Släktskap hos svenska lantrasankor

- en analys av mitokondriellt DNA

Sofia Malmros

Självständigt arbete • 15 hp
Sveriges lantbruksuniversitet, SLU
Institutionen för husdjurens biovetenskaper
Djur och hållbarhet (kandidat)
Uppsala 2025

Släktskap hos svenska lantrasankor - en analys av mitokondriellt DNA

Genetic relationship of Swedish native duck breeds - an analysis of mitochondrial DNA

Sofia Malmros

Handledare:	**Anna Maria Johansson, Sveriges Lantbruksuniversitet, Institutionen för husdjurens biovetenskaper (HBIO)**
Examinator:	Gabriella Lindgren, Sveriges Lantbruksuniversitet, Institutionen för husdjurens biovetenskaper (HBIO)

Omfattning:	15 hp
Nivå och fördjupning:	Grundnivå, G2E
Kurstitel:	Självständigt arbete i husdjursvetenskap, G2E
Kurskod:	EX0865
Program/utbildning:	Djur och hållbarhet (kandidat)
Kursansvarig inst.:	Institutionen för tillämpad husdjursvetenskap och välfärd
Utgivningsort:	Uppsala
Utgivningsår:	2025
Upphovsrätt:	Figurer och tabeller i arbetet är författarens egna om inget annat anges
Nyckelord:	ankor, genetisk variation, släktskap, lantras, Sverige, mitokondrie-DNA

Sveriges lantbruksuniversitet
Fakulteten för veterinärmedicin och husdjursvetenskap
Institutionen för husdjurens biovetenskaper (HBIO)
Avdelningen för genetik, avel, biokemi och bioinformatik (GENBIO)

Sammanfattning

I detta arbete har släktskapet hos svenska lantrasankor undersöks. Kunskapen om släktskapet hos våra svenska lantraser är bristfällig och ingen tidigare forskning har gjorts inom området. I denna studie har en släktskapsanalys baserat på mitokondrie-DNA från prover av Svensk blå anka och Svensk gul anka utförts. Lantraserna är av stor vikt då de bidrar till biodiversitet och genetisk variation samtidigt som de har ett högt kulturellt värde. Raserna är även viktiga för att bibehålla en genetisk variation. Den genetiska variationen beskriver skillnaden i genomet mellan olika individer och är en drivande faktor i evolutionen.

Studien visar att den genetiska variationen hos Svensk blå anka och Svensk gul anka är liten. En jämförelse med den vilda artfränden, gräsanden (*Anas platyrhynchos*), och den kinesiska rasen Pekinganka visar att ingen genetiska variationen finns till de svenska lantraserna då dessa grupperades på samma gren i det fylogenetiska trädet. Det som tidigare nämnts i samband med rasernas fylogenetiska närhet tyder på att de svenska lantraserna är närbesläktade och har ett gemensamt ursprung från den vilda gräsanden.

Nyckelord: ankor, genetisk variation, släktskap, lantras, Sverige, mitokondrie-DNA.

Abstract

In this study the genetic relationship among Swedish native duck breeds has been studied. The knowledge about the genetic relationships of the Swedish native breeds is limited and no previous research has been conducted in the area. In this study, an analysis of genetic relationship based on mitochondrial DNA from samples of the Swedish blue duck and the Swedish yellow duck is provided. Native breeds are of great importance as they contribute to biodiversity and genetic variation while having a high cultural value. The breeds are also important for the preservation of the genetic variation. The genetic variation describes the differences in the genome of individuals and is a foundation for evolution.

This study shows that the genetic variation among the Swedish blue duck and the Swedish yellow duck is low. In comparison with their wild counterpart, the mallard (*Anas platyrhynchos*), and the Chinese breed Pekin duck, the genetic variation is also negligible. The previously mentioned in relation with the close phylogenetic kinship of the breeds suggests that the Swedish native breeds are closely related to each other and share a common origin from the wild mallard.

Keywords: duck, genetic variation, genetic relationship, native breed, Sweden, mitochondrial DNA

Innehållsförteckning

Tabellförteckning **5**

Figurförteckning **6**

Förkortningar **7**

1. Introduktion **8**

2. Bakgrund **9**

2.1 Svenska lantraser 9

2.1.1 Svensk blå anka 9

2.1.2 Svensk gul anka 10

2.1.3 Vikten av lantraserna 10

2.2 Genetisk variation 11

2.3 Mitokondrie-DNA 11

3. Material och metod **12**

3.1 Provtagning 12

3.2 Extrahering och sekvensering av DNA 12

3.3 Sekvensanalys 13

4. Resultat **14**

5. Diskussion **16**

6. Slutsats **18**

Referenser **19**

Populärvetenskaplig sammanfattning **20**

Tabellförteckning

Tabell 1. Sekvens av den haplotyp hos mitokondrie-DNA D-loop som påvisades hos alla prover i studien. Exempel från APL2022001_G. 14

Figurförteckning

Figur 1. Fylogenetiskt träd baserat på sekvenser av mitokondrie-DNA D-loop. I trädet ingår resultat från proverna i studien samt sekvenser av mtDNA från vild gräsand, pekinganka, myskanka och grågås hämtade ur GenBank. 15

Förkortningar

Förkortning	Betydelse
ATP	Adenosintrifosfat
DNA	Deoxiribonukleinsyra
HBIO	Institutionen för husdjurens biovetenskaper
mtDNA	Mitokondrie-DNA
SLU	Sveriges lantbruksuniversitet

1. Introduktion

I Sverige finns det fyra lantraser av tamankor: Svensk blå anka, Svensk gul anka, Blekingeanka och Svensk myskanka. Raserna härstammar från gräsanden (*Anas platyrhynchos*) med undantag från Svenska myskankan som härstammar från den vilda myskanden (*Carina moschata*) (Jansson *et al.* 2021).

Idag finns det bristande kunskap om släktskapet hos svenska lantrasankor då ingen tidigare forskning har gjorts inom ämnet. Den kunskap som finns är från Svenska Lanthönsklubbens hotlista där antalet individer av raserna registreras i syfte att arbeta bevarande samt bevaka den uppskattade effektiva populationsstorleken inom raserna (Svenska Lanthönsklubben 2024). Den effektiva populationsstorleken används för att beräkna den förväntade inavelsgraden i en population och hur mycket genetisk variation som tros förloras med fortsatt fortplantning (Frankham 1995). Däremot finns det ingen vetskap om den faktiska genetiska variationen inom och mellan de fyra lantraserna. Denna kunskap har stor betydelse för framtida utveckling och avelsarbete av raserna.

Syftet med studien är att studera släktskapet hos svenska lantrasankor. Frågeställningarna som undersöks är hur svenska lantrasankor är släkt med varandra, andra raser och vilda änder samt hur mycket genetisk variation det finns inom raserna.

Studien har genomförts genom analys av mitokondrie-DNA från svenska lantrasankor och resultaten diskuteras gentemot relevant litteratur inom området. I studien kommer raserna Svensk blå anka och Svensk gul anka att studeras då det var av dessa raser prover hade samlats in innan arbetets startpunkt.

2. Bakgrund

2.1 Svenska lantraser

Begreppet lantras används oftast som en benämning för en specifik djurpopulation inom ett visst område. Raserna har uppkommit i och med människans hållning under en längre tid och populationen är därför anpassade för det lokala området (Hallander 1989).

Ankor tros ha hållits i Sverige sen medeltiden, men det var först under tidigt 1900-tal som rasstandarden för två av de svenska lantraserna, Svensk blå anka och Svensk gul anka, växte fram (Svenska Lanthönsklubben 2025). Vidare finns det mindre information om Blekingeankans ursprung. Rasen identifierades första gången år 1994 efter att en mindre grupp hittats i Blekinges skärgård. Det är heller inte helt klarlagt när myskankan som sedan kom att bli den Svenska myskankan kom till Sverige. Den tidigaste trovärdiga källan är från Carl von Linné år 1749 som skriver om sin observation av arten i landet (ibid).

Lantrasankor i Sverige hålls främst för sällskap, egenförsörjning av ägg och kött, avel samt av rasbevarande syften (Jansson *et al.* 2021).

2.1.1 Svensk blå anka

Svensk blå anka kännetecknas av sin blåa (gråa), svarta eller pärlgråa färg (Hallander 1989; Svenska Lanthönsklubben 2025). Ankrasen är en av de äldsta svenska lantrasankorna, men exakt varifrån eller från vilken tid rasen härstammar är inte klarlagt. I mitten till slutet av 1800-talet pratades det om en svensk anka med blå färg vilken ansågs vara vanlig i Sverige och det är av stor sannolikhet att denna beskrivning pekar mot den ras som sedan kom att kallas Svensk blå anka (Hallander 1989). Rasen fick sin första rasstandard år 1907 efter att en grupp oförädlade ankor med blå färg samlades ihop på den svenska västkusten i början av 1900-talet (Svenska Lanthönsklubben 2025). Sedan dess har det tillkommit individer med osäkert ursprung samt inkorsning av pekinganka inom rasen.

Svensk blå anka har en genomsnittlig färgfördelning på 50% blå, 25% svart och 25% pärlgrå (Hallander 1989; Svenska Lanthönsklubben 2025). Detta på grund av att den blåa färgen är det heterozygota uttrycket för de svarta och vita anlagen (Hallander 1989). Benen är orangea eller gråa och näbben är mörkare hos ankan (honan) än andriken (hanen). En anka väger runt 2,5-3 kg medan en andrik väger 3-3,5 kg (Svenska Lanthönsklubben 2025).

2.1.2 Svensk gul anka

Svensk gul anka härstammar från Svensk blå anka och rasen togs fram i början av 1900-talet (Hallander 1989; Svenska Lanthönsklubben 2025). I litteraturen nämns ankor med en gul färgvariant för första gången år 1871 (Hallander 1989). Troligtvis är rasens ursprung ett fåtal gula ankor som korsades med blå ankor (Svenska Lanthönsklubben 2025). Förmodligen korsades även den brittiska rasen Khaki Campbell in för att bibehålla den karakteristiska gula färgen. På 1920-talet standardiserades rasen för första gången och rasen fick en rasstandard (Hallander 1989; Svenska Lanthönsklubben 2025). Rasen kom sedan till att bli nästan utdöd på 1970-talet då endast en besättning kvarstod. Efter uppmärksammandet av den utdöende lantrasen har intresset till viss del återfunnits och år 2022 fanns det 38 besättningar med rasen listade på Svenska Lanthönsklubbens hotlista (2024).

Svensk gul anka kännetecknas av sin gula färg av varierande nyans där ankorna är samma färg över hela kroppen medan ankrikarnas huvud och hals är mer gråbrunt (Hallander 1989; Svenska Lanthönsklubben 2025). Benen är orangea medan näbben är brunblå hos ankorna och mer gulaktig hos ankrikarna. Ankorna väger runt 2,5-3 kg och ankrikarna 3-3,5 kg. Svensk gul anka värper i genomsnitt fler ägg än den Svenska blåa ankan (Svenska Lanthönsklubben 2025).

2.1.3 Vikten av lantraserna

Lantraser bidrar med biodiversitet och genetisk variation samtidigt som de ofta har ett högt kulturellt värde (Simm *et al.* 2021). Lantrasernas anpassning till lokala områden har gjort dem härdiga och de har många gånger en hög resistens mot sjukdomar och parasiter (Hallander 1989; Simm *et al.* 2021). Lantrasernas roll i dessa aspekter är viktigt att ta hänsyn till då de kan ha en betydelse i framtida utmaningar som klimatförändringar och livsmedelssäkerhet (Simm *et al*. 2021). Det är faktorer som kan ha stor påverkan på både den ekonomiska och sociala hållbarheten genom att bidra till en stabil livsmedelsproduktion och en levande landsbygd även under framtida förändringar i samhället och klimatet.

Bevarandet av raser är en viktig del i att bibehålla unika egenskaper och karaktärsdrag (Henson 1992; Simm *et al.* 2021). Den genetiska variationen vilket ett stort antal raser ger är en förutsättning för att förbättra och utveckla husdjur inom jordbruket (Henson 1992). Kunskapen om lantrasers genetiska variation och släktskap har därför en betydande roll i arbetet med bevarandet av raserna och den biodiversitet de bidrar med.

2.2 Genetisk variation

Genetisk variation är skillnader i genomet mellan olika individer och uppkommer genom mutationer. En mutation är en förändring i ordningen av nukleotider i en DNA-sekvens som sedan nedärvs till nästa generation (Pierce 2020). Mutationer är slumpmässiga och en naturlig del i att skapa genetisk variation inom en population. Denna variation påverkar populationens möjligheter att anpassa sig till förändringar i miljön genom skillnader i egenskaper hos olika individer. Genetisk variation driver därför evolutionen inom en population genom utbyte och rekombination av sekvenser i förmån till de gener som gör individen bäst anpassad till miljön (ibid).

En faktor som påverkar den genetiska variationen är selektionen av gener i och med evolutionen. Det är en bidragande faktor till minskad genetisk variation då vissa gener anses som mer förmånliga än andra (Pierce 2020). Genetiska flaskhalsar är även det en faktor som ger en minskad genetisk variation. En genetisk flaskhals är när en population minskar drastiskt i storlek vilket leder till att den genetiska variationen begränsas till de gener som de kvarvarande individerna har (Pierce 2020).

2.3 Mitokondrie-DNA

Mitokondrier är organeller som återfinns i eukaryotiska cellers cytoplasma och de är en central del i cellens energiförsörjning genom bildandet av ATP. Mitokondrierna innehåller DNA och till skillnad från cellkärnans DNA ärvs mitokondrie-DNA (mtDNA) ner från moder till avkomma via äggcellen (Pierce 2020; Simm *et al.* 2021). Det innebär att mtDNA endast ärvs på modersidan vilket betyder att det inte förekommer någon rekombination samtidigt som det gör det möjligt att följa släktskapet i familjegrupper (Simm *et al.* 2021).

MtDNA evolverar snabbare än nukleärt DNA och denna högre benägenhet till mutation ger en större chans för genetisk variation i DNA-sekvenserna (Pierce 2020). Det i samband med den maternella nedärvningen och den mindre storleken hos mtDNA gör det fördelaktigt att använda inom studier på evolution och släktskap (ibid).

3. Material och metod

3.1 Provtagning

Proverna samlades in av ansvarig handledare innan arbetets start genom att besättningar frivilligt skickade in fjädrar via post efter att de fått frågan om deltagande i studien. Prover skickades in från fem besättningar därav fyra av dessa var besättningar av Svensk blå anka och en besättning av Svensk gul anka. Totalt samlades 19 prover av Svensk blå anka och 5 prover av Svensk gul anka in.

Vid provtagningen dokumenterades individens ras, färgsättning och besättning. Därefter tilldelades proverna ID-koder med en förkortning på det latinska namnet samt år och nummer för provtagningen. Ingen personlig information har behandlats i arbetet och besättningarna har varit anonyma.

3.2 Extrahering och sekvensering av DNA

Fjäderproverna klipptes för hand i den basala delen av spolen för att extrahera DNA. En primer för mtDNA D-loop utformad för höns (*Gallus gallus*) användes för att amplifiera DNA då primern fanns att tillgå och hade testats på ankor innan studien utfördes. Primern har tidigare använts i en studie av Gongora *et al.* (2008).

Proverna innehöll 4 µl DNA med en koncentration på 0.4 ng/µl i PCR. I proverna pipetterades 0.8 µl primer F, 0.8 µl primer R, 5.0 µl BigDye® Direct PCR Master Mix och 2.5 µl avjoniserat vatten. Varje reaktion hade en total volym på 10 µl. PCR utfördes enligt ett program på 96˚C i 5 minuter, 35 cykler av 94˚C i 30 sekunder, 60˚C i 42 sekunder och 68˚C i 45 sekunder och avslutades med 72˚C i 2 minuter.

Inför sekvenseringen innehöll reaktionerna minimum 20 ng DNA och det tillfördes en blandning av 2.0 µl BigDye® Direct PCR Master Mix och 1 µl primer F eller primer R. Sekvenseringen kördes enligt ett program på 37˚C i 15 minuter, 80˚C i 2 minuter, 96˚C i 1 minut, 25 cykler på 96˚C i 10 sekunder, 50˚C i 5 sekunder, 60˚C i 75 sekunder. Brunnsplattan centrifugerades 100 x g 1 minut. En blandning av 45 µl SAM™ Solution och 10 µl Xterminator® tillfördes i varje brunn och därefter sattes plattan i en vortex mixer i 12 minuter. Proverna placerades i Applied Biosystems® 3500xL Dx Genetic Analyzer (Life Technologies) där kapillärelektrofores i sekvenseringen utfördes.

Studien utfördes vid Husdjursgenetiska laboratoriet på institutionen för husdjurens biovetenskaper (HBIO) på Sveriges lantbruksuniversitet (SLU).

3.3 Sekvensanalys

Analys och jämförelse av sekvenserna från mtDNA utfördes manuellt och i programmet UGENE. Ett fylogenetiskt träd skapades utifrån sekvenserna av mtDNA i det nätbaserade programmet Phylogeny.fr av Dereeper *et al.* (2008) där individer med samma sekvens grupperades (se Figur 1). Från GenBank hämtades sekvenser av mtDNA D-loop av vild gräsand (GenBank id AY112938.1), myskanka (Genbank id AY112952.1) och grågås (*Anser anser,* Genbank id AY112966.1) från en studie utförd av Donne-Goussé *et al.* (2002). Även en sekvens av rasen Pekinganka från en studie av Ramirez *et al.* (1993) hämtades från GenBank (GenBank id L22477.1:273-831). Vild gräsand och Pekinganka valdes ut för att jämföra de svenska lantrasankorna med den vilda artfränden och en kommersiell ankras. Myskanka valdes för jämförelse med en närbesläktad art och grågås användes som en utgrupp.

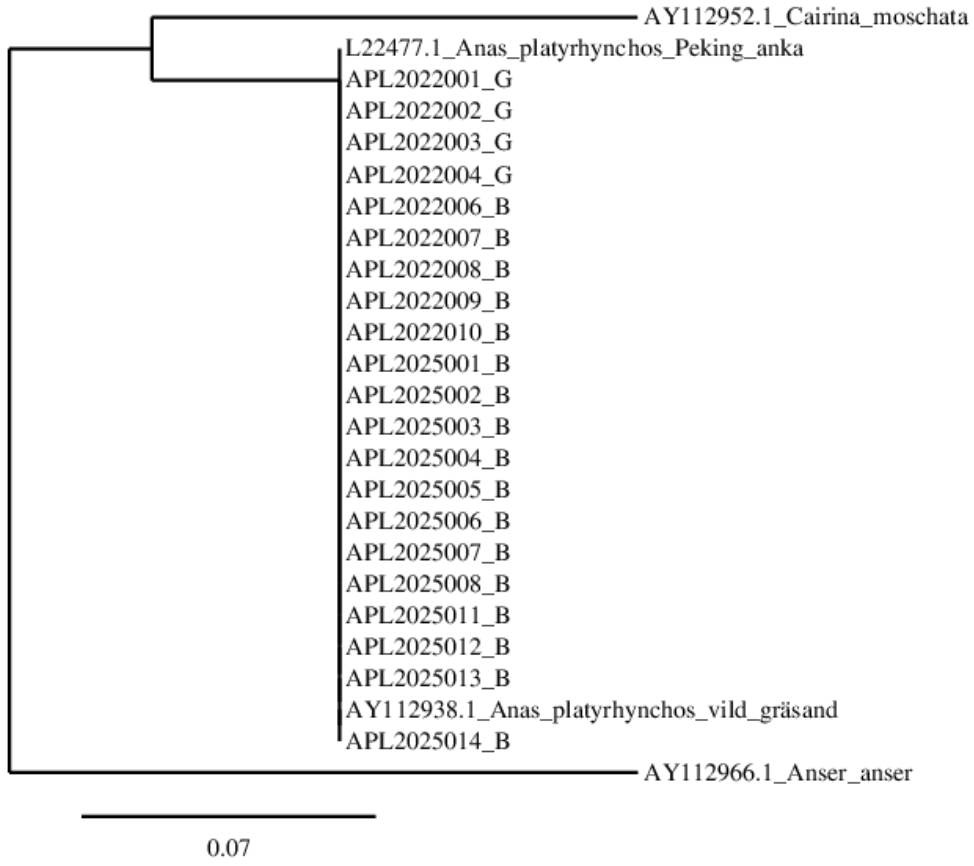
4. Resultat

Av de sekvenserade proverna var det 21 prover som gav tillräckligt goda resultat för att analyseras. Av de 3 prover där sekvenseringen inte var lyckad var det ett prov från Svensk gul anka och två prover från Svensk blå anka.

De studerade sekvenserna utgjorde 563 baser och ingen variation påvisades mellan individerna (Tabell 1). Den haplotyp som påvisats i denna studie visade sig vara identiskt med prov från vild gräsand (GenBank id AY112938.1) och Pekinganka (GenBank id L22477.1) från studier utförda av Donne-Goussé *et al.* (2002) respektive Ramirez *et al.* (1993). Detta går att observera i det fylogenetiska trädet där proverna från Svensk gul anka, Svensk blå anka, vild gräsand och Pekinganka hamnade på samma gren (se Figur 1).

Tabell 1. Sekvens av den haplotyp hos mitokondrie-DNA D-loop som påvisades hos alla prover i studien. Exempel från APL2022001_G.

APL2022001_G						
1	TACGGCTTGA	AAAGCCGTTA	TTGTTATTTT	CAACTACAAG	AACAGCTAGA	ATAGCCTAAT
61	AATGCTCTCA	GGACCCCCCC	CCCTTCCCCC	CCCAGGGGTT	GCGGGGTTAT	TTGGTTATGC
121	ATATCGTGCA	TACATTTATA	TTCCCCATAT	ATTAACCTAT	GGTCCCGGTA	ATAAACACTA
181	TTAACCAACT	ATCCTACATG	CACGGACTAA	ACCCATCACA	TGTCAACGGA	CATACCCTAC
241	CTATCGGACT	ACCCTCCCAA	CGGACCCAGA	GTGAATGCTC	TAATACCCAA	CACCTCAACA
301	CCACATAACA	TGCCCCCAAC	CAGAACAAGG	CCCCATAATG	ATGAATGCTT	GACAGACATA
361	CCCTACCAAC	ACTCCAAATT	CCTCTCCACC	CACCCATTAC	TCATGAAGC	TGCGTACCAG
421	ATGGATTTAT	TAATCGTACA	CCTCACGTGA	AATCAGCAAT	CCTTGCACAT	AATGTCCGAC
481	GTGACTAGCT	TCAGGCCCAT	ACGTTCCCCC	TAAACCCCTC	GCCCTCCTCA	CATTTTTGCG
541	CCTCTGGTTC	CTCGGTCAGG				



Figur 1. Fylogenetiskt träd baserat på sekvenser av mitokondrie-DNA D-loop. I trädet ingår resultat från proverna i studien samt sekvenser av mtDNA från vild gräsand, pekinganka, myskanka och grågås hämtade ur GenBank.

5. Diskussion

Utifrån resultatet från studien går det att dra slutsatsen att den genetiska variationen mellan proverna från svenska lantrasankor är liten eller helt obefintlig. Den haplotyp som konstaterats hos proverna visade sig vara identisk i jämförelse med samma sekvens mtDNA från rasen pekinganka vilket tyder på att alla tre raser har samma ursprung. Denna haplotyp visade sig också vara densamma som hos den vilda gräsanden vilket stärker att den domesticerade ankan härstammar från denna art.

Anledningen till varför det inte påvisades någon genetisk variation hos lantrasankorna är inte klarlagt. Det är tidigare studerat att den genetiska variationen i mtDNA hos vissa ordningar av fåglar är mindre i jämförelse med andra ryggradsdjur (Kessler & Avise 1985; Ramirez *et al.* 1993). I en studie av He *et al.* (2008) beskrivs ett liknande resultat hos kinesiska ankor med en liten genetisk variation i mtDNA. I studien nämnd föregående undersöktes genetisk variation och fylogenetiskt släktskap mellan olika raser av tamankor och vilda gräsänder med ett relativt homogent resultat. Forskarna i studien drog slutsatsen att den matrilinjära härstamningen hos kinesiska ankor är närbesläktad (He *et al.* 2008).

Det finns två huvudsakliga teorier om varför den genetiska variationen hos ankor är liten. Den första teorin är att arten skiljdes åt evolutionärt senare än tidigare trott. Den andra teorin är att den evolutionära hastigheten hos protein hos fåglar är långsammare än hos andra ryggradsdjur. Ramirez *et al.* (1993) diskuterar dessa teorier i sin studie. Forskarna såg att skillnaderna i mitokondriellt DNA mellan olika fågelarter var mindre än väntat. Om andfåglar och hönsfåglar skildes åt för så länge sedan som tidigare trott, betyder det att deras mtDNA evolverar långsammare än hos däggdjur. I en studie av Kessler och Avise (1985) hittades också en mindre genetisk divergens i mtDNA hos fåglar jämfört med andra ryggradsdjur. I studien diskuteras de två teorierna och slutsatsen dras att den mest sannolika förklaringen till varför en oväntat liten genetisk variation kunde studeras hos andfåglarna är att båda de två teorierna som nämns ovan ligger till grund.

Ytterligare en förklaring till varför den genetiska variationen hos de svenska lantraserna verkar vara liten eller helt obefintlig är rasernas mindre populationsstorlek. Att raserna varit få till antalet individer kan ha lett till genetiska flaskhalsar, som sedan i sin tur kan ha begränsat den genetiska variationen. Exempelvis så fanns det endast en besättning kvar av Svensk gul anka på 1970-talet vilket kan ha varit en genetisk flaskhals för rasen. Det har sedan dess avlats vidare på rasen utifrån denna besättning och det kan förklara varför endast en haplotyp påvisades hos Svensk gul anka i studien. Det är däremot endast en teori och förklarar inte varför även Svensk blå anka har samma haplotyp

i sitt mitokondriella DNA. Det behövs ytterligare studier för att kunna avgöra om minskningen av antalet individer hos Svensk gul anka på 1970-talet har haft en påverkan på den genetiska variationen inom rasen.

Vad för betydelse det har att ingen genetisk variation identifierats hos svenska lantrasankor är svårt att fastslå. Eftersom materialet i studien är begränsat till ett fåtal individer inom två raser, i samband med att endast en kortare del av mtDNA har studerats, bör resultaten tolkas med försiktighet. Variation kan setts förbi då det var ett begränsat antal individer som ingick studien i samband med att det fullständiga mtDNA inte studerades.

En fördel med metoden var att två olika svenska lantraser studerades vilket gjorde att en jämförelse mellan raserna kunde utföras. Då ingen variation påvisades mellan raserna kan det tyda på att de är närbesläktade och har samma maternella anfader, men ingen slutsats kan med säkerhet dras om släktskapet mellan Svensk blå anka och Svensk gul anka utifrån resultatet då materialet i studien är för begränsat.

Det har varit en utmaning att hitta relevant forskning att diskutera inom studien eftersom näst intill ingen tidigare forskning på svenska lantrasankor har bedrivits. Det har medfört att stora delar av informationen om de svenska lantrasankorna endast har funnits och kunnat hämtats från Svenska Lanshönsklubbens hemsida (2024; 2025) och böcker. Litteraturen visar att en stor del av forskningen om släktskapet hos tamankor har bedrivits i Kina och Sydostasien, därav har resultatet från den här studien jämförts med resultat från dessa länder. Till skillnad från forskning inriktat enbart på tamankor finns det fler studier som har undersökt fåglars evolutionära släktskap. Det har därför med större lätthet hittas information om detta till studiens diskussion.

Bevarandet av lantraserna har en viktig roll i en säkrad livsmedelsproduktion med framtida klimatutmaningar och samhällsförändringar tack vara sin anpassning till det lokala området och höga resistens mot parasiter och sjukdomar. Det kulturella arvet raserna har är också en viktig etisk aspekt som visar vikten av det bevarande arbetet hos raserna. För att kunna säkerställa att en genetisk variation bibehålls i raserna behövs därför mer forskning inom området. Informationen från studier som klarlägger den genetiska variationen hos svenska lantrasankor skulle kunna användas för att dra mer välgrundade slutsatser om släktskapet hos de svenska raserna. Denna information skulle kunna användas i jämförelse med utländska raser och andra artfränder samt utgöra grund till framtida avelsarbete och bevarande av de svenska lantraserna.

6. Slutsats

Slutsatsen från studien är att ingen genetisk variation påvisades inom och mellan de svenska lantrasankorna vilket tyder på att raserna Svensk blå anka och Svensk gul anka troligtvis är nära besläktade och har samma ursprung. Resultaten var jämförbara med sekvenser från pekinganka samt vild gräsand och de låg fylogenetiskt nära vilket tyder på att det kan finnas närliggande släktskap till de svenska lantraserna.

Referenser

Dereeper. A., Guignon. V., Blanc, G., Audic, S., Buffet, S., Chevenet, F., Dufayard, J.F., Guindon, S., Lefort, V., Lescot, M., Claverie, J.M. & Gascuel, O. (2008). Phylogeny.fr: robust phylogenetic analysis for the non-specialist. *Nucleic Acids Research*. 1(2), 465–469. https://doi.org/10.1093/nar/gkn180

Donne-Goussé, C., Laudet, V. & Hänni, C. (2002). A molecular phylogeny of anseriformes based on mitochondrial DNA analysis. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 23 (3), 339–356. https://doi.org/10.1016/S1055-7903(02)00019-2

Frankham, R. (1995). Effective population size/adult population size ratios in wildlife: a review. *Genetical Research.* 66(2), 95–107. https://doi.org/10.1017/S0016672300034455

Gongora, J., Rawlence, N.J., Mobegi, V.A., Jianlin, H., Alcalde, J.A., Matus, J.T., Hanotte, O., Moran, C., Austin. J.J., Ulm, S., Anderson, A.J., Larson, G. & Cooper, A. (2008). Indo-European and Asian origins for Chilean and Pacific chickens revealed by mtDNA. *PNAS.* 105(30), 10308–10313. https://doi.org/10.1073/pnas.0801991105

Hallander, H. (1989). *Svenska lantraser.* Dejavu.

He, D.Q., Zhu, Q., Chen, S.Y., Wang, H.Y., Liu, Y.P. & Yao, Y.G. (2008). A homogenous nature of native Chinese duck matrilineal pool. *BMC Evolutionary Biology.* 8(298). https://doi.org/10.1186/1471-2148-8-298

Henson, E.L. (1992). *In situ conservation of livestock and poultry*. Food and Agriculture Organisation of the United Nations. https://www.fao.org/4/t0559e/T0559E00.htm#TOC

Jansson, D.S., Otman, F., Bagge, E., Lindgren, Y., Etterlin, P.E. & Eriksson, H. (2021). Retrospective analysis of post-mortem findings in domestic ducks and geese from non-commercial flocks in Sweden, 2011–2020. *Acta Veterinaria Scandinavica*. 63(1), 47. https://doi.org/10.1186/s13028-021-00614-x

Kessler, L.K. & J Avise, J.C. (1985). A comparative description of mitochondrial DNA differentiation in selected avian and other vertebrate genera. *Molecular Biology and Evolution*. 2(2), 109-125. https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a040339

Pierce, B.A. (2020). *Genetics: A Conceptual Approach.* 7 uppl., W.H. Freeman.

Ramirez, V., Savoie, P. & Morais, R. (1993). Molecular characterization and evolution of a duck mitochondrial genome. *Journal of Molecular Evolution.* 37, 296–310. https://doi.org/10.1007/BF00175506

Simm, G., Pollott, G., Mrode, R. Houston, R. & Marshall, K. (2021). *Genetic improvement of farmed animals*. CABI Publishing.

Svenska Lanthönsklubben (2024). *Hotlista höns, ankor och gäss*. https://www.kackel.se/rodlista/ [2025-04-08]

Svenska Lanthönsklubben (2025). *Ankor.* https://www.kackel.se/ankor/ [2025-04-08]

Populärvetenskaplig sammanfattning

I detta arbete har den genetiska variationen mellan svenska lantrasankor undersöks. Kunskapen om släktskapet hos våra svenska lantraser är väldigt liten och ingen tidigare forskning har gjorts inom området. För att få reda på mer om lantrasernas ursprung har det i denna studie gjorts en släktskapsanalys utifrån mitokondrie-DNA (mtDNA) från prover av Svensk blå anka och Svenska gul anka. Dessa två raser är svenska lantraser vilket innebär att de ursprungligen kommer från Sverige och har utvecklats till raser genom att människan har hållit enskilda grupper av individer under en längre tid. Lantraserna är av stor vikt då de bidrar till biodiversitet och genetisk variation samtidigt som de har ett högt kulturellt värde. Den genetiska variationen beskriver skillnaden i arvsmassan (DNA) vilket är en drivande faktor i evolutionen och ger grund för olika egenskaper hos individer.

I arbetet har mtDNA studerats. MtDNA finns i mitokondrien vilket är en organell som återfinns i eukaryota celler. Eukaryota celler är de celler som finns hos djur, växter och svampar. Mitokondrien har till uppgift att tillgodose cellen med energi och brukar kallas cellens kraftverk. Då mtDNA finns i mitokondrien och inte i cellkärnan som resterande av cellens DNA ärvs mtDNA endast ner från modern. Det till skillnad från “vanligt” DNA som nedärvs från båda föräldrarna. Det gör att det är möjligt att se släktskap endast på modersidan genom att undersöka mtDNA och det blir enklare att se familjegrupper samt deras släktskap. MtDNA evolverar även snabbare än vanligt DNA. Det innebär att det sker fler mutationer som orsakar förändringar i mtDNA på en kortare tid än i vanligt DNA. Det gör att det blir enklare att se släktskap och evolution under en kortare tidsperiod jämfört med om cellkärnans DNA hade studerats.

Resultatet från studien visar att den genetiska variationen hos Svensk blå anka och Svensk gul anka är liten. I studien upptäcktes ingen skillnad i mtDNA mellan proverna vilket tyder på att raserna är nära släkt. I jämförelse med den vilda artfränden, gräsanden, och den kinesiska rasen Pekinganka är även här den genetiska variationen obetydlig och de hamnade på samma gren i det fylogenetiska släktträdet (se Figur 1). Att ingen genetisk variation mellan pekinganka och de svenska lantraserna hittades tyder på att de har ett nära släktskap. Resultaten visar också att alla tre raser med stor sannolikhet har ett gemensamt ursprung från den vilda gräsanden.

Publicering och arkivering

Godkända självständiga arbeten (examensarbeten) vid SLU kan publiceras elektroniskt. Som student äger du upphovsrätten till ditt arbete och behöver i sådana fall godkänna publiceringen. I samband med att du godkänner publicering kommer SLU även att behandla dina personuppgifter (namn) för att göra arbetet sökbart på internet. Du kan närsomhelst återkalla ditt godkännande genom att kontakta biblioteket.

Även om du väljer att inte publicera arbetet eller återkallar ditt godkännande så kommer det arkiveras digitalt enligt arkivlagstiftningen.

Du hittar länkar till SLU:s publiceringsavtal och SLU:s behandling av personuppgifter och dina rättigheter på den här sidan:

- https://libanswers.slu.se/sv/faq/228316

☒ JA, jag, Sofia Malmros har läst och godkänner avtalet för publicering samt den personuppgiftsbehandling som sker i samband med detta

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