



**SVENSKA
KENNELKLUBBEN**
HUNDÄGARNAS RIKSORGANISATION

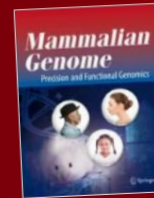
Genetisk variation och DNA-tester i avelsarbetet med hund

[Home](#) > [Mammalian Genome](#) > [Article](#)

Purebred dogs show higher levels of genomic damage compared to mixed breed dogs

[Open access](#) | [Published: 21 October](#)

[Download PDF](#) 



Mammalian Genome

UC DAVIS

[ABOUT US](#)

[ADMISSIONS](#)

[ACADEMICS](#)

[RESEARCH](#)

[CAMPUS LIFE](#)

[NEWS](#)

Most Dog Breeds Highly Inbred

Study Suggests Inbreeding Contributes to Increase in
Disease and Health Care Costs

by Trina Wood | December 02, 2021

Sofia Malm Persson, genetiskt sakkunnig, SKKs kansli



SVENSKA
KENNELKLUBBEN
HUNDÄGARNAS RIKSORGANISATION

Vad tänker hon prata om?

- Vad är genetisk variation, och vad påverkar graden av variation?
- Avel i små populationer - konsekvenser av inavel
- Hur göra för att bevara genetisk variation?
- Släktskapsindex
- Avelsurval vs variation
- Att öka den genetiska variationen

Kort paus

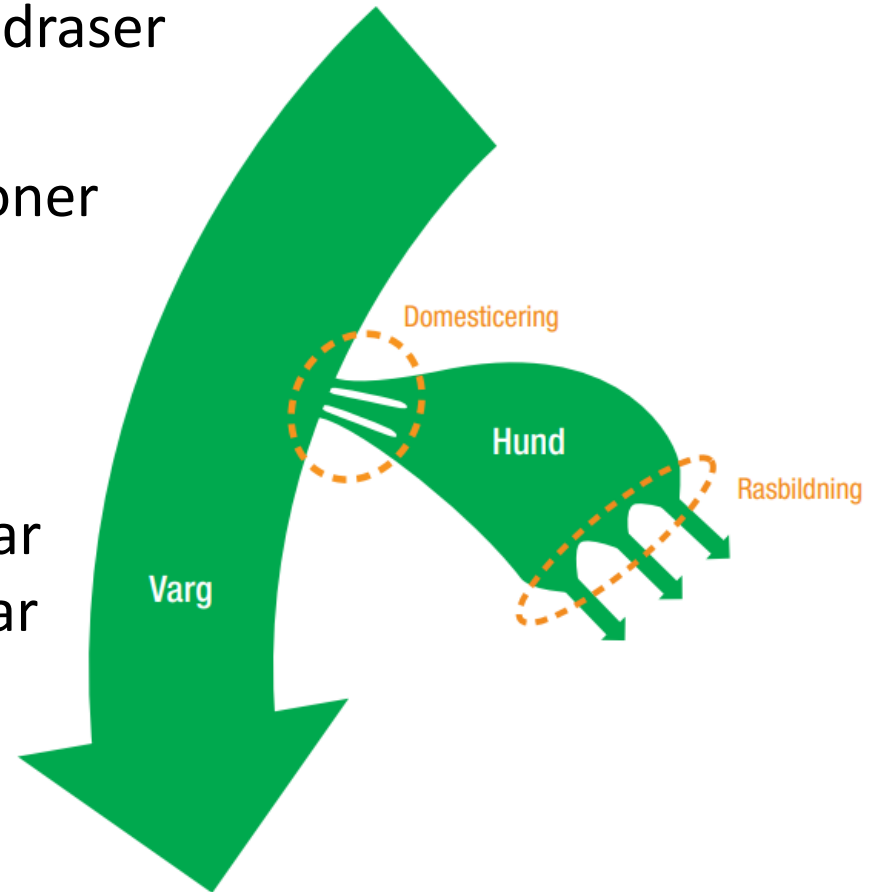
- DNA-tester i avelsarbetet
 - För genetisk variation
 - För olika egenskaper, ff a sjukdomar



SVENSKA
KENNELKLUBBEN
HUNDÄGARNAS RIKSORGANISATION

Låg genetisk variation inom ras

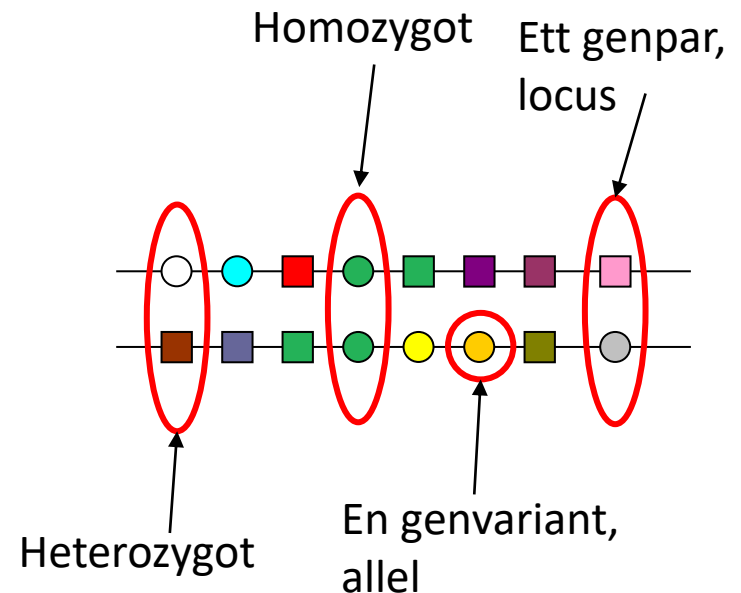
- Uppdelning i ett stort antal hundraser – pågår fortfarande
- Många numerärt små populationer och subpopulationer
- Inavel och överanvändning av enskilda avelsdjur
- Liten andel av tillgängliga hundar används i avel (ca 3-8% av hanar och 10-20% av tikar)



Några begrepp

- **Gen** = enheten för ärftlig information
- **Locus** = platsen på kromosomen där genen finns
- **Allel** = variant av samma gen
 - Varje individ har 2 gener av samma sort, 2 alleler
 - Samma allel (**homozygot**)
 - Olika alleler (**heterozygot**)
- Alla individer har alla gener!

Graden av genetisk variation
är graden av heterozygoti i
hundens arvs massa.



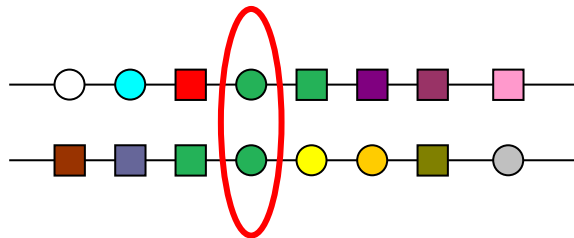
Några begrepp

Minskad genetisk variation

= minskad grad av heterozygoti

= ökad andel identiska genvarianter i ett locus

= ökad grad av homozygoti



Inavelskoefficienten (F) anger *sannolikheten* att två alleler i ett genpar hos en individ är identiska genom arv.

$F = 1/8$, d v s individen har 1 av 8 genpar (eller 12,5 %) som är identiska genom arv

Vad påverkar graden av variation?

+

Mutationer (genförändringar)

Migration (genflöden, t ex import av obesläktade avelsdjur, inkorsning)

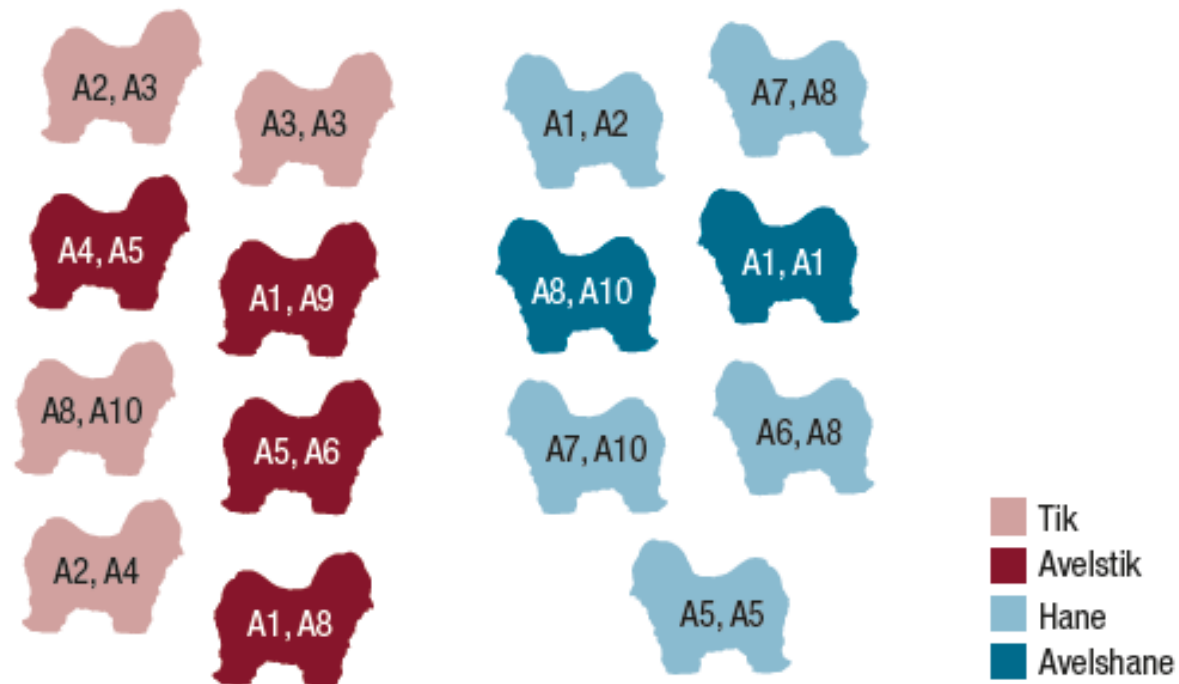
-

Selektion (avelsurval)

Genetisk drift (slumpmässiga förändringar)

Vad påverkar graden av variation?

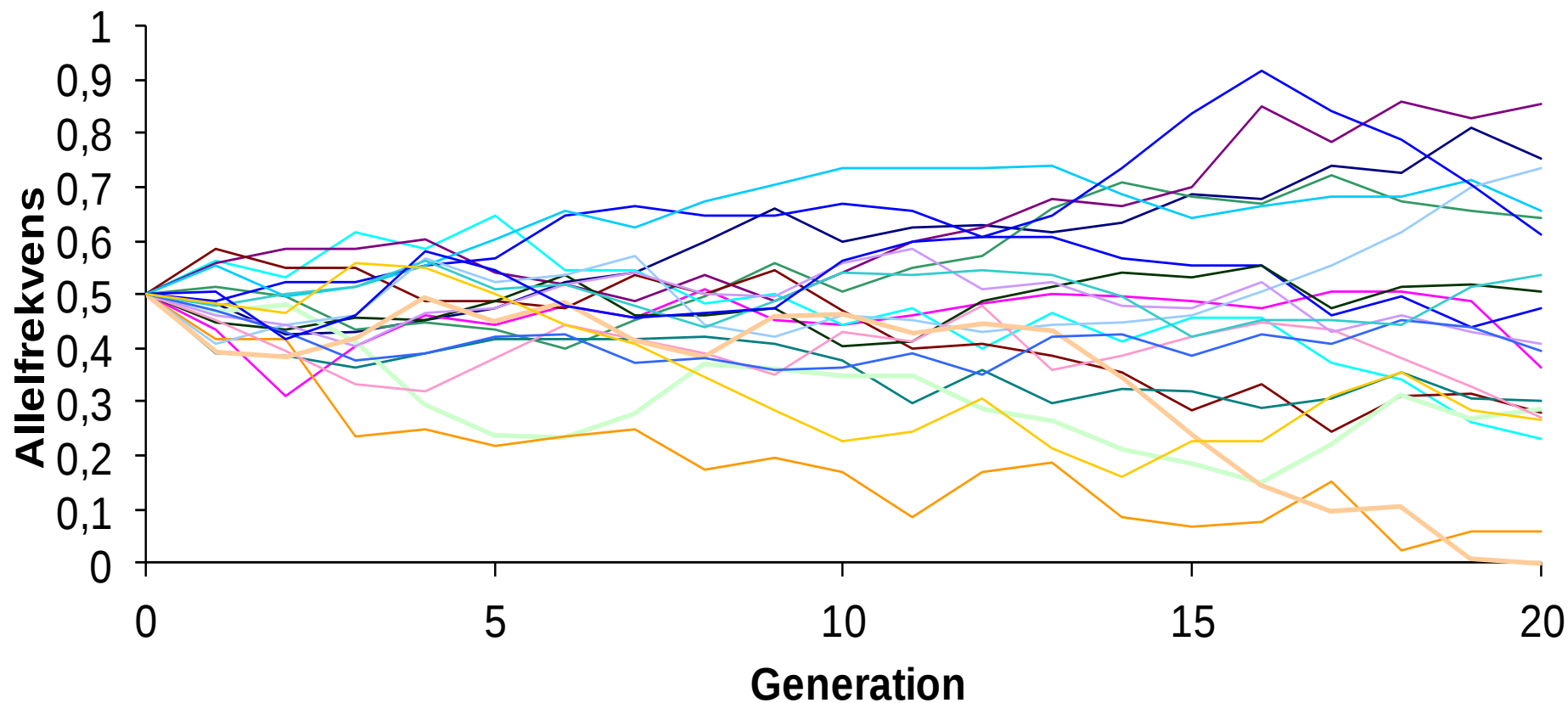
I en sluten population minskar den genetiska variationen kontinuerligt.



Avel i små populationer

- En numerärt liten ras är extra sårbar för förlust av genetisk variation
- Genfrekvenserna kan komma att ändras även utan avelsurval – genetisk drift
- Egenskaper kan förändras, eller förvinna ur populationen
- Svårt att undvika inavel i en numerärt liten population, alla djur är mer eller mindre släkt...

Exempel på genetisk drift, 20 pop., N=50



Vad blir konsekvensen av ökad homozygoti i genomet?

- Ökad risk för att recessiva defekter kommer till uttryck (p g a dubblering av defektanlag)
- Inavelsdepression (negativ inverkan på fertilitet, livskraft, tillväxt och immunförsvar)
- Minskade möjligheter till förändring genom avelsurval



SVENSKA
KENNELKLUBBEN
HUNDÄGARNAS RIKSORGANISATION

Vad blir konsekvensen av ökad homozygoti i genomet?



Contents lists available at ScienceDirect

The Veterinary Journal

journal homepage: www.elsevier.com/locate/tvj



Inbreeding impact on litter size and survival in selected canine breeds

Grégoire Leroy^{a,b,*}, Florence Phocas^{a,b}, Benoit Hedan^c, Etienne Verrier^{a,b},
Xavier Rognon^{a,b}

^a AgroParisTech, UMR 1313 Génétique Animale et Biologie Intégrative, Paris F-75231, France
^b INRA, UMR 1313 Génétique Animale et Biologie Intégrative, Jouy-en-Josas F-78352, France



Conservation Genetics

<https://doi.org/10.1007/s10592-019-01240-x>

RESEARCH ARTICLE

Body size, inbreeding, and lifespan in domestic dogs

Jennifer Yordy^{1,2}, Cornelia Kraus^{3,4}, Jessica J. Hayward¹, Michelle E. L. Promislow⁷, Adam R. Boyko¹

Canine Medicine and Genetics

Bannasch et al. *Canine Medicine and Genetics* (2021) 8:12
<https://doi.org/10.1186/s40575-021-00111-4>

Open Access



The effect of inbreeding, body size and morphology on health in dog breeds

Danika Bannasch^{1*}, Thomas Famula², Jonas Donner³, Heidi Anderson³, Leena Honkanen³, Kevin Batchelor¹,
Noa Safran^{1,4}, Sara Thomasy^{5,6} and Robert Rebhun⁵

Problem

Sennen innefattar små kullstorlekar, låg (lemlen) och pyometra (livmoderinflammation).

SSHK ligger i medel på 65 % utifrån tomma tikar och fruktbarhetsprocent bör ligga 10-15% högre när man jämför med andra raser.



E. Creevy⁶.

2012

2013

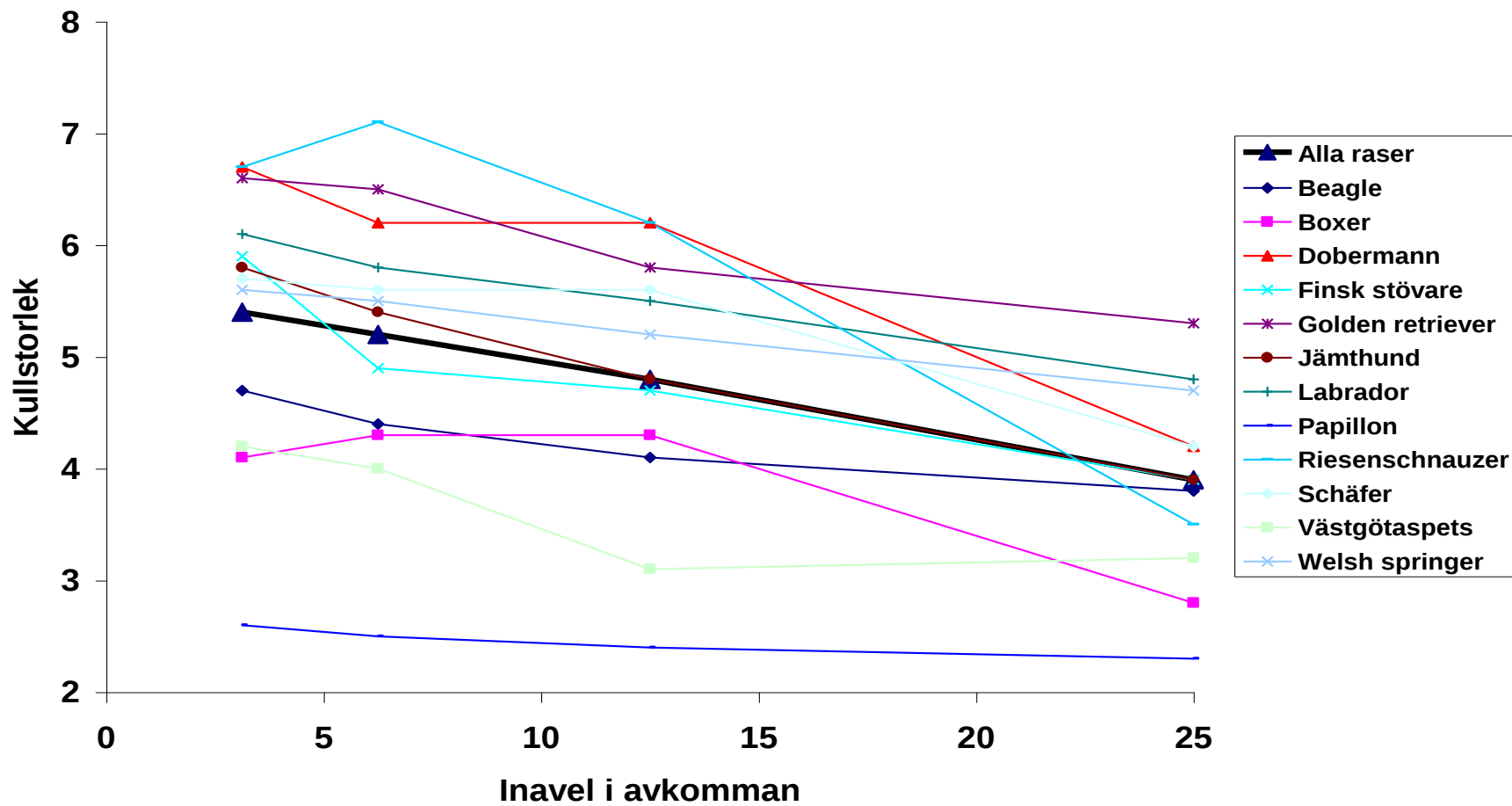
2014

2015

(alla tikar+rapporterade kullar)

(2005-2002) i en undersökning av svenska hundar visar att Berner Sennen raser som hade högst risk för kejsarsnitt. För SSHK:s statistik, se bilaga 1. Även livmoderinflammation ligger högt i statistiken jämfört med andra raser.

Kullstorleken samband med inavelsgraden hos hund



Men, det har ju gått bra hittills?

- När visar sig konsekvenserna av inavel och brist på genetisk variation?
- Beror på flera faktorer: populationens storlek, graden av inavel, slumpen...
- Defektalleler kan finnas i relativt hög frekvens utan att avslöja sig
- Effekter av inavelsdepression (t ex reproduktionsstörningar) inte alltid lätt att koppla till inavel
- När effekterna visar sig tydligt kan det vara för sent
- Inavel = högre risktagande

Genetisk variation och hälsa – hänger det ihop?

ATT DISKUTERA

- Kan ni se några konsekvenser av inavel i er ras?
- Finns det hälsoproblem som ni tror kan härledas till brist på genetisk variation?

Årets sociala tjänstehund 2019
Dis, Barvestad's Last Dis Of Aliena



Hur minska förlusten av genetisk variation?

- Fler hundar i avel – undvik överanvändning
 - Begränsning av antal kullar efter enskild hane
- Jämn könsfördelning
 - Betyder oftast att man ökar antal hanar
- Undvik genetiska flaskhalsar
 - = år med litet antal avelsdjur
- Undvik nära släktskapsparningar
 - Långsammare inavelsökning
- Ökat internationellt utbyte
 - Import av djur obesläktade med den svenska populationen

Släktskapsindex – nytt verktyg för att lättare hitta genetiskt värdefulla hundar

- Beräkning av varje individs medelsläktenskap med resten av rasen = släktskapsindex
- Underlättar att hitta hundar som är relativt lite släkt med övriga hundar i rasen
- Värdefullt för att ta till vara på den genetiska variation som finns!



Hamiltonstövare



Svensk lapphund

Släktskapsindex i praktiken

- Den aktiva populationen definieras som SE-registrerade hundar födda 9 (hanhundar) eller 7 år (tikar) tillbaka i tiden
- Beräkningen av släktskapet tar i princip hänsyn till all information bakåt i stamtavlan
- En del hundar har inte så komplett härstamning bakåt i stamtavlan - deras släktskap med resten av populationen riskerar att blir underskattat och osäkert

Släktskapsindex i praktiken

- Som komplement till indexvärdet beräknas även stamtavledjup upp till 8 generationer
- Värde 3 = information motsvarande 3 kompletta generationer (2 föräldrar, 4 mor-/farföräldrar och 8 i nästa generation)
- Hundar med kortare stamtavlor kan få underskattade indexvärden

Regnr	Namn	Kön	Födelseår	Medelsläktenskap	Index	Antal generationer
SE57153/2018	GRYTOSENS BAMSE	H	2018	0,022	58,4	5,6
SE29550/2019	LOSNABAKKEN'S M-S THULE	H	2019	0,023	58,7	5,2
SE27578/2014	HJORTLIAS BOSS	H	2014	0,024	60,1	5,6



SVENSKA
KENNELKLUBBEN
HUNDÄGARNAS RIKSORGANISATION

Släktskapsindex i avelsurvalet

Släktskapsindex = 100

Det genomsnittliga släktskapet för alla hundar (hanar och tikar) i materialet.

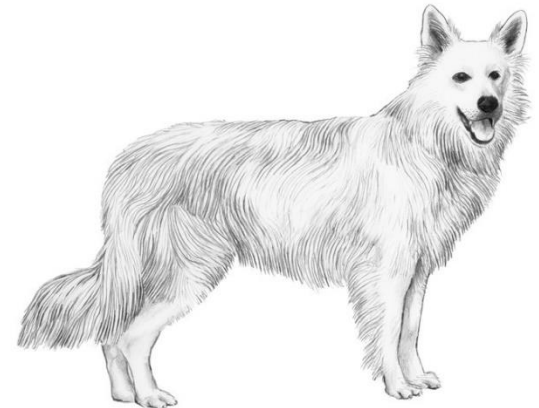
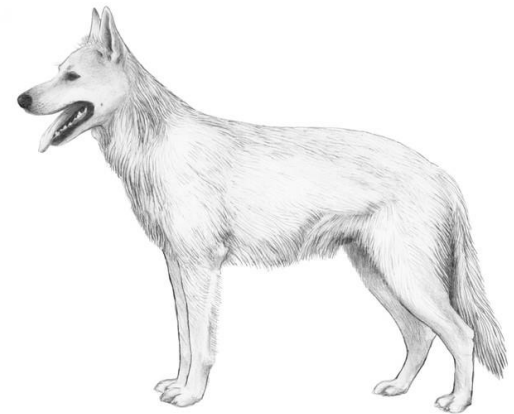
Släktskapsindex >100

Högre index motsvarar större släktskap med övriga hundar än rasen i genomsnitt.

Släktskapsindex <100

Lägre index motsvarar mindre släktskap med övriga hundar än rasen i genomsnitt.

I avelsarbetet är alltså målsättningen att identifiera lämpliga avelsdjur med låga släktskapsindex (under 100)



Släktskapsindex i avelsurvalet

- Avkomman blir mindre släkt med resten av rasen om man väljer en hund med lågt släktskapsindex (<100)
- Titta även på antal generationer – hundar med ofullständig härstamning (lägre värde för antal generationer) kan ha underskattade släktskapsindex
- Gå inte bara på släktskapsindex, risk att alla använder samma hundar vilket ger överanvändning och ökat släktskap i senare generationer
- Finns det hundar med låga släktskapsindex som kan vara värda att meritiera/undersöka närmare?



SVENSKA
KENNELKLUBBEN
HUNDÄGARNAS RIKSORGANISATION

Hur ser medelsläktskapet ut för olika raser?

Ras	Medelsläktskap
Vorsteh strävhaarig	0,03
Vorsteh korthaarig	0,03
Vit herdehund	0,03
Collie långhaar	0,03
Cavalier	0,03
Kleiner Münsterländer	0,04
Gråhund	0,06
Collie korthaar	0,08
Karelsk björnhund	0,09
Schiller	0,14
Hamilton	0,15
Jämthund	0,16
Vit älghund	0,17
Svensk lapphund	0,17
Småland	0,19
Hälleforsare	0,22
Västgötaspets	0,48

Genetisk variation vs avelsurval

Genetisk variation och avelsurval behöver balanseras

- Många egenskaper att ta hänsyn till
- Prioriteringar är nödvändiga
- Populationsstrukturen påverkar avelsstrategin
 - I en större population finns mer utrymme för avelsurval
 - I en liten population är utrymmet för selektion mycket begränsat

Varför
prioritera?



Gör en konsekvensanalys

Av vilka orsaker utesluts hundar från avel?

- Fel färg
- Saknar tillräcklig utställningsmerit
- Har ej känd HD status/fria höftleder
- Avsaknad av resultat för DNA-test
- Saknar tänder
- Kastrerad
- osv...

Finns det omotiverade "trösklar"?

Finns det hundar som bör fångas upp som potentiella avelsdjur?



SVENSKA
KENNELKLUBBEN
HUNDÄGARNAS RIKSORGANISATION

Ingen hund är perfekt

- Olika djur har för- och nackdelar i olika egenskaper
- Ett brett avelsmål minskar risken för överdriven fokus på ett fåtal egenskaper
- Undvik att sortera bort fullgoda avelsdjur på grund fel färg, hårlag, avvikande storlek, etc
- Tidigt urval ger större osäkerhet i avelsvärderingen
- Hälsa och välbefinnande kommer först!

Men om det inte räcker att bevara genetisk variation?

- Dispensregistrering/inmönstring
- Parning mellan varianter av raser (i vissa fall närbesläktade raser)
- Inkorsning/öppen stambok mellan raser

Kan man öka den
genetiska
variationen?





**SVENSKA
KENNELKLUBBEN**
HUNDÄGARNAS RIKSORGANISATION

Lathund från AK



SVENSKA KENNELKLUBBEN
HUNDÄGARNAS RIKSORGANISATION

Datum/Dö
2022-10-2

Lathund avseende projekt för ökad genetisk variation



Riktlinjer för ansökan om korsningsprojekt

Ansökan om att genomföra ett korsningsprojekt (som inkorsningar eller genom att öppna stamboken) ställs till SKKs avelskommitté, via rasens specialklubb. Ansökan bör innehålla nedanstående delar:

- En kartläggning av nuläget i rasen (framförallt avseende genetisk variation, allmän hälsostatus och eventuella tecken på inavelsdepression). RAS kan utgöra grunden för denna beskrivning.
- Målsättningen med korsningsprojektet.
- Beskriv hur projektet ska bedrivas, t ex i form av inkorsning, dispensregistrering, öppen stambok eller en kombination av olika åtgärder.
- Vald ras/raser för projektet och motivering till denna/dessa.
- Beskriv vilka krav som ska ställas på aktuella avelsdjur i projektet, både individer av den egna rasen och inkorsningsrasen/-raserna.
- Beskriv hur avkommorna från korsparningar ska följas upp och vilka krav som ska ställas för att dessa ska kunna gå vidare i avel.
- Inkludera gärna en kort beskrivning av hur projektet ska kommuniceras med och förankras hos uppfödare, hanhundsägare och övriga medlemmar.
- Inkludera en översiktlig tidplan för projektets genomförande och uppföljning.
- Yttrande från specialklubben ska finnas med i ansökan.



Kartläggning av nuläget

...med avseende på genetisk variation, allmän hälsostatus och eventuella tecken på inavelsdepression.

- Ta fram underlag (SKK Avelsdata, försäkringsdata, hälsoenkäter m.m.)
- Behöver befintliga avelsstrategier revideras i syfte att bibehålla eller öka genetisk variation?
 - Strikta krav och trösklar?
 - Utbyte med andra länders populationer av rasen?

Definiera målsättningen

- Varför behövs ökad genetisk variation?
 - Ökad genetisk variation
 - Förbättrad fertilitet
 - Minskad förekomst av specifika sjukdomar
 - Förbättring av vissa egenskaper
 - Återintroduktion av egenskaper
- Vilka befintliga egenskaper är viktiga att bevara?
- Förankring
 - Vad tycker klubbens medlemmar är viktigt?

Dispensregistrering/inmönstring

- Finns oregistrerade individer som kan vara värdefulla avelsdjur?
- Ansökan ställs till SKK/AK

”Hund, vars härstamning inte kan härledas till inom samma ras registrerade hundar, kan i undantagsfall erhålla registreringsdispens efter att ha bedömts med avseende på exteriör, mentalitet/funktion, hälsa och/eller med hänsyn till genetisk variation. Vilka uppgifter som behövs kan variera beroende på ändamålet med dispensregistreringen.”





SVENSKA
KENNELKLUBBEN
HUNDÄGARNAS RIKSORGANISATION

Från ras till variant av ras

- Öppna upp för parning mellan närbesläktade raser?
- Finns flera exempel där t ex olika storlekar och hårlag definieras som varianter av samma ras
- Förenklar genetiskt utbyte mellan närbesläktade populationer
- Kan behålla separata rasstandarder och cert
- Framgår i härstamningen vilken variant individerna tillhör

Inkorsning

- Introduktion av genetisk variation genom parning med en annan ras?
- Återkorsning i senare generationer
- Upprepade inkorsningar behövs för långsiktig effekt
- Ansökan om inkorsning ställs till SKK/AK
- Avkomma efter korsparning registreras i SKKs X-register
- Korsningsdjuren kan användas i avel om de uppfyller reglerna för aktuell ras (från 2023)
- X-registrerad hund kan delta och meritera sig i prov och tävlingar på samma premisser som aktuell ras (från 2023)

Öppen stambok

- Under kontrollerade former öppna stamboken mot annan ras för genetiskt inflöde?
- Administrativt enklare och potentiellt effektivare än inkorsning
- Avkommorna registreras i dagsläget i den ordinarie stamboken (längre fram i SKKs uppdaterade X-register)
- Korsningsdjuren kan användas i avel om de uppfyller reglerna för aktuell ras

Inkorsning eller öppen stambok – vad ska man tänka på?

- Identifiera lämpliga raser
- Krav på avelsdjur
 - Av den egna rasen
 - Av inkorsningsrasen
- Hur många korsparningar
- Utvärdering av avkommorna
- Planering och kontinuitet för ett lyckat projekt!



Riktlinjer för ansökan om korsningsprojekt

Ansökan ställs till SKKs avelskommitté och bör innehålla nedanstående delar:

- Kartläggning av nuläget i rasen
- Målsättningen med korsningsprojektet
- Beskriv hur projektet ska bedrivas
- Vald ras/raser för projektet och motivering till denna/dessa
- Vilka krav ska ställas på aktuella avelsdjur i projektet
- Hur ska avkommorna från korsparningar ska följas upp och vilka krav ska ställas för att dessa ska kunna gå vidare i avel
- Kort beskrivning av hur projektet ska kommuniceras med och förankras hos uppfödare, hanhundsägare och övriga medlemmar
- Översiktlig tidplan för projektets genomförande och uppföljning
- Yttrande från specialklubben



SVENSKA
KENNELKLUBBEN
HUNDÄGARNAS RIKSORGANISATION

Inspelade webinarier

På SKKs Youtube-kanal

<https://www.skk.se/uppfodning/halsa/genetik-och-avel/>



https://www.youtube.com/watch?v=TJBanUDT_yM&t=8s



**SVENSKA
KENNELKLUBBEN**
HUNDÄGARNAS RIKSORGANISATION

DNA-tester som verktyg i avelsarbetet



Sofia Malm Persson
SKK, Avdelningen för avel och hälsa

Uppsjö av genetiska tester i hundaveln

Test för specifika genvarianter

- Sjukdomsgenetiska tester
- Färgtester
- Tester för andra egenskaper

DNA-profiler

Härstamningstest

Genetisk variation (genomisk inavelsgrad)

Analyser av släktskap mellan raser/rastillhörighet



Genomisk inavelsgrad

- Kan bestämmas på DNA-nivå genom molekylärgenetiska metoder
- Ger en bättre uppskattning av individens verkliga inavel
- Siffrorna inte direkt jämförbara med härstamningsbaserad inavel

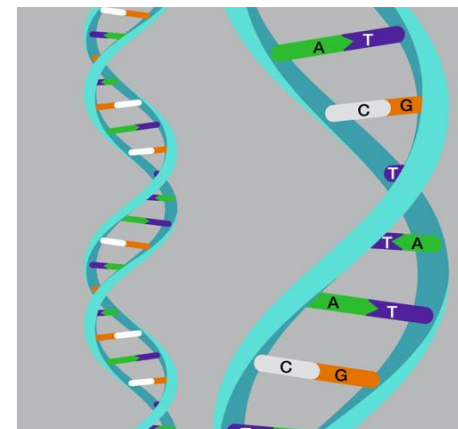
Den genetiska DNA koden byggs upp av fyra baser

A = adenin

T = tymin

G = guanin

C = cytosin



Genomisk inavelsgrad - ett mått på graden av homozygoti

ACTCTTGACTGGTCTCTTACGGGCTCACTGGAGTCCTTAC... kromosom 1

CACTGGAGTCCTCTCTGGTGCTCGTCTTACGGGCTCTA... kromosom 2

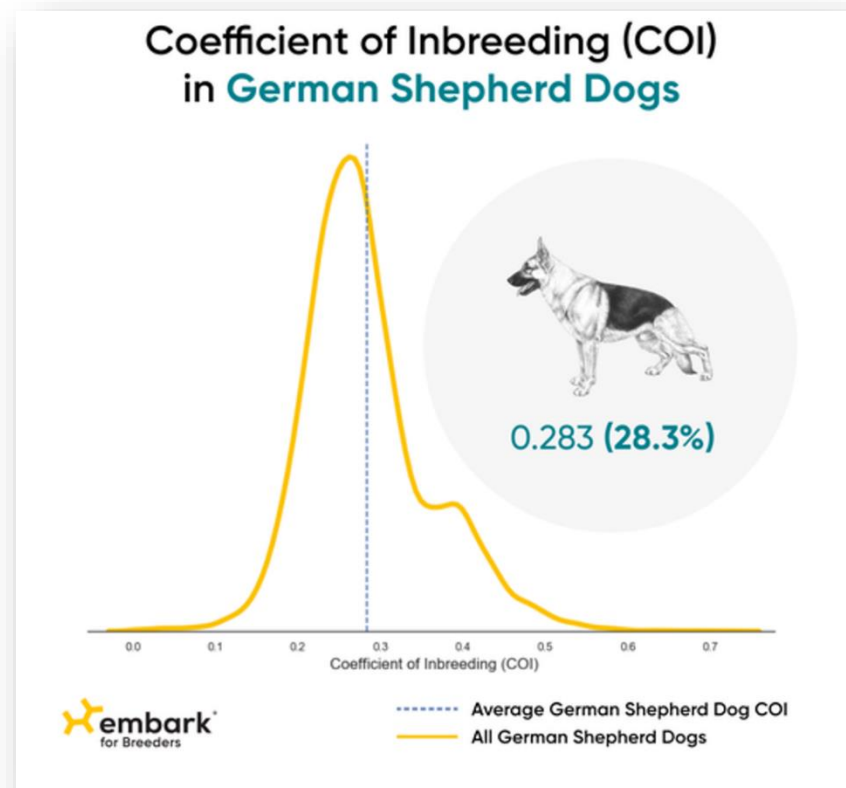
- Baserna (bokstäverna) kan analyseras för enskilda baspar (SNP: single nukleotid polymorphism) på många ställen
- Eller på olika långa sträckor av DNA: kallas Runs of Homozygosity (ROH)

ACTCTTGACTGGTCTCTTACGGGCTCACTGGAGTCCTTAC... kromosom 1

CACTTGACTGGTCTCTGGTGCTCGTCTCTGAGTGCTCTA... kromosom 2

Genomisk inavelsgrad

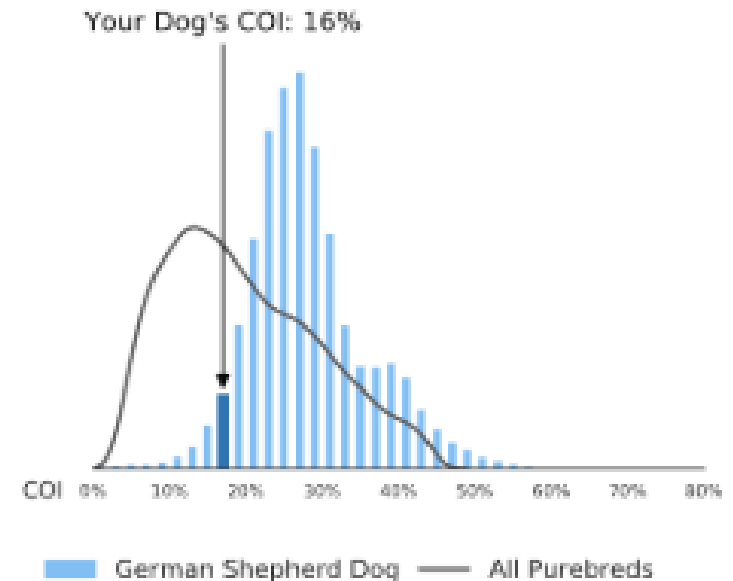
- Metoderna som används för beräkning av genomisk inavel kan variera mellan olika lab
- Resultat för hundar testade vid olika lab inte direkt jämförbara
- Urvalet av hundar som ingår i analysen hos respektive lab påverkar rasens genomsnitt



Hur tillämpa genomisk inavel?

- Kan ge en indikation på graden av genetisk variation i en ras, jämfört med andra raser
- Högre nivåer av inavel är generellt förknippade med ökad risk, men det finns för närvarande inte tillräckligt underlag för att definiera "hur mycket som är för mycket"

Your Dog's COI





SVENSKA
KENNELKLUBBEN
HUNDÄGARNAS RIKSORGANISATION

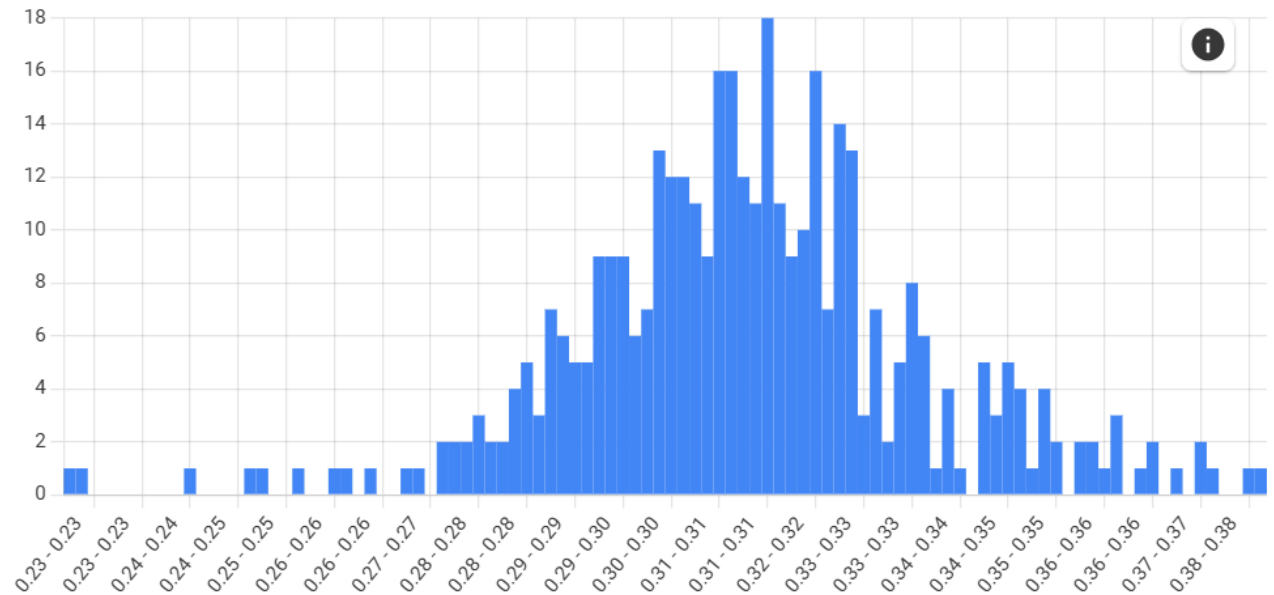
Grad av heterozygoti i olika raser

mybreeddata.com

Dog genetic diversity (heterozygosity)



Heterozygosity Distribution



Breed ▾	Count	Avg. Heterozygosity
White Swiss Shepherd	100-500	0,31



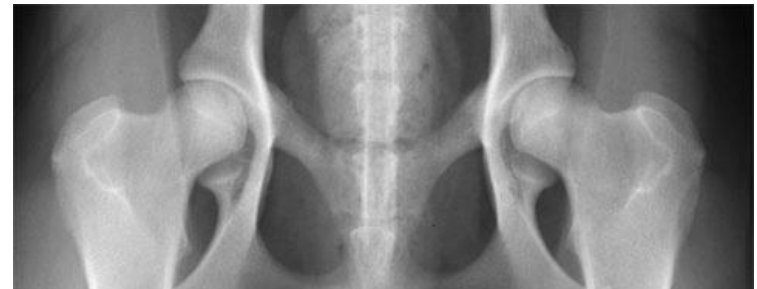
SVENSKA
KENNELKLUBBEN
HUNDÄGARNAS RIKSORGANISATION

DNA-tester för sjukdomar och defekter

- Huvudsakligen för sjukdomar med ”enkel nedärvning”, men även sådant med mer komplex arvsgång
- Större säkerhet och flexibilitet i avelsarbetet
- Undviker att sjuka hundar föds

Begränsningar med DNA-tester

- De vanligaste åkommorna hos hund har en komplex arvsgång
 - T ex allergier, cancer, led- och skelettproblem, epilepsi
- DNA-tester ger ingen heltäckande bild av hundens hälsostatus eller förväntade nedärvningsförmåga



Begränsningar med DNA-tester

- Inte alltid validerade/tillförlitliga för alla de raser inom vilka testet erbjuds
- Inte alltid relevanta eller motiverade med hänsyn till sjukdomens förekomst eller allvarlighet
- Risk för överdriven fokus på "fel" saker
- Den genetiska bakgrunden mer komplicerad än vad testet tar hänsyn till
- Svåra att tolka och/eller tillämpa i avelsarbetet
- "Multitester" kan ge oönskad och vilseledande information





SVENSKA
KENNELKLUBBEN
HUNDÄGARNAS RIKSORGANISATION

Om jag redan har testat min hund...

Om du väljer att DNA-testa din hund för en sjukdom är du enligt SKKs regelverk alltid är skyldig att lämna sanningsenliga uppgifter om resultatet (se SKKs Grundregler 2:9)

- Om hunden testats måste hundägaren/uppfödaren ta hänsyn till resultatet i sitt avelsarbete
- Anlagsbärare för sjukdomsanlag får bara paras med fritestad hund
- Genetiskt affekterade hundar får inte användas i avel



SVENSKA
KENNELKLUBBEN
HUNDÄGARNAS RIKSORGANISATION

Sjukdomar som styrs av flera gener

- DNA-tester även för sjukdomar med komplex/kvantitativ genetisk bakgrund
- Mutationen/mutationerna innebär ökad risk för sjukdom
- Hur mycket variation förklarar testet – hur mycket ökad risk?
- Kan underlätta diagnos och behandling
- Svårare att tillämpa i avelsarbetet
- Risk för att alltför många hundar utesluts från avel
- Hur tolka lagstiftning och regelverk i fråga om avel, inte solklart

Vad säger lagstiftningen och SKKs regelverk?

- Föreskrifter och regelverk i stor utsträckning framtagna med hänsyn till tester för sjukdomar med enkel recessiv nedärvning
- Hur tolka för sjukdomar med kvantitativ/komplex nedärvning?
- §2:2 i SKKs Grundregler: *”Att endast genomföra parningskombination som utifrån tillgänglig information inte ökar risken för allvarlig sjukdom/funktionshinder hos avkomman.”*



Vad säger SKKs avelskommitté?

SKK/AKs generella hållning är att avråda från DNA-tester för sjukdomar och defekter där nedärvningen är oklar. Tester för sjukdomar som påverkas av många gener bör endast tillämpas i de fall där det genom god vetenskaplig dokumentation kan fastställas att den/de aktuella mutationen/mutationerna medför en betydande och definierad risk för en sjukdom, och under förutsättning att åkomman är av klinisk betydelse i rasen.

Multitester för många olika mutationer

- Bara några av de ingående mutationerna är relevanta och validerade för just din ras
- Sjukdomar/egenskaper med olika nedärvning – hur tolka resultatet?
- Svårt att matcha avelsdjur
- Riskerar ta fokus från mer kliniskt relevanta åkommor
- Många vanliga åkommor som inte går att testa för



WISDOM PANEL™



VHLGenetics®
DNA is our core



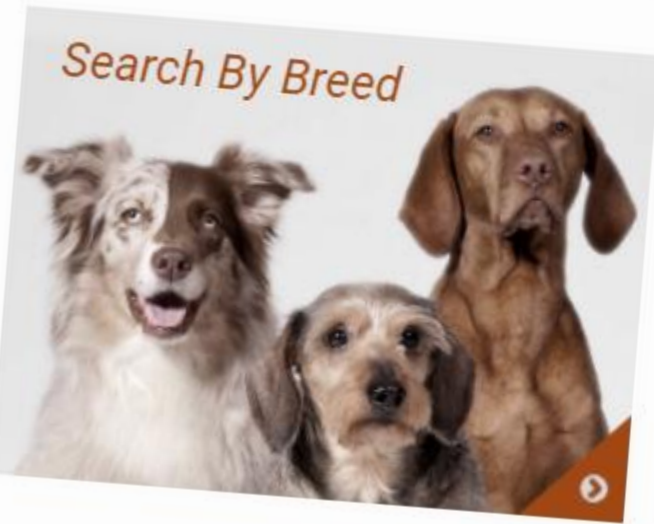
SVENSKA
KENNELKLUBBEN
HUNDÄGARNAS RIKSORGANISATION

Finns det något DNA-test?

www.dogwellnet.com

HGTD - Quality Testing Database

Search By Breed



Search By Test/Disease



Harmonization of
Genetic Testing
for Dogs

Search By GTP/Lab



Omfattande och sökbar databas med information om genetiska test för olika raser och de labb som erbjuder dessa.

Hur ser frekvensen ut för en viss mutation?

mybreeddata.com

Dog genetic disease variant frequencies



Disease

Breed: White Swiss Shepherd

(1)

Breed	Disease	1 copy	2 copies	Allele Frequency
White Swiss Shepherd	Degenerative Myelopathy	71	2	0,12
White Swiss Shepherd	MDR1 Medication Sensitivity	54	null	0,07
White Swiss Shepherd	Collie Eye Anomaly (CEA)	5	null	0,01
White Swiss Shepherd	Canine Scott Syndrome	2	null	0

Wisdom Panel – genetic disease frequency samt heterozygosity
Representativt för den svenska populationen? Urval av hundar?



SVENSKA
KENNELKLUBBEN
HUNDÄGARNAS RIKSORGANISATION

Var finns mer information om genetiska test?

SKKs webbsida <http://www.skk.se/uppfodning/halsa/dna>



Hundraser Distanskurser Hunddata Avelsdata

SKK Funktionär Kontakta oss English ✓

Köpa hund Äga hund Medlem Aktiv med hund Uppfödning Om oss

Frågor och svar om DNA-tester för hund

När är DNA-tester värdefulla? Är testerna designade specifikt för vissa hundraser? Och vilka begränsningar finns? Här svarar vi på dessa, och andra vanliga frågor om DNA-tester.



DNA-test – så här gör du

Här hittar du svar på praktiska frågor som rör DNA-tester. Hur du ska gå tillväga för att testa din hund, var DNA-remissen finns och hur du kommer i kontakt med oss vid frågor eller om du vill skicka in testresultat.



DNA-tester som SKK registrerar

Här kan du läsa om de olika DNA-test som registreras hos SKK, en registrering som tillkommer efter ansökan från special-/rasklubb till SKKs avelskommitté.



DNA-tester i avelsarbetet

Genetiska tester är ett utmärkt verktyg i avelsarbetet för bättre hälsa hos våra hundar, förutsatt att dessa tester är tillförlitliga, relevanta och

Hereditärt fri

Uttrycket hereditärt fri innebär att en hund genom sina DNA-testade och friförklarade anförader själv kan anses vara fri från det aktuella

Några råd på vägen

- Testa inte för "allt", bara för att det går
- Utgå från hur vanligt förekommande och allvarlig sjukdomen är
- Försök ta reda på hur den aktuella sjukdomen nedärvs – vad säger egentligen provsvaret?
- Är testet validerat för din ras?
- Tappa inte bort helheten!



SVENSKA
KENNELKLUBBEN
HUNDÄGARNAS RIKSORGANISATION

Tack för uppmärksamheten!

- Mer information och SKKs lathund på skk.se under rubriken Avelsfunktionär
<https://www.skk.se/skk-funktionar/avel--uppfoadning/avelsfunktionar/lathund-for-okad-genetisk-variation/>
- Kort film om inkorsning från FKK (9 min)
[What is crossbreeding and how can it be used in dog breeding? – YouTube](#)