



Sveriges lantbruksuniversitet  
Fakulteten för veterinärmedicin och husdjursvetenskap

# Bevarande av de svenska lantraserna, populationsgenetiska och molekylärgenetiska metoder

*Sandra Magnusson*







Sveriges lantbruksuniversitet  
Fakulteten för veterinärmedicin och husdjursvetenskap  
Institutionen för husdjursgenetik

## **Bevarande av de svenska lantraserna, populationsgenetiska och molekylärgenetiska metoder**

Preservation of the Swedish native breeds, population genetic and molecular genetic methods

*Sandra Magnusson*

**Handledare:**

Anna Johansson, SLU, Institutionen för husdjursgenetik

**Examinator:**

Freddy Fikse, SLU, Institutionen för husdjursgenetik

**Omfattning:** 15 hp

**Kurstitel:** Kandidatarbete i husdjursvetenskap

**Kurskod:** EX0553

**Program:** Husdjursvetenskap - kandidatprogram

**Nivå:** Grund, G2E

**Utgivningsort:** Uppsala

**Utgivningsår:** 2010

**Omslagsbild:** Sandra Magnusson

**Serienamn, delnr:** Examensarbete 338

Institutionen för husdjursgenetik, SLU

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



## Abstract

Today's community requires an increase in food production. Animals are today bred so that they produce more than their ancestors did. Production has been the most important and breeds with the highest production levels have therefore become popular. Many of the old local breeds have become extinct or are about to become extinct because of this trend. For our Swedish native breeds only a small number of individuals are left. To save the breeds that are left the Swedish board of agriculture has the responsibility to conserve these native breeds. People are working on several different levels, both local and national to preserve the native breeds. The native breeds have recently received attention among politicians. We have recently recognized that our native breeds may carry important genetic resources. In case of an emergency these resources can come to play an important role. Research in this area is both helpful in designing breeding programs and to study the genetic variation within and between breeds. It appears that some local breeds carry rare haplotypes which may play an important role in the conservation of native breeds and the development of production strains. According to Weitzmans method local breeds contribute with 70.2% to the total genetic variation and therefore it would mean a huge loss of genetic material if these breeds will disappear.

## Sammanfattning

Då dagens samhälle kräver en allt mer livsmedelsproducerande djurhållning har mycket av vårt gamla arv försvunnit och håller på att försvinna. För att bevara de utrotningshotade raser vi har kvar har Jordbruksverket tagit bevaransansvar för dessa. Man arbetar på flera olika nivåer med att bevara våra lantraser, både lokalt och nationellt. Anledningen att lantraserna har diskuterats så mycket i politiken på senare tid är att man har insett att våra lantraser kan bära på viktiga genetiska resurser. Dessa genresurser är viktiga att bevara för framtiden i fall en katastrof skulle inträffa. Forskning på området är dels till hjälp för att designa avelsprogram samt för att studera den genetiska variationen inom och mellan raser. Det har visat sig att en del lokala raser bär på sällsynta haplotyper vilka kan komma att spela en viktig roll i bevarandet av lantraser samt utvecklandet av produktionsraser. Enligt Weitzmans metod bidrar inhemska raser med hela 70,2% till den totala genetiska variationen och det skulle därför innebära en enorm förlust i genetiskt material om dessa raser försvinner.

## Introduktion

Idag sker enorma satsningar på storskalighet och högproducerande djur inom all livsmedelsproduktion. Dagens förbättrade teknik gör att framsteg kan ske i hög fart. Det moderna jordbruket är av största prioritering och hela tiden är det nytänkande och ny teknik som för jordbruket framåt. Samtidigt tycks jordbrukets historia och ursprung hamna allt mer i skymundan och mycket går förlorat. Många av våra gamla produktionsdjur har ersatts med högproducerande raser vilket har gjort att många av de gamla lantraserna idag är hotade eller utrotade. Av de lantraser som idag återstår finns det oftast enbart ett fåtal djur av varje ras. Här uppstår problemet hur man på ett så bra sätt som möjligt kan bevara rasen samtidigt som fåtalet individer gör att inavelsgraden ökar. Att undvika inavel är i små lantraspopulationer omöjligt men att bibehålla en så hög genetisk variation är viktigt. En av anledningarna till detta är att skulle klimatet eller produktionsförutsättningarna i framtiden komma att ändras kan lantrasernas specifika egenskaper komma att spela en viktig roll (SJV, 2007a). En annan anledning till att det är viktigt att bibehålla den genetiska variationen är att inavel i stor grad

leder till inavelsdepression och egenskaper rörande fitness är de som drabbas (Malm och Danell, 2004).

Våra lantraser är viktiga att bevara av flera skäl. De spelar en stor roll i jordbrukets historia och är en del av vårt kulturarv. ”Vi har insett behovet av att bevara floran och faunan i regnskogar och andra områden, men vi inser inte att vår egen flora och fauna är på ruinens brant också”, säger Pauline Palmqrantz ordförande i föreningen ”Sveriges Fäbodbrukare” (Alhem 2010). Ska vi lyckas bevara våra lantraser behövs framförallt kunskap och samarbete. Med kunskap menas den forskning som sker och som är till hjälp för att designa avelsprogram. Idag forskas det mycket på hur viktig en ras är för att bibehålla en hög grad av genetisk variation och metoder har tagits fram för att se hur mycket varje ras bidrar till den totala genetiska variationen.

Syftet med denna litteraturstudie är att beskriva varför lantraserna är viktiga att bevara samt beskriva en del av den forskning som sker vad gäller lantraser och utifrån resultatet diskutera åtgärder för att hålla nere graden av inavel i populationer. Ofta när det gäller denna typ av forskning tittar man på hur stor den genetiska variationen i varje ras är.

## **Lantraser och bevarande**

### **Skäl för bevarande**

Lantraserna är viktiga att bevara av flera skäl. Ett av de viktigaste skälen är att man funnit att lantraserna bär på anlag som kan komma att spela stor roll i framtiden samt för utvecklingen av produktionsraser (Frankel, 1974; SJV, 2007a). Lantrasernas unika arvsanlag och egenskaper har utvecklats till följd av en lång tids anpassning till vissa områden (Hallander, 1989). Dagens husdjursproduktion lägger stor vikt vid egenskaper som ökar inkomsten per djurenhet. Med detta menas egenskaper som foderomvanlingsförmåga, avkastning, fettansättning med flera. Djuren får idag bättre foder än vad det gamla jordbruket kunde erbjuda. Det gamla jordbruket var i behov av djur som klarade av att överleva på ett magert bete. För att klara av dåtidens magra vinterutfodring var djuren tvungna att snabbt ansätta fett och gå upp i hull innan vintern. Idag är djur som snabbt blir feta inte önskvärda då man vid slakt får avdrag för det extra fett. Dessutom konsumerar ett djur som snabbt ansätter fett dyrbart foder till negativ produktion (Hallander, 1989). Lantraserna kan även besitta egenskaper som gör dem mer motståndskraftiga mot sjukdomar. Denna resistens mot sjukdomar har utvecklats genom naturlig selektion. Djur som hade anlag för resistens mot en i hemområdet vanlig sjukdom överlevde och fick således chansen att föröka sig. Detta gjorde att ett anlag för resistens mot en viss sjukdom fördes vidare och gav djur med detta anlag en fördel jämfört med djur som inte bar på anlaget för resistens. Idag kan dessa egenskaper komma att spela en viktig roll då det sker en ökad resistens mot antibiotika (Breeds of Livestock, 2008). Vetenskapligt kan det vara svårt att bevisa lantrasernas hårdighet då de inte lever i samma klimat som förr. Däremot är det vetenskapligt bevisat att lantraserna har lätta födslar samt goda modersegenskaper (Hallander, 1989). Inför framtiden vill man bevara dessa egenskaper då de kan komma att spela en viktig roll om produktionsförutsättningarna och klimatet förändras. Detta kan komma att medföra en efterfrågan på hårdigare djur som klarar sig på mindre föda (SJV, 2007).

## **Begreppet Lantras**

### ***Vad är en lantras?***

En fråga som inte har ett alldeles enkelt svar, vad är en lantras? Definitionerna är många och svaren likaså men inget stämmer till fullo. Begreppet lantras förklarar Håkan Hallander (1998) såhär: "En lantras kan definieras som en population som levt tillräckligt länge i ett område för att ha hunnit anpassa sig till områdets olika förhållanden. Detta beroende av och anpassning till hemområdet, "torvan", är lantrasens främsta egenskap (Hallander, 1998). Detta är kanske den definition som stämmer bäst överens med begreppet "lantras" och som ger en god förståelse för just ordet "lantras".

Det som Hallander (1998) skriver ovan om "anpassning till torvan" är kanske lantrasernas främsta egenskap och något som i framtiden kan komma att spela en viktig roll. Lantraserna har anpassat sig till att leva i en tuffare miljö än vad vi idag har till våra produktionsdjur. I miljöbegreppet ingår resistens mot sjukdomar, betesväxt, klimat, fodertillgång samt att de ska uppfylla önskamålen hos ägaren.

## **Regelverk - Bevarande på nationell och internationell nivå**

Idag är som tidigare nämnts många av de svenska lantraserna hotade. Vid FN:s naturvårdskonferens i Stockholm 1972 beslutades följande: "varje land ansvarar för sina egna husdjursraser och särskilt fästa uppmärksamheten på de raser som är på väg att försvinna" (SJV, 2002; FAO, 2007a). I Sverige gäller detta lantraserna (tabell 1).

Ytterligare målsättningar för att bevara den biologiska mångfalden fastslogs 1992 vid FN:s internationella konferens i Rio de Janeiro. Här antogs en mångfaldskonventionen (Convention on Biological Diversity) i vilken det står att varje land bör arbeta fram olika bevarandeprogram samt strategier för hållbart nyttjande av landets genurer (SJV, 2002). Efterföljden av denna konvention blev en "Landstudie" 1994 på uppdrag av FAO för att få reda på hur det låg till med den biologiska mångfalden i landet. Det som Landstudien till stor del visade på var att aveln av många raser blivit internationaliserade och det inhemska avelsmaterialet har ofta fått ge plats åt importerat. Dock rör detta sällan lantraserna utan det avelsmaterial som finns är inhemskt och ofta i liten skala. Dessa kräver därför särskild omsorg.

Regeringen gav i uppdrag till jordbruksverket den 21 januari 2005 genom regeringsbeslut Jo2005/143 att sätta upp mål och delmål samt beskriva hur dessa ska uppnås för att bevara landets genurer samt för uthålligt nyttjande av dessa. Uppdraget är en del av miljö kvalitetsmålet "Ett rikt odlingslandskap". Jordbruksverket föreslog ett separat delmål om de husdjursgenetiska resurserna som lyder: "De husdjursraser Sverige har bevarandansvar för ska senast år 2020 vara långsiktigt bevarade och hållbart nyttjade." (Lannek, 2007). Detta innebär bland annat att år 2020 ska majoriteten av de husdjursraser som Sverige påtagit sig bevarandansvar för finnas i FAO's kategori "Inte i fara". En ras som finns på FAO's lista "i fara" har en avelspopulation på 1000 hondjur eller mindre, eller på 20 handjur eller mindre. Uppgår den totala djurpopulationen till över 1000 djur, men mindre än 1200 djur och populationer håller på att minska ses rasen också som hotat eller "i fara" (FAO, 2007b).

**Tabell 1.** Raser som Sverige ådragit sig bevarandeansvar för. Raserna/arterna uppfyller de kriterier för att Sverige ska sätta rasen/arten under bevarandeansvar

Djurslag	Raser
Ankor och myskankor	blekingeanka, svensk blå anka, svensk gul anka, svensk myskanka
Bin	nordiskt bi
Fisk	odlad röding avsedd som matfisk
Får	dala pälsfår, gotlandsfår, gutefår, helsingefår, klövsjöfår, roslagsfår, ryafår, svenskt finullsfår, svärdsjöfår, värmlandsfår, åsenfår
Get	göingeget, jämtget, lappget, svensk lantrasget
Gris	linderödssvin
Hund	dansk/svensk gårdshund, drever, gotlandsstövare, hamiltonstövare, jämthund, norrbottenspets, schillerstövare, smålandsstövare, svensk lapphund, västgötaspets
Häst	gotlandsruss, nordsvensk brukshäst, svensk ardenner, svensk kallblodig travare
Höns	bohuslän-dals svarthöna, gotlandshöna, hedemorahöna, kindahöna, (gammal-) svensk dvärghöna, orusthöna, skånsk blommehöna, åsbohöna, ölandshöna, öländsk dvärghöna, svenskhöna.
Kanin	gotlandskanin, svensk pälskanin
Katt	europé, lantraskatt
Nötkreatur	bohuskulla, fjällko, ringamålako, rödkulla, väneko, svensk kullig boskap, svensk låglandsboskap (utan holstein), svensk röd och vit boskap
Ren	tamren

Tabellen är modifierad. Källa: (Lannek, 2007).

## Inavel och forskning

Parning mellan individer som är släkt leder till inavel. Den genetiska variationen minskar till följd av inavel. Vid inavel kan det hända att avkomman i ett locus får två alleler som är identiska genom arv (Strandberg, 2007). Med detta menas att individer som är släkt med varandra kan vara bärare av kopior av samma ursprungallel och därigenom bärare av identiska arvsanlag (Malm och Danell, 2004). Inavel leder till en högre frekvens av



homozygoti. Till följd av detta minskar den genetiska variansen. Inavel i små populationer ökar sannolikheten att alleler försvinner från population, vilket också gör att den genetiska variationen minskar. Både gynnsamma och ogynnsamma anlag kan komma att dubblas. Frekvensen av recessiva lethala anlag tenderar att öka i en inavlade population då individerna och hela populationen blir mer homozygota. Följden kan bli inavelsdepression och egenskaper gällande fitness är det som drabbas (Malm och Danell, 2004).

Inavel har setts som ett viktigt steg i rasbildning. Man har även konstaterat att isolering av populationer är viktigt för framväxten av nya anpassningar (Riesenberg et al., 2003). Med andra ord, inavlade populationer behöver inte vara bättre eller sämre källor när det gäller variation i enstaka lokus men inavel bidrar till mångfalden genom att skapa avvikande individer (Holm et al., 1999; Visscher et al., 2001; Aguilar et al., 2004).

## **Populationsgenetiska metoder**

Med populationsgenetiska metoder skattar man olika parametrar och utifrån resultatet kan man påverka avel i en viss riktning. Med avel i en bestämd riktning vill man skapa en anpassning till rådande marknadsläge (Hallander, 1989).

När det gäller lantraserna vill man åstadkomma en så liten förändring i arvsmassan som möjligt. Bevarande genom populationsgenetiska metoder innebär när det gäller lantraserna att man med aveln vill bibehålla de egenskaper som för rasen är unika samt att bibehålla en tillräckligt stor genetisk variation. Enligt Matzon (2002) får därför ingen selektion vad gäller produktionsegenskaper hos lantraserna ske.

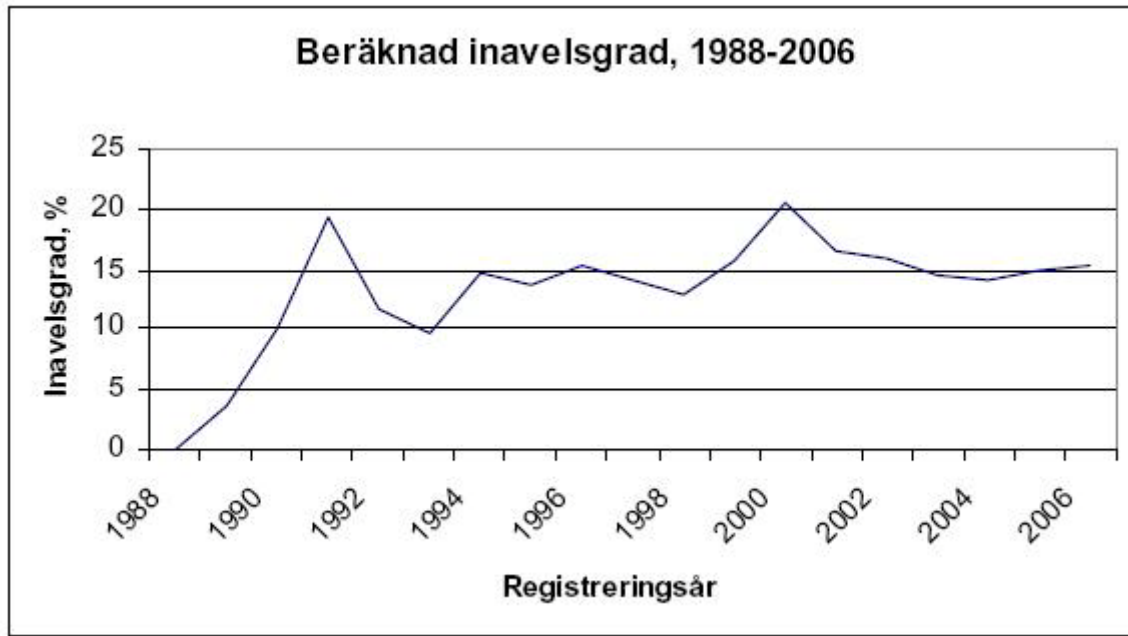
I de studier där man skattar populationsgenetiska parametrar vill man se hur hög inavelsgraden är i populationen, skatta den effektiva populationsstorleken samt arvbarheten för specifika egenskaper. Utifrån resultaten kan man med kunskap om genetiska samband sedan sätta upp mål och avelsprogram för att så gott det går bibehålla den genetiska variationen.

### ***Linderödsgrisen – populationsgenetisk studie***

Hansson (2008) samlade in information från djurhållare av Linderödsgrisen för dokumentation av rasen. En enkät skickades ut till 122 djurägare som var registrerade i genbanken 2007/2008. Enkäten rörde frågor angående djurhållningen samt djurägarnas syn och tankar kring linderödsgrisen. Ytterligare information till studien baserades på den så kallade årsrapporten. Inavelsberäkningen bygger på information om samtliga registrerade djur i genbanken under år 1992-2006. Materialet från genbanken har sedan beräknats med hjälp av släktforskningsprogrammet Legacy 6.0 för att få en uppfattning om inavel i populationen samt antalet använda avelsdjur och deras avkommor (Elofsson, 2008).

Den verkliga populationsstorleken var 87 individer år 2006 och den effektiva populationsstorleken var 86 individer (Hansson, 2008). Den effektiva populationsstorleken ligger i närheten av den verkliga då antalet galtar och suggor med registrerad avkomma är relativt lika. Om den verkliga och den effektiva populationsstorleken skulle skilja sig kan det tyda på en rad faktorer t.ex. ojämn könsfördelning, variation i familjestorlek eller att populationsstorleken varierar över tid (Malm och Danell, 2004). För att bibehålla den genetiska variationen inom populationen samt för att få en så stor genetisk variation som

möjligt skall antalet galtar och suggor som används i aveln vara lika samt att fler djur används i aveln (Malm och Danell, 2004). Om den effektiva populationsstorleken är över 100 djur är förlusten av genetisk variation per generation liten samt inavelsökningen per generation mindre än 0.5% (Malm och Danell, 2004). För linderödsgrisen har inavelsgraden per generation legat konstant på ca 15% under åren 1996-2006. Undantaget är år 2000 då inavelsgraden var över 20% (fig 1). Detta kan förklaras av att populationen under år 1998-2000 var liten (Hansson, 2008).



**Figur 1.** Beräknad inavelsgrad mellan 1988 och 2006 (Elofsson, 2008).

Föreningen Lantrassvinet har tillsammans med jordbruksverket satt upp ett delmål: att det år 2020 ska finnas 500 registrerade avelsdjur och en fjärdedel av dessa ska vara galtar (SJV, 2007b). För att detta delmål ska uppnås behöver populationen öka betydligt (totalt 293 djur år 2007). För att delmålet ska kunna uppnås behöver antingen antalet djurägare öka eller antalet djur per djurägare öka. Fler smågrisar skulle behöva sparas istället för att de går till slakt men livdjursmarknaden är idag än så länge liten (Hansson, 2008).

### **Molekylärgenetiska metoder**

Vår boskaps evolution och utveckling har man under de senaste fyrtio åren börjat analysera biokemiskt med hjälp av mikrosatelliter (Canon et al., 2001). Det har bland annat gjorts en del studier på olika nötkreatur raser där man analyserat och jämfört flera olika mikrosatelliter. Detta för att se om raserna har ett gemensamt ursprung. MacHugh et al. (1997) undersökte 20 mikrosatelliter i olika nötkreatur raser från Europa, Asien och Afrika vilket visade tydliga skillnader mellan boskap som saknar pucker (taurin) och boskap med pucker (zebu).

### **Paternell och maternell nedärvning**

Kantanen et al. (2009) har studerat mikrosatelliter på Y-kromosomen, paternell nedärvning, för att upptäcka gemensamt ursprung mellan raser. Denna studie skiljer sig då man i liknande

studier använt sig av maternellt mitokondrie DNA (mtDNA) istället. I studien jämfördes paternell nedärvning (Y-kromosomer) med maternell nedärvning (mtDNA).

I studien ingick 405st tjurar och de klassificerades antingen som taurin (n=395) eller som zebu (n=10). Denna gruppering baseras på specifika alleler på Y-kromosomen för de båda grupperna (Edwards et al., 2000; Hanotte et al., 2000). I Studien av Kantanen et al. (2009) observerades 26 haplotyper varav de fem första H1-H5 var zebu haplotyper och H6-H26 haplotyper från taurin. Frekvensen av de olika haplotyperna kan ses i tabell 2.

**Tabell 2.** Frekvens av Y kromosomala haplotyper av n=405 tjurar och i vilka raser haplotyperna förekom

Haplotyp <sup>1</sup>	Allel kombination	Frekvens	Ras(er)
H1 (zebu)	130-88-156-360-254	3	Iraqi
H2 (zebu)	130-88-156-360-256	1	Iraqi
H3 (zebu)	130-88-156-360-258	4	Bushuev
H4 (zebu)	130-88-158-360-254	1	Iraqi
H5 (zebu)	130-90-158-360-254	1	Iraqi
H6	132-82-158-362-256	6	Doela, Telemark
H7	132-90-158-360-256	6	Ukrainian Grey
H8	132-98-158-360-258	1	Ukrainian Whiteheaded
H9	132-98-158-364-258	1	Anatolian Black
H10	132-98-158-366-256	7	Finnish Holstein-Friesian, Polish Holstein-Friesian, Yaroslavl, Swedish Mountain, Lithuanian Grey
H11	132-98-158-366-258	262	All, except Jersey, Simmental, Ala-Tau, Doela, Telemark, Red Gorbatov, Yurino, Yakutian, Busa, Podolian, Anatolian Black, East Anatolian Red, Ukrainian Grey
H12	132-98-160-366-258	1	Iraqi
H13	132-100-158-362-254	1	Damascus
H14	132-100-158-362-256	3	Icelandic, Anatolian Black
H15	132-100-158-366-258	7	Western Fjord, Western Red Polled, Estonian Native, Ukrainian Whiteheaded
H16	132-102-158-360-258	31	Ala-Tau, Ukrainian Whiteheaded, Red Gorbatov, Yurino, Busa, Byelorussian Red, East Anatolian Red, Simmental, Suksun
H17	132-102-158-362-256	1	Anatolian Black
H18	132-102-158-362-258	6	Danish Red in Latvia, Lithuanian Red
H19	132-102-158-366-252	4	Eastern Red Polled, <u>Fjall cattle, Swedish Red Polled</u>
H20	132-104-158-360-256	1	South Anatolian Red
H21	132-104-158-360-258	1	Ukrainian Grey
H22	132-104-158-362-254	8	Eastern Finncattle
H23	132-104-158-362-256	38	Jersey, Podolian, Ala-Tau, Anatolian Black, East Anatolian Red, Yakutian
H24	132-106-158-360-256	4	Damascus, South Anatolian Red, Turkish Grey
H25	132-106-158-362-256	5	Anatolian Black, Damascus, East Anatolian Red, South Anatolian Red, Turkish Grey
H26	132-106-158-362-258	1	Turkish Grey

<sup>1</sup> Haplotyperna H1-H5 är specifika för zebu medans H6-H26 är taurin specifika. De raser som är understrukna är svenska raser (Kantanen et al., 2009).

Haplotyper av mtDNA från Zebu delades i studien in i två haplogrupper, I1 och I2 medan taurin mtDNA haplotyper grupperades i fyra grupper T, T2, T3 och T4. Frekvensen av dessa haplotyper studerades sedan i flera raser. Av resultatet kunde man se att haplotypen T2 var den vanligaste och man kunde även se att områdena runt Ukraina och central Asien är områden där korsningar mellan zebu och taurin boskap skett (Kantanen et al., 2009).

Då aveln idag är centrerad till endast ett fåtal hanar (tjurar) har detta lett till minskad variation av haplotyper på Y-kromosomen. Resultatet av studien visar därför att raser som visar sällsynta haplotyper på Y-kromosomen bör beaktas för vidare bevarandearbete (Kantanen et al., 2009).

I en tidigare studie av Kantanen et al. (1999) kunde man se att det inte bara var enstaka populationer som var hotade utan hela rasgrupper kunde vara i fara. Man kom också fram till att flera nordeuropeiska raser minskat i variation inom populationen de senaste 20-40 åren. Den minskade genetiska variationen inom populationen beror på minskning i den effektiva populationsstorleken (Kantanen et al., 1999).

### ***Bidrag till totala mångfalden***

Tapio et al. (2006) har vidare studerat släktskapet mellan nötkreatursraser. I studien använde de sig av två olika metoder, (Weitzman, 1992; Eding et al., 2002). Dessa metoder användes för att kalkylera hur mycket en enskild ras bidrar till den totala genetiska variationen. På detta sätt kan man se hur viktig en ras är för att bevara och bibehålla den genetiska mångfalden.

Varje ras bidrag till den totala mångfalden enligt Weitzmans metod kan ses i tabell 3. Varje ras bidrag varierade från 1,7% för Swedish Friesian till 4,8% för Väne ko (Tapio et al., 2006). Delar man in raserna i kommersiella, importerade och inhemska raser bidrog de kommersiella raserna med 18,3% av den totala genetiska variationen. De importerade raserna bidrog med 8,5% och de inhemska raserna till hela 70,2% av den totala genetiska variationen (Tapio et al., 2006).

### ***Weitzmans metod***

Weitzman (1992) har utvecklat ett teoretiskt sätt att dela in raser efter deras bidrag till den genetiska mångfalden. Weitzman skapade ett mångfaldsträd med hjälp av genetiska släktskap mellan raser där varje ras rangordnas genom att utesluta varje population från det ursprungliga trädet. Weitzmans metod har används på Europeiska nötkreatursraser (Canon et al., 2001), Europeiska svinraser (Laval et al., 2000) och på asiatiska getraser (Barker et al., 2001). Weitzmans metod har nyligen utvecklats ytterligare så att man kan räkna ut sannolikheten för att en ras kommer att utrotas. Denna utvecklade metod användes nyligen på en rad afrikanska nötkreatursraser (Reist-Marti et al., 2003; Simianer et al., 2003). Nackdelen med Weitzmans metod och liknande metoder är att de inte tar hänsyn till variation inom rasen vilken bland annat är viktig att ta hänsyn till när man sätter upp avelsmål för rasen (Eding och Meuwissen, 2001; Caballero och Toro, 2002).

**Tabell 3.** De 35 raser som ingick i studien av Tapio et al. (2006) sorterade efter bidrag i % till totala genetiska variationen enligt Weitzmans metod.

<b>Bredd</b>	<b>Safe Breed</b>	<b>Contrib%</b>	<b>Div</b>	<b>Gain%</b>
Full set <sup>b</sup>			10.603	
Safe Set <sup>c</sup>			2.956	
Safe +1 set <sup>d</sup>				
Väne Cattle	no	4.8	3.446	16.58
Bohus Poll	no	4.5	3.45	16.71
Danish Jersey	yes	4.5		
Eastern Red Polled	no	4.1	3.379	14.31
Red Danish 1970	no	4.1	3.396	14.88
Ringamala Cattle	no	4.1	3.419	15.66
Icelandic Cattle	yes	3.8		
Doela Cattle	no	3.6	3.341	13.02
Danish Black-Pied 1965	no	3.3	3.331	12.69
Telemark Cattle	no	3.3	3.342	13.06
Western Red Polled	no	3.3	3.3	11.64
Fjällnära Cattle	no	3.1	3.288	11.23
Finnish Ayrshire	yes	2.9		
Swedish Red Polled	no	2.9	3.29	11.3
Latvian Blue	no	2.8	3.256	10.15
Western Fjord Cattle	no	2.7	3.286	11.16
Eastern Finncattle	no	2.5	3.262	10.35
Jutland breed	no	2.4	3.244	9.74
Estonian Native	no	2.3	3.292	11.37
Latvian Brown	yes	2.3		
Northern Finncattle	no	2.3	3.293	11.4
Sided Trönder and Nordland Cattle	no	2.3	3.262	10.35
Polish Black-and-White	yes	2.2		
Swedish Mountain Cattle	no	2.2	3.306	11.84
Norweigan Red	yes	2.1		
Western Finncattle	no	2	3.294	11.43
Estonian Red	no	1.9	3.159	6.87
Finnish Holstein-Friesian	yes	1.9		
Lithuanian Light Grey	no	1.9	3.15	6.56
Lithuanian Red	yes	1.9		
Lithuanian White Backed	no	1.9	3.143	6.33
Lithuanian Black-and-White	yes	1.8		
Red Danish in Latvia	no	1.8	3.138	6.16
Swedish Red-and-White	yes	1.8		
Swedish Friesian	yes	1.7		

<sup>a</sup> Förkortningar: Safe breed, raser som är markerade med "yes" går under kategorin "inte i fara".

Contib%, rasens bidrag i procent till den totala mångfalden enligt weitzmans metod. Div, uppskattad genetisk mångfald. Gain%, den vinst i % som fås genom att rasen bibehålls och inte utrotas

<sup>b</sup> Alla 35 nötkreatursraserna.

<sup>c</sup> 11 raser är "inte i fara".

<sup>d</sup> En säker ras (inte i fara) + en annan ras.

## Diskussion

När det gäller bevarande av lantraserna är det främst lantrasernas unika egenskaper man vill bevara. Enligt Matzon (2002) får därför ingen selektion vad gäller produktionsegenskaper ske. Här råder dock delade meningar. Vill man använda lantraserna till att införa önskvärda egenskaper såsom sjukdomsresistens på dagens kommersiella raser krävs en utveckling av produktionsegenskaper hos lantraserna. Allmänt för de flesta raser är att de har lätta födslar och bra modersegenskaper och då måste man även selektera för detta (Hallander, 1989). Djur som inte uppfyller dessa egenskaper bör således selekteras bort. Ofta är det små populationer det handlar om och här uppstår ett problem. Ska man selektera bort djur som inte uppfyller kraven och använda ett mindre antal djur i avel med risk för högre inavelsgrad eller ska man låta djur som har icke önskvärda egenskaper fortsätta gå i avel för att bibehålla en stor population som möjligt och därigenom minska risken för inavel eller att rasen utrotas? Ett annat problem för lantraserna är att många ofta har invändningar mot dem. Det vanligaste argumentet mot lantraserna är att de producerar för lite (Hallander 1989). Här är det viktigt att komma ihåg att vid husdjursförädling och bevarandavel arbetar man mot olika mål. Vid förädling förändrar man medvetet en eller flera egenskaper i den genetiska sammansättningen. Målet med bevarandavel är att bibehålla en så hög genetisk variation som möjligt samt hålla lantraserna så oförädlade som man kan (Allmøgekon, 2008). Ett problem för bevarandet av linderödsgrisen och flera andra lantraser är att djurantalet behöver öka. För att detta skall vara möjligt behövs fler djurägare. Fler djurägare behövs alltid och det är viktigt att de djurägare som finns får det stöd som behövs, vare sig det gäller ekonomiskt stöd eller rådgivning. Viktigt att komma ihåg är att bevarandet av lantraserna sker mycket på ideell basis.

När man skattar populationsgenetiska parametrar får man sig en bild av hur stor eller liten den genetiska variationen är inom en population samt hur den genetiska variationen förändras över tid. Viktigt att komma ihåg är att parametrerna är skattade och oftast utgår man från ett 0-läge där alla djur antas vara obesläktade med varandra. Utifrån resultatet kan man sedan designa avelsprogram. Nackdelen med att skatta parametrar är att en skattning av variationen inte är den verkliga genetiska variationen. Detta gör att den verkliga inavelsökningen kan vara högre än vad som beräknats.

Med molekylärgenetiska metoder kan man studera en individs arvs massa i detalj på molekylär nivå. Inom den delen av molekylärgenetiken där man använder sig av mikrosatelliter är man främst intresserad av att studera släktskap mellan arter och populationer samt att studera funktionen hos specifika gener. Inom molekylärgenetiken är studier av mikrosatelliter en vanlig metod. Detta beror dels på att metoden är relativt billig samt att metoden är snabb. Det behövs endast ett litet vävnadsprov för att kunna studera individens DNA och djuret behöver således inte avlivas för provtagning.

Enkelt förklarar man säga att med hjälp av populationsgenetiska metoder kan man se om det skett en förändring av den genetiska variationen. Genom att skatta olika parametrar som effektiv populationsstorlek och inavelsökning får man en bild av hur det är ställt med den genetiska variationen inom populationen. Med molekylärgenetiska metoder kan man sedan på DNA nivå se vad denna förändring av den genetiska variationen inneburit för populationen. På DNA nivå kan man se eventuella mutationer eller om det skett en ökning av homozygoti till följd av inavel. Populationsgenetik och molekylärgenetik kompletterar således varandra och hjälper båda till att ge en bild av hur stor den genetiska variationen inom en population är samt effekten av en eventuell förändring av genetisk variation.

## Slutsats

Lantraserna är viktiga att bevara då de bär på egenskaper som i framtiden kan komma att spela en viktig roll. För att bevara lantraserna på bästa sätt behövs hållbara och långsiktiga avelsprogram. Utifrån populationsgenetiska och molekylärgenetiska studier kan man göra en kartläggning av en populations genetiska variation och utifrån resultatet designa avelsprogram samt ge förslag på åtgärder. För många lantraser är en första åtgärd att öka antalet djur i populationen. För att göra detta behövs framförallt fler djurägare.

## Referenser

- Aguilar, A., Roemer, G., Debenham, S., Binns, M., Garcelon, D., Wayne, R.K. 2004. High MHC diversity maintained by balancing selection in an otherwise genetically monomorphic mammal. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 101:3490–3494.
- Alhem, E. 2010. Svenska lantraser riskeras utrotas. *Nationell idag*.  
<http://www.nationellidag.se/visa/default.asp?dokID=1055> (2010-02-04).
- Allmogekon. 2008. [www.allmogekon.se](http://www.allmogekon.se) (2008-03-05).
- Barker, J.S.F., Tan, S.G., Moore, S.S., Mukherjee, T.K., Matheson, J.L., Selvaraj, O.S. 2001. Genetic variation within and relationships among populations of Asian goats (*Capra bircus*). *Journal of Animal Breeding and Genetics* 118:213–233.
- Breeds of livestock. 2008. [www.ansi.okstate.edu/breeds](http://www.ansi.okstate.edu/breeds) (2008-02-04).
- Caballero, A., Toro, M.A. 2002. Analysis of genetic diversity for the management of conserved subdivided populations. *Conservation Genetics* 3:289–299.
- Canon, J., Alexandrino, P., Bessa, I., Carleos, C., Carretero, Y., Dunner, S., Ferran, N., Garcia, D., Jordana, J., Laloë, D., Pereira, A., Sanchez, A., Moazami-Goudarzi, K. 2001. Genetic diversity measures of local European beef cattle breeds for conservation purposes. *Genetics Selection Evolution* 33:311–332.
- Eding, H., Meuwissen, T.H.E. 2001. Marker-based estimates of between and within population kinships for the conservation of genetic diversity. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 118:141–159.
- Eding, H., Crooijmans, R.P.M.A., Groenen, M.A.M., Meuwissen, T.H.E. 2002. Assessing the contribution of breeds to genetic diversity in conservation schemes. *Genetics Selection Evolution* 34:613–633.
- Edwards, C.J., Gaillard, C., Bradley, D.G., Machugh, D.E. 2000. Y-specific microsatellite polymorphism in a range of bovid species. *Anim Genet* 31:127–130.
- Elofsson, C. 2008. Genbanksdjurens härstamning. Legacy 6.0. Föreningen Landtsvinet.
- FAO. 2007a. GLOBAL PLAN OF ACTION FOR ANIMAL GENETIC RESOURCES and the INTERLAKEN DECLARATION. <ftp://ftp.fao.org/docrep/fao/010/a1404e/a1404e00.pdf> (2007-09-07).
- FAO. 2007b. The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture. <ftp://ftp.fao.org/docrep/fao/010/a1250e/a1250e.pdf> (Rom 2007).
- Frankel, O. H. 1974. Genetic conservation: our evolutionary responsibility. *Genetics* 78:53-65.
- Gustafsson, S., Thorén, P. 2002. Sveriges lantraser – kulturarv och genresurs. Uppsala: CBM.
- Hallander, H. 1989. Svenska Lantraser. Veberöd: Bokförlaget Blå Ankan AB.
- Hallander, H. 1998. Lantraser 98. Veberöd: Bokförlaget Blå Ankan AB.

- Hanotte, O., Tawah, C.L., Bradley, D.G., Okomo, M., Verjee, Y., Ochieng, J., Rege J.E.O. 2000. Geographical distribution and frequency of a taurine *Bos taurus* and an indicine *Bos indicus* Y specific allele amongst sub-Saharan African cattle breeds. *Mol Ecol* 9:387–396.
- Hansson, M. 2008. Linderödsgrisen - en inventering av populationsstruktur och produktionsnivå. Sveriges Lantbruksuniversitet, Institutionen för husdjursgenetik. Examensarbete 304.
- Holm, L.E., Forchhammer, M.C., Boomsma, J.J. 1999. Low genetic variation in muskoxen (*Ovibos moschatus*) from western Greenland using microsatellites. *Molecular Ecology*, 8:675–679.
- Kantanen, J., Olsaker, L., Adalsteinsson, S., Sandberg, K., Eythorsdottir, E., Pirhonen, K., Holm, L.E. 1999. Temporal changes in genetic variation of Northern European cattle breeds. *Animal Genetics* 30:16–27.
- Kantanen, J., Edwards, C.J., Bradley, D.G., Viinalass, H., Thessler, S., Ivanova, Z., Kiselyova, T., Cinkulov, M., Popov, R., Stojanovic, S., Ammosov, I., Vilkki, J. 2009. Maternal and paternal genealogy of Eurasian taurine cattle (*Bos taurus*). *Biotechnology and Food Research*, MTT Agrifood Research Finland.
- Lannek, J. 2007. Delmål för husdjursgenetiska resurser för åren 2010 till 2020. Avel och djurhållningsenheten. Underlagsrapport inför den fördjupade utvärderingen av miljö kvalitetsmålsarbetet år 2009. Jordbruksverket.
- Laval, G., Iannuccelli, N., Legault, C., Milan, D., Groenen, M.A., Giuffra, E., Andersson, L., Nissen, P.H., Jørgensen, C.B., Beckmann, P., Geldermann, H., Foulley, J.L., Chevalet, C., Ollivier, L. 2000. Genetic diversity of eleven European pig breeds. *Genetics Selection Evolution* 32:187–203.
- Malm, S., Danell, B. 2004.Handledning i arbetet med RAS. SKK. Uppsala: SLU. Inst. För husdjursgenetik. 2004-09-01, reviderad 2007-01-12.
- Matzon, C. 2002. Lantraser i fara, husdjurens mångfald. Solna: Världsnaturfonden WWF.
- Reist-Marti, S. B., Simianer, H., Gibson, J., Hanotte, O., Rege, J.E.O. 2003. Weitzman's approach and conservation of breed diversity: an application to African cattle breeds. *Conservation Biology* 17:1299–1311.
- Riesenbergh, L.H., Church, S.A., Morjan, C.L. 2003. Integration of populations and differentiation of species. *New Phytologist*, 161:59–69.
- Siekas, A.C. 2006. Populationsstruktur och genetisk analys av exteriöra egenskaper hos svensk ardenner. Sveriges Lantbruksuniversitet, Institutionen för husdjursgenetik. Examensarbete 280.
- Simianer, H., Marti, S.B., Gibson, J., Hanotte, O., Rege, J.E.O. 2003. An approach to the optimal allocation of conservation funds to minimize loss of genetic diversity between livestock breeds. *Ecological Economics* 45:377–392.
- SJV. 2002. Landsrapport om husdjursgenetiska resurser i Sverige. Jönköping: Jordbruksverket. <http://www.sjv.se/download/18.7502f61001ea08a0c7fff36893/Landsrapport.pdf> (2008-02-15).
- SJV. 2007a. Lantraser i genbank. Jönköping: Jordbruksverket. Övriga trycksaker. [http://www2.sjv.se/webdav/files/SJV/trycksaker/Pdf\\_ovrigt/ovr142.pdf](http://www2.sjv.se/webdav/files/SJV/trycksaker/Pdf_ovrigt/ovr142.pdf) (2008-02-04).
- SJV. 2007b. Delmål för husdjursgenetiska resurser åren 2010 till 2020, underlagsrapport inför den fördjupade utvärderingen av miljö kvalitetsmålsarbetet år 2009. Jönköping: Jordbruksverket. <http://www.sjv.se/download/18.b1bed21121e26684180006145/rapport+070511.pdf> (2008-02-04).
- SJV. 2008. Kriterier för vilka raser Sverige har bevarandansvar för. <http://www.jordbruksverket.se/download/18.7a446fa211f3c824a0e8000171730/Kriterier%2Bf%25C3%25B6r%2Bvilka%2BBraser%2BSverige%2Bhar%2Bbevarandansvar%2Bf%25C3%25B6r.pdf> (2008-02-08).
- Strandberg, E. 2007. Uppsala: SLU. Inst. för husdjursgenetik. Avel i små populationer. Handout 2007-11-26.
- Tapio, I., Väriv, S., Bennowitz, J., Maleviciute, J., Fimland, E., Grisliis, Z., Meuwissen, T.H.E., Miceikiene, I., Olsaker, I., Vinalass, H., Vilkki, J., Kantanen, J. 2006. Prioritization for



Conservation of Northern European Cattle Breeds Based on Analysis of Microsatellite Data.  
Conservation Biology Volume 20, No. 6, 1768–1779.

Visscher, P.M., Smith, D., Hall, S.J.G., Williams, J.A. 2001. A viable herd of genetically uniform cattle. *Nature*, 409, 303.

Weitzman, M.L. 1992. On diversity. *The Quarterly Journal of Economics* 107:363–405.

Titelbild. Tupp av rasen Hedemorahöns. Foto: Anna Johansson