



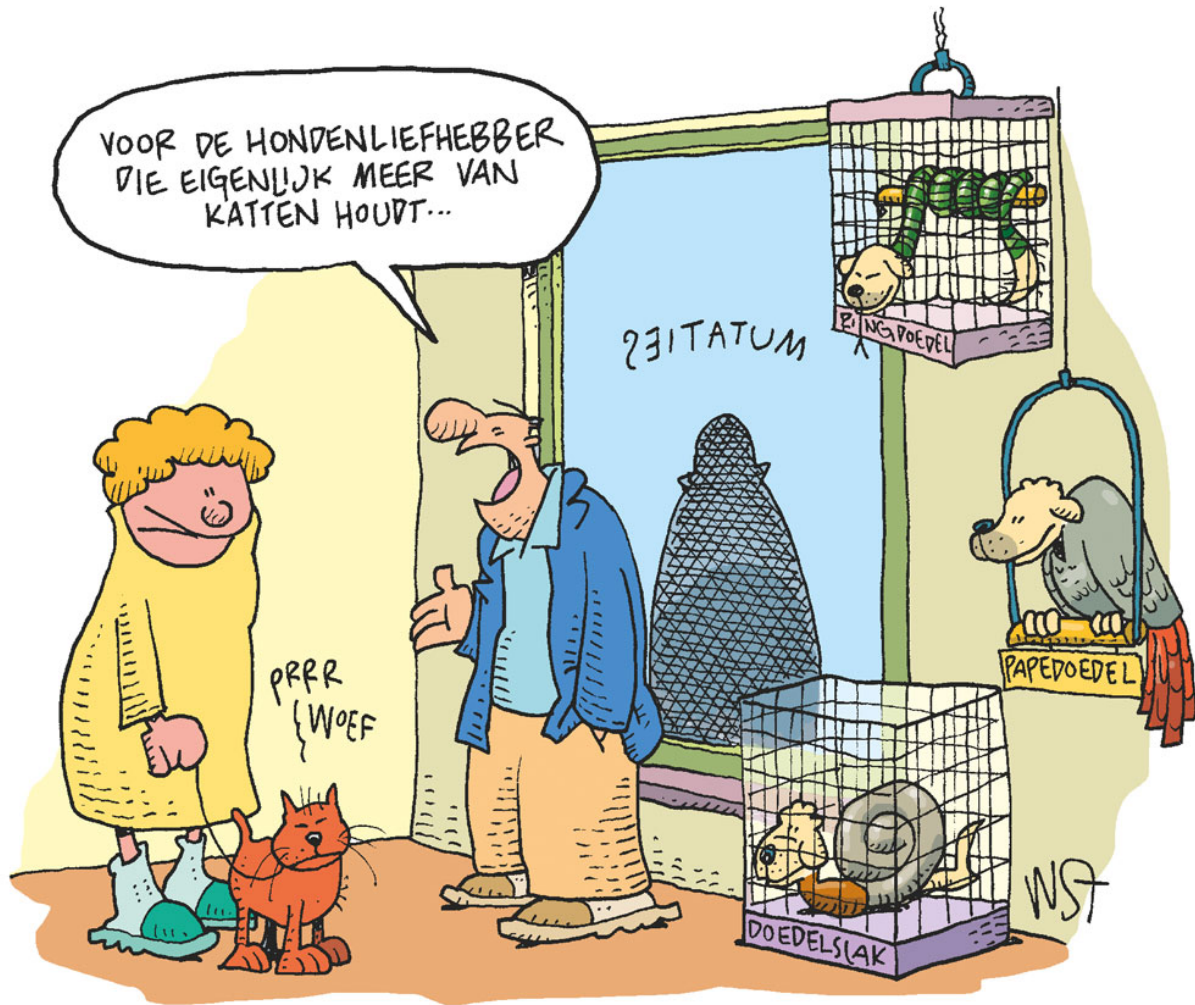
RAAD VAN BEHEER

HOUDEN VAN HONDEN

MODULE 12

ERFELIJKHEIDSLEER

Module 12 Erfelijkheidssleer, gevorderd	Eindtermen	Geschatte lesuren
K. kent interacties van genen	Interactie tussen genen. Kleur- en vachtvererving. Dominant, recessief en onvolkomen dominant. Polygeen en multifactorieel. Multiple allelen.	8 uur
K. kent beginselen van de populatiegenetica	Mutaties. Kwantitatieve en kwalitatieve eigenschappen, inteeltcoëfficiënt, founders, in- en lijnteelt, outcross, heterosis. Natuurlijke en kunstmatige selectie en hun invloed op het voorkomen van erfelijke gebreken. Genetica toepasbaar maken.	
K. kent de beginselen en toepassing van DNA-testen	DNA-testen, markers, interpretatie uitslagen.	



In deze module zijn sommige gedeeltes in cursief geschreven. Dit is extra verdieping, die soms behoorlijk ver voert en tamelijk ingewikkeld is maar ook als extra uitleg kan dienen. Voor kandidaten voor het examen VKK is het leren van alle cursieve tekst niet noodzakelijk. Een perfecte kennis van de gewone tekst is toereikend voor een voldoende: met het cursief geschrevene kan het punt worden opgekrikt.

Erfelijkheid is de overdracht van zichtbare of onzichtbare eigenschappen van een generatie naar de volgende generatie. Wat er nu eigenlijk precies wordt bepaald door genen is al eeuwenlang een discussie: wat komt er door de omgeving? Wat komt er van de ouders? En wat komt er door de combinatie van die twee? Dit debat wordt het “nurture-nature-debat” genoemd.

De vraag die hierbij gesteld wordt is hoe groot de invloed is van de genen op de eigenschappen van een individu en hoe groot de invloed is van de omgeving. Nurture zegt dat eigenschappen worden bepaald door opvoeding, nature zegt dat alle eigenschappen worden bepaald door aanleg, waarmee dan de genetische aanleg wordt bedoeld.

DNA en RNA

DNA staat voor desoxyribonucleïnezuur, (Engels: Deoxyribonucleic acid).

Een DNA-molecuul bestaat uit twee lange strengen van nucleotiden (bio-organische verbindingen), die in de vorm van een dubbele helix met elkaar vervlochten zijn. De twee strengen zijn met elkaar verbonden door waterstofbruggen, die steeds twee tegenover elkaar liggende nucleotiden verbinden. Zo vormen ze zogenaamde "basenparen". DNA bevat vier verschillende nucleotiden met de nucleobasen adenine, thymine, guanine en cytosine, die afgekort worden met respectievelijk de letters A, T, G en C.

De volgorde van nucleotiden in een streng noemt men een sequentie. Zo'n streng kan eindeloos lang zijn en dus een enorm scala aan mogelijkheden in volgordes geven. In feite zijn de volgordemogelijkheden eindeloos. De volgorde van nucleotiden kan unieke erfelijke informatie verschaffen.

Buiten DNA is er ook nog RNA. Dit staat voor ribonucleïnezuur. RNA lijkt qua structuur sterk op DNA, en net als DNA is RNA opgebouwd uit een lange keten van nucleotiden. Het speelt onder andere een rol bij het tot uiting komen van eigenschappen en bij onderdelen van de cellulaire afweer.

Een belangrijk verschil met DNA is dat RNA uit een enkele streng nucleotiden bestaat.

Zoals met letters kan worden geschreven in eindeloos veel talen, kunnen de nucleotiden van het DNA eindeloos veel mogelijkheden coderen en daarmee eindeloos veel erfelijke informatie geven.

Dat de invloed van de genetische aanleg groot is weten we tegenwoordig maar al te goed. Er zijn voor alle rassen testen verkrijgbaar voor allerlei kenmerken en ziektes, en zo zijn fokkers in staat streng te selecteren op de kenmerken die zij wel of juist niet wensen. Voor een dergelijke selectie is het wel belangrijk je te realiseren hoe genen op elkaar inwerken.

Wanneer verschillende genen invloed hebben op dezelfde eigenschappen kunnen ze samenwerken, of op elkaar inwerken. Daarbij is van belang hoe het genotype, het geheel aan erfelijke informatie, tot uiting komt in het fenotype. Voorbeelden hiervan zijn vooral duidelijk in de kleurengenetica. Er zijn natuurlijk verschillende manieren van vererving. Er is recessief en dominant:

In veel gevallen heeft een gen maar twee varianten, waarbij de ene dan vaak de andere overheerst. Dit heet een dominant – recessieve verhouding. Het dominante gen is de overheersende en het recessieve gen is de onderdrukte. Vaak -maar niet altijd- is dat voor 100%. Dat betekent dat het recessieve gen wel aanwezig is in het totale erfelijke materiaal, maar het is niet te zien. Het gaat dan over twee eigenschappen die op dezelfde plaats – locus – liggen.

ONVOLKOMEN DOMINANTIE

Bij onvolkomen dominantie zijn beide eigenschappen van genen die op dezelfde locus liggen te zien. Soms is het ene gen dominant ten opzichte van het andere gen. Dat andere gen wordt dan recessief genoemd. Maar het is lang niet altijd zo dat er maar één gen zichtbaar is. Bij honden komt het soms voor dat er twee eigenschappen van verschillende loci tegelijk te zien zijn. Beide genen zijn zichtbaar maar geen van beide volledig.

Dat wordt onvolkomen dominantie genoemd. Een voorbeeld is brindle: de strepen zijn te zien, maar de ondergrond ook. Je ziet dus twee genen van verschillende loci tegelijk.

INTERMEDIAIRE OVERERFING

Een genetische eigenschap is intermediair aanwezig als bij een diploïd -bezit twee exemplaren van elk chromosoom- organisme beide allelen van een gen (namelijk het allel op het chromosoom dat afkomstig is van de moeder én het allel op het chromosoom van de vader) tot uiting komen, waarbij het fenotypische kenmerk een mengvorm is van beide allelen.

EPISTASE

Dit wil zeggen dat er sprake is van "overschaduwing", zoals de formele term luidt. In de erfelijkheidsleer betekent het simpelweg dat een gen zich niet kan uiten doordat een ander gen dat belemmert: het overschaduwet het andere gen.

Een typisch voorbeeld hiervan is de uiting van A-locus: die is alleen mogelijk als er op de K-locus de juiste genencombinatie ligt. Als er K^B/K^B aanwezig is kan A-locus zich fenotypisch niet tonen, zoals later verder uitgelegd zal worden.

MULTIPLE ALLELEN

In de vachtvererving komen al deze soorten van overerving voor. Er komt daar nog een ander fenomeen voor: multiple allelen. Op een locus liggen altijd maar twee genen. Maar er kunnen wel meer dan twee verschillende varianten van genen voor dezelfde locus bestaan: dan spreken we van multiple allelen. Er zijn dan van een gen soms wel vijf of zes varianten mogelijk, waarvan er uiteraard altijd maar twee op de locus aanwezig zijn. Hiervan is vaak sprake in de kleurengenetica en waarschijnlijk ook in de genen van heel veel andere eigenschappen.

KLEUREN

In de erfelijkheidsleer wordt een eigenschap over het algemeen weergegeven met een codeletter. Hierbij staat dan vaak de hoofdletter voor het dominante gen en de kleine letter voor het gen dat ondergeschikt (recessief) is. Als twee verschillende genen van een eigenschap even sterk zijn, en dus beide in het uiterlijk zichtbaar worden, dan krijgen ze dezelfde variant van de letter (hoofdletter of schrijffletter) maar wordt er een kleine letter aan toegevoegd die een kenmerk van die variant weergeeft. In de kleurvererving worden de codeletters gebruikt zoals die door C.C. Little in 1957 aan de verschillende eigenschappen werden gegeven en die internationaal in de kleurengenetica voor honden gebruikt worden. Clarence C. Little (1888-1971) was een bioloog en wetenschappelijk onderzoeker die op grotere schaal de kleurvererving bij honden onderzocht, en daartoe ook kruisingsproeven uitvoerde. Hij publiceerde de resultaten van zijn onderzoek in 1957 in "The inheritance of coat color in dogs".

Little heeft veel belangrijke dingen gevonden, maar enkele van zijn bevindingen zijn inmiddels achterhaald. In 2003 is bijvoorbeeld gebleken dat de eigenschap die veroorzaakt dat “donker pigment tot uiting komt” zich niet in de reeks van de A-eigenschappen bevindt, zoals Little dacht. Deze eigenschap blijkt op een aparte locus te liggen. Sommige dingen had Little wel correct en de coderingen die tegenwoordig gebruikt worden zijn – tenzij ze achterhaald blijken – nog steeds de coderingen die Little destijds gebruikte.

In de kleurengenetica wordt veel onderzoek gedaan. Dat komt vooral doordat er vaak overeenkomsten zijn met het genoom, de genetische blauwdruk, van de mens. In hondenpopulaties is onderzoek relatief makkelijk omdat deze vaak prima gedocumenteerd zijn en eigenaren vaak graag meewerken aan onderzoeken. Maar hoewel er veel bekend is, valt er ook nog veel te ontdekken. De kleurengenetica is dus aan wijzigingen onderhevig.

Door de overerving van kleuren te begrijpen kan men zich ook de verschillende manieren van overerving eigen maken. Ook de wijze waarop genen elkaar kunnen beïnvloeden wordt duidelijk.

Het begrip mutatie is van belang om te begrijpen hoe het mogelijk is dat er zo enorm veel variatie bij kleuren te vinden is. Mutaties zijn wijzigingen in de erfelijke eigenschappen van het genoom (het DNA of RNA) van een cel. Die veranderingen ontstaan spontaan en ze komen heel veel voor.

Het oorspronkelijke “model” waar de hond uit voortkomt was een wolfachtige. Voor de domesticatie van de wolf waren er al heel wat mutaties nodig zodat het dier zich kon aanpassen aan de leefwijze van de mens. Die mutaties zijn waarschijnlijk ontstaan via een natuurlijke selectie: kenmerken die bruikbaar bleken voor de mensen waar de dieren in de buurt waren, bleven in stand doordat deze dieren de voorkeur genoten bij de mensen waar de dieren contact mee hadden. Zo vermoedt men althans dat het ongeveer gegaan is.

Uit onderzoeken naar domesticatieprocessen (Dmitry Belyaev deed in de vorige eeuw experimenten met zilvervossen) is gebleken dat het heel wat generaties kost, maar dat uiterlijke kenmerken tegelijk met de domesticatie mee veranderen. Zo zouden bijvoorbeeld voorsnuiten korter worden, oren gaan hangen en vachten witte aftekening gaan vertonen. Of dit daadwerkelijk kenmerken zijn van domesticatie is niet bewezen, maar het is wel zeker dat deze kenmerken te danken zijn aan mutaties.

Mutaties zijn doodgewoon en komen voor in alle diersoorten. In de natuur zullen de mutaties die het voortbestaan van de soort bedreigen zich niet voortplanten. Maar bij gedomesticeerde dieren ligt dat natuurlijk anders.

Als de mens zich bemoeit met het voortplantingsproces en de selectie, kan er bewust worden gekozen voor uiterlijke en innerlijke kenmerken die afwijken van de natuurlijk “wilde” kenmerken.

In de genetica wordt uitgegaan van een standaard “wild” kenmerk, en alle varianten die afwijken kunnen derhalve worden gezien als mutaties. Dat zijn bij honden vaak mutaties die bewust door de mens in stand werden gehouden. Denk hierbij aan kleuren en vachttypes, maar ook aan beenlengte, snuitlengte, formaat en staardracht.



In de kleurengenetica is een reeks aan kenmerken bekend die hieronder worden behandeld. Bij kleuren zijn vier loci essentieel, namelijk A-locus, B-locus, E-locus en K-locus. Deze vier loci bepalen wat er te zien is aan kleuren en patronen.

Er is nog een groot aantal andere genen die medebepalend zijn, maar deze beïnvloeden alleen het resultaat van de combinatie van genen die A, B, E en K geproduceerd hebben. Voor begrip van kleuren is het tenslotte nog belangrijk te weten dat er twee pigmenttypes bestaan: eumelanine en phaeomelanine. Eumelanine is verantwoordelijk voor de donkere pigmenten; bruin en zwart. De lichtere pigmenten worden bepaald door phaeomelanine. Deze pigmenten worden omschreven als lichtgeel, geel, rood.

Honden hebben altijd beide soorten pigmenten maar of deze ook beide getoond kunnen worden is afhankelijk van de genencombinatie die een dier draagt. Vaak is er ook sprake van een combinatie van beide soorten en in veel gevallen variëren de patronen gedurende het opgroeien van een dier.

A-LOCUS

Op deze reeks vinden we meerdere eigenschappen, waarvan de belangrijkste in volgorde van dominantie zijn:

a^v (sable). Dit patroon onderdrukt donker en geeft helder rood of sable, ook oranje genoemd. Dit patroon komt bij enorm veel rassen voor. Veel rassen hebben er een eigen naam voor (sable, zand, blond, rood, bruin)

a^w (wildkleur). Een patroon van lichte en donkere pigmenten zoals bijvoorbeeld bij de Saarlooswolfhond,

a^t (tanpoint). Dit patroon geeft een tan-aftekening, zichtbaar op zowel zwart als bruin. Het is een vast patroon rondom de bek, boven de ogen, op de borst en de benen en onder de staart. Dit is het patroon zoals bekend van de Rottweiler. Het is een vaste verdeling van lichte en donkere pigmenten.

a geeft een zwarte of bruine kleur die **niet** veroorzaakt wordt door een combinatie van E en K. Deze variant wordt dan ook recessief zwart genoemd.

De patronen van de A-reeks kunnen zoals gezegd voorkomen in zwart en in bruin, herkenbaar aan de kleur van de neusdop. Ze kunnen met en zonder witte aftekening voorkomen.



Kenmerkend voor de patronen van A-locus is dat de aanwezige variant van K-locus bepaalt of deze patronen zichtbaar zijn of niet.



Sable. Kenmerkend is dat bij de geboorte de haarpunten zwart (of bruin) zijn. Tijdens het opgroeien blijft daar meestal erg weinig van over, vaak blijven alleen de oorpunten donker.



Wolfsgrauw. Een vast patroon van lichtere en donkere delen waarbij de haarpunten op de meeste plaatsen donker zijn en zo het patroon bepalen.



Tanpoint. Een patroon met een vaste aftekening op gezicht, borst en benen. De points kunnen van dieprood tot vrijwel wit van kleur zijn. De ondergrond is zwart of bruin.



Recessief zwart: fenotypisch niet te onderscheiden van dominant zwart. Recessief zwarte honden kunnen uit tanpoint of andere A-locus patronen worden geboren, iets dat bij dominant zwart onmogelijk is.

B-LOCUS

Op de B-locus liggen twee mogelijkheden. In volgorde van dominantie zijn dat:

B: (zwart)

b: (bruin). Bruin wordt, afhankelijk van het ras, ook wel lever of chocolade genoemd, en heel soms zelfs rood.

Zwart is dominant over bruin, dus als er een B aanwezig is, zien we zwart. B-locus toont zich primair in de neus en slijmvliezen en dat is dus bepalend voor welke kleur de hond genetisch heeft. B-locus wordt wel gezien als de basiskleur van de hond.

Bruin wordt gezien als een aparte kleur, maar kan ook worden uitgelegd als een verdunning van zwart. Omdat er ook een apart locus is dat eumelanine-varianten verdunt kan dat echter verwarrend werken. Het is daarom simpeler het te houden bij zwart en bruin, B en b.

B-locus toont dus zwart of bruin en dat betreft dus uitsluitend de donkere pigmenten. Rood en geel (phaeomelanine) wordt er niet door beïnvloed.

Als een hond genetisch bruin is, wordt alles aan en in de hond waar eumelanine zit bruin. De ogen van een bruine hond zijn dus lichter dan die van een zwarte hond en de neus van een bruine hond is bruin, niet zwart. De neus is de makkelijkste plek om vast te stellen wat de basiskleur van een hond is, want de vacht kan ook alleen phaeomelanine bevatten, licht pigment. Dat is bijvoorbeeld bij een Golden retriever het geval. Dan is aan de vacht niet te zien welke kleur een hond genetisch is, maar aan de neusdop is dat wel te zien.

Op B-locus ligt dus B (zwart) en b (bruin). Bruin is er in een aantal varianten, maar deze geven echter geen afwijkend fenotype: bruin is bruin.

Er zit natuurlijk wel variatie in de bruine kleur, dat zal iedereen met een bruine hond bevestigen. Maar de oorzaak daarvan wordt bepaald door andere genen (die nog niet bekend zijn) en niet door deze variaties op b.

Alle kleurvarianten kunnen voorkomen in zwart en in bruin. B-locus bepaalt dus de basiskleur van de hond.

E-LOCUS

Op de E-locus ligt weer een reeks multiple allelen. In de afgelopen jaren zijn er meerdere ontdekt en het vermoeden is dat er nog meer varianten zijn.

De allelen die nu bewezen op E-locus liggen zijn in volgorde van dominantie:

E^M: masker

E : eumelanine kan zich uiten

E^D: domino

E^G: grizzle

e : recessief geel, eumelanine wordt verborgen.

E^M is verantwoordelijk voor een masker van eumelanine (donker pigment) zoals bv bekend is van de Belgische herders en Leonbergers.

In de volksmond wordt het simpelweg “masker” genoemd, er wordt ook wel gesproken over “melanistisch masker”.

Een dergelijk masker kan voorkomen in bruin en zwart, al dan niet verdund.



E is het allel dat er verantwoordelijk voor is - in samenwerking met het KB –allel van K-locus - dat eumelanine zich kan uiten. Geheel zwarte, blauwe en bruine honden hebben dus altijd minimaal één E-allel.



E^G: grizzle

Het opvallende patroon dat E^G op lichaam en gezicht veroorzaakt is grizzle genoemd naar de benaming die hiervoor bij Saluki's wordt gebruikt. Het is gevonden bij Saluki en Afghaanse windhond.

Om dit patroon te kunnen zien is er ook tanpoint nodig. Het is dus een combinatie van patronen die op verschillende loci liggen. Het lijkt bij een beperkt aantal rassen voor te komen.

Grizzle zorgt voor een mengeling van lichte en donkere haren op het lichaam en het onttrekt de donkere kleur in de gezichtsaftekening die kenmerkend is voor tanpoint. Hierdoor ontstaat een lichte gezichtsaftekening. De aftekening wordt ook wel “domino” genoemd.

E^D: domino.

Dit is een patroon dat zeer sterk lijkt op E^G, maar het komt voor bij andere rassen.

Het is het gen dat wordt gevonden bij de Malamute en de Husky en verantwoordelijk is voor de specifieke witte aftekening in het gezicht. Ook hier is een combinatie van E^D en tanpoint nodig. Ook dit gen komt bij een beperkt aantal rassen voor. Hoewel de term “domino” algemeen voor deze aftekening wordt gebruikt (en dus ook voor grizzle) is het vermoeden momenteel dat er meerdere, nog niet gevonden mutaties zijn die een vergelijkbaar effect geven.



e: recessief geel.

Dit gen maakt in fokzuivere vorm dat phaeomelanine zich toont en blokkeert de uiting van eumelanine.

De bekendste uiting van een fokzuivere uiting van e is ongetwijfeld de Golden Retriever.

De verschillende varianten van deze kleur zijn het gevolg van de invloeden van I-locus. Waarschijnlijk zijn er nog andere genen bij getrokken, die echter tot op heden niet bekend zijn. Wanneer een hond e/e toont, zijn alle andere genen onzichtbaar. Alleen witte aftekening kan zich uiten.

Een opvallend kenmerk van de e/e honden, ook wel recessief gele honden genoemd, is dat zij nooit volkomen egaal gekleurd zijn.

Er is altijd een bepaalde variatie in kleur aanwezig, die wel shading wordt genoemd, iets dat je zou kunnen vertalen als “schaduwwerking”.

Deze schaduwwerking volgt een bepaald patroon en heeft lichtere en donkerder delen.



E-locus beïnvloedt de uitingsvormen van enkele patronen van A-locus, maar bepaalt bovendien of er wel of geen eumelanine zichtbaar is.

K-LOCUS

Op het K-locus vinden we drie allelen. In volgorde van dominantie zijn dit:

K^B: staat donker pigment (bruin, zwart) toe zich te uiten,

k^{br}: brindle of gestroomd,

k^y: maakt de uiting van kleurpatronen mogelijk zoals aanwezig op de A-reeks.

Het wel of niet uiten van A-locus wordt dus bepaald door het K^B -gen. Heeft een hond K^B/K^B of K^B/k^y, dan zal hij A-locus niet tonen. Als het K^B-gen namelijk dominant aanwezig is, K^B/K^B of K^B/k^y dus, dan worden hierdoor de eigenschappen van de A-reeks bedekt door donker pigment.

Heeft een hond k^y/k^y, de recessieve vorm van deze eigenschap, dan is naast het donkere pigment van de B-reeks ook het lichtere pigment van de A-reeks zichtbaar. Met andere woorden: heeft een hond k^y/k^y, dan kunnen de aanwezige eigenschappen van de A-reeks zich tonen.

Hoewel bekend is dat k^{br} bestaat en het ook daadwerkelijk gevonden is, is er geen betrouwbare test voor.

De reden hiervoor is dat de mutatie zo dicht bij K^B ligt, dat het verschil vaak niet vindbaar is. Om foute uitslagen te voorkomen hebben vrijwel alle laboratoria de test daarom uit hun bestand gehaald.

K-locus is bepalend voor het wel of niet zichtbaar zijn van A-locus. Als er sprake is van brindle, is het aanwezige patroon van A-locus bepalend voor de uiting daarvan. Een hond kan dus bijvoorbeeld brindle strepen hebben op een sable ondergrond, dat is de gewone brindle zoals iedereen die kent. Maar een hond kan ook een tanpoint patroon hebben met alleen brindle strepen in de points.



Brindle is een strepenpatroon op een ondergrond van A-locus.

Meestal gaat het om sable en ontstaat er een geheel gestreepte hond.

ANDERE LOCI

Buiten de vier belangrijkste loci zijn er nog veel meer genen die bepalend zijn voor de kleuren van honden. Een deel ervan wordt hieronder behandeld.

C-LOCUS

C-locus heeft lang de naam gehad verantwoordelijk te zijn voor verdunningen van phaeomelanine. Het wordt in andere diersoorten ook wel chinchilla-gen genoemd en het is bekend dat het in bijvoorbeeld muizen, ratten en konijnen het locus is waar de mutatie voor albino ligt. Ook Little was ervan overtuigd dat de verdunning van lichte pigmenten tot zelfs het geheel ontbreken ervan toegedicht moest worden aan een mutatie die op C-locus zou moeten liggen. Maar voor honden is dat niet het geval.

De albinovorm in andere diersoorten kenmerkt zich door het volstrekt ontbreken van pigment, waardoor ook ogen en slijmvliezen pigment loos zijn. Daarvoor is bij deze diersoorten inderdaad een mutatie verantwoordelijk op de C-locus. Maar hoe men ook zocht, bij honden was er niets vindbaar. Toch bleek er enige tijd geleden een mutatie te zijn die een vorm van albinisme geeft in honden.

Maar tot op heden is die in slechts drie rassen gevonden: Lhasa Apso, Pekingees en Dwergkees. Mogelijk komen daar nog meer rassen bij in de toekomst, maar tot nog toe lijkt het dus uiterst zeldzaam en voor de meeste rassen niet van toepassing. Het ging hier echter om een variant die niet op C-locus ligt en ook nog geen test beschikbaar heeft.

De uitermate zeldzame vorm van albinisme die is gevonden bij de Dobermann bleek wél op C-locus te liggen. Deze variant wordt gezien als een afwijking en komt maar heel zelden voor.

D-LOCUS

In volgorde van dominantie:

D: geen verdunning

d: verdunning

De D-locus staat voor dilute, verdunning. De eigenschap die verdunt op dit locus is recessief, wat betekent dat er twee genen noodzakelijk zijn om de eigenschap tot uiting te kunnen laten komen. Het gen verdunt dus donkere pigmenten, waardoor alle eumelanine aan de hond lichter wordt. Zwart wordt blauw, bruin wordt isabel. Dit geldt dus óók voor de slijmvliezen (lippen, oogranden, neus).

Opvallend genoeg tast dit gen de phaeomelanine niet aan. Zo kan een hond met tan-aftekening dus een blauwe of grijze vacht hebben maar wel een normaal gekleurde tan-aftekening.



De Weimaraner is d/d, verdund bruin.

Sinds kort is bekend dat er op D-locus drie mutaties liggen. Deze worden steeds vaker apart getest en de reden hiervan is dat er wordt vermoed dat een van deze mutaties geassocieerd zou kunnen worden met huidklachten. De mutatie zelf is overigens niet de veroorzaker van de problemen, het zou dan gaan om de omliggende genen die als het ware getriggerd worden.

G-LOCUS

In volgorde van dominantie:

G: graying, progressieve vergrijzing

g: geen graying

De G-locus staat voor graying, progressieve vergrijzing.

Graying heeft een bijzondere werking: het kan zich alleen tonen als ook het gen aanwezig is voor een bearded vacht. Het effect van graying toont zich voornamelijk in eumelanine, en veel minder in phaeomelanine. Het effect bijvoorbeeld dat de Kerry Blue terrier toont, die zwart geboren wordt en na een aantal jaren blauw van kleur is geworden.

Voor graying is nog geen test beschikbaar.



De Bedlington terrier komt voor in zwart en bruin. De vachtkleur is zeer snel verkleurt tot de gewenste kleur, het zeer lichtgrijs met een zwarte of bruine ondertoon.

Graying is niet hetzelfde als vroege vergrijzing zoals dat voorkomt door leeftijd. Vroege vergrijzing heeft waarschijnlijk dezelfde oorzaak als bij mensen: de een wordt vroeg grijs en de ander niet. Hoewel er wel een familiale aanleg lijkt te zijn is de genetische achtergrond ervan niet bekend.

H-LOCUS

In volgorde van dominantie:

H: harlekijn

h: geen harlekijn

H-locus staat voor harlekijn. Het betreft dan de patronen die bij de Duitse Dog voorkomen: zwart-wit gevlekt.

Het H-gen is enkelvoudig dominant en kan zich alleen uiten in combinatie met merle. Het effect dat dan ontstaat is dat van een gevlekte hond, maar de pigmentverdeling is volstrekt willekeurig.

Het harlekijn-gen is letaal. Pups die fokzuiver H/H zijn worden niet geboren; zij overlijden in de baarmoeder.

Harlekijn is zeer nadrukkelijk géén bont. De term wordt in een aantal rassen gebruikt en betreft dan nooit dit specifieke gen.

Bij de Beauceron bijvoorbeeld gebruikt men de term harlekijn voor merle-aftekening, bij poedels wordt het gebruikt voor de (niet erkende) kleurslag bont.



I-LOCUS

In volgorde van dominantie:

I: intensity, intensiteit van de phaeomelanine

i: geen intensiteit, verflauwing of verdunning van de phaeomelanine

I-locus is een locus waarvan men al jaren het bestaan vermoedde maar dat pas in de zomer van 2019 werd gevonden. Het zorgt voor de variatie in de phaeomelanine.

Denk hierbij aan de verschillen in kleur bij het recessief geel van bijvoorbeeld de Zwitserse witte herder, de Golden retriever en de Samojeed, maar ook aan de varianten in tan-aftekening en de verschillen in sable.



M-LOCUS

De M-locus staat voor merle en is een buitengewoon ingewikkeld locus. Wat de mutaties op dit gen in feite doen is pigmenten afbreken. Ze kunnen zich dan verdund, of zelfs helemaal niet tonen.

Dit gen kent een zogenaamde “insertie”. Een insertie wil zeggen een toevoeging van genetisch materiaal aan een gen. In het geval van merle blijkt het aantal basenparen van deze insertie van groot belang: hoe meer basenparen, hoe sterker het effect van de merle op de pigmenten.

Het gevolg hiervan is dat een aantal mutaties bij een DNA-test wel als uitslag merle krijgen, maar geen merle tonen in hun fenotype. Bij de meeste rassen waarbij merle voorkomt constateren fokkers zuiver op uiterlijk of een hond merle is of niet. Dat kan niet anders en voor de diverse uiterlijke verschijningsvormen zijn nog geen duidelijke omschrijvingen, behalve de genetische codes.

De diverse mogelijkheden zijn pas in het voorjaar van 2019 officieel vastgesteld en door de wetenschap erkend. Daardoor is er nog maar in weinig rassen meer bekend over de varianten die voorkomen onder de merle-honden.

Sommige merle-types geven afwijkende patronen en zo kan het gebeuren dat zo'n hond op de stamboom een “net erkende kleur” krijgt, terwijl hij een uiterlijk heeft dat wel degelijk bij merle past.

Omdat dit fenomeen nog volop in ontwikkeling is zal hier ongetwijfeld nog het nodige veranderen wat de wijze van fokken betreft.



Bij merle zijn de onderstaande mutaties gevonden. In volgorde van dominantie:

M^H	<i>herding</i>	<i>269-286 basenparen</i>
M	<i>merle</i>	<i>265-268 basenparen</i>
M^{A+}	<i>atypical +</i>	<i>255-264 basenparen</i>
M^A	<i>atypical</i>	<i>247-254 basenparen</i>
M^{C+}	<i>cryptic +</i>	<i>231-246 basenparen</i>
M^C	<i>cryptic</i>	<i>200-230 basenparen</i>
m	<i>non-merle</i>	<i>Lengte van de insertie is normaal, namelijk: 199-200 basenparen.</i>

Het is van belang te beseffen dat merle x merle in Nederland niet is toegestaan binnen de fokkerij. Dit heeft te maken met het verlies aan pigment dat kan optreden, waardoor doofheid kan ontstaan. Bovendien is er een link met een aantal oogafwijkingen.

Maar een deel van bovenstaande mutaties kan probleemloos gecombineerd worden. Zouden deze honden getest worden, dan zouden ze bij een standaard laboratorium allemaal de uitslag merle krijgen. Er zijn tot op heden slechts enkele laboratoria die zich bekwaamd hebben in de uitgebreide manier van testen voor dit locus.

De regels voor het fokken met merle zouden herzien kunnen worden zodat eventuele volledige testresultaten toch fokkerij mogelijk zouden maken. Of dit in de nabije toekomst zal gebeuren is op dit moment nog niet bekend.

S-LOCUS

Het S-gen is verantwoordelijk voor het patroon van de kleur. Van deze eigenschap zijn twee verschillende varianten mogelijk. In volgorde van dominantie zijn dit:

S (eenkleurig)

s^p (piebald spotted ofwel bont).

S geeft een geheel gekleurde vacht met geen wit of slechts enkele witte delen aan tenen en staartpunt en soms een borstvlak.

De eigenschap s^p staat voor piebald spotted. Dit gen geeft het bonte patroon zoals we dat bij veel rassen kennen.

S is dominant over s^p. Dat betekent dat een hond met S/s^p eenkleurig is. Gecombineerd met een S/S zullen de pups allen eenkleurig zijn, gecombineerd met S/s^p zal een deel bont zijn en een deel eenkleurig.

Het bontpatroon kent vele mogelijkheden, van volledige mantel tot vrijwel geen platen. Hoewel selectie op patroon enige invloed heeft, is er nauwelijks iets bekend over de wijze van vererving van de patronen.

Maar ook de S-locus kent een insertie. En men vermoedt dat het aantal basenparen van deze "staart" bepalend is voor de hoeveelheid pigment die verdwijnt.

Een hond kan natuurlijk beide varianten hebben, want om bont te tonen zijn er twee genen nodig. Dat zou een insertie met veel en een insertie met weinig basenparen kunnen zijn. De langste van de twee domineert in uitingvorm over de kortere, zodat de donkere honden lichtere aftekeningen kunnen doorgeven. Dat verklaart waarom een bonte hond met veel platen niet altijd nageslacht heeft dat ook veel platen heeft.

Er zijn altijd andere genen in de buurt van een locus die zich met de uitingvorm bemoeien en dat is ook bij S-locus aan de orde. Die genen, die verder niet bekend zijn overigens, bemoeien zich met de plaatsing van de pigmenten. Daarom hebben bonte honden geen identieke platen maar is daar altijd veel willekeur in.

Little dacht dat er nog andere patronen op S-locus aanwezig waren, maar dit lijkt tot op heden niet het geval te zijn. Het zogenaamde "Ierse patroon", een patroon dat bekend is van de Border Collie, geeft een witte borst en witte voorbenen, witte buik, witte achtervoeten/tenen en een witte staartpunt.

Waar dit patroon ligt is (nog) niet bekend. Als een hond met deze aftekening wordt getest, zal de uitslag S/S zijn, eenkleurig dus.

Ook andere patronen, zoals extreem bont (overwegend wit) zijn niet specifiek te testen. Onderzoek heeft uitgewezen dat dit type aftekening een variant van het "normale" bont te zijn.

Het is fenotypisch te bereiken door selectie, maar genotypisch niet apart aan te tonen.



T-LOCUS

T-locus staat voor ticking.

Ticking wil zeggen kleine pigmentspots op een witte ondergrond. Het is zichtbaar bij bonte honden maar natuurlijk kunnen ook eenkleurige honden dit gen dragen.

Veel rassen hebben eigen namen voor dit verschijnsel. Zo kennen we de namen schimmel, ticking, belton. Schimmel is niet hetzelfde als "dalmatenspot". Hiervan weten we dat het zich anders ontwikkelt en ook anders overerft dan ticking.

In volgorde van dominantie:

T – ticking

t- non-ticking.

Hoewel selectie voor of tegen ticking effect lijkt te hebben, is de wijze van overerving nog niet duidelijk. Er is ook niet op te testen. Selectie heeft wel effect maar geeft zeker geen zekerheid. Er zijn blijkbaar nog meerdere factoren die meespelen.

Opvallend is dat ticking bij de geboorte nog totaal niet zichtbaar is. De voetzolen zijn volkomen ongepigmenteerd en de ticking wordt in de weken na de geboorte pas zichtbaar op zowel de voetzolen als in de vacht. De totale ontwikkeling van ticking duurt gemiddeld rond de twee jaar.

Ticking volgt altijd het patroon van de vacht. Zo kan een bonte hond met tan-aftekening op de benen tankleurige ticking hebben en op andere plaatsen ticking in de kleur van de rest van de vacht.

Ticking laat vaak grote delen wit zichtbaar tussen de platen.



R-LOCUS

R staat voor roan.

In volgorde van dominantie:

R - roan

r – non-roan

Roan is een variant van ticking maar ontwikkelt zich anders en heeft ook een ander uiterlijk. Waar gewone ticking zich uit in de vorm van spikkels, is er bij roan een vrijwel evenredige verdeling van de witte en donkere haren in de vacht.

Kenmerkend voor roan is dat vrijwel alle witte delen in een bonte vacht worden ingevuld.

Een voorbeeld van roan is een Heidewachtel: zonder roan is de hond bruin en wit, met roan in het wit tussen de platen veranderd in een mengeling van bruin en wit.

Opvallend is dat roan bij de geboorte zichtbaar is: de voetzolen van de pups zijn direct gepigmenteerd. Dat is bij ticking niet aan de orde, dergelijke pups worden met roze voetzolen geboren.

Bij roan ontwikkelt de pigment zich binnen ongeveer 6 weken.



Roan, 1 dag oud.



Roan, volwassen

VACHTEN

Bij honden komen zeer veel verschillende variaties in vachttype voor. Deze worden onderscheiden in drie hoofdgroepen:

Langhaar en korthaar

Langhaar is recessief ten opzichte van korthaar. Hoewel verschillende laboratoria soms variaties hebben in hoe dit wordt omschreven is algemeen aanvaard de L te gebruiken. Zo wordt de volgorde van dominantie:

L- korthaar

I – langhaar

Hoe deze vacht zich toont varieert. De korte vacht van een Weimaraner is kortharig, maar de stokharige vacht van een herder ook. Genetisch kennen we tussen deze beide vachttypes geen verschil. Ongetwijfeld gaat het hier om genen die nog gevonden moeten worden en die dit verschil bewerkstelligen.



Langharige Border collie.

Bearded en non-bearded

Bearded wil zeggen dat een vacht aan de voorsnuit een lange beharing heeft: een snor en baard.

Het is een enkelvoudig dominante eigenschap. Er zijn meerdere codes voor in gebruik. Sommige laboratoria gebruiken de aanduiding “furnishing”, andere gebruiken “improper coat”, een aanduiding die afkomstig is uit de rassen waar het ontbreken van de baard een fout is. Een aanvaarde aanduiding is Wh, wat staat voor wire-haired.

Toch is dat een aanduiding die ook tot verwarring kan leiden, want wire-haired, ruwhaar dus, is een benaming die niet bij poedels lijkt te passen, maar toch gaat het hier om hetzelfde gen. De aanduiding “bearded” geeft daarom minder verwarring: die is duidelijk voor alle rassen.

Het bearded-gen heeft effect op meerdere kenmerken. Zoals al genoemd zorgt het dat het graying-gen zich kan uiten. Maar het zorgt ook voor een verschil in de vachtlengte.

Een langharige hond die ook het bearded-gen draagt zal een langere vacht krijgen.

Denk hierbij aan een Border collie versus een Bearded collie.

Ook bij kortharige honden heeft het bearded-gen dit effect: een gladharige Jack Russell terrier heeft geen bearded-gen. Een ruwhaar heeft dat wel: zijn vacht wordt langer en zal geplukt moeten worden.

In het algemeen kan gesteld worden dat het bearded-gen een verandering bewerkstelligt die maakt dat een vacht geen zelfstandige rui meer kent.

Een korthaar met baard krijgt een plukvacht, een langhaar met baard krijgt een knipvacht.



Bearded langhaar



Bearded korthaar

Gekruld en ongekruild

Ook dit gen is gevonden maar ook hier is weer veel variatie. Dat zal ongetwijfeld toe te schrijven zijn aan andere, nog onontdekte genen. Voorlopig kent men slechts één mutatie die voor krul zorgt en die is recessief. Maar wie de enorme variatie ziet in krulvachten zal begrijpen dat hier meer speelt dan slecht een enkel gen. Hoe dit verder precies vererft zal de toekomst zeker uitwijzen.

MANIEREN VAN VERERVEN

Kwantitatieve en kwalitatieve eigenschappen,

Het is wel duidelijk dat bij kleuren en vachten het grote geheel van belang is. Zo werkt dat natuurlijk ook bij de meeste andere eigenschappen: ze worden niet door een enkel gen, maar door meer genen bepaald. Zo wordt de kleur van een hond bepaald door de combinatie van een reeks verschillende genen. Zulke eigenschappen worden kwantitatieve eigenschappen genoemd. Het effect ontstaat door een reeks van eigenschappen die in elkaar overlopen en een gezamenlijk eindresultaat geven.

Het formaat van een dier of mens is hiervan een duidelijk voorbeeld: meerdere genen maar ook omgevingsfactoren geven een eindresultaat waarbij niet altijd duidelijk te onderscheiden is waar de ene invloed ophoudt en de andere begint.

Kwalitatief wil zeggen dat een kenmerk een of meerdere expressies heeft die duidelijk van elkaar te onderscheiden zijn. Een voorbeeld hiervan is kleur: een dier is bijvoorbeeld bruin of zwart

Buiten de hierboven genoemde manieren van overerven kennen we ook nog enkele andere begrippen:

Autosomaal

Autosomaal wil zeggen dat DNA wordt overgeërfd via de autosomale chromosomen. Er zijn twee soorten chromosomen: genummerde chromosomen en geslachtchromosomen. Een autosoom is één van de genummerde chromosomen. Autosomale eigenschappen kunnen recessief of dominant zijn en zijn gelegen op één gen. Autosomale kenmerken worden ook enkelvoudige kenmerken genoemd, omdat er maar één gen bij betrokken is. Als er meerdere genen betrokken zijn bij een kenmerk spreekt men van polygenetisch of polygeen.

Polygeen

Polygeen wil zeggen dat er meerdere genen betrokken zijn. Je zou kunnen zeggen dat voor het uiten van tanpoint meerdere genen nodig zijn: er is iets van A-locus nodig, maar om dat te kunnen zien is ook K-locus nodig. En op E-locus moeten we E hebben, want als daar e/e aanwezig is zijn de andere loci niet meer zichtbaar.

Zo werkt het vaak met polygene aandoeningen: er zijn meerdere genen nodig voor een bepaald eindresultaat. Bij ziektes is dit heel vaak het geval en als er meerdere genen betrokken zijn is de manier van overerving vaak moeilijk te achterhalen. En als er niets bekend is over hoe de dingen vererven, is dat heel ingewikkeld om uit te zoeken.

Multifactorieel

Multifactorieel is nog wat lastiger. Dat wil zeggen dat er ten eerste meerdere genen betrokken zijn bij het geheel, en ten tweede dat er ook nog triggers van buitenaf nodig zijn om het probleem tot uiting te brengen.

Met andere woorden: ten eerste moeten alle betrokken genen gevonden worden, en ten tweede moet er dan een externe prikkel zijn die de boel in gang zet. Dat wil zeggen dat als die prikkel nooit komt, het probleem zich nooit zal uiten. Dat maakt het vaak heel moeilijk om een probleem te ondervangen, want tot op heden is van geen enkele multifactoriële aandoening bekend om welke genen het gaat. En dan is de prikkel nog niet ingecalculiseerd. Dit verklaart waarom het zo ontzettend lastig is om bijvoorbeeld aandoeningen als epilepsie onder controle te krijgen.

En dat is dan nog los van het feit dat zulke aandoeningen vaak tientallen varianten kennen die ook nog eens allemaal verschillend overerven.

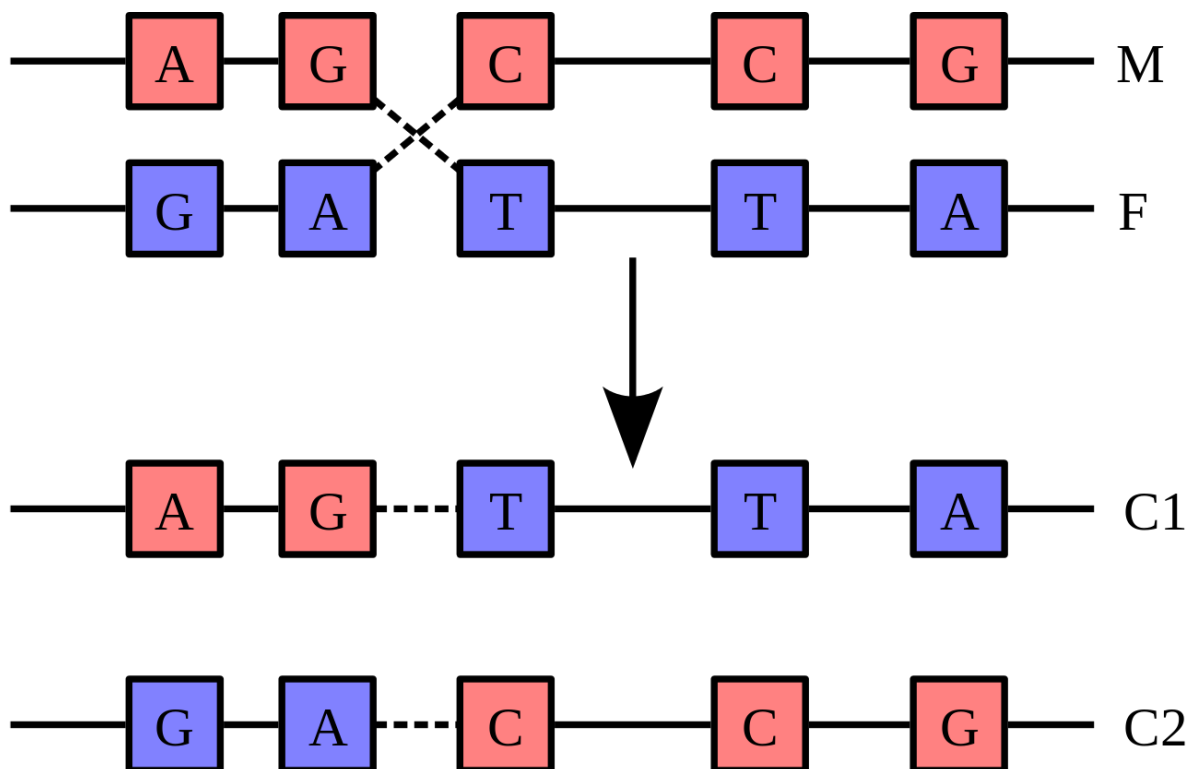
Deze beide manieren van vererven, polygeen en multifactorieel worden ook wel “complex” genoemd. Hiermee wordt aangegeven dat er meerdere invloeden en/of genen bij betrokken zijn.

MUTATIES

Mutaties zijn veranderingen in het DNA van een cel. Deze veranderingen ontstaan over het algemeen spontaan, hoewel ze ook kunstmatig kunnen worden veroorzaakt.

De bekendste vorm van mutatie is crossing over. Crossing-over doet zich voor tijdens de eerste meiose. Tijdens dit proces worden het erfelijk materiaal als het ware opnieuw gerangschikt. Die rangschikking is mogelijk doordat er breuken ontstaan in de eiwitstrengen die het DNA vormen. Die breuken zijn essentieel voor het meioseproces en dus volkomen normaal. Er ontstaan enkele duizenden breuken in het materiaal, die daarna weer worden gerepareerd. De reden hiervan is zeer waarschijnlijk een dat er een natuurlijke noodzaak is tot herschikking van het DNA.

Als de breuken worden gerepareerd komt het met regelmaat voor dat delen DNA met elkaar verbonden worden zo worden omgewisseld. De mutaties die hierdoor ontstaan zijn lang niet altijd zichtbaar maar soms zijn ze dat natuurlijk wel. Zo kan een nieuwe eigenschap ontstaan.



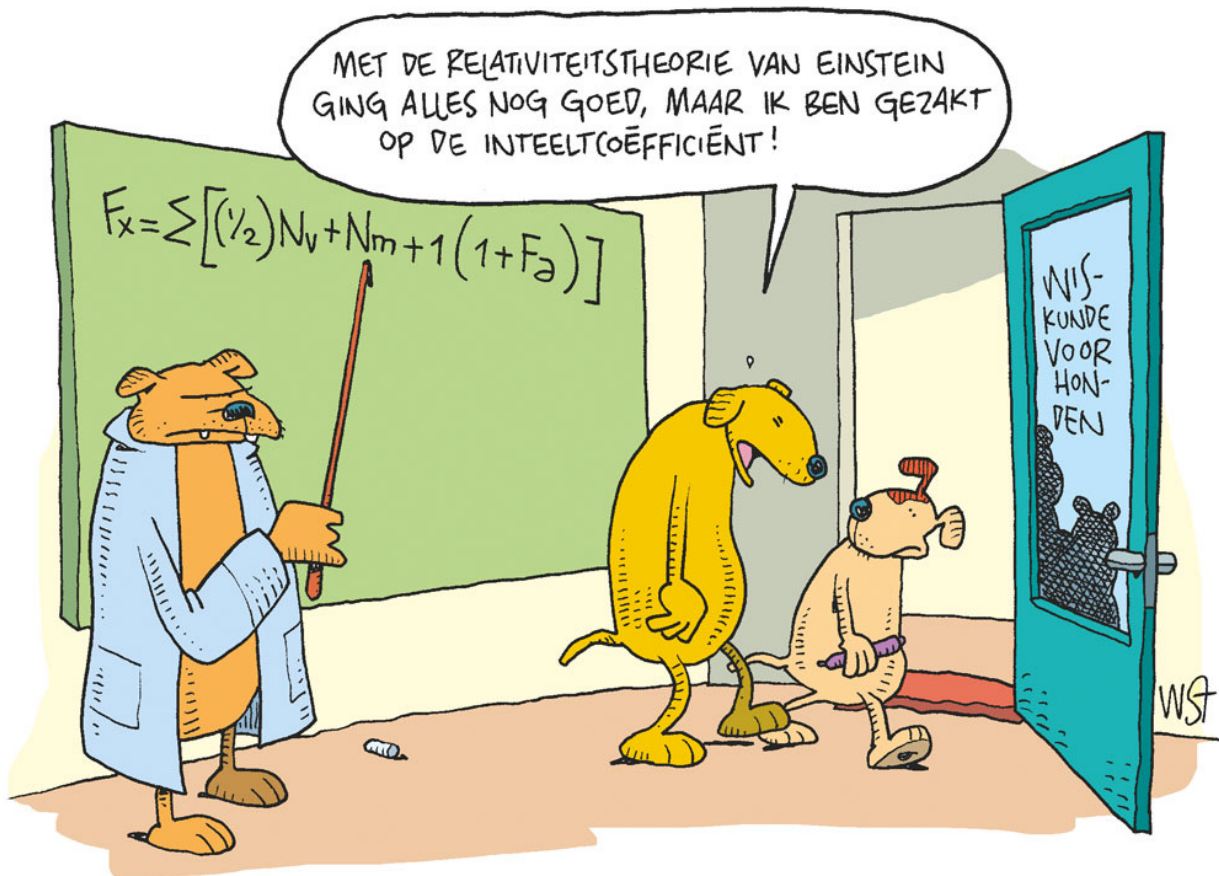
Een mutatie kan ook ontstaan doordat een volgorde in het DNA wijzigt, doordat er een stukje DNA afbreekt en verdwijnt, of doordat er een stukje verdubbelt en dat zich tussenvoegt, zodat de DNA-streng langer wordt. Er zijn allerlei manieren waarop deze wijzigingen kunnen ontstaan en de meesten zijn niet merkbaar. Soms zijn ze wel merkbaar: zo ontstaan soms ziektes, maar ook afwijkende vachttypes, vachtkleuren en oor- en staartstanden. Vaak gaat het om een wijziging van meerdere genen waardoor er een nieuwe combinatie ontstaat die een nieuw kenmerk geeft. Soms ook is een wijziging te danken aan een enkel gewijzigd gen. Mutaties spelen een belangrijke rol bij bijvoorbeeld de ontwikkeling van resistentie bij virussen en bacteriën, erfelijke aandoeningen, het ontstaan van kanker en veroudering.

De wetenschap gaat er van uit dat de uiterlijke kenmerken van een dier op 200-1000 genen liggen, terwijl al die andere duizenden genen verantwoordelijk zijn voor de rest van het organisme. Dat zou verklaren waarom het relatief makkelijk is een bepaald uiterlijk te fokken.

Mutaties zijn in principe erfelijk, omdat ze plaats vinden voordat de meiose is afgerond. Zo komen de gewijzigde DNA-structuren in het dier dat ze later zelf weer aan zijn nageslacht kan doorgeven.

Het was professor Wright die in de eerste helft van de vorige eeuw een formule ontwikkelde waarin hij het de toename van de homogeniteit, de inteelt dus, voor een individueel dier kon berekenen. Dit getal wordt weergegeven met de letter F.

F is een getal tussen nul en één. In de hondenfokkerij is het echter gebruikelijk de mate van inteelt uit te drukken in een percentage tussen nul en honderd procent. Als er geen enkele verwantschap tussen de ouders bestaat (vader en moeder hebben absoluut geen gemeenschappelijke voorouders) is F nul (0 %). Slechts bij langdurige zware inteelt (bijvoorbeeld elke generatie opnieuw broer-zus paring) zal F in de buurt van 1 (100 %) komen.



Als voorbeeld voor een berekening van het inteeltpercentage wordt een vader-dochter paring gebruikt, waarbij er geen verwantschap is tussen de ouders van de dochter. In de stamboom van een pup van vader en dochter zit maar één gemeenschappelijke voorouder, nl. vader. De inteelt kan dus alleen betrekking hebben op vader.

Van elke genenpaar heeft vader twee gen-exemplaren (allelen), A1 en A2, waarvan hij er maar een kan doorgeven aan zijn dochter. De kans is dus 50% dat hij A1 doorgeeft en 50% dat hij A2 doorgeeft. Het inteeltcoëfficiënt berekent de kans dat een pup van dochter en vader hetzelfde allel doorkrijgt van de vader en van de dochter, dus: hoe groot is de kans dat de pup uiteindelijk het leven ingaat met twee keer A1 (of met twee keer A2).

In nog weer andere woorden, hoe groot is de kans dat:

a) de dochter aan de pup het allel doorgeeft dat ze van vader heeft gekregen (en niet dat van moeder).

b) de vader aan de pup hetzelfde allel doorgeeft als hij eerder aan zijn dochter doorgaf.

De formule voor het uitrekenen van de inteeltcoëfficiënt is:

$$F_x = \Sigma [(\frac{1}{2})^{N_v} + N_m + 1 (1 + F_a)]$$

waarbij:

F_x - De inteeltcoëfficiënt van nakomeling x .

N_v - Aantal generaties tussen vader en gemeenschappelijke voorouder.

N_m - Aantal generaties tussen moeder en gemeenschappelijke voorouder.

F_a - Inteeltcoëfficiënt van de gemeenschappelijke voorouder.

Σ - De som van meerdere gemeenschappelijke voorouders

$\frac{1}{2}$ - Staat voor de 50% kans dat het desbetreffende allel wordt doorgegeven.

Gelukkig zijn er tegenwoordig programma's die snel en betrouwbaar het inteeltcoëfficiënt uitrekenen. De meeste databases werken met de formule van Wright en het inteeltcoëfficiënt wordt aangeduid als het COI of als het IC-getal.

Het is natuurlijk wel van groot belang dat een database compleet is. Zodra er een dier in een stamboom ontbreekt zal het systeem dat zien als een doodlopende lijn waardoor het dier waarvan de ouders onbekend zijn wordt gezien als een **founder**.

Zodra er sprake is van een founder gaat men er vanuit dat dit een dier is dat aan de basis staat van een populatie. De founders zijn de begindieren, de "stichters" van een ras. Zij worden gezien als onverwant aan elkaar. Dat maakt het inteeltgetal natuurlijk direct laag: er staan immers geen verwante dieren meer voor die lijn.

Maar als er een dier ontbreekt in de database omdat het domweg een onbekend dier is, en dus géén founder, vertekent dit het beeld van de berekening. Het is duidelijk dat een correcte en complete database van groot belang is.

Het berekenen van het IC-getal dient te gebeuren over zoveel mogelijk generaties. Als er in vier generaties geen gelijke dieren voorkomen zegt dat immers niet zo veel. In de vijfde en zesde generatie kunnen alle dieren broer en zus of ouder en kind zijn en dan zal het IC-getal opeens een heel andere waarde weergeven.

Het is duidelijk dat wanneer er telkens met dezelfde verwante dieren wordt gefokt, het IC-getal steeds hoger zal worden en de mate van homogeniteit steeds verder zal toenemen.

Dat was in het begin van de rashondenfokkerij ook precies wat er werd nagestreefd: homogeniteit. Gelijkheid in gedrag en uiterlijk. In die tijd besepte men nog niet welke risico's dat met zich meebrengt.

Overigens is inteelt zelf niet erfelijk. De mate van inteelt van een nest pups is afhankelijk van de verwantschap van de ouderdieren van het nest. Wanneer een broer en een zus, die zelf niet ingeteeld zijn ($F=0$), samen een nest pups krijgen dan hebben de pups $F=25\%$.

Wanneer een pup uit dit nest vervolgens een nest krijgt met een volledig onverwante reu hebben hun pups weer $F=0$.



Helaas is dit probleem op populatieniveau niet altijd zo snel opgelost.

Bij kleine populaties is het moeilijk, zo niet onmogelijk om onverwante dieren te vinden. Door selectie zijn vaak maar een beperkt aantal lijnen behouden gebleven, waardoor een aantal founders en hun genen uit de populatie verdwijnen. Deze selectie wordt door fokkers overigens geen inteelt genoemd. Meestal spreekt men van lijnteelt, waarmee bedoeld wordt dat er bewust zo wordt gefokt dat er aan beide zijden van een stamboom eenzelfde dier een of meerdere malen voorkomen. Hiermee wordt snel een aantal eigenschappen vastgelegd doordat genen homozygoot worden, maar daardoor verdwijnt uiteraard ook de genetische variatie. En verlies aan variatie brengt op den duur problemen met zich mee.

De genetische variatie is onlosmakelijk verbonden met een goed werkend immuunsysteem: hoe meer variatie er is, hoe beter het immuunsysteem zal functioneren. Dat komt doordat de variatie aan genen direct gerelateerd is aan de variatie in antistoffen die het lichaam kan maken.

Wanneer er dus minder genetische variatie is dan wordt de kans op immuunproblemen en gevoeligheid voor ziektes groter. Er zijn steeds meer rassen die zich hiermee geconfronteerd zien.

Vanuit de maatschappij neemt de druk op fokkers om gezonde honden te fokken steeds verder toe en het is daarom van belang dat hierover bewustwording is.

Genetische variatie is steeds meer een hot item en fokkers dienen hiermee rekening te houden in hun fokprogramma. Het nastreven van homogeniteit staat haaks op het nastreven van gezondheid. Maar wanneer genetische variatie afneemt is dat een proces dat niet zo simpel te keren is.

Een oplossing kan zijn is om onverwante dieren in te fokken. In de rashondenfokkerij spreekt men dan van "outcross".

Veel fokkers spreken van outcross als er gefokt wordt met dieren waarbij er op de wederzijdse stambomen geen gelijke dieren voorkomen, maar die term is in feite onjuist. Outcross wil zeggen een kruising met een volledig onverwant dier. Dat is dus alleen als er sprake is van een dier van volledig andere founders heeft. In de praktijk zal dat vrijwel altijd neerkomen op een dier uit een ander ras.

In een aantal rassen is hiervoor in samenwerking met de Raad van Beheer een speciaal fokprogramma opgezet waarbinnen gecontroleerd bloed uit een ander ras wordt ingefokt. Er zijn ook rassen waar dit in eigen beheer en dus buiten de boeken van de Raad van beheer gebeurt, met als doel de nakomelingen na een of twee generaties te laten aankeuren en zo via de Bijlage-stamboeken het nieuwe genetische materiaal in het ras te brengen.

In sommige landen is dit aankeuren een gebruikelijke methode, maar in Nederland is het (nog) niet toegestaan.

Het effect dat hiermee bereikt wordt is een grotere heterozygeniteit. Het positieve daarvan is dat er variatie terug wordt gebracht in de genen die bij de ouderdieren homozygoot zijn. Dat is ook precies de reden dat veel mensen dat liever niet willen: ze zijn bang om type en eigenschappen in de rassen te verliezen. Maar zoals als eerder gezegd is het aantal genen dat voor uiterlijke kenmerken zorgt maar zeer beperkt. Daarop is relatief makkelijk te selecteren terwijl de overige genen in verhouding variatie zullen winnen. Dit effect wordt ook wel bastaardkracht genoemd.

Wie genetische variatie wil behouden zal ook verstandig om moeten gaan met de vele DNA-testen die er op de markt zijn. Het worden er dagelijks meer en mensen zijn geneigd veel te testen in een poging gezonde honden te fokken. Maar selectie betekent ook uitsluiten. Het is daarom belangrijk de vele testen met beleid te gebruiken.

Dragers van problemen kunnen vaak prima worden ingezet in de fokkerij, mits de partner een vrije hond is. Hoewel het begrijpelijk is dat mensen zo goed mogelijk willen fokken, is het weggooien van dragers niet per se een verstandige keuze. Met de drager worden ook veel andere genen weggegooid: genen die misschien van groot belang zijn voor een populatie.

Het is mede hierom van belang zoveel mogelijk dieren in te zetten in de fokkerij. Ouderdieren geven ieder de helft van hun DNA door. Maar die halvering zet niet automatisch door naar de generaties daarvoor.

Dat wil zeggen dat een dier niet automatisch van elke grootouder 25% van zijn of haar DNA heeft of van elke overgrootouder 12,5% en van iedere betovergrootouder 6,25%.

Het is niet steeds precies gehalveerd. Van de 50 procent die een vader van zijn DNA doorgeeft aan zijn nakomeling kan bijvoorbeeld 20 procent te herleiden zijn tot zijn vader en 30 procent tot zijn moeder. Van de 20% van de grootvader van vaders kant kan dan bijvoorbeeld 13% teruggaan op diens vader en 7% op diens moeder. Maar van een nestgenoot kan die verdeling weer heel anders zijn.

Er wordt dan wel gesproken van “functionele variatie”, wat wil zeggen dat de variatie die in de genen aanwezig is een verandering in uiterlijk of gezondheid bewerkstelligt. Dit is dus het soort test dat wordt gebruikt bij vachtkleuren maar ook bij een reeks van ziektes. Het is belangrijk te weten of een eigenschap door slechts één genenpaar wordt bepaald of door meerdere: is het monogenetisch of polygenetisch?

Alleen met die kennis kan er goed gebruik worden gemaakt van de resultaten van gentesten.

Gentesten zijn meestal voor een bepaald ras ontwikkeld en daardoor niet altijd op alle rassen toepasbaar. Het is dus belangrijk te controleren of testen inderdaad gevalideerd (geldig) zijn voor een ras voor ze worden gedaan.

Vachtkleur en -type is vrijwel altijd voor alle rassen bruikbaar, maar bij ziektes is dat zeker niet het geval. Veel laboratoria bieden rasgroeptesten aan, waarbij dan alle aandoeningen die in een rasgroep voorkomen worden getest. Dat lijkt interessant, maar vaak zijn er maar enkele testen van toepassing op het ras in kwestie.

Tegenwoordig worden er ook “raspakketten” aangeboden. In zo'n pakket wordt dan voor een redelijk prijs alles wat in een bepaald ras voorkomt en testbaar is, in één keer getest.

In Nederland wordt er sinds 2014 bij alle pups DNA afgenomen, waarvan een zogenaamd DNA-profiel wordt gemaakt. Hiermee wordt afstammingscontrole gedaan.

Hiervoor worden er bij alle dieren dezelfde markers in beeld gebracht. Die uitslagen zeggen dus niets over gezondheid en alleen iets over de afstamming van het dier: er wordt mee gecontroleerd of de hond inderdaad een afstamming is van de door de fokker vermelde ouders. Omdat de variatie van de markers die in beeld worden gebracht geen invloed heeft op uiterlijk of gezondheid spreken we hier van neutrale variatie.

In Nederland getest volgens de ISAG (International Society of Animal Genetics) 2006-norm, een standaard set die internationaal gebruikt wordt. Hierdoor kunnen de verkregen profielen internationaal met elkaar vergeleken worden.

RAAD VAN BEHEER

HOUDEN VAN HONDEN



COLOFON

Marjoleine Roosendaal
Carla Dusseldorp

Vormgeving: Pauline van der Lans-Zaalberg

Cartoons - Wim Stevenhagen

Foto's: © Raad van Beheer op Kynologisch Gebied/ Alice van Kempen

© Copyright afbeeldingen: Wikipedia-David Eccles, Raad van Beheer op Kynologisch Gebied in Nederland, privé-archief

© Raad van Beheer op Kynologisch Gebied in Nederland

© Copyright: Raad van Beheer op Kynologisch Gebied in Nederland. Alle rechten voorbehouden. Het is ten strengste verboden om zonder voorafgaande schriftelijke toestemming van de Raad van Beheer op Kynologisch Gebied dit voorgaande materiaal, te kopiëren, opnieuw te verspreiden, te publiceren of te wijzigen.

Voortgezette Kynologische Kennis-
module 12
Versie: 28-10-10-2019