

Jag lever med och föder upp tibetansk mastiff. Det är en numerärt liten ras. Jag vill föda upp friska valpar, för valparnas och ägarnas skull men också för rasens fortsatta liv. Information om den genetiska variationens betydelse och att sträva mot låg inavelsgrad, som man slentrianmässigt sagt, är kunskap jag tagit till mig, även om jag inte lyckats med det i alla mina kullar. I min ras, där det föds mellan 0–30 valpar om året ser man lätt hur hög användning av ett avelsdjur någon generation tillbaka begränsar möjligheterna. Förra årets kullar hade till exempel alla tre samma tik en bit bak i stamtavlorna. Så det är inte lätt att göra rätt och svårare blir det.

Jag gör nog som dom flesta. Jag surfar på stamtavlor och jag försöker utbilda mig genom SKK:s webinarier, läsa artiklar och delta i forum på nätet. Plötsligt är det som det pratas om inmönstring och inkorsningar överallt. Att det behövs för små och hårt inavlade raser har jag förstått sedan länge. Men ska det verkligen gälla alla raser? Även min?

Så tar jag mig över det första kunskapsgapet och gör den första tankevändan. Jag tar till mig på djupet betydelsen av att den inavelsökning som SKK avelsdata visar och den faktiska inavelsgraden hos hunden är helt olika saker. Rullgardinen går upp. Våra hundar i våra SKK raser är ju mer än kusiner med varandra rent genetiskt! Hur får vi grepp om det här? Är det så här i alla domesticerade djurarter? Hur mycket nytt inflöde behövs i stamtavlorna för att inte riskera defekter? Måste vi tänka helt nytt? Hur ska vi tänka om vi vill ha kvar våra raser med deras fina egenskaper och kvalitéer?

I ett forum på nätet stötte jag på en engagerad uppfödare som frikostigt



delar med sig av sina kunskaper, vetenskapliga källor och drömmar. Jag frågade om hon ville berätta hur hon tänker och hur hon skulle önska att uppfödare gjorde i fortsättningen. Och lär hon som hon lever? Vad innebär det för henne? Det ville hon. Här möter du Lindas tankar.

Vi i redaktionen är så nyfikna på hur du som läser tänker efter att ha läst hennes text. Hör av dig! Vi har utrymme att hålla diskussionen levande i vår webbtidning. Vi tipsar också om SKK:s

webbinarium som beskriver riskerna med stängd stambok och vad vi kan göra för att inte förvärra läget för snabbt. Smart avelsplanering – dagens verktyg och rekommendationer

Monika Wahlstedt, redaktionen Svenska Hunduppfödareföreningen

DET GAMLA OCH DET NYA – hur ett avelstänk kan ta en helomvändning



Min stora kärlek är de vita herdehundarna

Jag heter Linda Johansson och äger kennel Erövrarens. Min allra första kull såg dagens ljus, eller snarare den nattens snöstorm, den 16 januari 2013. Sedan den gången har jag fött upp totalt 58 finfina ”ungar” som jag är otroligt stolt över. I yrkeslivet är jag analytiker och har arbetat med lite olika saker, främst inom statlig verksamhet men också för olika EU-institutioner. Jag har världens mest spännande hobby, det vill säga hunduppfödning. Jag har ett stort intresse för genetik och läser så mycket jag bara kan om forskning och framsteg. Internationellt samarbete i såväl yrkes- som i hobbylivet är för mig en självklarhet och en mycket viktig komponent i hunduppfödningen.

En existentiell kris?

För några år sedan så drabbades min familj av cancer. Det var min mamma och tillika delägare i kenneln som fick det värsta tänkbara beskedet. Obotlig cancer. Vi slungades igenom förtvivlan och rädsla och slutligen, den ofrånkomliga sorgen.

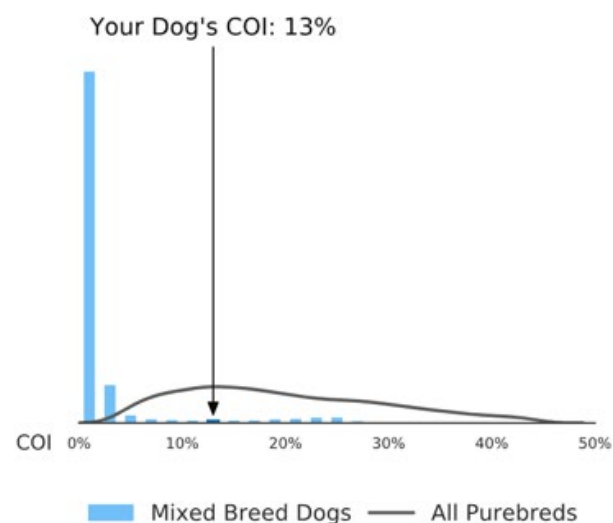
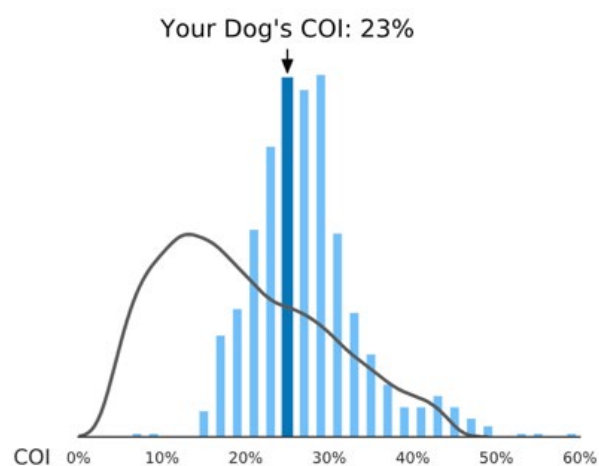
Någonstans i den processen började jag läsa om genetik och nedärvning. Kanske var det för att fly undan de långa dagarna och de om möjligt ännu längre nätterna på hospice, isolerad som jag var med bara en döende mamma och ingen att prata med på grund av stränga covid-restriktioner. Jag ägnade enormt med tid åt att läsa, leta och att tömma alla avelsdatabaser jag kunde hitta

och komma in på, och fokuset landade på det jag brinner för allra mest, nämligen vit herdehund.

Jag tyckte att jag ändå hade samlat på mig ganska mycket kunskap efter flera år som uppfödare och jag hade riktigt fina resultat som jag var stolt över. Hundar med fria höfter och armbågar, kull efter kull med klockren statistik och en för rasen mycket fin mentalitet. Men det dök hela tiden upp sjukdomar, sådana som inte syns på Avelsdata. Någon blev allergisk, en annan kryptochid, en tredje fick en defekt jag aldrig hört om tidigare, en fjärde fick ständigt återkommande fukteksem och så cancern, den där jävla cancern, den dök upp här och var också. Från friska, fina föräldrar där allt liksom stämde.



En av mina två amerikanska importörer. Trots åtskillighet i oerhört många generationer så kommer hon från samma grundare som alla andra inom rasen och tillsammans med mina europeiska hundar stiger inavelsgraden om jag skulle para dem. De skulle få en lägre genetisk inavelsgrad än genomsnittet men redan vid andra generationen, det vill säga hennes barnbarn, så skulle vi vara tillbaka på ungefär samma genomsnitt som för rasen i stort.



Ovan: En vit herdehund av dennes genetiska inavelsgrad, hunden är från min uppfödning. Rasens genomsnittliga inavelsgrad ligger på 28%.

Höger: En andra generationens utkorsning som jag importerat från Nederländerna. Generna som styr utseendet är kanske det enklaste vi har att hantera, det går mycket fort att återfå exteriören vid utkorsning. Det svåra är att den genetiska inavelsgraden stiger fort.

Inte i mina linjer, eller?

Jag började fundera på varför sjukdomar och defekter dök upp, vad var det jag gjorde för fel? Varför fick jag sjuka avkommor när det verkade gå så bra för alla andra? Jag började fundera på uttrycket "inte i mina linjer". När börjar och slutar egentligen en linje? För att se var "mina linjer" skiljde sig från andras linjer så kartlade jag min H-kull i 15 generationer bakåt i tid, så många generationer inkluderar 32

766 hundar. För att kunna jämföra den kullen med andra så kartlade jag alla kullar födda i Sverige under 2020, också dessa kullar 15 generationer bakåt i tid. Totalt blev det 14 kullar. Jag satt till slut med ett Excel dokument som alltså innehöll 14 gånger 32 766 hundar, totalt 458 524 poster. Där och då förstod jag ännu mindre vad "inte i mina linjer" faktiskt betyder. Jag kunde lätt se, genom att använda sorteringsverktyget som finns i

Excel, att alla hundar mer eller mindre hade identiskt bakgrund.

Mina inavlade hundar

I tillägg till att sitta och räkna på hur många gånger en enskild hund kunde förekomma i exakt alla stamtavlor hade jag precis börjat DNA-testa mina egna hundar hos företaget Embark. Resultatet de tog fram var på många sätt chockerande, så chockerande att jag till en början inte riktigt kunde

tro att det var sant. Mina hundar var ju högt inavlade! Men om mina hundar var det, då var ju i så fall alla andras hundar det också eftersom vi i stort sett hade samma individer i stamtavlorna, vissa enskilda individer förekom närmare 1000 gånger i varje stamtavla. Det var då jag bestämde mig för att förkasta allt jag trodde att jag visste och börja om helt från början, lära mig från grunden vad genetik faktiskt är.

Här är frågorna jag ställt mig under de senaste åren och de svar jag hittat: Vad är en hunds gener? Hur många är de och vilken funktion fyller de? Den övervägande majoriteten av gener i en hunds arvs massa (genom) delas mellan alla hundar

och är ansvariga för grundläggande biologiska funktioner gemensamma för alla däggdjur. Dessa gener kodar för proteiner och andra molekyler som är nödvändiga för processer som metabolism, utveckling och upprätthållande av celler och organs struktur och funktion. Gener som spelar roll i funktioner som hjärta, lungor, ögon, matsmältning och andra grundläggande processer är generellt sett gemensamma för alla hundar. De specifika generna som bestämmer fysiska egenskaper och unika drag för varje hundras utgör en mindre del av det totala genomet. Dessa gener bidrar till variationer i storlek, pälsfärg, pälsstruktur, öronform, svanslängd och andra rasspecifika drag.

Hur nedärvs egentligen defekter och hur påverkas en slutet stambok av inavel?

Jag förstod tidigt att någonstans var uttrycket "inte i mina linjer" ett förhållningssätt eller en tankegång som vi genom kultur fostrats att tro på. Jag kände att det var viktigt att lära mig om de olika nedärvningsmönstren som finns för att kunna stå för den insikt som gradvis växte fram, det vill säga; Min uppfödning var inte mer drabbad av defekter än någon annans uppfödning. Vi uppfödare satt verkligen i samma båt.

Det tog ytterligare en tid och många timmars studier innan jag insåg hur otroligt liten den båten faktiskt är. Det tog också en tid innan jag

förstod hur oerhört svårt det är att undvika genetiska defekter i en liten population, speciellt där inaveln redan är hög. Det jag kommit fram till är att det behöver finnas en central styrning som mer eller mindre fördelar exakt vilka hundar som ska få fortplanta sig för att det ska lyckas över någon längre tid att hålla inaveln på en låg nivå, men att det, för de allra flesta raser, är ohållbart i längden. En stängd stambok kommer alltid att leda till en ökad inavel och en ansamling av genetiska defekter.

Vad betyder egentligen ordet ”renras”?

Inom genetiken syftar termen ”renrasig” på individer av en viss art som har en homogen uppsättning gener, specifikt när det gäller vissa

egenskaper eller alleler. Renrasiga individer uppvisar vanligtvis en hög grad av likhet genetiskt sett, eftersom de är resultatet av avel mellan individer med liknande genetisk sammansättning. Med andra ord, identiska alleler är garanten för att schäfern får sina ståndöron och sin underull till exempel. Dessvärre är det också garanten för att alla bär på mer eller mindre samma sjukdomsanlag. Vi har strävat efter att förbättra våra rasers egenskaper och minska risken för ärftliga sjukdomar under lång tid, och den oavsiktliga bieffekten har fört oss in i en återvändsgränd i och med att vi fortsatt upprepa samma trasiga alleler om och om igen. Vi har ökat risken för defekter då vi cementerat trasiga alleler inom en slutna population, det vill säga en

population där inga andra hundar får korsas in. Ett annat ord för slutna population är stängd stambok.

Kan vi ha renrasiga hundar i framtiden?

Om vi ska kunna bevara våra raser så behöver vi byta ut de trasiga allelerna, och i de allra flesta raser – sänka inavelsgraden. Det betyder att vi måste tillföra nya, friska alleler från obesläktade individer. Det finns ingen hund som inte har trasiga alleler, man räknar med att alla levande organismer har någonstans mellan fem och sju alleler som är defekta. Så vad ska man tillföra sin ras om alla individer har defekta alleler? Vilken ras ska användas för att tillföra till exempel schäfern eller den vita herdehunden nya, friska gener? Den frågan är det många som ställt till mig de senaste åren och man vill ha ett klart svar. Men så enkelt är det inte. Det som inte kommer att fungera utifrån ett långsiktigt genetiskt perspektiv.

Idag ser vi ganska många diskussioner om inkorsningsprojekt. Vi uppmuntras till och med att överväga inkorsningsprojekt i många raser, både från kennelklubbens håll så väl som från många organisationer som arbetar för djurens välfärd. Vi behöver bara uppnå enighet inom rasklubben och bestämma oss för vilken ras, alternativt raser, vi vill använda oss av. Sedan ska projektet sätta igång och när ett visst antal individer är inkorsade ska stamboken åter stängas. Det är precis helt fel från ett genetiskt perspektiv. Gör vi det så visar vi att vi inte lärt oss någonting från historien. Vi gör nämligen om samma misstag som gjort att vi nu befinner oss i en mycket svår situation inom många raser. Om några generationer, kanske efter min och din tid som uppfödare,

så kommer vi att börja dubblera de gener som vi en gång korsade in för att få våra raser friskare. Inaveln kommer åter att börja stiga och snart befinner sig framtidens uppfödare på exakt samma ställe som vi är nu. Men kanske är det bara det som är något sänkt politiskt gångbart, kanske är det bara så vi kan sälja in konceptet inkorsning? Eller ska vi våga göra rätt på en gång?

Det som skulle kunna fungera utifrån ett långsiktigt genetiskt perspektiv

Det som skulle gagna våra raser och vara hållbart i flera tusen år är om vi aldrig stängde stamböckerna igen. Om vi alltid, då och då, kunde tillföra något obesläktat när vi till exempel märker att vi börjar se defekter vi inte vill ha eller en mentalitet som inte motsvarar det man kan förvänta sig av till exempel en brukshund eller en sällskapshund. En om en valp från totalt tio kullar får allergi så är det kanske inte ett problem, men när hälften av valparna i var och en av de tio kullarna behöver äta veterinärfoder och kanske en tredjedel behöver få en injektion varje månad för att stilla klådan, ja då är det inte bara behövligt med nya gener, då börjar det bli riktigt akut.

Hur gör vi om vi vill bevara raserna?

Det som skulle gagna den drabbade rasen då var om en uppfödare valde att korsa in en ras och en annan uppfödare valde att korsa in en helt annan ras, och en tredje kanske valde att korsa in en frisk blandrashund. Då skulle dessa tre uppfödare tillsammans utvidga genpoolen och ge inte bara sina egna hundar bättre förutsättningar, men också framtidens uppfödare skulle ha något att arbeta vidare med. Om vi arbetade så, och tog dagens moderna DNA-teknik till hjälp så skulle vi



i det närmaste kunna utradera de rasbundna defekterna som under lång tid gjort vårt avelsarbete till en lång, tröstlös uppförsbacke. Men det kräver att vi tänker nytt och att vi får ett nytt regelverk att förhålla oss till. Det kräver att vi sätter av tid för att lära oss om nedärvning, det kräver att vi törs våga och det kräver att vi törs misslyckas ibland.

Är det nya x-registret lösningen?

Kommer dessa möjligheter att finnas i och med det nya x-registret? Är det där vi kommer att kunna öppna fönstret till rummet som varit stängt så länge och släppa in välbehövligt syre i våra raser? Är det där vi kommer att kunna avla för att förbättra egenskaper genom att lägga till det vi saknar? Eller är det ”kejsarens nya kläder”, det vill säga ett register som är skapat för syns skull, så att vi kan eller måste fortsätta som vanligt och endast undantagsvis och efter många och långa konflikter med alla involverade (motvilliga rasklubbar/specialklubbar/diverse kommittéer) tillåtas lägga till andra gener? På den frågan har jag inget svar, men min förhoppning råder det kanske inga tvivel om. Jag vill kunna avla inom kennelklubbens system och

få mina hundar registrerade och utvärderade. Jag har under hela min tid som uppfödare satt högre krav än de minimumkrav som ofta rekommenderas för vår avel, detta för att hälsa alltid varit första prioritet hos mig. Nu står jag vid ett vägskäl. Ska jag fortsätta dubblera defekter i en ras med hög inavel för att få fortsätta registrera mina avkommor eller kommer jag att kunna lägga till nytt friskt blod genom x-registret? Eller är det så att det helt enkelt inte finns plats för mig i SKK längre? De frågorna har jag heller inget svar på i dagsläget.

Från min kris till deras kris

Det som kanske började som min egen existentiella kris på ett isolerat hospice för några år sedan har nu övergått till en insikt om att min ras, såväl som många andra raser, befinner sig på ruinens brant. De befinner sig i en existentiell kris på riktigt, detta på grund av att vi under lång tid tänkt att en slutna stambok är det enda rätta. Trots att jag ägnat mycket tid och en väldigt stor summa pengar åt att importera och DNA-testa många hundar så har jag inte kunnat hitta något obesläktat. Alla stammar från samma grundare och är nästan helsyskon idag, vilket



man ser på deras DNA. Några kanske vill kalla mig för en alarmist, men jag är faktiskt inte särskilt tidigt ute. Det finns ett ganska stort antal genetiker och forskare som har påpekat detta under lång tid. Per Erik Sundgren var en av dem, men få lyssnade då någon gång för 15–20 år sedan. Han hade heller inte samma tillgång till DNA-teknik som vi har idag. Idag kan vi alla se hur illa ställt det faktiskt är.

Vägen framåt

För min del har dessa år varit präglade av sorg efter min mamma, sorg över min insikt och sorg över hur jag blivit bemött när jag lyft

denna problematik inom egna led. Men som med nästan all sorg så är den något som måste bearbetas, något som måste få sitt utrymme och som kostar enormt med kraft och energi att ta sig igenom.

Idag ser jag alla möjligheter som finns när jag inser att nya friska alleler finns inom räckhåll. Jag kan förbättra mina hundars förutsättningar till att få långa, friska liv. Jag kan avla bort de envisa svaga mellanhänderna som är så typiska men så oönskade inom rasen. Jag kan avla bort skyggheten som präglar många av våra vita herdehundars vardag. Jag kan avla in gener som ger

något mindre hundar så att vi slipper se att fler vita herdehundar blir för stora och för tunga. Jag kan avla fram hundar som är fria från klåda och känsliga magar. Jag kan avla så att risken för cancer minimeras, även om jag aldrig kan undvika den helt då den finns i så många former och har så många orsaker. Det enda som behövs är ett nytt regelverk och att vi som uppfödargemenskap förstår vilka möjligheter som finns samtidigt som vi förstår hur omöjligt det är att förbättra en ras med hög inavel och sluten stambok. Jag tror att vi kan klara oss ur denna kris, men vi måste komma till insikt och vi måste förstå att klockan tickar. ♦

Det har varit en tung tid för mig som uppfödare och människa, men den här utkorsade hunden och den utvecklingen jag ser inom kennelklubben skänker mig ändå mycket hopp. Vi kan ställa om, vi kan avla bättre, vi kan ta fram friskare hundar, men det kräver att vi förändrar vårt tänk och att vi får ett nytt regelverk att förhålla oss till.



Hur jag vill avla för att skapa en stor och rik genetisk variation inom SKK:s X-register

GENERATION 1 (F1)

1. Prioritera vad som ska vara första åtgärd (mentalitet, någon särskild defekt, kanske akut behov för att drastiskt sänka inavelsgraden)
2. Hitta en hund som har det som du saknar. Att använda en annan renrasig hund har både för- och nackdelar. Fördelen är att du kan hitta mycket information om dem som regel (höfter, armbågar, mentalbeskrivningar osv) och nackdelen är att de allra flesta raser idag har en stor ansamling defekter. En frisk och trevlig blandrashund kan vara minst lika bra, men då saknar man som regel utvärdering och det är socialt ännu mer oacceptabelt.
3. Ta en kull och låt tiden ha sin gång. Låt de bli vuxna, utvärdera väl. Välj valpköpare med största omsorg, få dem att förstå att just deras hund är viktig för rasens framtid och att du vill kunna hyra in dem till en framtida kull.
4. Var transparent med styrkor och svagheter i kullen. Besvara frågor från andra uppfödare och uppdatera hemsidan med både bilder och hälsorelaterad information då och då så att andra kan ta del av arbetet. Samarbeta med andra uppfödare så att de kan ta del av mitt avelsmaterial samtidigt som jag kan dra nytta av deras insatser.

GENERATION 2 (F2)

1. Blev F1 friska och trevliga hundar så ska de korsas tillbaka. Fria höfter och armbågar, DNA-testade och mentalbeskrivna utan stora avvikelser. Blev de en katastrof så blev det så, då ska de inte användas vidare. I så fall, börja om på ruta ett.
2. Hitta en lämplig vit herdehund som balanserar upp egenskaper, både exteriöra och mentala, samt har en mycket väl utvärderad hälsa. Använd inte en matador. Om möjligt, se över möjligheterna att korsa tillbaka till en x-registrerad F2 eller F3 för att fortsätta att skapa mer genetisk variation.
3. Låt F2-kullen födas och ta sin tid. Utvärdera lika noggrant som vid F1. Hur ser deras genetiska hälsa ut? Vilken nivå av inavel befinner de sig på nu? Välj valpköpare med omsorg.
4. Var transparent med styrkor och svagheter i kullen. Besvara frågor från andra uppfödare och uppdatera hemsidan med både bilder och hälsorelaterad information då och då så att andra kan ta del av arbetet. Samarbeta med andra uppfödare så att de kan ta del av mitt avelsmaterial samtidigt som jag kan dra nytta av deras insatser.

GENERATION 3 (F3)

1. Vad saknar du hos din F2-kull? Vad kan du komplettera med? Blev det inte bra? I så fall, börja om på ruta ett.
2. Hitta en lämplig vit herdehund som balanserar upp egenskaper, både exteriöra och mentala, samt har en mycket väl utvärderad hälsa. Använd inte en matador. Om möjligt, se över möjligheterna att korsa tillbaka till en x-registrerad F1-F3 för att fortsätta att skapa mer genetisk variation.
3. Låt F3-kullen födas och ta sin tid. Utvärdera lika noggrant som vid F1 och F2. Hur ser deras genetiska hälsa ut? Vilken nivå av inavel befinner de sig på nu? Välj valpköpare med omsorg.
4. Var transparent med styrkor och svagheter i kullen. Besvara frågor från andra uppfödare och uppdatera hemsidan med både bilder och hälsorelaterad information då och då så att andra kan ta del av arbetet. Samarbeta med andra uppfödare så att de kan ta del av mitt avelsmaterial samtidigt som jag kan dra nytta av deras insatser.