



Brun pälsfärg hos får

En analys över vilka genotyper som styr färguttrycket

Matilda Lööf

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



Brun pälsfärg hos får: en analys över vilka genotyper som styr färguttrycket

Brown wool colour in sheep: an analysis of which genotypes control colour expression

Matilda Lööf

Handledare:	Anna Maria Johansson, Sveriges Lantbruksuniversitet, institutionen för husdjurens biovetenskaper
Examinator:	Dirk-Jan de Koning, Sveriges Lantbruksuniversitet, Institutionen för husdjurens biovetenskaper
Omfattning:	15 hp
Nivå och fördjupning:	Grundnivå, G2E
Kurstitel:	Självständigt arbete i husdjurvetenskap, G2E
Kurskod:	EX0865
Program/utbildning:	Agronomprogrammet djur
Kursansvarig inst.:	Institutionen för tillämpad husdjursvetenskap och välfärd
Utgivningsort:	Uppsala
Utgivningsår:	2026
Omslagsbild:	Gertrud Sandberg (2026)
Upphovsrätt:	Tabeller i arbetet är författarens egna om inget annat anges
Nyckelord:	Genetisk variation, ryafår, finullsfår, värmlandsfår, klövsjöfår, pälsfärg, nedärvning, genetik, korsningsavel

Sveriges lantbruksuniversitet

Fakulteten för veterinärmedicin och husdjursvetenskap

Institutionen för husdjurens biovetenskaper

Sammanfattning

I detta kandidatarbete har det undersökts vilka gener och deras mutationer som styr färguttrycket av brun ull hos svenska fårraser. De raser som undersöktes var ryafår, finullsfår, värmlandsfår och klövsjöfår. Antal besättningar av raserna i Sverige är relativt få och de involveras i olika grad i bevarandearbete för att bibehålla och utveckla rasernas egenskaper. Ökad genetisk variation är ett sätt att förbättra fårraserna. För att undersöka vilka gener som styr pälsfärgen undersöktes blodprov som redan samlats in från de utvalda fårraserna, vilka sedan analyserades med hjälp av multi-species SNP-chip. De nämnda raserna valdes ut baserat på deras förekommande bruna ull. Genotyper från de tidigare kända generna kopplade till färg, *Tyrosinase Related Protein 1 (TYRPI)* och *Melanocortin 1 Receptor (MC1R)*, undersöktes sedan i Excel. Genen *Agouti Signaling Protein (ASIP)* har också visats vara kopplad till pälsfärg, men har inte undersökts i detta arbete då data från SNP-chipet inte var användbar. Resultatet från studien visade att mutationen rs402624085 i *TYRPI* har stor koppling till fenotypen brun hos vissa raser och endast viss variation i genotyperna fanns i mutationen rs1085637427. Allelfrekvensen för T var 1 hos de bruna ryafåren och klövsjöfåren, medan finullsfåren och värmlandsfåren hade mer varierande frekvens. Med denna studies resultat, samt ytterligare kunskap inom området kan det leda till förbättrad korsningsavel och ökad genetisk variation inom svenska lantraser.

Nyckelord: Genetisk variation, ryafår, finullsfår, värmlandsfår, klövsjöfår, pälsfärg, nedärvning, genetik, korsningsavel

Abstract

This bachelor's thesis investigated which genes and their mutations control colour expression of brown wool in Swedish sheep breeds. The breeds studied were ryafår, finullsfår, värmlandsfår and klövsjöfår. The number of herds of these breeds in Sweden is relatively low, and they are involved in varying degrees in conservation projects aimed at preserving and developing the breeds characteristics. Increased genetic variation is one way to improve sheep breeds. To investigate which genes control wool colour, blood samples that were already collected from the selected breeds, were studied and subsequently analysed using a multi-species SNP-chip. The mentioned breeds were chosen based on their occurrence of brown wool. Genotypes from the previously known colour-related genes, *Tyrosinase Related Protein 1 (TYRPI)* and *Melanocortin 1 Receptor (MC1R)*, were examined in Excel. The gene *Agouti Signaling Protein (ASIP)* has also been shown to be associated with wool colour, but it was not investigated in this study because the data from the SNP-chip were not usable. The results of the study showed that the mutation rs402624085 in *TYRPI* is strongly associated with the brown phenotype in some breeds, and only limited variation in genotypes was found in the mutation rs1085637427. The allele frequency for T was 1 in the brown ryafår and klövsjöfår, while finullsfår and värmlandsfår showed more variable frequencies. With the results of this study, together with further knowledge in this field, this may lead to improved crossbreeding and increased genetic variation within Swedish native breeds.

Keywords: Genetic variation, ryafår, finullsfår, värmlandsfår, klövsjöfår, wool colour, inheritance, genetics, crossbreeding

Innehållsförteckning

Förkortningar	6
1. Introduktion	7
2. Bakgrund	8
2.1 Fårproduktion i Sverige	8
2.2 Rasegenskaper	8
2.3 Bevarandearbete	9
2.4 Genetisk variation och nedärvning	9
3. Material och metod	11
3.1 Insamling av prover	11
3.2 Multi-species SNP-chip	11
3.3 Dataanalys	12
4. Resultat	13
5. Diskussion	18
6. Slutsats	20
Referenser	21
Populärvetenskaplig sammanfattning	23

Tabellförteckning

Tabell 1. Genotyper för TYRP1 (mut 1 och mut 2) och för MC1R (omia_229) hos ryafår, samt tillhörande fenotyper och individnummer. Fenotyperna är sorterade alfabetiskt och med egen färg.....	133
Tabell 2. Genotyper för TYRP1 (mut 1 och mut 2) och för MC1R (omia_229) hos finullsfår, samt tillhörande fenotyper och individnummer. Fenotyperna är sorterade alfabetiskt och med egen färg.	144
Tabell 3. Genotyper för TYRP1 (mut 1 och mut 2) och för MC1R (omia_229) hos värmlandsfår, samt tillhörande fenotyper och individnummer. Fenotyperna är sorterade alfabetiskt och med egen färg.	155
Tabell 4. Genotyper för TYRP1 (mut 1 och mut 2) och för MC1R (omia_229) hos klövsvjåfår, samt tillhörande fenotyper och individnummer. Fenotyperna är sorterade alfabetiskt och med egen färg.	166
Tabell 5. Allelfrekvens för T hos de nämnda raserna i, mut 1 och mut 2, i TYRP1 och MC1R, samt sorterat efter fenotyp. Även rasernas totala allelfrekvens för T för alla fenotyper.	177

Förkortningar

DNA	Deoxiribonukleinsyra
SNP	Single Nucleotide Polymorphism
TYRP1	Tyrosinase Related Protein 1
MC1R	Melanocortin 1 Receptor
ASIP	Agouti Signaling Protein

1. Introduktion

Pälsfärgen hos får har tidigare spelat stor roll för överlevnad i det naturliga habitatet, där mörkare pigment och tjockare ull har bidragit till en bättre chans att överleva kargt klimat. Inom lantbruket är det däremot mer ekonomiskt eftertraktat med vit färg på ullen (Koseniuk et al. 2018). Det kunde bland annat bero på att vit ull är lättare att färga vid tillverkning av garn och andra textilier. Under senare delen av 1900-talet var det även vanligt att pigmenterade får avlivades för att endast ha vit ull kvar (Adalsteinsson 1983). Fårens färg har även historiskt använts för att kunna särskilja raser mellan varandra och det var även användbart att kunna skilja raser efter deras produktionsegenskaper.

Ryafåret är en svensk lantras med lång, högkvalitativ och slitstark ull (Svenska Fåravelsförbundet 2023). Registrerat i Svenska Fåravelsförbundet (2026a) var fördelningen på ryatackor i Sverige 65% vita, jämfört med 15% svarta och 20% bruna. Finullsfåret är en annan svensk lantras med en högkvalitativ ull som är användbar vid framställning av textilier och som är mjuk mot huden. Fördelning av finullsfårstackor var 68% vita, 21% svarta och 11% bruna (Svenska Fåravelsförbundet 2026a). Ytterligare två raser som ingår i denna studie är klövsjöfår och värmlandsfår som båda härstammar från allmogefår. Klövsjöfår definierades som egen ras under tidigt 2000-tal (Föreningen Svenska Allmogefår u.å.a). Där värmlandsfåren definierades som egen ras redan under 1970-tal från en by i norra Värmland (Föreningen Svenska Allmogefår u.å.b). Dessa raser är samtliga intressanta att studera för sin sporadiskt förekommande bruna ull. Tidigare studier på ryafår har visat att får med vit päls har visat en annan sorts populationsstruktur jämfört med övriga färger. För att undvika att får med vit päls definieras som egen ras kan det krävas korsningsavel mellan de olika färgerna, trots att ovilja att korsa kan finnas hos lantbrukare. Genetiskt sett är den vita färgen dominant över svart och brun, men svart kan uttryckas som dominant i andra locus. Brun färg däremot är alltid recessiv och har enligt tidigare forskning koppling till mutationer i genen *Tyrosinase Related Protein 1 (TYRP1)* (Renieri et al. 2008).

Syftet med detta kandidatarbete var att analysera SNP-data från ryafår, finullsfår, klövsjöfår och värmlandsfår med vit, svart och brun pälsfärg. Det förväntades visa de tidigare kända generna, *Melanocortin 1 Receptor (MC1R)*, *Agouti Signaling Protein (ASIP)* och *TYRP1*, och hur deras mutationer styr det fenotypiska uttrycket. Övriga skillnader mellan markörerna för de olika pälsfärgerna vit, svart och brun studerades. För den framtida aveln hos svenska fårraser kan förståelsen för den bruna färgens nedärvning öka genetisk variation, samt öka möjligheterna för riktad korsningsavel utan att förstöra det önskade färguttrycket, vit.

2. Bakgrund

2.1 Fårproduktion i Sverige

Får (*Ovis aries*) är en liten idisslare som finns i flertalet raser med olika egenskaper och används i stor del i Sverige för att hålla betesmarker öppna, i samband med kött-, mjölk- eller ullproduktion. Får är ett djur som kan tillgodo göra sig effektivt på bete oavsett produktionstyp och det hjälper till att gynna den biologiska mångfalden (Glimskär et al. 2023).

I Sverige finns det ungefär 15 lantraser kvar som främst avlas för att bevaras, men som även ingår som korsningar i produktionen (Svenska Fåravelsförbundet 2026b). Utöver dessa finns det lika många utländska raser som bland annat kännetecknas av kraftigare muskeltillväxt, god fertilitet eller ull av merinokaraktär (Svenska Fåravelsförbundet 2026b). Ryafår, finullsfår och värmlandsfår är tre exempel på svenska lantraser som finns främst i färgerna vit, svart och brun och har en utmärkande mjuk ull. Klövsjöfår förekommer främst i färgerna vit och svart och har vanligtvis täckning i ansiktet. Det har dock visats att även vissa individer av denna ras kan bli bruna. Populationerna är förhållandevis små och därför relevanta att studera vidare för utvecklingen av dem.

2.2 Rasegenskaper

Gemensamt mellan de studerade raserna är deras mjuka och tåliga ullegenskaper. Ryafåret har karaktäristisk ull på minst 15 cm vid 120 dagars ålder och vågigheten i ullstapeln ligger runt 0–2 vågor per 5 cm. Det innebär en relativt rak ull (Svenska Fåravelsförbundet 2023b). Detta kan jämföras med en mer populär fårras i Sverige, Gotlandsfåret, som har en tydligt krullig ull på 10-15 mm stora lockar som är jämnt fördelade över hela kroppen (Gotlandsfårsföreningen 2009). Tidigare har stor del av aveln av ryafår skett mellan individer med samma färger för att undvika inslag av fläckar eller prickar, som kan uppstå vid korsning av vita och pigmenterade djur (Föreningen ryafåret 2023).

Finullsfårens ull delas in i två grupper efter kvalitet. Finull, kallad småkrusig, och gobelängull, även kallad storkrusig (Svenska Fåravelsförbundet 2023a). Ullen är generellt kortare än hos ryafår samt har tätare vågor i ullstapeln. Fördelen med finullsfår, förutom en högkvalitativ ull, är att de producerar mycket mjölk och har god fertilitet. Det gör att rasen blir mer ekonomiskt eftertraktad, eftersom den har fler användningsområden inom den svenska produktionen.

Klövsjöfår och värmlandsfår är båda raser med ursprung från allmogefår och har ullegenskaper som påminner om ryafåret och finullsfåret. Klövsjöfår har en ryull som är slitstark och mjuk, som fungerar bäst till att tova och spinna (Föreningen Svenska Allmogefår u.å.a). Likt ryafåret blir ullen väldigt lång och relativt rak. Värmlandsfår har en något mer varierande ullkvalitet, där vanligast förekommande är gobelängull och ryull (Föreningen Svenska Allmogefår u.å.b).

2.3 Bevarandearbete

Under tidigt 1900-tal fanns endast enstaka grupper kvar av ryafåret i delar av Dalarna (Svenska Fåravelsförbundet 2023b). Det berodde delvis på att industrialiseringen bidrog till att andra fårraser tog över marknaden och användningsområden för ryafårets ull försvann (Föreningen Ryafåret 2025). Det kan även ha berott på svårigheter att hantera fårullen och att raser med flera användningsområden, så som mjölk och kött föredrogs (Holman & Malau-Aduli 2012). Idag är situationen fortsatt densamma gällande ullens dåliga lönsamhet och svåra hantering vilket förklarar varför marknaden är fortsatt liten.

I boken "Svenska lantraser", skriven av Hallander (1989), står det beskrivet hur intresset återkom under första världskriget när åldrade mattor från ryafår imponerade med sin lyster och kvalitet. Det ledde till spridning av intresset och sökande efter kvarvarande individer inom rasen. Idag finns 40 besättningar i Sverige, men rasen klassas som utrotningshotad (Svenska Fåravelsförbundet 2026b). Som ytterligare jämförelse och för att förtydliga storleken på ryafårets population, finns det 415 besättningar av gotlandsfår i Sverige (Svenska Fåravelsförbundet 2026b). För att öka storleken på populationen av ryafår, samt andra lantraser i Sverige, krävs ett bevarande- och avelsarbete som gynnar rasernas ullegenskaper, ger en ökad tillväxt, upprätthåller god fertilitet och samtidigt bidrar till genetisk utveckling och variation. Det skulle även ge möjligheten till färre får av importerade utländska raser, som gynnar både miljömässig och ekonomisk hållbarhet.

2.4 Genetisk variation och nedärvning

I en population av individer finns det ett visst antal gener och alleler som styr både genotyper och fenotyper. En gen fungerar som ett recept för de proteiner som bygger upp kroppen och dess funktioner, medan alleler är varianter av en gen som ärvs från båda föräldrarna. Ett större antal olika alleler vid en specifik plats på kromosomen innebär en större genetisk variation (20.9.1: *Genetic Variation* 2021). Mutationer och slumpmässigt urval styr variationen hos alleler.

En liten population har en mindre uppsättning av möjliga kombinationer av alleler vilket riskerar att försämra variationen. Uppstår det en skillnad i bara ett av alla baspar i DNA mellan olika individer, kallas det för enkelnukleotidpolymorfismer, som på engelska förkortas SNP (Gentekniknämnden u.å.). SNP kan undersökas genom sekvensering av DNA eller genom metoder som genotyper endast specifika SNP och det kan ge mycket genetisk information med hög säkerhet (Torkamaneh et al. 2016).

I dagens avelsarbete kan vissa allelkombinationer vara fördelaktiga för produktionen, vilket innebär att endast dessa individer avlas vidare på och tillåts få avkommor. Detta är dock problematiskt då denna typ av avel kan riskera att försämra den genetiska variationen. I en studie av Kijas et al. (2009) studerades genetisk variation och DNA hos fårraser över hela världen. Där används mikrosateliter för att uppskatta den genetiska variationen hos får och jämförelser gjordes främst mellan europeiska, sydliga och nordliga raser, samt raser från Mellanöstern. Studien visade att får geografiskt längre ifrån platsen för domesticering hade mindre genetisk variation (Kijas et al. 2009).

Produktionen och avelsarbetet för får har under en längre tid prioriterat individer med vit ull enligt Koseniuk et al. (2018), men detta har visats sig problematiskt för den genetiska variationen. Med en djupare förståelse för nedärvningen av färg skulle pigmenterade individer kunna paras med vita, utan att förstöra färguttrycket och samtidigt bidra till en större genetisk variation. Nedärvningen av färg hos däggdjur är komplext och ett pågående forskningsområde och hittills har det visats att olika färger styrs av mutationer i olika gener (Renieri et al. 2008). Svart färg kan vara både recessiv och dominant beroende på vilket locus som undersöks och har visat sig vara recessiv vid *ASIP* och dominant vid *MC1R* (Renieri et al. 2008). Brun färg är i stället ett uttryck av en recessiv allel vid *TYRP1*-locuset enligt Renieri et al. (2008), men trots att flera studier visat att mutationer i *TYRP1* påverkar brun färg, bland annat av Paris et al. (2019), så krävs det ytterligare studier för att förstå genens påverkan vid nedärvning av färg (Rochus et al. 2019). Förutom mutationer i *TYRP1* krävs det anlag för svart färg vid andra locus för att brun färg ska vara möjlig. Det innebär att vita får med mutationer vid detta locus ändå inte kan bli bruna (Gratten et al. 2007).

Tidigare studier har visat att det är *TYRP1* på kromosom 2 som är kopplat till den bruna färgen hos många däggdjur, medan färguttryck vid *ASIP* och *MC1R* är kopplat till andra kromosomer (Gratten et al. 2007). De kända mutationerna för den bruna färgen i *TYRP1* som undersöks i detta kandidatarbete är rs402624085 och rs1085637427 (*Search results - OMIA - Online Mendelian Inheritance in Animals u.å.*).

3. Material och metod

3.1 Insamling av prover

Prover användes från 80 får varav; 17 ryafår från 5 olika besättningar, 35 finullsfår från 7 besättningar, 15 värmlandsfår från 2 besättningar och 13 klövsjöfår från 5 besättningar. De flesta var blodprov som togs under 2013–2014 för tidigare projekt och vissa prover togs senare genom nossvabb. Proverna togs från djuren på gården, från totalt 19 besättningar i Sverige och det var majoriteten tackor med några enstaka baggar från varje ras. Proverna har hanterats i Husdjursgenetiska laboratoriet på SLU, genom multi-species SNP-chip, där 96 prover kunde köras samtidigt från olika djur.

Denna studie grundas i litteratur kring problemet med genetiska variation och ullfärg samt tidigare utförda projekt i Sverige och utomlands. Den erhållna SNP-datan analyserades i Excel och syftet var att hitta skillnader mellan olika gener och mutationer mellan de olika färgerna vit, svart och brun. Litteraturen söktes främst i databaserna Web of Science, Scopus och PubMed, men även direkta sökningar i ScienceDirect gjordes, samt viss användning av AI-sökmetoden Asta allen. Böcker och hemsidor som presenterade de specifika raserna användes också som grund, tillsammans med originalkällor från tidigare projekt inom området.

3.2 Multi-species SNP-chip

För att ta fram relevant data kring genotypen bakom den bruna pälsfärgen användes metoden multi-species SNP-chip som kunde identifiera SNP-markörer från flera djurslag samtidigt. SNP-chipet var av sorten Axiom som kunde genotypa markörerna för får utan att begränsa de andra djurslagen som genotypades samtidigt. Detta genomfördes i SLU:s laboratorium med maskinen GeneTitan, där genotypningen skedde automatiskt och hands-free. GeneTitan kombinerades av en hybridiseringsugn, en avancerad avbildningsapparat och en fluidikprocess för att få fram SNP-data. Multi-species chipet var framtaget av husdjursgenetiska laboratoriet och några av SLU:s forskare. SNP-markörerna på chipet visade de redan kända mutationerna för olika egenskaper, vilka valdes ut från databasen OMIA.

3.3 Dataanalys

Utvald SNP-data samlades och jämfördes manuellt i Excel med de fenotyper fåren hade. Eftersom flera djurslag kördes samtidigt på SNP-chipet valdes endast den data som kom från får. Därefter gjordes en ytterligare avgränsning där endast data från de fyra raser med förekommande brun pälsfärg analyserades, samt endast de markörer som ligger i gener som påverkar pälsfärg och som var anpassade för SNP-chipet. SNP-data visade *TYRPI*-genen och de förekommande allelerna i två kända mutationer och i *MC1R*-genen. Det visade vilken kromosom de befann sig på och även individuella nummer för varje djur. En generell allelfrekvens för alla raser, även de som senare avgränsades fanns i SNP-data, samt ytterligare information som inte var relevant för detta kandidatarbete.

Jämförelser gjordes med hjälp av databasen OMIA, där tidigare mutationer hittade i generna kunde kopplas till detta resultat och tabeller över resultatet sammanställdes i Excel och allelfrekvenser beräknades.

4. Resultat

Det fanns data från andra fårraser på SNP-chipet, men dessa användes inte i detta kandidatarbete eftersom de inte hade förekommande brun ullfärg. Det var endast ryafår, finullsfår, värmlandsfår och klövsjöfår som analyserades. Genen *ASIP* togs bort, då det inte erhöles ett användbart resultat från SNP-chipet. Allelfrekvensen för T hos enbart de bruna ryafåren var 1, för de bruna finullsfåren var den 0,58, för de bruna värmlandsfåren var den 0,57 och för de bruna klövsjöfåren var frekvensen 1. I nedanstående tabeller beskrivs mutationen rs402624085 som ”mut 1” och mutationen rs1085637427 som ”mut 2”. Bokstäverna B, S, V, G i tabellerna står för färgerna brun, svart, vit och grå. Allelfrekvensen för samtliga raser och färger presenteras i slutet.

I mut 1 var alla fyra bruna ryafår homozygot för T/T och två vita ryafår var heterozygot för T. De svarta ryafåren visade på samma genotyper i både *TYRP1* och *MC1R*, samt resterande fem av de vita fåren, se Tabell 1.

Tabell 1. Genotyper för *TYRP1* (mut 1 och mut 2) och för *MC1R* (*omia_229*) hos ryafår, samt tillhörande fenotyper och individnummer. Fenotyperna är sorterade alfabetiskt och med egen färg.

Ras	TYRP1 mut 1	TYRP1 mut 2	MC1R <i>omia_229</i>	Fenotyp	Individnr
Ryafår	T/T	C/C	T/T	B	OAR444
Ryafår	T/T	C/C	T/T	B	OAR447
Ryafår	T/T	C/C	T/T	B	OAR448
Ryafår	T/T	C/C	T/T	B	OAR449
Ryafår	G/G	C/C	T/T	S	OAR1005
Ryafår	G/G	C/C	T/T	S	OAR371
Ryafår	G/G	C/C	T/T	S	OAR376
Ryafår	G/G	C/C	T/T	S	OAR380
Ryafår	G/G	C/C	T/T	S	OAR381
Ryafår	G/G	C/C	T/T	S	OAR383
Ryafår	G/G	C/C	T/T	V	OAR1012
Ryafår	G/G	C/C	T/T	V	OAR1013
Ryafår	T/G	C/C	T/T	V	OAR626
Ryafår	G/G	C/C	T/T	V	OAR628
Ryafår	G/G	C/C	T/T	V	OAR629
Ryafår	T/G	C/C	T/T	V	OAR630
Ryafår	G/G	C/C	T/T	V	OAR631

Av finullsfåren var ingen med vit pälsfärg heterozygot för T i mut 1, men tre av de svarta var det. De bruna finullsfåren hade spridda genotyper, där hälften var homozygot T/T i mut 1 och två var homozygot T/T i mut 2. Även en brun visade heterozygot T/G i mut 1 med T/C i mut 2, se Tabell 2.

Tabell 2. Genotyper för TYRP1 (mut 1 och mut 2) och för MC1R (omia_229) hos finullsfår, samt tillhörande fenotyper och individnummer. Fenotyperna är sorterade alfabetiskt och med egen färg.

Ras	TYRP1 mut 1	TYRP1 mut 2	MC1R omia_229	Fenotyp	Individnr
Finullsfår	T/T	C/C	A/T	B	OAR483
Finullsfår	T/T	C/C	A/T	B	OAR521
Finullsfår	T/T	C/C	A/T	B	OAR526
Finullsfår	G/G	T/T	A/T	B	OAR527
Finullsfår	G/G	T/T	A/T	B	OAR539
Finullsfår	T/G	T/C	T/T	B	OAR540
Finullsfår	G/G	C/C	T/T	S	OAR501
Finullsfår	G/G	T/C	A/T	S	OAR505
Finullsfår	T/G	C/C	A/T	S	OAR507
Finullsfår	T/G	C/C	T/T	S	OAR509
Finullsfår	G/G	C/C	A/T	S	OAR510
Finullsfår	G/G	T/C	A/T	S	OAR511
Finullsfår	T/G	C/C	A/T	S	OAR512
Finullsfår	G/G	T/C	A/T	S	OAR513
Finullsfår	G/G	C/C	A/T	S	OAR614
Finullsfår	G/G	T/C	A/T	S	OAR515
Finullsfår	G/G	C/C	T/T	S	OAR516
Finullsfår	G/G	C/C	-	S	OAR517
Finullsfår	G/G	C/C	A/T	S	OAR523
Finullsfår	G/G	C/C	A/T	S	OAR525
Finullsfår	G/G	C/C	A/T	S	OAR535
Finullsfår	G/G	C/C	A/T	S	OAR538
Finullsfår	G/G	C/C	T/T	V	OAR498
Finullsfår	G/G	C/C	T/T	V	OAR499
Finullsfår	G/G	C/C	T/T	V	OAR502
Finullsfår	G/G	C/C	T/T	V	OAR519
Finullsfår	G/G	C/C	T/T	V	OAR522
Finullsfår	G/G	C/C	T/T	V	OAR531
Finullsfår	G/G	C/C	T/T	V	OAR532

De bruna värmlandsfåren varierade i genotyper. I mut 1 var tre av dem homozygot för T, två var heterozygot för T med T/C i mut 2 och en var homozygot för T i mut 2 endast. Ett brunt får hade inget förekommande T i *TYRP1* alls. Två av fåren var grå och dessa var heterozygot för T i mut 1. De svarta var heterozygot för T i någon av mutationerna och ett får hade vit pälsfärg och var heterozygot för T i mut 2, se Tabell 3.

Tabell 3. Genotyper för *TYRP1* (mut 1 och mut 2) och för *MC1R* (omia_229) hos värmlandsfår, samt tillhörande fenotyper och individnummer. Fenotyperna är sorterade alfabetiskt och med egen färg.

Ras	TYRP1 mut 1	TYRP1 mut 2	MC1R omia_229	Fenotyp	Individnr
Värmlandsfår	T/G	T/C	T/T	B	OAR583
Värmlandsfår	T/T	C/C	T/T	B	OAR589
Värmlandsfår	T/G	T/C	T/T	B	OAR591
Värmlandsfår	T/T	C/C	T/T	B	OAR592
Värmlandsfår	T/T	C/C	T/T	B	OAR595
Värmlandsfår	G/G	C/C	T/T	B ljus	OAR590
Värmlandsfår	G/G	T/T	T/T	B ljus + bläs	OAR582
Värmlandsfår	T/G	C/C	T/T	G	OAR572
Värmlandsfår	T/G	C/C	T/T	G	OAR584
Värmlandsfår	G/G	T/C	T/T	S	OAR588
Värmlandsfår	T/G	C/C	T/T	S	OAR593
Värmlandsfår	T/G	C/C	T/T	S + tårfläckar	OAR577
Värmlandsfår	T/G	C/C	T/T	S + tårfläckar	OAR574
Värmlandsfår	T/G	C/C	T/T	S + vit nos	OAR581
Värmlandsfår	G/G	T/C	T/T	V	OAR569

Av klövsjöfåren var de bruna individerna homozygot för T i mut 1. Fem av de svarta fåren hade inget förekommande T och de resterande tre var heterozygot för T i mut 1. En vit var heterozygot för T i mut 1 och resterande hade inget förekommande, se Tabell 4.

Tabell 4. Genotyper för TYRP1 (mut 1 och mut 2) och för MC1R (omia_229) hos klövsjöfår, samt tillhörande fenotyper och individnummer. Fenotyperna är sorterade alfabetiskt och med egen färg.

Ras	TYRP1 mut 1	TYRP1 mut 2	MC1R omia_229	Fenotyp	Individnr
Klövsjöfår	T/T	C/C	T/T	B + bläs	OAR608
Klövsjöfår	T/T	C/C	T/T	Bc + bläs	OAR603
Klövsjöfår	G/G	C/C	T/T	S + bläs	OAR596
Klövsjöfår	T/G	C/C	T/T	S + bläs	OAR599
Klövsjöfår	G/G	C/C	T/T	S + bläs	OAR600
Klövsjöfår	T/G	C/C	T/T	S + bläs	OAR601
Klövsjöfår	G/G	C/C	-	S + bläs	OAR602
Klövsjöfår	G/G	C/C	T/T	S + bläs	OAR605
Klövsjöfår	T/G	C/C	T/T	S + bläs	OAR607
Klövsjöfår	G/G	C/C	T/T	S + Stjärn	OAR670
Klövsjöfår	G/G	C/C	T/T	V	OAR597
Klövsjöfår	G/G	C/C	T/T	V	OAR604
Klövsjöfår	T/G	C/C	T/T	V	OAR662

Allelfrekvensen för T, i *TYRP1* med mutationen rs402624085, för hela populationen var 0,133. Frekvensen för T hos ryafår var 0,29, för finullsfår var den 0,14, för värmlandsfår var den 0,47 och till sist för klövsjöfår var frekvensen för T 0,307. I den andra mutationen för *TYRP1*, rs1085637427, var den totala allelfrekvensen för T 0,047, se Tabell 5. Det observerades även fenotypiska skillnader mellan raserna, där klövsjöfår och värmlandsfår har förekommande tecken i ansiktet som exempelvis bläs. Vissa individer var angivna med olika nyanser av brun färg, så som ljusbrun och chokladbrun.

Tabell 5. Allelfrekvens för T hos de nämnda raserna i, mut 1 och mut 2, i *TYRP1* och *MC1R*, samt sorterat efter fenotyp. Även rasernas totala allelfrekvens för T för alla fenotyper.

Ras	TYRP1 mut 1	TYRP1 mut 2	MC1R omia_229	Fenotyp
Ryafår	1	0	0	Brun
Ryafår	0	0	0	Svart
Ryafår	0,14	0	0	Vit
Finullsfår	0,58	0,42	0,58	Brun
Finullsfår	0,09	0,12	0,56	Svart
Finullsfår	0	0	1	Vit
Värmlandsfår	0,57	0,33	1	Brun
Värmlandsfår	0,5	0	1	Grå
Värmlandsfår	0,4	0,1	1	Svart
Värmlandsfår	0	0,5	1	Vit
Klövsjöfår	1	0	1	Brun
Klövsjöfår	0,19	0	1	Svart
Klövsjöfår	0,17	0	1	Vit
Ryafår total	0,29	0	1	Alla
Finullsfår total	0,17	0,15	0,67	Alla
Värmlandsfår total	0,47	0,2	1	Alla
Klövsjöfår total	0,31	0	1	Alla

5. Diskussion

Totalt av alla bruna individer inom de fyra raserna var 12 T/T och endast tre bruna var T/G i *TYRPI*, vilket var två värmlandsfår och ett finullsfår. Dessa individer var heterozygot i både mut 1 och mut 2, vilket kan tyda på att T i mut 1 kan vara ärvt från ena föräldern och T i mut 2 från den andra föräldern. Liknande resultat erhöles i en studie av Paris et al. (2019). I detta kandidatarbete hade inget brunt får en alleluppsättning utan T i *TYRPI*. Nästan alla färguttryck verkar styras av mutationen rs402624085 för samtliga raser, där endast vissa individer stack ut. För ryafår och klövsjöfår hade ingen individ en fenotyp styrd av mutationen rs1085637427 i *TYRPI* eller i genen *MC1R*. Resultatet hade dock kunnat påvisa något annat om ett större antal individer hade analyserats. Vissa allelkombinationer var samma i båda mutationerna i *TYRPI* och i *MC1R* mellan svarta och vita får och detta skulle kunna vara en indikator på att information från *ASIP* skulle behövas för att se skillnad och förklara varför de fått den fenotyp de har. Det var inte möjligt att se i detta arbete, då resultatet för *ASIP* från SNP-chipet inte var användbart.

Den totala allelfrekvensen för T skiljer sig markant mot frekvensen för T bland de bruna individerna. Detta beror främst på att majoriteten av alla analyserade individer har en annan fenotyp än brun och inte är bärare av allelen T och det påverkar den förekommande frekvensen. De bruna individerna hade en tydligt högre allelfrekvens för T. Hos både ryafår och klövsjöfår var frekvensen 1, alltså var alla bruna individer homozygot för T och genotyperna varierande inte. Se Tabell 1 och Tabell 4. Raserna finullsfår och värmlandsfår hade större variation i genotyperna, men ändå en allelfrekvens för T på 0,58 och 0,57, vilket visade en tydlig skillnad mellan frekvensen mellan de bruna individerna och det totala antalet individer. Tidigare forskning har visat att *TYRPI* har koppling till den bruna pälsfärgen och mutationer har identifierats, men området är inte lika studerat som generna *MC1R* och *ASIP* och därför är resultatet intressant att undersöka vidare (Renieri et al. 2008).

För bevarandearbetet av raserna i Sverige, och bevarande av deras rasegenskaper, är det viktigt att förstå fårens genetik och nedärvningsmönster. För att öka genetisk variation har det tidigare varit möjligt för lantbrukare att korsa individer mellan olika raser och på så sätt fått avkommor med andra egenskaper. En del av dessa egenskaper kan vara fördelaktiga och eftertraktade, men vissa kan innebära en försämrad ullkvalitet, vilket är det främsta användningsområdet för dessa fårraser (Svenska Fåravelsförbundet 2026b). För ryafår finns det extra stora möjligheter för utveckling av rasen med hjälp av resultaten i detta kandidatarbete eftersom de klassas som utrotningshotade (Svenska Fåravelsförbundet 2026b).

Fler besättningar behövs i Sverige och genetisk variation blir extra viktig att fokusera på för att undvika inavel och stärka rasens hållbarhet på sikt! Multi-species chipet gjorde att flera individer av får från olika raser kunde genotypas samtidigt med andra djurslag. Det är en fördel i SLU:s laboratorier och för forskare då proverna kan köras direkt oavsett djurslag. De rasspecifika SNP-chipen kräver längre väntan för att få in tillräckligt många prover. Analysen utfördes i Excel, vilket gjorde det enkelt att visualisera och jämföra resultaten mellan mutationerna i *TYRPI* och med *MC1R* för alla individer, samt koppla detta till deras fenotyp. Efter jämförelserna var det möjligt att direkt konvertera resultaten till tabeller med endast relevant information.

Det fanns gott om grundläggande bakgrund och tidigare forskning inom ämnet för att sätta sig in i problematiken och förstå varför detta är viktigt att studera. Dock har det inte gjorts många undersökningar på just svenska fårraser. Förståelse kring hur färg nedärvs hos däggdjur generellt är inte helt klargjort enligt Renieri et al. (2008) även om området undersökts under en längre tid. Sekvensering av *ASIP* och *MC1R* har däremot kommit längre och kan ge en möjlighet genom jämförelser, att förstå *TYRPI*s roll i nedärvningen av färg (Rochus et al. 2019). Resultaten i detta kandidatarbete visar att det skulle vara möjligt för lantbrukare att i framtiden kunna ta gentester på sina avelsdjur och studera deras genotyper för nedärvning av färg. Det är alltså främst intressant för de lantbrukare som har en önskad pälsfärg i sin besättning, men som vill öka och förbättra den genetiska variationen. Detta kan användas med olika syften. För de lantbrukare som vill avla för en viss pälsfärg, men även för de som vill undvika en viss pälsfärg. Det borde inte bli ett etiskt dilemma att selektera får baserat på pälsfärg om gentester och rätt avelsförutsättningar nyttjas av lantbrukarna.

Ett exempel kan vara att en lantbrukare med vita baggar som är heterozygot T/G i genen *TYRPI* parar med vita tackor som är homozygot G/G och får vita lamm. Alternativt para två heterozygota individer med möjlighet till förmedling av de bruna lammen som föds. Detta skulle öka den genetiska variationen i lantbrukarens population och samtidigt få en önskad utkomst genom fler vita lamm i besättningen. Risken med korsningsavel mellan färgerna utan kunskap om deras genotyper, är förekomst av fläckiga och prickiga individer, vilket inte är eftertraktat (Renieri et al. 2008). Det är en förhoppning att gentester tillsammans med större kunskap om den bruna färgens nedärvning, kan i framtiden visa vilka individer som är bärare av vilka färgkodande alleler. Det skulle även kunna optimera produktionen för våra svenska lantraser och öka den genetiska variationen inom deras färger.

6. Slutsats

Studiens slutsats är att mutationen rs402624085 i genen *TYRPI* är till stor del ansvarig för det bruna färguttrycket i raserna ryafår och klövsjöfår, men att viss variation i genotyperna förekom hos raserna finullsfår och värmlandsfår. Allelen T är det bruna anlaget och alla rasernas bruna individer var homozygot eller heterozygot för T, förutom ett värmlandsfår. Där hade information från ytterligare gener, exempelvis *ASIP*, behövts för att studera tydligare samband mellan genotyp och fenotyp. Resultatet kan användas i fortsatt forskning och genom mer kunskap skulle gentester kunna appliceras hos lantbrukare i framtiden för en mer riktad korsningsavel och för ökad genetisk variation inom rasernas färger.

Referenser

- 20.9.1: *Genetic Variation* (2021). *Biology LibreTexts*.
https://bio.libretexts.org/Bookshelves/Introductory_and_General_Biology/Map%3A_Raven_Biology_12th_Edition/20%3A_Genes_Within_Populations/20.09%3A_Interactions_Among_Evolutionary_Forces/20.9.1%3A_Genetic_Variation [2026-04-06]
- Adalsteinsson, S. (1983). Inheritance of colours, fur characteristics and skin quality traits in North European sheep breeds: A review. *Livestock Production Science*, 10 (6), 555–567. [https://doi.org/10.1016/0301-6226\(83\)90049-0](https://doi.org/10.1016/0301-6226(83)90049-0)
- Föreningen Ryafåret (2023). *Avelsprogram 2021 för ryafår i Sverige, förtydligt i enlighet med Zooteknikförordningen 2023*. chrome-extension://efaidnbmnnnibpcajpcglclefindmkaj/<https://usercontent.one/wp/www.ryafaret.se/wp-content/uploads/2023/06/Rya-Avelsprogram-2023-04-18-slutlig-1.pdf?media=1632402521>
- Föreningen Ryafåret (2025). *Ryafårets historia*.
https://www.ryafaret.se/?page_id=1936 [2026-03-31]
- Föreningen Svenska Allmogefår (u.å.a). *Klövsvjefår*.
<https://allmogefar.se/kloevsjofar> [2026-04-14]
- Föreningen Svenska Allmogefår (u.å.b). *Värmlandsfår*.
<https://allmogefar.se/vaermlandsfar> [2026-04-14]
- Gentekniknämnden (u.å.). *SNP*. <https://genteknik.se/ordlista/snp/> [2026-04-07]
- Glimskär, A., Hultgren, J., Hiron, M., Westin, R., Bokkers, E.A.M. & Keeling, L.J. (2023). Sustainable Grazing by Cattle and Sheep for Semi-Natural Grasslands in Sweden. *Agronomy*, 13 (10), 2469.
<https://doi.org/10.3390/agronomy13102469>
- Gotlandsfårsföreningen (2009). *Rasbeskrivning Gotlandsfåret*.
<http://www.gotlandsfar.se/17/9/rasbeskrivning/> [2026-04-07]
- Gratten, J., Beraldi, D., Lowder, B.V., McRae, A.F., Visscher, P.M., Pemberton, J.M. & Slate, J. (2007). Compelling evidence that a single nucleotide substitution in TYRP1 is responsible for coat-colour polymorphism in a free-living population of Soay sheep. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 274 (1610), 619–626.
<https://doi.org/10.1098/rspb.2006.3762>
- Hallander, H. (1989). *Svenska lantraser*. Blå Ankan AB.
- Holman, B.W.B. & Malau-Aduli, A.E.O. (2012). A Review of Sheep Wool Quality Traits. *Annual Research & Review in Biology*, 2 (1), 1–14.
https://www.researchgate.net/publication/265893162_A_Review_of_Sheep_Wool_Quality_Traits [2026-03-31]
- Kijas, J.W., Townley, D., Dalrymple, B.P., Heaton, M.P., Maddox, J.F., McGrath, A., Wilson, P., Ingersoll, R.G., McCulloch, R., McWilliam, S., Tang, D., McEwan, J., Cockett, N., Oddy, V.H., Nicholas, F.W., Raadsma, H. & Consortium, for the I.S.G. (2009). A Genome Wide Survey of SNP Variation Reveals the Genetic Structure of Sheep Breeds. *PLOS ONE*, 4 (3), e4668. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0004668>
- Koseniuk, A., Ropka-Molik, K., Rubiś, D. & Smołucha, G. (2018). Genetic background of coat colour in sheep. *Archives Animal Breeding*, 61 (2), 173–178. <https://doi.org/10.5194/aab-61-173-2018>
- Paris, J.M., Letko, A., Häfliger, I.M., Ammann, P., Flury, C. & Drögemüller, C. (2019). Identification of two TYRP1 loss-of-function alleles in Valais Red Sheep. *Animal Genetics*, 50 (6), 778–782.
<https://doi.org/10.1111/age.12863>

- Renieri, C., Valbonesi, A., La Manna, V., Antonini, M. & Lauvergne, J.J. (2008). Inheritance of coat colour in Merino sheep. *Small Ruminant Research*, 74 (1), 23–29. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2007.03.001>
- Rochus, C.M., Westberg Sunesson, K., Jonas, E., Mikko, S. & Johansson, A.M. (2019). Mutations in ASIP and MC1R: dominant black and recessive black alleles segregate in native Swedish sheep populations. *Animal Genetics*, 50 (6), 712–717. <https://doi.org/10.1111/age.12837>
- Search results - OMIA - Online Mendelian Inheritance in Animals (u.å.). https://www.omia.org/results/?gb_species_id=9940&categories=6&search_type=advanced&result_type=gene [2026-05-12]
- Svenska Fåravelsförbundet (2023a). *Finullsfår*. <https://faravelsforbundet.se/finullsfar/> [2026-04-01]
- Svenska Fåravelsförbundet (2023b). *Ryafår*. https://faravelsforbundet.se/ryafar/?utm_source=chatgpt.com [2026-03-31]
- Svenska Fåravelsförbundet (2026a). Elitlamm avel 2025. Årsstatistik för besättningar och djur registrerade i Elitlamm under år 2025. chrome-extension://efaidnbmnnnibpcajpcgclefindmkaj/<https://faravelsforbundet.se/wp-content/uploads/2026/02/ArsstatistikElitlammAvel2025.pdf>
- Svenska Fåravelsförbundet (2026b). *Fårraser i Sverige*. <https://faravelsforbundet.se/farraser-i-sverige/> [2026-03-31]
- Torkamaneh, D., Laroche, J. & Belzile, F. (2016). Genome-Wide SNP Calling from Genotyping by Sequencing (GBS) Data: A Comparison of Seven Pipelines and Two Sequencing Technologies. *PLoS ONE*, 11 (8), e0161333. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0161333>

Populärvetenskaplig sammanfattning

Fåret är ett produktionsdjur i Sverige med många olika raser och används bland annat för tillverkning av garn och textilier från ullen. Några exempel på dessa raser är ryafår, finullsfår, värmlandsfår och klövsjöfår, som undersöks i detta kandidatarbete. Dessa ingår till olika stor grad i bevarandearbete där syftet är att öka antalet individer i Sverige på ett hållbart sätt och säkerställa att deras specifika egenskaper bibehålls. De raserna som ingår i denna studie har karaktäristiska ullegenskaper, så som ryauull och gobelängull. Dessa ulltyper är mjuka och slitstarka, vilket passar bra vid tillverkning av garn och blir populära mattor. Raserna förekommer i färgerna svart, vit, grå och brun, där den vita färgen är mest eftertraktad i produktionen. Dock kan avel på endast vita får leda till att den genetiska variationen försämras, det vill säga en mindre uppsättning alleler på en viss kromosom. För att upprätthålla en hög genetisk variation inom de olika raserna kan korsningsavel användas, där får med olika färger paras med varandra. För att detta ska fungera behövs kunskap kring hur genetiken bakom fårens färg fungerar.

Syftet med detta kandidatarbete var att undersöka genetiken bakom den bruna färgen hos de ovan nämnda raserna och undersöka vilka gener och vilka mutationer som påverkar att fåret blir brunt. För att undersöka detta användes ett multi-species SNP-chip som gjorde det möjligt att undersöka DNA från flera djur samtidigt. Därefter analyserades data från nämnda fårraser och deras alleluppsättningar kopplat till deras pälsfärg. Resultatet visade att de bruna ryafåren och klövsjöfåren var homozygot, alltså hade identiska alleluppsättningar T/T i en mutation som kallas rs402624085 i genen *Tyrosinase Related Protein 1* (*TYRPI*). Allelen T kan beskrivas som det bruna anlaget. Finullsfår och värmlandsfår hade lite mer variation bland sina alleluppsättningar och det hade behövts ytterligare studier för att kunna dra konkreta samband.

Med mer forskning inom området skulle lantbrukare kunna använda denna kunskap till att testa sina får och se vilka alleluppsättningar de har kopplat till pälsfärg och styra sin avel efter detta. Tidigare har korsning mellan vita och bruna får kunnat resultera i fläckiga eller prickiga lamm, vilket inte är eftertraktat på marknaden. Med ökad förståelse kan bruna får paras med vita för att gynna den genetiska variationen och samtidigt få lamm med den färgen som lantbrukaren önskar.

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, Matilda Löf, 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.