



Sveriges lantbruksuniversitet
Fakulteten för veterinärmedicin och husdjursvetenskap

Biologisk mångfald i svenska lantrashöns av rasen Hedemora

Anna Bergfeldt

Institutionen för husdjursgenetik

Examensarbete 327

Uppsala 2010

Examensarbete, 15 hp

– Kandidatarbete (Litteraturstudie)

Kandidatprogram i biologi



Sveriges lantbruksuniversitet
Fakulteten för veterinärmedicin och husdjursvetenskap
Institutionen för husdjursgenetik

Biologisk mångfald i svenska lantrashöns av rasen Hedemora

Biological diversity in the Hedemora chicken breed

Anna Bergfeldt

Handledare:

Anna Johansson, SLU, Institutionen för husdjursgenetik

Examinator:

Örjan Carlborg, SLU, Institutionen för husdjursgenetik

Omfattning: 15 hp

Kurstitel: Kandidatarbete i biologi

Kurskod: EX0576

Program: Kandidatprogram i biologi

Nivå: Grund, G2E

Utgivningsort: Uppsala

Utgivningsår: 2010

Serienamn, delnr: Examensarbete 327
Institutionen för husdjursgenetik, SLU

On-line publicering: <http://epsilon.slu.se>

Nyckelord: Mångfald, Hedemora, Lantraser, Höns, Bevarande, Genbanker

Key words: Diversity, Hedemora, Local breeds, Chickens, Preservation, Gene banks

Sammanfattning

Den domesticerade hönan har följt människan i mer än 8000 år. Den spreds från Asien via Ryssland till Europa och har funnits i Sverige sedan vikingatiden. Under större delen av denna tid har ingen medveten avel utövats och hönsen har anpassats naturligt till de miljöer de befunnit sig i. Denna typ av höns är vad vi idag kallar lantrashöns. De är härdiga och anpassade efter det område de huvudsakligen utvecklats i.

Riktad hönsavel är en företeelse som bara funnits de senaste tvåhundra åren och som i kombination med ekonomiska intressen resulterat i att dagens vanligaste hönsraser inom kött- och äggproduktion löper risk att förlora genetisk diversitet. Mycket arbete läggs därför ner på att bevara diversiteten inom dessa raser. Lantrashöns brukar här framhållas som en viktig genresurs.

Hedemorahönan är en lantras från Dalarna. Den har en tjock, tät fjäderdräkt som är anpassad till ett kallt klimat. Dess historia kan spåras mer än hundra år tillbaka men samtliga av dagens Hedemorahöns härstammar från en liten flock på omkring fem individer som togs tillvara på 1980-talet. Rasen uppvisar tecken på inavel i form av femtåighet och förekomst av ullhöns. De flesta av dagens Hedemorahöns är registrerade i ett genbanksregister och ingen riktad avel förekommer inom genbankerna.

Denna studies huvudsyfte var att undersöka den fenotypiska variationen hos dagens Hedemorahöns med avseende på fjäderfärg och huruvida skillnader i variation mellan besättningar kan relateras till härstamning. Fåglar från sex besättningar undersöktes, totalt 96 individer vilket motsvarar 9 % av landets totala kända Hedemorapopulation. Allelfrekvenser för några utvalda fjäderfärgs-loci beräknades och eventuell korrelation mellan diversitet och släktskap undersöktes.

Resultatet av de fenotypiska observationerna visade att variationen inom rasen är större än vad som angetts i tidigare litteratur vad gäller färg på öronskivor. Det noterades en god variation på fjäderfärg men inget samband mellan färgvariation och släktskap kunde ses.

Resultatet av studien visar en ras med god fenotypisk variation och för de flesta loci en jämn fördelning av alleler. Den lilla differentiering som i studien noterades mellan besättningarna beror sannolikt på de små storlekarna på de undersökta besättningarna.

Abstract

The domesticated chicken dates back 8000 years. It spread from Asia through Russia to Europe and has been found in Sweden since the viking age. For the majority of this time no selective breeding has been done and the chickens adapted to the environment in which they were living. This type of chickens is what we today call country breeds. They are hardy and resistant and adapted to living in the area in which they developed.

Selective chicken breeding has only been practiced for the last two hundred years and, in combination with financial interests, has had the result that today's most common chicken breeds for large scale meat and egg production is in risk of losing genetic diversity. A lot of work is being done to prevent this. The country breed chickens is usually cited as an important genetic resource.

The Hedemora chicken breed is a country breed from the county of Dalarna. It has a thick, dense plumage that is adapted to a cold climate. Its history can be tracked back more than one hundred years but today's Hedemora chickens all descend from a small flock of about five birds that were collected in the 1980's. The breed shows signs of inbreeding in the shape of five toed-birds and wooly chickens. Most of today's Hedemora chickens are registered in a gene bank register and no selective breeding takes place within the gene banks.

The main purpose of the study was to examine the phenotypic variation within today's Hedemora chickens in respect to plumage colour and whether differences in variation between flocks can be related to lineage.

Birds from six different flocks were examined, in total 96 individuals which represents 9% of the countrys known Hedemora population. Allele frequencies for selected plumage colour loci were calculated and any correlation between diversity and lineage were examined.

The result from the phenotypical observation showed that the variation of ear disc colouration within the breed is bigger than what has been said in earlier literature. A good variation of plumage colour was noted but no connection between colour variation and lineage could be shown.

The results of the study shows a breed with good phenotypic variation and for most loci an even distribution of allele frequencies. The small amount of differentiation between flocks that could be seen in the study can be due to the small size of the examined flocks.

Innehåll

Sammanfattning	1
Abstract.....	2
Innehåll	3
1. Introduktion.....	4
1. 1. Tamhönans utveckling	4
1. 2. Höns idag.....	4
1. 3. Hedemorahönan	5
1. 4. Färgdiversitet	5
1. 5. Fjäderfärgers genetik.....	6
1. 6. Frågeställning och hypotes	8
2. Material och metod.....	8
2.1. Stickprovsunderlag	8
2. 2. Analys av fenotypisk diversitet	9
3. Resultat	10
3. 1. Fenotypiska data	10
3. 2. Allelfrekvenser.....	13
3.4 Frekvenskillnader i relation till släktskap.....	15
4. Diskussion.....	17
4. 1. Fenotypisk diversitet	17
4. 2. Diversitet i relation till släktskap	18
5. Slutsats	18
6. Referenser	19

1. Introduktion

1. 1. Tamhönans utveckling

Domesticeringen av de moderna tamhönsens förfäder, den röda djungelhönan (*Gallus gallus*), (Stevens, 1991, s. 11 & Fuhimito et al, 1996) ansågs länge ha skett ca år 6000 fKr (Fuhimito et al, 1996). Denna uppskattning baserades på arkeologiska fynd. En modern studie som använt sig av dagens molekylärgenetiska teknik pekar dock på att den domesticerade hönan kan ha dykt upp redan för 60000 år sedan (Sawai et al, 2010).

Domesticeringen skedde i sydöstra Asien. Hönsen spreds sedan därifrån via Ryssland till Europa (West & Zhou, 1989). Tamhöns har funnits i Sverige sedan vikingatiden. De tidigaste arkeologiska fynden av svenska tamhöns härstammar från år 100 fKr. (Hallander, 1989, s. 457) Hönsen levde under många århundraden sida vid sida med människan och kom därmed att leva i många varierande miljöer. Den viktigaste egenskapen hos tamhönan var att den var tålig och lättfödd. Detta ledde till hårdiga hönspopulationer vars egenskaper kunde variera kraftigt mellan olika geografiska områden (Weibull, 1888, s. 13). På detta sätt skapades populationer av vad som under 1800-talet gick under namnet ”Svenska Bondhöns” (Hallander, 1989, s.459) och som vi idag kallar lantrashönan.

De gamla svenska lanthönsraserna minskade kraftigt i antal från och med slutet av förra sekelskiftet när hönsutställningar och import av rashöns blev en populär företeelse. Lantrashönan ansågs under första halvan av 1900-talet alltmer förlegad och omodern och ersattes i stor utsträckning av den modernare Leghornhönan som främst avlats fram med avseende på äggproduktion (Hallander, 1989, ss. 467-468). Från och med början av 1930-talet omnämns inte längre lantrashönan i svensk höns litteratur. Av de svenska lantrashönsen återstår idag följande definierade raser; Skånsk blomlehöna, Åsbohöna, Svarthöna, Gotlandshöna, Ölandshöna, Orusthöna, Svensk dvärghöna, Åländsk dvärghöna och Hedemorahöna som samtliga överlevt i små, isolerade populationer (Gustafsson & Thorén, 2002, ss. 39-42).

1. 2. Höns idag

Dagens storskaliga hönshållning skiljer sig väsentligt från den i vilken lantraserna utvecklades. De raser som anses mest ekonomiskt lönsamma inom kommersiell ägg- och köttproduktion består av korsningar mellan två eller fyra etablerade produktionslinjer.

De senaste decennierna har mycket arbete lagts ner på förhindrandet av inavel inom de större produktionslinjerna. Detta tycks ha gett resultat. Hillel et al. (2003) visade att diversiteten inom vilda djungelhöns och de domesticerade höns som inte utsatts för inavel eller selektiv avel visserligen var högre än den hos ägg- och köttproducerande kommersiella raser, men att de kommersiella raserna inte låg speciellt långt efter. Den visade även att diversiteten hos de ovanligare raserna som utsatts för stor inavel var mycket lägre än hos de kommersiella raserna som haft en större grundpopulation (Hillel et al. 2003).

1. 3. Hedemorahönan

Hedemorahönan är allt som återstår av den lantrashöna som var vanlig i Dalarna. Den kan spåras tillbaka till förra sekelskiftet och var vanligt förekommande på gårdar kring Hedemora så sent som 1930. Där sägs den ha varit en traditionell brudgåva och varje brud ska ha fått med sig en höna med kycklingar till sitt nya hem (Hallander, 1989, s. 491). Hedemorahönan i

dess nuvarande form baseras på en population som sattes samman av avkommor från en hönsflock som Viola Forsberg ”återupptäckte” hos Solveig Persson i byn Älvnäs i Hedemora 1982 (Persson, 2010). Viola fick 5 eller 6 befruktade ägg av Solveig Persson (Persson, 2010) vilka gav upphov till två höns och en tupp hemma hos Viola i byn Trollbo, Hedemora (Forsberg, 2010). Från denna population härstammar alla nuvarande, genbanksregistrerade Hedemorahöns (Gustafsson & Thorén, 2002, ss. 40-41). Solveig hade i sin tur fått sina höns från Lars Hasselberg, som enligt egen utsago hade ”något dussin” höns i början av 1980-talet. Han lät sina Hedemorahöns gå tillsammans med höns av andra raser och ägnade sig inte åt någon medveten avel (Hasselberg, 2010).

Rasen är medelstor med en medelvikt på 1,5–2 kg för höns och 2–2,5 kg för tuppar. Den har ett karakteristiskt kraftigt och kompakt utseende beroende på den stora mängden bidun som omger varje fjäder och ger en synnerligen tjock fjäderdräkt (Olsson, 2004, s. 28) som är väl anpassad till ett nordligt klimat. Den är enkelkamrad och det är vanligt med inslag av svart eller blått i både kam och ansikte. Öronskivorna är vita eller röda (Hallander, 1989 & Olsson, 2004).

Nuvarande populationer uppvisar tecken på inavel bland annat i form av femtåighet hos vissa höns och en ullig variant, kallad ”ullhöns”, hos vilken fjädrarnas bistrålar saknar hakar vilket resulterar i ulliga fjädrar som ger ett pälslikt, fluffigt drag åt fjäderdräkten. Förekomst av ullhöns har noterats hos tamhönsen ända sedan 1500-talet (Olsson, 2004, s. 46). Dessa inavelstecken tyder på att mängden inkorsade höns av andra raser varit relativt låg under rasens utveckling (Hallander, 1989, s. 492)

De flesta besättningar av Hedemorahöns är idag registrerade i en gemensam genbank vars funktion är att bevara rasen i så oförändrat skick som möjligt (Olsson, 2004, s. 6) genom bland annat en för rasen så naturlig hönhållning som möjligt och avsaknad av medveten avel i en specifik riktning. Genetiskt material från genbanken kan användas för inkorsning i andra raser, men nytt material får inte föras in i genbanken. Genbanken fungerar som en sluten stambok och endast avkommor till redan registrerade besättningar får ingå (Olsson, 2004, s.5).

1. 4. Färgdiversitet

Hedemorahönan uppvisar relativt stor färgdiversitet. Denna färgdiversitet har funnits länge hos tamhöns och kan ses redan på de tuppar som förevisats på svenska medeltida kyrkomålningar (Olsson, 2004, s. 46). Medan det hos de ursprungliga Hedemorahönsen huvudsakligen förekom tre färgvariationer; helsvarta, vita med svartgrå teckning (”sotiga”) eller spräckliga (”blommiga”) förekommer hos dagens Hedemorahöna även bruna variationer (Gustafsson & Thorén, 2002, s.40-41; Hallander 1989, s. 492).

Hedemorahönan har förutom grundfärgerna grå, svart, vit, gul, vetefärgad eller vildfärgad även anlag för antingen guld- eller silverteckning (Olsson, 2004, ss. 51-52) vilket påverkar den övriga kroppsfärgen i större eller mindre utsträckning, allt från en liten guld- eller silverkrage till spräcklighet över större delen av kroppen. Det finns även en variant av teckning, så kallad Columbiateckning, som ger svarta inslag i halsfjädrarna och svarta stjärtfjädrar på en gul eller vit grundfärg beroende på om hönan har anlag för guld- eller silvergener

Det faktum att dagens Hedemorahöns inte selekteras för specifika egenskaper, såsom exempelvis färg, i kombination med såväl att den genetiska bakgrunden till de olika färgerna

som härstamningen till alla registrerade populationer är kända indikerar att fjäderfärg inom en population kan fungera som markör för den genetiska variationen inom populationen och vid jämförelse med andra populationer sätts i relation till släktskap.

1. 5. Fjäderfärgers genetik

Så tidigt som 1929 förstod man att fjäderfärgen styrdes av gener. Detta konstaterades efter att hudtransplantationer gjorts från en kyckling till en annan och resulterat i fåglar med fläckar av fjädrar som hade samma färg som donatorns. Strukturen på fjädrarna var dock samma som värdfågeln (Hutt, 1949).

Fjäderfärgen bildas av två olika melaniner: eumelanin, som ger svart färg och feomelanin som ger röd. Melaniner bildas av melanoforer som befinner sig inne i melanocyter. Melanocyterna skapar dendriter som melaninet färdas ut i inneslutna i vesiklar kallade melanosomer. När melanosomen nått dendritspetsen bryts spetsen av och fagocyteras av en keratinocyt som sedan färdas upp i den växande fjäderns huvudnerv (Stevens, 1991, s. 95). Flödet av melaniner kan modifieras genom olika geners påverkan på dendriterna och därigenom påverkas också fjäderdräktens färg. Färgen påverkas även av storleken på melaninpartiklarna (Hutt, 1949, s. 163). På så sätt kan brun, blå, vetefärgad och gul fjäderfärg bildas. Vit fjäderdräkt fås vid total avsaknad av melanin i melanocyterna. (Stevens, 1991, ss. 93-94).

I transplantationsexperimenten som nämndes ovan försvann den avvikande fjäderfärgen efter ett par ruggningar, troligen på grund av att melanoforer som förts över med huden dog och ersattes av nya från värdfågeln (Hutt, 1949, s. 167)

Den genetiska bakgrunden till fjäderfärg hos höns är väldokumenterad och det går därmed att dra slutsatser om hönans genotyp efter att ha studerat hennes färgteckning.

En allel som finns hos samtliga höns i dominant eller recessiv form är *C* som helt enkelt står för Colour och i sin dominant form möjliggör färgbildning i fjädrarna. I recessiv form (*c*) ger den vita fåglar som dock samtliga bär på gömda färganlag (kryptomerer) vilka kan ses vid analys av fågelns genotyp (Hutt, 1949, ss. 174-175). Sato et al (2007) visade att en retrovirussekvens finns inkorporerad i tyrosinasenen hos recessivt vita fåglar och att homozygoti för denna sekvens orsakar den recessivt vita fenotypen.

Den vita färgen hos bland annat Leghorn beror inte på *c* utan istället på en ofullständig dominant allel som benämns *I* och inhiberar bildandet av melaniner i melanoforer (Stevens, 1991, s. 94) genom att melanoforen dör en bit in i bildandet av melaninet (Hutt, 1949, s.172). Detta beror på en mutation i genen *PMEL17* som har en nyckelroll i bildandet av eumelanosomerna (Kerje et al. 2004). Vildtypsvarianten benämns *i*. Heterozygoter är inte helvita utan visar enstaka helsvarta eller svagt fläckiga fjädrar. För att en fågel ska uppvisa en helt dominant vit fenotyp krävs, förutom homozygoti för *I*, även *E*, *S* (Silver) och *B* (Barring)(Kerje et al. 2004).

Allelen för randiga fjädrar, eller "barring" är könsbunden, dominant och benämns *B*. Dess locus återfinns på Z-kromosomen (Dorshorst & Ashwell, 2009). Denna allel bärs av alla vita Leghornhöns (Hutt, 1949, s. 170). Den är dock nästintill osynlig hos just vita Leghorn eftersom de saknar melanin tack vare sin *I*-allel. Den var en av de första könsbundna alleler som kunde påvisas och upptäcktes år 1908 av Spillman (Dorshorst & Ashwell, 2009).

Alleler i E-locus ger upphov till röda och/eller svarta höns. Den dominanta E (extended black) ger en helsvart höna, e^b ger bruna höns och bruna tappar med svart bröst, e^+ ger vildtypsfärg hos båda könen medan den recessiva e^y ger vetefärg (se nedan) (Stevens, 1991, s. 97).

Vetefärg beror antingen på en recessiv (e^y) eller dominant (e^{wh}) allel i E-locus (Campo & Orozco, 1984). Båda allelerna ger en ljusbrun färg hos höns medan tupparna ser viltfärgade ut. Vetefärgen kan påverkas av silverallelen, då ger den vitgula höns och svart- och silverfärgade tappar, eller förstärkas av Mahognygenen (se nedan) och ge rödbruna fåglar.

Gula höns är i grunden vetefärgade men bär dessutom på restriktionslocuset *Co* (se nedan). De uppvisar därför samma restriktion av eumelanin som höns med Columbiateckning och bleks till en gul nyans (Campo & Orozco, 1984).

Allelkombinationen hos blå höns är Bl/bl vilket ger blå fjädrar med svart kant (Bl står för "Blue"). Övriga möjliga varianter är Bl/Bl som ger färgvarianten "Spättad", en nästan helt vit fjäderdräkt med enstaka svarta fjädrar. Slutligen finner vi bl/bl som ger helt svarta fåglar. Blå fjädrar innehåller eumelanin men i lägre koncentration än de rent svarta (Stevens, 1991, s. 95) och melaninkornen är arrangerade i små "klumpar" i fjädern istället för jämnt spridda som i en helsvart fjäder (Hutt, 1949, s. 187). Minvielle et al. (2010) har i sin studie funnit visst stöd för att Bl beror av en mutation i transkriptionsfaktorn MITF men fler molekylärgenetiska studier behöver göras innan detta kan bekräftas.

Allelen för silverteckning är dominant och betecknas S medan den recessiva allelen *s* ger guldteckning. Dessa är könsbundna, finns hos alla hönsfåglar och syns i kombination med de flesta övriga färgteckningar (Stevens, 1991, s. 95; Hutt, 1949, s. 180). Undantagen är helt svarta eller vita fåglar, som kan bära på anlagen utan att visa dem. Att detta locus är könsbundet visades med korsningsexperiment redan 1912 (Hutt, 1949, s. 184). Gunnarsson et al. (2007) har med hjälp av molekylärgenetiska studier påvisat samband mellan missense-mutationen L347M i proteinet SLC45A2 och Silverfenotypen. Den fullständiga genetiska bakgrunden till fenotypen är dock inte ännu utredd.

Columbiateckning beror av ett restriktionslocus, *Co*, som är autosomalt, dominant mot vildtypen co^+ , och orsakar restriktion av eumelanin. I kombination med e^b eller e^+ ger *Co* ljusa höns med svartspräckliga nackar och svarta ändar på stjärtfjädrarna. Tupparna har även svarta sadelfjädrar. Resten av fjäderdräkten är gul eller vit beroende på om djuren bär på guld- eller silverallelen (Stevens, 1991, s. 99, Crawford, 1990, s. 120)

Pärlgrå (på engelska: "Lavender") är en mycket ljus gråblå färg som beror av allelen *lav*, en autosomal recessiv allel (Vaez et al, 2008). Den ger upphov till en blekning av fjäderfärgen genom att förhindra att dendritspetsarna bryts av och färdas upp i fjädern (Stevens, 1991, s. 95).

Isabellfärgade höns (på engelska "Cream coloured") är i grunden vetefärgade höns som också de bär på *lav* och därmed får blekare fjädrar (Vaez et al, 2008).

Mahogny, *Mh*, är ett restriktionslocus som hämmar mängden eumelanin i fjäderdräkten samtidigt som den gör att feomelaninet mörknar. Därmed ger det en mer rödbrun nyans åt färgteckningen. Det är ofullständigt dominant. (Crawford, 1990, s. 121)

En kombination av vetefärg (e^y), silverallel (S) och Mahognyalles (Mh) ger laxfärg, där hönsen är vetefärgade med mörk rygg och svarta stjärtfjädrar medan tupparna får silverfärgad hals, rödbruna skuldror och svarta bröst- och stjärtfjädrar.

1. 6. Frågeställning och hypotes

Syftet med föreliggande studie är att undersöka:

1. Hur ser den fenotypiska variationen ut inom dagens Hedemorahöna?
2. Kan subpopulationernas observerade fenotypiska variation sättas i samband med deras respektive släktskap?

Jag utgår från nollhypotesen att fenotypisk variation saknas inom rasen. Jag utgår även ifrån att det inte finns någon koppling mellan släktskap och variation.

2. Material och metod

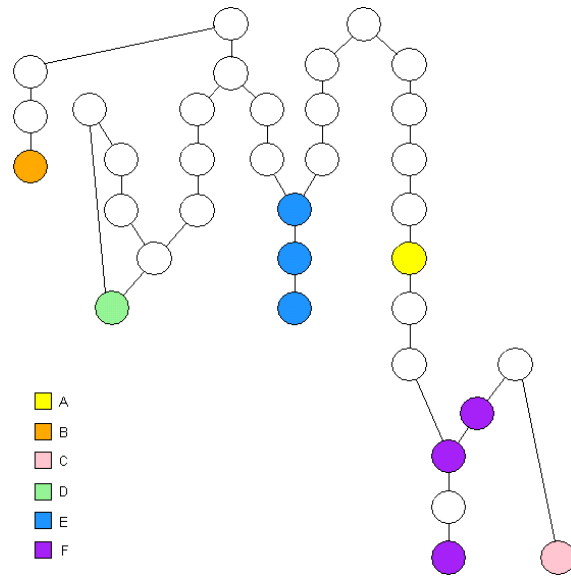
2.1. Stickprovsunderlag

Studien baseras på ett stickprov om totalt 96 fåglar från 6 olika besättningar. Två av dessa besättningar, A och B, var vid studiens genomförande inte registrerade genbanksbesättningar men driver sin hönshållning i enlighet med genbanksbestämmelserna och ansågs därmed lämpade att delta i studien med avseende på fenotypisk variation.

De utvalda besättningarna är besläktade med varandra enligt diagram 1 som visar närmast möjliga koppling mellan besättningarna.

Stickprovet motsvarar 9 % av landets totala Hedemorapopulation som vid denna studies genomförande uppgick till 1659 individer. Av dessa är 1627 stycken fördelade på 159 genbankregistrerade besättningar. Totalt finns 319 registrerade tuppar och 1308 registrerade höns vilket ger en snittfördelning på 2 tuppar och 8 höns per besättning.

Information om härstamning, populationsstorlek samt antalet hanar och honor i hela populationen har hämtats från genbanksregistret för Hedemorahöna.



Figur 1. Besättningarnas koppling till varandra.

Figur 1 visar hur de undersökta populationerna (infärgade cirklar) är släkt med varandra. I släktträd för andra arter talar man om individer medan man inom hönsaveln betraktar varje population som en individ när man ritar upp släktträd. Varje cirkel representerar en population. Detta träd är kraftigt beskuret för att endast visa den koppling som finns mellan undersökta populationer och tydliggöra den. Övriga avkommor och föräldrar visas alltså inte här.

2. 2. Analys av fenotypisk diversitet

Fåglarna fotograferades och samtliga fenotypiska individdata noterades på för ändamålet framtagna formulär. Dessa data sammanställdes i Excel och utgjorde grunden för beräkningar av allelfrekvenser i fyra loci. Dessa loci valdes på grund av att deras effekt kan observeras fenotypiskt i form av fjäderfärg.

Subpopulationernas allelfrekvenser relaterades sedan till deras släktskap och ger därmed en bild av huruvida släktskapsavstånden påverkar subpopulationernas genetiska sammansättningar. Detta gjordes genom beräkning av F_{ST} för samtliga undersökta loci.

F_{ST} beräknas genom formeln $F_{ST} = (H_T - H_S) / H_T = 1 - H_S / H_T$ (Nei, 1977) och är ett mått på eventuell differentiering mellan flera subpopulationer. H_S är ett medelvärde av den förväntade heterozygositeten i de olika subpopulationerna. För att få fram H_S har jag för varje besättning tagit den förväntade heterozygositetfrekvensen gånger antalet individer, adderat värdena för samtliga besättningar och dividerat med det totala antalet undersökta individer.

H_T är den förväntade heterozygositeten för den totala populationen. För att få fram H_T tar man alltså $1 - \sum (p^2 + q^2)$. (Hamilton, 2009)

Ett medelvärde för F_{ST} beräknas sedan genom att medelvärden för H_S och H_T används i ekvationen $F_{ST} = (H_T - H_S) / H_T = 1 - H_S / H_T$ (Nei, 1977). Den statistiska signifikansen för detta värde kontrolleras genom ett χ^2 -test. För att kunna göra detta används formeln $2 * N * F_{ST}$

(Hedrick, 2000). Avläsning i χ^2 -tabell, med en frihetsgrad, ger att värden större än 3,84 är signifikanta.

3. Resultat

3.1. Fenotypiska data

Inom de undersökta besättningarna var antalet tuppar/höns fördelat enligt tabell 1. Detta gav en snittfördelning på 4 tuppar och 11 höns per besättning, alltså en aning större än genomsnittsbesättningen.

Tabell 1. Fördelning av tuppar och höns i de undersökta besättningarna.

Besättning	Tuppar	Höns
A	1	7
B	9	15
C	5	20
D	1	6
E	7	13
F	3	9

Nedan följer en förteckning av de för studien viktigaste fenotypiska observationerna.

Fjäderfärg

De undersökta djuren uppvisade 9 olika varianter av grundfärg på fjäderdräkten. Den fenotypiska variationen inom besättningarna kan ses i Tabell 2.

Tabell 2. Antal djur med respektive fjäderfärg inom de olika besättningarna.

Grundfärg	A	B	C	D	E	F
Svart	4	15	13	6	7	4
Vit	1	0	1	0	0	0
Gul	0	1	0	0	0	0
Blå	2	1	2	0	3	2
Pärlgrå	0	3	3	0	5	2
Isabell	0	0	3	0	1	1
Columbia	0	1	0	0	0	1
Vete/Lax	1	2	3	0	2	2
Viltfärgad	0	1	0	1	2	0
Summa	8	24	25	7	20	12

Av de noterade grundfärgerna var svart vanligast (se Tabell 3) och gul den ovanligaste, tätt följt av vit.

Tabell 3. Fördelning av grundfärger och guld-/silveranlag inom hela stickprovet.

Grundfärg	Antal guld	Antal silver	Totalt	%
Svart	37	12	49	51,0%
Vit	?	?	2	2,1%
Gul	1	0	1	1,5 %
Blå	8	2	10	10,4%
Pärlgrå	8	5	13	13,5%
Isabell	5	0	5	5,0 %
Columbia	1	1	2	2,1 %
Vete/Lax	7	3	10	10,4%
Viltfärgad	4	0	4	4,2 %
Summa	71	24	96	

Färger på örnskivor och kammar

Fem olika färgvarianter noterades på örnskivor (se Tabell 4), av dessa var vit den mest förekommande och grå den ovanligaste (se Tabell 5). Röd, som enligt litteraturen (Hallander, 1989 & Olsson, 2004) ska vara en av de endast två färger som förekommer hos Hedemoran förekom endast hos 5,20 % av individerna.

Tabell 4. *Fördelning av örnskivefärg inom de olika besättningarna.*

Besättning	A	B	C	D	E	F
Vit	4	15	21	0	14	11
Grå	0	0	0	0	2	0
Svart	3	3	3	0	2	1
Brun	1	5	0	4	2	0
Röd	0	1	1	3	0	0
Summa	8	24	25	7	20	12

Tabell 5. *Fördelning av färg på örnskivor inom hela stickprovet.*

Färg	Antal	%
Vit	66	68,75%
Grå	2	2,08 %
Svart	12	12,50%
Brun	12	12,50%
Röd	5	5,20 %

Vad gäller kamfärg så överrensstämmer denna studies resultat med vad övrig litteratur säger om färgvariationen hos Hedemora. De undersökta individerna uppvisade såväl helt röd och svart som svartröd (i Tabell 6 angiven som ”Mellan”) färg på kam och haklapp (se Tabell 6).

Tabell 6. *Fördelning av kamfärg inom de olika besättningarna.*

Besättning	A	B	C	D	E	F
Röd	5	3	21	5	15	6
Mellan	0	5	2	0	1	0
Svart	3	1	2	2	4	6
Summa	8	24	25	7	20	12

Av de noterade färgvariationerna var röd den vanligast förekommande (se Tabell 7).

Tabell 7. Fördelning av kamfärg inom hela stickprovet.

Färg	Antal	%
Röd	74	77,08%
Mellan	5	5,20 %
Mörk	17	17,71%

En dubbelkammad höna hittades. Övriga fåglar var enkelkammade.

3. 2. Allelfrekvenser

För att kunna beräkna allelfrekvenserna utifrån fenotypiska data antas att populationen befinner sig i Hardy-Weinberg-jämvikt.

E-locus

Beräkningen utgår ifrån att alla svarta höns är antingen hetero- eller homozygota för *E*. Alla pärlgrå, blå och spättade höns är svarta i grunden och har därmed även de *E*- eller *EE*-genotyp. Även de viltfärgade tupparna antas ha åtminstone en *E*-allel.

För att beräkna frekvensen används som utgångspunkt de höns som bevisligen är homozygota för någon av *e*-allelerna, det vill säga de som uppvisar vetefärg, isabelfärg, laxfärg eller gul färg. De viltfärgade hönsen kan antas vara åtminstone heterozygota för *e*+ men eftersom homozygoti inte kan påvisas fenotypiskt kan vi inte räkna in dem bland homozygoterna.

Med utgångspunkt i dessa recessiva homozygoter får vi följande frekvenser för de undersökta populationerna:

Tabell 8. Allelfrekvenser i *e-locus*.

Besättning	<i>E</i>	<i>e</i>
A	0,65	0,35
B	0,59	0,41
C	0,51	0,49
D	?	?
E	0,5	0,5
F	0,5	0,5

Eftersom besättning D endast innehöll svarta och viltfärgade höns (Tabell 2) kan inget sägas om dess frekvenser i *E-locus* då det saknades recessiva homozygoter att använda som underlag för beräkningen. De övriga besättningarna visar att inga tydliga skillnader i frekvenser förekommer i *E-locus* (Tabell 8).

Bl-locus

Alla blå höns är heterozygoter i detta locus. De spättade hönsen är homozygoter för Bl. Homozygoterna för bl är svarta och kan inte påvisas fenotypiskt. Beräkningen sker genom en uträkning utifrån antalet heterozygoter i de olika populationerna. Detta ger:

Tabell 9. Allelfrekvenser i Bl-locus.

Besättning	Bl	bl
A	0,35	0,65
B	0,02	0,98
C	0,04	0,96
D	0	0
E	0,075	0,925
F	0,083	0,917

Besättning D saknar heterozygoter för Bl (Tabell 2) och får därmed frekvensen 0 för båda allelerna. I samtliga övriga besättningar är allel *bl* är tydligt mer vanligt förekommande än Bl (se Tabell 9) undantaget besättning A som innehöll en spättad höna (angiven som "Vit" i Tabell 2) som alltså är homozygot för Bl.

Lav-locus

Homozygoti för den recessiva *lav* kan tydligt ses på de två fenotyperna isabell och pärlgrå. Utifrån dessa individer beräknas de förväntade frekvenserna av *lav* och vildtypen *lav**.

Tabell 10. Allelfrekvenser i lav-locus.

Besättning	<i>lav</i>	<i>lav*</i>
A	0,65	0,35
B	0,35	0,65
C	0,51	0,49
D	0	0
E	0,55	0,45
F	0,5	0,5

Besättning D får även här frekvensen 0 då den inte innehåller några homozygoter för *lav* (se Tabell 2) att använda som grund till beräkningen. De andra besättningarna visar att dessa alleler är jämt fördelade utan tydlig övervikt åt något håll (Tabell 10).

S-locus

Eftersom *s-locus* sitter på könskromosomen, och höns således bara har en upplaga medan tuppar har två, har allelfrekvensen för att underlätta beräkningarna och ge ett säkrare resultat, endast beräknats på hönsen. De två helvita hönsen och tre helsvarta räknades bort.

Tabell 11. Allelfrekvenser i *s-locus*.

Besättning	s	S
A	0,5	0,5
B	0,93	0,067
C	0,76	0,24
D	1	0
E	0,83	0,17
F	0,67	0,33

Tabell 11 visar fördelningen av *s-* och *S-* alleler. En tydlig övervikt av *s-*alleler kan ses i de flesta besättningarna, undantaget A och F (se Tabell 11) som har en jämnare fördelning.

Frekvenserna för hela stickprovet, *s-locus* endast beräknat på hönsen:

Tabell 12. Allelfrekvenser i samtliga beräknade loci för hela stickprovet.

Alleler	Frekvens
E	0,59
e	0,41
Bl	0,06
bl	0,94
lav	0,43
lav*	0,57
s	0,80
S	0,20

Sammanställning av frekvenserna för hela stickprovet visar att Bl är den minst förekommande allelen och att *s* är mer vanligt förekommande än *S* (se Tabell 12)

3.4 Frekvensskillnader i relation till släktskap

För att konstatera förekomst av eventuella signifikanta skillnader mellan besättningarna beräknades F_{ST} för varje locus. Eftersom vi känner till antalet individer i varje besättning gjordes ett viktat test för ett mer korrekt svar.

Tabell 13. H_S , H_T och F_{ST} för samtliga loci samt medelvärde för dessa.

Locus	H_S	H_T	F_{ST}
E	0,46	0,48	0,04
Bl	0,12	0,12	0
lav	0,45	0,49	0,08
S	0,32	0,35	0,09
Medelvärde	0,3375	0,36	0,0625

Ett medelvärde för F_{ST} beräknas med hjälp av medelvärden av H_S och H_T för samtliga loci (Nei, 1977) och blir då 0,0625.

För att kunna se om denna differentiering kan relateras till släktskap eller om den enbart är en slumpföreteelse orsakad av de små flockstorlekarna i de olika besättningarna delades stickprovet in i två grupper med avseende på hur nära släkt de var i förhållande till varandra. Fördelningen blev därför Grupp 1 bestående av besättning B, D och E och Grupp 2 bestående av besättning A, C och F. (För en illustration av släktskapsförhållandet, se figur 1).

Grupp 1 består av 51 individer och Grupp 2 innehåller 45 individer. S-locus beräknas på enbart hönsen, 32 höns i Grupp 1 och 33 höns i Grupp 2.

F_{ST} beräknades först inom grupperna och sedan mellan de båda grupperna. Om differentieringen korrelerar med släktskapsförhållanden borde sålunda F_{ST} vara högre mellan grupperna än inom dem.

Tabell 14. H_S , H_T och F_{ST} för samtliga loci samt medelvärde för dessa inom Grupp 1, bestående av besättningarna B, D och E.

Locus	H_S	H_T	F_{ST}
E	0,4	0,45	0,11
Bl	0,14	0,4	0,65
lav	0,41	0,49	0,16
S	0,088	0,089	0,011
Medel	0,2595	0,35725	0,23275

F_{ST} för Grupp 1 blev 0,23275 (se Tabell 14).

Tabell 15. H_S , H_T och F_{ST} för samtliga loci samt medelvärde för dessa inom Grupp 2, bestående av besättningarna A, C och F.

Locus	H_S	H_T	F_{ST}
E	0,49	0,5	0,02
Bl	0,22	0,46	0,52
lav	0,41	0,49	0,16
S	0,278	0,283	0,018
Medel	0,3495	0,43325	0,1795

F_{ST} för Grupp 1 blev 0,1795 (se Tabell 15).

Tabell 16. H_S , H_T och F_{ST} för samtliga loci samt medelvärde för dessa för Grupp 1 och 2.

Locus	H_S	H_T	F_{ST}
E	0,473	0,48	0,015
Bl	0,1	0,12	0,17
lav	0,49	0,49	0
S	0,3	0,34	0,12
Medel	0,34075	0,3575	0,07625

F_{ST} för Grupp 1 och 2 blev 0,07625 (se Tabell 16), alltså mindre än de två tidigare värdena.

Tabellerna 14, 15 och 16 visar att differentieringen mellan de båda grupperna är lägre än den inom grupperna själva. Någon korrelation mellan släktskap och frekvensskillnader kan inte påvisas.

4. Diskussion

4. 1. Fenotypisk diversitet

Rasramen för Hedemora anger att färgen på örnskivor endast varierar mellan röd och vit (Olsson, 2004). Denna studie visar att även om vit är den mest frekvent förekommande så är röd relativt ovanlig och svarta och bruna örnskivor är betydligt vanligare (tabell 4). Totalt hittades tre färgtyper som inte nämns i existerande litteratur; svart, brun och grå (tabell 4 och 5).

Vad gäller kamfärg så tycks rasramens uppgifter (Olsson, 2004) stämma då de uppvisar såväl klarröda som svarta och mellanliggande färger på kam och haklapp. En dubbelkammad höna hittades, vilket inte noterats hos hedemorän tidigare, men kan eventuellt bara vara en slumpmässig mutation.

Den totala färgvariationen hos rasen måste sägas vara god. Speciellt när man tar i beaktande de uppgifter om founder-populationen som framkommit under studien. Enligt dessa gick rasen igenom en kraftig flaskhals i början på 1980-talet och måste sägas ha återhämtat sig mycket bra sett till variationer i färgsättningen. Fördelningen av de undersökta allelerna var mycket bra, med undantaget Bl som är relativt sällsynt. Vad gäller Bl så är det statistiska underlaget dock för litet för att dra några direkta slutsatser om förekomst då endast en BIBl-fågel hittades. Samma gäller för Columbiagenen (endast två fåglar).

Tydligt är att den svarta fenotypen dominerar (*Tabell 2 och 3*), tätt följd av pärlgrå, blå och vete-/laxfärgad (som här placeras i samma kategori eftersom de delar samma grundgen). Att blå, svart och pärlgrå är bland de vanligaste är rimligt med tanke på de uppgifter som finns om att de första Hedemorahönsens färger endast gick i svart, grått och vitspräckligt (Hallander, 1989). Att vete-färgen blivit såpass vanlig torde helt enkelt vara en följd av inavel då den kan ha legat recessivt hos svarta höns. Samma sak gäller för de övriga noterade fenotyperna (*Tabell 2 och 3*) som inte kunde ses hos founderdjuren (Hallander, 1989).

4. 2. Diversitet i relation till släktskap

Vid beräkning av F_{ST} mellan besättningarna blev värdena mycket låga för samtliga undersökta loci. För att beräkna den statistiska signifikansen av F_{ST} -värdena skulle formeln $2*N*F_{ST}$ (Hedrick, 2000) användas, men i denna är detta inte genomförbart på grund av det låga antal individer som ligger till grund för värdena. Genomförs en liknande studie med ett betydligt större stickprov skulle denna formel kunna användas utan att riskera ett skevt resultat och det vore då intressant att se vilken signifikans som uppnås.

De loci som undersökts i denna studie uppvisar alltså en liten differentiering mellan besättningarna med avseende på allelfrekvens. Detta säger dock inget om huruvida denna skillnad kan härledas till hur nära släkt de olika besättningarna är eller om den helt enkelt är en följd av att de undersökta besättningarna innehåller relativt få individer vilket ger en starkare inverkan av slumpen på allelfrekvenserna. För att ta reda på det delades stickprovet upp i två grupper som jämfördes mot varandra, vilket visade en större differentiering inom grupperna än mellan dem. Den noterade differentieringen mellan samtliga besättningar får alltså sägas vara en följd av små besättningsstorlekar och inte relaterad till släktskap. Det ska även tilläggas att differentieringen inom Grupp 1, vars besättningar ligger längre bort från varandra i släktrådet än Grupp 2 och därmed kunde förväntas ha en högre grad av differentiering, var lägre än den i Grupp 2. Detta stärker bilden av en slumpmässig differentiering som endast beror på genetisk drift.

Uttalad differentiering mellan besättningar är inte önskvärt inom lantrasaveln då målet är att behålla rasens ursprungliga drag och ingen selektiv avel får förekomma i någon riktning (Olsson, 2004, Gustafsson & Thorén, 2002).

Hedemorans roll som genresurs

Med tanke på den kraftiga flaskhals som rasen gått igenom och de tecken på inavel (femtåighet, ullhöns) som finns så måste man fråga sig om diversiteten inom rasen är tillräcklig för att den ska anses vara ett värdefullt tillskott till dagens hönhållning. För att få ett entydigt svar i frågan om rasens genetiska diversitet så bör en DNA-studie genomföras. Att bevara Hedemoran för dess egen skull bör inte anses vara ett mindre värdigt syfte än att bevara den som en genresurs inför framtiden.

5. Slutsats

Resultatet av studien visar en ras med god fenotypisk variation. Differentieringen mellan de olika besättningarna är liten och inte beroende av hur släktbanden mellan besättningarna ser ut.

6. Referenser

- Campo, J. L. & Orozco, F. (1984). A genetic study of the buff columbian color pattern in Pratt chickens. *The Journal of Heredity*, vol 75, ss. 19-22.
- Crawford, R. D. (1990). Poultry breeding and genetics. *Developments in animal and veterinary sciences*, vol 22.
- Dorshorst, B. J. & Ashwell, C. M. (2009). Genetic mapping of the sex- linked barring gene in the chicken. *Poultry Science*, vol. 88, ss. 1811-1817.
- Fumihito, A., Miyake, T., Takada, M., Shingut, R., Endo, T., Gojobori, T., Kondo, N. & Ohno, S. (1996). Monophyletic origin and unique dispersal patterns of domestic fowls. *Proceedings of the National academy of Sciences of the United States of America*, vol. 93, ss. 6792-6795.
- Forsberg, Viola (2010). Muntl. Telefonsamtal 2010-02-01
- Gunnarsson, U., Hellström, A. R., Tixier-Boichard, M., Minvielle, F., Bedhom, B., Ito, S., Jensen, P., Rattink, A., Vereijken, A. & Andersson, L. (2007). Mutations in SLC45A2 cause plumage colour variation in chicken and japanese quail. *Genetics*, vol 175, ss. 867-877
- Gustafsson, S. & Thorén, P. (2002). *Sveriges lantraser – kulturarv och genresurs*. Uppsala: Centrum för biologisk mångfald.
- Hallander, H. (1989). *Svenska lantraser*. Veberöd: Bokförlaget Blå Ankan AB.
- Hamilton, M. B. (2009). *Population genetics*. West Sussex: Blackwell publishing.
- Hasselberg, Lars (2010). Muntl. Telefonsamtal 2010-02-11
- Hillel, J., Groenen, M.A.M., Tixier-Boichard, M., Korol, A., David, L., Kirzhner, . M., Burke, T., Barre-Dirie, A., Crooimans, R. P.M.A. Elo, K., Feldman, M. W., Freidlin, P. J., Mäki-Tanila, A., Oortwijn, M., Thomson, P., Vignal, A., Wimmers, K. & Weigend, S. (2003) Biodiversity of 52 chicken populations assessed by microsatellite typing of DNA pools. *Genetics, Selection, Evolution*, vol 35 ss. 533§-557
- Hedrick, P.W. (2000). *Genetics of Populations, Second edition*. Jones and Bartlett Publishers.
- Hutt, F. B. (1949). *Genetics of the fowl*. New York: McGraw-Hill Book Company.
- Kerje, S., Sharma, P., Gunnarsson, U., Kim, H., Bagchi, S., Fredriksson, R., Schütz, K., Jensen, P., von Heijne, G., Okimoto, R. & Andersson, L. (2004). The dominant white, dun and smoky color variations in chicken are associated with insertion/deletion polymorphisms in the PMEL17 gene. *Genetics*, vol 168, ss. 1507-1518.
- Minvielle, F., Bedhom, B., Coville, J., Ito, S., Inoue-Muramaya, M. & Gourichon, D. (2010). *The "silver" japansese quail and the MITF gene: causal mutation, associated traits and homology with the "blue" chicken plumage*. BMC Genetics, vol. 11:15. <http://www.biomedcentral.com/1471-2156/11/15>
- Notter, D. R. (1999). The Importance of Genetic Diversity in Livestock

Populations of the Future. *Journal of Animal Science*, vol. 77, ss. 61-69.

Olsson, R. (2004). *Genbanker och rasramar för våra svenska lantraser av fjäderfän*. Strängnäs: Svenska lanthönsklubben.

Persson, Solveig (2010). Muntl. Telefonsamtal 2010-02-01

Sato, S, Otake, T, Suzuki, C, Saburi, J & Kobayashi, E. (2007). Mapping of the recessive white locus and analysis of the tyrosinase gene in chickens. *Poultry science*, vol 86, ss. 2126-2133.

Sawai, H., Kim, H. L., Kuno, K., Suzuki, S., Gotoh, H., Takada, M., Takahata, N., Satta, Y. & Fumihito, A. (2010). The Origin and Genetic Variation of Domestic Chickens with Special Reference to Junglefowls *Gallus g. gallus* and *G. varius*. *PLoSOne*, 2010-05-19

Stevens, L. (1991). *Genetics and evolution of the domestic fowl*. Cambridge: Cambridge University Press.

Vaez, M., Follet, S. A., Bedhom, B., Gourichon, D., Tixier-Bouchard, M. & Burke, T. (2008). *A single point-mutation within the melanophilin gene causes the lavender plumage colour dilution phenotype in the chicken*. *BMC Genetics*, 9:7. <http://www.biomedcentral.com/1471-2156/9/7>

Weibull, M. (1888). *Svenska hönsboken. Anvisningar till Planmessig Hönsskötsel*. Lund.

West, B. & Zhou, B. (1989). Did chickens go north? New evidence for domestication. *World's Poultry Science Journal*, vol. 45, ss. 205-218.