

Genominen arvostelu mullistaa lypsykarjan jalostuksen

Ismo Strandén ja Esa Mäntysaari, MTT

Genomitiedon eli perintöainekseen sisältyvän dna-tiedon hyödyntämisen ennustetaan mullistavan lypsykarjan jalostusta yhtä paljon kuin aikoinaan keinosiemennykseen siirtymisen. Genomivalinta parantaa jalostusarvojen luotettavuutta niin paljon, että myös lypsykarjan jalostusohjelma muuttuu. Nuorsonnien käyttö jalostuksessa yleistyy.

Perinteinen lypsykarjan jalostusarvostelu hyödyntää eläimistä mitattavia havaintoja ja sukulaistietoja. Laajamittaisen keinosiemennyksen ja jälkeläisarvostelun käynnistymisen jälkeen lypsykarjan jalostusarvosteluja on parannettu lähinnä ottamalla käyttöön parempia tilastollisia malleja.

Genomitieto apuun

Koko perintöainekseen perustuva genominen arvostelu parantaa jalostusarvosteluja, koska siinä otetaan käyttöön uusi tietolähde: genomitieto. Menetelmän nimi johtaa kuitenkin helposti harhaan. Genominen arvostelu ei korvaa nykyisiä jalostusarvostelumenetelmiä, vaan täydentää niitä.

Viime vuosien aikana on kehitetty edullinen tapa selvittää yksilön genomitieto. Kyseessä on dna-siru, jolla saadaan kerralla selville esimerkiksi 54 000 geenipaikan tiedot. Sirulla tunnistetaan dna-emäsvaihtelu useasta SNP- (*single nucleotide polymorphism*) eli tuttavallisesti snippipaikasta.

Genomisessa arvostelussa SNP-paikkoja on yli koko genomin (tiheä kytkentäkartta). Näin pystytään selittämään valtaosa ominaisuuksien geneettisestä vaihtelusta.

Arvostelun vaiheet

Genominen arvostelu toimii kolmivaiheisesti. Ensin arvioidaan geenivaikutukset jokaiselle 54 000 SNP-paikalle. Tähän käytetään sonneja, joiden jalostusarvot tunnetaan hyvin.

Seuraavaksi lasketaan arvioitujen geenivaikutuksien avulla genominen jalostusarvo niille eläimille, joiden genomitieto tunnetaan, mutta ei jälkeläisarvosteluja.

Lopuksi kaikki genomiset jalostusarvot yhdistetään sukupuuta ja havaintotietojen kanssa, jolloin kaikille eläimille saadaan aikaisempaa luotettavampia jalostusarvot.

Genomitieto maksaa

Yhden eläimen genomianalyysi 54 000 SNP-sirulla maksaa noin 250 euroa. Genomitiedon selvittäminen kaikilta eläimiltä on siis liian kallista. Halvempaa on selvittää genomitieto vain jalostuskandidaateilta, kuten sonnivasikoilta.

Nuorsonnit käyttöön

Nuoria sonneja voidaan karsia genomivalinnalla samaan tapaan kuin jälkeläisarvostelulla. Karsinta on tehtävissä heti syntymän jälkeen, koska testitulosta ei tarvitse odottaa vuosia. Testattavien nuorsonnien määrä vähenee ja saatu kustannussäästö käytetään genotyyppityksiin.

Koska keinosiemennyskäyttöön voidaan valita jopa kaksi kertaa parempia sonneja kuin nykyisessä jälkeläisarvostelujalostusohjelmassa, nuorsonnien käyttö yleistyy.

Genominen arvostelu ei tule korvaamaan jälkeläisarvostelua, koska se ei ole yhtä luotettava.

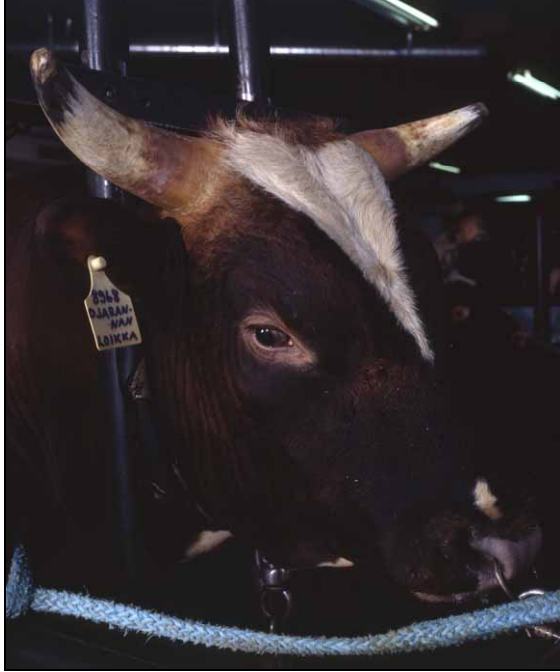
Nykyisen kaltaisessa jälkeläisarvosteluun perustuvassa jalostusohjelmassa genomitiedon avulla voitaisiin alentaa sukusiitosasteen nousuvauhtia. Toisaalta genomisten jalostusarvojen avulla voidaan keinosiemennyssonnien sukupolvenväli lyhentää puoleen.

Sukusiitoksen nousua tulee tarkkailla ja kehittää riskien välttämiseksi uusia genomitietoa hyödyntäviä valintatyökaluja.

Genominen arvostelu ei ole vielä käytössä pohjoismaissa, mutta se on vahvasti työn alla. Vuoden kuluessa genomitiedon käytöstä puhutaan ja kirjoitetaan vielä paljon.

Lisätietoja: ismo.stranden@mtt.fi
puh. (03) 41 881

Yrjö Tuunanen/MTT:n arkisto



Lupaavien sonnien genomitiedon avulla voidaan tulevaisuudessa tehostaa lypsykarjan jalostusta.