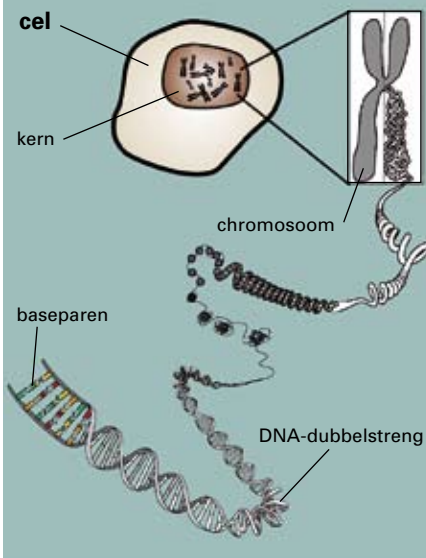


In de serie 'Alles is chemie' houdt VeeteeltVlees de erfelijke basis van de rundveefokkerij tegen het licht. In dit tweede deel komen koppeling van kenmerken en mutatie aan bod.



**Het aantal genotypen is oneindig groot. Koppeling van (productie-) kenmerken en mutaties komen frequent in de natuur voor.**

In het eerste deel (VeeteeltVlees januari 2008, pag. 14-15) werd de overerving van één kenmerk dat op één chromosomenpaar gelokaliseerd is, beschreven. Hierna beschrijven we de overerving van twee kenmerken die ieder op één genenpaar berusten. Als voorbeeld kiezen we twee kenmerken waarbij sprake is van volledige dominantie: de haarkleur en

gehoorndheid of ongehoorndheid. De zwarte haarkleur ligt op het dominante gen Z. Het genotype van zwartgekleurde dieren is ZZ of Zz, dat van roodgekleurde dieren zz. Ongehoorndheid (O) is dominant. Ongehoornde dieren zijn dus OO en gehoornde dieren zijn oo. Het genenpaar voor kleur Zz komt daarbij op een ander chromosomenpaar voor dan het genenpaar OO voor ongehoorndheid. Het resultaat van de paring van een zwartgekleurde, ongehoornde stier (ZzOo) met een zwartgekleurde, ongehoornde koe (ZzOo) leidt tot een kruisingsschema zoals in figuur 1 te zien is. Bij de geslachtsdeling verdelen de chromosomen (en dus de genen) van ieder chromosomenpaar zich geheel volgens toeval over de geslachtscellen (zaadcellen en eicellen). Aldus ontstaan vier mogelijke typen geslachtscellen: ZO, Zo, zO en zo. Bij de bevruchting zijn er dan zestien verschillende combinaties mogelijk (zie figuur 1). Een aantal van die combinaties is hetzelfde. Na rubricering zijn er nog negen verschillende variaties over. Uiteindelijk zijn er vier mogelijke verschijningsvormen: zwart ongehoornd, zwart gehoornd, rood ongehoornd en rood gehoornd, in de verhouding 9:3:3:1. Als men nu bedenkt dat het rund dertig chromosomenparen bezit en dat ieder chromosomenpaar enkele honderden genen telt, dan is het aantal mogelijke genotypen oneindig groot: bij twintig genenparen is het aantal mogelijke genotypen 3.483.000.000. Zo veel koeien zijn er op de hele wereld niet te vinden! De hiervoor weergegeven splitsingen gaan alleen op wanneer de genenparen onafhankelijk van elkaar overerven, dus wanneer de genen op verschillende chromosomenparen liggen. Komen de in beschouwing genomen kenmerken op éénzelfde chromosomenpaar, dan erven ze natuurlijk niet meer onafhankelijk van elkaar, maar zijn ze aan elkaar gekoppeld. Gezien er meer genenparen zijn dan chromosomenparen is het ook lo-

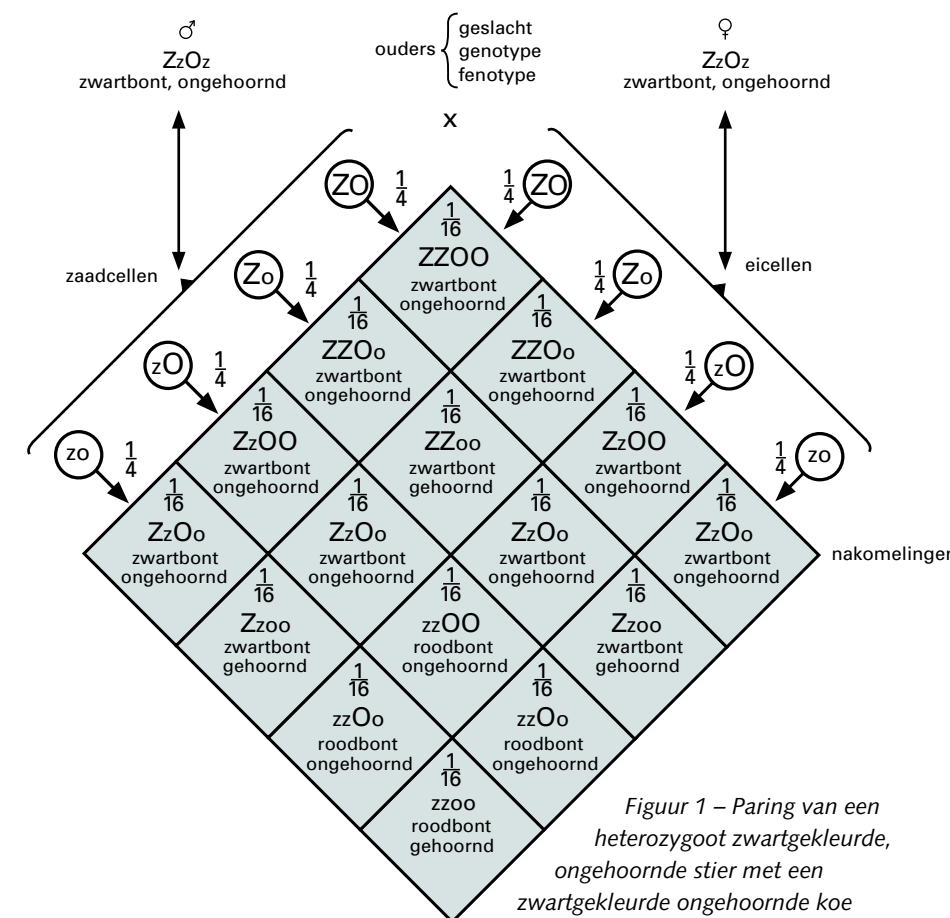
gisch dat koppeling van kenmerken veelvuldig voorkomt. Nog ingewikkelder wordt het wanneer een kenmerk niet door één, maar door meerdere genenparen tot stand komt, al dan niet met dominantie-effecten en gen-gen-interacties. Gen-gen-interactie is het verschijnsel waarbij genen van verschillende paren elkaar in hun werking beïnvloeden. Dat is het geval bij productiekenmerken zoals melkgift, groei of voederefficiëntie. De genetische analyse ervan is daarom zeer moeilijk. Door het relatief geringe effect van ieder gen en door de werking van de uitwendige omstandigheden zijn de uiteindelijke fenotypen moeilijk van elkaar te onderscheiden. Als meerdere genenparen een kenmerk beïnvloeden, dan zal elk individueel genenpaar wel aan dezelfde wetmatigheden onderhevig zijn als weergegeven bij de overerving van kenmerken die op slechts één genenpaar berusten.

**Geslachtsgebonden erfelijkheid**  
Sommige kenmerken zijn aan het geslacht gebonden: ze worden bepaald door de genen die op de geslachtschromosomen X of Y liggen. Zulke kenmerken vertonen vaak een afwijkende vorm van erfelijkheid. Immers, verschillende genen die op het X-chromosoom liggen, hebben geen 'partner' op het kleinere Y-chromosoom. Hier is er dus een uitzondering op de regel dat de genen steeds paarsgewijs voorkomen. Een voorbeeld vormen de veerkleuren zilver en goud bij sommige kippenrassen. Of er geslachtsgebonden chromosomenkenmerken bij grote landbouwhuisdieren voorkomen, is niet met zekerheid bekend. Geslachtsgebonden chromosomenkenmerken moeten echter niet verward worden met kenmerken die slechts bij één geslacht tot uiting komen: de geslachtsbeperkte eigenschappen. Zo is bij runderen de melkproductie alleen bij de koeien zichtbaar, alhoewel de stier wel degelijk de genen voor deze eigenschap

bezit en ook overerft op zijn nakomelingen. Bij de gewone kerndeling van een cel splitst ieder chromosoom zich overlangs en met de chromosomen ook ieder gen. De nieuw gevormde cellen zijn daardoor in hun genen 'kopieconform' aan de moedercel. Soms blijkt alleen plotseling een afwijkend gen gevormd te zijn. Zo'n plotselinge, spontane afwijking heet mutatie. Mutaties zijn allerminst zeldzaam, ook bij landbouwhuisdieren. Ze kunnen op ieder willekeurig tijdstip optreden, zowel op de geslachts- als op de niet-geslachtschromosomen.

**Inteelt niet zonder gevaar**  
Mutaties zijn in feite een verandering in de ingewikkelde chemische structuur op de plaats (locus) van het chromosoom waar het gen voorkomt. Meestal leiden deze chemische veranderingen tot een minder goed functioneren van het gen. Vandaar dat de meeste mutaties schadelijk zijn. Veel erfelijke gebreken, zoals de paardenhoef- en de bulldogfactor, zijn het resultaat van mutaties. De gemuteerde genen zijn meestal wel recessief: individuen met een gemuteerd gen moeten daarom één of meerdere generaties met elkaar gepaard worden voordat de mutatie zichtbaar wordt. Inteelt is om die reden ook een fokkerijstrategie die niet zonder gevaar is. Bij inteelt of het paren van verwante individuen neemt de kans op gelijke genen (homozygote genotypen) toe, zowel van gunstige als van schadelijke genen. Uitroeiing van de hiervoor genoemde gebreken in de populatie gaat moeizaam als alleen de homozygoot recessieve, de zichtbaar abnormale dieren, worden uitgeselecteerd. Selectie tegen een erfelijk gebrek zal daarom meer succes hebben als ook de heterozygote dragers, de niet-zichtbare, genetisch gebrekkige dieren, uit de fokkerij worden geweerd via DNA-analyse.

Guy Nantier



Figuur 1 – Paring van een heterozygoot zwartgekleurde, ongehoornde stier met een zwartgekleurde ongehoornde koe

**Het gemuteerde myostatine-gen**

De royale bespiering of hyperbespierdheid van het Belgisch-witblauwras wordt hoofdzakelijk veroorzaakt door één recessief overervend gen (mh) dat gelegen is op chromosoom 2 van het rund. Het gen in kwestie is het myostatine-gen. Op dit myostatine-gen heeft bij het Belgisch-witblauwras een mutatie plaatsgevonden waardoor het gen uitgeschakeld is en waardoor de bespiering van het dier genetisch geen halt wordt toegeroepen. Tegelijk oefent het ook een invloed uit op andere genen, waardoor onder andere de ontwikkeling van de organen vermindert.

Eenzelfde mutatie van het myostatine-gen wordt ook gevonden in andere rundveerassen, zoals het Asturische ras, het Parthenaise ras, de Aubrac, het South-Devonras en het roodras van Gallicië. Bij het rouge des prés (maine-anjournas), het charolais-, gasconne- en piemonteseras zijn vier andere mutaties gevonden die eveneens het myostatine-gen inactiveren. De mutatie bij het piemontese- en het gasconneras is identiek. Charolais heeft zijn eigen mutatie. Bij het rouge des prés zijn zelfs twee mutaties aanwezig. In het Italiaanse marchigiana werd een zesde mutatie van het gen gevonden.

Genetische analyse van productiekenmerken is terst moeilijk vanwege de gen-gen-interacties

# Aantal genotypen oneindig