GAMLE DANSKE HUSDYRRACERS GENOMER
- RACERNES OPRINDELSE OG SLÆGTSKAB

BALÁZS SZEKERES, ANNA A. SCHÖNHERZ, VIVI HUNNICKE NIELSEN, BERNT GULDBRANDTSEN

DCA RAPPORT NR. 082 · AUGUST 2016

AARHUS
UNIVERSITET
DCA - NATIONALT CENTER FOR FØDEVARER OG JORDBRUG

GAMLE DANSKE HUSDYRRACERS GENOMER
- RACERNES OPRINDELSE OG SLÆGTSKAB

DCA RAPPORT NR. 082 · AUGUST 2016

AARHUS
UNIVERSITET
DCA - NATIONALT CENTER FOR FØDEVARER OG JORDBRUG

Balázs Szekeres, Anna A. Schönherz, Vivi Hunnicke Nielsen og Bernt Guldbrandtsen

Aarhus Universitet
Institut for Molekylærbiologi og Genetik
Blichers Allé 20
Postboks 50
8830 Tjele

GAMLE DANSKE HUSDYRRACERS GENOMER
- RACERNES OPRINDELSE OG SLÆGTSKAB

Serietitel	DCA rapport
Nr.:	082
Forfattere:	Balázs Szekeres, Anna A. Schönherz, Vivi Hunnicke Nielsen og Bernt Guldbrandtsen
Udgiver:	DCA - Nationalt Center for Fødevarer og Jordbrug, Blichers Allé 20, postboks 50, 8830 Tjele. Tlf. 8715 1248, e-mail: dca@au.dk, hjemmeside: www.dca.au.dk
Rekvirent:	NaturErhvervstyrelsen
Fotos:	Mihai Curtasu, Dansk Landbrugsmuseums fotoarkiv, Kristoffer Kristensen, Balázs Szekeres, Lydia H. Sørensen, og Aarhus Universitet.
Tryk:	www.digisource.dk
Udgivelsesår:	2016
	Gengivelse er tilladt med kildeangivelse
ISBN:	978-87-93398-38-2
ISSN:	2245-1684

Rapporterne kan hentes gratis på www.dca.au.dk

Videnskabelig rapport
Rapporterne indeholder hovedsageligt afrapportering fra forsknings-projekter, oversigtsrapporter over faglige emner, vidensynteser, rapporter og redegørelser til myndigheder, tekniske afprøvninger, vejledninger osv.

FORORD

Det er en stor fornøjelse hermed at kunne præsentere resultatet af de genomiske undersøgelser af de danske husdyrracer.

De nye, genomiske metoder, som er kommet til i de seneste år, har åbnet døren til en langt større indsigt i blandt andet husdyrenes nyere historie. Det omfatter husdyrracernes oprindelse og indbyrdes slægtskaber, udveksling af genetiske bidrag mellem racerne samt struktur af og slægtskab mellem de enkelte avleres besætninger.

Samtidig afslører metoderne i stor detalje graden af indavl på det genomiske niveau. Disse undersøgelser har givet nogle overraskende resultater. I flere racer finder vi dyr, som er ekstremt indavlede. Vi finder også eksempler på racer af samme art, hvor de gennemsnitlige genomiske indavlsgrader er radikalt forskellige.

Metoderne åbner også døren til bedre metoder til at forvalte den genetiske variation. Nærværende rapport indeholder dog ikke generelle anbefalinger. Dette er et bevidst valg. Anbefalinger for de enkelte arter og racer afhænger i betydelig grad af de specifikke forhold i de forskellige racer – og de specifikke forhold er meget forskellige fra race til race. I nogle racer finder vi lav indavlsgrad, men også en meget lille, levende populationsstørrelse, i andre racer finder vi en meget høj indavlsgrad, men også en meget stor levende populationsstørrelse. Avlspraksis adskiller sig også dramatisk mellem racerne: Nogle racer bruger handyr fra genbanker, andre bruger levende handyr. Også reproduktionspotentialet adskiller sig mellem arterne, hvilket også har store konsekvenser for hvilke anbefalinger, der kan opstilles.

Mulighederne i de data, som er indsamlet, er ikke udtømt. Resultaterne for de danske røde kvægracer - RDM og RDM70 – giver f.eks. en smagsprøve på, hvor langt man kan nå i arter, hvor der både eksisterer store referencedatasæt for de nordeuropæiske racer, og hvor internationale referencedatasæt er tilgængelige. Der er også muligheder for at optimere arbejdet med bevaringsracerne på grundlag af de molekylære data.

I forbindelse med arbejdet med indsamlingen har en lang række enkeltpersoner og foreninger samt VikingGenetics og Nordisk Avlsværdivurdering (NAV) ydet os uundværlig støtte uden hvilken, vi ikke ville have kunnet overkomme at indsamle prøver indenfor de ofte meget korte frister, som projekterne har skullet gennemføres indenfor. Vi vil også gerne takke udenlandske samarbejdspartnere for at stille data til rådighed som reference, herunder norske Geno og en lang række forskere, som enten har gjort deres referencedata generelt tilgængelige, eller som venligt har givet os lov til at bruge deres data til nærværende rapport. Vi ved hvor meget arbejde, der medgår til at skabe sådan et datasæt, så vi påskønner det, at de giver adgang til deres data. Vi vil gerne udtrykke vores hjertelige tak for deres venlige og dygtige bistand. Vi vil ligeledes gerne takke for Bevaringsudvalgets velvillige støtte til det omfattende arbejde med prøveindsamlingen og de molekylære analyser af prøverne.

Indholdsfortegnelse

FORORD 3
INDLEDNING 7
METODER 9
Prøver 9
Genomiske Analyser 9
Data 10
Referencedata 10
Analyser 11
Principalkomponenter 11
Admixure 12
Genomisk Indavl 13
Referencer 14
DANSKE BEVARINGSHESTERACER 15
Racebeskrivelse af Jydsk Hest 15
Racebeskrivelse af Frederiksborghesten 15
Racebeskrivelse af Knabstrupperhesten 15
Det Globale Datasæt 16
Slægtskaber mellem danske bevaringshesteracer 19
Genomisk indavl i de tre danske bevaringshesteracer 21
DANSKE BEVARINGSKVÆGRACER 24
Racebeskrivelse af Sortbroget Dansk Malkerace anno 1965 24
Racebeskrivelse af Rød Dansk Malkerace anno 1970 24
Racebeskrivelse af Danske Korthorn 24
Slægtskab mellem de nordiske kvægracer 25
Slægtskaber i Sortbroget Dansk Malkerace anno 1965 29
Genomisk indavl i Sortbroget Dansk Malkerace anno 1965 30
Slægtskaber i Rød Dansk Malkerace anno 1970 31

Genomisk indavl i Rød Dansk Malkerace anno 1970 32
Slægtskaber i Dansk Korthorn 33
Genomisk indavl i Dansk Korthorn 34
DANSKE BEVARINGSSVINERACER 35
Racebeskrivelse af Hvidt Dansk Landracesvin anno 1970 35
Racebeskrivelse af Sortbroget Dansk Landracesvin 35
Det globale datasæt 36
Slægtskaber og genomisk indavl i Hvidt Dansk Landracesvin 38
Slægtskaber og genomisk indavl i Sortbroget Dansk Landracesvin 41
DANSKE BEVARINGSFÅRERACER 44
Racebeskrivelse af Dansk Landfår 44
Racebeskrivelse af Hvidhovedet Marskfår 44
Det globale datasæt 44
Slægtskaber i Dansk Landfår 47
Slægtskaber i Hvidhovedet Marskfår 50
DEN DANSKE LANDRACEGED 52
Racebeskrivelse af Dansk Landraceged 52
Slægtskaber i Dansk Landraceged 52
Genomisk indavl i Dansk Landraceged 53
DEN DANSKE LANDHØNE 55
Racebeskrivelse af Danske Landhøne 55
Slægtskaber i Dansk Landhøne 56
Genomisk indavl i Dansk Landhøne 59
AFSLUTNING 60

INDLEDNING

Danmark har en række spændende, traditionelle husdyrracer, som er en del af vores historie og kulturarv, og som ofte har specielle egenskaber, som er opstået i Danmark. Mange af racerne har komplicerede tilblivelseshistorier med bidrag fra forskellige racer – både fra andre racer i Danmark og fra husdyrracer i udlandet.

Siden har en stor del af vores traditionelle husdyrracer mistet deres fremtrædende plads i det danske samfund. En årsag har været mekaniseringen af samfundet – og herunder ikke mindst landbruget. Den har betydet, at især heste har mistet deres traditionelle rolle som trækkraft – foran ploven eller foran vognen. En anden årsag er, at traditionelle husdyrracer er blevet fortrængt af moderne husdyrracer, som udspringer fra internationale avlsprogrammer med meget intensiv selektion og heraf følgende højt produktionsniveau.

Resultatet er, at mange af de traditionelle husdyrracer er truet. Truslen udgør altovervejende fra, at antallet af avlsdyr i de traditionelle husdyrracer er alt for småt til at sikre en langfristet bevaring.

Til dels er der viden om racernes tilblivelse, men den findes ofte kun i anekdotisk eller i ufuldstændig form. Fokus om beretningen om racernes tilblivelse kommer derved til at ligge på dele af historien, mens andre dele er blevet glemt. I andre tilfælde har fokus i avlen alene været på handyr, som måske har bragt anlæg for bestemte egenskaber ind i racen, men denne viden fortæller ofte meget lidt om, hvor hovedparten af racens genom stammer fra.

Derfor er vores viden om racernes oprindelse og genetiske historie ufuldstændig.

Racerne har siden deres tilblivelse haft komplicerede historier. Flere af dem har været meget talrige og udgjort en stor andel af husdyrpopulationen i Danmark i de forskellige racer. Der er sket udveksling af genetisk materiale med andre racer – både i Danmark og i udlandet. I flere racer har vi dokumentation for en stor del af, hvad der er sket siden racerne blev dannet (i form af stamtræer), i andre racer er stamtræerne ufuldstændig eller helt manglende.

Vores viden om slægtskaber i den eksisterende population er derfor ligeledes ufuldstændig eller behæftet med fejl.

I de senere år er der udviklet værktøjer til en nøjere undersøgelse af husdyrenes genomer. Den vigtigste nyskabelse er DNA-chips. De tillader os at undersøge en stor andel af dyrenes genomer. Det tillader os at sammenligne dyr både indenfor racer og fra forskellige racer med hinanden med hensyn til, hvor meget de ligner hinanden på genomisk niveau. Denne lighed afspejler dyrenes sande slægtskab.

Avlen af mange af de moderne produktionsracer er allerede revolutioneret af den genomiske information. Information fra DNA-chips er således grundlaget for genomisk selektion, som allerede har forårsaget store ændringer i avlsarbejdet for kvæg og svin.

Denne genomiske information tillader os at beregne genetiske afstande mellem individer og mellem racer. Den genomiske information tillader os også at opspore særskilte oprindelser i husdyrpopulationer og at henføre enkelte individer til disse populationer.

Takket været indsatser fra internationale forskningsgrupper findes der en række referencedatasæt med DNA-chipdata fra forskellige racer fordelt hen over hele verden. Disse datasæt er typisk gjort offentligt tilgængelige. Dette tillader os at sammenligne data fra danske husdyrracer med racer fra andre lande og at opspore slægtskaber mellem racerne.

Ud over information om racernes oprindelse har denne information også indflydelse på vores muligheder for at forvalte husdyrracernes genetiske variation på en bæredygtig måde. Især tillader det os at gøre udsagn om, hvorvidt underinddelinger af racer har en genetisk realitet, og om der er grupper af dyr i populationen, som bærer unik genetisk variation, som bør bevares og inddrages i arbejdet med bevaring af husdyrracerne.

Projekterne, som vi har gennemført med støtte fra Bevaringsudvalget og Aarhus Universitet, har haft som mål at udnytte disse nye, tekniske muligheder til at opnå en meget mere detaljeret forståelse af mønstre i husdyrracernes genetiske variation og deres oprindelse i og slægtskaber med husdyrracer rundt om i verden. Resultaterne kan bruges til at forstå racernes historie, men også til at understøtte en bæredygtig bevaring. Genetisk variation er en forudsætning for bæredygtighed i bevaringsarbejdet. Resultaterne, som vises i det efterfølgende, afslører variation, som ikke var kendt, den afslører struktur i racer, hvor denne ikke var åbenlys, eller afslører fravær af struktur i populationer dér, hvor man troede, at den fandtes. Desuden afsløre genomiske undersøgelser problemer med indavl – også i racer, hvor der ikke findes noget stamtræ eller, hvor stamtræet er mere usikkert – og i andre tilfælde, at der ikke er problemer med indavl i racer, hvor man ellers kunne have formodet, at der kunne være problemer.

METODER

Prøver

I de seneste par år har Aarhus Universitet med støtte fra Bevaringsudvalget indsamlet data fra et repræsentativt udsnit fra en række husdyrracer.

Processen har i de fleste racer taget udgangspunkt i avlerlister fra NaturErhvervstyrelsen. Efterfølgende er avlere og avlsforeninger blevet kontaktet for at indsamle information om, hvor mange dyr de enkelte avlere har, samt evt. at opspore yderligere avlere, som ikke fandtes på avlerlisterne. Dette var et ret omfattende arbejde.

Prøver blev indsamlet på forskellig vis. I de fleste racer er prøver enten indsamlet af medarbejdere fra Aarhus Universitet, i andre tilfælde har ejere eller andre kvalificerede personer, som venligst har bistået projektet, eller Aarhus Universitet har bestilt en dyrlæge til at tage prøver. I Danske Landhøns har de enkelte avlere venligst bistået os ved at tage fjerprøver fra deres høns og sende dem til Genoskan sammen med beskrivelser af deres dyr. Endelig har Nørlund Hestehospital bistået os med at tage prøver. Desuden har vi modtaget prøver fra genbanken i VikingGenetics og fra Aarhus Universitets samling af prøver fra svin.

Resultatet er blevet en meget omfattende samling af prøver.

Alt i alt er der hen over flere år indsamlet prøver fra Dansk Landfår, Hvidhovedet Marskfår, Sort Dansk Malkeracer anno 1965, Rød Dansk Malkerace 1970, Dansk Landraceged, Dansk Landhøne, Frederiksborghest, Knabstrupper Hest, Jydsk Hest, Hvidt Dansk Landracesvin og Sortbroget Dansk Landracesvin.

Når vi har skullet henføre køer, får og geder til besætninger, så har vi benyttet besætningsnummer i deres CHR-nummer til at identificere besætningen.

Genomiske Analyser

De data, som ligger til grund for de analyser, som præsenteres i de efterfølgende kapitler om de enkelte arter, er lavet ved hjælp af DNA-chips.

Figur 1. Et billede af en typisk Illumina DNA-chip til 24 prøver i laboratoriet. Hvert felt bruges til at undersøge DNA fra et individ i et meget stort antal steder i genomet.

Blandt de relevante husdyrarter er der udviklet DNA-chips for kvæg, heste, geder, får, svin og høns.

Prøverne er indsamlet og sendt til laboratorier, for de fleste husdyrs vedkommende var dette Genoskan A/S, for hestenes vedkommende var det NeoGene. De har udtrukket DNA og har gennemført undersøgelserne med DNA-chips.

Det er vigtigt at understrege, at den genomiske variation, som synliggøres med DNA-chips ikke i sig selv siger noget om dyrenes egenskaber som husdyr. Dvs., at vi som udgangspunkt ikke kan forudsige dyrenes specifikke egenskaber, bare fordi vi kender dyrenes DNA-chipdata.

Når man sammenligner genomer fra forskellige individer indenfor samme art, er der typisk variation i op til et par procent af stederne i genomet. Hver DNA-chip undersøger variation i et bestemt panel af steder i genomet – typisk 50-60.000 steder. Hvert sted kan hvert kromosom have en af to mulige værdier, f.eks. A eller C. Når hvert individ har to kopier af hvert kromosom, så resulterer det i tre mulige værdier: AA, AC og CC. Disse værdier vil ligne hinanden mere for beslægtede dyr, end ubeslægtede dyr gør.

Data

Vores grundlæggende data består af to dele: De data, som er genereret her i projektet, og de data, som vi har kunnet benytte os af, idet internationale forskergrupper har gjort deres datasæt tilgængelige til sammenlignende studier, som vi laver det her.

Referencedata

Hvor der findes relevante internationale referencedatasæt har vi sammenlignet data fra de danske bevaringsracer op mod disse internationale referencedatasæt. Der findes internationale referencedatasæt for får, heste, kvæg og svin. Et internationalt referencedatasæt for geder er under udarbejdelse, men har ikke kunnet inddrages i det foreliggende arbejde.

Analyser

I hovedsagen har vi gennemført tre typer analyser.

1. Analyser med principalkomponenter, som kortlægger de overordnede slægtskaber mellem racer eller indenfor racer.
2. Analyser med programmet admixture, som identificerer særskilte oprindelser i populationen, og som identificerer, hvor stor en del af hvert dyrs genom, som stammer fra hver af disse oprindelser.
3. Analyser af "Runs of Homozygosity", dvs. identifikation af kromosomstykker, hvor et individs to kopier af kromosomet ikke har nogen forskelle fra hinanden. Dette er udtryk for, at individet er indavlet i dette stykke af kromosomet.

Principalkomponenter

Når man tager et datasæt med information fra DNA-chips, kan man ved hjælp af principalkomponentanalyser (PCA) gruppere dyr eller racer efter, hvor forskellige de er. Ved at undersøge tusinde af steder i genomerne kan vi identificere, hvor vi finder de største forskelle mellem dyr eller racer. Disse forskelle kaldes principalkomponenter (PC). Man kan finde et meget stort antal principalkomponenter (PC). Hver PC kan opfattes som en genetisk afstand. De første PC'er vil altid forklare en stor del af den samlede variation og vil derfor være de vigtigste. Til hvert individ vil der være knyttet en værdi for hver PC. Indenfor hver art har nært beslægtede dyr værdier, som ligner hinanden, mens fjernt beslægtede dyr vil have meget forskellige værdier. Disse værdier kan gengives i en figur. På hver akse vil man gengive værdien for en PC. Jo nærmere beslægtet to individer er, jo nærmere vil de ligge på hinanden i de genetiske afstande. I en analyse med data fra forskellige racer, så vil individerne fra hver race i sådan en figur typisk danne en klynge, som er mere eller mindre adskilt fra klyngerne for de andre racer. Hybrider mellem to racer vil typiske kunne genfindes i mellempositioner.

Der kan defineres et meget stort antal PC'er, men normalt vil de første par PC'er forklare en meget stor del af den genetiske variation. Oftest er de første par PC'er nemme at fortolke, mens de efterfølgende bliver stadig vanskeligere at forstå.

Genetisk afstand afspejler en genetisk udvikling af en population. Den vigtigste årsag til en stor genetisk afstand er, at en population har været isoleret over en lang tid. Populationer bevæger sig hurtigere fra hinanden, hvis de er små, end hvis de er store. To populationer, som er nært beslægtede, vil bevæge sig sammen, som følge af deres fælles afstamning, og vil så bevæge sig fra hinanden, når de er blevet adskilt og gradvist bliver genetisk forskellige. Et individ, som er en krydsning mellem to racer, vil placere sig midt mellem forældrenes racer. I flere af de PCA-figurer, som vi viser i det efterfølgende, kan man identificere individer, som har 50 % eller 25 % af deres oprindelse i en anden race end den, som de er prøvet som.

Individer eller hele racer, som placerer sig tæt på 0,0 i en PCA-figur har ikke deltaget i den udvikling, som er sket i de racer, som er langt borte fra 0,0. At to racer begge ligger tæt på 0,0 i en PCA-figur betyder derfor ikke, at de to racer må være tæt beslægtede. Til gengæld hvis to racer ligger tæt på hinanden og langt fra 0,0, så viser det, at de to racer må have et tæt slægtskab.

Til analyserne have vi benyttet programmet "smartpca". Graferne er produceret ved hjælp af egenudviklet software og programmet "gnuplot".

Admixure

Der findes en familie af metoder, som tager et DNA-chipdatasæt og undersøger, hvor mange særskilte oprindelser, der kan spores i datasættet. For hvert individ kan det herefter beregnes, hvor stor en del af individets genom, der stammer fra hver oprindelse. Når der er tale om flere forskellige racer, så vil man typisk finde, at hver race optræder som en (eller evt. flere oprindelser). Individer, som er ublandede fra én race, vil optræde med 100 % oprindelse i denne, mens individer, som har baggrund i flere racer, vil optræde med andele fra hver af disse i deres genom.

Typisk præsenteres resultaterne fra disse analyser som en række lodrette bjælker i farver. Hver bjælke angiver et individ. Hver oprindelse gengives som en (tilfældigt valgt) farve. I hver bjælke vil hver farve udgøre den andel, som udgøres af den til farven svarende oprindelse i individets genom.

Metoden er meget følsom til at opspore nylig opblanding med andre racer. Der er et element af vilkårlighed i, hvor mange oprindelser en race eller gruppe af racer opdeles i. Jo flere oprindelser, man beder programmet om at dele populationernes oprindelser i, jo mindre forskelle vil man få kortlagt. De benyttede programmer har et kriterium for, hvor mange oprindelser man kan spore i en race, men ikke mindst ved analyser af racer for sig, så tenderer dette kriterium at give et meget stort antal oprindelser.

Det vil også sige, at farverne i admixture-analyserne ikke siger noget om, hvor forskellige de forskellige oprindelser er! De kan både være meget fjernt beslægtede – vi kan f.eks. se forskel på bidrag fra kinesiske svin og bidrag, som stammer fra de vildsvin, som blev domesticerede i Europa. Her er de to kildepopulationer endog meget forskellige. På den anden side kan de også reflektere forskelle, som er opstået i racernes nyere historie. Det er formentlig tilfældet med de forskellige oprindelser, som vi kan se i den Danske Landhøne.

Ved analyser af enkelte racer viser det sig ofte, at vi kan spore et betydeligt antal oprindelser – ikke mindst i kvæg. Dette afspejler brugen af tyre i fra genbanken, så forskellige "afstamninger" i dette tilfælde kan afspejle forskelle mellem tyre eller beslægtede grupper af tyre i genbanken. Det betyder, at struktur, som afsløres indenfor racer, ikke nødvendigvis afspejler forskelle i oprindelse, men i stedet kan afspejle forskelle i nyere avlspraksis.

Vi har derfor normalt for analyser vist resultater med et lavere antal oprindelser i analysen for at fokusere på de væsentlige frem for de uvæsentlige forskelle og strukturer i populationen.

Til analyserne har vi benyttet programmet ”admixture”. Graferne er lavet med egenudviklet software og programmet ”distruct”.

Genomisk Indavl

Genomisk indavl kan bestemmes ved at gennemløbe hvert individs genom for at identificere større områder, hvor individets to kopier af genomet er helt ens. Hvis dette er tilfældet over et lidt længere stykke, f.eks. over mere end 1 Mb, så kaldes dette en ”Run of Homozygosity” (ROH).

To længere kromosomstykker kan kun være helt ens, hvis de er kopier af hinanden. Dette kan kun ske ved, at der er et individ i stamtræet, som er forfader til både faren og moren, og at både far og mor har arvet og videregivet netop dette stykke til individet selv. Det vil sige, at individet er indavlet for dette kromosomstykke.

Kromosomstykker brydes løbende op som følge af overkrydsninger som led i de almindelige nedarvning. Det vil sige, at lange kromosomstykker kun kan danne en ROH, hvis der er gået få generationer. Det vil sige, at hvis man observerer en lang ROH, så er der sket relativt tæt indavl. Kortere ROH afspejler indavl, som går længere tilbage. Meget korte ROH (som vi normalt ikke kan se med DNA-chipdata) repræsenterer begivenheder meget langt tilbage i tiden.

Når ROH i et individs genom er identificerede, kan den genomiske indavlsgrad beregnes, som den del af genomet, som udgøres af ROH. Den genomiske indavlsgrad måler den faktiske indavl i modsætning til metoder, som er baseret på stamtræer, som måler den forventede indavl på grund af den kendte information. I praksis vil den genomiske indavlsgrad næsten altid være højere end stamtræsindavlsgraden, eftersom den genomiske indavlsgrad kan spore begivenheder længere tilbage, end stamtræer kan, og stamtræer vil typisk være ufuldstændige og derfor undervurdere den sande indavlsgrad.

Resultaterne af bestemmelserne af genomisk indavlsgrad fremstiller vi som vandrette bjælker. Hver bjælke repræsenterer et kromosompar. De indavlede kromosomstykker (ROH) fremstilles som gule blokke, mens de ikke-indavlede stykker fremstilles som hvide blokke.

Til bestemmelse af den genomiske indavlsgrad har vi benyttet programmet ”plink”. Graferne for ROH er lavet ved hjælp af egenudviklede programmer samt programmet ”gnuplot”.

Det er meget vigtigt at understrege, at det forhold, at et dyr er indavlet eller er mere indavlet, end dets racer er i gennemsnit, ikke betyder, at dette individ ikke kan være af stor værdi for den videre avl. Indavl påvirker et individs egne egenskaber – som regel i en skadelig retning – men hvis et indavlet individ krydses med et ubeslægtet individ, så vil dets afkom ikke have nogen skadevirkning af, at forælderen var indavlet.

Referencer

Svinereferencedata

Goedbloed D.J., Megens H.J. og andre (2013) Genome-wide single nucleotide polymorphism analysis reveals recent genetic introgression from domestic pigs into Northwest European wild boar populations. Mol Ecol 22(3):856-66. doi: 10.1111/j.1365-294X.2012.05670

Wilkinson, Samantha, Lu, Zen H. og andre (2013) Signatures of Diversifying Selection in European Pig Breeds. PLoS Genet 9(4): e1003453. doi:10.1371/journal.pgen.1003453

Kvægreferencedata

Decker, Jared E., McKay, Stephanie D. og andre (2014) Worldwide Patterns of Ancestry, Divergence, and Admixture in Domesticated Cattle. PLoS Genet 10(3): e1004254. doi:10.1371/journal.pgen.1004254

Fårereferencedata

Kijas, James W., Lenstra, Johannes A. og andre (2012) Genome-Wide Analysis of the World's Sheep Breeds Reveals High Levels of Historic Mixture and Strong Recent Selection. PLoS Biol 10(2): e1001258. doi:10.1371/journal.pbio.1001258

Hestereferencedata

Petersen Jessica L., Mickelson James R., og andre (2013). Genetic Diversity in the Modern Horse Illustrated from Genome-Wide SNP Data. PLoS ONE 8(1): e54997. doi:10.1371/journal.pone.0054997.

Ertebøllefår

DANSKE BEVARINGSHESTERACER

Vi har indsamlet genomiske data fra de tre danske bevaringsracer hesteracer. Vi har undersøgt deres aktuelle, populationsgenetiske status og deres slægtskab med 36 andre hesteracer fra hele verden. De tre undersøgte danske racer er Den Jydske Hest, Frederiksborghesten og Knabstrupperen. I dette afsnit vil vi præsentere resultater om deres populationsstruktur, slægtskab og genomiske indavlsgrad.

Vi takker avlsforeningerne og Nørlund Hestehospital for at være behjælpelige med indsamlingen af prøver.

Racebeskrivelse af Jydsk Hest

Den Jydske Hest (JH) er Danmarks nationale trækhest. Racen blev udviklet ud fra en meget heterogen bestand af heste, som fandtes i Jylland i midten af det 19. århundrede. Efter 1862 kom der fornyelse i avlsarbejdet med den engelske hingst Oppenheim, der var en krydsning mellem de engelske racer Shire og Suffolk. Oppenheim blev stamfader til den berømte hingst Aldrup Munkedal født i 1893, der især gennem sine sønner Høvding og Prins af Jylland fik stor indflydelse på racen i årene efter 1900. Der bedækkes årligt ca. 100 hopper, og der registreres ca. 65 føl per år.

Racebeskrivelse af Frederiksborghesten

Frederiksborghesten (FRB) er Danmarks ældste, nationale hesterace og verdens ældste stambogsførte husdyrrace. FRB stammer fra Den Kongelige Frederiksborgske Stutteri i Hillerød. Racen blev officielt oprettet i 1560'erne og havde sin glansperiode i 1700-tallet. Frederiksborg Stutteriet havde stor indflydelse på hesteavlen i Nordsjælland og har senere opnået anerkendelse i mange europæiske stutterier, især efter at racen fik sit eget avlsmål både med hensyn til farve, aftegning og størrelse. I begyndelsen af 1900-tallet udvikledes racen til en let kørehest, og efter bilernes fremkomst ændredes den anvendelse til at være en middelstor trækhest. Efter traktorens indtog i landbruget er den igen udviklet til en let køre- og ridehest. Der er registreret omkring 200 heste i Danmark, og der fødes omkring 50 føl om året.

Racebeskrivelse af Knabstrupperhesten

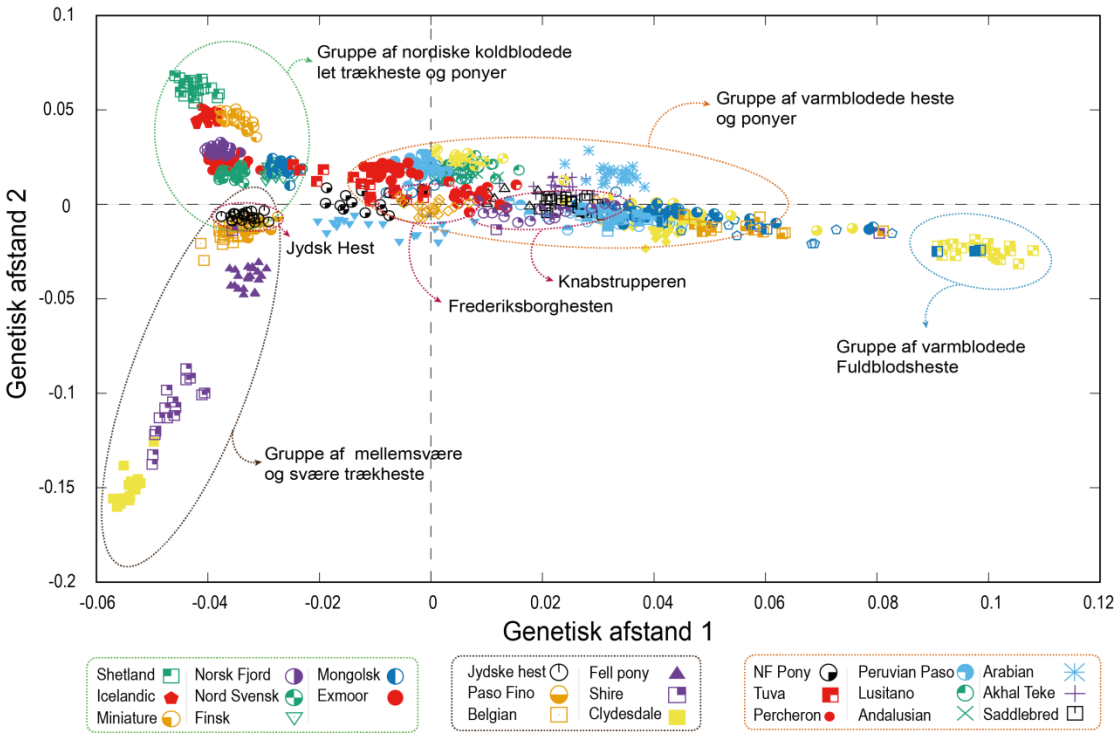
Knabstrupper-racen (KBS) er fremavlet på Sjælland i sidste halvdel af det 19. århundrede med udgangspunkt i den lokale hestebestand, som blandt andet bestod af Frederiksborghesten. Racen er kendt for sin plettede farvetegning, som forudsætter, at hesten er bærer af LP-genet (Leopard-komplekset). Racens stammoder var en hoppe, der kom til Danmark med de spanske lejetropper under Napoleonskrigen i begyndelsen af 1800-tallet. Stamhingsten Thor blev født i 1847 på *Knabstrup*, og hans sønner og døtre har dannet baggrund for en middelstor, udholdende køre- og ridehest. Knabstrupperforeningen har i samarbejde med Bevaringsudvalget lavet et renavlsprogram. Formålet er en øgning af antallet af renavlede Knabstruppere, bevaring af den mangfoldige afstamning, samt bevarelse af gamle blodlinjer. I 2014 er der optaget 16 renavlede Knabstruppere på hingstelisten, og der er registreret ca. 64 bedækninger i forbundet.

Det Globale Datasæt

Der findes et globalt referencedatasæt for hesteracer. Vi har derfor mulighed for at sammenligne genetiske afstande og slægtskaber af de forskellige racer og klassificere dem i racegrupper. Referencedatasættet inkluderer 39 hesteracer fra hele verden. Datasættet omfatter genetiske data for: Akhal Teke, Andalusiere, Arabere, Belgiere, Kaspisk Pony, Clydesdale, Exmoor, Fell Pony, Finnhest, Franches-Montagnes, Fransk Traver, Hannoveraner, Islænder, Mangalarga Paulista, Miniature, Mongolsk, Morgan, New Forest Pony, Nordsvensk Hest, Norsk Fjordhest, Paint Horse, Percheron, Peruviansk Paso, Puertoricansk Paso Fino, Quarter Horse, Saddlebred, Shetlandspony, Shirehest, Varmblod (flere grupper), Tennessee Walking Horse, Fuldblod og Tuva.

Vi har lavet flere principalkomponentanalyser (PCA) af referencedatasættet sammen med data for de danske heste. Her præsenterer vi principalkomponent (genetisk afstand) 1 og 2, som vises i Figur 2.

Genetisk afstand 1 afspejler skellet mellem varm- og koldblodede heste. Man genfinder således tydeligt den traditionelle adskillelse af racerne i koldblodede og varmblodede racer, hvor de koldblodede racer findes på venstre side, og varmblodede racer findes til højre. Genetisk afstand 2 repræsenterer en yderligere opdeling inden for koldblodede racer. Nederst ser vi en gruppe af svære og mellemsvære trækheste såsom Shire- og Clydesdale-racerne. Øverst finder vi en gruppe af koldblodede heste af mest skandinavisk oprindelse. Denne nordiske gruppe består af let trækheste og ponyer inklusive Finskhest, Nordsvensk Brugshest, Norsk Fjordhest, Islandsk Hest, Shetlandspony og Miniaturehest.



Figur 2. Principalkomponentanalyse af det globale referencedatasæt inklusiv tre danske bevaringsværdige hesteracer. Hvert symbol viser én hest, hver race har sit eget symbol.

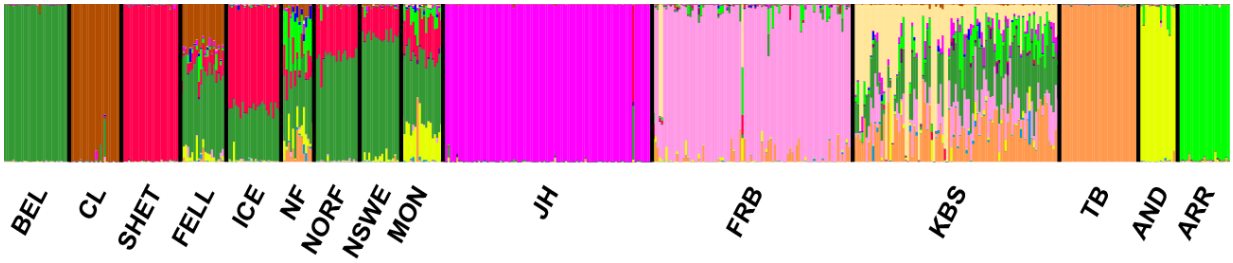
Et interessant resultat er, at den Mongolske hestepopulation er en del af den samme gruppe. I beretninger om racehistorien for mange af de ovennævnte nordiske racer hævdes det, at der er en forbindelse til Mongolske Hest. Det berettes tillige, at norske handelsmænd har indført en flok Mongolske Heste til Island fra nuværende russiske områder via Norge (Nolf, 2012). Denne mongolske hesteflok blev brugt i udviklingen af mange nordiske hesteracer. Muligvis er det det, som vi stadig kan registrere i hesteracernes genomer.

Selvom den Jydske hest placerer sig i PCA-figuren som en koldblodet hesterace, knytter den sig ikke tæt til de ovenævnte grupper af trækheste eller nordiske racer. Den undersøgte Jydske hestepopulation ligger omkring 0 i genetisk afstand 2. Det betyder, at den Jydske hestepopulation har en relativt selvstændig placering blandt de koldblodede hesteracer, men den har ifølge racehistorien genetisk indflydelse fra Belgisk Hest, Shire og Suffolk.

De andre to racer, Frederiksborgeren og Knabstrupperen placerer sig i midten i den store gruppe af varmblodede hesteracer. Deres placering på plottet angiver, at de i nogen grad er unikke racer. Lige som andre varmblodede hesteracer har også Frederiksborgeren og Knabstrupperen noget af deres genetisk oprindelse i berømte historiske racer som Fuldblod, Arabere, Andalusere, Saddlebred og Pecheron heste. Knabstrupperen har en meget mere heterogen genetisk struktur end Frederiksborgeren. Dette kan tydeligt ses på PCA-plottet med større vandret spredning af populationsklyngen, mens Frederiksborgeren former en mere tæt klynge. Den høje grad af opblanding i Knabstrupperpopulationen er endnu tydeligere i vore ad-

mixture analyse; der brugte vi metoden til at undersøge, hvor meget de forskellige hesteracer er blandet sammen i fortiden.

Denne form af opblanding af forskellige racer kaldes indkrydsning. Indkrydsning sker, når individer fra en race bruges i avlen af en anden race. Indkrydsning resulterer i, at de opblandede populationer derfor bliver mere heterogene. Admixture undersøger populationen for at dele den i et antal genetisk ensartede grupper (klynger). Hver race vises ved en farve, og resultaterne præsenteres ved en figur. I hver figur repræsenterer hver lodret søjle et dyr. Andelen af hver farve afspejler den andel, som hver dyr har i sit genom fra hver oprindelse. Figur 3 viser de vigtigste resultater fra admixture-analyser for en række berømte hesteracer i referencedatasættet og vore tre danske hesteracer.



Figur 3. Admixture-plot for de hesteracer, som har mest indflydelse på de tre danske bevaringsværdige hesteracer. Hver søjle er et dyr. Andelen af hver farve gengiver den andel, som en given oprindelse udgør i pågældende dyrs genom. Forkortelser: BEL: Belgisk CL: Clydesdale, SHET: Shetland Pony, FELL: Fell Pony, ICE: Islænder, NF: New Forest Pony, NORF: Norsk Fjordhest, NSWE: Nordsvensk Brugshest, MON: Mongolsk, JH: Jydsk Hest, FRB: Frederiksborghest, KBS: Knabstrupperhest, TB: Engelsk Fuldblod, AND: Andalusier, ARR: Araber

Lige som i PCA kan vi se, at den Jydske Hest har en meget ensartet struktur og ikke viser tegn på opblanding med andre racer. Andelen af den dominerende oprindelse i populationen af Jydsk Hest er nærmest 100 % i hvert dyrs genom, dvs. populationen er meget homogen og unik også i forhold til de andre to danske hesteracer. Analyserne har ikke sporet indflydelse fra Shire og Suffolk heste på den Jydske Hest. Et dyr i populationen af Jydsk Hest adskiller sig markant. Der må være tale om en prøveforveksling, hvor der er ved et uheld er udtaget en prøve fra en Islandsk Hest.

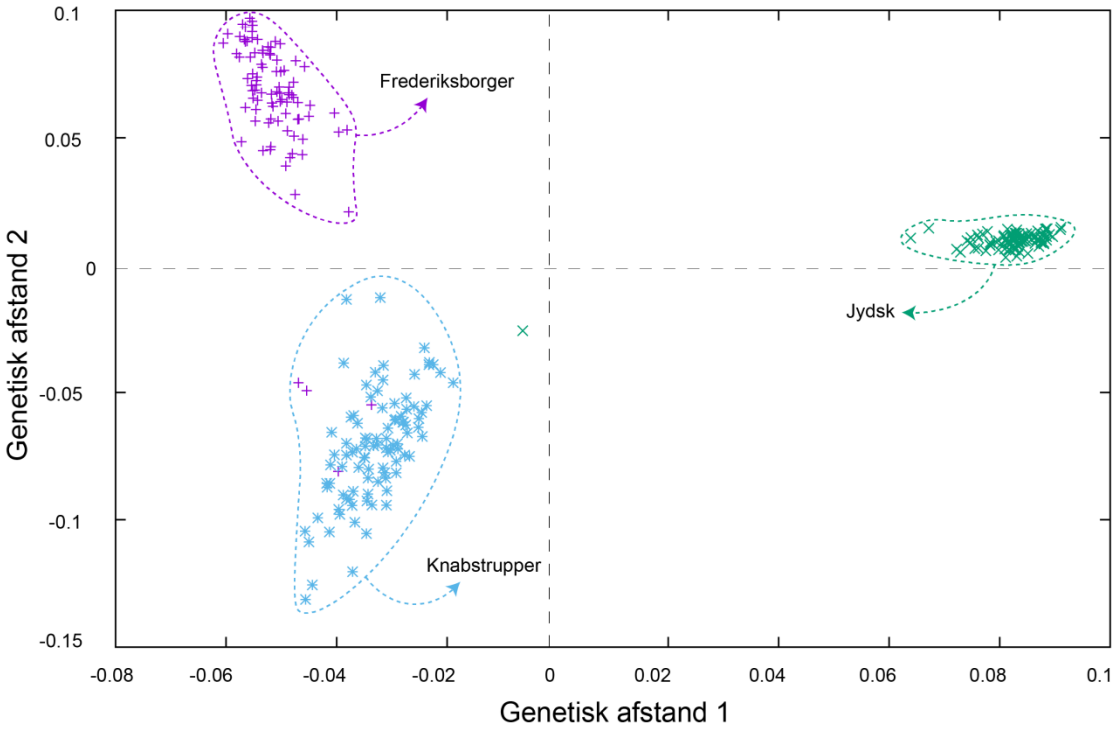
I Frederiksborgerne i Figur 3 ses en dominerende oprindelse, som er vist med lyserødt. Den forklarer en stor del af racens oprindelse. Desuden kan vi observere en lille andel indkrydsning fra Fuldblods-, Araber- og Knabstrupper-racerne. Derudover kan vi identificere to afvigende prøver, som sandsynligvis stammer fra Knabstrupper individer. Det vil sige, at Frederiksborgernes population kun i ringe grad er opblandet med overnævnte hesteracer. Dette resulterer i en ensartet og genetisk adskilt population.

Der er en komponent, som kun er identificeret i Knabstruppere. Den er vist med cremefarve i Figur 3. Den findes i en stor del af individerne i racen. Vi observerer dog kun ganske få dyr, som helt eller overvejende har denne oprindelse i deres genom. Alle andre individer har i større eller mindre grad indflydelse fra andre racer i deres genom; dette resultat er i overensstemmelse med racens udvikling og avlsplan, som

involverer en betydelig grad af indkrydsning med andre racer. Langt de fleste individer i datasættet har en betydelig del af deres genomiske oprindelse i Fuldblods, Belgier-, Frederiksborger- og Araber-hesteracer, hvilket kan ses i Figur 3. Den nuværende avlsplan Knabstrupperforeningen fremmer et renavlsprogram, hvor formålet er en øgning af antallet af renavlede Knabstruppere, bibeholdelse af den afstamningsmæssige mangfoldighed samt bevarelse af gamle blodlinjer i populationen. Men avlen i racen inddrager individer i mange størrelser og farvevarianter i avlsplanen. Dette gør det forståeligt, hvorfor så stor en del af racens individer viser tydelige tegn på indkrydsning i deres genom. Den høje grad af opblanding med andre racer ytrer sig også i en meget lav genomisk indavlsgrad.

Slægtskaber mellem danske bevaringshesteracer

Figur 4 viser resultatet af en principalkomponentanalyse af de undersøgte danske dyr og adskillelsen af populationerne af den Jydske Hest, Frederiksborghesten og Knabstrupperen. Figuren illustrerer den underliggende variation mellem de tre racer ved at bruge af første og anden genetiske afstand.

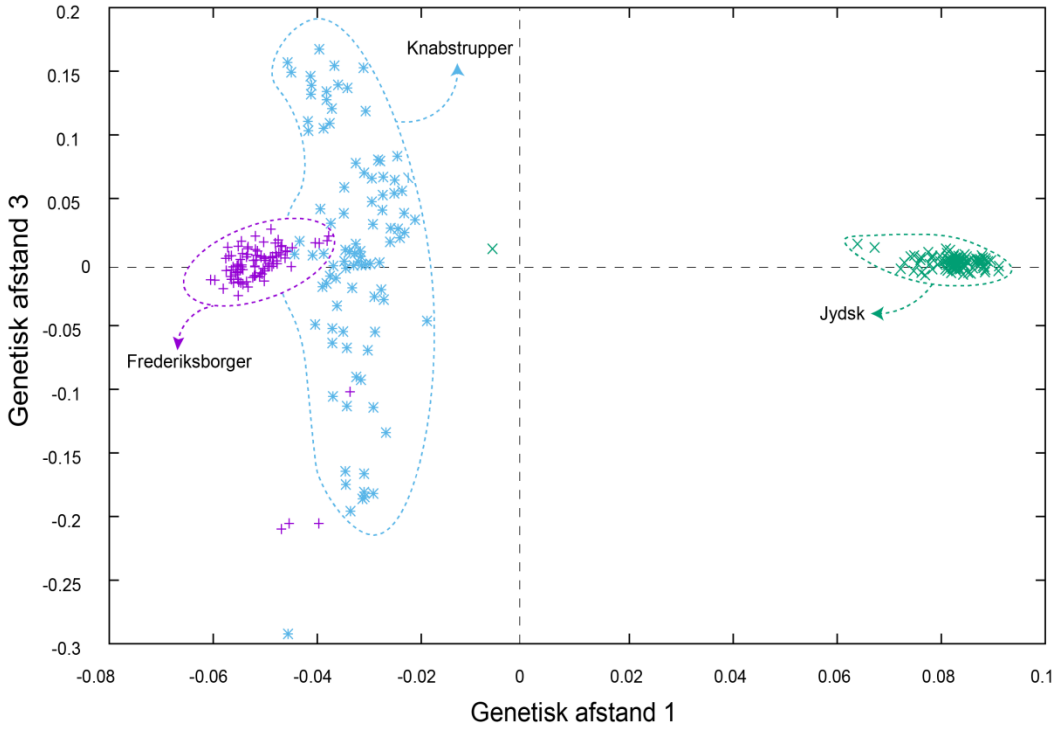


Figur 4. Principalkomponentanalyse af de tre danske bevaringsværdige hesteracer. Diagrammet viser genetisk afstand 1 og 2

Dette PCA-diagram viser tydeligt den genetiske separation af racerne. Genetisk afstand 1 adskiller Jydske Heste fra Frederiksborgere og Knabstruppere. Genetisk afstand 2 adskiller Frederiksborgere fra Knabstruppere. Alle Jydsk Heste placerer sig til højre langt fra Frederiksborghestens og Knabstrupperens populationsklynger. De sidstnævnte to hesteracer placerer sig på næsten det samme sted på den x-akse (ca. -0,06 – -0,02), hvilket betyder, at Frederiksborger- og Knabstrupper-populationer deler noget af deres historie, men stadig er klart separerede fra hinanden. Frederiksborgerne og Knabstrupperne har en delt

historisk oprindelse fra Frederiksborg stutteri, hvilket forklarer deres tætte placering på PCA-figuren. Hvert enkelt kryds i PCA-figuren repræsenterer individuelle heste i datasættet. Den tætte gruppering af de Jydske Heste viser, at den Jydske Hest har en meget ensartet populationsstruktur. De andre to racer er mere heterogene. Vi kan se nogle enkelte isolerede dyr i figuren. I midten af PCA-plottet kan vi se en enkelte Jydsk Hest, som ikke kunne tilknyttes i nogle af de undersøgte hestepopulationerne. Vores admixture-analyse viste, at denne prøve højst sandsynligt stammer fra en Islandsk Hest. Vi kan også tydeligt se fire Frederiksborgere placeret i gruppen af Knabstruppere. Prøverne, der er undersøgt for disse dyr, stammer ikke fra rene Frederiksborg heste.

PCA-plottet på Figur 5 viser en mere principalkomponentanalyse af de tre undersøgte danske hesteracer. Genetisk afstand 1 og 3 giver mulighed for at undersøge homogenitet indenfor populationerne. Vi kan finde de samme resultater, som viser en tydelig adskillelse mellem racerne. Desuden viser figuren den mere homogene populationsstruktur i den Jydske Hest og Frederiksborgerracen. Genetisk afstand 3 (på y-aksen) afslører populationsstrukturen indenfor Knabstrupperne. Også her kan vi se tre Frederiksborgere og en Knabstrupper for sig selv nederst i figuren.



Figur 5. Principalkomponentanalyse af de tre danske bevaringsværdige hesteracer. Diagrammet viser genetiske afstande 1 og 3.

Den lodrette spredning af Knabstrupperens populationsklynge resulterer fra racens store heterogenitet. Afstanden kan evt. afspejle graden af opblanding med andre hesteracer, herunder især Fuldblod. Bemærk, at den tætte placering af Frederiksborgernes og Knabstruppernes populationsklynger ikke betyder, at Frederiksborgernes population er en del af Knabstrupperne. Genetisk afstand 2 (som vist i Figur 4) ad-

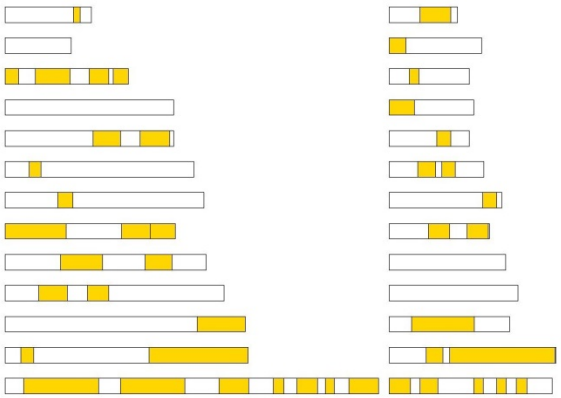
skiller Frederiksborgere og Knabstruppere. Figur 5 er de placeret tæt på hinanden, fordi genetisk afstand 3 afspejler variation indenfor Knabstrupper. Frederiksborgerne ligger tæt på 0.

Genomisk indavl i de tre danske bevaringshesteracer

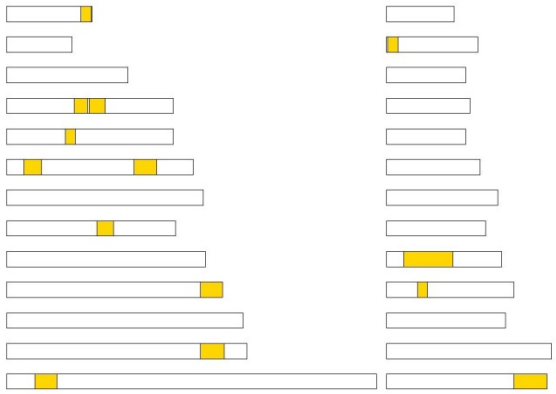
Vi undersøgte den nuværende genomisk indavlsgrad i dyr fra de tre bevaringsværdige danske hesteracer. I fravær af stamtræer kan det være svært at bestemme indavlsgrader. Med molekylær information er dette imidlertid muligt. Indavl er en egenskab ved et individ. Indavl vil typisk resultere i forringet frugtbarhed, vækst og overlevelse samt øget forekomst af genetiske sygdomme hos højt indavlede individer. Et indavlet individ kan imidlertid være af stor værdi i avlen. Hvis et indavlet individ krydses med et ubeslægtet individ, så vil afkommet ikke være indavlet. Indavl er således i sig selv ikke noget, som nedarves.

Vi har brugt en metode, som kan gøre det muligt at akkurat detektere de forskellige længder af Runs af Homozygosity (ROH) på dyrenes kromosomer. Længere kromosomstykker, hvor dyrets to kopier er ens, er indavlede. Dette kaldes et ROH. ROH-graferne nedenfor viser eksempler på de mest indavlede individers kromosomer. Kasserne angiver kromosomernes samlede længde, mens de gyldne bokse angiver de kromosomsegmenter, som er indavlede (dvs. ROH). Længden af ROH er et resultatet af, hvor ”ny” indavlen er. Indavl hidrører fra, at forældrene deler en eller flere forfædre i tidligere generationer. Jo længere man skal tilbage for at finde disse delte forfædre, jo kortere vil ROH være. Meget lange ROH viser, at forældrene deler forfædre i en af de seneste generationer.

Figur 6, Figur 7 og Figur 8 viser ROH-kromosomsegmenter i de mest indavlede individer fra henholdsvis Jydsk, Frederiksborger og Knabstrupper Heste. Der er tydelig forskel på racerne, både i længde og total mængder af ROH-stykker. Flest ROH findes i de Jydske hestes genomer i forhold til de andre to racer. Vi har også beregnet den gennemsnitlige genomiske indavlskoefficient for hele de undersøgte populationerne.



Figur 6. Indavlede kromosomsegmenter i den genomisk mest indavlede, undersøgte Jydske Hest. Hver kasse er et kromosom, hvoraf de gule dele er genomisk indavlede.



Figur 7. Indavlede kromosomsegmenter i den genomisk mest indavlede, undersøgte Frederiksborg Hest. Hver kasse er et kromosom, hvoraf de gule dele er genomisk indavlede.

Figur 8. Indavlede kromosomsegmenter i den genomisk mest indavlede, undersøgte Knabstrupper Hest. Hver kasse er et kromosom, hvoraf de gule dele er genomisk indavlede.

Jydske heste har i gennemsnit 18 % genomisk indavl efterfulgt af Frederiksborgere med 4 % og laveste i Knabstrupperne med godt 1 %. Som nævnt har den Jydske Hest en meget homogen populationsstruktur med meget lidt indkrydsning med en relativt ringe populationstørrelse. Som forventet resulterer dette i en forholdsvis højere grad af indavl i deres genom. I forhold til moderne kvægracer er 18 % ikke en meget høj og alarmerende genomisk indavlsgrad. Med en forsigtig avlsplan bør skadelige effekter af indavl kunne undgås en rum tid. Som reference kan gives, at vi i de moderne kvægracer, som viser nogle tegn på indavl, har en genomisk indavlsgrad på ca. 20 %.

Jydske heste

DANSKE BEVARINGSKVÆGRACER

Danmark har fire bevaringsracer af kvæg: Sortbroget Dansk Malkerace anno 1965, Rød Dansk Malkerace anno 1970, Korthorn og Jydsk Kvæg. Her beskæftiger vi os med de første tre af disse. De tre racer har meget forskellig oprindelse og historie, men deres nyere historie er præget af de ændringer, som er fremkaldt af overgangen til det moderne, højintensive landbrug. En stor del af populationerne er siden gået op i de moderne, danske produktionsracer af Dansk Holstein, Rød Holstein og Rød Dansk Malkerace, som alle er stærkt præget af import af genetisk materiale fra udenlandske – og herunder ikke mindst amerikanske – populationer af malkekvæg.

Racebeskrivelse af Sortbroget Dansk Malkerace anno 1965

Sortbroget Dansk Malkerace (SDM) blev dannet i 1949, da man i avlsforeningen for Sortbroget Jysk Malkekvæg (SJM) vedtog, at krydsningsdyr mellem Jysk Kvæg og Hollandsk Kvæg kunne optages i stambogen. SDM var en kombinationsrace med god mælkeydelse og god slagtekvalitet. Fra midten af 1960'erne begyndte avlsforeningen for SDM at benytte sæd fra tyre af den sortbrogede Holstein-Friesian race fra USA og Canada, og i dag er næsten 100 % af generne i de sortbrogede køer af Holstein-Friesian oprindelse. Der er indsamlet sæd til Genbanken fra et stort antal SDM-tyre fra midten af 1960'erne.

Racebeskrivelse af Rød Dansk Malkerace anno 1970

I begyndelsen af det 19. århundrede skelnede man i Danmark mellem to slags kvæg: Det Jyske Kvæg og Ø-Kvæget. Ø-Kvæget blev i 1800-tallet krydset med flere røde racer. Kvæg fra Angel blev anvendt på Sjælland og Lolland-Falster. På Fyn var det hovedsageligt kvæg fra Nordslesvig og det større kvæg fra Ballum, der blev brugt. Det var især de fynske kvægavlere, som fremavlede Rød Dansk Malkerace. Gennem renavl blev racen udviklet til den ensartede røde malkerace, som havde en bedre mælkeydelse end de øvrige danske malkeracer. Racen havde sin storhedstid i 1950'erne, hvor RDM udgjorde omkring 70 % af Danmarks kvægbestand. Siden er racen gået stærkt tilbage. I 1970 opgav raceforeningen renavlsprincippet. RDM blev siden krydset først med Amerikansk Brunkvæg (ABK) og siden med andre europæiske brune og røde racer. Racebetegnelsen RDM er dog fastholdt, men andelen af gener fra den oprindelige RDM-race er stærkt reduceret. Den nye RDM-ko har højere ydelse, bedre malkeorganer og er væsentligt større end RDM-koen anno 1970.

Racebeskrivelse af Danske Korthorn

Korthornsracen vandt indpas i Danmark i slutningen af 1800-tallet, og i 1922 var ca. en tredjedel af alle køer i Jylland af korthornsracen. I begyndelsen blev der hovedsageligt importeret dyr fra Ejderstedtområdet, men senere blev der importeret Korthornstyre fra England, der er racens oprindelsesland. Den stamme, der er mest kendt i dag, er Lyngestammen. Racen har haft egen avlsforening i Danmark siden 1906, men der er løbende importeret avlsdyr. Frem til omkring 1950 var importen dog begrænset til tyre

af Korthorn fra England. Fra 1950'erne blev der krydset med tyre af rødbroget kvæg fra Tyskland og Holland. I 1962 tog raceforeningen navneforandring til "Avlsforeningen for Dansk Rødbroget Kvæg" (DRK).

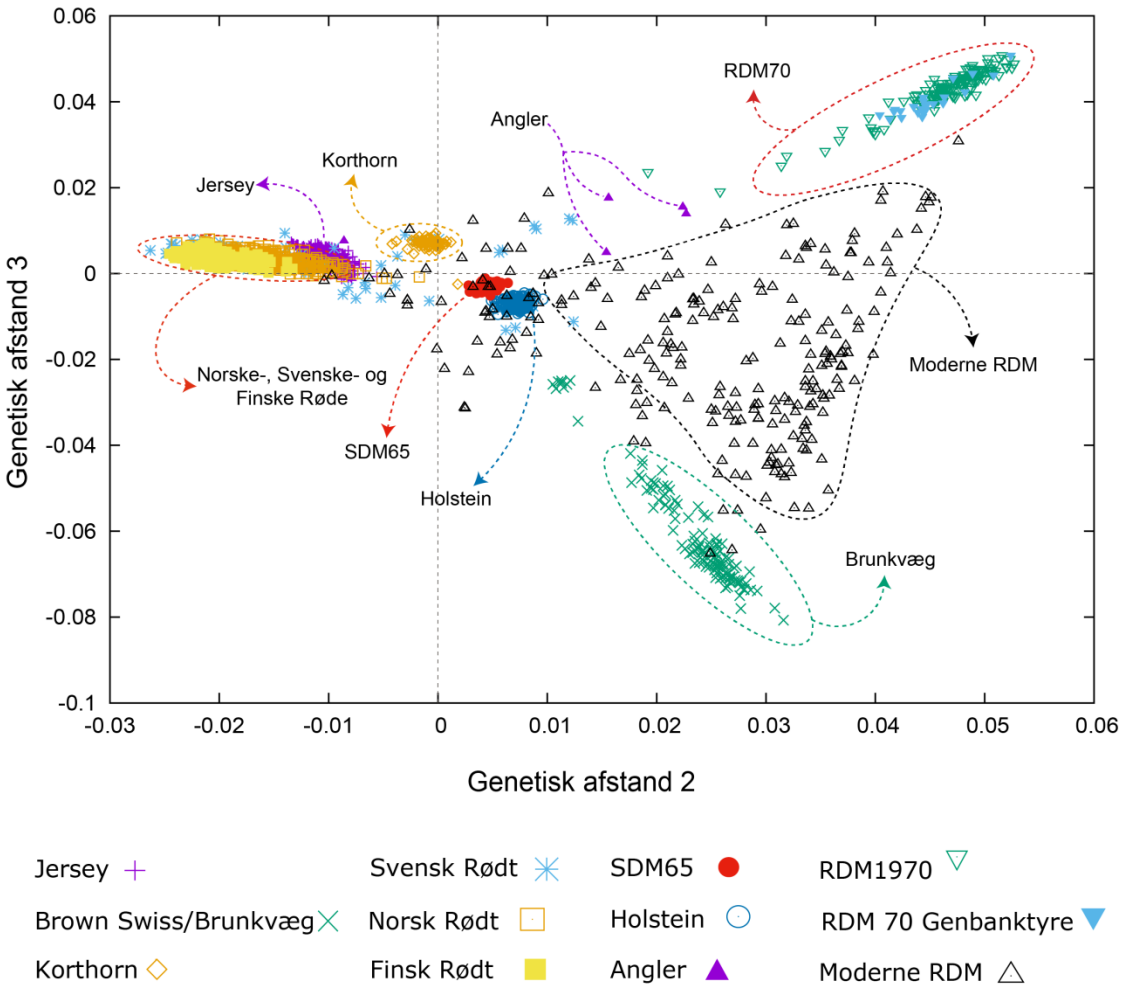
Slægtskab mellem de nordiske kvægracer

DNA-chipinformation giver megen information om de nordiske kvægracers slægtskab. Især den moderne røde danske malkerace har en meget kompliceret tilblivelseshistorie med krydsning med andre racer. Andre racer er opstået længere tilbage i tiden med baggrund i import fra andre lande. Især i de moderne racer foregår der en livlig udveksling mellem racer i forskellige lande – racer, der ofte har meget forskellige oprindelseshistorier.

Der findes et meget omfattende international datasæt, som omfatter genetiske data for dyr fra i alt 134 forskellige racer. Vi har her kun benyttet et udsnit af racer, som er relevante i forhold til afstamningen af de nordeuropæiske racer.

Den første analyse er en principalkomponentanalyse, hvis resultater er vist i Figur 9.

Rød Dansk Malkerace



Figur 9. Principalkomponent analyse af forskellige kvægracer. Genetisk afstand 1 adskiller Jersey fra resten. Her vises genetisk afstand 2 og 3. Øverst til højre gamle røde tyre og RDM70. Til venstre nordlige røde racer og nederst Brunkvæg. I midten Holstein, SDM65 og Korthorn. SDM65: Sortbroget Dansk Malkeracer anno 1965, Moderne RDM: Moderne Rød Dansk Malkerace, Angler: Angler "neuer Zuchtrichtung", RDM1970: Rød Dansk Malkerace anno 1970, RDM70 Genbanktyre: Tyre af Rød Dansk Malkerace fra genbanken.

Figur 9 viser 2. og 3. genetiske afstande for en række danske og nordiske kvægracer, som vi har adgang til prøver fra. Den første genetiske afstand separerer Jersey fra de andre kvægracer, hvilket ikke er af interesse for at belyse bevaringsracernes oprindelse.

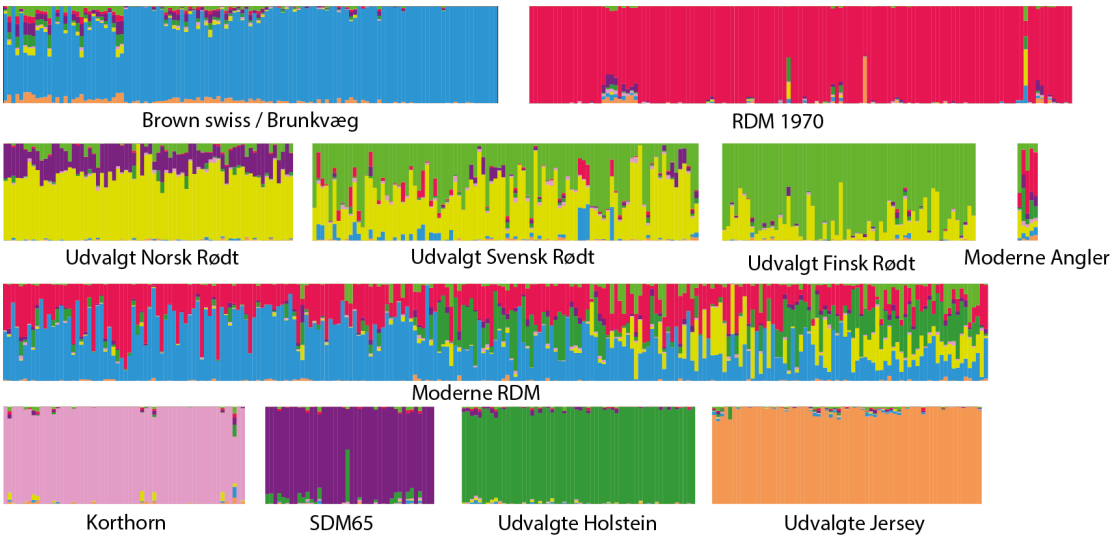
I figuren placerer Holstein (åbne blå cirkler) og SDM65 (fyldte røde symboler) sig tæt på 0,0, så 2. og 3. genetisk afstand er ikke af interesse for at belyse disse to racers oprindelser.

Til venstre i figuren ses en stor klynge af norske, svenske og finske røde dyr. De er åbenlyst tæt beslægtede. Øverst til højre ses prøver fra gamle RDM-tyre fra genbanken (fyldte blå trekanter). Oven i disse ses langt de fleste af de dyr, som tilhører den nulevende population af RDM1970 (åbne blå trekanter), men det ses også, at enkelte af disse viser tegn på opblanding. Nederst til venstre ses en stor og varieret klynge af Brown Swiss / Brunkvæg.

Moderne RDM er vist med åbne sorte trekanter. Nogle få af dem er endnu tæt på RDM70, men langt de fleste har flyttet sig hen imod enten brunkvæg eller de nordlige røde kvægracer. Til gengæld ser vi også, at enkelte røde svenske dyr (blå stjerner) har bevæget sig i retning af det oprindelige RDM.

Korthorn er også tæt på 0,0, og deres variation forklares ikke i nævneværdig grad af de første genetiske afstande. Dog ses det, at Korthorn placerer sig nærmest de nordlige røde kvægracer.

Den anden analyse undersøger de genetiske oprindelser i større detaljer. Resultaterne ses i Figur 10. I nogle af kvægracerne foreligger der DNA-chipdata for ganske mange dyr. Alle tilgængelige data har været inddraget i analyserne, men af pladshensyn vises nogle af racernes data kun i udvalg.



Figur 10. Admixture resultater for en gruppe kvægracer. Nogle racer vises kun af pladshensyn i udvalg. Hver blok er en race. Hver søjle i en blok er et dyrs oprindelse. Hver farve gengiver én oprindelse. Andelen, som en given farve udgør af et dyrs søjle, angiver sammensætningen af dyrets oprindelse.

Til højre i nederste række er vist data for Holstein og Jersey. Begge racerne har en dominerende komponent og viser kun tegn på beskeden opblanding med andre racer. Holsteinkomponenten genfindes i varierende grad i andre racer, medens Jerseykomponenten stort set kun forekommer i netop Jersey. Til venstre i nederste række ses data for Korthorn og SDM 1965. Begge racer domineres af én genetisk oprindelse. Enkelte dyr udviser dog tydelig opblanding med andre racer. SDM65-komponenten genfindes i beskedent omfang i Holstein, hvilket svarer til Holsteinracens delvise oprindelse i SDM65, men bidraget fra SDM65 til Holstein er dog ret beskedent. Da Norsk Rødt Kvæg blev dannet inddroges også sortbrogede populationer. Det forklarer, hvorfor Norsk Rødt Kvæg synes at dele en betydelig del af sin oprindelse med SDM65. SDM65 deler gennemgående små dele af deres afstamning med Korthorn. En del moderne Holstein har også et par procent afstamning i Korthorn.

De tre nordlige røde racer udgør et spektrum på tværs af den skandinaviske halvø og Finland. I Finland dominerer den grønne komponent, mens den gule dominerer i Norge. Sverige indtager en mellemposition.

Øverst til venstre ses Brown Swiss / Brunkvæg, som vides at have været en kilde til meget af moderne RDM's genetiske sammensætning. Vores prøver fra Brunkvæg stammer fra mange lande, og der ses varierende grader af opblanding med andre racer. I øvrigt dominerer den lyseblå komponent i Brunkvæg.

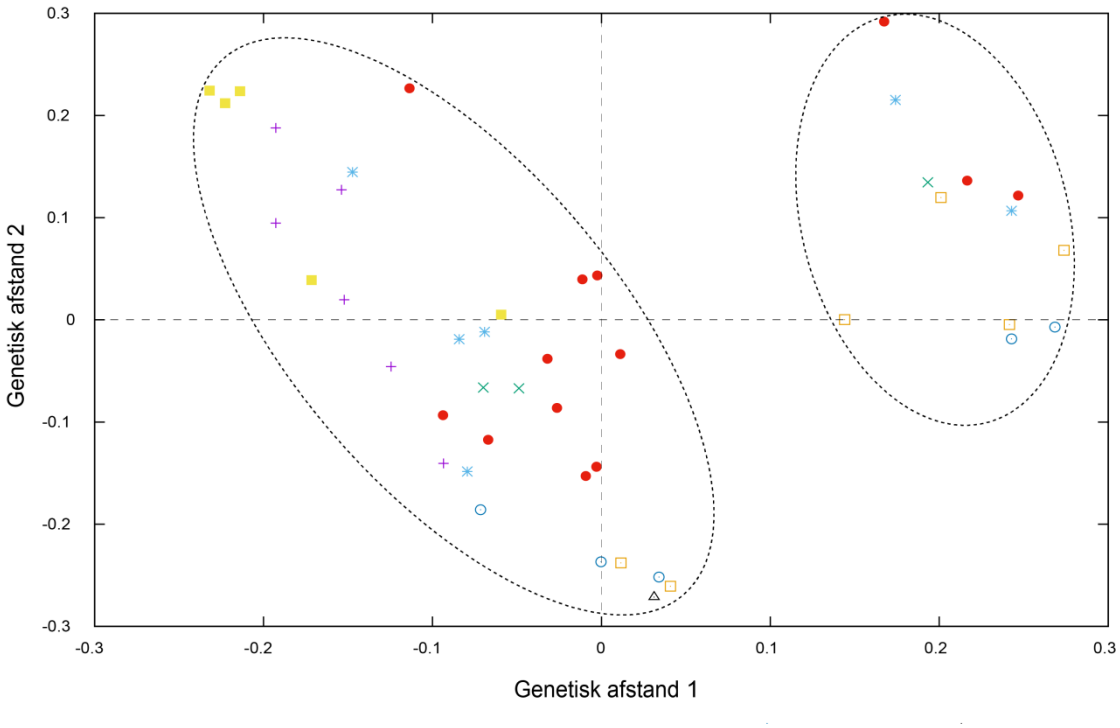
RDM1970 domineres af en komponent, som er vist med en rød farve. Enkelte dyr viser tydelige tegn på opblanding, men langt de fleste dyr har en næsten ublandet afstamning i den røde komponent. I hvilket omfang dette afspejler afstamninger i danske eller slesvigske kvægracer, kan ikke afgøres uden prøver fra disse populationer, som for de flestes vedkommende ikke findes længere.

Langt den mest komplicerede struktur findes i moderne RDM. Denne race har været genstand for målrettet krydsning med ikke mindst Brunkvæg og i den senere tid med de nordlige røde racer. Dyrene til venstre har en høj andel af Brunkvægsafstamning, mens dyrene til venstre mere domineres af bidrag fra de nordlige røde racer. Der er dog også bevaret et betydeligt bidrag fra den oprindelige RDM-stamme (vist med den røde farve).

Vi har undersøgt et mindre antal moderne tyske Anglerkvæg. Disse ser ud til at have en meget blandet oprindelse. De ligner mest de moderne RDM, men har kun et relativt beskedent bidrag fra Brunkvæg.

Slægtskaber i Sortbroget Dansk Malkerace anno 1965

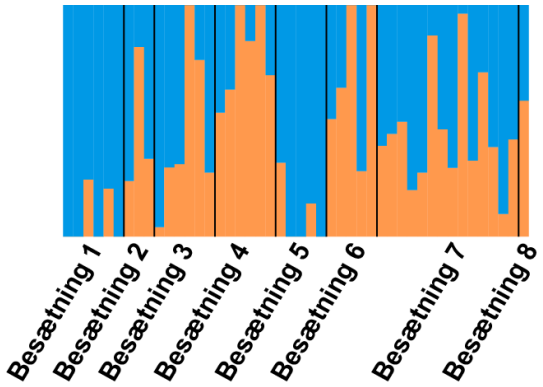
I Figur 10 så vi, at SDM65 overordnet har en ensartet karakter. Der var ikke evidens for en markant underopdeling. Figur 11 viser resultater fra principalkomponentanalysen, som belyser oprindelser i de undersøgte SDM65 dyr. De forskellige symboler markerer de otte avlere, som de 46 undersøgte dyr kommer fra.



Figur 11. Genetisk afstand 1 og 2 fra en principalkomponentanalyse af den Sortbrogede Danske Malkerace anno 1965. Hver besætning, som vi har taget prøver i, er vist med sit eget symbol.

I Figur 11 ses to grupper af dyr, men begge klynger er meget spredte. Begge klynger består af dyr fra flere forskellige besætninger. De besætninger, som vi har en del prøver fra, har deres dyr fordelt i figuren henover det meste af populationen. Antageligvis afspejler variationen, som måles med genetisk afstand 1 og 2, variation i den pulje af tyre, som benyttes fra genbanken. Forskelle mellem besætninger afspejler så variation mellem tyrene, og i besætningernes brug af dem.

Figur 12 giver en endnu bedre grafisk forklaring af de to afstamninger og deres fordeling i den undersøgte SDM65 population.

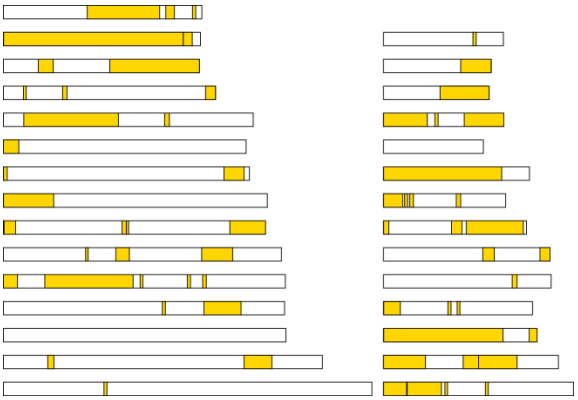


Figur 12. Admixture-analyse af Sortbroget Dansk Malkerace anno 1965. Racen er delt i to oprindelser vist med orange og blåt. Hver blok er en besætning, hver søjle er et dyr. For hvert dyr viser andelen af orange og blåt den andel af deres genom, som kommer fra hver oprindelse.

I Figur 12 ser vi, at begge afstamninger er repræsenterede i samtlige besætninger om end i varierende grad. Den orange afstamning er mere prominent i dyr tilhørende besætning 4, hvor to dyr har 100 % orange oprindelse, og alle andre dyr i besætningen har over 60 %. I Figur 11 findes besætninger med den orange oprindelse til højre. De blå afstamninger danner en lille gruppe til venstre. Blå afstamninger findes mest besætning 1 og 5, men enkelte dyr med større blå afstamning findes i næsten alle besætninger. Det er sandsynligt, at de oprindelser, som kan spores i SDM65 repræsenterer variation imellem grupper af de tyre fra genbanken, som benyttes i avlen af SDM65. En mulighed er, at denne opdeling afspejler oprindelser i henholdsvis Jydsk Kvæg og Sortbroget Hollandsk Kvæg.

Genomisk indavl i Sortbroget Dansk Malkerace anno 1965

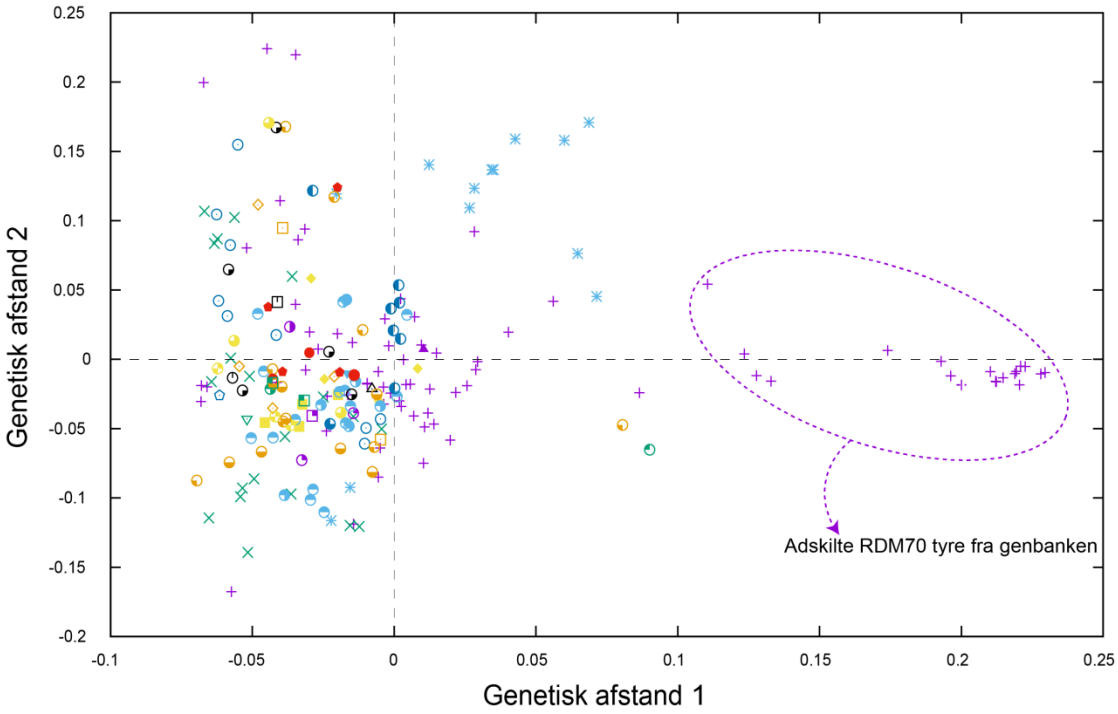
Den gennemsnitlige genomiske indavlsgrad for de undersøgte SDM65 er 14 %. Dette er ikke alarmerende. Tallet må afspejle, at de tyre fra genbanken, som avlerne bruger, ikke er tæt beslægtede med hinanden. De fem genomisk mest indavlede individer i populationen har genomisk indavl mellem 21 % og 33 %. Resultaterne er illustreret i Figur 13.



Figur 13. Et billede af indavlen i det genomisk mest indavlede undersøgte individ i SDM65. Hver kasse er et kromosom, hvoraf de gule områder er indavlede.

Slægtskaber i Rød Dansk Malkerace anno 1970

Figur 14 viser resultater fra principalkomponentanalysen, som belyser slægtskaber i den undersøgte RDM-1970 population. De forskellige symboler markerer de 33 avlere samt tyre fra genbanken i Assentoft, som de i alt 209 undersøgte dyr kommer fra.



Figur 14. Genetisk afstand 1 og 2 for undersøgte dyr fra RDM70. Hvert tegn gengiver den genetiske placering for et dyr. Hver undersøgt besætning har sit eget symbol. Dyrene til højre (violette plusser) er en del af tyrene fra genbanken i Assentoft.

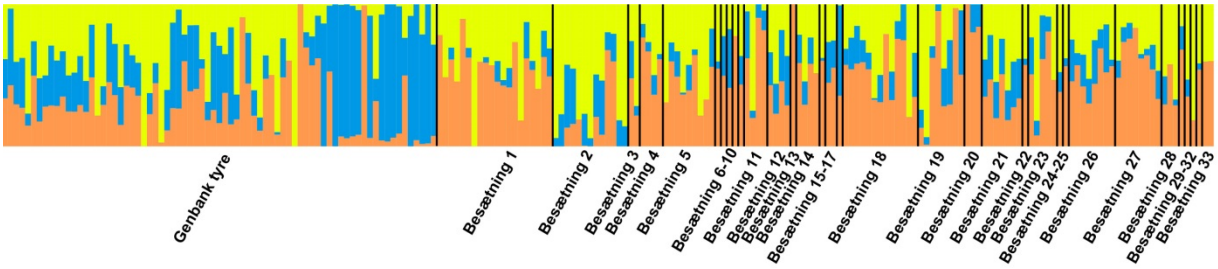
I Figur 14 kan vi detektere en klar separation mellem en lille gruppe af genbanktyre (til højre) fra den nulevende population (til venstre). Bemærk, at en større del af genbanktyrene er del af den store, blande-

de gruppe af RDM70 til venstre. Tyre til højre fra genbanken er antageligvis mere og mindre blandede med andre kvægracer.

Vi kan også detektere en besætning af nulevende dyr, markeret med blå stjerner ved 0,05 i genetisk afstand 1. De tilhører en bestemt besætning, som måske har brugt tyre fra gruppen af genbanktyre til højre.

Resten af populationen består af besætninger, som er mere eller mindre spredte langs genetisk afstand 2. Variationen langs genetisk afstand 2 afspejler således nok overvejende variation mellem tyrene i genbanken.

Figur 15 viser en detaljeret fordeling af afstamninger fra admixture-analyser i både nulevende dyrs og genbanktyrenes genomer.



Figur 15. Admixture-analyse, som viser fordelingen af tre oprindelser i RDM70. Hver farve gengiver én oprindelse. Hvert søjle svarer til et dyr, og den andel, som en oprindelse (farve) udgør af søjlen, viser, hvor meget af dyrets genom, der har denne oprindelse.

I Figur 10 så vi, at RDM70 har et meget ensartet præg med kun ringe tegn på opblanding med de andre racer i analysen. Når vi analyserer RDM70 alene, så kan admixture dog spore et meget højt antal afstamninger i RDM70. Vi viser her resultaterne med tre forskellige afstamninger for at fokusere på de store forskelle. Også her skiller besætning 2, som er markeret med blå stjerner i Figur 14, sig ud. Både nulevende dyr og tyrene i genbanken har meget blandede oprindelser. De forskellige oprindelser er ret jævnt fordelt i populationen.

Man kan spekulere på, om den meget blandede sammensætning af tyrene i genbanken afspejler forskellige bidrag i forbindelse med dannelsen af RDM-racen, eller om det afspejler senere begivenheder i racen. Dette kan ikke afgøres uden tilgang til prøver fra stampopulationerne, som i hvert fald for en dels vedkommende ikke eksisterer længere.

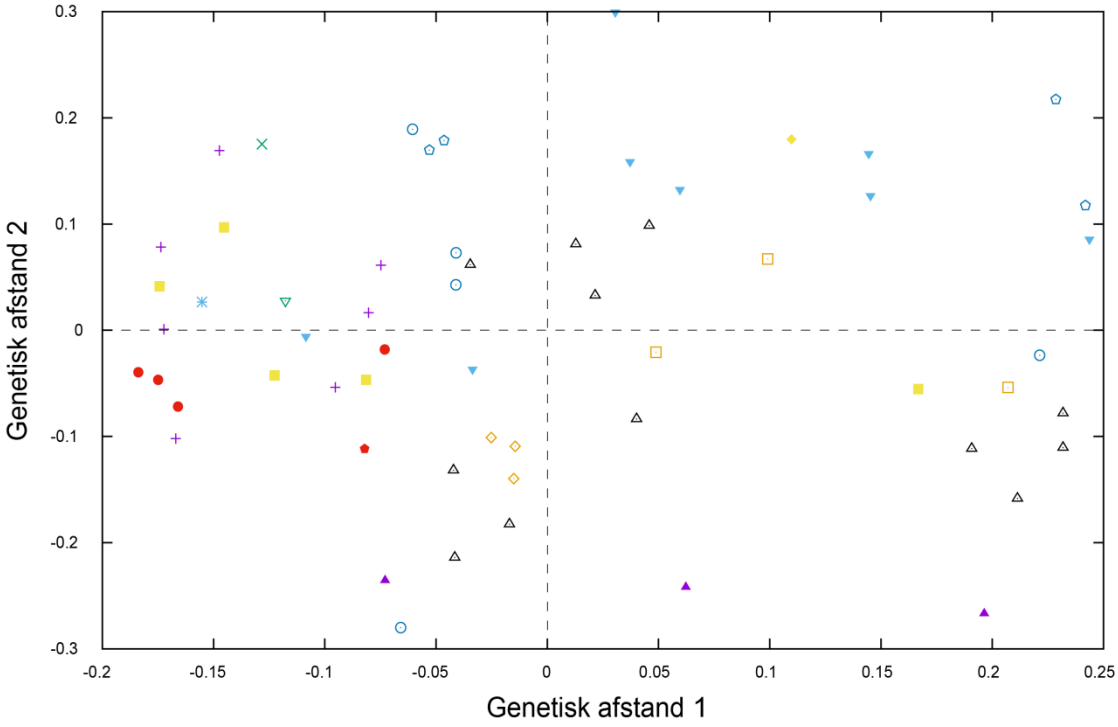
Genomisk indavl i Rød Dansk Malkerace anno 1970

Den gennemsnitlige genomiske indavlsgrad for de undersøgte RDM70 dyr er 22 %. Dette er ikke alarmerende, men tallet vil vokse i fermtiden. Derudover er indavlsgraden større end, hvad vi så i SDM65 populationen, selv om RDM70 har flere levende dyr. Tallet afspejler formentlig, at mange avler bruger genbanktyres sæd i avlen, og at RDM70 tyrene i genbanken er genetisk mindre variable end SDM65 tyrene i genbanken. Mange RDM70 genbanktyre har allerede en forholdsvis høj genomisk indavlsgrad og er rela-

tivt nært beslægtede med hinanden. De 10 mest indavlede individer i populationen har genomiske indavlsgrader mellem 30 % og 55 %, hvilket svarer til et niveau, som opnås ved parringer mellem forældre og afkom. Sådanne indavlsgrader bør fuldstændig undgås i praktisk avlsarbejde.

Slægtskaber i Dansk Korthorn

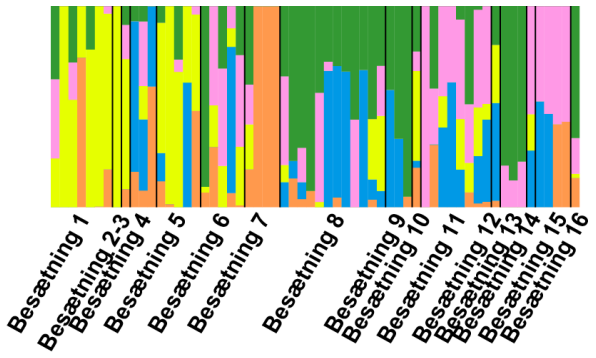
Figur 16 viser resultater fra principalkomponentanalysen, som belyser slægtskaber i den undersøgte Danske Korthorn population. De forskellige symboler markerer de 16 besætninger, som de 60 undersøgte dyr kommer fra.



Figur 16. Genetisk afstand 1 og 2 for de undersøgte dyr af Dansk Korthorn. Hvert dyrs genetiske placering er vist med et symbol, hver besætning har sit eget symbol.

Figur 16 illustrerer slægtskabet i Danske Korthorn. Der er ingen tegn på underopdeling af populationen. Mange dyr placerer sig i midten af figuren. De fleste besætninger indeholder dyr, som fordeler sig over hele racens bredde.

Afstamninger illustreres også af vores admixture-analyse, som er præsenteret i Figur 17.

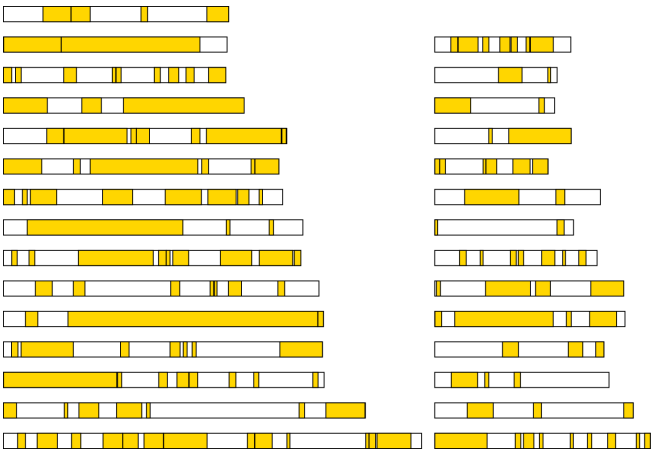


Figur 17. Resultater af admixture-analyse af undersøgte dyr af Dansk Korthorn. Hver farve indikerer en afstamning.

Vi kan observere fem forskellige afstamninger i figuren. De fleste dyr har flere afstamninger i deres genom, men der forekommer også dyr, hvis genom kun indeholder en enkelt afstamning. I besætning 1, 2, 3 og 5 dominerer den gule, mens den grønne afstamning dominerer i besætning 8, 9, 12 og to individer fra besætning 6 og 16. Vi kan også observere, at blåt og lyserødt er godt fordelt i populationen. Den orange afstamning sjældnest, men dominerer i besætning 7. Den meget blandede struktur i besætningerne modsvarer det billede af fravær af struktur i racen, som vi så i Figur 10. Det er sandsynligt, at de forskellige afstamninger (farver) afspejler forskelle mellem de anvendte tyre.

Genomisk indavl i Dansk Korthorn

Den gennemsnitlige genomiske indavlsgrad for de undersøgte Danske Korthorn dyr er 33 %. Dette tal er meget højt og bekymrende. Det afspejler en meget lille population med ringe genetisk variation. Tallet vil vokse i fremtiden i takt med, at slægtskabsgraden forsætter med at vokse. De 10 mest indavlede individer i populationen har genomiske indavlsgrader mellem 38 % og 52 %. Sådanne indavlsgrader bør absolut undgås i praktisk avlsarbejde. Et billede af det mest indavlede dyrs kromosomer er vist i Figur 18.



Figur 18. Et billede af fordelingen af genomisk indavl i det genomisk mest indavlede, undersøgte dyr af Dansk Korthorn. Kasserne viser kromosomerne, hvoraf de gule dele er genomisk indavlede.

DANSKE BEVARINGSSVINERACER

Vi har indsamlet genomiske data fra de to danske bevaringsracer af svin. Vi har undersøgt deres aktuelle, populationsgenetiske status og deres slægtskab med andre svineracer i verden. De to undersøgte racer er Hvidt Dansk Landracesvin og Sortbroget Dansk Landracesvin. I dette afsnit præsenterer vi resultater om deres populationsstruktur, slægtskab og genomiske indavlsgrad.

Racebeskrivelse af Hvidt Dansk Landracesvin anno 1970

I begyndelsen af det 18. århundrede var der to typer svin i Danmark. På øerne var svinene forholdsvis små, tætbyggede og med opretstående ører: Ø-Svinet. I Jylland var svinene større, havde en langstrakt kropsbygning og store hængende ører: Det Jyske Svin.

Danske Landracesvin stammer fortrinsvis fra bestanden af Jyske Svin. I 1906 begyndte man at føre stambog over orner af Dansk Landrace. De fleste orner var hvide, men enkelte var plettede eller sortbrogede, men disse egenskaber blev avlet væk. Dansk Landrace blev i første halvdel af det 20. århundrede berømt i Danmark og ude i verden, fordi racen blev fremavlet specielt med henblik på produktion af bacon til det britiske marked. Ligesom i andre husdyrracer blev avlsmålet for Dansk Landracesvin imidlertid ændret radikalt omkring 1970. Tilvækst, foderudnyttelse, holdbarhed, frugtbarhed og kødkvalitet blev oppriorite-ret, og i 1980'erne gennemførtes der desuden en begrænset indkrydsning med svin fra Norsk og Finsk Landrace. Dansk Landrace, der nu avles på danske avlscentre, er derfor væsentligt forskellig fra Dansk Landracesvin anno 1970. Der findes fortsat en bestand af Landracesvin anno 1970, men bestanden er meget lille. Til sikring af racens genetiske egenskaber er der tidligere indsamlet sæd og embryoner fra den nu nedlagte svineforsøgsstation Tylstrup. Disse prøver opbevares på Aarhus Universitet i Foulum.

Racebeskrivelse af Sortbroget Dansk Landracesvin

Sortbroget Dansk Landracesvin stammer dels fra det gamle danske landracesvin, dels fra racen Gloucestershire Old Spots, som blev importeret i begrænset omfang i 1930. Racen har ikke været særlig udbredt i Danmark. Det skyldes bl.a., at sortbrogede grise ikke er egnede til fremstilling af bacon.

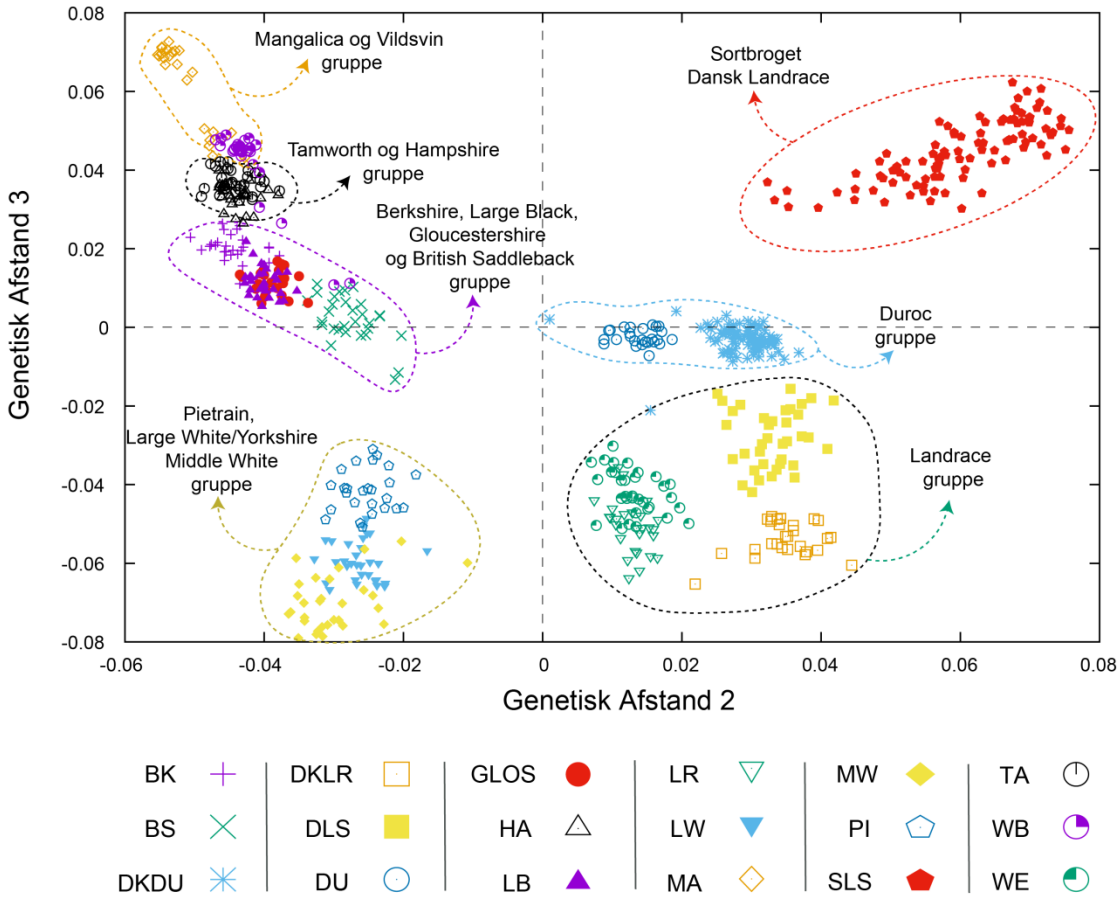
Det Sortbrogede Landracesvin er sort- og hvidbroget. Det er mindre end de moderne svineracer. Trynen er lang, og ørene er store og hængende. En stor del af grisene har halstitter, som er brusklapper på halsens underside. Det Sortbroget Landracesvin har mere rødt og mørkere kød end andre racer. Søerne har gode moderegenskaber og er meget hårdføre. Ved førstelægssøer er kuldstørrelsen i gennemsnit 9,5 grise, og ca. 7,6 af disse når fravænningsalderen. Det Sortbroget Landracesvin er velegnet til udendørs opdræt.

Det globale datasæt

Der findes et globalt referencedatasæt for svineracer. Vi har derfor mulighed for at sammenligne genetiske afstand og slægtskaber af de forskellige racer og klassificere dem i racegrupper. Referencedatasættet inkluderer 17 svineracer rundt om i verden samt den moderne Dansk Landrace og Dansk Duroc. De andre 15 racer er: Berkshire, British Saddleback, Duroc, Gloucestershire Old Spots, Hampshire, Landrace, Large Black, Large White/Yorkshire, Mangalica, Middle White, Pietrain, Tamworth, Welsh, Meishan og Vildsvin. I alt har vi undersøgt 541 individer, inklusive 37 Hvid Dansk Landrace anno 1975 og 100 Sortbroget Dansk Landrace, 27 moderne Dansk Landrace og 89 moderne Dansk Duroc. Prøverne fra de moderne danske svineracer stammer fra grise, hvis genom er sekvenseret af Aarhus Universitet.

Vi har lavet flere principalkomponentanalyser (PCA). Resultaterne vises i Figur 19. Det vides, at de fleste moderne svineracer har et genetisk bidrag fra kinesiske svin (10-30 %). Hvis man inkluderer de kinesiske Meishansvin i analysen, afspejles dette tydeligt. Hvis man udelader Meishan, så repræsenterer den største genetiske separation – genetisk afstand 1 – forskellen mellem Durocsvin og alle de andre racer. Duroc adskiller sig derfor markant fra alle de andre. Figur 19 viser resultaterne fra PCA-analysen, der belyser variationen mellem de resterende racer med brug af principalkomponent (genetisk afstand) 2 og 3.

Dansk Landracesvin

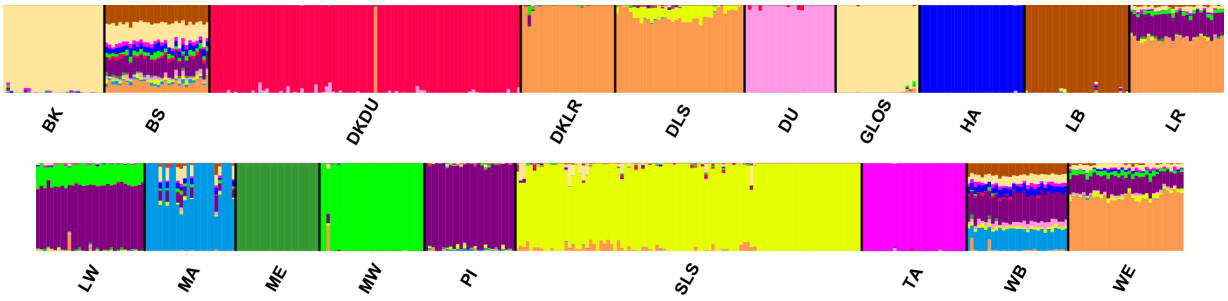


Figur 19. Genetisk afstand 2 og 3 for de svineracer, som har en grad af slægtskab med de danske bevaringssvineracer. Hvert symbol er et dyr, og hver race har sit eget symbol. BK: Berkshire, BS: British Saddleback, DKDU: Moderne dansk Duroc, DKLR: Moderne dansk landrace, DLS: Dansk Landracesvin, DU: Reference Duroc, GLOS: Gloucester Old Spots, HA: Hampshire, LB: Large Black, LR: Reference Landrace, LW: Large White / Yorkshire, MA: Mangalica, MW: Middle White, PI: Pietrain, SLS: Sortbroget Dansk Landracesvin, TA: Tamworth, WB: Vildsvin, WE: Walisisk.

Vi kan se klart separation af racerne af denne form af PCA. Til højre ligger de danske svin sammen med andre landracesvin og walisiske svin (Welsh). Sortbroget Landracesvin skulle have en del af sin oprindelse i Gloucestershire Old Spots svin. Den genetiske undersøgelse viser imidlertid, at det ikke kan være en betydelig del af racens genom, der kommer derfra. Hvidt Dansk Landracesvin og moderne Dansk Landrace er som forventet tæt beslægtede. Desuden har de walisiske svin og Landracesvin fra referencen en tæt forbindelse med de danske landracer.

Tæmning af svin foregik uafhængigt i Fjernøsten og Mellemøsten, hvorfra tamsvinet kom til Europa. Men med brug af blandt andet admixture kan vi bekræfte, at der indenfor de seneste par hundrede år er sket en indkrydsning af kinesiske svin til de europæiske svineracer. Vi finder således cirka 20 % kinesiske gener i europæiske racer inklusive det Sortbrogede Danske Landracesvin og det Hvide Danske Landracesvin anno 1975. Eneste undtagelser herfra er det spanske Ibericosvin og det ungarske Mangalicasvin.

Figur 20 viser resultater fra vores admixture-analyse af det globale datasæt.

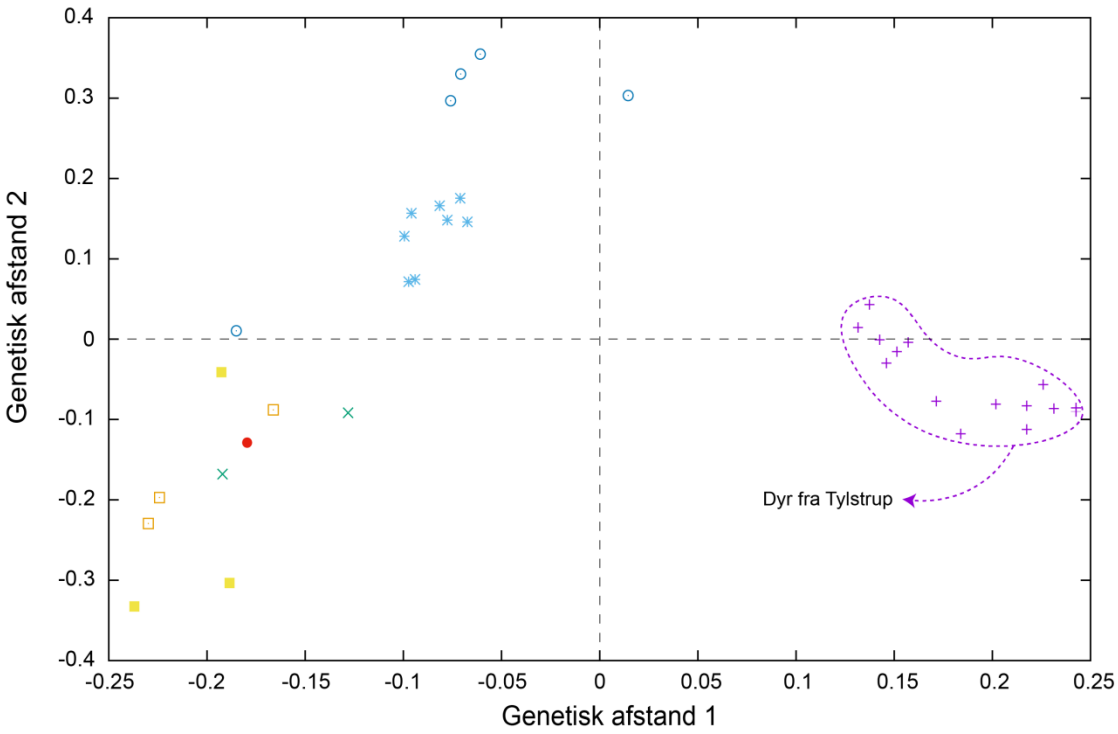


Figur 20. Admixture-analysen afslører raceoprindelser i udvalgte nordeuropæiske svineracer. Hver oprindelse gengives ved én farve. Hvert søjle er et individ, hvis oprindelse kan ses ved den andel hver farve udgør af søjlen. BK: Berkshire, BS: British Saddleback, DKDU: Moderne dansk Duroc, DKLR: Moderne dansk landrace, DLS: Hvidt Dansk Landracesvin, DU: Reference Duroc, GLOS: Gloucester Old Spots, HA: Hampshire, LB: Large Black, LR: Reference Landrace, LW: Large White / Yorkshire, MA: Mangalica, MW: Middle White, PI: Pietrain, SLS: Sortbroget Dansk Landracesvin, TA: Tamworth, WB: Vildsvin, WE: Walisisk.

Det moderne Dansk Landracesvin (DKLR) og det Hvide Danske Landracesvin (DLS) deler oprindelse, hvilket afspejles i deres admixture resultater (orange). Den samme komponent findes i reference Landrace (LR), Walisisk (WE) og i mindre grad i British Saddleback (BS). Vi kan finde tegn på indflydelse fra Sortbroget Dansk Landracesvin i næsten alle nulevende Hvide Danske Landracesvin (gult). Kun få dyr i DLS har ren eller næsten ren DLS-afstamning. Vores anden bevaringsrace, det Sortbrogede Dansk Landracesvin viser en oprindelse distinkt fra andre racer (gult). I nogle enkelte dyr kan vi observere et genetisk bidrag fra Gloucestershire Old Spots (GLOS) og Landrace. Begge dele afspejler indkrydsning i de senere generationer. Desuden kan spores islæt fra Pietrain (PI) i nogle dyr. Blandt alle de undersøgte Sortbroget Dansk Landracesvin fandt vi ni dyr, som har under 95,0 % ren afstemning.

Slægtskaber og genomisk indavl i Hvidt Dansk Landracesvin

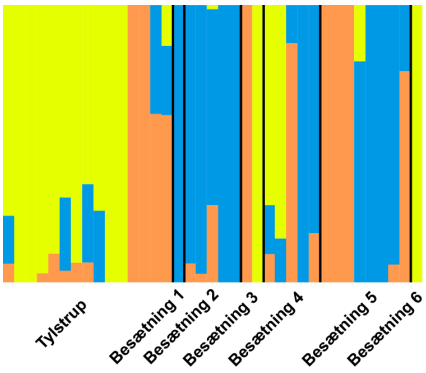
Figur 21 viser oprindelser af de undersøgte Hvide Danske Landracesvin. De forskellige symboler markerer de seks avlere, som de undersøgte dyr kommer fra, samt Aarhus Universitets samling af prøver fra Tylstrup markeret med lilla krydser til højre.



Figur 21. Genetisk afstand 1 og 2 for de undersøgte Hvide Danske Landracesvin. Hvert symbol viser et dyr, og hver besætning har sin egen type symbol.

Vi kan observere en tydeligt genetisk adskillelse mellem de levende dyr og Tylstrup-dyrene. De undersøgte dyr fra Tylstrup placerer for sig til højre for de levende dyr. Det betyder, at Tylstrup-orners genetiske materiale med fordel kunne bruges til at øge den levende populationens genetiske diversitet. Besætningen, som er markeret med en blå stjerne danner en tæt klynge i populationen, mens de andre 14 dyr danner en mere opblandet bestand.

Figur 22 viser resultatet af admixture analysen udført på den samplede population af Hvidt Dansk Landracesvin. Den giver et mere detaljeret billede af racens struktur.

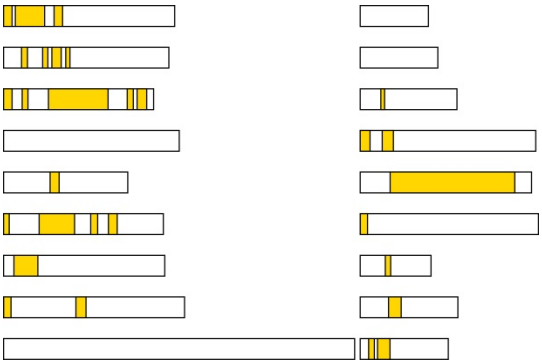


Figur 22. Admixture-analyse, som deler dyrene fra Hvid Dansk Landrace i tre oprindelser. Hver søjle er et dyr, og hver farve er en afstamning.

Der kan ses flere klart adskilte oprindelser. Tylstrup-dyr domineres af den oprindelse, som er vist med gult. Den findes i nogen grad iblandt de levende dyr. Den orange komponent findes både blandt levende dyr og i genbankens dyr. Den blå komponent er den største blandt de levende dyr, men findes kun i mindre grad i Tylstrup-dyrene. Admixture-analysen giver en detaljeret forklaring på, hvorfor PCA-analysen viste, at genbankens orner adskiller sig fra de levende dyr i racen.

Den gennemsnitlige, genomiske indavlsgrad for de undersøgte Hvide Danske Landracesvin er 12 %. Dette er i sig selv ikke alarmerende, men det meget ringe antal levende dyr vil gøre, at denne andel må forventes at stige drastisk fra nu af. Blandt de undersøgte Hvide Danske Landracesvin findes der stadig tre individer med mindre end 5 % genomisk indavl, hvilket formodentlig afspejler en grad af opblanding med andre racer.

Figur 23 viser det undersøgte Hvidt Dansk Landracesvin individ, som har det længste genomisk indavlede kromosomstykke i sit genom. Dyrets genomiske indavlskoefficient er på 17 %. Dyrets kromosom 14 er indavlet i næsten hele sin længde.

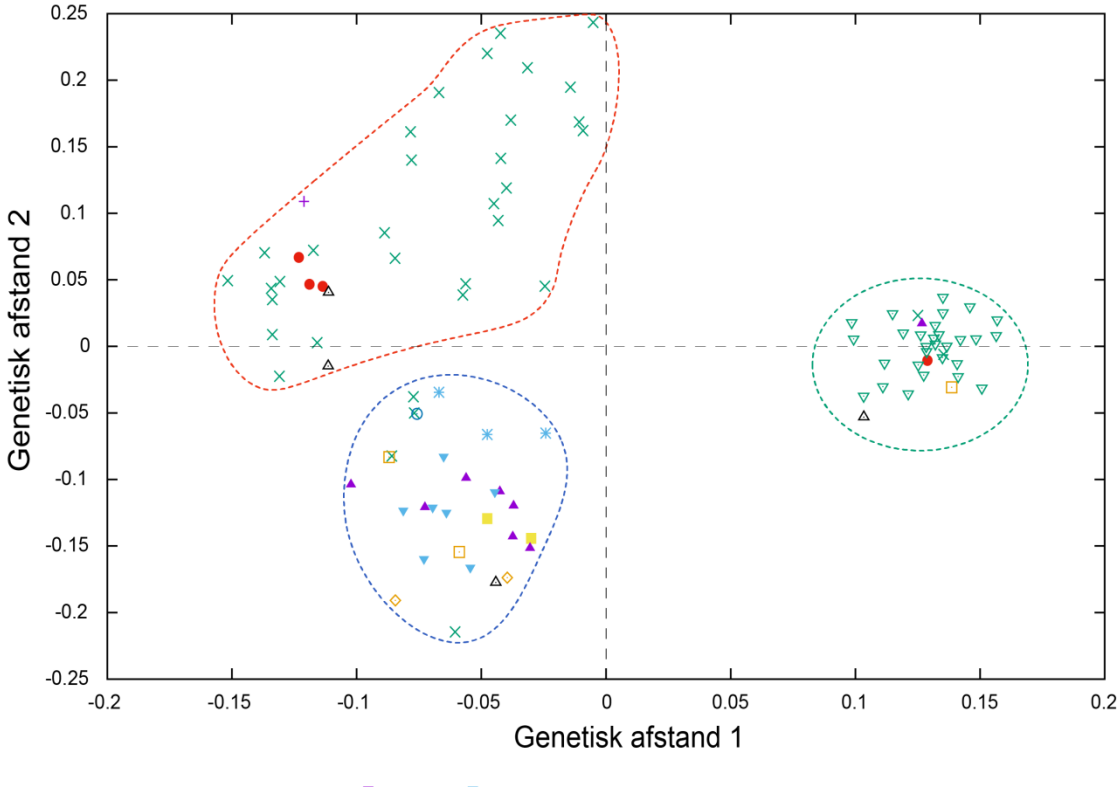


Figur 23. Genomisk indavl i de Hvide Danske Landracesvin. Hver kasse viser et kromosom, hvoraf de gule dele er genomisk indavlede.

Dyr fra Tylstrup har en gennemsnittelig genomisk indavlskoefficient på 12 %, omtrent på højde med de levende dyr.

Slægtskaber og genomisk indavl i Sortbroget Dansk Landracesvin

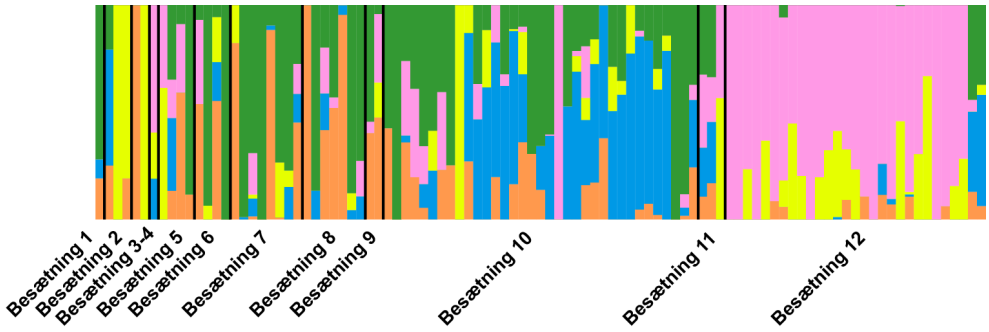
Figur 24 viser oprindelser af de undersøgte Sortbroget Dansk Landracesvin. De forskellige symboler viser de 12 besætninger, som dyrene kommer fra.



Figur 24. Genetisk afstand 1 og 2 for de undersøgte Sortbrogede Landracesvin. Hvert symbol er et individ, og hver besætning har sin egen type symbol.

Sortbroget Dansk Landrace har en interessant populationsstruktur. Vi kan observere en klar separation af populationen. Der er en gruppe af individer, som grupperer sig i en tæt klynge for sig til højre. Denne lille adskilte population består overvejende af dyr fra én besætning samt nogle enkelte individer fra andre besætninger. Derudover er der i den øverste halvdel af figuren en anden delvist adskilt gruppe af dyr markeret med grønne krydser. Til sidst i den nederste halvdel kan vi observere en gruppe af dyr fra syv forskellige besætninger, som i højere grad har fælles oprindelse.

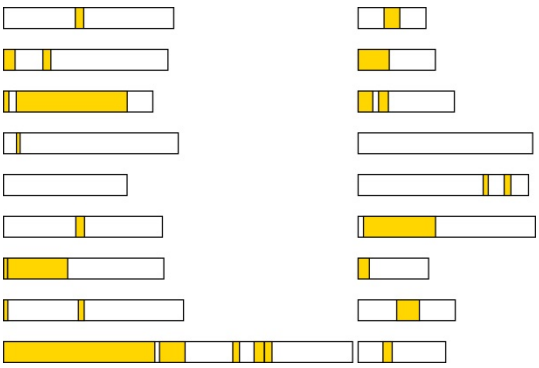
Figur 25 viser admixture-analysen af Sortbroget Dansk Landrace.



Figur 25. Admixture-analyse af de undersøgte Sort Dansk Landracedyr. Hver søjle er et individ, og hver oprindelse er vist ved sin egen farve. Hvert dyrs oprindelse er vist ved andelen af farven i individets farve.

Vi genfinder den samme separation af populationen som i Figur 24. Til højre ser vi besætning 12 domineret af den lyserøde komponent, som kun i mindre grad findes i de andre besætninger, hvilket forklarer den særskilte klynge til højre i Figur 24. Den komponent, som er markeret med blåt, er fremherskende i besætning 10 og findes i mindre grad i andre besætninger. Dette forklarer klyngen øverst i Figur 24. Kendetegnende er dog, at alle komponenter (farver) findes spredt over de fleste eller alle besætninger.

Det Sortbrogede Danske Landracesvin har en gennemsnitlig, genomisk indavlsgrad på 15 % - altså noget højere end for Dansk Landracesvin. Figur 26 viser genomet af det undersøgte Sortbrogede Danske Landracesvin, som har det længste ROH i sit genom. Dyrets genomisk indavlskoefficient er 23 %, dvs. markant over populationens gennemsnit. Det ses, at halvdelen af dyrets kromosom 1 og 13 og næsten hele dets kromosom 7 er indavlede.



Figur 26. Billede af kromosomerne i det genomisk mest indavlede, undersøgte Sortbrogede Danske Landracesvin. Hver kasse er et kromosom, hvoraf de gule dele er genomisk indavlede.

Dyret tilhører ikke til subpopulationen, som var detekteret i vore PCA- og admixture-analyser. Da vi præsenterede populationsstrukturen i Sortbroget Dansk Landracesvin registrerede vi en besætning, som var isoleret fra resten. Denne adskilte populationens gennemsnittelige genomiske indavlsgrad er 20 %, altså 5 % højere end resten af racen. Gennemsnitslængden af ROH er også højere i den adskilte population, hvilket indikerer, at indavlen er opstået relativt nyligt mellem disse dyr. Dette er bekymrende, og bedre samarbejde bør overvejes.

Sortbroget Landracesvin

DANSKE BEVARINGSFÅRERACER

Vi har indsamlet genomiske data fra de to danske bevaringsracer af får. Vi har undersøgt deres aktuelle, populationsgenetiske status og deres slægtskab med andre fåreracer i verden. De to undersøgte racer er Dansk Landfår og Hvidhovedet Marskfår.

Racebeskrivelse af Dansk Landfår

Den danske fårebestand er løbende krydset med andre racer. Danske får blev således allerede tilført fremmed blod fra spanske Merinofår i 1600-tallet, og i løbet af 1800-tallet blev Landfåret indkrydset med engelske fåreracer, og specielt med Leicester racen. I 1900-tallet blev der krydset med fåreracen Rygja. Oprindeligt var der to forskellige typer Landfår: Hede- og klitfår. I løbet af det 20. århundrede blev Landfåret krydset med forskellige importerede fåreracer. De egentlige danske Landfår består nu af tre linjer, der er navngivet efter de lokaliteter, de kommer fra. Hulsig-fårene er fra Nordjylland, Vesterbølle-fårene fra Gedsted i Vesthimmerland, og Ertebølle-fårene er fra Farsø i Vesthimmerland. Fælles for disse får er deres evne til at klare sig under ugunstige betingelser. De genetiske analyser viser, at Ertebøllefår-linjen genetisk set er meget separeret fra Dansk Landfår. Bevaringsudvalget har givet sin støtte til yderligere undersøgelser af denne forskel. Disse nylige undersøgelser skal udføres af forskere i Aarhus Universitets Center for Kvantitativ Genetik og Genomforskning i tæt samarbejde med racens avlere og finansiering fra Bevaringsudvalget.

Fårets uld er primært hvid, men brune og sorte pletter kan forekomme. Fårets hoved og ben er brune eller grå og oftest plettede. Hovedet er fint bygget og lille, og ørerne er små. Halen er lang. Fårets ryg er lang og smal. Benene er ligeledes lange, men de er ikke særlig kraftige. Klovene er til gengæld stærke. Racen får normalt ikke horn, men små horn på vædderne kan forekomme. Danske Landfår er forholdsvis små. Danske Landfår er en blandet uld- og kødrace.

Racebeskrivelse af Hvidhovedet Marskfår

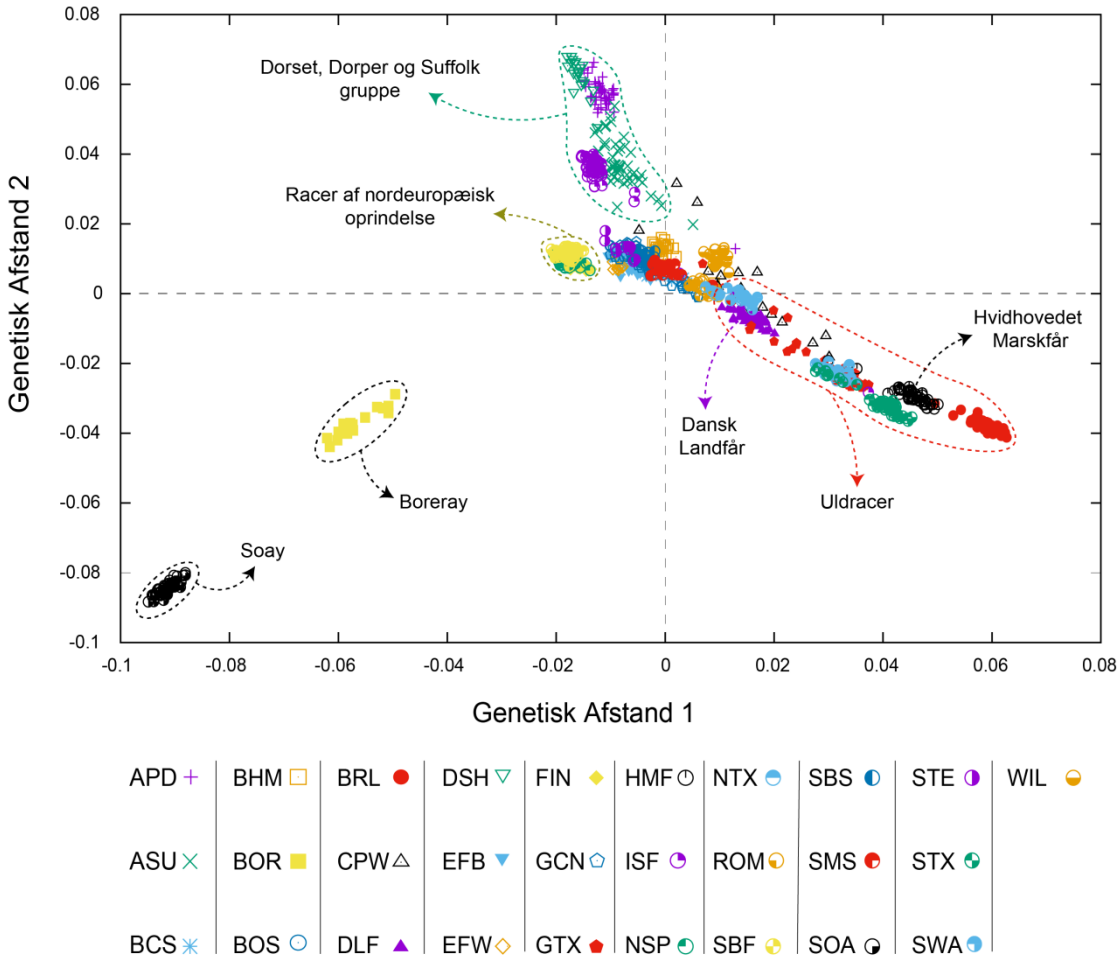
Fårene i Sønderjyllands marskegne stammer fra Vesterhavets kystområder, hvor racen er udviklet fra frisiske landracefår. Hvidhovedet Marskfår er således en race, der er tilpasset livet i Vesterhavets barske kystområder. Hvidhovedet Marskfår er et stort får med hvidt hoved og hvid uld. Fåret har uld på både hoved og ben samt et tykt uldlag på bugen. Hvidhovedet Marskfår er primært en kødrace.

Det globale datasæt

Der findes et globalt referencedatasæt for fåreracer. Vi har derfor mulighed for at sammenligne genetiske afstande og slægtskaber af de forskellige racer og klassificere dem i racegrupper. Referencedatasættet inkluderer 28 fåreracer inklusiv Danske Landfår og Hvidhovedet Marskfår. De øvrige 26 racer er: Afrikansk Dorper, Australsk Suffolk, Brasiliansk Creole, Black-Headed Mutton, Boreray, Bündner Oberländer Får, Border Leicester, Australsk Coopworth, Dorset Horn, Østfrisisk Brunt, Østfrisisk Hvidt, Finsk Får,

Gulf Coast Native, Tysk Texel, Irsk Suffolk, Norsk Spælsau, New Zealandsk Texel, New Zealandsk Romney, Skotsk Blackface, Schweizer Sortbrunt Bjergfår, Schweizer Spiegelschaf, Soay, St. Elizabeth, Skotsk Texel, Schweizer Hvidt Alpefår, Wiltshire.

Vi har lavet flere principalkomponentanalyser (PCA) af referencedatasættet. Her præsenterer vi principalkomponent (genetisk afstand) 1 og 2, som vises i Figur 27.



Figur 27. Genetisk afstand 1 og 2 for fåreracer i referencedatasættet. Hvert symbol er et individ, og hver racer har sit egen type symbol. APD: Afrikansk Dorper, ASU: Australsk Suffolk, BCS: Brasiliansk Creole, BHM: Black-Headed Mutton, BOR: Boreray, BOS: Bündner Oberländer Får, BRL: Border Leicester, CPW: Australsk Coopworth, DLF: Dansk Landfår, DSH: Dorset Horn, EFB: Østfrisisk Brunt, EFW: Østfrisisk Hvidt, FIN: Finsk Får, GCN: Gulf Coast Native, GTX: Tysk Texel, HMF: Hvidhovedet Marskfår, ISF: Irsk Suffolk, NSP: Norsk Spælsau, NTX: New Zealandsk Texel, ROM: New Zealandsk Romney, SBF: Skotsk Blackface, SBS: Schweizer Sortbrunt Bjergfår, SMS: Schweizer Spiegelschaf, SOA: Soay, STE: St. Elizabeth, STX: Skotsk Texel, SWA: Schweizer Hvidt Alpefår, WIL: Wiltshire.

Vi kan se en klar separation af Soay og Boreray fra de andre fåreracer; de placerer sig nederst til venstre i figuren. Begge racer stammer fra meget små, isolerede øer cirka 70 km nordvest fra den Skotske kyst. Racer, som er udviklet i isolerede oprindelser, er typisk væsentligt forskellige fra andre racer. Øernes iso-

lation og fårenes ringe antal og tilpasning til det ekstreme miljø gør, at de genetisk afviger meget fra andre fåreracer.

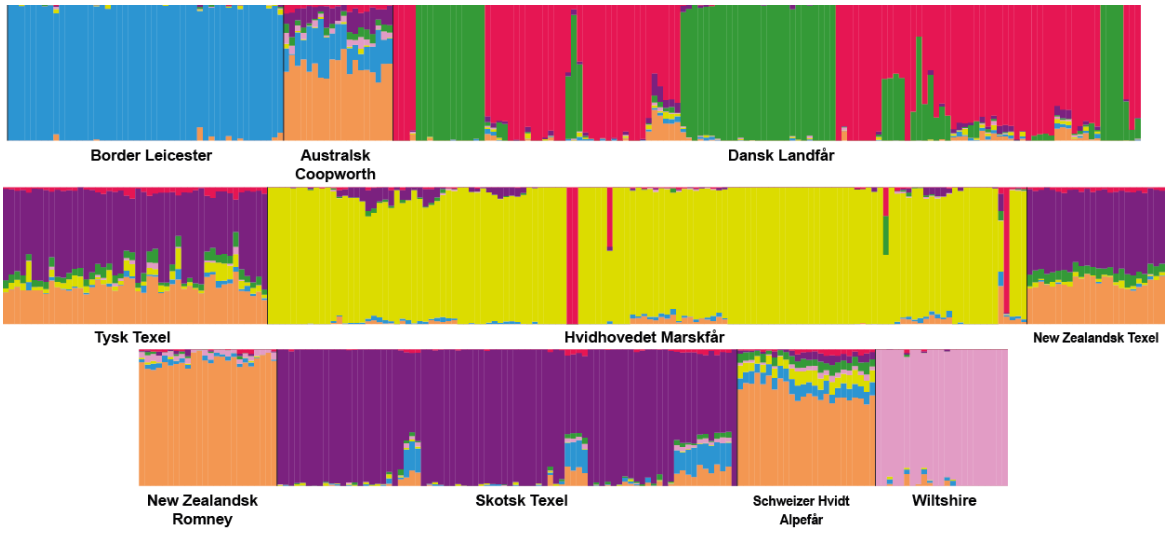
De øvrige racer afviger i en af to retninger fra 0,0. Grenen til højre er domineret af racer, som overvejende bruges til uldproduktion. Det drejer sig om racer såsom Border Leicester, Texel og Coopworth. På denne gren finder vi også det danske Hvidhovedede Marskfår placeret tæt på Border Leicester, Skotsk Texel, New Zealandsk Texel og Tysk Texel. Dansk Landfår er også placeret i denne del af grenen, men meget tættere på midten af figuren. Deres placering typer på relationer til Tysk Texel, Schweizisk Hvidt Alpefår og New Zealandsk Romney.

I midten af figuren finder vi mange fåreracer placeret tæt på hinanden: Black-Headed Mutton, Østfrisisk Hvidt og Brunt, Gulf Coast Native, Schweizer Spiegelschaf, St. Elisabeth og Wiltshire. At alle disse racer er tæt på midten, betyder ikke i sig selv, at de er relaterede til hinanden. Det betyder, at de ikke deler oprindelse med de racer, som ligger langt fra midten.

Til venstre fra midten af figuren (-0,2 af x-aksen) finder vi en lille, men tæt klynge af stærke, fordringsløse racer af nordeuropæisk oprindelse: Norsk Spælsau, Finsk Får og Skotsk Blackface.

I den øverste del af Figur 27 finder vi en stor klynge af Dorset Horn, Afrikansk Dorper, Australsk Suffolk og Irsk Suffolk racer. Dorperfåret blev udviklet gennem krydsning af Dorset Horn og Blackheaded Persian racerne.

For at gøre admixture-figuren mere overskuelig har vi udvalgt nogle racer, som i principalkomponentanalysen i Figur 27 var mest beslægtede med de to danske bevaringsfåreracer, nemlig: Border Leicester, Skotsk Texel, New Zealandsk Texel, Tysk Texel, Schweizer Hvidt Alpefår, Australsk Coopworth, Wiltshire og New Zealandsk Romney. Resultaterne er vist i Figur 28.



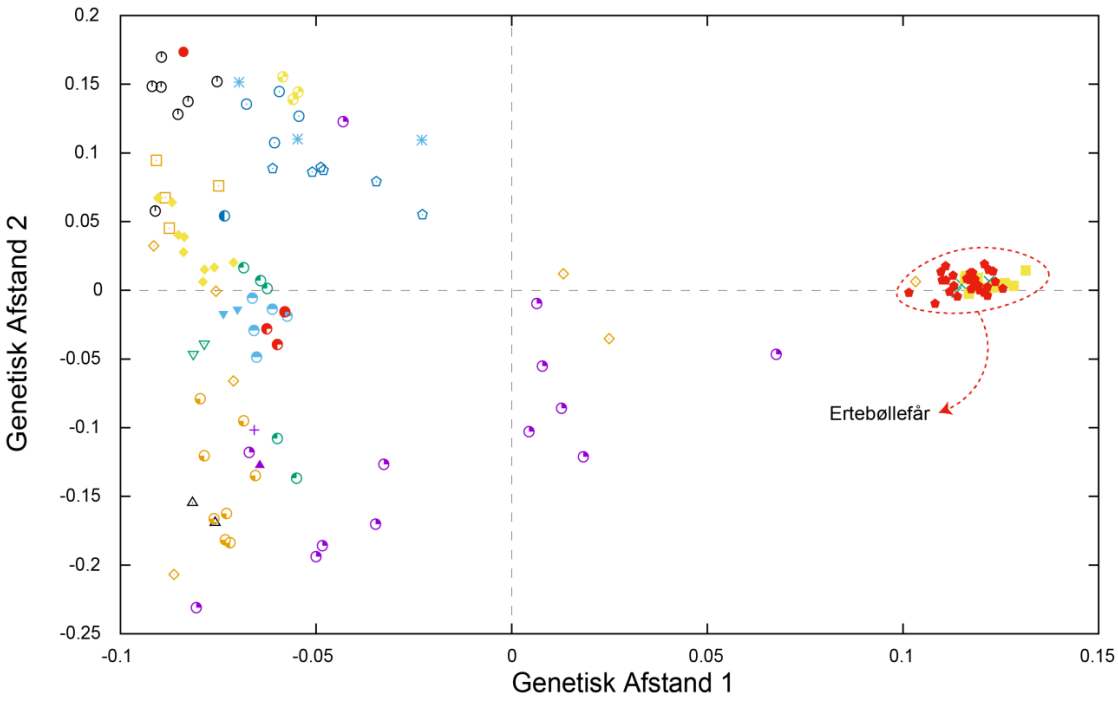
Figur 28. Admixture-analyser af udvalgte fåreracer. Hver farve repræsenterer en oprindelse, hver blok en race, hver søjle et dyr, og fordelingen af farver i hver søjle angiver dyrenes forbindelse til de forskellige oprindelser.

Resultaterne af admixture-analyserne afslører, at begge de danske racer kan skelnes fra de øvrige racer. Mange Hvidhovedede Marskfår viser en genetisk indflydelse fra Texel (blå og orange), som dog er fraværende i størstedelen af racens dyr. Noget lignende er tilfældet for en mindre del af Dansk Landfår, hvor enkelte dyr viser en højere grad af indflydelse fra Texel.

Der er tydeligt (mindst) to distinkte racekomponenter i Dansk Landfår – her vist med rødt og grønt. To eller tre af de undersøgte Hvidhovedede Marskfår viser sig i stedet at være Danske Landfår. To eller tre andre er ca. 1:1-hybrider mellem Hvidhovedet Marskfår og andre racer.

Slægtskaber i Dansk Landfår

Figur 29 viser slægtskabet blandt de undersøgte Dansk Landfår. De forskellige symboler markerer de 23 besætninger, hvor de undersøgte 130 dyr kommer fra. Vi undersøgte prøver fra mange forskellige besætninger inklusive både hobbybesætninger og store besætninger. I vores datasæt er Ertebøllefåret også markant repræsenteret.

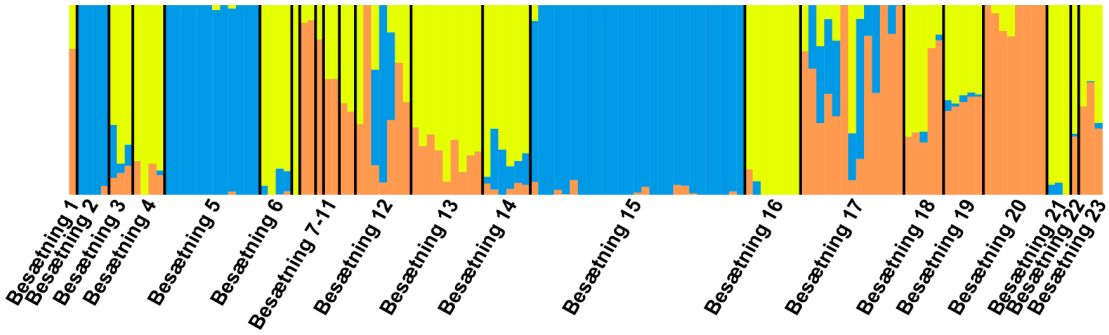


Figur 29. Genetisk afstand 1 og 2 for de undersøgte Danske Landfår. Hvert dyr er vist med et symbol, og hver besætning har sin egen symboltype.

Figur 29 viser genetisk afstand 1 og 2 fra principalkomponentanalysen. Genetisk afstand 1 afslører en meget tydelig opdeling indenfor Dansk Landfår. Til venstre ses en stor og meget spredt klynge af dyr og besætninger af racen. Til højre ses en tæt formet klynge af individer, som overvejende tilhører to besætninger samt nogle enkelte individer fra andre besætninger. Gruppen til højre er Ertebøllefår. Ertebøllefåret nedstammer fra en lille bestand af dyr med udspring i Dansk Landfår, men som i mange årtier blev avlet i en isoleret bestand. Ertebøllefåret adskiller sig fænotypisk fra Landfår. De genetiske afstande viser, at Ertebøllefåret også har en genetisk egenart. Mellem gruppen til venstre og Ertebøllefårene til højre ses et antal dyr, som har 25, 50 eller 75 % afstamning i Ertebøllefår. Der er efterfølgende i 2016 igangsat yderligere arbejde med Ertebøllefåret ved Aarhus Universitets Center for Kvantitativ Genetik og Genomforskning i samarbejde med avlere og Bevaringsudvalget.

Genetisk afstand 2 aksen forklarer variation blandt de Danske Landfår, som ikke er Ertebøllefår. Landfår beskrives normalt som havende to retninger ud over Ertebøllefårene, nemlig Hulsig- og Vesterbøllelinjerne. Hvis disse var klart adskilte, så ville genetisk afstand 2 afsløre en tydelig separation – sådan som genetisk afstand 1 gjorde. Det, der ses, er imidlertid en række besætninger, som ikke er klart separerede.

For bedre at belyse strukturen i Dansk Landfår og Ertebøllefår har vi admixture-analyser af data. Resultaterne præsenteres i Figur 30.



Figur 30. Admixture-analyse af Dansk Landfår med tre oprindelser. Hver blok er en avler, hver søjle et dyr, og hver farve repræsenterer en afstamning. Andelen af farver i søjlerne angiver andelen som en given oprindelse udgør i et givent dyrs genom.

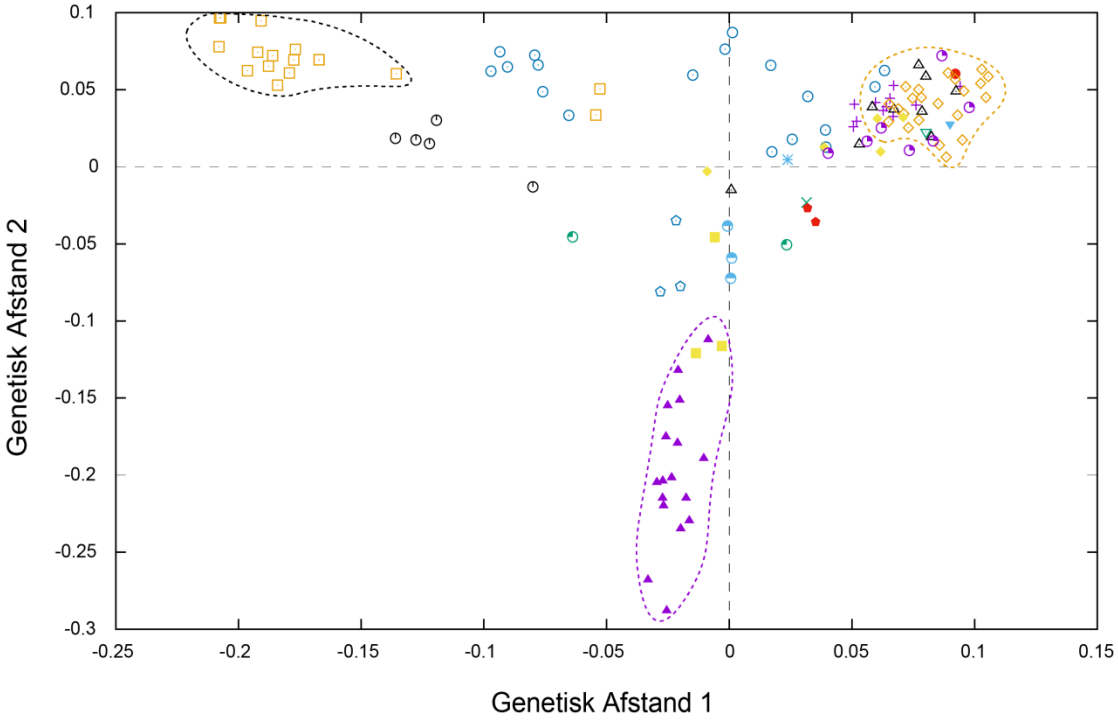
Analysen afspejler også den tydelige separation af Ertebøllefåret (markeret med blåt) fra de øvrige Danske Landfår sådan, som vi allerede så det i PCA-resultaterne. Tre besætninger har ren eller næsten ren Ertebølle-afstamning. Nogle dyr fra andre besætninger har varierende grader af Ertebølle-afstamning.

Blandt resten af de Dansk Landfår kan vi skelne to afstamninger vist med orange og gult. Dette svarer måske til Huslig- og Vesterbølle-linjerne. Disse to afstamninger findes i varierende grad i en række besætninger. Det ville forklare, hvorfor vi ikke ser klart separerede grupper adskilt på genetisk afstand 2 i Dansk Landfår i principalkomponentanalysen.

Den gennemsnitlige genomiske indavlsgrad for de undersøgte Dansk Landfår sammen med Ertebøllefår er 4 %. I Ertebøllefår ser vi ligeledes 4 %. Denne nuværende indavlsgrad er lav og giver ikke anledning til bekymring. Den afspejler et forholdsvist stort antal væddere, som benyttes i avlen i Dansk Landfår. Selv om populationen er lille, er Ertebøllefårets indavl også meget lav. Der benyttes et tilstrækkeligt antal af handyr i populationen, og den vigtigste avler bruger et roterende parringsystem, hvilket udskyder forekomsten af indavl.

Slægtskaber i Hvidhovedet Marskfår

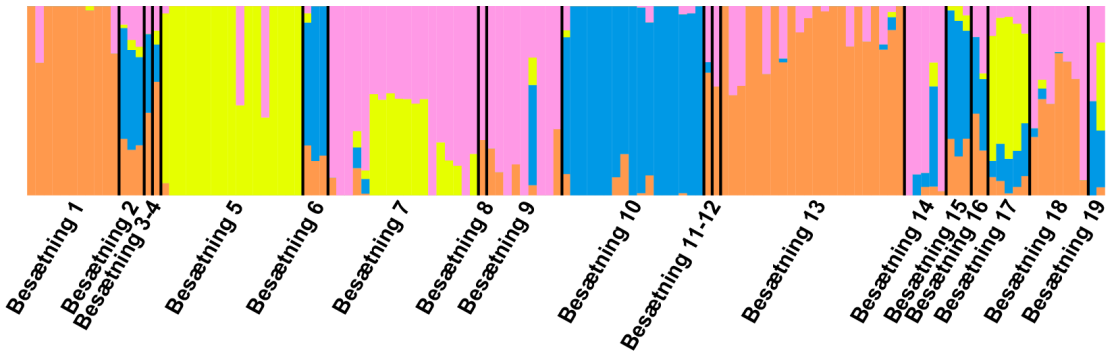
Figur 31 viser slægtskabet blandt Hvidhovedede Marskfår. De forskellige symboler markerer de 19 besætninger, som de undersøgte 132 dyr kommer fra.



Figur 31. Genetisk afstand 1 og 2 for undersøgte Hvidhovedede Marskfår. Hvert symbol viser et dyr, og hver besætning har sin egen symboltype.

Figur 31 viser resultatet af principalkomponentanalysen. Den viser flere genetisk retninger indenfor Hvidhovedet Marskfår. Øverst til højre findes en tæt klynge af dyr, som omfatter flere besætninger. Nederst finder vi en klynge, som domineres af én besætning (violette trekanter). Øverst til venstre har vi en anden avler, som er relativt isoleret (hule, brune kvadrater). Mellem disse tre grupper findes dyr, som har blandede afstamninger i de tre klynger. Der er derfor nogen opsplitning af populationen med relativt isolerede grupper af dyr og besætninger, som bærer forskellige oprindelser, samt en stor gruppe af dyr, som deler genetiske afstamning.

Admixture-analysens resultater vist i Figur 32 viser denne fordeling endnu mere tydeligt.

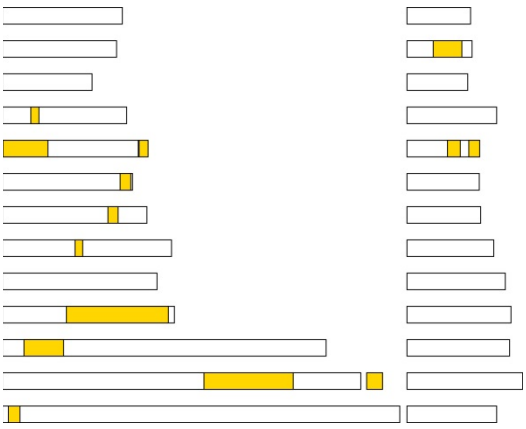


Figur 32. Admixture-analysen viser fordelingen af oprindelser i Hvidhovedede Marskfår. Hver blok er en avler, hver søjle et dyr, og hver farve repræsenterer en afstamning. Andelen af farver i søjlerne angiver andelen som en given oprindelse udgør i et givent dyrs genom.

Afstamningen, som er placeret nederst på genetisk afstand 2 i Figur 31 er i admixture-analysen markeret med blåt. Den blå komponent findes også i en række andre besætninger. Den gule komponent findes i dyr placeret øverst til venstre i Figur 31, men forekommer også i flere andre besætningers dyr. Den orange komponent dominerer i dyr, som er øverst til højre i Figur 31. Den lyserøde afstamning i Figur 32 kan ikke ses særskilt i Figur 31.

Den gennemsnitlig genomiske indavlskoefficient i Hvidhovedet Marskfår er 4,5 %, hvilket er lavt. Den blandede afstamning og et relativt højt antal væddere er årsagen til den lave genomiske indavl i populationen. Den gennemsnitlige længde af ROH i populationen er på 8915 Mb, hvilket er lavt og indikerer, at eksisterende indavl skyldes forfædre relativt langt tilbage i tiden. Der er ikke mange dyr i populationen, der har kromosomer, som er indavlet i hele længden.

I Figur 33 ses genomet for dyret med den længste indavl på nogle kromosomer i hele populationen. Figuren viser, at kromosomerne 2, 4, 9 og 25 har lange indavlede kromosomstykker.



Figur 33. Billede af kromosomerne i det genomisk mest indavlede, undersøgte Hvidhovedede Marskfår. Hver kasse er et kromosom, hvoraf de gule dele er genomisk indavlede.

DEN DANSKE LANDRACEGED

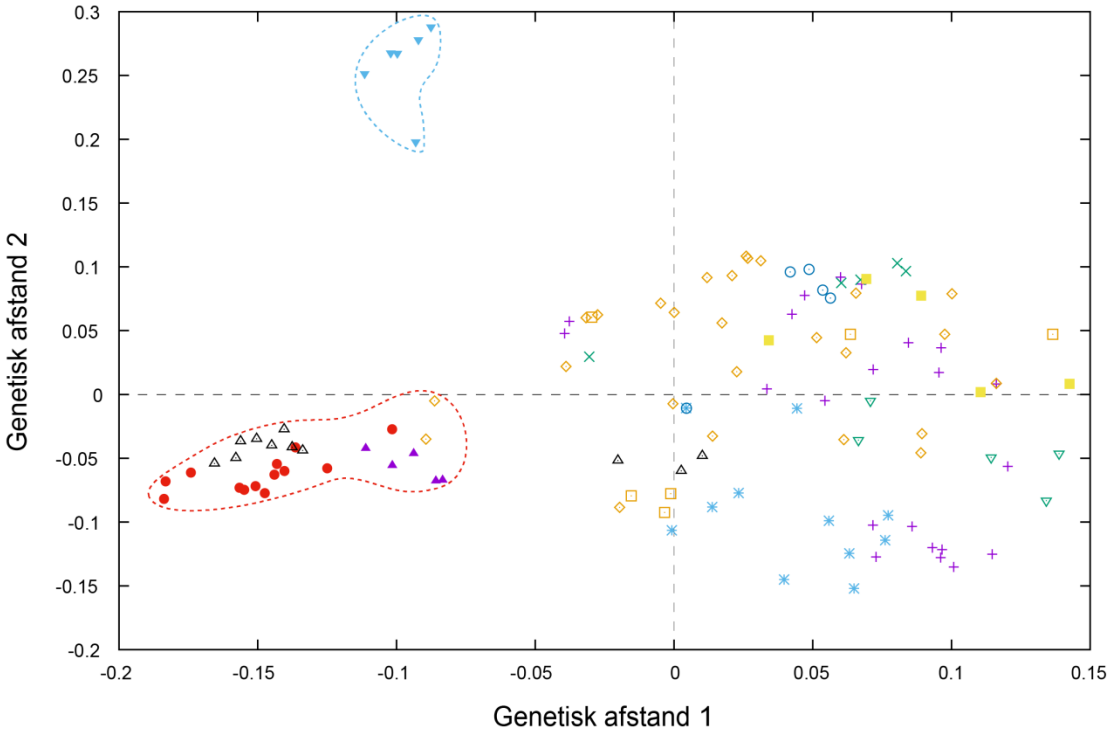
Vi har indsamlet genomiske data fra Danske Landraceged. Vi har undersøgt racens aktuelle populations-genetiske status; desværre kunne vi ikke undersøge racens genetiske forhold til andre gederacer i verden, fordi det internationale referencedatasæt for geder stadig er under udarbejdelse.

Racebeskrivelse af Dansk Landraceged

Dansk Landraceged blev i begyndelsen af det 19. århundrede forædlet med Harzgeden. Landracegeden er en malkeged af middelstørrelse med en pels, der består af dækhår og uldhår. Landracegeden findes i syv farvevarianter: sort, hvid, blå, broget, vildfarvet, sort vildfarvet og harzfarvet. Den Danske Landraceged er som regel hornet, men genetisk kullede individer forekommer. Hornene er bagoverbøjede med let udaddrejede spidser. Både geder og bukke har hageskæg, og halstitter er almindelige.

Slægtskaber i Dansk Landraceged

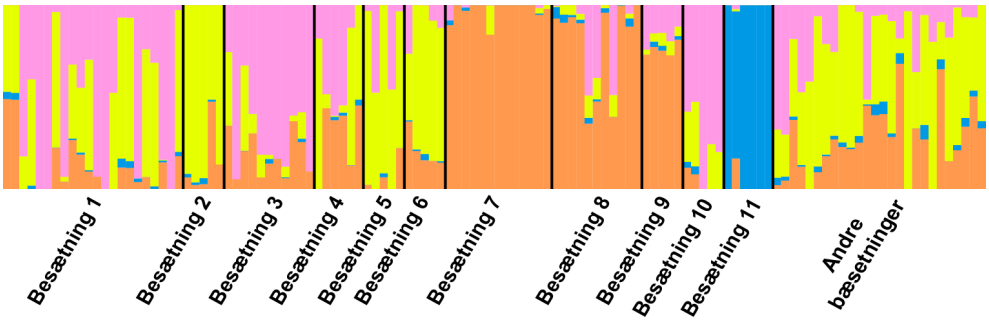
Figur 34 viser oprindelser af de undersøgte Dansk Landracegeder. De forskellige symboler markerer de 11 større besætninger samt en blandet gruppe af små besætninger, som de i alt 120 undersøgte dyr kommer fra.



Figur 34. Genetisk afstand 1 og 2 blandt de undersøgte Dansk Landracegeder. Hvert symbol er et dyr, større avlere har deres egen symboltype, mens mindre avlere vises med samme symbol.

Man ser flere adskilte grupper af Dansk Landracegeder. Vi finder en særligt adskilt gruppe af seks dyr, som tilhører en bestemt besætning markeret med blå trekanter i toppen af Figur 34, samt en anden adskilt gruppe af flere dyr fra fire forskellige besætninger i venstre side af figuren. I midten af Figur 34 finder vi dyr, som har mere og mindre blandede oprindelser. De særligt adskilte grupper afspejler sandsynligvis, at nogle besætninger er forholdsvis isolerede, og at gederne avles i fire forskellige farvevarianter.

Figur 35 viser en mere detaljeret illustration af fordelingen af oprindelser i de Dansk Landracegeder.

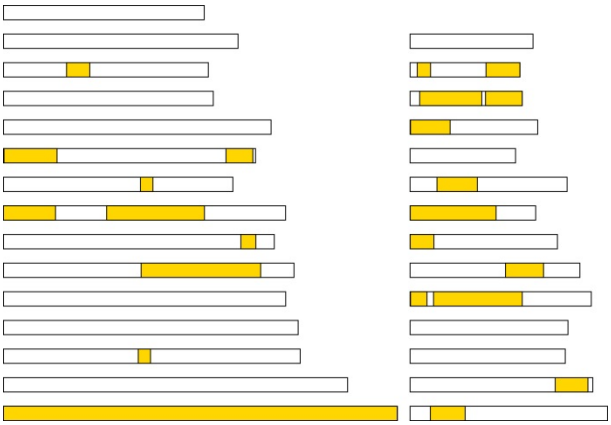


Figur 35. Admixture-analyse af undersøgte Danske Landracegeder med fire oprindelser. Hver farve repræsenterer en oprindelse, hver blok en race, hver søjle et dyr, og fordelingen af farver i hver søjle angiver dyrenes forbindelse til de forskellige oprindelser.

I figuren vises fire oprindelser og deres fordeling i populationen. Blåt markerer en afstamning, som hovedsagelige findes i besætning 11 og kun i ringe grad i andre besætninger. Besætning 11 adskiller sig derfor tydeligt fra resten af de Danske Landracegeder. Den orange oprindelse er mest prominent i besætning 7 og 9 og nogle dyr fra besætning 8, men er ellers jævnt fordelt i populationen. Generelt ligner situationen meget Dansk Korthorn, hvor vi finder nogle enkelte grupper, som så findes i varierende grader i de andre besætninger.

Genomisk indavl i Dansk Landraceged

Den gennemsnitlige genomiske indavlsgrad for den Dansk Landraceged er 6 %. Dette er ikke alarmerende, men i nogle små, isolerede besætninger kan indavlsgraden hurtigt stige. Der er 10 dyr med en genomisk indavlsgrad (mellem 15 % og 22 %) lang over det typiske. Et individ i populationen havde en for racen utypisk høj genomisk indavlsgrad (22 %). Figur 36 viser denne genomisk mest indavlede ged, som samtidig er den ged, der har det længste genomisk indavlede stykke; dyrets kromosom 1 og 27 er begge indavlede i næsten hele deres længde! Vi kan også observere mange andre kromosomer, som har lange indavlede stykker, for eksempel på kromosom 8, 10, 20, 23 og 28.



Figur 36: Genomisk indavl i mest indavlede, undersøgte Danske Landraceged. Kasserne viser kromosomerne, hvoraf de gule dele er genomisk indavlede.

Dansk Landraceged

DEN DANSKE LANDHØNE

Vi har indsamlet genomiske data fra bevaringsracen den Danske Landhøns. Vi har undersøgt deres aktuelle, populationsgenetiske status og deres slægtskab indenfor racernes forskellige fænotyper.

Racebeskrivelse af Danske Landhøne

Danske Landhøns stammer oprindeligt fra Asien. Der er fundet hønseknogler i en askeurne fra jernalderen, som tyder på, at Landhønen allerede dengang var domesticeret. Danske Landhøns var den eneste hønserace i Danmark indtil 1800 tallet, men for få årtier siden var racen sjælden. I dag er Danske Landhøns blevet populære blandt hobbyavlere.

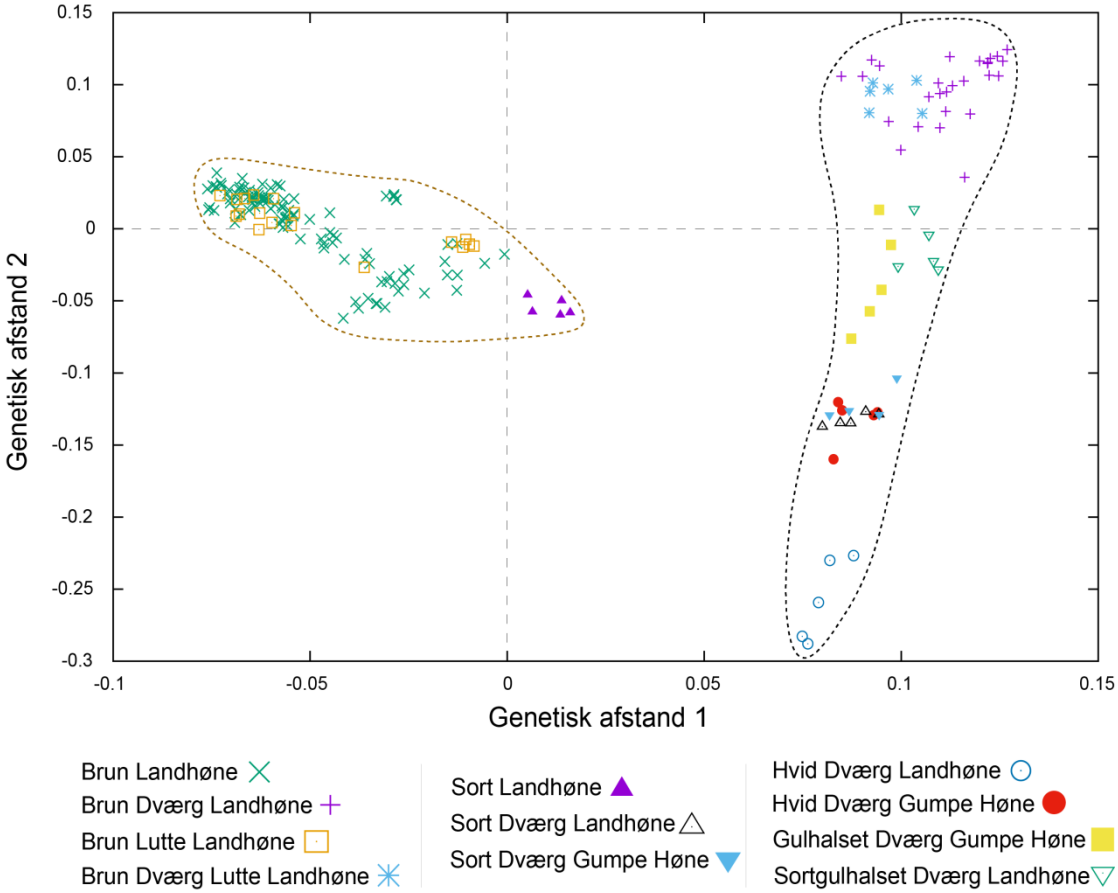
Den Danske Landhøne er en forholdsvis lille høne, der vejer omkring 1,75 kg. Hanen vejer omkring 2 kg. Foruden Danske Landhøns findes også varianterne Danske Dværglandhøns og Luttehøns. Danske Dværglandhøns ligner Danske Landhøns, men de er mindre og mere kompakte. Hønen vejer omkring 700 g, mens hanen vejer omkring 800 g. Luttehønen er en Dansk Landhøne, der bærer en genetisk variant, der resulterer i korte ben. I dobbelt dosis er denne variant dødelig. Typemæssigt er Luttehønen en smule anderledes end Den Danske Landhøne. Den er mere kompakt, og kroppen er kraftigere og dybere. Hønen vejer omkring 2 kg, mens hanen vejer omkring 2,25 kg.

I overnævnte racevarianter er klassificeret i 11 forskellige fænotyper. Vores datasæt fordeler sig således på avlere og fænotyper:

- Brune Landhøns: 107 dyr fra 18 avlere
- Brune Dværg Landhøns: 27 dyr fra 9 avlere
- Brune Lutte Landhøns: 18 dyr fra 6 avlere
- Brune Dværg Lutte Landhøns: 6 dyr fra 2 avlere
- Sorte Landhøns: 5 dyr fra 2 avlere
- Sorte Dværg Landhøns: 5 dyr fra 2 avlere
- Hvide Dværg Landhøns: 5 dyr rom 2 avlere
- Hvide Dværg Gumpe Høns: 5 dyr fra 2 avlere
- Sorte Dværg Gumpe Høns: 4 dyr fra 2 avlere
- Gulhalset Dværg Gumpe Høns: 5 dyr fra 2 avlere
- Sortgulhalsede Dværg Landhøns: 5 dyr fra 2 avlere

Slægtskaber i Dansk Landhøne

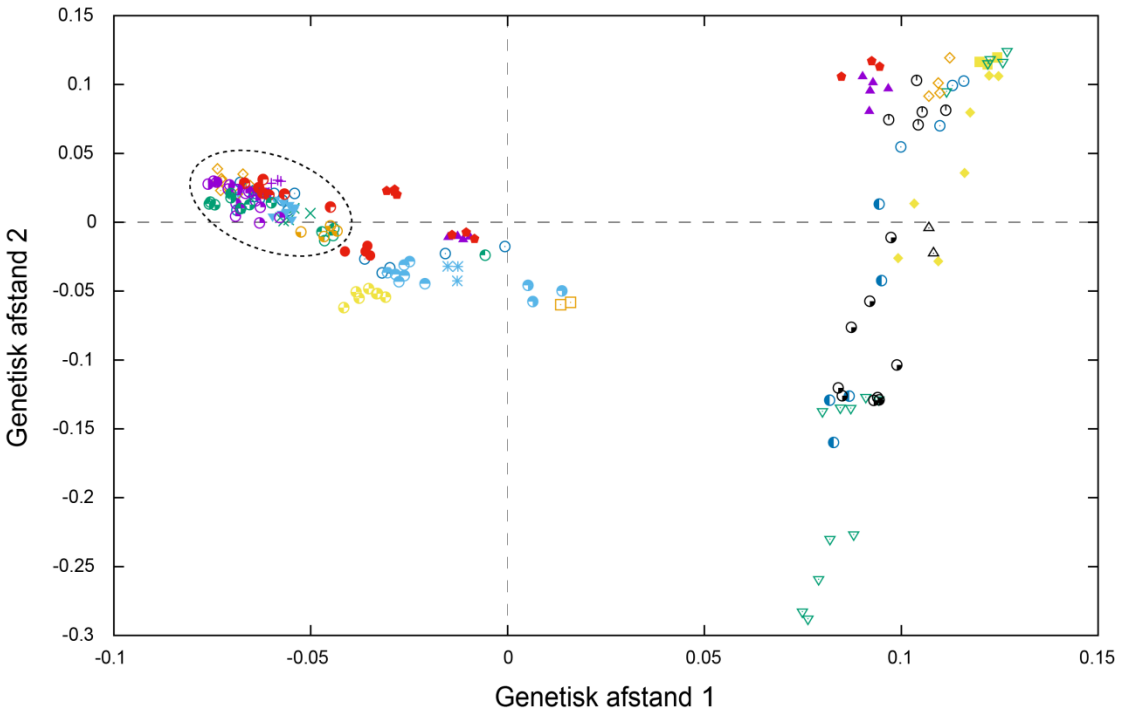
Figur 37 viser resultater fra principalkomponentanalysen, som belyser oprindelser i de undersøgte Danske Landhøns.



Figur 37. Genetisk afstand 1 og 2 for undersøgte Danske Landhøns. Hvert symbol viser et dyr, og hver type har sin egen symboltype.

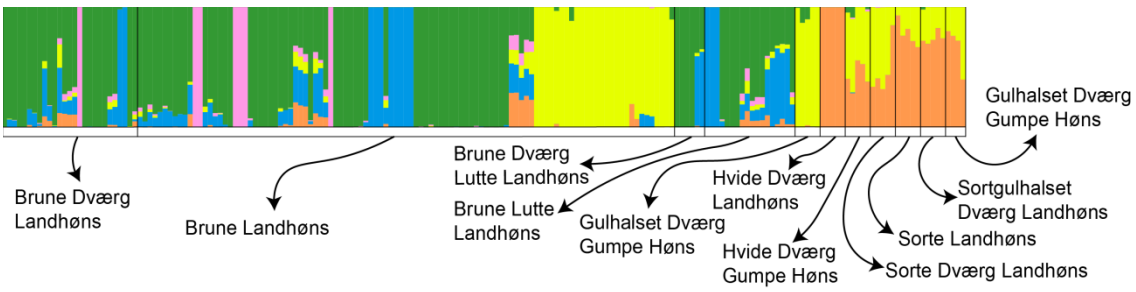
Det er tydeligt, at der er væsentlige genetiske forskelle mellem de forskellige fænotyper. Der er en stor gruppe af dyr, som er store og brune. Brun Lutte ligger tæt på de øvrige brune, som de uundgåelig skal på grund af tilbagekrydsning. Store sorte ligger i nærheden af de store brune. Til højre ligger en gruppe af forskellige andre typer. Der er en betydelig genetisk afstand mellem de store brune (m.fl.) til venstre og de øvrige typer.

Figur 38 viser de samme dyr men nu med symboler efter besætninger.



Figur 38. Genetisk afstand 1 og 2 for undersøgte Danske Landhøns. Hvert symbol viser et dyr, og hver besætning har sin egen symboltype.

Figur 39 viser resultatet af admixture-analysen udført på den samplede population af Danske Landhøns. Figuren giver et mere detaljeret billede af racens struktur. Først vises dyrene opdelt efter fænotyper.

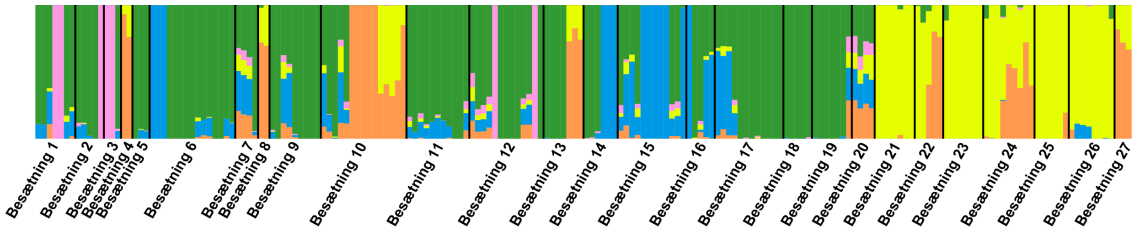


Figur 39. Admixture-analyse af undersøgte Danske Landhøns med fem oprindelser. Hver farve repræsenterer en oprindelse, hver blok en type, hver søjle et dyr, og fordelingen af farver i hver søjle angiver dyrenes forbindelse til de forskellige oprindelser.

Lige som i PCA ser man her, at de brune høns udgør en gruppe, hvor den grønne oprindelse dominerer. Der er imidlertid også en gul komponent blandt de brune. Denne gule komponent genfindes i gump- og farvevarianterne. Det ser ud til, at den gule komponent kan være oprindelsen til Danske Landhønsedelen i

farvevarianterne. Gump- og farvevarianterne har en orange komponent, som kun i mindre grad findes blandt de brune høns.

Vi har også kørt admixture-analysen på de samme dyr, men slægterne er opdelt efter besætninger. Disse resultater kan ses i Figur 40.



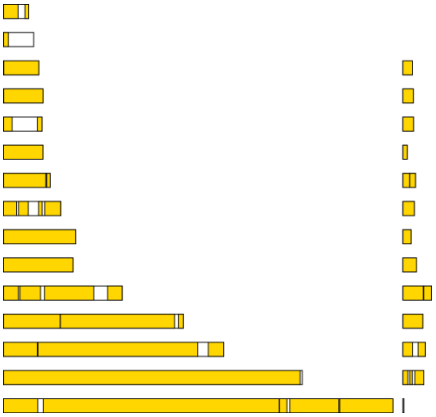
Figur 40. Admixture-analyse af undersøgte Danske Landhøns med fem oprindelser. Hver farve repræsenterer en oprindelse, hver blok en besætning, hver søjle et dyr, og fordelingen af farver i hver søjle angiver dyrenes forbindelse til de forskellige oprindelser.

I det væsentlige grupperer avlerne sig i 3-4 grupper – afspejlet ved de dominerende farver gul, orange, grøn og en mindre blå komponent. Der er tydelig forskel på de enkelte avleres dyrs oprindelse. Det er tydeligt, at de avlere, som har gump- og farvevarianterne, har dyr, som findes i den højre del af Figur 38. Der er en betydelig del af avlerne, som overvejende eller udelukkende har de brune dyr. Den grønne komponent er dominerende i en lang række af besætningerne. Enkelte besætninger med dyr med en god repræsentation af forskellige oprindelser.

Danske Landhøns

Genomisk indavl i Dansk Landhøne

Den gennemsnitlige, genomiske indavlsgrad for den Danske Landhøne er på 38 %, hvilket er klart for højt. Vi fandt nogle dyr i populationen, som har en genomisk indavlsgrad på 94 %. Normalt vil man forvente, at et individ med en så høj indavlsgrad udviser alvorlige tegn på indavlsdepression, som f.eks. forringet frugtbarhed, vækst og overlevelse samt forekomst af genetiske sygdomme især hos de mest indavlede individer. I Figur 41 ses en gengivelse af de indavlede dele i det mest indavlede individs genom.



Figur 41. Genomisk indavl i mest indavlede, undersøgte Danske Landhøns. Kasserne viser kromosomerne, hvoraf de gule dele er genomisk indavlede.

Blandt de 192 undersøgte dyr har de 20 genomisk mest indavlede individer genomiske indavlsgrader mellem 56 % og 94 %, men størstedelen af populationen har en meget lavere genomisk indavlsgrad.

AFSLUTNING

De nye typer af DNA-data giver en kolossal mængde af information om vores husdyrracer, deres slægtskaber med hinanden, med racer i udlandet, struktur indenfor racerne og deres genomiske indavlsgrader.

Konklusionerne er ofte klare, og det har vist sig muligt at formulere præcise udsagn om struktur og slægtskaber i husdyrracerne. Nogle konklusioner er værd at fremhæve.

Nogle af konklusionerne er meget i overensstemmelse med den i øvrigt kendte og overleverede historie om racernes oprindelse. Dette gælder f.eks. slægtskabet mellem Sortbroget Dansk Malkerace anno 1965 og det norske røde kvæg, hvor det var kendt, at sortbrogede populationer var indgået i dannelsen af det norske røde kvæg. Ligeledes fandt vi, at den Røde Danske Malkerace anno 1970 har en meget selvstændig placering i forhold til de røde racer i Norge, Sverige og Finland, der til gengæld indbyrdes har et klart slægtskab.

Andre steder var resultaterne mere uventede og sværere at forklare. Her kan fremhæves de forskellige oprindelser, som kan spores i Danske Landhøns. Man kan gisne om disse afstamninger afspejler bestemte avlere, somtilbage i tiden har bevaret populationer af Danske Landhøns. Uanset, hvor disse forskelle hidrører fra, så vil denne type viden skulle inddrages i udviklingen af bevaringen af Danske Landhøns.

I Sortbroget Dansk Malkerace anno 1965 kunne spores to oprindelser, som forekom i forskellig proportion i de undersøgte dyr. Dette var måske lidt overraskende. Den mest nærliggende forklaring herpå er, at det afspejler forskellige grader af opblanding mellem traditionelt dansk broget kvæg og hollandske sortbrogede dyr.

Hesteracerne viste meget forskellige oprindelser. Jydsk Hest og Frederiksborghesten havde en meget ensartet og distinkt genetisk sammensætning. I modsætning hertil står Knabstrupperhesten, hvor vi finder et væld af forskellige oprindelser. Den genetiske oprindelse, som kun fandtes i Knabstrupperhesten udgør kun en beskeden del af racens genetiske sammensætning.

Meget få af resultaterne i denne rapport kunne have været frembragt uden avleres og andre enkeltpersoners, raceforeningers og Viking Genetics venlige bistand. Vi skylder alle disse tak for deres velvillige bistand. Samtidig har undersøgelserne haft stor gavn af eksistensen af frit tilgængelige internationale referencedatasæt med genotyper for mange forskellige racer. F.eks. ville en stor del af undersøgelserne af de danske svineracer have haft en meget mindre udsagnskraft, hvis ikke det havde været muligt at sammenholde de danske racers genetiske sammensætning med racer fra andre lande.

En række konklusioner, som er draget i nærværende rapport, kan danne grundlag for beslutninger om fremtidigt avlsarbejde, og resultater, som er opnået, kan bruges til at understøtte bæredygtigheden af avlsarbejdet.

DCA - Nationalt Center for Fødevarer og Jordbrug er den faglige indgang til jordbrugs- og fødevareforskningen ved Aarhus Universitet (AU). Centrets hovedopgaver er videnudveksling, rådgivning og interaktion med myndigheder, organisationer og erhvervsvirksomheder.

Centret koordinerer videnudveksling og rådgivning ved de institutter, som har fødevarer og jordbrug, som hovedområde eller et meget betydende delområde:

Institut for Husdyrvidenskab
Institut for Fødevarer
Institut for Agroøkologi
Institut for Ingeniørvidenskab
Institut for Molekylærbiologi og Genetik

Herudover har DCA mulighed for at inddrage andre enheder ved AU, som har forskning af relevans for fagområdet.

RESUME

Ny DNA-teknologi har givet mulighed for meget detaljeret at undersøge husdyrenes genomer. Med den nye information kan husdyrracernes slægtskab og struktur således belyses. Støtte fra Det Rådgivende Bevarings-udvalg for Danske Husdyrgenetiske Ressourcer hos Oprindelige Danske Husdyrracer har givet mulighed for at undersøge oprindelsen af mange af de danske bevaringsracer af husdyr. Strukturen i racerne varierer meget. Nogle racer har nære slægtninge internationalt, mens andre synes at være meget isolerede. Nogle racer er kendetegnet ved stor variation indenfor racerne, mens andre er meget ensartede. DNA-informationen afslører også forekomsten af indavl, og nogle enkelte racer er kendetegnet ved meget høje genomiske indavlsgrader. Alt i alt fremkommer en stor mængde information om racernes genetik. Nogle af informationerne kan danne grundlag for fremtidige beslutninger om, hvordan bevaringsracerne bør forvaltes for at opnå et bæredygtigt avlsarbejde.