

DNA-sukupuuta hyödyntävän jakustusmenetelmän pilotointi

Loppuraportti

Heikki Koskinen, Tapio Kiuru, Petri Heinimaa ja Marja-Liisa Koljonen

Riista- ja kalatalouden tutkimuslaitos



**Suomen elinkeinokalatalouden
toimintaohjelma
2007-2013**



Hanke on osittain Euroopan kalatalousrahaston (EKTR) rahoittama

1. Johdanto

Kiristyvässä kilpailutilanteessa vesiviljelyn monipuolistaminen uusilla lajeilla on elinkeinon säilymisen ja kehittymisen kannalta yhä tärkeämpää. Uusilla viljelylajeilla lähdetään aina liikkeelle mahdollisimman monimuotoisista luonnonkannoista, minkä johdosta eteneminen jalostustavoitteissa viljely-ympäristöön tottumisen jälkeen on hyvin nopeaa, erityisesti työn alkuvaiheessa. Taloudellisesti tilanne on kuitenkin haasteellinen. Vaikka valintajalostuksen edut ovat käytännössä erityisen suuret juuri lajin viljelykaaren alkuvaiheessa, ei valintajalostusohjelman käynnistämiseen yleensä ole taloudellisia mahdollisuuksia ennen kuin tuotantovolyymit nousevat riittävän suuriksi. Käytännössä liikkeelle lähdetään useimmiten pienimuotoisilla massavalintaohjelmilla.

Tavanomaisessa massavalinnassa kalapopulaation sukupuu ja emoparven yksilöiden välinen sukulaisuusaste eivät ole tiedossa ja siten emokalat valitaan yksinomaan suorien mittaustietojen perusteella, ilman jalostusarvostelua. Valintajalostuksella saavutettujen, perinnöllisistä muutoksista johtuvien, etujen pysyvyyden edellytyksenä kuitenkin on kalaston geneettisen kokonaisuuden hyvä huolto, ennen kaikkea sisäsiittoisuuden ja geneettisen monimuotoisuuden hallinta. Sisäsiittoisuus on hyvin hallinnassa suurissa perhepohjaisissa valintajalostusohjelmissa, kuten kansallisessa JALO-kirjohiohjelmissä, mutta sitä vastoin massavalintaan perustuissa jalostusohjelmissä, joissa yksilöiden välisiä sukulaisuussuhteita ei yleensä tunneta, lähisukuisten kalojen välisiä parituksilta ei voida välttyä. Massavalinnalla päästään tuotanto-ominaisuuksissa usein nopeasti eteenpäin, mutta samalla vaarannetaan kalamateriaalin pitkän tähtäimen kehityspotentiaali ja jalostuksella saavutettujen etujen pysyvyys. Sisäsiittoisuuden lisääntyminen johtaa ennen pitkää tuotanto- ja terveysominaisuuksien heikentymiseen. Sen seurauksena myös massavalinnassa ennustettu geneettinen edistyminen toteutuu vain osin. Rajoitteistaan huolimatta massavalinta on erittäin edullinen ja nopea tapa parantaa kalakannan tuotanto-ominaisuuksia ja siten se onkin käytännössä ollut myös ainoa suomalaisille yrityksille kustannustasoltaan mahdollinen valintajalostusmenetelmä.

Sisäsiittoisuuden ohella massavalinnan käyttökelpoisuutta rajoittavat myös epäedulliset geneettiset korrelaatiot tiettyjen tuotanto- ja laatuominaisuuksien välillä. Koska massavalinnassa voidaan hyödyntää ainoastaan elävästä kalasta mitattavissa olevia ominaisuuksia, teurastuksen yhteydessä määritettävien laatuominaisuuksien huomioiminen valinnassa ei luonnollisestikaan ole mahdollista. Esimerkiksi pelkästään kalan kokoon perustuva valinta voi samanaikaisesti vähentää perkuusaantoa, suosia epäedullista ruumiinmuotoa ja nostaa lihaksen rasvapitoisuutta. Siten laatuominaisuuksien heikkenemisellä voi olla jopa suurempi taloudellinen vaikutus kuin pelkällä kasvuun perustuvalla tuotanto-ominaisuuksien paranemisella.

Siian jalostettavuustutkimuksessa ja JALO-valintajalostusohjelmassa kehitettyjen mittausten menetelmien sekä uusien molekyyliogeneettisten tunnistusmenetelmien avulla massavalinnan rajoitteet on mahdollista poistaa. Molekyyliavusteisella massavalinnalla (Walk-Back -valinta) jalostustavoitteissa etenemistä on mahdollista tehostaa ja samalla hallita sukulaisuusasteen kasvua sekä välttää sen mahdollisesti aiheuttamia haittoja. Walk-Back -valinta on tehostettua massavalintaa, jossa hyödynnetään emovalinnassa ja sukusiitosasteen hallinnassa molekyyli-merkeillä tehtävää polveutumismääritystä. Lähtömateriaalina on suuri joukko yksilömerkkaamattomia kaloja, joista tuotanto-ominaisuuksien perusteella valitaan vain haluttu määrä parhaita kaloja emoiksi. Ainoastaan emokalakandidaateiksi valikoituneet kalat yksilömerkataan ja niistä otetaan eväinäyte DNA-analyysiä varten. Analyysitulosten avulla määritetään parven kalojen keskinäiset sukulaisuussuhteet, joita hyödyntäen hedelmöitykset on mahdollista tehdä tuotanto-ominaisuuksiltaan parhaiden, mutta toisilleen etäistä sukua olevien yksilöiden kesken. Menetelmä sopii erityisesti erityyppisten hyvin lajeille, joille ei ole mahdollista rakentaa kallista perhetankkeihin ja laajamittaiseen yksilömerkintään perustuvaa valintajalostusohjelmaa. Se soveltuu hyvin myös uusille lajeille, joita ei voi kasvattaa pienissä perhealtissa olosuhdevaatimustensa vuoksi. Sukusiittoisuuden hallinta mahdollistaa jalostustavoitteissa etenemisen pitkälle tulevaisuudessa ja myös siirtymisen perhepohjaiseen menetelmään on jatkossa mahdollinen. Menetelmä on siten erityyppisten käyttökelpoinen lajeille, joiden tuotannon kehittymistä voi olla vaikea ennustaa.

2. Hankkeen tavoitteet

2.1. Välittömät tavoitteet

Hankkeen päätavoitteena oli luoda DNA-sukupuuta kolmelle siian jalostuskannalle sukusiitoksen hallitsemiseksi. Referenssimateriaalina käytettiin Riista- ja kalatalouden tutkimuslaitoksen valintajalostuskantaa ja vertailuryhminä kahta yksityisen sektorin siikakantaa. Samalla pyrittiin arvioimaan siikakantojen väliset geneettiset erot ja perinnöllisen monimuotoisuuden määrä, jolla on merkitystä kantojen jalostettavuuden kannalta (tieto vain yritysten omaan käyttöön) sekä luoda samalla perusta yksilö- ja monimuotoisuustietojen hyödyntämiselle siian jalostuksessa tulevissa sukupolvissa.

Hankkeen toisena tavoitteena oli kehittää elävän kalan mittausten menetelmiä laatuominaisuuksien hallintaan. Pyrkimyksenä oli kehittää luotettava ja rutiinimittauksiin soveltuva menetelmä elävän

kalan rasvaominaisuuksien mittaukseen sähkönjohtavuuteen perustuvien rasvamittareiden ja morfologisten mittausten avulla.

Hankkeen kolmannen osa-alueen tavoitteena oli kehittää reaaliaikainen jalostusarvostelun mahdollistava tietokantasovellus kalanjalostusmittauksiin ja datankeruuseen jo kehitettyyn järjestelmään sekä tietotekninen sovellus sukupuutietojen hallintaan.

2.2. Hankkeen laajemmat tavoitteet

Projektin pidemmän tähtäimen tavoitteena oli luoda edellytykset siian viljelyn laajenemiselle sekä turvata suomalaisten ruokakalatuotantoon jalostettavien siikakantojen laatuominaisuudet ja pitkäjänteisen jalostustoiminnan kannalta riittävä monimuotoisuus. Pyrkimyksenä oli kehittää molekyyligeneettisten menetelmien avulla nykyaikainen ja kustannustensa puolesta myös yritysmittakaavaan soveltuva jalostusohjelma, joka olisi sovellettavissa erityisesti uusien viljelylajien tuotantoon ja jopa myös istukastuotantoon tarkoitettujen emokalastojen hallintaan.

3. Hankkeen osa-alueet

3.1. Hankekokonaisuus

Hankkeen käynnistyessä tuotantomäärän positiivisen kasvuennusteen vuoksi kohdelajiksi valittiin kotimaassa toiseksi tärkeimmäksi vesiviljelylajiksi nousut siika. Molekyyligeneettisten analyysien optimoinnissa hyödynnettiin materiaalia siian jalostettavuustutkimuksesta peräisin olevasta Riista- ja kalatalouden tutkimuslaitoksen ylläpitämästä perhepohjaisesta Kokemäenjoen vaellussiian jalostuskannasta. Referenssikannasta oli olemassa DNA-näytteitä jo kolmesta yksilömerkatusta jalostussukupolvesta, joten aineiston avulla oli ainutlaatuinen mahdollisuus testata ja kehittää molekyyligeneettinen sovellus valintajalostusohjelman tarpeisiin. Menetelmä optimoitiin sille tasolle, että kalojen väliset sukulaisuussuhteet kyettiin luotettavasti tunnistamaan vähintään sisar- ja puolisisartasolle saakka. Analyysien tulosaineistosta kehitettiin tuotanto-olosuhteissa tehtäviin hedelmöityksiin käytännön sovellus, jolla pystyttiin välttämään lähisukuisten kalojen keskinäisiä parituksia ja näin ollen hallitsemaan sukulaistumista. Menetelmä oli hankkeen yrityskumppanien käytettävissä kahtena siian lisääntymiskautena.

Menetelmäkehitys siian laatuominaisuuksien mittaamiseksi tehtiin referenssikannan testiparven avulla osana meritestiasemalla tehtäviä teurasominaisuuksien määrittämiä. Emokalojen rasvapitoisuus oli mahdollista ottaa osaksi yritysparvien molekyyliavusteista valintaa yhtenä lisääntymiskautena. Rasvamittari myös liitettiin osaksi jo käytössä olevaa tiedonkeruujärjestelmää mahdollistaen reaaliaikaisen valinnan rasvapitoisuuden perusteella.

Hankkeessa tehtävän sukupuutiedoston hallintaan rakennettiin relaatiotietokantasovellus, joka suunniteltiin kattamaan kalastojen valintajalostuksen ja monimuotoisuuden ylläpidon tarpeita. Samanaikaisesti syntyi idea menetelmästä, jolla tietokannasta tuodun taulukon avulla voitaisiin laitosoloissa hallita genotyyppattujen ja ID-merkattujen kalojen hedelmöityksissä sukulaistumista hieman edistyneemmällä tavalla. Menetelmää ei kuitenkaan voitu toteuttaa hankkeen puitteissa, joten siihen pyritään löytämään rahoitusta myöhemmin muualta. Sovellus olisi kuitenkin erittäin käyttökelpoinen niin yksityisillä emokalalaitoksilla kuin myös istukastuotantoa varten emokalastoja ylläpitävillä laitoksilla.

3.2. Mikrosatelliittialukkeiden testaus

Mikrosatelliittialukkeiden testauksessa oli alussa mukana yhteensä 48 alukeparia, joista optimoinnissa valikoitui 16 geneettisissä analyyseissä käyttökelpoista muuntelevaa DNA-mikrosatelliittimarkkeria. Samoja alukkeita on myös käytetty suomalaisilla sioilla populaatiogeneettisissä tutkimuksissa. Näissä lokuksissa oli yhteensä 180 erilaista geenimuotoa, eli alleelia, mikä on keskimäärin 11 alleelia/lokus. Lokuskohtainen alleelimäärä vaihteli 3:sta 30:een. Näytteitä analysoidessa kaikista sioista tutkitaan nämä samat geenilokukset.

Mikrosatelliittialukkeet testattiin RCTL:n siikakannan kahdesta jalostussukupolvesta kerättyjen näytteiden avulla. Näyte oli noin 1x1 cm eväpala. Analysoitavana olivat Kokemäenjoen vaellussiikojen vuosiluokkien 2004 ja 2005 emot sekä näiden jälkeläiset vuosiluokasta 2009. Kalojen todellinen sukulaisuus oli tiedossa perhepohjaisen jalostushistorian ansiosta. Kustakin ohjelmaan kuuluvasta 72:sta perheestä otettiin näytteeksi 3 poikasta eli yhteensä 216 jälkeläistä. Emoien sukupolvesta oli näytteet 47 koirasta ja 45 naarasta. Lisäksi kahdelta kaupalliselta viljelylaitokselta oli käytettävissä yhden sukupolven massavalittu aineisto.

3.3. Molekyyligeneettiset analyysit ja tulosten laskenta

Molekyyligeneettiset analyysit tehtiin Helsingin yliopiston maataloustieteiden laitoksen laboratoriossa. Mikrosatelliittianalyyseissä käytettiin ABI 3130 -elektroforeesilaitetta, jolla oli mahdollista analysoida kustannustehokkaasti useampi alukepari yhdellä kertaa (ns. multiplex) neljässä kapillaarissa. Genotyyppiaineisto analysoitiin laskentaohjelmilla Colony ja CoAncestry.

3.3.1. Emojen keskinäinen sukulaisuus

Sukulaisuus analyysi tehtiin ensin emosukupolven kaloille yksinään. Tulokseksi saatiin, että emot olisivat suurella todennäköisyydellä peräisin 60:stä perheestä. Emosukupolven teholliseksi kooksi saatiin laskennallisesti 70 (95%; 48-100). Genotyyppiaineiston perusteella 31 naarasta ja koirasta on riittänyt perustajamääräksi. Analyysissä havaittiin 18 perhettä, joista emoparvessa oli enemmän kuin 1 jäsen. Samasta perheestä oli mukana enintään 5 sisarusta (Taulukko 2). Lisäksi löytyi 111 kappaletta pareja, jotka yli 95 % todennäköisyydellä olivat puolisisaria. Tämä taustalla oleva emojen välinen sukulaisuus luo edellytykset suhteellisen korkeille sukulaisuuden asteille myös jälkeläisten sukupolvessa. Mikäli vanhemmat ryhmitellään joukkoihin, joissa kunkin kalan sisaret ja puolisisaret kuuluvat aina samaan ryhmään, tuloksena on yhteensä 5 perinnöllisesti erilaista ryhmää tai klusteria.

Coancestry:lla tehdyn analyysin mukaan pääosalle, eli yli 90 %:lla, vanhempainpolven pareista keskinäinen sukulaisuus oli alle 0,10. Yli puolella (58%) pareista sukulaisuus oli 0. Yhteensä löytyi 24 paria täyssisaria, mikä oli 0,6 % kaikista mahdollisista pareista. Emoparven keskimääräinen sukulaisuus oli vain 0,035.

3.3.2. Jälkeläisten tunnistus

Verrattaessa Colony:n antamia tietoja perheiden rakenteista todellisiin tunnettuihin sukulaisuuksiin, tulokset olivat erittäin hyvät. Tutkituista 216:sta poikasesta ainoastaan 1 olisi tullut määritettyä genotyybiltään väärin (0.00463), eli virheprosentti olisi ollut 0,46%. Lisäksi Colony havaitsi 3 poikasta, jotka oli luokiteltu virheellisesti perheisiin jo alun perin. Tutkituilla 16 geenilokuksella vanhemmuuden määrittäminen oli erittäin varmaa, kun myös vanhempien genotyypit olivat tiedossa ja näin sisaret ja puolisisaret löytyivät erittäin hyvin oikein.

Testissä, jossa käytettiin kaikki 16 mikrosatelliittilokusta ja emojen tiedot eivät olleet käytettävissä, Colony tunnisti 72 perheestä 61 oikein (84,7 %). Täyssisarista 92 % (192 kpl) oli kaikkiaan määritetty oikein ja 87 % (181 kpl, 208:sta) oli oikein yli 90 % todennäköisyydellä. Puolisisarista,

joita aineistossa oli 444, löytyi 435 kappaletta, 98 % oikein. Lisäksi puolisisariksi oli määritetty 13 paria, jotka todellisuudessa olivat täyssisaria, sekä 23 jälkeläisparia, jotka eivät olleet puolisisaria mutta, joiden sukulaisuusaste oli ilmeisesti myös puolisisartasoa, mikä johtunee taustalla olevasta emojen sukulaisuudesta.

Poikasparven teholliseksi kooksi, Ne, arvioitiin 104 (95%; 79-138). Perustajamääräksi arvioitiin 46 naarasta ja 49 koirasta kun oikein oli 45 naarasta ja 47 koirasta. Jälkeläistö jaettiin kaikkiaan 20 klusteriin. Klustereista 4 oli ilmoitettu olevan alle 70 % todennäköisyydellä oikein.

3.3.3. Yritysten emoparvet

Hankkeen puitteissa oli mahdollista analysoida 300 kalan näytteet yritysten osoittamista emoparvista. Analyysitulostusten valmistuttua referenssiaineiston avulla oli kehitetty tuotanto-olosuhteissa tehtäviin hedelmöityksiin käytännön sovellus sukusiitoksen hallitsemiseksi, joka otettiin myös välittömästi onnistuneesti käyttöön. Hedelmöitykset hyödyntäen sukusiitoksen hallintaa toteutettiin muiden tavoitteiden osalta yritysten omia tuotantointressien mukaisesti.

3.4. Laatuominaisuuksien mittausmenetelmien optimointi ja reaaliaikainen jalostusarvostelu

Kuten perinteisessä massavalinnassa myös Walk Back -menetelmässä valinta voidaan tehdä vain elävästä kalasta mitattavien tuotanto-ominaisuuksien perusteella. Jotta kalan teurasominaisuudet säilyvät hyvinä tai niitä voitaisiin parantaa, hankkeessa pyrittiin kehittämään menetelmiä laatuominaisuuksien mittaukseen elävästä kalasta. Siialla tiedetään solakan ruumiinmuodon olevan geneettisesti edullisessa yhteydessä matalaan rasvapitoisuuteen, joten rasvoittumista voidaan siten osin hallita massavalinnalla kiinnittäen nopeakasvuisuuden tai muun edistettävän tuotanto-ominaisuuden lisäksi huomiota myös kalan ruumiinrakenteeseen. Koska rasvoittumisen on arvioitu olevan siialla merkittävin epäedullinen laatuominaisuus, sen mittaamiseen sovellettiin eräillä muilla lajeilla käytettävää Distell Fish Fatmeter -rasvamittaria. Tutkimuslaitoksen aikaisemmista hankkeista saadun tulosaineiston perusteella mittarilla tehdyt mittaukset korreloivat hyvin kemiallisesti määritetyn siian lihaksen rasvapitoisuuden kanssa, joten rasvamittaus voitiin ottaa osaksi emovalintoja syksyllä 2011. Laajempi mittausaineisto saatiin meritestiasemalla tehdyn loppuperkauksen yhteydessä, jolloin tarkasteluihin saatiin mukaan myös teurasominaisuuksista tehdyt mittaukset koko vuosiluokasta 2009.

Varsin lupaavien mittaustulosten seurauksena Distell -rasvamittari kytkettiin osaksi tiedonkeruujärjestelmää, jolloin yksilöllinen kalasta tehtävä mittaustiedot ja arvostelut yhdessä rasvamittarilla määritettyjen arvojen kanssa voitiin tallentaa suoraan elektronisessa muodossa tallentimen keruumuistiin. Tallentimeen lisäksi kehitettiin ohjelmistot, joista toisessa on mahdollista ottaa niin haluttaessa rasvamittaus osaksi perusmittausta. Toinen ohjelmisto mahdollistaa kalojen reaaliaikaisen valinnan rasva-arvojen perusteella. Valintaa edeltää koko massavalittavasta parvesta otetun satunnaisotoksen läpikäynti rasvamittarilla, jonka arvoista muodostettavan keskiarvon ja -hajonnan perusteella voidaan ennakoivasti määrittää rasvamittaukselle raja-arvo tavoiteltavan kalamäärän valitsemiseksi jatkoon. Samanaikaisesti edistettäessä massavalinnan keinoin tuotanto-ominaisuuksia, käytössä on valintainstrumentit käytännössä viiden taloudellisesti merkittävimmän ominaisuuden valintaan, koska laadun lisäksi alhaisen rasvapitoisuuden valitseminen yhdessä nopean kasvun kanssa parantaa tehokkaasti kalan rehutehoa ja nopea kasvu makeassa vedessä on geneettisesti yhteydessä hyvään eloonjäämiseen kaikissa tuotantoympäristöissä. Reaaliaikaisen valinnan mahdollistava ohjelmisto on myöhemmin tarvittaessa laajennettavissa kattamaan myös muita ominaisuuksia kuin fileen rasvapitoisuuden.

3.5. Sukupuutietojen hallinta

Valintajalostustoiminnassa yksilömerkkikoodiin kytkettyä mittaustietoa kertyy varsin pian niin paljon, että datan hallinta ja hyödyntäminen tulee nopeasti mahdottomaksi tavanomaisten tietokoneohjelmien avulla. Siitä syystä sukupuutiedoston hallintaan rakennettiin SQL-ohjelmointiin perustuva relaatiotietokantasovellus, jossa tiedot ja niiden yhteydet esitetään taulukoiden muodossa. Tietokanta koostuu useammasta eri taulukosta, joissa oleellista on tietojen ryhmittely ja taulukoiden välinen looginen yhteys, relaatio. Relaatiotietokannan etu korostuu silloin, kun tapahtumia tehdään useaan taulukkoon samanaikaisesti. Koska tiedot on ryhmitelty eri taulukoihin ja taulukkojen välille on luotu looginen yhteys, siirtyvät muuttuneet tai uudet tiedot jokaiseen taulukkoon välittömästi ilman virheitä. Samalla tietokannassa voidaan laskea ja poimia erilaista tietoa ja tuoda se muita sovelluksia varten käyttökelpoisena taulukkona. Tietokantaa käytetään henkilökohtaiselle työasemalle asennettavalla salasanalla suojatulla käyttöliittymällä, jonka avattuaan käyttäjä pääsee viemään tai tuomaan tietoja kannassa.

4. Hankkeen toteuttajat ja niiden työnjako

Hankkeen koordinoijana ja pääasiallisena toteuttajana toimi Riista- ja kalatalouden tutkimuslaitoksen vesiviljelyn tulosityksikkö. Projektipäällikkönä toimi suunnittelija Heikki Koskinen. DNA-mikrosatelliittitutkimukset ohjasi ja tuloksiin liittyvän laskennan toteutti RKT:n kalantutkimuksen tulosityksiköstä dosentti Marja-Liisa Koljonen. Hankkeen tietokantaosion

toteutukseen osallistui myös tutkimuslaitoksen tietohallintoyksiköstä pääsuunnittelija Sven Forsell.

Kotieläinjalostukseen liittyvä osio hankittiin ostopalveluna Maa- ja elintarviketalouden tutkimuslaitoksesta (MTT), tietokannan ohjelmointi LogMaster Oy:ltä ja tiedonkeruujärjestelmään tehtävät muutokset Vatjus-Micro Oy:ltä. Myös DNA-mikrosatelliiteilla tehdyt laboratorioanalyysit hankittiin ostopalveluna Helsingin yliopiston kotieläintieteen laitokselta.

Menetelmän pilotointiin osallistuivat Suomen suurin poikastuottaja Savon Taimen Oy ja siian poikastuotantoon erikoistunut Terhontammi Oy. Kehitystyön lisäksi yritykset osallistuivat hankkeen rahoitukseen.

5. Yhteys muihin hankkeisiin

Hankeessa kehitettyä DNA-sukupuuhun pohjautuvaa jalostusmenetelmää on hyödynnetty ulkoministeriön rahoittamassa IKI-hankeessa Vietnamin ja Perussa. Vietnamin sen avulla perustetaan kirjolohen emokalasto kantavertailun voittaneesta suomalaisesta JALO-kirjolohikannasta, joka tällöin voidaan kytkeä takaisin valintajalostusohjelmassa muodostuneeseen suomalaiseen sukupuuhun ja siten parantaa kalamateriaali sikäläisiin tuotanto-olosuhteisiin entistäkin paremmin soveltuvaksi jalostusarvostelua hyödyntäen. Vastaavasti Perun hankkeessa menetelmää sovelletaan maailman suurimman makeanveden kalalajin, Arapaiman (*Arapaima gigas*), perimältään monimuotoisten emokalastojen perustamisessa.

Myös Riista- ja kalatalouden tutkimuslaitos on hyödyntänyt teknologiaa luonnonkantojen säilytysviljelyssä. Menetelmää sovellettiin ensimmäiseksi Inarin kalantutkimus ja vesiviljelyssä Siuttajoen järvitaimenen emokalastoon, jonka paritusmallit voitiin optimoida molekyyli-geneettisillä analyyseillä selvitettyjen todellisten sukulaisuussuhteiden perusteella. Myös yksityisten poikastuottajien taholta on tullut hankkeen kuluessa tiedusteluja ottaa jalostusmenetelmä myöhemmin käyttöön osaksi omaa toimintaansa.

6. Tubosten julkaisu ja hyödyntäminen

Saavutettuja tuloksia on esitelty ja julkistettu hankkeen etenemisen myötä useissa eri tilaisuuksissa ja yhteyksissä niin kotimaisille kuin kansainvälisille alan toimijoille ja vaikuttajille.

Hanketta esittelevä artikkeli Riista- ja kalatalouden tutkimuslaitoksen asiakaslehdessä (Apaja 1-2009).

Hankkeen esittely Suomen Kalankasvattajaliiton yrittäjäpäivillä Jyväskylässä 26.3.2010.

Saksan Leipzigissa 1.-6.8.2010 järjestetyssä kansainvälisessä eläinjalostajille suunnatussa 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production -kokouksessa posteriesitys ja kongressijulkaisu aiheesta "Empirical evaluation of the potential of walk-back selection in breeding programme for European whitefish (*Coregonus lavaretus* L.)".

Norjan Stavangerissa 1.-3.9.2011 järjestetyssä kansainvälisessä vesiviljelyalan toimijoille ja tutkijoille suunnatussa Fish Breeder's Round Table -kokouksessa suullinen esitys aiheesta "The use of microsatellites in data recording and breeding value estimation".

7. Hankkeen kustannusarvio ja toteutuneet kustannukset

Taulukko 1. Hankkeen kustannusarvio ja toteutuneet kustannukset.

	Palkat sivukuluineen	Ostopalvelut ja palkkiot	Matkakulut	Kone- ja laitehankinnat	Muut kulut	Yhteensä
Hankesuunnitelma 18.11.2008	68 000 €	60 000 €	8 000 €	5 000 €	8 500 €	149 500 €
Hankesuunnitelman muutospäätös 2.3.2012	60 800 €	73 700 €	6 000	5 000 €	4 000 €	149 500 €
Toteutuneet kustannukset 30.6.2012	55 416,32	81 788,26	5 270,02	5 867,73	3 184,6	151526,93