

## Genetisk diversitet inom svenska nötlantraser i jämförelse med kommersiella mjölkkraser



**Martina Sjödin**

# Genetisk diversitet inom svenska nötlantraser i jämförelse med kommersiella mjölkkraser

Genetic diversity within Swedish native cattle breeds compared with commercial dairy breeds

## Martina Sjödin

**Handledare:** Susanne Eriksson, SLU, Institutionen för husdjursgenetik

**Examinator:** Anna Maria Johansson, SLU, Institutionen för husdjursgenetik

**Omfattning:** 15 hp

**Kurstitel:** Kandidatarbete i husdjursvetenskap

**Kurskod:** EX0553

**Program:** Agronomprogrammet - Husdjur

**Nivå:** Grund, G2E

**Utgivningsort:** Uppsala

**Utgivningsår:** 2016

**Serienamn, delnr:** Examensarbete / SLU, Institutionen för husdjursgenetik, 498

**Omslagsbild:** Martina Sjödin

**Nyckelord:** genetisk diversitet, inavel, lantraser, holstein, fjällko, rödkulla, effektiv populationsstorlek

Key words: genetic diversity, inbreeding, native breeds, Holstein, Swedish mountain cattle, red polled cattle, effective population size

## Abstract

Kinship and genetic variation have been studied in several cattle breeds, mainly the commercial breeds like Holstein. Even in numeric large populations like Holstein, relatively few bulls are often used for breeding which is the main reason for the increased inbreeding. When the use of commercial dairy breeds increased, the interest for native breeds decreased. The reduction in number of the Swedish native breeds began when high producing cattle breeds got introduced to the agriculture, several breeds decreased so quickly that they were near extinction. In the last few years the number of animals have increased but are still low. The native breeds carries traits and gene variations that can come to use in the future and they are a part of our cultural history are two reasons to maintain them. Over the years the methods to measure genetic diversity have progressed and today microsatellites and single nucleotide polymorphism (SNP) are used primarily for these kinds of studies. There are few studies done regarding inbreeding in the Swedish native cattle breeds which makes it hard to draw a conclusion about the level of inbreeding today.

## Sammanfattning

Släktskap och den genetiska variationen har studerats i flera nötkreatursraser, men främst i de kommersiella raserna som Holstein. Även i numeriskt stora raser som Holstein används relativt få tjurar vilket har ökat inaveln. När användningen av kommersiella raser ökade började intresset för de inhemska raserna minska. De svenska lantraserna minskade i antal när mer högproducerande raser introducerades, många så drastiskt att de var nära att utrotas. De senaste åren har antalet djur ökat något men är fortfarande mycket få. Lantraserna bär på egenskaper och genvariationer som kan komma att användas i framtiden samt är de en del av vår kulturhistoria vilket är två anledningar till att bevara dem. Under åren har metoderna för att mäta genetisk diversitet utvecklats och idag används främst mått baserade på genetiska markörer som mikrosatelliter och single nucleotide polymorphism (SNP). Det finns väldigt få studier gjorda om inaveln i de svenska lantraserna vilket gör det svårt att med säkerhet säga hur stor inaveln är idag.

## Introduktion

I moderna nötkreatursraser som används till mjölkproduktion börjar inavel bli ett problem (Stachowicz *et al.*, 2011). En bidragande faktor till den ökande inaveln är den höga selektionsintensiteten samt användandet av färre tjurar (Sørensen *et al.*, 2005 Parland *et al.*, 2007). Holstein är en av de till antalet största raserna som används till mjölkproduktion, i Sverige finns det cirka 555 000 djur av rasen Holstein (Jordbruksverket 2016, personlig kommunikation). Trots den stora populationen har några studier bekräftat att inaveln är relativt hög och var som högst under 1990-talet (Sørensen *et al.*, 2005; Parland *et al.*, 2007; Stachowicz *et al.*, 2011). När högre krav ställdes på högre avkastning blev lantraserna ersatta av de kommersiella raserna (Kantanen *et al.*, 2000a). När Holstein och Svensk rödvit boskap (SRB) började användas mer och mer i det svenska lantbruket minskade antalet djur i de svenska lantraserna så drastiskt att de var nära utrotning. De svenska lantraserna som tas upp i

detta arbete är fjällko, rödkulla och allmogekor (väneko, ringmålako och bohuskulla) (Jordbruksverket 2016a). Specifika rasföreningar startades upp för att bevara lantraserna, främst som levande genbanker men också som kulturarv. Fortfarande är antalet djur i dessa raser relativt få men har börjat öka långsamt.

Genetisk diversitet kan mätas på olika sätt, till en början användes stamtavlor och senare även blodprov för att räkna ut den genetiska variationen inom en population. Men under 1900-talet började teknikerna utvecklas och under 2000-talet började även mikrosatelliter och single nucleotide polymorphism (SNP) användas (Brenig & Schütz, 2016). Trots det används härstamningsinformation till stor del fortfarande för att komplettera informationen från SNP och mikrosatelliter. Syftet med detta arbete är på att sammanfatta data från litteratur om inavel inom de svenska lantraserna och använda Holstein som jämförelse. I och med att det finns mycket lite allmän information om de svenska lantraserna i vetenskapliga artiklar har sådan information hämtats från rasföreningarna för respektive ras och från Jordbruksverket.

## Genetisk diversitet

När två djur med gemensamma släktingar paras uppstår inavel vilket kan leda till genetisk drift, minskad genetisk variation och mindre heterozygoti (Hinrichs & Thaller, 2011). Genetisk variation kan delas in i två grupper: variationen mellan raser och variationen mellan individer inom en ras (Kantanen *et al.* 2000a). Olika metoder används för att mäta genetisk diversitet, innan utvecklingen av SNP användes härstamningsdata från stamtavlor och mikrosatelliter (Kantanen *et al.*, 2000a; Leroy *et al.*, 2013). Enligt Brenig och Schütz (2016) kan mikrosatelliter bli mindre informativa i tester med väldigt nära släktingar vilket kan komma att hända i de avelsprogram där några få tjurar dominerar på grund av deras höga avelsvärden.

## Effektiv populationsstorlek

En av de vanligaste indikatorerna för att bedöma genetisk diversitet är den effektiva populationsstorleken ( $N_e$ ) som utvecklades i början på 1930-talet av Sewall Wright (Leroy *et al.*, 2013) och räknas ut med formeln:  $N_e = \frac{1}{2\Delta F_y L}$  där  $L$  är det genomsnittliga generationsintervallet och  $\Delta F_y$  är den årliga inavelsökningen (Sørensen *et al.*, 2005; Parland *et al.*, 2007; Stachowicz *et al.*, 2011). I slutet på 1990-talet rekommenderades ett minsta värde för  $N_e$  på 50 för att förhindra inavelsdepression (Kantanen *et al.*, 1999) och ett värde på 500 för att förhindra att den genetiska variationen minskar (Franklin & Frankham, 1998). Som en del av en studie räknade Kantanen *et al.* (1999) ut  $N_e$  för 13 nordiska nötraser, både kommersiella och inhemska raser. Bland de svenska raserna ingick SRB, Holstein och fjällko varav  $N_e$  blev 36 och 38, 141 och 103 för respektive ras. SRB hade bland de lägsta  $N_e$  än de andra nordiska raserna. Orsaken till att SRB hade två  $N_e$  värden var att de hade delat upp endast den rasen i tjurar (36) och kor (38). Anledningen till det var för att de statistiska analyserna utgick från äldre studier och då hade SRB delats upp i tjurar och kor.

## Mikrosatelliter och SNP

Till en början användes blodgrupper och stamtavlor för att bekräfta föräldraskap men då inaveln ökade inom till exempel Holstein blev det svårare att verifiera släktskap vilket ledde till att mikrosatelliter utvecklades och började användas. På senare år har SNP börjat ersätta mikrosatelliterna allt mer och mer (Brenig & Schütz, 2016; Leroy *et al.*, 2013). Dessa metoder kan användas på flera sätt för att undersöka olika egenskaper eller situationer i andra raser och djurslag. Till exempel fertilitet som Höglund *et al.* (2015) studerade i mjölkkor eller Bjelland *et al.* (2013) som använde sig av SNP markörer för att utvärdera genomisk inavel i Holstein vilket tas upp längre ner. Zhou *et al.* (2014) använde sig av 50k SNP chip från Illumina vid genotypningen av nötkreatur medan Kantanen *et al.* (2000a) använde sig av bland annat mikrosatelliter för att undersöka genetisk diversitet och populationsstruktur i nordiska nötkreatursraser.

### **Effekter av inavel hos kor**

Det finns många faktorer som bidrar till ökad inavel men den främsta orsaken är användandet av få tjurar till artificiell insemination (Thompson *et al.*, 2000). I en studie av Thompson *et al.* (2000) samlades avelsvärden och produktionsdata in från nästan två miljoner Holsteinkor mellan 1970-1998. Slutsatsen som drogs var att produktiviteten och överlevnaden påverkades negativt om djuren var inavlade samt att inaveln ökade under 1990-talet. Den största produktionsförlusten inträffade tidigt i kons liv och vid de tidiga stadierna under den första laktationen. Det som inte verkade påverkas av inavel var antalet somatiska celler i mjölken (Thompson *et al.*, 2000). Med den minskade effektiva populationsstorleken och ökande inaveln har en effekt varit inavelsdepression, vilket definieras som en minskning av det fenotypiska medelvärdet för reproduktionsförmåga och fysiologisk effektivitet (Leroy, 2014). Ur ekonomisk synpunkt kan inavelsdepression påverka egenskaper negativt, till exempel kan mjölmängd minska med 0.37 % för varje 1 % djuret är inavlat (Leroy, 2014). Bjelland *et al.* (2013) använde sig av SNP markörer och tre mått för genomisk inavel för att analysera och utvärdera sambandet mellan inavel och ekonomiskt viktiga egenskaper. Totalt genotypades 5 853 amerikanska Holsteindjur för 54 000 SNP markörer, varav 2 913 kor hade tillgängliga fenotyper som till exempel uppgifter om mjölmängd och reproduktion. Ungefär 33 000 SNP markörer var kvar efter att de som saknade otillräcklig information tagits bort. Procent av homozygoti, beräknad inavel från homozygotin och erhållen inavel från genomisk släktskapsmatrix var de mått som användes i studien. Resultaten visade en reduktion i mjölkproduktion och reproduktionsförmåga när inaveln ökade. Det visade också att ökad inavel påverkade bland annat juvrets utformning och storlek då höjden och bredden reducerades vilket kan påverka mjölkproduktionen. Slutsatsen som drogs var att mer forskning behövs för att kunna uppskatta vilka ekonomiska effekter genomisk inavel skulle ha om den ökar samt balansen mellan inavel och selektion (Bjelland *et al.*, 2013).

## Svenska lantraser

### Fjällkon

Fjällkon är en kullig ras och i slutet på 1800-talet fanns det cirka 400 000 fjällkor i Sverige (Svensk Fjällrasavel, 2016) och 2015 fanns det cirka 6700 fjällkor (Jordbruksverket 2016, personlig kommunikation). År 1880 började en mer strukturerad avel där ett dokument över hur fjällkon skulle se ut togs fram. Redan 1960 hade antalet minskat kraftigt och för att locka bönderna till att ha kvar fjällkorna korsades bland annat Svensk Låglandboskap (SLB) och SRB in i rasen. Trots detta fanns det fortfarande bönder som värnade om fjällkon genom att hålla rasen ren från korsningavel, men i början på 1990-talet var inaveln relativt hög. Idag är inaveln så pass låg att föreningen Svensk Fjällrasavel anser att den längre inte är ett hot (Svensk Fjällrasavel, 2016).

I slutet på 1990-talet och början på 2000-talet gjordes studier där olika lantraser av mjölkkor från alla nordiska länder jämfördes med några kommersiella raser (Lien *et al.*, 1999; Kantanen *et al.*, 2000a; 2000b; Tapio *et al.*, 2006). I studien av Lien *et al.* (1999) jämfördes alleler i fyra kaseingener i 22 nordiska nötkreatursraser. De svenska lantraserna som ingick i studien var fjällko, rödkulla och bland de kommersiella raserna var det SRB och SLB. Syftet med denna studie som ingick i ett större projekt var att påvisa vilka allelfrekvenser som är utmärkande för olika populationer. Resultatet av denna studie visade att fjällko har hög frekvens av bland annat kappa-kasein B (CSN3 B) jämfört med de andra svenska raserna (Lien *et al.*, 1999). Fjällkon används främst till mjölk- och ostproduktion (Svensk Fjällrasavel, 2016) och i en studie av Ren *et al.* (2013) hade kappa-kaseinet betydelse i hur sammansättningen i ost skulle bli. Olika typer av kappa-kaseinet gav osten olika sammansättningar och konsistenser.

Kantanen *et al.* (2000a) analyserade den genetiska variationen i totalt 20 raser varav 15 var lantraser. Fjällko och rödkulla ingick som de svenska raserna. Studien baserades på mikrosatelliter, blodprov, mjölkproteiner och 29 loci. Resultaten visade bland annat att allelvariationen minskade när  $N_e$  var låg i flera av de nordiska nötraserna och slutsatsen var att raserna bör bevaras för att behålla genetisk diversitet samt att information om rasernas härstamning kan ge en grund för bevarandet.

### Rödkulla

Precis som fjällkon är rödkullan en kullig ras och 1912 erkändes den som egen ras. Under 1930-talet fanns runt 30 000 rödkullor i Sverige, utbredda i mellansverige till södra delarna av Bohuslän (Sveriges Rödkulleförening, 2015). År 2015 fanns totalt 2 461 djur i Sverige (Jordbruksverket 2016, personlig kommunikation). Rödkullan används till både mjölk- och köttproduktion och år 1938 slogs rasföreningarna för fjällko och rödkulla samman och bildade Föreningen för Svensk Kullig Boskap (SKB). Under 1950-talet hade antalet rödkullor minskat kraftigt vilket skapade problem med tjurrekryteringen, då importerades tjurar från västfinska rödkullerasen. Under 1970-talet minskade antalet ytterligare och i början på 1980-talet importerades ytterligare några rödkullor från västfinska rasen. Senare importerades djur från

både väst- och östnorska rödkullerasen. Det främsta målet med aveln är att öka antalet individer och bredda avelsbasen genom att använda så många rödkullor som möjligt i avelsarbetet (Sveriges Rödkulleförening, 2015).

Rödkullan ingick i samma studie av Lien *et al.* (1999) som fjällkon men har även ingått i andra studier. I en studie av Negrini *et al.* (2007) ingick rödkullan när de studerade den genetiska uppdelningen av nötkreatur i Europa. Metoden som användes var amplified fragment length polymorphism (AFLP) fingerprinting som har påvisats kunna användas för att skatta genetiska avstånd inom och mellan nötkreatursraser. Även mikrosatelliter användes i denna studie. Resultatet visade att AFLP markörer kan kompletteras med mikrosatelliter. Denna studie visade inget specifikt om Rödkullan men den visade översiktligt det genetiska avståndet mellan raserna som ingick i studien och vilken del av Europa de kan tänkas härstamma ifrån. En spekulation var att genflödet har kommit från raser från mellanöstern och Balkan (Negrini *et al.* 2007).

## Allmogekor

Allmogekorna består av tre raser: bohuskulla, ringmålako och väneko (Jordbruksverket, 2016a). Vid årsskiftet 2015/2016 fanns det cirka 570 djur totalt av de tre raserna (Jordbruksverket 2016, personlig kommunikation). De upptäcktes i början på 1990-talet på olika gårdar i Västergötland och Blekinge och är rester av den allmogeko som fanns förr i tiden i hela Sverige. Populationerna är relativt små vilket gör att så många djur som möjligt ska användas i avel för att öka antalet djur och motverka inavel. Dessutom utan att korsa in andra raser ska allmogekorna bevaras som genbanker (Jordbruksverket, 2016b).

Bohuskullan kommer ursprungligen från norra Bohuslän och delar av Dalsland och är anpassad till att beta på karga beten. Till utseendet och beteende liknar den fjällkon väldigt mycket och är även den kullig (Föreningen Allmogekon, 2011). Ringmålakon påminner till utseendet om 1940-talets SRB. Jämfört med de andra raserna som tagits upp är ringmålakon behornad (Föreningen Allmogekon, 2011). Rasen upptäcktes på en gård i Blekinge där en grupp djur hade levt i ungefär 40 år utan någon inkorsning av tjurar från andra besättningar (Jordbruksverket, 2016b). Vänekon är behornad som ringmålakon och upptäcktes på en gård i nordvästra Västergötland. Ingen inkorsning av andra raser hade skett i djurgruppen sedan 1850-talet vid upptäckten (Jordbruksverket, 2016b).

I en studie av Tapio *et al.* (2006) studerades sammanlagt 35 raser fördelade över norra Europa. Där ingick bland de svenska raserna bland annat ringmålako, väneko och bohuskulla. Mellan 11-49 individer per ras valdes ut som var så obesläktade som möjligt och sedan genotypades de med hjälp av mikrosatelliter. Raserna delades upp i två grupper, säkra och icke-säkra raser. Det säkra raserna som inte var hotade att utrotas inkluderade de kommersiella raserna medan de icke-säkra raserna innehöll alla lantraser som ingick i studien. Två metoder baserade på studier av Eding och Meuwissen (2003) och Weitzman (1992) användes för att räkna ut diversiteten i de olika raserna och från dessa metoder konstaterades det att lantraserna är en värdefull tillgång för genetisk diversitet. Weitzman-metoden visade

att väneko och bohuskulla bidrog mest till den genetiska diversiteten. Enligt resultaten från samma metod skulle den genetiska variationen minska med nästan 72 % om de icke-säkra raserna försvann. Enligt resultat från Eding och Meuwissen-metoden bidrog en lantras från Finland och en lantras från Litauen mest till diversiteten och den genetiska förlusten skulle bli endast 1.81 % om de icke-säkra raserna försvann. Skillnaden mellan dessa metoder enligt Tapio *et al.* (2006) var att Weitzman-metoden endast mäter det genetiska avståndet mellan populationer medan Eding och Meuwissen-metoden både mäter avståndet mellan och inom populationer. Resultaten indikerade att raserna som finns i norra Europa, både kommersiella raser och lantraser, har en tämligen hög genetisk variation inom respektive ras men eftersom lantraserna vanligen är små populationer kan det medföra en stor risk att inaveln ökar (Tapio *et al.* 2006).

## **Kommersiella raser**

### **Holstein/Svensk Låglandsboskap (SLB)**

Av de cirka 555 900 Holstein som finns i Sverige är cirka 400 000 kor (Jordbruksverket 2016, personlig kommunikation). I en studie av Stachowicz *et al.* (2011) undersöktes hur hög inaveln var i kanadensiska Holstein. Härstamningsdata från närmare 9 000 000 kanadensiska Holstein födda mellan 1883 och 2008 användes för att räkna ut bland annat  $N_e$ . Resultaten av denna studie var att inavelsökningen varierade över tiden men visade sig vara som högst under 1990-talet då  $N_e$  var 33. Under senare år har inaveln minskat vilket lett till att  $N_e$  ökat till 114. Denna studie visade även att den genetiska variationen minskat med 6,5% sen ursprungsgenerationen.

Parland *et al.* (2007) analyserade inaveln på samma sätt som Stachowicz *et al.*, (2011) men undersökte istället irländska raser, speciellt kött-raser och Holstein-Friesian. Värdet på  $N_e$  för Holstein-Friesian var 75 i denna studie. I dansk Holstein var värdet 49 mellan åren 1993-2003 enligt en studie av Sørensen *et al.* (2005). Kantanen *et al.* (2000a) drog slutsatsen att  $N_e$  i kommersiella mjölk-raser i Europa är så pass låg att förlusten av genetisk variation inte går att förhindra.

### **Röda nordiska mjölk-raser**

Nordiska röda mjölk-raser består av dansk röd, finsk Ayrshire och SRB (Zhou *et al.*, 2014). SRB är annorlunda jämfört med Holstein då de är mindre i storlek, har kortare kalvningsintervall, lägre antal dödfödda kalvar, lägre mastitfrekvens och de producerar mindre mängd mjölk (Höglund *et al.*, 2015). I Sverige fanns cirka 335 000 SRB i slutet på 2015 (Jordbruksverket 2016, personlig kommunikation). Sørensen *et al.* (2005) undersökte inaveln i dansk röd ras. Denna ras har varit utsatt för hög inavel och under 1970-talet led den av inavelsdepression vilket resulterade i att gener från andra raser avlades in från bland annat SRB i början av 1990-talet. Värdet för  $N_e$  för dansk röd var 47 under åren 2001-2003. När artikeln skrevs antogs det att  $N_e$  skulle vara stabil men kunde tänkas öka (Sørensen *et al.* 2005). Som nämnt tidigare hade SRB i slutet på 1990-talet  $N_e$  värden på 36 och 38 (Kantanen *et al.*, 1999)



## Diskussion

Holstein och de svenska lantraserna borde ha olika effektiv populationsstorlek med tanke på att den svenska Holsteinpopulationen är mycket större än de svenska lantraserna. De svenska lantraserna är små populationer och då kan inavel lätt öka (Tapio *et al.*, 2006). Enligt Föreningen Fjällrasavel (2016) är det nästan ingen inavel inom fjällkorna som de behöver ta hänsyn till i avelsarbetet. Med tanke på att rasen i början på 1990-talet led av en väldigt hög inavel verkar det inte troligt att inaveln idag inte är något hot längre. En teori är att i en mindre population är det lättare att få en helhetsbild över alla tjurar, kor och avkommor samt vilka som ska reproducera sig och inte. Holsteinaveln styrs förmodligen mycket av vad som är ekonomiskt lönsamt vilket leder till att endast de allra bästa tjurarna går till avel. Gemensamt för de flesta svenska lantraser med undantag för fjällkon är att så många djur som möjligt ska användas i avel för att kunna öka antalet djur och minska risken för inavel (Jordbruksverket, 2016b).

I början på 1990-talet var  $N_e$  mycket låg i kanadensiska Holstein med ett värde på 33 (Stachowicz *et al.*, 2011) vilket är väldigt lågt med tanke på att det rekommenderade värdet för att förhindra inavelsdepression är 50 (Kantanen *et al.*, 1999). Det senare värdet, 114, är högre och över det rekommenderande värdet på 50 men det finns fortfarande risker att den genetiska diversiteten sjunker vid detta värde. I dansk Holstein skattades den effektiva populationsstorleken till 49 mellan åren 1993-2003 (Sørensen *et al.*, 2005) vilket är precis på gränsen för det lägsta rekommenderade värdet men detta var för över tio år sedan och mycket kan ha ändrats. Kantanen *et al.* (2000a) diskuterade kring hur stor  $N_e$  är i de kommersiella raserna i Europa. Slutsatsen var att den är så pass låg att det inte går att förhindra förlust av genetisk variation. Med tanke på det stora internationella utbytet av semin i Holsteinaveln borde den svenska populationen ligga ungefär runt samma värden som andra länder i Europa.

I artikeln från Kantanen *et al.* (1999) nämns det att genetisk diversitet är viktigt att bevara inför framtiden och att genetisk variation kan komma att minska. Rasföreningarna skriver alla samma sak på sina hemsidor, att lantraserna ska bevaras som levande genbanker inför framtiden och att dessa raser är ett kulturarv. I studien av Tapio *et al.* (2006) mättes hur stor del av generna som skulle försvinna om lantraserna dog ut. Två metoder användes i den studien där Weitzman-metoden resulterade att 72 % av genvarianterna skulle försvinna med lantraserna men Eding och Meuwissen-metoden resulterade i endast 1,81 % (Tapio *et al.*, 2006). En fråga som kan ställas är hur mycket av genvarianterna som skulle gå förlorade om lantraserna försvann. Skulle ett stort antal av våra lantraser dö ut, kanske några viktiga alleler och genvarianter försvinner med dem. Kantanen *et al.* (1999) nämner att om lantraserna dör ut skulle endast få raser med stora populationer bli kvar, om detta är bra eller dåligt nämns inte. En egen teori är att det är bra med stora populationer eftersom det då finns många djur att avla vidare på men det är med förutsättningen att så många djur som möjligt då används. En annan spekulering kan vara att om lantraserna försvinner kan nog unika genvarianter gå förlorade som de större raserna kan ha nytta av i framtiden som rasföreningarna har nämnt.

Enligt de studier som är gjorda på Holstein (Thompson *et al.*, 2000; Bjelland *et al.*, 2013) påverkas korna på olika sätt beroende på hur starkt inavlade de är. En teori är att det blir svårare att lyckas med avelsframsteg om inaveln är hög med tanke på att homozygotigraden ökar vilket inte är att föredra. De få studier som har hittats när det gäller de röda raserna har varit färre än förväntat med tanke på att de är relativt stora och populära raser att använda till mjölkproduktion. Kantanen *et al.* (1999) fick värden för  $N_e$  på 36 och 38 för SRB och Sørensen *et al.* (2005) fick ett värde på 47 för dansk röd. Anledningen till att andra nordiska röda raser också nämndes var just för att det inte fanns tillräckligt med information för att endast ta upp SRB.

Teknologin för att mäta genetisk diversitet har utvecklats under 1900-talet och 2000-talet. Till en början användes endast stamtavlor för att räkna ut släktskap. Härstammingsuppgifter används fortfarande till en stor del, men kompletteras med de nya teknikerna som mikrosatelliter och SNP. Studierna som nämnts i arbetet har använt till mesta del stamtavlor, mikrosatelliter och SNP för att räkna ut den genetiska variationen. Oftast används mikrosatelliter och stamtavlor tillsammans eller SNP tillsammans med stamtavlor. De flesta studier har endast nämnt att de har använt sig av mikrosatelliter eller SNP chip och inte förklarat hur de egentligen har använts.

Trots att det har gjorts många studier på genetisk diversitet även på nötkreatursraser fattas fortfarande en hel del vetenskapliga fakta för lantraserna. De få studier som har hittas på de nordiska raserna och de svenska raserna har oftast undersökts av en och samma person vilket gör det svårt att få en variation bland informationen. Dessutom gjordes de i slutet på 1990-talet och början på 2000-talet och mycket kan ha hänt sedan dess. Enligt Föreningen Fjällrasavel (2016) var inaveln i fjällkon väldigt hög i början på 1990-talet och det var många djur som var halvsyskon och kusiner med varandra. Nu är det näst intill ingen inavel alls om man ska gå efter vad föreningen säger och det visar hur mycket som kan hända under åren. Därför är det svårt att dra en slutsats av den information som hämtats om de nordiska och svenska raserna om hur hög inavel det egentligen är.

## **Slutsats**

Forskare och rasföreningar pratar om att lantrasgenerna är viktiga att bevara. Holstein är en vanligt förekommande ras och används över hela världen men har i flera studier visats ha mycket liten effektiv populationsstorlek för att vara en sådan stor population. Det finns flera studier gjorda om inavel hos Holstein men än behövs fler studier på svenska lantraser för att kunna dra en slutsats om hur hög inaveln är och hur snabbt den ökar. Detta på grund av att studierna som tagits upp är få och börjar bli gamla vilket inte kan förklara hur det ser ut i nuläget.

## Litteratur

- Bjelland, D. W., Weigel, K. A., Vukasinovic, N. & Nkrumah, J. D. (2013). Evaluation of inbreeding depression in Holstein cattle using whole-genome SNP markers and alternative measures of genomic inbreeding. *Journal of Dairy Science*, 96, 4697-4706.
- Brenig, B. & Schütz, E. (2016). Recent development of allele frequencies and exclusion probabilities of microsatellites used for parentage control in the German Holstein Friesian cattle population. *BMC Genetics*, 17, 18.
- Eding, H & Meuwissen T. H. E. (2003). Linear methods to estimate kinships from genetic marker data for the construction of core sets in genetic conservation schemes. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 120, 289-302.
- Franklin, I. R. & Frankham, R. (1998). How large must populations be to retain evolutionary potential? *Animal Conservation*, 1, 69-70.
- Föreningen Allmogekon (2011). *Allmogekorna*. Tillgänglig: <http://allmogekon.se/?page=4> [2016-04-07]
- Hinrichs, D. & Thaller, G. (2011). Pedigree analysis and inbreeding effects on calving traits in large dairy herds in Germany. *Journal of Dairy Science*, 94, 4726-4733.
- Höglund, J. K., Buitenhuis, B., Gulbrandtsen, B., Lund, M. S. & Sahana, G. (2015). Genome-wide association study for female fertility in Nordic Red cattle. *BMC Genetics*, 16, 110.
- Jordbruksverket (2016)a. *Villkor för hotade husdjursraser programperiod 2007-2013*. Tillgänglig: <http://www.jordbruksverket.se/amnesomraden/stod/jordbrukarstod/miljoersattningar/miljoersattningar20072013/hotadehusdjursraser/villkor.4.389b567011d9aa1eeab8000655.html> [2016-04-22]
- Jordbruksverket (2016)b. *Avelsarbete på nötkreatur*. Tillgänglig: <http://www.jordbruksverket.se/amnesomraden/djur/olikaslagsdjur/notkreatur/avel/avelsarbete.4.207049b811dd8a513dc80004475.html> [2016-04-20]
- Kantanen, J., Olsaker, I., Adalsteinsson, S., Sandberg, K., Eythorsdottir, E., Pirhonen, K. & Holm, L. E. (1999). Temporal changes in genetic variation of North European cattle breeds. *Animal Genetics*, 30, 16-27.
- Kantanen, J., Olsaker, I., Holm, L. E., Lien, S., Vilkki, J., Brusgaard, K., Eythorsdottir, E., Danell, B. & Adalsteinsson, S. (2000a). Genetic diversity and population structure of 20 North European cattle breeds. *Journal of Heredity*, 91, 446-457.
- Kantanen, J., Olsaker, I., Brusgaard, K., Eythorsdottir, E., Holm, L. E., Lien, S., Danell, B. & Adalsteinsson, S. (2000b). Frequencies of genes for coat colour and horns in Nordic cattle breeds. *Genetics Selection Evolution*, 32, 561-576.
- Leroy, G. (2014). Inbreeding depression in livestock species: review and meta-analysis. *Animal Genetics*, 45, 618-628.
- Leroy, G., Mary-Huard, T., Verrier, E., Danvy, S., Charvolin, E & Danchin-Burge, C. (2013). Methods to estimate effective population size using pedigree data: Examples in dog, sheep, cattle and horse. *Genetics Selection Evolution*, 45, 9.
- Lien, S., Kantanen, J., Olsaker, I., Holm, L. E., Eythorsdottir, E., Sandberg, K., Dalsgard, B. & Adalsteinsson, S. (1999). Comparison of milk protein allele frequencies in Nordic cattle breeds. *Animal Genetics*, 30, 85-91.
- Negrini, R., Nijman, I. J., Milanese, E., Moazami-Goudarzi, K., Willimans, J. L., Erhardt, G., Dunner, S., Redellar, C., Valentini, A., Bradley, D. G., Olsaker, I., Kantanen, J., Ajmone-Marsan, P.

- & Lenstra, J. A. (2007). Differentiation of European cattle by AFLP fingerprinting. *Animal Genetics*, 38, 60-66.
- Parland, S. MC., Kearney J. F., Rath, M. & Berry, D. P. (2007). Inbreeding trends and pedigree analysis of Irish dairy and beef cattle populations. *Journal of Animal Science*, 85, 322-331.
- Ren, D. X., Chen, B., Chen, Y. L., Miao, S. Y. & Liu, J. X. (2013). The effects of K-casein polymorphism on the texture and functional properties of mozzarella cheese. *International Dairy Journal*, 31, 65-69.
- Stachowicz, K., Sargolzaei, M., Miglior, F. & Schenkel, F. S. (2011). Rates of inbreeding and genetic diversity in Canadian Holstein and Jersey cattle. *Journal of Dairy Science*, 94, 5160-5175.
- Svensk Fjällrasavel (2016). *Avelsplan för Svensk Fjällras*. Tillgänglig: <http://fjallko.se/avel/avelsarbetet/avelsplan> [2016-04-07]
- Sveriges Rödkulleförening (2015). *Lite om rödkullan*. Tillgänglig: <http://rodkullan.se/R%C3%B6dkullan/index.html> [2016-04-07]
- Sørensen, A. C., Sørensen, M. K. & Berg, P. (2005). Inbreeding in Danish Dairy Cattle Breeds. *Journal of Dairy Science*, 88, 1865-1872.
- Tapio, I., Vary, S., Bennewitz, J., Maleviciute, J., Fimland, E., Grislis, Z., Meuwissen, T. H. E., Miceikiene, I., Olsaker, I., Viinalass, H., Vilkki, J. & Kantanen, J. (2006). Prioritization for conservation of northern European cattle breeds based on analysis of microsatellite data. *Conservation Biology*, 20, 1768-1779.
- Thompson, J. R., Everett, R. W. & Hammerschmidt, N. L. (2000). Effects of inbreeding on production and survival in Holsteins. *Journal of Dairy Science*, 83, 1856-1864.
- Weitzman, M. L. (1992). Oh diversity. *The Quarterly Journal of Economics*. 2, 363-405.
- Zhou, L., Lund, M. S., Wang, Y. & Su, G. (2014). Genomic predictions across Nordic Holstein and Nordic Red using the genomic best linear unbiased prediction model with different genomic relationship matrices. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 131, 249-257.