

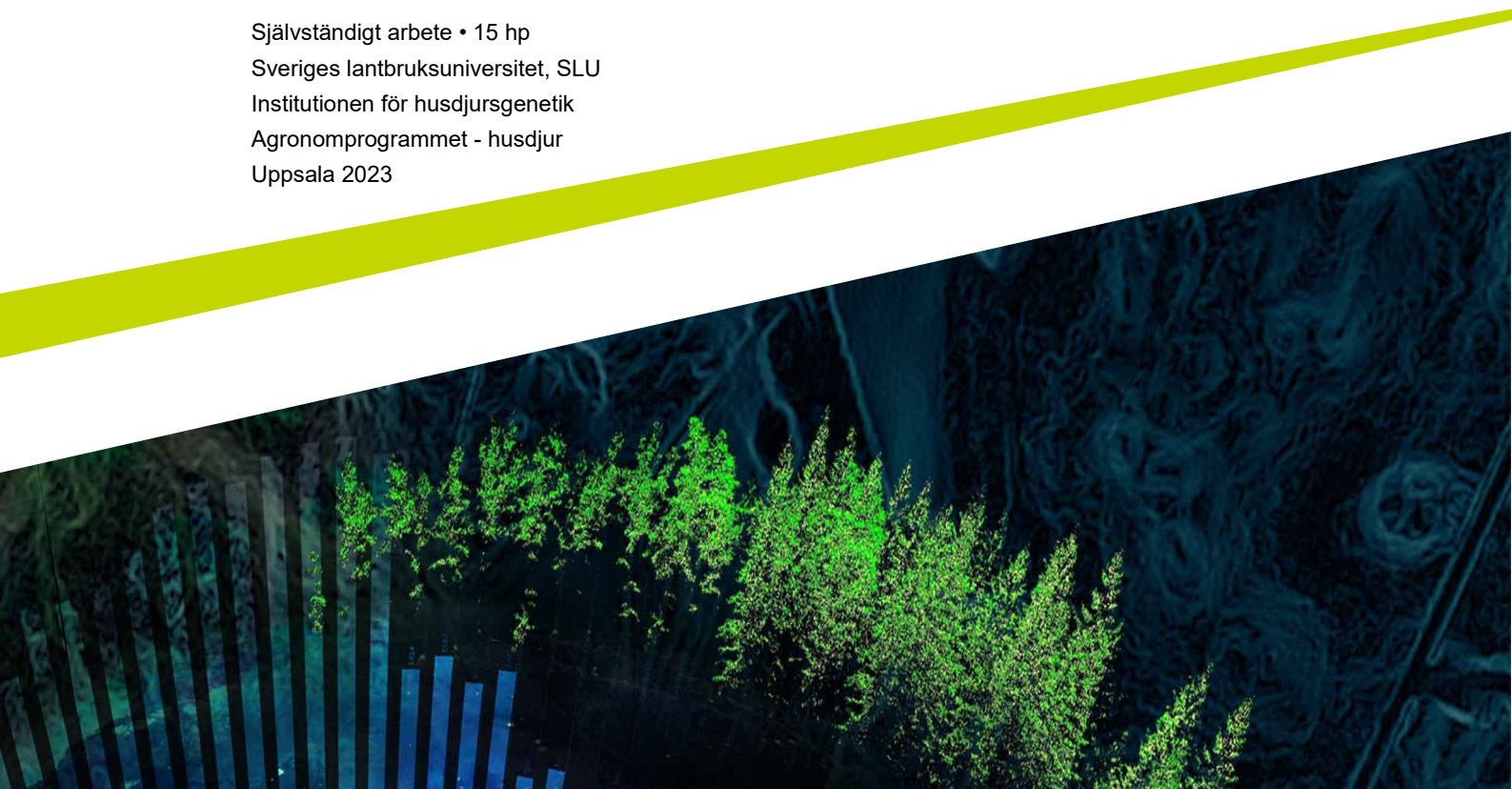


Genetisk variation hos lantrashöns

Skillnader inom svenska lantraser och europeiska lantraser

Andrea Hilding

Självständigt arbete • 15 hp
Sveriges lantbruksuniversitet, SLU
Institutionen för husdjursgenetik
Agronomprogrammet - husdjur
Uppsala 2023



Genetisk variation hos lantrashöns. Skillnader inom svenska lantraser och europeiska lantraser

Genetic diversity in Swedish local chicken breeds. Differences within Swedish local breeds and European local breeds.

Andrea Hilding

Handledare: Anna Maria Johansson, SLU, Institutionen för husdjursgenetik
Examinator: Martin Johnsson, SLU, Institutionen för husdjursgenetik

Omfattning: 15 hp
Nivå och fördjupning: Grundnivå, G2E
Kurstitel: Självständigt arbete i husdjursvetenskap, G2E
Kurskod: EX0865
Program/utbildning: Agronomprogrammet - husdjur
Kursansvarig inst.: Institutionen för husdjurens utfodring och vård
Utgivningsort: Uppsala
Utgivningsår: 2023
Upphovsrätt: Alla bilder används med upphovspersonens tillstånd.
Nyckelord: genetisk variation, lantras, höns, svensk lantras, Europa

Sveriges lantbruksuniversitet

Fakulteten för veterinärmedicin och husdjursvetenskap
Institutionen för husdjursgenetik

Publicering och arkivering

Godkända självständiga arbeten (examensarbeten) vid SLU publiceras elektroniskt. Som student äger du upphovsrätten till ditt arbete och behöver godkänna publiceringen. Om du kryssar i **JA**, så kommer fulltexten (pdf-filen) och metadata bli synliga och sökbara på internet. Om du kryssar i **NEJ**, kommer endast metadata och sammanfattning bli synliga och sökbara. Fulltexten kommer dock i samband med att dokumentet laddas upp arkiveras digitalt.

Om ni är fler än en person som skrivit arbetet så gäller krysset för alla författare, ni behöver alltså vara överens. Läs om SLU:s publiceringsavtal här: <https://www.slu.se/site/bibliotek/publicera-och-analysera/registrera-och-publicera/avtal-for-publicering/>.

JA, jag/vi ger härmed min/vår tillåtelse till att föreliggande arbete publiceras enligt SLU:s avtal om överlåtelse av rätt att publicera verk.

NEJ, jag/vi ger inte min/vår tillåtelse att publicera fulltexten av föreliggande arbete. Arbetet laddas dock upp för arkivering och metadata och sammanfattning blir synliga och sökbara.

Sammanfattning

Detta arbete undersöker hur den genetiska variationen ser ut hos lantrashöns i Sverige och några europeiska länder. Den genetiska variationen är ett mått på vilken nivå av biologisk mångfald som finns inom en art eller population och kan visa på hur inavel tidigare förekommit i populationerna som undersöks. I arbetet tas exempel från forskningsartiklar upp och en beräkning på effektiv populationsstorlek hos de svenska lantraser som finns dokumenterade hos svenska lanthönsklubben. Lantraser ger möjlighet att behålla kulturarv från forna tider och att använda andra anlag än de som selekteras för i produktionssyfte. Denna selektion sker för de flesta av våra produktionsdjur och kan göra att de saknar gynnsamma egenskaper lantraser har kvar. Den genetiska variation som finns hos svenska lantraser skiljer sig åt mellan raser och är i allmänhet lägre än hos de europeiska lantraser som tas upp i arbetet. I ett fall med ungerska lantraser hade dock den genetiska variationen minskat under bevarandearbetet vilket visar på att detta borde undersökas vidare och avelsstrategierna förbättras. Att resultatet av arbetet visar på att svenska lantraser delar gemensamma anmödor med andra europeiska raser gör att de skillnader som hittades kan ge en inblick i hur det framtida bevarandearbetet borde planeras för att öka den genetiska variationen hos svenska lantrashöns.

Nyckelord: genetisk variation, höns, lantras, svensk lantras, Europa

Abstract

This study investigates the genetic diversity in local chicken breeds in Sweden and a few European countries. Genetic diversity is a measurement of the level of biological diversity in a species or population and could indicate previous inbreeding in the populations examined. The study contains examples from research articles and a calculation of effective population size in the local Swedish breeds which are documented by Svenska Lanthönsklubben. Local breeds provide the opportunity to keep old cultural heritage and being able to use other genetic material than the one selected for production purposes. This selection is used in most of our animals for production and might result in these animals lacking certain favorable traits. The genetic diversity found in local Swedish breeds differ between breeds but is generally lower than in the examples of local European breeds mentioned in the study. In one case with local Hungarian breeds the genetic diversity decreased during the conservation program which shows that this should be further researched and the breeding programs improved. The result of the study shows that local Swedish breeds share maternal ancestors with other European breeds which makes the differences found important for future planning the conservation programs to increase the genetic diversity in local Swedish breeds.

Keywords: local chicken breed, genetic diversity, native breed, chicken, Sweden, Europe

Innehållsförteckning

1. Introduktion	6
2. Material och metod.....	7
3. Bakgrund.....	8
3.1 Lantraser och deras betydelse.....	8
3.2 Svenska lantraser	8
3.3 Genetisk variation	9
4. Genetisk variation hos lantraser	11
4.1 Genetisk variation hos svenska lantraser	11
4.2 Genetisk variation hos några europeiska lantraser	12
5. Resultat	14
6. Diskussion	15
7. Slutsats	17
Referenser.....	18

1. Introduktion

Dagens användning av kommersiellt avlade värphöns har gjort att de lantraser vi för ett sekel sedan höll för husbehov i Sverige har minskat drastiskt i antal (Hallander 1992). Då de höns som finns kvar av lantras inte har något stort urval att avla vidare ur är det intressant att undersöka vilka skillnader det finns inom svenska lantraser och mellan svenska lantraser och höns av lantras från andra europeiska länder. Den svenska lanthönsklubben har en hotlista för att hålla koll på populationer av ett antal svenska lantraser och arbetar för att bevara lantraser med levande genbanker (*Hotlista lantraser – Svenska Lanthönsklubben* 2022). Denna hotlista kommer användas för att undersöka effektiv populationsstorlek i de olika svenska lantraserna. Bevarandearbetet är viktigt för att kunna använda anlag som inte finns inom de kommersiella raserna då framtida utmaningar kan kräva andra egenskaper (Hallander 1989).

Syftet med denna uppsats är att genom befintlig litteratur och data sammanställa hur den genetiska variationen ser ut hos svenska lantraser och några europeiska lantraser. De europeiska lantraser som tas upp valdes ut eftersom det fanns tillgängliga studier med en metod som var jämförbar med metoden som användes för de svenska lantraserna.

Frågeställningar som tas upp i detta arbete är: Hur ser den genetiska variationen ut hos olika lantrashöns i Sverige? Finns det någon skillnad mellan svenska raser? Hur ser den genetiska variationen ut hos lantrashöns i andra länder i Europa?

2. Material och metod

Materialet som användes för att göra beräkningen för effektiv populationsstorlek hämtades från Svenska Lanthönsklubbens sida "Hotlista höns, ankor och gäss" vilken är uppdaterad senast 18 november 2022.

Metoden som användes för beräkning är formeln: $N_e = \frac{4 \times N_{\text{handjur}} \times N_{\text{hondjur}}}{(N_{\text{handjur}} + N_{\text{hondjur}})}$

N_e står för effektiv populationsstorlek.

N_{handjur} står för antal handjur i populationen.

N_{hondjur} står för antal hondjur i populationen.

3. Bakgrund

3.1 Lantraser och deras betydelse

En lantras är en ras av djur som har uppkommit och anpassats sig efter de omständigheter som funnits i den miljö där människor har hållit dem (Hallander 1989). Svenska lantraser varierar ofta i färg men gemensamt är att de i stor mån har anpassat sig för att kunna överleva exempelvis periodvis svält och det svenska klimatet (Hallander 1989). Hallander nämner även att lantrasernas resistens mot sjukdom varit en viktig komponent i det naturliga urval som skedde innan dagens användning av veterinärbehandling och foderoptimering. Att fortsätta bevarandearbetet med lantraser är viktigt då framtidens lantbruk kan ha andra förutsättningar än idag och kräva djur som är anpassade till andra förutsättningar (Matzon 2002).

3.2 Svenska lantraser

De svenska lantraser som har bevarandestatus är Skånsk blommehöna, Åsbohöna, Ölandshöna, Gotlandshöna, Orusthöna, Hedemorahöna, Kindahöna, Öländsk dvärghöna, Bjurholmshöna, Bohuslän-Dals svarthöna och Gammalsvensk dvärghöna (*Höns – Svenska Lanthönsklubben 2022*). Fyra av raserna klassificeras inte som i fara för utrotning av svenska lanthönsklubben, de resterande sju klassificeras som hotade (*Hotlista lantraser – Svenska Lanthönsklubben u.å.*). Kriterierna för att en ras ska anses som inte i fara är att det finns minst 1000 djur i populationen, dock bör det vara balans mellan antal hondjur och handjur för att den effektiva populationsstorleken inte blir för liten vilket kan göra även en population med över 1000 djur hotad (*Hotlista lantraser – Svenska lanthönsklubben u.å.*). Om det finns färre än 1000 djur av rasen klassificeras den som hotad (*Hotlista lantraser – Svenska lanthönsklubben u.å.*). Sex av dessa raser fanns som definierade lantraser

på 1980talet (Hallander 1989) medan Bjurholmshönan hittades först år 2011 och är den nordligaste rasen av alla lantrashöns (*Höns – Svenska Lanthönsklubben 2022*).

Den Skånska blommehönan härstammar från södra Skåne och är en av de större lantraserna i vikt (Hallander 1989). Skånsk blommehöna har fått sitt namn från den spräckliga fjäderdräkten med vitt skilda grundfärger men med en vit eller svart fläck längst ut på fjädrarna (Hallander 1989). Åsbohönan har också sitt ursprung i Skåne, dock i den norra delen till skillnad från Skånsk blommehöna. Kroppsstorleken är mindre då dessa höns haft en sämre fodertillgång än de Skånska blommehönsen (*Höns – Svenska Lanthönsklubben 2022*). Ölandshönan har sina anor i en liten flock som hittades på Öland vilken med stor sannolikhet inte haft någon inkorsning av annan ras på mycket lång tid. Denna ras väger i genomsnitt 2 kg för honor och 2,5-3 kg för tupp. Gotlandshönan upptäcktes på Gotland och rasen är av den större typen med en kroppsvikt på drygt 2 kg (*Höns – Svenska Lanthönsklubben 2022*). Orusthönan kommer från öarna Orust och Tjörn där de i början av 1900talet samlades ihop och avlades utan inkorsning tills bevarandeprogram startat (Matzon 2002). Detta är en liten höna som väger drygt ett kilo och är spräcklig, dock i fler färger än blommehönan (Matzon 2002). Hedemorahönan kommer från området Hedemora i Dalarna och har en fjäderdräkt som antyder att de är anpassade till ett kallare klimat än andra lantraser (*Höns – Svenska Lanthönsklubben 2022*). En del höns av rasen har ullig fjäderdräkt, som saknar hakar vilka binder ihop bistrålefanet och ger ett annat utseende. Kindahöna har sin härkomst i Östergötland och har ofta en svart fjäderdräkt, dock förekommer vildteckning också (*Höns – Svenska Lanthönsklubben 2022*). Det förekommer ulliga höns även inom denna ras, dock är det mer förekommande med befvädrade ben hos Kindahönan än hos Hedemorahönan. Den Öländska dvärghönan kommer liksom namnet antyder från Öland och var under svåra tider en viktig livsmedelskälla då den anpassat sig till att fodersöka själv och överleva på mindre foder (Gustafsson 2002). Fjäderdräkten är blommig trefärgad i vitt, svart och brunt och då det är en dvärgras ligger vikten på mindre än 1 kg för både tupp och höna (Gustafsson 2002). Bohuslän-Dals svarthöna härstammar från norra Bohuslän och har oftast en svart fjäderdräkt med svart näbb, kam, hud och ben (*Höns – Svenska Lanthönsklubben 2022*). Gammalsvensk dvärghöna har antagligen sitt ursprung i södra Sverige och fördes in i landet via det ostindiska kompaniet för cirka 200 till 400 år sedan (Gustafsson 2002). Rasen har en viltfärgad fjäderdräkt och vikten är cirka 0,5-1 kg men oftast mindre än 1 kg (Gustafsson 2002).

3.3 Genetisk variation

Genetisk variation uppstår då antingen mutationer eller rekombination av alleler sker (Pierce 2017). Båda dessa processer sker utan specifik orsak men är grunden

till att genetisk variation finns. De ger även möjlighet till evolution, dock är inte evolutionära behov skälet till att dessa processer sker utan de är slumpmässigt oberoende av det. Enligt gentekniknämnden (u.å.) är genetisk variation en enhet som kan visa på vilken nivå av biologisk mångfald som finns inom en population eller en art.

När en population är liten i storlek leder detta i många fall till inavel vilket senare kan utmytna i inavelsdepression (Manoel Galetti 2018). Inavelsdepression innebär att det sker en försämring i reproduktion och med det minskar också överlevnadsprocenten (Manoel Galetti 2018). Vid långvarig inavel kommer många skadliga alleler att försvinna i en utrensningsprocess som möjliggör att användbara gener finns kvar och främjar överlevnad i just det område som populationen lever i (Pierce 2017). Det finns en risk för att vissa lantraser försvinner och då förloras en del genetisk variation i arten vilket inte är positivt för framtida utmaningar som exempelvis minskad tillgång till foder eller ett varmare klimat (Matzon 2002). Den genetiska variationen hos en ras kan vara låg vilket innebär att antalet alleler är lägre än vid hög genetisk variation vilket gör att de med färre alleler har svårare att anpassa sig till nya förutsättningar (Manoel Galetti 2018).

Genetisk variation i en population kan mätas genom förväntad heterozygoti vilket skattas med allelfrekvens och observerad heterozygoti vilket skattas med genotyper från individer i populationen och beror på både den inavel som finns i populationen och den genetiska variationen (Schmidt et al. 2021). Effektiv populationsstorlek kan användas som ett mått på hur populationsstorleken hade varit om faktorer som inavel och genetisk drift tagits i beaktande (Wang et al. 2016). Dock finns det många metoder för att mäta effektiv populationsstorlek som beror på exempelvis selektionsmetod, mål med aveln och vilken information som finns tillgänglig (Wang et al. 2016).

4. Genetisk variation hos lantraser

4.1 Genetisk variation hos svenska lantraser

I en studie gjord på 9 av de svenska lantraserna (Öländsk dvärghöna, Ölandshöna, Åsbohöna, Skånsk blommehöna, Orusthöna, Kindahöna, Hedemorahöna, Gotlandshöna, Bohuslän-Dals svarthöna) var Skånsk blommehöna den ras med störst genetisk variation och flest haplotyper, vilket kan bero på att det finns flest ursprungsflockar för den rasen (Englund et al. 2014). I studien undersöktes mitokondriellt DNA, alltså DNA som endast ärvs av modern till avkomman och ärvs i hela haplotyper. Den ras som var mest genetiskt olik jämfört med andra svenska lantraser var Ölandshöna, vilka hade en haplotyp som skiljde sig från den vanligaste haplotypen på 9 av de 15 segregrande positionerna. Detta kan bero på att den har sitt ursprung på Öland som är skilt från resten av Sverige med Östersjön som vattenbarriär, eller på flaskhalseffekten som kan ge upphov till att haplotyper försvinner i vissa raser (Englund et al. 2014).

I en annan studie där fem svenska lantraser (Bohuslän-Dals svarthöna, Hedemorahöna, Gotlandshöna, Öländsk dvärghöna, Skånsk blommehöna) undersöktes med hjälp av mikrosatelliter påträffades att Bohuslän-Dals svarthöna hade störst andel homozygoti och därmed antagligen lägst genetisk variation av alla undersökta lantraser (Abebe et al. 2015). Även i denna studie har Skånsk blommehöna störst genetisk variation inom rasen vilket som nämnts tidigare antagligen kan förklaras med att denna ras har sitt ursprung från tre olika områden och de andra raserna som mest härstammar från två olika platser (Abebe et al. 2015). Resultaten visar på en förväntad heterozygoti på 0,231 och en observerad heterozygoti på 0,225 hos Bohuslän-Dals svarthöna. Skånsk blommehöna hade enligt resultaten en förväntad heterozygoti på 0,515 och observerad heterozygoti på 0,408. Öländsk dvärghöna hade en förväntad heterozygoti på 0,380 och en observerad heterozygoti på 0,322 enligt resultaten av studien. Författarna kommer fram till att den genetiska variationen inom raser är allmänt låg, med bakgrund i lågt skattad heterozygoti och få alleler upptäckta per locus.

4.2 Genetisk variation hos några europeiska lantraser

En studie utförd på 9 populationer av de sex ungerska lantraserna (Transylvanian Naked Neck Black, Transylvanian Naked Neck White, Transylvanian Naked Neck Speckled, Hungarian Yellow, Hungarian White, Hungarian Speckled) som existerar visade att dessa raser är genetiskt varierade från andra europeiska raser (Bodzsar et al. 2009). De 9 populationerna kommer från tre olika regioner i Ungern (Godollo, Mosonmagyaróvár, Hodmezóvásárhely) och vid de tillfällen det fanns flera individer av samma ras från olika platser benämndes dessa med områdesnamnet. Andra europeiska raser som jämfördes i artikeln är exempelvis Maran från Frankrike och värphybrider från kommersiell produktion. I studien genotypades 29 mikrosatellitloci där 28 av mikrosatelliterna var de som rekommenderats av Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO) för skattning av genetisk variation hos höns. Den förväntade heterozygotin var lägst hos Transylvanian Naked Neck Black Godollo på 0,44 och högst förväntad heterozygoti fanns hos Hungarian Speckled Hodmezóvásárhely på 0,56. Observerad heterozygoti hos Transylvanian Naked Neck Black Godollo visade sig vara 0,44 och hos Hungarian Speckled Hodmezóvásárhely var den 0,55, alltså mycket likt den förväntade heterozygotin. Vid en jämförelse med europeiska raser och kommersiella raser fastställdes att de ungerska lantraserna hade en mycket lägre andel inavel än de andra (Bodzsar et al. 2009). De europeiska raserna som användes för jämförelsen var från vad författarna anser vara vitt skilda områden, med en troligtvis stor variation i genetisk bakgrund.

I en artikel från Ungern där lantraser som varit i ett bevarandeprogram jämfördes med hur den genetiska variationen var från starten av programmet och efter 15 år kunde författarna utläsa att trots bevarandeprogrammet så hade inavel fortsatt förekomma i raserna (Palinkas-Bodzsar et al. 2020). Dock hade ingen väsentlig allelförlust skett även om inavel fanns kvar inom raserna (Palinkas-Bodzsar et al. 2020). Lantraserna som undersöktes i studien var av samma ras som i artikeln av Bodzsar et al från 2009 vilken nämnts tidigare i stycket. För att undvika att inavel sker inom bevarandeprogrammet föreslår författarna att en annan typ av avelsstrategi används, e.g. att randomisera fader eller korsa in andra raser. Metoden som användes var genotypning genom mikrosatelliter. Utifrån resultaten finner författarna att av de 157 alleler som fanns i de 29 mikrosatellitloci förekom det bara 152 kvar efter 15 års bevarandearbete vilket kan bero på genetisk drift, inavel eller själva stickprovsundersökningen.

I en studie från 2022 där 22 raser av franska lantrashöns och 4 kommersiella raser undersöktes i syftet att kunna bevara flockar och använda anlag till framtida

förändringar i exempelvis klimatförutsättningar framkom det att det finns en stor genetisk variation inom många av raserna (Restoux et al. 2022). Lantraserna som undersöktes delades upp i två grupper då 4 av raserna (Contres, Hergnies, Le Mans, Marans fancy) inte tidigare ingått i bevarandeprogram med pedigree-data vilket de andra 18 raserna gjort. En tredje grupp med kommersiella raser ingick som kontrollgrupp för att kunna skatta rasidentitet och eventuellt släktskap hos lantraserna som undersöktes. Metoden som användes var SNP-chip för genotypning, pedigree- och management-data för exempelvis individens egen inavelskoefficient. Viktiga förutsättningar för att gynna en stor genetisk variation ligger enligt författarna i att behålla och arbeta för att förbättra bevarandeprogram då dessa har bidragit till att franska lantraser har en så låg andel inavel.

En italiensk studie gjord på två lantraser (Robusta Lionata, Robusta Maculata) och en kommersiell ras med mikrosatelliter jämförde genetiskt släktskap mellan lantraserna och den kommersiella rasen (Zanetti et al. 2007). Resultaten från studien visade att båda lantraserna var mer genetiskt lika varandra än vad individerna av kommersiell ras var. Detta var förväntat enligt författarna då lantraserna antogs ha samma genetiska ursprung. Heterozygotin hos lantraserna var förväntat låg och visade sig även vara observerat låg vilket tyder på att inavel tidigare skett inom raserna.

5. Resultat

Den ras som enligt Tabell 1 hade störst effektiv populationsstorlek är Hedemorahöna vilken hade en storlek på 1657 individer i effektiv populationsstorlek och den med minst effektiv populationsstorlek är Öländsk dvärghöna med 239 individer. Dock hade även Orusthönan en låg effektiv populationsstorlek med 276 individer, endast 37 fler än Öländsk dvärghöna (Tabell 1).

Table 1 Antal individer per ras, effektiv populationsstorlek (N_e) och existerande populationsstorlek (N)

Lantras	N_e	N_{handjur}	N_{hondjur}	N
Skånsk blommehöna	535	161	796	957
Åsbohöna	1 303	401	1738	2139
Ölandshöna	494	156	593	749
Gotlandshöna	511	161	620	781
Orusthöna	276	84	390	474
Hedemorahöna	1657	494	2569	3063
Kindahöna	682	216	811	1027
Öländsk dvärghöna	239	75	296	371
Bjurholmshöna	621	189	871	1060
Bohuslän-dals svarthöna	352	115	377	492
Gammalsvensk dvärghöna	333	107	378	485

Källa: *Hotlista lantraser – Svenska Lanthönsklubben (2022)*

6. Diskussion

I ett antal av artiklarna är hypotesen innan studien att den genetiska variationen kommer vara låg, när den sedan visar sig vara högre i det skattade resultatet. Exempelvis i artikeln av Abebe et al. Från 2015, där förväntad heterozygoti för Hedemorahöna var 0,40 och observerad heterozygoti var 0,30. Att detta sker kan bero på att studierna kan vara framtagna helt utan några tidigare resultat inom samma område och att den förväntade genetiska variationen kan skilja sig från den verkliga eftersom fler faktorer tas i beaktning vid mätning av observerad heterozygoti. Detta betyder att en kontinuerlig insamling av data skulle behövas för att fortsätta veta statusen av genetisk variation hos lantraser.

Metoderna som används är olika beroende på vad som har varit tillgängligt och föredragit av forskarna. Användning av mikrosatelliter i stället för SNP-tekniker tas upp i artikeln om ungerska lantraser från 2020 av Palinkas-Bodzar et. al och anses av författarna vara lika tillförlitligt som SNP i undersökning av genetisk variation och bevarandebestånd hos en ras. Detta tas även upp av Abebe et. al (2015) som förklarar att mikrosatelliter är en bra metod för att kunna jämföra resultaten med andra som använt samma metod och finns i hela genomet. Studien av D-loopen i mtDNA av Englund et. al (2015) visade huruvida raserna hade liknande ursprung och genetisk variation inom de svenska lantraserna och kunde jämföras med resultat från studier som använt samma metod i exempelvis Polen och Ungern. I jämförelse med den data som fanns från ungerska lantraser hade de liksom några av de svenska lantraserna samma haplotyper förekommande vilket kan tyda på en gemensam maternell bakgrund hos europeiska lantraser.

Utifrån resultatet av den effektiva populationsstorleken hos svenska lantrashöns kan de i jämförelse med studier som har gett ett mått på genetisk variation i svenska lantraser visa att populationsstorleken kan vara kopplad till vilken möjlighet det finns att undvika inavel. I raser med mindre effektiv population finns det färre djur att avla vidare på (Öländsk dvärghöna, Orusthöna) vilket gör bevarandearbetet och arbetet för ökad genetisk variation svårare. Den ras som hade minst effektiv populationsstorlek enligt beräkningen var Öländsk dvärghöna vilken inte var den som enligt Abebe et al. (2015) hade lägst observerad heterozygoti. Att inte den ras

med minst effektiv populationsstorlek har minst heterozygoti kan bero på att metoden för beräkning av effektiv populationsstorlek inte tog hänsyn till genetiska faktorer inom populationerna utan endast antalet av hondjur och handjur. Hönsen av rasen Öländsk dvärghöna kan ha haft en hög genetisk variation som hade gjort den effektiva populationsstorleken större än vad den blev vid denna beräkning. Orusthöna hade även den en låg effektiv populationsstorlek men eftersom den inte undersökts med skattningar av observerad och förväntad heterozygoti är det svårt att jämföra dessa. Bohuslän-Dals svarthöna var den ras som hade lägst genetisk variation enligt Abebe et. al (2015) och enligt resultatet hade inte denna ras lägst effektiv populationsstorlek, men då ursprung och tidigare avelsstrategi ofta är okänt för lantraser kan detta vara en orsak till dess låga genetiska variation.

I många av artiklarna har ett begränsat antal individer funnits tillhanda för undersökningen vilket kan göra att resultaten endast visar på en viss del av hur den verkliga genetiska variationen ser ut och gör det svårt att göra en skattning på det verkliga läget. Att det är så få individer som kan användas för att undersöka den genetiska variationen hos lantraser kan bero på att det är många regler för hur djuren måste hållas och registreras för att kunna anses vara en riktig lantras. Exempel på regler för att få hålla höns och vara med i Svenska lanthönsklubbens olika genbanker är att endast en ras per djurslag får hållas, att djuren måste ha genbanksintyg och att den som håller djuren måste ha skrivit på ett genbankskontrakt för rasen (*När är jag med? - Svenska Lanthönsklubben* 2022). De höns av lantras som finns men inte uppfyller alla kriterier hamnar utanför det som kan användas i forskning och den eventuella skillnad i genetisk variation dessa hade tillfört uteblir.

Jämfört med den svenska lantras som hade högst observerad heterozygoti, Skånsk blommehöna 0,408 (Abebe et al. 2015), hade den ungerska lantrasen med högst observerad heterozygoti 0,55 (Bodzsar et al. 2009), vilket är mycket högre än hos de svenska lantraserna. Denna skillnad och det gemensamma ursprunget flera europeiska lantraser delar kan visa på att svenska lantraser borde ingå i samma typ av utvärdering av avelsprogrammet som gjordes av Palinkas-Bodzar 2020, om franska lantraser. Till exempel skulle en undersökning var tionde år av de individer som ingår i Svenska Lanthönsklubbens register kunna ge en uppfattning om hur avels- och bevarandearbetet fortgår och om förändringar behöver göras. Dock framkommer inte urvalsprocessen för de europeiska lantraserna tydligt i artiklarna och raser med god genetisk variation som bevarats och avlats för och med eventuellt forskningsintresse kan vara de som varit bäst lämpade för undersökningarna vilket kan ha gjort att resultaten skiljer sig åt från de studier som gjorts på svenska lantrashöns.

7. Slutsats

Slutsatser som kan dras utifrån detta arbete är att den genetiska variationen generellt skiljer sig åt mellan svenska lanthönsraser beroende på hur många individer av varje ras som funnits kvar och hur många ursprungsflockar som existerat. De europeiska lantraser som undersökts har i jämförelse med svenska lantraser en större genetisk variation. Det kan dock bero på att endast lantraser med god genetisk variation valts ut för studierna vilket inte framkommer i artiklarna.

Referenser

- Abebe, A.S., Mikko, S. & Johansson, A.M. (2015). Genetic Diversity of Five Local Swedish Chicken Breeds Detected by Microsatellite Markers. *PLOS ONE*, 10 (4), e0120580. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0120580>
- Bodzsar, N., Eding, H., Revay, T., Hidas, A. & Weigend, S. (2009). Genetic diversity of Hungarian indigenous chicken breeds based on microsatellite markers. *Animal Genetics*, 40 (4), 516–523. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2009.01876.x>
- Englund, T., Strömstedt, L. & Johansson, A.M. (2014). Relatedness and diversity of nine Swedish local chicken breeds as indicated by the mtDNA D-loop. *Hereditas*, 151 (6), 229–233. <https://doi.org/10.1111/hrd2.00064>
- Gentekniknämnden (u.å.). Genetisk variation. <https://www.genteknik.se/genetik-och-genteknik/genetik/genetisk-variation/> [2023-04-13]
- Gustafsson, S. (2002). *Sveriges lantraser - kulturarv och genresurs: om raserna, föreningarna och bevarandearbetet*. Uppsala: Centrum för biologisk mångfald CBM. (CBM:s skriftserie, 6)
- Hallander, H. (1989). *Svenska lantraser: deras betydelse förr och nu*. Veberöd: Blå ankan.
- Hallander, H. (1992). *Husdjur till husbehov*. 2., fullständigt omarb. uppl. Veberöd: Blå ankan tills. med Naturskyddsfören. och LT.
- Hotlista lantraser – Svenska Lanthönsklubben (2022). <https://www.kackel.se/rodlista/> [2023-04-03]
- Höns – Svenska Lanthönsklubben (2022). <https://www.kackel.se/hons/> [2023-04-11]
- Manoel Galetti, Pedro. (2018). Conservation Genetics☆. I: *Reference Module in Biomedical Sciences*. Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-801238-3.65366-7>
- Matzon, C. (2002). *Lantraser i fara: husdjurens mångfald*. Solna: Världsnaturfonden WWF.
- När är jag med? – Svenska Lanthönsklubben (2022). <https://www.kackel.se/nar-ar-jag-med/> [2023-06-05]
- Palinkas-Bodzsar, N., Sztan, N., Molnar, T. & Hidas, A. (2020). Gene conservation of six Hungarian local chicken breeds maintained in small populations over time. *PLOS ONE*, 15 (9), e0238849. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0238849>
- Pierce, B.A. (2017). *Genetics: a conceptual approach*. Sixth edition. New York: W.H. Freeman.
- Restoux, G., Rognon, X., Vieaud, A., Guemene, D., Petitjean, F., Rouger, R., Brard-Fudulea, S., Lubac-Paye, S., Chiron, G. & Tixier-Boichard, M. (2022). Managing genetic diversity in breeding programs of small populations: the case of French

- local chicken breeds. *Genetics Selection Evolution*, 54 (1), 56.
<https://doi.org/10.1186/s12711-022-00746-2>
- Schmidt, T.L., Jasper, M., Weeks, A.R. & Hoffmann, A.A. (2021). Unbiased population heterozygosity estimates from genome-wide sequence data. *Methods in ecology and evolution*, 12 (10), 1888–1898. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.13659>
- Wang, J., Santiago, E. & Caballero, A. (2016). Prediction and estimation of effective population size. *Heredity*, 117 (4), 193–206. <https://doi.org/10.1038/hdy.2016.43>
- Zanetti, E., Gervaso, M., Dalvit, C. & Cassandro, M. (2007). Genetic diversity in some local chicken breeds using microsatellite markers. *Italian journal of animal science*, 6 (sup1), 225–227. <https://doi.org/10.4081/ijas.2007.1s.225>