



# Inavel hos svenska allmogegetter

---

Evelina Modig

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



# Inavel hos svenska allmogegetter

*Inbreeding in Swedish peasant goats*

Evelina Modig

**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 husdjursvetenskap, G2E

**Kurskod:** EX0865

**Program/utbildning:** Agronomprogrammet djur

**Kursansvarig inst.:** Institutionen för tillämpad husdjursvetenskap och välfärd

**Utgivningsort:** Uppsala

**Utgivningsår:** 2026

**Upphovsrätt:** Alla bilder används med upphovspersonens tillstånd.

**Nyckelord:** allmogeget, get, göingeget, jämtget, lappget, inavel,  
inavelsdepression, SNP, homozygot

**Sveriges lantbruksuniversitet**

Fakulteten för veterinärmedicin och husdjursvetenskap

Institutionen för husdjurens biovetenskaper



## Sammanfattning

Svenska allmogegetter är antingen oförädlade eller delvis oförädlade getraser som är utrotningshotade på grund av den låga populationen inom varje ras. Detta kan leda till risk för inavel eftersom den genetiska variationen är låg. Lappgetter hade en högre risk för inavel med en population på 309 individer och specifika avelslinjer. I detta arbete undersöktes risken för inavel genom att mäta graden av homozygoti med SNP-markörer som genotypades från 12 göingegetter, 22 jämtgetter och 16 lappgetter.

Med hjälp av dataprogrammen PLINK och R undersöktes individernas inavelskoefficienter och längden av homozygota regioner undersöktes för att finna risk för inavel. Analys av inavelskoefficienterna och homozygota regioner visade att lappgetterna, i detta arbete, hade en högre grad av inavel eftersom hälften av individerna var mer homozygot än förväntat.

Jämtgetterna hade minst förväntad homozygoti i procent av alla allmogegetter, även om en av jämtgetterna hade mer homozygoti än förväntat jämfört med de andra raserna i detta arbete.

*Nyckelord:* allmogegget, get, göingeget, jämtget, lappget, inavel, inavelsdepression, SNP, homozygot

## Abstract

The Swedish peasant goats are either unimproved or remnants of unimproved goat breeds that are endangered due to their small population size in each breed. This increases the risk of inbreeding and reduces genetic variation in the breeds. The lapp goats had a higher risk of inbreeding due to the small population of 309 individuals and the specific breeding lines. In this thesis the risk of inbreeding was investigated by measuring the level of homozygosity in SNP-markers genotyped from 12 göinge goats, 22 jämt goats and 16 lapp goats.

Using the software programs PLINK and R, the risk of inbreeding was investigated through analyzing the inbreeding coefficients and homozygous regions of the individuals. By analysis of the inbreeding coefficients and homozygous regions, the results showed that lapp goats, in this thesis, had the highest risk of inbreeding due to the fact that half of the individuals had more homozygosity than expected. The jämt goats had the highest percentage of the least expected homozygosity out of all the peasant goats, although one of the jämt goats had more homozygosity than expected compared to any other breed in this thesis.

*Keywords:* peasant goat, goat, göinge goat, jämt goat, lapp goat, inbreeding, inbreeding depression, SNP, homozygote

# Innehållsförteckning

<b>1. Allmogegetter</b> .....	<b>6</b>
1.1 Syfte.....	6
1.2 Frågeställningar.....	6
<b>2. Bakgrund</b> .....	<b>7</b>
2.1 De tre raserna och deras avelsmål.....	7
2.1.1 Göingeget.....	7
2.1.2 Jämtget.....	7
2.1.3 Lappget.....	8
2.1.4 Avelsmål för allmogegetter.....	8
2.2 Inavel.....	9
<b>3. Metod &amp; material</b> .....	<b>11</b>
3.1 Informationssökning.....	11
3.2 SNP-markörer och individer.....	11
3.3 PLINK.....	12
3.4 R.....	13
<b>4. Resultat</b> .....	<b>14</b>
4.1 Inavelskoefficienten.....	14
4.2 Längd av homozygota regioner.....	16
4.3 Korrelation.....	18
<b>5. Diskussion</b> .....	<b>19</b>
<b>6. Slutsats</b> .....	<b>22</b>
<b>Referenser</b> .....	<b>23</b>
<b>Populärvetenskaplig sammanfattning</b> .....	<b>25</b>
<b>Appendix</b> .....	<b>26</b>

# 1. Allmogegetter

I Sverige finns allmogegetter vilka utgörs av oförädlade eller delvis oförädlade lantraser (Föreningen Allmogegeten u.å.a). Raserna används främst för produktion av kött och mjölk, men även i viss utsträckning för skinn- och pälsproduktion.

Gruppen allmogegetter omfattar tre raser, göingeget, jämtget och lappget med en sammanlagd population på strax under 1300 individer.

Samtliga raser inom allmogegetter klassas som utrotningshotade av Förenta nationernas livsmedels- och jordbruksorganisation (2026), FAO. De små populationsstorlekarna innebär en ökad risk för inavel och minskad genetisk variation, vilket på sikt kan hota rasernas fortlevnad. Individer som i hög grad påverkas av inavel löper större risk för inavelsdepression med symptom såsom nedsatt fruktsamhet, hälsa och livskraft (Luigi-Sierra et al. 2022). Detta kan i sin tur minska antalet friska individer inom raserna hos allmogegetter (ibid.).

## 1.1 Syfte

Syftet med detta arbete är att undersöka om någon av raserna inom allmogegetter har mer homozygoti än förväntat eftersom det kan indikera inavel och ökad risk för inavelsdepression. Inavelsdepression kan i sin tur hota allmogegetternas fortlevnad. Studien genomförs genom analys av inavelskoefficienter och längden av homozygota regioner, vilka kan användas för att identifiera risk för inavel och dess potentiella negativa påföljder som nedsatt hälsa och välfärd.

## 1.2 Frågeställningar

- Har någon ras av allmogegetter påverkats av inavel?
- Om inavel eller mer homozygoti än förväntat finns, vad är graden av homozygoti inom varje ras?
- Finns det någon ras som utmärker sig när det gäller inavel?

## 2. Bakgrund

### 2.1 De tre raserna och deras avelsmål

#### 2.1.1 Göingeget

Göingegeten (Figur 1) har sitt ursprung i Göingebygden i norra delen av Skåne vilket har gett rasen dess namn. Rasen anses vara en kvarlevande del av den gamla sydsvenska getpopulationen som tidigare fanns i södra Sverige (Föreningen Allmogegeten u.å.c). Vid slutet av år 2023 omfattade populationen 474 individer, varav 84 bockar och 390 getter, fördelade på 80 besättningar runt om i landet.



Figur 1. Göingeget (Oberger, B. (2017). Göingeget. [Fotografi]. [https://commons.wikimedia.org/wiki/File:G%C3%B6ingeget\\_02.jpg](https://commons.wikimedia.org/wiki/File:G%C3%B6ingeget_02.jpg) [2026-04-14] CC BY-SA 4.0)

#### 2.1.2 Jämtget

Jämtgeten (Figur 2) är en av de få kvarvarande oförädlade lantraser i Sverige som var tidigare väldigt vanligt förekommande i Jämtland och Härjedalen (Föreningen Allmogegeten u.å.d). Rasen har anpassats till det kalla klimatet och de nordliga betes- och fodertillgångarna i området, vilket bidrog till dess utbredning i dessa landskap. Under slutet av år 2023 fanns det 507 individer, varav 75 bockar och 432 getter, fördelade på 93 besättningar runt om i landet. Jämtgeten är därmed den största rasen när det kommer till antalet individer av alla raser inom gruppen allmogegetter.



Figur 2. Jämtget (jonsson (2011). Jämtget [Fotografi].

<https://www.flickr.com/photos/karljonsson/6070221619/in/photolist-2b74XVW-jj4Gzo-afptpr-c9ea6s-awzaS2-kVgbk-kVjHZ-kVjGP-fj5oYR-fjiA7d-fj5o2X-fj5oB4-7XXYCD-2gZWAQe-2oLT4ZP-ahdWKO-7XXYCV-2oLT4YS-2oLV3fr-2oLVwSO-ouy3ah-EJpDL3-ba5rSg-7bNYRv-afsfWN> [2026-04-14] CC BY 2.0)

### 2.1.3 Lappget

Lappgeten (Figur 3) härstammar från de nordliga delarna av Norrland och är anpassad till renbetesmarker, vilket gör att rasen kan utnyttja de magra betesmarkerna effektivt (Föreningen Allmogegeten u.å.e). Lappgeten betraktas som den mest utrotningshotade getrasen i Sverige. Populationen är uppdelad i tre avelslinjer med olika geografiskt ursprung i Norrland, Fatmomakkelinjen, Lövåsenlinjen och mixlinjen, vilket utgörs av en kombination av de två övriga linjerna. Fatmomakkelinjen anses vara mest utrotningshotad och får inte korsas med andra linjer. Lövåsenlinjen behöver ha minst 45% härstamning från Lövåsen medan mixlinjen får ha högst 45% härstamning från Lövåsen och resterande andel från Fatmomakke.

Under slutet av år 2023 fanns det 309 individer, varav 40 bockar och 269 getter, fördelade på 77 besättningar (Föreningen Allmogegeten u.å.e)



Figur 3. Lappget (Listz3 (2024). Lappget på Norra berget i Sundsvall, 2024. [Fotografi].

[https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Lappget\\_-\\_White.jpg](https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Lappget_-_White.jpg) [2026-04-14] CC0 1.0)

### 2.1.4 Avelsmål för allmogegetter

De tre raser inom Föreningen Allmogegeten har gemensamma avelsmål, vilka syftar till att bevara raserna som oförädlade lantraser utan inkorsning och att bibehålla en så stor genetisk variation som möjligt (Föreningen Allmogegeten 2023a; 2023b; 2023c). Samtidigt eftersträvas förbättring av både yttre och inre egenskaper, såsom hanterbarhet, lätta födslar, hållbarhet och resistens mot sjukdomar. Föreningen vill undvika att avla efter ensidiga avelsmål och prioritera de yttre och inre egenskaperna. Ett ytterligare avelsmål är att exkludera djur med bekräftade eller misstänkt ärftliga defekter eftersom det kan påverka djurens hälsa, välfärd och rasernas långsiktiga utveckling negativt. För att minska risken för inavel genomförs även årliga inavelsberäkningar.

Föreningen Allmogegeten (2023a; 2023b; 2023c) använder sig inte av traditionell avelsvärdering vilket innebär att djurägarna själva väljer vilka getter som ska användas i avel samt planerar betäckningar inom sina besättningar.

Eftersom allmogegetter ingår i ett genbanksprogram finns en stambok för registrering av djuren. För att ett djur ska kunna stambokföras måste dess föräldrar samt mor- och farföräldrar vara stambokförda (Föreningen Allmogegeten 2023a; 2023b; 2023c). Det finns undantag för grunddjuren, (founders), som gör att de fortfarande kan stambokföras trots att uppgifter från föräldrarna saknas. I stamboken registreras varje individ med ett unikt stamboksnummer och ett SE-nummer.

Eftersom det finns få mjukvaruprogram för getter i Sverige har det även blivit ett stort problem för den svenska lantrasgeten, som är den mest vanligaste svenska getrasen (Hegedüs et al. 2025). Svenska getavelsförbundet för svensk lantrasget använder sig av Elitlamm, som är ursprungligen för fårägare, och Föreningen Allmogegeten använder sig av "Genbanken på nätet" som är ett webbaserat program (Föreningen Allmogegeten 2023d; Hegedüs et al. 2025; Svenska Getavelsförbundet 2023). Begränsad tillgång till mjukvaruprogram för getter kan försvåra för djurägarna att ha tillgång till varje djurs stamtavla och detta kan riskera att både djuret själv och dess avkommor inte kan stambokföras korrekt (Föreningen Allmogegeten 2023d; Hegedüs et al. 2025). Då kan rasens population minska eftersom djur som används inom avelsprogrammen måste vara registrerade i stamboken och vara med i en genbanksbesättning för att bidra till att bevara de oförädlade raserna (Föreningen Allmogegeten 2023d; u.å.b).

## 2.2 Inavel

Inavel innebär att två nära besläktade individer parar sig vilket kan resultera i en avkomma med högre grad av homozygoti än förväntat (Luigi-Sierra et al. 2022). Även om inavel är vanligt hos produktionsdjur eftersträvas generellt en låg inavelsgrad för att minska risken för inavelsdepression. Om föräldrarna är nära besläktade, med några få generationer, ökar avkommornas inavelsgrad och det kan leda till inavelsdepression. Inavelsdepression kan yttra sig genom en negativ inverkan på djurets livslängd, hälsa, fertilitet, produktionsförmåga och andra fenotypiska egenskaper.

Enligt en studie av Leroy (2014) så kunde en viss procent av en egenskap hos individen minskas per procent inavel, även kallad för inavelsgrad, och hade medelvärdet på 0,134%. Detta betyder att individens egenskap minskar med 0,134% per procent av individens inavelsgrad. Hos produktionsdjur, som

nötkreatur och får, kunde denna procent minskas till 0,351% av önskvärda egenskaper som produktion, fruktsamhet, tillväxt och konformation.

Det har även visats att nordliga europeiska getraser löper högre risk för inavel än andra europeiska getraser (Bertolini et al. 2018).

För att undvika inavel, eller en hög inavelsgrad, är det vanligt att använda stamtavlebaserade metoder som bygger på släktskapsinformation för att uppskatta sannolikheten för inavel (Callegaro et al. 2025). Med hjälp av stamtavlor kan information om föräldrar, mor- och farföräldrar, men även syskon och andra släktingar, som individen har, spåras för att minska risken för att nära besläktade individer paras. Det finns dock risker med stamtavlebaserade data, exempelvis felaktigt registrerade identitetsnummer eller ofullständig härstamningsinformation, vilket kan leda till underskattning av inavel. I vissa fall kan även individer ha okänt ursprung, vilket ytterligare ökar osäkerheten i släktskapsberäkningar. Under senare år har genomiska metoder, såsom SNP-chip, blivit allt vanligare. Dessa metoder möjliggör identifiering av homozygota regioner i genomet och kan användas för att uppskatta inavel även hos individer med ofullständig eller okänd stamtavla. Om djurägarna avlar djur med den genomiska metoden, SNP-chip, påverkar det mer på djurets hälsa i större utsträckning än att avla med hjälp av stamtavla. SNP-chip kan skatta graden av inavel genom att det får ett värde baserat på individens faktiska genotyper, vilket kan därmed öka den genetiska variationen som i sin tur kan minska risken för inavelsdepression.

## 3. Metod & material

### 3.1 Informationssökning

I första delen av detta kandidatarbete genomfördes informationssökningar om allmogegetter, inavel samt de två vanligaste metoderna som används för avelsplanering, det vill säga stamtavla och SNP-chip. Vid litteratursökningen för inavel och metoder för avel användes databaserna Web of Science och ScienceDirect. Sökorden "(inbreed\* OR "inbreeding depression")" AND "(goat\*)" AND "(homozygot\*)" användes för databasen Web of Science medan för databasen ScienceDirect användes sökorden "inbreeding goats" och "inbreeding depression trait". Sökningen i ScienceDirect resulterade i cirka 4 773 artiklar varav en artikel valdes ut för att beskriva meningen med inavelsdepression och dess symtom men även avelsmetoder vilket beskrevs i artikelns sammanfattning, introduktion och slutsats. Sökningen i Web of Science resulterade i cirka 51 artiklar, varav en artikel valdes då den ansågs vara extra relevant på grund av förklaringen om begreppet inavel och koncentrationen av inavel hos de nordeuropeiska getraserna. Därutöver inkluderades ytterligare två artiklar som var referenser från artikeln som hittades på Web of Science då de beskrev mer om hur inavel påverkar produktionsdjurens produktivitet och homozygoti hos nordliga getraser.

Vetenskapliga artiklar fanns inte när informationssökning angående allmogegetter gjordes, vilket ledde till att information om allmogegetter i stället hämtades från Föreningen Allmogegeten. Eftersom vetenskapliga artiklar om allmogegetter inte finns och fakta om dessa raser från andra källor inte kan vara helt trovärdiga, användes information från Föreningen Allmogegeten i stället vilket godkändes av handledaren.

### 3.2 SNP-markörer och individer

I detta arbete användes det SNP-chip från illumina och antalet SNPs som genotypades var 59 727 innan kvalitetskontroll.

50 individer från 20 besättningar användes i detta arbete. Två av besättningarna bestod dock av individer från två olika raser av allmogegetter vilket medförde att dessa två besättningar blev till fyra för att kunna separera varje getras. Det totala antalet besättningar uppgick därmed till 22 besättningar, 4 besättningar med 12 göingegetter, 12 besättningar med 22 jämtgetter och 6 besättningar med 16 lappgetter.

Ursprungligen fanns det 24 jämtgetter och 13 göingegetter, dock fick två jämtgetter och en göingeget tas bort från arbetet på grund av för lite SNP-markörer.

För att SNP-markörerna skulle kunna genotypas till detta arbete så behövdes det samlas in prover från varje get genom nossvabbning som utfördes av djurägarna. I proven var det viktigt att det fanns mycket material från individer för att få tillräckligt med SNP-markörer som kunde genotypas.

### 3.3 PLINK

Kvalitetskontroll av data utfördes av handledare före påbörjandet av detta arbete.

Den första delen av analysen var att beräkna inavelskoefficienter för varje individ med hjälp av data som gavs av handledaren. Datamaterialet bestod av PLINK-filer i formatet .bed, .bim och .fam uppdelade separerade för varje getras. Filerna analyserades i dataprogrammet PLINK med kommandot "--bfile" följt av respektive dataset. I detta arbete analyserades autosomer, eftersom det är ledande faktorn för inavel där getter har 29 par av autosomer angavs "--chr-set 29" och vilken analys PLINK skulle utföra. Inavelskoefficienter beräknades med flaggan -het och resultatfiler specificerades med --out. För göingeget användes kommandot:

```
"--bfile Goat65k_qc1_clean_Goingeget --chr-set 29 --het --out Goingeget.het".
```

För filerna med jämtget och lappget skrevs kommandot på samma sätt där endast filernas namn och namnet på resultatfilerna ändrades till "Jamtget" respektive "Lappget".

I den andra delen av analysen beräknades homozygota regioner, (ROH), med PLINK beräknades med flaggan --homozyg och resultatfiler specificerades med --out. För göingegeten skrevs kommandot:

```
"--bfile Goat65k_qc1_clean_Goingeget --chr-set 29 --homozyg --out Goingeget.hom".
```

Precis som innan ändrades filnamn och namn på resultatfilerna till "Jamtget" respektive "Lappget".

## 3.4 R

I dataprogrammet R gjordes fyra olika grafer baserat på analysfilerna från PLINK. Två av graferna baserades på inavelskoefficienter, en graf baserades på homozygoti och en graf baserades på inavelskoefficienter och homozygoti. I inavelsfilerna användes värdena under kolumnen F, som representerar inavelsmått baserat på heterozygoti/homozygoti. I ROH-filerna användes värdena under kolumnen kb, vilket motsvarar längden på homozygota segment.

Det första diagrammet skapades som en scatterplot där individer grupperades efter besättning. För varje besättning definierades x-värden som besättningsnummer (t.ex. `x1<--C(1,1)` för två individer i besättning 1) och motsvarande y-värden som individernas inavelskoefficienter ( t.ex. `x1<--(-0.1138,0.06155)`). Därefter plottades data med `plot()`-funktionen, där bland annat punkttyp (`pch`), färg (`col`), axelgränser (`xlim`, `ylim`) och axelinställningar (`xaxt`) specificerades. Ytterligare besättningar lades till med funktionen `points()`, exempelvis för besättning 2 och 3. Axeltitlar och diagramtitlar lades till med `title()`, och x-axelns etiketter definierades med `axis()`, där besättningarna namngavs. Det bör noteras att datasetet omfattade fler än tre besättningar.

Det andra diagrammet skapades som en boxplotdiagram där inavelskoefficienter användes som responsvariabel och ras användes som gruppvariabel. Raserna kodades som numeriska värden: göingegetter = 1, jämtgetter = 2 och lappgetter = 3. Data organiserades i en data frame (`Goatdata<-data.frame(x,y)`), och visualiserades därefter med funktionen `boxplot(x~y, ...)`.

Det tredje diagrammet skapades som ett barplotdiagram baserat på längden av homozygota regioner (kb-värden från ROH-analysen). Data organiserades i en data frame (`Goatdata2<-data.frame(x,y)`), och visualiserades med `barplot()`. Diagrammets färger och axelinställningar anpassades efter tidigare exempel.

Det fjärde diagrammet skapades som en korrelation mellan inavelskoefficienter och homozygota regioner. Individernas längd av homozygota regioner definierades som x-värden och inavelskoefficienter som y-värden. Data organiserades i en data frame (`COR<-data.frame(x,y)`), och visualiserades därefter med funktionen `cor()`. Därefter lades en linje till med `abline(lm(y~x))`, linjens tjocklek (`lwd`) och linjens färg (`col`). Diagrammets färger och axelinställningar anpassades efter tidigare exempel.

## 4. Resultat

### 4.1 Inavelskoefficienten

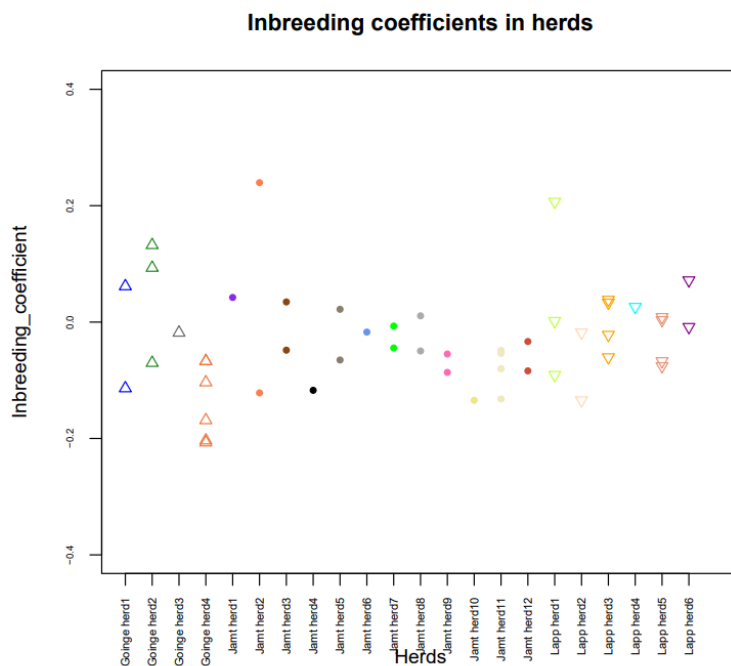
I den första analysen i PLINK skapades tre filer, Goingeget.het, Jamtget.het och Lappget.het, (en per ras) som innehöll individernas inavelsmått baserat på heterozygoti/homozygoti (Appendix). Resultaten visade att jämtgetter hade den lägsta andelen individer med högre homozygoti än förväntat, där 22,7% av individerna som hade mer homozygoti än förväntat. Göingegetter hade 25% mer homozygoti än förväntat medan lappgetter hade den högsta risken för inavel, där 50% var mer homozygota än förväntat.

Vid analys på besättningsnivå visades det att en jämtget från besättning 2 och en lappget från besättning1 uppvisade högre homozygoti jämfört med övriga allmogegetter (Figur 4). Även två göingegetter från besättning 2 förhöjd homozygoti jämfört med resterande individerna inom dess ras.

*Figur 4. Inavelskoefficienten inom varje besättning. PLINK skattar inavelskoefficienten (F) med hjälp av antal observerade heterozygota SNP ( $H_o$ ) och antal förväntade heterozygota SNP ( $H_e$ ) genom formeln i PLINK  $F = \frac{(H_o - H_e)}{(Total\ antal\ SNP - H_e)}$ .*

*I Figur 4 visas varje individs inavelskoefficient hos besättningarna, där av två punkterna, en röd cirkel och en gulgrön uppochnervänd triangel, visar sig ha en högre inavelskoefficient jämfört med resterande punkterna.*

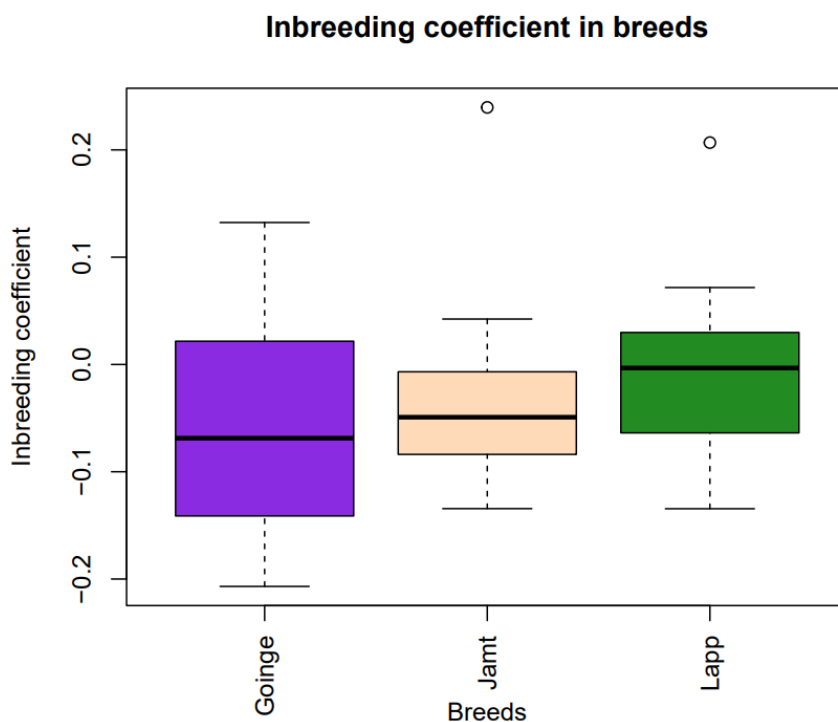
*Goinge = Göingeget, Jamt = Jämtget och Lapp = Lappget. Form av punkten indikerar besättningens ras medan färg på punkten indikerar vilken besättning individen tillhör.*



Analys av inavelskoefficienter per ras gjordes utifrån den första analysen i PLINK till en boxplot (Figur 5) för att undersöka variationen i homozygoti inom varje ras. Ett positivt F-värde ( $F > 0$ ) indikerar det högre homozygoti än förväntat, medan ett negativt F-värde ( $F < 0$ ) indikerar det lägre nivåer av homozygoti än förväntat. Göingegetterna uppvisade lägre medel- och minimivärden för F jämfört med de övriga raserna, vilket indikerar lägre nivåer av homozygoti (Tabell 1). Jämtgetterna hade lite högre homozygoti i maximivärdet jämfört med lappgetterna, men lappgetterna hade mer homozygoti än förväntat i medelvärde av allmoggetterna som genotypades i detta arbete.

*Figur 5. Rasernas inavelskoefficient i en boxplot. Varje boxplot visar varje ras max-, medel- och minvärde, där göingegetter har en bredare variation mellan värdena jämfört med de andra raserna. Jämtgetterna har det högsta maxvärdet medan lappgetter har det högsta medelvärdet.*

*Goinge = Göingeget, Jamt = Jämtget och Lapp = Lappget. Färg på varje boxplot indikerar vilken ras som boxplotten tillhör. Punkten över 'Jamt' & 'Lapp' är individer som har en mycket högre inavelskoefficient än resterande individer i respektive raser.*



Tabell 1. Inavelskoefficientens max- medel- och minvärde inom varje ras. Denna tabell visar värdena från Figur 5, där man kan se att jämtgetterna har det högsta maxvärdet och att lappgetterna har det högsta medelvärdet. Göingegetterna hade det lägsta max-, medel- och minvärdet.

Ras	Maxvärde (F)	Medelvärde (F)	Minvärde (F)
<b>Göingeget</b>	0,1323	-0,06265083	-0,2069
<b>Jämtget</b>	0,2396	-0,03765886	-0,1344
<b>Lappget</b>	0,2068	0,00540725	-0,1345

## 4.2 Längd av homozygota regioner

I den andra PLINK analysen skapades en resultatfil per ras med längder av homozygota regioner (Appendix), där långa homozygota regioner indikerar hög grad av inavel. Jämtgetterna hade den längsta homozygota längden på 867 529 kb medan lappgetterna hade 835 937 kb och göingegetterna hade 768 367 kb.

Med hjälp av dataprogrammet R kunde homozygota regioner illustreras med en barplot (Figur 6) där varje individ representerades inom respektive besättning och ras. Både jämtgeten från besättning 2 och lappgeten från besättning 1 visade sig ha långa homozygota regioner. Utöver dessa individer hade en lappget från besättning 6 och tre göingegetter från besättning 1 & 2 längre homozygota regioner än övriga individer.

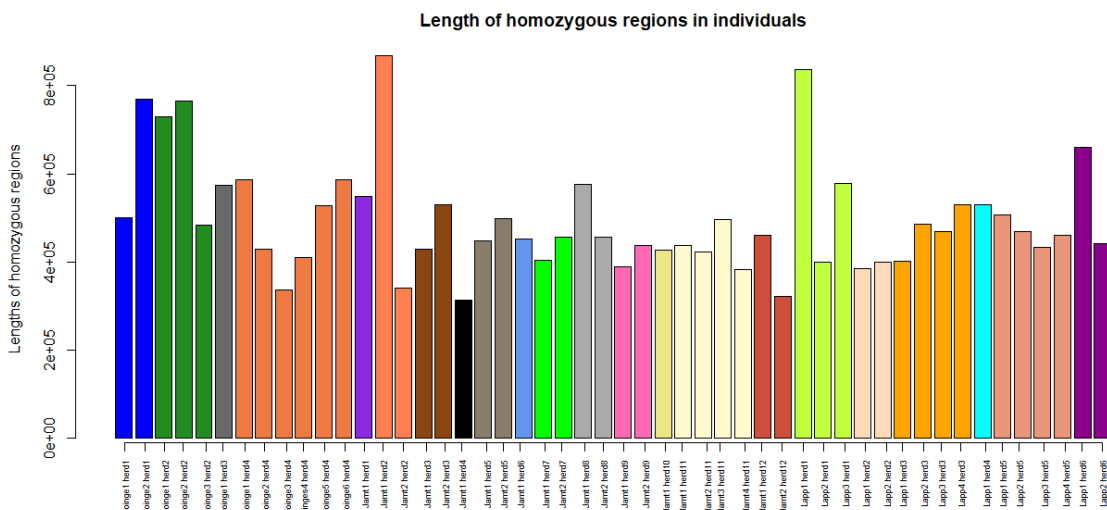
Jämtgetter uppvisade generellt kortare längder av homozygota regioner jämfört med jämtgeten från besättning 2.

För analysen av den genomsnittliga längden av homozygota regioner 'kbavg' och medelvärdet på antal segment 'NSEG' (Appendix) hade lappgetter hade det högsta max- och medelvärdet av den genomsnittliga längden av homozygota regioner (kbavg), medan jämtgetter hade det lägsta minvärdet (Tabell 3). Göingegetter uppvisade högst antal segment, medan lappgetter hade lägst antal segment (Tabell 3) där antalet segment går ner om inavel har skett nyligen eftersom de homozygota regionerna är långa.

Figur 6. Längd av homozygota regioner hos varje individ som visar att en jämtget från besättning 2 har den längsta homozygota regionen, medan lappgetter har flest individer med långa homozygota regioner jämfört med övriga raser.

Färgen på barplot indikerar besättning de tillhör.

Goinge = Göingeget, Jamt = Jämtget, Lapp = Lappget.



Tabell 3. Max-, medel- och minvärdet hos den genomsnittliga längden av homozygota regioner och medelvärdet på segment per ras. Lappgetterna har högst maximi- och medelvärden gällande homozygota regioner men har lägst antal segment jämfört med övriga raser. Jämtgetterna har den lägsta max-, medel- och minvärden jämfört med resterande raser, medan göingegetter har högst antal segment.

Ras	Maxvärde (kbavg)	Medelvärde (kbavg)	Medelvärde (NSEG)	Minvärde (kbavg)
Göingeget	18 643	14 432,81	38,83	11 920,1
Jämtget	18 073,5	12 002,87	38,14	9 451,81
Lappget	20 388,7	14 489,04	34,63	11 867,6

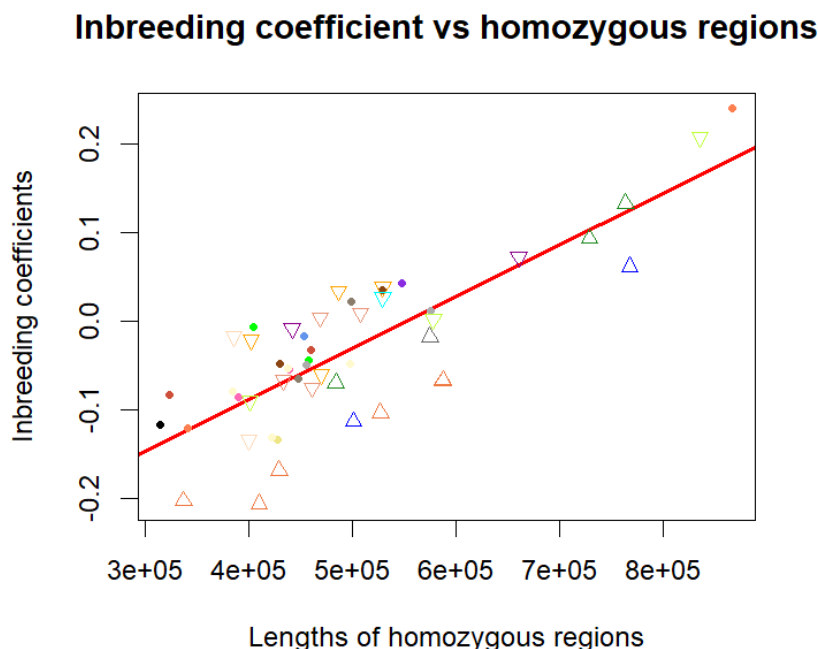
### 4.3 Korrelation

Resultatfilerna med inavelskoefficienter och längd av homozygota regioner för varje ras från den första och andra PLINK analyserna skapades en korrelation. Korrelationen påvisade ett samband mellan individernas inavelskoefficienter och längs av homozygota regioner med en positiv korrelation.

Med hjälp av dataprogrammet R kunde en korrelation illustreras från inavelskoefficienter och homozygota regioner och det finns en positiv korrelation (Figur 7). En positiv korrelation påvisar att om värdet på den ena axeln ökar så ökar värdet på den andra axeln, vilket visas genom denna korrelation som visar att om inavelskoefficienten är hög så är även de homozygota regionerna långa. Individer med låga inavelskoefficienter och korta homozygota regioner visade några få residualer medan hos individer med höga inavelskoefficienter och långa homozygota regioner visar tydliga tecken på ett samband mellan variablerna (Figur 7).

*Figur 7. Korrelation mellan inavelskoefficienter och längd av homozygota regioner. Få residualer hos individer med låga inavelskoefficienter och korta homozygota regioner. Individer med höga inavelskoefficienter och långa homozygota regioner följer den röda linjen som då indikerar ett samband mellan variablerna och en positiv korrelation*

*Färg på punkt och punktform indikerar individernas ras, där göingeget = triangel, jämtget = punkt och lappget = uppochnervänd triangel, och vilken besättning de tillhör.*



## 5. Diskussion

I detta arbete utfördes en analys för att identifiera om någon ras i gruppen allmoggetter hade högre homozygoti än förväntat genom att analysera SNP-markörer. Efter att dataprogrammen PLINK och R användes kunde man identifiera några individer inom varje ras hade mer homozygoti än förväntat men att rasen med flest individer som hade högre homozygoti än förväntat var lappgeten. Göinge- och jämtgetter hade några få individer med mer homozygoti än förväntat, men hade generellt fler individer med lägre homozygoti än förväntat.

I början av detta arbete fanns det 13 göingegetter och 24 jämtgetter. En göingeget och två jämtgetter fick tas bort då det fanns för lite SNP-markörer för att kunna användas. Detta berodde på att dessa prov måste ha mycket material från individen för att kunna genotypas med i dessa fall så fanns det för lite material att använda sig av från svabbproven. Det reducerade antalet individer i två av tre raser kan ha påverkat resultatet, exempelvis medelvärdet av inavelskoefficienten eller möjligheten att identifiera individer som hade högre eller lägre homozygoti än förväntat. Avsaknad av genomiska analyser skulle kunna påverka djurägarnas val av avelsdjur eftersom inavelskoefficienter och homozygota regioner kan bidra till att identifiera individer med förhöjd grad av inavel.

Antal individer per ras som genotypades i detta arbete skiljde sig då fler jämtgetter än göingegetter fanns tillgängliga för analys, vilket gör att jämföra raserna mot varandra skulle anses som inte tillförlitligt. I framtida studier bör samma antal individer för varje ras användas så att resultaten blir mer jämförbara och för att få mer tillförlitligare resultat, speciellt om ännu fler individer genotypas.

Rasen som hade mer homozygoti än förväntat och de tydligaste tecken på inavel var lappgeten, vilket var förväntat på grund av den låga populationen (309) jämfört med de andra raserna (474 vs 507). Detta skulle även kunna bero på förekomst av separata avelslinjer inom rasen. Exempelvis får inte Fatmomakkelinjen korsas med en individ av en annan linje även om individen är en renrasig lappget. Konsekvenserna av den låga populationen och avelslinjerna bidrar till ett begränsat genflöde och skulle kunna leda till en lägre genetisk variation och att fler individer i framtiden riskerar att få en högre inavelsgrad om bocken är nära besläktad med övriga individer i besättningen.

Förvånande nog fanns det en jämtget med den högsta graden av homozygoti av samtliga individer i detta arbete, med en inavelskoefficient på 0,2396 och en SNP-längd på 867 529 kb. Detta kan bero på om en förälder och dess avkomma paras.

Även om denna individ hade mer homozygoti än förväntat hade jämtgetterna som grupp generellt lägre nivåer av homozygoti än förväntat jämfört med de andra raserna. Det skulle kunna bero på att jämtgetten har den största populationen av allmogegetter.

När den genomsnittliga längden av homozygota regioner ( $k_{bav}$ ) undersöktes uppvisade lappgetterna det högsta max- och medelvärdet bland de analyserade raserna. Detta skiljde sig från resultaten av längden av homozygota regioner ( $k_b$ ) där jämtgetterna hade det högsta maxvärdet eftersom en individ från besättning 2 hade mycket mer homozygoti än förväntat. Att lappgetterna hade det högsta max- och medelvärdet kan bero på att deras genomsnittliga homozygota regioner är mycket längre än jämtgetternas. Detta kan vara ett resultat av att fler lappgetter hade mer homozygoti än förväntat då jämtgetterna hade färre individer med mer homozygoti än förväntat.

Jämtgetterna, i detta arbete, hade det kortaste genomsnittliga längden av homozygota regioner vilket visades genom att de hade det minsta max-, medel- och minvärdet. Det kan bero på att fler individer hade mindre homozygoti än förväntat. Göingegetterna hade de det högsta minvärdet i den genomsnittliga längden av homozygota regioner ( $k_{bav}$ ), vilket kan bero på att de individer som hade mer homozygoti än förväntat hade i genomsnitt lite högre inavelskoefficient än lappgetterna. Fler lappgetter hade mer homozygoti än förväntat där deras genomsnittliga längder av homozygota regioner var längre än göinge- och jämtgetternas genomsnittliga homozygota regioner.

Korrelationen mellan de två variablerna, inavelskoefficienter och längd av homozygota regioner, visade att det fanns det väldigt få residualer medan resterande punkter påvisade ett samband och en positiv korrelation. Detta betyder att om individernas inavelskoefficient är hög så är även de homozygota regionerna långa eller om inavelskoefficienten är låg så är de homozygota regionerna korta. Det innebär att om en individ med hög inavelskoefficient har sannolikt långa homozygota regioner eller om en individ har långa homozygota regioner så har den sannolikt en hög inavelskoefficient.

Även om SNP-chip kan ge mer detaljerad information om genetisk variation och homozygoti än genom stamtavla så finns det nackdelar med denna genomiska metod. Genotypning med SNP-chip är ofta mer kostsamt än stamtavlebaserade metoder och kan leda till att djurägare med små populationer troligtvis väljer det billigare alternativet för avelsplanering. Det stämmer för de besättningar som analyserades i detta arbete, eftersom det fanns få individer från varje besättning,

vilket kan vara en anledning till att stamtavlebaserade metoder används i större utsträckning jämfört med genotypiska analyser.

## 6. Slutsats

Efter undersökningen om inavel hos allmogegetter visas det att några individer inom varje ras hade mer homozygoti än förväntat. Rasen jämtget hade minst homozygoti än förväntat av alla raser, 77,3%, även med en individ som visade sig ha en hög nivå av homozygoti. Detta skulle kunna bero på att populationen av denna ras är större jämfört med de andra raserna. Göingegeten hade ett lägre medelvärde av homozygoti än förväntat vid analysen av inavelskoefficient och de hade generellt mindre homozygoti än det som förväntades, även om 3 av 12 individer hade lite mer homozygoti.

Rasen som var mest homozygot var lappgeten med hälften av dess individer, i detta arbete, som hade mer homozygoti än förväntat. Detta beror, troligtvis, på rasens låga population och dess specifika avelslinjer som kan ha gjort det svårare för vissa besättningar att undvika inavel hos sina djur.

# Referenser

- Bertolini, F., Cardoso, T.F., Marras, G., Nicolazzi, E.L., Rothschild, M.F., Amills, M., & the AdaptMap consortium (2018). Genom-wide patterns of homozygosity provides clues about population history and adaptation of goats. *Genetics Selection Evolution*, 50 (1), 59. <https://doi.org/10.1186/s12711-018-0424-8>
- Callegaro, S., Tiezzi, F., Maltecca, C., Fabbri, M.C., do Carmo Panetto, J.C. & Bozzi, R. (2025). Comprehensive analysis of inbreeding depression across growth, fertility, and survival traits in Limousine beef cattle. *animal*, 19 (11), 101672. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2025.101672>
- FAO (2026). *Domestic Animal Diversity Information System (DAD-IS)*. <https://dadis-breed-datasheet-ws.web.app/?country=SWE&specie=Goat&breed=&callback=allbreeds> [2026-03-31]
- Föreningen Allmogegeten (2023a). *Föreningen Allmogegetens avelsprogram för göingeget*. <https://www.allmogegeten.se/index.php/foreningen-allmogegetens-avelsprogram-for-goingeget> [2026-04-01]
- Föreningen Allmogegeten (2023b). *Föreningen Allmogegetens avelsprogram för jämtget*. <https://www.allmogegeten.se/index.php/foreningen-allmogegetens-avelsprogram-jamtget> [2026-04-01]
- Föreningen Allmogegeten (2023c). *Föreningen Allmogegetens avelsprogram för lappget*. <https://www.allmogegeten.se/index.php/foreningen-allmogegetens-avelsprogram-lappget> [2026-04-01]
- Föreningen Allmogegeten (2023d). *Plan och riktlinjer för Föreningen Allmogegetens verksamhet som avelsorganisation*. [https://www.allmogegeten.se/wp-content/uploads/2025/09/Allmogegeten\\_Avelsorganisation\\_2023.pdf](https://www.allmogegeten.se/wp-content/uploads/2025/09/Allmogegeten_Avelsorganisation_2023.pdf) [2026-04-08]
- Föreningen Allmogegeter (u.å.a). *Allmogegeter*. <https://www.allmogegeten.se/index.php/getraserna-2/> [2026-03-31]
- Föreningen Allmogegeten (u.å.b). *Genbanker och bockar, ett förtydligande*. <https://www.allmogegeten.se/index.php/genbanker-och-bockar-ett-fortydligande> [2026-04-01]
- Föreningen Allmogegeten (u.å.c). *Göingeget*. <https://www.allmogegeten.se/index.php/getraserna/goingeget> [2026-04-01]
- Föreningen Allmogegeten (u.å.d). *Jämtget*. <https://www.allmogegeten.se/index.php/getraserna/jamtget> [2026-04-01]
- Föreningen Allmogegeten (u.å.e). *Lappget*. <https://www.allmogegeten.se/index.php/getraserna/lappget> [2026-04-01]
- Hegedús, B., Bijma, P. & Johansson, A.M. (2025). Inbreeding and population structure in the Swedish Landrace goat and a signature of selection in the region of the casein genes. *Small Ruminant Research*, 253, 107650. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2025.107650>

- Leroy, G. (2024). Inbreeding depression in livestock species: review and meta-analysis. *Animal Genetics*, 45 (5), 618-628. <https://doi.org/10.1111/age.12178>
- Luigi-Sierra, M.G., Fernández, A., Martínez, A., Guan, D., Delgado, J.V., Álvarez, J.F., Landi, V., Such, F.X., Jordana, J., Saura, M. & Amills, M. (2022). Genomic patterns of homozygosity and inbreeding depression in Murciano-Granadina goats. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, 13 (1), 35. <https://doi.org/10.1186/s40104-022-00684-5>
- Svenska Getavelsförbundet (2023). *Avelsprogram för getter av svensk lantras från år 2023*. <https://www.svenskagetavelsforbundet.se/om-foreningen/avelsprogram> [2026-06-03]

# Populärvetenskaplig sammanfattning

Svenska allmogegetter består av tre lokala lantraser; Göingeget, jämtget och lappget. Allmogegetter är oförädlade eller delvis oförädlade raser vilket innebär att raserna inte avlas för specifika egenskaper, som hög mjölk- eller köttavkastning, och får inte korsas med andra raser.

Alla allmogegetter har något gemensamt, de är utrotningshotade raser och har därför en högre risk för inavel. Inavel kan leda till inavelsdepression med symptom som påverkar djurets hälsa, fertilitet och välfärd negativt. I detta arbete undersöktes varje ras för inavel och om någon ras utsätts för en högre grad av inavel.

Med hjälp av dataprogrammen PLINK och R identifierades det att lappgeten hade högst risk för inavel då hälften av individerna i detta arbete hade tecken för inavel. Att lappgeten visade högst risk för inavel kan bero på dess låga population av 309 individer och specifika avelslinjer. Rasen med minst risk för inavel, bland allmogegetterna, var jämtgeten där 22,7% hade mer homozygoti än förväntat. Detta skulle kunna bero på att dess population är större än de andra raserna och därför kunna lättare undvika inavel. Även om göingegetterna inte hade minst risk för inavel hade de det lägsta medelvärdet av inavelskoefficient som beskriver inavel i procent.

# Appendix

Appendix. Varje individs ID-SLU, besättning, inavelskoefficient (F) och SNP längd (kb)

<b>ID-SLU, individ, besättning</b>	<b>Inavelskoefficient (F)</b>	<b>Längd av homozygot region (kb)</b>	<b>Genomsnittlig längd av homozygot region (kbavg)</b>
<i>CHI032, Göingeget 1, besättning 1</i>	-0,1338	501 098	14 317,1
<i>CHI033, Göingeget 2, besättning 1</i>	0,06155	768 367	17 462,9
<i>CHI038, Göingeget 1, besättning 2</i>	0,09329	729 256	13 504,7
<i>CHI039, Göingeget 2, besättning 2</i>	0,1323	764 363	18 643
<i>CHI158, Göingeget 3, besättning 2</i>	-0,07014	483 939	12 498,4
<i>CHI068, Göingeget 1, besättning 3</i>	-0,01822	574 924	13 351,4
<i>CHI102, Göingeget 1, besättning 4</i>	-0,06739	587 463	11 920,1
<i>CHI103, Göingeget 2, besättning 4</i>	-0,1686	429 124	15 123,1
<i>CHI306, Göingeget 3, besättning 4</i>	-0,2034	336 615	13 464,6
<i>CHI366, Göingeget 4, besättning 4</i>	-0,2069	409 577	16 383,1
<i>CHI367, Göingeget 5, besättning 4</i>	-0,1036	526 958	13 173,9
<i>CHI168, Göingeget 6, besättning 4</i>	-0,0669	587 463	13 351,4
<i>CHI016, Jämtget 1, besättning 1</i>	0,04233	547 839	13 043,8
<i>CHI019, Jämtget 1, besättning 2</i>	0,2396	867 529	18 073,5
<i>CHI020, Jämtget 2, besättning 2</i>	-0,1216	340 265	9 451,81
<i>CHI034, Jämtget 1, besättning 3</i>	-0,04823	430 056	11 623,1
<i>CHI035, Jämtget 2, besättning 3</i>	0,03464	529 056	15 560,5
<i>CHI059, Jämtget 1, besättning 4</i>	-0,1172	314 478	11 231,4
<i>CHI093, Jämtget 1, besättning 5</i>	-0,06515	447 839	12 103,8
<i>CHI094, Jämtget 2, besättning 5</i>	0,02198	499 212	11 345,7
<i>CHI105, Jämtget 1, besättning 6</i>	-0,01719	452 944	11 323,6
<i>CHI106, Jämtget 1, besättning 7</i>	-0,006835	404 011	9 619,3

<i>CHI107, Jämtget 2, besättning 7</i>	-0,04449	457 273	10 634,3
<i>CHI114, Jämtget 1, besättning 8</i>	0,01076	575 279	13 378,6
<i>CHI117, Jämtget 2, besättning 8</i>	-0,04965	455 659	11 391,5
<i>CHI118, Jämtget 1, besättning 9</i>	-0,08643	389 307	10 814,1
<i>CHI119, Jämtget 2, besättning 9</i>	-0,05486	438 182	12 519,5
<i>CHI131, Jämtget 1, besättning 10</i>	-0,1344	427 257	10 681,4
<i>CHI150, Jämtget 1, besättning 11</i>	-0,05358	437 788	12 508,2
<i>CHI151, Jämtget 2, besättning 11</i>	-0,1321	422 333	9 598,47
<i>CHI153, Jämtget 3, besättning 11</i>	-0,04872	497 285	13 813,5
<i>CHI154, Jämtget 4, besättning 11</i>	-0,08015	383 692	11 285,1
<i>CHI209, Jämtget 1, besättning 12</i>	-0,03339	460 156	12 109,4
<i>CHI210, Jämtget 2, besättning 12</i>	-0,08383	322 718	11 952,5
<i>CHI030, Lappget 1, besättning 1</i>	0,2068	835 937	20 388,7
<i>CHI134, Lappget 2, besättning 1</i>	-0,09079	400 600	14 270,6
<i>CHI135, Lappget 3, besättning 1</i>	0,001845	578 152	13 777,9
<i>CHI036, Lappget 1, besättning 2</i>	-0,01785	385 307	13 405,5
<i>CHI037, Lappget 2, besättning 2</i>	-0,1345	399 560	11 867,6
<i>CHI040, Lappget 1, besättning 3</i>	-0,02194	402 166	15 384,4
<i>CHI041, Lappget 2, besättning 3</i>	0,0334	486 570	12 668,2
<i>CHI141, Lappget 3, besättning 3</i>	-0,06045	470 072	13 128,8
<i>CHI142, Lappget 4, besättning 3</i>	0,03843	529 324	12 452,5
<i>CHI139, Lappget 1, besättning 4</i>	0,0262	529 277	13 767,9
<i>CHI063, Lappget 1, besättning 5</i>	0,008617	507 685	13 386,7
<i>CHI064, Lappget 2, besättning 5</i>	0,003351	468 725	16 691,6
<i>CHI065, Lappget 3, besättning 5</i>	-0,06714	433 249	18 067,3
<i>CHI066, Lappget 4, besättning 5</i>	-0,07576	460 742	12 308,8
<i>CHI096, Lappget 1, besättning 6</i>	0,07172	660 859	14 689,7
<i>CHI097, Lappget 2, besättning 6</i>	-0,008449	441 759	15 568,4

## 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, Evelina Modig 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.