

Studie av inavel och relaterade medicinska problem hos de svenska hundraserna jämthund och svensk lapphund, genom DNA-analys av 100-200-åriga hundskinn

Av Peter Savolainen, Professor, Institutionen för genteknologi, KTH

Dagens hundraser har huvudsakligen utvecklats under de senaste 100-200 åren, genom mycket snäv avel. Aveln har vanligen skett genom att ett litet antal individer, med önskat utseende eller beteende, paras med varandra, och att endast ättlingar till dessa hundar, alltså närbesläktade individer, sedan använts för avel i alla kommande generationer (Ref 1). Detta innebär att hundraserna normalt har formats genom att nära släktingar har parats med varandra, och att dessa hundar alltså har utsatts för omfattande inavel.

Inavel leder till att den genetiska variationen bland populationer och individer minskas. Denna minskade genetiska variation leder till att frekvensen av ärftliga sjukdomar ökar, eftersom risken att recessiva anlag för en viss sjukdom ärvs från båda föräldrarna, vilket leder till sjukdom.

Många av dagens hundraser har inavelsnivåer som innebär att individerna i snitt är lika besläktade som kusiner eller halvsyskon, vilket har lett till att de flesta hundraser har genetiskt orsakade sjukdomar som drabbar så mycket som 10 till 50% av alla individer, med stort lidande och för tidig död som följd (Ref 1 och 2). Förekomsten av inavel i dagens hundraser är alltså ett viktigt djurskyddsproblem.

De exakta mekanismerna bakom hur inaveln påverkar den genetiska variationen och hur detta i sin tur påverkar hälsan inom inavlade hundraser är dock inte känt. Det finns därför ett stort behov av att studera detta, för att kunna styra framtidens hundavel så att genetiska problem som leder till sjukdom kan undvikas (Ref 2).

En sådan studie skulle kunna göras genom att jämföra den genetiska variationen bland dagens hundraser med den genetiska variationen hos den hundpopulation som levde för 100-200 år sedan, från vilken hundrasen utvecklades. Någon sådan studie har dock aldrig tidigare gjorts för någon hundras, eftersom de ursprungliga hundpopulationerna från vilka dagens hundraser härstammar är utdöda. Alla dagens hundar i västvärlden tillhör någon modern hundras, eller är en blandning av moderna raser, och det finns därför ingen ursprunglig hundpopulation kvar att jämföra de moderna hundraserna med.

En medlem av vår forskningsgrupp kom dock på idén att man kanske skulle kunna analysera den genetiska variationen hos den utdöda svenska ursprungspopulationen genom att analysera DNA från hundskinn.

Sverige, Norge och Finland är unika i det att hundskinn i hög omfattning användes för att

tillverka kläder, främst rockar och handskar, fram till för hundra år sedan (Ref 3). Vi undersökte därför i vad mån sådana klädesplagg finns kvar idag, och fann då att det finns relativt många sådana klädesplagg bevarade, till dels på muséer men framför allt hos privatpersoner i den norra halvan av Sverige (Figur 1). Detta ger en unik möjlighet att undersöka den genetiska variationen hos de allmogehundar som för cirka hundra år sedan gav upphov till dagens svenska hundraser, vilket ger kunskap inte bara om avelns mekanismer och följder hos de svenska hundraserna utan generellt hos alla världens hundraser. En sådan studie skulle därför ha mycket stor betydelse för veterinärmedicinen och hundars hälsa.

Figur 1. Forbonderockar från Jämtland tillverkade av hundskinn.



Vår forskningsgrupp har därför initierat ett projekt där vi, baserat på analys av DNA från hundskinn, studerar vad som händer med den genetiska variationen när de svenska

hundraserna Jämthund och Svensk Lapphund bildades från nordsvenska allmogehundar för cirka 100 år sedan, och sedan utvecklades till dagens renrasiga hundraser. Vi har fått tag på ett stort antal klädesplagg gjorda av hundskinn och har nu lyckats samla in prover från sammanlagt 144 hundskinn. Från dessa skinn tas centimeterstora bitar för DNA-analys.

För att testa att det går att få fram DNA från dessa skinnbitar, och för att se att hundskinnen verkligen representerar de hundpopulationer som var ursprunget till dagens Jämthundar och Lapphundar, så har vi genomfört en pilotstudie där vi analyserat DNA från åtta hundskinn. Denna studie visar att vi verkligen kan analysera DNA från skinnen och att dessa åtta individer tillhör en population från vilken dagens Jämthundar och Lapphundar härstammar. Studien är nu publicerad i den vetenskapliga tidskriften *Molecular Biology and Evolution* (Ref 4).

Vår plan är nu att göra en analys av DNA från alla 144 hundskinn och jämföra denna DNA-variation med den hos dagens Jämthundar och Lapphundar (sådana data finns redan tillgängliga för jämförelse), för att kunna göra en fullständig analys av den genetiska skillnaden mellan den ursprungliga hundpopulationen och dagens hundraser.

Genomförande

Analysen går i korthet till på följande sätt:

En skinnbit på cirka 1 kvadratcentimeter löses upp enzymatiskt, och DNA extraheras fram från denna lösning. DNA-sekvensning utförs m.h.a. Illumina-instrument på Science For Life Laboratory i Solna. DNA-sekvenserna från skinnen jämförs bioinformatiskt med redan publicerade data från Jämthund och Lapphund, varvid biologiska och medicinska analyser angående t.ex. inavelsgrad och förekomst av sjukdomsalstrande DNA-typer analyseras.

Referenser

Ref 1. Akey JM, Ruhe AL, Akey DT, Wong AK, Connelly CF, Madeoy J, Nicholas TJ, Neff MW. 2010. Tracking footprints of artificial selection in the dog genome. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 107(3):1160–1165.

Ref 2. Leroy G. Genetic diversity, inbreeding and breeding practices in dogs: results from pedigree analyses. *Vet J*. 2011;189(2):177-182.

Ref 3. Svanberg I, Lindin L. 1997. Den jämtländska spetsen-en pälshund? *Hundskinn och pälshundsuppfödning i norra Sverige Svenska Landsmål och Svenskt Folkliv* 332:133-158.

Ref 4. SZ Wang, Y Yan, M Widlund, CC Qian, LL Zhang, SJ Zhang, ZM Li, P Cao, QY Dai, XT Feng, F Liu, L Wang, C Gao, QM Fu, MK Hytönen, H Lohi, P Savolainen, GD Wang. 2024. Historic dog furs unravel the origin and artificial selection of modern Nordic Lapphund and Elkhound dog breeds. *Molecular biology and evolution* 41 (7), msae108.