

Liharotujen genomiarvostelu

Elisenda Rius-Vilarrasa, Jakob Lykke Voergaard, Carolina Markey, Terhi Vahlsten

NAV julkaisi marraskuussa 2024 ensimmäistä kertaa genomiset jalostusarvot kasvu-, paino- ja teurasominaisuuksille viidelle suurimmalle rodulle (aberdeen angus, charolais, hereford, limousin, simmental). Muille roduille ja ominaisuuksille jalostusarvot lasketaan edelleen fenotyyppisten havaintojen perusteella.

NAVin genomiarvostelu liharoduille

Miten?

NAVin liharotujen arvostelussa julkaistiin genomiset jalostusarvot, jotka on laskettu single step-menetelmällä. Menetelmässä kaikkea käytettävissä olevaa tietoa – fenotyyppiset mittaukset, sukudata ja genotyypit – käytetään samanaikaisesti. Tästä on se etu, että kaikille eläimille eli genomitestatuille ja testaamattomille voidaan laskea jalostusarvot samanaikaisesti samanlaisella prosessilla.

Menetelmä takaa myös sen, että genomista ja ns. perinteistä sukudataa käytetään jalostusarvojen laskentaan.

Mitkä eläimet ovat mukana?

Genomitestatut eläimet ovat mukana genomisessa arvostelussa, jos eläimen genotyyppityksen yhteydessä varmistettu polveutuminen täsmää sukudatassa olevaan polveutumiseen. Lisäksi eläimen isä ja emä pitää olla selvillä ja eläimen pitää olla puhdasrotuinen. Puhdasrotuisuuden määritelmä on vähintään 87,5 prosentin osuus päärotua.

Miksi?

Genomisen informaation käyttö yhdessä fenotyyppisten mittausten ja sukudatan kanssa lisää jalostusarvojen arvosteluvarmuutta. Arvosteluvarmuus nousee noin 10 prosenttia kaikilla roduilla ja ominaisuuksilla. Käytännössä arvosteluvarmuuden nousu tarkoittaa sitä, että jalostusvalinnat ovat tarkempia, jolloin saavutetaan enemmän perinnöllistä edistymistä kyseisessä ominaisuudessa.

Muutokset jalostusarvoissa

Teoriassa

Genomitiedon lisääminen jalostusarvojen laskentaan vaikuttaa jalostusarvoihin ja erityisesti arvosteluvarmuuteen. Jos eläintä ei ole genomitestattu, niin muutokset eivät ole merkittäviä. Tämä tarkoittaa siis sitä, että jalostusarvot eivät juurikaan muutu.

Käytännössä

Kun on verrattu NAVin vanhaa liharotujen jalostusarvostelua ja uutta genomista jalostusarvostelua, niin jalostusarvot ovat keskimäärin muuttuneet hyvin vähän. Suurimmat muutokset nähdään eläimillä, jotka on genomitettu, mutta niillä ei ole yhtään omia fenotyypisiä havaintoja eli esimerkiksi punnitustuloksia. Genomitestaamattomilla eläimillä paremmuusjärjestys pysyy lähes ennallaan.

Mitä seuraavaksi?

Kehitystyö NAVin liharotujen jalostusarvostelussa jatkuu ja seuraavaksi kehitetään genomisten arvosteluvarmuuksien laskentaa kasvu- ja teurasominaisuuksille. Lisäksi tutkitaan, jos on mahdollista laskea genomiset jalostusarvot blonde d'Aquitaine ja highland cattle-roduille. Vuonna 2025 on tarkoitus laskea genomiset jalostusarvot poikimaominaisuuksille.