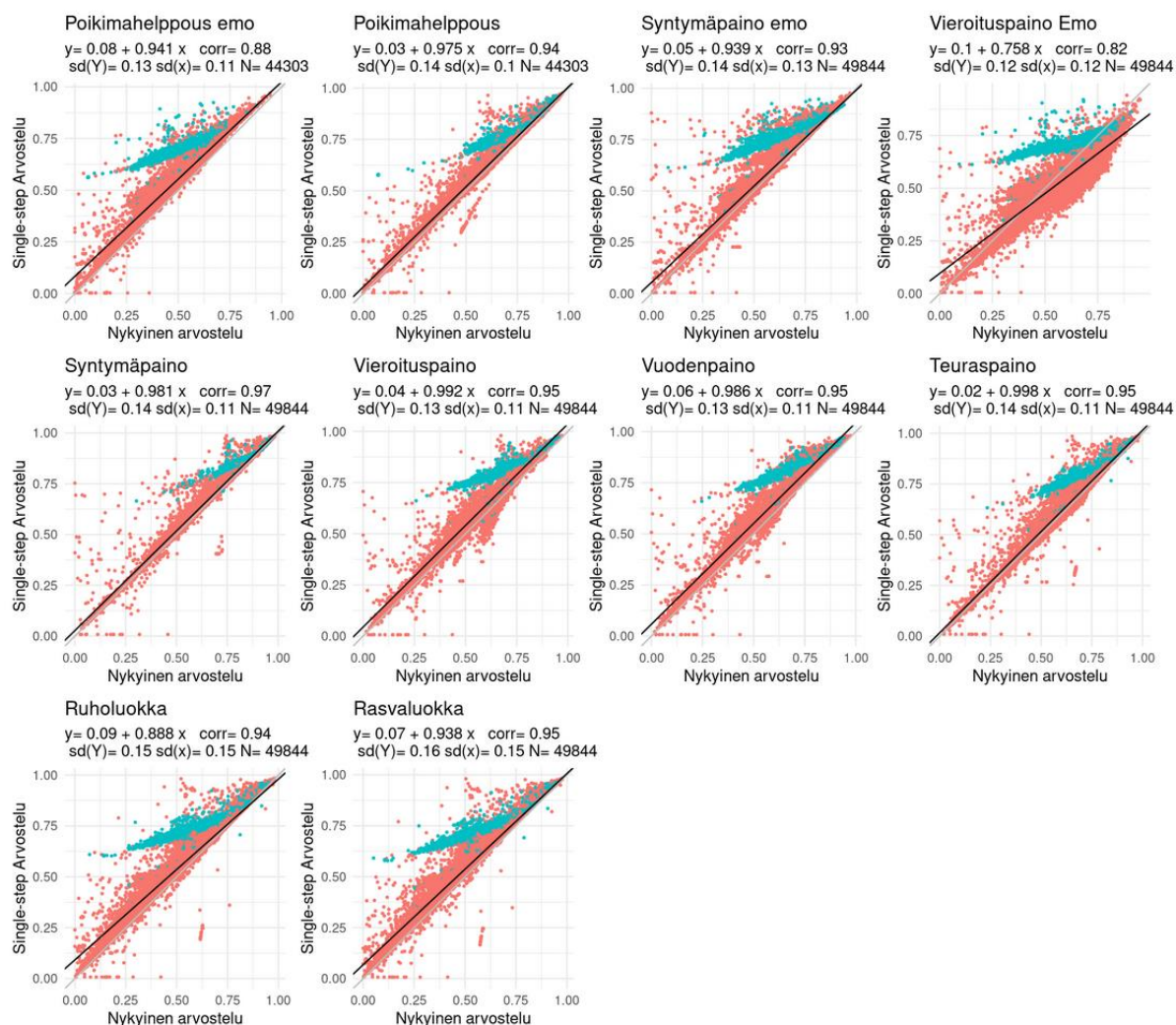
Ensimmäisen polven risteytyseläinten jalostusarvot asettuivat tarkastelun perusteella puhdasrotuisten vanhempien jalostusarvojen keskiväliin.

Genomisia jalostusarvoja ja arvosteluvarmuuksia verrattiin myös nykyiseen roduittain tehtävään perinteiseen arvosteluun. Oli kiinnostavaa verrata, kuinka suuret erot jalostusarvoihin syntyy tämän mittavan arvostelumalliuudistuksen myötä. Lähtökohtaisesti oli odotettavaa, että arvostelut eroavat varsin paljon, koska uudet mallit huomioivat mallissa aiempaa paremmin monia asioita, mm. rodun vaikutuksen. Lisäksi kaikkien rotujen samanaikainen arvostelu sekä F1-eläinten ja muiden risteytyseläinten mukaan otto tuo dataan selkeästi enemmän sekä havaintoja että sukulaisuuslinkkejä eläinten välille. Tämän lisäksi uudessa laskennassa otettiin tietysti genomitieto huomioon.

Kuvat 12 ja 13 kuvaavat jalostusarvostelujen sekä arvosteluvarmuuksien eroja charolaisella. Muiden rotujen tulokset ovat varsin samankaltaisia. Kuvien perusteella voi nähdä, että genomisen monen rodun arvostelumalli tuottaa yllättävänkin samankaltaiset jalostusarvot kuin mitä nykyinen roduittain laskettava perinteinen arvostelu. Arvosteluvarmuuksia tarkastellessa genotyyppitettyjen eläinten ryhmä näkyy selvänä erillisenä ryhmänä, sillä niiden arvosteluvarmuuksissa on huomioitu genomitiedon tuoma lisäinformaatio jalostusarvojen laskentaan.



Kuva 12. Entisen roduttain laskettavan rutiiniarvostelun ja uuden genomisen single-step arvostelun indeksien korrelaatio charolaisella.



Kuva 13. Entisen roduttain laskettavan jalostusarvostelun arvosteluvarmuuksien sekä uuden genomisen single-step arvostelun genomisten arvosteluvarmuuksien välinen korrelaatio charolaisella. Genomiset arvosteluvarmuudet lasketaan menetelmällä, joka ottaa huomioon genomitiedon tuoman lisän arvosteluvarmuuteen. Genotyyppitetyt eläimet erottuvat vihreänä pistepilvenä kuvista.

Toteutusvaiheen arviointi

Koko sidosryhmäkenttä on ollut erittäin sitoutunut hankkeeseen, mikä on ollut ehdoton edellytys hankkeen onnistumiselle. Yhteistyö on toiminut hyvin ja tutkimus, jalostus- sekä teurastamosektorin vastuulliset henkilöt ovat pitäneet säännöllisesti hankepalavereja tiedonkulun varmistamiseksi ja käytännön asioiden ratkaisemiseksi. Hanke eteni hyvin, mutta kukin osa-alue hieman suunniteltua hitaammin. Hankkeen aikataulu tiedettiin haastavaksi jo alusta pitäen, koska koko jalostusarvostelujärjestelmän muuttaminen on valtava työ koko sektorille, ei pelkästään Beefgeno MAKERA -hankkeelle.

Liharotuisten eläinten genotyyppitys on vahvasti sidottu vuodenkiertoon. Pääsääntöisesti laidunkaudella ei oteta eläimistä näytteitä, joten genotyyppitykset kertyvät laidunkauden ulkopuolella. Genomiarvostelumallien kehittämisen aloittamiseksi tarvittiin useammalta kuin yhdeltä

rodulta riittävä määrä genotyyppitettyjä vertailuryhmäeläimiä. Tavoite saavutettiin loppuvuodesta 2020. Genomiarvostelumallien kehittämiseen jäi varsin vähän aikaa kolmivuotisen Beefgeno MAKERA -hankkeen puitteissa. Jatkorahoituksen saaminen vuodelle 2023 oli välttämätön onnistumisen kannalta.

Tämä työ ei olisi ollut myöskään mahdollinen ilman Luonnonvarakeskuksen Genomiikka ja jalostus -ryhmän vuosikymmeniä jatkunutta, korkeatasoista lypsykarjan genomiarvostelujen kehitystyötä. Pystyimme aloittamaan kehitystyön lypsykarjalla jo tehdyn työn pohjalta, jonka ansiosta mallinnukseen liittyvien haasteiden määrä oli rajatumpi, joskaan ei vähäinen. Monen rodun single-step genomiarvostelumallien kehittäminen naudoilla, joilla on paljon puuttuvien vanhempien ryhmiä sukupuussa, on lähtökohtaisesti haasteellista, samoin risteytysvaikutusten mallintaminen. Siihen nähden yhden lisävuoden tarve oli kohtuullista.

WP4: Tuotannonohjauksen työkalujen luominen. Päävastuu: Faba ja teurastamot

Monen rodun genomiset single-step -arvostelumallit syrjäyttävät vuoden 2023 ensimmäisestä arvostelusta lähtien (maaliskuu) perinteiset roduttaiset arvostelut anguksella, charolaisella, herefordilla, limousinella ja simmentalilla. Laskenta toteutetaan vielä tässä vaiheessa Mtechin laskentaympäristössä. Tarvittavat lähtöaineistoihin ja pre- ja post-prosessointivaiheen ohjelmiin sekä tietokantoihin tehtävät muutokset on pääosin tehty.

WP5: Tehokkaamman jalostusvalinnan vaikutukset tuotannon ympäristökestävyyteen. Päävastuu: Luke, Kestävyytutkimus ja indikaattorit

Aineisto ja menetelmät

Ympäristökestävyyssarvioinnissa tutkitaan jalostusarvoiltaan parhaimpiin ja huonoimpiin kuuluvien eläinryhmien eläintuotannon ympäristövaikutuksia elinkaariarviointimenetelmällä. Elinkaariarviointimallina käytettiin aiemmissa hankkeissa naudanlihan ruhokilo kohtaisten ympäristövaikutusten arviointiin kehitettyä mallia (Hietala ym. 2021), jota on hankkeessa täydennetty tarkasteluun sisällytettyjen rotujen, herefordin ja charolaisen, rotukohtaisilla erityislaskentamalleilla.

Tarkasteluun valittiin kaksi erityyppistä rotua: hereford ja charolais. Teurasindekseiltään parhaimpien ja huonoimpien eläinten parametriarvot (kasvunopeus keskimääräiseen teuraspainoon rodun ja sukupuolen sisällä) on poimittu rutiiniarvostelumalleista.

Koska emoille ei ole vielä elinikäistuotoksen jalostusarvostelua, vasikkatuotokseltaan parhaimpien ja huonoimpien emojen välisiä eroja tarkasteltiin fenotyyppitasolla. Molemmille tarkastelluille roduille määritettiin sekä keskimääräiset emolehmät että elinikäiseltä vasikkatuotokseltaan parhaimmat ja heikoimmat neljännekset.

Tarkastelussa määritettiin molemmille roduille erillisenä ympäristövaikutukset keskimääräiselle sonnille, hieholle sekä emolehmälle. Arvioinnit tehtiin erikseen jälkeläisten kasvatusvaiheelle sekä systeemin tuottamalle lihalle.

Tulokset

Taulukoissa 8-13 on esitetty hereford- ja charolais-jälkeläisten teuraskiloa kohti ilmastovaikutukset (Taulukot 8-9), rehevöittävät vaikutukset (Taulukot 10-11) sekä happamoittavat vaikutukset (Taulukot 12-13).

Taulukko 8. Hereford-jälkeläisten ilmastovaikutus per teuraskilo: AVG = keskimääräinen tuotanto, Q75 = jalostusarvostelun perusteella paras neljännes, Q25 = jalostusarvostelun perusteella heikoin neljännes.

	HER sonni, kgCO ₂ -ekv/teuras-kg			HER hieho, kgCO ₂ -ekv/teuras-kg		
	AVG	Q75	Q25	AVG	Q75	Q25
Väkirehun viljelyn päästöt yhteensä	3.1	3.2	3.1	1.8	1.8	1.8
Karkearehun viljelyn päästöt yhteensä	2.9	2.9	2.9	3.1	3.2	3.1
Märehdinnän CH ₄ -päästöt	9.0	9.0	9.1	8.3	8.4	8.3
Lannan käsittelyn päästöt yhteensä	3.0	2.7	3.5	3.9	3.6	4.3
Sähkönkulutuksen CO ₂ -päästöt	0.5	0.5	0.6	0.7	0.6	0.8
Päästöt yhteensä	18.5	18.3	19.1	17.8	17.6	18.3

Taulukko 9. Charolais-jälkeläisten ilmastovaikutus per teuraskilo: AVG = keskimääräinen tuotanto, Q75 = jalostusarvostelun perusteella paras neljännes, Q25 = jalostusarvostelun perusteella heikoin neljännes.

	CHA sonni, kgCO ₂ -ekv/teuras-kg			CHA hieho, kgCO ₂ -ekv/teuras-kg		
	AVG	Q75	Q25	AVG	Q75	Q25
Väkirehun viljelyn päästöt yhteensä	3.0	3.1	2.9	1.7	1.8	1.7
Karkearehun viljelyn päästöt yhteensä	2.7	2.8	2.7	3.1	3.2	3.1
Märehdinnän CH ₄ -päästöt	8.5	8.7	8.5	8.1	8.2	8.1
Lannan käsittelyn päästöt yhteensä	2.6	2.4	3.0	3.4	3.2	3.8
Sähkönkulutuksen CO ₂ -päästöt	0.4	0.4	0.5	0.6	0.6	0.7
Päästöt yhteensä	17.3	17.4	17.7	17.0	16.85	17.39

Taulukko 10. Hereford-jälkeläisten rehevöittävä vaikutus per teuraskilo. AVG = keskimääräinen tuotanto, Q75 = jalostusarvostelun perusteella paras neljännes, Q25 = jalostusarvostelun perusteella heikoin neljännes.

	HER sonni, gPO4-ekv / teuras-kg			HER hieho, gPO4-ekv / teuras-kg		
	AVG	Q75	Q25	AVG	Q75	Q25
Väkirehun viljelyn päästöt yhteensä	5.6	5.7	5.6	3.4	3.5	3.4
Karkearehun viljelyn päästöt yhteensä	8.6	8.7	8.7	9.8	10.0	9.9
Lannan käsittelyn päästöt yhteensä	1.9	1.9	1.9	1.7	1.7	1.8
Sähkön kulutuksen päästöt	0.03	0.03	0.03	0.04	0.04	0.04
Päästöt yhteensä	16.1	16.4	16.3	15.0	15.3	15.1

Taulukko 11. Charolais-jälkeläisten rehevöittävä vaikutus per teuraskilo. AVG = keskimääräinen tuotanto, Q75 = jalostusarvostelun perusteella paras neljännes, Q25 = jalostusarvostelun perusteella heikoin neljännes.

	CHA sonni, gPO4-ekv / teuras-kg			CHA hieho, gPO4-ekv / teuras-kg		
	AVG	Q75	Q25	AVG	Q75	Q25
Väkirehun viljelyn päästöt yhteensä	5.4	5.6	5.3	3.4	3.5	3.4
Karkearehun viljelyn päästöt yhteensä	8.3	8.5	8.2	9.7	9.9	9.7
Lannan käsittelyn päästöt yhteensä	1.8	1.8	1.8	1.7	1.7	1.7
Sähkön kulutuksen päästöt	0.02	0.02	0.03	0.03	0.03	0.04
Päästöt yhteensä	15.5	16.0	15.3	14.8	15.1	14.8

Taulukko 12. Hereford-jälkeläisten happamoittava vaikutus per teuraskilo. AVG = keskimääräinen tuotanto, Q75 = jalostusarvostelun perusteella paras neljännes, Q25 = jalostusarvostelun perusteella heikoin neljännes.

	HER sonni, mol H+-ekv / teuras-kg			HER hieho, mol H+-ekv / teuras-kg		
	AVG	Q75	Q25	AVG	Q75	Q25
Väkirehun viljelyn päästöt yhteensä	2.5	2.6	2.5	1.3	1.4	1.3
Karkearehun viljelyn päästöt yhteensä	5.0	5.1	5.1	6.7	6.7	6.7
Lannan käsittelyn päästöt yhteensä	25.0	25.3	25.5	23.1	23.2	23.5
Sähkön kulutuksen päästöt	0.5	0.4	0.5	0.6	0.6	0.7
Päästöt yhteensä	33.0	33.3	33.6	31.7	31.9	32.3

Taulukko 13. Charolais-jälkeläisten happamoittava vaikutus per teuraskilo. AVG = keskimääräinen tuotanto, Q75 = jalostusarvostelun perusteella paras neljännes, Q25 = jalostusarvostelun perusteella heikoin neljännes.

	CHA sonni, mol H+-ekv / teuras-kg			CHA hieho, mol H+-ekv / teuras-kg		
	AVG	Q75	Q25	AVG	Q75	Q25
Väkirehun viljelyn päästöt yhteensä	2.4	2.5	2.4	1.3	1.4	1.3
Karkearehun viljelyn päästöt yhteensä	4.8	4.9	4.8	6.5	6.6	6.5
Lannan käsittelyn päästöt yhteensä	23.8	24.6	23.8	22.2	22.5	22.5
Sähkön kulutuksen päästöt	0.4	0.3	0.5	0.5	0.5	0.6
Päästöt yhteensä	31.4	32.4	31.4	30.6	30.9	31.0

Kasvatusvaiheen tarkasteluissa havaittiin, että keskimääräinen sekä jalostusarvoiltaan paras neljännes suoriutuivat myös ilmastovaikutuksen osalta paremmin kuin heikoin neljännes. Verrattuna jalostusarvoiltaan heikoimpaan neljännekseen ruhokilo kohtaista eroa ilmastovaikutuksissa oli 2–5 % kuin vastaavalla (sama rotu ja sukupuoli) parhaimmalla neljänneksellä. Suurin ero havaittiin hereford-sonnijälkeläisillä. Keskimääräisen ja parhaan neljänneksen ilmastovaikutustulokset olivat hyvin lähellä toisiaan, heikomman neljänneksen poiketessa näistä selvemmin. Erityisesti lantavaraston kasvihuonekaasupäästöillä oli merkitystä.

Rehevöittävien vaikutuksien osalta havaittiin 1-4 % eroa jalostusarvoiltaan parhaiten ja heikoimmin suoriutuvien välillä, kun tarkasteltiin pelkästään kasvatusvaihetta. Kuitenkin rehevöittävien vaikutuksien osalta keskimääräinen ja heikoimmin jalostusarvoiltaan suoriutunut saivat hieman pienemmät rehevöittävät päästöt lihakiloa kohden kuin jalostusarvoiltaan parhaat. Erot eri ryhmien välillä havaittiin lähinnä rehujen tuotannossa, lantavaraston ja karjasuojien päästöjen pysyen hyvin samana. Koska laskennassa käytettiin ennustettua kuiva-ainesyöntiä, joka perustui saavutettuun kasvuun, rehukoostumukseen ja energiatarpeeseen, paremman kasvun saavuttanut paras neljännes käytti hieman enemmän rehua per tuotettu lihakilo, tarvitsi hieman enemmän rehun tuotantoalaa ja tuotti myös enemmän lannan tyyppiä.

Happamoittavien vaikutuksien osalta hereford-jälkeläisten jalostusarvoiltaan paras neljännes oli noin 1% pienempi lihakilokohtaisilta päästöiltään kuin heikompi neljännes. Charolaisen osalta puolestaan ei ollut eroa parhaan ja heikoimman neljänneksen happamoittavissa vaikutuksissa hiehojen osalta ja sonnien osalta parhaan neljänneksen happamoittavat päästöt olivat hieman heikointa neljänneestä korkeammat. Charolais-sonnien osalta tämä johtui pääosin lannan varastoinnin päästöjen kasvusta per lihakilo. Kuten rehevöittävienkin päästöjen osalta, happamoittavien vaikutuksien merkittävin vaikutus liittyi rehujen tuotantoon sekä lannan varastointiin, ja erityisesti lannan varastoinnissa haihtuvaan ammoniakkiin.

Elinkaarisia vaikutuksia tarkasteltaessa on kuitenkin huomioitava myös emolehmän vaikutus. Tarkasteluun otettiin keskimääräiset emot kummastakin rodusta ja määritettiin elinikäisen jälkeläistuoton perusteella luokitellusta aineistosta muut ominaisuudet parhaimmille ja heikoimmille emoille (kuten teurasikä ja ensimmäinen poikiminen). Emolehmien elinikäiset ilmastovaikutukset kummallekin tarkastellulle rodulle sekä keskimääräisille, parhaille ja heikommille emoille on esitetty Taulukossa 14, rehevöittävät vaikutukset Taulukossa 15 ja happamoittavat vaikutukset Taulukossa

16. Ymmärrettävää on, että pidempi-ikäisten emojen kokonaispäästö on korkeampi kuin keskimääräisten tai heikommin poikivien, joiden elinikä on lyhyempi. Onkin olennaista tarkastella koko systeemin (emo + sen tuottamat jälkeläiset) kokonaispäästöjä suhteessa näiden yhteensä tuottamaan lihaan.

Taulukko 14. Emolehmät, ilmastovaikutus per koko elinikä. Fenotyyppiaineiston mukainen, poikimisten lukumäärään perustuva luokittelu roduittain. AVG = keskimääräinen emolehmä (keskimäärin 4.2 (hereford) ja 4.3 (charolais) poikimista), Q75 = paras neljännes (keskimäärin 8 (hereford) ja 8.1 (charolais), Q25 = heikoin neljännes (sekä hereford että charolais keskimäärin 1.4 poikimista).

Emolehmät	HER, kgCO ₂ -ekv/elinikä			CHA, kgCO ₂ -ekv/elinikä		
	AVG	Q75	Q25	AVG	Q75	Q25
Väkirehun viljelyn päästöt yhteensä	279.3	228.1	386.1	309.7	247.5	423.0
Karkearehun viljelyn päästöt yhteensä	8692	13807	5854	9257	14456	6299
Märehdinnän CH ₄ -päästöt	16785	27658	9735	17832	28964	10315
Lannan käsittelyn päästöt yhteensä	4643	7122	2781	4667	7208	2792
Sähkönkulutuksen CO ₂ -päästöt	805.9	1230.3	466.3	793.3	1225.6	455.0
Päästöt yhteensä	31205	50045	19222	32859	52101	20284

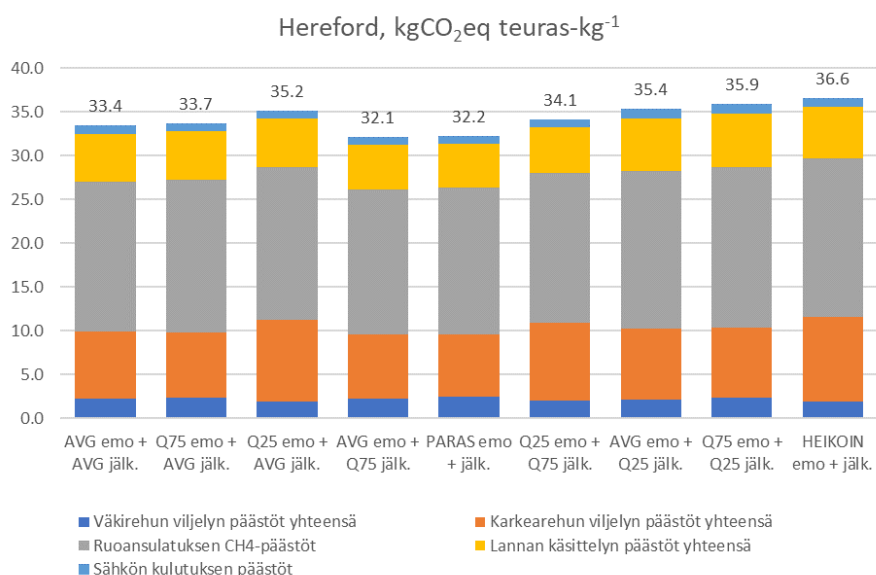
Taulukko 15. Emolehmät, rehevöittävä vaikutus per koko elinikä. Fenotyyppiaineiston mukainen, poikimisten lukumäärään perustuva luokittelu roduittain. AVG = keskimääräinen emolehmä (keskimäärin 4.2 (hereford) ja 4.3 (charolais) poikimista), Q75 = paras neljännes (keskimäärin 8 (hereford) ja 8.1 (charolais), Q25 = heikoin neljännes (sekä hereford että charolais keskimäärin 1.4 poikimista).

Emolehmät	HER, gPO ₄ -ekv/elinikä			CHA, gPO ₄ -ekv/elinikä		
	AVG	Q75	Q25	AVG	Q75	Q25
Väkirehun viljelyn päästöt yhteensä	365	298	504	404	323	552
Karkearehun viljelyn päästöt yhteensä	28614	45169	18447	30460	47283	19650
Märehdinnän CH ₄ -päästöt						
Lannan käsittelyn päästöt yhteensä	3155	4879	2139	3384	5141	2296
Sähkönkulutuksen CO ₂ -päästöt	132	202	76	130	201	75
Päästöt yhteensä	32266	50548	21167	34379	52948	22573

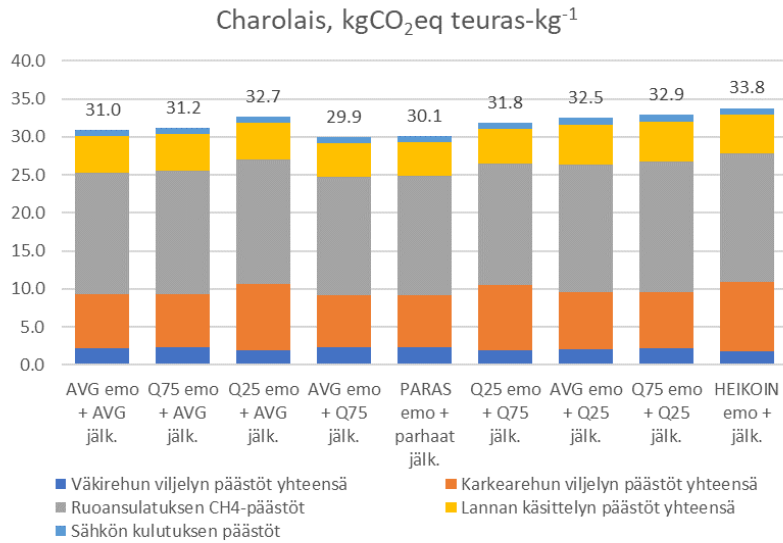
Taulukko 16. Emolehmät, happamoittava vaikutus per koko elinikä. Fenotyyppiaineiston mukainen, poikimisten lukumäärään perustuva luokittelu roduttain. AVG = keskimääräinen emolehmä (keskimäärin 4.2 (hereford) ja 4.3 (charolais) poikimista), Q75 = paras neljännes (keskimäärin 8 (hereford) ja 8.1 (charolais), Q25 = heikoin neljännes (sekä hereford että charolais keskimäärin 1.4 poikimista).

Emolehmät	HER, mol H+-ekv/elinikä			CHA, mol H+-ekv/elinikä		
	AVG	Q75	Q25	AVG	Q75	Q25
Väkirehun viljelyn päästöt yhteensä	79	64	109	88	70	120
Karkearehun viljelyn päästöt yhteensä	18457	27115	13878	19839	28567	14961
Märehdinnän CH4-päästöt						
Lannan käsittelyn päästöt yhteensä	42195	65257	28613	45262	68766	30706
Sähkönkulutuksen CO2-päästöt	711	1085	411	700	1081	401
Päästöt yhteensä	61441	93522	43011	65888	98484	46187

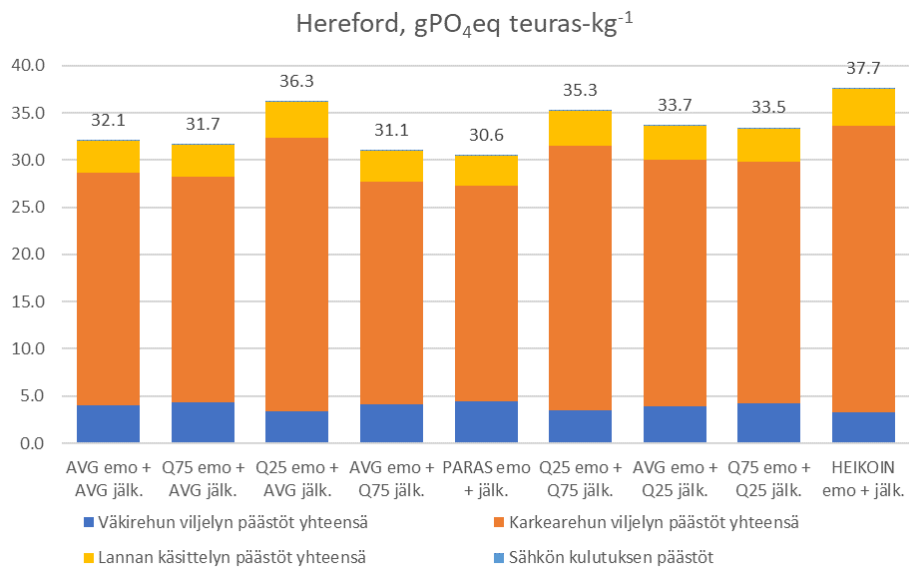
Koko emo-jälkeläissysteemin tuottaman lihan ilmastovaikutusta arvioitiin huomioimalla valitun emon (AVG, Q75, Q25) elinikäinen päästö sekä kaikkien sen tuottamien jälkeläisten elinikäinen päästö ja jaettiin systeemistä tuotetuilla ruhokiloilla (emot ja jälkeläiset yhteensä). Jälkeläistuotto vaihteli emon suoriutumisen mukaan ja oletuksena oli, että puolet tuotetuista jälkeläisistä oli sonneja ja puolet hiehoja. Hereford-rodun emo-jälkeläissysteemin tulokset ilmastovaikutuksen osalta on esitetty Kuvassa 14, rehevöittävät vaikutukset Kuvassa 16 ja happamoittavat vaikutukset Kuvassa 18. Charolais-rodun emo-jälkeläissysteemin tulokset on esitetty vastaavalla tavalla Kuvissa 15, 17 ja 19.



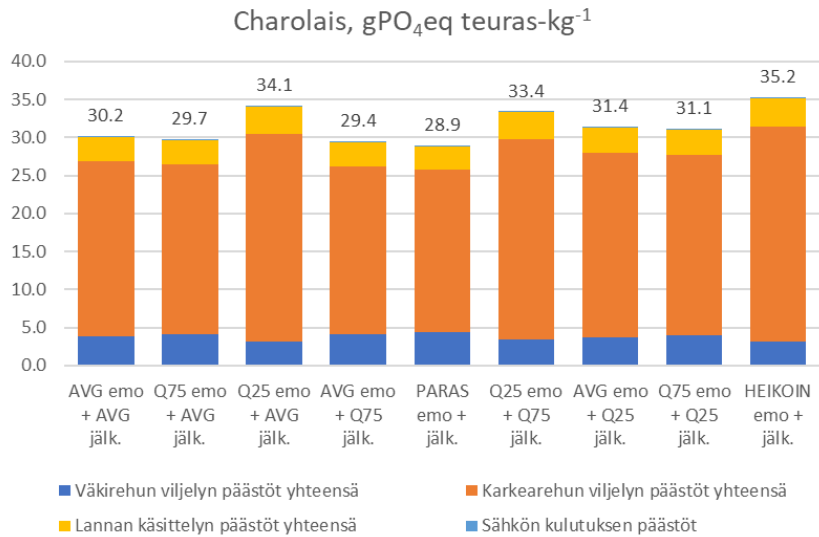
Kuva 14. Hereford, emo-jälkeläissysteemin ilmastovaikutus per tuotettu teuraskilo.



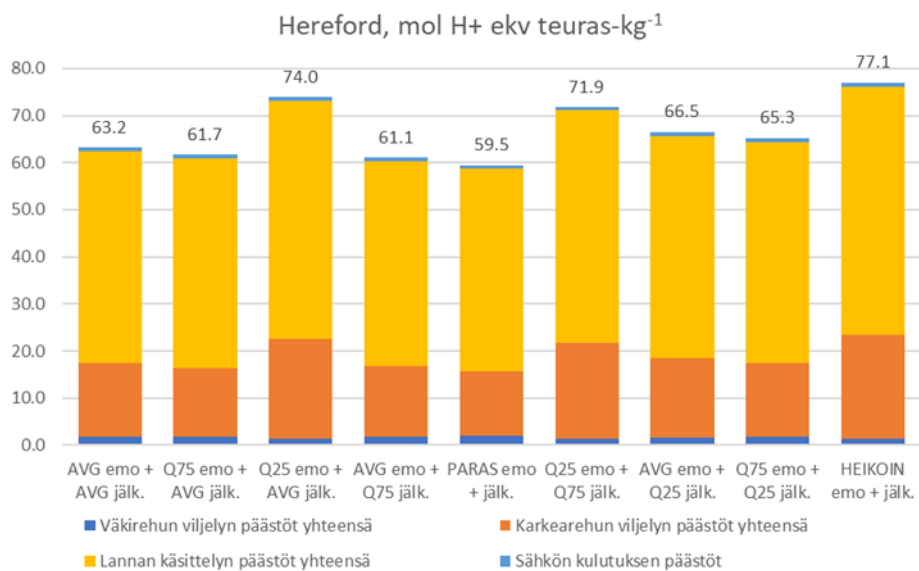
Kuva 15. Charolais, emo-jälkeläissysteemin ilmastovaikutus per tuotettu teuraskilo.



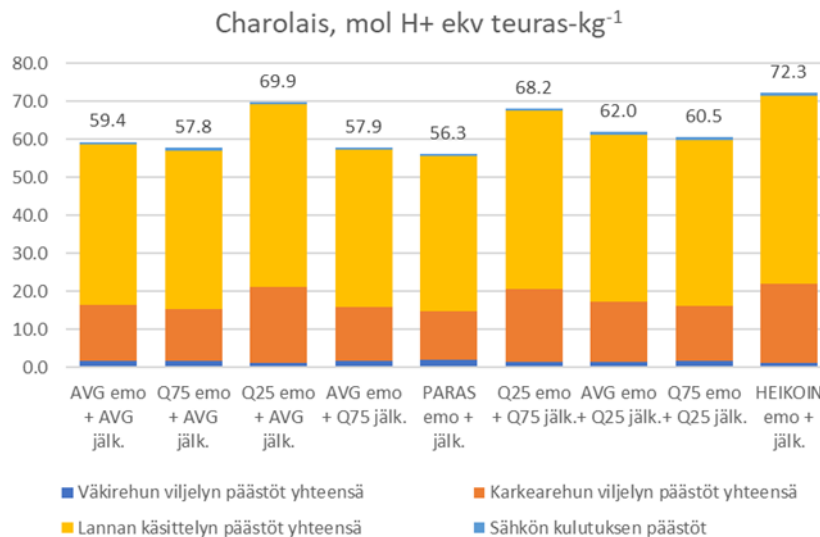
Kuva 16. Hereford, emo-jälkeläissysteemin rehevöittävä vaikutus per tuotettu teuraskilo.



Kuva 17. Charolais, emo-jälkeläissysteemin rehevöittävä vaikutus per tuotettu teuraskilo.



Kuva 18. Hereford, emo-jälkeläissysteemin happamoittava vaikutus per tuotettu teuraskilo.



Kuva 19. Charolais, emo-jälkeläissysteemin happamoittava vaikutus per tuotettu teuraskilo.

Tuotantosysteemien tarkastelussa havaittiin, että verrattuna keskimääräiseen (AVG-emo ja AVG-jälkeläiset), jalostusarvoiltaan heikommat jälkeläiset yhdessä elinikäistuotokseltaan heikoimpien emojen kanssa suoriutuivat myös ilmastovaikutuksien osalta heikoimmin molemmilla roduilla. Molemmilla roduilla pienimmän ilmastovaikutuksen per tuotettu teuraskilo saavuttivat jalostusarvosteluiltaan parhaan jälkeläiset yhdessä keskimääräisen tai parhaan emon kanssa. Jalostusarvosteluiltaan heikoimmat jälkeläiset saivat korkeimmat ilmastovaikutukset minkä tahansa emon kanssa. Charolaisin osalta myös heikoin emo yhdessä keskimääräisten jälkeläisten kanssa sai korkeamman ilmastovaikutuksen. Herefordin osalta paras emo yhdessä parhaiden jälkeläisten kanssa saavutti -12 % pienemmän ilmastovaikutuksen per tuotettu teuraskilo verrattuna heikompaan emoon yhdessä heikoimpien jälkeläisten kanssa. Charolaisen osalta vastaavasti eroa parhaiden ja heikoimpien välillä oli -11 % ilmastovaikutuksen osalta.

Rehevöittävien vaikutuksien osalta emon pitkäikäisyydellä vaikutti olevan selkeämmin merkitystä. Heikommat emot tuottivat minkä tahansa jälkeläiskombinaation kanssa vertailun suurimmat päästöt. Jälkeläisillä vaikutti olevan emoihin verrattuna pienempi merkitys, charolaisella jälkeläisten vaikutus oli hieman selkeämpi. Pienimmät rehevöittävät päästöt saavutettiin, kun yhdistettiin parhaiten suoriutuvat emot yhdessä parhaiden jälkeläisten kanssa, heikoimmat vastaavasti kun heikoin emo yhdistettiin jalostusarvosteluiltaan heikompia jälkeläisten kanssa. Herefordilla näiden systeemien ero rehevöittävässä vaikutuksessa per tuotettu teuraskilo oli -19 % ja charolaisella -18 %.

Happamoittavien vaikutuksien osalta tulokset olivat hyvin samansuuntaiset rehevöittävien vaikutuksien kanssa. Emon vaikutus oli selkeä ja heikompia emojen happamoittava vaikutus oli minkä tahansa jälkeläisyhdistelmän kanssa suurempi kuin muiden yhdistelmien. Keskimääräiset ja parhaat emot tuottivat pienemmät happamoittavan kuormituksen per tuotettu teuraskilo, niin että näistä pienimmän kuormituksen saivat aikaan yhdistelmät parhaiten ja keskimääräisesti suoriutuvien jälkeläisten kanssa. Erot olivat selkeämpiä herefordilla kuin charolaisella. Myös happamoittavien päästöjen osalta paras emo yhdessä jalostusarvosteluiltaan parhaiden jälkeläisten kanssa tuotti

pienimmän happamoittavan vaikutuksen molempien rotujen osalta. Vastaavasti suurin happamoittava päästö saatiin heikoimmin suoriutuvan emon ja jalostusarvosteluiltaan heikoimpien jälkeläisten kanssa. Näiden ero herefordilla oli -23 % ja charolaisella -22 %.

Toteutusvaiheen arviointi

Tässä työpaketissa toteutettu ympäristövaikutusarviointi on onnistunut työsuunnitelman mukaisena. Ympäristövaikutusarvioinnissa on nojaututtu pitkälti muista työpaketeista saatuun tietoon ja aikaisemmin Lukessa tuotettuun naudanlihan elinkaariarviointimalliin. Työ ja vuorovaikutus muiden työpakettien välillä on ollut hyvin sujuvaa ja ajantasaista, tarvittavat aineistot on arviointia varten saatu hyvissä ajoin. Hankkeessa päivitettiin elinkaariarviointimalliin myös tarkemmat rotukohtaiset erityislaskentamallit. Tämän toteutuksessa hyödynnettiin Luken erityislaskennan ja kotieläintuotannon erityisosaamista, elinkariarvioinnin osaamisen ohella.

Tuloksista viestintä on toteutunut lähinnä tieteellisissä konferensseissa. Materiaalia on kuitenkin myös tieteelliseen artikkeliin, jonka mahdollisuus pidetään vielä avoimena.

3. Julkaisut ja hankeviestintä

Aktiivinen hankeviestintä on ollut avainasemassa Beefgeno-hankkeessa, jotta tuottajat tulevat tietoisiksi genomihankkeesta, ymmärtävät kaikki näytteenottoon, tietojen seurantaan ja tarkasteluun liittyvät käytännön asiat sekä ymmärtävät mitä hyötyä genomiarvostelusta ja eläinten genotyyppityksistä on heidän karjassaan. Tämän takia viestintään panostettiin hankkeen aikana.

Faban sivujen alta löytyville hankesivuille on kerätty kaikki oleellinen tieto lihakarjan genomihankkeeseen liittyen ja siellä olevaa näyteseurantataulukkoa päivitettiin hankkeen aikana säännöllisesti (<https://faba.fi/fi/karjan-kehittaminen/genomitestaus/lihakarjan-genomihanke>). Olemme järjestäneet säännöllisesti lihakarjan genomivalintaan liittyviä webinaareja, joista on tallenteet hankesivuilla. Näytetilanteesta, webinaareista ja muista hankkeeseen liittyvistä asioista on raportoitu myös Facebookissa oleviin Emolehmä ryhmä – ja Faban emoryhmä –ryhmiin, jotta genomihanke on pysynyt tuottajien mielissä. Ensimmäisessä ryhmässä on yli 1 000 ja jälkimmäisessä yli 400 jäsentä. Faban kuukausittain lähettämässä PihviViestissä on ollut aina myös hankeasia.

Tämän lisäksi tutkimusryhmä on sekä itse kirjoittanut hankkeesta alan lehdissä (mm. Nauta, rotuyhdistysten lehdet) tai hankkeesta on tehty toimittajan haastatteluun perustuvia kirjoituksia (mm. KMVet 1/2021, Maatilan Pellervon Eläinliite 3/2021, 6/2022).

Olemme myös järjestäneet ja osallistuneet aktiivisesti pohjoismaisiin lihakarja-webinaareihin pohjoismaisen yhteistyön tiivistämiseksi ja tiedon välittämiseksi mm. kehitystarpeista WP1:een liittyen sekä kansallisen genomihankkeemme edistymisestä (Pirkko Taurén ja Kaisa Sirkko, Faba sekä Anna-Maria Leino ja Timo Pitkänen, Luke). Viimeisimpinä webinaarina Nordic genomic workshop 22.9.2022. Hanke nostettiin esille myös Luonnonvarakeskuksen ja SLU:n välisessä webinaarissa 4.6.2021, jossa Leino piti esityksen otsikolla ”Solutions to global food challenges: Northern hemisphere, grasslands and cattle – The role of animal breeding”. Leino piti myös esityksen Suomessa vierailuille baltialaisille lihakarjajalostajille 12.8.2021.

Genomivalinnasta ja sen tuomista mahdollisuuksista tiedotetaan myös säännöllisesti sekä Faban emoneuvojille että lihakarjan jalostusvaliokunnassa (Leino jalostusvaliokunnan jäsen).

WP2- ja WP3-työpaketin tuloksista on raportoitu myös useammassa tieteellisessä kongressissa: Interbull-kokouksessa 30.4.2021 virtuaalisena esityksenä, posterina 30.8.-3.9.2021 järjestetyssä Eaap-kongressissa (koronatilanteen takia) sekä 3.-8.7. järjestetyssä WCGALP-maailmankongressissa posterina.

WP5-työpaketin tuloksista on viestitty sekä blogikirjoituksissa (Leino & Hietala, 2022) että tieteellisissä konferensseissa: LCA Foods 12.-14.10.2022 ja EAAP 2022, jossa ATF:n sessiossa kutsuttuna esityksenä.

3.1. Julkaisuluettelo

Gao, H., Kudinov, A. A., Taskinen, M., Pitkänen, T. J., Lidauer, M. H., Mäntysaari, E. A. & Strandén, I. 2023. A computationally efficient method for approximating reliabilities in large-scale single-step genomic prediction. Genet Sel Evol 55, 1. <https://doi.org/10.1186/s12711-022-00774-y>

Hietala, S., Leino, A-M., Nousiainen, J., Huuskonen, A. 2022. Improving efficiency of Finnish beef production through breeding with genomic selection effects climate impact of beef. In: Proceedings of 13th International Conference on Life Cycle Assessment of Food (LCA Foods 2022) 12-14 October 2022, Lima, Peru. PELCAN-PUCP Lima, Peru. p. 682-684.

Hietala, S., Negussie, E., Astaptsev, A., Leino, A-M., Lidauer, M. 2022. Breeding towards efficiency in Finnish dairy and beef cattle improves environmental performance. In: Book of Abstracts of the 73rd Annual Meeting of the European Federation of Animal Science. Wageningen Academic Publishers.

Leino, A-M. 2019. Montako kertaa suomalainen emolehmä poikii? Nauta 49 4: 68-69.

Leino, A-M. 2020. Asiantuntija vastaa: Mitä tarkoittaa arvosteluvarmuus lihakarjan arvostelussa? Nauta 50 1: 58-59.

Leino, A-M. 2020. Genomivalinta: lisää välineitä eläinvalintoihin ja tuotannonohjaukseen. Angus. s. 30-32.

Leino, A-M. 2021. Nupouden periytyminen on vielä osaksi mysteeri. Sarjassa: Nupo – syntyjään sarveton. Osa 2. Nauta 51 2: 48-50.

Leino, A-M. 2021. Takana muutama vuosi lihakarjan genomiaikaa – missä mennään? Tuottava Hereford. s. 10-11.

Leino, M. & Hietala, S. 2022. Lihakarjan hiilijalanjälkeä voidaan pienentää jalostuksella ja pitkäikäisiä emoja suosimalla. Viitattu 1.12.2022. Saatavilla: <https://www.luke.fi/fi/blogit/lihakarjan-hiilijalanjalkea-voidaan-pienentaa-jalostuksella-ja-pitkaikaisia-emoja-suosimalla>

Leino, A-M & Pesonen, M. 2019. Genomi-arvostelulla vauhtia liharotujen jalostukseen. Nauta 49 2: 56-57.

Leino, A-M. 2019. Finnish BeefGeno project 2019-2021. Nordic Workshop in Dairy Cattle Genomics. 24.-25.4.2019. Billund, Denmark.

Leino, A-M & Pesonen, M. 2019. Genomisia jalostusarvoja liharotuisille naudoille. Tuottava Hereford. s. 28-29.

Leino, A.-M., Pitkänen, T. J., Taskinen, M. & Mäntysaari, E. 2022. Genomic prediction of Finnish beef cattle breeds. Beef cattle workshop, 22.9.2022. Copenhagen, Denmark.

Pitkänen, T. J., Taskinen, M., Mäntysaari, E. A. & Leino, M. 2021. Towards genomics in Finnish beef cattle. Interbull Bulletin 56: 188-191.

Pitkänen, T. J., Taskinen, M., Mäntysaari, E. A. & Leino, M. 2021. Multibreed genetic evaluation for Finnish beef cattle population. Book of abstracts of the 72nd Annual Meeting of the European Federation of Animal Science. Davos, Switzerland, 30 August – 3 September 2021. Poster No 30. Page 453.

Pitkänen, T. J., Taskinen, M., Mäntysaari, E. A. & Leino, M. 2022. Monen rodun jalostusarvomallit suomalaiselle lihakarjalle. Maataloustieteen päivät 2022. Suomen maataloustieteellisen seuran tiedote no 39. Esitelmä- ja posteritiivistelmät. Helsinki. s. 132. [ISBN 978-951-9041-70-4](#) (online)

Sirkko, K. 2020. Kannattaako perinnöllisiä sairauksia kartoittaa? Nauta 50 2: 66-67.

Sirkko, K. 2020. Asiantuntija vastaa: Mitä tehdä, kun karjasta löytyy sairausgeenin kantaja? Nauta 50 4: 72-73.

Sirkko, K. 2021. Lihakarjan genomiarvostelu tehostaa jalostusta. Maatilan Pellervo. Eläin-lehti 3: 38-40.

Sirkko, K. 2022. Lihakarjan jalostuksessa ympäristökin hyötyy. Maatilan Pellervo. Eläin-lehti 6: 28.

Taskinen, M., Leino, A.-M., Pitkänen, T. J. & Mäntysaari, E. A. 2022. Estimating metafounder relations for Finnish multibreed beef population. In: Proceedings of the 12th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. 4 p. https://www.wageningenacademic.com/pb-assets/wagen/WCGALP2022/19_011.pdf

Strandén, I. & Mäntysaari, E. A. 2020. Bpop: an efficient program for estimating base population allele frequencies in single and multiple group structured populations. Agricultural and Food Science 29 (3): 166–176. <https://doi.org/10.23986/afsci.90955>

4. Tulosten arviointi

4.1. Tulosten käytännön sovellettavuus

Tämän hankkeen tulokset otetaan suoraan käyttöön kansalliseen jalostusarvosteluun. Nykyiset anguksen, charolaisen, herefordin, limousinen ja simmentalin perinteiset, roduittain tehtävät arvostelut korvataan monen rodun genomiarvostelulla. Samalla ensimmäisen polven risteytyseläimet saavat ensimmäistä kertaa jalostusarvot. Niiden ansiosta tuotantokarjat, joissa ensimmäisen polven risteytysmot ovat yleisiä, saavat lisää välineitä naaraspuolisten

uudistuseläinten valintaan. Tämä on merkittävä uudistus ja mahdollistaa sen, että myös risteytyseläimiä suosivat tuotantokarjat voivat kuulua jalostusarvostelun piiriin.

Genomitestaus tuo monin tavoin tiloille lisää välineitä eläinvalintoihin. Genomisten jalostusarvojen ansiosta uudiseläimiä on mahdollista valita aiempaa varhaisemmassa vaiheessa aiempaa täsmällisemmin. Genomitestauksen avulla on mahdollista korjata myös liharoduilla suhteellisen yleiset polveutumisvirheet. Väärän polveutumisen vaikutukset ulottuvat laajalle: sekä eläimen itsensä että sen vanhempien ja mahdollisten jälkeläisten jalostusarvot ovat väärin. Virheen merkitys on sitä suurempi, mitä vähemmän muita virheettömiä sukulaistietoja on käytettävissä. Pelkästään polveutumisvirheiden korjaaminen parantaa jalostusarvostelun luotettavuutta. Kolmas merkittävä etu on mahdollisuus selvittää genomitestauksen avulla myös useiden perinnöllisten sairauksien ja vikojen sekä nupouden status eläimillä. Tieto kantajista tai jopa sairaista auttaa karjanomistajia välttämään kantaja-kantaja -parituksia ja karsimaan sairaat pois jalostuseläinten joukosta. Joidenkin sairauksien kohdallahan eläin saa fyysisiä oireita vasta myöhemmällä iällä ja ilman testausta sitä on voitu jo käyttää jalostukseen. Genomitestauksen myötä on mahdollista myös alkaa valita syntymänupoja eläimiä, mikä vähentää tarvetta vasikoiden nupoutukseen. Genomitestauksella on siis monia eläinten hyvinvointiakin parantavia vaikutuksia. Lisäksi mm. perinnöllisten sairauksien, nupouden ja polveutumisten testaaminen on genomiajan myötä selvästi edullisempaa.

WP5-työpaketin ympäristövaikutusten tutkiminen kuvaa hyvin sitä, kuinka tärkeää lihakarjan jalostus on myös tuotannonalan ympäristökestävyyden kannalta. Genomivalinnan myötä edistymisen jalostustavoitteissa nopeutuu, mikä näkyy myös tuotannonalan pienentyvinä ympäristövaikutuksina.

Suomen liharotuisten genotyyppitysmäärät ja täällä kehitetty lihakarjan genomiarvostelumalli ovat herättäneet myös huomattavaa kiinnostusta muissa Pohjoismaissa. Tämän takia paine saada myös pohjoismainen genomisen arvostelu lihakarjalle on kasvanut ja olemme parhaillaan neuvottelemassa Tanskan ja Ruotsin kanssa suuntaviivoista, joilla tämä arvostelu saadaan mahdollisimman sujuvasti ja kaikkien tarpeita palvellen toteutettua.

4.2. Tulosten tieteellinen merkitys

Monen rodun arvostelumallien luominen ensimmäisen polven risteytyseläimet hyödyntäen on haastavaa, koska sekä rotujen vaikutukset että heteroosi-vaikutukset pitää huomioida oikein. WP2-työpaketissa luomamme malli tuo kansainvälisen liharotuisten sonnien jalostusarvosteluun liittyvän dokumentaation perusteella uutta informaatiota keinoihin mallintaa yllä mainitun kaltaista aineistoa liharotuisilla eläimillä (Interbeef 2022). Tarve monen rodun arvostelumalleihin on lisääntynyt huomattavasti myös lypsykarjalla, joilla käytetään lisääntyvässä määrin risteytystä parantamaan mm. eläinten hedelmällisyyttä, terveyttä ja kestävyyttä. Mallimme on herättänyt kiinnostusta jo Pohjoismaissa ja tavoitteena on testata sen toimivuutta myös pohjoismaisen lihakarjan genomiarvostelun rakentamisen yhteydessä.

Vaikka ensimmäiset genomiarvostelut on otettu käyttöön jo 2000-luvun ensimmäisellä vuosikymmenellä, malleihin liittyvää kehitystyötä ja ratkaistavia tutkimuskysymyksiä on edelleen paljon. Esimerkiksi monen rodun arvostelumallit naudoilla, joiden sukupuussa on muutenkin paljon geneettisiä ryhmiä, ovat haastavia mallintaa. Lisäksi perinteisen arvostelumallin tilastolliset mallioletukset perussukupolven eläimistä, jotka ovat tuntemattomia, eivätkä sukua keskenään,

tiedetään genomitiedon perusteella vääräksi. Työpaketissa WP3 käyttämämme perustajavanhempikonsepti, joka pohjaa Luonnonvarakeskuksen Genomiikka ja jalostus -ryhmän työhön, tuo uuden lisän yllä mainittujen haasteiden ratkaisemiseen. Tulokset osoittavat, että pystyimme tuottamaan perustajavanhempikonseptia ja Gamma-matriisilla korjattuja sukulaisuuksia käyttäen sukuuun, joka on tasapainossa genomisen sukulaisuusinformaation kanssa. Tämä on tärkeää, jotta single-step-genomiarvostelumallit toimivat hyvin. Lisäksi aikasovitteiden käyttö tilanteissa, joissa kaikkiin geneettisiin ryhmiin ei tule joko lainkaan tai riittävästi genotyyppitettyjä eläimiä, tuo uusia keinoja Gamma-matriisin rakentamiseen.

Ympäristövaikutusarviointi toteutettiin keskimääräisille, parhaalle neljännekselle ja heikoimmalle neljännekselle, käyttäen näiden ryhmien teurasaineistoihin pohjautuvia lähtötietoja (mm. teurasikä, teuraspaino). Ympäristövaikutusarvioinnissa havaittiin, että kaikkien kolmen ympäristövaikutusluokan (ilmastovaikutus, rehevöityminen ja happamoituminen) osalta jalostusarvosteluiltaan parhaat jälkeläiset yhdessä pitkäikäisten, hyvin tuottavien emojen kanssa olivat kuormitukseltaan pienimmät. Useamman vaikutusluokan tarkastelulla voitiin myös nähdä, että eri vaikutusluokkien tulokset olivat samansuuntaisia. Vaikka parhaan kasvun ja tehokkuuden saavuttavat eläimet ovat ymmärrettävästi myös ympäristösuoriutumiskyvyltään tehokkaampia, saatiin elinkaariarviointimenetelmää hyödyntäen myös uutta tietoa jalostuksen vaikutuksen suuruusluokasta. Ilmastovaikutus on merkittävä globaalissa mittakaavassa ja tässä työssä havaittiin jalostusarvosteluiltaan heikoimpien tuottavan 11-12 % korkeamman ilmastovaikutuksen verrattuna parhaiten suoriutuvaan neljännekseen, yhdessä pitkäikäisien emojen kanssa. Paikallisemmat ympäristövaikutukset, rehevöityminen ja happamoituminen, osoittautuivat eroiltaan suuremmiksi. Heikoimmat jälkeläiset yhdessä heikomman emon kanssa tuottivat 18-19 % suuremmat rehevöittävät vaikutukset ja 22-23 % suuremmat happamoittavat vaikutukset kuin jalostusarvosteluiltaan parhaat jälkeläiset yhdessä parhaiden, pitkäikäisten emojen kanssa.

Viitteet

Interbeef. 2022. Description of National Genetic Evaluation Systems for beef cattle as applied in different ICAR member countries. Viitattu 5.2.2023. Saatavissa: <https://www.icar.org/index.php/technical-bodies/working-groups/interbeef-working-group/genetic-evaluations-in-beef-cattle/>