



Inavelsgrad – avelsbas – släktskapsindex

Vi strävar alla efter att ha friska hundar och en väl fungerande rasavel. För att kunna ha detta även i framtiden är det viktigt att vi bevarar rasens genetiska variation. Flatcoated retriever är idag en mycket frisk, sund och mentalt stabil hund och även om våran avelsbas ligger lite lågt så har inte det förändrats.

Här nedan förklarar vi därför följande begrepp; inavelsgrad, avelsbas och släktskapsindex, hur de hänger ihop med varandra samt hur de kan användas för att gynna vår ras idag och i framtiden.

Viktigt att tänka på:

- Den genetiska variationen kan inte ensam styra avelsarbetet. Vi måste i all avel ta hänsyn till alla friskfaktorer och riskfaktorer.
- För rasen som helhet är det **viktigt** att vi fokuserar på att öka avelsbasen, den genetiska variationen.
- För avelskombinationen måste vi **dessutom** fokusera på en god hälsa med så liten risk för ärftliga komplikationer som möjligt. Vi behöver gemensamt sträva efter fysiskt och mentalt sunda hundar med goda egenskaper för retrieverarbete.

Inavelsgrad

Beskriver individens egna släktskap på mycket nära håll.

Inavelsgraden visar procentuellt hur nära släktskap individen har i rakt nedåtstigande led, 3-6 generationer. Det visar släktskap i individens omedelbara närhet, men det berättar inte så mycket om individens genetiska släktskap med rasen som helhet. Självklart påverkar inavel den genetiska variationen på sikt och även bakåt i leden. Kombinationer med hög inavelsgrad som upprepas kommer i förlängningen att ge en minskad avelsbas och högre släktskap i rasen. Men, det ser vi inte när vi tittar på inavelsgrad t. ex. i 5-6 rakt nedåtstigande led bakåt. Det värde på inavelsgraden vi får fram på avelsdata visar med andra ord släktskapet i den omedelbara familjen bakom individen. Vi får i princip inte veta något om vilket släktskap eller vilken genetisk variation kombinationen har i förhållande till rasen som helhet.

Avelsbas

Beskriver hur mycket gener som är unika i rasen och kan räknas ut antingen för **rasen som helhet** eller för **enskild individ**. Verktyg: Lathunden.

Rasen som helhet

Det finns två statistiska värden som kan beräknas med programmet Lathunden när det gäller rasen som helhet; **tillgänglig avelsbas** och **utnyttjad avelsbas**. Värdet på den utnyttjade avelsbasen bör inte understiga 100. Om värdet hamnar under 100 innebär det att den viktiga genetiska variationen tappas för fort.

Värdet för **utnyttjad avelsbas** visar hur rasens hundar faktiskt har använts i avel. Denna beräkning görs genom att alla kullar i vald tidsperiod slås ihop och man analyserar sedan den relativa inavelsökningen (den inavelsökning som är sannolik utifrån beräkningarna i Lathunden) som då skett. Det ger oss ett mått på hur stor hundstam (hur många fiktiva hundar med unika genuppsättningar) vi



har utnyttjat. Det värde vi får representerar den inavelsökning som skett och, i teorin hur många fiktiva unika hanar och tikar som slumpmässigt parats.

Om man ska omsätta det i någon typ av verklighet så skulle ett värde på 98 för den utnyttjade avelsbasen motsvara samma avelsarbete som om 49 hanar och 49 tikar placerades i en inhägnad där de slumpmässigt parade sig med varandra. Om inget nytt blod tillförs i den gruppen så har vi en stadigt sjunkande avelsbas. Vi behöver därför tänka på, att ju närmre besläktade de hundar vi använder i avel är, desto större skillnad blir det mellan den beräknade utnyttjad avelsbas och det faktiska verkliga antalet hundar som används.

Värdet för den **tillgängliga avelsbasen** beräknas genom att programmet lathunden slumpvis väljer ut avkomor från redan gjorda parningar under beräkningens tidsram. Sedan slumpar programmet fram parningar emellan dessa hanar och tikar två generationer framåt. Detta ger oss då en bild av hur många unika tillgängliga individer vi skulle kunna använda i rasen för denna period. Viktigt är också

att den tillgängliga avelsbasen inte bör bli mindre än den utnyttjade avelsbasen, det kan då vara ett tecken på att rasen är konstant beroende av nya importer för att få in nytt avelsmaterial.

Den enskilde individen:

För den enskilde individen kan man räkna ut ett värde som ger en uppskattning av hur mycket unika gener denna bär på. Varje individs effekt i aveln beräknas då baserat på dess egna stamtavla och hur denna hund skulle påverka rasens genomsnittliga inavel, om den i teorin parades med alla tikar/hanar i rasen. Man jämför sedan detta med rasens genomsnittliga inavelsgrad för den beräknade tidsperioden. Den enskilde individen får då ett plus- eller ett minusvärde. Värdena man får i denna beräkning utgår från 0 och ju mer minus den enskilde hunden hamnar på, desto mer genetisk variation tillför hunden rasen. Tvärtom för den enskilde som hamnar på plus. Gränserna för värdet är $-100 \rightarrow 0 \leftarrow +100$. Ett högt plusvärde innebär att den enskilde har många likadana gener som rasen och tillför inte någon genetisk variation.

Det går inte att räkna ut ett avelsbas-värde för en kombination dvs vilken avelsbas en tilltänkt valp skulle få.

Rent teoretiskt så kan två enskilda (tik och hane) som båda har minusvärden få en valp som har ett plusvärde. Men, naturligtvis beror det i sin tur på hur mycket avelsdjuren är släkt med varandra. Två enskilda med minusvärden och som inte har släktskap med varandra får med största sannolikhet en avkomma med minusvärde.

Släktskapsindex

Utgår alltid från rasen själv och index-värdet 100 beskriver genomsnittet i rasen, normen, avseende det man vill mäta.

Släktskapsindex visar hur mycket släkt hunden är med övriga hundar i rasen och tar hänsyn till alla individer bakåt. De individer som finns i rakt nedåtstigande led kommer att ha störst betydelse för indexvärdet, men även utåt-stickande led räknas in. Ju längre bort – desto mindre betydelse, men det mesta räknas. När det gäller släktskapsindex är ett värde bättre ju mindre det är.

T. ex. en hund som har släktskapsindex 88 har alltså mindre släktskap med rasen som helhet än den hund som har 109. Med släktskapsindex kan man räkna ut kullindex och ju lägre värde under 100 kombinationen har desto mindre släktskap med rasen som helhet kommer avkomman att få.

Släktskapsindex är ett nytt verktyg som SKK erbjuder med syfte att bredda avelsbasen samt öka den genetiska variationen.

Sammanfattningsvis



Alla tre begreppen ovan hänger ihop med varandra men på olika sätt och i olika grad. Vi behöver förhålla oss till alla tre för att lyckas på bästa sätt. Vi behöver hålla en låg inavelsgrad i den direkta närheten till kombinationen. Vi behöver sträva efter att använda avelsdjur med så låg släktskap till rasen som helhet i så stor utsträckning som möjligt. Slutligen så behöver vi även regelbundet undersöka rasens avelsbas så att vi kan bevara en fungerande avelsbas och därmed undvika att drabbas av negativa konsekvenser i framtiden.

Vad kan man göra för att förbättra avelsbasen?

- Hålla en låg inavelsgrad
- Föra in nytt blod (oftast utländska avelsdjur med lågt släktskap med våra svenska hundar)
- Använda den tillgängliga avelsbasen mer! D.v.s. avelsdjur som inte är så mycket använda, ovanliga linjer samt använd många olika tikar och hanar i avel, kika på oanvända syskon.

Om möjligt, vid valet mellan två mentalt och friskhetsmässigt jämlika hanar/tikar välj då att använda den som har bäst värde för avelsbasen.

- Införa släktskapsindex som verktyg för att enklare hitta fler, för rasen, ovanliga individer. Kombinera det med ett rekommenderat kullindex på släktskapsindex under 100.

De verktyg som finns idag till detta är:

- Avelsdata – uträkning av inavelsgrad för kombinationen.
- Lathunden
 - kontroll och uppföljning av rasens nuläge genom uträkning av rasens tillgängliga och utnyttjade avelsbas.
 - uträkning av en enskild individs avelsbasvärde, släktskap med rasen. Skicka in till avel@frk.nu och få dina hundars genomsnittliga släktskap till rasen beräknat!
- Släktskapsindex uträkning av indexvärde för kombinationen, ett nytt verktyg som vi, i dagsläget, inte har tillgång till ännu.