



Gener som påverkar fertilitet hos får

Clara Lundvall

Självständigt arbete • 15 hp
Sveriges lantbruksuniversitet, SLU
Institutionen för husdjurens biovetenskaper
Agronomprogrammet djur
Uppsala, 2026



Gener som påverkar fertilitet hos får

Genes that affect sheep's fertility

Clara Lundvall

| | |
|------------------------------|---|
| Handledare: | Anna Maria Johansson, Sveriges Lantbruksuniversitet, institutionen för husdjurens biovetenskaper |
| Examinator: | Susanne Eriksson, Sveriges Lantbruksuniversitet, institutionen för husdjurens biovetenskaper |
| Omfattning: | 15 hp |
| Nivå och fördjupning: | Grundnivå, G2E |
| Kurstitel: | Självständigt arbete i husdjursvetenskap, G2E |
| Kurskod: | EX0865 |
| Program/utbildning: | Agronomprogrammet djur |
| Kursansvarig inst.: | Institutionen för tillämpad husdjursvetenskap och välfärd |
| Utgivningsort: | Uppsala |
| Utgivningsår: | 2026 |
| Omslagsbild: | Clara Lundvall |
| Nyckelord: | Får, fertilitet, genetik, fruktsamhet, <i>GDF9</i> , <i>BMP15</i> , <i>BMPR1B</i> |

Sveriges lantbruksuniversitet

Fakulteten för veterinärmedicin och husdjursvetenskap

Institutionen för husdjurens biovetenskaper

Sammanfattning

Antalet lamm som varje tacka får vid ett enskilt tillfälle påverkar fåruppfödare och producenter i stor utsträckning. Både för få och för många lamm har en inverkan på lönsamhet, arbetsbörda och planering av avelsarbetet. Syftet med denna studie var att undersöka SNP-markörer inom tre gener, som tidigare visat sig vara kopplade till högre fruktsamhet, hos 12 olika svenska fårraser. Variation kunde påvisas för en mutation i *GDF9* hos tre av raserna. Ett statistiskt samband mellan förekomsten av variation och ett genomsnittligt högre antal lamm per tacka för dessa raser kunde påvisas ($p \approx 0,018$). Resultaten antyder att genetisk analys av *GDF9* inom besättningar kan vara till nytta vid avelsplanering. Avsaknaden av variation för de övriga generna innebär dock inte att variation saknas helt, utan kan indikera att alternativa varianter förekommer med låg frekvens och att behov av vidare forskning på ett större urval individer behövs.

Nyckelord: Får, fertilitet, genetik, fruktsamhet, *GDF9*, *BMP15*, *BMPR1B*

Abstract

The number of lambs each ewe gives birth to on a single occasion has a major impact on sheep breeders and producers. Both too few and too many lambs affect profitability, workload, and the planning of breeding programs. The aim of this study was to investigate SNP-markers within three genes, known to be associated with higher fecundity, in 12 different Swedish sheep breeds. Variation was found for one mutation in *GDF9* in three of the breeds. A statistically significant association between the occurrence of variation and a higher average number of lambs per ewe for these breeds could be proven ($p \approx 0,018$). The results suggest that genetic analysis for *GDF9* within herds may be useful in breeding planning. The absence of variation for the other genes does not mean variation does not exist but may indicate that alternative variants occur at a low frequency and that further research on a larger sample of individuals is needed.

Keywords: Sheep, fertility, genetics, fecundity, *GDF9*, *BMP15*, *BMPR1B*

Innehållsförteckning

| | |
|--|-----------|
| Förkortningar..... | 5 |
| 1. Bakgrund | 6 |
| 1.1. Fåret..... | 6 |
| 1.2. Raser | 6 |
| 1.3. Fertilitet | 8 |
| 1.4. Kända gener | 9 |
| 1.5. Syfte och frågeställningar | 11 |
| 2. Material och metod | 12 |
| 2.1. Litteratur..... | 12 |
| 2.2. Individer | 12 |
| 2.3. SNP-data | 13 |
| 2.4. Sammanställning och statistisk analys | 13 |
| 2.5. Jämförelse med rasstatistik | 13 |
| 3. Resultat..... | 14 |
| 3.1. Genotyper i populationen..... | 14 |
| 3.2. Allelfrekvenser | 15 |
| 3.3. Samband med rasstatistik | 15 |
| 4. Diskussion..... | 17 |
| 5. Slutsats | 19 |
| Referenser | 20 |
| Populärvetenskaplig sammanfattning..... | 23 |

Förkortningar

| | |
|--------------|---|
| BMPR1B | Bone morphogenetic protein receptor type-1B |
| BMP15 | Bone morphogenetic protein 15 |
| GDF9 | Growth differentiation factor 9 |
| FecX | Fecundity gene X |
| FecB | Fecundity gene Booroola |
| FecG | Fecundity gene G |
| TGF- β | Transforming growth factor-beta |
| SNP | Single nucleotide polymorphism |
| FSH | Follikelstimulerande hormon |
| LH | Luteiniserande hormon |
| B4GALNT2 | Beta-1,4 N-acetylgalactosaminyltransferas 2 |
| FecX2 | Fecundity gene X2 |
| FecL | Fecundity gene Lancune |
| IGF-1 | Insulin-like growth factor 1 |

1. Bakgrund

1.1. Fåret

I Sverige bedrivs uppfödning av får för produktion av både kött, ull och skinn, men även inom olika bevarandeprojekt av kulturraser samt på hobbynivå. Lammproduktionen för kött är relativt liten jämfört med andra länder. Enligt statistik från Food and Agriculture Organization of the United Nations (2024) över antalet får i jordbruket per land rankas Sverige på plats 114 av de 177 länder som inkluderas i tillgänglig data. Produktionen har även minskat under det senaste årtiondet från 218 000 slaktade lamm under 2013 till 168 000 slaktade lamm år 2024. Även antalet företag som håller får i Sverige har minskat, från 8 900 företag år 2013 till 7 800 företag år 2024 (Jordbruksverket 2025). I Sverige finns ett trettiotal fårraser och högre fruktsamhet ingår som avelsmål i olika utsträckning hos majoriteten av raserna. För våra svenska allmogeraser ingår även bevarandet av genetisk variation i de flesta avelsprogrammen (Svenska Fåravelsförbundet 2024a). Bevarandet av genetisk variation är av stor vikt för framtida möjligheter att bedriva ett etiskt hållbart avelsarbete samt bevarande av biologisk mångfald (Groeneveld et al. 2010).

1.2. Raser

Allmogeraser i Sverige bevaras med hjälp av genbanker sedan cirka 30 år tillbaka. Genom ökad uppmärksamhet och kunskap har tio genetiskt skilda raser kunnat identifieras med ursprung i olika orter i Sverige. Dala pälsfår, fjällnäsfår, gestrikefår, helsingefår, klövsjöfår, roslagsfår, svärdsjöfår, tabacktorpsfår, värmlandsfår och åsenfår. Trots många likheter inom allmogeraserna har lokal och relativt sluten reproduktion resulterat i distinkt skilda egenskaper (Föreningen Svenska Allmogefår 2026). Sju av allmogeraserna som ingick i denna studie tillsammans med fyra andra svenska raser, samt en importerad ras, beskrivs nedan (se tabell 1).

Dala pälsfår har, som namnet antyder, hållits för användningen av skinn och päls. Genbank för dala pälsfår startades 1997 och år 2025 fanns 166 tackor i 20 besättningar registrerade. Även gestrikefår har varit av värde för sin ull till olika former av hantverk och år 2025 fanns det 276 tackor och 31 besättningar registrerade. Helsingefår har en något större population registrerad, år 2025 på 152 besättningar och 1 098 tackor (Svenska Fåravelsförbundet & Elitlamm 2025). I beskrivningen av rasen nämns dels deras pälskvalitet, men även att upp till 3 lamm per tacka förekommer relativt ofta. Klövsjöfår härstammar från Jämtland och även här nämns ett något högre antal lamm per tacka, vanligt förekommande är 2 till 3 lamm men även upp till 4 lamm (Svenska Fåravelsförbundet 2024a).

Populationen låg år 2025 på 100 besättningar och 849 tackor. Roslagsfårets ursprung har kunnat spåras till 1700-talet och rasen bestod år 2025 av 46 besättningar och 311 tackor. Populationen av värmlandsfår är den största av nämnda allmogeraser och bestod år 2025 av 1535 tackor i 159 besättningar. Svärdsjöfår var år 2025 tillsammans med raserna fjällnäsfår och tabackatorpsfår de tre minsta populationerna av allmogefårraser, samtliga låg på under 100 tackor. Svärdsjöfåren bestod av 86 tackor i 21 besättningar (Svenska Fåravelsförbundet & Elitlamm 2025).

Övriga svenska raser som ingick i denna studie är ryafår, gotlandsfår, finullsfår och gutefår. Ryafåret är en nordeuropeisk lantras som varit extra attraktiv för sin pälskvalitet. Populationen av ryafår i Sverige bestod 2025 av 610 avelstackor i 62 besättningar. Populationen av gotlandsfår i Sverige är betydligt större än de tidigare nämnda raserna och består av cirka 14 000 tackor i 546 besättningar (Svenska Fåravelsförbundet & Elitlamm 2025). Gotlandsfår är väl anpassade till både kött- och pälsproduktion. Tackorna föder oftast 2 lamm, men 3 lamm förekommer också. Även finullsfåret har nordeuropeiskt ursprung och som namnet antyder har användningen av dess ull varit värdefull tillsammans med andra egenskaper som hög mjölkproduktion, fruktsamhet och hög sammanlagd lammvikt per tacka och år (Svenska Fåravelsförbundet 2024a). År 2025 bestod finullsfårens population av 4 610 tackor i 213 besättningar. Populationen av gutefår är även den relativt stor och bestod år 2025 av 130 besättningar och närmare 2 000 tackor i avel (Svenska Fåravelsförbundet & Elitlamm 2025).

Texel, den sista rasen som ingår i studien, är en importerad ras med ursprung i Nederländerna. Rasen har varit attraktiv för köttproduktion då lammen har hög lammtillväxt och tackorna hög mjölkproduktion, samt goda modersegenskaper. Detta har gjort att texel nu är den mest använda köttrasen i Sverige (Svenska Fåravelsförbundet 2023). År 2025 bestod texelpopulationen av 1 595 tackor i avel i 94 besättningar (Svenska Fåravelsförbundet & Elitlamm 2025).

Tabell 1. Överblick av totalt antal tackor, antal renrasiga lamm och antal besättningar i Sverige för samtliga raser i denna studie (Svenska Fåravelsförbundet & Elitlamm 2025).

| Ras | Tackor | Lamm | Antal besättningar |
|--------------|--------|-------|--------------------|
| Dala pälsfår | 166 | 244 | 20 |
| Finullsfår | 4610 | 6066 | 213 |
| Gestrikefår | 276 | 536 | 31 |
| Gotlandsfår | 13963 | 24193 | 546 |
| Gutefår | 1983 | 2935 | 130 |
| Helsingefår | 1098 | 1933 | 152 |
| Klövsvjölfår | 849 | 1796 | 100 |
| Roslagsfår | 311 | 382 | 46 |
| Ryafår | 610 | 1110 | 62 |
| Svärdsjöfår | 86 | 150 | 21 |
| Texelfår | 1595 | 2207 | 94 |
| Värmlandsfår | 1535 | 2765 | 159 |

1.3. Fertilitet

Fruktksamhet och fertilitet hos däggdjur är ett komplext system. En fungerande reproduktion är också den egenskap som väger tyngst för lönsamheten inom produktionen (Kumm & Jardstedt 2024). Fertilitetsegenskaper har generellt låg arvbarhet, och enskilda gener förklarar endast en liten del av den variation som finns. Flera olika genetiska effekter som dominans och epistasi spelar in. Detta gör att traditionell avelsvärdering kan vara svår och tidskrävande. Avelsvärdering med hjälp av genomisk information kan ge snabbare och mer tillförlitliga resultat för reproduktionen inom lammproduktion (Abdoli et al. 2016).

Med begreppet fertilitet avses i denna studie den faktiska fruktsamheten, alltså antalet avkommor som föds. Fertilitet kan mätas i antal lamm per år, antal lamm per kull samt antal kullar per år. En av de viktigaste egenskaperna som påverkar dessa nyckeltal är ägglossningsfrekvens. Detta avser hur många oocyter som mognar till äggceller och frisätts vid ovulation och under vilket tidsintervall (Notter 2008). Hos får finns det flertalet kända gener kopplade till ett omfattande antal fysiologiska funktioner som har inverkan på olika fertilitetsegenskaper. Däribland kullstorlek, brunstegenskaper samt ägglossningsfrekvens med flera. Dessa kan vara användbara parametrar vid värdering och val av avelsdjur då det påverkar resultatet för kilo producerat lammkött per tacka och har alltså direkt inverkan på lönsamheten. Det är inte givet att fler lamm är önskvärt för alla producenter då det ofta innebär mer arbete (Kumm & Jardstedt 2024). Däremot är förutsägbarheten inför lamning en viktig aspekt för planering av arbete, utrymmen och övriga tillgångar. Förutsägbarhet i produktionen är en viktig parameter för att driva en hållbar produktion där planering och användning av dyrbara resurser kommer till maximal nytta. Det gäller även antalet lamm. Tillgång till mer avelsvärden från genetiska tester kan hjälpa producenter att uppnå önskade och förutsägbara nivåer i produktionen rörande fertilitetsegenskaper. Svensk avelsvärdering bygger i huvudsak på traditionella metoder som fenotypiska data och information om härstamning, och olika genomiska metoder används i mycket begränsad utsträckning (Svenska Fåravelsförbundet 2024b). För att kunna se utveckling inom fårproduktion och önskade resultat av avel för förbättring av viktiga egenskaper måste det finnas genetisk variation mellan individerna inom populationen. Om ingen variation finns, det vill säga att alla bär på samma alleler för en viss egenskap, kommer egenskapen inte att förändras genom vare sig avel eller naturlig selektion (Nationalencyklopedin u.å.).

1.4. Kända gener

Tidigare forskning har identifierat ett flertal gener som har inverkan på olika fertilitetsegenskaper hos får. *Bone morphogenetic protein 15 (BMP15)*, *Bone morphogenetic protein receptor type-1B (BMPRI1B)* och *Growth differentiation factor 9 (GDF9)* är tre tidigare identifierade gener associerade med fertilitetsegenskaper hos däggdjur och har även identifierats hos flera fårraser (Getaneh et al. 2024). De tre generna – *BMP15*, *BMPRI1B* och *GDF9* – ingår tillsammans i superfamiljen *TGF-β (transforming growth factor-beta)* och har gemensamt en dokumenterad inverkan på ovulationsantalet och därav inverkan på kullstorleken hos får. TGF-β är en samling polypeptida tillväxtfaktorer som har en bred inverkan på viktiga funktioner som cellproliferation, celldifferentiering och celldöd. Detta inkluderar även reproduktionsorganens celler och utveckling (Massagué 1998).

BMP15, eller *Fecundity gene X (FecX)* som den också benämns, är en gen bunden till X-kromosomen och som kodar för signalproteinet BMP15. Enligt Hameed Ajafar et al. (2022) har 8 olika varianter av mutationer hittills kunnat identifieras i *BMP15*-genen. BMP15 är ett signalprotein som främst förekommer i oocyter och uttrycks i primärfolliklar och senare faser då lager av granulosa-celler börjar att bildas. Proteinet ökar proliferation av granulosa-cellerna och stimulerar även produktionen av mRNA som kodar för stamcells-faktorer som är viktiga för den tidiga utvecklingen av folliklar (Fabre et al. 2006). BMP15 reglerar effekterna från FSH på granulosa-cellerna genom att hämma produktion av progesteron, utan att påverka produktionen av östradiol. Detta förhindrar till viss del mognaden samtidigt som det stimulerar celledelning. Detta gör att individer som är heterozygota för vissa varianter av *BMP15*-genen, och därmed har en minskad produktion av biologiskt aktivt BMP15-protein, i stället får ett högre antal FSH-receptorer på granulosa-cellerna. Resultatet blir att fler folliklar mognar till äggceller och till slut frigörs vid ovulationen (Otsuka & Shimasaki 2002). Individer med mutationer i *BMP15* uppvisar i varierande utsträckning, beroende på individ och ras, normal eller ökad oocytutveckling i äggstockarna (Najafabadi et al. 2021). Däremot kan vissa varianter av *BMP15*-mutationer resultera i sterilitet alternativt reducerad fertilitet hos får med homozygot genuppsättning. Dessa får saknar helt biologiskt aktivt BMP15-protein och dess effekter på tidig follikeltillväxt uteblir. Utan signalproteinet BMP15 växer ej granulosa-cellerna till normalt. Detta gör att oocyten inte får tillräckligt med stöd och i stället dör och degenererar (Galloway et al. 2000).

BMPRI1B, även kallad *Fecundity gene Booroola (FecB)*, upptäcktes ursprungligen hos rasen Booroola Merino, och bärare har visat ett ökat antal mogna oocyter per ägglossning och producerat fler lamm per kull. Genen är lokaliserad på kromosom 6 och flera olika mutationer har identifierats. Mutationen orsakar en aminosyraändring (Q249R) i en del av receptorproteinet

BMPR1B och påverkar dess signaleringsförmåga. BMPR1B är en receptor som ingår i TGF- β -signalvägen och som i sin tur påverkar aktiviteten av SMAD1 och SMAD5, vilka är intracellulära signalproteiner. SMAD1 och SMAD5 påverkar genuttryck vid celledning och celldifferentiering och spelar en essentiell roll i embryoutveckling och ovariefunktion hos många däggdjur. I äggstockarna påverkar SMAD1 och SMAD5 granulosaacellernas känslighet för FSH under tidig mognad och kan resultera i att fler oocyter mognar och frisätts (Wilson et al. 2001). Till skillnad från mutationer i *BMP15* genen så är effekten additiv. Vid nedärvning av en kopia av genen kan antalet oocyter som mognar öka med 1,5 stycken. Vid nedärvning av två kopior, det vill säga en från varje förälder, kan antalet i stället öka med 3 stycken, vilket kan resultera i cirka 1–1,5 fler lamm per kull (Davis 2005)

GDF9, även kallad *Fecundity gene G (FecG)*, är en gen som har en essentiell roll i äggstocksutveckling och mognad av folliklar. GDF9-proteinet ingår också i TGF- β -signalvägen och påverkar tillsammans med BMP15 tidig follikelutveckling. I en studie av Juengel et al. (2002), där GDF9 blockerades med antikroppar, stannade follikelutvecklingen av i primärstadiet och studien fann att GDF9 verkade påverka differentieringen av granulosaaceller på ett liknande sätt som BMP15, men med lite andra signalvägar. GDF9, till skillnad från BMP15, verkar i stället hämmande på stamcells faktorer samt minskar granulosaacellernas produktion av både progesteron och östradiol. GDF9 har även visats göra specifika typer av granulosaaceller mindre känsliga för LH, vilket påverkar mognaden av folliklar i ett senare stadium (Fabre et al. 2006). Individer med homozygot genotyp av mutationer inom *GDF9* visar liknande problem med infertilitet som individer med homozygot genuppsättning av vissa varianter av *BMP15*-mutationer (Bodin et al. 2007).

Utöver dessa gener finns ett stort antal andra potentiella gener samt fler varianter av mutationer i redan kända gener som studeras för att bekräfta inverkan på fertilitetsegenskaper hos får (Davis 2004). Getaneh et al. (2024) nämner flera kandidatgener vars funktioner kan vara av intresse för vidare analys i forskning. Däribland finns gener som på olika sätt påverkar fårens reproduktiva beteenden som brunstsäsong, uttryck av brunst, reproduktionscykelegenskaper men också fler gener som påverkar just oocytutveckling och ägglossningen i olika skeden. Även gener kopplade hanliga reproduktionsegenskaper har upptäckts, som exempelvis testikelutveckling och spermavolym.

Exempel på några andra gener kopplade till fertilitet hos får är bland annat *Woodlands-genen*, även kallad *FecX2*. Nedärvningen av denna gen är X-bunden och moderligt präglad. Detta innebär att genen uttrycks när den är nedärvd via baggen men inte via tackan. Vidare kommer endast baggar som ärvt genen via en tacka att ge avkommor med hög ovulationsfrekvens. Vid homozygot genotyp har tackor fortfarande fungerande reproduktion (Davis 2004). *Lacaune-genen*, även

kallad *FecL*, har också visat sig påverka ovulationsfrekvensen hos får. Effekten av mutationen är additiv och vid en kopia av mutationen kan antalet ägg vid ägglossning öka med ett snitt på 1 ägg och orsakar inte heller sterila tackor vid homozygota genotyper (Drouilhet et al. 2009). Det finns även gener med mer indirekt inverkan på fertilitetsegenskaper hos får. *IGF-1*-genen påverkar produktionen av peptidhormonet IGF-1 som har en välkänd viktig inverkan på både laktation, juvertillväxt, lamm tillväxt och reproduktionsegenskaper hos både hanar och honor. Hormonet samverkar bland annat med FSH för att stimulera tillväxt och mognad av folliklar (Sebastiano et al. 2020). Detta är bara ett axplock av gener kopplade till fertilitetsegenskaper som nämns i forskning utöver de tre generna – *BMP15*, *BMPRI1B* och *GDF9* – som denna studie kommer att fokusera på.

1.5. Syfte och frågeställningar

Syftet med denna studie är att identifiera i vilken utsträckning det finns genetisk variation i generna *BMP15*, *BMPRI1B* och *GDF9* hos några av våra svenska fårraser. Om genetisk variation påvisas kommer frekvensen av olika alleler att analyseras. Studien syftar även till att utvärdera vilken betydelse denna information kan ha för avelsarbetet samt hur dessa egenskaper kan nyttjas inom svenska fårbesättningar. Fokus för detta arbete kommer att ligga på gener som påverkar honliga fertilitetsegenskaper, men då dessa gener även nedärvs via hanar har prover från baggar också inkluderats. Frågeställningarna som detta arbete utgår ifrån är följande.

- Förekommer genetisk variation i generna *BMP15*, *BMPRI1B* och *GDF9*?
- Om variation förekommer, vilken allelfrekvens finns i hela populationen samt inom de olika raserna?
- Kan ett statistiskt samband mellan förekomsten av alternativa varianter och ett högre genomsnittligt antal lamm per tacka påvisas?

2. Material och metod

Materialet bestod av relevant vetenskaplig litteratur samt tidigare insamlad SNP-data. Insamlingen av data har skett i samband med andra projekt och ingick inte i detta arbete. Den data som analyserats kommer därför att beskrivas som en del av materialet i studien. Vidare beskrivs även de metoder som användes för sammanställning och statistisk analys av SNP-data.

2.1. Litteratur

Studien inleddes med att läsa och sammanfatta litteratur för att identifiera kända gener och genetiska markörer kopplade till fertilitetsegenskaper hos får. Fokus låg på väldokumenterade gener med betydelse för fertilitet hos olika raser av får, däribland de tre generna som ingick i den SNP-data som analyserades.

Litteratursökningen genomfördes i databaserna Scopus, Web of Science samt Primo. Sökorden som användes inkluderade "sheep", "fertility", "fecundity", "genetics", "genes" kombinerade med olika booleska operatorer. Även sökningar baserade på de specifika generna ("BMP15", "BMPR1B" och "GDF9") som sökord inkluderades. Sökningen avgränsades genom att exkludera litteratur rörande fertilitet hos andra arter trots liknande genetiska mekanismer eller korrelerande egenskaper. Avgränsning gjordes även från litteratur kring gener som påverkar fertilitetsegenskaper hos baggar.

2.2. Individer

Totalt 44 olika besättningar och 12 olika raser ingick. Individerna som ingick bestod till största delen av tackor (n=146) men även ett mindre antal baggar (n=11) inkluderades.

Tabell 2. Genotypade individer, ras, antal tackor, antal baggar, totalt antal får, fördelning i besättningar. Information om kön saknades för 1 respektive 3 individer av raserna gotlandsfår och ryafår*.

| Ras | Tackor | Baggar | Totalt | Ingick i besättningarna |
|--------------|--------|--------|--------|-----------------------------|
| Dala pälsfår | 5 | 0 | 5 | 38, 40 |
| Finullsfår | 33 | 2 | 35 | 3, 11, 22, 26, 28, 29, 33 |
| Gestrikefår | 2 | 0 | 2 | 19, 42 |
| Gotlandsfår | 9 | | 10* | 2, 6, 13 |
| Gutfår | 32 | 3 | 35 | 1, 7, 9, 14, 16, 17, 24, 44 |
| Helsingefår | 6 | 0 | 6 | 20, 30, 31 |
| Klövsjöfår | 10 | 4 | 14 | 8, 21, 25, 27, 34 |
| Roslagsfår | 6 | 0 | 6 | 10 |
| Ryafår | 14 | | 17* | 4, 5, 12, 32, 39 |
| Svärdsjöfår | 3 | 0 | 3 | 15, 23, 43 |
| Texelfår | 9 | 1 | 10 | 1, 35, 36, 41 |
| Värmlandsfår | 14 | 1 | 15 | 18, 37 |

2.3. SNP-data

Materialet bestod av SNP-data med 17 markörer för tre kända gener: *BMP15*, *BMPRI1B* samt *GDF9*. Totalt inkluderades 157 individer. Proverna har samlats in från ett brett urval av besättningar och raser från olika områden i Sverige.

Proverna bestod av både blodprov och andra typer av vävnadsprover. Insamlingen av prover skedde över en längre tidsperiod, många av proverna togs redan år 2013. I *BMP15* analyserades 10 markörer, 1 markör analyserades i *BMPRI1B* och totalt 6 markörer i *GDF9*. Detta motsvarar sammanlagt 17 olika SNP-markörer per individ. Detta ger totalt 2 669 genotyper som analyserades med avseende på genetisk variation, dock saknades totalt två provsvar vilket, resulterade i totalt 2 667 genotyper (se tabell 3).

2.4. Sammanställning och statistisk analys

Data från SNP-chip importerades till Excel för sammanställning och granskning. Varje individ analyserades med avseende på genotyper för varje genetisk variant. Antalet individer per genotyp noterades. För gener där variation påvisades beräknades allelfrekvenser för samtliga 157 individer samt frekvensen inom de raser där variationen fanns.

2.5. Jämförelse med rasstatistik

Med information från Elitlamms rasstatistik från år 2025 beräknades ett genomsnittligt antal lamm per tacka inom samtliga 12 raser. Beräkningen gjordes utifrån antalet lamm delat med antalet tackor under kategorin *betäckta med samma ras* för att enbart räkna på renrasiga kombinationer och avkommor. Snittantalet per ras beräknades och för de raser där snittet låg på över 2,0 lamm per tacka gjordes en jämförelse med i vilka raser variation förekom för att se eventuella samband. Ett Fishers exakta test utfördes för att fastställa signifikansnivån av detta. Testet ställdes upp med grupperna *ingen mutation* respektive *mutation*, och utfallen *över 2,0 lamm* och *under 2,0 lamm* (se tabell 6).

3. Resultat

I följande kapitel presenteras resultat från samtliga SNP-markörer. Analys av SNP-data, den statistiska analysen av allelfrekvenser samt eventuellt samband mellan förekommande genotyper och rasstatistik har sammanfattats.

3.1. Genotyper i populationen

Genotyper i hela populationen i generna *BMP15*, *BMPR1B* och *GDF9* har sammanfattats i tabell 3. Variation kunde endast påvisas för en markör, rs403536877, i genen *GDF9* där två alleler, C och T, och tre olika genotyper – C/C, T/C och T/T – förekom. Alla andra varianter i de tre generna var homozygota och ingen genetisk variation kunde påvisas hos några individer eller raser. Genetisk information från två prover i *BMP15* AX-173681916 saknades hos två tackor (en av rasen dala pälsfår, besättning 40 samt ett texelfår, besättning 36).

Tabell 3. Sammanfattning av genotyper från alla raser för samtliga 17 SNP-markörer. Gen, SNP-referensnummer, RS-nummer, kromosom, antal av varje genotyp samt eventuella anmärkningar. Prover där genetisk variation förekom är mörkmarkerade.

| Gen | SNP-ref nr. | RS nr. | Krm. | Genotyper (antal) |
|---------------|--------------|-------------|------|---|
| <i>BMP15</i> | AX-579257677 | - | X | C/C 157 |
| <i>BMP15</i> | AX-180660624 | rs425019156 | X | G/G 157 |
| <i>BMP15</i> | AX-173681916 | - | X | C/C 155 |
| <i>BMP15</i> | AX-272247004 | - | X | T/T 157 |
| <i>BMP15</i> | AX-173853745 | - | X | G/G 157 |
| <i>BMP15</i> | AX-272246972 | - | X | C/C 157 |
| <i>BMP15</i> | AX-413838016 | - | X | TGCTACACTAGC/TGCTACACT AGC 157 |
| <i>BMP15</i> | AX-390307485 | rs421419167 | X | GGGCTTTTCTGGACCCA/GGGC TTTTCTGGACCCA 157 |
| <i>BMP15</i> | AX-174104073 | rs413916687 | X | G/G 157 |
| <i>BMP15</i> | AX-413837907 | - | X | T/T 157 |
| <i>BMPR1B</i> | AX-284860383 | rs418841713 | 6 | T/T 157 |
| <i>GDF9</i> | AX-390220239 | - | 5 | T/T 157 |
| <i>GDF9</i> | AX-710435476 | - | 5 | AGAT/AGAT 157 |
| <i>GDF9</i> | AX-413837860 | - | 5 | G/G 157 |
| <i>GDF9</i> | AX-390306060 | rs109275562 | 5 | A/A 157 |
| <i>GDF9</i> | AX-180660628 | rs403536877 | 5 | C/C 148 T/C 8 T/T 1 |
| <i>GDF9</i> | AX-390220243 | - | 5 | G/G 157 |

3.2. Allelfrekvenser

Variation fanns i markören rs403536877 i *GDF9* hos tre av de analyserade raserna. Ett ryafår hade den alternativa genotypen T/C. Totalt sju finullsfår hade genotypen T/C och ett gestrikefår hade den homozygota genotypen T/T. Resterande raser hade genotypen C/C. Allelfrekvenserna för *GDF9* (rs403536877) var 3,18 % för allelen T och 96,8 % för allelen C. Allelfrekvenserna för *GDF9* (rs403536877) bland ryafåren var 2,94 % för allelen T och 97,06 % för allelen C. Allelfrekvenser för *GDF9* (rs403536877) hos finullsfåren var 10 % för allelen T och 90 % för allelen C. Hos gestrikefåren fanns ett får som var homozygot för allelen T och ett för allelen C.

Tabell 4. Sammanställning av allelfrekvenser för *GDF9* (rs403536877).

| Kategori | Antal | Allel T | Allel C |
|-------------|-------|---------|---------|
| Ryafår | 17 | 2,94 | 97,06 |
| Finullsfår | 35 | 10 | 90 |
| Gestrikefår | 2 | 50 | 50 |
| Totalt | 157 | 3,18 | 96,8 |

3.3. Samband med rasstatistik

Resultatet från beräkningen av snittantalet renrasiga lamm per renrasig tacka baserades på statistik från Svenska Fåravelsförbundet & Elitlamm (2025) för samtliga raser. För fyra av raserna låg snittet på över 2,0 lamm per tacka. Tre av dessa raser – ryafår, finullsfår och gestrikefår – var de raser där variation i genen *GDF9* (rs403536877) kunde påvisas. Även klövsjöfår, där ingen genetisk variation fanns, låg på ett snitt över 2,0 lamm per tacka.

Tabell 5. Sammanställning av statistik från Elitlamm över antalet lamm, antal tackor snittantal lamm per tacka för samtliga raser. Raser med ett snitt över 2,0 är markerade i fetstilt och raser där variation för *GDF9* rs403536877 förekom är mörkt markerade.

| Ras | lamm | tackor | Snitt lamm/tacka |
|--------------------|-------------|-------------|------------------|
| Dala pälsfår | 244 | 164 | 1,49 |
| Finullsfår | 6066 | 2502 | 2,42 |
| Gestrikefår | 536 | 263 | 2,04 |
| Gotlandsfår | 24 193 | 12 679 | 1,91 |
| Gutfår | 2935 | 1847 | 1,59 |
| Helsingefår | 1933 | 1032 | 1,87 |
| Klövsjöfår | 1796 | 791 | 2,27 |
| Roslagsfår | 382 | 277 | 1,38 |
| Ryafår | 1110 | 529 | 2,10 |
| Svärdsjöfår | 150 | 84 | 1,79 |
| Texelfår | 2207 | 1359 | 1,62 |
| Värmlandsfår | 2765 | 1472 | 1,88 |

Med hjälp av ett Fishers exakta test kunde sambandet mellan variation i genen *GDF9* (rs403536877) och att få över 2,0 lamm per tacka beräknas. Signifikansen beräknades till $p \approx 0,018$ vid beräkning med ensidigt test och $p \approx 0,036$ vid tvåsidigt test. Båda resultaten är statistiskt signifikanta vid signifikansnivån 5%.

Tabell 6. Uppställningen av Fisher-exakt test för samband med rasstatistik.

| | Över 2,0 lamm | Under 2,0 lamm | Totalt |
|----------------|---------------|----------------|--------|
| Mutation | 3 | 0 | 3 |
| Ingen mutation | 1 | 8 | 9 |
| Totalt | 4 | 8 | 12 (n) |

4. Diskussion

Syftet med denna studie var att identifiera i vilken utsträckning det finns genetisk variation i generna *BMP15*, *BMPRI1B* och *GDF9* och sedan analysera allelfrekvenser samt samband mellan genotyper och fenotyper. 17 olika SNP-markörer analyserades hos totalt 157 får av olika raser. Av dessa markörer var det endast en SNP (rs403536877) i genen *GDF9* som visade genetisk variation hos tre av raserna. Att ingen variation kunde påvisas i de övriga 16 SNP-markörerna som undersöktes betyder inte att variation inte finns, utan att det kan finnas genetisk variation i låg frekvens som inte kunde påvisas på grund av ett för lågt antal individer. För raserna med ett något större antal provtagna individer på fler än 10 – gutefår, klövsjöfår, värmlandsfår – är det en trovärdigare indikation på låg förekomst av variation. På liknande sätt kan förekomsten av variation hos de raser med färre än 10 individer tolkas som en stark indikation på relativt hög förekomst av alternativa genotyper.

Endast två gestrikefår ingick i analysen, och ett var homozygot för T/T i *GDF9* (rs403536877). Då endast två individer ingick i analysen är det svårt att dra några slutsatser, men resultatet visar att variation förekommer och teoretiskt borde även heterozygoter förekomma i någon utsträckning. Ett större antal prover från gestrikefår skulle mest sannolikt innehålla variation i *GDF9* (rs403536877) men inte nödvändigtvis med 50 % allelfrekvens för båda allelerna T och C. Ett antagande kan göras genom att jämföra med resultatet av allelfrekvensberäkningen för de andra två raserna, ryafår och finullsfår. Där antalet individer är betydligt fler och indikerar en betydligt lägre, och eventuellt en mer rimlig skattning, av allelfrekvenser för genotyper där den alternativa allelen förekommer. För raserna finullsfår och ryafår med 35 respektive 17 individer kan resultatet tolkas som en ganska trovärdig skattning av allelfrekvenserna inom populationerna. Även här kan prover från fler individer vara nödvändigt för att få en mer exakt bild av variationen inom populationen.

Tre av fyra raser vars lamningsstatistik visade på ett snitt över 2,0 lamm/tacka var också de raser där det fanns variation inom genen *GDF9* (rs403536877). Den statistiska signifikansen tyder också på att det finns ett samband mellan alternativa alleler och ett ökat antal lamm. Den ökade kullstorleken kan också bero på andra miljömässiga faktorer i produktionen eller andra inblandade gener. Fler genetiska analyser på andra SNP-markörer samt miljömässiga data från produktionen kopplade till fertilitet skulle behövas för att helt utesluta andra orsaker. I en liknande studie av Najafabadi et al. (2021) undersöktes förekomsten av mutationer i genen *BMP15* i en besättning på 251 får med dels renrasiga får av finsk lantras samt två olika blandraster. Även här beräknades sambandet mellan förekomst av mutationer i *BMP15* med statistik över antalet lamm per tacka i besättningen. Variation inom genen kunde påvisas

hos samtliga raser, men ett signifikant samband med ökad kullstorlek kunde endast ses hos en av blandraserna. Forskarna föreslog att detta kunde bero på det begränsade antalet individer i studien, likt denna studie, men även att mutationens fenotypiska effekt kan variera mellan raser av olika genetisk bakgrund. En viktig aspekt att ha i åtanke är att denna studie, till skillnad från Najafabadi et al. (2021), endast utfördes på renrasiga får och endast använde statistik över renrasiga får och lamm från Svenska Fåravelsförbundet & Elitlamm (2025). En begränsning med användningen av Fishers exakta test vid analys av sambandet mellan förekomsten av alternativa varianter i genen *GDF9* (rs403536877) och antal lamm per tacka är användningen av *2,0 lamm* som gränsvärde. Detta gjorde att närliggande värden som till exempel gotlandsfårens 1,91 lamm per tacka hamnade i en annan kategori trots liten skillnad i fenotypvärde. Även grupperna *ingen mutation* och *mutation* gör att ingen hänsyn kan tas till olika allelfrekvenser inom respektive ras. Användningen av Fishers exakta test bedömdes ändå vara ett rimligt val med hänsyn till det begränsade datamaterialet samt det låga antalet genotypade individer inom vissa raser.

Bredare kunskap om vilka anlag eventuella avelsdjur bär på och för vidare till nästa generation är av stor vikt. Inte minst för de raser vars population och genetiska variation är hotad. Om rasen har bärare av *GDF9*-varianten som ökar fruktsamheten kan det nyttjas för att öka eller minska antalet lamm i populationen. I samtliga allmogeraser nämns bevarande av genetiskt värdefulla djur och att förhindra att vissa genetiska linjer blir överrepresenterade (Svenska Fåravelsförbundet 2024a). Tillgång till provtagning för kända gener som påverkar fertiliteten skulle kunna förenkla avelsplanering och möjligheten att förutspå fruktsamhet samt undvika infertilitet vid exempelvis homozygoti. Traditionell avel utan provtagning har visats vara mer tidskrävande för att uppnå förbättring inom en population. Detta då fertilitet och fruktsamhet är en komplexa egenskaper och flera gener av olika vikt påverkar resultatet (Abdoli et al. 2016). Analyser över hur fertilitet påverkas av kombinationer av flera gener, men också hur andra hälsoegenskaper påverkas av gener kopplade till fertilitet, är också ett viktigt område för vidare forskning. För fortsatt forskning är det även viktigt ur ett etiskt perspektiv att granska eventuella kopplingar mellan en ökad kullstorlek och högre lammdödlighet. Därför kan all tillgänglig genetisk information vara betydelsefull för att optimera både avel och produktion på ett hållbart sätt.

Sammantaget visar denna studie att fortsatt forskning och analys av gener som påverkar fårens fertilitet kan utgöra ett potentiellt viktigt verktyg för framtida avelsarbete.

5. Slutsats

Variation kunde påvisas i genen *GDF9*, där tidigare forskning visat att vissa mutationer kan öka antalet lamm per tacka. Även i denna studie kunde ett samband mellan mutationen rs403536877 och ett högre genomsnittligt antal lamm per tacka visas. Vid tillgänglig analys av SNP-markörer för genotyper i *GDF9* (rs403536877) i besättningar kan fårägare och producenter få tillgång till användbar information som kan underlätta avelsplaneringen, göra lamningssäsongen mer förutsägbar och eventuellt minska antalet infertila tackor. Mer forskning och provtagning på ett större urval individer av samtliga svenska raser behövs. Detta för att utesluta viss osäkerhet i de resultat som det låga antalet individer i denna studie medförde och även för att fortsätta söka efter variation inom de andra två generna då det fortfarande kan förekomma, om än sällsynt, trots att inga fynd gjorts i denna studie.

Referenser

- Abdoli, R., Zamani, P., Mirhoseini, S.Z., Ghavi Hossein-Zadeh, N. & Nadri, S. (2016). A review on prolificacy genes in sheep. *Reproduction in Domestic Animals = Zuchthygiene*, 51 (5), 631–637. <https://doi.org/10.1111/rda.12733>
- Bodin, L., Di Pasquale, E., Fabre, S., Bontoux, M., Monget, P., Persani, L. & Mulsant, P. (2007). A Novel Mutation in the Bone Morphogenetic Protein 15 Gene Causing Defective Protein Secretion Is Associated with Both Increased Ovulation Rate and Sterility in Lacaune Sheep. *Endocrinology*, 148 (1), 393–400. <https://doi.org/10.1210/en.2006-0764>
- Davis, G.H. (2004). Fecundity genes in sheep. *Animal Reproduction Science*, 82–83, 247–253. <https://doi.org/10.1016/j.anireprosci.2004.04.001>
- Davis, G.H. (2005). Major genes affecting ovulation rate in sheep. *Genetics, selection, evolution: GSE*, 37 Suppl 1 (Suppl 1), S11-23. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-37-S1-S11>
- Drouilhet, L., Lecerf, F., Bodin, L., Fabre, S. & Mulsant, P. (2009). Fine mapping of the FecL locus influencing prolificacy in Lacaune sheep. *Animal Genetics*, 40 (6), 804–812. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2009.01919.x>
- Fabre, S., Pierre, A., Mulsant, P., Bodin, L., Di Pasquale, E., Persani, L., Monget, P. & Monniaux, D. (2006). Regulation of ovulation rate in mammals: contribution of sheep genetic models. *Reproductive Biology and Endocrinology*, 4 (1), 20. <https://doi.org/10.1186/1477-7827-4-20>
- Food and Agriculture Organization of the United Nations (2024). *FAOSTAT: Live Animals - Stocks*. <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL> [2026-05-21]
- Föreningen Svenska Allmogefår, F.S.A. (2026). *Svenska Allmogefår*. <https://allmogefar.se/allmogefaar-2> [2026-04-17]
- Galloway, S.M., McNatty, K.P., Cambridge, L.M., Laitinen, M.P.E., Juengel, J.L., Jokiranta, T.S., McLaren, R.J., Luiro, K., Dodds, K.G., Montgomery, G.W., Beattie, A.E., Davis, G.H. & Ritvos, O. (2000). Mutations in an oocyte-derived growth factor gene (BMP15) cause increased ovulation rate and infertility in a dosage-sensitive manner. *Nature Genetics*, 25 (3), 279–283. <https://doi.org/10.1038/77033>
- Getaneh, M., Taye, M., Alemayehu, K., Haile, A., Getachew, T. & Ayalew, W. (2024). A review on candidate genes associated with sheep fertility traits: Implications for genetic improvement of indigenous sheep breeds in developing countries. *Ecological Genetics and Genomics*, 31, 100243. <https://doi.org/10.1016/j.egg.2024.100243>
- Groeneveld, L.F., Lenstra, J.A., Eding, H., Toro, M.A., Scherf, B., Pilling, D., Negrini, R., Finlay, E.K., Jianlin, H., Groeneveld, E., Weigend, S. & Consortium, T.G. (2010). Genetic diversity in farm animals – a review. *Animal Genetics*, 41 (s1), 6–31. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2010.02038.x>

- Hameed Ajafar, M., Hasan Kadhim, A. & Mohammed AL-Thuwaini, T. (2022). The Reproductive Traits of Sheep and Their Influencing Factors. *Reviews in Agricultural Science*, 10, 82–89. https://doi.org/10.7831/ras.10.0_82
- Jordbruksverket (2025). *Jordbruksstatistisk sammanställning 2025*. [text]. <https://jordbruksverket.se/om-jordbruksverket/jordbruksverkets-officiella-statistik/jordbruksverkets-statistikrapporter/statistik/2025-06-19-jordbruksstatistisk---sammanstallning-2025> [2026-04-04]
- Juengel, J.L., Hudson, N.L., Heath, D.A., Smith, P., Reader, K.L., Lawrence, S.B., O'Connell, A.R., Laitinen, M.P.E., Cranfield, M., Groome, N.P., Ritvos, O. & McNatty, K.P. (2002). Growth Differentiation Factor 9 and Bone Morphogenetic Protein 15 Are Essential for Ovarian Follicular Development in Sheep1. *Biology of Reproduction*, 67 (6), 1777–1789. <https://doi.org/10.1095/biolreprod.102.007146>
- Kumm, K.-I. & Jardstedt, M. (2024). *Vägar till lönsam och växande lammproduktion*. (Rapporter från institutionen för tillämpad husdjursvetenskap och välfärd). Department of Applied Animal Science and Welfare, Swedish University of Agricultural Sciences. <https://doi.org/10.54612/a.4vbjup2291>
- Massagué, J. (1998). TGF- β SIGNAL TRANSDUCTION. *Annual Review of Biochemistry*, 67 (Volume 67, 1998), 753–791. <https://doi.org/10.1146/annurev.biochem.67.1.753>
- Najafabadi, H.A., Khansefid, M., Mahmoud, G.G., Haruna, I.L., Zhou, H. & Hickford, J.G.H. (2021). Identification of sequence variation in the oocyte-derived bone morphogenetic protein 15 (BMP15) gene (BMP15) associated with litter size in New Zealand sheep (*Ovis aries*) breeds. *Molecular Biology Reports*, 48 (9), 6335–6342. <https://doi.org/10.1007/s11033-021-06627-z>
- Nationalencyklopedin (u.å.). *Genetisk variation*. *Nat*. <https://www.ne.se/uppslagsverk/encyklopedi/enkel/genetisk-variation> [2026-05-09]
- Notter, D. (2008). Genetic Aspects of Reproduction in Sheep. *Reproduction in Domestic Animals*, 43 (s2), 122–128. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0531.2008.01151.x>
- Otsuka, F. & Shimasaki, S. (2002). A negative feedback system between oocyte bone morphogenetic protein 15 and granulosa cell kit ligand: Its role in regulating granulosa cell mitosis. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 99 (12), 8060–8065. <https://doi.org/10.1073/pnas.122066899>
- Sebastiano, L., Consuelo, M.M., Veronica, D.S.M., Luisa, P., Giovanni, C., Michella, N. & Vincenzo, C. (2020). Polymorphism of insulin-like growth factor 1 gene and its relationship with reproductive performances and milk yield in Sarda dairy sheep. *Veterinary and Animal Science*, 9, 100084. <https://doi.org/10.1016/j.vas.2019.100084>
- Svenska Fåravelsförbundet (2023). *Texel*. <https://faravelsforbundet.se/txel/> [2026-04-27]
- Svenska Fåravelsförbundet (2024a). *Avelsorganisation och avelsprogram – Svenska Fåravelsförbundet*. <https://faravelsforbundet.se/avelsprogram/> [2026-04-08]
- Svenska Fåravelsförbundet (2024b). *Avelsvärdering – Svenska Fåravelsförbundet*. <https://faravelsforbundet.se/kunskap-category/avelsvardering/> [2026-04-08]

Svenska Fåravelsförbundet & Elitlamm (2025). *Årsstatistik Elitlamm*.

<https://faravelsforbundet.se/arsstatistik-elitlamm/> [2026-04-27]

Wilson, T., Wu, X.-Y., Juengel, J.L., Ross, I.K., Lumsden, J.M., Lord, E.A., Dodds, K.G., Walling, G.A., McEwan, J.C., O'Connell, A.R., McNatty, K.P. & Montgomery, G.W. (2001). Highly prolific Booroola sheep have a mutation in the intracellular kinase domain of bone morphogenetic protein IB receptor (ALK-6) that is expressed in both oocytes and granulosa cells. *Biology of Reproduction*, 64 (4), 1225–1235. <https://doi.org/10.1095/biolreprod64.4.1225>

Populärvetenskaplig sammanfattning

Forskning kring genetik har länge varit av stort intresse, liksom implementeringen av genetisk testning på olika arter, däribland våra lantbruksdjur. Möjligheterna för privatpersoner och företagare att använda genetiska tester fortsätter att öka och utgör ett viktigt verktyg för ett framgångsrikt avelsarbete. Inte minst i takt med den snabba utveckling som sker inom genomikens teknologi och dess begränsningar som ständigt minimeras.

En framstående egenskap hos våra livsmedelsproducerande djur som väger tungt i de flesta produktionsformer vi har i Sverige är deras fruktsamhet. Många produktionssystem grundar sig i djurens förmåga att effektivt föröka sig efter förväntan och under noggrant planerade tider på året. Om fruktsamheten i en besättning är under förväntan riskeras den ekonomiska hållbarheten. Djur som förväntas ge avkomma men inte gör det har ibland ett svårmotiverat värde i besättningen. En annan utmaning, kanske inte lika självklar, är djur som överträffar förväntningarna – ett klassiskt exempel finns hos fåren. Får vars fruktsamhet helt enkelt är för hög medför ofta extra arbete i form av adoption, flaskmatning och dödfödda avkommor om antalet lamm de får överstiger deras kapacitet att ta hand om alla på egen hand.

Det finns redan en stor mängd forskning på många välkända gener som påverkar fertilitet hos däggdjur. Forskningen fortsätter både på bredden, där fler arter och raser undersöks, men även på djupet där ytterligare genetiska faktorer successivt utforskas. Med större kunskap kan implementering av genetiska tester i besättningar ske i både större utsträckning, men också med högre säkerhet.

En av grundförutsättningarna för framgångsrik och hållbar avel är att variation inom genetik finns tillgänglig. Om alla djuren bär på samma fertilitetsgener utan varierande genotyper och mutationer finns ingen utveckling att göra. För att se potentiella områden för genetiska framsteg behöver förekomsten av genetisk variation för intressanta gener hos djurpopulationerna analyseras och dokumenteras.

Med hjälp av SNP-markörer kunde tre välkända gener hos 12 av våra svenska raser utspridda i landet undersökas med avseende på variation. Här kunde en avvikande variant hittas hos tre av raserna i en av de tre generna, kallad *GDF9*, som spelar en viktig roll i utvecklingen av äggceller. Den upptäckten betyder att fårägare som är intresserade av gentester för sina får och sin planerade avel kan göra det för åtminstone en gen. Skulle det visa sig att något eller några av fåren är bärare av *GDF9*-varianten som ökar fruktsamheten kan det nyttjas för att öka eller minska antalet lamm i viss utsträckning. Samtidigt kan oförklarad infertilitet eventuellt upptäckas – då en homozygot uppsättning av mutationen i genen ger tackor med kraftigt nedsatt eller helt utebliven reproduktionsförmåga.

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, Clara Lundvall 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.