



Heiderunderen van de Stroomdal kudde

Afstammingsonderzoek en genetische vergelijking met de Nederlandse dubbeldoel runderrassen

Mira Schoon en Jack Windig

CGN rapport 56



WAGENINGEN
UNIVERSITY & RESEARCH

Heiderunderen van de Stroomdal kudde

Afstammingsonderzoek en genetische vergelijking met de Nederlandse dubbeldoel runderrassen

Mira Schoon¹² en Jack Windig¹²

1 Centrum voor Genetische bronnen Nederland (CGN), Wageningen University & Research (WUR)

2 Wageningen Livestock Research, Wageningen University & Research

Dit onderzoek is uitgevoerd door CGN en gesubsidieerd door het ministerie van Landbouw, Natuur en Voedselkwaliteit (LNV), in het kader van WOT-03 Genetische Bronnen (projectnummer WOT-03-002-068).

Centrum voor Genetische Bronnen Nederland (CGN) Wageningen University & Research
Wageningen, juli 2022

CGN rapport 56

Samenvatting - Gezien de kleine populatie Heidekoeien in Nederland, minder dan 100 volwassen vrouwelijke fokdieren (status 2021), is het belangrijk om te sterke inteelttoename te voorkomen, en zijn complete en betrouwbare afstammingsgegevens essentieel. Het Centrum voor Genetische bronnen Nederland (CGN), van Wageningen University & Research (WUR) heeft in 2021/2022 meerdere analyses van de populatie Heidekoeien uitgevoerd voor Stichting Schaapskudde Het Stroomdal. Jongere generaties lieten veelal een hogere Mean Kinship (gemiddelde verwantschap) zien dan de groep oudere dieren. Door de Mean Kinship van de populatie te monitoren kunnen op tijd maatregelen worden genomen om inteelt te beperken. De Heidekoeien in deze dataset zijn als populatie genetisch goed te onderscheiden van de erkende Nederlandse dubbeldoel runderrassen. Maar dit maakt de Heidekoe nog niet een stabiel ras met een eigen fokpopulatie. Het dringende advies luidt om gezamenlijk, met alle veehouders en herders met Heidekoeien, een duurzaam fokprogramma op te stellen voor de lange termijn. Een tweede advies is om contact op te nemen met Deense organisaties die betrokken zijn bij het beheer van de levende populaties en de genenbank van het vergelijkbare ras in Denemarken (Jutland vee).

Summary - The population size of Jutland cattle ('Heidekoe' in Dutch) in the Netherlands is less than 100 breeding females (status 2021). In order to minimize inbreeding rates in this small population, complete and reliable pedigree data are essential. The Centre for Genetic Resources, the Netherlands (CGN) of Wageningen University & Research (WUR) performed several analysis of the Heidekoe populations in 2021/2022 for the 'Stichting Schaapskudde Het Stroomdal'. The results showed higher Mean Kinships for the younger generations and lower Mean Kinships for the older animals. The Jutland cattle can be genetically distinguished from the Dutch native (dual purpose) cattle breeds. Though with just 100 breeding females registered in the Netherlands, it is a challenge to maintain the Jutland cattle as a separate population. The advice is therefore to draw up a sustainable breeding programme for the long term, working together with all Dutch Jutland cattle farmers or shepherds and explore possible collaborations and exchange of genetic material with Danish organisations involved with the conservation and breeding program for Jutland cattle in Denmark. population managers.

Dit rapport is gratis te downloaden op <https://doi.org/10.18174/572792> of op www.wur.nl/cgn onder CGN rapporten.

© 2022 Centre for Genetic Resources, the Netherlands (CGN), Wageningen University & Research E cgn@wur.nl. Wageningen University & Research aanvaardt geen aansprakelijkheid voor eventuele schade voortvloeiend uit het gebruik van de resultaten van dit onderzoek of de toepassing van de adviezen.

Alle rechten voorbehouden. Niets uit deze uitgave mag worden vermenigvuldigd en/of openbaar gemaakt worden door middel van druk, fotokopie, microfilm of op welke wijze dan ook zonder voorafgaande toestemming van de uitgever of auteur.



De certificering volgens ISO 9001 onderstreept ons kwaliteitsniveau.

Inhoud

	Woord vooraf	5
	Samenvatting	7
1	De Heidekoe in Nederland	9
2	Materiaal en methode	10
	2.1 Materiaal	10
	2.2 Methode	13
3	Resultaten	14
	3.1 Verwantschappen Heidekoe dataset	14
	3.2 Top 3 op basis van verwantschappen	15
	3.3 Ranking op basis van Mean Kinship	18
4	Resultaten Heidekoe vs. Nederlandse dubbeldoelrassen	20
	4.1 STRUCTURE resultaten DNA-test voor rasidentificatie	21
	4.2 STRUCTURE resultaten Clustering	22
5	Conclusies en aanbevelingen	23

Woord vooraf

Het Centrum voor Genetische Bronnen Nederland (CGN) biedt technische en strategische ondersteuning in de ontwikkeling van duurzame fokprogramma's en het behoud van genetische diversiteit binnen de Nederlandse landbouwhuisdierrassen. Behalve aan (erkende) Nederlandse landbouwhuisdierrassen geeft het CGN op aanvraag ook andere organisaties betrokken bij verschillende landbouwhuisdierrassen advies over het behoud van genetische diversiteit en duurzaam gebruik van beschikbare fokdieren.

De Heidekoe is een type rund wat van oudsher altijd voorkwam in Nederland en met een specifiek doel is gehouden, het begrazen van de heide. Nadat alle dieren uit Nederland verdwenen waren is er begin deze eeuw begonnen aan een herintroductie van de Heidekoe in Nederland. Er zijn nu ongeveer honderd dieren, die in verschillende kuddes op de heide waarbij ze ingezet worden voor natuurbegrazing en een aanvulling zijn op de schaapskuddes. Dit zeer beperkte aantal dieren maakt het belang van een goede dierregistratie en een goed doordacht fokprogramma essentieel voor een gezonde toekomst.

Met dank aan de haarmonsters en genotypering beschikbaar gesteld door Stichting Schaapskudde Het Stroomdal heeft het CGN de analyses in dit rapport uit kunnen voeren. Het CGN stelt haar kennis en ondersteuning beschikbaar in de opvolging van de in dit rapport beschreven aanbevelingen om de Heidekoeien in Nederland te behouden en de populatie verder uit te breiden tot een gezonde fokpopulatie.

Samenvatting

Gezien de kleine populatie Heidekoeien in Nederland, minder dan 100 volwassen vrouwelijke fokdieren (status 2021), zijn complete en betrouwbare afstammingsgegevens essentieel. Vanuit het bestuur van Stichting Schaapskudde Het Stroomdal bestond er een vermoeden dat niet alle afstammingsgegevens volledig en correct waren. Behalve om verificatie van afstammingen ook een advies gevraagd om de beschikbare genetische diversiteit zo goed mogelijk te benutten en in te zetten voor de lange termijn. Het Centrum voor Genetische bronnen Nederland (CGN), van Wageningen University & Research (WUR) heeft in 2021/2022 meerdere analyses uitgevoerd voor Stichting Schaapskudde Het Stroomdal. Enerzijds is er gekeken of beschikbare afstammingsgegevens voldoende overeen kwamen met de verwachtingen op basis van genotype gegevens. Anderzijds is er ook gekeken naar of de Heidekoe als een apart ras herkend kan worden op basis van unieke genetische diversiteit te onderscheiden is van de erkende Nederlandse dubbeldoel rundveerassen.

De resultaten van de analyses kunnen gebruikt worden voor het wel of niet onderbouwen van de beschikbare afstammingsgegevens. Zo zijn bijna alle verwantschappen met moederdieren waar genotypes van beschikbaar waren als meest verwanten naar voren gekomen. Evenals verschillende (half)broer-zus, neven en nichten. En is er voor het dier met missende aan moederskant een potentieel moederdier gevonden. Eén van de geregistreerde vaders van zes dochters is naar alle waarschijnlijkheid en op basis van de gevonden resultaten, niet het juiste vaderdier. Op basis van de beschikbare gegevens kan hier nog geen uitsluitel over gegeven worden en ook geen mogelijke andere vaderdieren aangedragen worden. Haarmonsters uit andere kuddes zouden hieraan kunnen bijdragen.

De Mean Kinship van de gegenotypeerde dieren verschillen, van veelal lagere verwantschappen tussen oudere dieren en de jongere generaties met hogere Mean Kinships. Belangrijk is dat er uit de Stroomdal kudde veel meer dieren in deze dataset waren opgenomen dan uit de tweede kleinere kudde. Het is dan ook zeer waarschijnlijk dat de Mean Kinships van deze dieren daarom (veelal) hoger liggen dan deze andere dieren, en dus geen werkelijke representatie geeft voor de totale populatie maar alleen voor deze kudde. Ook hiervoor zouden meer haarmonsters uit verschillende kuddes aan bij kunnen dragen. De Mean Kinships zijn een waardevolle methode om de inteelttoename te beperken, het 'zelf-herstellende' vermogen naar aanleiding van het gebruik van dezelfde fokdieren maakt dit op de lange termijn het meest duurzame systeem. Hiervoor is het wel essentieel dat er een zeer betrouwbare dierregistratie wordt bijgehouden, en vooral van alle fokdieren in de gehele populatie.

De Heidekoe is als eigen 'populatie' te onderscheiden van de op dit moment erkende Nederlandse (dubbeldoel) runderrassen. Het hoogste aandeel kwam vaak overeen met de Fries Hollandse zwartbonte populatie, maar lang niet voldoende om de Heidekoe binnen dit ras te plaatsen. Het aandeel van de verschillende dubbeldoel rassen was redelijk uniform voor alle Heidekoeien. Ook kwam het ras er goed uit bij het aanwijzen van de verschillende groepen. Beide suggereren dat de Heidekoeien in deze dataset goed als populatie te onderscheiden zijn van de Nederlandse erkende dubbeldoel runderrassen.

Maar dit maakt de Heidekoe nog niet als een volledig ras met eigen fokpopulatie. Met rond de 100 fokdieren in Nederland geregistreerd is het een grote uitdaging om de Heidekoe als 'eigen' populatie te onderhouden. Het dringende advies luidt dan ook om gezamenlijk, met daarbij de Stroomdal Kudde en overige veehouders met Heidekoeien, een duurzaam fokprogramma op te stellen voor de lange termijn. Afspraken te maken over het uitwisselen van fokdieren en het beperken van de inteelttoename voor het hele ras. Vanuit het CGN denken wij hier graag in mee en kunnen ondersteuning en advies uitbrengen voor de korte en langere termijn.

1 De Heidekoe in Nederland

De Heidekoe is een runderras wat lange tijd voorkwam op de Nederlandse heide. In de vorige eeuw is de Heidekoe uit Nederland verdwenen. Daarbij is geen rekening gehouden met de specifieke kwaliteiten van de Heidekoe en de waardevolle inzet voor natuurbegrazing op de hei. In 2006 zijn er Jutlandse koeien vanuit Denemarken naar Nederland gebracht door Gelders Landschap en Kastelen, dit is het oorspronkelijke type Heidekoe wat we in Nederland kenden. Op 1 januari 2021 waren er 95 zuivere heidekoeien en 25 zuivere heidestieren in Nederland geregistreerd. De dieren zijn verdeeld over enkele grotere kuddes en daarnaast over kleinere koppels verspreid bij een aantal particulieren en in verschillende natuurgebieden in Nederland.

‘Stichting Schaapskudde Het Stroomdal’ (Stroomdal kudde) is eigenaar van een van de grootste kuddes, met 20 volwassen koeien, drie volwassen stieren (waarvan twee ingezet worden voor de fokkerij), twee koe- en twee stierpinken en twee koekalveren (status eind 2021).

In 2020 is er vanuit het bestuur van de Stroomdal kudde contact opgenomen met het Centrum voor Genetische bronnen Nederland (CGN) van Wageningen University & Research. Gezien de kleine populatie Heidekoeien in Nederland, minder dan 100 volwassen vrouwelijke fokdieren (status 2021), zijn complete en betrouwbare afstammingsgegevens essentieel. Vanuit de Stroomdal kudde is er het vermoeden dat niet alle afstammingsgegevens volledig correct zijn, en ook zijn van een aantal dieren één, of beide, ouderdieren niet bekend. Met het oog op de toekomst, het groeien van de kudde en behoud van zoveel mogelijk genetische diversiteit. Behalve om verificatie van afstammingsgegevens ook een advies gevraagd om de beschikbare genetische diversiteit zo goed mogelijk te benutten en in te zetten voor de lange termijn.

Het beperkte aantal zuivere Heidekoeien in Nederland maakt dat deze populatie als een ras met een zeldzame status worden beschouwd. Met een zeldzame status komt de Heidekoe in aanmerking voor uitzonderingen bij het opstellen van een fokprogramma. Bij het aanvragen van een EU-erkenning voor het fokprogramma is niet alleen een betrouwbare registratie van zuivere dieren essentieel, maar ook het zorgen voor voldoende raszuivere fokdieren. Het voordeel van de EU-erkenning zou zijn dat zuivere Heidekoeien uit Denemarken hier als zuiver fokdier ingeschreven kunnen worden, daarmee kan de fokpopulatie worden vergroot. Een ander voordeel van een EU-erkend fokprogramma is dat zuivere Heiderunderen in aanmerking zouden kunnen komen voor eventuele bescherming middels het zogenoemde Paraplubestand¹. Voor beide onderdelen is het van belang dat het als een ras gezien kan worden, dus of er voldoende eenheid is en of het inderdaad om een aparte, unieke, populatie dieren gaat. Het tweede deel van dit verslag bestaat uit de analyses om te bepalen hoe uniek de Heidekoeien zijn ten opzichte van de (erkende) Nederlandse dubbeldoel runderrassen, en of het ras ook genetisch gezien, als apart ras gezien kan worden.

Onderzoeksvragen (vanuit Stichting Schaapskudde Het Stroomdal)

1. Komen de beschikbare afstammingsgegevens voldoende overeen met wat er verwacht kan worden op basis van genotype gegevens. En kunnen missende gegevens worden aangevuld met behulp van deze DNA informatie?
2. Welke dieren zijn het meest geschikt om in de fokkerij in te zetten, en op welke manier kan de genetische diversiteit het beste gewaarborgd worden voor de lange termijn?
3. Kan de Heidekoe als een apart ras worden herkend en zijn ze door unieke genetische diversiteit te onderscheiden van de (erkende) Nederlandse dubbeldoel rundveerassen?

¹ Het Paraplubestand is opgezet op verzoek van Ministerie van Landbouw, Natuur en Voedselveiligheid (LNV). Het brengt dieren in kaart die behoren tot een van de Nederlandse zeldzaam landbouwhuisdierrassen (voorlopig rund, geit en schaap). De zeldzame status van een dier wordt in het Identificatie & Registratie systeem (I&R) aangegeven door middel van een individuele diervlag. Bij uitbraak van een besmettelijke dierziekte zal voor deze dieren worden gekeken naar mogelijke uitzonderingen. www.paraplubestand.nl

2 Materiaal en methode

Op advies van het Centrum voor Genetische bronnen Nederland (CGN) zijn alle volwassen, en enkele jonge, dieren van Stroomdal kudde haarmonsters verzameld en gegenotypeerd. Daarnaast kwamen nog een aantal haarmonsters binnen van een tweede veehouder, deze zijn ook gegenotypeerd en meegenomen in het onderzoek. De beschikbare stamboom informatie en de gegenotypeerde DNA gegevens zijn gebruikt om de afstammingsgegevens te controleren en waar mogelijk aan te vullen. De DNA informatie is ook gebruikt om de Heidekoe populatie (op basis van deze dataset) uit te zetten tegen de Nederlandse erkende dubbeldoel runderrassen. Dit is gedaan om inzicht te krijgen in hoe uniek de Heidekoe is ten opzichte van de andere rassen en of de Heidekoeien over voldoende eenheid beschikken om als op zichzelf staande populatie gezien te worden.

2.1 Materiaal

In totaal waren er 34 haarmonsters gegenotypeerd door het laboratorium, dit was genotype informatie van 31 unieke dieren. Van drie dieren waren dubbele haarmonsters ingestuurd, één uit beide kuddes (tussen het trekken van de haarmonsters in beide kuddes zijn de dieren onderling verkocht). Na controle of de haarmonsters inderdaad van dezelfde dieren was, is het genotype met de minste missende waarden geselecteerd. De uiteindelijke dataset bestond daarmee uit 31 dieren, waarvan 27 koeien en 4 stieren. 28 dieren afkomstig uit de Stroomdal kudde en zes dieren van de kudde van EigenErf. De oudste dieren komen uit het jaar 2008 en de jongste uit 2020. Volledige informatie is te vinden in tabel 1.

Het totale bestand uit het online registratiesysteem ZooEasy, met alle afstammingsgegevens van de Nederlandse populatie Heidekoeien, zijn door de beheerder aangeleverd aan het CGN. Deze gegevens zijn aangevuld met informatie van de Stroomdal kudde.

Tabel 1 Dier- en afstammingsgegevens van de dataset Heidekoe.

M/V	Kudde	Diernummer	gebdat	naam	vader	moeder
1	SD	NL489979228	10-04-2008	H Hilda	KK Amdi	W Mille
2	SD	NL945990228	01-04-2019	Bente	K Audhildson	
3	SD	NL329364023	14-01-2019	K Anniken 06	K Audhildson	K Anniken
4	SD	NL945990211	04-02-2019	HO Heide 03	K Audhildson	HO Heide 02
5	SD	NL549883159	26-10-2011	H Heide 01	K Arne	H Heide
6	SD	NL329363981	15-06-2017	O Ragna 04	K Audhildson	O Ragna 02
7	SD	NL916480264	09-03-2009	H Henrike	KK Amdi	W AnnMarie
8	SD	NL329363897	26-04-2015	O Ragna 02	O Stervig Eskild OM	K Ragna
9	SD	NL522479568	15-06-2008	K Alfildr 1	KK Amdi	K Alfildr
10	SD	NL569258632	05-09-2020	SD Sonam	O Ragnason 01	H SD Froukje
11	SD	NL569258618	10-02-2020	KO SD Ciara	K Audhildson	O Ragna 06
12	SD	NL871746254	22-04-2016	H SD Knelsina	K Randers	H Henrike
13	SD/AS	NL866958503	05-05-2018	M SD Zwaantje	M Rambo	M Marlene 02
14	SD	NL871746247	13-04-2016	K SD Lammechien	K Audhildson	K Raghild
15	SD	NL866958495	14-11-2017	H SD Froukje	K Randers	H Heide 01
16	SD	NL871746076	17-04-2015	O SD Aaltje	O Stervig Eskild OM	K Runa
17	SD	NL866958488	25-09-2017	H SD Derkje	K Randers	H Henrike
18	SD	NL871746069	14-04-2015	O SD Grietje	O Stervig Eskild OM	K Raghild
19	SD	NL866958471	23-09-2017	K SD Harmen	K Randers	K Runa
20	SD	NL712109569	23-08-2014	HO Heide 02	O Stervig Eskild OM	H Heide
21	SD	NL871746285	27-04-2016	HO SD Hillechien	O Annikenson 04	H Heide 01
22	SD	NL712109552	23-08-2014	H Henrike 1	K Ragnar	H Henrike
23	SD/AS	DK8746800696	26-07-2012	K Runa	K GRU Ras	K 00601 RR Catla S
24	AS	NL719149788	08-04-2014	M Marlene 02	H Dany_Holger	W Malene 1
25	SD	DK8746800695	24-07-2012	K Raghild	K 00039 Engdals 39	DK Eddadotter
26	AS	NL934431110	09-07-2020	Roelfina v EigenErf	O Ragnason 01	M Marlene 02
27	SD/AS	NL567700294	10-05-2018	K Ragna 05	K Audhildson 01	K Ragna
28	SD	NL567700287	28-04-2018	O Ragnason 01	K Audhildson 01	O Ragna 01
29	SD	NL567700270	09-07-2017	O Ragna 03	K Audhildson 01	O Ragna 01
30	SD	NL878900073	06-07-2013	HO Hanna 01	O Stervig Eskild OM	H Hanna (Dena 1)
31	AS	NL875043584	01-12-2013	K Audhildson	K Ragnar	K Audhild 01

Kolom 1 M/V geeft in oranje koeien aan en in blauw de stieren. Diernummer, geboortedatum, naam (afgekort) en ouderdieren overgenomen uit de beschikbare afstammingsgegevens. Vol gekleurde cellen zijn dieren in de genotypedataset, voor de ouderdieren zijn vaker voorkomende dieren in dezelfde kleuren weergegeven, lichtgrijs is eenmalig voorkomen.

2.1.1 DNA-informatie

Alle dieren zijn gegenotypeerd met de BovineSNP50 v3 DNA Analysis BeadChip van Illumina (53.218 SNPs²). Voor het grootste deel van de dataset (28 dieren) waren er per dier minder dan 200 missende SNPs (Tabel 2). Drie dieren hadden meer dan 1.000 missende SNPs (1.029, 2.277, 5.192). Er waren in totaal 7.067 unieke SNPs met een missende SNP voor minimaal één dier. Deze zijn allemaal verwijderd uit de dataset en bleven er ruim 45.000 SNPs (46.141) over. Er waren in ook 7.153 SNPs zonder variatie, die waren voor alle dieren hetzelfde. Deze kunnen ook geen verschillen tussen dieren laten zien, deze SNPs zijn verwijderd uit de dataset. De uiteindelijke dataset bestond daarmee uit 38.998 SNPs voor 31 individuele dieren.

Tabel 2 Aantal SNP combinaties per dier.

Dier	Aantal SNP combinaties (-9 = missend)			
	0	1	2	-9
H Hilda	16936	16205	19999	72
Bente	17825	14327	20895	165
K Anniken 06	19305	11053	22756	98
HO Heide 03	17301	15307	20547	57
H Heide 01	17719	14175	20290	1029
O Ragna 04	17274	15364	20493	81
H Henrike	16776	16435	19944	57
O Ragna 02	17154	15590	20404	64
K Alfildr 1	18365	13042	21724	81
SD Sonam	18097	13856	21193	66
KO SD Ciara	17843	14055	21217	97
H SD Knelsina	17171	15592	20387	62
M SD Zwaantje	19177	11560	22408	67
K SD Lammechien	17954	13850	21338	70
H SD Froukje	17763	14593	20764	92
O SD Aaltje	18109	13604	21410	89
H SD Derkje	16278	15205	16539	5192
O SD Grietje	18359	13157	21586	110
K SD Harmen	18091	13601	21441	79
HO Heide 02	17329	14605	19003	2277
HO SD Hillechien	18722	12621	21806	63
H Henrike 1	16921	15947	20264	80
K Runa	17166	15675	20286	85
M Marlene 02	19101	14173	19873	65
K Raghild	19059	14425	19663	65
Roelfina v EigenErf	18097	16424	18636	55
K Ragna 05	18022	14191	20919	80
O Ragna 03	17632	15066	20456	58
O Ragnason 01	17575	15266	20325	46
HO Hanna 01	17340	15432	20360	80
K Audhildson	17999	14078	21086	49

0 en 2 zijn homozygoten en 1 is heterozygoot, -9 zijn missende SNP gegevens

² Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) zijn informatieve punten verspreid over het hele DNA. Door verschillen in deze punten kunnen dieren worden vergeleken, zo zullen dieren die meer verwant zijn vaker dezelfde informatie geven op deze SNPs dan dieren die niet of nauwelijks verwant zijn. Hetzelfde geldt voor dieren van verschillende rassen, die zijn vaker verschillend op de SNPs dan dieren van hetzelfde ras.

2.2 Methode

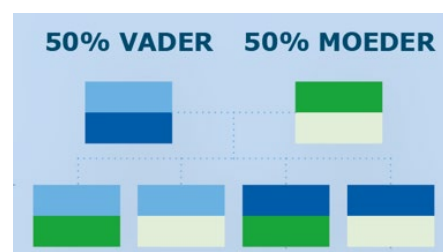
Voor het analyseren van de afstammingsgegevens zijn eerst de verwantschappen berekend tussen de beschikbare dieren. Hiervoor zijn de genotypes gecodeerd als 0, 1 en 2 (waarbij 1 de heterozygoot is en 0 en 2 tegenovergestelde homozygoten) door er 1 van af te trekken worden het cijfers -1, 0 en 1. De verwantschappen worden berekend door de genotypen van twee individuen met elkaar te vermenigvuldigen en daar het gemiddelde van te nemen. Deze zijn in een matrix weergegeven samen met de Mean Kinship.

Verwantschap: Verwantschap kan gezien worden als het percentage DNA dat twee individuen beide bezitten en wat afkomstig is van één gemeenschappelijke voorouder. Twee dieren zijn verwant wanneer zij één (of meerdere) voorouder(s) delen. Bijvoorbeeld, koe Bertha is verwant aan haar neef Bertus omdat zij dezelfde grootouders hebben, de grootouders zijn hun gemeenschappelijke voorouders. Omdat zij gemeenschappelijke voorouders hebben, hebben Bertha en Bertus deels hetzelfde DNA afkomstig van dezelfde gemeenschappelijke voorouder(s).

Mean Kinship: Gemiddelde verwantschap van een fokdier in relatie tot alle fokdieren (mannelijk + vrouwelijk) in de populatie. Per fokdier wordt berekend hoeveel deze verwant is met alle andere levende dieren, deze gemiddelde verwantschap zegt dus iets over hoeveel (nauw) verwante dieren met dezelfde voorouders er zijn in vergelijking met alle andere dieren in de populatie. Dieren met een lagere gemiddelde verwantschap zijn voor de fokkerij belangrijke dieren in te zetten, zij bezitten meer genetische diversiteit dan het gemiddelde fokdier.

Eerst is gekeken naar elk individueel dier en is voor elk dier een top 3 samengesteld op basis van hoogste verwantschappen, om de potentiële ouderdieren te bevestigen. Als laatste is de Mean Kinship meegenomen en zijn alle beschikbare dieren gerangschikt op basis van deze gemiddelde verwantschappen om tot de meest geschikte fokdieren te komen.

Een extra controle is gedaan op basis van het basis principe van vererving, bij vererving krijgt een nakomeling altijd 50% van het DNA van de vader en 50% van de moeder (Figuur 1). Als de moeder homozygoot is voor een allel, dus twee van dezelfde allelen heeft voor een bepaalde SNP, dan is het volgens de regels van de vererving zo dat de nakomeling minimaal ook één van deze allelen heeft ontvangen. En op diezelfde SNP dus niet 'tegenovergesteld' homozygoot kan zijn, twee dezelfde allelen die het moederdier niet heeft, dat zou namelijk betekenen dat het geen van de allelen van de moeder heeft gekregen. Uitzonderingen die bijvoorbeeld kunnen ontstaan door (spontane) mutaties kunnen dit zo nu en dan wel veroorzaken, maar dit zou niet veelvuldig voor moeten komen. Deze resultaten zijn vergeleken met de beschikbare afstammingsgegevens.



Figuur 1 Basisregel DNA: 50% van het DNA komt van de vader (blauwe blokjes) en 50 % van het DNA komt van de moeder (groene blokjes).

Om te onderzoeken of de Heiderunderen aan een van de (erkende) Nederlandse runderrassen zouden kunnen worden toegewezen is voor de derde onderzoeksvraag als eerste de DNA-test voor rasidentificatie van de (erkende) Nederlandse dubbeldoel runderrassen³ uitgevoerd. Om te onderzoeken of ze in meer of mindere mate met (één van) de referentiepopulaties van de DNA-test overeen zouden komen. Vervolgens is met het software programma STRUCTURE (Pritchard et al., 2000⁴) gekeken of alle Heiderunderen als één groep herkend zouden worden of de variatie binnen de groep te groot zou zijn om het als een populatie te kunnen beschouwen.

³ DNA-test voor rasidentificatie van de Nederlandse dubbeldoel runderrassen: <https://www.wur.nl/nl/artikel/Meedoen-aan-de-DNA-test-.htm>

⁴ Pritchard, J. K., Stephens, M., & Donnelly, P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155(2), 945-959.

3 Resultaten

In hoofdstuk 3.1 worden de resultaten besproken welke betrekking hebben op de afstammingsgegevens, de Mean Kinship en de familiale relaties tussen de gegenotypeerde dieren. Het begint met een totale matrix met een overzicht van alle verwantschappen van de gegenotypeerde dieren. Gevolgd door een samenvattende tabel met de hoogste verwantschappen in combinatie met de beschikbare afstammingsgegevens. Als laatste wordt een ranking op basis van de Mean Kinship gegeven met advies en uitleg over het gebruik van deze informatie.

Hoofdstuk 3.2 is gericht op de Heidekoe als populatie in relatie tot de (erkende) Nederlandse dubbeldoel runderrassen. Als eerste worden de resultaten besproken van de analyse waarin onderzocht is hoe de Heidekoe (op basis van een vooraf geselecteerde SNP set⁵) wordt ingedeeld binnen de referentiepopulatie van de Nederlandse dubbeldoel rassen. Als laatste worden de resultaten gepresenteerd waarin de Heidekoe als 'eigen' populatie wordt ingedeeld naast de (erkende) Nederlandse dubbeldoel runderrassen.

3.1 Verwantschappen Heidekoe dataset

De verwantschappen zijn weergegeven in een matrix (Tabel 3), waarbij de diagonale lijn de verwantschap van de dieren met zichzelf is en het deel boven en onder de diagonaal zijn dezelfde resultaten gespiegeld weergegeven. Voor elke horizontale lijn zijn de vier hoogste verwantschappen (inclusief zichzelf) groen gekleurd en de laagste verwantschappen zijn oranje weergegeven. De groene cellen geven de dieren aan die op basis van dit DNA het meest verwant zouden moeten zijn. Dit kunnen ouder – dochter relaties zijn, maar ook (half)broer en zus of neven en nichten.

Als er naar de verticale kolommen wordt gekeken vallen een paar dieren op doordat deze veel oranje cellen hebben, dit betekent dat deze dieren bij meerdere andere dieren in de top 3 van laagste verwantschap staan. En daarmee minst verwant zullen zijn binnen de dieren in deze analyse, het gaat hierbij voornamelijk om M Marlene 2, K Raghild, Roelfina v EigenErf en M SD Zwaantje. In het volgende onderdeel gaan we hier verder op in met betrekking tot de Mean Kinship.

⁵ Deze set met SNPs is specifiek geselecteerd om de erkende Nederlandse dubbeldoel runderrassen zo optimaal mogelijk uit elkaar te kunnen halen. Meer informatie over deze SNP en DNA-test: I. Hulsegge, M.A. Schoon, J.J. Windig, M Neuteboom, S.J. Hiemstra, A. Schurink, Development of a genetic tool for determining breed purity of cattle, Livestock Science, Volume 223, 2019, Pages 60-67, ISSN 1871-1413, <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2019.03.002>.

Tabel 3 Verwantschappen tussen alle dieren in de analyse.

Name	H Hilda	Bente	K Anni	HO Heide	O Ragna	H Hen	O Ragna	K Alfhild	SD Sor	KO SD	H SD	KM SD	K SD	LH SD	F OS	AH SD	DO SD	CK SD	HO Heide	HO SD	H Hen	K Runa	M Mar	K Ragna	Boelina	K Ragna	O Ragna	O Ragna	HO Heide	K Aud	
H Hilda	0.635	0.329	0.310	0.332	0.410	0.326	0.377	0.306	0.359	0.345	0.321	0.340	0.421	0.321	0.361	0.320	0.337	0.319	0.320	0.347	0.383	0.346	0.294	0.357	0.273	0.331	0.328	0.306	0.317	0.328	0.305
Bente	0.329	0.678	0.363	0.355	0.346	0.503	0.305	0.401	0.337	0.372	0.399	0.338	0.297	0.368	0.359	0.356	0.329	0.360	0.349	0.347	0.345	0.359	0.317	0.258	0.298	0.303	0.402	0.385	0.382	0.366	0.376
K Anniken 06	0.310	0.363	0.752	0.448	0.311	0.395	0.346	0.312	0.365	0.346	0.414	0.348	0.300	0.360	0.336	0.358	0.341	0.368	0.356	0.291	0.317	0.336	0.322	0.262	0.317	0.298	0.413	0.369	0.370	0.320	0.345
HO Heide 03	0.332	0.355	0.448	0.658	0.366	0.383	0.341	0.355	0.389	0.364	0.378	0.348	0.323	0.352	0.371	0.360	0.333	0.355	0.357	0.489	0.367	0.337	0.328	0.281	0.324	0.306	0.357	0.367	0.357	0.301	0.336
H Heide 01	0.410	0.346	0.311	0.366	0.680	0.328	0.351	0.300	0.326	0.412	0.335	0.341	0.381	0.345	0.502	0.327	0.330	0.318	0.322	0.397	0.546	0.340	0.300	0.337	0.283	0.320	0.333	0.310	0.309	0.353	0.341
O Ragna 04	0.326	0.503	0.395	0.383	0.328	0.654	0.307	0.494	0.378	0.398	0.421	0.339	0.298	0.362	0.354	0.364	0.334	0.363	0.357	0.374	0.361	0.334	0.328	0.251	0.312	0.331	0.459	0.444	0.439	0.334	0.358
H Henrike	0.377	0.305	0.346	0.341	0.351	0.307	0.630	0.280	0.379	0.328	0.329	0.472	0.402	0.310	0.343	0.316	0.466	0.326	0.322	0.309	0.324	0.463	0.301	0.345	0.286	0.315	0.319	0.301	0.299	0.322	0.295
O Ragna 02	0.306	0.401	0.312	0.355	0.300	0.454	0.280	0.650	0.336	0.365	0.415	0.325	0.279	0.359	0.335	0.365	0.312	0.359	0.339	0.405	0.352	0.313	0.328	0.234	0.320	0.289	0.396	0.385	0.384	0.320	0.331
K Alfhild 1	0.359	0.337	0.365	0.389	0.326	0.378	0.379	0.336	0.707	0.379	0.379	0.375	0.368	0.377	0.376	0.373	0.371	0.386	0.389	0.352	0.347	0.357	0.322	0.304	0.343	0.329	0.364	0.361	0.361	0.304	0.338
SD Sonam	0.345	0.372	0.346	0.364	0.412	0.398	0.328	0.365	0.379	0.688	0.397	0.390	0.321	0.393	0.519	0.398	0.395	0.407	0.392	0.359	0.400	0.353	0.326	0.272	0.320	0.375	0.410	0.418	0.492	0.343	0.381
KO SD Clara	0.321	0.399	0.414	0.378	0.335	0.421	0.329	0.415	0.379	0.397	0.682	0.360	0.307	0.453	0.799	0.372	0.360	0.405	0.367	0.343	0.349	0.377	0.344	0.254	0.340	0.309	0.424	0.395	0.394	0.369	0.518
H SD Kneisina	0.340	0.338	0.348	0.348	0.341	0.339	0.472	0.325	0.375	0.390	0.360	0.649	0.347	0.363	0.424	0.424	0.489	0.435	0.431	0.325	0.339	0.424	0.330	0.293	0.331	0.304	0.358	0.336	0.334	0.343	0.346
M SD Zwaantje	0.421	0.297	0.300	0.323	0.381	0.298	0.402	0.279	0.368	0.321	0.307	0.347	0.742	0.294	0.343	0.289	0.337	0.291	0.292	0.324	0.345	0.367	0.270	0.530	0.251	0.393	0.296	0.275	0.270	0.319	0.285
K SD Lammechien	0.321	0.368	0.360	0.352	0.345	0.362	0.310	0.359	0.377	0.393	0.453	0.363	0.294	0.687	0.390	0.405	0.358	0.465	0.401	0.326	0.345	0.381	0.354	0.244	0.475	0.291	0.376	0.361	0.363	0.371	0.523
H SD Froukje	0.361	0.359	0.336	0.371	0.502	0.354	0.343	0.335	0.376	0.515	0.379	0.424	0.343	0.390	0.673	0.443	0.434	0.442	0.424	0.387	0.438	0.366	0.331	0.307	0.327	0.322	0.365	0.346	0.344	0.363	0.384
O SD Aaltje	0.320	0.356	0.358	0.360	0.327	0.364	0.316	0.365	0.373	0.398	0.372	0.424	0.289	0.405	0.443	0.695	0.415	0.479	0.519	0.341	0.346	0.350	0.497	0.241	0.363	0.284	0.379	0.356	0.365	0.340	0.376
H SD Derkje	0.337	0.329	0.341	0.333	0.330	0.334	0.460	0.312	0.371	0.395	0.360	0.489	0.337	0.358	0.434	0.415	0.631	0.422	0.403	0.307	0.327	0.405	0.318	0.291	0.307	0.300	0.344	0.329	0.326	0.336	0.344
O SD Grietje	0.319	0.360	0.368	0.355	0.318	0.363	0.326	0.359	0.386	0.407	0.405	0.435	0.291	0.465	0.442	0.479	0.422	0.705	0.464	0.319	0.328	0.365	0.362	0.242	0.502	0.277	0.390	0.375	0.363	0.337	0.383
K SD Harmen	0.320	0.349	0.356	0.357	0.322	0.357	0.322	0.339	0.389	0.392	0.367	0.431	0.292	0.401	0.424	0.519	0.403	0.464	0.694	0.326	0.338	0.347	0.504	0.255	0.353	0.286	0.371	0.352	0.350	0.337	0.373
HO Heide 02	0.347	0.347	0.291	0.489	0.397	0.374	0.309	0.405	0.352	0.359	0.343	0.325	0.324	0.326	0.387	0.341	0.307	0.319	0.326	0.661	0.408	0.321	0.303	0.279	0.299	0.305	0.314	0.337	0.339	0.290	0.307
HO SD Hillechien	0.383	0.345	0.317	0.367	0.546	0.361	0.324	0.352	0.347	0.400	0.439	0.339	0.345	0.345	0.438	0.346	0.327	0.328	0.338	0.408	0.715	0.328	0.306	0.300	0.288	0.315	0.331	0.332	0.339	0.335	0.343
H Henrike 1	0.346	0.359	0.336	0.337	0.340	0.334	0.463	0.313	0.357	0.353	0.377	0.424	0.367	0.381	0.366	0.350	0.405	0.365	0.347	0.321	0.328	0.641	0.322	0.301	0.319	0.304	0.351	0.322	0.324	0.389	0.396
K Runa	0.294	0.317	0.322	0.328	0.300	0.328	0.301	0.328	0.322	0.326	0.344	0.330	0.270	0.354	0.331	0.497	0.318	0.362	0.504	0.303	0.306	0.322	0.648	0.246	0.320	0.275	0.359	0.336	0.336	0.360	0.360
M Marlene 02	0.357	0.258	0.262	0.281	0.337	0.251	0.345	0.234	0.304	0.272	0.254	0.293	0.530	0.244	0.307	0.241	0.291	0.242	0.255	0.279	0.300	0.301	0.246	0.681	0.295	0.477	0.250	0.246	0.229	0.285	0.245
K Raghild	0.273	0.298	0.317	0.324	0.283	0.312	0.286	0.320	0.343	0.320	0.340	0.331	0.251	0.475	0.327	0.363	0.307	0.502	0.353	0.299	0.288	0.319	0.320	0.295	0.676	0.325	0.335	0.329	0.313	0.296	0.338
Boelina v EigenErf	0.331	0.303	0.298	0.306	0.320	0.331	0.315	0.289	0.329	0.375	0.309	0.304	0.393	0.291	0.322	0.284	0.300	0.277	0.286	0.305	0.315	0.304	0.275	0.477	0.325	0.630	0.332	0.340	0.418	0.297	0.299
K Ragna 05	0.328	0.402	0.413	0.357	0.333	0.459	0.319	0.396	0.364	0.410	0.424	0.358	0.296	0.376	0.365	0.379	0.344	0.390	0.371	0.314	0.331	0.351	0.359	0.250	0.335	0.332	0.680	0.448	0.475	0.375	0.404
O Ragnason 01	0.306	0.385	0.369	0.367	0.310	0.444	0.301	0.385	0.361	0.418	0.395	0.336	0.275	0.361	0.346	0.356	0.329	0.375	0.352	0.337	0.332	0.322	0.336	0.246	0.329	0.340	0.448	0.660	0.496	0.336	0.374
O Ragna 03	0.317	0.382	0.370	0.357	0.309	0.439	0.299	0.384	0.361	0.492	0.394	0.334	0.270	0.363	0.344	0.365	0.326	0.363	0.350	0.339	0.339	0.324	0.336	0.229	0.313	0.418	0.475	0.496	0.568	0.343	0.373
HO Hanna 01	0.328	0.366	0.320	0.301	0.353	0.334	0.322	0.320	0.304	0.343	0.369	0.343	0.319	0.371	0.363	0.340	0.336	0.337	0.337	0.290	0.335	0.389	0.336	0.285	0.296	0.297	0.375	0.336	0.343	0.653	0.421
K Audhildson	0.305	0.376	0.345	0.336	0.341	0.358	0.295	0.331	0.338	0.381	0.518	0.346	0.285	0.523	0.384	0.376	0.344	0.383	0.373	0.307	0.343	0.396	0.360	0.245	0.338	0.299	0.404	0.374	0.373	0.421	0.683
MK	0.345	0.364	0.358	0.365	0.361	0.377	0.349	0.353	0.369	0.389	0.384	0.374	0.341	0.380	0.390	0.381	0.365	0.384	0.377	0.349	0.362	0.363	0.343	0.303	0.337	0.332	0.379	0.365	0.370	0.347	0.370

Op de diagonaal de verwantschap met zichzelf en onder en boven deze lijn zijn gespiegelde resultaten. Per rij zijn de vier hoogste (inclusief eigen verwantschap) groen gekleurd, de laagste drie zijn oranje.

3.2 Top 3 op basis van verwantschappen

Voor alle dieren is de beschikbare informatie uit de afstammingsgegevens gecombineerd met de drie dieren waar de hoogste verwantschappen mee gevonden zijn (Tabel 4). De resultaten van de genotype analyse in vergelijking met de beschikbare afstammingsgegevens komen in grote mate overeen. Van alle gegenotypeerde dieren, waar ook het moederdier van is gegenotypeerd, staan deze overal op de eerste of tweede plaats. Ook moederdieren uit dezelfde lijnen zie je vaak terug in de top 3 van de (achter)nicht.

Bente

Bente is in deze dataset de enige koe met missende moedergegevens. Op basis van de verwantschappen en bijbehorende top 3 lijkt Bente het meest verwant aan de Ragna lijnen, met O Ragna 04 als het meest waarschijnlijke moederdier voor Bente. Na controle van UBN locatie van O Ragna 04 en de UBN locatie op datum van geboorte Bente is dit ook mogelijk. Alle beschikbare SNPs van Bente en Ragna 04 zijn nagekeken op 'tegenovergestelde' homozygoten, van de totale SNP set van ruim 50.000 SNPs kwam dit maar 14 keer voor. Op basis van deze resultaten en bevindingen kan er met grote waarschijnlijkheid worden gezegd dat Bente de nakomeling is van Ragna 04. Dit zou dan ook betekenen dat Bente redelijk is ingeteeld, namelijk vader en grootvader zouden volgens de gegevens beide keren K Audhildson zijn (echter lijkt de vader in kwestie later in het rapport niet de daadwerkelijke vader te zijn).

HO Hanna 01

Opvallend resultaat is de hoge verwantschap tussen K Audhildson en HO Hanna 01. Er zijn van HO Hanna 01 geen nakomelingen gegenotypeerd en deze koe staat nergens in de top 3. Waar K Audhildson bij een aantal van zijn rechtstreekse nakomelingen niet in de top 3 naar voren komt, staat hij bij HO Hanna 01 op nummer 1. Als we dit naast de bekende afstammingslijnen leggen komt er een gemeenschappelijke voorouder naar voren, bij beide dieren staat KK Amdi als grootvader geregistreerd. Wat ook opvalt is dat geen van de halfzussen van HO Hanna 01, vier andere directe nakomelingen van O Stervig Eskild OM, in haar top 3 voorkomen. En andersom ook niet. Wel staan daar H Henrike 1 en K Ragna 05, eerste en tweede generatie nakomelingen van K Ragnar, evenals K Audhildson. Aanvullend hierop is de bevinding dat vrouwelijke dieren H Heide en H Hanna op papier dezelfde afstammingslijnen hebben, KK Amdi x W Maria, maar dat HO Hanna 01 als een dochter van H Hanna de op een na laagste verwantschap heeft van alle dieren in de lijst van HO Heide 02, dochter van H Heide. Deze resultaten maken het onwaarschijnlijk dat O Stervig Eskild OM het vaderdier is van HO Hanna 01. Op basis van de genotypes in deze dataset is het waarschijnlijk dat K Ragnar (of een direct verwante stier) de vader is van HO Hanna 01.

Tabel 4 De afstammingsgegevens per dier en de top drie dieren uit de verwantschapsanalyse.

M/V	Kudde	Diernummer	gebdat	naam	vader	moeder	Top 1	Top 2	Top 3
1	SD	NL489979228	10-04-2008	H Hilda	KK Amdi	W Mille	M SD Zwaantje	H Heide 01	HO SD Hillechien
2	SD	NL945990228	01-04-2019	Bente	K Audhildson		O Ragna 04	K Ragna 05	O Ragna 02
3	SD	NL329364023	14-01-2019	K Anniken 06	K Audhildson	K Anniken	HO Heide 03	KO SD Ciara	K Ragna 05
4	SD	NL945990211	04-02-2019	HO Heide 03	K Audhildson	HO Heide 02	HO Heide 02	K Anniken 06	K Alfildr 1
5	SD	NL549883159	26-10-2011	H Heide 01	K Arne	H Heide	HO SD Hillechien	H SD Froukje	SD Sonam
6	SD	NL329363981	15-06-2017	O Ragna 04	K Audhildson	O Ragna 02	Bente	O Ragna 02	K Ragna 05
7	SD	NL916480264	09-03-2009	H Henrike	KK Amdi	W AnnMarie	H SD Knelsina	H Henrike 1	H SD Derkje
8	SD	NL329363897	26-04-2015	O Ragna 02	O Stervig Eskild	OMK Ragna	O Ragna 04	KO SD Ciara	HO Heide 02
9	SD	NL522479568	15-06-2008	K Alfildr 1	KK Amdi	K Alfildr	HO Heide 03	K SD Harmen	O SD Grietje
10	SD	NL569258632	05-09-2020	SD Sonam	O Ragnason 01	H SD Froukje	H SD Froukje	O Ragna 03	O Ragnason 01
11	SD	NL569258618	10-02-2020	KO SD Ciara	K Audhildson	O Ragna 06	K Audhildson	K SD Lammechien	K Ragna 05
12	SD	NL871746254	22-04-2016	H SD Knelsina	K Randers	H Henrike	H SD Derkje	H Henrike	O SD Grietje
13	SD/AS	NL866958503	05-05-2018	M SD Zwaantje	M Rambo	M Marlene 02	M Marlene 02	H Hilda	H Henrike
14	SD	NL871746247	13-04-2016	K SD Lammechien	K Audhildson	K Raghild	K Audhildson	K Raghild	O SD Grietje
15	SD	NL866958495	14-11-2017	H SD Froukje	K Randers	H Heide 01	SD Sonam	H Heide 01	O SD Aaltje
16	SD	NL871746076	17-04-2015	O SD Aaltje	O Stervig Eskild	O K Runa	K SD Harmen	K Runa	O SD Grietje
17	SD	NL866958488	25-09-2017	H SD Derkje	K Randers	H Henrike	H SD Knelsina	H Henrike	H SD Froukje
18	SD	NL871746069	14-04-2015	O SD Grietje	O Stervig Eskild	O K Raghild	K Raghild	O SD Aaltje	K SD Lammechien
19	SD	NL866958471	23-09-2017	K SD Harmen	K Randers	K Runa	O SD Aaltje	K Runa	O SD Grietje
20	SD	NL712109569	23-08-2014	HO Heide 02	O Stervig Eskild	OMH Heide	HO Heide 03	HO SD Hillechien	O Ragna 02
21	SD	NL871746285	27-04-2016	HO SD Hillechien	O Annikenson 04	H Heide 01	H Heide 01	H SD Froukje	HO Heide 02
22	SD	NL712109552	23-08-2014	H Henrike 1	K Ragnar	H Henrike	H Henrike	H SD Knelsina	H SD Derkje
23	SD/AS	DK8746800696	26-07-2012	K Runa	K GRU Ras	K 00601 RR Catla S	K SD Harmen	O SD Aaltje	O SD Grietje
24	AS	NL719149788	08-04-2014	M Marlene 02	H Dany_Holger	W Malene 1	M SD Zwaantje	Roelfina v EigenErf	H Hilda
25	SD	DK8746800695	24-07-2012	K Raghild	K 00039 Engdals 3	DK Eddadotter	O SD Grietje	K SD Lammechien	O SD Aaltje
26	AS	NL934431110	09-07-2020	Roelfina v EigenErf	O Ragnason 01	M Marlene 02	M Marlene 02	O Ragna 03	MSD Zwaantje
27	SD/AS	NL567700294	10-05-2018	K Ragna 05	K Audhildson 01	K Ragna	O Ragna 03	O Ragna 03	O Ragnason 01
28	SD	NL567700287	28-04-2018	O Ragnason 01	K Audhildson 01	O Ragna 01	O Ragna 03	K Ragna 05	O Ragna 04
29	SD	NL567700270	09-07-2017	O Ragna 03	K Audhildson 01	O Ragna 01	O Ragnason 01	SD Sonam	K Ragna 05
30	SD	NL878900073	06-07-2013	HO Hanna 01	O Stervig Eskild	OMH Hanna (Dena 1)	K Audhildson	H Henrike 1	K Ragna 05
31	AS	NL875043584	01-12-2013	K Audhildson	K Ragnar	K Audhild 01	K SD Lammechien	KO SD Ciara	HO Hanna 01

De vol gekleurde cellen zijn dieren die zelf terugkwamen in de dataset met genotypes, de dieren met overeenkomende gekleurde letters komen meerdere keren voor in de afstammingsgegevens maar daarvan zijn geen genotypes beschikbaar, de dieren in lichtgrijze letters kwamen maar één keer voor als ouderdier en hier was geen genotype van beschikbaar.

Tabel 5 Aantal verschillende SNPs (van 50.000) en aantal tegenovergestelde homozygoten.

Ouder <-> nakomeling	Verschillend	# 2	# -2	totaal #
H Heide 01	HO SD Hillechien	12192	0	6
H Heide 01	H SD Froukje	13861	4	7
M Marlene 02	Roelfina v EigenErf	13548	4	7
HO Heide 03	HO Heide 02	14390	5	9
H Henrike	H Henrike 1	13193	6	9
H Henrike	H SD Knelsina	12681	3	10
H Henrike	H SD Derkje	16531	1	11
SD Sonam	H SD Froukje	12385	4	12
Bente	O Ragna 04	12527	8	14
O Ragna 04	O Ragna 02	12013	19	35
O SD Aaltje	K Runa	12673	77	274
K SD Harmen	K Runa	12191	79	277
K Audhildson	K SD Lammechien	11830	196	278
K Audhildson	KO SD Ciara	12079	203	284
SD Sonam	O Ragnason 01	12861	158	433
O Ragnason 01	Roelfina v EigenErf	15006	27	1055
M Marlene 02	M SD Zwaantje	11205	1129	9
K Raghild	K SD Lammechien	13132	1138	8
K Raghild	O SD Grietje	11872	1141	13
K Audhildson	O Ragna 04	17077	1182	1105
Bente	K Audhildson	16655	1145	1206
K Audhildson	HO Heide 03	17950	1365	1214
K Audhildson	K Anniken 06	17685	1874	1767

Alleen voor ouder <-> nakomeling relaties waarvan beide dieren genotypes beschikbaar waren zijn weergegeven in deze tabel. Ragna 04 is als potentieel moederdier voor Bente toegevoegd ter controle.

K Audhildson

K Audhildson is volgens de afstammingsgegevens de vader van zes van de koeien in de dataset, bij twee van de zes dieren is K Audhildson ook in de top 3 van de verwantschappen terug te vinden (Tabel 4). Dit geldt voor SD Ciara en SD Lammechien. Voor de andere vier koeien, Bente, K Anniken 06, HO Heide 03 en O Ragna 04 is dit niet uit de analyse gekomen. Hier komt K Audhildson pas later in de ranglijsten op basis van gevonden verwantschappen voor (plaatsen 7, 16, 22, 26) (Tabel 6). Normaliter komen ouder-nakomeling relaties duidelijk naar voren in analyses met hoogste verwantschappen, zoals ook te zien bij (bijna) alle moeder-dochter relaties en de twee vader-dochters relaties tussen SD Ciara en SD Lammechien.

Een tweede verificatie was de berekening van het aantal 'tegenovergestelde' homozygoten (Tabel 5). Hier is ook duidelijk te zien, dat voor de vier koeien Bente, K Anniken 06, HO Heide 03 en O Ragna 04 het grootste aantal 'tegenovergestelde' homozygoten is gevonden van alle ouder-nakomeling relaties waar genotype gegevens van beschikbaar waren. Dit kan in hele kleine aantallen voorkomen, maar voor alle vier de dieren geldt dit voor meer dan 2.000 SNPs. Op basis van alle gevonden resultaten is het zeer onwaarschijnlijk dat de registratie van K Audhildson, als vaderdier van Bente, K Anniken 06, HO Heide 03 en O Ragna 04 klopt. De beschikbare genotypes maken het niet mogelijk om wel de juiste vaderdieren uit de populatie aan te wijzen.

Tabel 6 *Geregistreerde dochters, waar K Audhildson niet in de top 3 hoogste verwantschappen stond, met de verwantschappen gerangschikt van hoog (zelf) naar laag.*

Bente		K Anniken 06		HO Heide 03		O Ragna 04		K Audhildson	
Bente	0.678	K Anniken 06	0.752	HO Heide 03	0.658	O Ragna 04	0.654	K Audhildson	0.683
O Ragna 04	0.503	HO Heide 03	0.448	HO Heide 02	0.489	Bente	0.503	K SD Lammechien	0.523
K Ragna 05	0.402	KO SD Ciara	0.414	K Anniken 06	0.448	O Ragna 02	0.494	KO SD Ciara	0.518
O Ragna 02	0.401	K Ragna 05	0.413	K Alfildr 1	0.389	K Ragna 05	0.459	HO Hanna 01	0.421
KO SD Ciara	0.399	O Ragna 04	0.395	O Ragna 04	0.383	O Ragnason 01	0.444	K Ragna 05	0.404
O Ragnason 01	0.385	O Ragna 03	0.370	KO SD Ciara	0.378	O Ragna 03	0.439	H Henrike 1	0.396
O Ragna 03	0.382	O Ragnason 01	0.369	H SD Froukje	0.371	KO SD Ciara	0.421	H SD Froukje	0.384
K Audhildson	0.376	O SD Grietje	0.368	O Ragnason 01	0.367	SD Sonam	0.398	O SD Grietje	0.383
SD Sonam	0.372	K Alfildr 1	0.365	HO SD Hillechien	0.367	K Anniken 06	0.395	SD Sonam	0.381
K SD Lammechien	0.368	Bente	0.363	H Heide 01	0.366	HO Heide 03	0.383	Bente	0.376
HO Hanna 01	0.366	K SD Lammechien	0.360	SD Sonam	0.364	K Alfildr 1	0.378	O SD Aaltje	0.376
K Anniken 06	0.363	O SD Aaltje	0.358	O SD Aaltje	0.360	HO Heide 02	0.374	O Ragnason 01	0.374
O SD Grietje	0.360	K SD Harmen	0.356	O Ragna 03	0.357	O SD Aaltje	0.364	K SD Harmen	0.373
H SD Froukje	0.359	H SD Knelsina	0.348	K SD Harmen	0.357	O SD Grietje	0.363	O Ragna 03	0.373
H Henrike 1	0.359	H Henrike	0.346	K Ragna 05	0.357	K SD Lammechien	0.362	K Runa	0.360
O SD Aaltje	0.356	SD Sonam	0.346	O Ragna 02	0.355	HO SD Hillechien	0.361	O Ragna 04	0.358
HO Heide 03	0.355	K Audhildson	0.345	O SD Grietje	0.355	K Audhildson	0.358	H SD Knelsina	0.346
K SD Harmen	0.349	H SD Derkje	0.341	Bente	0.355	K SD Harmen	0.357	K Anniken 06	0.345
HO Heide 02	0.347	H Henrike 1	0.336	K SD Lammechien	0.352	H SD Froukje	0.354	H SD Derkje	0.344
H Heide 01	0.346	H SD Froukje	0.336	H SD Knelsina	0.348	H SD Knelsina	0.339	HO SD Hillechien	0.343
HO SD Hillechien	0.345	K Runa	0.322	H Henrike	0.341	H SD Derkje	0.334	H Heide 01	0.341
H SD Knelsina	0.338	HO Hanna 01	0.320	H Henrike 1	0.337	HO Hanna 01	0.334	K Raghild	0.338
K Alfildr 1	0.337	HO SD Hillechien	0.317	K Audhildson	0.336	H Henrike 1	0.334	K Alfildr 1	0.338
H Hilda	0.329	K Raghild	0.317	H SD Derkje	0.333	Roelfina v EigenErf	0.331	HO Heide 03	0.336
H SD Derkje	0.329	O Ragna 02	0.312	H Hilda	0.332	K Runa	0.328	O Ragna 02	0.331
K Runa	0.317	H Heide 01	0.311	K Runa	0.328	H Heide 01	0.328	HO Heide 02	0.307
H Henrike	0.305	H Hilda	0.310	K Raghild	0.324	H Hilda	0.326	H Hilda	0.305
Roelfina v EigenErf	0.303	M SD Zwaantje	0.300	M SD Zwaantje	0.323	K Raghild	0.312	Roelfina v EigenErf	0.299
K Raghild	0.298	Roelfina v EigenErf	0.298	Roelfina v EigenErf	0.306	H Henrike	0.307	H Henrike	0.295
M SD Zwaantje	0.297	HO Heide 02	0.291	HO Hanna 01	0.301	M SD Zwaantje	0.298	M SD Zwaantje	0.285
M Marlene 02	0.258	M Marlene 02	0.262	M Marlene 02	0.281	M Marlene 02	0.251	M Marlene 02	0.245

3.3 Ranking op basis van Mean Kinship

In het eerdere onderdeel van dit hoofdstuk werd al gesproken over de verwantschappen. Voor alle dieren is de Mean Kinship uitgerekend en is een ranking van laag naar hoog gemaakt (Tabel 7). De Mean Kinship is de gemiddelde verwantschap van een fokdier, in relatie tot alle fokdieren (mannelijk en vrouwelijk) in een populatie, of zoals in dit verslag in relatie tot alle andere gegenotypeerde dieren. Hoe hoger de Mean Kinship van een dier, hoe meer verwant het dier is aan de andere dieren in de dataset. Een lagere Mean Kinship geeft aan dat het dier verder af staat en meer unieke diversiteit bezit dan andere dieren met meer verwanten in de dataset.

M Marlene 02 staat bovenaan, met de laagste Mean Kinship en is daarmee een waardevol fokdier binnen de groep dieren uit deze dataset. Dit dier komt uit AS kudde, en het grootste deel van de dieren in deze dataset komen uit de SD kudde. Het is dus van belang dat de gevonden Mean Kinships niet voor de totale populatie gelden, maar alleen voor de groep dieren in deze dataset. Het kan namelijk ook zo zijn dat M Marlene 02 al meerdere nakomelingen heeft op andere locaties en daardoor ook een hogere Mean Kinship heeft dan in deze analyse gevonden is.

Als we kijken naar de SD kudde, dan komt K Raghild als meest waardevolle fokdier naar voren op het gebied genetische diversiteit. O SD Grietje en H SD Froukje zijn koeien die onderin de ranglijst staan met, voor deze groep dieren, de hoogste Mean Kinships, hiermee zijn het binnen deze groep minder geschikte dieren om mee door te fokken in het oogpunt van genetische diversiteit.

Van de stieren eindigt O Ragnason 01 het hoogste in de ranglijst van Mean Kinships en is daarmee, voor deze groep dieren de meest waardevolle fokstier. SD Sonam daarentegen eindigt onderin met de op een na hoogste Mean Kinship en is daarmee minder geschikt om in te zetten als fokdier.

Omdat er in de dataset ook een aantal oudere dieren tussen staan is ook gekeken naar dieren die na 2015 geboren zijn. Roelfina van EigenErf, M SD Zwaantje en K Anniken 06 staan zijn de dieren met de laagste Mean Kinship en daarmee belangrijke fokdieren voor het beperken van de inteelttoename van deze populatie Heidekoeien.

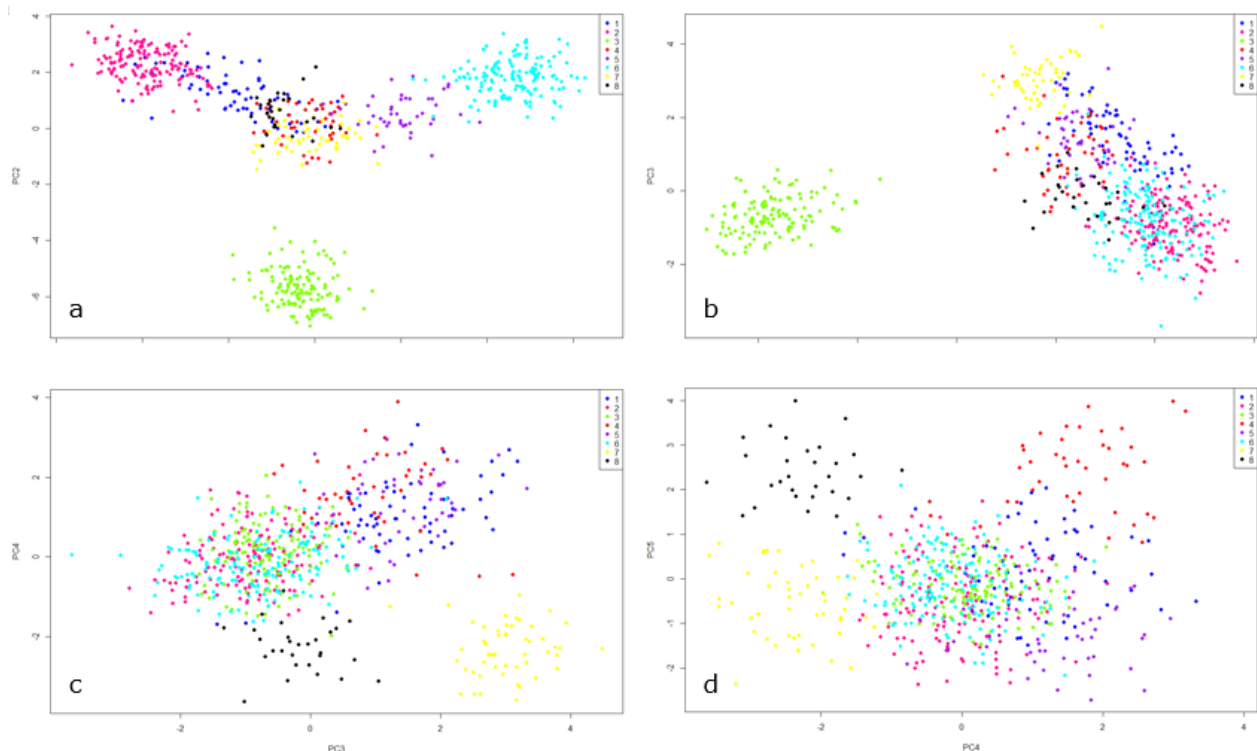
Tabel 7 Mean Kinship van de gegenotypeerde dieren, gerangschikt van laag naar hoog.

Kudde	M/V	MK	Levensnummer	Geb.dat.	Naam dier
AS	koe	0.303	NL719149788	08-04-2014	M Marlene 02
AS	koe	0.332	NL934431110	07-09-2020	Roelfina v EigenErf
SD	koe	0.337	DK8746800695	24-07-2012	K Raghild
SD/AS	koe	0.341	NL866958503	05-05-2018	M SD Zwaantje
SD/AS	koe	0.343	DK8746800696	26-07-2012	K Runa
SD	koe	0.345	NL489979228	10-04-2008	H Hilda
SD	koe	0.347	NL878900073	06-07-2013	HO Hanna 01
SD	koe	0.349	NL916480264	09-03-2009	H Henrike
SD	koe	0.349	NL712109569	23-08-2014	HO Heide 02
SD	koe	0.353	NL329363897	26-04-2015	O Ragna 02
SD	koe	0.358	NL329364023	14-01-2019	K Anniken 06
SD	koe	0.361	NL549883159	26-10-2011	H Heide 01
SD	koe	0.362	NL871746285	27-04-2016	HO SD Hillechien
SD	koe	0.363	NL712109552	23-08-2014	H Henrike 1
SD	koe	0.364	NL945990228	01-04-2019	Bente
SD	koe	0.365	NL945990211	04-02-2019	HO Heide 03
SD	koe	0.365	NL866958488	25-09-2017	H SD Derkje
SD	stier	0.365	NL567700287	28-04-2018	O Ragnason 01
SD	koe	0.369	NL522479568	15-06-2008	K Alfhlidr 1
SD	koe	0.370	NL567700270	09-07-2017	O Ragna 03
AS	stier	0.370	NL875043584	01-12-2013	K Audhildson
SD	koe	0.374	NL871746254	22-04-2016	H SD Knelsina
SD	koe	0.377	NL329363981	15-06-2017	O Ragna 04
SD	stier	0.377	NL866958471	23-09-2017	K SD Harmen
SD/AS	koe	0.379	NL567700294	10-05-2018	K Ragna 05
SD	koe	0.380	NL871746247	13-04-2016	K SD Lammechien
SD	koe	0.381	NL871746076	17-04-2015	O SD Aaltje
SD	koe	0.384	NL569258618	10-02-2020	KO SD Ciara
SD	koe	0.384	NL871746069	14-04-2015	O SD Grietje
SD	stier	0.389	NL569258632	05-09-2020	SD Sonam
SD	koe	0.390	NL866958495	14-11-2017	H SD Froukje

De eerste kolom geeft de oorsprong van het haarmonster weer, in de tweede kolom het geslacht. De derde kolom is de Mean Kinship van dieren met de laagste Mean Kinship bovenaan (groen) naar onderaan de dieren met de hoogste Mean Kinship (rood).

4 Resultaten Heidekoe vs. Nederlandse dubbeldoelrassen

De resultaten van de eerste analyse (*principal component analysis*) naar de spreiding van de Nederlandse (erkende) dubbeldoel runderrassen samen met de gegenotypeerde Heidekoeien is weergegeven in Figuur 2. In figuur 2a worden de drie Nederlandse rassen die al het langst in aparte stamboeken worden geregistreerd het meest duidelijk uit elkaar gehaald. Belangrijk voor deze figuren is dat het is op basis van een set SNPs, specifiek geselecteerd voor het uit elkaar halen van de Nederlandse (zeldzame) dubbeldoel runderrassen. Linksboven in roze het Fries Hollands (donkerblauw is Roodbont Friesvee), rechts bovenin in lichtblauw is het Maas-Rijn-IJsselvee (en paars Brandrode rund), onderaan in het midden is de Groninger Blaarkop duidelijk afgescheiden van de andere rassen. Kijken we naar figuur 2c en nog meer naar 2d, dan worden deze rassen juist iets minder goed uit elkaar gezet, maar komt de Heidekoe (zwart), Lakenvelder (rood) en de Holstein Friesian, die als referentiepopulatie is toegevoegd (geel), iets meer naar voren als aparte groepen, echter niet voldoende om hier uitspraken over te kunnen doen.



Figuur 2 Spreiding van de Nederlandse, erkende, dubbeldoel runderrassen en de Heidekoeien.

Donkerblauw = roodbont friesvee / Roze = Fries Hollands / Groen = Blaarkop / Rood = Lakenvelder / Paars = Brandrode rund / Lichtblauw = MRIJ / Geel = Holstein Friesian / Zwart = Heidekoe

4.1 STRUCTURE resultaten DNA-test voor rasidentificatie

De Heidekoeien uit de dataset zijn geanalyseerd met behulp van de DNA-test voor rasidentificatie van de Nederlandse zeldzame dubbeldoelrassen. Op basis van 133 geselecteerde SNPs en referentiepopulaties van de Nederlandse zeldzame dubbeldoelrassen zijn de Heidekoeien ingedeeld op overeenkomsten per ras. De overgrote meerderheid van alle Heidekoeien had de hoogste overeenkomsten met Fries Hollands vee (zwartbonten), daarna vaak gevolgd door Roodbont Friesvee en/of Holstein Friesians. Enkele dieren werden juist in hogere mate toegewezen aan Maas-Rijn-IJsselvee of de Lakenvelder. Groninger Blaarkop en Brandrood hadden de laagste overeenkomsten voor deze set van geselecteerde SNPs.

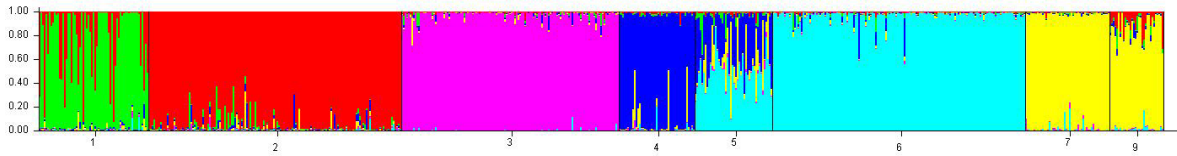
Met deze resultaten kan worden veronderstelt dat de Heidekoeien in elk geval niet passen binnen één van de raspopulaties. En wel enige vorm van uniformiteit hebben in hoeveel genetische diversiteit per ras overeenkomt. In elk geval voor deze 133 geselecteerde SNPs.

Tabel 8 Overeenkomsten van de Heidekoeien met de referentiepopulaties van de Nederlandse dubbeldoelrassen en Holstein op basis van 133 geselecteerde SNPs.

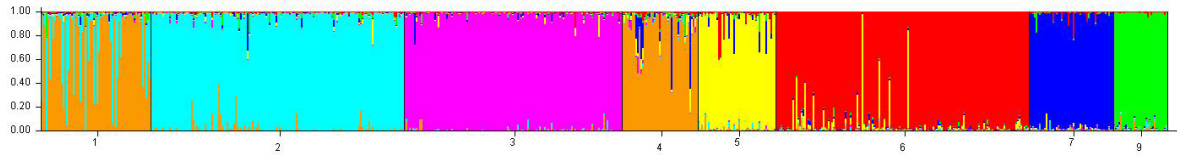
	RFV	FH	GB	LV	BRR	MRIJ	HOL
H Hilda	0.172	0.174	0.090	0.153	0.138	0.117	0.156
Bente	0.143	0.185	0.147	0.145	0.109	0.122	0.149
K Anniken 06	0.142	0.175	0.096	0.161	0.129	0.128	0.169
HO Heide 03	0.139	0.186	0.096	0.157	0.112	0.159	0.150
H Heide 01	0.186	0.193	0.085	0.165	0.098	0.149	0.124
O Ragna 04	0.116	0.158	0.133	0.138	0.114	0.170	0.170
H Henrike	0.149	0.199	0.106	0.143	0.126	0.151	0.126
O Ragna 02	0.133	0.147	0.107	0.112	0.128	0.159	0.215
K Alfildr 1	0.152	0.223	0.102	0.136	0.104	0.144	0.139
SD Sonam	0.167	0.191	0.131	0.129	0.130	0.118	0.135
KO SD Ciara	0.138	0.199	0.109	0.139	0.137	0.137	0.141
H SD Knelsina	0.160	0.216	0.113	0.158	0.101	0.124	0.127
M SD Zwaantje	0.174	0.189	0.112	0.143	0.117	0.135	0.130
K SD Lammechien	0.131	0.197	0.141	0.127	0.130	0.137	0.137
H SD Froukje	0.148	0.173	0.132	0.163	0.117	0.149	0.118
O SD Aaltje	0.134	0.177	0.113	0.169	0.114	0.166	0.128
H SD Derkje	0.200	0.165	0.115	0.153	0.127	0.122	0.117
O SD Grietje	0.151	0.165	0.124	0.131	0.132	0.146	0.153
K SD Harmen	0.150	0.155	0.109	0.150	0.116	0.163	0.156
HO Heide 02	0.128	0.207	0.114	0.146	0.113	0.146	0.146
HO SD Hillechien	0.171	0.204	0.084	0.128	0.113	0.178	0.122
H Henrike 1	0.149	0.196	0.119	0.149	0.111	0.152	0.125
K Runa	0.162	0.173	0.111	0.118	0.116	0.129	0.190
M Marlene 02	0.180	0.184	0.119	0.158	0.105	0.120	0.135
K Raghild	0.142	0.192	0.107	0.119	0.122	0.155	0.164
Roelfina v EigenErf	0.164	0.187	0.119	0.158	0.106	0.128	0.139
K Ragna 05	0.124	0.185	0.141	0.144	0.128	0.131	0.147
O Ragnason 01	0.160	0.184	0.125	0.134	0.133	0.124	0.139
O Ragna 03	0.124	0.186	0.140	0.143	0.128	0.131	0.148
HO Hanna 01	0.117	0.158	0.122	0.147	0.115	0.200	0.142
K Audhildson	0.170	0.233	0.117	0.124	0.095	0.139	0.122

4.2 STRUCTURE resultaten Clustering

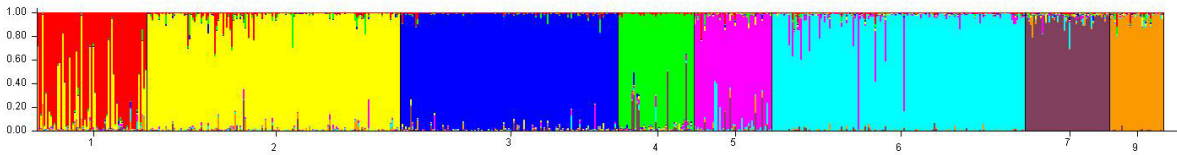
Het software programma STRUCTURE herkent de Heidekoe als 'eigen' groep wanneer de opdracht wordt gegeven om alle dieren in te delen in 7 groepen of meer, op basis van 133 geselecteerde SNPs. De figuren hieronder geven de indelingen per dier weer, elke verticale lijn is 1 dier. Het zijn de resultaten van de analyses voor 6, 7, 8 en 9 groepen, waarvan 8 het werkelijke aantal groepen is (Figuur 2, 3, 4 en 5 resp.). De volgorde van de rassen is: Roodbont Friesvee, Fries Hollands, Groninger Blaarkop, Lakenvelder, Brandrode rund, Maas-Rijn-IJsselvee (MRIJ), Holstein Friesian en Heidekoeien.



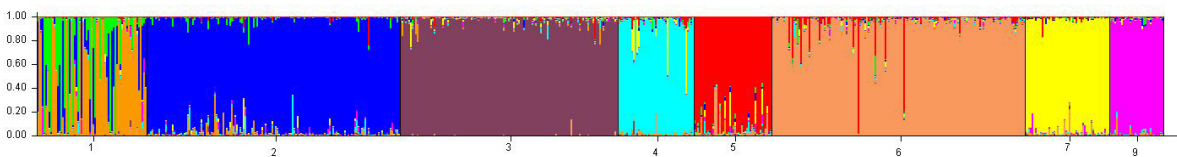
Figuur 2 Spreiding 6 groepen (twee groepen te weinig): Heidekoe en Holstein samen gegroepeerd. Dit kan het resultaat zijn van de SNP selectie, deze zijn specifiek geselecteerd om de dubbeldoel rassen te onderscheiden. Ook het Brandrode rund is niet herkend als 'eigen' groep en is verdeeld over Lakenvelder en MRIJ.



Figuur 3 Spreiding 7 groepen (één groep te weinig) -> Heidekoe als 'eigen' groep aangewezen. Het programma heeft Roodbont Friesvee niet herkend als 'eigen' groep, maar deels aan Lakenvelder deels Fries Hollands populatie toegeschreven.



Figuur 4 Spreiding 8 groepen (werkelijkheid): Heidekoe wordt als 'eigen' groep aangewezen, alle rassen zijn ingedeeld naar verwachting.



Figuur 5 Spreiding 9 groepen (één groep teveel): Heidekoe aangewezen als 'eigen' groep, de extra groep veroorzaakt een extra tweedeling binnen Roodbont Friesvee - dit kan mogelijk veroorzaakt worden door de verdeling van 'originele' oude rode friese lijnen vs. Roodbont friesen uit zwarte voorouders.

5 Conclusies en aanbevelingen

De resultaten van de analyses kunnen gebruikt worden voor het wel of niet onderbouwen van de beschikbare afstammingsgegevens. Zo zijn bijna alle verwantschappen met moederdieren waar genotypes van beschikbaar waren als meest verwanten naar voren gekomen. Evenals verschillende (half)broer-zus, neven en nichten. Dit is in lijn met de verwachtingen. Ook is er voor Bente een potentieel moederdier gevonden wat de afstamming voor Bente compleet maakt.

K Audhildson is voor vier van zijn zes geregistreerde dochters, naar alle waarschijnlijkheid en op basis van deze gegevens, niet het juiste vaderdier. Op basis van de beschikbare gegevens kan hier nog geen uitsluitel over gegeven worden en ook geen mogelijke andere vaderdieren aangedragen worden. Het advies is om hier gezamenlijk en in overleg, met de kudde en het Centrum voor Genetische bronnen Nederland (CGN) verder naar te kijken om de gevonden resultaten te combineren met de kennis en informatie uit de praktijk. Ook kunnen haarmonsters uit andere kuddes bijdragen aan het bepalen van potentiële vaderdieren voor deze vier koeien.

De Mean Kinship van de gegenotypeerde dieren verschillen, van veelal lagere verwantschappen tussen oudere dieren en de jongere generaties met hogere Mean Kinships. Belangrijk is het besef dat er uit de Stroomdal kudde veel meer dieren in deze dataset waren opgenomen. Het is dan ook zeer waarschijnlijk dat de Mean Kinships van deze dieren daarom (veelal) hoger liggen dan de AS dieren, en dus geen werkelijke representatie geeft voor de totale populatie maar alleen voor deze kudde. Er zijn verschillende mogelijkheden om dit beter te onderscheiden, echter is hier meer materiaal voor nodig. De Mean Kinships zijn een waardevolle methode om de inteelttoename te beperken, het 'zelf-herstellende' vermogen naar aanleiding van het gebruik van dezelfde fokdieren maakt dit op de lange termijn het meest duurzame systeem. Hiervoor is het wel essentieel dat er een zeer betrouwbare dierregistratie wordt bijgehouden, en vooral van alle fokdieren in de totale populatie.

De Heidekoe is als eigen 'populatie' te onderscheiden van de op dit moment erkende Nederlandse (dubbeldoel) runderrassen. Het hoogste aandeel kwam vaak overeen met de Fries Hollandse zwartbonte populatie, maar lang niet voldoende om de Heidekoe binnen dit ras te plaatsen. Het aandeel elk van de dubbeldoel rassen was redelijk uniform voor alle Heidekoeien. Ook kwam het ras er goed uit bij het aanwijzen van de verschillende groepen. Beide suggereren dat de Heidekoeien in deze dataset goed als populatie te onderscheiden zijn van de Nederlandse erkende dubbeldoel runderrassen.

Echter, met rond de 100 fokdieren in Nederland geregistreerd is het een grote uitdaging om de Heidekoe als 'eigen' populatie te onderhouden. Het dringende advies luidt dan ook om gezamenlijk, met daarbij de Stroomdal Kudde, AS kudde en overige veehouders met Heidekoeien, een duurzaam fokprogramma op te stellen voor de lange termijn. Afspraken te maken over het uitwisselen van fokdieren en het beperken van de inteelttoename voor het hele ras. Ook kan een mogelijke samenwerking met Deense organisaties, betrokken bij het behoud van de levende populaties of beheer van de Deense genenbank, mogelijkheden voor uitwisseling van dieren of genetisch materiaal. Vanuit het CGN denken wij hier graag in mee en kunnen ondersteuning en advies uitbrengen voor de korte en langere termijn.

CGN
Postbus 16
6700 AA Wageningen
cgn@wur.nl
wur.nl/cgn

Wageningen University &
Research CGN rapport 56

De missie van Wageningen University & Research is 'To explore the potential of nature to improve the quality of life'. Binnen Wageningen University & Research bundelen Wageningen University en gespecialiseerde onderzoeksinstituten van Stichting Wageningen Research hun krachten om bij te dragen aan de oplossing van belangrijke vragen in het domein van gezonde voeding en leefomgeving. Met ongeveer 30 vestigingen, 6.800 medewerkers (6.000 fte) en 12.900 studenten behoort Wageningen University & Research wereldwijd tot de aansprekende kennisinstellingen binnen haar domein. De integrale benadering van de vraagstukken en de samenwerking tussen verschillende disciplines vormen het hart van de unieke Wageningen aanpak.
