



Genetisk diversitet hos linderödssvin

Johansson, Fredrik

Självständigt arbete • 30 hp
Sveriges lantbruksuniversitet, SLU
Fakulteten för veterinärmedicin och husdjursvetenskap
Veterinärprogrammet
Uppsala 2025



Genetisk diversitet hos linderödssvin

Genetic diversity in the Linderöd pig

Johansson, Fredrik

Handledare:	Anna Johansson, Sveriges lantbruksuniversitet, Institutionen för husdjurens biovetenskaper
Examinator:	Martin Johansson, Sveriges lantbruksuniversitet, Institutionen för husdjurens biovetenskaper
Omfattning:	30 hp
Nivå och fördjupning:	Avancerad nivå, A2E
Kurstitel:	Självständigt arbete i veterinärmedicin
hKurskod:	EX1003
Program/utbildning:	Veterinärprogrammet
Kursansvarig inst.:	Institutionen för kliniska vetenskaper
Utgivningsort:	Uppsala
Utgivningsår:	2025
Omslagsbild:	Årsta 4H-gård. (2024) <i>Linderödsgris</i> . [Fotografi]. Används med upphovspersonens tillstånd [2024-10-23]
Upphovsrätt:	Alla bilder används med upphovspersonens tillstånd.
Nyckelord:	linderödssvin, mitokondriellt DNA, genetisk diversitet

Sveriges lantbruksuniversitet

Fakulteten för veterinärmedicin och husdjursvetenskap

Veterinärprogrammet

Sammanfattning

Detta arbete undersöker den genetiska diversiteten hos linderödssvinet, Sveriges enda kvarvarande oförädlade grisras. Genom att analysera ett lokus av det mitokondriella DNA:t (mtDNA) från 18 prover från linderödsgrisar, har studien identifierat en haplotyp som var gemensam hos alla provtagna grisar. Detta innebär att den undersökta regionen av mitokondriekromosomen har låg genetisk diversitet hos linderödsgrisen. Vilket kan bero på den begränsade grundpopulation som dagens linderödsgrisar utgår ifrån, samt inavel inom raspopulationen. Att alla grisar delade samma haplotyp indikerar också att founders från alla tre linderödslinjerna kan spåra sitt ursprung till en gemensam anmoder.

Den haplotyp som identifierats hos linderödsgrisen jämfördes med flera europeiska och asiatiska vildsvin och tamsvin, och det fylogenetiska trädet som skapats i studien visar att linderödsgrisens haplotyp återfinns hos flera av dessa. Flera europeiska och asiatiska grisraser och vildsvin kunde identifieras med samma haplotyp. Det indikerar ett historiskt genetiskt band mellan dessa grisraser. När och hur det här bandet har bildats är oklart. Majoriteten av de grisraser och vildsvin som delade haplotyp med linderödssvinet var europeiska, det finns därför indikationer på att anmodern till den här haplotypen hade sitt ursprung på den europeiska kontinenten.

Nyckelord: linderödssvin, mitokondriellt DNA, genetisk diversitet

Abstract

This study investigates the genetic diversity of the Linderöd pig, Sweden's only remaining unrefined pig breed. By analyzing a locus of mitochondrial DNA (mtDNA) from 18 samples of Linderöd pigs, the study identified a unique haplotype that was common to all sampled pigs. This indicates that the examined region of the mitochondrial chromosome has low genetic diversity in the Linderöd pig, which may be due to the limited founder population from which today's Linderöd pigs originate, as well as inbreeding within the breed population. The fact that all pigs shared the same haplotype also suggests that founders from all three Linderöd lines can trace their origin to a common ancestor.

The haplotype identified in the Linderöd pig was compared with several European and Asian wild boars and domestic pigs, and the phylogenetic tree created in the study shows that the Linderöd pig's haplotype is found in several of these. Several European and Asian pig breeds and wild boars were identified with the same haplotype. This indicates a historical genetic link between these pig breeds; however, when and how this link was formed is unclear. The majority of pig breeds and wild boars that shared the haplotype with the Linderöd pig were European, indicating that the ancestor of this haplotype originated on the European continent.

Keywords: Linderöd pig, mitochondrial DNA, genetic diversity

Innehållsförteckning

1. Inledning	9
2. Litteraturoversikt.....	10
2.1 Linderödssvin	10
2.1.1 Historik	10
2.1.2 Avelsmål och bevarande	11
2.2 Mitokondrier	11
2.3 Populationsgenetik.....	13
2.3.1 Inavel	13
2.3.2 Genetisk diversitet	13
2.3.3 Enbaspolymorfier (SNP)	14
2.3.4 Haplotyper.....	15
2.3.5 Fylogenetiska träd	15
2.4 Genetisk diversitet bland tama grisraser	15
3. Metod och material	17
3.1 Material	17
3.1.1 Test av funktionsduglighet hos nässvabbproverna	17
3.1.2 Sanger-sekvensering	18
4. Resultat	19
4.1 Provmaterial	19
4.2 Test av funktionsduglighet hos nässvabbproverna.....	19
4.3 Sanger-sekvensering	20
4.4 Fylogenetiskt träd.....	21
5. Diskussion	23
5.1 Prover och sekvensering	23
5.2 Genetisk diversitet inom rasen.....	23
5.3 Genetisk diversitet mellan raser.....	24
5.4 Bevarande och framtida forskningsmöjligheter.....	25
6. Konklusion.....	27
Referenser.....	28
Populärvetenskaplig sammanfattning	30
Bilaga 1.....	32
Bilaga 2.....	33
Bilaga 3.....	34

1. Inledning

Linderödssvinet: en unik kulturskatt och Sveriges enda kvarvarande oförädlade grisras, står i fokus för detta examensarbete. Trots dess betydelse har rasen förblivit relativt outforskad inom vetenskapliga kretsar. Genom att kartlägga den genetiska diversiteten hos linderödsgrisen syftar arbetet till att öka förståelsen för rasens genetiska integritet och dess relation till andra europeiska grisraser. Detta kommer inte bara att bidra till bevarandet av en viktig del av det svenska kulturarvet, utan också till den globala kunskapsbasen om genetisk variation hos tamdjur. Studien kommer att använda sig av genetiska analysmetoder för att utforska hur nära besläktade linderödsgrisarna är med varandra och den genetiska diversitet som finns inom rasen, samt deras genetiska koppling till andra europeiska grisraser. Resultaten förväntas ge nya insikter i grisrasens hittills till stor dels okända historia. Vidare kommer arbetet ge viktig genetisk information som kan användas för att förhindra framtida genetiska flaskhalsar. Genom att studera den genetiska mångfalden hos linderödssvinet kan vi förhoppningsvis erhålla genetisk information som kan användas för att stödja en långsiktig och hållbar avel av denna ras. Detta examensarbete representerar en viktig del i strävan efter att bevara genetisk mångfald, vilket är avgörande för framtida generationers jordbruk och biologisk mångfald.

Syftet med det här examensarbetet är att utreda den genetiska diversiteten inom linderödsgrisen, samt hur nära besläktad rasen är till andra europeiska lantraser. Arbetet ska även försöka undersöka hur släktskapet ser ut mellan de grisar som undersöks i studien.

2. Litteraturöversikt

2.1 Linderödssvin

2.1.1 Historik

Linderödssvinet beskrivs i litteraturen som den sista kvarlevande grisrasen med genetik från det svenska skogssvinet (Föreningen Landtsvinet 2014a), och anses därför vara den sista oförädlade svenska lantrasen i grisenäringen. År 1928 infördes ett galtbesiktningstvång i Sverige (Hallander 1993). Det innebar att avel med "oönskade svin" skulle förbjudas för att höja kvaliteten på den svenska grisproduktionen. Tvånget upphörde sedan år 1987. Trots tvånget så avlades fortfarande brokiga grisar i hemlighet utöver de vita lantraserna som främjades av förbudet.

Dagens linderödsgris kan spåra sitt ursprung till en dräktig sugga som köptes från en lantbrukare vid Linderödsåsen av Skånes Djurpark år 1952 (Hallander 1998). Den här suggan hade en historik av att föda brokiga kultingar. Suggan återbefrukta- tades sedan med sin egna galtavkomma. Skånes Djurpark hade dispens för avel av brokiga grisar, men deras galtar fick inte säljas från djurparken. På Skånes Djur- park pågick avel mellan linderödsgris och vildsvin, men endast en korsningsgylta användes någonsin i avel, övriga korsningsdjur blev slaktade. I slutet av 1950- talet köpte Skånes Djurpark in galtar från en lantbrukare i Önnestad. Dessa har dock ett oklart ursprung och eventuell koppling till Linderödsåsen är okänd (Hallander 2002).

År 1991–1992 genomfördes en inventering av rasen på uppdrag av Statens Genbanksnämnd (Hallander 1998). Där hittade man djur med ett gemensamt ursprung i Skånes Djurpark och ett djur med ursprung i Ekered på Hallandsåsen. Efter den här inventeringen hittades även en sugga och en galt i Sörmland. Dessa delades därefter in i tre linjer; Skånelinjen, Hallandslinjen och Sörmlandslinjen. De här djuren klassas idag som s.k. "founders"; djur som är startskotten till dagens linderödssvinspopulation. Av dessa var tre galtar och fem suggor (Föreningen Landtsvinet 2014b).

I data som publicerats av FAO finns idag 533 linderödssvin varav 144 är galtar och 389 är suggor fördelat över 167 besättningar (FAO 2024). Det här är en minskning från 674 grisar från 211 besättningar år 2023.

2.1.2 Avelsmål och bevarande

Under 1960-talet började flera europeiska aktörer uppmärksamma det pågående utbytet mellan de lokala husdjursraserna och några fåtal men mer högproducerande raser som de inhemska raserna inte kunde konkurrera med (Jordbruksverket 2023). De kommande decennierna tar Sverige flera steg för att konkretisera en plan för hur de svenska lantrasernas genetiska egenskaper ska bevaras och skyddas. Idag har Jordbruksverket det övergripande ansvaret för att se till att de svenska husdjursraserna ska bevaras. Av dessa raser finns det några som anses kräva ett större ansvarstagande för att försäkra deras bevarande; dessa är föremål för ett nationellt bevarandeansvar där Jordbruksverket tar fram handlingsplaner, ibland i samarbete med enskilda bevarandeföreningar.

Föreningen Landtsvinet grundades år 1992. Deras syfte har sedan dess varit att bevara linderödssvinet som en oförädlad lantras med hjälp av sin genbanksverksamhet (Föreningen Landtsvinet 2014b). De besättningar som är kopplade till den här genbanken ska registrera sina djur i enlighet med föreningens regler; det innebär att det är möjligt att spåra samtliga genbanksdjurs släktskap till rasens founders. Med den här kunskapen har de ökade möjligheter att styra aveln i rasen, till exempel genom att undvika avel mellan närbesläktade grisar och uppmuntra avel av djur från mer sällsynta släktlinjer så kan man bibehålla en god genetisk diversitet.

Genom genbanken som Föreningen Landtsvinet tillhandahåller kan de procentuella inslagen av de tre ursprungliga linjerna av linderödssvin beräknas för varje genbanksregistrerad gris (Föreningen Landtsvinet 2014b). Genom att uppmuntra eller förhindra avel mellan individer med ett för högt inslag från en specifik linje så kan inflytandet av linjespecifika egenskaper kontrolleras. I rasens avelsmål önskas att varje individ ska ha minst 70 % inslag från Skånelinjen, att inslagen från Hallandslinjen bör höjas något från de 7,7 % som dokumenterats, samt att inslagen från Sörmlandsslinjen bör sänkas något eftersom den här linjen kopplats till mer ojämna kullar.

2.2 Mitokondrier

Mitokondrier är membranbundna organeller som återfinns i eukaryotiska cellers cytoplasma och är framför allt kända för sin centrala roll i cellandningen (Osella *et al.* 2012). Till skillnad från de andra organellerna i den animaliska cellen så bär mitokondrien på sitt eget DNA vilket förklaras av mitokondriens ursprung som bakteriell endosymbiot (Sodhi *et al.* 2022). De innehåller små cirkulära kromosomer som bär på en delmängd av cellens totala genom. Dessa bär på gener som är till för att mitokondrien ska kunna utföra sin uppgift som energiproducent.

I animaliska celler kodar mitokondrien för 13 proteinkodande gener som är bidragande i cellandningen (Lin *et al.* 1999). Utöver dessa kodar den även för 2 rRNA och 23 tRNA-gener som används i mitokondriens translation. Dock är inte organellen funktionellt autonom eftersom den i stor utsträckning är beroende av nukleära gener för sin funktion (Sodhi *et al.* 2022).

Det finns många mitokondrier i varje cell, hur många de innehåller kan variera mellan celltyper och utifrån cellens energibehov (Sodhi *et al.* 2022). Varje organell innehåller många kromosomkopior, vilket innebär att varje cell innehåller hundratals eller tusentals kopior av organellens kromosomer. Det här medför att det krävs relativt lite provmaterial för att kunna extrahera fullgott mtDNA för analys.

I djurens celler ryms majoriteten av arvsmassan inpackat inom cellkärnan, den s.k. nukleära arvsmassan består av miljontals baspar och är linjärt i strukturen. Mitokondrierna innehåller även sitt eget DNA (mtDNA) som är mycket mindre i storlek än den nukleära arvsmassan och har en cirkulär struktur (Sodhi *et al.* 2022). Grisens mitokondriella DNA består av 16 613 kb (Lin *et al.* 1999) och kodar framför allt för funktioner som är relevanta i mitokondriens arbetsuppgifter (Sodhi *et al.* 2022). Varje cell innehåller hundratals mitokondrier och varje mitokondrie innehåller flertal kopior av sitt cirkulära DNA.

På grund av flera egenskaper hos mitokondriellt DNA så har det använts i flera studier där genetisk mångfald och ursprung studerats (Sodhi *et al.* 2022). Hos grisar ärvs mitokondrier maternellt och till skillnad från den nukleära arvsmassan sker ingen rekombination av det mitokondriella arvsmassan. Den nedärvs därför nästintill klonalt från modersdjuret utan påverkan från fadersdjuret. Det är därför lättare att spåra maternella släktlinjer m.h.a. den mitokondriella arvsmassan än den nukleära arvsmassan. Det mitokondriella DNA:t innehåller en hypervariabel displacement-loop (D-loop) där en hög mutationsfrekvens kan observeras, det är också en icke-kodande region. Att den är icke-kodande innebär att mutationer i regionen inte kommer påverka mitokondriens funktionalitet. Det finns därför ett lågt selektionstryck i den här regionen, vilket medför att mutationer kan bevaras utan att selekteras bort. Man kan generellt observera en mutationsfrekvens i mitokondriellt DNA som överstiger 18–25 gånger högre frekvens än den i det nukleära DNA:t (Ballard & Whitlock 2004). På så sätt kan skillnader i genetisk diversitet observeras även inom smala tidsperioder.

2.3 Populationsgenetik

2.3.1 Inavel

En genetisk flaskhals innebär att populationen genomgår en period (en generation eller längre) av mycket låg populationsstorlek, vilket medför en minskad genetisk diversitet i populationen (Griffiths *et al.* 2012:638). År 1952 identifierades endast ett linderödssvin och år 1992 kunde åtta med säkerhet identifieras; de som är founders för dagens linderödssvin. (Jordbruksverket 2003). I så små populationer är sannolikheten mycket hög att det kommer ske parning mellan närbesläktade djur, vilket medför en ökad inavelskoefficient (Griffiths *et al.* 2012:622–626). Inavels-koefficienten är ett mått på sannolikheten att två alleler i en individ kan spåras tillbaka till en gemensam förfader.

I en studie där man undersökte inavelsgraden hos linderödsgrisar mellan år 1988 och 2006 låg inavelsgraden på ca 15 % hyfsat konstant mellan perioden 1996 och 2006, förutom år 2000 då inavelsgraden ökade till 20 % (Hansson 2008). För att kunna beräkna inavelsgrad måste man utgå ifrån ett 0-värde där samtliga delta-gande djur inte har något släktskap sinsemellan och där ingen inavel tidigare har skett. Då den första dokumenterade linderödsgrisen betäcktes med en av sina egna galtar så har vi inte något sådant 0-läge att utgå ifrån. Därför kommer den beräknade inavelsgraden bli falskt låg.

I slutna populationer, d.v.s. populationer där nytt genetiskt material inte hämtas utifrån, kommer den genetiska diversiteten att minska successivt med tiden och inavelsgraden att kontinuerligt öka (Griffiths *et al.* 2012:620–623). En ökad inavelsgrad medför en ökad potential för dubbling av alleler i individens arvs-massa, vilket medför att individen och populationen blir mer homozygot och mindre heterozygot. Det här medför en risk för ökat uttryck av såväl gynnsamma som ogynnsamma anlag, vilket kan ge effekt på tillväxt, immunförsvar, och fruktsamhet. Det här kallas för inavelsdepression.

2.3.2 Genetisk diversitet

Genetisk diversitet är ett mått på skillnader i gensekvensen bland individer i en population (Ellergren & Galtier 2016). Det här spelar en stor roll i en populations förmåga att anpassa sig till externa stressorer, till exempel miljöförändringar, introduktion av nya sjukdomar osv. Anledningen till detta är att en ökad diversitet innebär en större sannolikhet att det finns flera individer i populationen med genetiska anlag som är bättre lämpade för nya stressorer. Långsiktigt kommer parning mellan dessa individer medföra att dessa anlag blir mer och mer förekommande i populationen, vilket är principen bakom naturlig selektion (Griffiths

et al. 2012:638). Samtidigt kommer individer med mindre gynnsamma genotyper successivt konkurreras ut ur genpoolen, vilket minskar frekvensen av dess alleler.

I mindre och isolerade populationer förekommer generellt en lägre grad av genetisk diversitet än i större populationer (Griffiths *et al.* 2012:622). I mindre populationer så bär genetisk drift en ännu större betydelse (Griffiths *et al.* 2012:633). Det är en slumpmässig process där den genetiska diversiteten i en population minskar genom att ovanliga alleler går förlorade och de vanligare blir alltmer förekommande i en större procent av populationen. I samband med detta så ökar homozygotin i dessa lokus. De mer sällsynta allelerna minskar i frekvens. Vid fixering så har den genetiska driften lett till att det endast förekommer en enda allel i ett lokus i en population; det finns således ingen genetisk diversitet i det lokus sett över den här populationen.

I små och isolerade populationer finns även en ökad risk för inavel, vilket ökar betydelsen av den genetiska driften (Griffiths *et al.* 2012:638). Nära besläktade individer har en lägre genetisk diversitet sinsemellan än obesläktade individer, eftersom det skiljer färre generationer mellan dem och deras gemensamma ursprung. Det medför mindre tid för mutationer att äga rum. Om inavel är vanligt förekommande i en population sker därför en ackumulation av gener med en begränsad diversitet. Det här kan reverseras genom att introducera nytt genetiskt material till genpoolen eller genom slumpmässiga mutationer, vilket på sikt kan öka den genetiska diversiteten (Griffiths *et al.* 2012:646–647).

2.3.3 Enbaspolymorfier (SNP)

Inom genetiken beskrivs polymorfism som förekomsten av minst två olika varianter av en specifik gensekvens inom en population (Karolinska institutet, Svensk MeSH. u.å.). Den enklaste och vanligaste formen av polymorfism är enbaspolymorfin (Griffiths *et al.* 2012:611). En enbaspolymorfi definieras som en diversitet i genomet där en nukleotid ersätts med en annan. De förekommer i en frekvens på ungefär 1 av 1 000 baspar hos människan. Ungefär 75 % av SNP-mutationer är antingen tysta (gensekvensen kodar fortfarande för samma aminosyror) eller i icke-kodande regioner och kommer därför inte påverka vilka aminosyror som kodas (Shastri 2009). Enbaspolymorfier som ger upphov till förändrade aminosyror (icke-synonyma SNP:er) har en stark anknytning till sjukdomsuppkomst. Förekomsten av dessa kan därför komma att påverkas av naturligt urval eftersom en ökad sjukdomsförekomst kommer leda till en lägre sannolikhet att generna förs vidare till nästa generation.

2.3.4 Haplotyper

En haplotyp är en specifik kombination av alleler från flera lokus på samma kromosomhomolog (Griffiths *et al.* 2012:612–613). Kromosomer där alleler skiljer sig på någon av dessa lokus är därför av olika haplotyper. Dessa kombi-
neras ofta utifrån dess fysiska närhet till varandra på kromosomen, men det kan även tillämpas på bredare regioner om det sker minimal rekombination i regionen, till exempel Y-kromosomen eller den mitokondriella arvsmassan. Genotyperna i en haplotyp tenderar att nedärvas tillsammans och kan begränsas till en enda enskild gen eller flera gener.

2.3.5 Fylogenetiska träd

Fylogenetiska träd är ett viktigt verktyg inom populationsgenetiken för att visualisera evolutionära relationer mellan olika arter och populationer (Choudhuri 2014). De representerar hypotetiska vägar av evolutionär härkomst och genetiska relationer, baserade på likheter och skillnader i deras genetiska material. De kan illustreras på flera olika sätt, utifrån vilka samband som analyseras. Genom att analysera dessa träd kan forskare spåra ursprunget av genetiska variationer och förstå hur olika arter har utvecklats och diversifierats över tid. Verktuget kan också hjälpa till att identifiera när viktiga genetiska förändringar inträffade i en populations historia, vilket ger insikter i hur genetiska egenskaper och anpassningar har spridits genom populationer. Dessutom kan fylogenetiska träd användas för att förutsäga framtida evolutionära trender och för att bevara genetisk mångfald, vilket är avgörande för arters överlevnad (Davies *et al.* 2008). I populationsgenetik är således fylogenetiska träd inte bara ett sätt att visualisera historiska relationer, utan också ett viktigt verktyg för att förstå och bevara den biologiska mångfalden.

2.4 Genetisk diversitet bland tama grisraser

Utvecklingen och expansionen av en mer intensiv livsmedelsproduktion under de senaste fyra till fem decennierna har lett till en reduktion av den genetiska diversiteten på grund av konkurrens mellan högproducerande inköpta djur och lågproducerande inhemska raser (FAO 2007). I Nordamerika och Europa har drygt 50 % av dokumenterade stordjursraser blivit klassificerade som utdöda, kritiskt hotade eller hotade.

Inhemska raser bär på unikt genetiskt material som kommersiella grisraserna inte besitter och kan därför anses värdefulla ur ett genetiskt perspektiv (Zhang *et al.* 2016). Det här beror på den naturliga selektion som anpassat rasen till att utveckla unika karaktärsdrag för att bemöta de krav som de unika miljöfaktorerna presen-

terar i omgivningen som rasen är uppväxt i. När dessa raser dör ut går den här genetiken förlorad.

Den genetiska diversiteten hos kinesiska grisar är lägre än hos europeiska grisraser. I studien misstänker man att detta beror på kommersiell hybridisering för att göra de inhemska raserna mer lämpade för produktion. Man har då blandat in mer genetiskt material från kommersiella grisraser som duroc, yorkshire och lantras. I indiska och vietnamesiska grisraser ses en högre genetisk diversitet. De europeiska, amerikanska och oceaniska grisraserna som analyserades hade också en högre genetisk diversitet än deras kinesiska motparter. Afrikanska grisar undersöktes inte p.g.a. bristande data.

Trots detta så uppmättes generellt en låg genetisk diversitet hos de inhemska grisraserna globalt. 27 haplotyper som identifierades hos kommersiella grisar kunde identifieras hos 2 132 inhemska grisar (av totalt 3 975 som ingick i studien). Totalt hade 53,23 % av de sekvenserade inhemska grisarna delade haplotyper med någon av de kommersiella grisarna som deltog i studien. Bland de kinesiska raserna var andelen större medan en lägre andel av sydostliga grisraser delade haplotyper med kommersiella grisar. Bland de europeiska, oceaniska och nordamerikanska grisraserna hittade man också en betydande andel av individer från inhemska raser som delade haplotyper med kommersiella djur. I studien beskriver man att det här beror på korsningar mellan europeiska och asiatiska grisraser på 1800- och 1900-talet, samt inblandning av genetiskt material från kommersiella släktlinjer i de inhemska djurens genpool.

3. Metod och material

3.1 Material

I studien används extraherat DNA från nässvabbprover och vävnadsprover som skickats in från djurägare i hela landet. De vävnadsprover som användes i studien bestod av muskelvävnad som djurägarna själva avlägsnat från köttbitar tagna från linderödsgrisar postmortem. Nässvabbproverna togs av djurägare med hjälp av nässvabbkitt. Samtliga prover togs av djurägarna i enlighet med ett djurägarformulär och provtagningskitt som de fick hemskickade. I djurägarformuläret fick de möjlighet att fylla i så mycket de kunde om djurens ursprung och utseende. Om de hade information om grisarnas procentuella inslag från de ursprungliga linjerna så ombads de även att fylla i denna (Bilaga 3).

Resultaten från studiens prover jämförs med gensekvenser från andra grisraser och vildsvin från Europa och Asien. (Se bilaga 1). BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) användes för att hitta flera gensekvenser i GenBank där samma region av mtDNA hade sekvenserats. Sekvenser söktes i databasen "core_nt" med programmet "Megablast". I övrigt användes standardinställningar för BLAST. Query sequence för sökningen var den fullständiga haplotyp som identifierades i den här studien. Dessa kompletterades med gensekvenser ur kompletterande material från andra studier (Larson *et al.* 2005; Zhang *et al.* 2016). DNA från ett vårtsvin användes som outgroup. BLAST användes sedan för att kontrollera att dessa innehöll samma lokus av mtDNA som undersöktes i den här studien genom pair-wise alignment.

För att skapa ett fylogenetiskt träd användes phylogeny.fr (Dereeper *et al.* 2008), där programmet MUSCLE 3.8.31 användes för att genomföra en MSA (multiple sequence alignment) som sedan analyserades av FastDist + BioNJ för att bestämma fylogenetiskt avstånd mellan alla justerade sekvenser. TreeDyn 198.3 användes sedan för att rendera det fylogenetiska trädet.

3.1.1 Test av funktionsduglighet hos nässvabbproverna

En region av D-loopen amplifierades hos 4 nässvabbprover och 3 vävnadsprover för att kontrollera att fullgoda resultat kan fås från nässvabbproverna. De amplifierades med primers; forward: 5'-CCAAAAACAAAGCAGAGTGTC-3' och reverse: 5'-CGTTATGAGCTACCGTTATA-3' (Zhang *et al.* 2016). PCR genomfördes sedan i 8 brunnar som vardera innehöll 5 µliter MasterMix, 0,5 µliter Primer Forward 10 µM, 0,5 µliter Primer Reverse 10 µM, 3 µL vatten och 1 µL DNA (100 ng / µliter från nässvabbprover, 20 ng / µliter från vävnadsprover). Total volym per brunn blev totalt 10 µL. En kontrollbrunn användes i form av en

brunn där inget DNA tillsattes, i övrigt var denna identisk som de övriga brunnarna.

PCR genomförs enligt följande protokoll: denaturering i 95 °C under 5 min, sedan 35 cykler av 95 °C i 30 s, 58 °C i 30 s och slutligen 72 °C i 1 min innan cykel börjar om på nytt. Den slutgiltiga extensionen görs i 72 °C under 10 min.

De amplifierade fragmenten och den negativa kontrollen kombinerades med en buffert (2 µL vardera). PCR-produkterna kvalitetkontrolleras sedan i TapeStation, som är en automatiserad elektroforeslösning.

3.1.2 Sanger-sekvensering

4 ng/µL DNA, 0,8 µM av vardera M13-primers (forward och reverse), BigDye Direct PCR Master Mix och avjoniserat vatten kombineras (totalt 10 µL per brunn). Kombinationen centrifugeras och blandas väl, därefter körs en första PCR enligt följande protokoll: Denaturering i 96 °C i 5 min. Därefter följer 35 cykler av 94 °C i 30 s, 60 °C i 45 s och 68 °C i 45 s. Efter dessa cykler sker en extension i 72 °C i 2 min.

2 µL BigDye Direct Sequencing Master Mix blandas med 1 µL av antingen BigDye Direct M13 Fwd Primer eller BigDye Direct M13 Rev Primer. Ur varje PCR-produkt kommer 3 µL extraheras och blandas med en lösning med Fwd Primer eller Rev Primer, så att samtliga produkter har blandats med en lösning från vardera primer. Lösningen centrifugeras och körs i en termisk cykel enligt följande protokoll:

Initialt 37 °C i 15 min, följt av 80 °C i 2 min och sedan 96 °C i 1 min. Därefter följer 25 cykler av följande: 96 °C i 10 s, 50 °C i 5 s, 60 °C i 75 s. Därefter centrifugeras lösningarna i 1 min.

Behållare med SAM solution (45 µL/brunn) och XTerminator Solution (10 µL/brunn) förbereds. Dessa blandas tills lösningen är homogen. Till samtliga brunnar med provmaterial tillsätts totalt 55 µL av denna lösning. Lock anläggs på brunnarna och dessa körs i en vortex i 20 minuter. Lösningen körs sedan i en centrifug (1000g i 2 min).

Med hjälp av kapillär elektrofores kan proverna sedan analyseras. I BioEdit görs sedan manuella alignments av dessa prover i enlighet med resultatet från elektroforesens analys.

4. Resultat

4.1 Provmaterial

Till studien kunde totalt 65 prover samlas in, av dessa användes 27 i studien. Samtliga av proverna hade skickats in innan studien påbörjades. Av dessa hade 18 sitt ursprung i Götaland (varav 13 härstammade från Skåne), 6 var från Svealand och ett prov skickades från Norrland. För två av proverna saknas ursprungsinformation (bilaga 3).

Av de grisar som användes i studien så kunde elva spåra sin moderslinje till Skånes Djurparks Jenny, som är en av rasens founders från Skåne. Tre av grisarna kunde spåra sin moderslinje till en founder i Sörmland; Vätös Soellen och en gris kunde spåra sin moderslinje till Edenbergas Lilly, som är en founder från Halland. Samtliga av de tre ursprungliga linjerna är alltså representerade av minst en ättling med direkt moderslinje till en av dess founders. Information om moderslinje hos de övriga grisarna saknas.

För de grisar som ingick i studien, och där information om inslag var tillgänglig, så var medelinslagen från de olika linderödslinjerna enligt följande: 80,4 % Skåne, 10,9 % Södermanland och 8,7 % Halland.

Två av grisarna vars prover användes i TapeStation kom från samma gård, men var inte besläktade (SSC001 och SSC002). SSC020 och SSC021 kommer också från en och samma gård, men deras släktskap är okänt. Övriga grisar kom från olika gårdar.

4.2 Test av funktionsduglighet hos nässvabbproverna

Totalt sju prover prövades i enlighet med metoden beskriven under kap. 4.1.1. (se tabell 1) och gav följande resultat. De vävnadsprover som användes gav ett positivt utfall med tydliga streck på TapeStation, vilket indikerar att metoden lyckats amplifiera DNA. Nässvabbproverna gav inget utfall på TapeStation, vilket indikerar att den här metoden inte lyckades amplifiera DNA i en sådan mängd att det var mätbart.

Tabell 1: Resultat från sekvensering enligt metoden beskriven under 4.1.1.

Gris-nr	Provmaterial	Lyckad amplifiering?
SSC001	Nässvabb	Nej
SSC002	Nässvabb	Nej
SSC003	Nässvabb	Nej
SSC004	Nässvabb	Nej
SSC053	Vävnadsprov	Ja
SSC054	Vävnadsprov	Ja
SSC055	Vävnadsprov	Ja

4.3 Sanger-sekvensering

Totalt 24 olika prover Sanger-sekvenserades. Utav dessa gav 18 prover gensekvenser som kunde analyseras; sex av tolv nässvabbprover och tolv av tolv vävnadsprover (se tabell 2). I båda metoderna som testades för att amplifiera och analysera DNA så har samtliga vävnadsprover gett positiva resultat, medan nässvabbproverna har gett mer osäkra resultat; 50 % vid Sanger-sekvensering och 0 % på TapeStation. Efter en manuell justering av studiens prover kunde endast en haplotyp identifieras (bilaga 2). Det lokus av mtDNA som analyserades i den här studien var alltså identisk i samtliga prover.

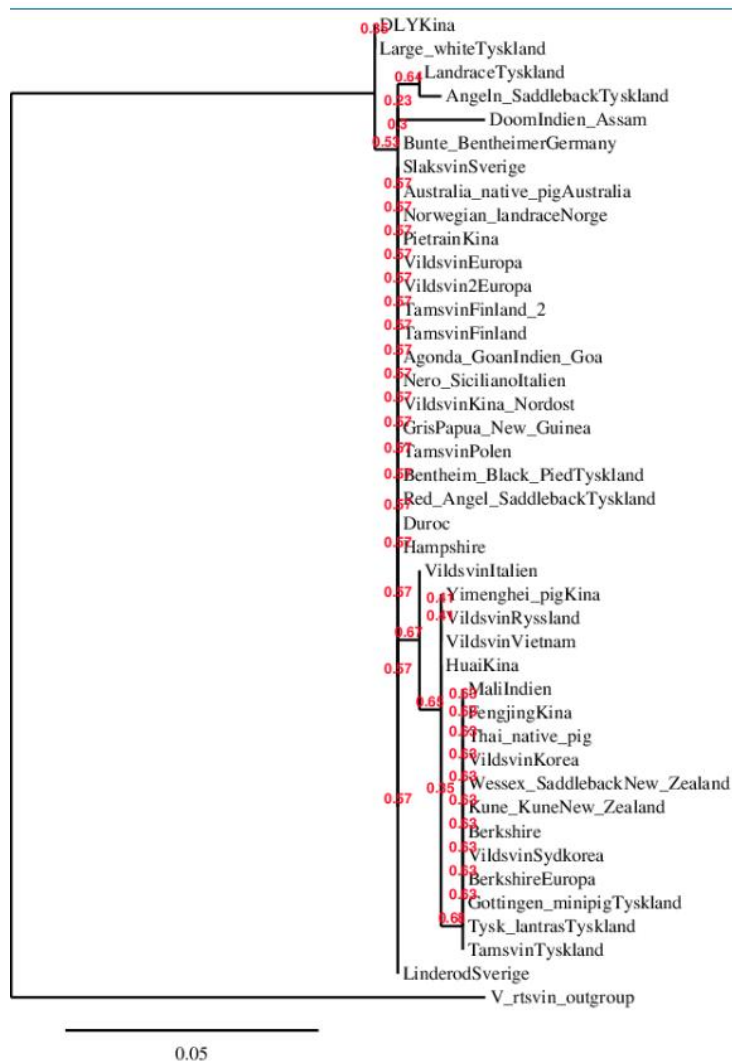
Tabell 2: Resultat från sekvensering enligt metoden beskriven under 4.1.2.

Gris-nr	Typ av material	Lyckad sekvensering?
SSC001	Nässvabb	Nej
SSC007	Nässvabb	Ja
SSC009	Nässvabb	Nej
SSC011	Nässvabb	Ja
SSC017	Nässvabb	Ja
SSC019	Nässvabb	Nej
SSC020	Nässvabb	Ja
SSC021	Nässvabb	Ja
SSC023	Nässvabb	Nej
SSC026	Nässvabb	Ja
SSC029	Nässvabb	Nej
SSC043	Nässvabb	Nej
SSC053	Vävnadsprov	Ja
SSC054	Vävnadsprov	Ja
SSC055	Vävnadsprov	Ja
SSC056	Vävnadsprov	Ja
SSC057	Vävnadsprov	Ja
SSC058	Vävnadsprov	Ja
SSC059	Vävnadsprov	Ja
SSC060	Vävnadsprov	Ja
SSC061	Vävnadsprov	Ja
SSC062	Vävnadsprov	Ja
SSC063	Vävnadsprov	Ja
SSC064	Vävnadsprov	Ja

4.4 Fylogenetiskt träd

Den haplotyp som identifieras hos linderödssvinet jämförs med samma område av den mitokondriella kromosomen hos andra grisraser och vildsvin i ett fylogenetiskt träd (se figur 1). Det fylogenetiska trädet beskriver hur närbesläktad linderödssvinet är till andra europeiska och asiatiska vildsvins- och tamgrisraser. Linderödssvinet återfinns i figuren som "LinderodSverige". Ett afrikanskt vårtvin används som outgroup.

I det genererade fylogenetiska trädet delar linderödsgrisen gren med flera andra europeiska och asiatiska grisar och vildsvin. Det innebär att dessa delar en identisk haplotyp med linderödsgrisen i det lokus som undersökts.



Figur 1: Fylogenetiskt träd som visualiserar släktskap mellan flera grisraser och vildsvin utifrån det undersökta lokuset av mtDNA. Skapat av studieförfattaren i Phylogeny.fr (Dereeper et al. 2008).

We hereby acknowledge Sebastien Santini (CNRS/AMU IGS UMR7256) and the PACA Bioinfo platform for the availability and management of the phylogeny.fr website.

5. Diskussion

5.1 Prover och sekvensering

Det provmaterial som användes i den här studien insamlades i samband med ett annat projekt med fokus på linderödssvinet. Majoriteten av dessa var nässvabbprover (52 av 64 prover, övriga var vävnadsprover). Nässvabbproverna hade visat sig ha en tveksam funktionsduglighet under det projektet, men av flera olika anledningar så var försök att samla in nya prover i samband med den här studien fruktlösa.

Förhoppningen inför den här studien var att det skulle finnas tillräckligt med arvsmassa i nässvabbproverna för att mtDNA skulle kunna amplifieras och sekvenseras. Det vi fann i den här studien var att nässvabbproverna var mindre tillförlitliga än vävnadsproverna för gensekvensering hos grisar; totalt kunde hälften av de nässvabbprover som Sanger-sekvenserades ge tolkningsbara sekvenser, medan samtliga vävnadsprover gick att använda.

I framtida studier där Sanger-sekvensering av mtDNA hos grisar är aktuellt bör därför lämpligheten av att använda nässvabbprover övervägas. Om det inte finns något annat alternativ är nässvabb en snabb och mindre invasiv metod för att extrahera DNA som kan genomföras av djurägaren själv. Nackdelen är, precis som beskrivits tidigare, att nässvabbprover kan ge mindre tillförlitligt provmaterial än till exempel vävnadsprover.

5.2 Genetisk diversitet inom rasen

I den här studien identifierades en enda haplotyp som alla undersökta prover hade gemensamt, vilket innebär att det inte finns någon genetisk diversitet av på det här lokuset av den mitokondriella kromosomen bland dessa grisar. Det här resultatet nåddes efter prover analyserades från 18 linderödsgrisar utan känt släktskap sinsemellan. Idag finns det 533 registrerade linderödsgrisar, vilket innebär att studien omfattade drygt 3,4 % av hela populationen. Utifrån den här studien går det därför inte att med säkerhet konstatera att det inte finns fler haplotyper inom resten av populationen. Att samtliga av de tre linderödslinjerna fanns representerade i moderslinjen hos minst en av grisarna i studien kan innebära att den här haplotypen bör ha uppkommit innan de djur som idag klassificeras som founders kom till. Haplotypen bör därför förekomma hos en stor andel av hela linderödspopulationen, även om kompletterande studier kan behövas för att undersöka förekomsten av mindre vanliga haplotyper.

De linderödsgrisar som är genbanksregistrerade kan alla spåra sin härkomst till de founders som etablerades år 1992, eftersom genbanksdjuren inte ska korsas med andra grisraser. Det innebär att det genetiska material som finns inom rasen idag har sitt ursprung hos rasens åtta grundare, och eftersom mtDNA ärvs exklusivt från moderdjuret innebär det att det mtDNA som finns i populationen bör ha sitt ursprung hos de fem honliga grundarna. Att samtliga djur delar samma haplotyp indikerar därför att inget nytt moderligt genetiskt material har introducerats till populationens genpool sedan den gemensamma anmodern som bar på den här haplotypen.

5.3 Genetisk diversitet mellan raser

Från år 1992 har Föreningen Landtsvinet som genbanksverksamhet arbetat för att bevara linderödssvinet som en oförädlad lantras. Ett av kraven för att få registrera djur i deras genbank är att djuren endast får avlas med individer från den egna raspopulationen, för att på så sätt förhindra inblandning av andra raser. I det fylogenetiska träd som visas i figur 1 har en gemensam haplotyp identifierats mellan linderödsgrisen och flera andra europeiska och asiatiska grisraser och vildsvin, i det lokus som undersökts i studien. Vilket indikerar att genetiskt material har överförts mellan dessa grisraser, eller mellan de grisar vars ättlingar skulle komma att bli dessa raser.

I litteraturen förekommer beskrivningar av att vildsvin korsats in i rasen och vid olika tillfällen så har kultingar från denna avel fått leva vidare och avla fram egna ungar. Däremot har källorna till dessa påståenden hävdade att det i så fall har varit vildsvinsgaltar och inte vildsvinssuggor som använts i aveln. Det innebär att det mitokondriella DNA:t hos ättlingarna från en sådan avel fortfarande ska ha sitt ursprung hos linderödsgrisen. Att linderödsgrisen har en överensstämmande haplotyp med flera undersökta vildsvin kan därför inte bero på den typen av avel. Resultatet indikerar att det skett någon form av korsningar mellan tamsvin och vildsvin i linderödsgrisarnas släktträd, men hur långt tillbaka i tiden som dessa har skett går inte att utläsa från den här studiens resultat.

I en annan studie diskuterar studieförfattaren hur den genetiska diversiteten av inhemska grisar har minskat till följd av introgression med kommersiella grisar (Zhang *et al.* 2016). I deras studie kunde de se att 53,64 % av provtagna inhemska grisar delade haplotyper med kommersiella grisar. Nivån av introgression skiljer sig globalt, i studien identifieras Kina och sydöstra Asien som ett område där kommersiella och inhemska grisraser hade en hög frekvens av delade haplotyper. Europeiska, oceaniska och amerikanska grisraser hade generellt en lägre frekvens av delade haplotyper, dock sticker både Tyskland och Storbritannien ut. Av de

länder som undersökts i studien så har Tyskland och Storbritannien en mycket högre frekvens av delade haplotyper mellan sina inhemska grisraser och de kommersiella grisraserna, vilket tyder på en betydande introgression mellan dessa.

Bland de grisar som delar haplotyp med linderödsgrisen finns en blandning av vildsvin, kommersiella och inhemska grisar. Flera av dessa har ett fenotypiskt likt utseende till linderödsgrisen: nero siciliano från Italien, bunte bentheimer och bentheim black pied pig från Tyskland och den kommersiella grisrasen duroc har alla fenotypiska egenskaper som på något sätt påminner om linderödsgrisen. Precis som med många andra brokiga grisar i Sverige under 1900-talet så finns det luckor i avelsdokumentationen, hur linderödsgrisens förfäder och anmödrar avlades är därför oklart. Avel av brokiga grisar gjordes i hemlighet mellan åren 1928 och 1987 på grund av det rådande galtbesiktningstvånget. Linderödsgrisen etablerades inte som en egen ras förrän år 1992, vilket kan indikera att rasen korsades med andra brokiga grisraser därförinnan.

Att samtliga av grisarna på samma gren av det fylogenetiska trädet som linderödsgrisen delar en och samma haplotyp indikerar att det någonstans i historien bör ha funnits en mitokondriell anmoder som de har gemensamt. Utifrån den här studiens resultat kan dessvärre ingen tidsperiod fastställas för när den här anmodern bör ha existerat. Men utifrån att en stor andel av grisarna på grenen som har sitt ursprung i Europa finns det indikationer på att anmodern också kan spåra sitt ursprung till den europeiska kontinenten.

5.4 Bevarande och framtida forskningsmöjligheter

Linderödssvinet är en genetiskt isolerad grisras i den bemärkelse att rasens genpool endast består av genetiskt material från djur ur den egna rasen. I sådana små och isolerade populationer ser man generellt en låg genetisk diversitet, vilket stämmer väl överens med resultatet från den här studien. I det lokus som undersöktes i studien hittades ingen genetisk diversitet bland linderödsgrisarna. Resultatet betonar därför vikten av linderödssvinets bevarandearbete för att säkerställa rasens överlevnad och genetiska mångfald. De bevarandeinsatser som tillämpas i dagsläget syftar på att undvika inavel och öka den genetiska diversiteten, bland annat genom att inte avla närbesläktade grisar och uppmuntra avel av grisar från mer sällsynta släktlinjer. Genom att följa dessa avelsmål kan grisrasens genetiska arv bevaras.

Framtida forskning på det mitokondriella DNA:t (mtDNA) hos linderödsgrisen kan ge ytterligare värdefulla insikter i rasens genetiska historia och bevarande. En möjlig forskningsinriktning är att komplettera den här studien med en mer om-

fattande sekvensering av mtDNA från en större provpopulation. Detta skulle kunna identifiera ifall det eventuellt finns fler haplotyper hos linderödsgrisen som inte kunde identifieras i den här studien. På så sätt kan en mer detaljerad bild skapas kring den genetiska diversiteten inom rasen. Dessutom kan jämförande studier med andra europeiska lantraser och vildsvin bidra till att förstå de evolutionära relationerna och migrationsmönstren som har format linderödsgrisen.

I den här studien har fördelar och nackdelar med att studera det mitokondriella DNA:t diskuterats. En av de största kunskapsluckor som uppstår vid undersökningar av den mitokondriella arvsmassan är att faderlinje inte kan inkluderas. Precis som tidigare diskuterats så innebär det att eventuella inkorsningar av faderdjur från utanför raspopulationen inte kommer gå att åskådliggöra. För att komplettera en studie på mitokondriella DNA:t kan det därför vara önskvärt att analysera Y-kromosomen hos hangrisar ur populationen. Y-kromosomen ärvs nästan klonalt paternellt och majoriteten av kromosomen utsätts inte för någon rekombination (Griffiths *et al.* 2012:51–52), och utgör därför ett komplement till mtDNA som ärvs nästintill klonalt maternellt. Till skillnad från mtDNA så förekommer däremot Y-kromosomen exklusivt hos handjuren, vilket begränsar hur stor andel av populationen som kan undersökas. I litteraturen finns beskrivningar av att vildsvinsgaltar har använts i aveln innan linderödsgrisen blev en officiell grisras (Hallander 1998). Om hanliga ättlingar till dessa inkorsningar finns kvar så bör de ha en annorlunda haplotyp på Y-kromosomen än de handjur vars faderlinje inte kan spåras till vildsvin.

6. Konklusion

I den här studien har den genetiska diversiteten i ett lokus av den mitokondriella kromosomen hos 18 linderödsgrisar undersökts. Diversiteten har undersökts både inom den egna rasen och med andra europeiska och asiatiska grisraser och vildsvin. Lämpligheten att använda nässvabbprover och vävnadsprover för att samla in funktionsdugligt provmaterial för Sanger-sekvensering av mtDNA har också undersökts i studien.

I den här studien var provsvaren från provmaterial som hade extraherats från nässvabbprover mindre tillförlitliga än när provmaterialet hade extraherats från vävnadsprover. Drygt 50 % av de nässvabbprover som Sanger-sekvenserades gav fullgoda sekvenser, medan samtliga vävnadsprover kunde ge kompletta sekvenser. För att säkerställa att det insamlade provmaterialet kan ge tillförlitliga resultat bör därför framtida studier använda sig av lämpligare provtagningsmetoder än nässvabbprover, t.ex. vävnadsprover och blodprover, när det är möjligt.

På det lokus av mtDNA som undersöktes hittades en haplotyp som samtliga studerade linderödsgrisar hade gemensamt, vilket innebär att det inte fanns någon genetisk diversitet i den här regionen. Samtliga av de tre linderödslinjerna representerades i studien i form av minst en gris vars moderslinje som kunde spåras till en founder från varje linje. Den gemensamma haplotypen indikerar därför att de tre linjerna har sitt ursprung hos ett gemensamt modersdjur.

Linderödsgrisens haplotyp återfanns hos framförallt andra europeiska grisraser och vildsvin, men även hos några enstaka asiatiska sådana. Det indikerar ett historiskt byte av genetiskt material mellan dessa raser eller deras föregångare. Utifrån hur många av grisarna med gemensam haplotyp som kommer ifrån Europa finns det indikationer på att anmodern till den här haplotypen också kan spåra sitt ursprung till den europeiska kontinenten, men den här studien kan inte besvara när den här anmodern bör ha existerat.

Referenser

- Ballard, J.W.O. & Whitlock, M.C. (2004). The incomplete natural history of mitochondria. *Molecular Ecology*, 13, 729-744. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.2003.02063.x>
- Choudhuri, S. (2014). *Bioinformatics for Beginners: Genes, Genomes, Molecular Evolution, Databases and Analytical Tools*. Elsevier.
- Davies, T.J., Fritz, S.A., Grenyer, R., Orme, C.D.L., Bielby, J., Bininda-Emonds, O.R.P., Cardillo, M., Jones, K.E., Gittleman, J.L., Mace, G.M. & Purvis, A. (2008). Phylogenetic trees and the future of mammalian biodiversity. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 105, 11556-11563. <https://www.jstor.org/stable/25463377>
- 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*, 36 (Web Server issue): W465-9. Epub 2008 Apr 19. (PubMed)
- Ellegren, H. & Galtier, N. (2016). Determinants of genetic diversity. *Nature Reviews Genetics*, 17, 422–433. <https://doi.org/10.1038/nrg.2016.58>
- FAO (2024). *Domestic Animal Diversity Information System (DAD-IS)*. Food and Agriculture Organization of the United Nations. <https://dadis-breed-datasheet-ws.firebaseio.com/?country=SWE&specie=Pig&breed=Linder%C3%B6dssvin&external=1&lang=en#>. [2024-11-02]
- FAO (2007). *The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture*. Food and Agriculture Organization of the United Nations. <https://openknowledge.fao.org/server/api/core/bitstreams/6cf89cba-b139-4566-be0f-ce57ace4f888/content> [2024-11-03]
- Föreningen Landtsvinet (2014a). *Beskrivning*. <https://landtsvinet.se/om-linderodsgrisen/rasbeskrivning/> [2024-11-02]
- Föreningen Landtsvinet (2014b). *Avelsmål*. <https://landtsvinet.se/avelsplan/> [2024-11-02]
- Griffiths, A.J.F., Wessler, S.R., Carroll, S.B. & Doebley, J. (2012). *Introduction to Genetic Analysis*. 10 uppl. W.H. Freeman and Company.
- Hallander, H. 1993. *Lantraser 93*. Veberöd: Bokförlaget Blå Ankan AB.
- Hallander, H. 1998. *Lantraser 98*. Veberöd: Bokförlaget Blå Ankan AB.
- Hallander, H. 2002. Linderödsvin 1954. I: Bentz, P-G., Åkeby, S. & Wirdheim, A. (red.). *Skånes djurpark – de nordiska djurens park*. Wallin & Dalholm Boktryckeri AB. 104–107.
- Hansson, M. (2008). *Linderödsgrisen - en inventering av populationsstruktur och produktionsnivå*. Sveriges lantbruksuniversitet. Agronomprogrammet. <http://urn.kb.se/resolve?urn=urn:nbn:se:slu:epsilon-s-7202>

- Jordbruksverket (2023). *Husdjursraser för biologisk mångfald*.
<https://jordbruksverket.se/djur/lantbruksdjur-och-hastar/husdjursraser-och-avelsorganisationer/husdjursraser#h-Statistikoversvenskahusdjursraser> [2024-11-02]
- Karolinska Institutet (u.å.). *Polymorfism, genetisk*. Svensk MeSH.
<https://mesh.kib.ki.se/term/D011110/polymorphism-genetic> [2024-11-02]
- Larson, G., Dobney, K., Albarella, U., Fang, M., Matisoo-Smith, E., Robins, J., Lowden, S., Finlayson, H., Brand, T., Willerslev, E., Rowley-Conwy, P., Andersson, L. & Cooper, A. (2005). Worldwide phylogeography of wild boar reveals multiple centers of pig domestication. *Science* (New York, N.Y.), 307 (5715), 1618–1621.
<https://doi.org/10.1126/science.1106927>
- Lin, C.S., Sun, Y.L., Liu, C.Y., Yang, P.C., Chang, L.C., Cheng, I.C., Mao, S.J.T. & Huang, M.C. (1999). Complete nucleotide sequence of pig (*Sus scrofa*) mitochondrial genome and dating evolutionary divergence within Artiodactyla. *Gene*, 236 (1), 107-114. [https://doi.org/10.1016/S0378-1119\(99\)00247-4](https://doi.org/10.1016/S0378-1119(99)00247-4).
- Osellame, L.D., Blacker, T.S. & Duchon, M.R. (2012). Cellular and molecular mechanisms of mitochondrial function. *Best Practice & Research Clinical Endocrinology & Metabolism*. 26 (6), 711-723.
<https://doi.org/10.1016/j.beem.2012.05.003>
- Shastri, B.S. (2009). SNPs: Impact on gene function and phenotype. single nucleotide polymorphisms. I: Komar, A (red.). *Single Nucleotide Polymorphisms. Methods in Molecular Biology*. 578, Humana Press. https://doi.org/10.1007/978-1-60327-411-1_1
- Sodhi, M., Sobti, R.C. & Mukesh, M. (2022). Chapter 3 - Mitochondrial DNA: a tool for elucidating molecular phylogenetics and population. I: Sobti, R.C. (red.) *Advances in Animal Experimentation and Modeling: Understanding Life Phenomena*. Academic Press. 27-38. <https://doi.org/10.1016/B978-0-323-90583-1.00031-3>
- Zhang, J., Jiao, T. & Zhao, S. (2016). Genetic diversity in the mitochondrial DNA D-loop region of global swine (*Sus scrofa*) populations. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, 473 (4), 814–820.
<https://doi.org/10.1016/j.bbrc.2016.03.125>

Populärvetenskaplig sammanfattning

Linderödsgrisen är Sveriges enda kvarvarande oförädlade lantras. En lantras är en ras som förekommit i ett land eller en geografisk region under en lång tid och anses därför inneha ett visst kulturellt värde, vilket kan jämföras med kommersiella raser som används i stor utsträckning på flera olika platser. Att rasen är oförädlad innebär att man aktivt undvikit att blanda rasen med andra raser av samma art, för att på så sätt bevara rasen så renrasig som möjligt. Att linderödsgrisen är Sveriges enda sådana gör den väldigt unik, både ur en kulturell synpunkt och genetiskt.

Fördelen med att endast avla inom den egna rasen är att rasens unika genetik kan bevaras, men eftersom genpoolen blir mer begränsad så kommer diversiteten i genetiken att sjunka. En lägre genetisk diversitet innebär en ökad risk för ackumulation av gener som kan ge upphov till sjukdom och andra negativa utfall. Det är därför viktigt att den här typen av avel utförs i kontrollerade former där djur kan avlas med fokus på att bevara den genetiska diversiteten. Målet med den här studien var därför att undersöka den genetiska diversiteten hos linderödsgrisen.

Varje levande griscell har en organelltyp som heter mitokondrie, den är främst känd för sin roll i cellens ämnesomsättning. I den här organellen finns kromosomer som innehåller mitokondriellt DNA (mtDNA). I den här studien har undersöktes en region av mtDNA hos 18 olika grisar. Det finns flera anledningar till att mtDNA valdes istället för att undersöka en region av det DNA som finns i cellkärnan. Varje griscell innehåller många mitokondrier, och varje mitokondrie innehåller många kromosomer med mtDNA, det innebär att mindre provmaterial behövs för att undersöka mtDNA än genomiskt DNA. mtDNA har också en fördel i att mitokondrien nedärvs till ungarna som en klon av moderdjurets mitokondrie, till skillnad från det genomiska DNA:t som nedärvs som en rekombination av DNA från moder- och faderdjuret. Det innebär att moderslinjer och släktskap är lättare att följa hos mtDNA.

För att få ett så bra mått på genetisk diversitet så bör den region av DNA som undersöks helst vara en region där frekvensen av mutationer är hög. På den mitokondriella kromosomen finns en D-loop som används frekvent i denna typ av studie för att den har en hög mutationsfrekvens. Det har den bland annat för att den regionen av kromosomen inte är kodande, mutationer på den här platsen kommer därför inte ha någon påverkan på mitokondriens, cellens eller grisens välmående. Därför kan dessa mutationer ansamlas och spridas vidare till nästa generation i hög grad.

Linderödsgrisen kan delas in i tre olika linjer utifrån varifrån dess åtta grundare hittades: Sörmlands-, Hallands- och Skånelinjen. Det fanns minst en gris med moderslinje som kunde spåras till vardera av linjerna. I den här studien undersöktes mtDNA från totalt 18 prover. I det område av den mitokondriella kromosomen som undersöktes så hittades endast en enda genuppsättning som alla studiens grisar bar på. Det innebär att de tre linjerna bör ha en gemensam anmoder längre bak i tiden, som de kan ha fått den här genuppsättningen ifrån.

Studien avslöjar alltså att linderödsgrisen har en låg genetisk diversitet inom rasen, vilket kan bero på den begränsade grundpopulationen (åtta djur identifierades som grundare till rasen) och historisk inavel. Det fylogenetiska trädet som skapats i studien indikerar att linderödsgrisen kan vara genetiskt sammanlänkad till andra europeiska och asiatiska grisraser genom en gemensam anmoder.

Framtida forskning bör fokusera på att utforska ytterligare genetiska studier för att identifiera fler haplotyper inom populationen och därmed få en mer omfattande bild av rasens genpool. Detta kan användas för att komplettera bevarandearbetet och säkerställa att linderödsgrisen fortsätter att vara en värdefull genetisk resurs för framtida generationer.

Bilaga 1

Accessionsnummer, ras och ursprungsplats för de djur som används för att konstruera det fylogenetiska trädet i figur 1.

Accessionsnummer	Ras	Plats
MK344650.1	Vildsvin	Europa
AB015094	Vildsvin	Italien
AF276936	Berkshire	Europa
AF535161	Tamsvin	Finland
AF535162	Tamsvin	Finland
AJ002189	Slaktsvin	Sverige
AY337045.1	Duroc	
AY463064	Angeln Saddleback	Tyskland
AY463065	Bentheim Black Pied	Tyskland
AY463067	Tysk lantras	Tyskland
AY463068	Gottingen minipig	Tyskland
AY463069	Landrace	Tyskland
AY463070	Large white	Tyskland
AY463071	Red Angel Saddleback	Tyskland
AY574045.1	Berkshire	
AY574046.1	Hampshire	
AY574047.1	Vildsvin	Sydkorea
CP071572.1	Nero Siciliano	Italien
D42180	Tamsvin	Tyskland
EU333163.1	Vildsvin	Kina: Nordost
HQ318520.1	Gris	Papua New Guinea
KC469587.1	Pietrain	Kina
KF569218.1	DLY	Kina
KJ737419.1	Huai	Kina
KX982629.1	Vildsvin	Ryssland
KX982645.1	Vildsvin	Vietnam
Linderod	Linderod	Sverige
MH603005.1	Fengjing	Kina
MK290991.1	Vildsvin2	Europa
MT199605.1	Yimenghei pig	Kina
MW842565.1	Tamsvin	Polen
NC_008830	Vårtsvin (outgroup)	
OM069301.1	Mali	Indien
OY997226.1	Norwegian landrace	Norge
PP763918.1	Agonda Goan	Indien: Goa
PP763926.1	Doom	Indien: Assam

Bilaga 2

Den haplotyp som identifierades hos samtliga linderödsgrisar i det lokus av mtDNA som undersöktes i studien.

```
CCAAAAACAAAGCAGAGTGTACAAATACAATAAGCCTAACTTACACT  
AAACAACATTTAACAACACAAACCACCATATCTTATAAAACACTTACT  
TAAATACGTGCTACGAAAGCAGGCACCTACCCCCCTAGATTTTTACGC  
CAATCTACCATAAATAAATTTAAAATTACAACACAATAACCTCCCAA  
ATATAAGCACCTATTTAAGTATACGCCCACAATCTGAATATAGCTTAT  
AGTTAATGTAGCTTAAATTATCAAAGCAAGGCACTGAAAATGCCTAGA  
TGAGCCTCACAGCTCCATAAACACACAGGTTTGGTCCTGGCCTTTCTAT  
TAATTCTTAATAAAATTACACATGCAAGTATCCGCGCCCCGGTGAGAA  
TGCCCTCCAGATCTTAAAGATCAAAAGGAGCAGGTATCAAGCACACCT  
ATAACGGTAGCTCATAACG
```

Bilaga 3

Data från de linderödsgrisar som användes i den här studien.

Gris-nr	Typ av provmaterial	Lyckad sekvensering/amplifiering?	Ort	Moderslinje	Kön	SK (Skåne)	SÖ (Södermanland)	HA (Halland)
SSC001**	Nässvabb	Nej	Sösådal***	N/A	female			
SSC002*	Nässvabb	Nej	Sösådal***	N/A	male			
SSC003*	Nässvabb	Nej	Klippan	N/A	male			
SSC004*	Nässvabb	Nej	Bjärred	N/A	female			
SSC007	Nässvabb	Ja	Molkom	N/A	female			
SSC009	Nässvabb	Nej	Bjärred	Skånes Djurparks Jenny (Founder Skåne)	female	77,25	13,25	9,5
SSC011	Nässvabb	Ja	Ballingslöv	N/A	male			
SSC017	Nässvabb	Ja	Alingsås	N/A	male			
SSC019	Nässvabb	Nej	Vederslöv	Skånes Djurparks Jenny (Founder Skåne)	male	78,25	11,25	10,5
SSC020	Nässvabb	Ja	Björklinge****	N/A	female			
SSC021	Nässvabb	Ja	Björklinge****	N/A	male			
SSC023	Nässvabb	Nej	Grisslehamn	N/A	male	80,25	11	8,75
SSC026	Nässvabb	Ja	Uppsala	N/A	female			
SSC029	Nässvabb	Nej	Sättila	Skånes Djurparks Jenny (Founder Skåne)	female			
SSC043	Nässvabb	Nej	Kristianstad	N/A	male			
SSC053**	Vävnadsprov	Ja	Hörby	Skånes Djurparks Jenny (Founder Skåne)	N/A	83,5	10	6,5
SSC054**	Vävnadsprov	Ja	Vollsjö	Skånes Djurparks Jenny (Founder Skåne)	N/A	81,5	9,5	9
SSC055**	Vävnadsprov	Ja	Sösådal	Skånes Djurparks Jenny (Founder Skåne)	N/A	77	11,875	11,125
SSC056	Vävnadsprov	Ja	Sösådal	Skånes Djurparks Jenny (Founder Skåne)	N/A	83,5	11	5,5
SSC057	Vävnadsprov	Ja	Sösådal	Skånes Djurparks Jenny (Founder Skåne)	male	81,25	8	10,75
SSC058	Vävnadsprov	Ja	Njurunda	Vätös Soellen (Founder Sörmland)	N/A	81	12	7
SSC059	Vävnadsprov	Ja	Uppsala	Vätös Soellen (Founder Sörmland)	N/A	79	12	9
SSC060	Vävnadsprov	Ja	N/A	Skånes Djurparks Jenny (Founder Skåne)	female	78,875	12,75	8,375
SSC061	Vävnadsprov	Ja	N/A	Vätös Soellen (Founder Sörmland)	female	78	13,875	8,125
SSC062	Vävnadsprov	Ja	Klippan	Skånes Djurparks Jenny (Founder Skåne)	N/A	85,125	7,875	7
SSC063	Vävnadsprov	Ja	Krylbo	Edenbergas Lilly (Founder Halland)	N/A	80,375	9,625	10
SSC064	Vävnadsprov	Ja	Urshult	Skånes Djurparks Jenny (Founder Skåne)	N/A	80,625	9,625	9,75
* = Sekvenserad enligt metod 4.1			*** = samma gård, ej beslätade					
** = Sekvenserad enligt både metod 4.1. och 4.2.			**** = samma gård, oklart släktskap					

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. Även om du inte publicerar fulltexten kommer den arkiveras digitalt. Om **fler** än en person har skrivit arbetet gäller krysset för samtliga författare. Du hittar en länk till SLU:s publiceringsavtal på den här sidan:

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

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

☐ NEJ, jag 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.