



SAVONIA

OPINNÄYTETYÖ - AMMATTIKORKEAKOULUTUTKINTO
LUONNONVARA- JA YMPÄRISTÖALA

MIKSI GENOMITESTATA?

Kirjallisuuskatsaus, kyselytutkimus maitotiloille ja
perinnöllisen edistymisen laskuri tilakäyttöön

TEKIJÄT: Joni Riekkinen
Satu Ukkonen

Koulutusala Luonnonvara- ja ympäristöala	
Koulutusohjelma/Tutkinto-ohjelma Agrologin tutkinto-ohjelma	
Työn tekijä(t) Joni Riekkinen ja Satu Ukkonen	
Työn nimi Miksi genomitestata?	
Päiväys 08.04.2019	Sivumäärä/Liitteet 48/5
Ohjaaja(t) Leena Kärkkäinen, Heli Wahlroos	
Toimeksiantaja/Yhteistyökumppani(t) Faba, Pirkko Taurén	
<p>Tiivistelmä</p> <p>Genomien hyödyntäminen lypsykarjanjalostuksessa on kehittyvä osa-alue, joka edesauttaa aiempaa lyhyempien sukupolvivälien saavuttamisessa ja jalostuksen kohdentamisessa lehmien yksittäisten ominaisuuksien mukaan. Kun lehmävasikat genomitestataan, tiloilla on mahdollista siementää testatut yksilöt jo hiehoina optimaalisella sonnilla. Genomien avulla on myös mahdollista karsia uudistuseläinten tuotantoon käytettäviä lehmiä, jolloin karjan perinnöllinen edistyminen nopeutuu.</p> <p>Opinnäytetyön tavoitteena oli selvittää syitä, miksi tilalliset joko hyödyntävät tai eivät hyödynnä genomitestausta oman karjansa jalostuksen apuvälineenä. Opinnäytetyön toiminnallisen osion tarkoituksena oli lisäksi kehittää jo olemassa olevaa lehmien perinnöllisen edistymisen laskevaa laskuria. Laskurin tavoitteena oli toimia tilallisille käyttökelpoisena työkaluna genomitestaamisen hyödyntämisen taloudellisen hyödyn arviointiin. Työn toimeksiantajana toimi Faba ja yhteyshenkilönä Pirkko Taurén. Opinnäytetyö rajattiin koskemaan vain Pohjoismaissa käytössä olevaa genomitestiä ja eläinten arvostelua, joita suomalainen Faba hyödyntää yhdessä Ruotsin ja Tanskan omien jalostusorganisaatioiden kanssa.</p> <p>Tilallisten genomitestausten hyödyntämisen ja hyödyntämättömyyden syitä selvitettiin opinnäytetyössä tammikuussa 2019 Maitovyön eli Pohjanmaan, Keski-Suomen, Pohjois-Savon ja Pohjois-Karjalan alueen maitotilallisille vastattavaksi lähetetyssä kyselytutkimuksessa. Webropol -ohjelmalla toteutettu kyselytutkimus oli vastattavana tammikuun loppuun asti. Kyselyyn saatiin yli 200 vastausta.</p> <p>Kyselytutkimukseen saatujen vastausten mukaan genomitestaamattomuuden syihin voi tilatasolla vaikuttaa se, kuka tilan jalostussuunnitelman tekee sekä se, millainen tilan elinkaaren vaihe on. Esimerkiksi lähellä eläkeikää olevat yrittäjät eivät välttämättä enää yrittäjäaikanaan halua tutustua uusiin menetelmiin samoin kuin nuoremmat. Suurin osa kyselyyn vastanneista tiloista testasi kaikki lehmävasikat, vaikka vain noin kolmasosa vastanneista kuului genomitestausta tukevaan GenVik-projektiin. Jalostussuunnitelman tekijöistä Faban asiakkaat perustelivat genomitestaamattomuutta genomitestin kalliilla hinnalla, kun taas esimerkiksi Semexin asiakkaat pitivät testin hyötyjä epäselvinä.</p> <p>Opinnäytettyön laskuri toteutettiin muokkaamalla Leena Kärkkäisen pro gradu -tutkielmaansa vuonna 2014 tekemää perinnöllisen edistymisen laskuria. Laskurin tietoja päivitettiin ja laskurin toiminnan kannalta ylimääräisiä kohtia poistettiin, jotta laskurin ulkoasusta saatiin mahdollisimman selkeä. Laskurin avulla tilallisten on mahdollista arvioida, olisivatko tilan karjan perinnöllisen edistymisen avulla saamat tuotot suuremmat kuin genomitestien tekemisen kulut. Laskurin tulokset ovat suuntaa antavia, mutta niiden avulla on mahdollista arvioida, kannattaisiko tilan, jonka tietojen perusteella tulos on laskettu, hyödyntää genomitestausta lypsykarjansa jalostuksen tukena.</p>	
Avainsanat genomi, perimä, jalostusarvo, lypsykarja, jalostus	

Field of Study Natural Resources and the Environment			
Degree Programme Degree Programme in Agriculture and rural Industries			
Author(s) Joni Riekkinen ja Satu Ukkonen			
Title of Thesis Why use genomic testing?			
Date	08.04.2019	Pages/Appendices	48/5
Supervisor(s) Leena Kärkkäinen, Heli Wahlroos			
Client Organisation /Partners Faba, Pirkko Taurén			
<p>Abstract</p> <p>Using genomes in dairy cattle breeding is a developing field, in which creating shorter cycles of generations and focusing breeding on individual features are possible. If the calves are genome tested, they can be inseminated with optimum bulls already as heifers. With the help of genomes it is possible to eliminate the number of cows that are used for producing new generation milking cows to the cattle and that way to expedite the inheritable progress.</p> <p>The aim of the thesis was to find out reasons, why farmers either use or do not use genomic testing in breeding their own cattle. The goal of the functional part of the thesis was foremost to develop the already existing counting device. The counting device counts the amount of inheritable progress, and the goal was to develop it into a working tool that farmers can use in defining the economical advantages of using genomic testing. The client was Faba and the contact person Pirkko Taurén. This thesis was defined so that it included only the genomic test and the evaluation of dairy cattle that are used in the Nordic Countries and that Faba uses together with Swedish and Danish breeding organisations.</p> <p>The reasons that dairy farmers have for using or not using genomic testing were sorted out with a questionnaire that was sent for the dairy farmers in January 2019 in the areas of Ostrobothnia, Central Finland, North Savo and North Karelia. The questionnaire was made by using Webropol system was answered to the end of January. The questionnaire gained over 200 answers.</p> <p>According to the answers, the firm that makes the breeding plans for dairy farms and the stage of life cycle of the farm can affect the reasons, why the farm does not use genomic testing. For example, the farmers, who are near retirement can be less likely to get to know new methods of breeding than younger farmers. Most of the farms that answered the questionnaire tested all female calves, although only a third of them was a part of the GenVik-project that supports genomic testing. The firm that makes breeding plans affected the answers so that the farms that are Faba's clients justified why they do not use genomic testing by high price and for example Semex' clients by unclear reasons.</p> <p>The counting device of the thesis was executed by developing the counter of inheritable progress that Leena Kärkkäinen made for her Master's thesis in 2014. The counter's information was updated and some extra parts that did not have anything to do with the function of the counter were removed, so that the appearance of the counter became as clear as possible. With the help of the counter the farmers can estimate if the financial benefits of the inheritable progress of the livestock are greater than the costs of using genomic testing. The results of the counter are approximate, but they can be used in estimating if the farm, which own information is used in defining the results, could use the genomic testing as a support in dairy cattle breeding.</p>			
<p>Keywords genome, genotype, added value, dairy cattle, breeding</p>			

SISÄLTÖ

1	JOHDANTO	5
2	LYPSYKARJAN JALOSTUS	6
2.1	Jalostusarvostelu	7
2.1.1	Jalostettavat ominaisuudet	8
2.1.2	Kokonaisjalostusarvo	9
2.2	Keskeiset organisaatiot.....	10
3	GENOMITESTAUS.....	12
3.1	Genomitesti	14
3.2	Genomi-indeksit.....	14
3.3	Genominen valinta	15
3.4	Perinnöllinen edistymisen	16
4	KYSELYTUTKIMUS.....	17
4.1	Tutkimuksen tavoite.....	17
4.2	Kyselytutkimuksen eettisyys ja luotettavuus	17
4.3	Kyselytutkimuksen toteutus	18
5	KYSELYTUTKIMUKSEN TULOKSET.....	20
6	LASKURI	27
6.1	Laskurin tavoite	27
6.2	Laskurin eettisyys ja luotettavuus	27
6.3	Laskurin toteutus	28
7	JOHTOPÄÄTÖKSET	32
8	POHDINTA.....	35
	LÄHTEET JA TUOTETUT AINEISTOT	37
	LIITE 1: VASIKOIDEN ODOTUSARVOT	40
	LIITE 2: GENOMITESTIN TULOKSET	41
	LIITE 3: KYSELYN SAATEKIRJE.....	42
	LIITE 4: KYSELYLOMAKE.....	43
	LIITE 5: LASKURIN ESIPUHE	48

1 JOHDANTO

Genomien määrittäminen ja tietojen hyödyntäminen tilatasolla jalostusta suunniteltaessa on lypsykarjatalouden puolella kehittyvä osa-alue. Genominäytteiden ottaminen on tiloilla helpottunut genomikorvamerkkien käyttöönoton myötä. Genomitestien tekemistä on alettu tukea, jotta karjojen perinnöllistä edistymistä saataisiin vauhditettua verrattuna perinteiseen jalostukseen. Genomitestauksella on saatu tutkitusti hyviä ennusteita yksilöiden, kuten vasikoiden ja hiehojen, tulevista ominaisuuksista, sillä ennusteet ovat olleet samansuuntaisia lehmien lypsyyn siirtymisen jälkeen tehtyjen ominaisuuksien tarkastelujen ja varsinaisten rakennearvostelujen kanssa (Pösö 2017).

Opinnäytetyön tekijät kiinnostuivat genomitestauksesta, kun he pääsivät tutustumaan, kuinka sitä voidaan hyödyntää maitotiloilla käytännössä. Työn tekijät uskovat, että tulevaisuudessa karjan jalostuksella voidaan huomattavasti kehittää tilan eläinainesta, ja he pitävät genomitestausta hyvänä apuvälineenä tähän. Kuitenkin oletettavasti on vielä monia tiloja, jotka eivät hyödynnä tätä mahdollisuutta karjan jalostamisen apuvälineenä vaan kokevat sen joko kalliiksi tai hankalaksi. Opinnäytetyön tavoitteena onkin selvittää genomitestauksen hyödyntämistä tilatasolla sekä etsiä syitä, miksi genomitestausta ei käytetä kaikilla tiloilla. Kiinnostavaa olisi myös tietää, kuinka genomitestauksen hyödyntämistä saataisiin edistettyä, niin että uusia tiloja tulisi osallisiksi toimintaan.

Työn toimeksiantajana toimii Faba ja yhteyshenkilönä Pirkko Taurén, joka on genomitestauksen asiantuntija. Aihe opinnäytetyölle kehittyi keskustelemalla ja lopulta Faban suunnalta löytyi kiinnostusta yhteistyöhön. Faballa genomitestausta hyödynnetään paljon ja yritys pyrkiikin tiedottamaan tuottajia genomitestauksesta.

Tämä opinnäytetyö on tutkimus. Kehittämistyönä on lisäksi tarkoitus kehittää tilallisille Excel-laskuri, jolla heidän on mahdollista laskea genomisella valinnalla saatava hyöty tilalle. Opinnäytetyöllä pyritään lisäämään genomitestauksesta kiinnostuneiden tietoa testauksen hyödyistä ja siitä, miksi genomitestaus kannattaa. Tilallisten kokemuksia genomitestauksesta sekä genomisesta valinnasta kartoitetaan kyselytutkimuksen avulla. Kyselytutkimus toteutetaan Webropol -ohjelmalla ja tutkimus on kvantitatiivinen tutkimus. Kyselytutkimuksen avulla selvitetään syitä, jotka voivat vaikuttaa käytännönsä tilojen halukkuuteen hyödyntää tai olla hyödyntämättä genomitestausta. Lisäksi selvitetään muiden tekijöiden, kuten karjakoön, navettatyyppin ja jalostussuunnitelman tekijän vaikutus genomitestaamisen hyödyntämiseen tiloilla.

Laskuri toteutetaan muokkaamalla Leena Kärkkäisen pro gradu -tutkielmaansa vuonna 2014 tekemää laskuria yksinkertaisempaan muotoon. Laskurin tavoitteena on tarjota genomitestauksesta kiinnostuneelle tilalliselle mahdollisuus laskea tilan saama hyöty genomitestauksesta tai vastaavasti, milloin tilan olisi kannattavaa hyödyntää menetelmää karjan jalostuksen apuvälineenä.

2 LYPSYKARJAN JALOSTUS

Lypsykarjan jalostus on tärkeä osa-alue maidontuotannon kehittämisessä, ja se näkyy maitotiloilla päivittäin niin tuotantoeläinten havainnoinnissa kuin eläinten soveltuvuudessa robottilypsyyn (kuva 1). Lehmiä seurataan tuotokauden eri vaiheissa, jolloin niiden ominaisuuksista, kuten lypsettävyydestä ja luonteesta, saadaan arvokasta tietoa etsittäessä sopivaa sonnia parantamaan jälkeläisen geeniperimää. Myös soveltuvuus robotille vaikuttaa ominaisuuksiin, joita pidetään jalostuksessa tärkeinä, sillä robotin on esimerkiksi hankalaa kiinnittää vedinkupit lähekkäin sijaitseviin vetimiin, eikä kukaan mielellään opeta huonoluonteista ensikkoa käymään lypsyllä.



KUVA 1. Lehmä totuttelemassa uuteen lypsyrabottiin (Riekkinen 2016-12-22.)

Maitotilan on mahdollista vaikuttaa tuotantonsa kannattavuuteen jalostamalla eläinainesta nykyistä tehokkaammaksi, jolloin tehokkaampi eläin hyödyntää syömänsä rehun paremmin ja tuottaa enemmän maitoa. Jalostamalla voidaan vaikuttaa myös eläinten hyvinvointiin, sillä kestävä rakenne vähentää rakenteesta aiheutuvia ongelmia, kuten kiputiloja. Terveysjalostuksella saadaan vastustuskyvyltään parempia yksilöitä, jolloin esimerkiksi utaretulehduksia ilmenee vähemmän. (Linnainmaa 2017.) Taloudelliselta kannalta tilalliselle edullisinta on keskittää tulevan sukupolven vanhemmiksi sellaisia yksilöitä, jotka ovat ominaisuuksiltaan parhaita. Tällöin karjan perimää saadaan parannettua, mikä lisää maidontuotantoa ja lehmien kestävyyttä, jolloin tuotantokustannukset pienenevät tuotettuja maitokiloja kohden. Lisäksi ei toivotuista ominaisuuksista aiheutuneet kustannukset, kuten lääkintä- ja siemennyskustannukset sekä uudistuskustannus pienenevät. (Aro, Hilpelä-Lallukka, Niemi, Toivonen ja Vahlsten 2012, 113.)

MTT:n kotieläntuotannon tutkimuksessa (Nousiainen 2006), joka keskittyi lypsylehmien poistojen syihin, johtopäätös oli, että utareterveyteen ja hedelmällisyyteen liittyvät poistojen syyt ovat Suomessa yleisimpiä. Utareterveyttä ja hedelmällisyyttä pyritään parantamaan muun muassa Pohjoismaiden yhteisen NTM:n eli kokonaisjalostusarvon painokertoimien avulla (Aro ym. 2012, 87–89). Jalostamalla näitä ominaisuuksia tavoitteena on tuottaa aiempaa kestävämpiä lehmii, jolloin utareterveys ja hedelmällisyysongelmat poistojen syinä vähenisivät.

Kestävä lehmä sietää paremmin ympäristöstä aiheutuvaa vaihtelua, minkä vuoksi se pystyy tehokkaaseen tuotantoon olosuhteiden vaihtelusta huolimatta. Jalostamalla kestävyttä karjasta on mahdollista saada yhtenäisempi niin, että ympäristön muutoksista huolimatta eläimet ilmentävät haluttuja ominaisuuksia ja pysyvät tuotannossa pidemmän ajan. (Calus, Napel, Mulder ja Veerkamp 2009, 35-42.)

2.1 Jalostusarvostelu

Lypsykarjan ominaisuuksia määritetään perinteisesti havainnoimalla (kuva 2) ja mittaamalla eläinten ominaisuuksia sekä tarkastelemalla eläinten sukulaistietoja (Mäntysaari ja Strandén 2009). Rakennearvostelu on toimenpide, jossa jalostuskonsulentti havainnoi eläimen ominaisuuksia, kuten yksilön utareen sekä jalkojen rakennetta, ja pisteyttää ne. Pisteiden perusteella arvostelluille eläimille lasketaan rakenneindeksit, joita voidaan tilalla käyttää karjan rakenteen jalostuksen tukena. (Faba s. a. d.) Genomitiedon avulla vasikan tai hiehon jalostettavia ominaisuuksia voidaan selvittää genomiarvostelulla suoraan yksilön DNA:sta (Mäntysaari ja Strandén 2009).



KUVA 2. Lehmien havainnointia ruokintapöydältä käsin (Ukkonen 2017-06-20).

Lypsykarjan jalostuksessa hyödynnettävää tietoa hankitaan rakennearvostelun lisäksi tuotosseurannan kautta. Tuotosseurannalla kerätään tietoa lehmän maidontuotannosta esimerkiksi tuotoksen ja

solujen osalta. Muita tietoja saadaan eläinten rekisteröinnin, terveysseurannan, siemennyksien, sorkkanhoitojen ja teurastamon kautta. (Aro ym. 2012, 49–50.)

2.1.1 Jalostettavat ominaisuudet

Naudoilla jalostettavat ominaisuudet jaetaan pääosin hedelmällisyys-, terveys-, rakenne-, käyttö- ja tuotosominaisuuksiin (Aro ym. 2012, 52–86). Hedelmällisyysominaisuudet näkyvät tiloilla käytännössä lehmien ja hiehojen kiimojen sekä siemennyksien seurannassa. Hedelmällisyyttä arvioidaan kiimakierroksen toimivuuden, siemennyskauden pituuden, siemennysten määrän, kiiman voimakkuuden sekä laajemmin sonnien tyttärien hedelmällisyydellä (Aro ym. 2012, 66–70).

Lehmän terveyttä voidaan arvioida utareterveyden, sorkkaterveyden ja muiden hoitojen seurannalla. Käytännössä seuranta toteutetaan terveystarkkailun avulla. (Faba s. a. g.) Eläinten hoitomerkinnät tallennetaan joko eläinlääkärin, seminologin tai karjanomistajan toimesta tilalla käytössä olevaan tietokantaan. Tallennettuja tietoja on mahdollista hyödyntää edelleen ja esimerkiksi tarkastella koko karjan terveyttä sekä yhdistää terveyshuomiot yksittäisten eläinten muihin tietoihin. (Aro ym. 2012, 70.) Myös sorkanhoidon yhteydessä sorkkanhoitajan havaitsemat sekä korjaamat sorkkaongelmat on mahdollista kirjata tietokantaan (Aro ym. 2012, 82).

Jalostamalla rakennetta pyritään parantamaan lehmän ulkoisia ominaisuuksia, jotta lehmä olisi mahdollisimman kestävä. Rakenneominaisuudet on jaettu kolmeen pääosaan, runko-, jalka- ja utareominaisuuksiin, jotka sisältävät yhteensä 23 ominaisuutta. Näistä 23 ominaisuudesta 22 arvioidaan silmäämäärisesti. Arviointi suoritetaan asteikolla yhdestä yhdeksään. Takakorkeus on ominaisuuksista ainoa, joka mitataan senttimetreinä. Koosta arvioidaan rungon syvyys, rinnanleveys, lypsytyyppisyys, lantion leveys, lantion kulma, takakorkeus ja selkälinja. Jaloista taas arvioidaan takajalkojen asento takaa, kinnerlaatu, luuston laatu, kinner, vuohinen ja sorkkakulma. Vuohista ei kuitenkaan huomioida kokonaisjalkaindeksissä. Utareosioon kuuluu kymmenen kohtaa: etukiinnitys, etuvedinten pituus, vedinten paksuus, tasapaino, takakiinnityskorkeus, takakiinnitysleveys, muoto, keskiside, takavedinten sijainti ja etuvedinten sijainti. (Faba s. a. g.)

Käyttöominaisuuksilla tarkoitetaan lehmien poikima-, kestävyys-, vasikan elinvoima-, lypsettävyys-, vuoto- ja luonneominaisuuksia (Faba s. a. g.). Käyttöominaisuudet vaikuttavat jokapäiväiseen toimintaan, esimerkiksi lypsyn ja poikimisen onnistumiseen sekä lehmän käsittelyyn. Käyttöominaisuuksia jalostetaan, koska niillä pyritään helpottamaan päivittäisten toimintojen onnistumista tilalla. Jos lehmällä on vuototaipumusta, se sairastuu luultavammin utaretulehdukseen, jolloin sitä joudutaan lääkittämään, mikä lisää päivittäistä yrittäjien työaika. Vastaavasti lehmien seassa voi kulkea rauhallisin mielin, jos eläimet ovat luonteeltaan säyseitä. (Aro ym. 2012, 63–66.)

Tuotosominaisuudet ovat maidontuotannon kannalta niitä ominaisuuksia, joille saadaan suoraa rahallista vastinetta. Tuotosominaisuuksia arvioidaan koelypsyillä. Ominaisuuksiin kuuluvat maitotuotos, pitkämaitoisuus, maidon valkuaispitoisuus ja tuotos sekä maidon rasvapitoisuus ja tuotos. (Aro

ym. 2012, 52.) Lehmien tuotosominaisuuksien tavoitteena on, että lehmät lypsäisivät mahdollisimman korkeita valkuais- ja rasvapitoisuuksia (Faba s. a. g).

2.1.2 Kokonaisjalostusarvo

NTM (*Nordic Total Merit*) tarkoittaa Pohjoismaiden yhteistä kokonaisjalostusarvoa, joka lasketaan eläimen ominaisuuksien perusteella hyödyntäen yhdessä sovittuja painokertoimia (taulukko 1). Ominaisuuksien painokertoimet on määritetty niin, että yhteiseen jalostustavoitteeseen päästäisiin NAV-maissa, joita ovat Suomi, Ruotsi ja Tanska. (Faba s. a. e.) NTM-arvo ilmoitetaan yksittäisistä indekseistä poiketen siten, että keskiarvo on 0 (Aro ym. 2012, 88). Käytännön tasolla NTM-arvo kuvaa konkreettisesti lehmän ominaisuuksia esimerkiksi siten, että lehmä tuottaa 1,2 kiloa enemmän valkuaista lypsykaudellaan, jos sen valkuaisuutosisindeksi on pisteen parempi kuin keskiverto (Carlén ym. 2015).

NTM:ssä otetaan huomioon kaikki taloudellisesti tärkeät ominaisuudet. Kyseiset ominaisuudet ovat tuotos, hedelmällisyys- ja poikimaominaisuudet, terveys, rakenne sekä käyttöominaisuudet. Myös ominaisuuksien välisiä korrelaatioita on hyödynnetty NTM:n painotuksissa, sillä esimerkiksi useat rakenne- ja terveysominaisuudet korreloivat voimakkaasti kestävyuden kanssa. Kestävyyttä pyritäänkin parantamaan kohdistamalla painotus suoraan kestävyyttä lisääviin rakenne- ja terveysominaisuuksiin. Punaisilla roduilla, kuten ayrshirella ja holsteinilla, on erilaiset NTM painokertoimet, koska roduilla on erilaisia ominaisuuksia. (Aro ym. 2012, 87–88.) Holsteinilla painotetaan taulukon 1 mukaan esimerkiksi enemmän hedelmällisyyttä ja ayrshirella utarerakennetta.

TAULUKKO 1. NTM:n painokertoimet vuonna 2018 (NAV 2018.)

	Punaiset rodut	Holstein	Jersey
Tuotos	1.02 / 0.93*	0.90 / 0.81*	0.83 / 0.75*
Kasvu	0.10	0.08	0.00
Hedelmällisyys	0.36	0.36	0.26
Syntymäindeksi	0.11	0.14	0.04
Poikimaaindeksi	0.10	0.14	0.07
Utareterveys	0.26	0.30	0.44
Muut hoidot	0.11	0.14	0.14
Sorkkaterveys	0.07	0.10	0.04
Koko	0.00	0.00	0.00
Jalat	0.06	0.05	0.07
Utare	0.26	0.18	0.15
Lypsettävyys	0.11	0.09	0.09
Luonne	0.03	0.04	0.03
Kestävyys	0.06	0.06	0.09
Vasikan elinvoima	0.19	0.13	0.10

*paino sonneilla ja genomitestatuilla naarailla/ paino genomitestaamattomilla lehmillä (joilla omia tuotostietoja laskennassa mukana)

NTM-kokonaisjalostusarvon tarkoitus on helpottaa yksilöiden vertailua. NTM-arvoa tarkastelemalla saa kokonaiskäsityksen eläimen ominaisuuksista, sillä arvon laskennassa on huomioitu taloudelliselta

kannalta yhteensä noin 50 eri ominaisuutta lukemattomien muiden joukosta. Käytännössä NTM-arvoa käytetään tiloilla jalostussuunnittelun apuna. Aikaisemmin keinosiemennystoimintaan etsittiin NTM:n perusteella mahdollisia sonninemisiä sekä katsottiin, mitkä nuorsonnit mahdollisesti siirtyvät valiosonneiksi. (Aro ym. 2012, 88.) Nykyisin jalostuksessa käytetään genomitettuja tai jälkeläisarvosteltuja sonneja. Genomitettujen sonnien tietoja päivitetään niiden jälkeläisarvostelujen perusteella. (Tahvonen 2018-12-09.)

Hintasuhteiden, kuten eläinlääkintäkulujen ja maidon hinnoittelun, takia eri maiden kokonaisjalostusarvot eroavat huomattavasti toisistaan, jolloin parhaaseen jalostustulokseen ei päästä hyödyntämällä ulkomaisia jalostusarvoja (Carlén ym. 2015). Jalostusarvojen vertailukelvottomuus voi näkyä käytännössä esimerkiksi siten, että jos tila on käyttänyt ensin Semex Finland Oy:n palveluita ja siirtynyt sen jälkeen Faban asiakkaaksi, voivat eläinten perinnölliset ominaisuudet vaikuttaa huononevan aseteikon muuttuessa.

2.2 Keskeiset organisaatiot

Jotta haluttuihin jalostustavoitteisiin päästäisiin, on lypsykarjan jalostuksesta vastaamaan perustettu erilaisia organisaatioita. Nämä organisaatiot pyrkivät toiminnallaan edesauttamaan jalostamisen tavoitteellista toimintaa tilatasolta kansainväliselle tasolle saakka. Suomessa jalostointia vie omalta osaltaan eteenpäin Faba osuuskunta, joka on valtakunnallinen nautakarjan jalostuksen, lisääntymisen ja terveyden kehittämisen palveluita tuottajille tarjoava yritys. Yritys työllistää Suomessa yhteensä noin 370 henkilöä. Faba osallistuu kansainväliseen jalostusyhteistyöhön NAVin ja VikingGeneticsin osakkaana. (Faba s. a. b.)

Pohjoismaiden yhteinen lypsykarjan jalostukseen keskittyvä jalostusorganisaatio NAV, Nordisk Avls-værdi Vurdering (Nordic Cattle Genetic Evaluation) on perustettu vuonna 2002. Tällä hetkellä organisaatio toimii Tanskassa, Ruotsissa sekä Suomessa ja sen omistavat tanskalainen SegesGattle, ruotsalainen Växa Sverige ja suomalainen Faba. (NAV s. a. a.) Myös Norjan oma jalostusorganisaatio oli alun perin mukana NAVin perustamisessa ja toiminnassa. NAVin tavoitteena on edesauttaa yhteisten jalostustavoitteiden toteutumista ja kehittää apuvälineitä, jotta jalostaminen sekä eläinvalinta olisivat mahdollisimman tehokasta. NAVin jäsenmaiden yhteinen kokonaisjalostusarvo, NTM otettiin käyttöön vuonna 2008. Tämä on mahdollistanut nopean genomisen kehityksen ja jalostamisen edistymisen, sillä kaikki jäsenmaat pyrkivät samoihin tavoitteisiin. (Latva-Rasku 2017.)

VikingGenetics on suomalaisen Faba osuuskunnan, ruotsalaisen Växan ja tanskalaisen VikingDanmarkin omistama sementtuotantoa harjoittava jalostusyritys. VikingGeneticsin pääkonttori sijaitsee Tanskassa, Randersin kunnassa ja yrityksellä on yhteensä noin 180 työntekijää. Suomessa VikingGeneticsin toimipisteenä toimii Hollolan asema. VikingGeneticsillä on kaiken kaikkiaan noin 2 000 sonnia sonniasemilla Suomessa, Ruotsissa ja Tanskassa. Yritys markkinoi siemenannoksia kotimaan markkinoilla sekä vie siementä myös ulkomaille. (Akkanen 2016.)

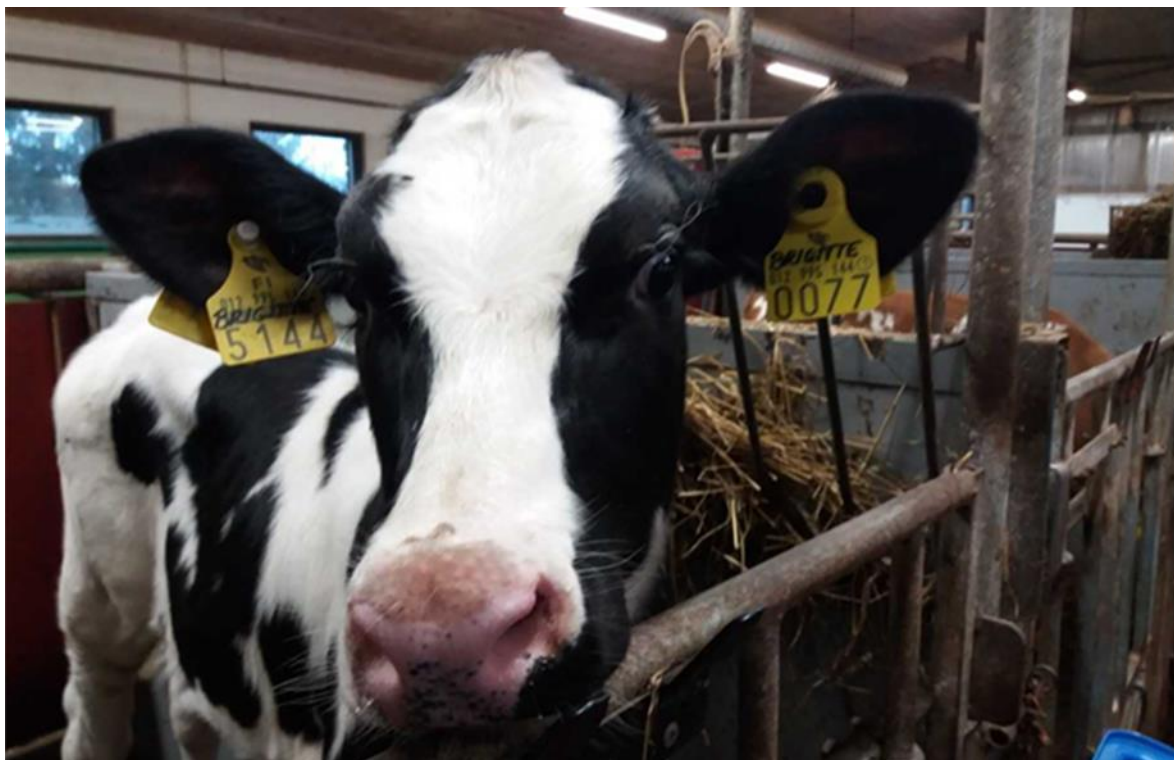
Interbull on Ruotsin Uppsalassa sijaitseva yritys, jonka tehtävänä on muuntaa jäsenmaiden jälkeläisarvostelut vertailukykyisiksi muiden maiden jälkeläisarvoisteluiden kanssa. Interbull julkaisee nämä vertailukelpoiset tuotos-, hedelmällisyys-, rakenne-, utare-, kestävyys ja käyttöominaisuus indeksit kolmesti vuodessa. (Faba s. a. c.) Interbullin kautta myös ulkomaisille sonneille on mahdollista saada NTM, joka määritetään yrityksen tekemän kansainvälisen lypsyrotusonnien vertailun avulla (Carlén ym. 2015).

Suomessa kanadalaista eläinainesta markkinoi ja maahantuo Semex Finland Oy. Yritys on Semex Alliancen jälleenmyyjä. Yritys myy sonnien spermaa ja alkioita sekä tarjoaa jalostusneuvontaa. Yrityksellä on yhteensä 17 työntekijää, joista 13 alue-edustajaa myy ja jakelee siemenannoksia tiloille. (Semex s. a. a.) Semexin kautta on mahdollista tilata myös genomitestejä. Semexin oma genomitesti määrittää karjan perinnöllistä immuunivastetta, ja yritys markkinoi immuunivasteen parantamiseen omia Immunity+ -sonnejaan. (Semex s. a. b.)

Suomessa on isoimpien yritysten lisäksi myös yksityisiä jalostus- ja keinosiemennyspalveluita tarjoavia yrityksiä. HH Embryo Oy on vuonna 2006 perustettu yksityinen keinosiemennysyritys, joka myy ja markkinoi genetiikkapalveluita. Yritys sijaitsee Lopella Huitin tilalla ja toimii kansainvälisten huippusonnien sperman sekä jalostustoiminnan välittäjänä Altan jälleenmyynnin kautta. (Huitin Holstein s. a. a.) Alta Genetics on suurin yksityisen omistajan omistama kansainvälinen jalostuspalveluita tarjoava yritys (Alta Genetics s. a. a).

3 GENOMITESTAUS

Genomitestaus on maitotiloilla tehtävä toimenpide, jolla pyritään määrittämään lehmävasikoiden tulevia tuotantovaiheen ominaisuuksia. Jalostuseläinten tuotannossa genomitestauksella pyritään selvittämään jalostukseen valittavien yksilöiden ominaisuuksia. Genomitesti voidaan tehdä ottamalla testattavasta yksilöstä veri-, karva-, sierainlima-, kudosa- tai spermanäyte. Maitotiloilla yleisimmin käytettyjä menetelmiä ovat veri- ja kudosa- näyte. Testin lopputuotoksena saadaan genomi-indeksit, jotka kertovat, mitä geenejä yksilö jättää jälkipolville. (Faba s. a. a.)



KUVA 3. Genomitestattu vasikka (Ukkonen 2018-11-09.)

Vasikan genomitestin tuloksen (liite 2) voi saada jo vasikan (kuva 3) ollessa 3 kuukauden ikäinen, jos testi tehdään vasikasta heti sen syntymän jälkeen. Genomitestien tulosten perusteella tilalla voidaan suunnitella hiehoille sopivat parituskumppanit ominaisuuksien mukaan, jolloin koko karjan jalostuksessa päästään nopeisiin tuloksiin. (Taurén 2017.) Genomitestaus mahdollistaakin tilan tuotannon ja eläinten tuotoksen optimoinnin auttamalla eläinaineksen karsinnassa ja jalostuksen strategisessa suunnittelussa (Zoetis s. a. a). Genomitestausta voidaan tiloilla hyödyntää siten, että testin perusteella parhaat lehmävasikat valitaan uudistuseläinten tuottamiseen ja muutamat parhaista alkiohuuhteluun. Genomitestin käytöllä on mahdollista aikaistaa eläinten valintaa, mikä tehostaa karjan perinnöllistä edistymistä verrattuna tavanomaiseen jalostukseen, sillä aikainen valinta vähentää sukupolvien välistä aikaa (Faba s. a. a). Genomitestin avulla saatavien tuottojen määrä on vähäinen kustannuksiin verrattuna, minkä takia maitotiloille suositellaan, että kaikki lypsyrotuiset lehmävasikat testattaisiin, jotta hiehot (kuva 4) saataisiin siemennettyä mahdollisimman hyvällä sonnilla (Faba s. a. a).



KUVA 4. Genomitestattuja hiehoja (Ukkonen 2018-11-09.)

Ennen genomitestauksen mahdollisuutta jalostukseen valittavat sonnit valikoitiin niiden papereiden sekä suvun mielenkiintoisuuden avulla. Tieto sonnin todellisesta perimästä saatiin vasta sen tyttärien alkaessa lypsää noin viiden vuoden päästä. Nykyään tiedon sonnin soveltuvuudesta jalostukseen saa genomitestin tuloksen saapuessa, ja genomiarvo on joko hyväksytty tai hylätty. (Itkonen 2014.)

Genomitestauksen suosio on kasvanut, koska genomitestattu hieho saa testin tuloksena arvion perimästään indekseinä, joihin kuuluvat genomi-NTM sekä 39 muuta eri ominaisuutta, kuten tuotos-, terveys-, käyttö- ja rakenneominaisuudet. Genomitestaamattoman hiehon perimästä tiedossa on taas ainoastaan sen emän ja isän kokonaisjalostusarvon keskiarvo, odotusarvo (liite 1). (Taurén 2017.) Genomitestaus otettiin käyttöön isommassa mittakaavassa vuonna 2012, jolloin syntyneet lehmät muodostavat ensimmäisen suuren genomitestatun ikäluokan. Laajentunut käyttö oli mahdollista genomitestin hinnan vähenemisen myötä, kun Faba ja VikingGenetics alkoivat tukea genomitestausta LD-projektin avulla. (Pösö 2017.) Ilman LD-projektiin osallistumista genomitestin teettäminen maksaa yhtä testiä kohden arvonlisävero huomioiden kudosnäytteestä 33,60 euroa ja veri- sekä karvanäytteestä 36,08 euroa (Faba s. a. f.).

Genomimäärittelyn yleisyyttä pohjoissavolaisilla maitotiloilla on aikaisemmin tutkittu kyselytutkimuksella. Kyselytutkimus kuului osaksi opinnäytetyötä Liharotusiemennykset ja genomitestaus pohjoissavolaisilla lypsykarjatililla. Genomimäärittelyn yleisyyttä oli tarkasteltu tutkimuksen tuloksissa vuosilta 2009–2011. (Partanen 2012.)

3.1 Genomitesti

Verinäyte otetaan genomitestiä varten yksilöstä perinteisesti neulalla veriputkeen tai näytekortille. Genomitestin tekemistä on saatu helpotettua ottamalla käyttöön DNA-korvamerkit (kuva 5), joilla tarvittava näyte otetaan korvamerkkien laitton yhteydessä. Merkit saa tilattua eri ohjelmilla, kuten Minun Maatilani -ohjelmalla, tai nautarekisterin asiakaspalvelusta. DNA-merkkien kiinnitykseen tilalla tarvitaan tarkoitukseen sopivat DNA-merkkipihdit. (Faba s. a. a.) Eviran hyväksymän virallisen DNA-merkin hinta yhdessä tavallisen apumerkin kanssa on Faban kautta tilattaessa yhteensä neljä euroa ja eMerkin kanssa kuusi euroa (Faba s. a. i).



KUVA 5. A-Rehun ja FABA:n DNA-korvamerkit (Riekkinen 2018-10-13.)

Genomitestin pystyy tilaamaan Minun Maatilani -palvelusta, jonka osaksi tilausjärjestelmä on siirtynyt. Ohjelman kautta tilataan haluttu näytetyyppi, kuten esimerkiksi DNA-korvamerkit, jotka sitten näytteen oton jälkeen postitetaan analysoitaviksi. (Faba s. a. a.) Tilauksen on voinut tehdä Minun Maatilani -ohjelmalla 14.6.2015 alkaen (Faba s. a. i). Näytteenottajan vastuulla on tarkastaa eläimen syntymätunnus, korvanumero ja nimi ennen näytteenottoa. Kaikki tunnistetiedot tulee merkitä selkeällä käsialalla myös näytteeseen. (Faba s. a. h.)

3.2 Genomi-indeksit

Genomitestin tuloksessa (liite 2) vasikoille on laskettu yhteensä 38 genomi-indeksiä NTM-arvon lisäksi. Genomi-indeksien avulla on mahdollista nähdä, millaisia ominaisuuksia testattu vasikka todennäköisesti jättää omille jälkeläisilleen (Faba s. a. a). Genomitestin perusteella vasikalle määritetään

genominen jalostusarvo ja arvoa päivitetään myöhemmin eläimen polveutumistietojen sekä erilaisen tuotokseen siirtymisen jälkeen kerättyjen tietojen, kuten tuotoksen ja hedelmällisyyden mukaan (Aro ym. 2012, 45).

Rakenneominaisuuksia havainnollistetaan yhdistelmäindekseillä, jotka lasketaan utereelle, rungolle ja jaloille. Yhdistelmäindeksit standardoidaan niin, että keskiarvo vertailuryhmällä on 100 ja hajonta 10. Tuotosindekseissä indeksipisteet vaikuttavat suoraan lehmän maitotuotokseen, sillä esimerkiksi ayrshirellä 10 indeksipisteen nousu vaikuttaa maitotuotokseen positiivisesti 586 kilon verran. (Aro ym. 2012, 58-62.)

Genomitestin tulokset tulevat testin valmistuttua Faban palveluiden kautta, jonne pääsee Faban verkkosivujen kautta. Tulokset on koottu taulukkoon (liite 2), jossa jokaisen genomitestatun vasikan tai hiehon nimen alla ovat eläimen genomien perusteella lasketut ominaisuudet. Jokaisen ominaisuuden indeksi on joko kaksi- tai kolmenumeroinen, riippuen siitä, onko yksilön ominaisuus yli vai alle keskiarvon, joka on jokaisella ominaisuudella sama, sata. Esimerkiksi liitteessä 1 vasikan Pluto kohdasta nähdään, että yksilön genomi NTM on 8 ja ominaisuuksista tuotos 106, koko 105, kokonaistarerakenne 104 sekä utareen etukiinnitys 99. Eläimestä voidaan näiden ominaisuuksien pisteytysten perusteella todeta, että ominaisuudet ovat keskiarvoa hieman paremmat, ainoastaan utareen etukiinnitys on hieman alle 100. Vastaavasti liitteessä Palsami-vasikan kohdalla vastaavat luvut ovat genomi-NTM -10, tuotos 93, koko 115, utarerakenne 101 ja etukiinnitys 112. Palsamilla ominaisuudet ovat kokonaisuudessaan selkeästi Plutoa huonommat, mikä pudottaakin kokonaisjalostusarvon genomista arviota miinukselle. Kokonaisjalostusarvo on todennäköisesti miinusmerkkinen, jos suurin osa ominaisuuksien indekseistä on alle sata.

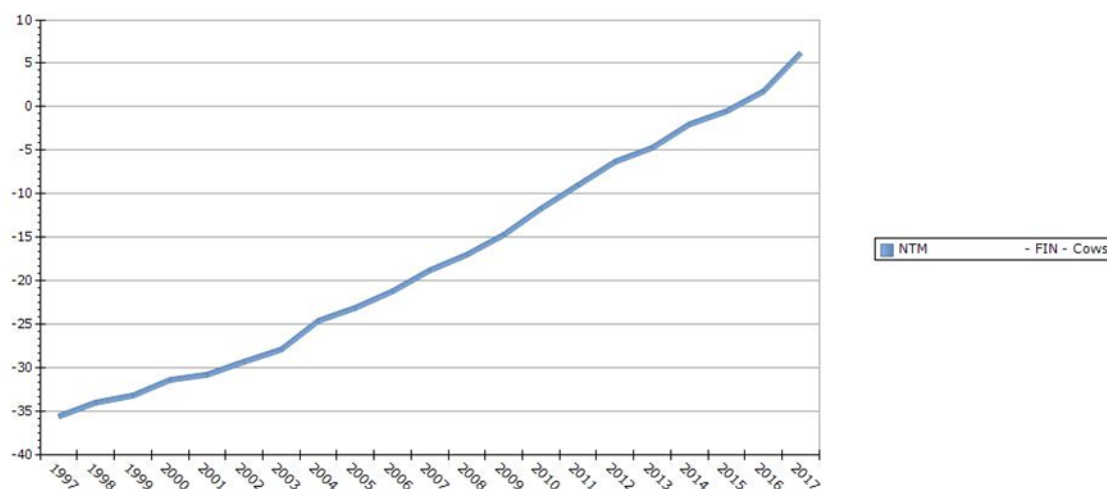
3.3 Genominen valinta

Genomisella valinnalla tarkoitetaan lypsykarjan jalostuksessa eläinyksilöiden valintaa genomien perusteella. Genomista valintaa tehdään DNA-rihman emäsjärjestykseen perustuen, koska emäsjärjestys ei ole kaikilla yksilöillä sama. Naudalla genomissa on yhteensä noin 3 miljardia emäsparia, joista arviolta vain 5 prosenttia kuuluu elintoimintoja ohjaaviin geeneihin. Eläinten valintaa tehdään yksittäisten emäsparien muuntelukohtien, SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*), etsinnällä, joka on mahdollista suorittaa erilaisilla lastuilla, kuten 3K- ja 54K-lastuilla. Esimerkiksi pienimmän 3K-lastun etumerkintä tarkoittaa, että lastulla on mahdollista määrittää 3 000 emästä saman aikaisesti. HD-lastulla (*high density*) vastaava määrä on 800 000. Koko genomien sekvensoinnilla on mahdollista määrittää kaikki 3 miljardia emästä, mutta se on vielä hidasta ja kallista. Ensimmäinen genomitietoon pohjautuva valintamenetelmä otettiin käyttöön vuonna 2008. (Aro ym. 2012, 43–45.)

Genomisella valinnalla on mahdollista nopeuttaa karjan perinnöllistä edistymistä. Testaamalla nuoret yksilöt saadaan aiempaa tarkempaa tietoa niiden perimästä ja samalla lyhennetään sukupolvien väliä hyödyntämällä genomista tietoa jalostuksen suunnittelussa. Jalostukseen valittavien eläinten valintaa on myös mahdollista kiristää rajaamalla seuraavan sukupolven vanhemmat genomitestausten avulla. (Scheffers ja Weigel 2012.)

3.4 Perinnöllinen edistyminen

Nautojen perinnöllistä edistymistä kuvataan trendeillä, joista nähdään kunkin rodun kehitys ja se, mihin suuntaan jokaisen ominaisuuden osalta ollaan menossa (kuvio 1). Trendi on ikäluokan joko sonnien tai lehmien indeksien keskiarvo. Trendien perusteella ei voida verrata rotujen välisiä tasoeroja, sillä indeksit standardoidaan rotukohtaisesti. Indeksien standardointi tehdään roduttain niin, että luku 100 on 3–5 vuotta aikaisemmin syntyneiden lehmien keskiarvo. (Nav s. a. b.) Vastavasti niiden ominaisuuksien osalta, jotka lasketaan isämallilla, vertailuryhmä koostuu 7–9 vuotta aikaisemmin syntyneiden sonnien indeksien keskiarvosta (Faba s. a. j).



KUVIO 1. NTM-trendi suomalaisilla holstein-lehmillä (Sweebv 2018).

Perinnöllinen edistyminen vuodessa on nopeampaa, mitä lyhyempi sukupolvien välinen aika on. Sukupolvien välisellä ajalla tarkoitetaan vanhempien keskimääräistä ikää, kun ne saavat jälkeläisiä. Seuraavan sukupolven valinnan ankaruudella tarkoitetaan sitä, kuinka tarkasti hiehoista sekä lehmistä valitaan uudistuseläimiä tuottavat yksilöt. Kun parhaimmat yksilöt tuottavat uudistustarpeen vaatiman määrän vasikoita, voidaan perinnöllisesti heikoimmat eläimet karsia pois jalostuksen piiristä. (Aro ym. 2012, 40–42.) Perinnöllinen edistyminen lasketaan kuvion 2 mukaan. Perinnöllinen edistyminen saadaan määritettyä, kun yksilöiden arvosteluvarmuuden, valinnan ankaruuden ja perinnöllisen hajonnan tulo jaetaan sukupolvien välisellä ajalla (Aro ym. 2012, 42).

$$\text{Perinnöllinen edistyminen} = \frac{\text{Arvosteluvarmuus} \times \text{Valinnan ankaruus} \times \text{Perinnöllinen hajonta}}{\text{Sukupolvien välinen aika}}$$

KUVIO 2. Perinnöllisen edistymisen laskentakaava (Aro ym. 2012, 42).

4 KYSELYTUTKIMUS

Opinnäytetyön tarkoitus oli pohtia genomitestauksen hyödyntämistä ja selvittää, kuinka paljon maitotilalliset hyödyntävät genomitestaamista ja genomista valintaa tilallaan. Tähän tavoitteeseen hankittiin tietoa kyselytutkimuksen avulla, joka toteutettiin Webropol-ohjelmalla maitotilallisille. Kyselytutkimuksen avulla selvitettiin genomitestauksen ja genomisen valinnan hyödyntämistä tilatasolla. Tarkoitus oli myös selvittää, mitkä osa-alueet, kuten yrittäjien koulutustausta tai tilan karjakoko vaikuttavat tilan halukkuuteen hyödyntää genomitestausta karjansa jalostuksen apuvälineenä.

Jotta kyselyyn oli mahdollista saada paljon vastauksia, kyselytutkimus lähetettiin maitovyöalueelle. Maitovyön alue ulottuu koko Suomen läpi Pohjanmaalta Pohjois-Savoon ja Karjalaan. Alue päätettiin valita, koska siellä tuotetaan suurin osa kotimaisesta maidosta (Luke s. a. a), jolloin myös kohderyhmään kuuluvia maitotiloja oli paljon.

4.1 Tutkimuksen tavoite

Kyselytutkimuksen tavoite oli selvittää syitä genomitestauksen hyödyntämiseen ja siihen, miksi jotkut tilat eivät koe genomitestauksen hyötyjä riittäviksi hyödyntääkseen menetelmää. Kartoittamalla maitotilallisten kokemuksia ja ajatuksia genomitestaamisen hyödyntämisestä tavoitteena oli saada ajankohtaista tietoa ja syitä menetelmän hyödyntämiseen tai hyödyntämättömyyteen esille.

Kyselytutkimuksella pyrittiin numeerisen tiedon keräämiseen, sillä kyselytutkimukseen saaduista vastauksista oli tarkoitus piirtää graafeja. Koska kvantitatiivisella kyselytutkimuksella pyritään keräämään numeerista tietoa, kysymykset toteutettiin niin, että avoimia kvalitatiivisen menetelmän laadullisia kysymyksiä oli vähän. Kyselytutkimus oli määrällinen tilastollinen tutkimus ja tutkimuksen onnistumisen takia oli tärkeää, että kyselyyn saatiin riittävästi (>30) vastauksia. Kun vastauksia saadaan tarpeeksi, saadusta aineistosta on mahdollista selvittää muuttujien välisiä riippuvuuksia. (Heikkilä 2008, 16–17.)

4.2 Kyselytutkimuksen eettisyys ja luotettavuus

Tieteelliselle tutkimukselle on asetettu vaatimuksia, joita tutkimusta tekevän on noudatettava, jotta tutkimus on eettisesti hyväksyttävä. Vaatimuksiin kuuluu, että toisten tai itsensä aikaisemmin tekemiä tutkimuksia tai tekstejä ei saa kopioida, tulokset ja käytetyt menetelmät raportoidaan huolellisesti, toiset työhön osalliset mainitaan sekä tarvittavat tutkimuksen tekemiseen myönnettyt rahat käytetään oikein. Myös aineiston keräämiseen, tutkimustulosten käsittelyyn ja arkistointiin liittyy eettisiä kysymyksiä. (Hirsjärvi, Remes ja Sajavaara 2014, 23–27.) Muita tutkimuksen perusvaatimuksia ovat tutkimuksen puolueettomuus, tehokkuus, avoimuus ja hyödyllisyys (Heikkilä 2008, 29–32). Opinnäytetyön kannalta noudatettiin raportointiin liittyviä eettisiä ohjeita ja raportointi tehtiin mahdollisimman huolellisesti, jotta virheitä välttyttiin.

Kyselytutkimuksen osalta eettisiä huomioita tehtiin kyselyn koostamisen ja vastausten analysoinnin yhteydessä. Kyselyn piti olla sellainen, että vastaajat pysyvät anonyymeinä, eikä yksittäisiä vastauksia käsitellä, jotta vastauksista saadaan laaja koko vastaajajoukkoa tai osajoukkoa kuvaava kokonaisuus. Kyselyssä kysyttiin vastaajien yhteystietoja, jotta Faban tarjoamien genomitestien arvonta oli mahdollista suorittaa kyselyyn vastanneiden kesken. Yhteystietoja ei kuitenkaan käytetty muihin tarkoituksiin. Yksittäisten vastausten tarkastelua piti myös välttää, jotta mahdolliset huomiot sekä taulukoinnin päätelmät, joita tarkasteltiin lähemmin, olivat oikeita eivätkä tekaistuja. Kyselytutkimuksen tulokset raportoitiin ja perusteltiin hyvin, jotta päätelmien oikeellisuus oli todistettavasti myös osa opinnäytetyötä.

Tutkimuksen luotettavuus, reliabelius, tarkoittaa sitä, että tutkimus on mahdollista toistaa ja että tutkimuksella saadaan joka kerralla samanlaisia tuloksia (Hirsjärvi ym. 2014, 231). Opinnäytetyössä luotettavuus huomioitiin siten, että tutkimus ja sillä saadut tulokset raportoitiin mahdollisimman tarkasti, jotta tutkimus on tarvittaessa mahdollista toistaa. Luotettavuutta opinnäytetyössä lisää myös omien päätelmien perusteleminen sekä havaintojen esittäminen.

Tutkimuksen luotettavuutta on myös mahdollista arvioida tutkimuksen pätevyyden, validius, perusteella. Pätevyydellä tarkoitetaan tutkimuksessa sitä, että tutkimusmenetelmä on valittu niin, että sillä saadaan mitattua tarkasti sitä mitä on tarkoitus mitata. Tutkimuksen pätevyyttä pohdittiin erityisesti kyselytutkimuksen kysymyksien ohessa, jotta sekä tutkija että vastaaja ymmärtävät kysymykset samalla tavalla. (Hirsjärvi ym. 2014, 231–232.) Koska kyselytutkimus tehtiin maidontuottajille, kyselyssä käytettiin ammattisanastoon liittyviä termejä, mutta kuitenkin niin, että kysymykset olivat selkeitä. Kysymyksien muotoilu oli myös tärkeää, jotta myöhemmin vastausten taulukoinnissa ja analysoinnissa oli mahdollista tehdä selviä johtopäätöksiä tuloksista. Opinnäytetyön luotettavuutta lisäsivät opinnäytetyön ohjaajat Fabalta ja Savonialta, jotka auttoivat muun muassa kyselytutkimuksen validien kysymysten kanssa.

4.3 Kyselytutkimuksen toteutus

Maitotilallisille suunnattu kyselytutkimus (liite 4) toteutettiin Webropol -ohjelmalla. Tutkimuksen suunnittelu aloitettiin joulukuussa 2018. Tutkimukseen sisällytettiin sekä tausta- että tutkimuskysymyksiä. Koska kyselytutkimuksella pyrittiin selvittämään maidontuottajien kokemuksia genomitestauksen hyödyntämisestä, kysymyksiin annetut vastausvaihtoehdot pohdittiin tarkkaan, jotta vastaukset olisi mahdollista saada vastausten analyointivaiheessa numeeriseen muotoon.

Kyselyn taustakysymyksissä päätettiin kysyä tilan sijaintimaakuntaa, karjakokoa ja tehdäänkö tilalla jalostussuunnitelmaa. Tilan nimeä tai muuta tietoa, jonka perusteella tila olisi ollut mahdollista tunnistaa muiden joukosta, ei kysytty. Taustakysymyksien avulla pyrittiin siihen, että vastaajia olisi mahdollista luokitella ja tarkastella alueellisesti sekä koon että jalostussuunnitelman mukaan. Taustakysymysten avulla haluttiin myös havainnoida, olisiko jollakin taustakysymyksellä vaikutusta tutkimuskysymysten vastauksiin.

Varsinaiset tutkimuskysymykset koostettiin kysymyksistä, jotka liittyivät tilan karjan jalostamiseen ja erilaisten menetelmien hyödyntämiseen jalostuksen apuvälineenä. Tutkimuskysymyksistä tehtiin monivalintakysymyksiä, jotta kyselyyn oli helppo vastata. Joissakin kysymyksissä viimeinen vastausvaihtoehto sisälsi avoimen vastauksen ruudun, johon vastaajan oli mahdollista kirjoittaa vastaus itse, jos muista vastausvaihtoehdoista ei löytynyt sopivaa.

Kysely koostui lopulta yhteensä 21 kysymyksestä, joista kuusi ensimmäistä olivat taustakysymyksiä ja loput varsinaisia tutkimuskysymyksiä. Taustakysymyksiksi valikoituivat kysymykset tilan lypsykarjanavetan mallista, sijainnista, karjakoosta, yrittäjien koulutustaustasta, tehdäänkö tilalla jalostussuunnitelmaa vai ei ja kuka jalostussuunnitelman tekee. Kyselyn tutkimuskysymykset taas käsittelivät tilojen hyödyntämiä jalostuspalveluita, genomitestausta ja Faban tarjoamien palveluiden toimivuutta. Osa tutkimuskysymyksistä avasi lisää kysymyksiä tai vastaavasti vähensi kysymyksien määrää poissulkemalla tietyn vastauksen perusteella seuraavia kysymyksiä.

Tutkimuskysymyksistä kysymys 7 käsitteli muiden jalostuspalveluiden hyödyntämistä tilalla. Kysymykset 8-12 käsittelivät genomitestausten hyödyntämistä sekä syitä, miksi tilat hyödyntävät testejä tiloillaan. Kysymykset 13-17 keskittyivät Faban tarjoamien genomitestaamiseen liittyvien palveluiden, kuten Minun Maatilani ja genomitestien testien tulosten, lukemisen toimivuuteen. Kysymyksissä 18-19 selvitettiin syitä, miksi genomitestausta ei hyödynnetä ja mikä olisi tiloille sopiva genomitestin hinta, jotta tila alkaisi hyödyntää genomitestausta. Kysely suunniteltiin niin, että jos tilalla ei hyödynnetä genomitestausta eli vastaaja vastaa kysymykseen 8 ”Ei”, kyselyn seuraava kysymys on kysymys 18.

Kyselyä testattiin yhdessä toimeksiantajan kanssa vielä ennen kyselyn lähettämistä, jotta pystyttiin varmistamaan kyselyyn lisätyjen ohjaavien toimintojen toimivuus. Toimeksiantajan toiveen myötä kyselytutkimuksen loppuun lisättiin vapaan sanan avoin vastausruutu, jotta toimeksiantajan oli mahdollista kerätä palautetta asiakkailtaan ja kehittää toimintaansa myös muiden kuin kyselyssä huomioitujen osa-alueiden osalta. Kyselyn loppuun lisättiin yhteystietokohta, johon yhteystietonsa jättäneiden kesken arvottiin kyselyn sulkemisen jälkeen kolme Faban tarjoamaa genomitestiä.

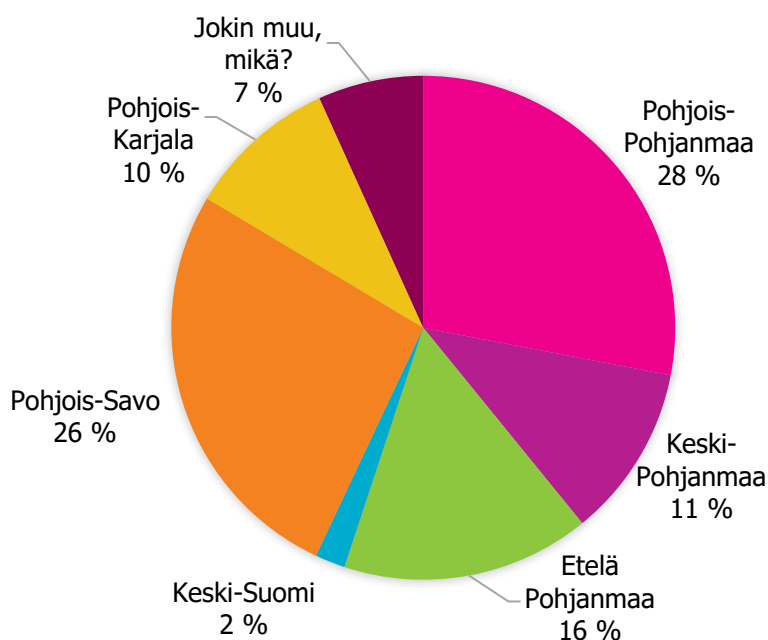
Kyselystä haluttiin tehdä mahdollisimman helppo ja nopeasti täytettävä, jotta tilallisilta ei menisi kauaa kyselyn tekemiseen. Muita keinoja, joilla pyrittiin tarpeeksi suureen vastaajamäärään, olivat vastaajien kesken arvottava palkinto, saatekirje ja saatekirjeen mukana lähetettävä linkki kyselyyn. Saatekirjeessä (liite 3) kerrottiin tuottajille, miksi kysely on toteutettu ja miksi juuri heidän kannattaisi vastata kyselyyn. Koska kyselyyn oli linkin kautta mahdollista vastata millä tahansa laitteella, jolla pääsee internetiin, ei paperisten kyselylomakkeiden lähettämistä harkittu.

Kysely lähetettiin vastattavaksi Faban kautta 16.1.2019 sähköpostitse Faban tarjoamia jalostuspalveluita käyttäville tiloille. Sähköposti lähti yhteensä 2 485 sähköpostiosoitteeseen. Kysely oli vastattavana tammikuun loppuun asti eli yhteensä 16 päivän ajan. Vastauksia kertyi jo ensimmäisenä päivänä 109 kappaletta ja tammikuun loppuun mennessä vastauksia saatiin yhteensä 207. Kyselyn vastausprosentti oli 8,3 prosenttia.

5 KYSELYTUTKIMUKSEN TULOKSET

Tutkimukseen saatiin yhteensä 207 vastausta. Tuloksissa vastaajia käsiteltiin prosenttiosuuksien mukaan vastaajien määrän takia. Joidenkin kysymysten osalta havainnollistus tehtiin vastausten määrän perusteella, koska näissä kysymyksissä vastausvaihtoehtoja pystyi valitsemaan useita.

Vastaajien tiloista suurin osa (kuvio 3) sijaitsi Pohjois-Pohjanmaalla (28 prosenttia) ja Pohjois-Savossa (26 prosenttia). Kaikista kyselyyn vastanneista Keski-Pohjanmaalta kyselyyn vastasi 11 prosenttia, Etelä-Pohjanmaalta 16 prosenttia, Keski-Suomesta 2 prosenttia, Pohjois-Karjalasta 10 prosenttia ja jostain muualta 7 prosenttia. Jostain muualta -kohdan avoimessa ruudussa suurin osa oli kirjannut sijainniksi Kainuun alueen. Vastaajien maitotiloista 41 prosentilla oli robottipihatto, 33 prosentilla parsinavetta, 25 prosentilla asemapihatto ja yhdellä prosentilla jokin muu, kuten esimerkiksi sekä robotti- että asemapihatto.

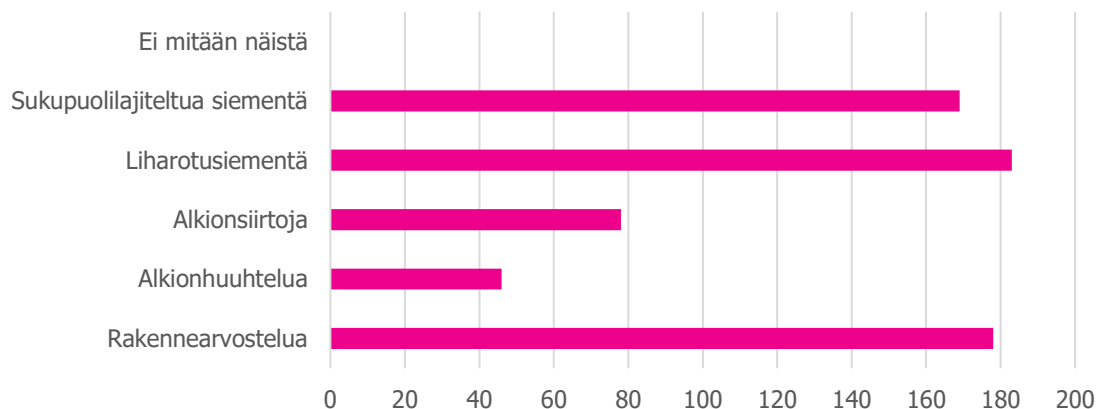


KUVIO 3. Vastanneiden tilojen sijainti maakunnittain (n=207).

Tilan karjakokoa kyselytutkimuksessa kysyttiin Faban tuottajaluokituksen mukaisen jaottelun mukaan. Vastanneista alle 35 lehmää oli 5 prosentilla, 35-48 lehmää 26 prosentilla, 48-70 lehmää 43 prosentilla, 70-135 lehmää 20 prosentilla ja yli 135 kuudella prosentilla. Suurimmalla osalla kyselyyn vastanneiden tilojen yrittäjistä oli maatalousalan koulutus: maatalousalan perustutkinto 112 vastaajalla, agrologin ammattikorkeakoulututkinto 86:lla ja agronomin yliopistotutkinto 5:llä. Kysymyksen vaihtoehtoista pystyi valitsemaan useamman kuin yhden vaihtoehdon, joten tämän kysymyksen vastauksia ei voitu käsitellä prosentteina.

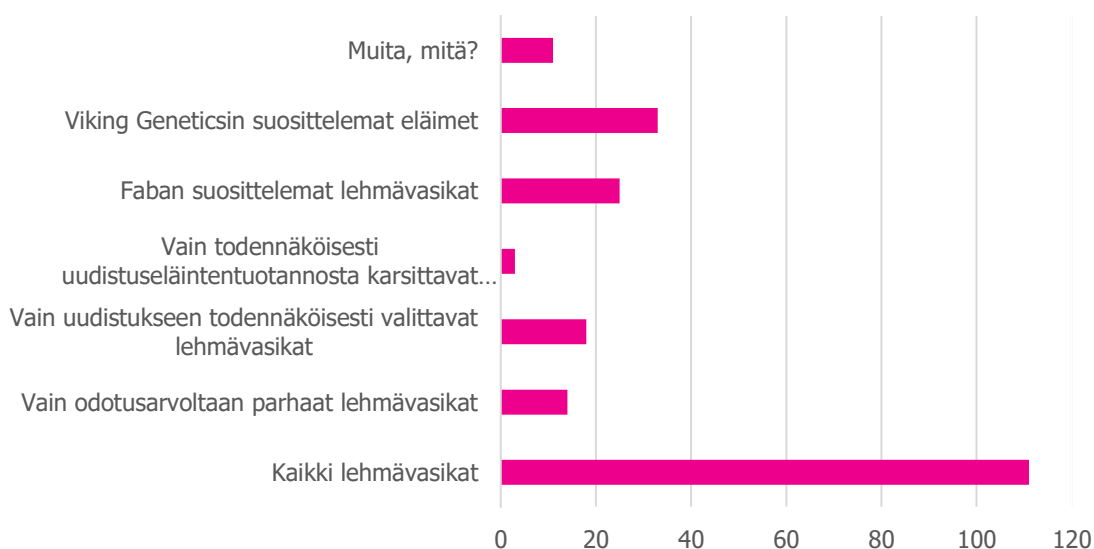
Vastaajien tiloilla jalostussuunnitelma tehtiin 93 prosentilla tiloista (193 tilaa). Jalostussuunnitelmista suurimman vastanneille tiloille teki Faba (149 tilaa), mutta vastaajissa oli myös muiden toimijoiden jalostussuunnitelma palvelua käyttäviä tiloja. Semex teki jalostussuunnitelman vastaajista 27:lle, HH Embryo Oy 5:lle ja jokin muu toimija 18 tilalle. Joitakin muita toimijoita käyttävistä tiloista suurin osa

ilmoitti tekevänsä jalostussuunnitelman itse. Koska kysymykseen vastasi 193 tilaa ja vastauksia kysymykseen saatiin 199, osa vastanneista tiloista hyödyntää useamman yrityksen jalostussuunnittelu-palveluita. Kaikilla kyselyyn vastanneilla tiloilla hyödynnettiin yhtä tai useampaa muuta jalostuspalvelua (kuvio 4) jalostussuunnitelman lisäksi. Jalostussuunnitelman tekeminen ei vaikuttanut muiden jalostuspalveluiden hyödyntämisen vastauksiin, vaikka palveluntarjoaja ei tehnyt varsinaista jalostussuunnitelmaa tilalla.



KUVIO 4. Vastanneiden tilojen muiden jalostuspalveluiden käyttö

Vastaajista 78 prosenttia vastasi, että tilalla hyödynnetään genomitestausta. Genomitestaavista tiloista (n=161) kaikki lehmävasikat testasi yhteensä 111 tilaa. Muita genomitestattavien eläintenvälintamenetelmiä hyödynnettiin vastanneiden kesken selvästi vähemmän ja eri vaihtoehtoja käytettiin tällöin useampia, koska kohtaan tuli vastauksia yhteensä 215 (kuvio 5).



KUVIO 5. Eläimet, jotka vastanneilla tiloilla genomitestataan (n=215).

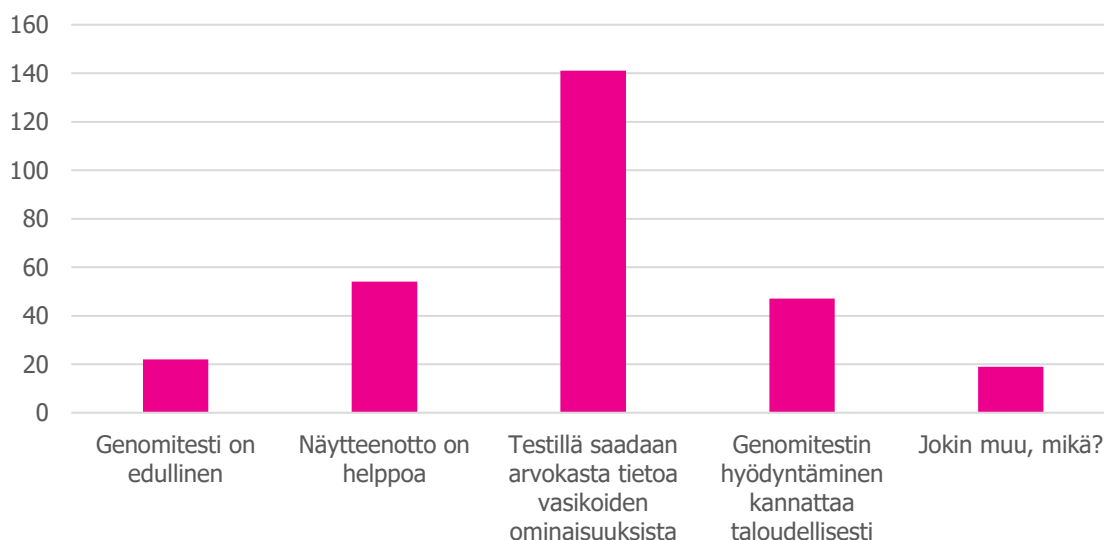
Genomitestaavilla tiloilla genomitestien tekemiseen tarvittavat näytteet otettiin (vastausten määrä=n=187) suurimmalla osalla tiloista DNA-korvamerkeillä (n=109). Muita käytettyjä näytteenotto menetelmiä olivat verinäyte (n=17), TEGO-verinäyte (n=48) ja karvanäyte (n=13). Genomites-taavista tiloista GenVik-projektiin (entinen LD-projekti) kuului 34 prosenttia eli kaiken kaikkiaan 55

tilaa. Tilojen määrästä voidaan päätellä, että myös muut kuin GenVik-projektiin kuuluvat tilat testaavat kaikki lehmävasikat, koska kaikista genomitestaavista tiloista kaikki lehmävasikat testasi 111 tilaa. GenVik-projektiin kuulumattomia tiloja (kuvio 6) oli kyselyyn vastanneissa yhteensä 106 ja näistä tiloista kaikki lehmävasikat vastausten perusteella testaa 58 tilaa (noin 56 prosenttia).



KUVIO 6. GenVik-projektiin kuulumattomien tilojen genomitestaamat eläimet (n=144).

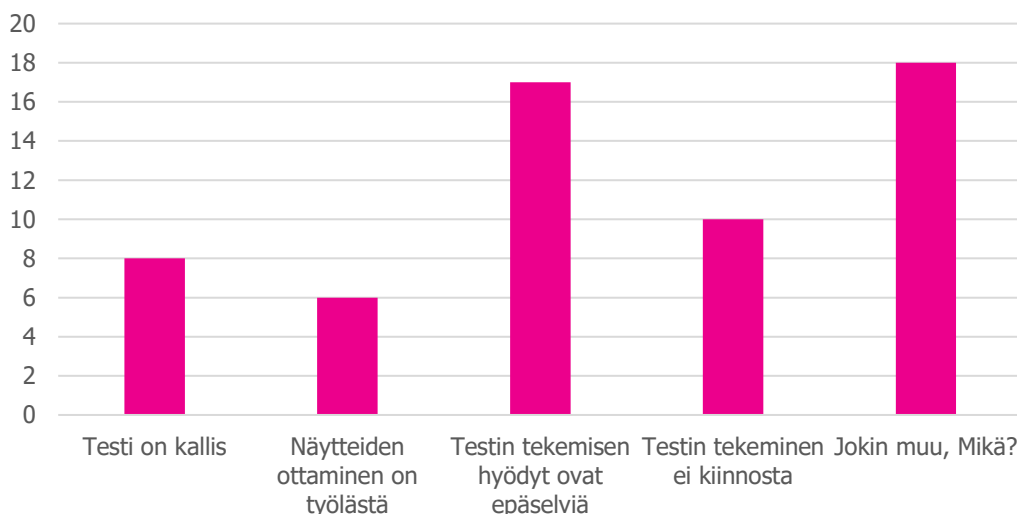
Suurin osa genomitestausta hyödyntävistä tiloista vastasi genomitestaamisen syyksi (kuvio 7) (n=283), että testillä saadaan arvokasta tietoa vasikoiden ominaisuuksista (n=141). Näytteenottoa piti helppona 54 vastaajaa, ja taloudelliselta kannalta hyödyntämistä kannatti 47 vastaajaa. Genomitestiä edullisena piti vastaajista yhteensä 22. Joitain muita syitä genomitestaamisen hyödyntämiseen (n=19) olivat eläinaineksen karsinta ja kiinnostus vasikoiden ominaisuuksista. Genomitestistä saatavien tulosten lukemista ja etsimistä Faban verkkosivuilta piti helppona 78 prosenttia ja hankalana 16 prosenttia. Jotain muuta -kohtaan vastanneet eivät esimerkiksi osanneet sanoa vastausta tai tarvitsivat tietoja harvoin.



KUVIO 7. Syyt, miksi vastanneet tilat hyödyntävät genomitestausta (n=283).

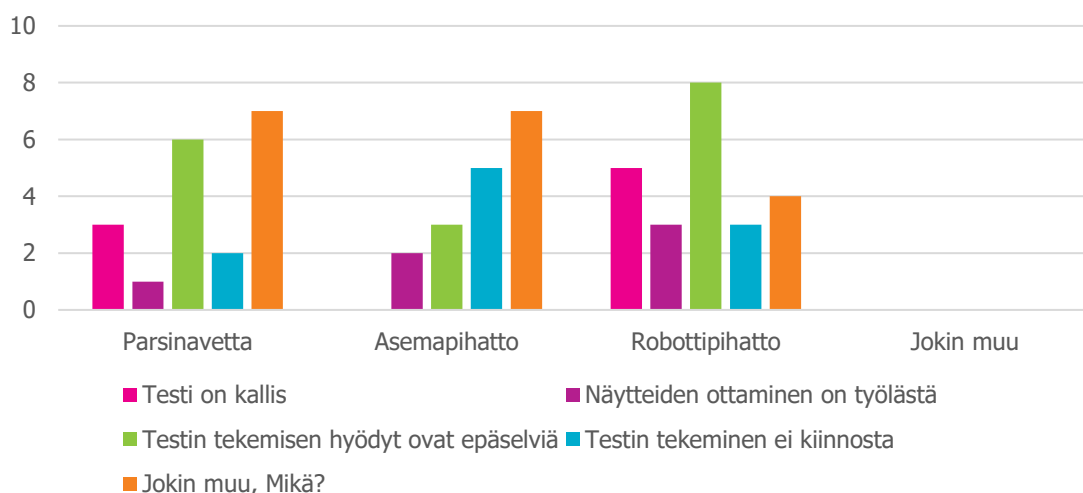
Genomitestien tilaaminen siirtyi osaksi Minun Maatilani -ohjelmaa ja toimivana ratkaisuna tätä siirtymistä vastaajista piti 52 prosenttia. 2 prosenttia oli sitä mieltä, että siirtyminen ei ollut toimiva ratkaisu. Loput tiloista (46 prosenttia) eivät vielä olleet tilanneet genomitestejä ohjelman kautta. Suurin osa tiloista, jotka eivät vielä olleet tilanneet genomitestejä ohjelman kautta kuuluivat GenVik-projektiin. Muita syitä ohjelman kautta tilaamattomuuteen olivat, että tilalla testataan vain muutamia eläimiä vuosittain (17 prosenttia) tai jokin muu syy (22 prosenttia), kuten se, että neuvojat tilaavat testit tai tilaaminen ei ole tilalla ollut vielä ajankohtaista. Tiloilla, joilla genomitestien tilaamisen siirtymistä ei ollut koettu toimivaksi (3 vastaajaa) syitä olivat järjestelmän hankala käyttö ja järjestelmän epäselvyys. Koska järjestelmän käyttöönotto oli kuitenkin onnistunut, kysymykseen 17 ei tullut yhtään vastausta.

Vastanneilla tiloilla, jotka eivät genomitesta (n=47) genomitestaamattomuuden syinä (kuvio 8) pidettiin vastausten (n=59) mukaan pääasiassa testin tekemisen epäselviä hyötyjä (n=17) ja joitain muita syitä (n=18) kuin vastausvaihtoehdoksi oli annettu. Muina syinä genomitestaamisen hyödyntämättömyyteen tilalliset ilmoittivat eläkeiän lähestymisen, tiedon puutteen ja tiedon tarpeettomuuden, koska omat lehmät tunnetaan hyvin. Genomitestiä kalliina pitäneistä vastaajista (n=8) sopivana hintana, jotta tila hyödyntäisi genomitestausta, vastaajat pitivät 5-10 euroa (50 prosenttia), 0-5 euroa (25 prosenttia), 0 euroa (12,5 prosenttia) ja 10-15 euroa (12,5 prosenttia).



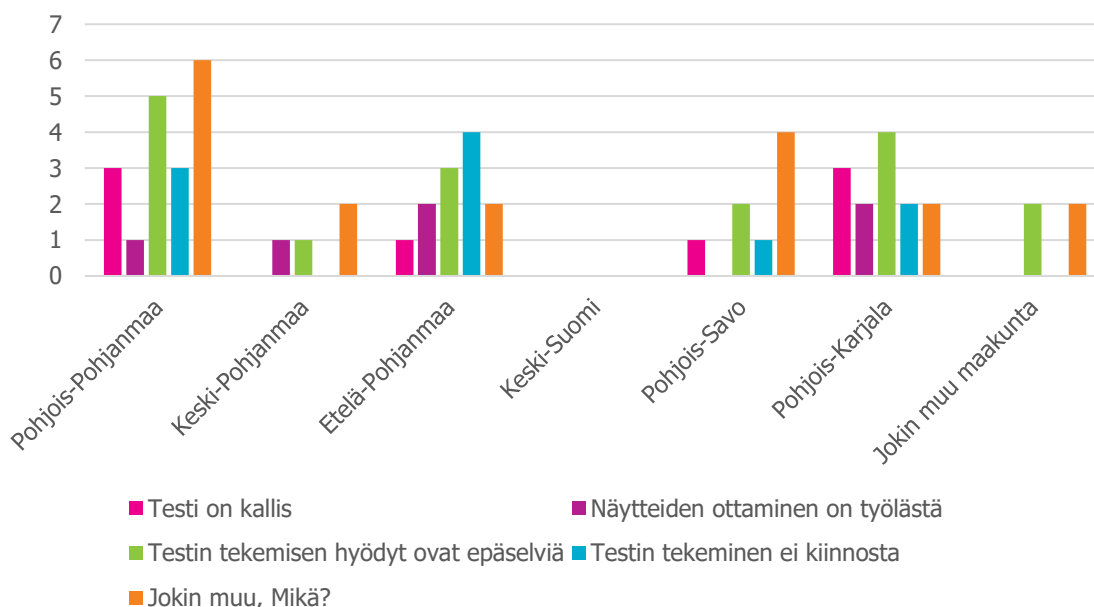
KUVIO 8. Syyt, miksi vastanneilla tiloilla ei genomitestata (n=59).

Verrattaessa tilan navetan mallia ja genomitestaamattomuuden syitä (kuvio 9) nähdään, että parsinavetoilla sekä asemapihatoilla jokin muu kuin annettu syy, -kohta on saanut kyselyssä eniten vastauksia. Koska muiksi kuin annetuiksi syiksi vastaajat ilmoittivat lähestyvän eläkeiän, tiedon puutteen ja tiedon tarpeettomuuden (oman karjan hyvä tuntemus), ovat tilat todennäköisesti niin pieniä, että tilallisen on mahdollista tuntea eläimensä niin hyvin, että genomitestaamiselle ei ole tarvetta. Muita syitä, miksi parsinavetta ja asemapihatto saivat enemmän muita vastauksia, voivat olla esimerkiksi syiksi mainitut eläkeiän lähestyminen ja tiedon puute. Yrittäjät ovat esimerkiksi niin lähellä eläkeikää, ettei heitä enää kiinnosta uusiin menetelmiin perehtyminen tai niiden hyödyntäminen.



KUVIO 9. Navetan mallin vaikutus genomitestien hyödyntämättömyyteen (n=59).

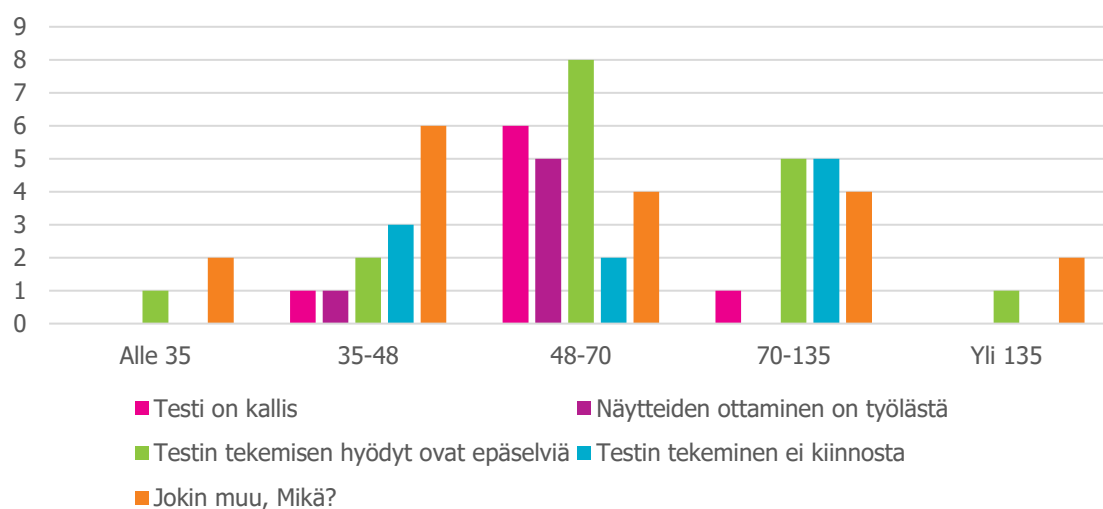
Genomitestaamattomuuden syyt erosivat vastauksissa myös alueellisesti (kuvio 10), kun taas genomitestaamisen hyödyntämisen syyt eivät eronneet alueellisesti toisistaan. Pohjois-Pohjanmaalla, Keski-Pohjanmaalla ja Pohjois-Savossa tiloilla ei genomitestata pääasiassa muiden kuin kyselyssä annettujen vaihtoehtojen takia, joita olivat eläkeikä, tiedon puute ja tarpeettomuus. Etelä-Pohjanmaalla suurin osa vastaajista ilmoitti genomitestaamattomuuden syyksi sen, ettei genomitestaaminen kiinnosta. Pohjois-Karjalassa taas suurin osa vastaajista pitää genomitestin tekemisen hyötyjä epäselvinä.



KUVIO 10. Miksi genomitestausta ei hyödynnetä maakunnittain (n=59).

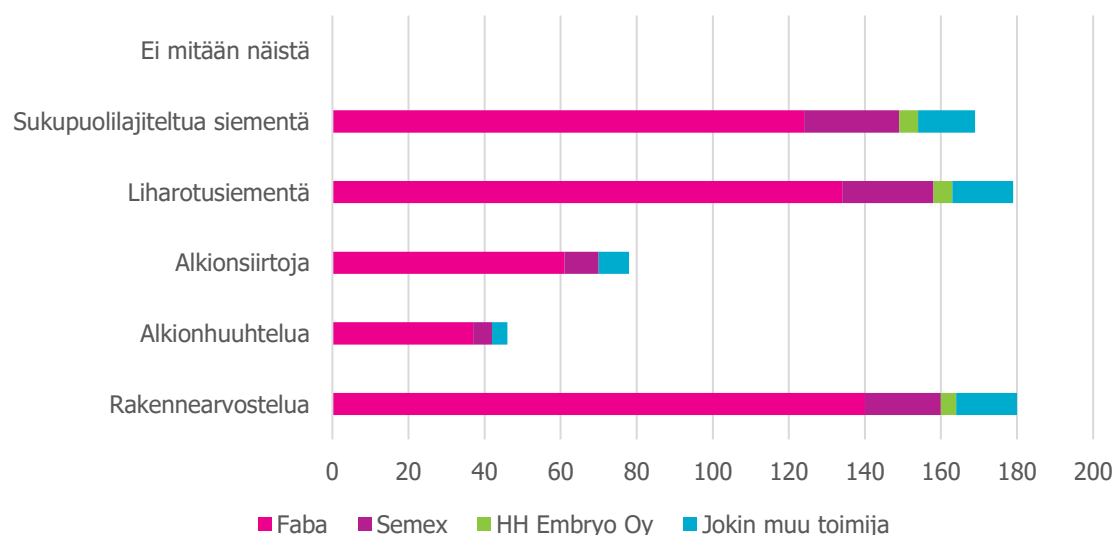
Vastauksissa tilan lehmämäärä vaikutti navetan mallin sekä alueen lisäksi genomitestauksen hyödyntämättömyyteen vastanneilla tiloilla (kuvio 11). Tiloilla, joilla lehmiä on 48-70, vastauksissa genomitestaamattomuuden syinä korostuivat testin tekemisen epäselvät hyödyt, testin korkea hinta ja näytteiden ottamisen työläys. Vastaavasti pienemmillä tiloilla jokin muu syy (esimerkiksi eläkeikä,

tiedon puute ja tarpeettomuus) genomitestaamattomuuteen sai eniten vastauksia. Suuremmilla tiloilla, lehmämäärän ollessa 70-135, genomitestaamattomuutta perusteltiin testin tekemisen epäselvillä hyödyillä ja sillä, että testien tekeminen ei kiinnosta.



KUVIO 11. Tilan lehmämäärän vaikutus genomitestaamattomuuden syihin (n=59).

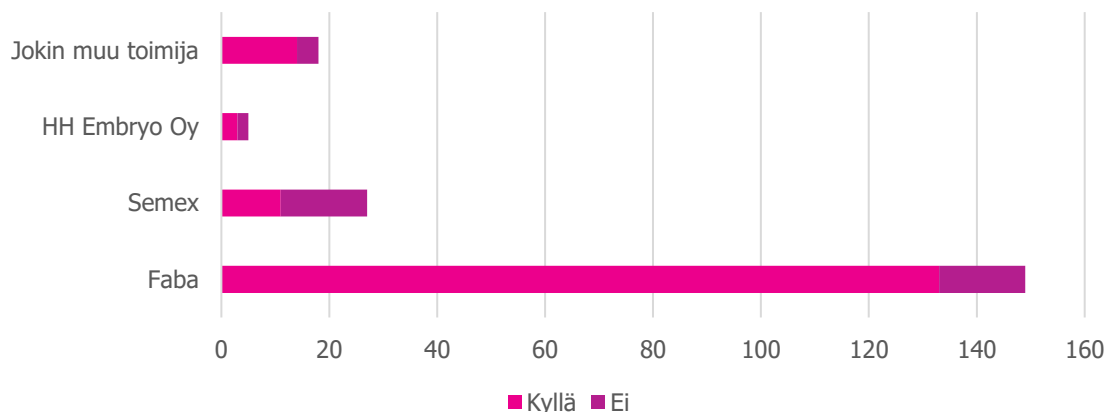
Jalostussuunnitelma tekijä vaikutti vastauksissa tilalla käytettyihin jalostusmenetelmiin (kuvio 12), koska esimerkiksi HH Embryo Oy:n asiakkaista kukaan ei ilmoittanut hyödyntävänsä alkionsiirtoja tai alkiohuuhtelua karjansa jalostuksessa. Muiden jalostusmenetelmien osalta eroja on vähemmän, koska suurimmalle osalle vastaajista jalostussuunnitelman tekee Faba ja muiden toimijoiden vastaukset jakautuvat samoin kuin Faban asiakkailla mutta vain pienemmällä vastausmäärällä.



KUVIO 12. Jalostussuunnitelman tekijän vaikutus käytettyihin jalostus menetelmiin

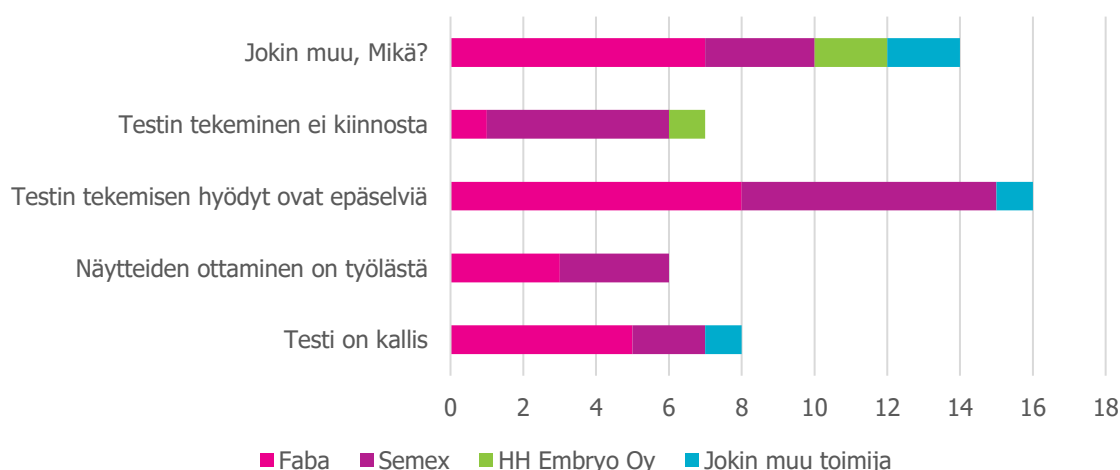
Jalostussuunnitelman tekijä vaikutti vastausten perusteella myös tilojen genomitestauksen hyödyntämiseen tilan karjan jalostuksessa (kuvio 13). Niistä tiloista, joille Faba tekee jalostussuunnitelman, suurin osa hyödyntää genomitestausta kuin vastaavasti Semexin jalostussuunnitelma tiloista suurin

osa ei hyödynnä genomitestaamista tilallaan. HH Embryo Oy:n ja muiden toimijoiden jalostussuunnitelmaa hyödyntävistä tiloista taas suurempi osa hyödyntää genomitestaamista tilallaan. Faban ja Semexin jalostussuunnitelmaa hyödyntävistä tiloista vastaajissa oli noin saman verran tiloja, jotka eivät genomitesta.



KUVIO 13. Jalostussuunnitelman tekijän vaikutus genomitestauksen hyödyntämiseen (n=199).

Tiloilla, jotka eivät hyödynnä genomitestaamista, käytettävällä jalostussuunnitelman tekijällä oli vastausten perusteella vaikutusta genomitestaamattomuuden syihin (kuvio 14). Syitä on mahdollista verrata, koska esimerkiksi Faban ja Semexin jalostussuunnitelmaa käyttävistä tiloista sama määrä ilmoitti, että tilalla ei genomitestata. Faban jalostussuunnitelmaa hyödyntävät tilat perustelevat genomitestaamattomuutta testien epäselvillä hyödyillä, kalliilla hinnalla, muilla syillä sekä näytteiden ottamisen työläydellä. Semexin jalostussuunnitelmaa hyödyntävät tilat taas eivät hyödynnä genomitestausta, koska hyödyt ovat epäselviä, testin tekeminen ei kiinnosta ja näytteiden ottaminen on työlästä. Toimijoiden asiakkaiden perustelut erosivat siis niin, että Semexin jalostussuunnitelmaa hyödyntävät tilat, jotka eivät genomitesta, eivät pidä genomitestausta kiinnostavana tilojensa kanalta, kun vastaavasti Faban jalostussuunnittelu asiakkaita vetoavat enemmän testin kalliiseen hintaan.



KUVIO 14. Jalostussuunnitelman tekijän vaikutus genomitestaamattomuuden syihin (n=51).

6 LASKURI

Opinnäytetyön laskuri toteutettiin muokkaamalla jo olemassa olevaa laskuria niin, että siitä olisi mahdollista saada maitotilallisille käyttökelpoinen apuväline oman karjan perinnöllisen edistymisen määrittämiseen. Alkuperäisen laskurin on vuonna 2014 tehnyt opinnäytetyön ohjaava opettaja, Leena Kärkkäinen, omassa pro gradu -tutkielmassaan ”Uusien jalostusmenetelmien käytön kannattavuus lypsykarjatilalla – lyhyen aikavälin tarkastelu”.

Laskuri toimii niin, että se laskee tilan lähtötietojen sekä genomitestitulosten perusteella genomitelle hinnan, jolloin tilan olisi kannattavaa hyödyntää genomitestausta karjanjalostuksen apuvälineenä (Kärkkäinen 2014). Käytännössä laskurilla on siis mahdollista laskea perinnöllisen edistymisen kautta saatava hyöty, joka kumoaa testien tekemisestä aiheutuneet kustannukset tilatasolla.

6.1 Laskurin tavoite

Muokatun laskurin tavoite oli opinnäytetyön valmistuttua toimia innoittajana karjanjalostuksen saralla, jotta tilallisten on mahdollista nähdä kustannuksien ja saatavien hyötyjen suhde taloudelliselta kannalta. Kun tilan perinnöllisessä edistymisessä päästään etenemään nopeammin genomitestauksen avulla eivät testien tekemiseen tarvittavat rahat mene hukkaan.

Käytännön osalta laskurin tavoite oli olla toimiva työkalu tilallisille niin laskurin sisältämien kaavojen, tietojen kuin tietojen siirron osalta. Tavoite olikin, että tilan karjan tiedot olisi mahdollista siirtää laskuriin helposti, jotta tietoja ei tarvitse kirjata jokaisen eläimen osalta erikseen. Laskurin tavoite oli myös ulkonäöllisesti olla selkeä ja asiallinen, mikä lisää käytännöllisyyttä, kun huomioidaan laskurin käyttötarkoitus tilallisten apuvälineenä.

6.2 Laskurin eettisyys ja luotettavuus

Laskurin luotettavuuteen vaikuttaa olennaisesti kaavojen toimiminen oikein, jolloin myös laskurilla lasketut tulokset ovat oikeita eivätkä tekaistuja. Laskurin muokkaamisen yhteydessä kaavojen oikea linkitys ja toimiminen tarkastettiin useaan otteeseen. Laskurin muokattua versiota oli myös koko ajan mahdollista vertailla alkuperäiseen versioon (Kärkkäinen 2014), jolloin virheiden määrää saatiin vähennettyä. Vertailu mahdollisti myös tarvittavien korjausten tekemisen.

Laskurin luotettavuuteen ja eettisyyteen vaikuttaa laskurin toiminnan lisäksi laskurissa käytettyjen tietojen, kuten esimerkiksi eri ominaisuuksien ja NTM:n väliset korrelaatiot. Tiedot pyrittiin päivittämään laskuria muokatessa uusien päivitettyjen tietojen mukaisiksi. Jos tietoja ei olisi päivitetty, laskurin antamat vastaukset olisivat heittäneet todellisista arvoista, jolloin myös tulokset olisivat olleet vanhentuneita.

Laskuria käytettäessä tilallisen pitää täyttää tilansa tiedot eri tietokannoista saatavilla numeroilla, jolloin laskurista lopulta saatavat tulokset voivat vääristyä, jos laskennassa käytetään muita kuin tilan kannalta oikeita tietoja. Tiedonsyöttö mahdollistaa kuitenkin eri tuotantokustannusten tai maidon määrän vaikutusten testaamisen. Kun tilallinen saa tilan tiedoilla esimerkiksi tuloksen, että tilan tämän hetkisen tilanteen mukaan ei kannata genomitesta, voi tilallinen testata vaikuttaisiko esimerkiksi maitomäärän nousu tilanteeseen ja kuinka paljon maitomäärän pitäisi tällöin nousta, jotta testaaminen olisi kannattavaa.

6.3 Laskurin toteutus

Laskurin toteuttaminen aloitettiin niin, että laskurin eri sivujen sisällöt käytiin läpi ja sivuille tehtiin selkeät otsikot. Laskuriin lisättiin välilehtiä, joista ensimmäisestä tuli kansilehti (kuva 6) ja toisesta laskurin esittelysivu, johon sisällytettiin esipuhe ja laskurin sisällysluettelo. Välilehtien lisäämisen jälkeen selvitettiin laskurin laskentaprosessi, mitä tapahtuu milläkin sivulla, mikä numero vaikuttaa mihinkin kohtaan ja miten. Laskurin toiminnan hahmotuttua ylimääräiset muistiinpanot sekä kohdat poistettiin, jotta laskurista saatiin selkeä ja helposti luettava.

Genomisen valinnan hyöty tilatasolla -laskuri



KUVA 6. Laskurin etusivun ulkoasu (Ukkonen 2019-01-22).

Laskurin alkutiedot -välilehden (kuva 7) tarkoitus oli sisältää kaikki kohdat, jotka tilallinen täyttää laskurilla laskiessaan. Tilatiedoissa kysytään tilan karjan keskituotosta, rasvaprosenttia, valkuaisprosenttia, meijeriin tuotetun maidon määrää, maitolitrasta saatua hintaa, tuotantotukea, uudistusprosenttia, elävien vasikoiden määrää poikimista kohden, vasikkakuolleisuusprosenttia, poikimaväliä, siemennyskustannuksia, siemennyksiä yhtä poikimista kohden, utaretulehduskustannuksia ja utaretulehdusten määrää. Lehmistä kysytään vielä lehmien määrä ja rotujakauma, kuinka monta ayrshireä, holsteinia tai muuta rodun edustajaa karjassa on. Karjan rehuista välilehdellä kysytään tilan omia tuotantokustannuksia säilörehulle ja viljalle sekä ostorehukustannuksia täysrehulle ja muille ostorehuille.

Tilan perustiedot		
Keskituotos	12000	l
Rasva prosentti	4,30	%
Valkuais prosentti	3,50	%
Maitoa meijeriin vuodessa	1330000	l
Maitolitrin hinta keskimäärin	0,340	€
Tuotantotuki	0,08	€
Uudistusprosentti	18,9	%
Eläviä vasikoita/poikiminen	1,00	kpl
Vasikkakuolleisuus%	5	%
Poikimaväli	409	vrk
Siemennyskustannukset	11264,2	€
Siemennyksiä/poikiminen	1,82	kpl
Utaretulehduskustannukset	12530,4	€
Utaretulehdusten määrä	26	kpl
Lehmien määrä		
HOL	35	kpl
AY	25	kpl
Muut	0	kpl
Yhteensä	60	kpls
Rehu kustannukset ja ihmistyö		
Säilörehu	55,913	€/tonni
Täysrehu	360	€/tonni
Rapsi	350	€/tonni
Kivennäinen	350	€/tonni
Ohra	165	€/tonni
Ihmistyö	14,5	€/h

KUVA 7. Laskurin Alkutiedot-välilehti: tilan perustiedot (Ukkonen 2019-03-01.)

Laskuriin syötettyjen tietojen perusteella laskurin Alkutiedot-välilehdelle tulee lisäksi muita tietoja (kuva 8), joita laskuri laskee automaattisesti kaavojen mukaan. Laskuri laskee keskimääräisen maitomäärän lehmää kohden litroina ja kiloina, energiakorjatun maitomäärän suhteen keskituotokseen, energiakorjatun maidon määrän, maitokilojen vuosimäärän, maidosta saadun hinnan vuodessa, kilon maidon tuottamiseen käytetyn ajan tunteina ja maitokilon tuottamisen hinnan. Laskuri laskee myös yhden siemennyksen ja utaretulehduksen hoidon keskimääräisen hinnan, uudistukseen tarvittavien yksilöiden määrän ja utaretulehdusten määrän koko karjassa. Laskurin automaattisesti laskemat kohdat merkittiin tummanvihreällä värillä, jotta kohdat eroavat vaaleanvihreällä merkityistä tiedoista, jotka tilallinen täyttää itse.

Keskimääräinen maitomäärä/lehmä/päivä	40,00	l
Kiloa/lehmä	40,80	kg
Energiakorjatun maidon suhde keskituotokseen	1,04	suhde
Energiakorjattu maito	12523,95	Ekml
Maito kiloa vuodessa	1369900	kg
Maidosta saatu hinta	558600	€
tuntia/kg	0,016	h/kg
hinta €/kg	0,227	€/kg
Yhdensiemennyksen hinta keskimäärin	86,76	€/kpl
Yhden utaretulehduksen hoito	481,94	€/kpl
Uudistukseen tarvittavien yksilöiden määrä	11,34	kpl
Utaretulehdusten määrä koko karjasta	43,3	%
	4,82	€/%-yksikkö

KUVA 8. Laskurin Alkutiedot-välilehti: laskurin laskemia tietoja (Ukkonen 2019-03-01.)

Laskurin Alkutiedot-välilehdelle siirrettiin myös tilan lehmien NTM-odotusarvojen laatikot (kuva 9), joihin tilallinen kirjaa itse omasta karjastaan niin monta yksilöä, kuin karjassa on. NTM-riville tilallinen kirjoittaa kunkin hiehon tai vasikan NTM-odotusarvon. Taulukoiden keltaisilla alueilla olevat numerot laskuri laskee itse hyödyntämällä lehmien ominaisuuksien ja NTM-arvojen korrelaatioita.

HOL							AY						
	NTM/OD	Maitotuotos	Utareterve	Kestävyyys	Hede	Rotu		NTM/OD	Maitotuotos	Utareterveys	Kestävyyys	Hedelmällisyys	Rotu
1	10	105,8	103,9	105,2	105	HOL	1	21	114,49	105,67	109,45	105,25	AY
2	10	105,8	103,9	105,2	105	HOL	2	21	114,49	105,67	109,45	105,25	AY
3	10	105,8	103,9	105,2	105	HOL	3	20	113,8	105,4	109	105	AY
4	10	105,8	103,9	105,2	105	HOL	4	18	112,42	104,86	108,1	104,5	AY
5	10	105,8	103,9	105,2	105	HOL	5	15	110,35	104,05	106,75	103,75	AY
6	10	105,8	103,9	105,2	105	HOL	6	15	110,35	104,05	106,75	103,75	AY
7	10	105,8	103,9	105,2	105	HOL	7	15	110,35	104,05	106,75	103,75	AY
8	0	100	100	100	100	HOL	8	0	100	100	100	100	AY
9	0	100	100	100	100	HOL	9	0	100	100	100	100	AY
10	0	100	100	100	100	HOL	10	0	100	100	100	100	AY
11	0	100	100	100	100	HOL	11	0	100	100	100	100	AY
12	0	100	100	100	100	HOL	12	0	100	100	100	100	AY
13	0	100	100	100	100	HOL	13	0	100	100	100	100	AY

KUVA 9. Laskurin Alkutiedot-välilehti: eläinten NTM/odotusarvo taulukot (Ukkonen 2019-03-31).

Laskurin tietoja ja kaavoja -välilehdellä on laskurin tarvitsemia kaavoja sekä tietoja, joita laskurin käyttäjä ei voi itse muuttaa. Sivulta löytyvät esimerkiksi genomitestien hinnat sekä NTM:n ja lehmien ominaisuuksien väliset korrelaatiot. Koska laskurin tietoja ja kaavoja sekä rotukohtaisten kaavojen sivut ovat sellaisia, että tilallinen ei voi muokata niitä itse, solujen muokkaaminen estettiin lukitsemalla solut. Laskurin ylläpitäjä voi muokata tietoja kuitenkin tarvittaessa, ja hän pääsee lukittuihin soluihin käsiksi salasanalla. Solujen muokkaaminen piti estää laskurin käyttäjiltä, jotta laskurin antamat tulokset eivät vääristyisi.

Tulokset						
	Ero	Ä hinta	Kustannus yhteensä	Tuotto yhteensä	Diskontattu kustannus	Diskontattu tuotto
Vuosi 0						
Genomien määrittäminen	11					
Analysointi	11	30,00	340,20		340,20	0,00
Näytteenotto	0,9	14,50	13,70		13,70	
1. näytteenotto	1	0,00	0,00		0,00	0,00
Seuraavat näytteenotot	10	0,00	0,00		0,00	0,00
					353,90	0,00
Vuosi 1						
Vuosi 2						

KUVA 10. Laskurin tulokset välilehti (Ukkonen 2019-03-01).

Laskurin tulokset -välilehteä (kuva 10) muutettiin laskurin muokkauksen yhteydessä vähän ulkoasun osalta, koska tulossivu oli jo valmiiksi helppolukuinen. Tuloksissa genomitestauksen kustannukset kohdistuvat ensimmäiselle vuodelle ja tuotot alkavat vuonna kolme, kun testattu yksilö siirtyy tuotantoon poikimisen jälkeen. Tuloksissa kustannukset ja tuotot on vielä diskontattu, jotta tulokset olisi mahdollista hahmottaa rahanarvon muutoksista huolimatta.

Tuotto	1873,63	
Kustannus	1482,82	
Erotus	390,81	
Määrityksen kannattavuus		
	65,67 €	

KUVA 11. Laskurin tulokset: esimerkki hinta, jolloin tilan kannattaa genomitesta (Ukkonen 2019-03-01).

Tuottoja laskelman tuloksissa kertyy vuoteen viisi asti, jolloin lehmällä on menossa kolmas tuotoskausi. Tulosten lopussa on tuottojen kokonaismäärä sekä hinta (kuva 11), jolloin tilan kannattaisi hyödyntää genomitestausta. Tulossivulla on myös osittaisbudjetointilaskelma (kuva 12), joka kertoo lisääntyneiden tuottojen, vähentyneiden kustannusten sekä lisääntyneiden kustannusten määrän ja niiden muutoksen rahallisen arvon.

osittaisbudjetointi	
lisääntyneet tuotot	1649,78
vähentyneet kustannukset	475,11
lisääntyneet kustannukset	-1734,07
muutos	390,81

KUVA 12. Laskurin tulokset: osittaisbudjetointi (Ukkonen 2019-03-01).

Vaikka laskuriin lisättiin Esipuhe-välilehti heti muokkauksen alussa, esipuhe (liite 5) kirjoitettiin lopulliseen muotoonsa vasta laskurin ollessa melkein valmis. Esipuheeseen sisällytettiin ohje laskurin käytöstä sekä kerrottiin, kuinka laskurista saatavia tuloksia voi hyödyntää jatkossa. Vaikka laskurin antamat tulokset ovat suuntaa antavia, on niitä mahdollista käyttää perinnöllisen edistymisen tuoman rahallisen tuoton arvioinnin apuna.

7 JOHTOPÄÄTÖKSET

Kyselytutkimuksen avulla opinnäytetyössä selvitettiin, miten maitotilat perustelevat genomitestauksen hyödyntämistä tai hyödyntämättömyyttä tiloillaan. Suurin osa kyselyyn vastanneista tiloista genomitestaa kaikki lehmävasikat ja genomitestaamisen syissä vastauksissa korostui se, että testamalla saadaan arvokasta tietoa vasikoiden ominaisuuksista. Genomitestaamattomuutta tilat taas perustelivat pääasiassa testin tekemisen epäselvillä hyödyillä, sillä, että genomitestaaminen ei kiinnosta, sekä muilla kuin vastausvaihtoehtoksi annetuilla syillä, kuten lähestyvällä eläkeiällä ja testin tarpeettomuudella.

Koska vastanneista tiloista vain noin kolmasosa kuului genomitestausta tukevaan GenVik-projektiin, tuloksissa kävi ilmi, että myös muut kuin GenVik-projektiin kuuluvat tilat genomitestaavat kaikki lehmävasikat. Kaikista vastaajista kaikki lehmävasikat testasi 111 tilaa ja GenVik-projektiin vastanneista kuului 55 tilaa. Vastausten perusteella voidaankin olettaa, että genomitestaamalla kaikki lehmävasikat tilat kokevat saavansa genomitiedosta merkittävää hyötyä karjansa jalostukseen, jolloin esimerkiksi genomitestin hinta tai näytteiden ottaminen eivät ole esteitä genomitestauksen hyödyntämiselle.

Vastauksissa tilan lehmämäärä, sijainti ja navetan malli vaikuttivat siihen, miten vastaajat perustelivat genomitestien hyödyntämättömyyttä tiloillaan. Genomitestauksen hyödyntämisen perusteluilla vastaavia huomioita ei tehty. Lehmämäärältään suuret tilat (lehmä 70-135) vastasivat perusteluiksi, että testien tekeminen ei kiinnosta ja hyödyt ovat epäselviä. Vastaavasti pienemmät tilat (lehmä 48-70) perustelivat genomitestaamattomuutta epäselvien hyötyjen lisäksi testien korkealla hinnalla sekä näytteiden ottamisen työläydellä. Vastauksille luontevampaa olisi ollut päinvastainen tulos, jolloin suuremmat tilat eivät genomitestaisi näytteiden ottamisen työläyden ja testien tekemisen hinnan takia, koska näytteitä ja testejä joudutaan eläinmäärän takia tekemään enemmän. Pienemmillä tiloilla taas oletettavasti tunnetaan oman karjan yksilöt paremmin, jolloin testaamattomuutta olisi loogisesti perusteltu enemmän epäselvillä hyödyillä.

Tilojen sijaintimaakunta vaikutti vastauksiin niin, että eri alueilla tilojen genomitestaamattomuutta perusteltiin eri tavoin. Esimerkiksi Etelä-Pohjanmaalla genomitestaaminen ei kiinnostanut enemmässä määrin, kun taas Pohjois-Karjalassa genomitestien hyödyt olivat epäselviä. Pohjois-Pohjanmaalla, Keski-Pohjanmaalla ja Pohjois-Savossa muut syyt, kuten eläkeikä, tiedon puute ja tarpeettomuus nousivat enemmän esille. Alueellisiin eroihin on voinut vaikuttaa esimerkiksi jalostuspalvelut ja niiden alueelliset toimijat. Toisilla alueilla tilallisten tiedotus voi olla myös tehokkaampaa, jolloin alueilla, joilla tiedotus ei syystä tai toisesta toimi, tilat genomitestaavat vähemmän. Tilojen malli vaikutti vastauksiin niin, että parsinavetalliset ja asemapihatolliset tilat perustelivat genomitestaamattomuutta muilla syillä, kuten eläkeiällä, tiedon puutteella ja tarpeettomuudella enemmän kuin muiden navettamallien tilat. Tällöin tiloilla ei genomitestata, koska tilalliset ovat joko niin lähellä eläkeikää, etteivät he enää halua perehtyä uusiin menetelmiin tai heidän tilansa on sitä kokoluokkaa, että he tuntevat oman karjansa niin hyvin, etteivät koe tarvitsevänsä genomista tietoa karjansa jalostuksessa.

Tilojen jalostussuunnitelman tekijä vaikutti vastauksissa tilojen käyttämiin jalostusmenetelmiin, genomitestaamisen hyödyntämiseen sekä genomitestaamattomuuden syihin. Jalostussuunnitelman tekijä vaikutti tiloilla käytettyihin jalostusmenetelmiin niin, että tiloista HH Embryo Oy:n asiakkaat eivät ilmoittaneet hyödyntävänsä alkionsiirtoja tai alkiohuhtelua karjansa jalostuksessa, kun muiden toimijoiden jalostussuunnitelma tiloista osa hyödynsi. Jalostussuunnitelman tekijä vaikutti genomitestauksen hyödyntämiseen niin, että Faban jalostussuunnitelmaa hyödyntävistä tiloista suurin osa genomitestasi, kun taas Semexin asiakkaista suurin osa ei hyödyntänyt genomitestausta. Genomitestaamattomuuden syihin jalostussuunnitelman tekijä taas vaikutti niin, että Faban tilat perustelivat genomitestien hyödyntämättömyyttä testien epäselvillä hyödyillä, kalliilla hinnalla, muilla syillä ja näytteiden ottamisen työläydellä, kun Semexin tilat vetosivat testien epäselviin hyötyihin, siihen, että testien tekeminen ei kiinnosta ja että näytteiden ottaminen on työlästä.

Jalostussuunnitelman tekijä vaikutti siis vastanneilla tiloilla hyvin moninaisesti tilojen jalostuspalveluiden sekä genomitestaamisen hyödyntämiseen. Jos jalostussuunnitelman tekevä yritys ei esimerkiksi tarjoa alkiohuhteluita tai alkionsiirtoja tai jalostussuunnitelman teossa ei hyödynnetä genomitestien avulla saatavaa tietoa, asiakkaat myös harvemmin hyödyntävät niitä karjansa jalostuksessa. Jalostussuunnitelman tekijällä on myös vaikutusta genomitestauksen hyödyntämättömyyden syihin, koska tiloilla, jotka voisivat hyödyntää genomitestausta käytännön syyt, kuten testien tekemisen työläisyys ja hinta vaikuttavat tilojen päätökseen hyödyntää genomitestausta. Vastaavasti tiloilla, joiden jalostussuunnitelmien teossa ei hyödynnetä genomitestien avulla saatavaa tietoa, genomitestien tekemistä ei koeta mielekkääksi.

Kyselyn jakaminen Faban asiakkaille vaikutti kyselytutkimuksen tuloksiin niin, että muiden jalostuspalveluita tarjoavien yritysten asiakkaita oli vastaajissa vähemmän, jolloin jalostussuunnitelman tekijän vaikutusta ei voitu analysoida tarkemmin muiden kuin Faban ja Semexin asiakkaiden osalta. Jakamalla kysely Faban asiakkaille oletettiin, että vastaajien hyödyntämä genomitesti on pohjoismaiden yhteinen genomitesti, mutta myös Semexin tiloista osa hyödynsi genomitestausta, jolloin ei voida olla varmoja, että kaikki vastanneet hyödynsivät pohjoismaista genomitestiä.

Genomimääritysten yleisyyttä on aikasemmin tutkittu pohjoissavolaisille maitotiloille tehdyssä kyselytutkimuksessa. Kyselyssä kartoitettiin genomimääritysten yleisyyttä vuosilta 2009-2011. Tutkimuksen tulosten mukaan vuonna 2009 tilat testasivat keskimäärin noin yhden lehmävasikan tilaa kohden, kun vuonna 2010 vastaava luku oli jo 2,8. Genomitestauksen hyötyinä tilalliset olivat vastausten mukaan pitäneet hyödyllistä tietoa, jalostuksen tarkempaa suunnittelua ja jalostuksen nopeampaa etenemistä. Vastaavasti negatiivisena oli koettu testien korkea hinta, sonnivasikoiden genomitulosten jääminen vain jalostusorganisaatioiden tietoon ja oma epävarmuus. (Partanen 2012.) Aikaisempaan tutkimukseen nähden genomimääritykset ovat yleistyneet ja nykyisin suurin osa tiloista testaa kaikki lehmävasikat. Perustelut genomitestauksen hyödyntämiseen ovat kuitenkin säilyneet samankaltaisina samoin kuin negatiivisena koetut asiat, kuten testien hinta ja epävarmuus uusien menetelmien hyödyntämiseen. Yllättävää on, että vaikka testien hinta on vähentynyt vuosien aikana huomattavasti, osa tiloista kokee genomitestien hinnan yhä liian korkeaksi.

Koska genomitestien hinta koetaan tiloilla vieläkin liian korkeaksi, tiloille olisi hyvä tarjota mahdollisuus genomitestauksen taloudellisten hyötyjen arviointiin oman tilansa kannalta. Tämän opinnäytetyön osana muokatun laskurin avulla tilallinen pystyy tarkastelemaan oman tilansa tunnusluvuilla, olisiko tilan kannattavaa hyödyntää genomitestausta ja millä hinnalla. Tulosten perusteella tilallisten on myös mahdollista tutkia, jos tilan ei kannata genomitestata nyt, niin milloin tilan kannattaisi. Testaaminen tapahtuu muuttamalla tilan tunnuslukuja tilan kehittämisajatusten mukaan. Jos tilalla panostetaan esimerkiksi säilörehun tuotantokustannusten alentamiseen, voi laskurin alkutiedoissa muokata hintaa pienemmäksi, jolloin on mahdollista nähdä, vaikuttaako hinnan muutos laskurin antamiin tuloksiin. Laskurin tulokset ovat suuntaa antavia, jolloin tuloksia voi käyttää arvioinnin apuna, mutta ne eivät välttämättä kerro koko totuutta. Laskurin antamiin tuloksiin vaikuttavat oleellisesti esimerkiksi tilan tiedot, ja jos tila ei käytä laskennassa omia tietoja vaan esimerkiksi arvioita, niin laskurin antamat tulokset voivat vääristyä.

8 POHDINTA

Genomitestauksen hyödyntäminen tilatasolla on ajankohtainen aihe, koska tilat hyödyntävät genomitestausta jalostuksen suunnittelussa jatkuvasti enemmän. Genomitestaus mahdollistaa jalostuksen nopean edistymisen lyhentämällä sukupolvien väliä, koska testatut vasikat on mahdollista siementää jo hiehoina ominaisuuksien mukaan valituilla sonneilla. Genomitestaaminen mahdollistaa myös uudistuseläinten tuottamiseen tarvittavan eläinaineksen karsimisen, mikä taas omalta osaltaan lisää karjan perinnöllistä edistymistä.

Opinnäytetyön tavoitteena oli selvittää tilojen syitä genomitestauksen hyödyntämiseen ja hyödyntämättömyyteen ja kehittää kyselytutkimuksen jatkumoksi laskuri tilakäyttöön. Kyselytutkimuksella saatiin kerättyä tavoitteen mukaista tietoa ja lisäksi opinnäytetyön toimeksiantajan, Faba osuuskunnan kannalta hyödyllistä tietoa, jota yritys voi hyödyntää kehittäessään tarjoamia palveluita eteenpäin.

Kyselytutkimuksen toteutuksen yhteydessä kysymyksen sisältöön sattui muutamia puutteita, vaikka kyselytutkimus ja kysymysten ehdot toimivat. Esimerkiksi kysymys yrittäjien koulutustaustasta olisi pitänyt muotoilla niin, että kysymyksessä olisi kysytty tilan yrittäjien ylintä koulutusta, jolloin vastauksista olisi ollut mahdollista tarkastella, vaikuttiko yrittäjien koulutus tutkimuskysymyksiin. Kyse-lyssä oli myös yksi kysymys, johon ei tullut yhtään vastausta, koska kukaan ei vastannut edellisen kysymyksen vaihtoehtoon, joka olisi avannut kysymyksen vastattavaksi. Kysymys käsitteli genomitestien siirtymistä Minun Maatilani -ohjelmaan, ja jos kyselyyn vastaaja olisi vastannut, että järjestelmän käyttöönotto ei ole onnistunut, niin syitä selvittävä kysymys olisi auennut.

Laskurin osalta toteutusvaiheessa havaittiin, että laskuriin ei ole mahdollista tuoda tilan koko karjan jalostussuunnitelmaa, joten päädyttiin rajaamaan tilallisen itse valittavaksi korkeintaan 50 yksilöä, joiden NTM-odotusarvojen perusteella tulos lasketaan. Jalostussuunnitelman listassa genomitesta- tuilla lehmillä näkyviä ominaisuuksien pisteitä oli paljon ja vastaavasti genomitestaamattomilla vä- hän. Excel-ohjelman kannalta solujen automaattinen linkitys kaavoihin oli mahdotonta, koska testa- tut ja testaamattomat eläimet olivat listassa sekaisin ja lisäksi tilakohtaisten listojen pituus vaihtelee, jolloin automaattisten solujen linkitys olisi ollut laskuria muokattaessa työlästä. Lisäksi ei ollut var- muutta, että valitut solut olisivat osuneet linkityksistä huolimatta kohdilleen. Laskurin toiminnan kan- nalta päätös yksinkertaistaa laskuria ja vähentää laskuriin syötettävien eläinten tietojen määrää oli toimiva, koska laskurin täyttäminen ei vaadi tiedostojen tuomista Exceliin vaan tilallisten on helppo kirjata eläimiensä tiedot itse laskuriin.

Laskurin käyttömahdollisuudet tulevaisuudessa tilallisten apuvälineenä ovat vielä epäselvät, mutta luultavasti opinnäytetyön toimeksiantaja alkaa hyödyntää laskuria esimerkiksi tilakäyntien yhtey- dessä, jos tilat eivät ole halukkaita hyödyntämään genomitestausta testien hinnan takia. Laskurilla on mahdollista havainnollistaa myös karjan perinnöllistä edistymistä, mutta luultavasti tilallisten kan- nalta ymmärrettävämpää on tieto siitä, millä hinnalla tilan kannattaisi genomitestata.

Genomitestauksen hyödyntämistä voisi jatkossa tutkia selvittämällä eri jalostuspalveluita tarjoavien yritysten genomitestien sisältöä ja verrata genomitestejä keskenään. Vertailussa voisi käydä esimerkiksi läpi, miten tarvittavat näytteet otetaan, millaisia tuloksia testeillä saadaan ja miten tuloksia hyödynnetään karjan jalostuksen suunnittelussa. Testien tarjoamien mahdollisuuksien selvittäminen auttaisi tilallisia hahmottamaan tarjolla olevia vaihtoehtoja, jolloin tilalliset voisivat valita tarjolla olevista menetelmistä itselleen sopivimman.

LÄHTEET JA TUOTETUT AINEISTOT

- AKKANEN, Riku-Matti 2016. Pohjoismainen yhteistyö tuo jalostusvoimaa. Osuustoiminta-lehti, Maatilan Pellervo [digilehti] 6/2016. [Viitattu 2018-11-15.] Saatavissa: <http://otlehti.pellervo.fi/2016/06/02/pohjoismainen-yhteistyö-tuo-jalostusvoimaa/>
- ALTA GENETICS s. a. Company [verkkojulkaisu]. Alta Genetics. [Viitattu 2018-12-01.] Saatavissa: <http://us.altagenetics.com/company/>
- ARO, Johanna, HILPELÄ-LALLUKKA, Ritva, NIEMI, Anne-Mari, TOIVONEN, Minna ja VAHLSTEN, Terhi 2012. Mittaa ja valitse: Lypsykarjanjalostuksella tuloksiin. Helsinki: Opetushallitus 2012. [Viitattu 2018-11-5.]
- CALUS, M. P. L, NAPEL, J. ten, MULDER, H. A. ja VEERKAMP, R. F. 2009. Genetic concepts to improve robustness of dairy cows. Julkaisussa: KLOPCIC, Marija, REENTS, Reinhard, PHILIPSSON, Jan, KUIPERS, Abele. Breeding for robustness in cattle. EAAP publication No. 126. [Viitattu 2018-11-09.] Iisalmi: Savonia-ammattikorkeakoulu.
- CARLÉN, Emma, FOGH, Anders, KARGO, Morten ja PAAKKALA, Elina 2015. NTM on räätälöity pohjoismaista maidontuottajaa varten [verkkojulkaisu]. Viking Magazine. [Viitattu 2018-10-25.] Saatavissa: http://www.nordicebv.info/wp-content/uploads/2015/04/Viking-Magazine-NTM-is-taylor-made-for-nordic-farmers-ADF-2047_EP_EC_final_FIN.pdf
- FABA s. a. a. Genomitesti [verkkojulkaisu]. Faba. [Viitattu 2018-10-01.] Saatavissa: <http://www.faba.fi/fi/genomitesti>
- FABA s. a. b. Faba osk [verkkojulkaisu]. Faba. [Viitattu 2018-10-25.] Saatavissa: <http://www.faba.fi/fi/faba>
- FABA s. a. c. Tietopankki, Interbull [verkkojulkaisu]. Faba. [Viitattu 2018-10-25.] Saatavissa: <http://www.faba.fi/fi/tietopankki/interbull>
- FABA s. a. d. Palvelut, Rakennearvostelu [verkkojulkaisu]. Faba. [Viitattu 2018-10-25.] Saatavissa: <http://www.faba.fi/fi/palvelut/rakennearvostelu>
- FABA s. a. e. Tietopankki, NTM [verkkojulkaisu]. Faba. [Viitattu 2018-10-25.] Saatavissa: <http://www.faba.fi/fi/tietopankki/ntm>
- FABA s. a. f. Palvelut, palveluiden hinnasto [verkkojulkaisu]. Faba. [Viitattu 2018-10-25.] Saatavissa: <http://www.faba.fi/fi/palvelut/palveluiden-hinnasto>
- FABA s. a. g. Jalostettavat ominaisuudet [verkkojulkaisu]. Faba. [Viitattu 2018-11-9.] Saatavissa: <http://www.faba.fi/fi/tietopankki/jalostettavat-ominaisuudet>
- FABA s. a. h. Näytteenotto [verkkojulkaisu]. Faba. [Viitattu 2018-11-26.] Saatavissa: <http://www.faba.fi/fi/palvelut/naytteenotto>
- FABA s. a. i. Kaksi karpästä yhdellä korvamerkillä [verkkojulkaisu]. Faba, Uutisia Fabasta. [Viitattu 2018-11-27.] Saatavissa: <http://www.faba.fi/fi/faba/uutisia-fabasta/kaksi-karpasta-yhdella-korvamerkillä>
- FABA s. a. j. Tietopankki, Perinnöllinen edistyminen [verkkojulkaisu]. Faba. [Viitattu 2018-11-30.] Saatavissa: <http://www.faba.fi/fi/tietopankki/perinnollinen-edistyminen>
- HEIKKILÄ, Anna-Maija (toim.) 2006. Kestävä lehmä, Lypsylehmien poiston syyt ja kestävyiden taloudellinen merkitys. MTT: selvityksiä 112. MTT. [Viitattu 2018-10-20.]
- HEIKKILÄ, Tarja 2008. Tilastollinen tutkimus. 7. uudistettu painos. Helsinki: Edita Prima Oy. [Viitattu 2018-11-17.] Iisalmi: Savonia-ammattikorkeakoulu.
- HUITIN HOLSTEIN s. a. a. HH Embryo Oy [verkkojulkaisu]. Huitin Holstein. [Viitattu 2018-12-01.] Saatavilla: <https://www.huitinholstein.net/hhembryo>
- HIRSJÄRVI, Sirkka, REMES, Pirkko ja SAJAVAARA, Paula 2009. Tutki ja kirjoita. 19. painos. Helsinki: Tammi. [Viitattu 2018-11-17.] Iisalmi: Savonia-ammattikorkeakoulu.

- ITKONEN, Satu 2014. Genomitestaus on suuriharppaus karjanjalostukselle [verkkajulkaisu]. Suomenmaa. [Viitattu 2018-11-26.] Saatavissa: <https://www.suomenmaa.fi/uutiset/genomitestaus-on-suuri-harppaus-karjanjalostukselle-6.3.55374.859e62cf36>
- KÄRKKÄINEN, Leena 2014. Uusien jalostusmenetelmien käytön kannattavuus lypsykarjatilalla – lyhyen aikavälin tarkastelu [verkkajulkaisu]. Helsingin yliopisto, taloustieteen laitos. Maatalousekonomia, maisterintutkielma. Saatavissa: <https://helda.helsinki.fi/bitstream/handle/10138/135464/K%C3%A4rkk%C3%A4inen.pdf?sequence=1>
- LATVA-RASKU, Antti 2017. Pohjoismaat ovat tasapainoisen jalostuksen edelläkävijä [verkkajulkaisu]. [Viitattu 2018-11-26.] Saatavissa: <http://www.faba.fi/fi/faba/blog/pohjoismaat-ovat-tasapainoisen-jalostuksen-edellakavija>
- LINNAINMAA, Eeva 2017. Eläimiä voidaan jalostaa voimaan paremmin [verkkajulkaisu]. Maaseudun Tulevaisuus, Maatalous. [Viitattu 2018-11-8.] Saatavissa: <https://www.maaseuduntulevaisuus.fi/maatalous/eläimiä-voi-jalostaa-voimaan-paremmiin-1.199072>
- LUKE s. a. Alueittainen maidontuotanto 2017 [verkkajulkaisu]. Luonnonvarakeskus. [Viitattu 2018-11-17.] Saatavissa: <https://stat.luke.fi/tilasto/26>
- MÄNTYSAARI, Esa ja STRANDÉN, Ismo 2009. Genominen arvostelu mullistaa lypsykarjan jalostuksen [verkkajulkaisu]. MTT. [Viitattu 2018-11-9.] Saatavissa: <http://www.mtt.fi/maaseuduntiede/pdf/mtt-mt-v66n01s16a.pdf>
- NAV 2018. NTM:n Painokertoimet [verkkajulkaisu]. NAV. [Viitattu 2018-11-8.] Saatavissa: https://www.nordicebv.info/wp-content/uploads/2018/11/NTM-%E2%80%93weight-factors_06112018_FIN.pdf
- NAV s. a. a. NAV [verkkajulkaisu]. NAV. [Viitattu 2018-11-23.] Saatavissa: <http://www.nordicebv.info/fi/about-nav/>
- NAV s. a. b. Perinnöllinen edistyminen [verkkajulkaisu]. NAV. [Viitattu 2018-11-30.] Saatavissa: <https://www.nordicebv.info/fi/ntm-and-breeding-values/genetic-trends/>
- PARTANEN, Heli 2012. Liharotusiemennykset ja genomitestaus pohjoissavolaisilla lypsykarjatilalla [verkkajulkaisu]. Savonia ammattikorkeakoulu. Maaseutuelinkeinot Iisalmi, luonnonvara- ja ympäristöalan koulutusohjelma. Opinnäytetyö. [Viitattu 2019-02-15.] Saatavissa: https://www.theseus.fi/bitstream/handle/10024/40893/partanen_heli.pdf?sequence=1
- PÖSÖ, Jukka 2017. Testi kertoo, tuleeko vasikasta kestävä lehmä. Nauta 3/2017, 7-8. [Viitattu 2018-10-1.]
- PÖSÖ, Jukka 2018. Genomit kertovat kestävydestä. Nauta 2/2018, 6-8. [Viitattu 2018-10-01.]
- RIEKKINEN, Joni 2016-12-22. Lehmä totuttelemassa uuteen lypsyröbottiin [digikuva]. Sijainti: Kuopio: Joni Riekkisen sähköiset kokoelmat.
- RIEKKINEN, Joni 2018-10-13. A-Rehun ja FABA:n DNA-korvamerkit [digikuva]. Sijainti: Kuopio: Joni Riekkisen sähköiset kokoelmat.
- RIEKKINEN, Joni 2019-04-06. Vasikoiden odotusarvot ennen genomitestausta [digikuva]. Sijainti: Kuopio: Joni Riekkisen sähköiset kokoelmat.
- RIEKKINEN, Joni 2019-04-06. Genomitestin tulokset [digikuva]. Sijainti: Kuopio: Joni Riekkisen sähköiset kokoelmat.
- SCHEFERS, Jonathan M. ja WEIGEL, Kent A. 2012. Genomic selection in dairy cattle: Integration of DNA testing into breeding programs [digilehti]. Animal Frontiers, Volume 2, Issue 1, January 2012, s. 4-9. [Viitattu 2018-11-26.] Saatavissa: <https://academic.oup.com/af/article/2/1/4/4638584>
- SEMEX s. a. a. Semex Finland Oy [verkkajulkaisu]. Semex. [Viitattu 2018-11-23.] Saatavissa: <http://www.semex.fi/finland.html>

SEMEX s. a. b. Genomitestaus [verkkajulkaisu]. Semex. [Viitattu 2018-11-23.] Saatavissa: <http://www.semex.fi/genomilomake.html>

SWEEBV 2018-11-30. NTM trendi suomalaisilla holstein lehmillä [kuvakaappaus]. Sijainti: Pohjoismaiden perinnöllisen edistymisen trendisivu [verkkajulkaisu] Saatavissa: <http://www.sweebv.info/ba52nycknav.aspx>

TAHVONEN, Tiina 2018-12-09. Sonnien jalostuskäyttö [viesti]. Vastaanottaja Maarit Riekkinen. Sijainti: Kuopio: Maarit Riekkisen sähköiset kokoelmat.

TAURÉN, Pirkko 2017. Genomitestaus helpottaa parituskumppanin valintaa. Nauta 3/2017, s.7. [Viitattu 2018-10-25]

UKKONEN, Satu 2017-06-20. Lehmien havainnointia ruokintapöydältä käsin [digikuva]. Sijainti: Kuopio: Satu Ukkosen sähköiset kokoelmat.

UKKONEN, Satu 2018-11-09. Genomitestattuja hiehoja [digikuva]. Sijainti: Kuopio: Satu Ukkosen sähköiset kokoelmat.

UKKONEN, Satu 2018-11-09. Genomitestattu vasikka [digikuva]. Sijainti: Kuopio: Satu Ukkosen sähköiset kokoelmat.

UKKONEN, Satu 2019-01-22. Laskurin etusivun ulkoasu [digikuva]. Sijainti: Kuopio: Satu Ukkosen sähköiset kokoelmat.

UKKONEN, Satu 2019-03-01. Laskurin Alkutiedot-välilehti: tilan perustiedot [digikuva]. Sijainti: Kuopio: Satu Ukkosen sähköiset kokoelmat.

UKKONEN, Satu 2019-03-01. Laskurin Alkutiedot-välilehti: laskurin laskemia tietoja [digikuva]. Sijainti: Kuopio: Satu Ukkosen sähköiset kokoelmat.

UKKONEN, Satu 2019-03-31. Laskurin Alkutiedot-välilehti: eläinten NTM/odotusarvo taulukot (Ukkonen 2019-03-31) [digikuva]. Sijainti: Kuopio: Satu Ukkosen sähköiset kokoelmat.

UKKONEN, Satu 2019-03-01. Laskurin tulokset välilehti [digikuva]. Sijainti: Kuopio: Satu Ukkosen sähköiset kokoelmat.

UKKONEN, Satu 2019-03-01. Laskurin tulokset: esimerkki hinta, jolloin tilan kannattaa genomitesta [digikuva]. Sijainti: Kuopio: Satu Ukkosen sähköiset kokoelmat.

UKKONEN, Satu 2019-03-01. Laskurin tulokset: osittaisbudjetointi [digikuva]. Sijainti: Kuopio: Satu Ukkosen sähköiset kokoelmat.

ZOETIS s. a. a. What is genomics and how does it help livestock [verkkajulkaisu]. Zoetis. [Viitattu 2018-10-25.] Saatavissa: <https://www.zoetis.com/news-and-media/feature-stories/posts/what-is-genomics-and-how-does-it-help-livestock.aspx>

LIITE 1: VASIKOIDEN ODOTUSARVOT

0087 Rosita			HOL			Viim.siem.															
			Synt.aika 25.01.2019			Viim.poik.															
Isä: F 98587 B Igodo 18 (G)						It: F 97402 B Icone 6															
Ema: 839 Linnea -1						Et: F 96856 D SilverridgeAlbu 10						S:									
Tuotos	Maito-kg		Rasva-kg		Rasva-%		Valk-kg		Valk-%		Ut.terv.		Solut		Pitkämaitoi		Kestävyyys		Kasvu		NTM
																					OD. 9
0088 Rokkari			HOL			Viim.siem.															
			Synt.aika 18.02.2019			Viim.poik.															
Isä: F 98436 B VH_Sanford 17 (G)						It: F 97658 B Synergy 9															
Ema: 784 Kaamos -9						Et: F 96243 B O-BeeKrusader -18						S:									
Tuotos	Maito-kg		Rasva-kg		Rasva-%		Valk-kg		Valk-%		Ut.terv.		Solut		Pitkämaitoi		Kestävyyys		Kasvu		NTM
																					OD. 4
0089 Roxette			AY			Viim.siem.															
			Synt.aika 04.03.2019			Viim.poik.															
Isä: A 47820 C VR_Toffee 19 (G)						It: A 47132 C VR_Tokyo 22															
Ema: 637 Iita 9						Et: B2BB 45581 R.David 9						S:									
Tuotos	Maito-kg		Rasva-kg		Rasva-%		Valk-kg		Valk-%		Ut.terv.		Solut		Pitkämaitoi		Kestävyyys		Kasvu		NTM
																					OD. 14

Vasikoiden odotusarvot ennen genomitestausta (Riekkinen 2019-04-06).

LIITE 2: GENOMITESTIN TULOKSET

0042 Palsami				HOL		Viim.siem.						1. Genomiarvo laskettu 02.05.2018		
Isä: F 97934 B VH_Master_ET 18 (G)				Synt.aika 17.01.2018		Viim.poik.								
Ema: 784 Kaamos -9						It: F 97247 B Modena 8								
						Et: F 96243 B O-BeeKrusader -18						S:		
Tuotos	Maito-kg	Rasva-kg	Rasva-%	Valk-kg	Valk-%	Ut.terv.	Solut	Pitkämaito	Kestävyy	Kasvu	NTM			
94	104	91		100		97			94	107	-9 (G)			
				Hedelmällis	Syntymäinde	Poikimäinde	Muut hoidot	Sorkkaterve	Lypsettävyy	Vuoto	Luonne			
				97	100	91	107	98	101		95			
				Koko	Takakorkeus	Rungon syvy	Rinnan leve	Lypsytyyppi	Selkäljin	Lantion lev	Lantion kul			
				115	106	109	120	97	103	114	91			
				Jalat	Kinner	T.jalk.as.	Kinnerlaatu	Luuston laa	Sorkkakulma	Vuohinen				
				83	112	97	84	77	101					
				Utrak	Etukiinn	Takaki.lev	Takaki.kor	Keskiside	Muoto	Tasapaino	Ev.pituus	Ev.paksuus	Ev.sijainti	Tv.sijainti
				101	113	99	92	92	104	97	102	104	104	106
0043 Pluto				HOL		Viim.siem.						1. Genomiarvo laskettu 02.05.2018		
Isä: F 98214 B VH_Stan 21 (G)				Synt.aika 19.01.2018		Viim.poik.								
Ema: 896 Neptunus 10 (GB)						It: F 97317 B CogentSupershot 15								
						Et: F 96856 D SilverridgeAlbu 10						S:		
Tuotos	Maito-kg	Rasva-kg	Rasva-%	Valk-kg	Valk-%	Ut.terv.	Solut	Pitkämaito	Kestävyy	Kasvu	NTM			
106	122	104		113		99			103	101	6 (G)			
				Hedelmällis	Syntymäinde	Poikimäinde	Muut hoidot	Sorkkaterve	Lypsettävyy	Vuoto	Luonne			
				99	104	110	89	112	102		100			
				Koko	Takakorkeus	Rungon syvy	Rinnan leve	Lypsytyyppi	Selkäljin	Lantion lev	Lantion kul			
				104	103	98	99	104	101	112	99			
				Jalat	Kinner	T.jalk.as.	Kinnerlaatu	Luuston laa	Sorkkakulma	Vuohinen				
				107	98	98	113	99	110					
				Utrak	Etukiinn	Takaki.lev	Takaki.kor	Keskiside	Muoto	Tasapaino	Ev.pituus	Ev.paksuus	Ev.sijainti	Tv.sijainti
				102	97	101	103	92	105	98	93	94	96	91
0044 Pikatsu				HOL		Viim.siem.						1. Genomiarvo laskettu 02.05.2018		
Isä: F 98354 B Topsy 16				Synt.aika 22.01.2018		Viim.poik.								
Ema: 795 Lakka -6						It: F 95796 B BookemET 15								
						Et: F 96243 B O-BeeKrusader -18						S:		
Tuotos	Maito-kg	Rasva-kg	Rasva-%	Valk-kg	Valk-%	Ut.terv.	Solut	Pitkämaito	Kestävyy	Kasvu	NTM			
101	102	102		101		95			105	89	-1 (G)			
				Hedelmällis	Syntymäinde	Poikimäinde	Muut hoidot	Sorkkaterve	Lypsettävyy	Vuoto	Luonne			
				99	104	110	102	97	95		96			
				Koko	Takakorkeus	Rungon syvy	Rinnan leve	Lypsytyyppi	Selkäljin	Lantion lev	Lantion kul			
				94	85	104	99	98	101	98	90			
				Jalat	Kinner	T.jalk.as.	Kinnerlaatu	Luuston laa	Sorkkakulma	Vuohinen				
				98	111	101	98	101	97					
				Utrak	Etukiinn	Takaki.lev	Takaki.kor	Keskiside	Muoto	Tasapaino	Ev.pituus	Ev.paksuus	Ev.sijainti	Tv.sijainti
				101	106	99	103	100	103	116	98	104	101	100
0045 Planet				HOL		Viim.siem.						1. Genomiarvo laskettu 02.05.2018		
Isä: F 98063 B Franchise				Synt.aika 23.01.2018		Viim.poik.								
Ema: 720 Jupiter						It: F 97273 B Rodgers 22								
						Et: FFF 95209 C VH_Rudolf 9						S:		
Tuotos	Maito-kg	Rasva-kg	Rasva-%	Valk-kg	Valk-%	Ut.terv.	Solut	Pitkämaito	Kestävyy	Kasvu	NTM			
107	90	99		107		107			115	95	21 (G)			
				Hedelmällis	Syntymäinde	Poikimäinde	Muut hoidot	Sorkkaterve	Lypsettävyy	Vuoto	Luonne			
				113	101	110	102	96	107		102			
				Koko	Takakorkeus	Rungon syvy	Rinnan leve	Lypsytyyppi	Selkäljin	Lantion lev	Lantion kul			
				96	104	86	97	95	103	104	87			
				Jalat	Kinner	T.jalk.as.	Kinnerlaatu	Luuston laa	Sorkkakulma	Vuohinen				
				103	85	99	96	101	114					
				Utrak	Etukiinn	Takaki.lev	Takaki.kor	Keskiside	Muoto	Tasapaino	Ev.pituus	Ev.paksuus	Ev.sijainti	Tv.sijainti
				121	117	107	115	94	122	98	88	106	97	99

Genomitestin tulokset (Riekkinen 2019-04-06).

LIITE 3: KYSELYN SAATEKIRJE

Hei maidontuottaja!

Vastaamalla tähän kyselyyn autat kehittämään Faban tarjoamia jalostuspalveluita tuottajaystävällisemmiksi. Vastaamalla autat myös meitä, Savonia ammattikorkeakoulun agrologiopiskelijoita selvittämään genomitestauksen hyödyntämistä tilatasolla. Kysely on osa opinnäytetyötä, joka keskittyy genomitestauksen hyödyntämisen kannattavuuteen maitotilojen karjanjalostuksen apuvälineenä. Opinnäytetyön toimeksiantajana toimii Faba osuuskunta. Vastauksia käytetään anonyymisti tilojen yleisen tilanteen selvittämiseen ja niiden avulla on tarkoitus edesauttaa Faban tarjoamien palveluiden toimivuutta.

Vastaamalla kyselyyn voit myös osallistua kolmen Faban tarjoaman genomitestin arvontaan antamalla yhteystietosi kyselyn lopuksi. Yhteystietojen jättäminen on vapaaehtoista ja tietoja käytetään ainoastaan arvonnassa. Kyselyn täyttäminen kestää noin viisi minuuttia.

Kyselyyn pääset <https://link.webropolsurveys.com/S/6B3981D1937ECAB8> tästä linkistä.

Ystävällisin terveisin

Joni Riekkinen ja Satu Ukkonen
Savonia ammattikorkeakoulu
Agrologi opiskelijat

LIITE 4: KYSELYLOMAKE

**SAVONIA****Lypsykarjan jalostus ja Faban tarjoamat palvelut****1. Tilalla on ***

- ☐ Parsinavetta
- ☐ Asemapihatto
- ☐ Robottipihatto
- ☐ Jokin muu, mikä?

2. Tila sijaitsee *

- ☐ Pohjois-Pohjanmaa
- ☐ Keski-Pohjanmaa
- ☐ Etelä-Pohjanmaa
- ☐ Keski-Suomi
- ☐ Pohjois-Savo
- ☐ Pohjois-Karjala
- ☐ Jokin muu, mikä?

3. Tilalla on lehmiä *

- ☐ Alle 35
- ☐ 35-48
- ☐ 48-70
- ☐ 70-135
- ☐ yli 135 lehmää

4. Tilan yrittäjien koulutus *

- ☐ Peruskoulu
- ☐ Maatalousalan perustutkinto
- ☐ Muu toisen asteen ammatillinen koulutus, mikä?

- ☐ Lukio, Ylioppilastutkinto
- ☐ Agrologi
- ☐ Muu ammattikorkeakoulutus, mikä?
- ☐ Agronomi

- ☐ Muu yliopistokoulutus, mikä?

- ☐ Jokin muu koulutus mikä?

5. Tehdäänkö tilalla jalostussuunnitelma? *

- ☐ Kyllä
- ☐ Ei

7. Tilalla hyödynnetään karjanjalostuksessa *

- ☐ Rakennearvostelua
- ☐ Alkionhuuhtelua
- ☐ Alkionsiirtoja
- ☐ Liharotusientä
- ☐ Sukupuolilajiteltua siementä
- ☐ Ei mitään näistä

8. Höydynnetäänkö tilalla genomitestausta? *

- ☐ Kyllä
- ☐ Ei

9. Tilalla genomitestataan *

- ☐ Kaikki lehmävasikat
- ☐ Vain odotusarvoltaan parhaat lehmävasikat
- ☐ Vain uudistukseen todennäköisesti valittavat lehmävasikat
- ☐ Vain todennäköisesti uudistuseläintuotannosta karsittavat lehmävasikat
- ☐ Faban suosittelemat lehmävasikat
- ☐ Viking Geneticsin suosittelemat eläimet
- ☐ Muita, mitä?

10. Genomitesteihin tarvittavat näytteet otetaan *

- ☐ DNA-korvamerkeillä
- ☐ Verinäytteellä
- ☐ TEGO verinäytteellä
- ☐ Sieranlimanäytteellä
- ☐ Karvanäytteellä

11. Tila kuuluu GenVik-projektiin (entinen LD-projekti)? *

- ☐ Kyllä
- ☐ Ei

12. Tilalla hyödynnetään genomitestausta, koska *

- ☐ Genomitesti on edullinen
- ☐ Näytteenotto on helppoa
- ☐ Testillä saadaan arvokasta tietoa vasikoiden ominaisuuksista
- ☐ Genomitestin hyödyntäminen kannattaa taloudellisesti
- ☐ Jokin muu, mikä?

13. Genomitestitulosten lukeminen/etsiminen on *

- ☐ Hankalaa
- ☐ Helppoa
- ☐ Jokin muu, mikä?

14. Genomitestien tilaamisen siirtyminen osaksi Minun Maatilani -ohjelmaa on ollut toimiva ratkaisu? *

- ☐ Kyllä
- ☐ Ei
- ☐ Tilalla ei ole tilattu genomitestejä Minun Maatilani -ohjelman kautta

15. Tilalla ei ole tilattu genomitestejä Minun Maatilani -ohjelman kautta, koska *

- ☐ Järjestelmän käyttöönotto ei onnistu
- ☐ Tila kuuluu GenVik-projektiin
- ☐ Tilalla testataan vain muutamia eläimiä vuosittain
- ☐ Jokin muu syy, mikä?

16. Genomitestien tilaamisen siirtyminen osaksi Minun Maatilaani ei ollut toimiva ratkaisu, koska *

- ☐ Järjestelmän käyttö on hankalaa
- ☐ Järjestelmän käyttöönotto ei onnistu
- ☐ Järjestelmä on epäselvä
- ☐ Tilauksen tekeminen on hankalaa
- ☐ Jokin muu, mikä?

18. Tilalla ei genomitestata, koska *

- ☐ Testi on kallis
- ☐ Näytteiden ottaminen on työlästä
- ☐ Testin tekemisen hyödyt ovat epäselviä
- ☐ Testin tekeminen ei kiinnosta
- ☐ Jokin muu, mikä?

20. Vapaa sana Faban toiminnasta

--

21. Arvontaan osallistuminen

Etunimi	<input type="text"/>
Sukunimi	<input type="text"/>
Matkapuhelin	<input type="text"/>
Sähköposti	<input type="text"/>

LIITE 5: LASKURIN ESIPUHE

Tämä laskuri on kehitetty muokkaamalla Leena Kärkkäisen pro gradu -tutkielmaansa tekemää perinnöllisen edistymisen laskuria niin, että sinä, tilallinen pystyt hyödyntämään laskurin tuloksia arvioi-
dessasi, kannattaisiko tilasi hyödyntää genomitestausta. Genomitesti on lypsykarja jalostuksen apu-
väline, jolla määritetään testattavan yksilön geeniperimässä olevia ominaisuuksia.

Laskuri laskee tilasi alkutietojen sekä karjasi vasikoiden ja hiehojen NTM odotusarvojen perusteella
hinnan, jolloin tilallasi kannattaisi hyödyntää genomitestausta. Jos esimerkiksi laskurin antama tulos
on 60 euroa, tilasi kannattaa harkita genomitestauksen hyödyntämistä, koska genomitestien tämän-
hetkinen hinta on 20-30 euron luokkaa. Tällöin genomitestien tekemisen avulla mahdollinen perin-
nöllinen edistyminen on rahallisesti mitattuna enemmän, kuin testien tekemisestä koituvat kustan-
nukset.

Laskuri toimii käytännössä niin, että syötät ensin alkutiedot välilehdelle tiedot, joita laskurin toiminta
edellyttää ja kirjaat oman karjasi hiehojen ja vasikoiden odotusarvot taulukoihin. Tietojen kirjaami-
sen jälkeen voit tarkastella tuloksia tulokset välilehdeltä. Alkutiedot välilehdellä täytettävien tietojen
laatikot on merkitty vaalean vihreällä värillä ja laskurin laskemat tiedot tumman vihreällä ja keltai-
sella värillä. Kaavat ovat automaattisia, joten niitä ei tarvitse tehdä itse.

Laskurin tulos on suuntaa antava, joten saatuja tuloksia on mahdollista käyttää arvioitaessa
genomitestaamisen tuomia hyötyjä tilatasolla. Toivomme, että laskuri tarjoaa mielenkiintoista ja
kannustavaa tietoa genomitestauksen avulla saavutettavasta perinnöllisestä edistymisestä lypsykar-
jan jalostuksessa.

Juankoski 31.3.2019

Joni Riekkinen ja Satu Ukkonen