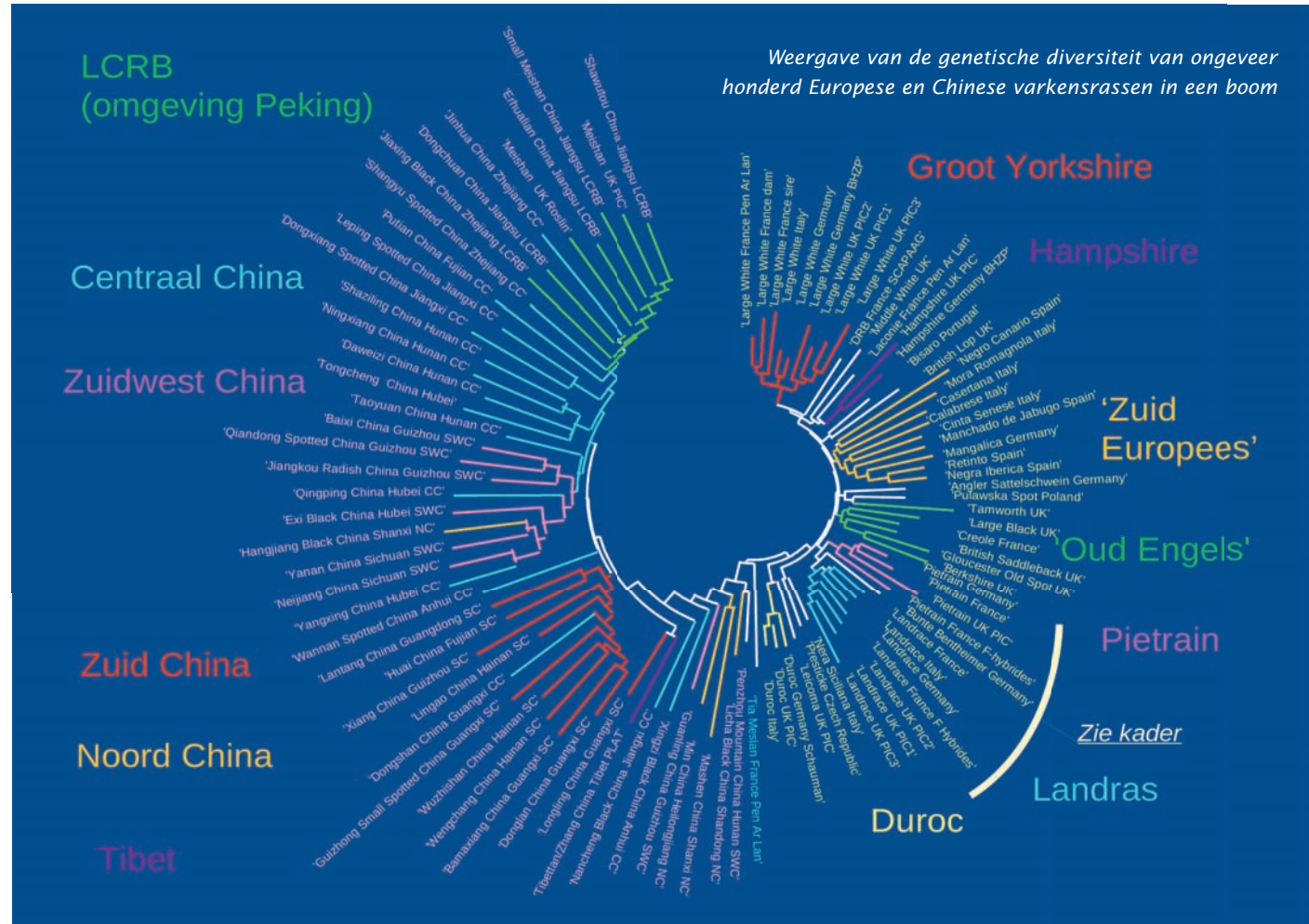


Grote verschillen in diversiteit Chinese en Europese varkensrassen

De vakgroep Fokkerij en Genetica van Wageningen Universiteit heeft met behulp van genetische markers de verwantschap van honderd rassen en commerciële lijnen in kaart gebracht. Dit is gebeurd in

een groot samenwerkingsproject tussen Chinese en Europese onderzoeksinstituten. Het resultaat van dit unieke onderzoek is een genetische boom, die in dit artikel wordt uitgelegd.



Wie kijkt naar de lijst van diersoorten van de Stichting Zeldzame Huisdieren zal het zijn opgevallen dat het varken ontbreekt. Ondanks – of wellicht dankzij – het feit dat Nederland een belangrijke varkensproducent is, is er geen enkel oorspronkelijk varkensras bewaard gebleven. De oorzaak hiervan is onder andere het pragmatisch gebruik van uitheemse bloedlijnen voor verbetering dan wel vervanging van aanwezige varkenslijnen. Dit proces werd met name versneld door het importeren van Engelse rassen zoals het Groot Yorkshire varken, ook wel 'Large White' (Grote Witte) genaamd

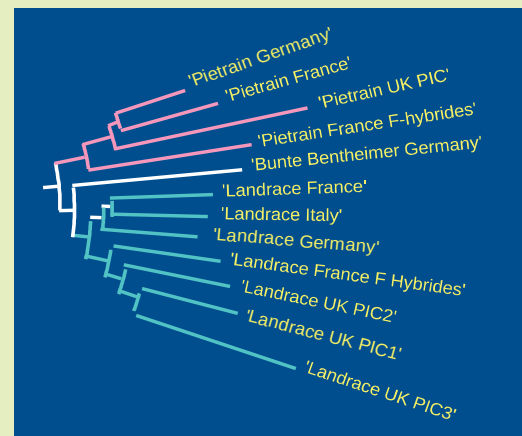
De praktijk van verbetering en vervanging met nieuwe varkensrassen is niet beperkt gebleven tot Nederland. In heel Europa worden al honderden jaren traditionele varkensrassen veredeld en vervangen vanwege economische motieven, maar ook om in te springen op de veranderende smaak van consumenten. Bijgevolg zijn in heel Europa talloze varkensrassen verdwenen, veel al in de negentiende eeuw, maar het is een proces dat nog steeds doorgaat. In 2000 was slechts ongeveer een kwart van de ruim driehonderd erkende Europese varkensrassen niet bedreigd, en was ongeveer eenderde daarvan al aangemerkt als 'uitgestorven'.

Varkensdiversiteit in kaart

De zorgen om het voortbestaan van varkensdiversiteit hebben ertoe geleid dat een aantal organisaties in Europa de handen ineen heeft geslagen om een groot project op te zetten om deze diversiteit in kaart te brengen. Het eerste project was het zogenoemde PigBioDiv project en werd gecoördineerd en gefinancierd door de Europese Gemeenschap. Het project

Hoe genetische verwantschappen te interpreteren

In dit kader is het deel van de boom met daarin Pietrain, Landras en Bunte Bentheimer uitvergroot. De verschillende lijnen, ook wel populaties genoemd, van zowel Pietrain als Landras groepeeren netjes bij elkaar. De Bunte Bentheimer staat hier tussen beide commerciële rassen in, een positie die volgens onze analyse overigens onzeker is. In elk geval is dit ras wel prima te onderscheiden van de commerciële rassen. De Bunte Bentheimer groepeerd dus wel 'met', maar niet 'tussen' Pietrain of Landras.



kreeg een tweede fase toen ook de Chinese Academie van Wetenschappen interesse toonde om voor de Chinese varkens een vergelijkbaar project te starten. Dit leidde tot een gezamenlijk Europees-Chinees project – PigBioDiv2 – waarin voor de allereerste keer varkens uit Europa en China in een enkel project samen zijn bestudeerd. Dit was met name belangrijk omdat de Chinese overheden meestal de export van materiaal voor onderzoek verhinderen.

Het PigBioDiv-2 project maakte het dus voor de allereerste keer mogelijk om integraal een groot deel van de Europese en Chinese varkensdiversiteit te bestuderen. In de figuur op pagina 20 laat een boom zien die de verwantschappen tussen ongeveer honderd varkensrassen en commerciële lijnen weergeeft. Wat heel duidelijk uit deze boom blijkt is dat China (labels in roze) en Europa (labels in geel) heel verschillende varkensrassen hebben. Dit hadden we ook verwacht omdat al

bekend is dat het varken in Europa en China twee keer onafhankelijk van elkaar vanuit het wilde zwijn zijn gedomesticeerd. De bijdrage van Chinese rassen aan de oorsprong van moderne Europese rassen lijkt dus beperkt te zijn. Een interessant ras is de Tia Meslan (label in lichtblauw), een zogenoemd synthetisch ras gecreëerd uit Europese en Chinese rassen. In de boom is dit ras precies tussen de Europese en Chinese rassen in te vinden.

Invloed commerciële fokkerij

Voor het beheer van rassen en de variatie daarin konden uit onze studie een aantal conclusies worden getrokken. Eén daarvan is dat ondanks decennia van commerciële fokkerij – inclusief mogelijk het introduceren van andere bloedlijnen – de commerciële rassen zoals Groot Yorkshire (Large White) en het Landras nog steeds als ras te onderscheiden zijn. Dit is een belangrijke constatering omdat het aan-



Variatie in varkens; in het midden wild zwijn, aan de linkerkant meest Europese, aan de rechterkant Chinese varkensrassen

geeft dat de commerciële fokkerij terughoudend is met het maken van kruisingen tussen rassen. Het is wel zorgwekkend dat sommige commerciële lijnen een nog hogere mate van inteelt hebben dan sommige bedreigde traditionele rassen.

Een andere belangwekkend resultaat is dat de meeste Zuid-Europese rassen genetisch sterk op elkaar lijken. Dit is uit historische bronnen ook te verwachten maar is niet eerder aangetoond. Echter de genetische onderbouw voor deze gezamenlijke oorsprong is niet erg sterk, hetgeen mogelijk komt door het inkruisen met commerciële rassen. De situatie in China daarentegen is helemaal anders. Op grond van topografie en exterieurkenmerken hebben Chinese wetenschappers

de varkens van China al in zes verschillende ‘typen’ ingedeeld. Deze verschillen zijn ook zeer goed genetisch terug te vinden. Verder laat ons onderzoek zien dat Chinese varkens een gemiddeld veel grotere genetische variatie vertonen dan de Europese. Een van de uitingen daarvan zijn bijvoorbeeld de langere takjes in de boom. Deze grotere variatie komt mogelijk doordat de lokale wilde zwijnen waaruit de Chinese varkens zijn voortgekomen een grotere mate van diversiteit hadden. Ook zijn er theorieën dat de Chinese varkens meerdere keren uit wild zwijn zijn gedomesticeerd. Of wellicht had je vroeger in Europa ook veel meer variatie, maar is door het gesleep met rassen en commerciële lijnvorming een vermindering

van genetische variatie ontstaan. Op dit moment kunnen we daar nog niet goed uitsluitsel over geven. Daarom zijn we momenteel bezig met een nieuw onderzoek om op grote schaal varkens en wilde zwijnen van letterlijk elk continent (behalve Antarctica) te screenen. Daarbij is gebruikt gemaakt van een mede door ons ontwikkelde chip die het mogelijk maakt om zestigduizend DNA-merkers per dier tegelijk te scoren. Met ongeveer honderd miljoen datapunten kunnen we zo op niet eerder vertoonde schaal, de variatie van varken en wild zwijn in kaart brengen. De eerste resultaten laten zien dat deze studie een enorme vooruitgang zal betekenen voor ons begrip van variatie in varken en de manier om die te behouden. ●