

# Vraag en Antwoord

**Na afloop van de tweede online thema-avond “Fokken met Verstand” op donderdag 3 december 2020 zijn alle vragen verzameld en beantwoord in dit Vraag en Antwoord document.**

## Inhoud

Begrippen en definities (alfabetisch) .....	2
Genetica .....	4
Fokwaardeschatting en Genomische selectie .....	4
Genetische testen .....	5
Rassen, monitoren en risicostatus .....	6
DNA test rasidentificatie Nederlandse dubbeldoelrassen .....	7
SZH .....	9
Bijen .....	10

### **Meer informatie:**

Staat uw vraag hier niet bij, mist u essentiële definities of informatie? Neem dan contact met ons op via:

Email: [cgn.dier@wur.nl](mailto:cgn.dier@wur.nl)

Website: [www.cgn.wur.nl](http://www.cgn.wur.nl)

Bezoekadres: Gebouw Radix, Droevendaalsesteeg 1, 6708 PB Wageningen

Postadres: Postbus 338, 6700 AH Wageningen

Op de hoogte blijven van het CGN? meld je aan voor onze nieuwsbrief [Genetische Diversiteit](#) of volg ons op [Twitter](#) of [LinkedIn](#).

## Begrippen en definities (alfabetisch)

### **Allel**

Een helft van een gen. Een gen bestaat uit 2 delen (=allelen) die worden overerft van beide ouders.

### **Drager**

Een dier heeft maar een schadelijk allel van een recessief verervende ziekte en is daarom zelf niet ziek, maar kan wel het schadelijke allel doorgeven aan het nageslacht.

### **Erfelijk gebrek**

Een ziekte of aandoening met een erfelijke oorzaak. Als het gebrek gerelateerd is aan inteelt (dus vaker voorkomt bij ingeteelde dieren), dan gaat het meestal om een gebrek dat door een enkel gen wordt bepaald en wat recessief vererft. Ofwel beide allelen op het gen zijn verantwoordelijk voor het gebrek.

### **Gen**

Een gen is een zelfstandig stukje DNA dat codeert voor een bepaalde bouwstof van het lichaam. Alle genen tezamen (=genoom) vormen daarom het bouwplan en het functioneren van het lichaam. Als er andere allelen op genen liggen dan worden bouwstoffen met andere samenstelling gemaakt en dat zal leiden tot verschillen in bouw en functioneren van het lichaam.

### **Heterozygoot**

De allelen op een gen zijn verschillend.

### **Homozygoot**

De allelen op een gen zijn gelijk.

### **Inteelcoëfficiënt (F)**

Het % DNA binnen één dier dat afstamt van gemeenschappelijke voorouders. Deze loopt van 0 tot 100%. Inteelt per individueel dier is niet erfelijk en lastig te vergelijken.

### **Inteeltdressie**

Verminderde prestatie op een bepaald kenmerk als gevolg van inteelt. Hogere inteelt zorgt voor sterkere vermindering (bv. hoogtemaat of vruchtbaarheid).

### **Inteeltoename ( $\Delta F$ )**

Het verschil (in %) tussen de gemiddelde inteelt in een populatie en de gemiddelde inteelt op een eerder moment. Dit is vergelijkbaar tussen rassen en diersoorten.

### **Inteeltoename per generatie**

Inteeltoename gecorrigeerd voor het generatie interval van het ras of diersoort.

### **Lijder**

Een dier waarbij het erfelijk gebrek zichtbaar is (het lijdt aan het gebrek). In geval van een recessief verervend gebrek, is het dan ook zeker dat het dier op het betreffende gen 2 schadelijke allelen heeft.

### **Mean Kinship (MK)**

Gemiddelde verwantschap van een fokdier in relatie tot alle fokdieren (mannelijk + vrouwelijk) in de populatie.

### **Mutatie**

Verandering in een allel. Dat kan spontaan gebeuren of door externe factoren (bv. straling). Als mutatie in geslachtscellen optreedt dan kan het overerven naar de volgende generatie(s) en zo bijdragen aan nieuwe diversiteit. Mutaties kunnen positief of negatief zijn.

### **Nederland ras**

Een ras wordt als Nederlands ras beschouwt wanneer het minstens 40 jaar plus zes generaties in Nederland gefokt wordt, en er een actieve rasorganisatie / stamboekhouder verantwoordelijk is voor het ras (Meer informatie zie hoofdstuk: [Rassen, monitoren en risicostatus](#)).

### **Outcross**

Dier waarvan het DNA weinig overlap met de rest van het ras heeft. Een extreem geval is een dier van een ander ras.

**SNP** (uitspraak: snip)

Single Nucleotide Polymorphism, een enkel punt (basepaar) in het DNA wat verschilt tussen dieren (of mensen) van een ras, een populatie of diersoort.

**SNP-chip**

Een chip, met een specifieke selectie aan SNPs (SNPs = merkers). SNPs die zijn geselecteerd laten veel variatie zien in de veelgebruikte rassen. Daardoor kunnen deze SNP-chips iets minder geschikt zijn voor zeldzame rassen. Er worden echter ook regelmatig nieuwe SNP-chips gemaakt. [Hier](#) is een voorbeeld van een SNP-chip voor runderen met 777.000 merkers, met daarbij de varianten in verschillende rassen.

**Verwantschapscoëfficiënt (r)**

Het % DNA van twee dieren dat beide afkomstig is van één dezelfde voorouder.

## Genetica

1. Vraag: *In theorie kunnen twee broertjes 100% identiek zijn, maar in theorie ook genetisch 100% anders zijn. Heb je daar in de fokkerij iets aan?*

Antwoord: In theorie kunnen volle broers genetisch gezien 100% of 0% identiek zijn, maar die kans is zo klein (denk aan een kans van rond de 1 op de 10 miljoen) dat dit in de praktijk niet voorkomt. In de praktijk schommelt de overeenkomst ongeveer tussen de 48% en 52%. Ga je uit van het gemiddelde van 50% dan maak je in de praktijk dus soms een klein foutje, maar zo klein dat de fokkerij er niet of nauwelijks onder leidt. Met behulp van DNA kan de overeenkomst exact worden bepaald, zodat de fokkerij nog een klein beetje nauwkeuriger kan worden.

2. Vraag: *In hoeverre speelt de erfelijkheidsgraad een rol, niet alles is toch even erfelijk?*

Antwoord: Inteelt en verwantschapperpercentages worden niet beïnvloedt door de erfelijkheidsgraad. Wat wel beïnvloedt wordt door de erfelijkheidsgraad is hoe nauwkeurig je de erfelijke aanleg (fokwaarde) kan schatten, of omgekeerd hoe goed de fokwaarde de uiteindelijke waarde van het kenmerk (fenotypische waarde) in het dier voorspelt. Hoe hoger de erfelijkheidsgraad, hoe nauwkeuriger, en hoe sneller je een kenmerk kan veranderen door fokkerij.

3. Vraag: *Zijn autosomale recessieve mutaties het gevolg van inteelt of muteert een gen uit zichzelf?*

Antwoord: Dat laatste. Recessieve erfelijke aandoeningen zijn ooit ontstaan door een (spontane) mutatie (=verandering) in het DNA. Bij inteelt komen al bestaande recessieve aandoeningen tot expressie omdat er meer homozygoten voorkomen, niet omdat er meer veranderingen in het DNA optreden.

4. Vraag: *Voor de paardenfokkerij waarbij "ras-fenotype" het belangrijkste is: Is het mogelijk om "genotypisch" te testen welke nakomeling de hoogste fenotypische gelijkheid heeft met bijvoorbeeld het moederdier en dan een selectie te maken ?*

Antwoord: Selecteren voor raskenmerken mbv genomics staat nog in de kinderschoenen. Voor kleur zijn de genen bekend en daar kan op getest worden. Voor aftekening zijn ook een aantal genen bekend die van invloed zijn.

Maar voor andere kenmerken is er niet veel onderzoek geweest. Bij IJslandse paarden is wel wat onderzoek gedaan naar vorm en aansprekendheid van het hoofd en een aantal gebieden op het genoom konden worden aangewezen die bijdragen in de variatie in hoofdkenmerken. Maar het is de vraag of er op dit moment voldoende kennis is om dit mee te nemen in de fokkerij.

## Fokwaardeschatting en Genomische selectie

5. Vraag: *Fokwaarde schatting door CRV (koeien) is dat nuttig?*

Antwoord: Door het schatten van de fokwaarde bepaal je wat een dier genetisch gezien aan zijn nakomelingen doorgeeft. Dit is in de fokkerij over het algemeen veel nauwkeuriger dan dieren selecteren op hun eigen presentatie, en stelt je dus beter in staat om door fokkerij een kenmerk te veranderen.

6. Vraag: *Bij welke diersoorten wordt genomische selectie toegepast?*

Antwoord: Genomische selectie (GS) kan worden toegepast bij allerlei diersoorten. In de praktijk is GS als eerste geïmplementeerd door fokbedrijven in melkvee (rond 2009), maar niet veel later ook in vleesvee, varkens en kippen. Sinds 2016 worden door KWPN bijvoorbeeld ook genomische fokwaarden voor osteochondrose in paarden gepubliceerd.

7. Vraag: *Hoe sterk moeten rassen verwant zijn voor genomische selectie?*

Antwoord: Er is niet echt één afkapwaarde, maar over het algemeen blijkt genomische fokwaardeschatting tussen rassen erg lastig. Alleen als 2 rassen heel sterk verwant zijn, bijv. als het ene

ras recent is afgesplitst van het andere, zou het kunnen werken (maar ook dan zal het minder betrouwbaar zijn dan binnen het ras). Dat het lastig is tussen rassen kan verklaard worden door verschillen tussen de genetische samenstelling van rassen. Het zou bijv. kunnen dat in ras A bepaalde genetische varianten aanwezig zijn, die niet in ras B voorkomen. Wat bijv. ook kan is dat de merkers (de "SNPs") in ras A op een andere manier gelinkt zijn aan de genen dan in ras B.

## Genetische testen

8. Vraag: *Wat is het kostenplaatje van SNP analyses?*

Antwoord: Dit is afhankelijk van welke SNP test gedaan wordt (welk diersoort en hoeveel SNPs) en welk lab dit doet. Houdt grofweg rekening met tussen de 25 en 100 euro. Over de tijd zijn de testen een stuk goedkoper geworden en de prijs daalt nog steeds. Na de SNP test heb je ruwe data. Om met SNP analyses aan de slag te gaan in de praktijk, moet er bij een kosteninschatting daarom ook rekening gehouden worden met de analyse van de data uit de test en bij grotere aantallen ook naar geschikte opslagmogelijkheden voor de grote hoeveelheid data die hierbij kan komen kijken.

9. Vraag: *Is genomische selectie vergelijkbaar met de genetische diversiteitstest die door UC Davis worden aangeboden voor honden?*

Antwoord: Nee. De genetische diversiteitstest van UC Davis is gebaseerd op een schatting van verwantschappen en inteelt met behulp van DNA. Hoe ze dit precies doen, welke merkers en welke methode ze gebruiken staat niet beschreven op hun website. Hoe betrouwbaar die test is dus nu niet duidelijk. Genomische selectie gaat over het schatten van fokwaarden (erfelijke aanleg) voor polygene kenmerken (bijv. heupdysplasie of vruchtbaarheid) met behulp van DNA. UC Davis geeft ook een groot aantal testen voor erfelijke aandoeningen, maar die zijn alleen nuttig voor aandoeningen gebaseerd op een enkel gen.

10. Vraag: *Merkeronderzoek voor productie bij melkvee is dit ook te gebruiken bij dubbeldoelrassen of zijn merkers per ras verschillend?*

Antwoord: Merkeronderzoek kan worden toegepast op allerlei rassen. Wel is het zo dat de meeste SNP-chips zijn ontwikkeld voor de veelgebruikte rassen. Dit betekent dat, bij de ontwikkeling van de chip, die SNPs (SNPs = merkers) zijn geselecteerd die veel variatie laten zien in de veelgebruikte rassen. Daardoor kunnen deze SNP-chips iet minder geschikt zijn voor zeldzame rassen. Er worden echter ook regelmatig nieuwe SNP-chips gemaakt. [Hier](#) is een voorbeeld van een SNP-chip voor runderen met 777.000 merkers, met daarbij de varianten in verschillende rassen.

11. Vraag: *Kan het zijn dat 1 van de 50.000 genen waar op geselecteerd wordt een lethaal gen betreft?*

Antwoord: Het is belangrijk om te realiseren dat we bij genomische selectie niet direct op de genen selecteren (zoogdieren hebben doorgaans 20.000-30.000 genen), maar op merkers (bijv. 50.000 merkers) die gelinkt zijn aan genen. Het zou kunnen dat een 'goede variant' van een gen/merker gelinkt is aan een lethale mutatie (omdat het lethale allel dichtbij ligt in het genoom en samengaat met de 'goede variant'). Dit zou betekenen dat bij selectie voor de 'goede variant', het lethale allel zou kunnen meeliften. In [dit nieuwsbericht](#) wordt een voorbeeld hiervan beschreven. Een dergelijk meelift-effect vindt overigens ook plaats bij de traditionele selectie op basis van stamboominformatie, niet alleen bij genomische selectie.

12. Vraag: *Hoe lang zijn relaties tussen merkers en de kenmerken die middels de referentiepopulatie worden bepaald, stabiel/buikbaar?*

Antwoord: Als de afstand tussen de referentiepopulatie en de dieren waarvoor genomische fokwaarden worden berekend toeneemt, dan neemt de betrouwbaarheid (snel) af. Het is daarom belangrijk de referentiepopulatie continu aan te vullen met recente info. Naarmate de referentiepopulatie kleiner is, "leunt" de voorspelling zwaarder op (familie)relaties met de referentie populatie, en dus is het continu aanvullen van de referentiepopulatie alleen maar belangrijker.

13. Vraag: Voor kleine rassen zal het moeilijk zijn om een voldoende grote referentiepopulatie te maken. Als je die dan eenmaal hebt, moet je deze ook onderhouden waarschijnlijk. Hoe kun je dat het beste doen en hoeveel % moet je bijvoorbeeld vervangen /aanvullen van de oorspronkelijke grootte?

Antwoord: Zie voorgaand antwoord. Er is geen preciezer antwoord te geven hoeveel % je moet aanvullen. Wat de beste strategie is, hangt sterk af van de omvang en structuur van de populatie. Het is wel mogelijk om de betrouwbaarheid te voorspellen op basis van een parameter die we Me noemen (de Me is gedefinieerd als het effectieve aantal onafhankelijke chromosoomsegmenten), berekend van een beperkt aantal dieren met genotypes. Deze voorspellingen zijn op zich niet erg nauwkeurig, maar kunnen wel gebruikt worden om verschillende scenario's te rangschikken op basis van hun betrouwbaarheid.

14. Vraag: Kun je op basis van de DNA informatie de afstamming bepalen? Bij grotere rassen is DNA een manier om afstamming te controleren.

Antwoord: Met behulp van DNA kan je inderdaad bepalen wie de vader en/of de moeder van een dier is, tenminste als het DNA van de vader en/of moeder ook beschikbaar is.

## Rassen, monitoren en risicostatus

15. Vraag: Wat is een ras?

Antwoord: Onder een ras wordt verstaan, een populatie van dieren met voldoende uniformiteit om als verschillend van andere dieren van die soort te worden beschouwd door een of meer groepen van fokkers die zijn overeengekomen die dieren in te schrijven in stamboeken, onder vermelding van hun bekende voorouders, teneinde hun erfelijke eigenschappen te reproduceren door middel van voortplanting, uitwisseling en selectie in het kader van een fokprogramma.

16. Vraag: Wanneer is het een Nederlands ras?

Antwoord: Voor Nederlandse rassen geldt dat de populatie:

- In Nederland gehouden wordt
- Een rasorganisatie of netwerk van fokkers in Nederland aanwezig is
- $\geq 40$  jaar en  $\geq 6$  generaties in Nederland is gefokt

Daarnaast zijn er nog twee mogelijkheden om rassen Nederlandse rassen in te delen, namelijk in recent ontwikkelde Nederlandse rassen en overige rassen.

- Recent ontwikkelde Nederlandse rassen zijn in Nederland ontstaan en voldoen aan bovenstaande criteria, maar zijn nog geen 6 generaties én 40 jaar in Nederland aanwezig.
- Overige rassen zijn niet in Nederland ontstaan en voldoen niet aan alle bovenstaande criteria.

17. Vraag: Waarom is het erg als een ras zeldzaam is?

Antwoord: Wanneer een ras zeldzaam is, bestaat de kans dat het aantal dieren in de toekomst steeds kleiner wordt en het ras uiteindelijk uitsterft. Dit kan komen door verdringing door commerciële rassen of door de aanwezigheid van erfelijke ziekten. Maatregelen daartegen zijn het toepassen van de juiste fokprogramma's het promoten van de unieke waarden van een ras en het opslaan van de genetische diversiteit in de genenbank.

18. Vraag: Hoe maak je zeldzaamheid meetbaar?

Antwoord: Om de zeldzaamheid van de Nederlandse rassen te bepalen worden de criteria van de internationale wereldvoedselorganisatie [FAO \(2013\)](#) gehanteerd. De FAO heeft een aantal criteria opgesteld waarmee zeldzaamheid meetbaar gemaakt kan worden:

- Aantal vrouwelijke, in het stamboek geregistreerde fokdieren. Mannelijke dieren worden ook geregistreerd in het stamboek, maar worden niet gebruikt voor het bepalen van de risicostatus.
- Inteeltoename per generatie, wanneer een populatie heel erg klein is, kan het zijn dat je (verre) familieleden met elkaar moet paren. Dit kan inteeltproblemen opleveren.
- Trend in het aantal fokdieren, wanneer een aantal jaren achter elkaar sprake is van een sterke afname, kan dit een sterke indicator zijn voor bedreigingen in de toekomst.

19. Vraag: *Wat betekent de risicostatus en wanneer is het ras zeldzaam?*

Antwoord: Aan de hand van bovenstaande criteria worden de rassen ingedeeld in één van de categorieën van de risicoclassificatie. De vijf categorieën zijn: Kritiek, Bedreigd, Kwetsbaar, Normaal en Onbekend, waarvan de eerste drie aanduiden dat een ras zeldzaam is.

Criteria risicoclassificatie van rassen (FAO 2013. In vivo conservation of animal genetic resources)				
Risicostatus bedreigbaarheid	Aantal volwassen vrouwelijke dieren		Inteeltoename per generatie	
	Hoog <sup>1</sup>	Laag <sup>2</sup>	%	
Kritiek	< 100	< 300	> 1%	Te hoog
Bedreigd	< 1000	< 3000	0.5 - 1 %	Hoog
Kwetsbaar	< 2000	< 6000	0.25 - 0.5 %	Vrij hoog
Normaal			< 0.25 %	Gering
Onbekend				Onbekend

Hoog<sup>1</sup>: Dieren met een hoog voortplantingsvermogen: hond, varken, konijn, gevogelte  
 Laag<sup>2</sup>: Dieren met een laag voortplantingsvermogen: rund, paard, schaap, geit

20. Vraag: *Waar kan ik de aantallen van de Nederlandse landbouwhuisdierrassen vinden?*

Antwoord: De meest actuele lijst van aantal dieren in een populatie wordt bijgehouden door het Centrum voor Genetische bronnen Nederland (CGN), [klik hier voor de Rassenlijst van Nederlandse landbouwhuisdieren](#). Of kijk voor alle informatie over dieren in de EU op de website van [EFABIS](#).

21. Vraag: *Elk land kan een ras een eigen naam geven. Die naam die alleen in Nederland gebruikt wordt kan die gebruikt worden als populatie of moeten soortgelijke dieren met een andere naam mee genomen worden voor de zeldzaamheidsberekening?*

Antwoord: Voor de risicostatus worden alleen de in Nederland gehouden dieren en rassen meegeteld. Als een ras binnen Nederland verschillende stamboeken heeft, maar op eenzelfde manier gehouden en gefokt worden telt het CGN voor de monitoring het aantal dieren bij elkaar op (voorbeeld: Lakenvelder rund kan ingeschreven worden in de stamboeken van CRV, FHRS en VLR, deze worden bij elkaar opgeteld). Wanneer rassen / populaties verschillend gehouden en gefokt worden worden het aantal dieren apart geteld (Groninger paard en het Zwaar warmbloed paard worden als aparte rassen geteld).

## DNA test rasidentificatie Nederlandse dubbeldoelrassen

22. Vraag: *Kun je aan DNA zien of een dier bij een bepaald ras hoort?*

Antwoord: Ja, mits van voldoende raszuivere dieren is nagegaan wat de DNA samenstelling is en op grond daarvan een test is ontworpen, zoals voor de Nederlandse dubbeldoel runderrassen is gebeurd.

23. Vraag: *Hoeveel procent raszuiverheid is nodig om toe te treden tot het ras? Hoe raszuiver moet een dier zijn om mee te tellen voor de monitor?*

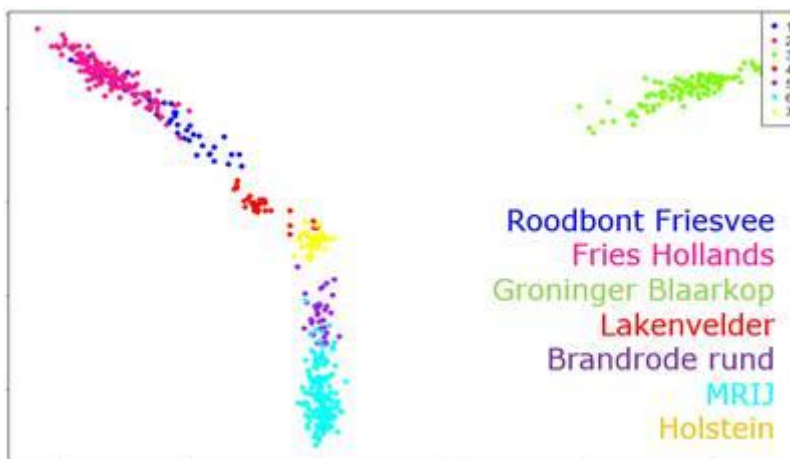
Antwoord: Bij de monitoring van de rassen beschouwt het CGN dieren met minimaal 87.5% bloedvoering van het ras, als raszuiver (bij rund wordt dit bijvoorbeeld ook wel weergegeven als 7/8 of 8/8 rasbalk). Dit kan ook gezien worden als een derde generatie.

Let op: De definitie van raszuiverheid kan verschillen tussen diersoorten (of zelfs tussen rassen). De voorwaarden voor elk ras zijn opgenomen in het door de rasorganisatie opgestelde fokprogramma of stamboekreglement. Volgens de Europese fokkerijverordening (relevant voor rund, schaap, geit, varken, paard) zijn raszuivere fokdieren dieren die zijn ingeschreven of in aanmerking komen voor inschrijving in de hoofdsectie van een stamboek.

24. Vraag: *Waarom staat Holstein (HF) in het midden? Waarom staat de Lakenvelder zo dicht bij de HF?*

Antwoord: Elke stip is (het DNA van) 1 dier en de verschillende kleuren geven de rassen weer. De afbeelding laat het resultaat zien van een PCA analyse. Wat een PCA analyse doet is de genetische diversiteit plat slaan in twee dimensies, dan kan je maar twee aspecten laten zien. Het is dus een (zeer) vereenvoudigd overzicht in maar twee dimensies. Daarom komt de geschiedenis bovendrijven, hierop kun je de Nederlandse rundrassen goed kwalificeren, maar de Holstein en de Lakenvelder vallen daar wat buiten en daarom komen ze ongeveer in het midden terecht.

Wat je moet doen om de echte genetische afstand tussen de rassen te bepalen is de verwantschap tussen elk paar rassen berekenen (genetic similarity). In een ander onderzoek is waar dat is uitgevoerd komt het resultaat anders naar voren en zie je dat de Lakenvelder het dichtstbij Fries Hollands staat, op de voet gevolgd door de Fries Roodbonte, de MRIJ, Brandrood, verbeterd Roodbont, dan de Blaarkop en helemaal achteraan de Holstein. Kijk je andersom dan staat de MRIJ het dichtst bij de Holstein, gevolgd door de Lakenvelder en Blaarkop. De Holstein staat altijd het verst weg van alle andere rassen.



25. Vraag: *Kan dit ook met geiten DNA en haar?*

Antwoord: Als je van voldoende geiten per ras een referentiepopulatie hebt opgezet en deze rassen ook op basis van DNA zijn te onderscheiden zou een DNA test ook voor geitenrassen kunnen worden ontwikkeld.

26. Vraag: *Hoe nauwkeurig is de referentie populatie?*

Antwoord: Voor een referentiepopulatie is het van belang dat de genetische diversiteit van je levende populatie ook goed vertegenwoordigd is in de referentiepopulatie. Dit kan berekend worden op basis van de afstammingsgegevens van alle levende dieren ten opzicht van de dieren die reeds in de referentiepopulatie zitten. Voor het Brandrode rund en Lakenvelders is dit bijvoorbeeld in 2019 gedaan, hierbij zijn dieren geselecteerd om de referentiepopulatie aan te vullen.

27. Vraag: *Hoe ga je om met koeien die uit een foklijn komen waar geen dieren in de referentie populatie zitten? Deze zouden dus buiten de populatie vallen, wat onterecht is.*

Antwoord: Koeien uit een foklijn, waar (nog) geen dieren van in de referentiepopulatie zitten en waar voor alle koeien de afstammingsgegevens missen zal er aanvullend onderzoek gedaan moeten worden waarmee kan worden vastgesteld of het daadwerkelijk om dieren van het desbetreffende ras gaat. Enkele afstammingsgegevens, of het vermoeden dat een dier afkomstig is van een specifieke stier waar nog DNA gegevens van beschikbaar zijn kunnen hierbij al zeer waardevol zijn. Bij voldoende betrouwbaarheid dat de foklijn bestaat uit dieren van het desbetreffende ras, dan is het van belang om de diversiteit van die foklijn toe te voegen aan de referentiepopulatie.



**28. Vraag:** *In het Tauros project is men bezig om weer een rund terug te fokken als de uitgestorven auroch. Zou zo'n DNA test ook kunnen bijdragen om juist dieren aan te wijzen die daaraan zouden kunnen bijdragen? (dat zou bijvoorbeeld extra waarde geven aan een klein ras)*

**Antwoord:** Dit is mogelijk als er DNA beschikbaar is van de Auroch, je hebt hiervoor namelijk ook een referentiepopulatie nodig. Als je wilt weten welke dieren het meest zouden kunnen bijdragen, wil je weten welke dieren genetisch het meest vergelijkbare DNA hebben. Hiervoor kan de test gebruikt worden, dan kun je kijken waar in het plaatje met de gekleurde stippen het Auroch dier terecht komt.

**29. Vraag:** *Als je hebt bepaald dat een dier tot het ras behoort, weet je nog niet waar die in de stamboom zit, toch? Over inteelt bij inzet kan je nu niets zeggen. Of wel?*

**Antwoord:** Dat klopt, als een dier tot een van de runderrassen behoort, wordt het als een 100% dier ingeschreven met een afstamming onbekend. Hiermee kun je dus geen inteelt berekenen voor dat dier dat vergelijkbaar is met dieren in die populatie waar wel afstammingsgegevens van bekend zijn. Als je alle DNA gegevens van een dier hebt kun je wel het percentage homozygoot DNA meten en daarmee iets over het inteeltpercentage zeggen. Echter is de inteeltcoëfficiënt berekend uit DNA niet direct vergelijkbaar met de inteeltcoëfficiënt berekend uit stamboomgegevens, omdat die laatste afhangt van de lengte van de bekende stamboom.

**30. Vraag:** *Als er in het verleden per ongeluk een onzuivere stier is ingezet, klopt dan je referentie wel? Dit is er niet uit te halen, of je moet DNA hebben van foundation animals?*

**Antwoord:** Bij het opstellen van de referentiepopulatie is eerst gekeken of alle dieren die bijvoorbeeld als een Blaarkop stonden geregistreerd ook daadwerkelijk binnen het ras paste of dat het DNA van dat dier tussen de Lakenvelders terecht kwam. Zo zijn er een aantal dieren uitgehaald die totaal niet overeenkwamen met de verwachtingen.

**31. Vraag:** *Het is toch zo dat CRV geen stamboekregistratie overschrijft. Dus een dier dat als 50% Lakenvelder is geregistreerd, maar eigenlijk een MRIJ is, die blijft toch 50% Lakenvelder?*

**Antwoord van CRV:** Een bestaand bekend rasdeel zal niet worden overschreven. In de meeste gevallen zijn afstammingen en daarmee de rasbalken van de dieren die getest worden volledig of, in enkele gevallen, grotendeels onbekend. Als er wel een groot deel van de afstamming bekend is (50% of meer) dan is er misschien nog kans om dat deel van de afstamming via een ouderschapstest te verifiëren.

**32. Vraag:** *Hoe gaat CRV met de DNA test runderrassen om?*

**Antwoord van CRV:** Als CRV een verklaring ontvangt waarop CGN aangeeft dat een koe volgens de DNA test tot een bepaald ras hoort, dan veranderen wij alleen het onbekende deel van de rasbalk. In geval van dieren met een rasbalk "ONB 8" wordt het dier op basis van de verklaring volledig aan het betreffende ras toegeschreven. En als een dier bij CRV met een rasbalk "ONB 7 XX 1" bekend is, dan wordt het "ONB 7" deel vervangen door het ras waaraan het dier volgens de DNA test toe behoort. Het deel "XX 1" van ras XX blijft dan in de rasbalk staan. Het dier wordt vervolgens stamboek geregistreerd (S-registratie) en wij plaatsen het dier in de Hoofdsectie van het stamboek van het betreffende ras. De afstamming blijft uiteraard onbekend.

## SZH

**33. Vraag:** *Ik lees dierhouder bepaalt en fokkerij over mensen gaat. Wat als een stamboek krankzinnige eisen legt aan mannelijke dieren om nakomelingen in de hoofdsectie te kunnen krijgen? Kan SZH hier actie tegen ondernemen?*

**Antwoord van SZH:** streeft naar diversiteit tussen de rassen maar ook naar diversiteit binnen een ras. We hebben deze thema avonden gehoord dat er veel mogelijkheden zijn om als stamboek bij te dragen aan een goed doordacht, gezond fokbeleid. SZH kan geen fokbeleid bepalen, maar waar nodig kunnen we in gesprek gaan met de bestuurders van de rasorganisaties om mee te kijken naar het fokbeleid.

**34. Vraag:** *Hoe kun je de SZH ondersteunen? Donateur worden is dat mogelijk?*

Antwoord van SZH: Voor een bijdrage van minimaal €22,50 per jaar kan je je aanmelden als vriend van SZH. <https://szh.nl/word-vriend/>. Daarmee steun je de SZH met haar activiteiten. Een eenmalige donatie doen kan ook, op <https://szh.nl/doneren/>

**35. Vraag:** *Wanneer is een ras toelaatbaar tot SZH?*

Antwoord van SZH: Zie ook <https://szh.nl/levend-erfgoed/>, waar staat uitgelegd over welke rassen SZH zich ontfermd. SZH zet zich in voor de 'zeldzame landbouwhuisdierrassen van Nederlandse oorsprong', wij noemen dit het levend erfgoed. Wil een ras onder de zorg van de SZH vallen, dan moet het zijn oorsprong vinden in Nederland, over unieke eigenschappen beschikken en een zeldzame status hebben. Met oorsprong in Nederland bedoelen we: met het ras wordt al 40 jaar plus zes generaties in Nederland gefokt. Dit geldt ook voor uit het buitenland geïmporteerde rassen, waarbij bovendien geen continue uitwisseling mag hebben plaatsgevonden met de moederpopulatie. Wat betreft unieke eigenschappen: deze mogen niet leiden tot verminderd welzijn. De zeldzame status wordt uitgedrukt in risicostatus en mate van bedreigd zijn. Ook is het belangrijk dat een ras een rasorganisatie heeft die zich inzet voor het ras. En dat het houden van of fokken van het ras maatschappelijk gewaardeerd wordt in kader van dierenwelzijn.

**36. Vraag:** *Hoe houdt de SZH de jongeren geïnteresseerd?*

Antwoord van SZH: Op <https://szh.nl/educatie/> heeft SZH diverse (gratis) educatie middelen staan. Daarmee willen we dierhouders, of bijvoorbeeld kinderboerderijbeheerders ondersteunen in het overbrengen van het verhaal van de zeldzame rassen. Vooral op jonge leeftijd begint het met een kennismaking met de rassen. Voor basisscholieren en middelbare scholieren wordt meer aansluiting gezocht met de kerndoelen van het onderwijs en de vakken of thema's waar het verhaal van biodiversiteit en de zeldzame rassen verteld kan worden. Voor MBO, HBO, WO onderwijs zijn gastlessen aan te vragen, en kunnen we op verzoek deze ook combineren met een locatiebezoek. Ook organiseren we excursies om jong publiek kennis te laten maken met de dieren en de diverse houders. In de hoop dat we hun kunnen inspireren later zelf met zeldzame rassen te gaan ondernemen of zich actief in te zetten voor het behoud van deze rassen.

## Bijen

**37. Vraag:** *Heeft u misschien ook nog een suggestie voor een boek over honingbijen en genetica?*

Antwoord: Er zijn ca 10.000 houders in Nederland, waarvan het aantal groeit. Met 75.000 volken waarvan een fractie raszuiver is. De gemiddelde productie zit op 13 kg honing per volk. De raszuivere bijen zijn:

- Apis mellifera mellifera oftewel 't Landras ofwel "donkere bij"/black honeybee ofwel Zwarte bij (deze is bij SZH onder hun hoede)
- Apis mellifera carnica
- Buckfastbij

Een aantal links met meer informatie:

- <http://www.beebreed.nl/cursus-koninginnenteelt-brascamp-141213.pdf>
- <https://edepot.wur.nl/281816>
- <https://research.wur.nl/en/publications/wie-beslist-de-natuur-de-imker-of-beide-selectie-bijen>