



Forskningsprosjekt om kullstørrelse

I faggruppen for medisinsk genetikk ved NMBU Veterinærhøgskolen pågår det et forskningsprosjekt der vi undersøker **sammenhengen mellom kullstørrelse og genetiske faktorer i utvalgte hunderaser**. Berner sennenhund er blant rasene vi ønsker å inkludere i prosjektet, og i den forbindelse tar vi kontakt med dere.

Om prosjektet

Hos hund ser vi at det er store forskjeller mellom gjennomsnittlig kullstørrelse i ulike raser – selv mellom svært «lignende» raser. Det er også stor variasjon i kullstørrelse innad i rasene.

I denne studien, som er finansiert av Agria og SKKs Forskningsfond, vil vi sammenligne raser med stor og liten gjennomsnittlig kullstørrelse, samt store og små kull i den enkelte hunderase.

Det er tidligere identifisert enkeltgener med betydning for kullstørrelse hos blant annet gris og geit, og en sammenheng mellom innavl og kullstørrelse er vist i en rekke arter. Det er også gjort studier på sammenheng mellom innavl og kullstørrelse hos hund, men da hovedsakelig ved hjelp av stamtavlebaserte innavlsestimater.

I motsetning til tidligere studier, vil vi i dette prosjektet benytte DNA-baserte innavlsberegninger (såkalt genomisk innavlsgrad). Disse er mer presise enn estimer basert på stamtavle, og kan også skille mellom innavl som har skjedd nylig og innavl som har skjedd langt tilbake i tid. Vi vil også undersøke sammenheng mellom kullstørrelse og andre genetiske faktorer, som enkeltgener og assosierte markører.

Praktisk informasjon

Berner sennenhund er blant rasene vi ønsker å inkludere i prosjektet. Som raseklubb vil dere gjennom deltagelse i prosjektet få god innsikt i det generelle innavlsnivået i populasjonen i Norge, samt nyttig informasjon om genetiske faktorer som har effekt på kullstørrelse i deres rase.

Vi har selektert store og små kull i hver av de utvalgte rasene, og skal samle en DNA-prøve fra én valp fra hvert av disse kullene. Denne tas i form av en spyttprøve, som eier tar selv ved hjelp av en bomullspinne de får tilsendt i posten.

NKK kommer i løpet av desember til å ta kontakt med eierne av hunder i de utvalgte kullene, og velge en tilfeldig valp fra hvert av disse ved hjelp av en «førstemann til mølla»-modell. Eiere som takker ja til å delta må samtykke til at NKK deler kontaktinformasjonen med oss i forskergruppen ved NMBU Veterinærhøgskolen, så vi kan få sendt dem en bomullspinne i posten. De må forplikte seg til å returnere bomullspinnen innen en uke etter at de mottar den, og samtykke til at prøven brukes fritt i forskning.

Alle opplysninger om hund og eier blir selvsagt behandlet konfidensielt.

Som takk for deltagelsen får eier informasjon om hundens genomiske innavlsgrad etter at prosjektet er avsluttet.

Raseklubben vil etter prosjektets slutt motta en rapport om resultatene fra egen rase, som inkluderer blant annet gjennomsnittlig genomisk innavlsgrad i rasen, øvre og nedre verdi/spenn, samt en vurdering av om evt. innavl har skjedd nylig eller tilbake i tid. (Klubben får ikke informasjon om resultatet til enkelthunder siden dette er konfidensiell informasjon).

Mulighet for utvidet analyse gjennom delfinansiering

Forskningsprosjektet har mottatt generøs støtte fra Agria og SKKs Forskningsfond, som gir oss mulighet til å samle og analysere DNA fra ca. 30 hunder i hver av de utvalgte rasene.

Det ville imidlertid styrket analysene å utvide antallet hunder per rase noe. Vi åpner derfor for at raseklubber som har lyst og anledning, kan gi et valgfritt bidrag til prosjektet for å muliggjøre en utvidet og styrket analyse av sin rase. Som et eksempel kan vi for 6.000–12.000 kroner inkludere 5–10 ekstra hunder. Gi gjerne beskjed dersom dette er av interesse.

Har dere spørsmål?

Ikke nøl med å ta kontakt med oss dersom dere har spørsmål om prosjektet.

Kontaktinformasjon til prosjektansvarlig ved NMBU Veterinærhøgskolen:

Kim Bellamy, veterinær, ph.d.

Postdoktor

Faggruppe for medisinsk genetikk

Epost: kimbella@nmbu.no

Telefonnummer: 45445179