

# Miten jalostaa muutoskestäviä ja ilmastoystävällisiä lehmiä?

Jukka Pösö, Faba/NAV



# Jalostus pohjautuu tuotosseurantaan

- Tuotosseuranta luo pohjan lypsykarjan jalostuksessa käytettävien tietojen keräämiselle
  - Eläinten identifiointi
  - Polveutuminen
  - Karjatieto
  - Muut tuotosseurannan tiedot
    - Poikimiset
    - Mittalypsyt (maito, valkuainen, rasva, solut)
    - Maidonvirtaustiedot
    - Elopainot
- Muiden tiedonkeruujärjestelmien tiedot yhdistetään tuotosseurannan tietoihin
  - Terveystarkkailutiedot, siemennystiedot, rakennearvostelutiedot, käyttöominaisuuksista kerättävät tiedot, sorkkahoitotiedot, teurastiedot
  - DNA-tiedot
  - Rehunsyöntitiedot (CFIT)
- Tietojen avulla lasketaan jalostusarvon ennusteet sonneille ja lehmillä (perinteinen, genomiset)
- Genomi-indeksit vain eläimille, jotka ovat tuotosseurantakarjoissa

# Pohjoismaiset jalostustavoitteet

- Yhteinen kokonaisjalostusarvo **NTM**
- Ominaisuuksien painotukset NTM:ssä riippuvat pitkälti ominaisuuksien taloudellisesta merkityksestä
  - Jalostetaan ominaisuuksia, jotka vaikuttavat tilatason tulokseen
    - Erittäin voimakas yhteys lehmien kestävyYTEEN
    - Poistettujen lehmien keskipoikimakerta noussut lähes 0.4 viidessä vuodessa (nyt 3.33)
    - Samaan aikaan poistettujen elinikäistuotos on noussut n. 5000 kg maitoa (nyt 31 644)
  - **Mahdollistaa perinnöllisen edistymisen useissa ominaisuuksissa samanaikaisesti**
    - Tuotos, rakenne, terveys, hedelmällisyys, käyttöominaisuudet, rehunkäyttö, kestävyys
    - = **MUUTOSKESTÄVÄ**
- Tutkimus vuonna 2010 syntyneistä suomalaisista lehmistä (koko ikäluokka)
  - **Matala NTM-ryhmä**
    - Poikimisia keskimäärin 2.5 (ay) ja 2.6 (hol), elinikäistuotos 17 300 (ay) ja 20 500 (hol) kg EKM
  - **Korkea NTM-ryhmä**
    - Poikimisia keskimäärin 3.7 (ay) ja 3.9 (hol), elinikäistuotos 37 700 (ay) ja 41 600 (hol) kg EKM

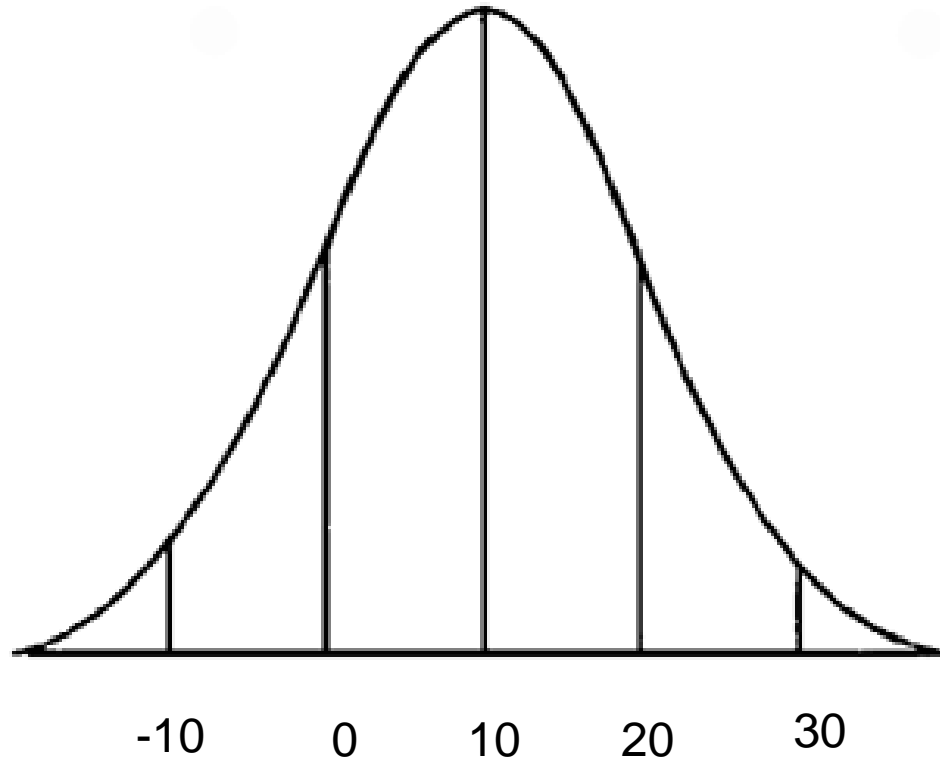
# Genomiarvostelu

- Geenikartoituksen mukanaan tuoma teknologia on avannut mahdollisuuden tutkia myös eläinten DNA:ta entistä tarkemmin
- DNA-juosteesta voidaan löytää tuhansittain geenimerkkejä
  - näillä on yhteys esim. sonneille laskettuihin jälkeläisarvosteluihin eri ominaisuuksissa
  - tutkimalla mitä geenimerkkejä eläimen DNA:sta löytyy, voidaan ennustaa millaiset geenit sillä on eli millaisia jälkeläisiä se tuottaa



# Genomiarvostelu tarkoittaa odotusarvoa

100 täyssiarta, kaikilla sama odotusarvo +10



Todellinen jalostusarvojen jakauma!

# Ayrshire – genomitestatut 2012 syntyneet: kestävyys lokakuuhun 2022 mennessä

NTM

Mitta	NTM_G <=0	0<NTM_G<=15	NTM_G >15
eläinten lkm	396	1 398	190
ntm_keskiarvo	-4.3	7.6	18.5
poisto %	98	97	95
poikimisia	2.9	3.4	4.2
maito, kg	25 765	30 692	40 286
EKM, kg	26 652	32 504	43 079
EKM kg/elinpv	12.7	14.7	17.5



# Holstein – genomitestatut 2012 syntyneet: kestävyys lokakuuhun 2022 mennessä

NTM

Mitta	NTM_G <=0	0<NTM_G<=15	NTM_G >15
eläinten lkm	69	484	286
ntm_keskiarvo	-3.5	8.7	21.0
poisto %	99	97	95
poikimisia	2.6	3.4	3.9
maito, kg	24 177	34 462	40 916
EKM, kg	24 487	34 981	42 002
EKM kg/elinpv	12.6	15.5	17.4



# Ayrshire – genomitestatut 2015 syntyneet: kestävyys lokakuuhun 2022 mennessä

NTM

Mitta	NTM_G <=0	0<NTM_G<=15	NTM_G >15
eläinten lkm	361	2 849	548
ntm_keskiarvo	-3.3	8.6	18.3
poisto %	87	81	73
poikimisia	2.8	3.2	3.4
maito, kg	24 644	28 569	31 561
EKM, kg	25 854	30 712	34 464
EKM kg/elinpv	13.4	14.9	16.2





# Holstein – genomitestatut 2015 syntyneet: kestävyys lokakuuhun 2022 mennessä

NTM

Mitta	NTM_G <=0	0<NTM_G<=15	NTM_G >15
eläinten lkm	370	2 053	588
ntm_keskiarvo	-3.4	8.5	19.4
poisto %	84	78	72
poikimisia	3.0	3.3	3.5
maito, kg	30 681	33 752	35 816
EKM, kg	30 958	34 752	37 846
EKM kg/elinpv	15.3	16.4	17.3

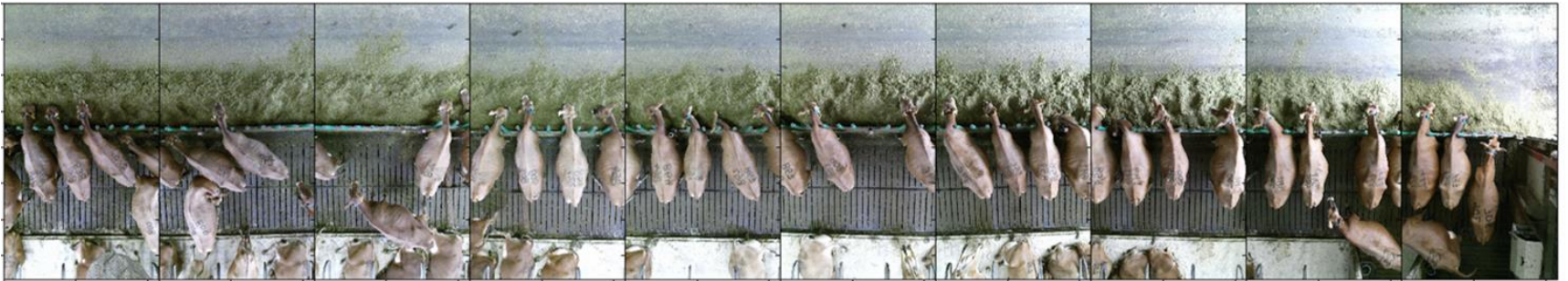


# Rehunsäästöindeksi

- rehunsäästöindeksi = ylläpito + rehunkäyttökyky
- paljonko eläin säästää rehua (kg) lypsykautta kohti?
- ylläpito
  - miten suuri eläimen ylläpitoenergian tarve on?
  - keskimäärin 30 % kokonaisrehunkäytöstä
  - lasketaan käytännössä eläimen metabolisesta elopainosta
    - $\text{metabolinen elopaino} = \text{elopaino}^{0.75}$
  - mitä korkeampi indeksi, sen parempi (=alempi tarve)
- rehunkäyttökyky
  - miten tehokkaasti eläin muuntaa rehun energian tuotannoksi?
  - tarvitaan lehmäkohtaisia tietoja rehun syöntimääristä, elopainosta, painon muutoksesta, tuotoksesta
  - mitä korkeampi indeksi, sen parempi

# CFIT-dataa rehunkäyttökyvyn jalostukseen

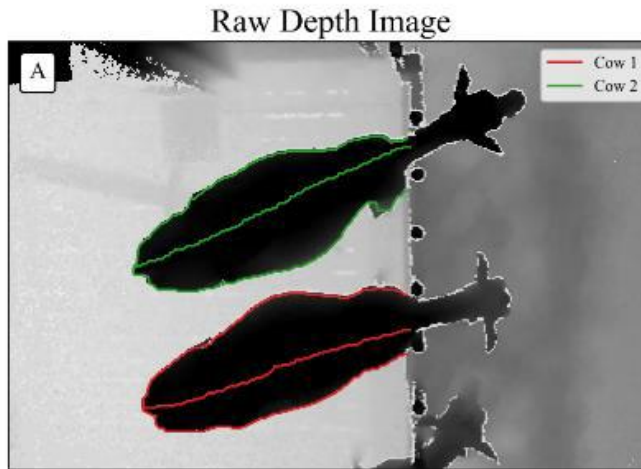
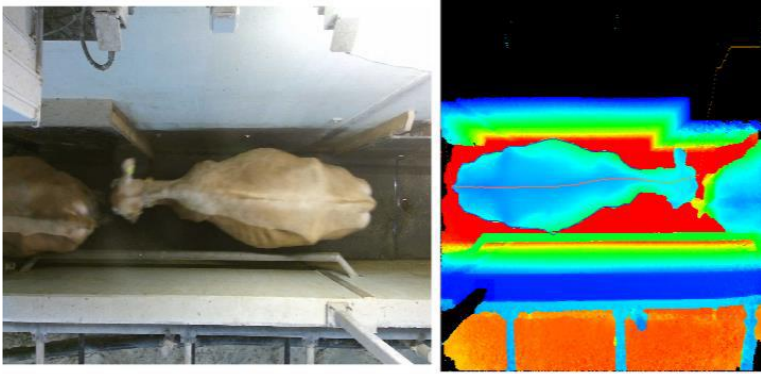
- 3D-kameratekniikkaa käytetään eläinten tunnistamiseen ja syödyn rehumäärän mittaamiseen, sekä elopainon arviointiin



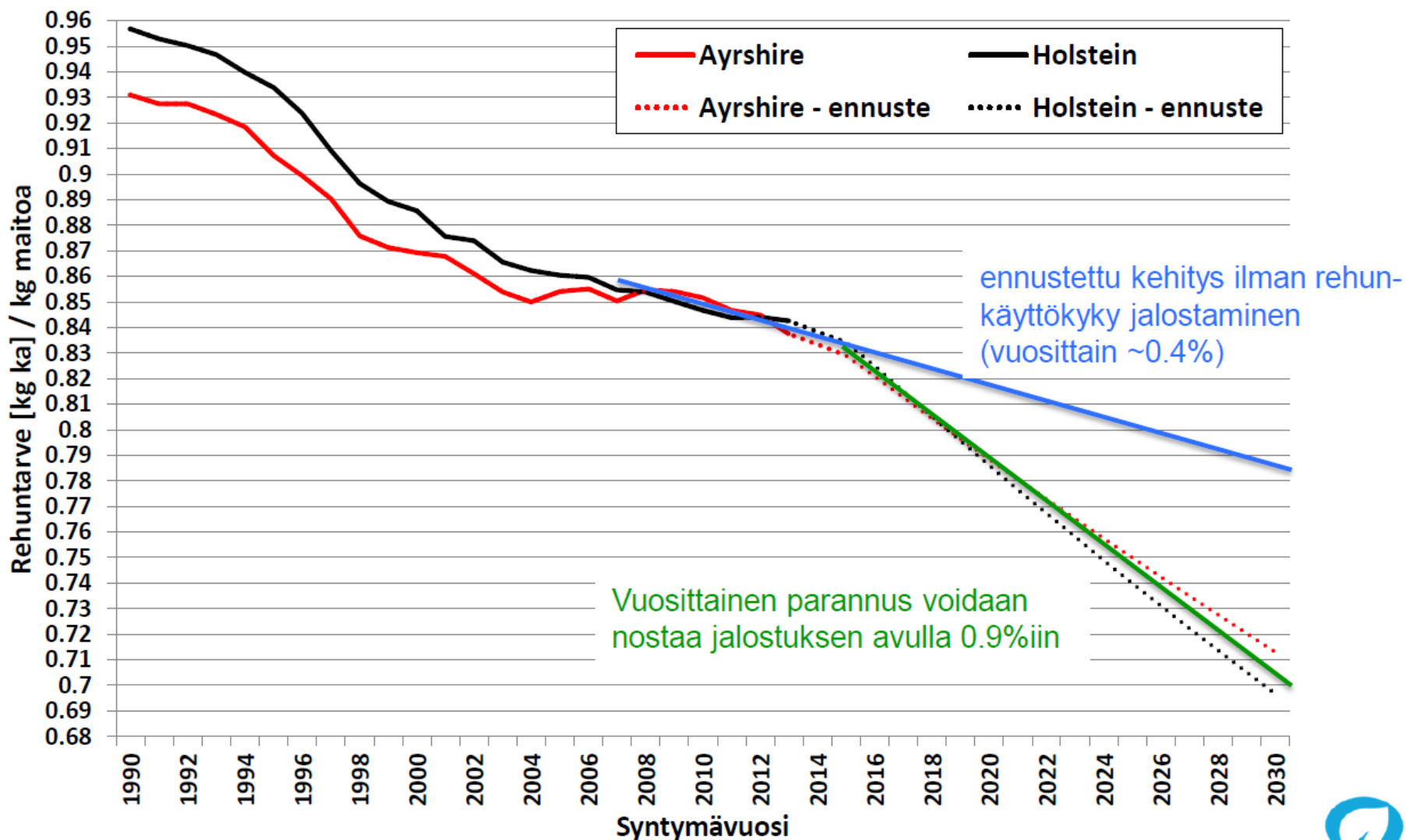
# CFIT-karjojen eläimiltä saadaan tuotosseurantatiedot ja eläimet genotyypitetään



# Tunnistusalgoritmin opetusta



# Rehunkäyttökyvyn kehityksen ennuste



# Yhteenvedoa

- NTM:n ja genomitietojen hyväksikäyttö jalostuksessa nopeuttanut perinnöllistä edistymistä, kestävyiden paranemista jne
  - Genomitestaus on helppo ja hyvä tapa saada eläimen jalostuksellinen taso esiin jo nuorena
- Ilmastoystävällisyys (rehunsäästö) uutena jalostustavoitteena
  - **Kestävä lehmä on taloudellinen ja ilmastoystävällinen lehmä!**
    - Mitä pitempään lehmä on tuotannossa, sitä vähäisemmäksi jäävät kasvihuonekaasupäästöt tuotettua maitokiloa kohti
- Selkeä siirtyminen maidon nesteosan eli veden tuottamisesta kohti kuiva-aineen tuottamista
  - Hyödyllistä lehmien terveyden, **kestävyyden** ja utarerakenteen kannalta
  - Meijereiltä ja maidonhankintaosuuskunnilta selvä signaali pitoisuuksien tärkeydestä
  - Maitoa ei enää juoda, sitä syödään
  - Pitoisuuksien jalostaminen ylöspäin on helppoa!
    - Korkea yhteys NTM:ään
  - LUKE:n poikimaväilaskurissa voi tutkia myös miten maidon hinnoittelumuutokset vaikuttavat katetuottoon: <https://jukuri.luke.fi/handle/10024/540299>