

Geneettinen edistyminen kirjolohen jalostusohjelmassa

Antti Kause¹⁾, Ossi Ritola²⁾, Tuija Paananen²⁾, Heli Wahlroos¹⁾ ja Esa Mäntysaari¹⁾

¹⁾ MTT, Kotieläintuotannon tutkimus, Eläinjalostus, 31600 Jokioinen, antti.kause@mtt.fi, heli.wahlroos@mtt.fi, esa.mantysaari@mtt.fi

²⁾ Riista- ja kalatalouden tutkimuslaitos, Tervon kalantutkimus ja vesiviljely, 72210 Tervo, ossi.ritola@rktl.fi, tuija.paananen@rktl.fi

Johdanto

Vuosina 1992-2000 kirjolohen jalostusohjelman (JALO) jalostustavoitteena on ollut nopea kasvu makean ja meriveden tuotantoympäristöissä sekä sukukypsyyksiä säilyttäminen ennallaan. Varsinkin naaraiden sukukypsyyksiä aleneminen on kaupalliselle tuotannolle epäedullista, koska sukukypsyvien kalojen lihanlaatu heikkenee. Vuosina 1992-2000 valintaindeksi on sisältänyt makeassa ja merivedessä mitattujen painojen jalostussarvot. Yksipuolinen kasvun valinta voi kuitenkin johtaa sukukypsyyksiä alenemiseen (Kause ym. 2003b) ja siksi aikaisin sukukypsyvät koiraat on poistettu populaatiosta sukukypsyyden aikaistumisen estämiseksi.

Tässä tutkimuksessa selvitettiin onko jalostusohjelman kalamateriaalin perinnöllinen taso muuttunut jalostustavoitteen mukaisesti valinnan seurauksena. Lisäksi tutkittiin onko ulkoisesti havaittavissa luuston ja selkärangan poikkeavuuksissa (muotovirheissä) tapahtunut geneettistä muutosta nopeaa kasvua suosivan valinnan seurauksena. Kirjallisuudessa ei ole aikaisempia selvityksiä, joissa olisi tutkittu kalojen kasvun, sukukypsyyksiä ja terveysominaisuuksien geneettisiä muutoksia jalostuspopulaatioissa.

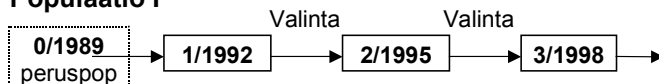
Aineisto ja menetelmät

Aineisto

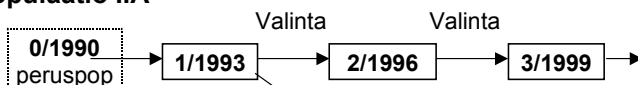
Tutkimuksessa käytettiin aineistoa Riista- ja kalatalouden tutkimuslaitoksen ja MTT:n ylläpitämästä kirjolohen jalostusohjelmasta. Jalostusohjelman ydinpopulaatio sijaitsee sisämaassa Tervossa. Joka vuosi kustakin Tervossa tehdystä perheestä lähetetään kaloja testattavaksi kahdelle meriasemalle. Meriasematestausta tarvitaan, koska noin 85% Suomen kirjolohituotannosta on merellä.

Aineisto sisälsi kaksi erillistä populaatiota, joissa oli yhteensä 127681 yksilöllisesti merkittyä kalaa kolmessa sukupolvessa (Kuva 1). Populaatio II jakautuu kahteen osapopulaatioon IIA ja IIB. Kussakin populaatioissa valintaa on tehty kaksi kertaa. Kussakin sukupolvessa oli 148-364 vanhempaa, 108-272 täyssisarperhettä ja 7999-17736 jälkeläistä. Sukupolven väli on aineistossa 3-4 vuotta.

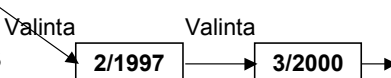
Populaatio I



Populaatio IIA



Populaatio IIB



Kuva 1. Peräkkäisten sukupolvien syntymävuodet kahdessa jalostuspopulaatioissa. Osapopulaatiot IIA ja IIB on perustettu käyttämällä vuonna 1993 syntyneitä emoja. Valintaa on tehty kussakin populaatioissa kaksi kertaa.

Ominaisuudet

Tutkimuksessa mitattiin kahdeksan ominaisuutta. Jalostusasemalla makeassa vedessä mitattiin kalojen paino ensimmäisen (paino1), toisen (paino2) ja kolmannen kasvukauden jälkeen (paino3). Merellä kalat punnittiin toisen kasvukauden jälkeen (meripaino2). Koiraiden sukukypsyyksiä jalostusasemalla (sukuikä[♂]) ja merellä (merisukuikä[♂]) määritettiin koodaamalla toisena vuonna sukukypsyvät koiraat ykkösellä ja kolmantena vuonna sukukypsyvät nollalla. Makeassa vedessä olleiden naaraiden sukukypsyyksiä määritettiin koodaamalla kolmantena vuonna sukukypsyvät naaraat ykkösellä ja tätä myöhemmin sukukypsyvät nollalla (sukuikä[♀]). Muotovirhe määritettiin toisena vuonna koodaamalla muotovirheelliset kalat ykkösellä ja terveet kalat nollalla (muotovirhe2). Ominaisuuksien otoskoot ovat Taulukossa 1.

Taulukko 1. Mitattujen ominaisuuksien otoskoot (*n*) ja keskiarvot (k.a.).

Ominaisuus	Populaatio I		Populaatio II	
	<i>n</i>	k.a.	<i>n</i>	k.a.
<i>Makeavesi</i>				
Paino1 (g)	42793	51	74376	51
Paino2 (g)	24239	1080	31128	1060
Paino3 (g)	13557	2760	23536	2560
Sukuikä♂ (osuus)	9137	0.49	12930	0.35
Sukuikä♀ (osuus)	3624	0.76	11883	0.56
Muotovirhe2 (osuus)	19970	0.06	31193	0.05
<i>Merivesi</i>				
Meripaino2 (g)	5202	1060	21223	1050
Merisukuikä♂ (osuus)	2740	0.49	9551	0.28

Tilastolliset mallit

Geneettinen edistyminen estimoitiiin laskemalla jalostusarvot sukupolvien yli makeassa ja merivedessä mitatulle kasvulle, koiraiden ja naaraiden sukukypsyyksiä sekä makeassa vedessä mitatulle muotovirheelle. Jalostusarvot estimoitiiin kullekin ominaisuudelle käyttäen tietoa ominaisuuksien välisistä korrelaatioista ja periytmisasteista (Kause ym. 2003b). Käytetyt tilastolliset mallit ovat Taulukossa 2. Kaikki kahdeksan ominaisuutta sisällytettiin samanaikaisesti yhteen monen ominaisuuden malliin.

Taulukko 2. Jalostusarvojen estimoisissa käytetyt tilastolliset mallit.

Ominaisuus	Satunnainen		Kiinteä				Kovariaatti
	anim	by×tank	BY	BY×SEX	BY×STAT	BY×SEX×STAT	TempSum
Paino1	x	x		x	x		x
Paino2	x	x		x			
Paino3	x	x		x			
Sukuikä♂	x	x	x				
Sukuikä♀	x	x	x				
Muotovirhe2	x		x				
Meripaino2	x	x				x	
Merisukuikä♂	x	x			x		

anim	Geneettinen eläin vaikutus
by×tank	Syntymävuosi×perhetankki yhdysvaikutus
BY	Syntymävuosi vaikutus
BY×SEX	Syntymävuosi×sukupuoli yhdysvaikutus
BY×STAT	Syntymävuosi×testiasema yhdysvaikutus
BY×SEX×STAT	Syntymävuosi×sukupuoli×testiasema yhdysvaikutus
TempSum	Mittauspäivän kumulatiivinen lämpösumma

Tulokset ja tulosten tarkastelu

Kasvu

Makean ja meriveden kasvussa havaittiin geneettistä edistymistä, kuten oletettiin. Kaikkien kasvuominaisuuksien jalostusarvot nousivat sukupolvien edetessä (Kuva 2). Kumulatiivinen geneettinen edistyminen paino2:ssa oli 143-185g ja paino3:ssa 400-418g. Nämä arvot vastaavat keskimäärin 8% nousua per sukupolvi ominaisuuksien keskiarvoissa. Meripaino2 nousi geneettisesti yhteensä 84-130g, joka vastaa 5% geneettistä nousua sukupolvessa. Geneettinen edistyminen paino1:ssä oli 7% sukupolvessa. Nämä tulokset osoittavat, että kasvunopeutta on pystytty nostamaan molemmissa tuotantoympäristöissä geneettisen valinnan avulla.

Sukukypsyyssikä

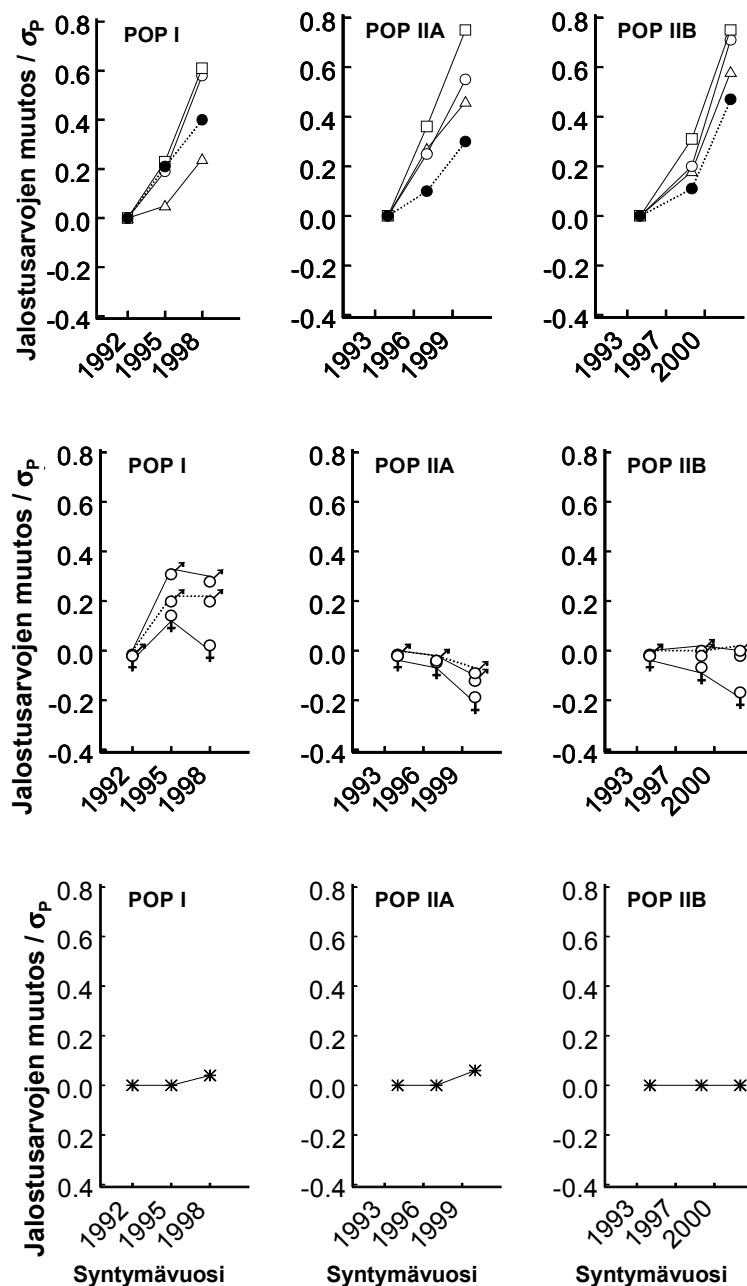
Populaatiossa I naaraiden sukukypsyyksiän kumulatiivinen geneettinen edistyminen oli lähes nolla (Kuva 2). Naaraiden sukukypsyyksiän jalostusarvot nousivat ensin, mutta palasivat tämän jälkeen lähtötasolle. Merellä ja makeassa vedessä mitatun koiraiden sukukypsyyksiän jalostusarvot nousivat populaatiossa I. Tämä jalostusarvojen nousu vastaa 10-13% geneettistä vähentymistä aikaisin sukukypsyyvien koiraiden määrässä. Koiraiden sukukypsyyksiän nousu ei ole haitallista kaupallisessa tuotannossa. Tulokset osoittavat, että valinta aikaista sukukypsyyssikää vastaan on ollut onnistunutta ja jalostustavoitteen mukaista

populaatiossa I.

Populaatiossa II sukukypsyyksiän jalostusarvot joko pysyivät ennallaan tai laskivat. Naaraiden sukukypsyyksiän jalostusarvot laskivat, joka osoittaa että naaraiden sukukypsyyksiä on geneettisesti aikaistunut. Populaatiossa on geneettisesti 8-9% enemmän aikaisin sukukypsyyksiä naaraita. Tämä muutos on haitallinen. Sen sijaan koiraiden sukukypsyyksiän jalostusarvot pysyivät ennallaan tai laskivat hieman. Tulokset osoittavat, ettei valinta sukukypsyyksiän aikaistumista vastaan ole ollut tarpeeksi tehokasta populaatiossa II.

Muotovirhe

Muotovirheen jalostusarvot pysyivät ennallaan tai nousivat (Kuva 2). Populaatiossa I ja IIA muotovirheet vähenivät geneettisesti 1% ja populaatiossa IIB ei havaittu muutosta. Tulokset osoittavat, että muotovirheellisiä kaloja havaittiin vähän (Taulukko 1) eikä muotovirheiden yleisyydessä ole tapahtunut suurta geneettistä muutosta vaikka kalojen kasvunopeus on geneettisesti noussut.



Kuva 2. Geneettinen edistyminen eri ominaisuuksissa. Jalostusarvojen muutos (fenotyypin hajonnan yksiköissä) makeassa vedessä mitatuille ominaisuuksille (Δ -Paino1; O-Paino2; -Paino3; σ -Sukuikä σ ; σ -Sukuikä σ ; *-Muotovirhe2) ja merellä mitatuille ominaisuuksille (\bullet ja katkoviiva-Meripaino2; σ ja katkoviiva-Merisukuikä σ).

Johtopäätökset

Geneettinen edistyminen kirjolohen jalostusohjelmassa on ollut jalostustavoitteen mukaista lukuunottamatta toisessa populaatiossa tapahtunutta sukukypsyyksiän aikastumista. Kasvunopeudessa on tapahtunut voimakasta geneettistä edistymistä, ja muotovirheiden määrä on säilynyt alhaisena ja geneettisesti ennallaan. Nykyään valintaindeksissä on mukana kasvu- ja sukukypsyyssominaisuuksien (Kause ym. 2003b), ihonvärin ja ruumiinmuodon (Kause ym. 2003a) ja lihanvärin jalostusarvot (Kause ym. 2002). Jalostusarvot lasketaan myös muotovirheelle. Uusi valintaindeksi mahdollistaa geneettisten muutosten tehokkaan hallinnan jalostusohjelmassa.

Kirjallisuus

Kause, A., Ritola, O., Paananen, T., Mäntysaari, E., Eskelinen, U. 2002. Coupling body weight and its composition: a quantitative genetic analysis in rainbow trout. *Aquaculture* 211: 65-79.

Kause, A., Ritola, O., Paananen, T., Eskelinen, U., Mäntysaari, E. 2003a. Big and beautiful? Quantitative genetic parameters for appearance of large rainbow trout. *J. Fish Biol.* 62: 610-622.

Kause, A., Ritola, O., Paananen, T., Mäntysaari, E., Eskelinen, U. 2003b. Selection against early maturity in large rainbow trout *Oncorhynchus mykiss*: the quantitative genetics of sexual dimorphism and genotype-by-environment interactions. *Aquaculture* 228: 53-68.