

Soluluvun jalostusarvosteluissa käytetään nyt koelypsymallia

Minna Koivula, Enyew Negussie ja Esa Mäntysaari

MTT, Kotieläintuotannon tutkimus, Eläinjalostus, 31600 Jokioinen, etunimi.sukunimi@mtt.fi

Johdanto

Utaretulehdus eli mastiitti on tärkein tuotantoeläinten sairauksista aiheuttaen suurimmat tulomenetykset koko maidontuotantosektorille. Meijeriteollisuudelle ja maidontuottajille aiheutuu huomattavat tappiot maidon laadun heikkenemisestä, utaretulehduksen takia alentuneesta maidontuotannosta, antibioottihoitojen takia hylätyistä maitoeristä, lypsylehmien aikaistetusta poistoista sekä eläinlääkinnällisistä kuluista. Utaretulehdusriskin katsotaan myös kulkevan käsi kädessä lehmien maidontuotannon kanssa: enemmän tuottavilla eläimillä on suurempi riski saada utaretulehdus. Kustannuksien vähentämiseksi sekä eläinten hyvinvoinnin ja tuotannon eettisen laadun parantamiseksi on lypsykarjan jalostusvalintaa suunnattukin vastustuskykyisemmän eläinaineksen kehittämiseen.

Utaretulehdukseen kohdistuvaa suoraa valintaa on pidetty hitaana tai jopa tehottomana, koska utaretulehdusherkkyyden periytyvyys on melko alhainen (esim. Pösö ja Mäntysaari 1996). Toisaalta Pohjoismaita lukuunottamatta utaretulehdustietoja ei edes kattavasti kerätä kansallisella tasolla (Heringstad 2000). Utareen puolustusmekanismien aktivoituminen voidaan havaita soluvälitteisen immuunivasteen aiheuttamana korkeana somaattisten solujen lukumääränä (SCC). Utaretulehduksessa solujen määrä maidossa kasvaa muutamissa tunneissa jopa tuhatkertaiseksi ja samalla myös maidon solukoostumus muuttuu. Koska maidon somaattinen soluluku korreloi selvästi utaretulehdushoitojen kanssa ja sillä on myös korkeampi periytyvyysaste kuin utaretulehdusherkkyydellä, somaattista solulukua on jo pitkään käytetty monissa maissa utareterveysindikaattorina jalostusarvostelussa.

Useissa maissa somaattisen soluluvun jalostusarvostelu perustuu lypsykauden keskimääräiseen solulukutasoon. Suomessa solulukuarvostelut aloitettiin 1988 (Maijala 1998). Vuodesta 1991 arvostelut laskettiin Suomessa toistuvuus-eläinmallilla ja ne perustuivat kolmen ensimmäisen lypsykauden solulukuihin. Lypsykausikohtainen arvostelumenetelmä ei kuitenkaan hyödynnä kaikkea informaatiota ja esimerkiksi hämärtää lypsykauden sisäiset, lyhytaikaiset vaihtelut soluluvussa. Siksi koelypsykohtaisiin solulukuihin perustuva arvostelumalli on käytännössä tarkempi ja tuottaa luotettavimmat jalostusarvostelut (Robert-Granie ym. 2002). Kuten jo nimi kertoo, koelypsymallissa eläinten jalostusarvot ratkaistaan suoraan yksittäisten koelypsymittausten perusteella. Näin ollen, jos eläimeltä on vain pari ensimmäistä mittalypsyä, pystyy koelypsymalli jo näiden ja lehmän polveutumistietojen perusteella ennustamaan lehmän tulevan kokonaisarvon. Syksyllä 2003 Suomessa alettiin soveltaa satunnaisregressioon perustuvaa koelypsymallia soluluvun jalostusarvostelussa. Suomi kuuluu nyt niihin harvoihin maihin, joissa koelypsymallia käytetään sekä tuotanto- että utareterveyden arvostelussa.

Aineisto ja menetelmät

Jalostusarvosteluaineisto käsitti kaikki Suomessa tehdyt koelypsymittaukset tammikuusta 1988 vuoden 2003 elokuuhun asti ja sisälsi kaikkiaan 15 887 069 solulukuhavaintoa (ensimmäinen ja myöhemmät lypsykaudet) 1 370 480 ayrshire-, friisiläis-, ja suomenkarjalehmältä. Lehmien polveutumistiedosto sisälsi 2 655 913 lehmää ja 15 835 sonnia.

Arvostelumalli perustuu ns. satunnaisregressiomalliin, jossa ensimmäistä ja myöhempiä lypsykausia pidetään geneettisesti eri ominaisuuksina. Solulukukäyriä ja geneettisiä parametrejä tarkasteltaessa on voitu havaita, että soluluvut ensimmäisellä ja myöhemmillä lypsykausilla ovat kaksi erillistä, vaikkakin keskenään vahvasti korreloivaa ominaisuutta (mm. Negussie ym. 2002). Solulukukoelypsymalli voidaan kuvata seuraavasti:

$$\begin{bmatrix} y_{Eijklmnop} \\ y_{Mijklmnop} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} ikä_{Ei} \\ ikä_{Mi} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} vkk_{Ejk} \\ vkk_{Mjk} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} karja * v_{Elj} \\ karja * v_{Mlj} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \sum_{r=0}^5 \phi_{\pi}(\dim)_r b_{Emr} \\ \sum_{r=0}^5 \phi_{\pi}(\dim)_r b_{Mmr} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} karja * vkk_{Eljk} \\ karja * vkk_{Mljk} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \sum_{r=0}^3 \phi_{\alpha}(\dim)_r a_{Enr} \\ \sum_{r=0}^3 \phi_{\alpha}(\dim)_r a_{Mnr} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} 0 \\ \sum_{r=0}^3 \phi_{\alpha}(\dim)_r w_{Mno(r)} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \sum_{r=0}^3 \phi_{\alpha}(\dim)_r p_{Enr} \\ \sum_{r=0}^3 \phi_{\alpha}(\dim)_r p_{Mnr} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} jäännös_{Eijklmnop} \\ jäännös_{Mijklmnop} \end{bmatrix},$$

jossa $y_{Eijklmnop}$ ja $y_{Mijklmnop}$ ovat havainnot päivittäisistä solulukuarvoista ensimmäiseltä ja myöhemmiltä lypsykausalta. Mallin kiinteitä tekijöitä ovat poikimaikä (ikä), koelypsyvuosi-kuukausi (vkk), poikimakarja-vuosi (karja*v) ja regressiokertoimet b ovat kiinteät poikamavuodenaikakohtaiset regressiokertoimet ja $\phi_{\pi}(\dim) = [c_0 \ c_1 \ c_2 \ c_3 \ \exp(wil * \dim)]^T$ niitä vastaavat havaintokohtaiset regressiomuuttujat. Mallin satunnaistekijöinä ovat: karja*vkk, eli karjakohtaiset koelypsukuukausivaikutukset; a_{Enr} ja a_{Mnr} geneettiset, p_{Enr} ja p_{Mnr} ei-geneettiset eläinvaikutukset ensimmäisellä ja myöhemmillä lypsykausilla ja $w_{Mno(r)}$ myöhempien lypsykausien yhdysvaikutukset sekä $\phi_{\alpha}(\dim) = [c_0 \ c_1 \ c_2 \ c_3]^T$ näitä vastaavat ominaisuuskohtaiset regressiomuuttujat.

Tulokset ja tulosten tarkastelu

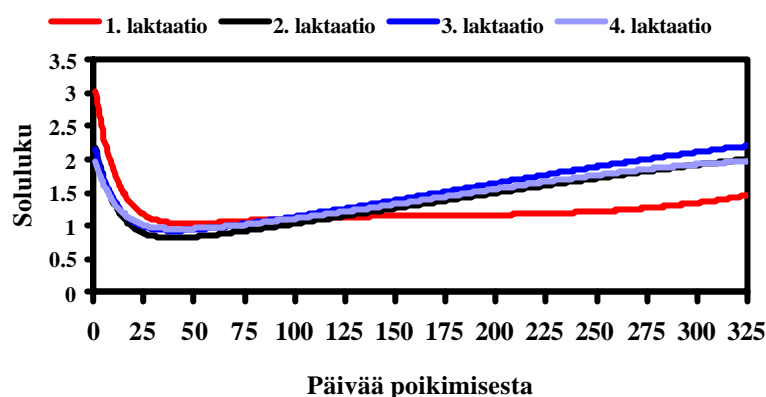
Koelypsymallissa soluluvulle määritetään jalostusarvofunktio eli perinnöllinen solulukukäyrä ja kun koko malli ratkaistaan, jokainen eläin saa jalostusarvon somaattiselle soluluvulle lypsykauden eri vaiheissa. Lisäksi käyrät on määritelty erikseen ensikko- ja myöhemmille lypsykausille (kuva 1). Tällöin voidaan myös tarkastella eri yksilöiden solulukukäyriä ja nähdä, missä vaiheessa lypsykautta utareterveysongelmia esiintyy. Tämä hyödyttää paitsi jalostusta, myös tilakohtaista hoitoratkaisujen suunnittelua.

Aikaisemmin käytetyssä eläinmallissa soluluku käsiteltiin eri lypsykausina saman ominaisuuden toistomittauksina. Lypsykauden eläinmallissa eläimet siis saivat soluluvulle vain yhden jalostusarvon. Vuoden 1991 jälkeen syntyneille ayrshiresonneille, joilla oli vähintään 20 tytärtä, laskettiin perinteisiä 305-päivän solulukuja vastaavat koelypsymalli jalostusarvot. Näitä indeksejä verrattiin huhtikuussa 305-päivän eläinmallilla laskettuihin arvoihin. Vanhempien, luotettavasti arvosteltujen, ayrshiresonnien indeksejä tarkasteltaessa lypsykauden eläinmallilla saatujen jalostusarvojen korrelaatio on 0.92 ensimmäisen lypsykauden koelypsymalli-indekseihin ja 0.86 myöhempien lypsykausien indekseihin verrattuna (taulukko 1). Nuoremmilla ay-sonneilla korrelaatio eri malleilla saatujen indeksien välillä on 0.89 ensimmäisellä lypsykaudella ja 0.78 myöhemmillä lypsykausilla. Yleisesti ottaen voidaan sanoa, että sekä vanhoilla että nuorilla sonneilla koelypsymalli-indeksien ja eläinmalli-indeksien korrelaatio oli korkeampi ensimmäisessä kuin myöhemmissä laktaatioissa. Myös lehmien arvosteluissa saadaan ensimmäiselle ja myöhemmille lypsykausille hieman erilaiset jalostusarvot. Kun lisäksi vielä huomioidaan solulukukäyrien erot, voidaan sanoa, että soluluku ensimmäisellä ja myöhemmillä lypsykausilla on eri ominaisuus ja näiden yhdistäminen lypsykauden eläinmallissa todennäköisesti heikensi jalostusarvostelujen luotettavuutta.

Taulukko 1. Koelypsymallilla ja lypsykauden eläinmallilla saatujen soluku jalostusarvojen korrelaatiot ayrshiresonneilla ja lehmillä. Vanhat sonnit (syntyneet 1993-95, vähintään 60 tytärtä), nuoret sonnit (syntyneet 1997-98, vähintään 20 tytärtä) ja nuoret lehmät (syntyneet 1998, vähintään yksi mittalypsy).

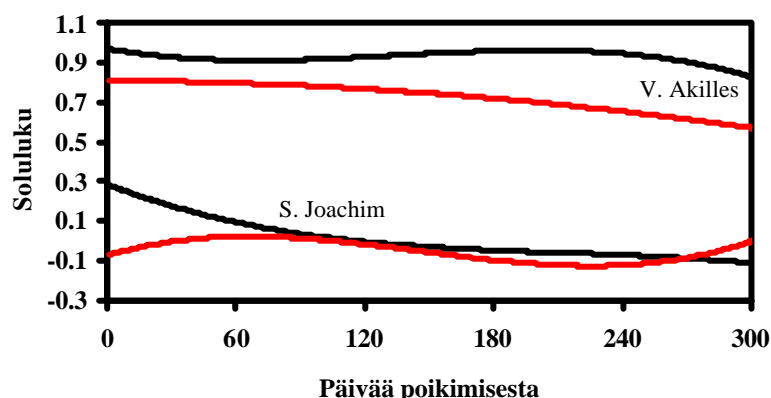
Sonnit/lehmät	Sonnien/lehmien lkm	Ensimmäinen laktaatio	Myöhemmät laktaatiot
A Y-sonnit			
Vanhat	301	0.92	0.87
Nuoret	216	0.89	0.78
A Y-lehmät			
Nuoret'98	69419	0.95	0.91

Kuva 1. Ayrshire-eläimille ennustettu solulukukäyrä ensimmäisellä ja myöhemmillä (2 - 4) lypsykausilla



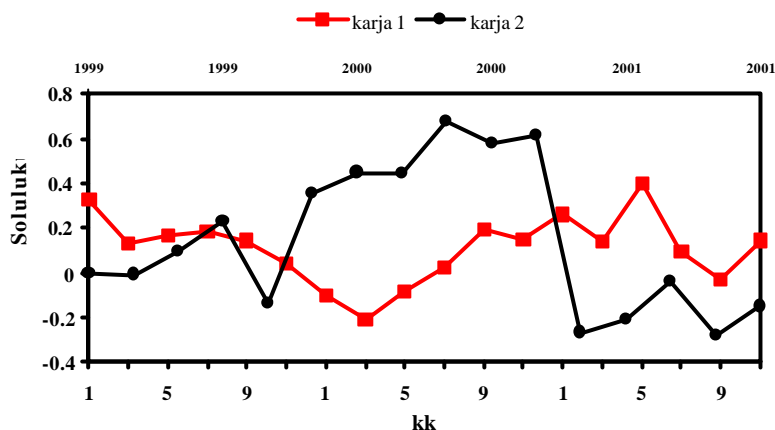
Koska koelypsymalli kuvaa eläinten jalostusarvoa lypsykauden vaiheen funktiona, voidaan haluttaessa jalostusarvo laskea erikseen jopa jokaiselle päivälle. Jalostusarvokäyrät ilmentävät, minkä muotoisia solulukukäyriä eläimet periyttävät. Kuvassa 2 on havainnollistettu kahden eri ayrshiresonnin, Saukon Joachim AAA40283C ja Vestergårds Akilles AAA39276D, soluluku jalostusarvoja lypsykauden eri vaiheissa. S. Joachimin utareterveysindeksi oli 116 ja V. Akilleen 85.

Kuva 2. Ay-sonnien Saukon Joachim ja Vestergårds Akilles solulukujalostusarvoja lypsykauden eri vaiheissa. 1. lypsykausi, myöhemmät lypsykaudet



Lypsykauden eläinmallissa kaikki kiinteät tekijät (esim. poikimaikä, tiineys, aika poikimisesta) olivat samoja koko lypsykauden ajan. Kuvaamalla solulukua poikimiseen tai sen ajankohtaan liittyvillä keskimääräisillä vaikutuksilla, eläinmalli jätti huomioon ottamatta yksittäiseen kuukauteen liittyvät ympäristövaikutukset. Uusi koelypsymalli mahdollistaa paremmin ympäristövaihtelun ja karjojen yksilöllisen vuodenaikaisvaihtelun huomioimisen. Tärkeimmät ympäristövaikutukset ovat karjan ja tuotantovuoden sekä itse koelypsypäivän (karja-vuosi-kuukausi) vaikutukset. Koelypsykuukauden vaikutus mittaukseen voidaan nyt korjata uudessa koelypsymallissa ja poistaa esimerkiksi tuotantoympäristömuutosten vaikutukset solulukuun. Samalla saadaan karjatasolla tarkempaa tietoa soluluvun vaihtelusta ja esim. poikkeavista koelypsystistä ja toistuvista soluluvussa tapahtuvista hyppäyksistä. Näiden tietojen avulla voidaan ennustaa missä lypsykauden vaiheissa soluluvun kanssa voi syntyä ongelmia. Tämä hyödyttää sekä jalostusta että tilakohtaista hoitoratkaisujen suunnittelua. Maidontuotanto-ominaisuuksien koelypsykausivaikutukset on tarjottu karjanomistajien ja neuvojen käyttöön MAITOISA verkkosovelluksessa. Maitoisaa vastaava diagnostiikkatyökalu on tekeillä myös solulukuvaihtelun seuraamiseen ja se saataneen käyttöön lähitulevaisuudessa. Kuvassa 3 on esimerkki kahden eri karjan ensikkojen soluluvun kuukausiratkaisuista kolmen vuoden ajalta. Toisessa karjassa voidaan havaita vuoden 2000 ratkaisuissa selkeä hyppäys ja terveystarkkailutietojen perusteella tänä vuonna karjassa olikin ensikkojen utretulehdushoitoja enemmän.

Kuva 3. Kahden karjan ensikkojen kuukausiratkaisut kolmen vuoden ajalta.



Johtopäätökset

Syksyn 2003 viralliset solulukuarvostelut laskettiin uudella satunnaisregressioon perustuvalla koelypsymallilla. Koelypsymalli hyödyntää kaikki lypsykauden aikaiset mittalypsyt eli eläinten jalostusarvot ratkaistaan suoraan yksittäisten koelypsymittausten perusteella. Aikaisemmin somaattisen soluluvun jalostusarvostelu perustui lypsykauden keskimääräiseen solulukutasoon. Toisin kuin aikaisemmin käytetty lypsykauden eläinmalli, uusi koelypsymalli pitää ensimmäistä ja myöhempiä lypsykausia eri ominaisuuksina ja siten sonneille ja lehmille voidaan laskea jalostusarvo erikseen ensimmäiselle ja myöhemmille laktatioille, tai jopa lypsykauden eri päiville. Lisäksi uuden mallin käyttämä karja-vuosi-kuukausi-luokittelu mahdollistaa tehokkaamman koelypsypäiviin liittyvien vaikutusten huomioimisen. Ympäristötekijöistä johtuvan virhevaihtelun väheneminen onkin yksi koelypsymallin tärkeimmistä eduista lypsykauden eläinmalliin nähden. Vaikka arvostelu-yhtälön koko on iso, sen ratkaiseminen onnistuu alle kahdessa vuorokaudessa. Näin ollen arvostelut olisi mahdollista päivittää jopa viikoittain.

Kirjallisuus

- Heringstad, B., Klemetsdal, G. and Ruane, L** 2000. Selection for mastitis resistance in dairy cattle: a review with focus on the situation in the Nordic countries. *Livest. Prod. Sci.* 64: 95-106.
- Maijala, K.** 1998. Jalostuksella tulosta - 100 vuotta naudan- ja sianjalostusta. Suomen Kotieläinjalostusosuuskunta, Helsinki 1998.
- Negussie, E., Koivula, M., Mäntysaari, E** 2002. Application of test-day models in genetic evaluation of Finnish dairy cattle for Somatic Cell Count. 53th Annual meeting of the European Association for Animal Production, 8:25.
- Pösö, J., Mäntysaari, E** 1996. Relationships between clinical mastitis, somatic cell score, and production for the first three lactations of Finnish Ayrshire. *J. Dairy Sci.* 79: 1284-1291.
- Robert-Granie, C. Maza, E. Rupp, R and Foulley, J.L.** 2002. Use of fractional polynomial for modelling somatic cell counts in dairy cattle. Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, CD-ROM communication No. 16.05