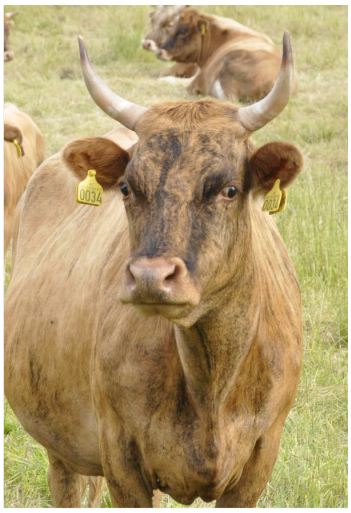
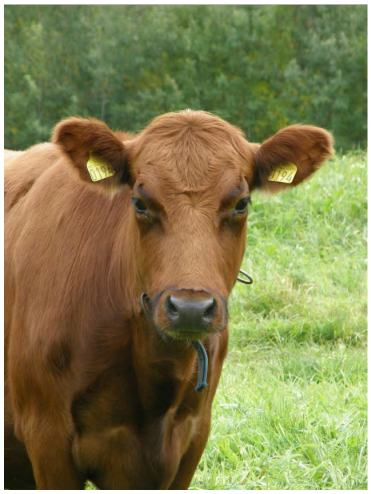
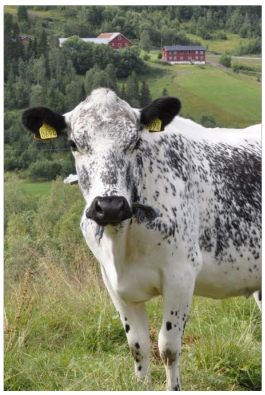
NIBIO
NORSK INSTITUTT FOR BIOØKONOMI

NORSK GENRESSURSSENTER
genressurser.no

Genomisk karakterisering og slektskap mellom norske og nordiske storferaser

De bevaringsverdige rasene sammenlignet med NRF og andre nordiske raser

NIBIO RAPPORT | VOL. 12 | NR. 110 | 2026

Rapport

TITTEL:	Genomisk karakterisering og slektskap mellom norske og nordiske storferaser De bevaringsverdige rasene sammenlignet med NRF og andre nordiske raser
DATO:	25.08.2026
ANTALL SIDER:	46

FORFATTERE:	
Peer Berg	Institutt for husdyr og Akvakulturvitenskap Fakultet for Biovitenskap Norges Miljø- og Biovitenskapelige Universitet
Nina Svartedal	Divisjon for kart og statistikk, Norsk genressurssenter, NIBIO
Anna Schönherz	Aarhus Universitet, Dept. of Animal and Veterinary Sciences, 8833 Tjele Danmark
Bernt Guldbrandtsen	
KONTAKTPERSON NIBIO: Nina Svartedal	

RAPPORTNUMMER: 12(110) 2026	**PROSJEKTNUMMER:** 53780	**ARKIVNUMMER:** 26/02252
TILGJENGELIGHET: Åpen	**ISBN:** 978-82-17-04051-4	**ISSN:** 2464-1162

PROSJEKTLEDER ved NIBIO:	**GODKJENT:**
Nina Svartedal	Hildegunn Norheim

STIKKORD: norske storferaser, genomisk karakterisering, genetisk mangfold, husdyrgenetiske ressurser, genressursforvaltning	**FAGOMRÅDE:** Genetiske ressurser for mat og landbruk,

SAMMENDRAG:

Rapporten presenterer resultater fra prosjektet *Genomic Characterization of Native Norwegian Cattle Breeds*, som ble gjennomført med støtte fra Landbruksdirektoratets tilskuddsordning for genressurstiltak i 2019. Formålet var å undersøke genetisk mangfold, slektskap og genomisk innavl i de seks nasjonale bevaringsverdige storferasene dølafe, østlandsk rødkolle, vestlandsk fjordfe, vestlandsk raudkolle, sidet trønder- og nordlandsfe (STN) og telemarksfe, samt å belyse deres genetiske sammenhenger med NRF og andre nordiske storferaser.

Blant de viktigste funnene er at alle de norske bevaringsrasene har et tydelig genetisk særpreg, samtidig som analysene avdekker genetiske forbindelser til andre norske og nordiske storferaser. Admixture-analysene viser at dølafe, telemarksfe, vestlandsk fjordfe og vestlandsk raudkolle i stor grad er dominert av én genetisk signaturkomponent karakteristisk for den enkelte rasen, mens østlandsk rødkolle og sidet trønder- og nordlandsfe er dominert av to slike komponenter. Norsk rødt fe har en mer sammensatt genetisk bakgrunn og deler flere genetiske komponenter med de øvrige moderne nordiske røde rasene. Rapporten gir ny innsikt i de norske storferasenes genetiske struktur, slektskapsforhold og genetiske variasjon, og dokumenterer nivået av genomisk innavl i de enkelte rasene.

Rapportens referanse: Berg, P., Svartedal, N., Schönherz, A. & Guldbrandtsen, B. (2026). *Genomisk karakterisering og slektskap mellom norske og nordiske storferaser: De bevaringsverdige rasene sammenlignet med NRF og andre nordiske raser* (NIBIO RAPPORT, 12/110). Norsk institutt for bioøkonomi.

© NIBIO

Sammendrag

De seks bevaringsverdige storferasene og norsk rødt fe representerer en viktig del av den norske husdyrgenetiske arven. Kunnskap om genetisk variasjon, slektskap og innavlsnivå er et sentralt grunnlag for bevaring og bærekraftig forvaltning av disse rasene.

Denne rapporten presenterer resultater fra en omfattende genomisk analyse av de norske storferasene. Analysene omfatter populasjonsstruktur, slektskap, genetiske komponenter, migrasjonsmønstre, genomisk innavl og genetiske varianter i gener som koder for melkeproteiner. Resultatene er vurdert i sammenheng med et datasett som også inkluderer 23 nordiske og internasjonale referanseraser.

Analysene viser at alle de norske bevaringsrasene har et tydelig genetisk særpreg, samtidig som de deler genetiske komponenter med andre norske og nordiske storferaser. Dølafe, telemarkfe, vestlandsk fjordfe og vestlandsk raudkolle domineres hver av én genetisk hovedkomponent som i stor grad er karakteristisk for den enkelte rasen. Østlandsk rødkolle og sidet trønderfe og nordlandsfe skiller seg ut ved å være dominert av to genetiske hovedkomponenter. Norsk rødt fe har en mer sammensatt genetisk bakgrunn og deler flere genetiske komponenter med de andre moderne nordiske røde rasene.

Resultatene viser videre at ingen av de tradisjonelle rasene i Norden framstår som genetisk isolerte. Flere genetiske komponenter forekommer i både norske, svenske og finske raser, noe som tyder på at det over tid har vært utvekslet avlsmateriale mellom de nordiske landene. De tradisjonelle norske rasene viste imidlertid ikke tilsvarende slektskap med tradisjonelle danske raser, verken røde eller svart-hvite.

Genomisk innavl, estimert ved hjelp av runs of homozygosity (ROH), viste forskjeller mellom rasene. Dølafe hadde høyest gjennomsnittlig genomisk innavl, mens vestlandsk fjordfe hadde lavest. Sammenligning med publiserte estimater av effektiv populasjonsstørrelse viste at innavlsnivå og effektiv populasjonsstørrelse ikke nødvendigvis beskriver de samme forholdene. Resultatene understreker betydningen av å vurdere genetisk variasjon, genomisk innavl og effektiv populasjonsstørrelse samlet ved forvaltning av bevaringsrasene.

Analysene av melkeproteingener identifiserte 74 private proteinendrende genetiske varianter som ikke ble funnet i de nordiske referanserasene. De fleste av variantene forekom i gener med ukjent eller begrenset betydning for melkens egenskaper. Det ble imidlertid identifisert private varianter i de viktige melkeproteinene αS1-kasein og αS2-kasein. En variant i αS2-kasein hos dølafe, telemarkfe og vestlandsk fjordfe medfører at proteinet avkortes betydelig og kan påvirke proteinets funksjon.

Samlet viser resultatene at de norske storferasene representerer betydelig genetisk variasjon og flere unike genetiske trekk. De ulike analysemetodene belyser forskjellige sider av rasenes genetiske sammensetning og viser at bevaring av genetisk mangfold krever en helhetlig vurdering av genetisk variasjon, slektskap, genetiske komponenter og innavlsnivå.

Forord

Denne rapporten bygger på prosjektet *Genomic Characterization of Native Norwegian Cattle Breeds*, som i 2019 fikk støtte fra Landbruksdirektoratets tilskuddsordning Tilskudd til genressurstiltak. Prosjektet samlet fagmiljøer fra NMBU, Aarhus Universitet, NordGen og Norsk genressurssenter i NIBIO med mål om å styrke kunnskapen om de norske storferasenes genetiske mangfold, slektskap og historie.

Prosjektets resultater ble rapportert til Landbruksdirektoratet ved avslutningen av prosjektet, og de ble presentert av prosjektleder Peer Berg på Norsk genressurssenters storfeseminar på Maihaugen i oktober 2023. Det er først gjennom denne rapporten at prosjektets resultater presenteres samlet og gjøres tilgjengelige. Dette har vært mulig takket være et godt samarbeid mellom forskerne bak prosjektet og Norsk genressurssenter. Forskerne har velvillig stilt den opprinnelige prosjektrapporten, rådata, figurer og annen dokumentasjon til disposisjon, og de har kvalitetssikret innholdet gjennom hele arbeidet.

For oss har det vært viktig at denne kunnskapen nå blir tilgjengelig for forvaltning, raselag, avlsmiljøer, forskere og andre interesserte. Materialet omfatter unike data som gir ny innsikt i de norske og nordiske storferasenes genetiske bakgrunn og representerer et verdifullt grunnlag for framtidig arbeid med husdyrgenetiske ressurser.

Vi vil takke alle som har bidratt til prosjektet og til arbeidet med denne publikasjonen. Det er særlig gledelig at kunnskapen som ble utviklet gjennom prosjektet nå gjøres tilgjengelig for et bredere publikum, og vi håper rapporten vil være til nytte for alle som arbeider med, forvalter eller interesserer seg for norske og nordiske storferaser.

Ås, 21. august 2026

Peer Berg
Prosjektleder, NMBU

Nina Svartedal
Norsk genressurssenter, NIBIO

Innhold

1 Innledning 8
1.1 Kategorier og begrepsbruk for storferasene i rapporten 8
1.2 Genetiske analyser 8
1.3 Nordiske og europeiske referanseraser 9

2 Kilder til genotypedataene 11
2.1 Genotyping av de tradisjonelle norske rasene 11
2.2 Genotypedata for de nordiske og europeiske rasene 12
2.3 Utvalg av dyr til analysene 12

3 Populasjonsstruktur og slektskap mellom rasene 13
3.1 Principal Component Analysis (PCA) 13
3.2 Populasjonsstruktur og slektskap mellom de tradisjonelle norske rasene 13
3.2.1 Detaljer om gruppene: 16

4 Genetiske komponenter og deres fordeling mellom rasene 18
4.1 Admixture-analyser 18
4.2 Signaturkomponenter i de norske rasene 20
4.2.1 Dølafe, DOF (figur 4) 20
4.2.2 Østlandsk rødkolle, ORF (figur 5) 20
4.2.3 Norsk rødt fe, RDCNOR (figur 6) 20
4.2.4 Sidet trønderfe og nordlandsfe, STN (figur 7) 20
4.2.5 Telemarkfe, TEF (figur 8) 21
4.2.6 Vestlandsk fjordfe, VFF (figur 9) 21
4.2.7 Vestlandsk raudkolle, VRF (figur 10) 21
4.3 Sammenfatning av signaturkomponentene i de norske rasene 21

5 Migrasjonsmønstre 28
5.1 TreeMix-analyser 28
5.2 Migrasjonsmønstre uten innblandingshistorie 28
5.3 Migrasjonsmønstre med innblandingshistorie 29

6 Genomisk innavlsnivå 31
6.1 Runs of homozygosity (ROH) 31
6.2 Genomisk innavl og effektiv populasjonsstørrelse 31
6.3 Sammenheng mellom genomisk innavl og effektiv populasjonsstørrelse 31
6.4 Sammenheng mellom genomisk innavl og genetisk variasjon 32
6.5 Sammenheng mellom genomisk innavlskoeffisient og genetisk variasjon i en rase 33

7 Melkeproteinvarianter i de bevaringsverdige storferasene i Norge 34
7.1 Genetiske proteinvarianter i melk 34
7.2 Private proteinendrende varianter 34
7.3 Private varianter i αS1-kasein og αS2-kasein 35
7.4 Oppsummering av funnene om melkeproteinvarianter 35

8 Raseprofiler basert på funnene i rapporten 37
8.1 Dølafe 37
8.1.1 Genetisk variasjon og struktur 37
8.1.2 Slektskap og genetiske forbindelser 37

8.1.3 Genetiske komponenter 37
8.1.4 Genomisk innavl 37
8.1.5 Melkeproteinvarianter 37
8.1.6 Oppsummering 37
8.2 Østlandsk rødkolle 38
8.2.1 Genetisk variasjon og struktur 38
8.2.2 Slektskap og genetiske forbindelser 38
8.2.3 Genetiske komponenter 38
8.2.4 Genomisk innavl 38
8.2.5 Melkeproteinvarianter 38
8.2.6 Oppsummering 38
8.3 Sidet trønderfe og nordlandsfe (STN) 39
8.3.1 Genetisk variasjon og struktur 39
8.3.2 Slektskap og genetiske forbindelser 39
8.3.3 Genetiske komponenter 39
8.3.4 Genomisk innavl 39
8.3.5 Melkeproteinvarianter 39
8.3.6 Oppsummering 39
8.4 Telemarkfe 40
8.4.1 Genetisk variasjon og struktur 40
8.4.2 Slektskap og genetiske forbindelser 40
8.4.3 Genetiske komponenter 40
8.4.4 Genomisk innavl 40
8.4.5 Melkeproteinvarianter 40
8.4.6 Oppsummering 40
8.5 Vestlandsk fjordfe 41
8.5.1 Genetisk variasjon og struktur 41
8.5.2 Slektskap og genetiske forbindelser 41
8.5.3 Genetiske komponenter 41
8.5.4 Genomisk innavl 41
8.5.5 Melkeproteinvarianter 41
8.5.6 Oppsummering 41
8.6 Vestlandsk raudkolle 42
8.6.1 Genetisk variasjon og struktur 42
8.6.2 Slektskap og genetiske forbindelser 42
8.6.3 Genetiske komponenter 42
8.6.4 Genomisk innavl 42
8.6.5 Melkeproteinvarianter 42
8.6.6 Oppsummering 42
8.7 Norsk rødt fe (NRF) 43
8.7.1 Genetisk variasjon og struktur 43
8.7.2 Slektskap og genetiske forbindelser 43
8.7.3 Genetiske komponenter 43
8.7.4 Genomisk innavl 43
8.7.5 Oppsummering 43
9 Konklusjon 44

1 Innledning

De bevaringsverdige storferasene bærer på en unik genetisk arv, men hva ligger gjemt i denne genetikken?

Denne studien presenterer en omfattende genomisk analyse av de norske storferasene. Ved hjelp av flere ulike analysemetoder belyses genetisk variasjon, slektskap, genetiske komponenter, migrasjonsmønstre og genomisk innavl hos rasene. Studien omfatter også analyser av genetiske varianter i melkeproteingener.

Kunnskap om genetisk slektskap og variasjon er et sentralt grunnlag for bevaringsarbeidet. Slik innsikt gir bedre forståelse av rasenes genetiske særtrekk, likheter og forskjeller, og er avgjørende kunnskap for en bærekraftig forvaltning. Dette er særlig viktig dersom det oppstår behov for å tilføre nytt genetisk materiale for å redusere raskt økende innavl.

Rapporten beskriver genetisk variasjon, populasjonsstruktur, slektskap, genetiske komponenter, migrasjonsmønstre og genomisk innavl hos de sju norske storferasene. Videre undersøkes varianter i gener som koder for melkeproteiner i de seks bevaringsverdige storferasene. Som sammenligningsgrunnlag inngår i tillegg 23 nordiske og internasjonale storferaser.

1.1 Kategorier og begrepsbruk for storferasene i rapporten

Norge har sju nasjonale storferaser. Seks av disse er klassifisert som truede og omtales i denne rapporten som bevaringsverdige raser: dølafe, østlandsk rødkolle, sidet trønderfe og nordlandsfe (STN), telemarksfe, vestlandsk fjordfe og vestlandsk raudkolle. Den sjuende norske rasen er norsk rødt fe (NRF), som ikke regnes som truet.

I rapporten brukes betegnelsene *bevaringsverdige raser* og *bevaringsraser* utelukkende om de seks norske truede storferasene. Begrepene brukes ikke om truede nasjonale raser fra andre land.

Storferasene deles videre inn i tradisjonelle og moderne raser. Kategorien tradisjonelle raser omfatter de nasjonale og truede nordiske rasene, inkludert de norske bevaringsverdige rasene. De moderne rasene omfatter de nordiske melkekurasene som i stor grad stammer fra import av ayrshirefe og/eller anglerfe tidlig på 1900-tallet, og som har vært gjenstand for målrettet avlsarbeid etter andre verdenskrig. Disse omtales ofte samlet som de nordiske røde rasene og inkluderer moderne svensk rød og hvit boskap, finsk ayrshire, norsk rødt fe og moderne rød dansk malkerace.

I tillegg til de norske rasene inngår 23 nordiske og internasjonale storferaser i analysene. Disse omtales samlet som referansepopulasjonene.

1.2 Genetiske analyser

Analysene som er brukt i rapporten er basert på høy densitets SNP-genotyping (777 000 markører) og helgenomsekvensering (WGS, ≥10X). Disse dataene er brukt i PCA-baserte populasjonsanalyser, ADMIXTURE-baserte genetiske profiler, fylogenetisk modellering med TreeMix og estimat av genomisk innavl basert på Runs of Homozygosity (ROH).

Tidligere studier av genetiske distanser innen og mellom de tradisjonelle storferasene har i stor grad basert seg på mikrosatellitter (både autosomale og Y-kromosomale). Disse gir

imidlertid mindre informasjon enn moderne genomiske verktøy. Bruk av SNP-chips og helgenomsekvensering (WGS) gir bedre innsikt i slektskapsforhold, populasjonsstruktur, genetiske forbindelser og genomisk innavl. Resultatene fra slike analyser er fundamentet for kunnskapsbasert bærekraftig forvaltning av genetisk variasjon i disse rasene.

Antallet studier av molekylær genetisk variasjon innen og mellom raser varierer mellom regioner og raser. En rekke tidligere studier har beskrevet molekylær genetisk variasjon hos de nordiske storferasene. Mange av disse har ikke inkludert de norske truede rasene og mange har bare brukt mikrosatellitter (autosomale og Y-kromosomale). Bruk av SNP-chips og helgenomsekvensering (WGS) baserte analyser gjør det mulig å identifisere individer som er særlig viktige for bevaring, og gir grunnlag for strategier for å sikre rasenes genetiske mangfold. Genomisk karakterisering gir dermed utvidet kunnskap for framtidig populasjonsforvaltning og bevaring av truede norske storferaser.

1.3 Nordiske og europeiske referanseraser

For å undersøke slektskapet mellom tradisjonelle norske storferaser og andre nordiske raser ble det satt sammen et referansepanel med 23 storferaser. Referansedata inkluderte ni tradisjonelle svenske raser, tre tradisjonelle finske raser, tre tradisjonelle danske raser, islandsk storfe, fire moderne nordiske røde raser, samt tre moderne internasjonale melkekuraser. Antall dyr undersøkt per rase varierte fra 6 til 22, med et gjennomsnitt på 18 dyr per rase. Rasene er oppsummert i Tabell 1. Vær oppmerksom på at forkortelsene som er brukt på rasene i denne studien skiller seg til dels vesentlig fra forkortelsene som vanligvis brukes i Norge.

Tabell 1 Rasenavn, rasekode, opprinnelsesland, rasekategori og antall dyr for rasene som er med i denne studien. Rasekodene skiller seg til dels vesentlig fra rasekoder brukt i andre norske tekster og sammenhenger.

Internationalt rasenavn	Nasjonalt rasenavn	Rasekode i denne studien	Rasens opprinnelses-land	Rasekategori i denne studien	Antall dyr i denne studien
Døle cattle	Dølafe	DOF	Norge	Tradisjonell	16
Eastern Red Polled cattle	Østlandsk rødkolle	ORF	Norge	Tradisjonell	16
Sided Trønder & Nordland cattle	Sidet trønderfe og nordlandsfe (STN)	STN	Norge	Tradisjonell	16
Telemark cattle	Telemarkfe	TEF	Norge	Tradisjonell	16
Western Fjord cattle	Vestlandsk fjordfe	VFF	Norge	Tradisjonell	16
Western Red Polled cattle	Vestlandsk raudkolle	VRF	Norge	Tradisjonell	16
Modern Norwegian Red Dairy cattle - NRF	Norsk rødt fe (NRF)	RDCNOR	Norge	Moderne	19
Bohus Polled cattle	Bohuskulla	BOK	Sverige	Tradisjonell	6
Swedish Mountain cattle	Fjällko	FJK	Sverige	Tradisjonell	22
Fjällnära cattle	Fjällnära boskap	FJN	Sverige	Tradisjonell	11
Ringamåla cattle	Ringamålako	RIN	Sverige	Tradisjonell	13
Swedish Red Polled cattle	Rödkulla	ROK	Sverige	Tradisjonell	17
Swedish Polled cattle	Kullig boskap	SKB	Sverige	Tradisjonell	12
Swedish Holstein-Friesian	Svensk låglandsboskap	SLB	Sverige	Tradisjonell	22
Swedish Red cattle	Svensk röd och vit boskap	SRB	Sverige	Tradisjonell	22
Väne cattle	Väneko	VAK	Sverige	Tradisjonell	8
Modern Swedish Red Dairy cattle	Moderne svensk röd och vit boskap	RDCSWE	Sverige	Moderne	22
Eastern Finncattle	Itäsuomenkarja Østfinsk fe	EFC	Finland	Tradisjonell	22
Northern Finncattle	Pohjoissuomenkarja Nordfinsk fe	NFC	Finland	Tradisjonell	22
Western Finncattle	Länsisuomenkarja Vestfinsk fe	WFC	Finland	Tradisjonell	22
Modern Finnish Red Dairy cattle	Finnish ayrshire	RDCFIN	Finland	Moderne	22
Jutland cattle	Jysk kvæg	JYS	Danmark	Tradisjonell	7
Danish Black and White cattle	Sortbroget dansk malkerace anno 1965	SDM	Danmark	Tradisjonell	22
Traditional Danish Red Dairy cattle	Rød dansk malkerace anno 1970	RDM	Danmark	Tradisjonell	13
Modern Danish Red Dairy cattle	Rød dansk malkerace	RDCDNK	Danmark	Moderne	22
Icelandic cattle	Islenskir nautgripir Islandsk fe	ICE	Island	Tradisjonell	22
Brown Swiss cattle	Braunvieh	BSW	Internasjonal	Moderne	22
Jersey cattle	Jersey	JER	Internasjonal	Moderne	22
Holstein cattle	Holstein	HOL	Internasjonal	Moderne	22

2 Kilder til genotypedataene

2.1 Genotyping av de tradisjonelle norske rasene

I dette prosjektet ble genomdekkende genotypedata for de tradisjonelle norske storferasene generert.

I Norge har avlsselskapet Geno en stor genbank med sæd fra alle de norske storferasene. Sædbanken inneholder materiale fra okser tappet helt tilbake til slutten av 1960-tallet og fram til i dag. Det er lagret sæd fra over 5 000 NRF-okser, mer enn 140 STN-okser, og for hver av rasene telemarkfe, vestlandsk raudkolle, østlandsk rødkolle, dølafe og vestlandsk fjordfe finnes det sæd fra mellom 50 og 100 okser[1].

Det er sæd fra denne genbanken som ga DNA til dette prosjektet. Totalt ble 96 okser, 16 fra hver av de seks tradisjonelle rasene fra Norge genotypet med Illuminas høyoppløselige SNP-chip som inneholder 777 000 SNP-markører. Genotypingen ble utført i samarbeid med Geno, ved bruk av Genos pipeline for høyoppløselig genotyping. De 16 oksene ble valgt basert på stamtavleanalyse, der man valgte fedre med stor betydning for rasen og som representerte slektslinjer som har bidratt til rasens utvikling. DNA ble ekstrahert fra sæd av Biobank i Hamar. En oversikt over hvilke 96 seminokser som ble trukket ut er vist i tabell 2.

30 av de 96 oksene, fem fra hver av de seks rasene, ble sekvensert av BGI (Beijing Genomics Institute). Sekvenseringen var helgenomsekvensering (WGS) basert på DNBseq-plattformen, med en dekning på minst 10X.

[1] Nøkkeltall 2025 fra Norsk genressurssenter, www.gen-nokkeltall.no

Tabell 2 Stamboknumrene til oksene av de tradisjonelle norske rasene som har gitt DNA til studien
*** okser som ble helgenomsekvensert**
**** okser som hadde en Identity By Descent (IBD) på mer enn 45 %, det vil si at mer enn 45 % av deres genetiske materiale er identisk fordi det er arvet fra felles forfedre.**

Dølafe	Østlandsk rødkolle	Sidet trønderfe og nordlandsfe	Telemarkfe	Vestlandsk fjordfe	Vestlandsk raudkolle
6701	6751*,**	9004*	6661	6457*,**	1433*
6702*	6752*,**	9005*	6841	6458*	6444
6703**	6753*	9006	6902	6459	6452**
6705	6754*,**	9007	6908*,**	6460*	6453
6706**	6755	9013*	7139*,**	6462*	6454
6707*,**	6756	9020	7141*	6463	6456*
6710	6760	9022	7142*,**	6464*	6465**
6712**	6761*	9049	7143*,**	6817	6466
6713*	6762	9098*	7169	6823	6478
6714**	6766	9165	7299	46000	6479*
6716	6773	40008	42008	46010	6480
6717*	44003	40009	42009	46011	6483*
6718*	44004	40010	42016	46015	6484
6719	44008	40011	42017	46025	45002*
47003**	44011	40035*	42021	46032	45023
47019	44016	40047	42023	46037	45028
			42024		

2.2 Genotypedata for de nordiske og europeiske rasene

Genotypedata for referanserasene ble hentet fra ReDiverse-prosjektet, 1000 Bull Genomes-prosjektet og WIDDE (http://widde.toulouse.inra.fr/widde/). Alle markørposisjoner ble kartlagt til genomannoteringen for storfe, ARS-UCD1.2. Kun autosomale markører som var genotypet på tvers av alle raser ble valgt. Kvaliteten på genotypene i det felles markørsettet ble undersøkt. Dyr med mer enn 10 % manglende genotyper per rase og markører med mer enn 10 % manglende data på tvers av raser ble fjernet.

2.3 Utvalg av dyr til analysene

Nært beslektede dyr ble fjernet for referanserasene, men ble beholdt for de norske tradisjonelle rasene. Dette gjaldt seks dølafe, fire østlandske rødkoller, fire telemarkfe, en vestlandsk fjordfe og to vestlandske raudkoller som hadde en Identity By Descent (IBD) på mer enn 45 %, se tabell 2. Det betyr at mer enn 45 % av disse dyras genetiske materiale er identisk fordi det stammer fra samme forfedre. For raser med et stort antall genotypede dyr ble 22 dyr valgt tilfeldig til å være med som referansepopulasjon for sine respektive raser.

3 Populasjonsstruktur og slektskap mellom rasene

3.1 Principal Component Analysis (PCA)

Principal Component Analysis (PCA) ble brukt til å analysere genetisk variasjon hos de seks tradisjonelle norske storferasene (N=96), basert på 731 416 kvalitetsfiltrerte genetiske markører. PCA er en multivariat statistisk metode som gjør det mulig å redusere kompleksiteten i store datasett ved å oppsummere variasjonen i et mindre antall nye variabler, såkalte hovedkomponenter (principal components; PC-er).

Hver hovedkomponent representerer en lineær kombinasjon av de opprinnelige variablene og er konstruert slik at den forklarer mest mulig av den totale variasjonen i datasettet. Den første komponenten (PC1) fanger opp den største delen av variasjonen, mens den andre komponenten (PC2) forklarer mest mulig av den resterende variasjonen, under forutsetning av at den er uavhengig av PC1. På tilsvarende måte beskriver påfølgende komponenter gradvis mindre andeler av variasjonen.

Beregningen av PCA-komponentene skjer uten bruk av forhåndsdefinert gruppering, som for eksempel rase. Dette innebærer at eventuelle mønstre eller grupperinger som framkommer i analysen er basert utelukkende på genetiske likheter og forskjeller mellom individene. Ved å visualisere de viktigste komponentene, typisk PC1 og PC2, kan man identifisere strukturer i datasettet, der genetisk like individer grupperer seg sammen. Dette gjør det mulig å undersøke i hvilken grad de viktigste kildene til genetisk variasjon samsvarer med raseinndelingen.

Hovedkomponentene i PCA representerer matematiske akser som oppsummerer den genetiske variasjonen i datasettet. Komponentene kan ikke tilordnes bestemte biologiske egenskaper eller genetiske grupper. Deres nytte ligger først og fremst i å visualisere hvilke individer og raser som skiller seg fra hverandre langs de ulike aksene.

I dette kapittelet presenteres PCA-resultatene for de tradisjonelle norske rasene og for hele datasettet. Da det er forholdsvis lite av variasjonen mellom dyr som er forklart av de viste PCA-komponentene, er det ikke grunnlag for å trekke bastante konklusjoner om populasjons-struktur og slektskap mellom rasene. Likevel gir resultatene indikasjoner på strukturer som sammen med andre analysemetoder kan brukes til den samlede vurderingen av slektskap mellom rasene.

3.2 Populasjonsstruktur og slektskap mellom de tradisjonelle norske rasene

Figur 1A og Figur 1B oppsummerer populasjonsstruktur og slektskap mellom de tradisjonelle norske storferasene. Hovedkomponentene PC1 og PC2 i Figur 1A, som forklarer mesteparten av den genetiske variasjonen mellom rasene, viser at de seks rasene danner tre hovedgrupper:

- Dølafe som en egen gruppe
- Telemarkfe som en egen gruppe
- De øvrige rasene samlet i en tredje gruppe

Telemarkfe og dølafe skiller seg tydelig fra de øvrige rasene og framstår som de mest genetisk særpregede rasene i materialet. Vestlandsk raudkolle, vestlandsk fjordfe, østlandsk rødkolle og STN framstår derimot som forholdsvis mindre genetisk adskilt, basert på de tre PCA-komponentene som forklarer mest variasjon.

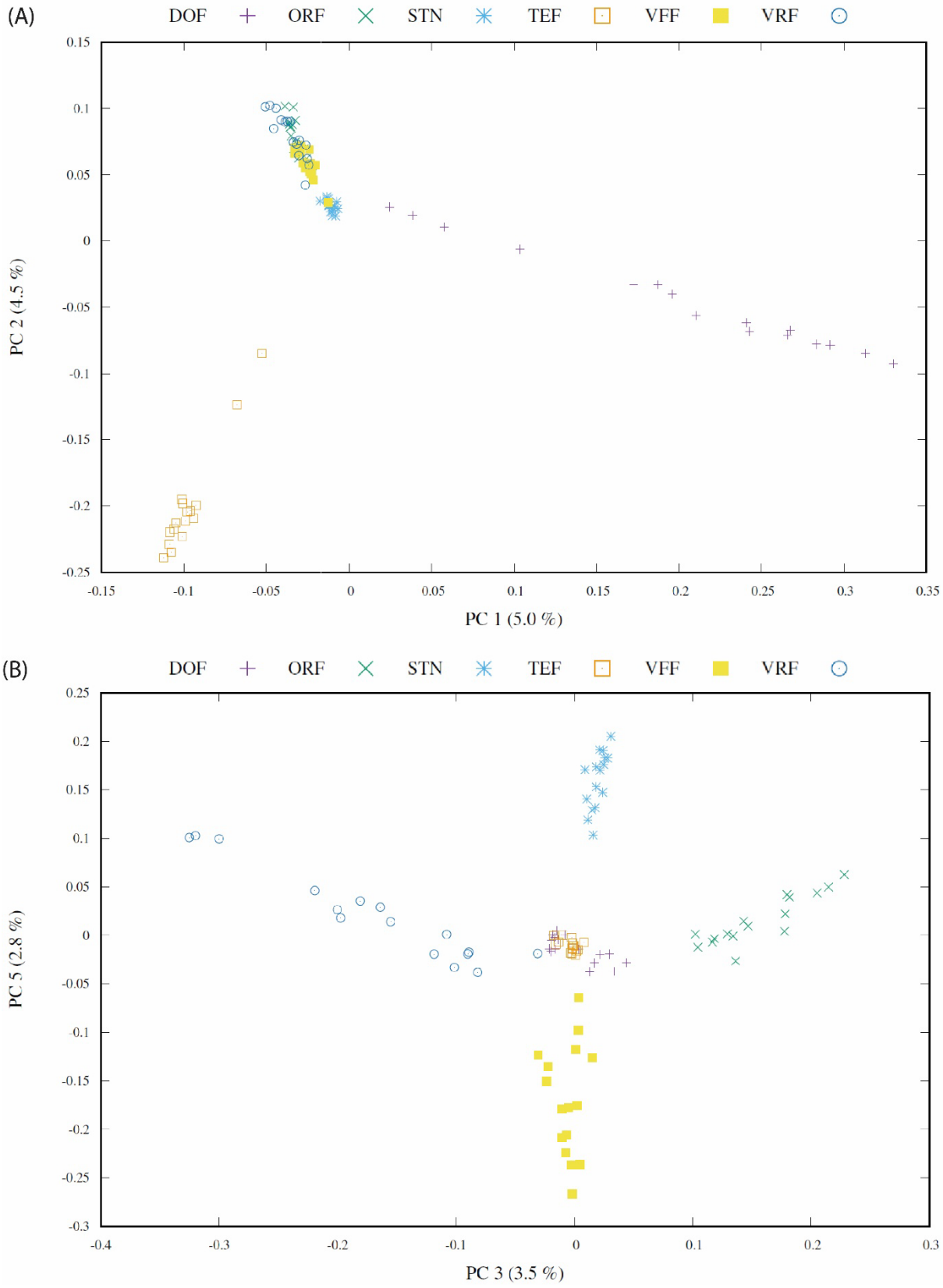
Den tydelige adskillelsen av telemarkfe og dølafe kommer særlig til uttrykk langs den første hovedkomponenten (PC1). Andre hovedkomponenter fanger opp andre mønstre i datasettet. For eksempel bidrar PC3 til å skille vestlandsk raudkolle og østlandsk rødkolle fra de øvrige rasene, mens PC5 bidrar til å skille STN og vestlandsk fjordfe fra resten av materialet. Resultatene viser at genetiske forskjeller mellom rasene kommer til uttrykk langs flere ulike PCA-akser.

Kun 13 % av variasjonen er forklart av de tre første PCA-komponentene, noe som tyder på at den genetiske variasjonen ikke lar seg beskrive tilfredsstillende ved hjelp av et begrenset antall dimensjoner. Enkelte raser har også stor intern genetisk variasjon, mest tydelig hos dølafe (figur 1A).

Undersøkelse av flere hovedkomponenter viser tegn til intern populasjonsstruktur hos telemarkfe (Figur 1A), østlandsk rødkolle, vestlandsk raudkolle og i mindre grad STN (Figur 1B), der dyr fra samme rase danner separate undergrupper. Dette skyldes trolig slektskap mellom oksene som ble valgt til analysen.

Den store spredningen av dølafe langs PC1 i Figur 1A, samt enkeltindivider plassert mellom to rasegrupper, som telemarkfe langs PC2 i Figur 1A, eller understrukturer som østlandsk rødkolle og vestlandsk raudkolle langs PC3 i Figur 1B, kan tyde på felles genetikk med andre raser.

Den store spredningen og plasseringen av enkelte individer mellom rasegrupper tyder på at noen raser kan ha felles genetikk fra andre storferaser. For å undersøke dette nærmere ble slektskap til nordiske referanseraser analysert i neste steg som er presentert i figur 2.



Figur 1 Populasjonsstruktur og slektskap mellom de norske bevaringsverdige storferasene basert på PCA. Analysen omfatter 96 dyr fra seks raser og 731 416 kvalitetsfiltrerte markører. (A) viser hovedkomponentene (PC) 1 og 2, mens (B) viser PC3 og PC5. Hvert punkt representerer ett dyr, og farge og symbol angir rase. Andelen genetisk variasjon forklart av hver hovedkomponent er angitt langs aksene. Forkortelser for rasenavn er forklart i tabell 1.

Analysen av populasjonsstruktur og slektskap blant nordiske storferaser viste ingen tydelig separasjon basert på opprinnelsesland. Derimot kom det fram at de tradisjonelle norske rasene er nærmere beslektet med tradisjonelle raser fra Sverige og Finland enn med norsk rødt fe (NRF) (Figur 2).

Generelt skilte moderne og tradisjonelle nordiske storferaser seg i **fem hovedgrupper**:

1. Holstein-relatert gruppe
2. Moderne ikke-skandinavisk gruppe
3. Moderne nordisk gruppe av røde raser
4. Tradisjonell nordisk rasegruppe
5. Genetisk heterogene tradisjonelle norske og svenske raser, plassert mellom den moderne og den tradisjonelle nordiske gruppen, dvs mellom gruppe tre og fire (Figur 2A).

3.2.1 Detaljer om gruppene:

- **Holstein-relatert gruppe**: Holstein (HOL), sortbroget dansk malkerace anno 1965 (SDM), svensk låglandsboskap (SLB) og jysk kvæg (JYS), med rød dansk malkerace anno 70 (RDM) nært tilknyttet. Svensk låglandsboskap (SLB) viser størst genetisk variasjon langs PC2, trolig på grunn av varierende grad av Holstein innblanding.

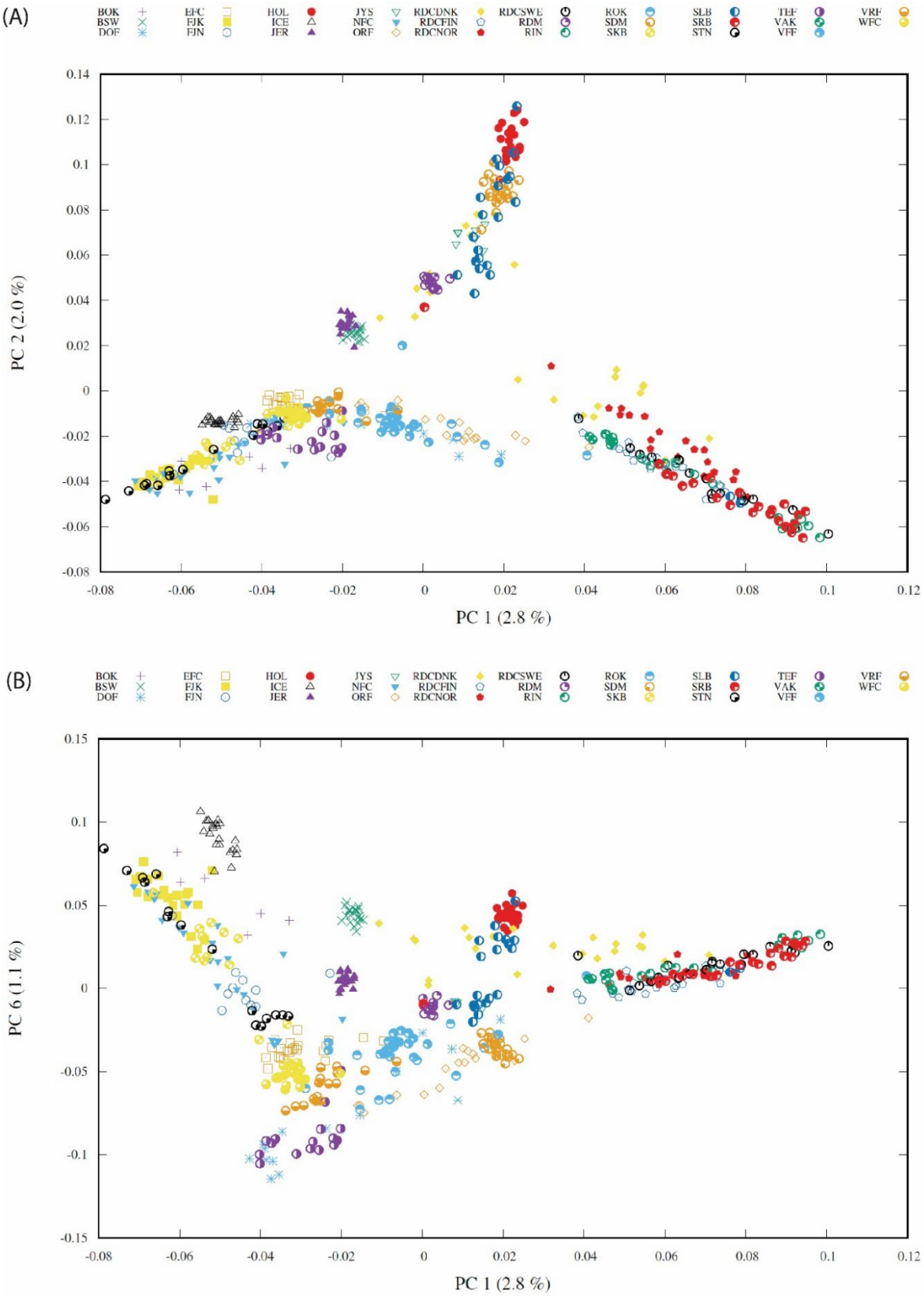
- **Moderne nordisk gruppe av røde raser**: Moderne svensk röd och vit boskap (RDCSWE), finsk ayrshire (RDCFIN), norsk rødt fe (RDCNOR) og deler av moderne rød dansk malkerace (RDCDNK). Tradisjonelle svenske raser som ringmålako (RIN), svensk röd och vit boskap (SRB) og väneko (VAK) grupperte seg sammen med denne gruppen, noe som tyder på felles opprinnelse mellom disse tradisjonelle svenske rasene og moderne nordiske røde raser.

- **Moderne ikke-skandinavisk gruppe**: Braunvieh (BSW) og jersey (JER) dannet homogene, distinkte klynger med begrenset genetisk forbindelse til de øvrige rasene.

- **Tradisjonell nordisk rasegruppe**: Denne består av sidet trønderfe og nordlandsfe (STN), vestlandsk raudkolle (VRF), telemarkfe (TEF) og dølafe (DOF) sammen med de svenske rasene fjällko (FJK), fjällnära boskap (FJN), bohuskolla (BOK), kullig boskap (SKB), islandsk fe (ICE) og de finske rasene østfinsk fe (EFC), vestfinsk fe (WFC) og nordfinsk fe (NFC). Sidet trønderfe og nordlandsfe (STN) skilte seg i to underpopulasjoner, hvor én var nærmere beslektet med svenske raser og nordfinsk fe (NFC) enn med den andre STN-underpopulasjonen eller andre norske raser.

  Ingen av de tradisjonelle norske rasene viste nært slektskap med tradisjonelle danske raser – verken røde eller svart-hvite.

- **Mellomgruppe med høy genetisk variasjon**: Vestlandsk fjordfe (VFF) og østlandsk rødkolle (ORF) grupperte seg med svensk rødkulla (ROK), plassert mellom den tradisjonelle og moderne nordiske gruppen.



Figur 2. Populasjonsstruktur og slektskap mellom norske bevaringsverdige storferaser og andre tradisjonelle og moderne nordiske storferaser basert på PCA. Analysen omfatter 510 dyr fra 29 raser og 30 211 kvalitetsfiltrerte markører. (A) viser hovedkomponentene (PC) 1 og 2, mens (B) viser PC2 og PC6. Hvert punkt representerer ett dyr, og farge og symbol angir rase. Andelen genetisk variasjon forklart av hver hovedkomponent er angitt langs aksene. Forkortelser for rasenavn er forklart i tabell 1.

4 Genetiske komponenter og deres fordeling mellom rasene

4.1 Admixture-analyser

De genetiske komponentene ble analysert med programmet ADMIXTURE, som estimerer andelen av ulike genetiske komponenter (distinkte genomprofiler) hos hvert individ. Et individs genomprofil kan bestå av én enkelt genetisk komponent eller av andeler fra flere komponenter. Sistnevnte indikerer at genetiske komponenter deles mellom raser. ADMIXTURE beregner hvor stor andel av genomet som kan tilskrives hver komponent. Siden andelene summerer seg til 100 %, gir analysen et kvantitativt mål på graden av deling av genetiske komponenter mellom individer og raser.

Andelene ble estimert for ulike verdier av K (antall genetiske komponenter), fra 2 til 40. I denne rapporten presenteres resultatene for det mest sannsynlige antallet komponenter (K = 22). De 22 komponentene er betegnet V3–V24. Disse betegnelsene er vilkårlige og brukes utelukkende som identifikatorer, uten biologisk eller historisk betydning.

Resultatene fra admixtureanalysene er presentert i figurene 3-10. I alle figurene representerer hver farge en genetisk komponent. I figur 3 representerer hver vertikale linje et individ, og figuren gir en samlet oversikt over fordelingen av de 22 genetiske komponentene på tvers av rasene som inngår i analysen. I figurene 4-10 presenteres de tre mest frekvente genetiske komponentene i hver av de norske rasene, samt hvordan disse komponentene er fordelt i andre norske og nordiske raser. I denne rapporten brukes begrepet *signaturkomponent* om den eller de genetiske komponentene som utgjør den største prosentandelen innen en rase.

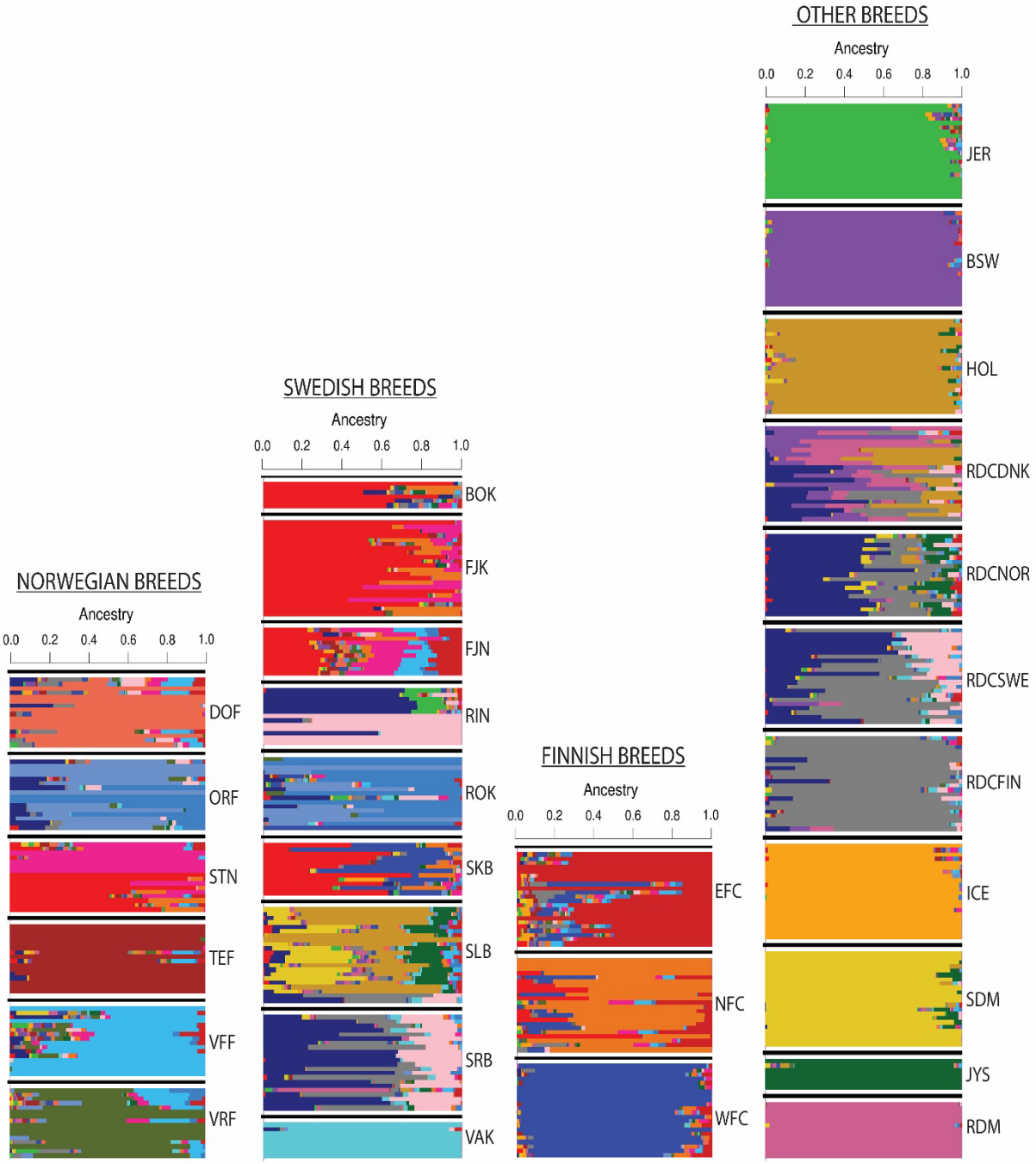
Hovedtrekk i fordelingen av genetiske komponenter

Figur 3 viser at alle de moderne nordiske røde rasene har innslag av den grå signatur-komponenten til finsk ayrshire (RDCFIN). I tillegg deler moderne dansk rød malkerace (RDCDNK), norsk rødt fe (RDCNOR) og moderne svensk röd och vit boskap (RDCSWE) rosa og mørkeblå komponenter med svensk ringamålako (RIN) og svensk röd och vit boskap (SRB). Det finnes også mindre innslag av de samme rosa og mørkeblå komponentene hos finsk ayrshire.

Disse resultatene tyder på at det har forekommet utveksling av avlsmateriale, i varierende omfang, mellom de moderne nordiske røde rasene.

Alle de tradisjonelle norske rasene har en eller flere signaturkomponenter som forekommer i høy frekvens innen rasen (figur 3). Dølafe kjennetegnes av en oransje signaturkomponent, telemarkfe av en mørkebrun signaturkomponent, vestlandsk fjordfe av en lyseblå signatur-komponent og vestlandsk raudkolle av en mørkegrønn signaturkomponent.

Østlandsk rødkolle (ORF) og sidet trønderfe og nordlandsfe (STN) skiller seg ut ved å ha to signaturkomnponenter hver. For østlandsk rødkolle gjelder dette to blå komponenter, mens STN har to røde signaturkomponenter. Disse komponentene deles også med andre tradisjonelle nordiske storferaser. Østlandsk rødkolle deler sine blå komponenter med svensk rödkulla (ROK), mens STN deler sine røde komponenter med bohuskulla (BOK), svensk fjällko (FJK), svensk fjällnära boskap (FJN), svensk röd och vit boskap (SKB) og nordfinsk fe (NFC).



Figur 3 Fordeling av genetiske komponenter i 29 storferaser (se tabell 1) basert på admixtureanalyse. Hver horisontal linje representerer et individ, og hver farge representerer en genetisk komponent. Dyr fra samme rase er gruppert sammen, og svarte linjer markerer skillet mellom rasene. Figuren er delt inn i fire kolonner som viser henholdsvis norske, svenske og finske tradisjonelle raser, samt øvrige raser, inkludert tradisjonelle danske og islandske raser, moderne nordiske røde raser og moderne referanseraser.

4.2 Signaturkomponenter i de norske rasene

Signaturkomponentene i de norske rasene som vises i figur 3 utgjør minst 70 % av rasenes totale genetiske sammensetning. Selv om figur 3 gir en samlet oversikt over fordelingen av alle de 22 genetiske komponentene i de analyserte rasene, er det vanskelig å få en detaljert forståelse av hvordan komponentene i de norske rasene er fordelt på tvers av andre norske og nordiske raser. Dette skyldes både det høye antallet komponenter og at flere av komponentene forekommer i relativt små andeler.

For å undersøke dette nærmere ble de genetiske komponentene som utgjør mer enn fem prosent i minst én norsk rase identifisert og kvantifisert. Tabell 4 viser den prosentvise fordelingen av disse tolv komponentene i de norske rasene, samt i nordiske raser der minst én av komponentene utgjør minst ti prosent. Tabellen gir dermed et mer detaljert bilde av hvilke komponenter som er karakteristiske for de enkelte norske rasene, og i hvilken grad disse komponentene også forekommer i andre nordiske storferaser.

For å visualisere mønstrene ytterligere presenterer figurene 4–10 de tre mest frekvente genetiske komponentene i hver av de norske rasene. Figurene viser både hvor stor andel komponentene utgjør i den aktuelle rasen og hvordan de er fordelt i de øvrige rasene som inngår i analysen. Dette gjør det lettere å identifisere komponenter som i hovedsak er begrenset til én rase, og komponenter som deles mellom flere norske og nordiske raser.

4.2.1 Dølafe, DOF (figur 4)

Dølafes signaturkomponent er V22, som utgjør om lag 73 % av rasens genetiske sammensetning. Denne komponenten forekommer bare i svært lave andeler i de øvrige rasene som inngår i analysen, noe som tyder på at den i stor grad er særpreget for dølafe. De to andre komponentene i figuren, V8 og V9, finnes også i andre norske og nordiske raser, men bare i begrenset omfang.

4.2.2 Østlandsk rødkolle, ORF (figur 5)

Østlandsk rødkolle skiller seg fra flere av de andre norske rasene ved å ha to signatur-komponenter. Komponentene V4 og V20 utgjør til sammen over 80 % av rasens genetiske sammensetning. Begge komponentene forekommer også i svensk rödkulla (ROK), som er den rasen som viser størst genetisk likhet med østlandsk rødkolle i denne analysen. Komponent V19 forekommer i mindre omfang og deles med flere andre nordiske raser.

4.2.3 Norsk rødt fe, RDCNOR (figur 6)

De tre mest frekvente komponentene i NRF er V19, V9 og V12, og ingen av dem peker seg ut som en signaturkomponent. Komponentene V19 og V9 deles i betydelig grad med moderne og tradisjonell svensk röd och vit boskap (RDCSWE og SRB), mens V12 nesten utelukkende forekommer i norsk rødt fe og dansk jysk kvæg (JYS). Resultatene gjenspeiler den sammensatte genetiske bakgrunnen til de moderne nordiske røde rasene og den historiske utvekslingen av avlsmateriale mellom dem.

4.2.4 Sidet trønderfe og nordlandsfe, STN (figur 7)

STN er, sammen med østlandsk rødkolle (ØRF), den eneste norske rasen med to signaturkomponenter. Komponentene V5 og V13 utgjør til sammen nær 86 % av rasens genetiske sammensetning. Begge komponentene finnes også i flere svenske tradisjonelle raser som bohuskulla (BOK), fjällko (FJK), fjällnära boskap (FJN) og svensk kullig boskap (SKB).

Den tredje mest frekvente komponenten i STN, V16, forekommer også i disse svenske rasene, men utmerker seg ved å være signaturkomponenten i nordfinsk fe (NFC). Disse resultatene tyder på tette genetiske forbindelser mellom de nordiske fjellrasene og er forenlige med historisk utveksling av avlsmateriale mellom dem.

4.2.5 Telemarkfe, TEF (figur 8)

Telemarkfe skiller seg ut som den mest genetisk ensartede av de norske rasene i analysen. Signaturkomponenten V24 utgjør hele 93 % av rasens genetiske sammensetning og forekommer bare i lave andeler i de øvrige rasene. Resultatene tyder på at denne komponenten i stor grad er unik for telemarkfe.

4.2.6 Vestlandsk fjordfe, VFF (figur 9)

Signaturkomponenten til vestlandsk fjordfe er V8, som utgjør om lag 75 % av rasens genetiske sammensetning. Komponenten forekommer også i vestlandsk raudkolle (VRF) og svensk fjällnära boskap (FJN), men i betydelig lavere andeler. De øvrige komponentene i figur 9, V6 og V19, finnes i flere andre norske og nordiske raser og bidrar til å knytte vestlandsk fjordfe til et bredere nordisk genetisk mønster.

4.2.7 Vestlandsk raudkolle, VRF (figur 10)

Vestlandsk raudkolles signaturkomponent er V6, som utgjør over 70 % av rasens genetiske sammensetning. Denne komponenten forekommer bare i lave andeler i de fleste andre rasene, noe som tyder på at den i stor grad er særpreget for vestlandsk raudkolle. Rasen har i tillegg innslag av komponent V8, som er signaturkomponenten i vestlandsk fjordfe (VFF), og som også forekommer i enkelte svenske raser. Dette tyder på en viss genetisk tilknytning mellom disse rasene.

4.3 Sammenfatning av signaturkomponentene i de norske rasene

Samlet sett viser analysene tre hovedmønstre i fordelingen av genetiske komponenter hos de norske storferasene. For det første har dølafe, telemarkfe, vestlandsk fjordfe og vestlandsk raudkolle hver sin signaturkomponent som utgjør mer enn 70 % av rasens genetiske sammensetning. Disse komponentene forekommer bare i lave andeler i andre raser og fremstår derfor som karakteristiske for de respektive rasene.

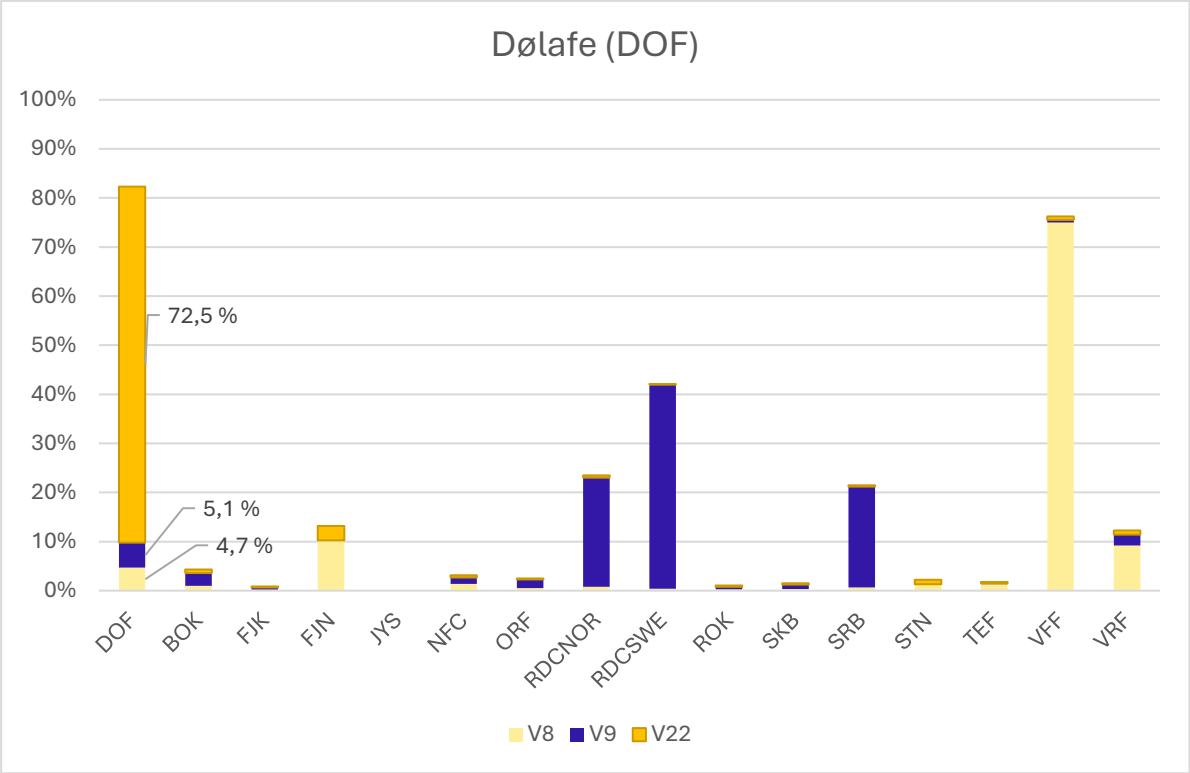
Videre skiller østlandsk rødkolle og sidet trønderfe og nordlandsfe seg ut ved å ha to signaturkomponenter hver. I begge rasene utgjør de to signaturkomponentene til sammen mer enn 80 % av den genetiske sammensetningen.

Selv om flere av de tradisjonelle norske rasene har genetiske komponenter som fremstår som karakteristiske for den enkelte rasen, viser analysene også at mange komponenter forekommer i mer enn én rase. Ingen av rasene fremstår derfor som genetisk isolerte. Delingen av genetiske komponenter mellom norske, svenske og finske raser tyder på at det over tid har forekommet utveksling av avlsmateriale mellom nordiske storferaser, selv om omfanget og tidspunktet for slik utveksling ikke kan fastslås ut fra disse analysene alene. Det er ikke spor av utveksling av avlsmateriale mellom de danske og norske tradisjonelle rasene.

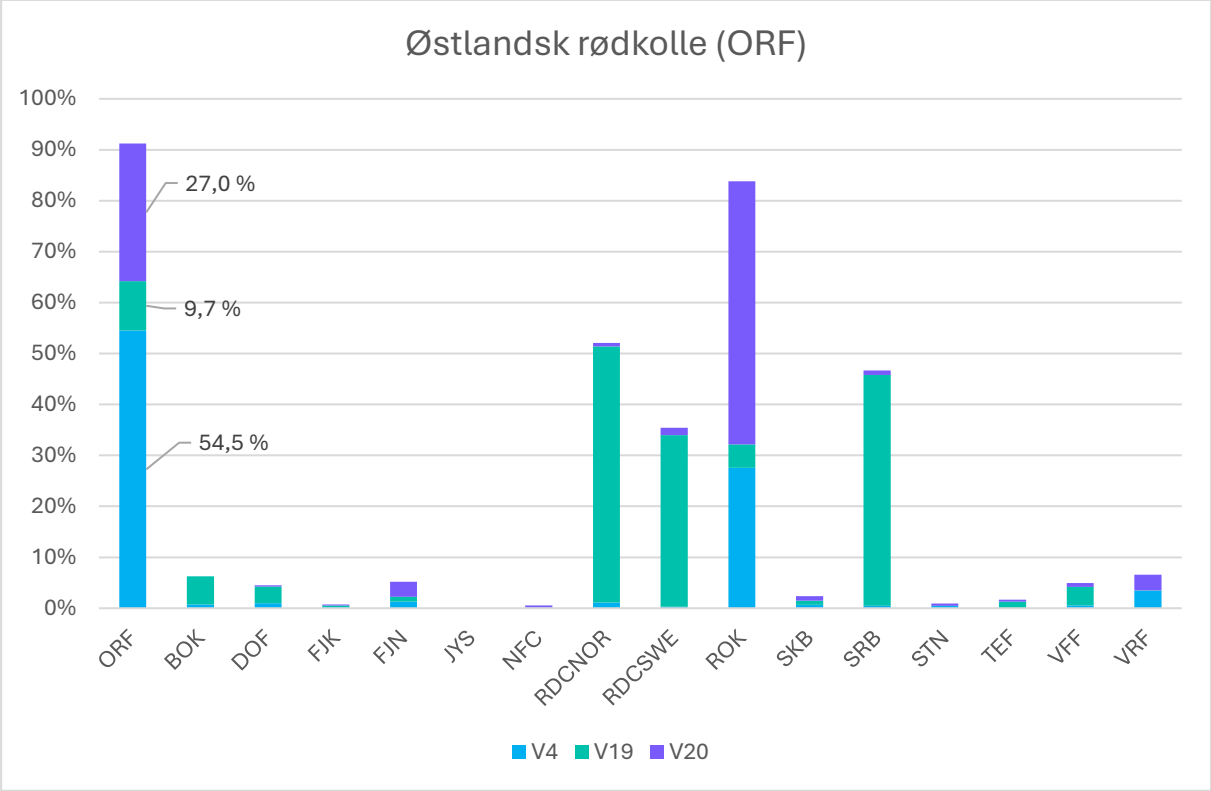
Til slutt skiller norsk rødt fe seg fra de tradisjonelle norske rasene ved å ha en genetisk sammensetning preget av komponenter som deles med andre moderne nordiske røde raser. Dette er i samsvar med rasens dokumenterte sammensatte opprinnelse og den omfattende utvekslingen av avlsmateriale som har foregått mellom de nordiske landene.

Tabell 3 Tabellen viser den prosentvise fordelingen av de tolv genetiske komponentene som utgjør mer enn fem prosent i minst én norsk rase, samt nordiske raser der minst én av disse komponentene utgjør minst ti prosent. Alle verdier er oppgitt i prosent.

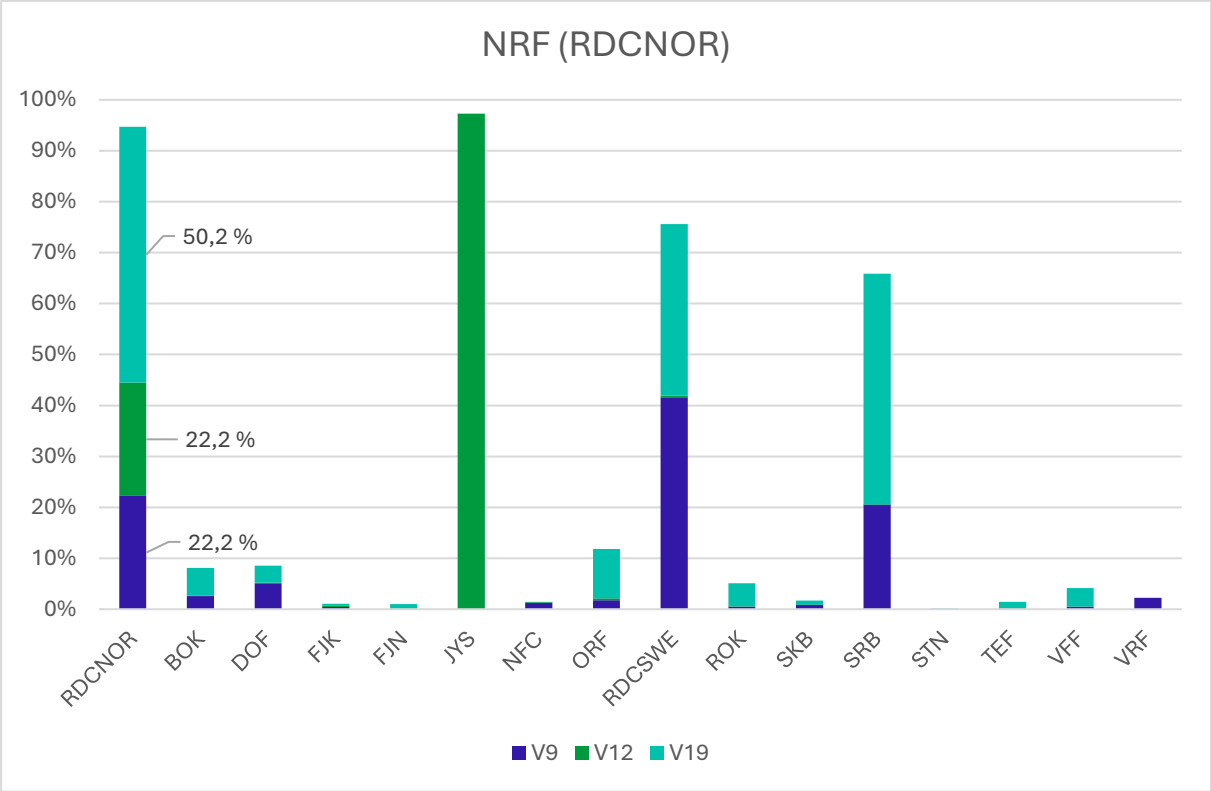
	V4	V5	V6	V8	V9	V12	V13	V16	V19	V20	V22	V24
DOF - dølafe	1,0	2,5	0,6	**4,7**	**5,1**	0,1	0,3	0,4	3,3	0,2	**72,5**	0,6
ORF - østlandsk rødkolle	**54,5**	0,0	1,4	0,6	1,7	0,4	0,3	0,1	**9,7**	**27,0**	0,2	0,4
RDCNOR - norsk rødt fe (NRF)	1,1	0,3	1,1	0,8	**22,2**	**22,2**	1,0	0,3	**50,2**	0,7	0,4	0,1
STN - sidet trønderfe og nordlandsfe	0,5	**42,4**	0,6	1,3	0,1	0,0	**43,5**	**5,5**	0,0	0,5	0,9	0,9
TEF - telemarkfe	0,0	0,4	0,6	**1,3**	0,2	0,0	0,4	0,2	**1,3**	0,4	0,3	**93,0**
VFF - vestlandsk fjordfe	0,6	2,0	**4,0**	**75,0**	0,5	0,0	0,7	0,7	**3,6**	0,7	0,7	0,9
VRF - vestlandsk raudkolle	**3,4**	2,3	**71,5**	**9,2**	2,2	0,0	0,1	0,4	0,1	3,1	0,9	0,9
BOK - svensk bohuskulla	0,8	1,5	0,0	1,0	2,6	0,0	71,3	7,5	5,5	0,0	0,7	2,0
FJK - svensk fjällko	0,2	10,9	0,5	0,2	0,5	0,3	72,4	11,0	0,3	0,2	0,2	1,0
FJN - svensk fjällnära boskap	1,3	21,2	1,8	10,2	0,0	0,1	30,5	4,7	0,9	3,0	3,0	4,2
JYS - dansk jysk kvæg	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	97,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
NFC - nordfinsk fe	0,0	1,7	0,6	1,4	1,3	0,1	9,9	66,8	0,1	0,4	0,5	0,4
RDCSWE - moderne svensk rød och vit boskap	0,3	0,2	0,3	0,4	41,6	0,3	0,1	0,3	33,7	1,4	0,1	0,2
ROK - svensk rödkulla	27,6	0,9	1,6	0,3	0,5	0,0	0,4	0,4	4,6	51,7	0,2	0,2
SKB - svensk kullig boskap	0,7	1,5	0,1	0,4	0,9	0,0	47,2	7,4	0,8	0,9	0,2	0,4
SRB - svensk röd og vit boskap	0,5	0,5	0,3	0,7	20,6	0,0	0,2	0,6	45,3	0,9	0,2	0,2



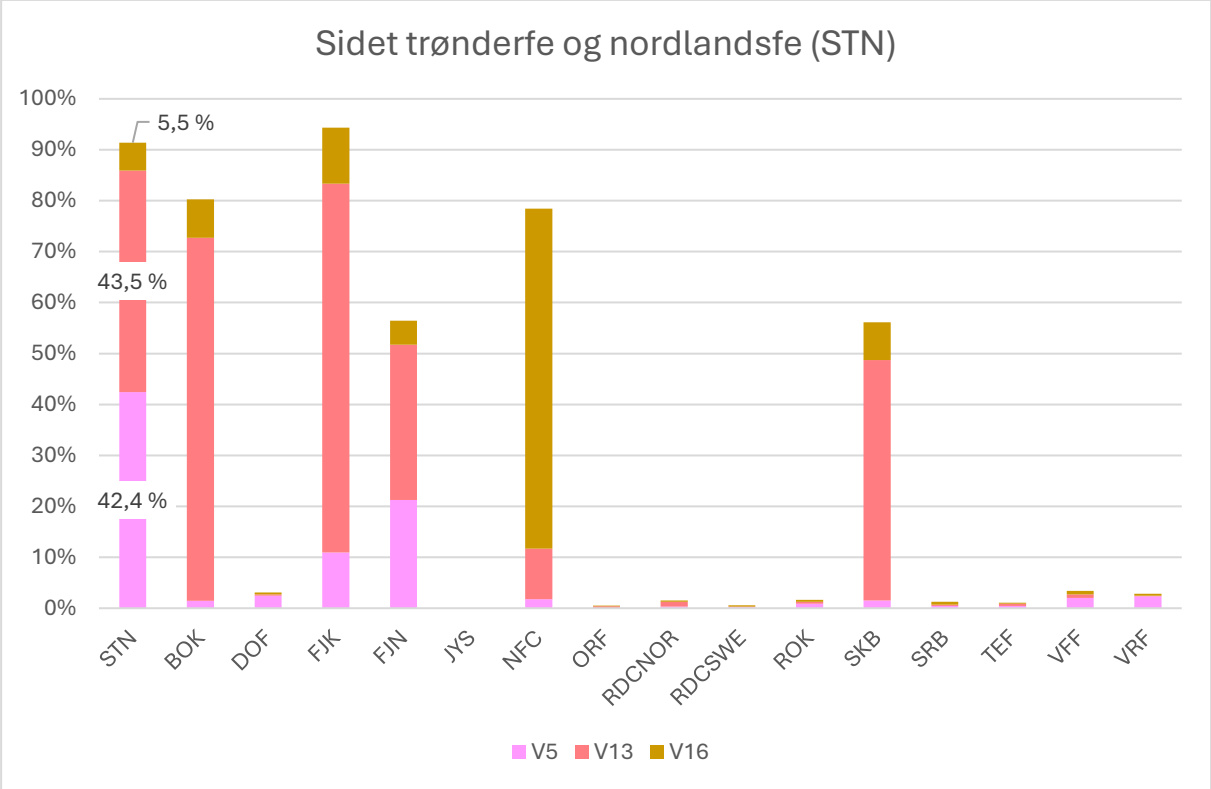
Figur 4 De tre største genetiske komponentene i dølafe (DOF) og hvordan disse er fordelt i de øvrige norske og nordiske rasene som inngår i analysen.



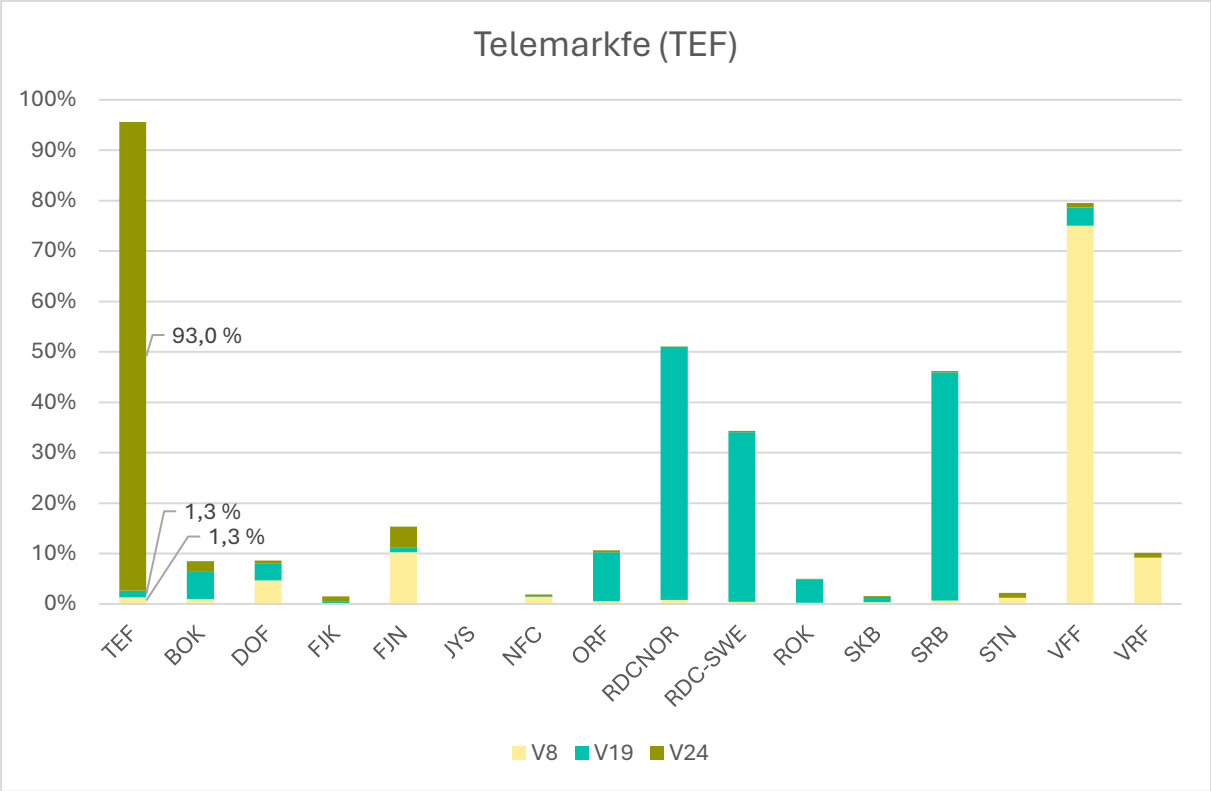
Figur 5 De tre største genetiske komponentene i østlandsk rødkolle (ORF) og hvordan disse er fordelt i de øvrige norske og nordiske rasene som inngår i analysen.



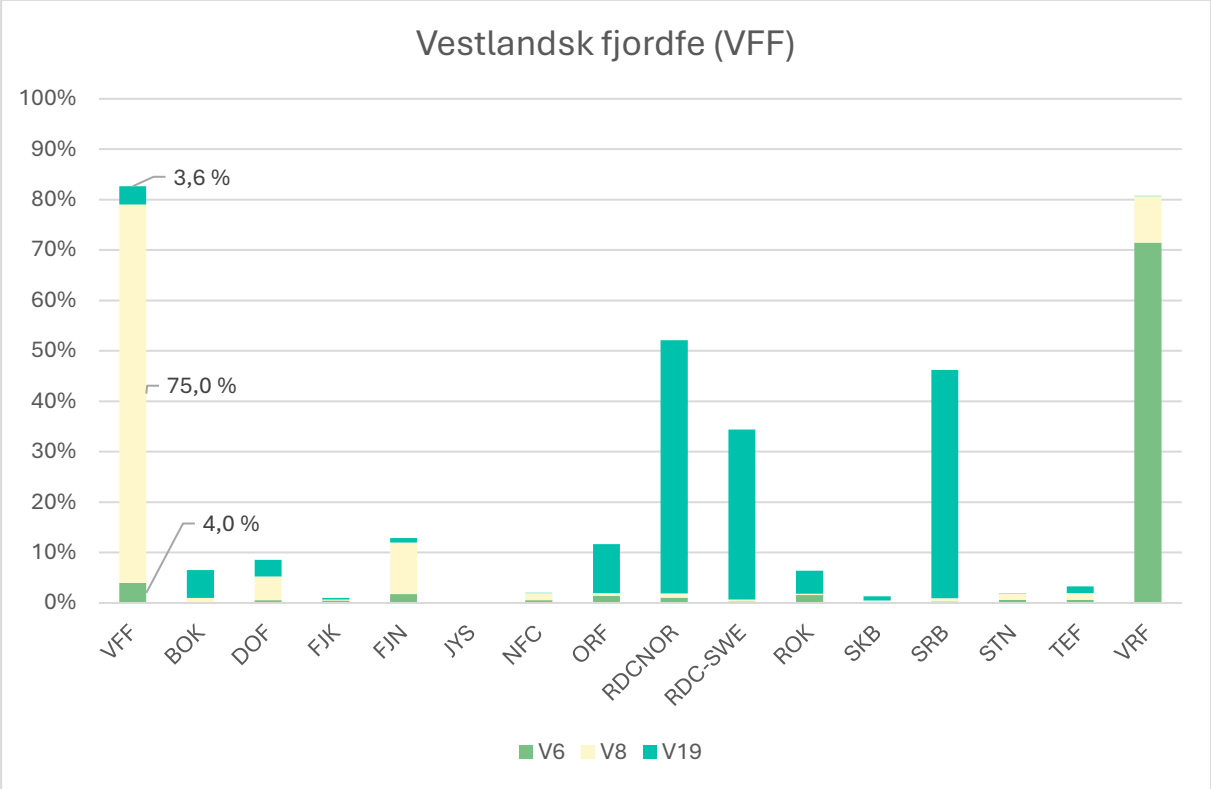
Figur 6 De tre største genetiske komponentene i NRF (RDCNOR) og hvordan disse er fordelt i de øvrige norske og nordiske rasene som inngår i analysen.



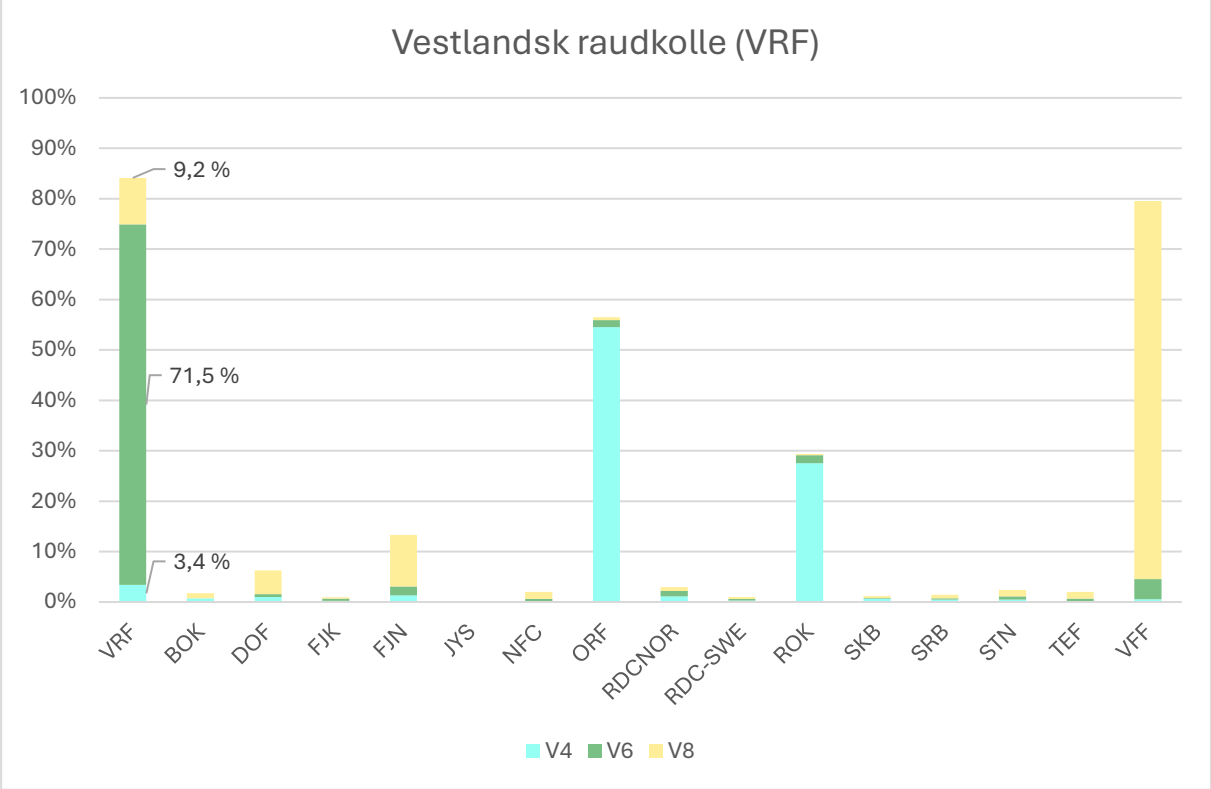
Figur 7 De tre største genetiske komponentene i sidet trønderfe og nordlandsfe (STN) og hvordan disse er fordelt i de øvrige norske og nordiske rasene som inngår i analysen.



Figur 8 De tre største genetiske komponentene i telemarkfe (TEF) og hvordan disse er fordelt i de øvrige norske og nordiske rasene som inngår i analysen.



Figur 9 De tre største genetiske komponentene i vestlandsk fjordfe (VFF) og hvordan disse er fordelt i de øvrige norske og nordiske rasene som inngår i analysen



Figur 10 De tre største genetiske komponentene i vestlandsk raudkolle (VRF) og hvordan disse er fordelt i de øvrige norske og nordiske rasene som inngår i analysen.

Tabell 4 De tradisjonelle norske rasenes signaturkomponenter fra admixtureanalysen og hvilke okser i studien som hadde mer enn 95 % av sin rases signaturkomponent.

	Rasens signatur-komponent	Andel av rasens signaturkomponent i gjennomsnitt hos oksene i studien	Seminokser i studien som har mer enn 95% av rasens unike komponent
Dølafe	V22 (oransje)	73 %	6703, 6706, 6707, 6712, 6714, 6716, 6717
Østlandsk rødkolle	V4 og V20 (gråblå og lys gråblå)	hhv 55% og 27%	V4: 6752, 6753, 6754, 6761 V20: 6766, 6768
Sidet trønderfe og nordlandsfe	V5 og V13 (rosa og rød)	hhv 42% og 43%	V5: 9006, 9013, 9020, 9022 V13: 9049, 40008
Telemarkfe	V24 (brun)	93 %	6908, 7139, 7141, 7142, 7143, 7150, 7210, 42008, 42009, 42016, 42021, 42023, 42024
Vestlandsk fjordfe	V8 (lys blå)	75 %	6457, 6460, 46015, 46025, 46032, 46037
Vestlandsk raudkolle	V6 (grønn)	71 %	6465, 6466, 6479, 6480, 6483

5 Migrasjonsmønstre

5.1 TreeMix-analyser

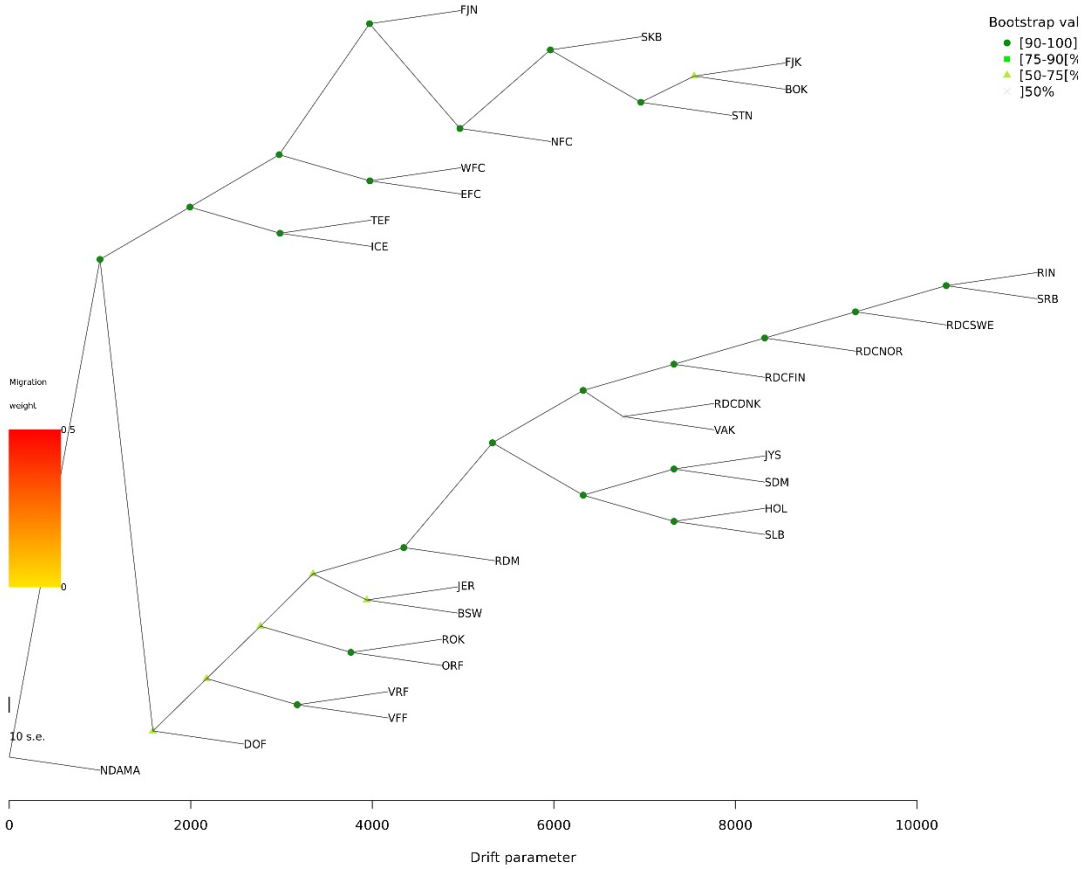
Vi analyserte slektskap og mulig historisk genflyt mellom de tradisjonelle norske rasene og både tradisjonelle og moderne nordiske storferaser ved hjelp av programmet TreeMix. TreeMix lager et slektstre (fylogenetisk tre) som viser hvordan rasene henger sammen og om det har vært utveksling av avlsmateriale mellom dem. I treet plasseres raser som er nært beslektet på greiner som møtes i et felles punkt – deres felles opprinnelse. For å bestemme hvor roten i treet skal være, inkluderte vi en afrikansk rase (N'Dama) som referanse.

Lengden på greinene i treet viser hvor mye genetisk endring som har skjedd siden rasene skilte lag. Denne lengden påvirkes ikke bare av tid, men også av hvor stor populasjonen har vært. Små populasjoner endrer seg genetisk raskere enn store, og derfor kan greinene for små raser bli lange selv om det ikke har gått så mye tid.

5.2 Migrasjonsmønstre uten innblandingshistorie

Figur 11 viser fylogenien der migrasjoner ikke er tillatt. Den holstein-relaterte gruppen, den moderne ikke-skandinaviske gruppen og den moderne nordiske gruppen av røde raser identifisert av PCA ble bekreftet. Greinen som tilsvarer den moderne nordiske gruppen av røde raser definert av PCA kan sees i midten av fylogenien, inkludert svensk röd och vit boskap (SRB), ringamålako (RIN) og väneko (VAK). Her er moderne rød dansk malkerace (RDCDNK) inkludert med de andre moderne nordiske røde rasene. Den holstein-relaterte gruppen definert av PCA danner en søstergruppe til de moderne nordiske røde rasene. Som i PCA inkluderer den holstein (HOL) og andre beslektede raser som jysk kvæg (JYS), sortbroget dansk malkerace anno 1970 (SDM) og svensk låglandsboskap (SLB). Rød dansk malkerace anno 1970 (RDM) er knyttet til den holstein-relaterte gruppen. Mer fjernt beslektet med denne gruppen er svensk rödkulla (ROK) og østlandsk rødkolle (ORF), som er nært beslektet med hverandre. Et annet par med gjensidig nært beslektede raser, vestlandsk raudkolle (VRF) og vestlandsk fjordfe (VFF), er mer perifert knyttet til holstein-gruppen. Den mest fjerntliggende rasen på denne greinen er dølafe (DOF), som har en isolert posisjon i treet.

Den andre hovedgreinen (øverst) har tre undergreiner. Den mest isolerte består av telemarkfe (TEF) og islandsk fe (ICE), som fremstår som søsterlinjer. Den andre greinen består av vestfinsk fe (WFC) og østfinsk fe (EFC). Den tredje greinen inneholder STN sammen med nordfinsk fe (NFC), kullig boskap (SKB), bohuskolla (BOK), fjällnära boskap (FJN) og fjällko (FJK). Grupperingen i denne tredje greinen er godt støttet av resultatene fra Admixture-analysen av genetiske komponenter.



Figur 11 Illustrasjon av fylogenien rekonstruert av TreeMix uten migrasjoner. Greinlengder indikerer genetisk avstand, som avhenger både av tid og liten populasjonsstørrelse. Fargede symboler viser bootstrap-støtte. Høye verdier (nær 100 %) indikerer robust utledede grupper. Verdier under 75 % indikerer forgreningspunkter som kun er svakt utledet fra dataene.

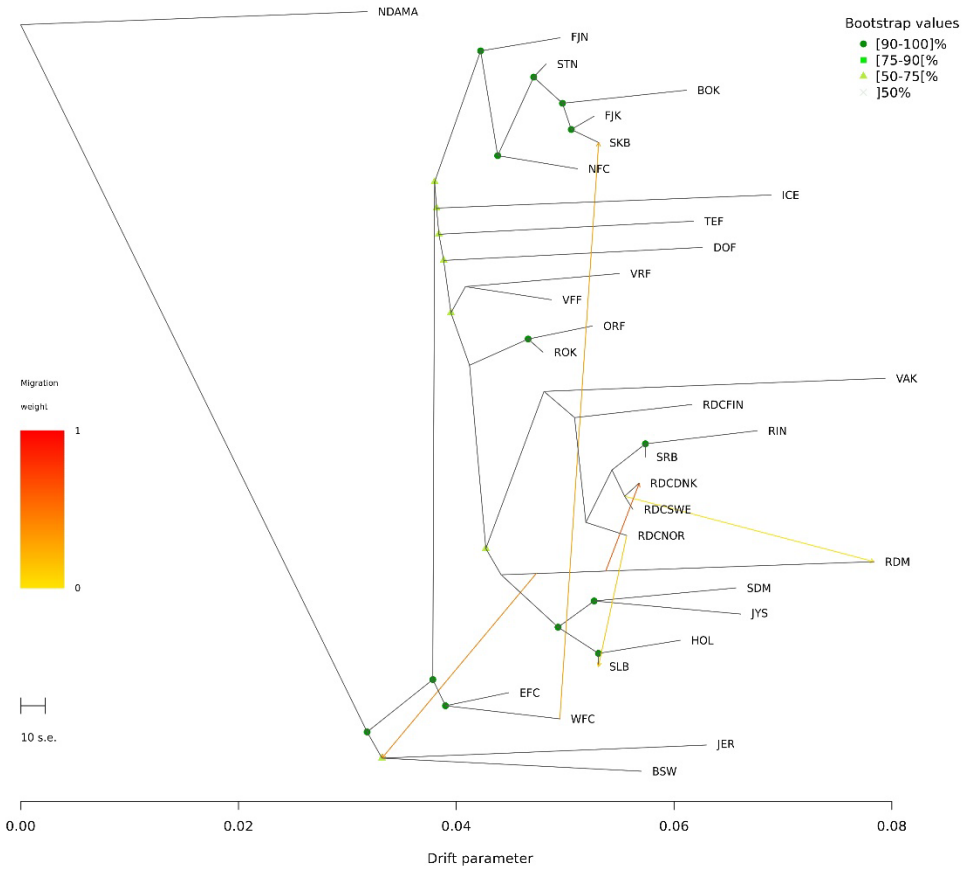
5.3 Migrasjonsmønstre med innblandingshistorie

På grunn av historisk utveksling av avlsmateriale mellom de tradisjonelle rasene er det utfordrende å utlede migrasjoner mellom dem. Fylogenetisk tre med migrasjon, M5, (Figur 12) viser antatte migrasjonshendelser mellom raser. Flere av kantene (linjene som forbinder rasene) samsvarer med funn fra andre metoder: bidrag fra vestfinsk fe (WFC) til svensk kullig boskap (SKB) (i tråd med felles blå komponent i ADMIXTURE), et tydelig bidrag av rød dansk malkerace anno 1970 (RDM) til moderne rød dansk malkerace (RDCDNK), samt en kant fra norsk rødt fe (RDCNOR) til svensk låglandsboskap (SLB). Enkelte individer av svensk låglandsboskap (SLB) viser også tegn til innblanding fra norsk rødt fe (RDCNOR), noe som stemmer med variasjonen i PCA og ADMIXTURE. Samtidig er bootstrap-støtten for flere grener moderat til svak, noe som indikerer usikkerhet i trestrukturen når migrasjon modelleres.

For å styrke tolkningen ble f3-statistikken brukt. Dette er en test som måler om en populasjon kan beskrives som en blanding av to andre (eller deres nært beslektede grupper). Hvis f3-verdien er signifikant negativ, tyder det på at populasjonen har genetiske komponenter fra begge kilder. I denne studien bekreftet f3 at svensk låglandsboskap (SLB) er en blanding av holstein (HOL) og norsk rødt fe (RDCNOR) og at rød dansk malkerace (RDCDNK) har

hybridopprinnelse med bidrag fra rød dansk malkerace anno 1970 (RDM) og andre røde raser. Ingen norske raser ble identifisert som hybrider i f3-testen, noe som tyder på at innblandingen der er mer kompleks enn en enkel to-kilde modell.

Totalt sett harmonerer M5 med PCA og ADMIXTURE ved å vise historisk utveksling av avlsmateriale mellom nordiske raser, samtidig som enkelte forbindelser (f.eks. telemarkfe–islandsk fe) får lavere nodestøtte når migrasjon tas med. Dette understreker behovet for å tolke fylogenetiske trær sammen med ADMIXTURE-tester og PCA.



Figur 12 TreeMix-fylogeni med fem migrasjonshendelser tillatt. Migrasjoner er indikert med fargede piler. Fargen på pilene viser andelen av målpopulasjonen (den pilen peker mot) som stammer fra kilden (opprinnelsen til pilen). Andre symboler er som i Figur 11. Forkortelser for rasenavn er forklart i Tabell 1.

6 Genomisk innavlsnivå

6.1 Runs of homozygosity (ROH)

Genomisk innavl ble estimert basert på *runs of homozygosity* (ROH). ROH er lange, sammenhengende strekk av homozygote genotyper i et individs genom, som på grunn av lengden antas å stamme fra en felles stamfar. Omfanget av genomet som ligger i ROH brukes til å beregne den realiserte genomiske innavlskoeffisienten (FROH). Denne metoden er uavhengig av stamtavledata og regnes som mer presis enn stamtavlebaserte innavlskoeffisienter. ROH ble identifisert for de tradisjonelle norske storferasene ved hjelp av programmet PLINK v1.9. Basert på disse ble individuelle FROH-verdier beregnet, og gjennomsnittlige innavlsnivåer per rase presenteres i tabell 5 og i Figur 13.

6.2 Genomisk innavl og effektiv populasjonsstørrelse

De genomiske innavlsnivåene (FROH) ble vurdert opp mot estimater av effektiv populasjons-størrelse (Ne) rapportert i *Nøkkeltall 2025 fra Norsk genressurssenter*[2]. Mens FROH beskriver den realiserte innavlen hos dagens individer, beskriver Ne hvor mange dyr som effektivt bidrar genetisk til neste generasjon. Ettersom Ne-verdiene er beregnet fra stamtavledata, bygger de to målene på ulike datagrunnlag og belyser ulike sider ved rasenes genetiske situasjon.

Tabell 5 Gjennomsnittlig genomisk innavlskoeffisient (FROH) og effektiv populasjonsstørrelse (Ne) for de tradisjonelle norske storferasene. Ne-verdiene er hentet fra *Nøkkeltall 2025 fra Norsk genressurssenter*.

Rase	FROH (%)	Ne
Dølafe (DOF)	15,66	70
Østlandsk rødkolle (ORF)	9,46	55
Sidet trønderfe og nordlandsfe (STN)	9,95	125
Telemarkfe (TEF)	11,32	45
Vestlandsk fjordfe (VFF)	7,48	75
Vestlandsk raudkolle (VRF)	8,90	70

6.3 Sammenheng mellom genomisk innavl og effektiv populasjonsstørrelse

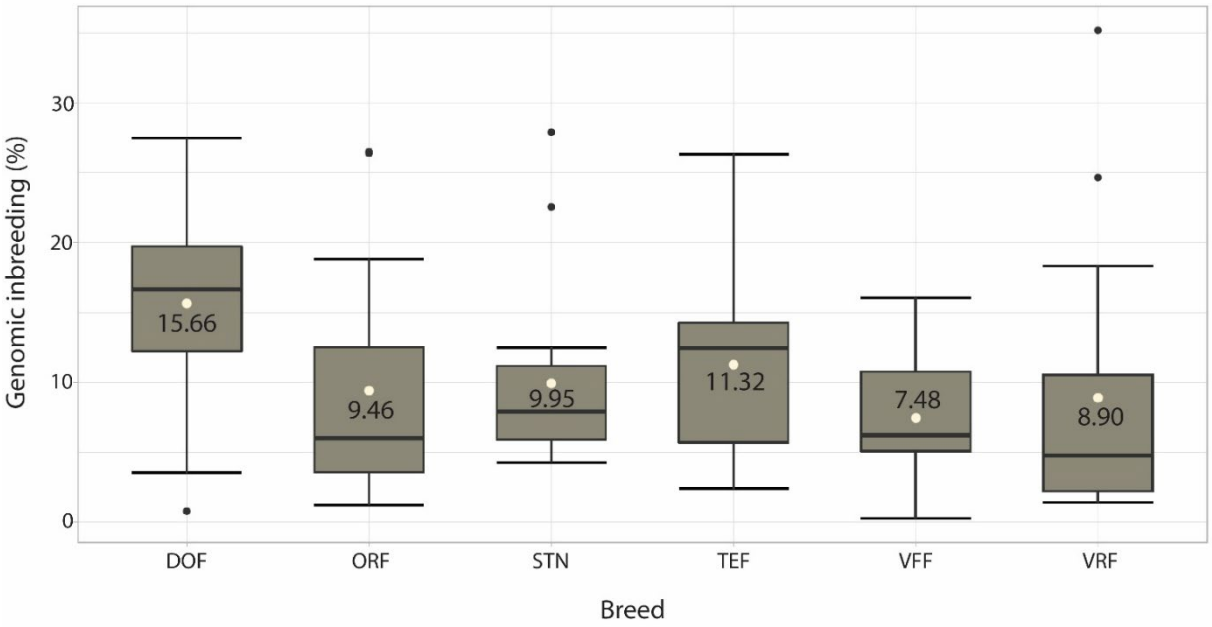
Det var forventet at raser med lav effektiv populasjonsstørrelse skulle ha høyere nivåer av genomisk innavl enn raser med høy effektiv populasjonsstørrelse. Resultatene viser delvis et slikt mønster. Telemarkfe hadde den laveste effektive populasjonsstørrelsen (Ne = 45) og samtidig et relativt høyt nivå av genomisk innavl (FROH = 11,32 %). STN hadde på sin side den høyeste effektive populasjonsstørrelsen (Ne = 125) og et moderat innavlsnivå (FROH = 9,95 %).

Sammenhengen mellom FROH og Ne er likevel ikke entydig. Dølafe hadde det høyeste innavlsnivået av alle de undersøkte rasene (FROH = 15,66 %), til tross for at rasens effektive

[2] Nøkkeltall 2025 fra Norsk genressurssenter, www.gen-nokkeltall.no

populasjonsstørrelse (Ne = 70) var høyere enn både telemarkfe og østlandsk rødkolle. Tilsvarende hadde østlandsk rødkolle en relativt lav effektiv populasjonsstørrelse (Ne = 55), men et lavere innavlsnivå enn flere av de øvrige rasene.

Disse forskjellene skyldes at FROH og Ne beskriver ulike aspekter ved rasenes genetiske situasjon. FROH reflekterer den samlede effekten av historisk innavl, flaskehalser og avlspraksis slik dette kommer til uttrykk i dagens individer. Ne beskriver derimot rasens evne til å bevare genetisk variasjon og begrense videre oppbygging av innavl i framtidige generasjoner. En rase kan derfor ha høy FROH som følge av tidligere innavl, selv om dagens effektive populasjonsstørrelse er tilstrekkelig til å begrense ytterligere innavlsøkning.



Figur 13 Nivåer av genomisk innavl (FROH) i de tradisjonelle norske rasene.
Den genomiske innavlskoeffisienten (FROH) ble estimert som andelen av den totale lengden av autosomer som består av runs of homozygosity (ROH) per individ. Boksene viser interkvartilområdet (25.–75. persentil), den tykke svarte linjen viser medianen, og den lyse prikken viser gjennomsnittlig FROH for rasen. De vertikale linjene (whiskers) viser variasjonen innen rasen, mens enkeltpunkter representerer uteliggere. DOF=dølafe, ORF=østlandsk rødkolle, STN=sidet trønderfe og nordlandsfe, TEF=telemarkfe, VFF=vestlandsk fjordfe og VRF=vestlandsk raudkolle.

6.4 Sammenheng mellom genomisk innavl og genetisk variasjon

Genetisk variasjon på populasjonsnivå (slik den kommer til uttrykk i PCA- og admixture-analysene) og innavl på individnivå måles på ulike nivåer. En rase kan ha stor variasjon mellom individer og linjer, men samtidig høy innavl hos enkelte individer. Dette skjer typisk når rasen består av flere relativt separate linjer som i begrenset grad har blitt krysset med hverandre.

Figur 13 viser at rasene ikke bare varierer i gjennomsnittlig FROH, men også i spredningen av innavlsnivå mellom individer. Dølafe og telemarkfe viser stor variasjon, med enkelte individer som har betydelig høyere FROH enn rasemedianen. Dette tyder på at innavlen ikke er jevnt fordelt i populasjonen. Vestlandsk fjordfe viser derimot både det laveste gjennomsnittlige innavlsnivået og en relativt begrenset spredning mellom individene.

Dølafe illustrerer dette godt. PCA- og admixtureanalysene viser at rasen har betydelig genetisk variasjon og flere genetiske komponenter som også finnes i andre raser, mens FROH-analysen

viser høy innavl hos enkelte individer. Dette kan skyldes at rasen har bestått av flere linjer med begrenset genetisk utveksling seg imellom, kombinert med omfattende bruk av enkelte okser innen de enkelte linjene.

Telemarkfe viser et lignende mønster med relativt høy FROH, samtidig som rasen deler genetiske komponenter med andre norske og nordiske storferaser. Vestlandsk fjordfe hadde derimot den laveste genomiske innavlen av de undersøkte rasene. Dette er i samsvar med resultatene fra admixtureanalysene, som viser at rasen deler flere genetiske komponenter med andre norske og nordiske raser, samtidig som den framstår som mindre preget av oppdeling i genetiske delpopulasjoner.

Samlet viser resultatene at genetisk variasjon, genomisk innavl og effektiv populasjons-størrelse beskriver ulike sider av rasenes genetiske status. Ingen av disse målene alene gir et fullstendig bilde av situasjonen. Vurderinger av bevaringsstatus og framtidige avlsstrategier bør derfor baseres på en samlet vurdering av alle tre.

Den store variasjonen mellom individer innen enkelte raser viser at gjennomsnittlig FROH alene ikke nødvendigvis gir et fullstendig bilde av innavlsnivået i rasen. Enkelte linjer kan være betydelig mer innavlet enn det som framgår av gjennomsnittsverdiene.

6.5 Sammenheng mellom genomisk innavlskoeffisient og genetisk variasjon i en rase

Genetisk variasjon på populasjonsnivå (slik vi ser i PCA- og admixture-analyser) og innavl på individnivå måles på ulike nivåer. En rase kan ha stor variasjon mellom individer og linjer, men samtidig høy innavl hos enkelte individer. Dette skjer typisk når rasen består av flere separate linjer som har vært lite krysset med hverandre. Hvert individ kan da ha lange homozygote segmenter (høy FROH) fordi det stammer fra en snever linje, selv om rasen som helhet har stor genetisk bredde. Den betydelige variasjonen i FROH mellom individer innen flere av rasene (figur 13) viser at innavlen ikke er jevnt fordelt i populasjonene.

Et godt eksempel er dølafe (DOF). PCA- og admixtureanalysene viser at rasen har betydelig genetisk variasjon og genetiske komponenter som også finnes i andre raser, mens FROH-analysen viser både høyt gjennomsnittlig innavlsnivå og stor variasjon mellom individer. Dette kan skyldes at rasen har hatt flere linjer med begrenset kryssing seg imellom, kombinert med intensiv bruk av noen få okser innen linjene. Telemarkfe (TEF) viser et lignende mønster, med relativt høy FROH og stor variasjon mellom individer, selv om rasen deler genetiske komponenter med andre storferaser.

Til sammenligning har vestlandsk fjordfe (VFF) den laveste gjennomsnittlige FROH-verdien og en mer begrenset variasjon mellom individene. Dette er i tråd med at rasen deler flere genetiske komponenter med andre norske og nordiske raser og samtidig ser ut til å ha hatt større genetisk utveksling mellom linjer innen rasen.

Resultatene viser at gjennomsnittlig FROH alene ikke nødvendigvis gir et fullstendig bilde av innavlssituasjonen i en rase. Variasjonen mellom individer kan være stor, og enkelte linjer kan være betydelig mer innavlet enn det som framgår av rasens gjennomsnittsverdi.

Historisk praksis med bruk av få okser kan forsterke disse mønstrene: selv om rasen som helhet har mange genetiske komponenter, kan enkelte individer være sterkt innavlet, noe som stemmer med stor variasjon i innavl innen rase i Figur 13.

7 Melkeproteinvarianter i de bevaringsverdige storferasene i Norge

Genomene til fem dyr fra hver av de seks bevaringsverdige storferasene ble helgenomsekvensert, og dataene ble behandlet i henhold til retningslinjene fra *1000 Bull Genomes Project*. Resultatet er en oversikt over genetiske varianter funnet hos hvert dyr.

Lemay et al.[3] har laget en liste over proteiner som finnes i melk. Genomene ble undersøkt for genetiske melkeproteinvarianter som endrer proteinsekvensen. En variant regnes som privat dersom den kun forekommer i en undergruppe (for eksempel de norske tradisjonelle rasene) og aldri i andre raser. Referansesettet besto av 358 dyr fra nordiske storferaser, med unntak av islandsk storfe.

7.1 Genetiske proteinvarianter i melk

Totalt ble 191 gener som koder for melkeproteiner undersøkt. Innenfor disse genene ble det identifisert 82 381 genetiske proteinvarianter hos de norske bevaringsrasene. De fleste variantene forekommer også i andre raser, og flertallet ligger i introner eller flankerende regioner uten kjent effekt på proteinsekvensen.

7.2 Private proteinendrende varianter

Til sammen ble det identifisert 74 private varianter som endrer proteinsekvensen. Én variant ble observert i tre raser, 17 varianter i to raser, mens de resterende 56 forekom kun i én rase. Variantene var fordelt på 50 ulike gener.

Tabell 6 Forekomst av private proteinendrende varianter identifisert i melkeproteingener hos de bevaringsverdige storferasene. Tabellen viser antall varianter som er unike for hver rase og som forventes å påvirke proteinsekvensen.

Rase	Antall private varianter
DOF – Dølafe	16
ORF – Østlandsk rødkolle	12
STN – Sidet trønderfe og nordlandsfe	18
TEF – Telemarkfe	14
VFF – Vestlandsk fjordfe	21
VRF – Vestlandsk raudkolle	12

De private variantene fordelte seg mellom rasene med flest varianter hos vestlandsk fjordfe (21) og færrest hos østlandsk rødkolle og vestlandsk raudkolle (12 hver).

De 74 variantene omfattet flere ulike mutasjonstyper med forskjellig forventet biologisk konsekvens. Flertallet (67 av 74) var missense-mutasjoner som endrer én aminosyre i proteinet. Fem varianter ble klassifisert som alvorlige eller sannsynligvis alvorlige fordi de påvirker start- eller stopkodonene for proteinsyntese.

[3] https://link.springer.com/article/10.1186/gb-2009-10-4-r43

Tabell 7 Klassifisering av private proteinendrende varianter identifisert i gener som koder for melkeproteiner. Tabellen viser mutasjonstype, forventet effekt på proteinet, antall identifiserte varianter og en overordnet vurdering av mutasjonenes potensielle konsekvenser.

Type mutasjon	Effekten av mutasjonen	Antall	Alvorlighetsgrad
Missense	Endrer aminosyren i proteinet	67	Variabel
Startkodon tapt	Fjerner startkodonet for proteinsyntese	1	Alvorlig
Stop gained	Introduserer et nytt stopkodon	3	Alvorlig
Stop lost	Fjerner det normale stopkodonet	1	Sannsynligvis alvorlig
Other	Andre typer varianter som ikke faller i kategoriene over	2	Variabel

7.3 Private varianter i αS1-kasein og αS2-kasein

Blant de viktigste melkeproteinene ble det identifisert private varianter i αS1-kasein og αS2-kasein.

I αS2-kasein ble en stop-gained-variant påvist hos dølafe, telemarkfe og vestlandsk fjordfe. Normalt består αS2-kaseinet av 222 aminosyrer. Varianten introduserer et nytt stopkodon ved aminosyre 116, slik at omtrent halvparten av proteinet mangler. Det avkortede proteinet forventes å være ikke-funksjonelt, noe som potensielt kan påvirke melkens egenskaper ved ysting. Av totalt ti undersøkte genkopier per rase forekom varianten i to kopier hos dølafe, én kopi hos telemarkfe og to kopier hos vestlandsk fjordfe.

I αS1-kasein ble det identifisert en privat missense-variant hos vestlandsk fjordfe. Varianten endrer den 68. aminosyren fra alanin til treonin. Av ti undersøkte genkopier tilhørte to den alternative allelen.

De resterende 72 private proteinendrende variantene forekom i proteiner som finnes i melk i små eller svært små mengder, og den biologiske betydningen av disse variantene er foreløpig ukjent.

7.4 Oppsummering av funnene om melkeproteinvarianter

Sekvensering av genomene til de seks bevaringsverdige storferasene identifiserte totalt 82 381 genetiske varianter i 191 gener som koder for melkeproteiner. De fleste variantene forekommer også i andre raser og ligger i ikke-kodende regioner uten effekt på protein-sekvensen.

Det ble identifisert 74 private varianter som endrer proteinsekvensen, fordelt på 50 gener. Disse variantene forekommer ikke i referansepopulasjonen på 358 nordiske dyr. Antallet private proteinendrende varianter varierte mellom rasene, med flest hos vestlandsk fjordfe (21) og færrest hos østlandsk rødkolle og vestlandsk raudkolle (12 hver).

De fleste variantene (67 av 74) var missense-mutasjoner som endrer én aminosyre i proteinet og som kan ha alt fra liten til betydelig effekt på proteinets funksjon. Fem varianter ble vurdert

som alvorlige eller sannsynligvis alvorlige fordi de påvirker start- eller stopkodonet for proteinsyntese.

Blant de viktigste melkeproteinene ble det identifisert private varianter i både αS1-kasein og αS2-kasein. Den mest interessante varianten var en stop-gained-mutasjon i αS2-kasein hos dølafe, telemarkfe og vestlandsk fjordfe. Varianten avkorter proteinet fra 222 til 116 aminosyrer og forventes å gjøre proteinet ikke-funksjonelt. Dette kan potensielt påvirke melkens egenskaper ved ysting. I tillegg ble det identifisert en privat missense-variant i αS1-kasein hos vestlandsk fjordfe, der aminosyre 68 endres fra alanin til treonin.

De øvrige 72 private proteinendrende variantene forekommer i proteiner som finnes i melk i små eller svært små mengder. Den biologiske og produksjonsmessige betydningen av disse variantene er foreløpig ukjent.

8 Raseprofiler basert på funnene i rapporten

8.1 Dølafe

8.1.1 Genetisk variasjon og struktur

Dølafe skiller seg tydelig fra de øvrige norske rasene i PCA-analysene og framstår som en egen genetisk gruppe. Samtidig viser rasen betydelig genetisk variasjon mellom individene. Dette tyder på at dølafe fortsatt har en relativt bred genetisk base sammenlignet med flere av de andre norske rasene.

8.1.2 Slektskap og genetiske forbindelser

Analysene viser at dølafe tilhører den tradisjonelle nordiske rasegruppen, men uten nær tilknytning til én enkelt nordisk rase. Resultatene tyder på at rasen har genetiske forbindelser til flere nordiske storferaser, samtidig som den har beholdt et tydelig eget særpreg.

8.1.3 Genetiske komponenter

Dølafes signaturkomponent er V22, som utgjør om lag 73 % av rasens genetiske sammensetning. Denne komponenten forekommer bare i små andeler i andre raser og framstår derfor som karakteristisk for dølafe. Samtidig inneholder rasen også mindre andeler av genetiske komponenter som deles med andre norske og nordiske raser.

8.1.4 Genomisk innavl

Dølafe hadde det høyeste gjennomsnittlige nivået av genomisk innavl (FROH = 15,66 %) blant de norske rasene. Samtidig viser analysene stor variasjon mellom individene. Dette tyder på at enkelte linjer er betydelig mer innavlet enn andre. Den effektive populasjonsstørrelsen (Ne = 70) er høyere enn hos flere av de andre rasene, noe som indikerer at dagens avlsgrunnlag er bredere enn FROH-verdien alene kan gi inntrykk av. Resultatene illustrerer at en rase kan ha betydelig genetisk variasjon på populasjonsnivå, samtidig som enkelte individer eller linjer er sterkt innavlet.

8.1.5 Melkeproteinvarianter

Det ble identifisert 16 private proteinendrende varianter i gener som koder for melkeproteiner. Blant disse var en stop-gained-variant i genet for αS2-kasein, som fører til at proteinet avkortes og sannsynligvis mister sin normale funksjon. Varianten ble også funnet hos telemarkfe og vestlandsk fjordfe og fører til at proteinet avkortes fra 222 til 116 aminosyrer. Dette kan potensielt ha betydning for egenskaper knyttet til melk og ysting.

8.1.6 Oppsummering

Dølafe framstår som en genetisk særpreget rase med en tydelig signaturkomponent og stor variasjon mellom individene. Rasen kombinerer relativt bred genetisk variasjon på populasjonsnivå med et høyt nivå av genomisk innavl i enkelte linjer. Dette gjør fortsatt bred bruk av ulike slektslinjer til et viktig tiltak i bevaringsarbeidet.

8.2 Østlandsk rødkolle

8.2.1 Genetisk variasjon og struktur

Østlandsk rødkolle viser moderat genetisk variasjon og danner en relativt tydelig gruppe i PCA-analysene. Samtidig finnes det tegn til intern populasjonsstruktur, der dyr innen rasen danner mindre undergrupper. Dette kan skyldes at enkelte slektslinjer har vært lite krysset med hverandre over tid.

8.2.2 Slektskap og genetiske forbindelser

Av de norske rasene har østlandsk rødkolle den tydeligste genetiske forbindelsen til svensk rödkulla (ROK). Både slektskapsanalysene og fordelingen av genetiske komponenter viser at disse rasene deler store deler av sin genetiske bakgrunn. Dette gjør østlandsk rødkolle til en del av et større genetisk fellesskap av tradisjonelle nordiske kollete storferaser.

8.2.3 Genetiske komponenter

Østlandsk rødkolle skiller seg fra flere av de andre norske rasene ved å ha to signaturkomponenter. Komponentene V4 og V20 utgjør til sammen mer enn 80 % av rasens genetiske sammensetning. Begge komponentene finnes også hos svensk rödkulla (ROK), noe som understøtter det nære genetiske slektskapet mellom de to rasene. Samtidig har rasen mindre innslag av komponenter som deles med andre norske og nordiske storferaser.

8.2.4 Genomisk innavl

Østlandsk rødkolle har et moderat nivå av genomisk innavl (FROH = 9,46 %). Samtidig er den effektive populasjonsstørrelsen blant de laveste av de norske rasene (Ne = 55). Dette viser at dagens innavlsnivå ikke nødvendigvis gjenspeiler rasens framtidige genetiske utfordringer. Den relativt lave effektive populasjonsstørrelsen gjør det viktig å opprettholde et bredt avlsgrunnlag og unngå overrepresentasjon av enkelte familier i framtidig avl.

8.2.5 Melkeproteinvarianter

Det ble identifisert 12 private proteinendrende varianter i gener som koder for melkeproteiner. Dette er blant de laveste antallene som ble funnet hos de norske bevaringsrasene. Det ble ikke identifisert private varianter i αS1-kasein eller αS2-kasein hos østlandsk rødkolle.

8.2.6 Oppsummering

Østlandsk rødkolle framstår som en genetisk særpreget norsk rase med tydelige forbindelser til svensk rödkulla (ROK). Rasen kjennetegnes av to signaturkomponenter og et moderat nivå av genomisk innavl. Selv om dagens innavlsnivå ikke er blant de høyeste, tilsier den relativt lave effektive populasjonsstørrelsen at bevaring av genetisk variasjon fortsatt bør ha høy prioritet i avlsarbeidet.

8.3 Sidet trønderfe og nordlandsfe (STN)

8.3.1 Genetisk variasjon og struktur

STN har en relativt bred genetisk variasjon sammenlignet med flere av de andre norske bevaringsrasene. PCA-analysene viser tegn til intern populasjonsstruktur, der rasen er delt i to genetiske undergrupper. Dette tyder på at ulike slektslinjer har utviklet seg noe forskjellig over tid.

8.3.2 Slektskap og genetiske forbindelser

STN inngår i den tradisjonelle nordiske rasegruppen og har tydelige genetiske forbindelser til flere svenske og finske storferaser. Analysene viser særlig nær tilknytning til svensk fjällko (FJK), fjällnära boskap (FJN), bohuskulla (BOK) og nordfinsk fe (NFC). Den ene av de to genetiske undergruppene i STN ser ut til å være nærmere beslektet med enkelte svenske og finske raser enn med den andre STN-gruppen. Dette understreker at rasen har en sammensatt genetisk bakgrunn.

8.3.3 Genetiske komponenter

STN skiller seg ut ved å ha to signaturkomponenter, V5 og V13, som til sammen utgjør nær 86 % av rasens genetiske sammensetning. Begge komponentene deles med flere tradisjonelle svenske raser og nordfinsk fe (NFC). Dette er den norske rasen der delingen av genetiske komponenter med andre nordiske raser framkommer tydeligst. Resultatene tyder på omfattende genetiske forbindelser mellom STN og de tradisjonelle nordiske fjellrasene.

8.3.4 Genomisk innavl

STN hadde et moderat nivå av genomisk innavl (FROH = 9,95 %). Samtidig hadde rasen den høyeste effektive populasjonsstørrelsen blant de norske bevaringsrasene (Ne = 125). Dette tyder på at STN har bevart en relativt bred genetisk base sammenlignet med de øvrige norske rasene. Kombinasjonen av moderat innavlsnivå og høy effektiv populasjonsstørrelse gir et godt utgangspunkt for å bevare genetisk variasjon også i framtiden.

8.3.5 Melkeproteinvarianter

Det ble identifisert 18 private proteinendrende varianter i gener som koder for melkeproteiner. Dette er blant de høyeste antallene som ble registrert hos de norske bevaringsverdige storferasene. Ingen private varianter ble identifisert i αS1-kasein eller αS2-kasein. Den biologiske betydningen av de fleste private variantene er foreløpig ukjent.

8.3.6 Oppsummering

STN framstår som en genetisk bred rase med sterke forbindelser til flere tradisjonelle nordiske storferaser. Rasen kjennetegnes av to signaturkomponenter, moderat genomisk innavl og den høyeste effektive populasjonsstørrelsen blant de norske bevaringsrasene. Resultatene tyder på at STN representerer en viktig del av den tradisjonelle nordiske genetiske variasjonen og samtidig har gode forutsetninger for å bevare denne variasjonen videre gjennom aktivt avlsarbeid.

8.4 Telemarkfe

8.4.1 Genetisk variasjon og struktur

Telemarkfe danner en tydelig genetisk gruppe som er klart adskilt fra de øvrige norske rasene. PCA-analysene viser samtidig tegn til intern populasjonsstruktur, der enkelte dyr danner mindre undergrupper innen rasen. Dette tyder på at ulike slektslinjer har utviklet seg noe forskjellig over tid. Sammenlignet med flere av de andre norske rasene framstår telemarkfe som en genetisk særpreget og relativt homogen rase.

8.4.2 Slektskap og genetiske forbindelser

Telemarkfe inngår i den tradisjonelle nordiske rasegruppen, men framstår som mindre nært knyttet til andre nordiske raser enn for eksempel STN og østlandsk rødkolle. Analysene viser likevel at rasen deler enkelte genetiske komponenter med andre norske og nordiske storferaser, noe som tyder på at telemarkfe ikke har vært fullstendig genetisk isolert gjennom sin historie.

8.4.3 Genetiske komponenter

Telemarkfe har den tydeligste signaturkomponenten av alle de norske rasene. Komponenten V24 utgjør om lag 93 % av rasens genetiske sammensetning og forekommer bare i svært lave andeler i de øvrige rasene. Dette gjør V24 til den genetiske komponenten som framstår som mest karakteristisk for en enkelt norsk rase i hele materialet. Resultatet understreker rasens sterke genetiske særpreg.

8.4.4 Genomisk innavl

Telemarkfe hadde et relativt høyt nivå av genomisk innavl (FROH = 11,32 %) og den laveste effektive populasjonsstørrelsen blant de norske rasene (Ne = 45). Figuren over FROH viser også betydelig variasjon mellom individer, noe som tyder på at enkelte slektslinjer er mer innavlet enn andre. Kombinasjonen av høy FROH og lav Ne indikerer at bevaring av genetisk variasjon bør være et sentralt hensyn i det videre avlsarbeidet.

8.4.5 Melkeproteinvarianter

Det ble identifisert 14 private proteinendrende varianter i gener som koder for melkeproteiner. Blant disse var en stop-gained-variant i αS2-kasein, som også ble funnet hos dølafe og vestlandsk fjordfe. Varianten fører til at proteinet avkortes fra 222 til 116 aminosyrer og forventes å påvirke proteinets funksjon. Dette kan potensielt ha betydning for egenskaper knyttet til melk og ysting.

8.4.6 Oppsummering

Telemarkfe framstår som en av de genetisk mest særpregede norske storferasene. Rasen kjennetegnes av en tydelig signaturkomponent som nesten ikke forekommer i andre raser, samtidig som den har relativt høy genomisk innavl og den laveste effektive populasjonsstørrelsen i materialet. Resultatene understreker både den store bevaringsverdien til telemarkfe og betydningen av å opprettholde størst mulig genetisk bredde i rasens framtidige avlsarbeid.

8.5 Vestlandsk fjordfe

8.5.1 Genetisk variasjon og struktur

Vestlandsk fjordfe framstår som en relativt genetisk homogen rase, uten tydelige tegn til intern populasjonsstruktur. PCA-analysene viser at rasen grupperer seg sammen med de øvrige tradisjonelle norske rasene, men uten den sterke oppdelingen i undergrupper som er observert hos enkelte andre raser. Dette tyder på god genetisk kontakt mellom ulike slektslinjer innen rasen.

8.5.2 Slektskap og genetiske forbindelser

Vestlandsk fjordfe har genetiske forbindelser til flere norske og nordiske storferaser. Særlig viser analysene nærhet til vestlandsk raudkolle og enkelte tradisjonelle svenske raser. Samtidig framstår rasen som en tydelig del av den tradisjonelle nordiske rasegruppen. Resultatene tyder på at vestlandsk fjordfe har bevart sitt særpreg, samtidig som den deler genetiske trekk med flere andre nordiske raser.

8.5.3 Genetiske komponenter

Vestlandsk fjordfes signaturkomponent V8 utgjør om lag 75 % av rasens genetiske sammensetning. Komponenten forekommer også i vestlandsk raudkolle og enkelte svenske raser, men i betydelig lavere andeler. Rasen har i tillegg innslag av andre genetiske komponenter som deles med norske og nordiske storferaser. Dette gjør vestlandsk fjordfe til en rase med både et tydelig genetisk særpreg og genetiske forbindelser til andre nordiske populasjoner.

8.5.4 Genomisk innavl

Vestlandsk fjordfe hadde det laveste nivået av genomisk innavl blant de undersøkte rasene (FROH = 7,48 %). Samtidig var den effektive populasjonsstørrelsen relativt høy (Ne = 75). Figuren over FROH viser også mindre variasjon mellom individene enn hos flere av de øvrige rasene. Dette tyder på at innavlen er moderat og relativt jevnt fordelt i populasjonen. Samlet peker resultatene mot at vestlandsk fjordfe har bevart en bred genetisk base sammenlignet med flere av de andre norske bevaringsrasene.

8.5.5 Melkeproteinvarianter

Vestlandsk fjordfe hadde det høyeste antallet private proteinendrende varianter blant de norske bevaringsrasene, med totalt 21 varianter. Blant disse ble det identifisert en privat missense-variant i αS1-kasein, der aminosyre 68 endres fra alanin til treonin. Rasen hadde også den avkortede αS2-kasein-varianten som ble funnet hos dølafe og telemarkfe. Varianten fører til at proteinet avkortes fra 222 til 116 aminosyrer og forventes å påvirke proteinets funksjon. Dette kan potensielt ha betydning for egenskaper knyttet til melk og ysting.

8.5.6 Oppsummering

Vestlandsk fjordfe framstår som en genetisk robust bevaringsrase med lavt genomisk innavlsnivå, relativt høy effektiv populasjonsstørrelse og god genetisk bredde. Rasen kjennetegnes av sin signaturkomponent V8, men deler samtidig flere genetiske trekk med andre nordiske storferaser. Vestlandsk fjordfe skiller seg også ut ved å ha det høyeste antallet private proteinendrende varianter i melkeproteingener, inkludert varianter i både αS1-kasein og αS2-kasein. Dette understreker rasens betydning som bærer av unik genetisk variasjon blant de norske storferasene.

8.6 Vestlandsk raudkolle

8.6.1 Genetisk variasjon og struktur

Vestlandsk raudkolle viser moderat genetisk variasjon og danner en tydelig gruppe i PCA-analysene. Samtidig finnes det tegn til intern populasjonsstruktur, der enkelte dyr grupperer seg i mindre undergrupper innen rasen. Dette tyder på at ulike slektslinjer kan ha utviklet seg noe forskjellig over tid.

8.6.2 Slektskap og genetiske forbindelser

Vestlandsk raudkolle inngår i den tradisjonelle nordiske rasegruppen og har genetiske forbindelser til flere norske og nordiske storferaser. Rasen framstår likevel som mer genetisk avgrenset enn for eksempel STN og østlandsk rødkolle. Resultatene tyder på at vestlandsk raudkolle har bevart et tydelig genetisk særpreg samtidig som den deler enkelte genetiske trekk med andre tradisjonelle nordiske raser.

8.6.3 Genetiske komponenter

Vestlandsk raudkolles signaturkomponent V6 utgjør over 70 % av rasens genetiske sammensetning. Denne komponenten forekommer bare i lave andeler i de fleste andre raser og framstår derfor som karakteristisk for vestlandsk raudkolle. Komponent V8 utgjør 9 % av rasens genetiske sammensetning og er den nest viktigste genetiske komponenten i vestlandsk raudkolle. V8 er signaturkomponenten i vestlandsk fjordfe, og finnes i mindre mengder i flere norske og svenske storferaser. Dette indikerer genetiske forbindelser til andre nordiske raser, samtidig som hoveddelen av rasens genetiske sammensetning er særegen.

8.6.4 Genomisk innavl

Vestlandsk raudkolle hadde et moderat nivå av genomisk innavl (FROH = 8,90 %), som var blant de laveste av de norske bevaringsrasene. Den effektive populasjonsstørrelsen (Ne = 70) var på nivå med dølafe og noe lavere enn hos vestlandsk fjordfe og STN. Figuren over FROH viser samtidig at innavlsnivået varierer mellom individer, men uten de store utslagene som ble observert hos dølafe og telemarkfe. Resultatene tyder på at rasen har bevart en relativt god genetisk bredde.

8.6.5 Melkeproteinvarianter

Det ble identifisert 12 private proteinendrende varianter i gener som koder for melkeproteiner. Dette er det laveste antallet som ble registrert blant de norske bevaringsrasene og er på samme nivå som østlandsk rødkolle. Ingen private varianter ble identifisert i αS1-kasein eller αS2-kasein. Den biologiske betydningen av de øvrige variantene er foreløpig ukjent.

8.6.6 Oppsummering

Vestlandsk raudkolle framstår som en genetisk særpreget norsk storferase med en signaturkomponent som i liten grad deles med andre raser. Samtidig har rasen et relativt lavt genomisk innavlsnivå og en moderat effektiv populasjonsstørrelse. Resultatene tyder på at rasen har bevart sitt genetiske særpreg samtidig som den fortsatt har en genetisk bredde som gir et godt grunnlag for videre bevaringsarbeid.

8.7 Norsk rødt fe (NRF)

8.7.1 Genetisk variasjon og struktur

Norsk rødt fe skiller seg tydelig fra de tradisjonelle norske storferasene i PCA-analysene og grupperer seg sammen med de øvrige moderne nordiske røde rasene. Dette gjenspeiler rasens moderne avlshistorie og sammensatte genetiske bakgrunn.

8.7.2 Slektskap og genetiske forbindelser

NRF har sterk genetisk tilknytning til moderne svensk röd och vit boskap (RDCSWE), finsk ayrshire (RDCFIN) og moderne dansk rød malkerace (RDCDNK). Slektskapsanalysene viser at disse rasene danner en egen gruppe blant de moderne nordiske røde storferasene. Tilknytningen mellom rasene reflekterer historisk utveksling av avlsmateriale og relativt felles avlsmål i de nordiske landene.

8.7.3 Genetiske komponenter

NRF deler genetiske komponenter i hovedsak med moderne og tradisjonell svensk rød og hvit boskap (RDCSSWE og SRB). NRF er den eneste norske rasen som deler en genetisk komponent med dansk jysk kvæg (JYS). I motsetning til flere av de norske bevaringsrasene har NRF ingen signaturkomponent som framstår som unik for rasen. Resultatene understreker den sammensatte genetiske opprinnelsen til dagens NRF-populasjon.

8.7.4 Genomisk innavl

Det ble ikke beregnet genomisk innavl (FROH) for NRF i denne studien. Rasen inngår derfor ikke i sammenligningene av genomisk innavl og effektiv populasjonsstørrelse mellom de norske bevaringsrasene.

8.7.5 Oppsummering

Norsk rødt fe skiller seg fra de norske bevaringsrasene ved å ha sterke genetiske forbindelser til de andre nordiske moderne røde rasene. Analysene viser høy grad av delte genetiske komponenter og nært slektskap til moderne svenske, finske og danske rødraser. Resultatene er i tråd med rasens dokumenterte avlshistorie og den omfattende genetiske utvekslingen som har funnet sted mellom de nordiske landene.

9 Konklusjon

Denne studien har gitt ny kunnskap om genetisk variasjon, slektskap, genetiske komponenter, genomisk innavl og genetiske varianter i melkeproteingener hos de norske storferasene. Analysene viser at de seks bevaringsverdige rasene fortsatt representerer betydelig genetisk variasjon og har tydelige genetiske særtrekk som skiller dem fra hverandre og fra moderne storferaser. Samtidig framstår ingen av dem som genetisk isolerte. Flere genetiske komponenter forekommer i både norske, svenske og finske raser, noe som tyder på genetiske forbindelser mellom de nordiske storferasene, om enn i varierende grad.

De ulike analysemetodene belyser ulike sider av rasenes genetiske sammensetning. Mens PCA- og slektskapsanalysene beskriver overordnede mønstre i genetisk variasjon og slektskap, gir analyser av genetiske komponenter, migrasjonsmønstre og genomisk innavl innsikt i andre sider av rasenes genetiske status. Resultatene viser at ingen enkeltanalyse alene gir et fullstendig bilde av rasenes genetiske situasjon, men at analysene samlet gir et bredt grunnlag for vurdering av genetisk variasjon og bevaringsstatus.

Analysene av genomisk innavl viste forskjeller mellom rasene både i gjennomsnittlig innavlsnivå og i variasjonen mellom individer. Sammenligningen mellom genomisk innavl og effektiv populasjonsstørrelse illustrerer at disse målene beskriver ulike aspekter ved rasenes genetiske situasjon. Forvaltning av bevaringsrasene bør derfor baseres på en samlet vurdering av genetisk variasjon, genomisk innavl og effektiv populasjonsstørrelse.

Analysene av melkeproteingener viste at de norske bevaringsrasene også inneholder unik funksjonell genetisk variasjon. Flere private proteinendrende varianter ble identifisert, blant annet i gener som koder for de viktige melkeproteinene αS1-kasein og αS2-kasein. Den biologiske betydningen av de fleste variantene er foreløpig ukjent, men resultatene viser at de norske rasene representerer genetiske ressurser som kan ha betydning også utover bevaringsarbeidet og bør derfor danne grunnlag for videre forskning på melkekvalitet fra de bevaringsverdige storferasene.

Samlet bekrefter resultatene at de norske bevaringsverdige storferasene utgjør en viktig del av den nasjonale husdyrgenetiske arven. Bevaring av disse rasene handler ikke bare om å bevare antall dyr, men også om å bevare genetisk variasjon, særpreg og framtidige muligheter for utnyttelse av unike genetiske egenskaper. Rapporten gir et oppdatert kunnskapsgrunnlag som bør brukes i videre avlsarbeid, forvaltning og bevaring av de norske truede storferasene.

NIBIO
NORSK INSTITUTT FOR BIOØKONOMI

NORSK GENRESSURSSENTER
genressurser.no

NIBIO skal være nasjonalt ledende for utvikling av kunnskap om bioøkonomi.

Gjennom forskning og kunnskapsproduksjon skal instituttet bidra til matsikkerhet, bærekraftig ressursforvaltning, innovasjon og verdiskaping innenfor verdikjedene for mat, skog og andre biobaserte næringer. Instituttet skal levere forskning, forvaltningsstøtte og kunnskap til anvendelse i nasjonal beredskap, forvaltning, næringsliv og samfunnet for øvrig.

NIBIO er underlagt Landbruks- og matdepartementet som et forvaltningsorgan med særskilte fullmakter og eget styre. Hovedkontoret er på Ås. Instituttet har flere regionale enheter.

Norsk genressurssenter er etablert av Landbruks- og matdepartementet som en enhet ved NIBIO.

Norsk genressurssenter skal bidra til å overvåke status og sikre bærekraftig bruk og bevaring av de nasjonale genetiske ressursene i husdyr, nytteplanter og skogtrær. Senteret har et spesielt ansvar for å følge opp landbrukets truede genetiske ressurser eller genetiske ressurser som har liten økonomisk verdi i dag. Disse kan ha egenskaper av verdi for morgendagens landbruksproduksjon. Norsk genressurssenter er et rådgivende organ for Landbruks- og matdepartementet og følger opp nasjonalt genressursarbeid i nordiske og internasjonale fora.

Forsidefoto: Midterste bilde i øverste rad og tredje bilde fra venstre i nederste rad: Solveig Goplen. Øvrige bilder: NIBIO.

nibio.no