



Grå trøndersau ble berget i 1992 da den siste gjenværende besetningen skulle gå til slakt men ble reddet. I 2021 kunne man telle 1588 rasegodkjente avlssøyer. Foto: Anna Holene

## Genkartlegging av bevaringsverdige saueraser

**Norsk genressurscenter har, i samarbeid med Norsk Sau og Geit, raselag og avlsbesetninger, kartlagt forekomsten av blant annet finnegenvarianten hos rygjasau, steigarsau, grå trøndersau og gammelnorsk spælsau. I tillegg har vi sett på genetiske distanser mellom norske saueraser.**

I 2011 fant Dag Inge Våge (Cigene, NMBU) og Inger Anne Boman (Norsk Sau og Geit) en genvariant som har sammenheng med høyt lammetall. Det antas at genvarianten kom til landet gjennom import av finsk landrase i 1967 og i 1972, og kalles derfor i Norge for «finnegenvarianten».

Svært høyt lammetall kan ha negative effekter på dyrevelferden. Norsk genressurscenter har derfor besluttet at finnegenvarianten er uønsket hos de bevaringsverdige sauerasene. Dessuten fantes genvarianten med stor sannsynlighet ikke i de bevaringsverdige rasene før 1970. Avlsrådet for sau i NSG har vedtatt at man skal fjerne finneg-

varianten fra alle raser i norsk sauehold gjennom å sikre at avlsværene ikke er bærere av genvarianten. Unntaket er norsk kvit sau (NKS), hvor finnegenvarianten aksepteres i enkel dose.

### REDUSERE FOREKOMSTEN AV FINNEVARIANTEN

Hovedmålet med prosjektet var å kartlegge forekomsten av finnegenvarianten i de bevaringsverdige rasene rygjasau, steigarsau, grå trøndersau og gammelnorsk spælsau. Ved bruk av værer som er fri for genvarianten, vil forekomsten reduseres i populasjonen.

I perioden 2019-2021 ble det tatt prøver av totalt 786 feltværer av de fire rasene, der 90 av dem fikk påvist å ha finnegenvarianten. Fordelingen per rase framgår av Tabell 1. Varianten var mest utbredt hos steigar og grå trønder der hhv 28 % og 16 % av de prøvetatte værene var bærere av den uønska genvarianten.

### MYOSTATIN OG GULT FETT

Genkartleggingen ga også svar på hvor mange av værene som bærer andre genvarianter som også anses som uønskede, se tabell 1. Myostatin er en vekst- og differensieringsfaktor som regulerer vekst og utvikling av muskulaturen og virke som en brems på muskelveksten og øker fettavleiringen. Mutasjoner i myostatingenet ødelegger denne funksjonen, gir økt muskelmasse og liten fettavleiring. I Norge har man identifisert to uønska varianter som har blitt gitt navnene myostatin-NKS og myostatin-spæl. I enkel dose gir mutasjonene kjøttfulle lam med lite fett. I dobbel dose blir muskelmengden for ekstrem og fettlaget for lite, og det går ut over dyrevelferden.

Gult fett i lammeslakt regnes som en betydelig kvalitetsfeil. Forbrukene reagerer negativt på det gule fett da det lett assosieres med gammelt og harskt fett. Slakteriene trekker derfor kraftig i betaling til produsenten for slike slakt. Gulfargen skyldes opp-



Sammen med dala- og steigarsau danner rygjasau grunnlaget for den vanligste sauene vi finner i Norge i dag, norsk kvit sau (NKS). Resultat fra prosjektet viser at rygja- og dalasauen vi har i dag har en større genetisk distanse fra NKS enn det steigarsauen har. Foto: Anna Holene

hopning av plantefargestoffer i fett. Grunnen til dette er en recessiv mutasjon i et gen som produserer et enzym som er viktige i nedbrytningen av karotenoider hos pattedyr. Nedbrytningen av fargestoffene stopper opp og vises i fett. I enkel dose gir mutasjonen normal fettfarge, men i dobbel dose blir fett gulfarget.

### GENETISKE DISTANSER

I tillegg til å kartlegge forekomsten av finnevarianten og andre uønska mutasjoner hos de bevaringsverdige sauerasene har vi studert den genetiske distansen mellom rasene. Slike studier kan si noe om hvor like eller ulike de ulike rasene er hverandre. Metoden som brukes heter prinsipalkomponentanalyse (PCA). Distansene mellom rasene er relative og avhengige av hvilke raser som inngår i den enkelte analyse. Prosjektet har valgt å se på de langrumpa og de kortrumpa sauerasene for seg.

I tillegg til de langrumpa gentestede feltværene av grå trønder, rygja og steigar rasene ønsket vi å inkludere de andre bevaringsverdige rasene dalasau, blæsetsau, fuglestadbrogete sau, samt dagens NKS i analysen. Slike analyser påvirkes hvis en eller flere

Tabell 1 Forekomst av uønskede mutasjoner i værer i avlsbesetninger av bevaringsverdige saueraser.

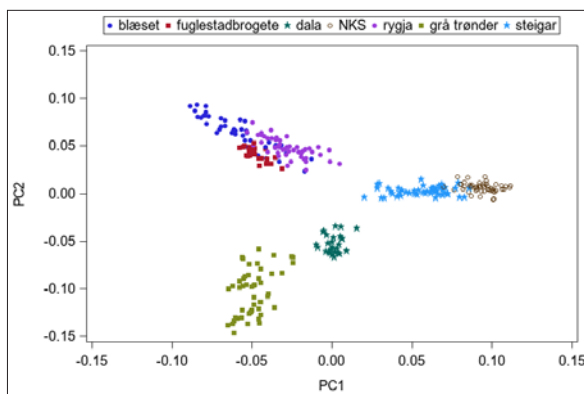
Rase	Antall testa værer	Finnegenvarianten		Myostatin-NKS	Myostatin-Spæl	Gult fett
		Enkel	Dobbel	Enkel	Enkel	Enkel
Rygjasau	206	2	0	0	0	2
Steigarsau	166	47	3	3	0	0
Grå trøndersau	201	32	1	0	2	10
Gammelnorsk spælsau	213	5	0	0	3	0
Totalt	786	86	4	3	5	12

raser dominerer i antall i forhold til de andre. Dessuten trengs et minimum antall dyr per rase, som ikke er for langt fra hverandre i fødselsår. For rasene blæset, dala og fuglestadbrogete inkluderte vi alle tilgjengelige seminværer født etter 2000, og for rasene med mange genotypede dyr (rygja, steigar, grå trønder og NKS) valgte vi ut 50 tilfeldige værer født mellom 2017 og 2021.

For analysen av den genetiske distansen mellom de kortrumpa sauerasene valgte vi 50 tilfeldige blant de genestede værene født mellom 2017 og 2021 av gammelnorsk spælsau, kvit spælsau og farget spælsau, og alle seminværer av rasen gammalnorsk sau (villsau) født etter 2000. Tabell 2 viser antallet værer pr rase som ble inkludert i de genetiske analysene.

### GENETISKE DISTANSER MELLOM LANGRUMPA SAUER

Figur 1 viser den genetiske distansen mellom de norske langrumpa sauerasene. Det er en viss overlappning mellom rygja, fuglestadbrogete og blæset. Fuglestadbrogete og blæset ble opprinnelig importert til Rogalandsområdet og krysset med den lokale rygjasauen, så overlappningen mellom rasene kan skyldes noen felles aner. Grå trønder skiller seg fra de andre rasene og har antakelig hatt begrenset



Figur 1. PCA-plott for den genetiske distansen mellom norske langrumpa saueraser.

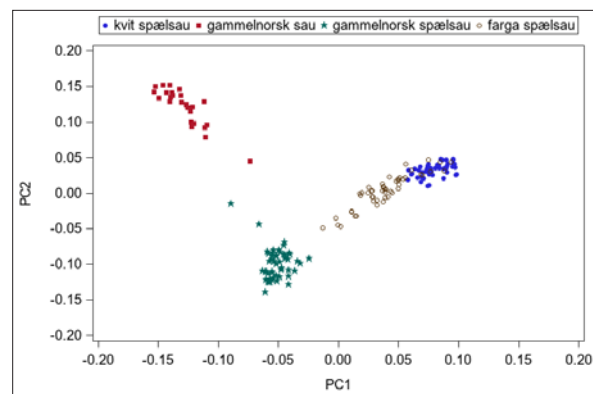
Tabell 2. Antall værer som inngår i analysene av genetiske distanser for langrumpa og kortrumpa sauer.

	Antall værer
<b>Langrumpa raser</b>	
Dala	27
Rygja	50
Steigar	50
Blæset	42
Fuglestadbrogete	24
Grå trønder	50
Norsk kvit sau (NKS)	50
<b>Kortrumpa raser</b>	
Gammalnorsk sau	26
Gammelnorsk spælsau	50
Farga spælsau	50
Kvit spælsau	50

innflytelse fra de øvrige. Dalasauen ligger mitt i plottet. NKS og Steigar har en viss overlappning. Steigar er den rasen som ligner mest på dagens NKS.

### GENETISKE DISTANSER MELLOM KORTRUMPA SAUER

Figur 2 viser den genetiske distansen mellom de norske kortrumpa sauerasene. Figuren viser en viss overlappning mellom kvit og farget spælsau, men den fargede spælsauen «strekker seg» mot gam-



Figur 2. PCA-plott for den genetiske distansen mellom norske kortrumpa saueraser.

Tabell 3. Antall værer inkludert i den genetiske distanse analysen basert på tidstrender.

Rase	Tidsperiode – Fødselsår		
	2000 eller tidligere	2001–2016	2017–2021
Rygja	20	42	50
Steigar	36	16	50
Grå trøndersau	7	19	50
Gammelnorsk spælsau	11	45	50

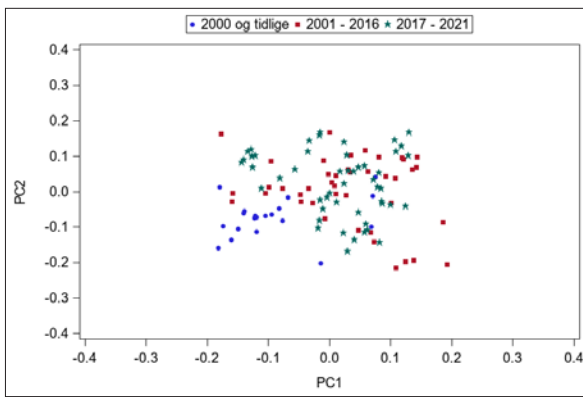
meltnorsk spælsau. Gammelnorsk sau og gammel-norsk spælsau grupperer seg hver for seg. Den genetiske avstanden mellom disse to rasene viser at dagens populasjoner har hatt begrenset innflytelse på hverandre.

### TIDSTRENDER

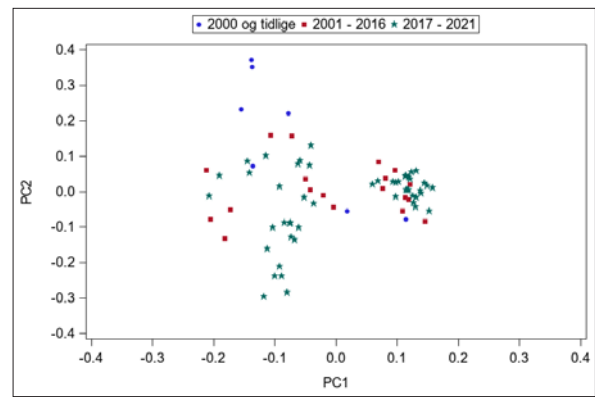
Dagens dyr av bevaringsverdige raser antas genetisk sett å ligne på dyr av samme rase for 20 år siden eller lengre tilbake i tid. For å undersøke om det er tilfellet, delte vi opp de tilgjengelige genotyper i tre tidsperioder, værer født i 2000 eller tidligere, væren født mellom 2001 og 2016, og væren født mellom 2017 og 2021. Igjen forsøkte vi

å balansere antallet av dyr per rase og tidsperiode. Tidstrendanalysen var kun mulig å utføre på rasene rygja, steigar, grå trøndersau og gammelnorsk spælsau. Tabell 3 viser det endelige antallet værer pr rase som ble inkludert i de genetiske analysene.

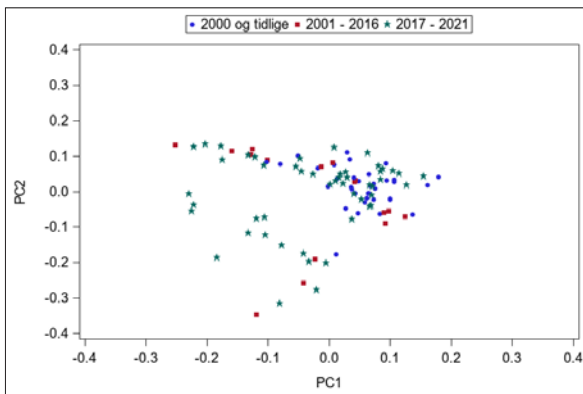
Basert på PCA plottene i figur 3-6 ser man ingen tydelig tidstrend for rasene som inngår i prosjektet, hvilket tyder på at de opprinnelige rasene ikke har endret seg i en bestemt retning. Derimot viser plottene en større spredning på værene av de senere tidsperioder sammenlignet med værene født før 2000.



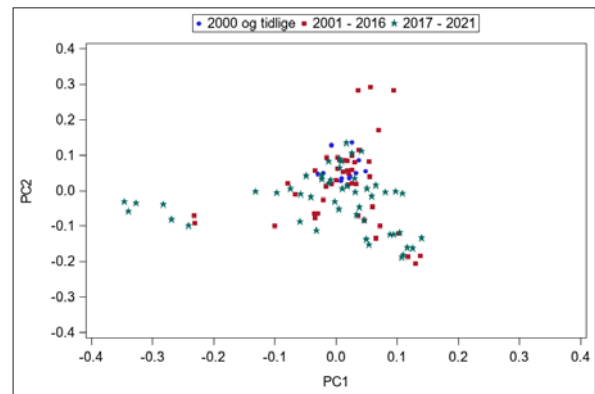
Figur 3. PCA-plott for rygja fordelt på tre tidsperioder.



Figur 5. PCA-plott for grå trønderer fordelt på tre tidsperioder.



Figur 4. PCA-plott for steigar fordelt på tre tidsperioder.



Figur 6. PCA-plott for gammelnorsk spælsau fordelt på tre tidsperioder

Takk til Landbruksdirektoratet for støtte av prosjektet gjennom «Tilskudd til genressurstiltak».

### FORFATTERE:

Anna Holene (Norsk genressurscenter), Thor Blichfeldt og Jette Jakobsen (Norsk Sau og Geit)