

## Ongelmallinen matadorjalostus ja laajan geenitestauksen hyödyt

- tosielämän esimerkki coton de tulear -rodusta

Jonas Donner, FT, geneetikko  
Genoscooper Oy

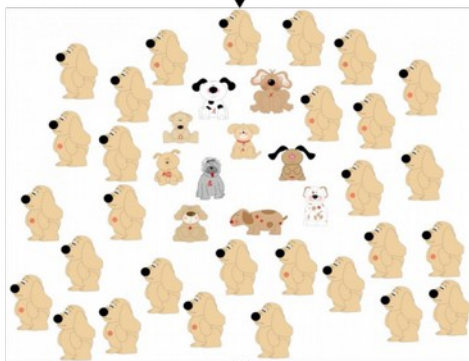
Tänä päivänä jalostussuosituksissa kiinnitetään yhä enemmän huomiota perinnölliseen monimuotoisuuteen rodun elinkelpoisuuden ja terveyden turvaamiseksi. Jalostus- ja geenipohjan laajuutta arvioitaessa tarkastellaan esimerkiksi rodun keskimääräistä sukusiitosastetta, tehollista populaatiokokoa sekä tiettyjen jalostusyksilöiden ylikäyttöä. Suurilukuinen rotu ei välttämättä ole perimältään monimuotoinen, jos jalostukseen käytettävien koirien määrä on pieni ja tietyt koirat tuottavat merkittävän osuuden kaikista jälkeläisistä. Jalostuspohjan laajuutta voidaan nykyään arvioida paitsi kattavien jalostustilastotietokantojen avulla, myös molekyyligeneettisin menetelmin, joiden avulla mitataan perimän monimuotoisuusastetta (heterotsygotiaa eli sitä, kuinka suuressa osassa kaikkia tutkittuja perimän kohtia koira on perinyt erilaisen geenimuodon isältään ja emältään).

Suurimpia uhkia minkä tahansa rodun perinnölliselle terveydelle on erityisen suosittujen urosten (nk. matadorurosten) liikakäyttö. Esimerkiksi näyttelymenestyksen tuoma suosio jalostuskäytössä, tai rodun kysynnän synnyttämä houkutus tuottaa suuria määriä pentuja nopeasti, voivat aikaansaada tilanteen, jossa matadoruroksen ensimmäisen ja toisen polven jälkeläiset muodostavat merkittävän osuuden rodun vuosittaisista rekisteröinneistä. Ainoa uhka rodun terveydelle ja elinvoimalle ei kuitenkaan ole pelkkä monimuotoisuuden menettäminen geenipoolin kapenemisen kautta. Olemme aiemmin havainnollistaneet kuvitteellisen esimerkin avulla, kuinka tietystä uudesta geenivirheestä johtuva perinnöllinen sairaus voi yleistyä rodussa ennen kuin kasvattajat heräävät ongelmaan (Kuva 1). Samat matadorjalostuksen kautta sairauden yleistymiseen johtavat periaatteet pätevät myös silloin, kun suosittuja jalostusyksilöitä ei tutkita jo tunnetun testattavissa olevan geenivirheen osalta.

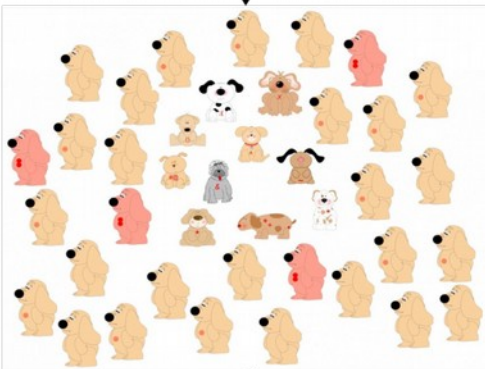
**Kuva 1 seuraavalla sivulla. Geenivirheen yleistyminen rodussa matadorjalostuksen kautta.** Vapaasti muokattu Tri. Carol Beuchat:n kirjoitelmasta "The Pox of the Popular Sire - Näkökulma matadorjalostukseen" (<http://www.mydogdna.com/fi/blogi/pox-popular-sire-nakokulma-matadorjalostukseen>).



Jokainen koira kantaa piileviä perinnöllisiä geenivirheitä, joita ei huomaa ilmiästä. Tässä esimerkissä ympyröidystä yksilöstä tulee yhtäkkiä näyttelymenestyksen takia matadoruroks ja se siirtää geenivirhettään eteenpäin suurelle määrälle jälkeläisiä.



Geenivirhe yleistyy populaatiossa vain yhden sukupolven aikana. Sitä ei kuitenkaan vielä huomata, sillä matadoruroksemme jälkeläiset ovat ilmiänsultaan terveitä kantajia (kuvittelemme, että tarkastelemamme sairaus periytyy resessiivisesti eli peittyvästi, jolloin sairastumiseen vaaditaan kaksi kopiota geenivirheestä.)



Ongelmat alkavat vasta toisessa sukupolven. Ensimmäisen sukupolven kantajat ovat siirtäneet geenivirheen puolelle jälkeläisistään ja puolisisarastutukset tai linjasiitokset takaisin matadorurokseen alkavat jo tuottaa sairaita jälkeläisiä, kun kantajia yhdistetään. Tässä vaiheessa ongelmat laitetaan kuitenkin usein vain "huonon onnen" piikkiin.



Sukupolvea myöhemmin ongelma saattaa olla ilmeinen. Kantajien määrä on jo niin suuri, että todennäköisyys yhdistää kaksi kantajaa ja saada sairaita pentuja on merkittävä. Mikäli lähisukulaisia ei vielä tähän mennessä ole paritetu, kantajuus on levinnyt alkuperäisen matadoruroksen ja jälkeläisten kautta joka tapauksessa laajasti rotuun. Tällöin se ilmenee myöhemmin, kun paritetaan

Monimuotoisuuden vaaliminen on olennainen osa vastuullista jalostusstrategiaa. Samanaikaisesti ei kuitenkaan tule unohtaa rodulle tärkeitä olemassa olevia yksittäisiä geenitestejä. "Uuden veren" tuominen, esimerkiksi Suomen kantaan tuontikoiran myötä, on tärkeää, jotta alapopulaatiomme pysyisi mahdollisimman avoimena ja elinkelpoisena. Tuontikoirat olisikin hyvä testata mahdollisimman kattavasti perinnöllisten ongelmien varalta, sillä niitä käytetään usein myös paljon jalostukseen ja ne jättävät leimansa tuontimaan geenipooliin.

Suomen Coton de Tulear ry:n jalostustoimikunta on äskettäin omistajan ja kasvattajan suostumuksella tuonut julkiseksi tapauksen, jossa tuontikoiran G-Lavanono Pratele Jetyncy:n (Nono:n) on todettu olevan CMR-sairas. CMR (Canine Multifocal Retinopathy / "koiran multifokaali verkkokalvon sairaus"; ks. viereinen artikkeli) on silmätauti, joka voi johtaa verkkokalvon surkastumiseen ja sokeutumiseen. Tämä ilmeni laajan MyDogDNA-testauksen ([www.mydogdna.com](http://www.mydogdna.com)) kautta, kun useamman Nonon jälkeläisen havaittiin olevan CMR-kantaja. Nono ei suinkaan ole ainoa coton, joka kantaa CMR:ää vaan toistaiseksi MyDogDNA-testatuista koirista noin joka kymmenes kantaa kyseistä silmätautia. Lisää testattuja koiria kuitenkin tarvitaan, jotta koko rodun kantajafrekvenssiä voidaan arvioida luotettavammin.

Nonoa on käytetty paljon jalostukseen (32 pentuetta, 123 pentua, 177 toisen polven jälkeläisiä). CMR1 periytyy autosomaalisesti peittyvästi, joten kaikki Nonon 123 ensimmäisen polven jälkeläistä ovat perineet yhden kopion geenivirheestä ja ovat näin ollen sairauden kantajia. Kantajat eivät itse sairastu CMR:ään, eikä kantajuus haittaa normaalia elämää. Kantajia voidaan käyttää jalostukseen, mutta niitä suositellaan yhdistettävän vain geenitestillä terveeksi todettuun toiseen osapuoleen.

Suomen Coton de Tulear ry sekä Nonon omistaja ja kasvattaja ovat toimineet vastuullisesti ja rodun terveyttä edistävällä tavalla tuodessaan ilmi tämänkaltaisen esimerkin matadorjalostuksen haitoista. Koirien jalostuksessa geenitestien tuomaa tietoa ei tänä päivänä ole syytä pelätä. Geenitestit ovat monissa roduissa osa vastuullisen kasvattajan arkea ja nykyään myös helppoja sekä tilata että käyttää jalostuksen apuvälineenä muiden kriteerien ohella. Tulevaisuuden trendinä jalostuksessa voidaankin pitää mahdollisimman kattavaa, nk. paneelitestauksia, jossa testataan kerralla samasta näytteestä mahdollisimman monta rodulle ominaista sairautta. Samanaikaisesti voidaan myös määrittää koiran monimuotoisuusaste sekä saada tietoa tietyistä perinnöllisistä ominaisuuksista, kuten esimerkiksi turkin väristä tai tyyppistä. Suomalaisen Genoscooper Oy:n kehittämän laajaan MyDogDNA-testauskonseptiin sisältyy samalla myös jokaiselle koiralle uniikki DNA-tunniste, jota voidaan käyttää polveutumisen varmentamiseen.

Laajaan DNA-testaamisen etu on myös hinnan puristuminen mahdollisimman alhaiseksi vastaamaan suunnilleen astutusmaksun suuruutta. MyDogDNA-passiin sisältyy coton de tulear-rodulle paitsi CMR- myös PH (primaarinen hyperoksaluria) -testi. PH:n frekvenssi cotoneilla on testaamiemme koirien perusteella noin 8 %, joten siihen on syytä kiinnittää myös huomiota. Lähitulevaisuuden tavoitteena on tuoda mukaan myös Banderas-taudin testi passiin. Lisätietoa on saatavilla osoitteesta <http://www.mydogdna.com/fi/rodut/249/coton-de-tul%C3%A8ar>.