



Noregs miljø- og
biovitenskapelige
universitet

Masteroppgåve 2017 60 stp
Fakultet for Biovitenskap
Institutt for Husdyr- og Akvakulturvitenskap

Genetisk variasjon og clusteranalyse på bakgrunn av slektskapsdata hjå dølahest

Genetic variation and cluster analysis based on
pedigree information of the Norwegian Dole horse

Marita Melheim
Husdyrvitenskap

Samandrag

Formålet med denne oppgåva var å analysere genetisk variasjon hjå dølahesten, å sjå på slektskapsstruktur i rasen ved hjelp av clusteranalyse, samt å sjå på moglegheiter for gode strategiar for berekraftig avl i framtida. Datasettet som er bakgrunn for oppgåva vart motteke av Norsk Hestesenter/Norsk Rikstoto i 2016 og omfattar alle registrerte dølahestar i perioden 1847-2016 (N=32997).

Effektiv populasjonsstorleik (N_e) vart rekna ut ved hjelp av to metodar. Metode 1 er basert på slektskapsinformasjon i ein referansepopulasjon med hestar fødd 2010-2015 (N=948), og gir eit bilete av genetisk variasjon i populasjonen basert på informasjon om seleksjonsavgjersler dei siste åra. Metode 2 estimerer N_e basert på log-regresjon av fødselsår av referansepopulasjonen inkludert aner (N=3932), og gir ei oversikt over populasjonen over lengre tid. N_e estimert med Metode 1 gav eit resultat på 151,66 dyr, medan Metode 2 gav eit resultat på 51 dyr.

Clusteranalysen syner at det gjennomsnittlege slektskapet i referansepopulasjonen er svært høgt (nærmare 30%). Resultatet syner også at den genetiske diversiteten i rasen er representert i veldig små cluster, der mykje av variasjonen er å finne i importerte linjer. For å sikre ein langsiktig og berekraftig forvaltning av rasen, er det naudsynt å ta grep for å auke genetisk mangfald og avgrense innavlsnivået. Fokuset må ligge på å auke populasjonsstorleiken (fleire registrerte føl), auke tal hingstar i avl, halde oversikt over slektskapet mellom avlshingstar og sørge for mest moglege homogene avkomsgrupper.

Å køyre clusteranalyse på heile populasjonen kan vere eit effektivt tiltak for å sikre at den genetiske variasjonen i rasen vert ivaretatt. Clusteranalyse kan også vere eit visuelt og nyttig verktøy for den enkelte hesteeigar når paringsavgjersler skal takast. I tillegg vil det vere lettare å sikre at hingstar i dei ulike clusterane vert kåra. For å sikre langsiktig og berekraftig forvaltning av rasen, bør ein innføre seleksjon for optimale bidrag.

Abstract

The purpose of this thesis was to calculate inbreeding parameters, investigate the pedigree structure in the breed by cluster analysis and find potential for good strategies for long term breeding. The data consisted of all registered Dole horses in the period 1847-2016 (N=32997), and was received from the Norwegian Horse Centre in 2016.

Effective population size (N_e) was calculated based on two different methods. Method 1 is based on the pedigree information in a reference population of horses born 2010-2015 (N=948), and provides a picture of genetic variation in the population based on information from the last years mating decisions. Method 2 calculates N_e based on log regressions of birthyears of the reference population including ancestors (N=3932), and gives an overview of the population over time. N_e estimated by Method 1 gave a result of 151,66 animals, while Method 2 estimated N_e to be 51 animals.

The cluster analysis indicates that the average relationship in the reference population is very high (almost 30%). The results also indicate that the genetic variation in the breed is represented in very small clusters, and most of the variation is to be found in imported lines. To ensure long-term management of the breed, it is advisable to have a good overview of the family structure when selection decisions are to be made. The focus must be on increasing the population (multiple registered foals), increasing the number of sires that are mating, having focus on relationships between potential breeding animals and to avoid large variation in the progeny group of the sires.

To do a cluster analysis on the whole population can be an effective tool to ensure that the genetic variation in the breed is included in the next generation. Cluster analysis can also be a visual and easy tool for horseowners when mating decisions are to be made. In addition, it can be easier to ensure that sires in different clusters are selected. For long-term management, selection for optimal contribution should be used.

Føreord

Heilt i frå eg var lita har eg vore svært interessert i hest. Av den grunn falt valet på å søke på bachelor i hest på UMB etter endt vidaregåande opplæring. Kunnskapen eg tileigna meg gjennom denne utdanninga vekte ei interesse og eit ynskje om å lære meir om temaet avl. Dette førte til ei mastergrad i husdyrvitenskap på NMBU, retning avl og genetikk.

Sjølv eig eg to hestar, ein varmlods ridehest og ein hest av nasjonal rase. Sidan bacheloroppgåva mi omhandla norsk varmlod, var det eit ynskje at masteroppgåva skulle omhandle ein av dei nasjonale rasane. Då tilbodet om å skrive ei oppgåve om dølahesten kom, var ikkje valet vanskeleg.

Eg vil gjerne takke hovudrettleiar, Hanne Fjerdingby Olsen, for hennar engasjement, tolmod og gode innspel undervegs med oppgåva. I tillegg vil eg takke birettleiar, Gunnar Klemetsdal, for gode tips og innspel til drøftingsdelen.

Eg vil også takke Mia Høiseth for morosame, motiverande og lærerike diskusjonar og økter på lesesalen. Til slutt vil eg takke mamma, Vivian Frøynes Melheim, for god korrekturlesing på vegen mot ei ferdigstilt oppgåve.

Eg håpar denne oppgåve vil vere nyttig og lærerik også for andre.

Fakultet for Biovitenskap

Institutt for Husdyr- og Akvakulturvitenskap

NMBU

Nordfjordeid, 10.08.17

.....

Marita Melheim

Innholdsliste

Samandrag	1
Abstract	2
Føreord	3
1 Innleiing	5
1.1 Historia til dølahesten	6
1.2 Innavl	8
1.3 Effektiv populasjonsstorleik (N_e)	9
1.4 Clusteranalyse	9
2 Material og metode	11
2.1 Material	11
2.2 Metode	15
2.2.1 Komplet generasjonsekvivalent	15
2.2.2 Generasjonsintervall	15
2.2.3 Effektiv populasjonsstorleik – Metode 1	16
2.2.4 Effektiv populasjonsstorleik – Metode 2	17
2.2.5 Cluster	18
3 Resultat	19
3.1 Innavlsestimeringar	19
3.2 Clusteranalyse	24
4 Drøfting	29
5 Konklusjon	40
6 Referansar	41

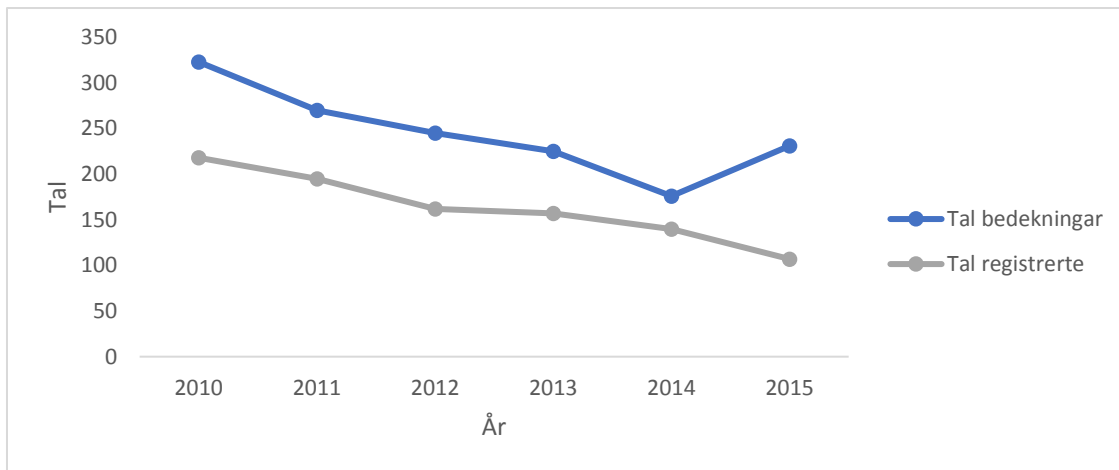
1 Innleiing

Dølahesten er ein av fire nasjonale hesterasar. Rasen vart utvikla frå den gamle norske hesten i Gudbrandsdalen og på dei indre, store jordbruksbygdene på Austlandet (Vangen et al. 2007), med noko innkryssing av danske og tyske hingstar (Dahle 2009). Rasen har truleg også vorte prega av den engelske fullblodshingsten Odin som bedekka omkring 1000 norske dølahesthopper på byrjinga av 1800-talet (Vangen et al. 2007). Odin vart skildra som velskapt, rask, kraftig og uthaldande, men med dårleg temperament (Det KGL. Selskab for Norges Vel 1902).

Så lenge hesten har vore i menneska si teneste har det vore drive ei form for avlsarbeid, men det organiserte avlsarbeidet på dølahesten starta først på byrjinga av 1800-talet. Den første reine avlsutstillinga for dølahest vart arrangert på Stav i 1859. Dette var også den første utstillinga som vart arrangert for hest i Noreg (Dahle 2009). Tidlegare vart dølahesten i hovudsak nytta som arbeidshest innan primærnæringane jordbruk og skogbruk, medan bruksområda i dag femner over eit større spekter. I tillegg til at rasen framleis har eit potensiale som skogs- og landbrukshest for alternative produksjonsformer, så vert dølahesten også nytta til meir hobbyprega aktivitetar. Årleg vert det arrangert dølahestmeisterskap, der målet er å fremje allsidig bruk av rasen (Landslaget for Dølahest 2017). Rasen er også aktuell i turistprega transport (Dahle 2009).

Dølahesten er kjend for å vere sterkbygd, ha gode bruksegenskapar og eit roleg og godt gemytt (Vangen et al. 2007). På grunn av at dølahesten sitt tradisjonelle bruksområde ikkje lenger utgjer noko vesentleg del av landbruket, og at rasen i tillegg konkurrerer om kjøparar med importerte, meir spesialiserte hesterasar, har det ført til at dølahesten, i likskap med dei andre særnorske rasane, har vorte eit offer for minkande bedekningstal. Dølahesten står no på FAO si liste over trua dyreartar som ”trua – vedlikeholdt” (FAO 2000; LMD 2016).

Figur 1 syner tal bedekte hopper og registrerte føl for åra 2010-2015 (Norsk Hestesenter 2017a). I denne perioden vart det bedekka færrest hopper i år 2014 med kun 176 bedekningar.



Figur 1 Oversikt over tal bedekningar og tal registrerte føl for åra 2010-2015. Kjelde: Norsk Hestesenter 2017a

1.1 Historia til dølahesten

Dølahesten er sterkt prega av matadoravl med utstrakt bruk av nokre populære hingstar (Dahle 2009). Matadorane får eit stort antal avkom og kan få mange kåra søner etter seg, noko som fører til linjeavl. I tillegg til at slektskapet mellom hingstar vil auke, kan linjeavl føre til at den effektive populasjonsstorleiken vert redusert og at innavlen vil auke (Bourdon 2000).

Ein av desse matadorane var Veikle-Balder, sonen til sonesonen av fullblodhingsten Odin, som tidleg vart eit ideal for rasen. Veikle-Balder var den første hingsten som fekk gå med hopper på fjellbeite i Heimdalen og i Sikkilsdalen. Dovre 130 fekk seinare ein tilsvarande posisjon. Veikle-Balder tilførte rasen meir edelt blod, medan Dovre 130 påverka rasen til å verte større og kraftigare. Tidleg på 1900-talet hadde hestslåmaskina og fleire andre tunge hestereiskapar for jordbruket fått stor utbreiing, og det var eit ynskje om ein tyngre dølahest (Dahle 2009). Brimin 825, fødd 1908, og sonesonen Gjestar, fødd 1919, var av dei tyngre typane og var lenge dei mest betydningsfulle avlshingstane for dølahesten og sette tydelege preg på rasen (Dahle 2009; Vangen et al. 2007).

I første halvdel av 1900-talet var dølahesten sterkt prega av matadorane. Eit resultat av dette var at innavlen i rasen auka kraftig og gjorde seg gjeldande ved at eigenskapar som ikkje var ynskjelege etter kvart oppsto hjå avkoma (Dahle 2009). Problema rasen hadde i mellomkrigstida med nedsatt fruktbarheit, draktbruskforbeining, dårlege bakbeinsrørsler og hoftelddslukasjon var truleg resultatet av at sterk innavl vart mykje nytta som avlsmetode i rasen (Dahle 2009; Vangen et al. 2007).

I følge Vangen (1983) var innavlsnivået hjå hingstane opptil 9,9% og 5,7% hjå dei stambokførte hoppene på 1930- og 1940-talet. For å redusere innavlen i rasen vart det frå år 1953 lovleg å nytte hingstar av rasen kaldblodstravar (Gaustad 1953). Kaldblodstravaren har hatt felles stambok med dølahesten fram til 1936 (Vangen 1996). Å nytte travarlinjer som var mindre i slekt med rasen resulterte i at rundt år 1970 var innavlen totalt i populasjonen nede i 3,1% (Kvam 2003). Kring år 1970 endra avlspolitikken seg, og kaldblodstravarar vart ikkje lengre ynskja i dølahestavlen.

Nye estimeringar gjort på slutten av 1990-talet viste at innavlen i rasen igjen hadde auka (Vangen 1999) og det vart foreslått nye tiltak for å redusere innavlen. Dette resulterte i at éin nordsvensk hingst og éin hingst av rasen kaldblodstravar vart sleppt i fjellhamn sesongen 2000 og 2001. Det gjekk også éin nordsvenskhingst i Sikkilsdalen sesongen 2002 (Kvam 2003). Den nordsvenske brukshesten er delvis bygd opp av avlsmateriale frå tidlegare import til Sverige frå Noreg (Dahle 2009). I følge avlsplanen til nordsvensk brukshest skal rasen vere ein middelsstor kaldblodshest som vert avla for å vere ein allsidig køyrehest med godt temperament (Föreningen Nordsvenska Hästen 2015). Den nordsvenske brukshesten har vore påverka av meir tyngre trekkhestar, til dømes ardenner, og er rundt 150-200 kg tyngre enn den norske dølahesten (Vangen et al. 1999).

Hensikta med å sleppe kaldblodstravarar og nordsvenske hingstar med hopper i fjellet var å få to til tre godkjende søner etter kvar hingst som kunne nyttast vidare i avlen slik at innavlsutviklinga i rasen vart påverka i rett retning (Kvam 2003). På bakgrunn av dette skulle ein kunne vente ein reduksjon i innavl og ein auke i genetisk mangfald hjå dølahesten. Arbeidet til Farestveit (2009) syner derimot at det har vore ein nedgang i genetisk variasjon i rasen, samanlikna med tidlegare utrekningar av Olsen et al. (2010). Av avkoma til kaldblodshingstane som vart sleppt i fjellhamn vart det ikkje kåra nokre søner. Etter dei nordsvenske hingstane vart det kun kåra fire søner, der berre eitt av avkoma til desse att vart kåra (Farestveit 2009). Ved å samanlikne innavlsraten for siste generasjon for dyr fødd 1990-1998 med dyr fødd 2003-2007 har innavlsraten auka med 0,16 prosentpoeng (Farestveit 2009; Olsen et al. 2010). I tillegg har det vore ein auke i slektskapet mellom hingstar som går i avl om ein samanliknar dei same periodane (Farestveit 2009).

1.2 Innavl

Innavl førekjem når foreldra til eit individ har ein eller fleire felles forfedre (Boichard et al. 1997), og vert definert som sannsynet for at to allel i eit locus er identiske i opphav.

Innavlskoeffisient (F) er det mest nytta målet til å vurdere graden av slektskap mellom foreldra til eit avkom, og måler graden av genetisk drift i ein populasjon. I små populasjonar er det ikkje mogleg å unngå innavl fullstendig, då alle individ er i slekt om vi sporar anane langt nok tilbake (FAO 1998).

Individ utan kjend slektskap har ein innavlskoeffisient lik 0, og blir sett på som ein «founder», ein grunnleggar av populasjonen (Falconer & Mackay 1996). Manglande slektskapsinformasjon kan derfor gi unøyaktige estimat av innavlskoeffisientar. For at innavlskoeffisienten skal kunne vere målbar, vert den samanlikna med basepopulasjonen der $F=0$ som betyr at alle individ er ubeslekta (Falconer & Mackay 1996). I populasjonssamanheng gir innavlskoeffisienten til kvart dyr lite informasjon. Innavlsraten (ΔF) fortel derimot noko om potensielle farer i ein populasjon då den måler auken i innavl og tempoet på tapet av genetisk variasjon i ein populasjon.

Tap av genetisk variasjon og opphoping av skadelege recessive gen kan føre til innavlsdepresjon (Lynch & Walsh 1998), og er forbundet med eigenskapar knytt til reproduksjon og overleving hjå avkom (Lacy 1997). Ved innavlsdepresjon vil gjennomsnittleg fenotype få ein nedgang som følgje av aukande homozygoti innan populasjonen. Di mindre populasjonen er, di meir drift vil ein få, og det er større sannsyn for at allela vert identiske i opphav. Ved hurtige endringar i innavlskoeffisienten vil innavlsdepresjonen verte meir alvorleg. Naturleg seleksjon kan motverke innavlsdepresjonen ved å redusere effekten av skadelege alleler (Falconer & Mackay 1996).

FAO (1998) anbefaler at ΔF bør vere under 1% per generasjon. For ein liten populasjon, slik som dølahesten, kan ein ΔF på 1% per generasjon likevel vere kritisk over tid. ΔF bør ikkje vere høgere enn 0,5% per generasjon hjå dei nasjonale hesterasane. Norsk Hestesenter presenterte ein rapport i 2016 der det kjem fram at innavlsraten har auka med 1,2% per generasjon dei siste åra hjå dølahesten (Furre 2016b), noko som er langt over anbefalt grense.

1.3 Effektiv populasjonsstorleik (N_e)

Den effektive populasjonsstorleiken (N_e) vert definert som talet på effektive avlsdyr i ein populasjon, og er talet på individ som gir grunnlag for den estimerte innavlsraten (ΔF) dersom det vert avla i ein ideell populasjon (Falconer & Mackay 1996). N_e er anbefalt av FAO (1998) til å vere 50 dyr eller meir, avhengig av populasjonsstorleiken og grad av ivaretaking av rasen. For små og bevaringstrua raser bør ikkje N_e ligge under 100 dyr (Klemetsdal 1999). Er N_e mindre bør det setjast i gong tiltak for å auke den effektive populasjonsstorleiken slik at populasjonen ikkje skal miste genetikk. N_e er direkte kopla til innavlsraten og variasjonen som går tapt ved genetisk drift i ein populasjon (Falconer & Mackay 1996), og kan derfor nyttast som ein indikator i bevaringsarbeidet for utrydningstrua populasjonar.

Seleksjon vil redusere effektiv populasjonsstorleik då talet på effektive avlsdyr vil bli redusert, i tillegg til at sterk seleksjon i ein liten populasjon vil auke sannsynet for at dei selekterte avlsdyra er i slekt (Falconer & Mackay 1996). I ein liten populasjon vil seleksjon også føre til akselerering av genetisk drift (Olsen et al. 2010). Genetisk drift fører til fiksering av allel, medan naturleg seleksjon vil eliminere skadelege allel. Av den grunn er det viktig i ein bevaringssamanheng at effektiv populasjonsstorleik ikkje vert for låg då det kan føre til at genetisk drift vil dominere over det naturlege utvalet (Olsen et al. 2000).

1.4 Clusteranalyse

Det har tidlegare vore anbefalt å ta i bruk seleksjon for optimale bidrag (OCS – optimal contribution selection) for å auke den genetiske variasjonen hjå dølahesten (Farestveit 2009; Olsen et al. 2010). Ved å velje ut avlsdyr i henhold til optimale bidrag, noko som gir kvart reproduktivt dyr eit spesifikt bidrag til neste generasjon, kan genetisk mangfald i ein populasjon maksimerast samtidig som ein oppnår genetisk framgang ut i frå ei gitt avgrensing av ΔF (Olsen et al. 2013). For å køyre seleksjon for optimale bidrag må ein rangere dyra på bakgrunn av ein slektskapsverdi og ein avlsverdi. I tillegg treng ein ei oversikt over alle levande dyra i populasjonen, sidan det vert tildelt kvoter på bakgrunn av alle dyr.

Hesteavl består av individuelle avlarar som avlar på hobbybasis, og det kan derfor vere utfordrande å overbevise hesteeigarane om å ta i bruk OCS. Sidan seleksjon for optimale bidrag er basert på ei gitt avgrensing av ΔF , og dermed ein føresetnad om ein viss storleik på N_e , vil det truleg vere naudsynt å nytte hingstar i avlen som ikkje er dei best kvalifiserte i høve til avlsmålet. For å tilfredsstille føresetnaden om N_e må derfor nokre av hoppeeigarane

nytte hingstar som kanskje elles ikkje hadde vore gode nok til å verte kåra. I tillegg kan seleksjon for optimale bidrag verke lite stimulerande for å drive med oppdrett av avlshingstar då hingstane vil få tildelt hoppekvotar. Kvotane er dynamiske slik at dei kan variere stort mellom hingstar og kan føre til at nokre hingstar får tildelt små, individuelle kvoter.

Før alt er klart for å ta i bruk seleksjon for optimale bidrag, må ein ta i bruk andre verktøy for sikre ei forsvarleg forvaltning av rasen. For å auke det genetiske mangfaldet i ein populasjon kan det derfor vere nyttig å køyre ein clusteranalyse. Clusteranalysen vil gje ei oversikt over det genetiske mangfaldet innanfor populasjonen (Oliehoek et al. 2009). Populasjonen vert delt inn i ulike genetiske grupperingar, cluster (familiegrupper), der dyr innan eitt cluster er meir i slekt enn dyr mellom cluster (Olsen 2016). Individuelle oppdrettarar treng innsikt i populasjonsstrukturen og korleis dei kan vere med på å oppretthalde genetisk mangfald (Oliehoek et al. 2009). Ved å gruppere hestane i ulike cluster basert på slektskap kan det bli lettare for hoppeeigarar å velje hingstar som er i eit anna cluster og som dermed er meir genetisk ulik si eiga hoppe.

Formålet med denne oppgåva er å analysere genetisk variasjon hjå dølahesten, i tillegg til å sjå på slektskapsstrukturen i rasen ved hjelp av clusteranalyse og moglegheiter for gode strategiar for berekraftig avl for framtida.

2 Material og metode

2.1 Material

Datasettet som er bakgrunnen for denne oppgåva vart motteke av Norsk Hestesenter/Norsk Rikstoto i september 2016. Datasettet bestod av 32 997 hestar fødd i perioden 1847-2016. Dyr med ukjent fødselsår var oppført med fødselsår 1700. Oversikt over registrerte dyr per tiår er vist i Tabell 1.

For kvar hest var det informasjon om namn, individnummer, rase, hestenummer, fødselsår, kjønn, individnummer til far, hestenummer til far, rase til far, mor sitt individnummer, rase til mor og mor sitt hestenummer. Hestenummer er eit identitetsnummer basert på fødselsår og rase som vert nytta ved registrering av hestar i Noreg. Individnummeret vert nytta internt for Norsk Rikstoto sin database. Estimeringar i denne oppgåva er basert på individnummer.

Tabell 1: Oversikt over registrerte dyr per tiår

Fødselsår	Hingst¹	Hoppe	Totalt
Ukjend fødselsår	5	14	19
1840	5	0	5
1850	35	0	35
1860	73	0	73
1870	138	8	146
1880	169	441	610
1890	249	2002	2251
1900	225	2931	3156
1910	344	4034	4378
1920	164	3546	3710
1930	291	6059	6350
1940	303	2462	2765
1950	121	845	966
1960	140	1195	1335
1970	178	935	1113
1980	111	689	800
1990	873	1013	1886
2000	1142	1207	2349
2010 ²	530	520	1050
<i>Totalt</i>	<i>5096</i>	<i>27901</i>	<i>32997</i>

¹Hingst inneheld også urhingst, klapphingst og vallak

²Tiår 2010 inneheld individ registrert 2010-2016

Før arbeidet med estimeringar kunne starte, måtte opplagte feil i datasettet rettast opp i. Fedre og mødre som var oppført som ukjend vart satt til 0, og logiske feil som avkom fødte før sine foreldre vart retta opp i. Desse fekk nye fødselsår ved at ein såg på foreldra og eventuelle avkom sine fødselsår. Dyr som ikkje hadde registrert fødselsår fekk eit fiktivt fødselsår, bestemt til eitt år før dyrets eldste avkom. Nokre dyr vart søkt opp i den blå basen (Svenska Hästavelsförbundet 2014) og var der oppført med fødselsår. Desse individa vart lagt inn med nytt fødselsår manuelt. Individ som kun var registrert som forelder vart lagt til som individ med ukjend avstamming og fiktivt fødselsår. Klargjering av datasettet og estimeringar vart gjort i det statistiske programmet SAS (2016).

Dyr med ukjend far og mor vert rekna som ein founder, medan dyr med éin ukjend forelder er ein halvfounder (Boichard et al. 1997). Foundere har innavlskoeffisient lik 0, og reknast som ein del av basepopulasjonen og er ulike i opphav (Falconer & Mackay 1996). Tabell 2 syner oversikt over talet på heilfounderar og tal på dyr som var oppført med ukjend mor eller ukjend far i datasettet. Frå 1930-talet går tal på både heilfounder og totalt tal på halvfounder ned, før talet på halvfoundere går opp igjen frå år 2000.

Tabell 2: Oversikt over heilfounderar og halvfounderar per tiår, der halvfounderane er uttrykt som ukjend mor eller ukjend far.

Tiår	Heilfounder	Halvfounder med ukjend far	Halvfounder med ukjend mor	Totalt tal på halvfounder
Ukjent fødselsår	1	0	0	0
1840	5	0	0	0
1850	20	0	15	15
1860	21	0	52	52
1870	36	0	110	110
1880	171	2	419	421
1890	374	80	1256	1336
1900	278	151	1060	1211
1910	181	188	1040	1228
1920	164	198	761	959
1930	399	980	804	1784
1940	78	233	323	556
1950	23	15	257	272
1960	25	9	414	423
1970	3	4	114	118
1980	2	0	0	0
1990	5	1	1	2
2000	0	16	1	17
2010	0	8	0	8
<i>Totalt</i>	<i>1786</i>	<i>1885</i>	<i>6627</i>	<i>8512</i>

*Ukjend mor og far inkluderar mødre og fedre som står oppført som ikkje registrert og ikkje godkjend.

Det vart nytta ein referansepopulasjon for å avgrense arbeidet med oppgåva. Då datasettet vart motteke før 2016 var omme kan det tenkjast at ikkje alle hestar fødde i 2016 er registrert. Referansepopulasjonen for denne oppgåva består av den grunn av alle hestar fødd 2010-2015. Talet på dyr i referansepopulasjonen var 948 dyr.

I referansepopulasjonen dukka det opp mange falske founderar. Dette var dyr som ikkje var oppført med slektskapsinformasjon, men som i verkelegheita hadde aner tilbake til dølahestpopulasjonen. Totalt 33 hestar vart sletta frå datasettet. Åtte av hestane låg inne med ukjend far eller mor, og etter kontakt med Norsk Hestesenter viste det seg at dette ikkje er reelle halvfounderar. Desse hestane har av ulik årsak ikkje informasjon om far/mor, men dei har aner tilbake til dølahesten og kan av den grunn ikkje stå som halvfounder. I tillegg låg det inne 25 hestar som var oppført med kaldblodstravar som mor, men som ikkje hadde slektskapsinformasjon. Å inkludere desse hestane i innavlsestimeringar ville ha ført til underestimering av innavlen sidan dei har aner tilbake til dølahestpopulasjonen. For å få

nøyaktige estimat av innavlen hjå rasen er det viktig at alle dyr er registrert med riktig slektskapsinformasjon.

Det måtte også leggest til tre individ. To nordsvenske hingstar, Zultan og Björkhagens Modig, hadde fleire avkom i referansepopulasjonen der avkomma var oppført med ukjend far. Etter å ha søkt opp og sjekka anetavla til Zultan fem generasjonar tilbake i Blå Basen vart han lagt til som founder då han ikkje hadde aner tilbake til den norske dølahestpopulasjonen.

Björkhagens Modig vart lagt til som halvfounder då far til Björkhagens Modig, Moklompen, var registrert som dølahest i datasettet som vart motteke. Ei nordsvensk hoppe, Frøya, som også hadde avkom i referansepopulasjonen og som sjølv ikkje var oppført som individ i originalfila, vart også lagt til som halvfounder. Mor til Frøya, Åmot Pia, er registrert som dølahest i datasettet som vart motteke.

Tabell 3 syner oversikt over registrerte dyr per år i referansepopulasjonen. Som tabellen syner har det vore ein jamn nedgang i talet på registrerte dyr frå år 2010 til år 2015. I 2015 vart det kun registrert 106 dølahestar.

Tabell 3: Talet på registrerte dyr i referansepopulasjonen

Fødselsår	Hankjønn	Hokjønn	Totalt
2010	106	107	213
2011	90	99	189
2012	78	77	155
2013	76	75	151
2014	65	69	134
2015	64	42	106
<i>Totalt</i>	<i>479</i>	<i>469</i>	<i>948</i>

2.2 Metode

2.2.1 Komplette generasjonsekvivalent

Alle aner til individ i referansepopulasjonen vart spora tilbake til founderar ved hjelp av ein akkumuleringsprosedyre. Under denne prosedyren fekk kvart enkelt dyr lagt opp alle kjende aner for kvar generasjon bakover til det ikkje var fleire kjende slektningar att. Frå dei akkumulerte filene vart andel kjende aner per generasjon, totalt kjende generasjonar i anetavla og den komplette generasjonsekvivalenten (CGE) rekna ut. CGE kan tolkast som talet på kjende generasjonar i ei tilsvarende komplett anetavle, og vert nytta til å illustrere djupna i anetavlene. CGE vart rekna ut ved hjelp av fylgjande formel:

$$CGE = \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N \sum_{i=1}^{n_j} \frac{1}{2^{g_{ij}}}$$

der N er talet på individ i referansepopulasjonen, n_j er talet på genererte aner for dyr j og g_{ij} er talet på generasjonar mellom individ j og det individet sine aner, i (Boichard et al. 1997).

2.2.2 Generasjonsintervall

Generasjonsintervall (L) er definert som gjennomsnittleg alder på foreldra når selekterte avkom vert fødd (Falconer & Mackay 1996). Det vart satt ein restriksjon på foreldra som skulle inkludrast i generasjonsintervallet på at dei skulle vere minimum 4 år og maksimum 25 år. Formel som vart nytta til å rekne ut generasjonsintervall var følgjande:

$$\bar{L} = \frac{L_{far} + L_{mor}}{2}$$

der L er gjennomsnittleg generasjonsintervall, og er berekna på gjennomsnittleg generasjonsintervall til far og mor. Generasjonsintervallet på far (L_{far}) er:

$$L_{far} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n Far_{alder_i}$$

der n er tal på fedre og Far_{alder_i} er alder på far når selekterte avkom vert fødd.

Generasjonsintervall på mor (L_{mor}) er:

$$L_{mor} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n Mor_{alder_i}$$

der n er tal på mødre og mor_{alder_i} er alder på mor når selekterte avkom vert fødd.

2.2.3 Effektiv populasjonsstorleik – Metode 1

Ved å nytte slektskapsinformasjon kan innavlskoeffisientar (F) og innavlsraten (ΔF) verte estimert, og desse kan vidare nyttast til å estimere N_e . Dei individuelle innavlskoeffisientane vart estimert via Quaas-Henderson si algoritme (Henderson 1976; Quaas 1976). I estimeringane for innavlskoeffisientane (F) og innavlsraten (ΔF) vart det estimert ein standardfeil (SE) på innavlsestimeringane sin sensitivitet over ufullkomne data. Denne standardfeilen indikerer kor gode dataene faktisk er (Boichard et al. 1997).

Innavlsestimat og effektiv populasjonsstorleik vart rekna ut ved hjelp av to måtar. Metode 1 for estimering av innavlsparameterar baserast på Olsen et al. (2010) sitt arbeid. Denne metoden estimerer individuell innavlsauke ved hjelp av innavlskoeffisientane til dyra i referansepopulasjonen ($N=948$) og tilsvarande informasjon om deira foreldre.

Gjennomsnittleg ΔF for dyr i referansepopulasjonen vart estimert ut i frå følgjande formel:

$$\overline{\Delta F_{ti}} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \left(\frac{F_i - \frac{1}{2}(F_{far_i} + F_{mor_i})}{1 - \frac{1}{2}(F_{far_i} + F_{mor_i})} \right)$$

der N er tal på individ i referansepopulasjonen, F_i er individuell innavlskoeffisient for dyr i i referansepopulasjonen, og F_{far_i} og F_{mor_i} er individuell innavlskoeffisient til foreldra til dyret.

Ved å nytte individet i referansepopulasjonen sin F og foreldra sin F vart $\overline{N_e}$ rekna ut på følgjande måte:

$$N_e = \frac{1}{2\overline{\Delta F}}$$

der $\overline{\Delta F}$ er gjennomsnittleg innavlsrate for siste generasjon basert på opplysingar om referansepopulasjonen.

Ved estimering av standardfeil for N_e for denne metoden vart modellen til Cervantes et al. (2008), som er modifisert frå Gutierrez et al. (2008) nytta:

$$SE(\overline{N_e}) = 2\overline{N_e^2} \sigma \Delta F \frac{1}{\sqrt{n}}$$

der $SE(\overline{N_e})$ er standardfeilen estimert for den effektive populasjonsstorleiken (N_e) og $\sigma_{\Delta F}$ er standardavviket for innavlsraten (ΔF).

2.2.4 Effektiv populasjonsstorleik – Metode 2

Metode 2 nyttar regresjon på fødselsår av $\ln(1-F)$. Denne metoden er basert på arbeidet til Pérez-Enciso (1995) og estimerast ved bruk av den nøsta slektskapsfila ($N=3932$). Modellen som vart nytta er:

$$\ln(1-F_i) = y = \beta_0 + \beta_1 * f\ddot{o}dt + e_i$$

der $\ln(1-F_i)$ er den naturlege logaritmen til 1-individuell innavlskoeffisient (F) til dyr i , β_0 er konstant, β_1 er regresjonsvariabelen av fødselsår (f\ddot{o}dt) på y og e_i er tilfeldig feil knytta til regresjonen.

Estimeringar av ΔF basert på regresjon nyttast for å lage eit snitt for alle dyr i referansepopulasjonen, og vart berekna ved hjelp av formelen:

$$\Delta F = 1 - e^{\beta_1}$$

der β er regresjonskoeffisienten til fødselsåret.

Minimums- og maksimumsverdi for ΔF basert på denne metoden vart berekna ut i frå formlane:

$$\Delta F_{min} = 1 - e^{\beta_1 - SE\beta_1}$$

$$\Delta F_{max} = 1 - e^{\beta_1 + SE\beta_1}$$

der SE er standardfeilen til regresjonskoeffisienten β_1 .

Effektiv populasjonsstørrelse (N_e) vart estimert ved bruk av formelen:

$$N_e = \frac{1}{2\Delta F * L}$$

der ΔF er innavlsrate, og L er gjennomsnittleg generasjonsintervall hjå foreldra.

For å estimere minimums- og maksimumsverdi for effektiv populasjonsstorleik vart følgjande formel nytta:

$$N_{emin} = \frac{1}{2\Delta F_{max} * L}$$

$$N_{e\max} = \frac{1}{2\Delta F_{\min} * L}$$

der L er gjennomsnittleg generasjonsintervall til foreldra.

2.2.5 Cluster

For å kunne køyre clusteranalysen vart det først laga ei full slektskapsmatrise der referansepopulasjonen vart henta ut i frå. Den fulle slektskapsmatrisa vart så omgjort til ei distansematrise, og delmatrisa for individ i referansepopulasjonen vart nytta som grunnlag for ei hierarkisk clusteranalyse. Det vart prøvd ut tre metodar; «average», «complete» og «single». Programvaren RStudio (2016) vart nytta til å køyre clusteranalysen.

Ved å nytte metoden «average» vert distansen mellom to cluster rekna som gjennomsnittleg distanse mellom to observasjonar i kvart cluster (Sokal & Michener 1958). ”Complete” baserer seg på distansen mellom to cluster rekna som maksimal distanse mellom to observasjonar i kvart cluster (Sørensen 1948). Ved å nytte metoden «single» vert distansen mellom to cluster rekna som den minst moglege avstanden mellom to punkt i kvart cluster (Olsen 2016).

Ved å nytte metodane «average» og «single» vart resultatet vanskeleg å nytte vidare i oppgåva då det var utfordrande å skilje dei ulike clusterane. Ved å nytte metoden «complete» var det enklare å dele clusterane inn i ulike nivå. Seinare resultat er derfor basert på metoden «complete». Talet på cluster vart avgrensa til to, fire, seks, åtte eller ti. Gjennomsnittleg slektskap mellom individ innan og mellom cluster vart rekna ut.

I tillegg til å rekne ut gjennomsnittleg slektskap innan og mellom cluster, vart det rekna ut kva dyr som hadde det største genetiske bidraget til det aktuelle clusteret. Dette vart basert på Boichard et al. (1997) si algoritme. For å rekne ut kven som hadde det største genetiske bidraget til det aktuelle clusteret, vart følgjande formel nytta:

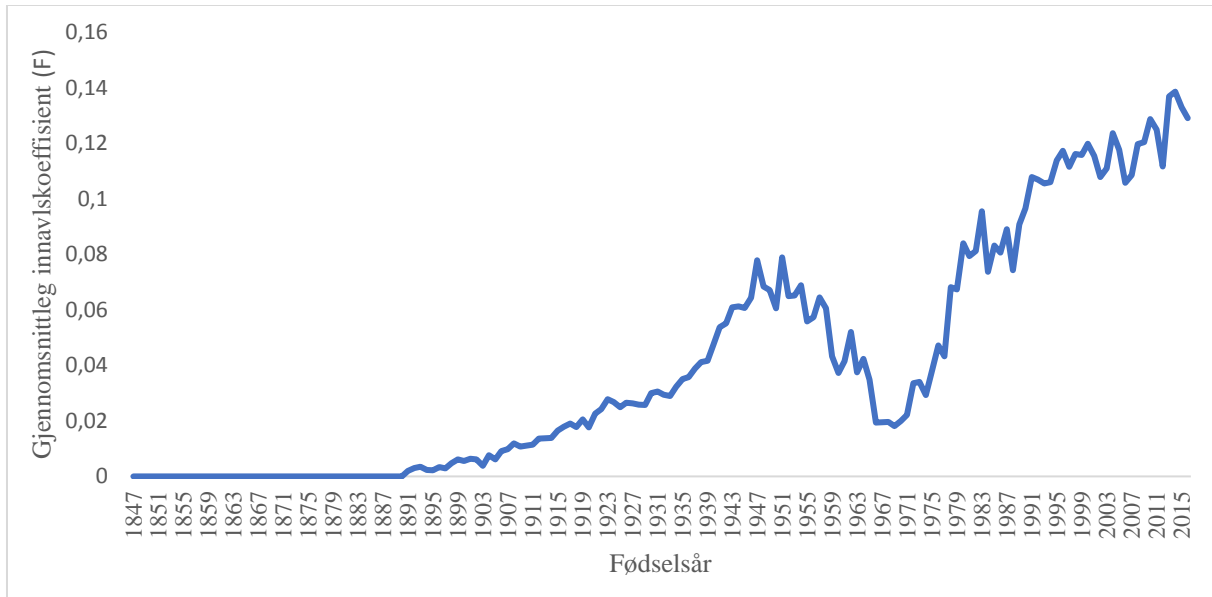
$$q_k = \sum_{i=1}^N \frac{1}{2^g}$$

der q_k er det genetiske bidraget frå ane k til clusteret, N er tal dyr i clusteret og g er i kva for generasjon anen opptre til dyr N .

3 Resultat

3.1 Innavlsestimeringar

Figur 2 syner gjennomsnittleg innavlsnivå hjå dølahesten i åra 1847-2015. Figuren viser at rasen har hatt to periodar med kraftig auke i innavlen. Det var eit høgt innavlsnivå hjå rasen på slutten av 1940-talet, med ein topp i 1951 med ein gjennomsnittleg innavlsgrad på 7,8%. Fram mot 1970 sank innavlsnivået, før det igjen auka drastisk på få år.



Figur 2: Gjennomsnittleg innavlskoeffisient per år for dyr fødd 1847-2015.

Tabell 4 syner kor fullstendig anetavlene er, basert på anetavlene til referansepopulasjonen for dyr fødd 2010-2015. I første generasjon er anetavlene 99,95% fullstendig, medan dei er 96,48% fullstendig i femte generasjon. Høgast tal genererte generasjonar, (G_{max}), var 28 generasjonar.

Tabell 4: Utrekna parameter som skildrar kor fullstendig anetavla er for referansepopulasjonen (dyr fødd 2010-2015).

Anetavle dyr fødd 2010-2015		
Tal dyr fødd 2010-2015		948
Gjennomsnittleg aner per dyr		116 464
% kjende aner i generasjon	1	99,95
	2	97,84
	3	97,28
	4	96,7
	5	96,48
	6	95,38
	8	86,55
	10	76,68
	15	32,84
	20	1,07
G_{\max}		28

Tabell 5 syner resultat for estimering av effektiv populasjonsstorleik basert på to metodar. Metode 1 estimerer parametrane for referansepopulasjonen der $N=948$ og gir ein innavlsrate per generasjon på 0,12% med ein standardfeil på 0,00973. Basert på Metode 2 vert innavlsraten per generasjon estimert til 0,97 med ein standardfeil på 0,00002141. Dølahesten har ein effektiv populasjonsstoreik på 151,66 dyr i følge Metode 1, medan N_e er på 51 dyr ifølge Metode 2.

Tabell 5: Resultat frå estimeringar av innavlskoeffisientar (F), innavlsrate (ΔF) og effektiv populasjonsstorleik (N_e) for referansepopulasjonen basert på metode 1 og metode 2.

Parameter	Metode 1	Metode 2
N	948	3932
F	0,1283	0,08437
ΔF	0,00124	0,00973
SE	82,12 ¹	0,00002141 ²
N_e (min)	69,54	50
N_e	151,66	51
N_e (max)	233,78	52

1) Standardfeil for metode 1 estimerast via Gutierrez et al. (2008) sin metode for N_e

2) Standardfeil for metode 2 høyrer til fødselsår (β) i log-regresjon

Generasjonsintervallet (L) som vart nytta for å rekne ut effektiv populasjonsstorleik basert på log-regresjon (Metode 2) er framstilt i Tabell 6. Hingstane har gjennomsnittleg ein lågare alder når dei selekterte avkoma vert fødd enn hoppene.

Tabell 6: Generasjonsintervall estimert på foreldra til dyra i referansepopulasjonen, N=3932.

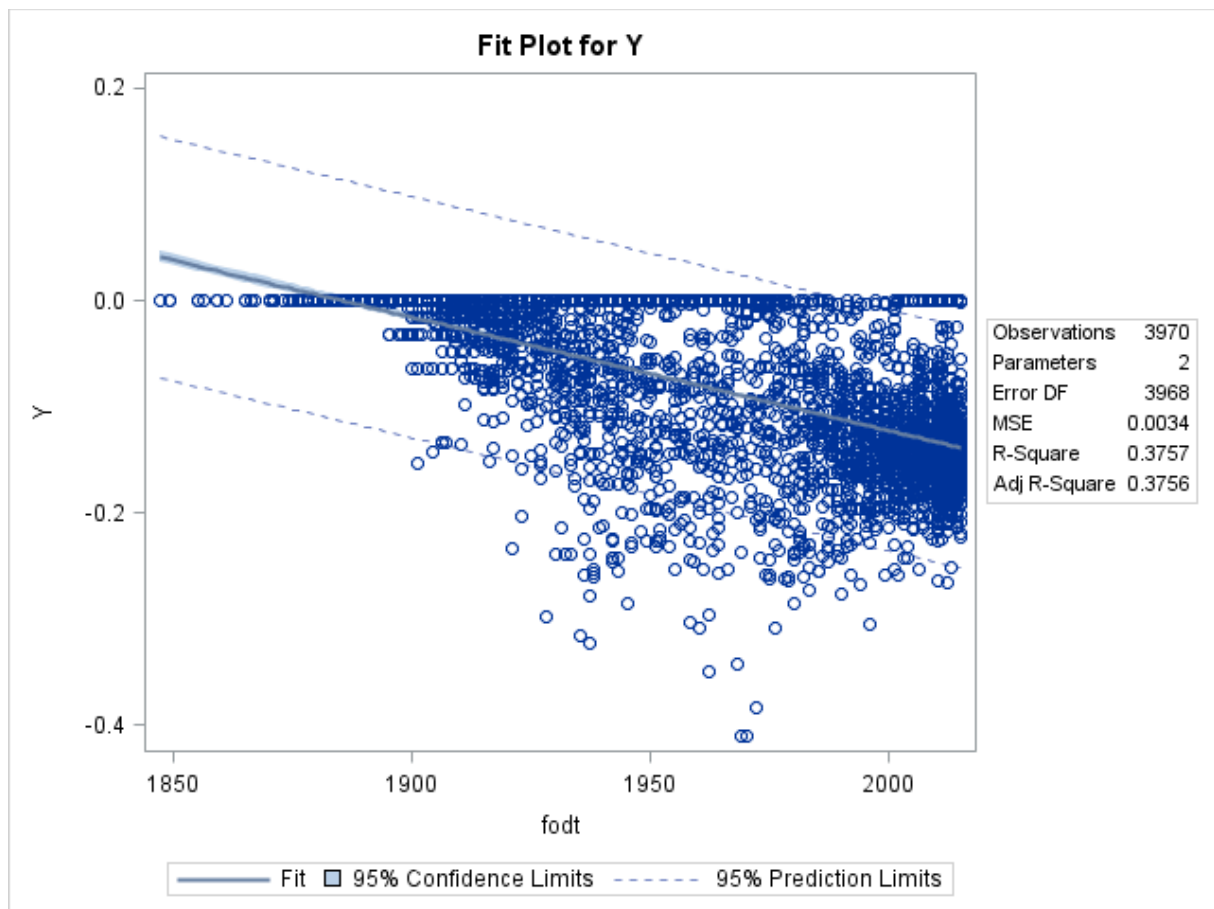
	Alder
L_{far}	8,84
L_{mor}	9,36
Gjennomsnittleg L	9,1

Regresjonsanalysen på fødselsår i Metode 2 gir låg p-verdi, og gir uttrykk for at estimatet av regresjonskoeffisienten er signifikant (Tabell 7). 40,41% av variansen forklarast av modellen (R^2).

Tabell 7: Resultat frå regresjonsanalysen $\ln(1-F)$ på fødselsår av N=3932 dyr.

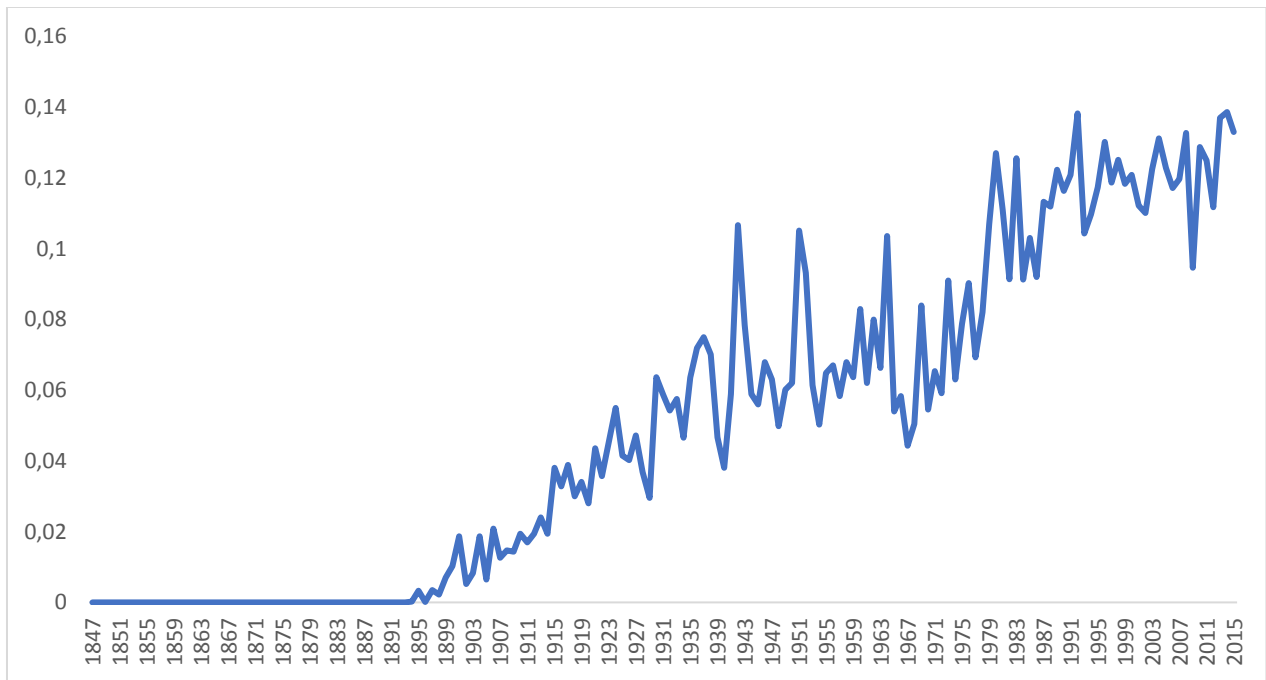
N	R^2	$\beta_1 \pm SE$	p-verdi
3932	0,4041	-0,00111 \pm 0.00002141	<0,0001

Regresjonsplot for estimeringane i Metode 2 er vist i Figur 3. Figuren syner ei jamn fordeling langs regresjonslinja, men med nokre avvik som legg seg utanfor konfidenslinja. Den horisontale linja på nullpunktet der $Y=0$ er individ utan slektskapsinformasjon.



Figur 3: Regresjonsplot på fødselsår for 3932 dølahestar i referansepopulasjonen (dyr fødd 2010-2015) inkludert aner.

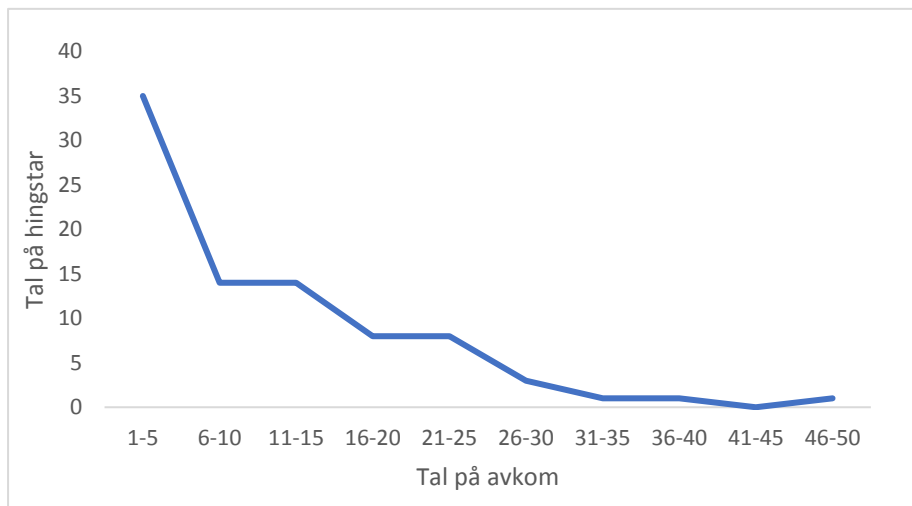
Figur 4 syner gjennomsnittleg innavlskoeffisientar per år for dyr i referansepopulasjonen og deira aner, og dannar grunnlaget for regresjonen nytta i Metode 2. Figuren syner at til trass for nokre svingingar så har innavlsnivået stege jamt fram til i dag.



Figur 4: Gjennomsnittleg innavlskoeffisientar per år for dyr i referansepopulasjonen og deira aner (N=3932).

3.2 Clusteranalyse

Figur 5 syner fordeling av avkomsgruppestorleiken til fedre som har fått avkom i åra 2010-2015. Som figuren syner er det svært mange av fedrene som har fått mindre enn 6 avkom, medan det er ein hingst som har fått mellom 36-40 avkom, og ein hingst som har fått mellom 46-50 avkom i åra 2010-2015.



Figur 5: Fordeling av avkomsgruppestorleiken blant fedre til dyr fødd 2010-2015.

Tabell 8 syner korleis dyra i referansepopulasjonen (fødd 2010-2015) fordeler seg i dei ulike clusterane, og korleis dette påverkar gjennomsnittleg slektskap innan cluster. Tabellen syner også at når referansepopulasjonen vert delt inn i fleire cluster vert det skilt ut fleire, mindre cluster som består av avkoma til ein eller nokre få hingstar. I alle clusterane med unntak av CL4-8, CL5-10 og CL9-10 er det hingstar som har det største genetiske bidraget til clusteret.

Tabell 8: Tal på individ (*N*) innan cluster, gjennomsnittleg slektskap innan cluster (utan sjølvparing og med tilhøyrande standardavvik), komplett generasjonsekivalent (*CGE*), tal på unike fedre i clusteret og størst genetisk bidrag til clusteret når tal på cluster definerast som to (*CLX-2*), fire (*CLX-4*), seks (*CLX-6*), åtte (*CLX-8*) eller ti (*CLX-10*) cluster hos individ fødd 2010-2015.

Cluster	N	Gjennomsnittleg slektskap \pm SE	CGE	Tal på fedre	Størst genetisk bidrag
CL1-2	925	0,286 \pm 0,062	12,52	86	22,4 (Gjestar)
CL2-2	23	0,315 \pm 0,023	6,62	1	50 (Zultan)
CL1-4	893	0,291 \pm 0,061	12,58	85	22,5 (Gjestar)
CL2-4	21	0,433 \pm 0,083	11,94	2	47,6 (Skogstadbron)
CL3-4	11	0,269 \pm 0,147	9,29	2	36,4 (Tuster Blesen)
CL4-4	23	0,315 \pm 0,023	6,62	1	50 (Zultan)
CL1-6	808	0,295 \pm 0,060	12,61	81	22,7 (Gjestar)
CL2-6	85	0,341 \pm 0,106	12,24	18	30,4 (Vollaug Sølve)
CL3-6	21	0,433 \pm 0,083	11,94	2	47,6 (Skogstadbron)
CL4-6	8	0,386 \pm 0,093	10,10	1	50 (Tuster Blesen)
CL5-6	3	0,300 \pm 0,040	7,13	1	50 (Nordby Bonus)
CL6-6	23	0,315 \pm 0,023	6,62	1	50 (Zultan)
CL1-8	806	0,296 \pm 0,059	12,63	81	22,7 (Gjestar)
CL2-8	78	0,364 \pm 0,096	12,33	17	33,2 (Vollaug Sølve)
CL3-8	21	0,433 \pm 0,083	11,94	2	47,6 (Skogstadbron)
CL4-8	2	0,306 \pm 0,000	6,40	2	50 (Stjernerokka)
CL5-8	8	0,386 \pm 0,093	10,10	1	50 (Tuster Blesen)
CL6-8	7	0,400 \pm 0,060	11,23	1	50 (Glomstadprinsen)
CL7-8	3	0,300 \pm 0,040	7,13	1	50 (Nordby Bonus)
CL8-8	23	0,315 \pm 0,023	6,62	1	50 (Zultan)
CL1-10	679	0,295 \pm 0,059	12,62	79	22,8 (Gjestar)
CL2-10	74	0,379 \pm 0,085	12,42	14	35,6 (Vollaug Sølve)
CL3-10	21	0,433 \pm 0,083	11,94	2	47,6 (Skogstadbron)
CL4-10	127	0,346 \pm 0,094	12,57	12	22,4 (Gjestar)
CL5-10	2	0,306 \pm 0,000	6,40	2	50 (Stjernerokka)
CL6-10	8	0,386 \pm 0,093	10,10	1	50 (Tuster Blesen)
CL7-10	7	0,400 \pm 0,060	11,23	1	50 (Glomstadprinsen)
CL8-10	3	0,300 \pm 0,040	7,13	1	50 (Nordby Bonus)
CL9-10	4	0,406 \pm 0,070	10,59	4	50 (Gulla)
CL10-10	23	0,315 \pm 0,023	6,62	1	50 (Zultan)

Tabell 9 syner gjennomsnittleg slektskap mellom dei ulike clusterane når talet på cluster vert avgrensa til to, fire, seks, åtte eller ti. Clusterane som skil seg ut ved å ha eit lågare gjennomsnittleg slektskap til dei andre clusterane er clusteret som består av avkoma til Zultan (CL4-4/CL6-6/CL8-8/CL10-10), i tillegg til avkoma til Stjernerokka (CL4-8/CL5-10). CL5-6/CL7-8/CL8-10 skil seg også ut ved å ha eit lågare gjennomsnittleg slektskap til dei andre clusterane. Hesten som har det største genetiske bidraget til dette clusteret er hingsten Nordby Bonus.

Tabell 9: Gjennomsnittleg slektskap (utan sjølvparing og med tilhøyrande standardavvik) mellom cluster, når talet på cluster blant dyr fødd 2010-2015 avgrensast til to, fire, seks, åtte eller ti. Slektskapet er delt inn i fire intervall: Under 10% (kvit), 10,01-15% (lyseblå), 15,01-20% (blå) og over 20% (mørkeblå).

	CL1- 2/4/6/8/10	CL2- 2/4/6/8/10	CL3- 4/6/8/10	CL4- 4/6/8/10	CL5- 6/8/10	CL6- 6/8/10	CL7- 8/10	CL8- 8/10	CL9-10
CL1-2									
CL2-2	0,135 ±0,037								
CL1-4									
CL2-4	0,258 ±0,057								
CL3-4	0,189 ±0,073	0,160 ±0,066							
CL4-4	0,136 ±0,037	0,120 ±0,036	0,092 ±0,038						
CL1-6									
CL2-6	0,263 ±0,057								
CL3-6	0,260 ±0,057	0,237 ±0,058							
CL4-6	0,198 ±0,072	0,176 ±0,068	0,174 ±0,069						
CL5-6	0,141 ±0,061	0,126 ±0,055	0,113 ±0,050	0,129 ±0,058					
CL6-6	0,137 ±0,036	0,132 ±0,045	0,121 ±0,036	0,102 ±0,037	0,067 ±0,031				
CL1-8									
CL2-8	0,266 ±0,054								
CL3-8	0,260 ±0,056	0,241 ±0,056							
CL4-8	0,143 ±0,045	0,120 ±0,022	0,151 ±0,026						
CL5-8	0,210 ±0,068	0,190 ±0,065	0,178 ±0,063	0,090 ±0,028					
CL6-8	0,222 ±0,060	0,213 ±0,060	0,193 ±0,059	0,094 ±0,026	0,171 ±0,070				
CL7-8	0,142 ±0,061	0,128 ±0,055	0,113 ±0,050	0,059 ±0,027	0,129 ±0,058	0,104 ±0,051			
CL8-8	0,137 ±0,036	0,134 ±0,045	0,121 ±0,036	0,065 ±0,024	0,102 ±0,037	0,108 ±0,036	0,067 ±0,031		
CL1-10									
CL2-10	0,268 ±0,051								
CL3-10	0,261 ±0,056	0,243 ±0,055							
CL4-10	0,288 ±0,054	0,269 ±0,058	0,255 ±0,059						
CL5-10	0,145 ±0,047	0,121 ±0,021	0,151 ±0,026	0,133 ±0,029					
CL6-10	0,210 ±0,067	0,192 ±0,064	0,178 ±0,063	0,210 ±0,069	0,090 ±0,028				
CL7-10	0,222 ±0,060	0,215 ±0,059	0,193 ±0,059	0,221 ±0,062	0,094 ±0,026	0,171 ±0,070			
CL8-10	0,143 ±0,061	0,129 ±0,055	0,113 ±0,050	0,135 ±0,058	0,059 ±0,027	0,129 ±0,058	0,104 ±0,051		
CL9-10	0,239 ±0,081	0,222 ±0,072	0,200 ±0,066	0,228 ±0,075	0,099 ±0,030	0,159 ±0,068	0,191 ±0,069	0,125 ±0,067	
CL10-10	0,136 ±0,035	0,132 ±0,041	0,121 ±0,036	0,139 ±0,039	0,065 ±0,024	0,102 ±0,037	0,108 ±0,036	0,067 ±0,031	0,170 ±0,083

4 Drøfting

Datamaterialet nytta i oppgåva skal innehalde alle registrerte dølahestar frå registreringsarbeidet tok til fram til september 2016. Datasettet inneheldt ein del feilkjelder og det tok mykje tid å rette opp i desse før analysane kunne køyrast. Datasettet har også vist seg å ikkje vere komplett, mellom anna var ikkje den første registrerte hingsten, Klaaperauden fødd i år 1846, (Det KGL. Selskab for Norges Vel 1902) inkludert.

Då datasettet vart motteke bestod det av store halvsøskengrupper som ikkje var reelle. Årsaka til dette var at alle mødre som var ikkje godkjende/ikkje registrerte fekk tildelt same individnummer, og alle fedre som var ikkje godkjende/ikkje registrerte fekk same individnummer. Dette førte til at alle dyr som ikkje hadde registrert mor stod oppført som halvsøsken, og alle dyr som ikkje hadde registrert far stod oppført som halvsøsken. Det er ikkje heldig at eit datasett treng mykje redigering før analysane kan køyrast då det kan gi usikre estimat. Særskild er estimeringane av gjennomsnittlege innavlskoeffisientar følsame for ufullstendige data (Boichard et al. 1997). Om ein køyrer innavlsanalysar med falske halvsøskengrupper vil innavlsnivået verte overestimert, medan innavlsnivået vil verte underestimert om mange individ manglar slektskapsinformasjon i anetavla.

Frå registreringsarbeidet tok til og fram til i dag har det vore stor variasjon i tal registrerte dølahestar. Tabell 1 syner at tiåret det vart registrert flest dølahestar var i 1930 med 6350 dyr, medan det i tiår 1950 kun vart registrert 966 hestar. Heilt fram til 1990 har det vore registrert vesentleg færre hingstar i forhold til hopper, men skilnaden jamnar seg ut etter 1990. Dette kan truleg forklarast med at det har vore ein sterkare seleksjon på hanndyrsida, då det kun var premiere dyr som vart registrerte før 1990. Arbeidet med registrering og stambokføring vart overtatt av Norsk Hestesenter i 1989 og på 1990-talet vart det utvikla elektronisk databehandling for registrering av hestar. Dette førte til at alle fødde hestar kunne bli registrerte (Dahle 2009; Norsk Hestesenter 2015a). Samstundes vart det sett strengare krav til dokumentert avstamming, og det vart eit krav om minst fem kjende generasjonar for å kunne bli teken opp i stamboka (Dahle 2009; Seterlund et al. 1989). Dei nye registreringsreglane kan også truleg forklare auken av registrerte dyr frå tiåret etter 1990 og at det vart registrert fleire hopper enn hingstar i same tidsrom. Frå tiåret 2000 jamnar det seg ut, noko som er forventa då det i gjennomsnitt føddast like mange hoppeføl som hingsteføl.

Ser ein på åra 2010-2015 har talet på registrerte dyr ein negativ trend (Tabell 3). For at ein rase skal vere levedyktig er det tilrådd at det vert fødd og registrert meir enn 200 føl per år

(Olsen & Klemetsdal 2010). Det har vore bedekka fleire enn 200 hopper sidan 2010, med unntak av år 2014, men talet på registrerte dyr er vesentleg lågare (Figur 1). I år 2015 vart det kun registrert 106 dølahestar, nesten halvparten av det som er nedre tilrådde grense for fødde føl. På fem år har talet på registrerte dyr vorte redusert med nær 50%, og det er derfor ein risiko for at rasen kan utvikle nokre av dei negative følgjene som kan komme av innavlsdepresjon, til dømes nedsett fruktbarheit. For å halde oversikt over fruktbarheita hjå rasen er det derfor viktig at hoppeeigar melder inn resultatet frå bedekninga og får registrert følet sitt. Om bedekninga ikkje resulterer i levande føl, er dette også viktig informasjon som må meldast inn. Sidan hingsteeigar er pålagt å melde inn kva hopper hingsten bedekker, medan det er opp til hoppeeigar å melde inn resultatet av bedekninga, kan det tenkjast at ikkje alle føl er registrerte. Store manglar i rapportering frå hoppeeigarar kan føre til at fertiliteten, både hjå hingstar og på populasjonsnivå, vert underestimert. Ein er avhengig av at alle bedekningar, og resultatata frå desse, vert meldt inn kvart år, då ein er nøydde til å sjå på desse estimata over ein lengre tidsperiode for å avdekke eventuelle farer i samband med fruktbarheit i rasen.

Årsaka til at tal registrerte dyr har minka dei siste åra kan også skyldast auka konkurranse frå meir spesialiserte rasar. Dølahesten konkurrerer med importerte rasar som gjerne er avla for meir spesialiserte bruksområde. Er det konkurransehestar kjøparane ynskjer, kan det vere vanskeleg for oppdrettarar av dølahest å få selt følet sitt, noko som igjen kan føre til at dei vegrar seg for å produsere nye føl. Det krev både tid og pengar å avle eit føl, og mange oppdrettarar er økonomisk avhengig av å få selt avkomet. For å auke interessa for dei særnorske rasane er det laga ein handlingsplan der formålet er å kome fram til verkemidler som fremjar avl, bevaring og bruk. Eit resultat av dette er prosjektet «Fokus unghest», der ein gjennom kurs skal utdanne hestar og eigarar. Eit anna resultat er arbeidet med å utvikle ein signaturaktivitet for kvar av dei tre nasjonale rasane; dølahest, fjordhest og nordlandshest/lyngshest, som no er under utvikling (Norsk Hestesenter 2012).

Som Tabell 2 syner er det fleire hestar i nyare tid som ikkje har registrerte foreldre. I tiåret 2000 er det 17 dyr som er oppført som halvfounder, der 16 hestar ikkje har godkjend far. I tillegg er det åtte hestar som er oppført med ikkje godkjend far frå år 2010. Ein bør undersøke årsakene til kvifor det er så mange hestar som manglar komplett slektskapsinformasjon i nyare tid. Avkoma til hingstar som ikkje er registrert vil kome i B-registeret i stamboka dersom røntgenundersøking av hingsten ikkje påviser draktbruskforbeining. Frå og med 2016 vil avkom etter hingstar som ikkje har tatt røntgenundersøking, eller som har fått påvist

draktbruskforbeining, hamne i C-registeret i stamboka. Det er kun hingstar som er registrerte eller er berettiga registrering i A-registeret, som har utstillingsrett (Norsk Hestesenter 2016a). Dette fører til at hingstar med far som ikkje er godkjend ikkje vil kunne bli kåra. I ein så liten rase som dølahesten taper ein verdifull informasjon om dyra ikkje vert registrerte. I tillegg er det svært uheldig for rasen om det vert avla på hingstar som ikkje er godkjende for bruk i avlen. Sjølv om det offentlege kravet om at hingstar som skal nyttast i avl skal vere kåra vart teke vekk i 2015 (Mattilsynet 2015), er det framleis eit krav frå avlsorganisasjonane at hingstar som skal gå i avl skal vere kåra eller godkjende for avl etter den gjeldande avlsplanen (Norsk Hestesenter 2005).

Samanliknar ein resultatet av analysen av kor komplette anetavlene til dyr i referansepopulasjonen er med resultatene til Olsen et al. (2010), som gjennomførte same analyse på dyr fødd i 1990-1998, er anetavlene for dyr fødd 2010-2015 mindre komplette. I andre generasjon er anetavla på dyr fødd 1990-1998 99,89% komplett, medan for dyr fødd i perioden 2010-2015 er kun 97,84% kjent. I og med at ein registrerer anene til eit dyr fem generasjonar tilbake, bør ein kjenne 100% av anene i desse generasjonane. Samanliknar ein anetavlene til dølahesten med til dømes anetavlene til fjordhesten, ser ein at dei er meir komplette hjå fjordhesten. Der kjenner ein 100% av anene tre generasjonar tilbake, og 99,25% i generasjon seks (Høiseth 2017). Ei av årsakene til at ein ikkje kjenner 100% av anene i første generasjon hjå dølahesten for dyr fødd 2010-2015, er truleg grunna den nordsvenske hingsten Zultan. Han er lagt til som founder då han ikkje hadde aner tilbake til den norske dølahestpopulasjonen fem generasjonar tilbake. Alle andre hestar bør ha komplett slektskapsinformasjon.

Som Figur 2 syner har dølahesten hatt to periodar med kraftig auke i innavlen. Gjennomsnittleg innavlskoeffisient per år har ein topp i år 1951, før den går ned mot år 1969. Årsaka til at gjennomsnittleg innavlskoeffisient går ned mot 1969, er at det vart lovleg å nytte kaldblodstravarar i avlen frå år 1953 for å redusere innavlsauken (Gaustad 1953). Resultatet av dette var at dølahesten vart lettare og byrja å likne ein kaldblodstravar, men frå rundt år 1970 vart ikkje kaldblodstravarar lenger ynskja i dølahestavlen. Igjen nytta ein kun hingstar av reine dølahestlinjer, noko som førte til at populasjonen gjekk inn i ein flaskehals og innavlsnivået auka drastisk på få år. Innavlsnivået har auka fram til i dag, men med nokre svingingar, spesielt på 2000-talet. Desse svingingane kan truleg forklarast av import av kaldblodstravar og nordsvensk brukshest.

I referansepopulasjonen er den gjennomsnittlege innavlskoeffisienten (F) på 12,83% i følge Metode 1, og tilsvara minst halvsøskenparing (12,5%) (Tabell 5). Olsen et al. (2010) estimerte den gjennomsnittlege innavlskoeffisienten til 11,75% for dyr fødd i 1990-1998 ved bruk av same metode. Sjølv om innavlskoeffisientane naturleg vil svinge frå årgang til årgang, ser det ut til at gjennomsnittleg innavlskoeffisient har auka dei siste åra.

Den effektive populasjonsstorleiken er estimert til å vere 151,66 dyr på bakgrunn av Metode 1 (Tabell 5). Metode 1 estimerer effektiv populasjonsstorleik basert på dyra i referansepopulasjonen (948 dyr) og resultatet gjenspeglar dei seinaste seleksjons- og paringsavgjerslene. Dette medfører at import av ubeslekta dyr, til dømes Zultan, gir eit stort genetisk bidrag til populasjonen og vil påverke den effektive populasjonsstorleiken positivt. Dette syner at det er eit potensiale for å auke det genetiske mangfaldet ved å importere ubeslekta dyr, men det krev at det fins ein langsiktig plan for å ta vare på denne variasjonen.

Olsen et al (2010) estimerte den effektive populasjonsstorleiken til å bli 152 dyr ved hjelp av Metode 1, basert på dyr fødd 1990-1998. Analysane er gjort før prosjektet med å importere hingstar av nordsvensk brukshest og kaldblodstravar vart gjennomført. Om ein samanliknar resultatet til Olsen et al. (2010) med resultatet i denne oppgåva, tyder det på at det genetiske mangfaldet hjå dølahesten har vorte mindre sidan 1990-talet. Dette trass i at prosjektet med å importere dyr skulle føre til ein auke i genetisk variasjon.

Metode 2 estimerer den effektive populasjonsstorleiken til å bli 51 dyr. I følge FAO (1998) sine retningslinjer bør ikkje effektiv populasjonsstorleik ligge under 50 individ, då det vil vere kritisk for ei sunn forvaltning av rasen. Metode 2 estimerer den effektive populasjonsstorleiken basert på dyra i referansepopulasjonen og deira aner tilbake til foundere, totalt 3932 dyr. Dette betyr at resultatet er basert på eit lengre tidsperspektiv, frå 1800-talet og fram til i dag.

Grunnlaget for regresjonen som er nytta i Metode 2 er vist i Figur 4. I åra 1847-1893 er det ein lang periode med lite slektskapsinformasjon der dei fleste dyr har $F=0$. Det kan tenkjast at denne lange perioden kan påverke regresjonen slik at ΔF vert underestimert og effektiv populasjonsstorleik vert overestimert. Det er likevel få datapunkt slik at påverknaden truleg er liten. Som Tabell 4 syner er det manglande informasjon i anetavlene til referansepopulasjonen. Metodane for å estimere effektiv populasjonsstorleik vil tolke manglande slektskapsinformasjon ($F=0$) som variasjon, noko som ikkje er tilfelle. Dette kan også føre til at innavlsestimata vert overestimert.

Eit tiltak for å auke effektiv populasjonsstorleik er å ha korte generasjonsintervall og unngå matadoravl. Korte generasjonsintervall er eit resultat av å nytte fleire, unge hingstar i avl, noko som vil skje om ein selekterer fleire treårs hingstar. Mange populære hingstar får ofte gå lenge i avlen og får dermed mange avkom og kan potensielt få mange kåra søner etter seg. I 2010 vart det nytta 41 hingstar på 323 hopper, medan i år 2015 vart det nytta 40 hingstar på 231 hopper. Sjølv om talet på hopper har gått ned, er det like mange hingstar som er i bruk. Om ein ser på eit litt lengre tidsperspektiv har det likevel vore ein nedgang i talet på avlshingstar. I perioden 1994-1998 vart det totalt nytta 86 hingstar der kvar hingst i gjennomsnitt fekk 11,8 avkom. I perioden 2003-2007 vart det derimot nytta kun 39 hingstar, men då fekk kvar hingst i gjennomsnitt 28,5 avkom (Farestveit 2009).

Eit anna tiltak for å auke den effektive populasjonsstorleiken, og for å unngå for rask auke i innavlen, er å avgrense tal kåra søner per hingst. Om ein hingst får mange kåra søner etter seg, vil det føre til auka slektskap mellom hingstar som går i avl. Vidare bør ein også kare hingstar med sjeldan stamme, i tillegg til at avkomsgruppene bør vere så like som mogleg (Klemetsdal 1999; Olsen & Klemetsdal 2010). Ser ein på avkomsgruppestorleiken til hingstar som har fått avkom i åra 2010-2015, ser ein at avkomsgruppestorleiken varierer (Figur 5). Det er mange hingstar som har fått mindre enn 6 avkom, medan det er éin hingst som har fått mellom 36-40 avkom, og éin hingst som har fått mellom 46-50 avkom. Figuren kan gje eit skeivt inntrykk sidan fødselsåra til hingstane ikkje er kjende. Det kan tenkjast at ein hingst som er i slutten på si reproduktive karriere kun har fått eitt føl i det aktuelle tidsrommet, men at han likevel har fått mange avkom gjennom si karriere som avlshingst. Trass i dette gjev figuren likevel eit inntrykk av at avkomsgruppene langt ifrå er homogene. I snitt har det vore registrert 163 dyr per år i perioden 2010-2015 (Figur 1). Når éin hingst då får mellom 46-50 avkom i same periode, er dette svært uheldig. Di fleire avkom ein hingst får, di større er sannsynet for at avkom vert kåra. For dei 35 hingstane som har fått mellom eitt og fem avkom er sannsynet for at dei har fått ein kåra son betrakteleg lågare. Figuren er eit tydeleg eksempel på seleksjon på hingstesida, der hoppeeigarar vel dei (den) mest populære hingstane (hingsten), medan mindre populære og meir ukjende hingstar får eit fåtal av avkom i samanlikning.

Ved å køyre clusteranalyse på dyra fødd 2010-2015 kom det tydeleg fram at det gjennomsnittlege slektskapet hjå dølahesten er høgt. Clusteret som består av fleirparten av dølahestane har eit gjennomsnittleg slektskap på nærmare 30%, uavhengig av om referansepopulasjonen vert delt inn i to, fire, seks, åtte eller ti cluster (Tabell 8). Til samanlikning er slektskapet mellom halvsøsken 25%. I tillegg kjem det fram at genetikk som

representerar genetisk diversitet er representert i veldig små cluster, der mykje av mangfaldet er å finne i importerte linjer. Variasjonen i importerte linjer er i hovudsak å finne frå nordsvensk brukshest. Clusteranalysen skil ut kun eitt cluster som har aner til kaldblodstravaren, og dette clusteret består berre av to dyr.

Clusteranalysen fortel ikkje noko om tal på cluster som er signifikant forskjellige. Ved å dele referansepopulasjonen inn i ti cluster dukkar dølahesten Gjestar opp med størst genetisk bidrag til to cluster. At Gjestar, fødd 1919, har det største genetiske bidraget til to av clusterane som består av dyr fødd 2010-2015, er eit døme på at det har vore drive med matadoravl, og at seleksjonsavgjerslene som vert tatt i dag vil kunne påverke rasen i lang tid framover. I løpet av ein 20-års periode fekk Gjestar 253 registrerte avkom. Av dei 68 registrerte hingsteavkoma er det kun tre av desse som *ikkje* har fått avkom sjølv (Norsk Hestesenter 2017b). Clusterane der Gjestar har det største genetiske bidraget til består av høvesvis 679 og 127 dyr, og det gjennomsnittlege slektskapet mellom desse clusterane er på 28,8%. Dette kan tyde på at clusterane ikkje lenger er signifikant forskjellige, men at man tvinger fram cluster ved å be om ti cluster i programmet.

Ved å dele referansepopulasjonen inn i åtte cluster, er det kun fire cluster som består av norske dølahestar. Tre av desse er små cluster, der clusterane består av høvesvis 78, 21 og 8 dyr. Slektskapet mellom desse dølahestclusterane er relativt høgt (varierer mellom 17,8 - 26,6%), samstundes representerer dyra i desse clusterane likevel genetikk som skil seg frå resten av referansepopulasjonen. Det vil vere særskilt viktig å identifisere dyr i desse clusterane, og sørge for at dei vert nytta i avlen framover for å sikre at denne genetiske variasjonen ikkje skal gå tapt.

Dei resterande fire clusterane består av eitt cluster som har aner til kaldblodstravaren, og tre cluster som har aner til den nordsvenske brukshesten. To av dei nordsvenske clusterane består av avkom etter hingstar som vart sleppt med hopper i fjellhamn i forbindelse med prosjektet om å importere nordsvensk på 2000-talet. Bestefaren til Glomstadprinsen, Egon, vart sleppt i Sikkilsdalen sesongen 2000, og far til Nordby Bonus, Bonus, vart sleppt med norske dølahopper i år 2002. Trass i at Bonus bedekka 33 hopper (Kvam 2003) var han ikkje registrert med slektskapsinformasjon i datasettet som vart motteke. Sidan den nordsvenske brukshesten delvis er bygd opp av import av norsk dølahest til Sverige (Dahle 2009), kan det tenkjast at det er eit slektskap mellom den nordsvenske brukshesten og dølahesten. Når dei importerte dyra manglar slektskapsinformasjon, mistar ein informasjon om slektskap mellom den aktuelle hesten og den norske populasjonen, i tillegg kan ein også miste informasjon om

slektskap mellom importerte dyr. Om det vert importert dyr for å auke den genetiske variasjonen kan det vere eit nyttig verktøy å nytte DNA for å finne ut slektskapet mellom dyret sjølv og den norske populasjonen, slik at effekten av å importere dyr vert størst mogleg på innavlsutviklinga.

Resultatet av clusteranalysen syner også at det spesielt er eitt cluster som skil seg ut med eit lågare gjennomsnittleg slektskap med dei resterande clusterane (Tabell 9). Dette clusteret består av 23 hestar, og dei er alle avkom etter den nordsvenske hingsten Zultan. Avkoma til Zultan har den største genetiske avstanden til resten av dølahestpopulasjonen, og clusteret held seg uforandra uavhengig av om referansepopulasjonen vert delt inn i to, fire, seks, åtte eller ti cluster. Avkoma til Zultan er alle fødd i år 2012 og består av seks hingstar, 16 hopper og éin hest som er registrert som vallak. I følge utstillingsresultat for 2015 og 2016 er det kun to av desse hingstane som har vore på utstilling, og ingen er blitt kåra (Norsk Hestesenter 2015b; Norsk Hestesenter 2016c). Det er også kun éi hoppe som så langt har fått avkom. Zultan gjennomførte ikkje utvida bruksprøve og er derfor ikkje godkjend for vidare avl i Noreg (Norsk Hestesenter 2013). Eit resultat av dette er at det kun er avkoma til Zultan som kan spreie denne genetikken vidare i den norske dølahestpopulasjonen. Når då sønene heller ikkje vert kåra, vil denne importen ha ein minimal effekt på innavlsutviklinga over tid.

Når det ikkje vert avla vidare på Zultan og avkoma, er også estimatet på effektiv populasjonsstorleik på 151,66 dyr svært overestimert. Ved å importere dyr som er mindre i slekt med den norske populasjonen kan den effektive populasjonsstorleiken aukast, men dette krev at det blir avla vidare på avkom som representerer uvanleg genetikk. Om ein vel å nytte import av nordsvensk som eit tiltak mot innavlsproblematikken, er ein nøydd til å avle på hoppene etter Zultan for at denne importen ikkje skal vere verdiløus i genetisk samanheng. Om det framleis er hingstar etter Zultan som ikkje er blitt kasterte, bør desse kårast og setjast i avl.

Sjølv om import av dyr frå andre rasar vil føre til at den genetiske variasjonen innad i rasen aukar, må ein også vere klar over at det samstundes vil føre til at genetiske ulikskapar mellom rasar vert reduserte (Falconer & Mackay 1996). Eit resultat av å krysse inn mange nordsvenske hestar vil derfor føre til at dølahesten vil verte meir lik den tyngre nordsvenske brukshesten. Forutsett at brukarane ynskjer ein større og tyngre hest, kan denne importen vere eit nyttig tiltak om han kan auke etterspurnaden etter rasen, samstundes som han vil påverke innavlsnivået i rett retning. Dette forutsett at slektskapet mellom dei importerte hingstane og den norske populasjonen er kjent, og at det er ein langsiktig plan for dei importerte dyra som

skal gå i avl. Ein sikker strategi mot innavl er ein auke i populasjonsstorleik. Dette skjer kun om rasen er ettertrakta, og sidan det kun vart kåra fire søner og ein soneson etter dei nordsvenske hingstane som vart tatt inn på 2000-talet (Farestveit 2009), kan det sjå ut som om at det ikkje er ein etterspurnad etter, eller eit ynskje om, å nytte desse hestane vidare i rasen.

I avlsplanen står det også at ein gjennom reinrasa avl skal fremme rasen sitt særpreg, ta vare på rasen sin eigenart og mangfald, og avle fram ein sunn og funksjonsdyktig hest (Norsk Hestesenter 2016a). Noreg er også forplikta gjennom «Konvensjon om biologisk mangfald» (United Nations 1992) og «FAO sin strategi for forvaltning av husdyrgenetiske ressursar» (FAO 1998) til å ta vare på genetisk diversitet hjå den særnorske rasen. Om målet er å drive med reinrasa avl av dølahest, må ein i staden for import av dyr frå andre rasar, ha ein langsiktig plan for å forvalte den genetiske diversiteten som allereie er i den norske dølahesten. Dette vart også tilrådd av Olsen et al. (2010), som konkluderte med at rasen hadde nok genetisk materiale til å klare seg utan import frå andre rasar.

For å klare å halde dølahesten sunn og levedyktig er det særskilt viktig å halde innavlsnivået så lågt som mogleg, då auka innavl fører til innavlsdepresjon, lågare genetisk variasjon og ein auke i frekvensen av dødelege gen (Sonesson & Meuwissen 2001). Eit verktøy for å minimere gjennomsnittleg slektskap hjå foreldra og minske innavlsnivået til framtidige generasjonar, som også vart tilrådd av Olsen et al. (2010), er å nytte seleksjon for optimale bidrag (Sonesson & Meuwissen 2001). Metoden stimulerer til bruk av unge hingstar, og vil fase ut eldre hingstar som har store genetiske bidrag i populasjonen (Olsen et al. 2013). Å implementere seleksjon for optimale bidrag bør innførast for å bevare rasen. Det er likevel nokre utfordringar som må løysast før dette verktøyet kan bli tatt i bruk.

For å nytte OCS må ein, i tillegg til å estimere ein slektskapsverdi, rangere dyra på bakgrunn av ein avlsverdi; anten basert på fenotype eller ved hjelp av ein BLUP-avlsverdi (best linear unbiased prediction). Utval av dølahingstar baserer seg på fenotypeseleksjon. Det er individvurderinga som ligg til grunn for kva hingstar som skal gå i avl. Ved individvurderinga må hingsten gjennom ei veterinær- og røntgen undersøking, eksteriørvurdering, samt bruksprøver og ein test av lynne. Individvurderinga skal gje grunnlag for å velje ut avlsdyr med dei best ynskjelege eigenskapar i tråd med avlsmålet, samt gje høve til å påvise defektar hjå dyret som er diskvalifiserande for bruk i avl (Norsk Hestesenter 2016a). Ved å nytte fenotypeverdi som utvalskriterium, må ein kjenne forholdet mellom den fenotypiske verdien og avlsverdien, og dette vert målt som arvegrad (Falconer & Mackay 1996). Føresetnaden for all avl er at eigenskapane ein avlar på er arvelege. Om ein eigenskap har låg arvegrad vil

seleksjon på denne eigenskapen føre til liten avlsframgang. Ein er også avhengig av at eigenskapane ein selekterer for heng saman med gena som påverkar den same eigenskapen, sidan det er gena som blir ført vidare til den neste generasjonen (Bourdon 2000). Selle (2010) har estimert arvegradar basert på utstillingsdata for tre av dei nasjonale hesterasane. Ho konkluderte med at eigenskapane i avlsmålet har låge til moderate arvegradar. Selle (2010) konkluderte også med at mange av eigenskapane i avlsmålet er samansette, og at det ikkje alltid er tydeleg kva som skal vurderast. Om ein skal rangere dyra på bakgrunn av ein fenotypeverdi for å nytte OCS bør kanskje eigenskapane som er inkluderte i avlsmålet, og måten desse vert registrert på, takast opp til vurdering. Vert dyra rangert etter eigenskapar som ikkje er arvelege vil ein ikkje oppnå ynskjeleg resultat.

For å kunne køyre seleksjon for optimale bidrag er ein også avhengige av å ha oversikt over alle levande dyr i populasjonen, sidan optimale bidrag fordeler kvoter basert på alle dyr i populasjonen. I dag er det ingen oversikt over alle dyr som går i avlen, kven som er døde og kven som er kasterte. Frå 01.06.17 tredde det i kraft nye reglar i Noreg for registrering av hest. Dei nye reglane omfattar alle hestar fødd i EØS-området og reglane stiller krav om at det vert oppretta eit sentralt, nasjonalt hesteregister der opplysningar om alle hestar som er i landet skal registrerast (Mattilsynet 2017). Om det nye registreringssystemet fungerer optimalt vil ein kunne få ei oversikt over alle levande dyr. Om hesteeigarane også er flinke til å melde inn døde hestar, vil ein om 25-30 år forhåpentlegvis ha ei oversikt over alle levande dyr i landet. Dette er viktig og nødvendig informasjon som kan nyttast i avlsarbeidet. For dei bevaringstrua rasane må det imidlertid setjast i gong tiltak for å auke den genetiske variasjonen før dette er klart.

Dei seinare åra har det vore satt i gong fleire prosjekt for å prøve å ta grep om innavlsauken i rasen. I 2015 vart det for første gang innført hoppekvoter der kvar kåra dølasingst kan pare maks 25 hopper per år. Hensikta med å innføre hoppekvoter var å sikre mest mogleg like avkomsgrupper, i tillegg til å avgrense det totale genetiske bidraget frå enkelthingstar i populasjonen (Norsk Hestesenter 2016b). Livtidskvote er ikkje innført. Våren 2016 vart det berekna optimale bidrag for kåra dølasingstar ved hjelp av dataprogrammet EVA. Resultatet av dette synte at omtrent halvparten av dei kåra hingstane som er tilgjengeleg i dag ikkje burde brukast vidare i avlen. Av omsyn til hingsteholdarane vart ikkje adgangen til avl stoppa for enkelthingstar, men hoppekvotene vart i staden redusert til maks 15 bedekte hopper per hingst per år. Unntaket er hingstane som går i fjellhamn som får bedekke 20 hopper kvar (Furre 2016a).

I 2017 er det satt i gong eit hoppelinjeprosjekt der formålet er å bevare genetisk variasjon. Prosjektet er eit samarbeid mellom landslaga for dølahest, fjordhest og nordlandshest/lyngshest og Norsk Hestesenter. Hensikta med dette prosjektet er å sette føl på eldre hopper som er etterkommarar etter meir sjeldne stammar som er i ferd med å døy ut. For å identifisere aktuelle hingstar for bedekning av dei enkelte hoppene, vart dataprogrammet EVA nytta for å sjå på ulike hingst- og hoppekombinasjonar. For å stimulere eigarar til å sette føl på hopper som er avlsmessige verdifulle, får hoppeeigarar økonomisk støtte (Furre 2017). Å finne avlsmessige verdifulle hoppelinjer er eit krevjande arbeid, og det må gjerast kvart år om det skal vere ein langsiktig effekt på det genetiske mangfaldet i rasen.

Eit alternativ til både OCS og hoppelinjeprosjektet er å køyre clusteranalyse på heile populasjonen for å ivareta ei langsiktig og berekraftig forvaltning av rasen. Ein vil då i første omgang unngå bruk av individuelle kvoter som kan virke lite stimulerande for å drive med avl og oppdrett. Clusteranalysen kan vere eit forenkla verktøy for å bevare linjer, då det gir ei visuell oversikt over slektskap mellom dyr, både mellom og innan cluster. Clusteranalysen kan også vere eit verktøy i seleksjonsprosessen for hingstar, då ein lettare kan sikre at ein kårar hingstar i dei ulike clusterane som igjen representerer ulike linjer i populasjonen. Dette kan hjelpe til med å dempe akkumuleringa av innavl i rasen.

Ei av hovudutfordringa med avl av hobbyrasar er låg lønsemd og at den enkelte hesteeigar har eit fåtal av hestar. Dette fører til at eit fleirtal vil bruke den mest populære hingsten, for at sitt føl skal bli «best» mogleg. For at dølahesten skal overleve som rase må ein skape eit kollektivt ansvar for å få bukt med innavlsauken i rasen. Ved at resultatet av clusteranalysen er tilgjengeleg for hesteeigarane, kan det føre til auka forståing og kunnskap blant den enkelte hesteeigar når paringsavgjersler skal takast. Interaktive verktøy som er tilgjengeleg for hesteeigarar på nett er eit arbeid som bør prioriterast å få iverksett. Det bør samstundes vurderast om ein bør få på plass økonomiske støtteordningar til hoppeeigarar som nyttar hingstar i cluster som er mindre i slekt med si eiga hoppe.

Som resultata frå denne oppgåva syner slit dølahesten med at genetisk variasjon minkar, samtidig som innavlsnivået og slektskapet innad i rasen aukar. Dette til trass for tidlegare tilrådingar om å ta grep for å hindre dette (Farestveit 2009; Olsen et al. 2010). I verdssamanheng er dølahesten ein svært liten rase, og ein kan spørje seg om denne rasen har særeigne eigenskapar, bortsett frå å vere ein del av den norske historia og kulturarven, som gjer den så spesiell at det kan forsvarast å bruke store ressursar på å klare og halde den sunn og levedyktig dei komande åra. For å sikre at hesteeigarar i framtidige generasjonar også kan

få glede av denne rasen, er det avgjerande at ein framover styrer avlen gjennom strategisk planlegging og gode seleksjonsstrategiar, i den grad det er forsvarleg å drive med seleksjon i dagens situasjon. Seleksjonsstrategiar som fører til at få foreldre bidreg til neste generasjon, aukar innavlsnivået då seleksjonsintensitet er ein bidragande faktor til nivået av innavl i ein populasjon (Weigel 2001). Høg seleksjonsintensitet hjå unge hingstar er heller ikkje heldig sidan ein ynskjer at flest mogleg skal vise hingstane sine på utstilling. Blir få hingstar kåra, kan det føre til ein preseleksjon som gjer at viktig informasjon som kan nyttast i avlsarbeidet går tapt.

Før ein får på plass elektroniske system som ein kan nytte til å styre avlen, må ein i tillegg til å auke tal registrerte føl, ha fokus på å få fleire hingstar i avl, redusere slektskap mellom avlshingstar og sørge for at avkomsgruppene er så homogene som mogleg.

5 Konklusjon

Resultata frå denne oppgåva syner at ein er nøydde til å ta grep for å auke den genetiske diversiteten i rasen. Sjølv om det tidlegare har vore gjennomført prosjekt med import av andre rasar for å få bukt med innavlsauken, har dølahesten framleis store utfordringar knytta til innavlsproblematikk. Vidare syner funn frå denne oppgåva at import av ubeslekta dyr har ein positiv effekt på innavlsutviklinga, men for at ein skal få ein langtidseffekt av importen er ein nøydde til å ha ein langsiktig plan for å forvalte den genetiske variasjonen dei importerte dyra tilfører rasen.

For å forvalte rasen på lang sikt bør ein, som tidlegare tilrådd, ta i bruk seleksjon for optimale bidrag (Farestveit 2009; Olsen et al. 2010). Dette vil minimere slektskap hjå foreldra og minske innavlsnivået i framtidige generasjonar (Sonesson & Meuwissen 2001).

Inntil dette er i drift er clusteranalyse ein god strategi for å sikre at det genetiske mangfaldet vert ivaretatt. Gjennom clusteranalyse vil ein finne kjelder til genetisk variasjon, og ein vil kunne identifisere dyr i dei ulike clusterane som representerer genetikk som det er viktig å ivareta gjennom ei målretta forvaltning av populasjonen.

Clusteranalyse er også eit nyttig og visuelt verktøy for både hingste- og hoppeeigarar når paringsavgjersler skal takast. I tillegg vil det vere lettare å sikre at det vert kåra hingstar i dei meir ubeslekta clusterane. Dette krev at clusteranalysen vert digitalisert og tilgjengeleg for avlarane.

Før clusteranalysen er klar må fokuset ligge på å auke tal fødde og registrerte føl, få fleire hingstar i avl, redusere slektskapet mellom avlshingstar (ikkje kåre mange søner per hingst), og sørge for mest mogleg homogene avkomsgrupper.

6 Referansar

- Boichard, D., Maignel, L. & Verrier, E. (1997). The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genetics Selection Evolution*, 29 (1): 5-23.
- Bourdon, R. (2000). *Understanding Animal Breeding*. 2 utg.: Prentice-Hall, Inc.
- Cervantes, I., Goyache, F., Molina, A., Valera, M. & Gutiérrez, J. P. (2008). Application of individual increase in inbreeding to estimate realized effective sizes from real pedigrees. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 125 (5): 301-310.
- Dahle, H. K. (2009). *Hesten i vår tid*: Tun Forlag. 285 s.
- Det KGL. Selskab for Norges Vel. (1902). *Stambog over Heste af Gudbrandsdalsk rase*: Grøndahl & Søn.
- Falconer, D. S. & Mackay, T. F. C. (1996). *Introduction to quantitative genetics*. 4 utg. Essex, England: Longman Group. 464 s.
- Farestveit, I. (2009). *Innavlsutvikling og avlsstrategiar hos dølehest og nordlandshest/lyngshest i perioden 1999-2007*. Master: Universitetet for Miljø- og Biovitenskap, Institutt for husdyr- og akvakulturvitenskap.
- Food and Agriculture Organisations FAO. (1998). Secondary Guidelines for Development of National Farm Genetic Resources Management Plans. *Management of small Populations at Risk*.
- Food and Agriculture Organisations FAO. (2000). *World watch list for domestic animal diversity*. Roma. 337 s.
- Furre, S. (2016a). Hoppekvoter på dølahest. Tilgjengelig fra: <http://www.dolehesten.no/index.php/1370-37hoppekvoter-pa-dolahest-v-dr-siri-furre> (lest 06.07.17).
- Furre, S. (2016b). Status for de nasjonale hesterasene. Tilgjengelig fra: <http://www.nhest.no/Nyheter/2016/August/Status-for-de-nasjonale-hesterasene/> (lest 31.03.17).
- Furre, S. (2017). Hoppelinjeprojekt 2017. Tilgjengelig fra: <https://nhest.rikstoto.no/Nyheter/2017/April/Hoppelinjeprojekt2017/> (lest 17.07.17).
- Föreningen Nordsvenska Hästen. (2015). Avelsplan. Tilgjengelig fra: http://www.nordsvensken.org/res/dokument/AVELSPLAN-rev_20150218.pdf (lest 04.05.17).

- Gaustad, M. (1953). Statens utstilling for dølehingster. *Våre Hester* 30: 14-17.
- Gutierrez, J. P., Cervantes, I., Molina, A., Valera, M. & Goyache, F. (2008). Individual increase in inbreeding allows estimating effective sizes from pedigrees. *Genet. Sel. Evol*, 40: 359-378.
- Henderson, C. R. (1976). A simple method for computing the inverse of a numerator relationship matrix used in prediction of breeding values. *Biometrics*: 69-83.
- Høiseth, M. (2017). *Genetisk variasjon og fargegenetikk hos fjordhest*: Master: Norges miljø- og biovitenskapelige universitet, Fakultet for Biovitenskap, Institutt for Husdyr- og Akvakulturvitenskap.
- Klemetsdal, G. (1999). Stochastic simulation of sire selection strategies in North-Swedish and Norwegian cold-blooded trotters. *Livestock production science*, 57 (3): 219-229.
- Kvam, T. (2003). *Tiltak for å begrense innavlsøkning i dølehestpopulasjonen*: I: Riksstambok over norske hester. Norsk hestesenter.
- Lacy, R. C. (1997). Importance of genetic variation to the viability of mammalian populations. *Journal of Mammalogy*: 320-335.
- Landbruks- og matdepartementet, LMD. (2016). Evaluering av dagens bevaringsarbeid for de tre nasjonale hesterasene dølahest, fjordhest og nordlandshest/lyngshest og forslag til tiltak. Tilgjengelig fra: <https://www.regjeringen.no/contentassets/c10de85d7bf44e4797cf93a47b815fd0/evaluering-av-dagens-bevaringsarbeid-for-de-tre-nasjonale-hesterasene.pdf> (lest 31.03.17).
- Landslaget for Dølahest. (2017). Statutter Dølahestmesterskapet 2017. Tilgjengelig fra: <http://www.dolehesten.no/wordpress/wp-content/uploads/2017/02/Statutter-DHM.pdf> (lest 14.07.17).
- Lynch, M. & Walsh, B. (1998). *Genetics and analysis of quantitative traits*. Sunderland. 980 s.
- Mattilsynet. (2015). Offentlig krav om kåring av hingster som skal brukes til avl bortfaller. Tilgjengelig fra: https://www.mattilsynet.no/dyr_og_dyrehold/produksjonsdyr/avl_og_seminvirkomhet/offentlig_krav_om_kaaring_av_hingster_som_skal_brukes_til_avl_bortfaller.17610 (lest 03.07.17).
- Mattilsynet. (2017). Nytt nasjonalt hestegister - hva betyr det for deg? Tilgjengelig fra: https://www.mattilsynet.no/dyr_og_dyrehold/produksjonsdyr/hest/nytt_nasjonalt_hesteregister_hva_betyr_det_for_deg.21717 (lest 03.07.17).

- Norsk Hestesenter. (2005). Regler for registrering av de tre særnorske rasene. Tilgjengelig fra: [http://www.nhest.no/NHS/Dokumenter/Registrering/Regler for registrering av saernorske_raser.pdf](http://www.nhest.no/NHS/Dokumenter/Registrering/Regler_for_registrering_av_saernorske_raser.pdf) (lest 12.07.17)
- Norsk Hestesenter. (2012). Handlingsplan for nasjonale hesteraser. Tilgjengelig fra: <http://www.nhest.no/NHS/Avl%20og%20registrering/Handlingsplan%20de%20norske%20rasene/Handlingsplan%20for%20dei%20Nasjonale%20Hesterasane.pdf> (lest 12.07.17).
- Norsk Hestesenter. (2013). Møtebok for Klagenemnda for kåringsavgjørelser for dølahest. Tilgjengelig fra: http://www.nhest.no/NHS/utstilling%202/Resultatlist/2013/Hingster/Klager%20k%C3%A5ringsavgj%C3%B8relser%20m%C3%B8teb%C3%B8ker/Zultan_bejaering_om_omgjoring_av_vedtak.pdf (lest 17.07.17).
- Norsk Hestesenter. (2015a). Avlsplan for fjordhest. Tilgjengelig fra: http://www.nhest.no/NHS/Avl%20og%20registrering/Avlsplaner%20for%20nett/Fjordhest_avlsplan_april_2015.pdf (lest 01.06.17).
- Norsk Hestesenter. (2015b). Resultatliste Stav 17.-19.april 2015. Tilgjengelig fra: http://www.nhest.no/NHS/Utstilling%202015/Hingster/Stav/Stav_19april_2015.pdf (lest 03.07.17).
- Norsk Hestesenter. (2016a). Avlsplan for dølahest. Tilgjengelig fra: http://www.nhest.no/NHS/Avl%20og%20registrering/Avlsplaner%20for%20nett/Dolahest_avlsplan_godkjent_juni_2016.pdf (lest 03.07.17).
- Norsk Hestesenter. (2016b). Evaluering av dagens bevaringsarbeid for de tre nasjonale hesterasene dølahest, fjordhest og nordlandshest/lyngshest og forslag til tiltak. <http://www.nhest.no/NHS/Rapporter/evaluering-av-dagens-bevaringsarbeid-for-de-tre-nasjonale-hesterasene.pdf> (lest 03.07.17)
- Norsk Hestesenter. (2016c). Stav hingster 2016. Tilgjengelig fra: <http://www.nhest.no/Utstilling/Utstillingsresultater2/Hingster-2016> (lest 10.07.17)
- Norsk Hestesenter. (2017a). Bedekningslister. Tilgjengelig fra: <http://www.nhest.no/Avlregistrering/Bedekningslister-2010/> (lest 04.04.17)
- Norsk Hestesenter. (2017b). Stambok på nett. Tilgjengelig fra: <http://www.nhest.no/Andre-elementer/Sok-etter-hestkusklop/Sok-etter-hest/?search=Gjestar> (lest 17.07.17)
- Oliehoek, P. A., Bijma, P. & van der Meijden, A. (2009). History and structure of the closed pedigreed population of Icelandic Sheepdogs. *Genetics Selection Evolution*, 41 (1): 39.

- Olsen, H. & Klemetsdal, G. (2010). Management to ensure effective population size in a breeding programme for the small Norwegian horse breeds—a simulation study. *Acta Agriculturae Scand Section A*, 60 (1): 60-63.
- Olsen, H., Klemetsdal, G., Ruane, J. & Helfjord, T. (2010). Pedigree structure and genetic variation in the two endangered Norwegian horse breeds: Døle and Nordland/Lyngen. *Acta Agriculturae Scand Section A*, 60 (1): 13-22.
- Olsen, H., Meuwissen, T. & Klemetsdal, G. (2013). Optimal contribution selection applied to the Norwegian and the North-Swedish cold-blooded trotter—a feasibility study. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 130 (3): 170-177.
- Olsen, H. (2016). Rapport fra prosjektet "Clusteranalyse på slektskapsdata hos norsk kaldblodstraver": Norges Miljø- og Biovitenskapelige Universitet, Fakultet for Biovitenskap, Institutt for Husdyr- og Akvakulturvitenskap.
- Olsen, H. F., Klemetsdal, G., Helfjord, J. R. & Helfjord, T. (2000). Innavlsnivå og effektiv populasjonsstørrelse i dølehestavlen.
- Pérez-Enciso, M. (1995). Use of the uncertain relationship matrix to compute effective population size. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 112 (1-6): 327-332.
- Quaas, R. (1976). Computing the diagonal elements and inverse of a large numerator relationship matrix. *Biometrics*: 949-953.
- RStudio. (2016). *RStudio Version 1.0.44*: RStudio, Inc.
- SAS. (2016). *SAS/CONNECT®9.4 User's Guide*. Cary, NC: SAS Institute Inc.
- Selle, T. (2010). *Genetisk analyse av utstillingsresultat for dei norske hesterasane dølehest, fjordhest og nordlandshest/lyngshest*: Universitetet for Miljø- og Biovitenskap, Institutt for Husdyr- og Akvakulturvitenskap.
- Seterlund, W., Rolstad, A., Kristiansen, O. & Flatla, L. (1989). *Nye regler og rutiner for registrering og stambokføring av hest*. Oslo: Statens fagtjenester for landbruket.
- Sokal, R. & Michener, C. (1958). A statistical method for evaluating systematic relationships. *University of Kansas Science Bulletin* 38, 22: 1409-1438.
- Sonesson, A. K. & Meuwissen, T. H. E. (2001). Minimization of rate of inbreeding for small populations with overlapping generations. *Genetics Research*, 77 (3): 285-292.
- Svenska Hästavelsförbundet. (2014). *Blå Basen*. Tilgjengelig fra: <http://www.blabasen.se/sh/SokHast> (lest 04.10.16).
- Sørensen, T. (1948). A method of establishing groups of equal amplitude in plant sociology based on similarity of species and its application to analyses of the vegetation on Danish commons. *Biol. Skr.*, 5: 1-34.

- United Nations. (1992). Convention on biological diversity. Tilgjengelig fra:
<https://www.cbd.int/doc/legal/cbd-en.pdf> (lest 03.07.17).
- Vangen, O. (1983) The use of relationship matrices to avoid inbreeding in small horse populations. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 100 (1-5): 48-54.
- Vangen, O. (1996). Breeding goals and testing systems in Norwegian horse breeding. *47th Annual Meeting of the European Association for Animal Production*
- Vangen, O. (1999). *Analysen av innavl dødehest*. Foredrag Årsmøte i landslaget for dødehest, Sikkildalsseter.
- Vangen, O., Andresen, Ø., Birkeland, R., Gladhaug, O., Helle, O., Krogh, N. & Slagsvold, P. (1999). *Hesteboka*. 2 utg.: Landbruksforlaget.
- Vangen, O., Danielsen, K., Andresen, Ø., Birkeland, R., Gladhaug, O., Helle, O., Krogh, N. & Boman, I. A. (2007). *Hesteboka*: Tun Forlag.
- Weigel, K. (2001). Controlling inbreeding in modern breeding programs. *Journal of Dairy Science*, 84: E177-E184.



Norges miljø- og biovitenskapelig universitet
Noregs miljø- og biovitenskapelige universitet
Norwegian University of Life Sciences

Postboks 5003
NO-1432 Ås
Norway