



Norsk
Kennel Klub

HUNDEEIERNES ORGANISASJON

Norske Dachshundklubbers Forbund
v/ sekretær Line Haakonsen
e-post: hs@dachshundklubb.no

Oslo 25.02.2020

Ad. Vedtak gjort av NKKs Sunnhetsutvalg 07.11.10

Vi beklager sen tilbakemelding på forbundets henvendelse av 21.12.2019. Vi ser at brevet som ble sendt forbundet 28.11.19 angående de vedtakene som var gjort i NKKs Sunnhetsutvalg (SU) burde inneholdt mer utfyllende informasjon om bakgrunnen for de vedtak som ble fattet. Vi vil her benytte anledningen til å gi dere mer utfyllende informasjon.

Ad SU sak 16.1/2-2019: Paring mellom størrelsesvarianter

SU gjorde følgende vedtak: *NDKF søknad om at størrelsesvarianter av dachshund ikke kan pares med hverandre uten at hver enkelt paring godkjennes av klubbens sunnhetsutvalg og styre avslås, på bakgrunn av HS-vedtak 30/17 og 97/17, som slår fast at å stramme inn regler for krysning mellom varianter som har vært tillatt å krysse gjennom svært mange år, vil være i strid med faglige anbefalinger og generelle tendenser i den kynologiske verden.*

SU presiserer at iflg «FCI General and breed-specific guidelines about crosses of breeds and breed varieties» kan krysning av størrelsesvarianter kun gjøres med nærmeste størrelsesvariant.

Ved en feil inngikk setningen «Kravet trer i kraft for paringer foretatt fra og med 01.01.2020» i vedtaket. Gjennom sitt vedtak opprettholder SU de reglene som gjelder for krysning mellom størrelsesvarianter av dachshund, slik de er angitt i NKKs Regler for registrering. Det er følgelig ingen nye regler som trer i kraft mht til paring mellom størrelsesvarianter. Siste setning i vedtaket angitt over er kun en presisering av gjeldende regler.

Når det gjelder krysning av varianter er det tidligere vedtatt i NKK på generelt grunnlag at raseklubber ikke selv kan gi dispensasjon fra reglene, slik det tidligere var for enkelte raser. Dette skapte mye merarbeid for NKKs administrasjon og mye frustrasjon blant oppdrettere, bl.a. pga skiftende styre i de ulike klubbene. SU var fullt ut informert om at NDFs søknad kun gjaldt forbud om å krysse standard og dverg. Kanindachs og standard er pr i dag ikke tillatt å krysse. Det er bakgrunnen for siste setning i vedtaket. Vi gjør videre oppmerksom på at vedtaket det her refereres til, ble enstemmig vedtatt på FCI's General Assembly i 2015; Tyskland stemte heller ikke imot vedtaket.

I saksgrunnlaget til SU var følgende referert fra NDFs søknad: «Krav om søknad til raseklubben for å krysse kanin/dverg og standard: Forbud med mulighet for dispensasjon pga. helsemessige årsaker av betydning for den aktuelle varianten. Sunnhetsutvalget behandler søknad om dispensasjon og samarbeider ved behov med NKKs veterinær og kommer med en innstilling til HS. HS gjør endelig vedtak.



Besøksadresse:
Nordåsveien 5
1251 Oslo

Postadresse:
Postboks 52 Holmlia
1201 OSLO

Sentralbord: 21 600 900

Organisasjonsnummer: 937 125 577 MVA
Kontonummer: 1600.40.39983

Hund til
nytte og glede

Forbundet opplyser at i rasens hjemland er dette punktet praktisert uten dispensasjon. NDF og DHT vurderer det slik at alle standardvariantene har stor nok genpool til å kunne avle uten å krysse med de mindre variantene. Som rasens hjemland ønsker vi fortsatt at krysning mellom dverg og kanin skal være mulig.»

Konklusjon: Vi kan ikke se at det har framkommet nye opplysninger/argumenter i det siste notatet fra NDF som gjør det nødvendig for SU å behandle saken på nytt. SU vil imidlertid bli bedt om å se på saken på nytt og å konkretisere vedtaket. Det bør framgå av vedtaket at NDF ikke søker om noen begrensning pga størrelse mellom variantene dverg og kanin.

Ad SU sak 16.3/2.2019: Paring mellom hårlagsvarianter

SU gjorde følgende vedtak: *Paring mellom en strihåret og en langhåret dachshund skal ikke foretas; eventuelle valper etter slik kombinasjon vil registreres med avlssperre. Paring mellom strihår og korthår kan kun foretas dersom det foreligger en godkjent DNA-test som viser at den korthårede hunden ikke bærer gen for langhår. Ved brudd på dette kravet vil de strihårede valpene registreres med avlssperre; avlssperren kan kun oppheves dersom en godkjent DNA-test viser at de ikke bærer gen for langhår. Bakgrunn for vedtaket er at hunder med genvarianten som gir strihår og som samtidig er homozygote for genvarianten som gir langhår, vil få en pels som er svært lite hensiktsmessig for en jakthund og som vil kunne medføre velferdsproblemer for hunden.*

Kravet trer i kraft for paringer foretatt fra og med 01.01.2020.

Det er riktig, som NDF skriver, at krysning mellom korthår og langhår ikke er omtalt i SU-vedtaket. Årsaken er at slike paringer er tillatt etter gjeldende regler, og SU ser ingen grunn utifra vår kjennskap til genetikken å forandre på disse reglene. Vi innser imidlertid at dette kunne vært presisert i vedtaket.

I saksgrunnlaget til SU var følgende referert fra NDFs søknad: «Krav om søknad til raseklubb for å krysse hårlag: Forbud med mulighet for dispensasjon pga. helsemessige årsaker av betydning for den aktuelle varianten. Sunnhetsutvalget behandler søknad om dispensasjon og samarbeider ved behov med NKKs veterinær og kommer med en innstilling til HS. HS gjør endelig vedtak.

I rasens hjemland er dette punktet praktisert uten dispensasjon. NDF og DHT vurderer det slik at alle hårlagsvariantene har stor nok genpool uten å måtte krysse med andre hårlag. En konsekvens av krysninger har vært henvendelser fra valpekjøpere som er usikre på hva de har kjøpt eller misfornøyd med at de ikke har fått det de trodde de kjøpte. Det er hovedsakelig kjøpere av strihår som ikke er strihår, hunder som ikke får bart og typisk pels, og kjøpere av langhår som får utypisk pelskvalitet og meget begrenset mengde pels.»

Følgende saksutredning ble gitt til SU i forbindelse med behandling av saken:

I dokumentet «*FCI General and breed-specific guidelines about crosses of breeds and breed varieties*» er det angitt under «*General and breed-specific principles*» for rasen dachshund: «*Unngå paring av langhår med strihår, da dette kan medføre utypisk pelsstruktur.*» Denne pelsstrukturen er ikke bare utypisk, men også særdeles ufunksjonell.

Nedenfor følger et utdrag fra boka «Oppdretterskolen – bind 1: Genetikken og avl. En enkel innføring i genetikkenes mysterier og hvordan kunnskap og samarbeid kan hjelpe oss å avle friske, sunne hunder» (utgitt av NKK februar 2020. Forfatter: Astrid Indrebø):

Pelstyper styres av genvarianter i tre ulike loci som er lokalisert på tre ulike kromosomer.

1. Korthåret/langhåret ("langhårs-locus")
2. Strihår/ikke-strihår («barte-locus»)
3. Krøller/ikke krøller («krølle-locus»)

Dachshund er homozygot for genvarianten som ikke gir krøller, og omtales derfor ikke ytterligere.

Ad 1. Korthåret/langhåret («langhårs-locus»).

Genet som bestemmer hvorvidt en hund skal bli langhåret eller korthåret, har fått navnet FGF5. Det finnes i hovedsak to varianter av dette genet – korthår og langhår. Varianten av FGF5-genet som gir langhår er imidlertid ikke helt identisk hos alle raser. Dierks og hans medarbeidere publiserte i 2013 en studie hvor de hadde funnet fire hittil ukjente mutasjoner i dette genet. De viste bl.a. at mutasjonen som gir langhår hos akita, siberian husky og samojed, ikke er identisk med den som gir langhår hos de fleste andre raser. Den genvarianten som gir korthår er imidlertid, i hvert fall foreløpig, vist å være den samme hos alle de korthårede rasene, og korthår er alltid dominant over langhår.

Ad 2. Strihår/ikke-strihår – («barte-locus»)

Genet som bestemmer hvorvidt en hund skal bli strihåret, har fått betegnelsen RSPO2. Den dominante genvarianten i dette locus (F) gir strihåret pels. Hvis hunden er homozygot for denne genvarianten (FF), vil alle avkommene få gen for strihår – uansett hvem den pares med. Hvis den er heterozygot (Ff) og pares med en annen heterozygot, vil ca ¾ av valpene få strihårsgen; hvis den heterozygote hunden pares med en som ikke bærer denne genvarianten (ff), vil ca ½ av avkommene få strihårsgenet.

Forutsetningen for at hunder med strihårsgenet skal bli strihåret som en dachshund, og ikke svært langhåret som en havanais eller en bearded collie, er imidlertid at den strihårede hunden har minimum en genvariant for korthår i «langhårs-locus».

Dette betyr altså at en hund med det dominante strihårsgenet ikke alltid blir strihåret; dette vil avhenge av genvarianter i andre locus. Den vil imidlertid alltid få barter, enten stribarter som en strihåret vorstehhund, eller lange, myke barter som en bearded collie eller havanais.

Hva skjer med pelsen hvis vi parer en strihåret og en langhåret hund?

Et tenkt eksempel: Vi parer en strihåret dachshund med en langhåret dachshund. Den strihårede er i vårt eksempel homozygot for korthår og strihår (KKFF), mens den langhårede nødvendigvis må være homozygot for langhår og for «ikke-strihår» (kkff). Alle avkommene vil da få fenotypen strihår, men vil være heterozygote både for korthår og strihår (KkFf).

Men hvis vi parer to slike heterozygote hunder, da blir det straks mye vanskeligere å si hvordan valpene blir; her må vi holde tunga rett i munnen! Vi setter derfor opp et paringsskjema:

| | | | | |
|------------------------|------|------|------|------|
| Far: KkFf Mor: KkFf | KF | Kf | kF | kf |
| KF | KKFF | KKFf | KkFF | KkFf |
| Kf | KKFf | KKff | KkFf | Kkff |
| kF | KkFF | KkFf | kkFF | kkFf |
| kf | KkFf | Kkff | kkFf | kkff |

Forventet resultat:

Strihår (må ha minst én K og minst én F: KKFF, KKFf, KkFF, KkFf, markert med grønt) = 9/16 = ca 55%

Korthåret (må ha minst én K og kun ff: KKff, Kkff, markert med gult) = 3/16 = ca 19%

Langhår (må være kkff, markert med blått) = 1/16 = ca 6%

Lange barter og svært lang pels (som en havanais) (må ha kun kk og minst en F: kkFF, kkFf, markert med grått) = 3/16 = ca 19%

Vi ser altså at vi her kan forvente å få inntil 4 ulike pelstyper. Tre av dem er rasens normale pelsvarianter: strihår, korthår og langhår. Men i tillegg kan vi risikere å få en uønsket og svært ufunksjonell pelstype for en jakthund, nemlig med svært lang og myk pels – og med lange, myke barter. Det er derfor ikke å anbefale å pare strihår med langhår hos denne rasen. I første generasjon blir det ingen problemer; alle avkommene vil bli strihåret. Men, som vi har sett, kan problemer oppstå i senere generasjoner. Men også dette kan løses hvis man tar gentestene til hjelp. Det finnes i dag DNA-tester for alle disse genvariantene. Hvis første-generasjonshunden (KkFf) skal brukes i avl, kan den pares med en strihåret, homozygot hund – KKFF. Da vil alle valpene bli strihåret, ettersom alle vil få minst en K (som gir korthår) og minst en F, som sammen med K gir vanlig strihår. Men – noen vil bære gen for langhår, så DNA-tester må utføres også for senere generasjoner. Kanskje er det like greit å la være å pare strihår og langhår? Forbud mot slike paringer i denne rasen vil bli innført i NKK i 2020.»

Dette utdraget (med unntak av siste setning) inngikk som en del av den saksutredningen som ble framlagt for SU i forbindelse med søknaden fra NDF.

NDF skriver i sin utredning at to korthårede hunder kan få strihårede valper, og angir som årsak at en genetisk strihåret hund kan se korthåret ut. Beklager, men dette har vi problemer med å forstå utifra det vi kjenner til angående nedarving av pelstyper. Kjenner dere til noen vitenskapelige undersøkelser som bekrefter dette? Det hadde vært svært interessant å se referanse på dette.

Et av forslagene fra NDF lyder:

«Kort/stri kryssninger kan kun foretas dersom strihåren ikke bærer korthår eller har korthårskryssninger i de nærmeste 3 generasjonene. Alle valpene SKAL registreres som strihår uavhengig av fenotype.»

Som det framgår av det som er skrevet over, vil alle strihårede dachshunder bære gen for korthår. Det ønskelige vil jo nettopp være at de strihårede hundene er homozygote for korthårsgenet, dvs at de ikke bærer genvarianten for langhår.

Målet på sikt bør følgelig være at alle strihårede hunder er homozygote for genvarianten som gir korthår. Men så lenge minst én av hundene i kombinasjonen er homozygot for korthårsgenet, vil alle valpene få minst ett korthårsgen, og følgelig vil ingen av valpene få svært lang, ufunksjonell pels (dvs at ingen vil bære gen for strihår og samtidig være homozygot for langhår). Dette er bakgrunnen til at SU har vedtatt at ved paring mellom strihår og korthår, skal det foreligge en godkjent DNA-test som viser at den korthårede hunden ikke bærer gen for langhår.

Det ideelle ville være at også strihårede hunder, enten de pares med en annen strihår eller en korthår, ble DNA-testet for langhår/korthår. Rådet bør være at også ved paring mellom to strihårede hunder må minst én av dem være homozygot for korthår. Dette kan være en anbefaling som klubben gir til sine oppdrettere. Hvis begge foreldrene i en slik kombinasjon er homozygote for korthårsgenet, vil alle valpene også være det og trenger følgelig ikke DNA-testes for dette genet.

Røyting

Det er korrekt som NDF skriver, at graden av røyting hos strihårede hunder vil variere avhengig av om hunden er homozygot eller heterozygot for den genvarianten som gir strihår. Hunder som er heterozygote for genvarianten som gir strihår, vil røyte mer enn de som er homozygote. Som det framgår av tabellen på siste side, er det imidlertid ikke rapportert om variasjon i «Røyte-locus I» hos dachshund.

I boka nevnt over, står følgende angående nedarving for genvarianter for røyting (dette inngikk ikke i saksutredningen som ble lagt fram for SU):

«Røyte-locus I»

Det er velkjent at enkelte raser røyter mye, andre røyter mindre – og noen røyter ikke i det hele tatt. Ved Cornell University i USA har de funnet et gen som har to alternative alleler (genvarianter): en genvariant (+) har sammenheng med mye røyting, mens en annen variant (-) gir lite røyting. Mange raser har sannsynligvis bare den ene av disse genvariantene; de er homozygote. Men hos en god del raser finnes det variasjon i dette genet; dvs at det er en genetisk årsak til at noen hunder i en rase røyter mer enn andre hunder av samme rase. Hvilke raser dette er, kan du finne i tabellen nedenfor; rasene i tabellen er hentet fra vetgen.com.

Denne egenskapen viser intermediær nedarving; dvs at de heterozygote individene røyter mindre enn de som er homozygote for genvarianten som gir mye røyting – og mer enn de som er homozygote for ikke/lite-røyting. Ettersom ingen av genvariantene i dette røyte-locus er dominante overfor hverandre, brukes betegnelse -/- for hunder som ikke bærer genvarianten for røyting i dette locus, +/- dersom hunden bærer én genvariant for røyting og +/+ dersom den er homozygot for genvarianten i dette locus som gir røyting.

«Røyte-locus II»

Forskerne angir at det med stor sannsynlighet er en interaksjon mellom genvariantene i «røyte-locus I» og genvariantene i barte-locus. Man antar at det ikke er barte-genet i seg selv som påvirker røytingen, men at det ligger et «røyte-locus II» helt i nærheten av barte-locus på samme kromosom. Derfor vil nedarving av disse to forskjellige egenskapene følge hverandre; vi snakker her om koblede gener. Hvis hunden har genvarianten F i barte-locus, har den også en genvariant som gir lite røyting i «røyte-locus II»; har den f i barte-locus, har den en genvariant som gir med røyting i nevnte røyte-locus.

Som angitt tidligere, er barte-genet (F) dominant over genvarianten som ikke gir barter (f); en FF-hund og en Ff-hund vil altså ha like mye barter. Men når det gjelder røyting som er koplet til de samme genvariantene, er det ikke lenger fullstendig dominans. Forskerne angir at hunder som er homozygote for barte-varianten (FF), vil røyte mindre enn om de er heterozygote (Ff). Dette innebærer at FF-hunder vil ha mulighet for å røyte lite, mens ff-hunder vil røyte mer. Men hvor mye – eller hvor lite – de røyter, er avhengig av genvariantene i «røyte-locus I».

I tabellen under graderes røyting med tallene fra 0 til 4 for å angi hvor mye hunden røyter; 0 betyr at hunden ikke røyter, mens 4 betyr at den røyter mye.

| | Barte-locus: FF | Barte-locus: Ff | Barte-locus: ff |
|------------------|-----------------|-----------------|-----------------|
| Røyte-locus: -/- | -/- FF = 0 | -/- Ff = 1 | -/- ff = 2 |
| Røytelocus: +/- | +/- FF = 1 | +/- Ff = 2 | +/- ff = 3 |
| Røyte-locus +/+ | +/+ FF = 2 | +/+ Ff = 3 | +/+ ff = 4 |

Referanse: <https://www.vetgen.com/canine-shedding.html>

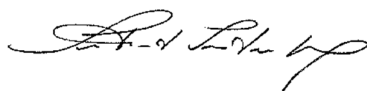
| Raser uten barter (ff) som viser variasjon i røyte-locus I | | «Barte-raser» (FF eller Ff) som viser variasjon i røyte-locus I | |
|--|--------------------|---|----------------------------|
| Basenji | Irsk vannspaniel | Airedale terrier | Lhasa apso |
| Beagle | Labrador retriever | Bearded collie | Puddel |
| Malinois | Mops | Bedlington terrier | Portugisisk vannhund |
| Tervueren | Papillon | Bichon frisé | Puli |
| Berner sennenhund | Pekingeser | Border terrier | Riesenschnauzer |
| Blodhund | St. bernhardshund | Borzoi | Ruhåret fox terrier |
| Bullmastiff | Shar pei | Bouvier des flandres | Schipperke |
| Chesapeake bay retriever | Tibetansk spaniel | Briard | Shih tzu |
| Chihuahua | | Briard | Schnauzer |
| Cocker spaniel | | Chinese crested | Silky terrier |
| Engelsk springer spaniel | | Dvergschnauzer | Soft coated weaten terrier |
| Flat coated retriever | | Havanais | Skotsk terrier |
| Glatthåret fox terrier | | Jack russell terrier | Spinone |
| Golden retriever | | Malteser | Yorkshire terrier |
| Grosser schweizer sennenhund | | Meksikansk nakenhund | |

<https://www.vetgen.com/canine-shedding.html>

Konklusjon: Vi kan ikke se at det har framkommet nye opplysninger i det siste notatet fra NDF som gjør det nødvendig for SU å behandle saken på nytt. SU vil imidlertid bli bedt om å se på saken og presisere i vedtaket at SU avslår NDF sin søknad om at det innføres forbud mot paring mellom langhår og korthår.

Neste møte i SU er 29.04.20.

Med vennlig hilsen
for Norsk Kennel Klub



Astrid Indrebø
Veterinær PhD, avtroppende spesialrådgiver i NKK
Nyoppnevnt leder av NKKs Sunnhetsutvalg