

## Slutrapport

### Dansk Korthornsavl i Fremtiden – Genomisk Kortlægning af Korthornpopulationer

Anna A. Schönherz

12. march 2021

Målet med undersøgelsen var at undersøge hvilke nulevende korthornsbestande, der bedst kunne egne sig som kilde til fornyelse af den genetiske variation i Dansk Korthorn.

Inden for projektets rammer er der indsamlet biologiske prøver fra 60 malkekorthorn fra Danmark, England, Canada og Australien og 12 kødkorthorn fra Tyskland. De indsamlede prøver blev chiptypet. Tidligere indsamledes genotyper fra 2014 fra 60 Dansk Korthorn i et bevaringsudvalgsprojekt. Derudover er indsamlet markørdata for moderne britiske malkekorthorn, ublandet britiske malkekorthorn, samt amerikansk og irsk kødkorthorn. Alt i alt blev markørdata fra **455 dyr fra 10 korthornspopulationer** indsamlet og analyseret. Undersøgte markørdata er fra 158 malkekorthorn fra 7 populationer (Dansk Korthorn, Britisk Bevaringsmalkekorthorn, moderne britiske malkekorthorn, ublandet britiske malkekorthorn, Northern Dairy Shorthorn, canadiske malkekorthorn, og australske malkekorthorn) og 297 kødkorthorn fra 3 populationer (amerikansk kødkorthorn, irsk kødkorthorn, og tysk kødkorthorn). Korthornsgenotyperne blev sammenholdt med eksisterende referencedata fra øvrige 33 malke- og kødkvægsracer.

De genetiske afstande mellem korthornspopulationerne viser, at Dansk Korthorn er **nærmest beslægtet** med kødkorthorn fra Irland, ublandet britiske malkekorthorn, og kødkorthorn fra Tyskland. Blandt de ti undersøgte korthornspopulationer kunne der spores særskilte afstamninger for Dansk Korthorn, Britisk Malkekorthorn, Northern Dairy Shorthorn, Canadisk Malkekorthorn og kødkorthorn. Dansk Korthorn er genetisk ensartet og adskiller sig genetisk fra andre undersøgte korthornspopulationer. Dansk Korthorn indtager en genetisk selvstændig position. Dette skyldes hovedsageligt tab af genetisk variation som følge af en ringe populationsstørrelse.

Den danske population er præget af **stærkt reduceret genetisk variation**. Den har den lavest diversitet blandt alle undersøgte racer (sammen med Northern Dairy Shorthorn). Dyr af Dansk Korthorn er indbyrdes tæt beslægtede. Den gennemsnitlige genomiske indavlsgrad i Dansk Korthorn er 28 %. Andre små malkekorthornspopulationer (Britisk Bevaringsmalkekorthorn, Northern Dairy Shorthorn) har en gennemsnitlig indavlsgrad på 24 %. En stor del af indavlen i Dansk Korthorn skyldes nylig indavl. I de to britiske bevaringspopulationer er indavlen hovedsageligt af ældre dato. Indavlsgraden er en trussel mod populationens overlevelse. En yderligere stigning af indavlsgraden vil resultere i yderligere nedsat evne til reproduktion, en nedsat livskraft og en reduceret modstandsdygtighed over for sygdomme og dermed et forringet helbred. Dansk Korthorns genetiske ensartethed er et udtryk for indavl snarere end tilpasning til lokale forhold ellerracens egenart og bevaringsværdighed.

Flere dyr udviste tegn på **opblanding med andre racer**: 4 undersøgte dyr i Dansk Korthorn er resultat af nylig indkrydsning med malkekorthorn fra England (3 dyr førstegenerationshybrider med ca. 50 % britisk malkekorthornsafstamning, 1 dyr andengenerationshybrid med ca. 25 % britisk malkekorthornsafstamning), 4 undersøgte dyr viser tegn på nylig indkrydsning med kødkorthorn (2 førstegenerationshybrider, 2 andengenerationshybrid), mens 1 undersøgt dyr viser tegn på indkrydsning med andre kødkvægsracer.

Et **bæredygtigt bevaringsprogram** for Dansk Korthorn forudsætter et tilstrækkeligt antal dyr med tilstrækkelig genetisk variation, og at slægtskabet mellem dyrene i racen kendes. Kun på den måde kan avlen organiseres, så indavlsgraden ikke vokser yderligere. Et fortsat tab af genetisk variation vil føre til et yderligere tab af frugtbarhed og livskraft. Det vil true racens overlevelse.

## Slutrapport

På baggrund af det foreliggende data anbefales **genfornyelse** som redskab i en bæredygtig bevaring af Dansk Korthorn. Anvendelse af avlsdyr fra andre korthornpopulationer kan bruges til at øge den genetiske variation i bestanden for at forbedre livskraften. En identifikation af udenlandske korthornpopulationer, som vil være velegnede til fornyelse af den genetiske variation i et bæredygtig avlsarbejde med Dansk Korthorn uden, at den danske korthornpopulations egenart kompromitteres, kunne ikke entydigt bestemmes. Canadiske malkekorthorn og Northern Dairy Shorthorn fra England er fjernt beslægtede med Dansk Korthorn. De frarådes derfor som kilde til genfornyelse for Dansk Korthorn. Yderlige informationer som fænotypiske egenskaber bør indrages ved valg af egnede populationer til brug til krydsning. Genfornyelse i kombination med optimal bidragsselektion (Villanueva og Woolliams, 1997) har for nylig været benyttet til at redde den Norske Lundehund (Kettunen et al. 2017). En kombineret indsats har et stort potentiale for også at optimere avlsplanlægningen og bevaringen af Dansk Korthorn.

### Konklusioner:

- Dansk Korthorns nærmeste genetiske slægtninge er irsk kødkorthorn, ublandet britiske malkekorthorn, og tysk kødkorthorn.
- Undersøgte Dansk Korthorn er genetisk homogene med en gennemsnitlig renhedsgrad på 91 %. Dog viser 9 dyr tegn på nylig indkrydsning fra andre racer.
- Dansk Korthorn har mistet en stor del af sin genetiske variation.
- Med 28 % (op til 44 % i et individ) har Danske Korthorn en alarmerende høj genomisk indavlsgrad. Det er den højeste indavlsgrad af alle undersøgte korthornpopulationer.
- En stor del af indavlen er opstået i de seneste generationer.

### Anbefalinger:

- For på sigt at bevare den Danske Korthorn er det nødvendigt
  - At populationsstørrelsen øges
  - At den genetiske variation øges ved brug af avlsmateriale fra beslægtede populationer.
- Det er ikke muligt entydigt at anbefale en specifik udenlandsk korthornpopulation, men kandidater er Britisk Bevaringsmalkekorthorn, australsk malkekorthorn eller tysk kødkorthorn. Valget vil afhænge af vægtning af genetisk slægtskab vs. fænotypisk lighed.
- Avlsplanlægning og brug af udenlandske dyr optimeres ved brug af optimal bidragsselektion
- Genetisk ensartethed og egenart må ikke tolkes som tilpasning eller bevaringsværdighed, idet den genetisk selvstændige position hovedsageligt skyldes tab af genetisk variation.

Data fra projektet har dannet grundlag for Tina Ravn speciale: "CONSERVATION OF GENETIC RESOURCES - A GENOMIC CHARACTERISATION OF DANISH DAIRY SHORTHORN."

### Litteraturhenvisninger:

- Sørensen, L.H.; Nielsen, V.H. 2017. Danske Husdyrgenetiske ressourcer. DCA rapport, nr. 100, Aarhus Universitet. ISBN: 978-87-93398-78-8. <http://web.agrsci.dk/djfpublikation/djfpdf/DCArapport100b.pdf>
- Villanueva, B. og Woolliams, J. 1997. Optimization of breeding programmes under index selection and constrained inbreeding. *Genetical Research* 69: 145-158.
- Kettunen, A.; Daverdin, M.; Helfjord, T.; Berg, P. 2017. Cross-Breeding Is Inevitable to Conserve the Highly Inbred Population of Puffin Hunter: The Norwegian Lundehund; *PLoS ONE* 12(1):e0170039. doi:10.1371/journal.pone.0170039