

Arvet avgör om biffen blir mör

Det finns markörgener som har signifikanta effekter på mörheten i kött från svenska köttraser. Det visar aktuell forskning på lantbruksuniversitetet.

Ett DNA-prov på djuret och sedan vet vi om biffen blir mör. Visst låter det enkelt, men tyvärr är verkligheten mer komplicerad än så.

Många faktorer påverkar köttets kvalitet. Arvet är en av dem där framförallt egenskaper som mörhet och marmorering är föremål för intensiv forskning. Forskare har identifierat enskilda gener som styr förloppet i musklerna efter slakt och därigenom har stor påverkan på köttets ätegenskaper.

I MÅNGA länder erbjuds kommersiella gentester för vissa raser och egenskaper. Man skickar ett DNA-prov på ett djur för analys. I testet söker man efter genmarkörer som hänger ihop med gener för de egenskaper man vill bedriva avel på. Längst har man kommit i arbetet med att hitta genmarkörer just för egenskaper som handlar om köttkvalitet. Men det finns även gentester för andra egenskaper.

– Tyvärr är det inte så enkelt som att bara skicka prov på våra svenska djur utomlands för att få svar på djurens genetiska kapacitet, säger **Jens Fjelkner**.

– Testerna är utvecklade på andra länders djurmateriel och deras produktionsförhållande och avräkningssystem kan skilja sig från våra.

– I Nordamerika är i princip alla tjurkalvar kastrerade och väldigt många behandlas med hormon. Foderstaterna är annorlunda och eftersom markna-

den ställer hårda krav på marmorering av köttet är slaktdjuren generellt mycket fetare än i Sverige, säger Jens Fjelkner, konsult Svensk Köttraspövning.

DET ÄR DÄRFÖR av stor betydelse att testerna utvärderas under svenska förhållanden för att vara säkra på att de är relevanta även på vårt svenska djurmateriel. I ett pågående projekt på lantbruksuniversitetet undersöks förekomsten av olika markörgener hos fem svenska köttraser.

– Innan man kan bedriva avel på markörgener är det viktigt att undersöka vilken effekt de har på köttkvaliteten hos våra svenska köttrasdjur, säger **Marie Ekerljung**, som är doktorand och arbetar med projektet. Hon tillägger att ännu viktigare är att undersöka om det finns negativa samband mellan markörgener och övriga avelsmål som redan är satta i varje rasklubb.

UTIFRÅN ett underlag på cirka 200 genmarkörer, som var möjliga att studera, valdes fem ut eftersom de bedömdes vara av störst intresse för svenska förhållanden.

Dessa fem har betydelse för köttets kvalitet genom att de påverkar bland annat djurens fettmetabolism, proteinnedbrytning och olika processer som sker i musklerna efter slakt.

– Vi har samlat in prover av ryggbiffen på totalt 261 renrasiga ungtjurar av angus, charolais, hereford, limousin och simmental från svenska avelsbesättningar, säger **Maria Ekerljung**.

Köttkvaliteten i ryggbiffarna bedömdes utifrån vätskehållande för-



Jens Fjelkner.

måga, pH-värde, marmoreringsgrad, färg och mörhet mätt som skärmotstånd.

Samband mellan förekomsten av de fem genmarkörerna hos djuren och köttets kvalitetsegenskaper studerades.

Från ryggbiffarna har DNA-prov analyserats för förekomst av de fem genmarkörerna.

Marie Ekerljung berättar att resultatet visar att en av genmarkörerna som har samband med mängden intramuskulärt fett är vanligt förekommande hos alla de fem köttraserna.

– Resultaten pekar på att det finns en positiv effekt av den genmarkören och marmorering i biffen från charolais. Däremot fick vi ingen effekt på skärmotståndet.

FÖR ANGUS fann man att när en av markörerna förekom i dubbel uppsättning var skärmotståndet i köttet lägre.

– Nu vet vi att det finns markörgener som har signifikanta effekter på mörheten i kött från svenska köttraser, säger **Marie Ekerljung**.

Arbetet går nu vidare med att titta på fler genmarkörer. Nästa steg är att titta på samband mellan genetiska markörer för köttkvalitet och produktionsegenskaper som tillväxt, klassning och fettansättning.

Parallellt har Svensk Köttraspövning AB startat ett projekt som syftar till att se på möjligheter att tillämpa tekniken i större skala i Sverige. Information kommer kontinuerligt att publiceras på Köttraspövningens hemsida, www.kottraspovningen.se.

LENA WIDEBECK



Ger sen seminering fler tjurkalvar?

DE FÖRSÖK som gjorts för att ta reda på om man kan påverka kalvens kön via tidpunkten för seminering visar på motstridiga resultat.

Innan dagens metod att sortera sperma fanns tillgänglig gjordes en hel del försök där man utnyttjade möjliga skillnaderna mellan x- och y-spermier. En teori var att y-spermierna simmade snabbare men dog tidigare.

Om insemination gjordes tidigt under brunst skulle flera y-spermier dö i väntan på ägglossning än x-spermier.

Det skulle då resultera i att flera kvigkalvar än tjurkalvar föddes. Även om några vetenskapliga bevis inte finns att spermiernas rörelsehastighet skiljer sig mellan x- och y-spermier fann man visst stöd för teorin i ett försök.

Genom att mäta elektriskt motstånd i brunstslem bestämdes när i brunsten kon seminerades. Resultatet visade att tidiga inseminationer gav upphov till tjur/kviga i en relation 10:90.

Problemet är att endast ett tiotal kor ingick i försöket och det har inte kunnat upprepas!

I ett annat försök undersöktes när drygt 800 kor seminerades i relation till första tecken på brunst.

Kor som semineras tidigt, 0-8 timmar efter brunstens början, och de som seminerades sent, mer än 16 timmar efter brunstens början, tenderade att ge fler tjurkalvar, relation 53:47 respektive 58:42, än de som seminerades däremellan, 8-16 timmar efter brunstens början, relation 50:50.

I ett ytterligare försök där man använde brunstsynkronisering fick man däremot motsatt resultat. De som seminerades tidigt respektive sent fick i stället fler kvigkalvar, relation cirka 35:65.

Slutsatsen man måste dra av dessa tre försök är att det finns små möjligheter att bestämma könet på kalven genom att välja inseminationstidpunkt. För att få fler kvigkalvar är det därför säkrast att använda sig av könssorterad sperma.

HANS GUSTAFSSON,
EXPERT FRUKTSAMHET
PÅ SVENSK MJÖLK

Nu är det viktigt att undersöka om det finns negativa samband mellan markörgener och övriga avelsmål för kötttraserna.

Samband mellan förekomsten av fem genmarkörer hos 261 svenska renrasiga kötttrastjuror och köttets kvalitetsegenskaper har studerats i ett försök på lantbruksuniversitetet finansierat av Stiftelsen Lantbruksforskning.

FOTO LENA WIDEBECK

GENMARKÖRER GER S



Det genomiska testet görs med hjälp av en DNA-analys av vävnad, exempelvis ett blodprov eller ett svabbat prov i djurets näsborre.

FOTO VIKING GENETICS

Genomisk avelsvärdering är ett hett ämne inom husdjursaveln. Det har kallats den tredje revolutionen efter semin och beräkningsmetodiken BLUP. Tekniken används redan i det nordiska avelsarbetet med mjölkkor.

Med genomisk selektion kan avelsframstegen förbättras. Den stora fördelen med genomisk avelsvärdering är att djurens genetiska kapacitet kan beräknas utifrån ett DNA-test redan när de föds. Man behöver inte vänta tills djuret självt eller framtida avkommor har presterat något.

Det genomiska testet görs med hjälp av en DNA-analys av vävnad, exempelvis ett blodprov eller ett svabbat prov i djurets näsborre. I analysen söker man igenom hela arvsmassan, det så kallade genomet, efter genetiska markörer.

Med hjälp av ett lexikon med information från resultat av fenotypiska registreringar och traditionella avelsvärden kan genomiska avelsvärden beräknas.

Ett djur kan ha både ett avelsvärde beräknat utifrån fenotypisk information och ett genomiskt avelsvärde baserat på ett DNA-test.

Inget av avelsvärdena beskriver djurets

sanna genetiska förmåga utan är olika skattningar.

SKATTNINGARNA är beräknade med olika säkerhet beroende på typ och mängd information samt analys som ligger bakom.

Bäst blir resultatet om man kombinerar de traditionella och genomiska avelsvärdena till ett sammanvägt, så kallat genomiskt förstärkt avelsvärde.

Inom mjölkkoaveln används genomisk avelsvärdering rutinmässigt sedan flera år för att öka avelsframstegen.

Generationsintervallet kan enligt teorin komma att halveras och säkerheten på ett avelsvärde beräknat utifrån djurets härstamning kan öka från cirka 20-35 procent till cirka 40 procent när man kombinerar härstamningsinformation med genomisk information. Ibland upp till 60-70 procent.

Det har störst betydelse vid rekrytering av semintjuror och unga blivande mödrar till semintjuror.

Egenskaper med låga arvbarheter, som hälsa och fruktsamhet, har mest att tjäna, liksom egenskaper som uttrycks sent i livet, till exempel hållbarhet.

Tänkbara fördelar för framtiden är

PRINCIPEN FÖR GENOMISK AVELSVÄRDERING

Fenotypisk information

Uppgifter på mjölkavkastning, tillväxt med mera insamlade från individ- eller avkommeprövning.

Genomisk information

Uppgifter på DNA-markörer i djurets genom erhålls genom genomiskt test av till exempel blodprov.

att använda genomiskt urval för egenskaper som är svåra eller dyra att mäta i stor skala, till exempel fodereffektivitet eller metangasproduktion.

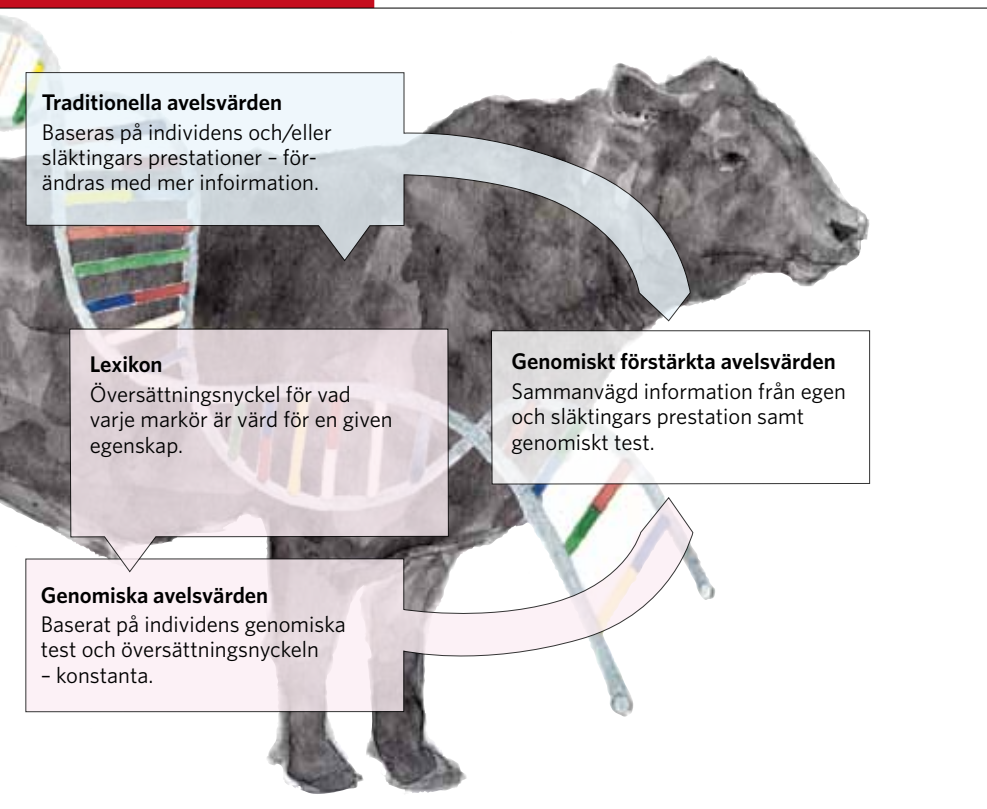
Tillämpningen av den nya tekniken har gått fort men det finns mycket kvar att undersöka. Forskning och utveckling sker på nationell, nordisk och internationell nivå. En sak är säker – genomisk avelsvärdering är här för att stanna.

Den kommer att vara ett värdefullt komplement även om den inte kan ersätta våra traditionella avelsvärden baserade på egenskaper som mäts och registreras i kodatabasen.

EMMA CARLÉN, AVELSEXPERT
PÅ SVENSK MJÖLK

NABBARE FRAMSTEG

VÄRDERING



ENKEL ORDLISTA

BLUP - en metod för att beräkna avelsvärden. Best Linear Unbiased Prediction betyder bästa möjliga skattning.

Gen - en sekvens av DNA.

DNA - förkortning av deoxyribonucleic acid som är det kemiska ämne som bär den genetiska informationen, genomet.

Genotyp - en individs genetiska egenskaper, dess genom.

Fenotyp - det som kan mätas på en individ för en specifik egenskap, exempel är tillväxt eller fruktsamhet.

Snipp - en positionsbestämd variation i arvs-massan, exempel sekvensen AATGCC kan vara förändrad till AACGCC.

Vid genomisk avelsvärdering är fenotypisk information och traditionella avelsvärden nödvändiga för att skapa det lexikon, översättningsnyckel, som används för att berätta värdet av varje markör för en egenskap.

Så fungerar genetiska markörer

Genetiska markörer är små utvalda delar av DNA-strängen som är jämnt fördelade över hela genomet.

En markör är inte en gen, men den är kopplad till och nedärvs tillsammans med en gen som påverkar en viss egenskap. På så sätt markerar den vilken gen som nedärvs.

Idag används så kallade snippor som markörer. Snipp kommer från engelskans Single Nucleotide Polymorphisms, SNP. Fritt översatt betyder snippor "enskilda baspar i vilka det finns skillnader mellan djur". Ett baspar är den minsta delen av DNA-strängen och består av två stycken sammankopplade baser, antingen A-T eller G-C. Med ett variabelt baspar, en snipp, menas en position

i DNA-strängen där det i populationen finns både paren A-T och G-C.

SÖKNINGEN av snippor går till så att man använder ett chip, som kan liknas vid en mönstermall, vilket kan läsa av en viss mängd baspar i genomet. Det vanligaste chipet som används idag kan läsa av 50 000 baspar (50K) men det finns också chip för 3000 (3K) respektive 800 000 baspar (800K). Vilket som används är en avvägning mellan mängden information och kostnader för analysen. Totalt sett har nötkreatur tre miljarder baspar så det är bara en liten del av genomet som fångas upp oavsett chipstorlek. Ju fler markörer man har desto mer sannolikt att dessa hamnar nära de verkliga generna som påverkar egenskapen.

När man har läst av genomet behöver man ett lexikon. Snipporna i sig har inget värde om vi inte kan koppla dem till hur dessa markörer påverkar de egenskaper vi är intresserade av. Lexikonet över vad varje snipp är värd skapas från en referenspopulation av djur. Den består av djur som både har egna registreringar för de egenskaper vi vill avelsvärdera, så kallad

fenotypisk information, och genomisk information. Med hjälp av uppgifterna i referenspopulationen skattas samband mellan varje enskild snipp och de olika egenskaperna.

DE SNIP-EFFEKTER som erhålls och sedan används som översättningsnyckel grundas alltså på registrerade uppgifter i databaser som KAP och Kokontroll. Ursprungligen trodde man att Snip-effekterna skulle vara konstanta men det har visat sig nödvändigt att räkna om dem regelbundet. För att kunna använda sig av genomisk information i avelsarbetet behövs alltså även databaser med registreringar av fenotypvärden på enskilda djur.

Med hjälp av detta lexikon så kan man sedan beräkna genomiska avelsvärden för unga djur som inte har egna registrerade data utan endast genomisk information. En nyfödd kalv får ett genomiskt avelsvärde genom att man summerar effekten av alla dess snippor på en viss egenskap. Om detta görs för alla egenskaper i avelsmålet får man ett mått på kalvens potential som framtida avelsdjur.

EMMA CARLÉN