HET BEHOUD VAN DE GENETISCHE VARIATIE IN ZELDZAME HUISDIERRASSEN

door F.P.G. Princée, Beverstraat 51, 3513 AP Utrecht.

Sla een willekeurige pagina open in het boekje "Huisdierrassen in Nederland" en een scala aan uiterlijke vormen valt direct op. Bij het aanschouwen van b.v. al die verschillende runderrassen is het moeilijk voor te stellen dat deze uiteindelijk van één wilde soort (de oeros) afstammen. Toch is een groot aantal van de kenmerken (en niet alleen de uiterlijke) van onze huidige runderrassen afkomstig uit die ene soort. Binnen de oeros was dus een zeer grote variatie in erfelijke kenmerken (kortweg: genetische variatie) aanwezig.

In dit artikel zal nader worden ingegaan op het belang van een grote genetische variatie in de wilde diersoort en uiteraard de zeldzame huisdierrassen. Voorts zal worden aangegeven hoe een beleid gericht op het behoud van de genetische variatie in een fokprogramma kan worden ingepast.

1. Belang van genetische variatie

Ter verduidelijking van het belang van de genetische variatie voor een diersoort kan het volgende (fictieve) voorbeeld gelden. In een natuurgebied leeft een hertensoort. Een veel voorkomende ziekte onder de herten wordt veroorzaakt door een bepaald virus. De meeste dieren zijn echter resistent voor het virus. Bij het uitbreken van een epidemie overleeft dan ook het grootste gedeelte van de groep. In een bepaald jaar blijkt echter de ziekte weer op te treden, maar nu sterft bijna de gehele groep. Na onderzoek blijkt dat de ziekte wordt veroorzaakt door een zeldzame variant van het virus. Slechts enkele dieren bleken resistent te zijn voor deze variant.

Dit voorbeeld kenschetst een veel voorkomende gang van zaken in de natuur. Bij veranderde omstandigheden (b.v. variant een virus of het klimaat) blijkt een

soort zich te kunnen handhaven doordat in ieder geval een kleine groep al reeds is aangepast. Het voorkomen van de verschillende erfelijke kenmerken (b.v. resistent voor het algemene virus of de zeldzame variant) beschouwt men als een genetische variatie.

De omstandigheden waarin onze huisdierrassen leven lijken ver van de natuur te staan. Er zijn geen roofvijanden, voedsel is er in overvloed en de medische zorg is uitstekend. Toch staan onze huisdierrassen niet los van de natuur. Om bij virussen te blijven: van tijd tot tijd treden nieuwe varianten op waartegen geen geneesmiddel werkt. Is er een grote genetische variatie binnen het ras dan is er een grote kans dat enkele dieren resistent zijn. Het ras blijft behouden.

Voor alle duidelijkheid dient bier vermeld te worden dat de genetische variatie alle erfelijke kenmerken omvat. Het voorbeeld van de resistentie is gebruikt omdat het een zogenaamd "onzichtbaar" kenmerk is. Dergelijke kenmerken openbaren zich pas bij het optreden van bepaalde omstandigheden. Bijvoorbeeld een hittegolf waar slechts enkele dieren tegen bestand blijken te zijn. Daar deze kenmerken, zolang een bepaalde situatie zich niet voordoet, voor de mens onbekend zijn, kan men er ook niet op selecteren. De genetische variatie dient dan ook als een soort buffer gezien te worden. Het biedt een wilde soort of een huisdierras de mogelijkheid zich onder veranderde omstandigheden te handhaven. Het behouden van de genetische variatie is dan ook een belangrijke preventieve maatregel.

2. Oorzaken van afname van variatie

Bij het fokken met kleine groepen dieren (zoals de zeldzame huisdierrassen) bestaat het gevaar dat de genetische variatie afneemt. Zoals in het navolgende

zal worden verduidelijkt bestaat bij een verlies aan genetische variatie een grote kans dat zeldzame kenmerken, die onder specifieke omstandigheden gunstig zijn, verdwijnen.

Wat zijn de oorzaken voor een afname van de genetische variatie? Twee oorzaken kunnen hiervoor worden aangewezen:

1) Inteelt met familie verwante dieren.

2) Het verdwijnen van eigenschappen door toeval.

De kans dat een dier een zeldzame kenmerk bezit is klein. Als een dier een zeldzaam kenmerk niet bezit, bestaat er een grote kans dat familieleden dit kenmerk eveneens niet bezitten. Paring tussen familieleden heeft dan als gevolg dat de zeldzame eigenschap niet meer onder de nakomelingen voorkomt. De genetische variatie neemt dus af ten gevolge van inteelt.

Bezit een bepaald dier wel een zeldzaam kenmerk dan is nog steeds de kans dat een onverwante partner deze eigenschap bezit klein. Zijn beide dieren homozygoot voor het zeldzame kenmerk dan wordt de zeldzame eigenschap volledig doorgegeven aan de nakomelingen. Zijn beide dieren heterozygoot dan bepaalt het toeval of een nakomeling al of niet het zeldzame kenmerk bezit. Het gehele proces waarin zowel de partnerkeuze en dus de erfelijke kenmerken als erfelijke kenmerken van de nakomelingen onder invloed staan van het toeval wordt genetische drift genoemd.

Het toevalsproces "genetische drift" wordt door drie factoren beïnvloed: de grootte van de groep, de verhouding mannen/vrouwen en het aantal nakomelingen per individu. Op welke wijze is de groepsgrootte van invloed? Vergelijk twee groepen, een van 100, de andere van 1000 dieren. Stel dat in deze groepen 1 % van de dieren een bepaald zeldzaam kenmerk bezit. In de groep van 100 heeft dus 1 dier het zeldzame kenmerk. Als, om een of andere reden, dit dier niet aan de voortplanting deelneemt, is het zeldzame kenmerk uit de groep verdwenen. Als in een groep van 1000 dieren 1 dier met een zeldzaam kenmerk niet aan de voortplanting deelneemt, zijn er nog altijd 9 dieren over. In kleine groepen bestaat dus een grotere kans dat een kenmerk volledig verdwijnt.

De invloed van de geslachtsverhouding en de verdeling van nakomelingen over de dieren zijn onderling vergelijkbaar. Beide hebben zij invloed op het aantal mogelijke paarcombinaties. Het zal duidelijk zijn dat een paring tussen twee dieren die homozygoot zijn voor een zeldzaam kenmerk de beste waarborg is voor het behouden van

dit kenmerk in de nieuwe generatie. Bij een paring tussen heterozygote dieren bestaat immers een kans dat geen enkele nakomeling het kenmerk (heterozygoot of hormozygoot) bezit. Daar slechts weinig dieren het zeldzame kenmerk bezitten bestaat een grote kans dat de juiste paarcombinatie zich niet voordoet. Deze kans wordt vergroot wanneer het aantal combinaties wordt beperkt. In een groep met 5 mannen en vrouwen zijn 25 combinaties mogelijk (5 per man). In een groep met 1 man en 8 vrouwen zijn slechts 9 combinaties mogelijk. Selectie ten gunste van bepaalde dieren beperkt niet alleen het aantal paarcombinaties. Door de ongelijke verdeling van nakomelingen worden bepaalde kenmerken in een veel hogere mate doorgegeven, veelal ten koste van de zeldzame kenmerken.

Migratieschema's voor een fokprogramma met 8 fokgroepen

3. Een mogelijk fokbeleid

Over het algemeen kan men er van uitgaan dat directe inteelt kan worden vermeden door een goed gebruik van stamboeken. De negatieve gevolgen van inteelt, en dus het belang van stamboeken, zijn iedere dierenfokker bekend. Het dient echter

duidelijk gesteld te worden dat een afname in genetische variatie dezelfde negatieve gevolgen kent. Naast het verdwijnen van zeldzame "gunstige" kenmerken, kunnen "schadelijke" kenmerken in verhouding toenemen. De genetische drift wordt dan ook wel als "populatie inteelt" omschreven.

Op basis van onderzoeken aan huisdierrassen heeft men vastgesteld dat de afname van de genetische variatie ten hoogste 1 % per generatie mag bedragen. Hierbij is berekend dat een groep dan minimaal uit 50 dieren moet bestaan. Voorwaarde is dan wel een gelijk aantal mannen en vrouwen en gelijke kansen voor ieder dier om nakomelingen te krijgen. Een dergelijke groep kan zich over een langere periode handhaven. Dit is echter de theoretische aanbeveling.

De praktijk van het fokken met zeldzame huisdierrassen voldoet duidelijk niet aan de in het theoretisch model gestelde voorwaarden. De totale fokgroep dient dan uit meer dan 50 te bestaan. De totale grootte van de zeldzame huisdierrassen is veelal klein (ze zijn tenslotte zeldzaam). Daarbij is de totale groep nog eens onderverdeeld in kleinere fokgroepen (b.v. schaapskudden). De verhouding tussen mannen en vrouwen is veelal, om praktische redenen, ongelijk (b.v. een ram in een schaapskudde). Voor het behoud van de specifieke kenmerken van een bepaald huisdierras wordt van tijd tot tijd geselecteerd. Juist de culturele waarde van de zeldzame huisdierrassen maakt het niet mogelijk selectie te vermijden. Een beleid voor het behoud van de genetische variatie dient dus op deze praktijksituatie te worden afgestemd.

Laten we als voorbeeld een zeldzaam schapenras nemen dat is verdeeld over 8 kudden. De opzet van het beleid is natuurlijk het behoud van het totale ras, maar ook van een zo ' n zelfstandig mogelijk functionerende kudde. Voor de leesbaarheid worden in het navolgende geen formules beschreven, alleen de berekende (en op hele cijfers afgeronde) resultaten.

Stel, iedere kudde bestaat uit 2 rammen en 23 ooien. Het verwachte venlies in variatie per fokgroep wordt bepaald door de zogenaamde effectieve groepsgrootte. Door de ongelijke geslachtsverhouding is deze lager dan de groepsgrootte. Per schaapskudde is de effectieve populatie dan ongeveer 7. Het verwachte verlies per generatie in een fokgroep is dan minimaal 7 %. Over de totale populatie is het venlies niet gelijk aan het gemiddelde over alle fokgroepen. In dit voorbeeld is het venlies (bij overigens een grootte van 200 dieren!) ongeveer 1 %. Bij selectie ten gunste van een van de rammen is de effectieve populatie nog lager, en daardoor het verlies (in zowel fokgroep als de totale populatie) groter.

In de fokgroep is het verlies hoger dan de aanbevolen 1 %. Het is dan ook van belang onverwante dieren in de groep te introduceren. Deze dieren zijn dan afkomstig uit een andere fokgroep. Doordat de genetische drift een toevalsproces is, zijn in iedere fokgroep andere zeldzame kenmerken verdwenen. Migratie tussen fokgroepen betekent dan ook een herverdeling van de zeldzame kenmerken.

Een beleid voor een huisdierras verdeeld over kleine fokgroepen vereist dan ook een gedegen migratieprogramma. In een dergelijk programma dient tevens inteelt vermeden te worden (stamboek!). Voor de 8 schaapskudden uit het voorbeeld is in figuur 1. een migratie-schema weergegeven. In de eerste generatie vindt en een emigratie plaats volgens schema A. Jonge dieren uit kudde 1 emigreren naar kudde 2. Vanuit 2 emigreren dieren naar kudde 3, etc. Kudde 1 betrekt zijn dieren uiteindelijk uit groep 8. Getracht wordt inteelt zolang mogelijk tegen te gaan. In de tweede generatie emigreren, vanuit kudde 1, dieren die onverwant zijn met de eerste emigranten, naar kudde 2. Indien dit niet mogelijk blijkt wordt overgestapt naar schema B. Dit schema wordt gehanteerd totdat ook hierbij inteelt niet meer te vermijden valt. Vervolgens wondt schema C gebruikt. In dit schema kan niet gerouleerd worden, en wordt tussen 2 groepen uitgewisseld. Uiteindelijk wordt weer overgestapt op schema A. Bij voorkeur zijn bij de emigratie alleen dieren van één geslacht betrokken.

Het migratie probleem is natuurlijk niet compleet: het aantal migranten per fokgroep dient bepaald te wonden. Zoals vermeld wijkt het fokschema meestal af van de theoretische modellen. Het verlies in genetische variatie (en daarmee samenhangend het aantal noodzakelijke migraties) kan dan niet zonder meer met theoretische formules worden bepaald. Een mogelijke oplossing wordt hier geboden door het gebruik van computermodellen. In een dergelijk model wordt op basis van stamboekgegevens het verlies in variatie berekend. Indien het verlies de 1 % grens overschrijdt, wordt het aantal noodzakelijke migranten berekend.

Doordat het model op basis van stamboekgegevens werkt, kan tevens het effect van selectie op de genetische variatie worden bepaald. Dit kan van belang zijn wanneer voor het behoud van de uiterlijke kenmerken van een ras, slechts bepaalde fokdieren gebruikt kunnen wonden.

Literatuur

M.Th. Frankenhuis, 1982, Huisdierrassen in Nederland, heden en verleden. Stichting Kon. Rotterdamse Diergaarde.

O.H. Frankel & M.E. Soule, 1981, Conservation and evolution. Cambridge University Press, Cambridge.