



Sveriges lantbruksuniversitet
Swedish University of Agricultural Sciences

Fakulteten för veterinärmedicin och husdjursvetenskap
Institutionen för husdjursgenetik

Genetisk variation hos allmogefår jämfört med andra nordiska raser



Sofia Gundersen

Examensarbete för kandidatexamen, 15 hp

Agronomprogrammet – Husdjur

Examensarbete / Sveriges lantbruksuniversitet, Institutionen för husdjursgenetik, 537

Uppsala 2018

Genetisk variation hos allmogefår jämfört med andra nordiska raser

Genetic diversity in local Swedish sheep breeds in comparison with other Nordic sheep breeds

Sofia Gundersen

Handledare: Anna Maria Johansson, SLU, Institutionen för husdjursgenetik

Examinator: DJ De Koning, SLU, Institutionen för husdjursgenetik

Omfattning: 15 hp

Kurstitel: Kandidatarbete i husdjursvetenskap

Kurskod: EX0553

Program: Agronomprogrammet - Husdjur

Nivå: Grund, G2E

Utgivningsort: Uppsala

Utgivningsår: 2018

Serienamn, delnr: Examensarbete / Sveriges lantbruksuniversitet, Institutionen för husdjursgenetik, 537

Omslagsbild: Helsingefår, Marie Mårtensson (2018) Genbank 2366

Nyckelord: Allmogefår, genetisk variation, nordiska kortsvansfår, bevarande, SNPs, mikrosatelliter, endogent retrovirus

Key words: local Swedish sheep breeds, genetic diversity, Northern Short-tailed sheep, conservation, SNPs, microsatellites, endogenous retrovirus

Sammanfattning

Genetisk variation är en viktig del i bevarandearbete. En låg genetisk variation är inte bra för en population och kan vara förödande för en liten population med en hög inavelsgrad. Det finns inget enkelt sätt att öka en populations genetiska variation och samtidigt hålla en ras ren. De svenska allmogefårraserna är små populationer som stött på svårigheter med minskande antal och att ha blivit bortglömda under en längre tid. Det har lett till en minskning i effektiv populationsstorlek och genetisk variation. Idag är åtta av de tio raserna utrotningshotade varav två stycken kritiskt. Föreningen Svenska Allmogefår har startat genbanker för att bevara de kulturella raserna och hålla den genetiska variationen stabil. Om man tittar på andra inhemska nordiska fårraser går det att se en högre genetisk variation hos dem än hos allmogefåren.

Det finns olika markörer och metoder för att beräkna genetisk variation. I den här litteraturstudien tas markörerna SNPs och mikrosatelliter upp.

Abstract

Genetic diversity is an important part in conservation of a species. A low genetic diversity is unfavourable for a population and can be devastating for a small population that also have a high level of inbreeding. There are no simple ways to increase the level of genetic diversity in a population and at the same time keeping the breed pure. The local Swedish sheep breeds are small populations that have had their difficulties with a decreasing number and with being forgotten over time. This have led to a decrease in effective population size and genetic diversity. Eight out of ten breeds are today endangered whereof two critical. The Association of local Swedish sheep breeds (Föreningen Svenska Allmogefår) have founded a number of gene banks to conserve the cultural value that these breeds hold and to keep the genetic diversity at a stable level. By studying other Nordic sheep breeds it is possible to see that the genetic diversity is higher within those breeds than the local Swedish breeds.

There are different markers and methods for calculation genetic diversity. This review discusses the markers SNPs and microsatellites.

Introduktion

Genetisk variation beskriver de genetiskt ärvda olikheterna mellan eller inom populationer (Nevo, 2001). Variation har en stor betydelse för evolutionen både gällande genetisk och fenotypisk variation (Björklund, 2005). Att studera den genetiska variationen är av betydelse för att kunna jämföra olika populationer som finns på långa avstånd från varandra eller som lever i helt skilda miljöer. Det är därmed möjligt att ta reda på en populations historia och få fram information om utbyte med andra populationer, demografiska förändringar och eventuell invandring. Det går även att förutsäga vidare utveckling och potential ur en evolutionär synvinkel hos en population.

Den genetiska variationen minskar när alleler förloras ur populationen av olika orsaker (Björklund, 2005). När alleler förloras på grund av slump kallas det genetisk drift. En liten population är mer känslig än en större. Det som avgör hur många alleler som förloras varje år är den effektiva populationsstorleken. Den effektiva populationsstorleken är antalet individer som faktiskt för över sina gener till nästa generation. Ett exempel är ett harem, där finns det endast ett fåtal hanar och många honor. Även om populationen är stor kommer den effektiva populationsstorleken bli liten. För att en ras ska klara sig från inavelsdepression på kort sikt krävs en effektiv populationsstorlek på 50 djur (Soulé, 1980). Det krävs en effektiv populationsstorlek på över 500 djur för att en population ska behålla sin evolutionära potential på lång sikt (Franklin, 1980). Andra faktorer som kan minska den genetiska variationen är avel och förädlingsarbete (Björklund, 2005).

Nordiska kortsvansfår är samlingsnamnet för de äldre primitiva raserna som finns i norra Europa (Ryder, 1983). Till dem hör bland annat de svenska allmogefåren, de består av tio raser som härstammar från olika lokala platser i Sverige (Föreningen Svenska Allmogefår, 2018). Allmogefåren är inhemska raser som förr var vanliga i hela landet. På senare delen av 1800-talet blev det populärt med mer kommersiella raser för en ökad produktion. De små, tåliga och mångsidiga allmogefåren minskade i antal och glömdes bort på flera håll. Det var inte förrän på 1990-talet som raserna återupptäcktes och arbetet sattes igång för att bevara kulturarvet som finns i de här raserna. Föreningen Svenska Allmogefår startades år 1995 och deras syfte är att bevara de svenska allmogefåren i deras ursprungsform. För att göra det har levande genbanker startats med stambokföring för varje ras. En avelsplan har satts upp för raserna och målet är att bevara dem med den största genetiska variation som är möjlig och samtidigt värna om deras kännetecknande egenskaper.

Syftet med den här litteraturgenomgången är att undersöka hur den genetiska variationen ser ut hos våra allmogefår samt jämföra det med hur den ser ut hos andra nordiska inhemska fårraser.

Genetisk variation

Bevarande

Den genetiska variationen är viktig ur ett bevarandeperspektiv (Björklund, 2005). En liten art som anses hotad har oftast en liten genetisk variation, vilket kan göra den känslig för förändringar på grund av svårigheter att anpassa sig. Möjligheterna för vidare naturlig selektion försvinner också (Nevo, 2001). Sverige har konstruerat en handlingsplan för att bevara och

använda våra husdjursraser på ett hållbart sätt (Gustafsson, *et al.*, 2010). Den uppkom genom att Sverige och andra medlemsländer i FNs livsmedels- och jordbruksorganisation (FAO) antog den globala handlingsplanen (GPA) för husdjursgenetiska resurser genom Interlakendeklarationen. Varje land skulle därefter införa en egen nationell handlingsplan. Sveriges handlingsplan är uppbyggd i fyra områden: dokumentation och karaktärisering, bevarande och hållbart nyttjande, information och utbildning samt internationellt arbete. För att kunna bedriva ett bra bevarandearbete måste landets husdjursgenetiska resurser dokumenteras (Gustafsson, *et al.*, 2010). Uppgifter som berättar hur många djur det finns av varje ras, var i landet de finns, deras rastypiska egenskaper och attribut är av stor vikt. Varje ras behöver därefter en avelsplan som behandlar bevarandearbetet samt ser till att raserna används på ett hållbart sätt. Nästa steg är att först utbilda de som är närmast djuren, ägare och skötare, i hur de ska arbeta, efter det ska kunskapen spridas vidare till politiker, beslutsfattare samt allmänheten. Den sista delen är det internationella arbetet som syftar till ett aktivt samarbete mellan medlemsländerna.

Inavel

Inavel ger en minskad genetisk variation (Björklund, 2005). Populationer som fått minskad genetisk variation som en konsekvens av inavel har en större risk att dö ut än de som inte är drabbade av någon inavel. Populationsstorleken har en stor inverkan, då det i en stor population i det vilda är lägre risk att nära släktingar parar sig, än vad det är i en liten population (Griffiths, *et al.*, 2015).

Förändra den genetiska variationen

För att höja den genetiska variationen i en population måste nya alleler introduceras (Griffiths, *et al.*, 2015). Det sker antingen genom mutationer eller migration. Mutationer anses vara den största källan till genetisk variation. Något som anses intressant är mutationstakten vilket är sannolikheten att en allel ändras till en annan sorts allel under en generation. Hos däggdjur ligger mutationstaken på omkring 10^{-8} - 10^{-9} mutationer per nukleotid och generation baserat på cirka 50 gener (Björklund, 2005). I en könscell hos människa som har runt tre miljarder nukleotider skulle det då finnas 30 mutationer ($(3 \cdot 10^9) \cdot 10^{-8} = 30$). Det betyder däremot inte att det i slutändan finns 30 mutationer som skiljer avkomman från sina föräldrar eftersom mutationer kan repareras eller selekteras bort. De flesta mutationer har inte heller en signifikant effekt på individen och oftast är de mutationer som har stor effekt recessiva vilket betyder att de behövs i dubbel uppsättning för att komma till uttryck.

Det andra sättet att förändra den genetiska variationen är genom migration eller genflöde vilket betyder förflyttning eller utlåning av individer mellan olika populationer (Griffiths, *et al.*, 2015). Faktorer som försvårar utbyten mellan populationer kan vara fysiska barriärer som hav, floder eller berg.

Genetiska markörer och metoder för att mäta genetisk variation

Single nucleotide polymorphisms (SNPs)

Single nucleotide polymorphisms (SNPs) eller enbaspolymorfi som det kallas på svenska är den vanligaste typen av polymorfi i ett genom (Griffiths, *et al.*, 2015). Polymorfi är förekomsten

av olika alleler på ett och samma locus. Det rör sig oftast om två alleler men SNPs kan bestå av upp till fyra alleler. Det finns olika sorters SNPs; synonyma, icke-synonyma, nonsens och icke-kodande. Icke-kodande SNPs är lokaliserade utanför den kodande sekvensen och om den inte har någon effekt på genotyp eller fenotyp är den kallad "tyst". De tysta SNPs går att använda som markörer när man undersöker populationsgenetiska effekter och genflöde.

Mikrosatelliter

Mikrosatelliter användes i princip uteslutande vid studier på variation förr men har blivit mer och mer ersatt av bland annat SNPs (FAO Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture, 2015). Mikrosatelliter är större än SNPs och har fler alleler (Griffiths, *et al.*, 2015). Mikrosatelliter är vanligt förekommande i genom. Mutationstakten hos mikrosatelliter är högre än SNPs och ligger på omkring 10^{-3} till 10^{-4} mutationer per locus per generation medan SNPs ligger på 10^{-8} till 10^{-9} mutationer. En högre mutationstakt medför en ökad variation vilket ger fler alleler och mindre risk att två individer har lika genotyper.

Endogent retrovirus (ERVs)

Det är möjligt att använda endogent retrovirus (ERVs) som en genetisk markör för att studera en population över tid (Boeke & Stoye, 1997 se Chessa, *et al.*, 2009). Endogent retrovirus nedärvs från generation till generation enligt Mendelsk nedärvning. Fårens genom innehåller minst 27 kopior av ERVs som är släkt med Jaagsiekte sheep retrovirus (enJSRVs) (Arnaud, *et al.*, 2007). De flesta av de 27 enJSRVs går att finna i domesticerade får varav tio stycken endast finns hos dem. Endogent Jaagsiekte sheep retrovirus kan därmed användas som en informationsrik markör då populationer som delar samma provirus på samma ställe i genomet är fylogenetiskt släkt. Endogent retrovirus kan inte ge specifik information om en ras men kan indikera om andra raser har blandats in (Chessa, *et al.*, 2009).

Statistiska metoder för att beräkna genetisk variation

Det finns olika metoder för att beräkna genetisk variation. Några exempel är olika mått för hur många olika alleler som finns i en population samt olika mått på heterozygoti (Pons & Petit, 1995). Förväntad heterozygoti är sannolikheten att en individ är heterozygot. Observerad heterozygoti är andelen heterozygoter som faktiskt blivit observerade.

Det finns dataprogram som hjälper till vid beräkningen av genetisk variation. Rochus & Johansson (2017) använde sig av Genepop v.4.3 och Dahlberg (2012) använde Genepop 4.0.10.

Användning av markörer

Studien av Rochus (2017) använde sig av SNPs för att studera populationsstrukturer hos franska får. Det första Rochus (2017) gjorde var att genotypa för SNPs hos de får som skulle vara med i studien. De räknade sedan ut Hardy-Weinberg jämvikt (HWE) för varje SNPs inom varje ras och dem som inte var i HWE uteslöts ur studien. Hardy-Weinberg jämvikt följer Hardy-Weinberg lagen som säger att en populations allelfrekvens kommer vara konstant från generation till generation när inga evolutionära faktorer inverkar (Griffiths, *et al.*, 2015). I Rochus (2017) studie användes tre olika metoder för att studera populationsstruktur med hjälp av SNPs. Första metoden var en principalkomponentanalys (PCA) med programmet PLINK. Andra metoden var en modellbaserad analys med programmet sNMF för att uppskatta

individuellt nedärvda koefficienter. Den tredje analysen var även den modellbaserad och kallades TreeMix, den skulle dra slutsatser om splittringar samt korsningar av populationer.

Rochus (2017) studerade även populationsstrukturen hos fem svenska inhemska fårraser. Raserna som undersöktes var Dala Pälsfår, Fjällnäsfår, Gotlandsfår, Gutefår och Klövsjöfår. Studien gick till på ungefär samma vis som med de franska fåren. Rochus (2017) började med att genotypa fåren för SNPs. Single nucleotide polymorphisms som hade en minsta allelfrekvens på noll, SNPs som hade en andel saknade genotyper på mer än 0,01 och får som hade en andel saknade genotyper på mer än 0,15 uteslöts ur studien.

Rochus & Johansson (2017) använde bland annat mikrosatelliter för att uppskatta genetisk variation i Gutefår. De kunde då få fram variationen inom och mellan populationer, inavelsgrad samt Hardy-Weinberg test för avsaknad av heterozygoti och tillgången till mikrosatelliter med hjälp av programvaran Genepop v.4.3.

Mukiibi *et al.* (2015) använde sig av ERVs markörer för att förklara de genetiska släktskapen mellan svenska lokala raser. I deras metod testade de för sex enJSRVs loci med hjälp av polymeraskedjereaktion (PCR). För att uppskatta den genetiska relationen mellan raserna analyserades förekomsten av enJSRVs loci.

Nordiska kortsvansfår

Nordiskt kortsvansfår härstammar från områden från Island till nordvästra Ryssland (Ryder, 1983). Raserna går att spåra ända bak till järnåldern och medeltiden. De är kända för att ha en stor mängd färger i nyanserna svart, grå, vit och ibland brun. Idag finns nordiska kortsvansfår representerade i hela Norden förutom i Danmark där de blivit utrotade.

Allmogefår

Allmogefår är ett samlingsnamn för en grupp svenska lantrasfår (Föreningen Svenska Allmogefår, 2018). I den gruppen ingår Dala Pälsfår, Roslagsfår, Gestrikefår, Helsingefår, Klövsjöfår, Fjällnäsfår, Svärdsjöfår, Värmlandsfår, Åsenfår och Tabacktorpsfår. Alla förutom Dala pälsfår och Roslagsfår gick förr under namnet ”Skogsfår”. Ursprunget till de olika raserna är lokala platser runt omkring i Sverige där de hållits i mindre isolerade besättningar som lett till att de utvecklade säregna egenskaper. De har ett mångsidigt användningsområde och förr försörjde de landsbygden med ull, skinn och kött. Raserna blev dock bortglömda efter 1800-talet tills de började återupptäckas under 1990-talet. Det finns fortfarande möjlighet att fler får kommer upptäckas och identifieras som allmoge.

En presentation av allmogefårraserna går att se i Tabell 1. Allmogefåren är små raser och de minsta tackorna finns hos Tabacktorpsfåren på cirka 20 kg (Föreningen Svenska Allmogefår, 2016) och de största hos Värmlandsfåren på 45–80 kg (Föreningen Svenska Allmogefår, 2018). Allmogefårbagarna väger omkring 45–90 kg. Raserna förekommer både behornade och kulliga.

Tabell 1. Presentation av allmogefårraser (Föreningen Svenska Allmogefår, 2016)

Ras	Ursprung	Antal djur (Antal besättningar)	Antal tackor (Antal baggar)	Effektiv populationsstorlek	Status
Dala Pälsfår	Åsen, Dalarna	368 (25)	306 (62)	206	Utrotningshotad
Roslagsfår	Roslagen	915 (64)	784 (131)	449	Utrotningshotad
Gestrikefår	Norra Gästrikland	421 (31)	371 (50)	176	Utrotningshotad
Helsingefår	Hälsingland och Medelpad	968 (108)	864 (104)	371	Utrotningshotad
Klövsjöfår	Klövsjö, Jämtland	821 (84)	660 (161)	518	Utrotningshotad
Fjällnäsfår	Fjällnäs, Lappland	85 (6)	74 (11)	38	Utrotningshotad (Kritiskt)
Svärdsjöfår	Svärdsjö, Dalarna	340 (31)	261 (79)	243	Utrotningshotad
Värmlandsfår	Värmland	3 124 (212)	2 632 (492)	1658	Stabil
Åsenfår	Åsen, Dalarna	1 331 (88)	1 156 (175)	608	Stabil
Tabacktorpsfår	Gården Tabacktorp, Värmland	70 (4)	47 (23)	62	Utrotningshotad (Kritiskt)

Genetisk variation

Tabell 2. Genetisk variation (beräknad som sannolikheten att vara heterozygot) hos allmogefår (ett högre tal indikerar en högre genetisk variation)

Ras	Dahlberg (2012)	Tapio <i>et al.</i> (2005)
Dala Pälsfår	0,50	0,56
Roslagsfår	0,36	0,38
Gestrikefår	0,46	-
Helsingefår	0,61	-
Klövsjöfår	0,46	-
Fjällnäsfår	0,43	-
Svärdsjöfår	0,47	-
Värmlandsfår	0,60	-
Åsenfår	0,45	-
Tabacktorpsfår*	-	-
(Skogsfår)	-	0,63

*data saknas

I Tabell 2 visas den genetiska variationen hos allmogefåren och enligt Dahlberg (2012) har Helsingefår den högsta och Roslagsfår den lägsta.

Studien av Rochus (2017) där de studerade Dala Pälsfår, Fjällnäsfår, Gotlandsfår, Gutefår och Klövsjöfår kom fram till att alla raserna var skilda från varandra mer eller mindre. Klövsjöfåret skilde sig mest ifrån de andra och därefter var det Dala Pälsfåret. Rochus (2017) kom även fram till att det troligen finns en genetisk koppling mellan Fjällnäsfåret och Gotlandsfåret.

Mukiibi *et al.* (2015) studerade relationen mellan Texel, Svenska finullsfår, Gutefår, Roslagsfår, Värmlandsfår, Klövsjöfår och Mufflon. De kom fram till att av de här raserna låg Klövsjöfår och Värmlandsfår närmast varandra och längst ifrån alla var Texel som är en nederländsk fårras. De kunde även se att Gutefår, Svenska finullsfår och Roslagsfår hade en genetisk koppling till varandra. De tre fårraserna hade även enJSRVs som indikerade att de härstammar från primitiva fårraser men med kombination av en annan som visade att inkorsningar skett. Klövsjöfår och Värmlandsfår saknade till stor del de eftersökta enJSRVs vilket berättade att de är en primitiv fårras.

Studien av Tapio *et al.* (2005) studerade 32 nordeuropeiska fårraser och kom fram till att Skogsfår var en av raserna som låg högt för antal olika alleler inom rasen. En ras som hade ett lågt antal olika alleler inom rasen var Roslagsfår. Dala Pälsfår och Roslagsfår klassades in som en av 15 raser som bidrog mest till den genetiska variationen hos de nordeuropeiska fåren. Det betyder att de raserna är väldigt olika alla de andra raserna.

Andra nordiska fårraser

Gotlandsfår

Gotlandsfår kommer från ön Gotland och har utvecklats från det gotländska utgångsfåret (Gotlandsfårsföreningen, 2009). Rasen används till köttproduktion och pälskinn och är utspridd i hela Sverige. Både tackor och baggar är kulliga. Tackvikterna ligger på 55–90 kg och baggvikterna ligger på 80–120 kg. År 2014 fanns det 18 065 registrerade tackor i Elitlamm (Svenska Fåravelsförbundet, 2018a).

Gutefår

Gutefåret är ett svenskt lantrasfår som förr gick under namnen behornade utgångsfår och hornfår (GutefårAkademin, 2018). Rasen kommer från Gotland och har samma ursprung som Gotlandfåret men har tagit en annan inriktning. Gutefår har behornade baggar och tackor vilket Gotlandfåret inte har. Det har länge skett inkorsningar med andra raser till Gutefåren vilket gjorde att rasen varit nära på att försvinna. Om ett Gutefår inte har horn betyder det att den är av korsningsras. Avelsarbetet är inriktat på bevarande och därmed finns ingen rasstandard. År 2014 fanns det 2 229 tackor registrerade i Elitlamm (Svenska Fåravelsförbundet, 2018b). Den effektiva populationsstorleken var mellan år 2007 och 2012 155,4 djur (Rochus & Johansson, 2017).

Finsk lantras

Finsk lantras är som man hör på namnet ett finskt lantrasfår som även går under namnet Finskt finullsfår (Finnsheep, 2018). Aveln främjar god kött- och ullproduktion. Rasen är känd för sin anmärkningsvärda fertilitet och har bidragit i korsningsavel med andra raser. Båda könen är kulliga och tackorna har vikter på 65–75 kg och baggarna 85–105 kg. Det finns mindre än 15 000 tackor och omkring 5 500 av dem används i rasaveln.

Islandsfår

Islandsfåret är en av Islands två fårraser och har använts till kött-, ull- och mjölkproduktion (Dýrmundsson, 2018). Tackvikterna ligger på 59–73 kg och baggvikterna ligger på 82–100 kg vilket gör dem till en medelstor fårras. Islandsfåret har mött vissa motgångar under åren då det skett importer från andra länder vilket förde med sig sjukdomar (Ryder, 1983). Idag finns det restriktioner på vad som får föras in och inte.

Gammelnorsk sau

Gammelnorsk sau är en gammal norsk lantras som nästan var utrotad år 1955 (Oklahoma State University, 1999). Med hjälp av aktivt bevarandearbete fanns det år 1999 omkring 10 000 individer av rasen. Tackvikterna ligger kring 32 kg och baggarna omkring 43 kg. Alla baggar och vissa tackor är behornade. Gammelnorsk sau sägs vara ursprunget till isländska, färöiska och norska Spælsau raser.

Genetisk variation

Tabell 3. Genetisk variation (beräknad som sannolikheten att vara heterozygot) hos andra nordiska raser (ett högre tal indikerar högre genetisk variation)

Ras	Tapio <i>et al.</i> (2005)	Rochus & Johansson (2017)
Gotlandsfår	0,63	-
Gutefår	0,60	0,71
Finsk lantras	0,76	-
Islandsfåret	0,71	-
Gammelnorsk sau	0,70	-

Som visat i Tabell 3 fick Rochus & Johansson (2017) en högre genetisk variation för Gutefår än Tapio *et al.* (2005), 0,71 respektive 0,60. Studien av Rochus (2017) bekräftade det som nämndes i rasbeskrivningarna, att Gotlandsfår och Gutefår har starka genetiska kopplingar till varandra.

Studien av Tapio *et al.* (2005) med 32 raser visade att Finsk lantras var den som hade högst genetisk variation med 0,76 vilket även går att se i Tabell 3. När det kom till hur många olika alleler rasen hade fanns Islandsfåret som en av de med högst antal. Likt Dala pälsfår och Roslagsfår klassades även Finsk lantras som en av de raser som bidrog mest till den genetiska variationen hos nordeuropeiska fårraser. När det kom till rasernas relation till varandra delades de Nordiska kortsvansfåren in i tre grupper. En nordväst med Islandsfåret och dess närmaste raser, en nordost med Finsk lantras och dess närmaste och en tredje med främst de svenska och norska raserna. De norska raserna drog sig mot de nordvästra raserna och de svenska verkade närmare de nordöstra. Det Svenska finullsfåret visade sig ha rötter i både Finsk lantras och Gotlandsfåret.

Tapio *et al.* (2005) kom fram till att de lokala fårraserna i Nordeuropa har ett möjligt ursprung i en ursprungspopulation som sedan delats upp i mindre subpopulationer som i sin isolation blivit egna raser med tiden. De kunde även se att den effektiva populationsstorleken sjunkit i alla raser under historien.

Diskussion

Genetisk variation och effektiv populationsstorlek

Allmogefåren består av raser med få individer. Små populationer med låg genetisk variation har svårare att anpassa sig till förändringar (Björklund, 2005). Det ökar risken för att rasen ska dö ut. Allmogefåren blev utkonkurrerade av kommersiella raser på slutet av 1800-talet och återupptäcktes inte förrän på 1990-talet igen (Föreningen Svenska Allmogefår, 2018). Över 100 år av potentiellt avelsarbete har blivit förlorat och allmogefåren har rasat i antal och popularitet. Som det går att se i Tabell 1 har flera av raserna en låg effektiv populationsstorlek, med undantag för bland annat Värmlandsfår som har en högre med 1658 djur. Klövsjöfår, Värmlandsfår och Åsenfår ligger alla över 500 djur på effektiv populationsstorlek (Tabell 1). Det betyder att de enligt Franklin (1980) ligger över gränsen för vad som krävs för att en ras

ska behålla en evolutionär potential på lång sikt. Fjällnäsfåren har en kritiskt låg effektiv populationsstorlek med endast 38 djur och ligger då enligt Soulé (1980) under gränsen på 50 djur som krävs för att rasen ska klara sig från inavelsdepression på kort sikt. Fjällnäsfåren tillsammans med Tabacktorpsfåren är de minsta raserna och borde därmed även vara de känsligaste för förändringar och utrotning. Båda raserna klassas som kritiska när det kommer till hur utrotningshotade de är (Föreningen Svenska Allmogefår, 2016). De enda raserna som inte anses utrotningshotade av allmogefåren är Värmlandsfår och Åsenfår. Dock har Åsenfår endast 0,45 i genetisk variation som går att se i Tabell 2. Det är inte möjligt att öka den genetiska variationen drastiskt genom avel om inte nya individer introduceras i populationen (Griffiths, *et al.*, 2015). Därmed, om Föreningen Svenska Allmogefår vill behålla sina får renrasiga kan de endast jobba på att hålla den nuvarande genetiska variationen på en stabil nivå.

Sambandet mellan genetisk variation och effektiv populationsstorlek verkar inte vara direkt då de raser som har lägst genetisk variation automatiskt inte har den minsta effektiva populationsstorleken. Till exempel har Roslagsfåren en effektiv populationsstorlek på 449 djur (Tabell 1) och en genetisk variation på i genomsnitt 0,37 (Tabell 2). Roslagsfåren har alltså den fjärde största effektiva populationsstorleken men den lägsta genetiska variationen hos allmogefåren. Värmlandsfår har den högsta effektiva populationsstorleken på 1658 djur (Tabell 1) och en genetisk variation på 0,60 (Tabell 2) medan Helsingefår har en genetisk variation på 0,61 (Tabell 2) men en effektiv populationsstorlek på 371 djur (Tabell 1). Anledningen till att det ser ut som det gör kan bero på att populationerna minskade mycket under 1900-talet och de nu har börjat öka i antal igen. Den genetiska variationen går inte att öka i samma takt som den effektiva populationsstorleken. Det beror på att den genetiska variationen baseras på de olika allelerna som finns i populationen och den effektiva populationsstorleken baseras på antalet och förhållandet mellan honor och hanar. När fler renrasiga får avlas fram ökar den effektiva populationsstorleken men den genetiska variationen står nästan still eller sjunker.

Den genetiska variationen var högre hos de övriga nordiska raserna i den här litteraturstudien än allmogefåren som det går att se i Tabell 2 och Tabell 3. Den ras som hade högst genetisk variation i Tabell 3 var Finsk lantras med ett värde på 0,76. Anledningen till att raserna har olika genetisk variation är att deras historia ser olika ut. Alla är Nordiska kortsvansfår men har tagit olika vägar fram till var de är idag. Finsk lantras har varit en populär ras bland annat på grund av sin höga fertilitet och har inte råkat ut för samma öde som allmogefåren med en drastisk minskning i antal. Därmed har de lyckats behålla en relativt hög genetisk variation. Islandsfåret ligger också högt med ett värde på 0,71 (Tabell 3). Gutefåren och Gotlandsfåren ligger på nästan samma nivå som de raser av allmogefår som har högst genetisk variation. De har båda likt flera andra av raserna blivit utsatta för korsningsavel vilket medfört en minskning i antalet renrasiga får. När antalet renrasiga får minskar ökar risken för att den genetiska variationen hos rasen sjunker efter ett antal generationer då antalet får som kan gå vidare i avel är färre.

Tapio *et al.* (2005) och Rochus & Johansson (2017) fick olika värden på den genetiska variationen hos Gutefår som det går att se i Tabell 3, 0,60 respektive 0,71. Båda mätte den genetiska variationen inom rasen. En skillnad mellan studierna är att Tapio *et al.* (2005) endast

använde 20 Gutefår medan Rochus & Johansson genotypade 94 Gutefår från 13 olika flockar. Ett högre antal djur från olika flockar borde ge en bättre bild av hur rasen ser ut som helhet.

Enligt Oklahoma State University (1999) blev Gammelnorsk sau nästan utrotad år 1955 och nu finns det över 10 000 får av rasen. I Tabell 3 går det att se att den genetiska variationen för rasen är så mycket som 0,70. Det kan anses lite förbluffande. Vad hade Gammelnorsk sau som inte allmogefåren hade när de minskade i antal? Antalet får visar dock inte hur många som faktiskt ingår i renrasaveln. Sen beror det förstås på vad de definierar som nästan utrotad och hur stor korsningsavel som faktiskt skett i rasen. Det är möjligt att öka den genetiska variationen genom att införa nya individer med en annan genuppsättning (Griffiths, *et al.*, 2015).

Orsaken till att det inte finns någon data för Tabacktorpsfåren är för att de återupptäcktes sist och genbanken startades inte förrän år 2014 (Föreningen Svenska Allmogefår, 2018). Den senaste studien med alla allmogefårraser representerade är av Dahlberg (2012). Det skulle behövas en ny studie som även täckte Tabacktorpsfåren.

Avel

Ett av de stora problemen som avelsarbete har bidragit med är att hanarna bortprioriteras. Det gäller inte endast hos får utan hos andra husdjur också. Det är honorna som ger den största avkastningen. Det är endast honor som kan föda ungar och producera mjölk och därmed prioriteras dem i avelsarbetet. Endast då och då sparas en hane till avel. Det leder till en skev fördelning av antalet honor och hanar. Det föds i genomsnitt hälften av varje kön, om man inte har könsselektad semin som främst används hos mjölkkor. Ändå domineras våra husdjursraser av honor vilket ger lägre effektiva populationsstorlekar. Anledningen till den nuvarande fördelningen bland husdjuren borde främst vara ekonomi då det inte kan vara många lantbrukare som vill hålla och föda upp ett lika stort antal handjur som hondjur i avelssyfte i sin produktion. En hane kan vara far åt många avkommor medan honorna har ett mer begränsat antal avkommor. Honorna styrs av brunstcyklar, dräktighetsperioder och fysiska begränsningar.

Markörer

Rochus (2017) tar i sin diskussion upp några skillnader mellan markörerna. Förr var mikrosatelliter den enda markören som användes för att undersöka variation men har börjat ersättas med bland annat SNPs. Mikrosatelliterna är färre och avstånden mellan dem är större än hos andra markörer (FAO Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture, 2015). De kostar även mer per observation än till exempel SNPs. Rochus (2017) tar upp att många studier använder sig av samma SNPs för att det kan täcka hela genomet och finns närmare varandra än mikrosatelliter.

Framtida forskning

Det skulle behövas mer forskning kring våra allmogefår för att stödja bevarandearbetet och ta det framåt. Genom att veta bland annat den genetiska variationen och populationshistorik går det att se hur nära släkt två raser är varandra och ifall de kan hjälpa varandra i bevarandearbetet. Det kanske visar sig att två eller fler av allmogefårraserna egentligen är i princip samma ras och då skulle de genbankerna kunna slås ihop för att få en ökad genetisk variation. Om det hade varit möjligt hade det även varit intressant att endast studera allmogefåren i den här

litteraturstudien men bristen på studier som gjorts kring endast allmogefår är kraftigt begränsad till ett examensarbete av Dahlberg (2012).

Något som inte tas upp mer än som fakta i den här litteraturstudien är inavel. Det hade varit intressant att även studera hur inavlade de olika raserna är och vilken påverkan det har på den genetiska variationen som är idag. Då skulle det även gå lättare att förutsäga hur rasernas framtid ser ut.

Slutsats

Slutsatsen är att svenska allmogefår har en låg genetisk variation jämfört med andra större nordiska raser.

Litteraturförteckning

- Arnaud, F. o.a., 2007. A paradigm for virus-host coevolution: sequential counter adaptations between endogenous and exogenous retroviruses. *PLoS Pathogens*, Volym 3(11), pp. 1716-1729.
- Björklund, M., 2005. *Evolutionsbiologi*. Lund: Studentlitteratur.
- Boeke, J. D. & Stoye, J. P., 1997. *Retroresponso, Endogenous Retroviruses, and the Evolution*. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- Chessa, B. o.a., 2009. Revealing the history of sheep domestication using retrovirus integrations. *Science*, Volym 324(5926), pp. 532-536.
- Dahlberg, L., 2012. *Genetic variation in local Swedish sheep breeds*. Uppsala: Sveriges lantbruksuniversitet. Institutionen för husdjursgenetik/Veterinärprogrammet (Examensarbete 2012:52).
- Dýrmundsson, Ó. R., 2018. *About Icelandic Sheep*. [Online]
Available at: <http://www.isbona.com/index.php/about-icelandic-sheep>
[Använd 20 Mars 2018].
- FAO Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture, 2015. *FAO Commission on GeThe second report on the state of the world's animal genetic resorces for food and agriculture*, Rom: FAO.
- Finnsheep, 2018. *Finnsheep*. [Online]
Available at: <http://www.finnsheep.fi/svenska/index.html>
[Använd 22 Mars 2018].
- Franklin, I. R., 1980. Evolutionary change in small populations. i: M. E. Soulé & B. A. Wilcox, red. *Conservation biology: An evolutionary-ecological perspective*. Sunderland: Sinauer Associates, Inc., pp. 135-149.
- Föreningen Svenska Allmogefår, 2016. *Avelsplan för svenska allmogefår*. [Online]
Available at: <http://allmogefar.se/images/PDF/Avelsplan.pdf>
[Använd 14 Mars 2018].
- Föreningen Svenska Allmogefår, 2018. *Föreningen Svenska Allmogefår*. [Online]
Available at: <http://www.allmogefar.se/>
[Använd 14 Mars 2018].
- Gotlandsfårnföreningen, 2009. *Rasbeskrivning Gotlandsfåret*. [Online]
Available at: <http://www.silverlock.se/ras.asp>
[Använd 22 Mars 2018].
- Griffiths, A. J. F., Wessler, S. R., Carroll, S. B. & Doebley, J., 2015. *Introduction to Genetic Analysis*. 11:e red. New York: W. H. Freeman and Company.
- Gustafsson, S., Nord, M., Stålhammar, E.-M. & Frid, G., 2010. *Bevara, nyttja och utveckla - handlingsplan för uthållig förvaltning av Svenska husdjursraser 2010-2020*, u.o.: Jordbruksverket (Rapport 2010:14 REVIDERING).

- GutefårAkademin, 2018. *Gutefåret*. [Online]
Available at: <http://www.hornfar.se/gutefar.html>
[Använd 22 Mars 2018].
- Mukiibi, R., Rochus, C. M., Andersson, G. & Johansson, A. M., 2015. The use of endogenous retroviruses as markers to describe the genetic relationships among local Swedish sheep breeds. *Animal Genetics*, Volym 46(2), pp. 220-223.
- Nevo, E., 2001. Genetic Diversity. i: *Encyclopedia of Biodiversity: Volume 3*. San Diego: Academic Press, pp. 195-213.
- Oklahoma State University, 1999. *Breeds of Livestock - Old Norwegian Sheep*. [Online]
Available at: <http://www.ansi.okstate.edu/breeds/sheep/oldnorwegian>
[Använd 22 April 2018].
- Pons, O. & Petit, R. J., 1995. Estimation, variance and optimal sampling of gene diversity. I. Haploid locus. *Theoretical and Applied Genetics*, Volym 90, pp. 462-470.
- Rochus, C. M., 2017. *Genetic diversity of domestic sheep - Examples from Swedish and French populations*, Diss. Uppsala: Swedish University of Agricultural Sciences.
- Rochus, C. M. & Johansson, A. M., 2017. Estimation of genetic diversity in Gute sheep: pedigree and microsatellite analyses of an ancient Swedish breed. *Hereditas*, 154(4).
- Ryder, M. L., 1983. *Sheep & Man*. London: Gerald Duckworth & Co. Ltd..
- Soulé, M. E., 1980. Thresholds for survival: maintaining fitness and evolutionary potential. i: M. E. Soulé & B. A. Wilcox, red. *Conservation biology: An evolutionary-ecological perspective*. Sunderland: Sinauser Associates, Inc., pp. 151-169.
- Svenska Fåravelsförbundet, 2018a. *Gotlandsfår*. [Online]
Available at: <http://www.faravelsforbundet.se/kunskap/gotlandsfar/>
[Använd 20 Mars 2018].
- Svenska Fåravelsförbundet, 2018b. *Gutefår*. [Online]
Available at: <http://www.faravelsforbundet.se/kunskap/gutefar/>
[Använd 20 Mars 2018].
- Tapio, M. o.a., 2005. Native breeds demonstrate high contributions to the molecular variation in northern European sheep. *Molecular Ecology*, Volym 14, pp. 3951-3963.