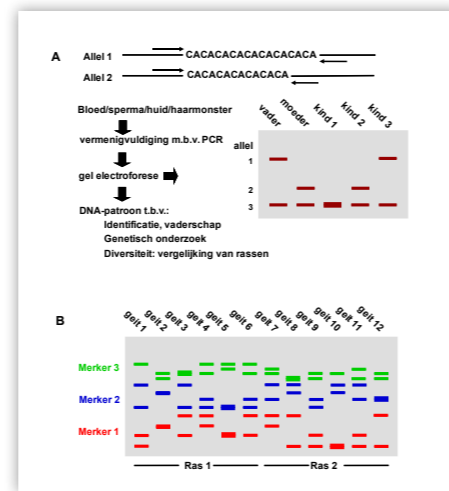


# DNA-onderzoek bij Europese geitenrassen

**Ongeveer tienduizend jaar geleden werd in het huidige Midden-Oosten de geit een huisdier, dat sindsdien overal ter wereld een vaste plaats heeft veroverd in onze maatschappij. Net als bij andere huisdieren ontstonden er in de loop der eeuwen verschillende lokale varianten. Echte rassen, min of meer geïsoleerde populaties die door systematisch fokken steeds meer van elkaar zijn gaan verschillen, zijn er pas sinds een paar honderd jaar. Zeker bij geiten dient de fokkerij niet alleen de productie, maar wordt deze ook bedreven als hobby. Rassen gaan dan fungeren als sociaal bindmiddel. Wat zou DNA-analyse hieraan kunnen toevoegen?**

DNA-technieken bieden steeds meer mogelijkheden om te kijken naar erfelijke verschillen tussen soorten, rassen en individuen. Een volledige uitleg zou te ver voeren en zou door de moderne ontwikkelingen ook snel worden achterhaald. We beperken ons tot de methoden die nu in gebruik zijn voor de identificatie van individuen en voor het vaststellen van ouderschap: het opmeten van de lengte van een aantal microsatellieten (ook wel simple-sequence repeats), stukjes DNA met de volgorde CACACACA- - - CA, waarbij het aantal CA-eenheden per individu verschilt. In ons DNA komen honderdduizenden van die microsatellieten voor, waarschijnlijk zonder enige functie. Het opmeten van de lengte van 10 tot 30 microsatellieten geeft dan een uniek patroon, het DNA-profiel (zie figuur 1 met voor de liefhebber een paar technische details). Omdat de lengte van microsatellieten erfelijk is, komen profielen van verwante individuen deels overeen. Omgekeerd, hoe groter de genetische diversiteit,

hoe minder de profielen op elkaar lijken. DNA-profielen worden nu veel gebruikt om de verwantschap van huiddierrassen te onderzoeken. Nu zou je verwachten dat dieren van hetzelfde ras veel meer op elkaar lijken dan dieren van verschillende rassen, maar dat scheelt meestal maar heel weinig. De meeste rassen bevatten dan ook een groot deel van de diversiteit van alle rassen samen. Hoe valt dat te rijmen met het feit dat dieren van hetzelfde ras op het oog zo sterk op elkaar lijken? De stukken DNA die zorgen voor de rasspecifieke kenmerken (bijvoorbeeld een bepaalde vacht kleur of een hoge melkproductie) vertegenwoordigen maar een klein deel van de totale hoeveelheid DNA (het genoom). Door selectief fokken is er binnen een ras in die stukken DNA (bepaalde genen, die we voor de meeste kenmerken trouwens nog niet eens kennen) weinig of geen variatie, maar de rest van het DNA, inclusief die microsatellieten, behoudt zijn diversiteit. Dit geldt voor de meeste rassen van boerderijdieren en dat maakt



*Figuur 1 – (A) Individuele variatie aan de hand van microsatellieten, waarvan de lengte kan worden gemeten door amplificatie met behulp van PCR (polymerasekettingreactie) en gel-electroforese. Per individu zijn er twee allelen (lengtevarianten), die afkomstig zijn van de vader, respectievelijk de moeder. Bij homozygote individuen hebben beide ouders hetzelfde allel doorgegeven. In deze figuur worden de allelen zichtbaar gemaakt als zogenaamde banden op een slab gel, maar de meest moderne apparatuur werkt met capillaire elektroforese waarbij een piekenpatroon ontstaat. Door verschillende microsatellieten te analyseren wordt voor elk individu een uniek profiel verkregen. Voor forensische identificatie worden 10 tot 16 merkers gebruikt en voor diversiteitsonderzoek 15 tot 30. (B) Voorbeeld van de vergelijking van 2 geitenrassen met 3 merkers.*

het ook uitermate lastig om op basis van die microsatellieten te bepalen welke rassen het meest de moeite waard zijn om in stand te houden.

## Verwantschap tussen rassen

Toch zijn die microsatellieten heel waar-

devol voor het onderzoek aan rassen. Zo kun je heel goed meten in hoeverre inteelt de genetische diversiteit van een bepaald ras reduceert. Verder zien we heel vaak dat lengtevarianten (allelen) bij het ene ras vaker voorkomen dan bij het andere (verschillen in allelfrequenties). We kunnen dan nagaan welke rassen het meest aan elkaar zijn verwant. Wat je daarvan kunt leren, wordt heel aardig geïllustreerd door de resultaten van het internationale samenwerkingsproject Econogene, dat van 2002 tot 2005 werd gefinancierd door de Europese gemeenschap. Van 45 geitenrassen werden monsters verzameld en geanalyseerd. We zagen een heel duidelijk geografisch effect: rassen uit dezelfde streek zijn relatief ook verwant. De rassen kunnen in vier groepen worden ingedeeld (figuur 2): Midden-Oosten met Klein-Azië, Zuid-oost-Europa, Zuidwest-Europa en Centraal-Europa (Zwitserland, Oostenrijk, Duitsland). Er was ook een duidelijk verval in de genetische diversiteit van het zuid-oosten naar het noordwesten, zoals in figuur 2 aangegeven door de waarden van de allelic richness. Dit alles is in overeenstemming met het gegeven dat de huisgeiten oorspronkelijk uit het Midden-Oosten kwamen en zich vanaf het begin van het Nieuwe Stenen Tijdperk geleidelijk over Europa hebben verspreid. Omdat telkens een gedeelte van de populatie verder Europa binnentrekt, ging dit gepaard met een verlies aan genetische diversiteit.

## Y-chromosoom

Dit beeld werd bevestigd door onderzoek aan het mannelijke Y-chromosoom, dat overerft van vader op zoon. Bij verschillende diersoorten, ook bij de mens, zien wij heel duidelijk dat de verdeling van

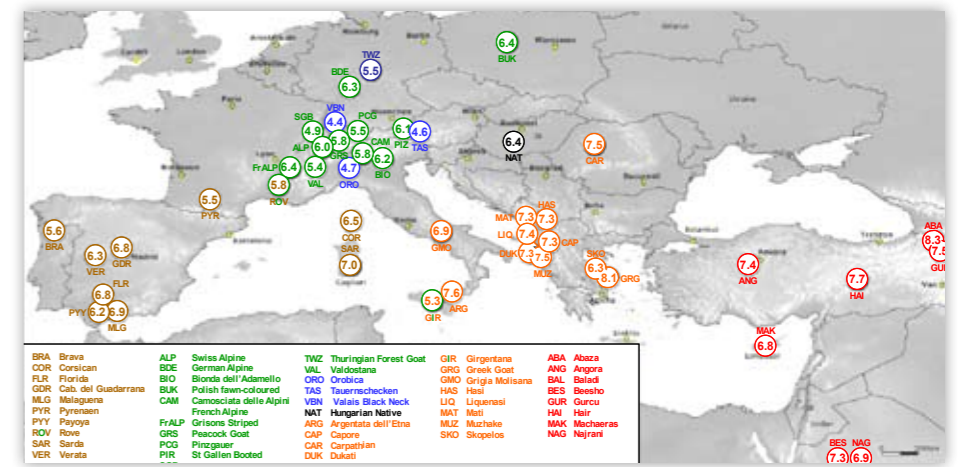
Y-chromosomale varianten streekgebonden is, veel duidelijker dan met microsatellieten. Dat komt waarschijnlijk doordat bij veel diersoorten alleen de meest dominante mannelijke individuen zich voortplanten. Bij de mens speelt waarschijnlijk ook een rol dat door uithuwelijken van vrouwen de genetische diversiteit zich verspreidt, terwijl het Y-chromosoom meer streekgebonden blijft (de patrilocaliteit). Bij geiten vonden we twee Y-chromosomale varianten (haplogroepen), waarvan er één is onderverdeeld in drie subvarianten (haplotypes). In het Midden-Oosten komt haast alleen de andere haplogroep voor, maar deze is in Centraal-Europa en Italië volledig afwezig. Weer zien we dat de invoering van de huisgeit in Europa duidelijke sporen heeft achtergelaten in het huidige patroon van de genetische diversiteit.

## DNA-onderzoek bij schapen

Bij schapen, die ook werden onderzocht tijdens het Econogene-project, zien we iets heel anders. Net als bij de geit vormen de rassen uit het Midden-Oosten en Klein-Azië een aparte groep, net als de rassen uit Zuidoost-Europa. In de rest van Europa is er echter geen duidelijk verband tussen genetische en geografische afstand. Kennelijk is het vaak voorgekomen dat de eigenschappen van een ras werden verbeterd door rammen uit andere streken in te zetten. Hierbij waren vooral de Spaanse Merino's en Engelse rammen heel populair. Bij geiten, die veel kleinschaliger worden gehouden en waarmee minder gericht werd gefokt, gebeurde dit veel minder. Het DNA-onderzoek bevestigt wat we natuurlijk al heel lang wisten: geiten zijn heel andere dieren dan schapen.

Zoals gebruikelijk blijven er nog veel vra-

*Figuur 2 – Genetische diversiteit van geitenrassen. Rood, oranje, bruin en groen geven vier groepen van rassen waarbinnen de onderlinge verwantschap relatief hoog is. In blauw wordt een aantal rassen aangegeven uit de groene groep die door inteelt veel verschillen van alle andere rassen. De getallen binnen de cirkels zijn de waarden van de allelic richness als maat voor de genetische variatie binnen het ras*



gen onbeantwoord. Hoe passen bijvoorbeeld Franse, Nederlandse en Scandinavische geiten in ons plaatje? Veel geiten in onze streken stammen af van Zwitserse rassen, maar dat geldt niet voor de Nederlandse Landgeitassen. Ook is de relatie met Aziatische en Afrikaanse rassen nog

niet duidelijk, maar daar wordt nu aan gewerkt. De techniek staat niet stil. Voor het onderzoek aan rassen wordt nu steeds meer gebruikgemaakt van een ander type genetische merker, de SNP (uitgesproken als snip, single nucleotide polymorphism),

die ongetwijfeld nog veel meer zal openbaren over de verwantschap en geschiedenis van rassen. We hopen dat we uiteindelijk in staat zullen zijn om de raskenmerken op DNA-niveau te onderzoeken, iets wat nu alleen nog bij uitzondering mogelijk is.

•

## Van het projectbureau

### Start projectbureau 'Behoud Nederlands levend erfgoed'

**Begin dit jaar stond er in Zeldzaam Huisdier een personeelsadvertentie voor twee medewerkers voor het nieuw op te richten projectbureau 'Behoud Nederlands levend erfgoed'. Inmiddels zijn er twee medewerkers aangenomen die zich hierbij voorstellen.**

#### Nicole Schalkx

Nicole is 43 jaar en woonachtig in Rottum (vlak bij Heerenveen). Zij woont daar in het buitengebied en heeft twee Groninger paarden, kippen (nog niet zeldzaam), een hond en een kat. In 1987 studeerde zij af aan de Hogeschool IJsselland, opleiding milieukunde met afstudeervakken natuur- en landschapsbeheer en voorlichtingskunde. Daarna heeft zij twaalf jaar gewerkt in de natuur- en milieu-educatie bij de gemeenten Epe, Leidschendam en Soest. In 2000 heeft zij de overstap gemaakt naar het basisonderwijs, waar zij tot voor kort werkte in de onder- en middenbouw. Met het werk voor het projectbureau kan zij haar hobby, het promoten van het Groninger paard, verbreden naar alle zeldzame huisdierrassen. Nicole vindt het leuk men-

sen te stimuleren en te enthousiasmeren. Kwaliteiten die zij voor haar functie als communicatiemedewerkster goed kan gebruiken.

#### Jolanda Roelfzema

Afgelopen november is Jolanda, op 25-jarige leeftijd, afgestudeerd aan de universiteit van Wageningen met als specialisatie fokkerij en genetica. Haar werkzaamheden bij het projectbureau zullen dan ook vooral op het gebied van de fokkerij liggen. Waarom zij voor de SZH heeft gekozen, is eigenlijk vrij simpel. Tijdens haar studie heeft ze zich al meerdere keren ingezet voor het behoud van diersoorten. De eerste keer was tijdens het afstuderen aan de HAS in Den Bosch, waar ze een bedrijfsplan maakte voor een schaapskooi. Deze



Nicole Schalkx



Jolanda Roelfzema

schaapskudde kende niet alleen zes inheemse schapenrassen, maar ook een paar inheemse runderrassen.

Aan de universiteit van Wageningen heeft zij zich gespecialiseerd in het behoud van dieren. Daar heeft zij in opdracht van het Gelders landschap de Gelderse Slenk (zeldzaam duivenras) geïnventariseerd en van daaruit een fokadvies gegeven. Verder heeft ze, als echte hondenuitdager, een Friese stabij en is zij actief binnen de vereniging als lid van de fokadviescommissie.

Al met al een behoorlijke basis om in te brengen binnen het projectbureau.

Tekst: Dirk de Jong

## Themadag fokkerij en behoud van vitale kippenrassen

**Een beetje angstig ging ik vrijdag 18 april op weg richting Lelystad, naar een themadag. Welke gevaren doemden nu weer op boven onze mooie kippenhobby? Doen we te veel aan inteelt, loopt de vitaliteit van de zeldzame hoenderrassen terug? De themadag werd georganiseerd door het Centrum voor Genetische Bronnen Nederland van Wageningen UR, in samenwerking met de Stichting Zeldzame Huisdierrassen.**

De gekozen locatie voor de themadag, het auditorium van de Animal Sciences Group in Lelystad, was indrukwekkend. Zo ook de sprekers. Jack Windig mocht openen met 'Inteelt, verwantschappen en consequenties van inteelt'. Hier werden we al wakker-geschud; wetenschappers zijn geen hobbyfokkers en trekken andere conclusies. De volgende spreker, Piter Bijma, besprak het onderwerp 'Fokkerij, gericht op gewenste eigenschappen maar met behoud van variatie'. Bij deze voordracht zat het beste idee van de dag: de fokcirkel. Bij een fokcirkel schuift elk jaar een jonge haan door naar een andere toom. Dit gebeurt ieder jaar naar dezelfde toom, van A naar B, van B naar C, van C naar D, de laatste gaat dan weer naar A en de cirkel is rond. Hier mogen we wel eens over nadenken, dit kunnen wij in praktijk brengen. Zeldzame rassen of kleurslagen kunnen baat hebben bij het principe van fokcirkels. Om de verwantschap ('inteelt') tussen dieren te minimaliseren zou een fokcirkel grofweg uit minimaal twaalf koppels moeten bestaan. Daarna kreeg Richard Crooijmans de aandacht met 'Genetische verschillen tussen pluimveerassen'. We kregen een kijkje in de

toekomst aangeboden; er is al heel veel bekend waar iedereen zijn voordeel mee kan doen. Zo zijn er bij zowel de mens als de kip al 20.000 genen bekend en dat is pas het begin, hebben we begrepen. Om het onderzoek voort te kunnen zetten was er het verzoek om achttien dagen bebroede eieren met embryo's in te vriezen. Per ras dertig stuks, zo min mogelijk verwante dieren. De aanwezige fokkers hadden een simpelere oplossing: verzamel broedeieren en broed die op de plaats van onderzoek uit.

Na de lunch besprak Bart Ducro 'Genetische afwijkingen'. Hij bevestigde enerzijds wat wij al jaren weten: zuivering door inteelt; foute genen kunnen weggefokt worden. We hoorden hier anderzijds ook de waarschuwing dat door inteelt bepaalde eigenschappen heel langzaam achteruit kunnen gaan, zoals de vruchtbaarheid, uitkomst enzovoort. Op rasniveau moet daarom inteelt wel worden beheerst. De volgende spreker was Frans van Sambeek met 'Fokkerij en het behoud van genetische variatie in commerciële pluimveefokkerij'. Hier kregen we een kijkje in de keuken van de commerciële pluimveehouderij. Volgens

deze spreker was het niet zinvol om (opnieuw) dubbeldoelkippen te gaan fokken; de eieren en kipfilet zouden eens zo duur worden.

De laatste spreker was onze 'eigen' Ad Boks. Ad besprak de ingestuurde vragenlijsten. Het was geweldig dat zoveel clubs en liefhebbers gehoor gegeven hadden om de lijsten in te vullen en terug te sturen. De precieze uitslagen zullen wel in een ander kader gepubliceerd worden. Dat is het meer dan waard. Er zijn heel verrassende conclusies te trekken. Hobbyfokkers zijn uniek, die hebben geen kleine groep die de fokrichting uitzet, door het ene mannelijke dier af te wijzen en het dier van hun smaak toe te laten. Kippen kennen ook mannelijke kampioenen, door keurmeesters bepaald. Die worden niet massaal voor de fokkerij ingezet, die worden thuis bij hun eigen hennen gezet. De buurman heeft zijn eigen haan.

Bij hobbyfokkers bestaat de jury uit net zoveel personen als er fokkers zijn, met allemaal een persoonlijke voorkeur. Zo wordt de biodiversiteit behouden en door inteelt de stammen gezuiverd van foute genen. Mocht er eens een dier met genetische fouten toch in de fokkerij opgenomen worden, dan is zijn of haar invloed zo klein dat verwijdering van deze foutieve dieren geen ramp veroorzaakt. Als we nu eens wat minder op verenschoonheid selecteerden en wat meer op het nut, dan konden we nog belangrijker zijn in de grote genenbank die hier vandaag werd voorgesteld.