



Rasspecifik avelsstrategi RAS för **Bracco Italiano**



Fastställd 2020



Innehåll

Inledning.....	4
Generellt om rasen.....	4
Rasens historia, bakgrund och utveckling.....	4
Nordisk braccohistoria.....	5
En summering av Bracco Italianos arbetsbeskrivning.....	5
Övergripande avelsmål för rasen.....	5
Genetisk diversitet.....	6
Helhetsintryck.....	6
Bracco Italiano population och avelsstruktur.....	6
Nulägesbeskrivning.....	7
Populationsstorlek, registreringssiffror.....	7
Genomsnittlig kullstorlek.....	8
Inavelstrend (inavelsökning), fördelning parningar.....	8
Användning av avelsdjur, ålder första valpkull, avkommor per avelsdjur, barn-barn.....	9
Djur använda i avel.....	10
Kortsiktiga och långsiktiga mål.....	12
Hälsa.....	13
Nulägesbeskrivning.....	13
Mortalitet.....	13
Sjukdomar.....	14
Bekämpningsprogram och DNA tester i andra länder.....	15
Kortsiktiga och långsiktiga mål för hälsa.....	15
Mentalitet & bruksegenskaper.....	16
Nulägesbeskrivning.....	16
Mål.....	17



Beskrivning av kortsiktiga och långsiktiga mål	17
Nulägesbeskrivning.....	18
Jakt & funktion.....	18
Jaktprov	18
Eftersöksgrenar 2014-2017	18
Fältprov 2014-2016	19
Kortsiktiga mål för jakt & funktion	19
Exteriör	20
Nulägesbeskrivning.....	20
Exteriörbedömning/Exteriöra överdrifter	20
Mål och strategi.....	20
Summering.....	21
Plan för fortsatt arbete i klubben	22
Sammanfattning och råd till dig som tänker avla på Bracco Italiano.....	22
Källhänvisningar.....	23
Bilaga 1 Genetic Variability in Bracco Italiano Dog Breed Assessed by Pedigree Data...24	
Bilaga 2 Genetic variability of the Bracco Italiano dog breed based on microsatellite polimorphism.....	30
Bilaga 3 Genetic variability of the Bracco Italiano dog breed.....	34
Bilaga 4 Rasens Historia.....	39

Inledning

På Svenska Kennelklubbens kennelfullmäktige 2001 fattades beslut om att det för varje hundras ska finnas en rasspecifik avelsstrategi, (som i detta dokument fortsättningsvis benämns med förkortningen RAS). Då hundar och hundavel numera är utsatta för granskning från många håll, skulle detta vara ett stöd för framtida avel för ett hållbart avelsarbete.

Europarådet presenterade 1987 en konvention för hållandet av sällskapsdjur. Där påpekades bl.a. vikten av en sund och genetiskt hållbar avel, d.v.s. en avel som inte leder till defekta eller sjuka djur och som bygger på långsiktighet. RAS är tänkt att vara uppfödarnas hjälp och stöd i det arbetet.

Enda sättet att nå dit, är att landets uppfödare har som mål att föda upp sunda hundar med rastypiska egenskaper. SRBS godkände sitt första förslag till RAS för Bracco Italiano året 2008, som sedan fastställdes av Svenska Kennelklubben. Detta innebär att det sedan dess har funnits en avelsstrategi till stöd för uppfödarna i avelsarbetet av Bracco Italiano.

Generellt om rasen

Rasens historia, bakgrund och utveckling

Bracco Italiano är en av de äldsta stående fågelhundsraserna och har använts för jakt sedan renässansen. På målningar från 1300-talet finns jaktscener med hundar och falkenerare som påminner om dagens stående fågelhundar (se nedan).



Rasen som var nästan utdöd blev återupplivad efter andra världskriget, när en grupp av anhängare med Paolo Ciceri (kennel Dei Ronchi) i spetsen tog rasen tillbaka till sina ursprungliga egenskaper genom en väl genomtänkt avelsstrategi. Rasen registrerades officiellt under en enhetlig standard (efter att ha varit tudelad under en period) av ENCI (den italienska kennelklubben) år 1949. Den italienska Bracco Italiano tillhör FCI:s grupp 7 (Stående fågelhundar), rasklubben heter Societa Amatori Bracco Italiano, S.A.B.I. Mellan 1970–1975 registrerades endast 211 bracchi men sedan dess har rasen utvecklats och idag registreras runt 750 valpar varje år i hemlandet.

Nordisk braccohistoria

Det var på en utställning i Verona år 1990 som Kennel Olympos, fick upp ögonen för rasen. Till Sverige kom de två första importerna, via Danmark 1994.

Rasen har sedan ökat långsamt men stadigt och 2017 var populationen ca 175 - 200 stycken och rasen hade rekordstora registreringsciffror med 39 registreringar (varav 4 import). 2018 var även det år då rasen för första gången hade en uppfödare, kennel Ensemble som lyckades med bedriften att erhålla SKK:s bruksuppfödarpriis.

En summering av Bracco Italianos arbetsbeskrivning

(en bearbetning av den italienska jaktprovsstandarden)

Gångarten är en långsträckt, snabbt trav som medger vissa faser av galopp, vilka motiveras i vissa situationer, men gångarten inför ståndet när hunden fått vittring ska vara trav. Söket är livligt och effektivt med ca 100 meters bredd och i serpentinmönster över marken från sida till sida, med lagom djup anpassat till vind och markförhållanden. Braccon ska jobba med livlig svans och resning och väl buret huvud. Vid vittring saktar hunden gradvis ner, fortfarande med högt buret huvud, uppmärksamma öron men svansen hålls under rygglinjen och rörelsen avtar. Innan den fattar stånd blir rörelserna allt mer smygande. Ståndet är stramt med stel svans, vilken hålls lätt lyft.

Om vittring kommer från ett större område eller en flock fåglar är ofta huvudets hållning något lägre i ståndet. Stånd med låg nos och kroppshållning är vanligast vid sök i medvind där vittringen blir plötslig och stånd fattas snabbare. Om viltet inte trycker ska hunden driva det mot vinden med långsamma smygande rörelser. På samma sätt jobbar den ofta på löpande fågel. Karakteristiskt för rasen ska vara dess mjuka nära samarbete med sin förare – vi talar om en hund som jobbar självständigt på 100 meters håll, så det som avses är dess lyhördhet även för sin förare, trots självständigheten. Bracco Italiano anpassar sitt arbete efter terrängen vilket gör det möjligt att använda den i många typer av mark, då den anpassar sökets vidd efter terrängen.

Övergripande avelsmål för rasen

SRBS har som ett övergripande mål att väcka intresse för och främja avel med fysiskt sunda, jaktligt och exteriört fullgoda Bracco Italiano där vi bibehåller en så bred avelsbas som möjligt i rasen som helhet.

Bracco Italiano ska fungera i samhället och uppvisa de rastypiska mentala egenskaperna såsom pålitlighet, vänlighet och dresserbarhet. I rasen ska vi inte heller möta hundar som visar omotiverad rädsla eller aggressivitet.

Vi ska ha en ras som lever länge utan hälsostörningar. Den genetiska variationen ska vara så stor som det nu är möjligt och andelen anlagsbärare av ärftliga sjukdomar ska hållas låg.

Bracco Italiano ska besitta jaktliga grundegenskaper såsom viltfinnarförmåga, hög dresserbarhet och följsamhet. Det ska inom rasen finnas hundar som hävdar sig på såväl praktisk jakt som på jaktprov och som jagar i en rastypisk och unik jakttrav - så som rasen är tänkt att arbeta. *Bracco Italiano* ska ha en funktionell exteriör och uppfylla standardens krav på rastyp och helhetsintryck. Vi ska motverka ytterligheter i rasens exteriör.

Genetisk diversitet

Sammantaget kan man utifrån det underlag vi har utläsa, att Bracco Italiano är en relativt frisk och sund ras men som gränsar till inavelsdepression. Det är oerhört viktigt att använda så obesläktade individer som möjligt och ständigt arbeta för att bibehålla bredd och variation i avelsarbetet. Att inte använda samma individer utan hellre välja ett kullsyskon om möjlighet finns.

Då avelsbasen i världen i grunden är smal är detta oerhört viktigt så att vi inte tömmer rasen mer på genetisk variation. Vår uppgift är att bevara rasens unika förmågor som helhet.

Helhetsintryck

I bakhuvudet måste följande alltid finnas som ledande i avelsarbetet; *utdrag ur FCI:s rasstandard:*

Bracco Italiano ska ha en stark och harmonisk kroppsbyggnad och ge ett kraftfullt intryck.

Önskvärt är seniga ben och välutvecklad muskulatur. Kroppsformens konturer ska vara väl definierade och huvudformen tydligt markerad. Skallens och nosryggens plan ska divergera. Nosryggen ska vara rak eller något böjd. Dessa egenskaper bidrar tillsammans till att ge rasen dess distinkta typ.

Bracco Italiano population och avelsstruktur

Svenska Rasklubben för Bracco Italiano och Spinone, SRBS har som ett övergripande mål att väcka intresse för och främja avel med fysiskt sunda, jaktligt och exteriört fullgoda *Bracco Italiano* där vi bibehåller en så bred avelsbas som möjligt i rasen som helhet.

Då rasens framtid och utveckling grundar sig på uppfödarnas val av avelsdjur måste klubben arbeta för att hjälpa och stödja uppfödarna i arbetet med ett långsiktigt, målinriktat och hållbart perspektiv.

Baserat på de tre vetenskapliga analyser som gjorts vid Pisa universitetet i Italien där man analyserat inavelsgraden utifrån stamtavlor, genetiskt och utseendemässigt fann man att:

- ***för att undvika en betydande inavelsdepression i framtiden bör man använda en strategi för att minska inavel genom att identifiera tikar och hanar med lägst släktskap och använda dessa i avel. Det vill säga man måste sätta den genetiska diversiteten före alla andra egenskaper i rasen.***

Se bifogade bilagor:

Bilaga 1 Genetic Variability in Bracco Italiano Dog Breed Assessed by Pedigree Data.pdf

Bilaga 2 Genetic variability of the Bracco Italiano dog breed based on microsatellite polymorphism.pdf

Bilaga 3 Genetic variability of the Bracco Italiano dog breed.pdf

Nulägesbeskrivning

Populationsstorlek, registreringssiffror

BRACCO ITALIANO

Stäng flik

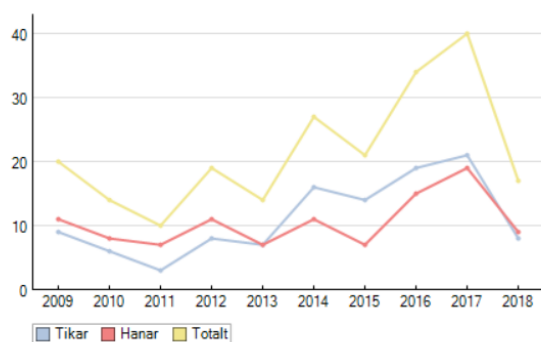


Statistik registrering

Registreringsår: 2009 - 2018 Visa

Antal reg/år	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018
Tikar (varav importer)	9 (3)	6 (2)	3	8	7 (4)	16 (5)	14 (8)	19 (2)	21 (2)	8 (3)
Hanar (varav importer)	11 (2)	8 (2)	7 (3)	11 (2)	7 (2)	11 (3)	7 (4)	15 (1)	19 (2)	9 (1)
Totalt	20 (5)	14 (4)	10 (3)	19 (2)	14 (6)	27 (8)	21 (12)	34 (3)	40 (4)	17 (4)

Importert kan visas fr.o.m. 2004

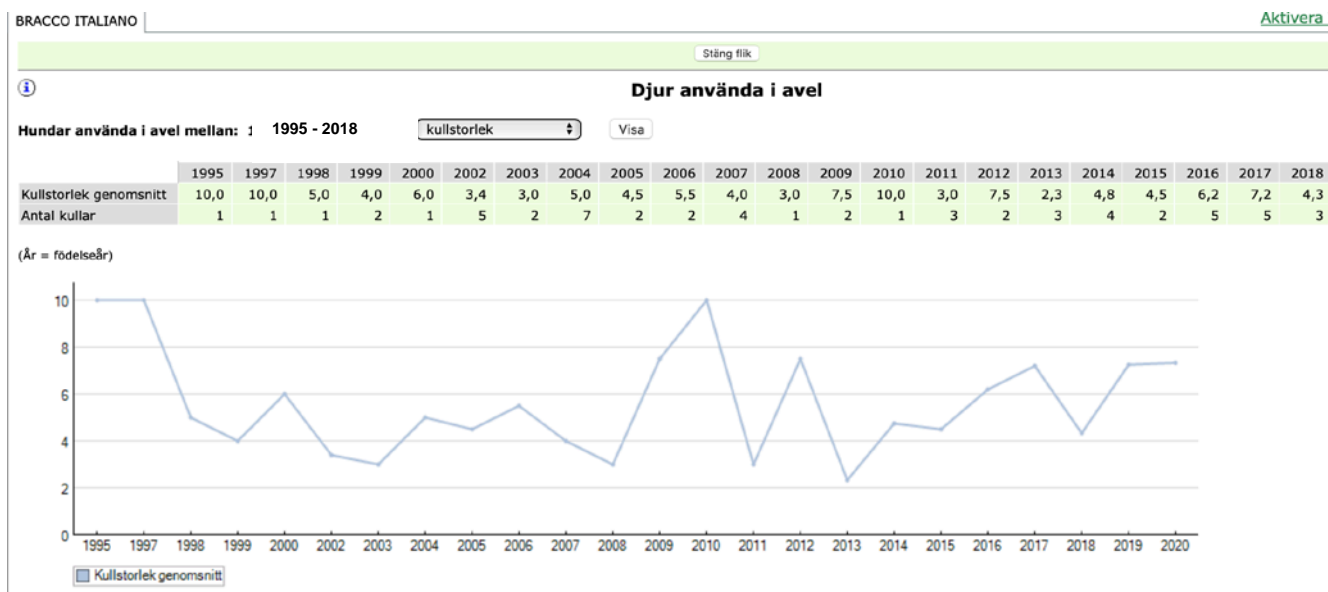


Dagens registreringssiffror ligger runt 21 - 22 individer med i medeltal 5 importert per år. Av de 76 registrerade kullar födda mellan 2009 - 2018 är har mer än 10 individer samma far i (i vissa fall är en hane far till mer än fyra kullar) och mer än 14 individer har samma mor.

Vad gäller importerna så har till exempel två kullbröder importerats och sedan importerats 4 avkomor till en av dessa. En av dessa avkomor är far till 2 kullar och har där till en importerad avkomma. Några år senare registreras två importerade halvsyskon, sedan kommer två barnbarn till samma hane. Av de 76 kullarna i Sverige under perioden är 13 syskon, barn och barnbarn till samma individer.

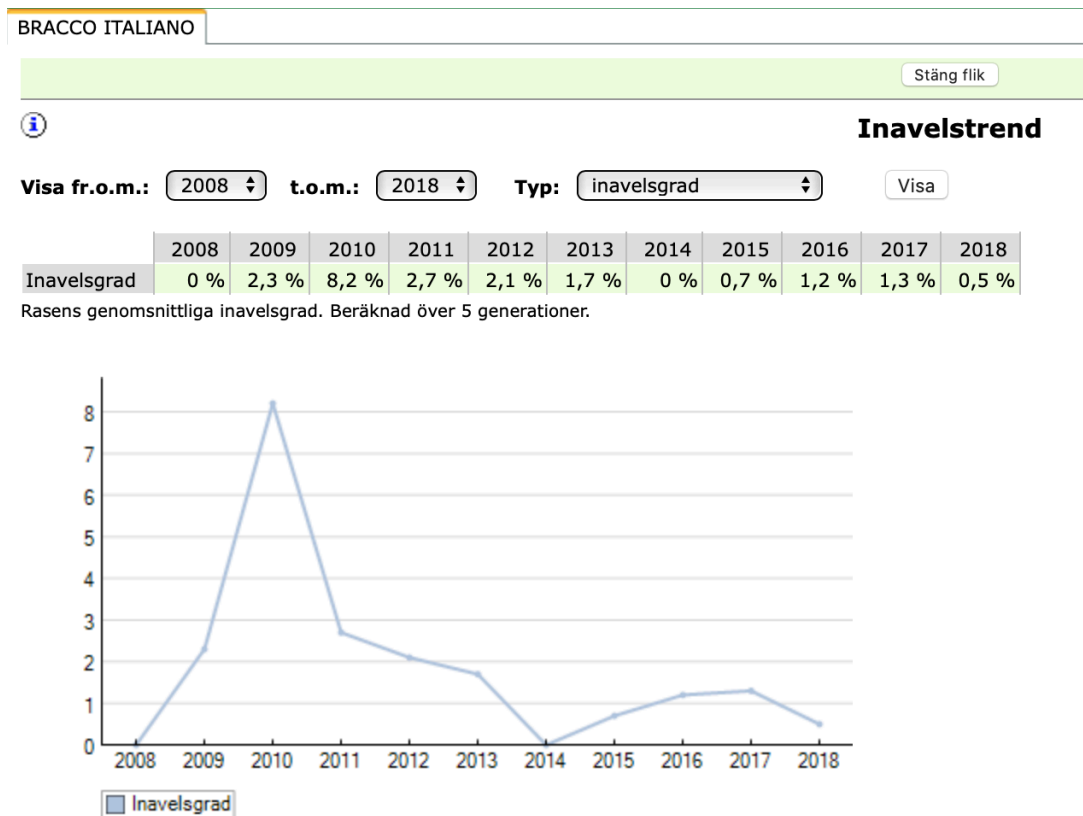
Så dels har vi en repetitiv användning av våra inhemska tikar, (vilket är naturligt), men de hundar som importerats är nära besläktade och istället för att bredda avelsbasen gör de den ännu smalare. Förklaringen till detta är att många av importerna är tänkta som rena sällskapshundar, då efterfrågan på valpar varit större än tillgången i Sverige.

Genomsnittlig kullstorlek



Avser överlevande valpar i födda kullar.

Inavelstrend (inavelsökning), fördelning parningar



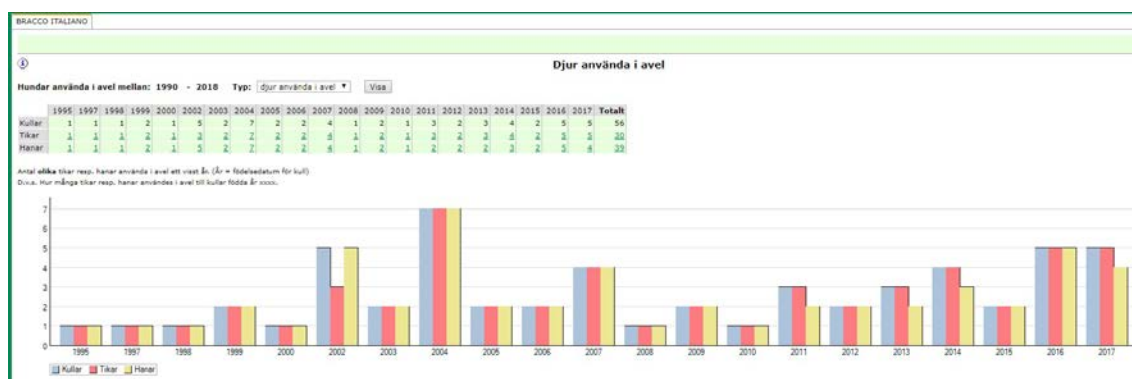
Inaveln i kullarna som sådana har sjunkit för varje år, men det hjälper inte då de individer som används till de olika kullarna är nära besläktade. Kullen som sådan kan ha låg inavelsgrad men den ökar släktskapet i populationen som helhet. En risk i detta kan vara att verktyg beräknar inavelsgraden i kullen men inte effekten på populationen.

Därför blir även beräkningen i avelsdata ofta felaktig och anger en lägre inavelsgrad än vad som verkligen är fallet. Detta på grund av att en och samma individ kan ha mer än fyra olika registreringsnummer, exempel: ett från Italien, ett från Sverige, ett från Finland, ett från Norge och ett från Danmark. Beroende på hur lång tid individen stått i respektive land kommer avkomman att få en förälder med ett utländskt eller ett inhemskt nummer. Så i en kull som ser ut att ha lågt släktskap kan inavelsgraden vara högre än kusinparning när man beräknar den faktiska inavelsgraden. På sikt kan detta bli ett problem.

Utanför Sverige

Ser vi till ett av de få länder vi kommer åt statistik för så ligger inavelsgraden per kull på i genomsnitt 3.0% i Storbritannien år 2018

Användning av avelsdjur, ålder första valkull, avkommor per avelsdjur, barn-barn





BRACCO ITALIANO

Stäng flik



Djur använda i avel

Hundar använda i avel mellan: 2007 2020 Typ: Ålder första valpkull

Föräldradjurens ålder vid första valpkull. Kullar födda **2018** (Totalt 3 st).

	0 - 6 månader	7 - 12 månader	13 - 18 månader	19 - 24 månader	2 - 3 år	4 - 6 år	7 år och äldre	Totalt
Moder	0	0	0	0	1	1	0	2
Fader	0	0	0	1	0	2	0	3
Totalt	0	0	0	1	1	3	0	

Föräldradjurens ålder vid första valpkull. Kullar födda **2017** (Totalt 5 st).

	0 - 6 månader	7 - 12 månader	13 - 18 månader	19 - 24 månader	2 - 3 år	4 - 6 år	7 år och äldre	Totalt
Moder	0	0	0	0	3	0	0	3
Fader	0	0	0	0	1	1	0	2
Totalt	0	0	0	0	4	1	0	

Föräldradjurens ålder vid första valpkull. Kullar födda **2016** (Totalt 5 st).

	0 - 6 månader	7 - 12 månader	13 - 18 månader	19 - 24 månader	2 - 3 år	4 - 6 år	7 år och äldre	Totalt
Moder	0	0	0	0	1	1	0	2
Fader	0	0	0	1	2	1	0	4
Totalt	0	0	0	1	3	2	0	

Föräldradjurens ålder vid första valpkull. Kullar födda **2015** (Totalt 2 st).

	0 - 6 månader	7 - 12 månader	13 - 18 månader	19 - 24 månader	2 - 3 år	4 - 6 år	7 år och äldre	Totalt
Moder	0	0	0	1	1	0	0	2
Fader	0	0	0	0	2	0	0	2
Totalt	0	0	0	1	3	0	0	

Föräldradjurens ålder vid första valpkull. Kullar födda **2014** (Totalt 4 st).

	0 - 6 månader	7 - 12 månader	13 - 18 månader	19 - 24 månader	2 - 3 år	4 - 6 år	7 år och äldre	Totalt
Moder	0	0	0	0	0	1	1	2
Fader	0	0	0	0	1	0	1	2
Totalt	0	0	0	0	1	1	2	



Föräldradjurens ålder vid första valpkull. Kullar födda **2013** (Totalt 3 st).

	0 - 6 månader	7 - 12 månader	13 - 18 månader	19 - 24 månader	2 - 3 år	4 - 6 år	7 år och äldre	Totalt
Moder	0	0	0	0	0	1	0	1
Fader	0	0	0	0	1	0	0	2
Totalt	0	0	0	0	1	1	0	2

Föräldradjurens ålder vid första valpkull. Kullar födda **2012** (Totalt 2 st).

	0 - 6 månader	7 - 12 månader	13 - 18 månader	19 - 24 månader	2 - 3 år	4 - 6 år	7 år och äldre	Totalt
Moder	0	0	0	0	1	1	0	2
Fader	0	0	0	0	1	0	0	2
Totalt	0	0	0	0	2	1	0	3

Föräldradjurens ålder vid första valpkull. Kullar födda **2011** (Totalt 3 st).

	0 - 6 månader	7 - 12 månader	13 - 18 månader	19 - 24 månader	2 - 3 år	4 - 6 år	7 år och äldre	Totalt
Moder	0	0	0	0	1	2	0	3
Fader	0	0	0	0	2	0	0	2
Totalt	0	0	0	0	3	2	0	5

Föräldradjurens ålder vid första valpkull. Kullar födda **2010** (Totalt 1 st).

	0 - 6 månader	7 - 12 månader	13 - 18 månader	19 - 24 månader	2 - 3 år	4 - 6 år	7 år och äldre	Totalt
Moder	0	0	0	0	0	0	0	0
Fader	0	0	0	0	1	0	0	1
Totalt	0	0	0	0	1	0	0	1

Föräldradjurens ålder vid första valpkull. Kullar födda **2009** (Totalt 2 st).

	0 - 6 månader	7 - 12 månader	13 - 18 månader	19 - 24 månader	2 - 3 år	4 - 6 år	7 år och äldre	Totalt
Moder	0	0	0	0	1	1	0	2
Fader	0	0	1	0	0	0	0	1
Totalt	0	0	1	0	1	1	0	2

Föräldradjurens ålder vid första valpkull. Kullar födda **2007** (Totalt 4 st).

	0 - 6 månader	7 - 12 månader	13 - 18 månader	19 - 24 månader	2 - 3 år	4 - 6 år	7 år och äldre	Totalt
Moder	0	0	0	0	0	2	0	2
Fader	0	0	0	0	2	0	0	2
Totalt	0	0	0	0	2	2	0	4

Mål & Strategier

Kortsiktiga och långsiktiga mål

En god avelsstruktur är en förutsättning för att förebygga hälsodefekter kopplade till hög inavelsgrad. Vi har en ras som utgår från en mycket liten avelsbas. Kopplingen mellan funktion och exteriör är viktig för rasens avelsstruktur. Med nya RAS som fastställs 2020 vill vi med våra nya mål och strategier arbeta för rasen och stödja rasens avelsstrategi.

BRACCO ITALIANO

Stäm

Avelsstruktur - barnbarn

Visa: tabell ▼ Kön: Hanar ▼ Svenskfödda barnbarn, antal: t.o.m.: 2018 Visa

* Övriga är de ej svenskfödda avkommor/barnbarn som finns i SKKs databas, t.ex. importer och tävlingshundar.
Dessa räknas ej med i rasstatistik.

Antal hundar: 30

Regnr	Hundnamn	OBS!	Föd.år	Sv.födda avk.	* Övr. avk	Sv. barnbarn	* Övr. barnbarn
S46591/2008	ENSEMBLE PIPPIS LILLA GUBBEN		2008	15	2	37	0
FIN37335/08	GALANTUOMO DI CACCIOLA		2007	0	10	34	4
LOIC167847	TITANO DEL TROVESE		1993	4	3	32	8
S49957/96	MINOSSE		1995	20	4	26	1
S55414/95	OLYMPOS FELICE ANNO NUOVO		1994	10	6	24	7
S52772/2000	ENSEMBLE APOLLON		2000	13	0	23	6
S68394/2008	HEINÅARON AMICO INTIMO		2008	7	0	23	0
S15956/97	CARUSO		1996	11	3	20	6
S49109/99	NUITS BRUNELLO DI MONTALCINO		1999	9	1	15	2
SE30633/2014	POLCEVERA'S MARCUS		2005	5	2	13	0
DK00785/2004	OLYMPOS BRUTTO MA BUONO		2003	3	4	12	4
SE53917/2011	ZEUS COMPATRIOTA DI BONFINI		2011	5	0	12	0
ROI13/56672	POLCEVERA'S SOGNO		2013	7	1	9	0
SE44455/2010	NUITS TRAMONTANA		2010	2	0	9	0
DK01555/94	OLYMPOS FELICE ANNO NUOVO		1994	0	7	8	10
FIN14602/01	HEINÅARON COCCO DI MAMMA		2001	7	4	8	6
LOI05/86839	AXEL DEL MONTE ALAGO		2005	10	2	7	6
S56477/2009	ENSEMBLE COFFEA		2009	10	0	6	0
SE27500/2011	PAUSO DEI BRICCHI		2002	0	3	5	5
S20651/2009	TIPS BELLO ROBERTO		2008	2	0	4	0
DK19098/2001	OLYMPOS IL MIO BEL SOGNO		2001	0	2	3	4
S36075/2007	NUITS BARONE RICASOLI		2007	10	0	2	0
FI22093/12	FIKRET'S FUEL FOR THE FIRE		2012	9	0	2	0

Mål:

Att bibehålla och om möjligt sänka nivån på inavelsgraden i rasens population som helhet. Idag är inavelsgraden i en genomsnitt Bracco Italiano på en genetisk diversitet motsvarande en inavelsgrad på 6,3%.

Det finns idag inget bra verktyg för att se inavelsgraden i en individ eller om en kull i sig ökar inavelsgraden i populationen, mer än att beräkna det manuellt. Detta har påtalats för SKK och man jobbar för en lösning, men när den kommer vet vi inte. Det enda verktyg vi har i nuläget följande

- Skriv ut en 8 ledsstamtavla. Beräkna individens inavelsgrad.
- Eller genom att gentesta båda föräldradsdjuren.

Strategi:

- Fortlöpande informera om vikten av att jobba för en sänkt inavelsgrad i rasen som helhet.
- Genom klubbens samtliga informationskanaler sprida kunskap om genetik och avel.
- Stimulera till uppfödarträffar och utbildningar.
- Att vid råd om val av avelsdjur inte välja individer ur linjer/hundar/familj som redan är mycket representerad i populationen.

- Att inte stirra sig blind på kullens inavelsgrad utan se till rasen och populationen som helhet.
- Genom klubbens samtliga informationskanaler sprida kunskap om genetik, avel och hanhundsägarens ansvar.

Mål:

Synliggöra vikten av koppling mellan funktion och exteriör

Strategi:

- Hos uppfödare och hanhundsägare öka kunskapen om sambandet mellan exteriör och funktion samt om rasens olika typer.
- Arrangera informationstillfällen där såväl jaktprovs- som utställningsdomare medverkar.

Hälsa

Nulägesbeskrivning

Då rasen är så numerärt liten i Sverige och i världen att någon statistik inte finns tillgänglig från försäkringsbolagen har vi valt att försöka sammanställa de fakta vi kunnat hitta från olika håll i världen till en gemensam informations bas. Då rasen inte inom den närmaste femårsperioden inte antas bli så talrik att den ger en mer tillförlitlig statistik borde denna kunna ligga till grund för jämförelse med den statistik som en ständig blankett och frivillig hälsodatabas i rasklubben skulle kunna bidra med den närmaste perioden.

Den största dödligheten i Storbritannien är njursjukdom (vilken det pågår forskning kring i USA och som hittills tycks vara både familjär och ärftlig)

Svar från ett av de större försäkringsbolagen var att de dessvärre inte kan ta ut någon tillförlitlig skadestatistik för rasen pga. det låga antalet individer och skaderegleringar, dock är vi välkomna att höra av oss igen inför nästa RAS arbete då siffrorna då kanske ser annorlunda ut än idag.

Positiv känd statistik från Finland är:

- Knän *Samtliga i Finland undersökta hundar under perioden 2014-2018 UA*
- Hjärta *Samtliga i Finland undersökta hundar under perioden 2014-2018 UA*

Mortalitet

Finland – fram till 2018 är genomsnittsåldern vid död 8 år och de som avlider av ålder har en medelålder på över 11 år. Annars är dödsorsaken i fallande ordning:

1. Cancer & tumörer vanligast dödsorsaken 14 av 76
2. Ospecificerad dödsorsak 13 av 76
3. Dödsorsak finns inte med i listan 12 av 76
4. Lever mage/tarm sjukdom 9 av 76
5. Ålderdom 8 av 76

6. Eutanasi utan diagnos av sjukdom 7 av 76
7. Olycka eller trafikskada 5 av 76

Storbritannien – 2018 presenterades resultaten av en hälsoundersökningsenkät som gjordes på 18 hundar. 8 av hundarna rapporterade åkommor och en majoritet av hundarna, 10 stycken, rapporterades fullt friska. Nedan följer rapporterade åkommor i fallande ordning:

1. Lymfkörtelcancer, (Lymphoma)
2. Hudcystor
3. Kronisk njursvikt
4. Kryptorkism
5. Immunmedierad inflammatorisk artrit, (immune mediated polyarthritis) (IMPA)
6. Keratoconjunctivitis sicca (KCS, torra ögon)
7. Lipoma, fett svults
8. Öroninflammation
9. Bakteriell hudinfektion, (pyoderma)
10. Hudcancer/tumör
11. Fettknölar
12. Navelbråck, (umbilical hernia)

Av de 18 hundar som ingått i undersökningen är de två vanligaste rapporterade sjukdomarna lymfkörtelcancer och hudcystor och den enda rapporterade dödsorsaken var njursvikt.

Sjukdomar

Finns noterade om rasen i världen tom juli 2019:

1. **Bettfel** - Trång underkäke
2. **Cancer** - Hudcancer/tumör, cancer i buk
3. **ED** - 0/1 (FI); Grad 1 (7 st) (Sverige); Grad 2 (2st) (Sverige)
4. **Fertilitet** - Infertil
5. **HD** - DD svenskfödd men exporterad hund (FI), D (4st) (Sverige), C (15st) (Sverige)
6. **Hud** – Svamp i örongången, Pyoderma (bakteriell hudinfektion), Demodex, Knölar och cystor i huden, fettknölar i örat som orsakar öroninflammation eller smärta
7. **Immunbristsjukdomar** - Immunmedierad inflammatorisk artrit (IMPA) (inflammatorisk artrit orsakad av immunförsvaret som reumatoid artrit eller idiopatisk artrit)
8. **Kryptorkism** (en missbildning hos hanar bestående i att testiklarna ej vandrat ner i pungen under [fosterutvecklingen](#)).
9. **Lever & Galla** - Porta cava shunt (PSS) en medfödd eller en förvärvad kärmissbildning i levern.
10. **Lymfom** (Malignt lymfom, blodcancer, är en mycket allvarlig och tyvärr inte ovanlig sjukdom hos hund.)
11. **Magomvridning**
12. **Njurar** - Kronisk (långvarig) njursvikt & renal dysplasi tidigare kallat PNP, är en utvecklingsrubbnig som definieras av en onormal utveckling av njurvävnaden. Den onormala utvecklingen av njuren (själva grundorsaken till sjukdomen renal dysplasi) sker redan hos fostret i livmodern eller hos den nyfödda valpen.
13. **Navelbråck**

- 14. UAP** - Ununited anconeal process eller ofullständig förbening av processus anconeus en tillväxtplatta i armbågen. Tillståndet leder till en helt eller delvis lös processus anconeus. Broskförbindningen kan vara stabil en längre tid och fraktureras först senare. Därför kan UAP förekomma även hos äldre hundar utan tidigare kliniska besvär. Diagnosen ställs då hunden passerat 20 veckors ålder.
- 15. Rygg** - Lumboscral övergångskota LTV3 (osymmetrisk övergångskota) (FI)
- 16. Ögonsjukdomar** - Bakrepolär katarakt (Fi), Cherry Eye (It), Distichiasis (Internationellt), Ektropion (Fi/It), Entropion (Fi/It), Katarakt (It), Keratoconjunctivitis sicca (KCS, torra ögon), Retinal Dysplasi – focal / multifocal (It)

Källa: Guandalini A. Inherited eye diseases in the Italian Breeds. ECVO Satellite Meeting, Trieste (Italy), 27/05/2012

Internationell källa: ACVO genetics committee

Finsk källa: Finska kennelklubbens databas

Bekämpningsprogram och DNA tester i andra länder

I Storbritannien rekommenderas njurfunktionstest för amyloidos.

Andra inrapporterade sjukdomar är: Entropio, Ektropion, Cherry eye & Glaucom och primär lins luxation (PLL) samt magsäcksomvridning och infektioner i hudveck.

Källa The Kennel Club UK

Kortsiktiga och långsiktiga mål för hälsa

Även om Bracco Italiano är en generellt frisk ras med få problem så är hälsofrågorna alltid i fokus.

MÅL:

Att kontinuerligt bevaka utvecklingen av rasens hälsa och regelbundet informera om detta.

Strategi:

- Kontinuerligt utvärdera statistik från försäkringsbolagen gällande veterinärvård och liv, ännu är vår ras numerärt för liten än för att en sådan statistik ska ha funnits tillgänglig från något bolag.
- Utveckla en dödsfallsrapportering online via hemsidan, liknade den finska kennelklubbens för att kunna jämföra statistiken.
- Hålla oss uppdaterade om aktuell forskning.
- Stödja forskning kring allvarliga hälsostörningar i rasen och skapa goda kontakter med specialistkompetens.
- Skapa och uppmuntra uppfödare att använda den checklista som finns i klubben för egen utvärdering av valpkullarnas hälsostatus.
- Att lägga ut en stadigvarande hälsoenkät på klubbens hemsida för åren 2020-2025 som den enskilde hundägaren kan fylla i när tid och intresse finns.

Mål:

Att jobba för att öka andelen hundar med 50 % med känd höftledsstatus i jämförelse med föregående år.

Strategi:

- Genom information till hundägare och uppfödare poängtera vikten av att så många djur som möjligt har känd status på höftleder för att kunna göra säkrare riskbedömningar.
- Fortsätta bevaka kvalitetssäkringen av röntgenavläsningen.
- Följa utvecklingen av och informera om röntgenrutiner.
- Kontinuerligt informera om vikten av att minst 50% av avkommorna i en kull bör ha känd HD status för att kunna göra en avelsutvärdering alls och minst 70% för att kunna göra en korrekt avelsutvärdering.
- Att noga följa och analysera och årligen följa upp fördelningen mellan de olika graderna.

Mentalitet & bruksegenskaper

Nulägesbeskrivning

Utdrag ur FCI-nummer 202, rasstandard för Bracco Italiano

”Bracco Italiano är härdig och lämpad för all sorts fågeljakt. Rasen är pålitlig, lugn, lätt att träna och begåvad med utmärkt förmåga att förstå”.

Bracco Italiano är pålitlig och intelligent med hög dresserbarhet. Rasen är uthållig och lättlärd. Den är mycket tillgiven sin familj. Karakteristiskt för rasen ska vara dess mjuka nära samarbete med sin förare – vi talar om en hund som jobbar självständigt på 100 meters håll, så det som avses är dess lyhördhet för sin förare, trots självständigheten.

För en jakthund som Bracco Italiano ger jaktprov i olika former en bra kunskap om mentaliteten.

Vi vet från utvärderingar inom de flesta raser att med ökad popularitet kommer minskat mod, ökade rädslor och sänkt nyfikenhet. Vi vill kunna stävja en sådan utveckling i rasen genom att öka intresset för mentalitet. Vi fortsätter därför arbetet med att sprida kunskap om skillnad mellan att vara ”reserverad” och att vara rädd.

SRBS har inte haft någon mentalbeskrivning, och sporadiska tester har gjorts av enskilda hundägare.



BRACCO ITALIANO

Stäng flik



BPH - översikt

Typ: Födelseår: -



Sammanställning per år	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	Totalt för 2008-2018
Antal födda	3	15	10	9	15	7	19	9	31	36	13	167
Antal starter BPH		1					1		1	5		8
varav genomförda BPH		1					1		1	5		8
Med skott		1					1		1	5		8
varav - hanar		1					1		1	2		5
varav - tikar		0					0		0	3		3
Utan skott		0					0		0	0		0
varav - hanar		0					0		0	0		0
varav - tikar		0					0		0	0		0
Ägaren avstår skott		0					0		0	0		0
Beskrivaren avbryter		0					0		0	0		0
Ägaren avbryter		0					0		0	0		0
Oacceptabelt beteende		0					0		0	0		0
Fördjupad genomgång		0					0		0	0		0

BRACCO ITALIANO

Stäng flik



MH-översikt

Typ: Födelseår: -

Sammanställning per år	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018
Antal födda	3	15	10	9	15	7	19	9	31	36	13
Känd mental status	-	-	-	-	-	-	1	1	-	-	-
varav - hanar	-	-	-	-	-	-	1	1	-	-	-
- tikar	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Beskrivaren avbryter	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-
Ägaren avbryter	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Avbrutit MH (före 2002-07-01)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Oacceptabelt beteende	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Ägaren avstår skott	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Avsteg från avreaktion	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Mål

Beskrivning av kortsiktiga och långsiktiga mål

Mål:

Att informera om vikten och nyttan av socialisering och att bevara lättdresserbarhet, pålitlighet och lugn.

Strategi:

- Öka intresse och kunskap bland uppfödare om vikten av socialisering och träning.
- Öka intresset för MH och BPH.
- Informera och bevaka information kring mentalbeskrivning.

Nulägesbeskrivning.

Jakt & funktion

Bracco Italiano är en kontinental stående fågelhund. För att bibehålla jaktegenskaper i rasen arbetar vi vidare utifrån tidigare satta mål. Då det på senare år tillkommit en nybörjarklass på jaktproven har den främjat antalet jaktprovstartar på ett gott sätt.

Jaktprov

Jaktproven för *Bracco Italiano* består av två delar dels en eftersöksdel och dels en jaktlig del i form av fågelarbete. Eftersöket är ett apporteringsprov i vatten där hunden apporterar fågel. Provet behöver bara avläggas en gång i varje klass men kan avläggas så många gånger man vill. Jaktdelen kan ske på fält, fjäll eller i skog, men under perioden 2014 - 2018 har enbart starter på fält skett.

Eftersöksgrenar 2014-2017

- 172 starter fördelat på 48 individer med 37 olika förare resulterade i att 77% av starterna erhöll betyg 5 och över.
- Genomsnittsbetyget är **6.8** på det samlade betyget om man slår ut det över alla klasser och år.
- **Betyg 0** tilldelades 19% av hundarna. Näst intill samtliga nollor orsakas av att hunden vägrar gå i vattnet, utom i elitklass då de inte lyckas lösa uppgiften
- **Betyg 1 - 3** – Utdelas ej
- **Betyg 4** - tilldelades 3 % (alla har egenskapspoäng 3 på simteknik) orsaken har varit allt från omständlig leverans till att den lägger ner fågeln i strandkanten
- **Betyg 5** - tilldelades 3 % oftast beroende på att de bara tar fågeln till strandkanten och ej till föraren
- **Betyg 6** - tilldelas 7 % (dessa hundar har oftast sämre egenskapspoäng på simteknik än de som får betyg 4 eller 5) samtliga hundar lägger ner vid förarens fötter och vägrar ta upp
- **Betyg 7** - tilldelades 6 % av hundarna. Egenskapspoängen på simtekniken var genomgående 3 medan vattenpassionen varierade från 2-4 och orsakas av allt från tveksam igång till att hunden lägger ner fågeln vid förarens fötter. Man får intrycket av att det är okej jobb men det fattas det där lilla extra.
- **Betyg 8** - tilldelas 14 % av hundarna och orsakas av varierande orsak från tveksam igång till dåligt grepp eller att den lägger ner i strandkanten. Många hundar här får egenskapspoäng 3 på simteknik men med kommentaren "plaskande" - vilket är mycket motsägelsefullt.
- **Betyg 9** - tilldelas närmare 19 % av hundarna dessa hundar har generellt egenskapspoäng 4 på vattenpassionen (22 % har dock kommentaren tvekar vid igång i vattnet) och egenskapspoäng 3 på simtekniken, men har framför allt sämre avlämning än 10-poängarna, någon tuggar på viltet eller lägger till och med ner fågeln (då ligger detta inom ramen för ett 1:a pris).



- **Betyg 10** och full pott tilldelades 30 % av hundarna som har snäppet bättre simteknik och vattenpassion, vi pratar promille, än de med betyg 9. De har oftare utmärkta avlämningar!

Under perioden skedde en regelrevidering och kriterierna är därför inte de samma under hela perioden vilket påverkar resultatet under olika år – varför en detaljredovisning inte blir informativ här. Se bilaga för mer information och detaljerad redovisning år för år.

Fältprov 2014-2016

- 166 starter fördelat på 23 individer från 11 olika uppfödare.
- Resulterade i 13% 1:a pris oavsett klass, 20% 2:a pris , 6% 3:e pris oavsett klass & 61% starter med 0-pris
- 33.3% av hundarna som går till pris, erövrar 1:a pris, 51.5% av hundarna som går till pris, erövrar 2:a pris och ca 15% går således till 3:e pris
- Alla prov var fältprov
- Antalet domare var 16 stycken
- En domare dömde 24% av starterna
- Antalet förare var 16 stycken som gjorde mellan 1-47 starter var. Den vanliga variabeln är antingen att föraren startar 1-4 gånger, 8-10 gånger eller 20-25 gånger
- Hundarna som startades dessa år var registrerade mellan 2007 - 2016 med ett åldersspann från 15 månader - 8 år
- Hos unghundarna kan man utläsa att det främst är farten som fattas hos de som går till 3:e pris, 2:a pristagarna tenderar att ha ojämnare reviering än 1:a pristagarna – om man nu ska försöka utläsa en tendens.
- I öppen klass kan man utläsa att det är en kombination av fart, vidd och reviering som fattas hos de som går till 3:e pris, 2:a pristagarna tenderar att ha mindre frisk avance än 1:a pristagarna – om man nu ska försöka utläsa en tendens.
- I elitklass kan man utläsa att det främst är vidden och revieringen som fattas hos de som går till 3:e pris, 2:a pristagarna tenderar att ha mindre bra avance än 1:a pristagarna – om man nu ska försöka utläsa en tendens.
- Ingen hund har på något prov sekunderat eller rapporterat enligt protokollen
- Endast två hundar har fått kommentaren JA på rotar

Kortsiktiga mål för jakt & funktion

Mål

Att under en femårsperiod arbeta för att minst 20 procent av antalet registrerade hundar per år ska startas på jaktprov

Strategi

- Öka kunskapen om rasens funktion hos uppfödare, hundägare och valpspekulanter.
- Hitta metoder för att få fler uppfödare och hundägare att komma till start.

- Stimulera till utbildning av funktionärer från de egna leden.

Mål

Att säkerställa att jaktprovdomarna medvetandegörs om vikten av att notera i kritiken att Bracco Italiano travar i raskarakteristiskt jakttrav under ett prov.

Strategi

- Årligen sammanställa resultaten på jaktprov för att följa utvecklingen i rasen.
- Kontinuerligt informera om jakt och funktion via klubbens samtliga informationskanaler.
- Stimulera till träningstillfällen och utbildningsinsatser med syfte att fler ska starta på jaktprov och vara väl förberedda.

Mål

Att minst 5 hundar (unika individer) årligen startar på jaktprov.

Strategi:

- Hitta metoder för att få fler Bracco-ägare att starta på jaktprov.
- Att stimulera till fler träningstillfällen och ökade utbildningsinsatser med syfte att fler ska komma till start på jaktprov.

Mål

Att andelen prisbelönade starter på jaktprov är 45 procent

Strategi

- Verka för att jaktprovsekipagen är väl förberedda för start på jaktprov genom att stimulera till träningstillfällen.
- Visa upp goda förebilder i rasen såsom framgångsrika ekipage och duktiga hundar inom det jaktliga området.

Exteriör

Nulägesbeskrivning

Exteriörbedömning/Exteriöra överdrifter

Generellt är Bracco Italiano en sunt byggd och stark hund och uppfyller rasstandarderna.

Dock finns det brister att förbättra:

Rasen tenderar att ha mer och mer övervinklade knäleder och kors som inte har rätt vinkling.

Hud - Bracco Italiano ska ha ett tjockt skinn. Skinnen ska skydda vid svårframkomlig terräng.

Överdrivet mycket skinn kan dock innebära hudproblem.

Ögon - Ögonen ska vara svagt snedställda, varken för djupt liggande eller för framträdande. De ska vara tämligen stora med ovalt formade ögonlockskanter som sluter an väl (utan entropion eller ektropion). Vissa ögonproblem förekommer som t ex lösa och in- eller utrullade ögonkanter (entropion resp. ektropion).

Detta har lett till att rasen sedan 2015 är under observation genom Särskilda Rasspecifika Domaranvisningar SRD. Detta noteras vid utställningar i Sverige och följs årligen upp av rasklubben. Rapporteringen från utställningarna är dock fortfarande för knapphändig för att rasklubben ska kunna se någon trend. Dessutom vet vi att det finns ett mörkertal, då hundar med tidiga problem inte kommer för bedömning.

Avel bygger på att de hundar som föds upp följer gällande rasstandard. Den stora andelen hundar som får excellent och eventuellt även CK visar dock att rasen har många hundar med utmärkta exteriöra förtjänster.

MÅL:

Fortsätta med rasmönstring med exteriörbeskrivning med individer äldre än 2 år.

Strategi:

- Göra årlig uppföljning av antalet deltagande hundar på utställning.
- Göra en årlig utvärdering av utställningskritiker.
- Göra årliga uppföljningar av utställningsresultaten samt informera om detta.

MÅL:

- Att klubben regelbundet arrangerar en officiell utställning (vart 3:e år)

Strategi:

- Uppmana uppfödare att arrangerar valpträffar i samband med klubbens utställning för att öka deltagarantalet.

MÅL:

- Öka kunskapen om rasen hos officiella exteriördomare som inte är rasspecialister.

Strategi:

- Att medverka till att genomföra utbildningsdagar för denna målgrupp.
- Medverka till att öka kunskapen om sambandet mellan exteriör och funktion samt om rasens olika typer.

Summering

”Vi ska ha en ras som lever länge utan hälsostörningar. Den genetiska variationen ska vara så stor som det nu är möjligt och andelen anlagsbärare av ärftliga sjukdomar ska hållas låg”

Allt avelsarbete inom SRBS har givetvis SKK:s grundregler som bas. Utöver dessa har klubben egna avelsrekommendationer som följer FCI-standarderna no 202.

Strategin är de konkreta åtgärder som ska genomföras under den kommande femårsperioden. På detta sätt kan man genom att uppnå kortsiktiga mål närma sig de långsiktiga. En stor del av arbetet blir således att stödja uppfödarna i sitt arbete, men även att arbeta för att medvetandegöra de enskilda hundägarna.



För avelsansvarig är det viktigt att denne får hjälp från både SRBS styrelse och Specialklubben för kontinentala fågelhundar (SKF) men även externt från de som är kunniga inom det område som för tillfället behövs inom respektive område.

Vid årsmötet ska genomförda åtgärder redovisas årligen i verksamhetsberättelsen och avstämningar mot målen ska vara en punkt på varje styrelsemöte i samband med genomgång av avelsansvarig.

SRBS arbetar inom en femårsperiod i taget för att uppnå angivna mål inom strategin, där inte annat angivits.

Plan för fortsatt arbete i klubben

SRBS ska:

- Kontinuerligt arbeta med och stödja utbildning som ger kunskaper om rasen.
- Årligen uppdatera klubbens informationsbrev till uppfödare, hanhundsägare och jaktprovsdomare, där det framgår hur dessa kan hjälpa till under de kommande fem åren med att uppnå de kortsiktiga målen i RAS. Dessa informationsbrev ska finnas tillgängliga på hemsidan och i årsmöteshandlingar, och en länk till dessa ska med jämna mellanrum publiceras i lämpliga nyhetsflöden.
- Fortsätta medvetandegöra hanhundsägare om deras ansvar i aveln.
- Sprida kunskap om alla de områden som omfattas av RAS: Jakt/funktion, mentalitet, hälsa, avelsstrukturer och exteriör.
- Hitta former för att stödja uppfödare i arbetet med att utvärdera avelsresultat.
- Bracco Italiano är en numerärt liten ras med runt 20-30 registreringar per år. Detta innebär att alla Bracco Italianouppfödare måste ha vissa gemensamma avelsmål. Klubbstyrelsen ska arbeta för att få SKK att utarbeta och hitta en metod för att kartlägga inavelsgraden inom populationen för att hitta möjliga alternativ som kan leda till att bevara bredd och om möjligt bredda avelsbasen.
- Stödja uppfödarna och de enskilda hundägarna i arbetet med att bedriva verksamhet för att uppnå målen i RAS.

Grunden för denna rasspecifika avelsstrategi diskuterades vid SRBS's årsmöte 2004. Revideringen av dokumentet har skett i SRBS/AK regi. Är därefter 2014-03-03 översänd till SKK/AK för fastställande.

Denna reviderade och uppdaterad upplaga har arbetats fram med hjälp av en arbetsgrupp för RAS bestående av Ann-Christin Skrucha, Ann-Sofie Lindén, Cissi Robyn Adner, lia Fehrm Schlichter, Sofie Olsson och Viktor Steffner. Vid årsmötet 2019 03 09 fanns underlaget för grundarbetet att ta del av.

Avelsstrategin har sedan lagts ut för kommentarer och synpunkter via klubbens nyhetsbrev och hemsida.

Sammanfattning och råd till dig som tänker avla på Bracco Italiano

- *Använd den av dina hundar i avel som är minst representerad i den **europiska** aveln och då företrädesvis sett ur världspopulationen. (Har du flera att välja på, se vad andra avlar på och försök sticka av från mängden, det gagnar alla – för om det dyker upp sjukdomar vi ännu inte sett så är chansen större att det finns hundar som inte är släkt med de sjuka individerna som vi kan använda för att ta oss från sjukdomarna).*



- Använd den hane som är minst representerad i världspopulationen och som är så obesläktad som möjligt med din hund. **Det räcker inte med att invelsgraden i just din kombination är låg, om samma hane används till flera kullar**
- Prata med andra och/eller kontakta rasklubben för råd när du funderar på para din tik.
- Berätta om defekter och sjukdomar som uppkommer – inte för att utesluta individer ur aveln, utan för att inte dubbla på dessa. Två individer med gener för två olika sjukdomar kan resultera i helt friska individer. Men en kombination man trott skulle vara fri från sjukdomar kan vara en dubbling av sjukdomarna, bara för att man inte fått del av information kring sjukdomarna.

Källhänvisningar

- *Genetic Variability in Bracco Italiano Dog Breed Assessed by Pedigree Data.pdf*, (bilaga 1)
- *Genetic variability of the Bracco Italiano dog breed based on microsatellite polymorphism.pdf*, (bilaga 2)
- *Genetic_variability_of_the_Bracco_Italiano_dog_bre.pdf*, (bilaga 3)
- *Rasstandard Bracco Italiano, FCI 202*, hämtad från <https://www.skk.se/globalassets/dokument/rasstandarder/standard-bracco-italiano>
- Svenska Kennelklubben, *Avelsdata*, hämtad från <http://hundar.skk.se/hunddata>
- Finska Kennelklubben, hämtat från Koiranet: <http://jalustoskennelliitto.fi>
- The Kennel club: https://www.thekennelclub.org.uk/media/749160/bracco_italiano.pdf
- Societa Amatori Bracco Italiano, SABI, hämtat från <http://ilbraccoitaliano.org/wp>
- Italienska kennelklubben/E.N.C.I, hämtat från <http://www.enci.it>
- Guandalini A. *Inherited eye diseases in the Italian Breeds. ECVO Satellite Meeting, Trieste (Italy), 27/05/2012*
- ACVO genetics committee
- *Rasens Historia*, (bilaga 4)



Bilaga 1



Italian Journal of Animal Science



ISSN: (Print) 1828-051X (Online) Journal homepage: <https://www.tandfonline.com/doi/tjas20>

Genetic Variability in *Bracco Italiano* Dog Breed Assessed by Pedigree Data

Francesca Cecchi, Gisella Paci, Andrea Spaterna & Roberta Ciampolini

To cite this article: Francesca Cecchi, Gisella Paci, Andrea Spaterna & Roberta Ciampolini (2013) Genetic Variability in *Bracco Italiano* Dog Breed Assessed by Pedigree Data, Italian Journal of Animal Science, 12:3, e54, DOI: [10.4081/ijas.2013.e54](https://doi.org/10.4081/ijas.2013.e54)

To link to this article: <https://doi.org/10.4081/ijas.2013.e54>



©Copyright F. Cecchi et al.



Published online: 18 Feb 2016.



Submit your article to this journal [↗](#)



Article views: 324



Citing articles: 3 View citing articles [↗](#)



SHORT COMMUNICATION

Genetic variability in *Bracco Italiano* dog breed assessed by pedigree data

Francesca Cecchi,^{1,2} Gisella Paci,¹
Andrea Spaterna,^{2,3}
Roberta Ciampolini^{1,2}

¹Dipartimento di Scienze Veterinarie,
Università di Pisa, Italy

²Centro Interuniversitario di Ricerca e di
Consulenza sulla genetica del cane,
Università di Pisa-Università di Camerino,
Italy

³Scuola di Scienze Mediche Veterinarie,
Università di Camerino, Matelica, Italy

Abstract

The *Bracco Italiano* is one of the oldest pointing dog breed, used for hunting ever since the Renaissance time. The complete electronic record of the breed was downloaded from the ENCI database [whole population (WP) = 24,613 animals registered since 1970 to 2011] with the aim to estimate genetic variability in *Bracco Italiano* dog breed using pedigree records. Up to 97% of the individuals had registered parents and 86% registered grandfathers. Average generation interval was 4.68 ± 0.545 for stallions and 4.08 ± 0.321 year for dams. Reference population (RP) was defined as the population of interest that include living reproductive animals approaching the last three generations and include 9006 dogs of which 34% were inbreds. The number of ancestors was 564 in WP and 188 in RP, while the effective number of ancestors was 46 and 34 respectively. To explain 50% of the genetic variability, a total of 18 and 9 ancestors enough, respectively in the WP and RP. The average inbreeding coefficient in the RP resulted 6.7% while the average increase in inbreeding was estimated to be 1.29% ($N_e=38.86$). Nevertheless a regular monitoring of genetic variability of the population is important and must be adopted, in order to avoid the danger of an excessive increase of inbreeding in the future, which would result in significant inbreeding depression and in significant loss of genetic variation.

Introduction

Many dog breeds are characterized by reduced genetic diversity related to small numbers of founders, and to the popular sires, whose allelic pool is over represented in subsequent generations. Moreover the mating between close relatives is frequently used leading to high rates of inbreeding with a consequent increase of some genetic diseases (Ubbink *et al.*, 1992), mortality of puppies (Van der Beek *et al.*, 1999) and inbreeding depression (Leroy, 2011; Shinkarenko *et al.*, 2010), which is described as the decline in performances of inbred animals, particularly in the areas of reproduction and of health (Urfer, 2009; Oliehoek *et al.*, 2009). For these reasons genetic typing is an important preliminary step in any safeguard biodiversity program. The genetic variability of a population can be estimated from genealogical data (Cecchi *et al.*, 2009; Grazewska, 2007; Leroy *et al.*, 2006; Leroy *et al.*, 2009; Maki *et al.*, 2001) or using the short tandem repeat (STR) molecular markers (Kim *et al.*, 2001; Koskinen *et al.*, 2000; Leroy *et al.*, 2009). At the present several researches used SNPs (Quignon *et al.*, 2007; vonHoldt *et al.*, 2010; Wayne and vonHoldt, 2012) because of the ease in genotyping a bi-allelic marker and the ability to multiplex thousands of markers in one reaction (Parker, 2012). The *Bracco Italiano* is one of the oldest pointing dog breed, used for hunting ever since the Renaissance time. The late 19th-early 20th century saw a decline in numbers but due to the enthusiasm of breeders the *Bracco* was saved from extinction. The definitive breed standard was approved by ENCI in February 1949 and nine months later, in November, the *Società Amatori Bracco Italiano* (Association of Italian Bracco Amateurs, SABI) was founded. At the present the studies on the genetic characterization by microsatellites of the *Bracco Italiano* breed, using ISAG panel as suggested by the international ISAG canine comparison test (Ciampolini *et al.*, 2012), showed a low genetic variability of the breed (Ciampolini *et al.*, 2011).

The aim of this study was to analyse the genetic variability of the *Bracco Italiano* dog breed in terms of inbreeding and computing a number of genealogical parameters that could integrate the information obtained from the analysis of molecular data and to identify strategies to conserve or restore the genetic variability of the breed.

Corresponding author: Dr. Francesca Cecchi,
Dipartimento di Scienze Veterinarie, Università
di Pisa, viale delle Piagge 2, 56124 Pisa, Italy.
Tel. +39.050.2216879 – Fax: +39.050.2216941.
E-mail: f.cecchi@vet.unipi.it

Key words: Dogs, *Bracco Italiano*, Pedigree analysis, Inbreeding.

Acknowledgments: the authors are highly thankful to the President and the Board of Directors of the Association of Italian Bracco Amateurs (SABI) for having actively promoted the present project among the Association's members.

Received for publication: 16 April 2013.
Revision received: 17 May 2013.
Accepted for publication: 18 May 2013.

This work is licensed under a Creative Commons Attribution NonCommercial 3.0 License (CC BY-NC 3.0).

©Copyright F. Cecchi *et al.*, 2013
Licensee PAGEPress, Italy
Italian Journal of Animal Science 2013; 12:e54
doi:10.4081/ijas.2013.e54

Materials and methods

The complete electronic record of the breed was downloaded from the ENCI database. Animals were born between 1970 and 2011 and all dogs constitutes the whole population (WP) containing all founders, ancestors, and their offsprings. The population is divided in: the base of population (BP) defined as individuals with one or both unknown parents, the reference population (RP) defined as the population of interest that include living reproductive animals approaching the last three generations. The effective population size of the RP was performed using the methodology described by Gutierrez *et al.*, (2009) and using the regression-based estimates.

The following demographic and genetic parameters have been calculated, using the program ENDOG v4.8 (Gutiérrez and Goyache, 2005): i) the effective number of founders (f_e) the absolute number of founders (f) and the effective number of ancestors (f_a); ii) the Inbreeding coefficients (F); the number of inbred animals and average inbreeding coefficient for each traced generation; iii) the pedigree completeness: the number of full traced generations, the maximum number of generations traced and the equivalent complete gen-



Pedigree analysis in Bracco Italiano dog

erations; iv) the generation intervals.

Popular sires (defined here as >100 recorded offspring) and popular dams (>40 offspring) were identified. The number of inbreds and the average inbreeding coefficient per year were performed using CFC software (Sargolzaei *et al.*, 2006). The distribution of inbreeding level in the whole population were analysed and eight different class level of inbreeding were considered: $0 < F \leq 0.05$; $0.05 < F \leq 0.10$; $0.10 < F \leq 0.15$; $0.15 < F \leq 0.20$; $0.20 < F \leq 0.25$; $0.25 < F \leq 0.30$; $0.30 < F \leq 0.35$; $0.35 < F \leq 0.40$ (Sargolzaei *et al.*, 2006).

Results and discussion

Demographic parameters

Into the ENCI database, 24,613 dogs has been recorded in the years 1970-2011 (12,191 males and 11,890 females). In the period 1970-1975 only 211 dogs were registered. Starting from 1976 the average value was of 663.5 ± 112.61 dogs per year (the lowest value has been recorded in 1983 with 411 dogs and the highest in 2003 with 897 dogs). In Figure 1, the details of the pedigree quality in *Bracco Italiano* dog breed are shown. The percentage of completeness was computed as about 97% for the parental generation, from 86.5% to 88.4% for grandparent generation and from 75% to 79% for the third-generation of the great-grandparents. The pedigree completeness level was similar both in dam and sire pathway.

Pedigree completeness was also assessed by

Table 1. Numbers of offspring per sire and per dam, numbers of popular sires and popular dams and percentage of sires and dams that are popular.

Number of sires	1783	Number of dams	2916
Sire offspring		Dam offspring	
Maximum	191	Maximum	73
Medium	13.5	Medium	8.2
Number of popular sires	18	Number of popular dams	15
% of total sires	1.01	% of total dams	0.51

Table 2. Main genealogical parameters computed for the *Bracco Italiano* dog pedigree.

Whole population	24,613
Males	12,191
Females	11,890
Inbred in the whole population	16,832
Reference population	9006
Males	4589
Females	4417
Inbred in the reference population	3055
Base population (one or two unknown parents = f)	616

Table 3. Top 9 ancestors contributing to genetic variability of the reference population.

Ancestors	Sex	Year of birth	Genetic variance, %	Progeny
CI027616	M	1979	11.05	78
CI043072	M	1979	8.18	91
CI054207	M	1986	7.53	191
CI013840	M	1970	5.51	108
CI018248	M	1975	4.85	95
CI052431	F	1985	4.77	34
CI053314	M	1985	3.81	33
CI016197	F	1970	3.50	9
CI013252	M	1970	3.38	53

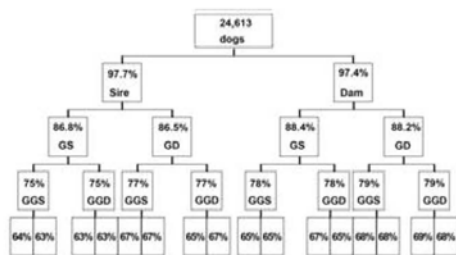


Figure 1. Pedigree completeness level in the whole pedigree data files (GS and GD, grandparents; GGS and GGD, great grandparents).

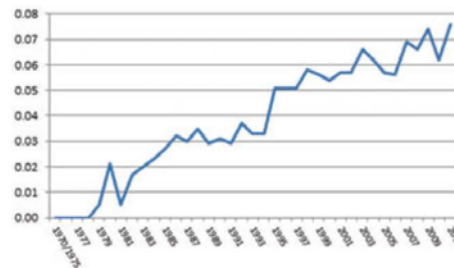


Figure 2. Inbreeding trend for birth year.



Cecchi *et al.*

calculating the mean maximum generations, the mean complete and the number of equivalent generations traced. The mean maximum generations and the mean complete generations were 7.27 and 3.56 respectively while the number of equivalent generations traced (sum, on all the generations of the ancestors, of the ancestors' proportion known to every generation) was 4.70. The generation interval is an important parameter to derive various demographic indexes of the populations. It has been calculated separately for the stallions and the dams and limited to the animals whose progeny is reproduced in turn. The average generation interval for animals born in the period 1980-2011 was 4.68 ± 0.545 for stallions and 4.08 ± 0.321 for dams; no significant differences were found between the two pathways within each parent. These values were similar to that reported on Beauceron dog breed (Leroy *et al.*, 2006), but higher than has been observed for Bolognese (Sabbioni *et al.*, 2008), for Basset fauve de Bretagne, for Bouledogue Français and for Dogue de Bordeaux (Leroy *et al.*, 2006). Our results were lower than has been observed for Lagotto (Sabbioni *et al.*, 2007), for Barbet and for Berger des Pyrénées, and for Braque Saint-Germain, and for Epagneul Breton and for Montagne des Pyrénées (Leroy *et al.*, 2006).

Genealogical data

Sires and dams (Table 1) in total were 1783 and 2916 respectively, with a ratio dams-sires of 1.63. Most dams and sires have just one reg-

istered litter (178 dams and 99 sires). Popular sires were 18 (1.01% of the sires) while popular dams were 15 (0.51% of the dams).

Table 2 summarizes the main genealogical parameters computed by ENDOG. Number of animals in the reference population was 9006 (4589 males and 4417 females), 33.92% of which were inbreds. Number of animals in the base population (one or both unknown parents: absolute founders = f_0) was 616 (2.5%); this low percentage points out the good knowledge of the genetic structure of the breed. The number of ancestors was 564 in WP and 188 in RP, while the effective number of ancestor (f_e) was 46 in WP and 24 in RP. To explain 50% of the genetic variability, a total of 18 and 9 ancestors enough, respectively in the WP and RP. These results point out that only a small number of males are used in reproduction. The contribution of the main ancestors to the RP is reported in Table 3. Only 9 dogs explained more than half of the genetic variability within the breed. In terms of number of progeny, the most represented ancestors are the first five sires with 563 offsprings and more than 37% of genetic variance.

Considering the WP the number of effective founders (f_e) was 61.3; the effective number of founders depends on both the total number of founders and the disequilibrium between their expected contributions to the gene pool. The comparison between the effective number of founders (f_e) and the effective number of ancestors (f_a) allows to reveal the decrease in genetic variation in populations that have passed through a bottleneck (Boichard *et al.*,

1997): the medium-high value of the ratio f_e/f_a (0.75) would point out the absence of a bottleneck in the history of the Bracco Italiano.

Inbreeding coefficient

Average value of inbreeding (F) and relatedness (AR) in the whole population were 4.10% and 3.51% respectively, while the average value of F and AR in the reference population (RP) were 6.29% and 4.11%. 6.29% is a medium value in comparison to what reported on others breeds. In fact, concerning Italian dog breeds the average coefficient of inbreeding ranged from 2.27% in *Lagotto Romagnolo* (Sabbioni *et al.*, 2008) to 10.81% in Bolognese dog breed (Sabbioni *et al.*, 2007).

A lot of studies have reported inbreeding results on foreign dog breeds. In particular the average coefficient of inbreeding observed in an Italian population of Pit Bull Terrier dogs

Table 4. Distribution of inbreeding coefficients in the whole population.

Range	No.
0.00 < F < 0.05	9849
0.05 < F < 0.10	3931
0.10 < F < 0.15	1821
0.15 < F < 0.20	608
0.20 < F < 0.25	291
0.25 < F < 0.30	260
0.30 < F < 0.35	60
0.35 < F < 0.40	12

Table 5. Population statistic on average inbreeding.

Traced generation	Animals, n	Average F, %	Inbred, %	Average F for inbred, %	Mean AR, %
0	532	0.00	0	0	0
1	1860	0.00	0	0	0.55
2	1737	0.70	4.19	16.55	1.19
3	1502	2.34	19.38	12.05	1.82
4	1562	3.00	43.04	6.96	2.46
5	1814	3.88	61.04	6.35	3.01
6	1738	3.61	73.51	4.91	3.53
7	1789	4.13	85.72	4.82	3.92
8	1738	4.66	94.08	4.95	4.15
9	1762	5.30	97.27	5.45	4.46
10	2017	5.76	99.90	5.77	4.75
11	1917	6.52	100.00	6.52	4.98
12	1784	6.04	99.33	6.08	5.04
13	1828	6.27	98.74	6.35	5.16
14	756	6.21	100.00	6.21	5.33
15	237	8.46	100.00	8.46	5.34
16	40	12.39	100.00	12.39	5.58

AR, average relatedness.



Pedigree analysis in Bracco Italiano dog

was smaller than *Bracco Italiano* (3.73%; Ciampolini *et al.*, 2013). The inbreeding coefficients ranged from 1.8% in the Golden Retriever breed to 7.0% in the Kooiker dog breed (Nielen *et al.*, 2001). In a study on breeds raised in Finland (Mäki *et al.*, 2001), the average coefficient of inbreeding of dogs born in 1998 ranged from 2.3% in the German shepherd breed to 5.1% in the Finnish hound breed while in a study on breeds raised in France (Leroy *et al.*, 2006) the average coefficient of inbreeding ranged from 3.3% in Bouledogue Français to 12.4% in Barbet breed dog. Cole *et al.* (2004) reports that populations of German Shepherd and Labrador Retriever guide dogs exhibited an average inbreeding level of 26.2% and 22% respectively, while Cecchi *et al.* (2009) in an Italian colony of dog guide reports values of 0.45% in German Shepherd dogs, 0.38% in Labrador dogs and 0.49% for Golden Retriever dogs. Considering therefore the complete database, 16,832 dogs resulted inbred (8547 males and 8285 females); 9849 dogs of this (58.51% of the inbred), showed an inbreeding value lower 5% while 623 dogs (3.70% of the inbred) showed an inbreeding value higher than 20% (Table 3). Figure 2 shows the trend of inbreeding computed by the year of birth of individual. Due to scarcity of data, average inbreeding is equal to zero for nine years; starting from the beginning of the 1980s, with more genealogical data, inbreeding increases consistently and reaches a maximum peak in 2011 ($F=0.076$). Starting from the 2003 the F average value was higher 6.25%, *i.e.* the value resulting from the mating of two animals sharing two grandparents (cousin mating) and all dogs resulted inbred. AR values are always smaller than the corresponding F values and are always below the 5.6% (data not shown).

The average increase in inbreeding was estimated to be 0.51% per generation for the WP ($N_e=98.64$) and 1.29% ($N_e=38.86$) for the RP. The trend of the inbreeding was increasing with rather high value in comparison to that reported in others Italian breeds (Sabbioni *et al.*, 2007, Lubas *et al.*, 2008) and foreign breeds (Leroy *et al.*, 2006), but lower than reported on Bolognese dog breed (Sabbioni *et al.*, 2008). The effective population size reveals losses in fitness as well as in genetic variability and it is considered as one of the most fundamental parameters that strongly influence the nature and the rate of genetic information transmission across generations, population variability and conservation strategies.

The maximum number of traced generations was 16 (Table 4). The percentage of inbred increased with the increasing of the

number of traced generations and beginning from the subjects with 10 traced generations, more than 98% of the animals resulted inbred. Average F tended to be always higher than the corresponding AR values. Beginning to the subjects with 5 traced generations the average coefficient of inbreeding was higher than 3.125%. The highest coefficient of inbreeding was observed in the 40 dogs with 16 traced generations ($F=0.1239$). This value is too high indicating the importance of reducing the inbreeding coefficient through the exchange of breeding animals and avoiding mating between too much related animals.

Conclusions

Inherited diseases have been identified in purebred dogs more and more during recent years, and the management of genetic variability assumed a major importance in dog breeding. The quality of pedigree information of Bracco Italiano dog breed is enough good and although the breed has not an high consistency, the annual registrations to the ENCI database is stable. On the other hand the high percentage of inbred animals for each traced generations and for birth year, and the F and AR values show that the management practices are the main factors explaining the observed results. Often, to produce dogs that met the standard, breeders employed inevitably inbreeding practices with adverse effects for population health, mating together closely related individuals, which damages are accentuated by selectively breeding from small numbers of champion sires. In fact data prove that the abusive representation of some individuals in the whole pedigree can be highly detrimental to maintaining the genetic diversity of the breed. This is supported by the low value of the effective number of ancestors in the RP and that only 9 ancestors explained 50% of total genetic variability of the breed. The rate of increase in the RP is also in the top range of the acceptable level of 0.5-1% recommended by the FAO (1998) guidelines for the livestock populations.

For a long time, pedigrees have been the only data source available for the monitoring of genetic diversity within a given population of dogs. Genealogical analysis provided a comprehensive view of the evolution of genetic variability from the base of the population, particularly if the data are complete and reliable. In fact the limitations of the pedigree analyses are due to the extent of pedigree knowledge, *i.e.* the proportion of registered individuals in

the history of the breed and to the possible existence of pedigree errors, resulting from registration errors or undetected matings. On the other hand molecular data were obtained on a limited number of markers and animals and thus there may be a sampling effect. Today, the molecular approach is becoming even more useful to manage the diversity, because genotyping of markers is becoming less expensive and better correlations were obtained between genealogical and molecular data, which may help in development of viable conservation programs founded on mating practices to avoid inbreeding in dog populations. Some authors (Leroy *et al.*, 2009) highlighted differences between the results obtained with molecular and genealogical estimators explained by the different characteristics of the two approach. On the contrary our results are consistent with estimate obtained from molecular data indicating the robustness of pedigree analyses and the compatibility between these two sources of information. Both methods suggest that strategies for genetic management could be improved in order to avoid the danger of a further increase of inbreeding, which might result in significant inbreeding depression and in significant loss of genetic variation. In particular the most promising approach is to optimise the contribution of the parents to minimize the average kinship. This method may place constraints on breeders limiting the choice of breeding animals to be mated. Outbreeding is a potentially useful tool, especially to introduce diversity or remove inherited disease from a given line. Certainly, the choice of the animals should be made by the Association of the breed (SABI), which must consider the selection goals and the standard of the breed. Moreover, even if this suggestion is difficult to apply, a selection within family should be performed, choosing the best animal within each family and not absolute best animals.

In this way every family will be represented in the next generation avoiding the risk that future breeding animals will be much related and ensuring the maintenance of the genetic diversity.

References

- Boichard, D., Maignel, L., Verrier, E., 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genet. Sel. Evol.* 29:5-23.
- Cecchi, F., Bramante, A., Mazzanti, E., Ciampolini, R., 2009. A colony of dog



Cecchi et al.

- guides: analysis of the genetic variability assessed by pedigree data. *Ital. J. Anim. Sci.* 8(Suppl.2):48-50.
- Ciampolini, R., Cecchi, F., Bramante, A., Casetti, F., Presciuttini, S., 2011. Genetic variability of the Bracco Italiano dog breed based on microsatellite polymorphism. *Ital. J. Anim. Sci.* 10:e59.
- Ciampolini, R., Cecchi, F., Bramante, A., Tancredi, M., Presciuttini, S., 2012. Towards standardization of canine STRs: a proposed nomenclature for eight markers from the ISAG comparison-test panel. *Animal Genetics* 43:463-467.
- Ciampolini, R., Cecchi, F., Paci, G., Policardo, C., Spaterna, A., 2013. Investigation on the genetic variability of the American Pit Bull Terrier dogs belonging to an Italian breeder using microsatellite markers and genealogical data. *Cytol. Genet.* 47:217-221.
- Cole, J.B., Franke, D.E., Leighton, E.A., 2004. Population structure of a colony of dog guides. *J. Anim. Sci.* 82:2906-2912.
- FAO, 1998. Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans: management of small populations at risk. FAO Publ., Roma, Italy.
- Grazewska, I., 2007. Genetic diversity in Polish hounds estimated by pedigree analysis. *Livest. Sci.* 113:296-301.
- Gutiérrez, J.P., Cervantes, I., Goyache, F., 2009. Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. *J. Anim. Breed. Genet.* 126:327-332.
- Gutiérrez, J.P., Goyache, F., 2005. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *J. Anim. Breed. Genet.* 122:172-176.
- Kim, K.S., Tanabe, Y., Park, C.K., Ha, J.H., 2001. Genetic variability in East Asian dogs using microsatellite loci analysis. *J. Hered.* 92:398-403.
- Koskinen, M.T., Bredbacka, P., 2000. Assessment of the population structure of five Finnish dog breed with microsatellites. *Anim. Genet.* 31:310-317.
- Leroy, G., 2011. Genetic diversity, inbreeding and breeding practices in dogs: Results from pedigree analyses. *Vet. J.* 189:177-182.
- Leroy, G., Rognon, X., Varlet, A., Joffrin, C., Verrier, E., 2006. Genetic variability in French dog breed assessed by pedigree data. *J. Anim. Breed. Genet.* 123:1-9.
- Leroy, G., Terrier, E., Mriaux, J.C., Rognon, X., 2009. Genetic diversity of dog breeds: within-breed diversity comparing genealogical and molecular data. *Anim. Genet.* 40:323-332.
- Lubas, G., Cecchi, F., Carlini, G., Ciampolini, R., Presciuttini, S., 2008. Analisi della struttura genetica dei principali allevamenti italiani di cani di razza Basset Hound. pp 461-462 in Proc. 62nd Nat. Congr. SISVet, San Benedetto del Tronto, Italy.
- Mäki, K., Groen Länamo, A.F., Ojala, M., 2001. Population structure, inbreeding trend and their association with hip and elbow dysplasia in dogs. *Anim. Sci.* 73:217-228.
- Nielen, A.L., van der Beek, S., Ubbink, G.J., Knol, B.W., 2001. Population parameters to compare dog breeds: differences between five Dutch purebred populations. *Vet. Quart.* 23:43-49.
- Oliehoek, P.A., Bijma, P., van der Meijden, A., 2009. History and structure of the closed pedigreed population of Icelandic Sheepdogs. *Genet. Sel. Evol.* 41:39-50.
- Parker, H.G., 2012. Genomic analyses of modern dog breeds. *Mamm. Genome* 23:19-27.
- Quignon, P., Herbin, L., Cadieu, E., Kirkness, E.F., Hédan, B., Mosher, D.S., Galibert, F., André, C., Ostrander, E.A., Hitte, C., 2007. Canine population structure: assessment and impact of intra-breed stratification on SNP-based association studies. *PLoS One* 2:e1324.
- Sabbioni, A., Beretti, V., Vaccari Simonini, F., 2007. Parametri demografici, variabilità genetica e struttura della popolazione nella razza canina "Lagotto Romagnolo". pp 409-410 in Proc. 61st Nat. Congr. SISVet, Salsomaggiore Terme, Italy.
- Sabbioni, A., Beretti, V., Vaccari Simonini, F., 2008. Parametri demografici, variabilità genetica e struttura della popolazione nella razza canina Bolognese. pp 467-468 in Proc. 62nd Nat. Congr. SISVet, San Benedetto del Tronto, Italy.
- Sargolzaei, M., Iwaisaki, H., Colleau, J.J., 2006. Contribution, Inbreeding (F) and Coancestry; Release 1.0. A software package for pedigree analysis and monitoring genetic diversity. Paper no. 27-28 in Proc. 8th World Congr. on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, Brazil.
- Shinkarenko, L.N., Guljakova, O.G., Malienko, V.A., Melnychuk, S.D., Spyrndonov, V.G., 2010. Analysis of genetic variability in American Pit Bull Terrier Breed of dogs with a high inbreeding level using microsatellite markers. *Cytol. Genet.* 44: 206-211.
- Ubbink, G.J., Knol B.W., Bouw J., 1992. The kinship between homozygosity and the occurrence of specific diseases in Bouvier Belge Des Flandres dogs in Netherlands. *Vet. Quart.* 14:137-140.
- Urfer, S.R., 2009. Inbreeding and fertility in Irish Wolfhounds in Sweden: 1976 to 2007. *Acta Vet. Scand.* 51:21-32.
- Van der Beek, S., Nielen, A.L., Schukken, Y.H., Brascamp E.W., 1999. Evaluation of genetic, common-litter, and within-litter effects on preweaning mortality in a birth cohort of puppies. *Am. J. Vet. Res.* 60:1106-1110.
- vonHoldt, B.M., Pollinger, J.P., Lohmueller, K.E., Han, E., Parker, H.G., Quignon, P., Degenhardt, J.D., Boyko, A.R., Earl, D.A., Auton, A., Reynolds, A., Bryc, K., Brisbin, A., Knowles, J.C., Mosher, D.S., Spady, T.C., Elkhahloun, A., Geffen, E., Pilot, M., Jedrzejewski, W., 2010. Genome-wide SNP and haplotype analyses reveal a rich history underlying dog domestication. *Nature* 464:898-902.
- Wayne, R.K., vonHoldt, B.M., 2012. Evolutionary genomics of dog domestication. *Mamm. Genome* 23:3-18.

Bilaga 2



Italian Journal of Animal Science 2011; volume 10:e59

SHORT COMMUNICATION

Genetic variability of the Bracco Italiano dog breed based on microsatellite polymorphism

Roberta Ciampolini,¹ Francesca Cecchi,¹ Assunta Bramante,¹ Fabio Casetti,² Silvano Presciuttini³

¹Dipartimento di Patologia Animale, Profilassi ed Igiene degli Alimenti, Università di Pisa, Italy

²Società Amatori Bracco Italiano, Mirabello di Senna Lodigiana (LO), Italy

³Dipartimento di Scienze Fisiologiche, Università di Pisa, Italy

Abstract

The Bracco Italiano is one of the oldest breeds of Italian pointing dogs, used for hunting ever since Renaissance times. After the Second World War it was included among the breeds officially recorded by the ENCI (the Italian Cynological Club), and since 1970 more than 23,000 animals have been registered; there are currently approximately 750 births per year. In this paper, we present the breed characterization of the population at the molecular level using 21 STR markers from the panels recommended for the 2006, 2008 and 2010 ISAG canine comparison test. Number of alleles, allele frequencies, deviations from Hardy-Weinberg proportions, linkage disequilibrium among loci, genetic similarity, genetic distances and molecular co-ancestry-based parameters were calculated. The number of alleles ranged from 3 to 9 (mean 6.43) whereas the expected heterozygosity ranged from 0.44 to 0.81 (mean 0.64). There was a high genetic similarity within the whole population (0.455) showing the great homogeneity of the sampled animals, as confirmed also by the small kinship distance (0.336), by the high values of the self molecular coancestry (0.703) and of the inbreeding coefficient (0.406). These results suggest the need for a careful genetic management of the population in order to avoid the risk of an excessive increase in the inbreeding level which would result in significant inbreeding depression and in significant loss of genetic variation.

Introduction

The Bracco Italiano is one of the oldest pointing dog breeds, used for hunting since Renaissance times. Fourteenth century paintings show hunting scenes with dogs similar to the present-day Bracco. It was originally used as a *net dog* breed to locate quails (partridges and francolins) which were then captured in nets. Historical records report that some of these dogs were sent from Tuscany to the court of the kings of France in the 15th century (De Giuliani, 2006). At the end of the 19th century, the breed suffered a period of decline due to an incorrect selection criteria which resulted in the animals being too heavy, lymphatic, and slow. However, the breed was revitalized after the Second World War when a club of supporters brought the breed back to its original characteristics through a prudent selection strategy. The breed was officially registered by the ENCI (the Italian Cynological Club) in 1949, when the definitive standard was established. The Italian Bracco belongs to Group 7 (Pointing Dogs) of the ENCI and the first animals were recorded in 1970. Since that time, more than 23,000 animals have been recorded and more than 750 puppies are registered every year. Since 1970, there have been more than 4,700 farmers, more than 1500 stallions and more than 1,900 bitches.

Today, the Bracco Italiano is increasingly important all over the world for hunting.

The traditional approach of evaluating the genetic variation present in a population is to estimate the mean coefficient of inbreeding from genealogical data. This method has been extensively used in dog breeds (Grazewska, 2007; Leroy *et al.*, 2006; Leroy *et al.*, 2009a; Maki *et al.*, 2001). However, it is well known that it may result in erroneous estimates because of incomplete records and/or pedigree errors. More recently, the considerable advances in molecular genetics have provided a convenient way for characterizing the genetic structure of populations. The genetic structure of the domestic dog has been investigated using mitochondrial DNA (Tsuda *et al.*, 1997; Vilà *et al.*, 1997; Vilà *et al.*, 1999), or microsatellite markers (Kim *et al.*, 2001; Koskinen *et al.*, 2000; Irion *et al.*, 2003; Leroy *et al.*, 2009b; Parker *et al.*, 2004), or both (Parra *et al.*, 2008).

The aim of the present study was to investigate the extent of genetic variation characterizing the Bracco Italiano breed using microsatellites. Our objectives were to determine the values of the main parameters describing the genetic health of the breed, and

Corresponding author: Dr. Roberta Ciampolini, Dipartimento di Patologia Animale, Profilassi ed Igiene degli Alimenti, Università di Pisa, viale delle Piagge 2, 56124 Pisa, Italy.
Tel. +39.050.2216877 - Fax +39.050.2216941.
E-mail: rciampol@vet.unipi.it

Key words: Genetic variability, Bracco Italiano dog breed, Microsatellite markers.

Acknowledgments: the authors are very grateful to Dr. G. Grecchi and the Board of Directors of the Società Amatori Bracco Italiano for having actively promoted the present project among the Society's members.

Received for publication: 16 November 2010.
Revision received: 23 September 2011.
Accepted for publication: 23 September 2011.

This work is licensed under a Creative Commons Attribution NonCommercial 3.0 License (CC BY-NC 3.0).

©Copyright R. Ciampolini *et al.*, 2011
Licensee PAGEPress, Italy
Italian Journal of Animal Science 2011; 10:e59
doi:10.4081/ijas.2011.e59

to ascertain whether specific management strategies should be adopted to avoid the increasing genetic impoverishment that would result from the limited effective population size.

Materials and methods

Animals

The study was performed using 72 unrelated Bracco Italiano dogs. Data were collected at meetings organized by the Bracco Italiano breed club; first-degree and second-degree relatives were excluded; the final sample included animals from 44 different farms (breeders) scattered throughout Italy.

Genomic and statistical analysis

Genomic DNA was extracted from 5 mL of peripheral blood samples and DNA was isolated using the Genelute blood genomic DNA kit (Sigma-Aldrich, Milano, Italy).

The 21 microsatellites investigated belonged to a markers panel proposed by ISAG/FAO, for the measurements of Domestic Animal Diversity (ISAG/FAO, 2004) and located in 19 chromosomes. Primer sequences for the microsatellites are available from <http://dad.fao.org/en/refer/library/guidelin/marker.pdf>. The 21 microsatel-



Ciampolini *et al.*

lites were amplified in 5 multiplex PCR reactions. Amplification of the 5 multiplex was carried out in a total reaction volume of 10 μ L consisting of 6.25 μ L MasterMix (Qiagen Multiplex PCR kit), 0.1 μ L of each primer (10 μ M), 1 μ L of DNA sample (2 ng/ μ L) and 1.55 μ L of H₂O. The PCR reaction was carried out on a Gene Amp PCR System 2700 thermal cycler (Applied Biosystems) by an initial denaturation at 95°C for 15 min, followed by 47 cycles at 95°C for 30 s, 58°C for 90 s and 72°C for 60 s. The thermal profile ended with a final extension at 60°C for 30 min. Amplicons were separated and detected by capillary electrophoresis on an ABI Prism 310 Genetic Analyzer (Applied Biosystems) using POP4 and a 36-cm capillary array. Apparent DNA fragment size was analyzed with the internal size standard Genescan 500ROX and GeneMapper Analysis version 4.0 software (Applied Biosystems, Monza, Italy).

Allelic frequencies were estimated by direct counting. Exact tests for deviations from the Hardy-Weinberg equilibrium (HWE) and pairwise linkage disequilibrium among microsatellite *loci* were performed using the ARLEQUIN package (Excoffier *et al.*, 2005). Genetic similarities between animals were investigated by comparing the individual multilocus genotype of each individual (Ciampolini *et al.*, 1995). Genetic similarity is defined as $P=2L$, where P is the proportion of

common alleles (A) in relation to the 2L possibilities (L=number of considered *loci*). The similarities between each pair of individuals were then averaged over the whole population. Genotype assignment test of individuals coming from different farms was performed using the ARLEQUIN package in order to highlight possible genetic sub-structures in the total sample originating from farm membership. The following parameters were computed at the population level using the Molkin program (Gutiérrez *et al.*, 2005): molecular coancestry coefficients (Caballero and Toro, 2002), kinship distance, and F-statistics (Wright, 1978). The molecular co-ancestry between 2 individuals, i and j (f_{ij}), is the probability that two randomly sampled alleles from the same *locus* in 2 individuals are identical by state (Caballero and Toro, 2002). The molecular co-ancestry of an individual i with itself is self-coancestry (s_i), which is related to the coefficient of inbreeding of an individual i (F_i) by the formula $F_i = 2s_i - 1$. In turn, the kinship distance (D_k) between 2 individuals i and j is $D_k = [(s_i + s_j)/2] - f_{ij}$ (Caballero and Toro, 2002). MolKin computes within-breed molecular co-ancestry and D_k by simply averaging the corresponding values for all the within-population pairs of individuals.

Results and discussion

All 21 *loci* were polymorphic and had a total of 135 alleles ranging from 3 (INU030) to 9 (AHTH171) (Table 1). Among the *loci* studied, the population was found to be in Hardy-Weinberg equilibrium at the following *loci*: AHTK211, FH2054, INRA21, INU055 and REN169018. On the other hand, six microsatellites showed significant deviation (AHTH260, CXX279, REN105L03, REN54P11, REN162C04: $P < 0.01$; AHTH130: $P < 0.05$). Mean observed and expected heterozygosities were 0.594 and 0.639, respectively; expected heterozygosity values were lowest for AHTH260 (0.444) and highest for REN169018 (0.807). Although different markers were used, the expected heterozygosity of the Bracco Italiano is similar to that of other European dog breeds (0.56, Bedlington Terrier; 0.62 Golden Retriever; 0.64, Pembroke Welsh Corgi; 0.64 German Shepherd; and 0.72 Wirehaired Dachshund) (Koskinen and Bredbacka, 2000).

Seventeen microsatellites out of 21 showed heterozygote deficiency. On average, there was a significant deficit of heterozygotes ($F_{IS} = 0.061 \pm 0.024$). Similar values were reported by Morera *et al.* (1997) ($F_{IS} = 0.085$) and by Jordana *et al.* (1992) in a group of 10 Spanish dog breeds ($F_{IS} = 0.040$). Such moderate values of F_{IS} can easily be explained by non-random mating or population subdivision, or even by mating between relatives. Alternatively, some null alleles could be present that cause apparent heterozygote deficit (Ciampolini *et al.*, 2006). However, the F_{IS} values were rather homogeneous among *loci*, and this evidence points against such an explanation. The mean number of alleles per *locus* was 6.43 ($SD = 1.47$). Although a comparison with other breeds can be biased due to the different marker sets used by different authors, it may be noted that this value is near the upper range of the published values for other breeds: Greyhound, 2.5 alleles/*locus*; Labrador Retriever 3.3; German Shepherd, 3.3 (Zajc *et al.*, 1997); Flat-coated Retriever, 4.5; Dachshund, 5.6 (Fredholm and Wintero, 1995); Andalusian Hound, 6.25; Spanish Greyhound 6.5; Maneto, 7.0 (Morera *et al.*, 1997); Czech Dachshunds, 7.6 alleles/*locus* (Pribánová *et al.*, 2009); and 12 East Asian dog breeds, 7.75 (Kim *et al.*, 2001).

The mean polymorphism information content (PIC) was 0.589 with a range of 0.408 (INU055) and 0.773 (REN169018). This parameter was originally introduced by Botstein *et al.* (1980). It refers to the value of a marker for detecting polymorphism within a

Table 1. Number of alleles, polymorphism information content (PIC), observed and expected heterozygosity, and departure from Hardy-Weinberg equilibrium for the 21 microsatellite *loci*.

Microsatellite marker	No. of alleles	PIC	Heterozygosity		P
			Observed	Expected	
AHT121	7	0.675	0.649	0.719	0.198
AHT137	8	0.602	0.740	0.643	0.274
AHTH130	6	0.602	0.597	0.668	0.033
AHTH171	9	0.693	0.675	0.743	0.133
AHTH260	7	0.418	0.364	0.444	0.000
AHTK211	5	0.449	0.597	0.528	0.816
AHTK253	6	0.527	0.481	0.574	0.244
CXX279	6	0.627	0.597	0.665	0.908
FH2054	8	0.690	0.714	0.740	0.112
FH2848	8	0.574	0.597	0.601	0.715
INRA21	7	0.728	0.792	0.768	0.359
INU005	6	0.576	0.571	0.642	0.085
INU030	3	0.467	0.506	0.532	0.866
INU055	5	0.408	0.442	0.472	0.676
REN105L03	5	0.513	0.338	0.560	0.000
REN162C04	5	0.591	0.675	0.665	0.009
REN169018	6	0.773	0.727	0.807	0.204
REN169001	8	0.676	0.675	0.708	0.113
REN247M23	8	0.651	0.675	0.686	0.168
REN54P11	7	0.626	0.532	0.664	0.000
REN64E19	5	0.509	0.519	0.597	0.072

**Genetic variability of Bracco Italiano**

Table 2. Genetic similarities within the population, the self molecular co-ancestry (s_i), the average inbreeding (F_i), the mean molecular co-ancestry (f_{ij}), the kinship distances (D_{ij}), and the F_{IS} value.

Genetic similarities	0.455
Self-molecular co-ancestry, s_i	0.703
Average inbreeding, F_i	0.406
Mean molecular co-ancestry, f_{ij}	0.337
Kinship distance, D_{ij}	0.336
F_{IS}	0.060

population, depending on the number of detectable alleles and the distribution of their frequency, and has been proved to be a general measure of how informative a marker is (Guo and Elston, 1999). The higher the PIC value, the more informative a marker is. In the present study, microsatellites INU055, AHTH260, AHTK211 and INOU30 appeared to be only moderately informative (<0.50), whereas the other microsatellite loci studied were highly informative.

Genetic similarity within the population (0.455) represented a rather low genetic variability (Table 2). This value is higher than those reported in other species such as cattle (0.281, D'Angelo *et al.*, 2006; 0.374-0.420, Ciampolini *et al.*, 2008) and sheep (0.318-0.370, D'Angelo *et al.*, 2009), but lower than that reported on an endangered donkey breed (0.489; Ciampolini *et al.*, 2007).

With the exception of the values reported on Amiata donkey breed (Ciampolini *et al.*, 2007) the values observed in our study for the mean molecular co-ancestry ($f_{ij}=0.337$), for the average individual self-co-ancestry ($s_i=0.703$) and for the inbreeding coefficient ($F_i=0.406$) were clearly greater than that reported in literature in other species such as cattle (Ciampolini *et al.*, 2008), sheep (Dalvit *et al.*, 2008; Dalvit *et al.*, 2009; D'Angelo *et al.*, 2009; Ciani *et al.*, 2010) and horse (Marletta *et al.*, 2006) while the kinship distance ($D_{ij}=0.336$) was smaller than that reported in literature. The observed values highlight that the low level of genetic variation has arisen as a possible consequence of mating among relatives. It is well known that the high level of inbreeding due to farm management. In fact, breeders often use this mating method with the aim of enhancing desirable traits.

Conclusions

Our findings highlight the finding that the Bracco Italiano dog breed has a low genetic variability and careful genetic management of

the reproductive schemes is needed in order to avoid the risk of an excessive increase in the inbreeding level. This would result in significant inbreeding depression and in significant loss of genetic variation.

A potential strategy to reduce inbreeding would be to identify, through molecular analysis, males and females with the lowest molecular co-ancestry and use these individuals for reproduction.

References

- Botstein, D., White, R.L., Skolnick, M., Davis, R.W., 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am. J. Hum. Genet.* 32:314-331.
- Caballero, A., Toro, M.A., 2002. Analysis of genetic diversity for the management of conserved subdivided populations. *Conserv. Genet.* 3:289-299.
- Ciampolini, R., Cecchi, F., Ciani, E., Mazzanti, E., 2008. Three local cattle breeds from Tuscany (Italy): genetic diversity and similarity. Page 63 (abstr.), Session 8, in Proc. 59th Annual Meet. EAAP, Vilnius, Lithuania.
- Ciampolini, R., Cecchi, F., Mazzanti, E., Ciani, E., Tancredi, M., De Sanctis, B., 2007. The genetic variability analysis of the Amiata donkey breed by molecular data. *Ital. J. Anim. Sci.* 6(Suppl.1):78-80.
- Ciampolini, R., Cetica, V., Ciani, E., Mazzanti, E., Fosella, X., Marroni, F., Biagetti, M., Sebastiani, C., Papa, P., Filippini, G., Cianci, D., Presciuttini, S., 2006. Statistical analysis of individual assignment tests among four cattle breeds using fifteen STR loci. *J. Anim. Sci.* 84:11-19.
- Ciampolini, R., Moazami-Goudarzi, K., Vaiman, D., Dillmann, C., Mazzanti, E., Foulley, J.L., Leveziel, H., Cianci, D., 1995. Individual multilocus genotypes using microsatellite polymorphism to permit the analysis of the genetic variability within and between Italian beef cattle breeds. *J. Anim. Sci.* 73:3259-3268.
- Ciani, E., Cecchi, F., Bramante, A., Castellana, E., D'Andrea, M., Pasquariello, R., Pane, F., Albenzio, M., Ciampolini, R., 2010. Molecular co-ancestry and classical genetic distances depict different patterns of relationship among sheep breeds from Southern Italy. Proc. 9th World Congr. on Genetics Applied on Livestock Production, Leipzig, Germany, pp 3-47.
- Dalvit, C., De Marchi, M., Zanetti, E., Cassandro, M., 2009. Genetic variation and population structure of Italian native sheep breeds undergoing in situ conservation. *J. Anim. Sci.* 87:3837-3844.
- Dalvit, C., Sacca, E., Cassandro, M., Gervaso, M., Pastore, E., Piasentier, E., 2008. Genetic diversity and variability in Alpine sheep breeds. *Small Ruminant Res.* 80:45-51.
- D'Angelo, F., Albenzio, M., Sevi, A., Ciampolini, R., Cecchi, F., Ciani, E., Muscio, A., 2009. Genetic variability of the Gentile di Puglia sheep breed on microsatellite polymorphism. *J. Anim. Sci.* 87:1025-1029.
- D'Angelo, F., Ciani, E., Sevi, A., Albenzio, M., Ciampolini, R., Cianci, D., 2006. The genetic variability of the Podolica cattle breed from the Gargano area. Preliminary results. *Ital. J. Anim. Sci.* 5:79-85.
- De Giuliani, C., 2006. *Enciclopedia dei Bracchi*. De Vecchi Ed., Milano, Italy.
- Excoffier, L., Laval, G., Schneider, S., 2005. Arlequin ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online* 1:47-50.
- Fredholm, M., Wintero, A.K., 1995. Variation of short tandem repeats within and between species belonging to the Canidae family. *Mamm. Genome* 6:11-18.
- Grazewska, I., 2007. Genetic diversity in Polish hounds estimated by pedigree analysis. *Livest. Sci.* 113:296-301.
- Guo, X., Elston, R.C., 1999. Linkage information content polymorphic markers. *Hum. Hered.* 49:112-118.
- Gutiérrez, J.P., Royo, L.J., Alvarez, I., Goyache, F., 2005. MolKin v2.0: a computer program for genetic analysis of populations using molecular co-ancestry information. *J. Hered.* 96:718-721.
- Irion, D.N., Shaffer, A.L., Famula, T.R., Eggleston, M.L., Huges, S.S., Pederson, N.V., 2003. Analysis of genetic variation in 28 dog breed populations with 100 microsatellite markers. *J. Hered.* 94:367-374.
- ISAG/FAO, 2004. Secondary Guidelines for Development of National Animal Genetic Resources Management Plans. Measurement of Domestic Animal Diversity (MoDAD): Recommended Micro-satellite Markers. Recommendations of joint ISAG/FAO Standing Committee. Available from: <http://dad.fao.org/en/refer/library/guidelin/marker.pdf>
- Jordana, J., Piedrafita, J., Sanchez, A., Puig, P., 1992. Comparative F statistics analysis of the genetic structure of ten Spanish dog breeds. *J. Hered.* 83:367-374.
- Kim, K.S., Tanabe, Y., Park, C.K., Ha, J.H., 2001. Genetic variability in East Asian dogs



Ciampolini *et al.*

- using microsatellite loci analysis. *J. Hered.* 92:398-403.
- Koskinen, M.T., Bredbacka, P., 2000. Assessment of the population structure of five Finnish dog breed with microsatellites. *Anim. Genet.* 31:310-317.
- Leroy, G., Rognon, X., Varlet, A., Joffrin, C., Verrier, E., 2006. Genetic variability in French dog breed assessed by pedigree data. *J. Anim. Breed. Genet.* 123:1-9.
- Leroy, G., Terrier, E., Mriaux, J.C., Rognon, X., 2009a. Genetic diversity of dog breeds: within-breed diversity comparing genealogical and molecular data. *Anim. Genet.* 40:323-332.
- Leroy, G., Terrier, E., Mriaux, J.C., Rognon, X., 2009b. Genetic diversity of dog breeds: between-breed diversity, breed assignment and conservation approaches. *Anim. Genet.* 40:333-343.
- Mäki, K., Groen, A.F., Liinamo, A.E., Ojala, M., 2001. Population structure, inbreeding trend and their association with hip and elbow dysplasia in dogs. *Anim. Sci.* 73:217-228.
- Marletta, D., Tupac-Yupanqui, I., Bordonaro, S., Garcia, D., Guastella, A.M., Crisione, A., Cañon, J., Dunner, S., 2006. Analysis of genetic diversity and determination of relationships among western Mediterranean horse breeds using microsatellite markers. *J. Anim. Breed. Genet.* 123:315-325.
- Morera, L., Barba, C.J., Garrido, J.J., Barbancho, M., de Andrés, D.F., 1997. Genetic variation detected by microsatellites in five Spanish dog breeds. *J. Hered.* 90:654-656.
- Parker, H.G., Kim, L.V., Sutter, N.B., Carlson, S., Lorentzen, T.D., Malek, T.B., Johnson, G.S., DeFrance, H.B., Ostrander, E.A., Kruglyak, L., 2004. Genetic structure of the purebred domestic dog. *Science* 304:1160-1164.
- Parra, D., Méndez, S., Cañon, J., Dunner, D., 2008. Genetic differentiation in pointing dog breeds inferred from microsatellites and mitochondrial DNA sequences. *Anim. Genet.* 39:1-7.
- Příbánová, M., Horák, P., Schröffelová, D., Urban, T., Bechynová, R., Musilová, L., 2009. Analysis of genetic variability in the Czech Dachshund population using microsatellite markers. *J. Anim. Breed. Genet.* 126:311-318.
- Tsuda, K., Kikkawa, Y., Yonekawa, H., Tanabe, Y., 1997. Extensive interbreeding occurred among multiple matriarchal ancestors during the domestication of dogs: evidence from inter and intraspecies polymorphisms in the D-loop of mitochondrial DNA between dogs and wolves. *Genes and Genetic Systems* 72:229-238.
- Vilà, C., Maldonado, J.E., Wayne, R.K., 1999. Phylogenetic relationships, evolution and genetic diversity of the domestic dog. *J. Heredity* 90:71-77.
- Vilà, C., Savolainen, P., Maldonado, J.E., Amorim, L.R., Rice, J.E., Honeycutt, R.L., Crandall, K.A., Lundeberg, J., Wayne, R.K., 1997. Multiple and ancient origins of the domestic dog. *Science* 276:1687-1689.
- Wright, S., 1978. *Evolution and the genetics of populations. Variability within and among natural populations.* University of Chicago Press, Chicago, IL, USA.
- Zajc, I., Mellersh, C.S., Sampson, J., 1997. Variability of canine microsatellites within and between different dog breeds. *Mamm. Genome* 8:182-185.



Bilaga 3

ResearchGate

See discussions, stats, and author profiles for this publication at: <https://www.researchgate.net/publication/262653391>

Genetic variability of the Bracco Italiano dog breed based on microsatellite polymorphism

Article in *Italian Journal of Animal Science* · June 2009

DOI: 10.4081/ijms.2011.459

CITATIONS

12

READS

143

5 authors, including:



Roberta Ciampolini
Università di Pisa

87 PUBLICATIONS 713 CITATIONS

[SEE PROFILE](#)



Cecchi Francesca
Università di Pisa

66 PUBLICATIONS 355 CITATIONS

[SEE PROFILE](#)



Assunta Bramante
Università di Pisa

6 PUBLICATIONS 28 CITATIONS

[SEE PROFILE](#)



Silvano Presciuttini
Università di Pisa

142 PUBLICATIONS 2,477 CITATIONS

[SEE PROFILE](#)

Some of the authors of this publication are also working on these related projects:



Forensic genetics [View project](#)



PRIN 2004 [View project](#)

All content following this page was uploaded by Assunta Bramante on 21 March 2015.

The user has requested enhancement of the downloaded file.



SHORT COMMUNICATION

Genetic variability of the Bracco Italiano dog breed based on microsatellite polymorphism

Roberta Ciampolini,¹ Francesca Cecchi,¹ Assunta Bramante,¹ Fabio Casetti,² Silvano Presciuttini³

¹Dipartimento di Patologia Animale, Profilassi ed Igiene degli Alimenti, Università di Pisa, Italy

²Società Amatori Bracco Italiano, Mirabello di Senna Lodigiana (LO), Italy

³Dipartimento di Scienze Fisiologiche, Università di Pisa, Italy

Abstract

The Bracco Italiano is one of the oldest breeds of Italian pointing dogs, used for hunting ever since Renaissance times. After the Second World War it was included among the breeds officially recorded by the ENCI (the Italian Cynological Club), and since 1970 more than 23,000 animals have been registered; there are currently approximately 750 births per year. In this paper, we present the breed characterization of the population at the molecular level using 21 STR markers from the panels recommended for the 2006, 2008 and 2010 ISAG canine comparison test. Number of alleles, allele frequencies, deviations from Hardy-Weinberg proportions, linkage disequilibrium among loci, genetic similarity, genetic distances and molecular co-ancestry-based parameters were calculated. The number of alleles ranged from 3 to 9 (mean 6.43) whereas the expected heterozygosity ranged from 0.44 to 0.81 (mean 0.64). There was a high genetic similarity within the whole population (0.455) showing the great homogeneity of the sampled animals, as confirmed also by the small kinship distance (0.336), by the high values of the self molecular coancestry (0.703) and of the inbreeding coefficient (0.406). These results suggest the need for a careful genetic management of the population in order to avoid the risk of an excessive increase in the inbreeding level which would result in significant inbreeding depression and in significant loss of genetic variation.

Introduction

The Bracco Italiano is one of the oldest pointing dog breeds, used for hunting since Renaissance times. Fourteenth century paintings show hunting scenes with dogs similar to the present-day Bracco. It was originally used as a *net dog* breed to locate quails (partridges and francolins) which were then captured in nets. Historical records report that some of these dogs were sent from Tuscany to the court of the kings of France in the 15th century (De Giuliani, 2006). At the end of the 19th century, the breed suffered a period of decline due to an incorrect selection criteria which resulted in the animals being too heavy, lymphatic, and slow. However, the breed was revitalized after the Second World War when a club of supporters brought the breed back to its original characteristics through a prudent selection strategy. The breed was officially registered by the ENCI (the Italian Cynological Club) in 1949, when the definitive standard was established. The Italian Bracco belongs to Group 7 (Pointing Dogs) of the ENCI and the first animals were recorded in 1970. Since that time, more than 23,000 animals have been recorded and more than 750 puppies are registered every year. Since 1970, there have been more than 4,700 farmers, more than 1500 stallions and more than 1,900 bitches.

Today, the Bracco Italiano is increasingly important all over the world for hunting.

The traditional approach of evaluating the genetic variation present in a population is to estimate the mean coefficient of inbreeding from genealogical data. This method has been extensively used in dog breeds (Grazewska, 2007; Leroy *et al.*, 2006; Leroy *et al.*, 2009a; Maki *et al.*, 2001). However, it is well known that it may result in erroneous estimates because of incomplete records and/or pedigree errors. More recently, the considerable advances in molecular genetics have provided a convenient way for characterizing the genetic structure of populations. The genetic structure of the domestic dog has been investigated using mitochondrial DNA (Tsuda *et al.*, 1997; Vilà *et al.*, 1997; Vilà *et al.*, 1999), or microsatellite markers (Kim *et al.*, 2001; Koskinen *et al.*, 2000; Irion *et al.*, 2003; Leroy *et al.*, 2009b; Parker *et al.*, 2004), or both (Parra *et al.*, 2008).

The aim of the present study was to investigate the extent of genetic variation characterizing the Bracco Italiano breed using microsatellites. Our objectives were to determine the values of the main parameters describing the genetic health of the breed, and

Corresponding author: Dr. Roberta Ciampolini, Dipartimento di Patologia Animale, Profilassi ed Igiene degli Alimenti, Università di Pisa, viale delle Piagge 2, 56124 Pisa, Italy.
Tel. +39.050.2216877 - Fax: +39.050.2216941.
E-mail: rciampol@vet.unipi.it

Key words: Genetic variability, Bracco Italiano dog breed, Microsatellite markers.

Acknowledgments: the authors are very grateful to Dr. G. Grecchi and the Board of Directors of the Società Amatori Bracco Italiano for having actively promoted the present project among the Society's members.

Received for publication: 16 November 2010.

Revision received: 23 September 2011.

Accepted for publication: 23 September 2011.

This work is licensed under a Creative Commons Attribution NonCommercial 3.0 License (CC BY-NC 3.0).

©Copyright R. Ciampolini *et al.*, 2011
Licensee PAGEPress, Italy
Italian Journal of Animal Science 2011; 10:e59
doi:10.4081/ijas.2011.e59

to ascertain whether specific management strategies should be adopted to avoid the increasing genetic impoverishment that would result from the limited effective population size.

Materials and methods

Animals

The study was performed using 72 unrelated Bracco Italiano dogs. Data were collected at meetings organized by the Bracco Italiano breed club; first-degree and second-degree relatives were excluded; the final sample included animals from 44 different farms (breeders) scattered throughout Italy.

Genomic and statistical analysis

Genomic DNA was extracted from 5 mL of peripheral blood samples and DNA was isolated using the GeneLute blood genomic DNA kit (Sigma-Aldrich, Milano, Italy).

The 21 microsatellites investigated belonged to a markers panel proposed by ISAG/FAO, for the measurements of Domestic Animal Diversity (ISAG/FAO, 2004) and located in 19 chromosomes. Primer sequences for the microsatellites are available from <http://dad.fao.org/en/refer/library/guidelin/markers.pdf>. The 21 microsatel-



Ciampolini *et al.*

lites were amplified in 5 multiplex PCR reactions. Amplification of the 5 multiplex was carried out in a total reaction volume of 10 μ L consisting of 6.25 μ L MasterMix (Qiagen Multiplex PCR kit), 0.1 μ L of each primer (10 μ M), 1 μ L of DNA sample (2 ng/ μ L) and 1.55 μ L of H₂O. The PCR reaction was carried out on a Gene Amp PCR System 2700 thermal cycler (Applied Biosystems) by an initial denaturation at 95°C for 15 min, followed by 47 cycles at 95°C for 30 s, 58°C for 90 s and 72°C for 60 s. The thermal profile ended with a final extension at 60°C for 30 min. Amplicons were separated and detected by capillary electrophoresis on an ABI Prism 310 Genetic Analyzer (Applied Biosystems) using POP4 and a 36-cm capillary array. Apparent DNA fragment size was analyzed with the internal size standard Genescan 500ROX and GeneMapper Analysis version 4.0 software (Applied Biosystems, Monza, Italy).

Allelic frequencies were estimated by direct counting. Exact tests for deviations from the Hardy-Weinberg equilibrium (HWE) and pairwise linkage disequilibrium among microsatellite *loci* were performed using the ARLEQUIN package (Excoffier *et al.*, 2005). Genetic similarities between animals were investigated by comparing the individual multilocus genotype of each individual (Ciampolini *et al.*, 1995). Genetic similarity is defined as $P=2L$, where P is the proportion of

common alleles (A) in relation to the 2L possibilities (L =number of considered *loci*). The similarities between each pair of individuals were then averaged over the whole population. Genotype assignment test of individuals coming from different farms was performed using the ARLEQUIN package in order to highlight possible genetic sub-structures in the total sample originating from farm membership. The following parameters were computed at the population level using the Molkin program (Gutiérrez *et al.*, 2005): molecular coancestry coefficients (Caballero and Toro, 2002), kinship distance, and F-statistics (Wright, 1978). The molecular co-ancestry between 2 individuals, i and j (f_{ij}), is the probability that two randomly sampled alleles from the same *locus* in 2 individuals are identical by state (Caballero and Toro, 2002). The molecular co-ancestry of an individual i with itself is self-coancestry (s_i), which is related to the coefficient of inbreeding of an individual i (F_i) by the formula $F_i = 2s_i - 1$. In turn, the kinship distance (D_{ij}) between 2 individuals i and j is $D_{ij} = [(s_i + s_j)/2] - f_{ij}$ (Caballero and Toro, 2002). MolKin computes within-breed molecular co-ancestry and D_{ij} by simply averaging the corresponding values for all the within-population pairs of individuals.

Results and discussion

All 21 *loci* were polymorphic and had a total of 135 alleles ranging from 3 (INU030) to 9 (AHT171) (Table 1). Among the *loci* studied, the population was found to be in Hardy-Weinberg equilibrium at the following *loci*: AHTK211, FH2054, INRA21, INU055 and REN169018. On the other hand, six microsatellites showed significant deviation (AHTH260, CXX279, REN105L03, REN54P11, REN162C04: $P < 0.01$; AHTH130: $P < 0.05$). Mean observed and expected heterozygosities were 0.594 and 0.639, respectively; expected heterozygosity values were lowest for AHTH260 (0.444) and highest for REN169018 (0.807). Although different markers were used, the expected heterozygosity of the Bracco Italiano is similar to that of other European dog breeds (0.56, Bedlington Terrier; 0.62 Golden Retriever; 0.64, Pembroke Welsh Corgi; 0.64 German Shepherd; and 0.72 Wirehaired Dachshund) (Koskinen and Bredbacka, 2000).

Seventeen microsatellites out of 21 showed heterozygote deficiency. On average, there was a significant deficit of heterozygotes ($F_{IS} = 0.061 \pm 0.024$). Similar values were reported by Morera *et al.* (1997) ($F_{IS} = 0.085$) and by Jordana *et al.* (1992) in a group of 10 Spanish dog breeds ($F_{IS} = 0.040$). Such moderate values of F_{IS} can easily be explained by non-random mating or population subdivision, or even by mating between relatives. Alternatively, some null alleles could be present that cause apparent heterozygote deficit (Ciampolini *et al.*, 2006). However, the F_{IS} values were rather homogeneous among *loci*, and this evidence points against such an explanation. The mean number of alleles per *locus* was 6.43 ($SD = 1.47$). Although a comparison with other breeds can be biased due to the different marker sets used by different authors, it may be noted that this value is near the upper range of the published values for other breeds: Greyhound, 2.5 alleles/*locus*; Labrador Retriever 3.3; German Shepherd, 3.3 (Zajc *et al.*, 1997); Flat-coated Retriever, 4.5; Dachshund, 5.6 (Fredholm and Wintero, 1995); Andalusian Hound, 6.25; Spanish Greyhound 6.5; Maneto, 7.0 (Morera *et al.*, 1997); Czech Dachshunds, 7.6 alleles/*locus* (Pribánová *et al.*, 2009); and 12 East Asian dog breeds, 7.75 (Kim *et al.*, 2001).

The mean polymorphism information content (PIC) was 0.589 with a range of 0.408 (INU055) and 0.773 (REN169018). This parameter was originally introduced by Botstein *et al.* (1980). It refers to the value of a marker for detecting polymorphism within a

Table 1. Number of alleles, polymorphism information content (PIC), observed and expected heterozygosity, and departure from Hardy-Weinberg equilibrium for the 21 microsatellite *loci*.

Microsatellite marker	No. of alleles	PIC	Heterozygosity		P
			Observed	Expected	
AHT121	7	0.675	0.649	0.719	0.198
AHT137	8	0.602	0.740	0.643	0.274
AHTH130	6	0.602	0.597	0.668	0.033
AHTH171	9	0.693	0.675	0.743	0.133
AHTH260	7	0.418	0.364	0.444	0.000
AHTK211	5	0.449	0.597	0.528	0.816
AHTK253	6	0.527	0.481	0.574	0.244
CXX279	6	0.627	0.597	0.665	0.008
FH2054	8	0.690	0.714	0.740	0.112
FH2848	8	0.574	0.597	0.601	0.715
INRA21	7	0.728	0.792	0.768	0.359
INU005	6	0.576	0.571	0.642	0.085
INU030	3	0.467	0.506	0.532	0.866
INU055	5	0.408	0.442	0.472	0.676
REN105L03	5	0.513	0.338	0.560	0.000
REN162C04	5	0.591	0.675	0.665	0.009
REN169018	6	0.773	0.727	0.807	0.204
REN169001	8	0.676	0.675	0.708	0.113
REN247M23	8	0.651	0.675	0.686	0.168
REN54P11	7	0.626	0.532	0.664	0.000
REN64E19	5	0.509	0.519	0.597	0.072



Genetic variability of Bracco Italiano

Table 2. Genetic similarities within the population, the self molecular co-ancestry (s_i), the average inbreeding (F_i), the mean molecular co-ancestry (f_{ij}), the kinship distances (D_{ij}), and the F_{IS} value.

Genetic similarities	0.455
Self-molecular co-ancestry, s_i	0.703
Average inbreeding, F_i	0.406
Mean molecular co-ancestry, f_{ij}	0.337
Kinship distance, D_{ij}	0.336
F_{IS}	0.060

population, depending on the number of detectable alleles and the distribution of their frequency, and has been proved to be a general measure of how informative a marker is (Guo and Elston, 1999). The higher the PIC value, the more informative a marker is. In the present study, microsatellites INU055, AHTH260, AHTK211 and INOU30 appeared to be only moderately informative (<0.50), whereas the other microsatellite loci studied were highly informative.

Genetic similarity within the population (0.455) represented a rather low genetic variability (Table 2). This value is higher than those reported in other species such as cattle (0.281, D'Angelo *et al.*, 2006; 0.374-0.420, Ciampolini *et al.*, 2008) and sheep (0.318-0.370, D'Angelo *et al.*, 2009), but lower than that reported on an endangered donkey breed (0.489; Ciampolini *et al.*, 2007).

With the exception of the values reported on Amiata donkey breed (Ciampolini *et al.*, 2007) the values observed in our study for the mean molecular co-ancestry ($f_{ij}=0.337$), for the average individual self-co-ancestry ($s_i=0.703$) and for the inbreeding coefficient ($F_i=0.406$) were clearly greater than that reported in literature in other species such as cattle (Ciampolini *et al.*, 2008), sheep (Dalvit *et al.*, 2008; Dalvit *et al.*, 2009; D'Angelo *et al.*, 2009; Ciani *et al.*, 2010) and horse (Marletta *et al.*, 2006) while the kinship distance ($D_{ij}=0.336$) was smaller than that reported in literature. The observed values highlight that the low level of genetic variation has arisen as a possible consequence of mating among relatives. It is well known that the high level of inbreeding due to farm management. In fact, breeders often use this mating method with the aim of enhancing desirable traits.

Conclusions

Our findings highlight the finding that the Bracco Italiano dog breed has a low genetic variability and careful genetic management of

the reproductive schemes is needed in order to avoid the risk of an excessive increase in the inbreeding level. This would result in significant inbreeding depression and in significant loss of genetic variation.

A potential strategy to reduce inbreeding would be to identify, through molecular analysis, males and females with the lowest molecular co-ancestry and use these individuals for reproduction.

References

- Botstein, D., White, R.L., Skolnick, M., Davis, R.W., 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am. J. Hum. Genet.* 32:314-331.
- Caballero, A., Toro, M.A., 2002. Analysis of genetic diversity for the management of conserved subdivided populations. *Conserv. Genet.* 3:289-299.
- Ciampolini, R., Cecchi, F., Ciani, E., Mazzanti, E., 2008. Three local cattle breeds from Tuscany (Italy): genetic diversity and similarity. Page 63 (abstr.), Session 8, in Proc. 59th Annual Meet. EAAP, Vilnius, Lithuania.
- Ciampolini, R., Cecchi, F., Mazzanti, E., Ciani, E., Tancredi, M., De Sanctis, B., 2007. The genetic variability analysis of the Amiata donkey breed by molecular data. *Ital. J. Anim. Sci.* 6(Suppl.1):78-80.
- Ciampolini, R., Cetica, V., Ciani, E., Mazzanti, E., Fosella, X., Marroni, F., Biagetti, M., Sebastiani, C., Papa, P., Filippini, G., Cianci, D., Presciuttini, S., 2006. Statistical analysis of individual assignment tests among four cattle breeds using fifteen STR loci. *J. Anim. Sci.* 84:11-19.
- Ciampolini, R., Moazami-Goudarzi, K., Vaiman, D., Dillmann, C., Mazzanti, E., Foulley, J.L., Leveziel, H., Ciani, D., 1995. Individual multilocus genotypes using microsatellite polymorphism to permit the analysis of the genetic variability within and between Italian beef cattle breeds. *J. Anim. Sci.* 73:3259-3268.
- Ciani, E., Cecchi, F., Bramante, A., Castellana, E., D'Andrea, M., Pasquariello, R., Pane, F., Albenzio, M., Ciampolini, R., 2010. Molecular co-ancestry and classical genetic distances depict different patterns of relationship among sheep breeds from Southern Italy. *Proc. 9th World Congr. on Genetics Applied on Livestock Production, Leipzig, Germany*, pp 3-47.
- Dalvit, C., De Marchi, M., Zanetti, E., Cassandro, M., 2009. Genetic variation and population structure of Italian native sheep breeds undergoing in situ conservation. *J. Anim. Sci.* 87:3837-3844.
- Dalvit, C., Sacca, E., Cassandro, M., Gervaso, M., Pastore, E., Piasentier, E., 2008. Genetic diversity and variability in Alpine sheep breeds. *Small Ruminant Res.* 80:45-51.
- D'Angelo, F., Albenzio, M., Sevi, A., Ciampolini, R., Cecchi, F., Ciani, E., Muscio, A., 2009. Genetic variability of the Gentile di Puglia sheep breed on microsatellite polymorphism. *J. Anim. Sci.* 87:1025-1029.
- D'Angelo, F., Ciani, E., Sevi, A., Albenzio, M., Ciampolini, R., Cianci, D., 2006. The genetic variability of the Podolica cattle breed from the Gargano area. Preliminary results. *Ital. J. Anim. Sci.* 5:79-85.
- De Giuliani, C., 2006. *Enciclopedia dei Bracchi*. De Vecchi Ed., Milano, Italy.
- Excoffier, L., Laval, G., Schneider, S., 2005. Arlequin ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online* 1:47-50.
- Fredholm, M., Wintero, A.K., 1995. Variation of short tandem repeats within and between species belonging to the Canidae family. *Mamm. Genome* 6:11-18.
- Grazewska, I., 2007. Genetic diversity in Polish hounds estimated by pedigree analysis. *Livest. Sci.* 113:296-301.
- Guo, X., Elston, R.C., 1999. Linkage information content polymorphic genetic markers. *Hum. Hered.* 49:112-118.
- Gutiérrez, J.P., Royo, L.J., Alvarez, I., Goyache, F., 2005. MolKin v2.0: a computer program for genetic analysis of populations using molecular co-ancestry information. *J. Hered.* 96:718-721.
- Irion, D.N., Shaffer, A.L., Famula, T.R., Eggleston, M.L., Huges, S.S., Pederson, N.V., 2003. Analysis of genetic variation in 28 dog breed populations with 100 microsatellite markers. *J. Hered.* 94:367-374.
- ISAG/FAO, 2004. Secondary Guidelines for Development of National Animal Genetic Resources Management Plans. Measurement of Domestic Animal Diversity (MoDAD): Recommended Micro-satellite Markers. Recommendations of joint ISAG/FAO Standing Committee. Available from: <http://dad.fao.org/en/refer/library/guidelin/marker.pdf>
- Jordana, J., Piedrafita, J., Sanchez, A., Puig, P., 1992. Comparative F statistics analysis of the genetic structure of ten Spanish dog breeds. *J. Hered.* 83:367-374.
- Kim, K.S., Tanabe, Y., Park, C.K., Ha, J.H., 2001. Genetic variability in East Asian dogs



Ciampolini *et al.*

- using microsatellite loci analysis. *J. Hered.* 92:398-403.
- Koskinen, M.T., Bredbacka, P., 2000. Assessment of the population structure of five Finnish dog breed with microsatellites. *Anim. Genet.* 31:310-317.
- Leroy, G., Rognon, X., Varlet, A., Joffrin, C., Verrier, E., 2006. Genetic variability in French dog breed assessed by pedigree data. *J. Anim. Breed. Genet.* 123:1-9.
- Leroy, G., Terrier, E., Mriaux, J.C., Rognon, X., 2009a. Genetic diversity of dog breeds: within-breed diversity comparing genealogical and molecular data. *Anim. Genet.* 40:323-332.
- Leroy, G., Terrier, E., Mriaux, J.C., Rognon, X., 2009b. Genetic diversity of dog breeds: between-breed diversity, breed assignment and conservation approaches. *Anim. Genet.* 40:333-343.
- Mäki, K., Groen, A.F., Liinamo, A.E., Ojala, M., 2001. Population structure, inbreeding trend and their association with hip and elbow dysplasia in dogs. *Anim. Sci.* 73:217-228.
- Marletta, D., Tupac-Yupanqui, I., Bordonaro, S., Garcia, D., Guastella, A.M., Crisione, A., Cañon, J., Dunner, S., 2006. Analysis of genetic diversity and determination of relationships among western Mediterranean horse breeds using microsatellite markers. *J. Anim. Breed. Genet.* 123:315-325.
- Morera, L., Barba, C.J., Garrido, J.J., Barbancho, M., de Andrés, D.F., 1997. Genetic variation detected by microsatellites in five Spanish dog breeds. *J. Hered.* 90:654-656.
- Parker, H.G., Kim, L.V., Sutter, N.B., Carlson, S., Lorentzen, T.D., Malek, T.B., Johnson, G.S., DeFrance, H.B., Ostrander, E.A., Kruglyak, L., 2004. Genetic structure of the purebred domestic dog. *Science* 304:1160-1164.
- Parra, D., Méndez, S., Cañon, J., Dunner, D., 2008. Genetic differentiation in pointing dog breeds inferred from microsatellites and mitochondrial DNA sequences. *Anim. Genet.* 39:1-7.
- Přibánová, M., Horák, P., Schröffelová, D., Urban, T., Bečhynová, R., Musilová, L., 2009. Analysis of genetic variability in the Czech Dachshund population using microsatellite markers. *J. Anim. Breed. Genet.* 126:311-318.
- Tsuda, K., Kikkawa, Y., Yonekawa, H., Tanabe, Y., 1997. Extensive interbreeding occurred among multiple matriarchal ancestors during the domestication of dogs: evidence from inter and intraspecies polymorphisms in the D-loop of mitochondrial DNA between dogs and wolves. *Genes and Genetic Systems* 72:229-238.
- Vilà, C., Maldonado, J.E., Wayne, R.K., 1999. Phylogenetic relationships, evolution and genetic diversity of the domestic dog. *J. Heredity* 90:71-77.
- Vilà, C., Savolainen, P., Maldonado, J.E., Amorim, L.R., Rice, J.E., Honeycutt, R.L., Crandall, K.A., Lundeberg, J., Wayne, R.K., 1997. Multiple and ancient origins of the domestic dog. *Science* 276:1687-1689.
- Wright, S., 1978. *Evolution and the genetics of populations. Variability within and among natural populations.* University of Chicago Press, Chicago, IL, USA.
- Zajc, I., Mellersh, C.S., Sampson, J., 1997. Variability of canine microsatellites within and between different dog breeds. *Mamm. Genome* 8:182-185.

Bilaga 4



Bracco Italiano

Bilaga 4

Rasens historia, bakgrund och utveckling

Bracco Italiano är en av de äldsta stående fågelhundsraserna och har använts för jakt sedan renässansen. På målningar från 1300-talet finns jaktscener med hundar och falkenerare som påminner om dagens stående fågelhundar (se nedan).

De användes ursprungligen för att hitta tryckande hönsfågel av rapphöns- och vakteltyp, som sedan fångades med nät. Den här typen av jakt pågick till slutet av 1500-talet då namnet "Cane da rete" hund för nätjakt ersattes av "cane da ferma" stående fågelhundar. Har i olika länder och områden kallats för ömsom stående, sittande, stötande och liggande fågelhundar. De spårade inte viltet utan sökte efter det genom vindvittring.



Braccoliknande hundar på fresk från 1300-talet av Ambrogio Lorenzetti

Det finns också noterat i rapporter från bland annat en domstol att några hundar av braccotyp kan ha sänts från Toscana till franska kungafamiljen på 1400-talet, (De Giuliani C. 2006 Enciclopedia dei Bracchi De Vecchi Ed. Milano, Italy). År 1570 skriver Charles IX av Frankrike, att det 100 år tidigare förts in en mycket talangfull vit och röd hund av en tjänsteman vid hovet. Denna hund var parad med den italienska kungens bästa avelshund från hans pack med vita "hounds".



Bracco Italiano



Två bracchi bundna vid ett träd av Piemonte- respektive Lombardiet typ; Jacopo Bessano (1510–92)



Bracco Italiano



Bracco av den lättare typen från 1903

Rasen som var nästan utdöd blev återupplivad efter andra världskriget, när en grupp av anhängare med Paolo Ciceri (kennel Dei Ronchi) i spetsen tog rasen tillbaka till sina ursprungliga egenskaper genom en väl genomtänkt avelsstrategi. Rasen registrerades officiellt under en enhetlig standard (efter att ha varit tudelad under en period) av ENCI (den italienska kennel klubben) år 1949. Den italienska Bracco Italiano tillhör FCI:s grupp 7 (Stående fågelhundar), rasklubben heter Societa Amatori Bracco Italiano, S.A.B.I. Mellan 1970–1975 registrerades endast 211 bracchi men sedan dess har rasen utvecklats och idag registreras runt 750 valpar varje år i hemlandet.



Bracco Italiano

Nordisk braccohistoria

Det var på en utställning i Verona år 1990 som Kennel Olympos, fick upp ögonen för rasen. Till Sverige kom de två första importerna, via Danmark 1994.

Rasen har sedan ökat långsamt men stadigt och 2017 var populationen ca 175 - 200 stycken och rasen hade rekordstora registreringssiffror med 39 registreringar (varav 4 import). 2018 var även det år då rasen för första gången hade en uppfödare, kennel Ensemble som lyckades med bedriften att erhålla SKK:s bruksuppfödarpriis.

Jaktlig historia

När man jagade med nät skedde detta ofta kvälls- och nattetid då fåglarna trycker bättre och luften är fuktigare – hundarna hade på så sätt lättare att få vittring av fågeln. Mängden vilt var markant större, så stor att det bland annat finns beskrivet hur man fångade fåglarna med bara händerna. Allt eftersom jordbruket bredde ut sig och i princip all mark kom att brukas, trängdes de vilda hönsen undan och när sedan skjutvapnen kom, ville man ha hundar som jagade snabbare, effektivare och täckte större ytor. Där kom de brittiska stående fågelhundarna att fylla behovet och de inhemska raserna trycktes undan. Vid slutet av 1800-talet uppföddes något som kallades bracco ranza, av en familj/släkt av jägare som gjorde en ytterst selektiv avel på hundar för jakt på fågel. Hundar som blev ytterst populära, men där man var så selektiv i sin avel att man med all sannolikhet slog ut sig själv efter 70 år av inavel. Dessa hundars rykte som jakthundar var dock vida omtalat och överlevde och ligger till grund för idealet för Bracco Italiano av idag.

En summering av Bracco Italianos arbetsbeskrivning

(en bearbetning av den italienska jaktprovsstandarden)

Gångarten är en långsträckt, snabbt trav som medger vissa faser av galopp, vilka motiveras i vissa situationer, men gångarten inför ståndet när hunden fått vittring ska vara trav. Söket är livligt och effektivt med ca 100 meters bredd och i serpentinmönster över marken från sida till sida, med lagom djup anpassat till vind och markförhållanden. Braccon ska jobba med livlig svans och resning och väl buret huvud. Vid vittring saktar hunden gradvis ner, fortfarande med högt buret huvud, uppmärksamma öron men svansen hålls under rygglinjen och rörelsen avtar. Innan den fattar stånd blir rörelserna allt mer smygande. Ståndet är stramt med stel svans, vilken hålls lätt lyft.

Om vittring kommer från ett större område eller en flock fåglar är ofta huvudets hållning något lägre i ståndet. Stånd med låg nos och kroppshållning är vanligast vid sök i medvind där vittringen blir plötslig och stånd fattas snabbare. Om viltet inte trycker ska hunden driva det mot vinden med långsamma smygande rörelser. På samma sätt jobbar den ofta på löpande fågel. Karakteristiskt för rasen ska vara dess mjuka nära samarbete med sin förare – vi talar om en hund som jobbar självständigt på 100 meters håll, så det som avses är dess lyhördhet även för sin förare, trots självständigheten. Bracco Italiano anpassar sitt arbete efter terrängen vilket gör det möjligt att använda den i många typer av mark, då den anpassar sökets vidd efter terräng.