

Fokwaardeschattingen voor heupdysplasie bij de Labrador Retriever

Ir. Ed. J. Gubbels,
Luc Janss
Janneke Scholten,
Hirschfeld Instituut*

Wie honden fokt zal doorgaans proberen dat zo goed mogelijk te doen en zal daarbij gebruik willen maken van alle informatie die beschikbaar is. Niet alleen ten aanzien van het exterieur, ook ten aanzien van de gezondheid van zijn fokproducten.

De fokker die zijn best doet om alle beschikbare gegevens te verzamelen over de dieren waarmee hij wil fokken komt al gauw in de problemen, zelfs als hij maar op één kenmerk zou willen selecteren. Neem bijvoorbeeld heupdysplasie (HD). Wie zijn zaakjes serieus neemt eindigt al gauw met een stapel kopieën van stambomen en HD-uitslagen waarin hij ordening moet proberen te brengen. Het valt niet mee om uit al die gegevens, uit die hele stapel papier, conclusies te trekken.

Mede om de fokkers beter te kunnen ondersteunen bij hun keuzes heeft de Nederlandse Labrador Vereniging onlangs GCS-datamanager[®] aangeschaft: een programma waarmee vlot ordening gebracht kan worden in allerlei gegevens die voor de fokkerij van belang zijn. Daarnaast maakt het inmiddels door de NLV aangelegde databestand fokwaardeschattingen mogelijk voor verschillende kenmerken, waarmee de erfelijke aanleg van een hond eenvoudiger zichtbaar kan worden gemaakt. Zoals hieronder uitgelegd biedt het gebruik van fokwaardeschattingen bovendien de mogelijkheid om flexibeler met het fokkerijbeleid, bijvoorbeeld ten aanzien van HD, om te gaan.

Gegevensbeheer

Het eerste probleem voor de fokker is dat hij een keuze moet maken uit de grote hoeveelheid gegevens die voor hem en voor zijn honden misschien wèl, of misschien toch ook weer niet, van belang zijn. De NLV heeft dit probleem opgelost met de aanschaf van GCS-datamanager[®]. In de bijbehorende NLV-database zijn alle ooit in Nederland geïmporteerde en geboren Labradors ingebracht met hun afstamming (voor zover die te achterhalen was). Het gaat om een afstammingsbestand waarin meer dan 95.000 honden zijn opgenomen alsmede duizenden gezondheidsuitslagen, onder meer de HD-uitslagen van 7825 honden. Deze zijn gekoppeld aan de afstammingsgegevens. Willen we weten hoe het zit met de HD-uitslagen bij de voorouders van een hond, dan kunnen we 'met één druk op de knop' een volledig overzicht krijgen van de beschikbare informatie. De gegevens zijn daarmee direct toegankelijk, onze vraag wordt onmiddellijk op het scherm beantwoord.

We zouden ons inderdaad kunnen afvragen hoe het zit met de HD-uitslagen van de voorouders. Maar het antwoord op die vraag levert meestal weinig echt nuttige informatie op. Als het goed is (en meestal is het goed) werden bij die voorouders alleen maar honden gebruikt met een HD-uitslag die 'goed' of op z'n minst 'voldoende' was. Naarmate we verder teruggaan in de generaties zien we dat er in toenemende mate niet-onderzochte voorouders in de stamboom voorkomen. Het is niet te verwachten dat we van zo'n overzicht veel wijzer worden.

Hoe zit het met de vererving?

We kunnen meer leren als we bijvoorbeeld weten hoe de vererving was van diezelfde voorouders, als we de HD-uitslagen van hun nakomelingen zouden weten. Met GCS-datamanager[®] kunnen we ook die informatie beschikbaar maken (zie [figuur 1](#)). Als voorbeeld hebben we een willekeurige stamboom genomen met daarin drie generaties voorouders en hun HD-uitslagen. Voor elke voorouder is daaraan het aantal op HD onderzochte nakomelingen, het totaal aantal nakomelingen en de verdeling van de HD-uitslagen van de onderzochte nakomelingen toegevoegd. Hiermee krijgen we een indruk van hoe de voorouders het in de fokkerij deden, we krijgen enig gevoel voor wat 'hun erfelijke aanleg voor HD' is.

Maar hier lopen we tegen een volgend probleem aan. Hoe moeten we al die onvergelijkbare resultaten bij onze beslissingen gebruiken? Is de vader met 5 onderzochte nakomelingen die allemaal A of B hadden (van de 85 nakomelingen) een betere of juist een slechtere vererfer dan de grootvader aan moeders zijde (GV2) met 127 onderzochte nakomelingen waarvan er 105 A of B hadden (op een totaal van 1012 nakomelingen)? En hoe zit dat met de overgrootvaders OGV2 en OGV4, zou de één een betere vererfer zijn dan de ander?

Op deze en vele andere vragen ontbreekt ons het antwoord. We kunnen hooguit 'een indruk' krijgen over 'betere' of 'minder goede' vererfers.

Fokwaardeschattingen

De oplossing voor dit afwegingsprobleem vinden we als we fokwaardeschattingen gebruiken (in het Engels: Breeding Values). Een fokwaardeschatting is een getal dat voor een bepaald kenmerk, bijvoorbeeld HD, een schatting geeft van de erfelijke waarde (de erfelijke aanleg) van de hond. Dat getal wordt berekend met behulp van alle beschikbare informatie over de hond en zijn verwanten. De fokwaardeschatting geeft ons het antwoord op de vraag waar elke fokker mee zit, telkens als hij een reu voor zijn teef moet kiezen: met welk vaderdier heb ik de beste kansen om pups te fokken die zo goed mogelijk aan de gestelde eisen voldoen?

De fokwaardeschatting moeten we zien als een risico-aanduiding: naarmate de fokwaardeschatting voor HD hoger is, heeft de hond een groter risico om slechte heupen te vererven. We kunnen ook zeggen dat naarmate de erfelijke aanleg van de hond minder gunstig is, de fokwaardeschatting (het fokrisico) hoger is. Als we aan de *gemiddelde* erfelijke aanleg voor HD bij de Nederlandse Labrador het getal 100 verbinden, dan betekent een fokwaardeschatting van 100 'niet slechter, maar ook niet beter dan gemiddeld'. We zouden eigenlijk nesten willen fokken die beter zijn dan gemiddeld, oftewel nesten (en dus pups) met een fokwaardeschatting van minder dan 100.

In [figuur 2](#) hebben we de fokwaardeschattingen vermeld voor de honden in de stamboom die we in figuur 1 lieten zien. Uit figuur 2 blijkt dat ook honden die niet op HD zijn onderzocht (OGV3 en OGM3) een fokwaardeschatting krijgen. Zij hebben ouders, kinderen, kleinkinderen, nestgenoten, neven en nichten waarvan een deel wél is onderzocht. Al die informatie wordt gebruikt om de fokwaarde van die honden te schatten. Dat is overigens geen vrijbrief om dan maar geen HD-onderzoek meer te laten doen. Willen we fokwaardeschattingen kunnen blijven berekenen, dan zullen we moeten blijven meten. Naarmate we daarbij meer gegevens hebben, worden onze fokwaardeschattingen betrouwbaarder.

Verder kunnen we in de stamboom zien dat honden met dezelfde HD-uitslag (bijvoorbeeld HD-tc) heel uiteenlopende fokwaardeschattingen krijgen. Hoe hoog die schatting wordt hangt, behalve van hun eigen HD-score, ook af van de HD-uitslagen van al hun verwanten waarover HD-gegevens beschikbaar zijn.

Erfelijke aanleg

Dankzij de fokwaardeschattingen kunnen we nu honden waarover heel verschillende informatie voorhanden is, onderling vergelijken. We krijgen nu ook het antwoord op de vragen die we hierboven al stelden. We kunnen nu zien dat de erfelijke aanleg voor HD van de vader gunstiger is dan die van grootvader aan moeders zijde (GV2), we kunnen nu ook een uitspraak doen over de vererving van HD door de overgrootvaders OGV2 en OGV4. Kortom, wanneer we een zo goed mogelijke reu voor onze teef willen kiezen, kunnen we op zoek gaan naar reuen met de beste erfelijke aanleg, waarbij we ons baseren op alle informatie die op dat moment beschikbaar is.

Omdat er in de loop van de tijd steeds meer informatie beschikbaar komt, moeten fokwaardeschattingen regelmatig opnieuw berekend worden. Een fokwaardeschatting is geen statisch getal dat een hond zijn leven lang meedraagt. We rangschikken de honden steeds weer rond het gemiddelde, en dat gemiddelde zal veranderen. Als de gezamenlijke keuzes van fokkers er inderdaad toe leiden dat er steeds minder honden met HD worden geboren, dan zal het nieuwe gemiddelde - het nieuwe getal 100 - een betere erfelijke aanleg vertegenwoordigen dan het eerdere gemiddelde. Dan hebben we met z'n allen vooruitgang geboekt.

De nu beschikbare fokwaardeschattingen voor heupdysplasie zijn zo goed als definitief. Op een aantal detailpunten moet nog worden nagegaan of er verbeteringen mogelijk zijn. Het gaat om zaken waardoor, voor een beperkt aantal honden, de fokwaarden nog een fractie hoger of lager zouden kunnen worden. Momenteel wordt de laatste hand gelegd aan het uitwerken van die details. Nadat de rapportage met de verantwoording gepubliceerd is, staat niets meer de toepassing in de praktijk in de weg.

Voordeel voor de fokker

Wanneer we fokwaardeschattingen gaan gebruiken voor de bestrijding van heupdysplasie, krijgen we met nieuwe selectiecriteria te maken. Waar we nu vooral selecteren op het fenotype (op uiterlijke waarneembare kenmerken, in het geval van een HD-beoordeling: datgene wat we op de röntgenfoto

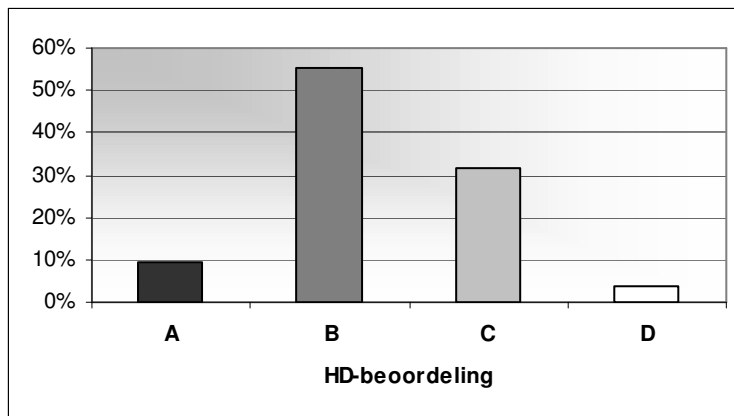
waarnemen), verleggen we de aandacht naar het genotype (de erfelijke aanleg). De geschatte fokwaarde (de erfelijke aanleg) van een nest is het gemiddelde van de fokwaarden van beide ouders. Als we willen dat de volgende generatie beter wordt dan de huidige, dan zoeken we naar ouderdieren die in combinatie een fokwaarde geven beneden 100 (beneden het gemiddelde voor het ras). Dat betekent dat in principe met bijna elke hond gefokt kan worden, zolang daarbij maar een partner wordt gevonden waarmee de fokwaarde van het nest voldoende laag wordt. Voor een hond met een fokwaardeschatting van 105 moeten we dan een partner kiezen onder de honden die een fokwaarde van 95 of lager hebben. Is de geschatte fokwaarde van mijn teef 110, dan moet ik op zoek naar een reu die een fokwaarde van 90 of minder heeft.

Met deze selectiecriteria krijgen de fokkers meer ruimte, de HD-uitslag van de hond zelf is niet meer het enige criterium. Natuurlijk zal een hond met een slechte HD-uitslag ook een hogere fokwaardeschatting krijgen. Maar het is goed mogelijk dat een hond met de uitslag HD±, of zelfs met de uitslag HD+, toch nog een goede (lage) fokwaardeschatting krijgt. Dat komt dan omdat de verwanten goede HD-scores hebben, het kan die ene 'pechvogel' zijn uit een familie met weinig of geen erfelijke aanleg voor heupdysplasie.

Behoud honden voor de fokkerij

Om te laten zien wat dat voor de fokkers betekent hebben we in het Labradorbestand gekeken naar de HD-uitslagen van de jongste groep honden met fokwaardeschattingen van 100 tot 110 ([figuur 3](#)).

Figuur 3. Verdeling van de fenotypen (HD-A tot en met HD-D) van 975 honden met fokwaarden tussen 100 en 110



Bron: NLV-database/GCS-datamanager®

Het gaat om in totaal 975 honden die vanwege hun andere eigenschappen misschien wel waardevol zouden kunnen zijn voor het ras, maar die op het punt van de erfelijke aanleg voor HD wat minder goed scoren. Dit is een groep honden waarvan we nu, met de huidige selectiemethode, een deel uitsluiten. Zouden we met fokwaardeschattingen werken, dan zouden die honden (onder voorwaarden) allemaal voor de fokkerij mogen worden ingezet.

In deze groep vinden we 36 honden met de uitslag HD-D (HD+), honden die onder de huidige regels absoluut uitgesloten zijn van de fokkerij. Het gaat om honden die op basis van hun overige kenmerken, als daarbij de juiste partners zouden worden gebruikt, wellicht een bijdrage zouden kunnen leveren aan het ras.

We zien verder dat van de 975 honden maar liefst 308 honden de uitslag HD-C (HD±) hebben. Deze honden mogen onder de huidige regels slechts onder heel strikte voorwaarden voor de fokkerij worden gebruikt. Een deel van die honden valt af omdat ze niet aan die voorwaarden voldoen. Ook voor deze honden geldt dat de uitsluiting, enkel en alleen op basis van hun fenotype, niet helemaal recht doet aan ons streven om de erfelijke aanleg voor het ras te verbeteren.

Voor de fokkers zou het overschakelen op fokwaardeschattingen betekenen dat ze niet meer in de situatie komen waarin hun fokkerijplannen voor een hond waarvan ze hoge verwachtingen hadden door een tegenvallende HD-uitslag definitief worden afgekap. Ze krijgen meer speelruimte.

Fenotype versus vererving

Uiteraard geldt het omgekeerde van het hier gegeven voorbeeld ook. Bij de huidige selectie tegen HD zullen er zeker af en toe ook combinaties worden gevormd tussen ouders die elk afzonderlijk goede heupen hebben, maar die ook allebei over een bovengemiddelde erfelijke aanleg voor HD beschikken. Een goed fenotype is nu eenmaal niet altijd voorspellend voor een goede vererving. Zij, en hun nakomelingen, zorgen ervoor dat ons huidige selectieprogramma tegen HD niet de resultaten oplevert waarop we hadden gehoopt, ondanks al onze inspanningen, ondanks alle kosten en moeite die we daaraan besteden. Dergelijke honden zouden bij het toepassen van selectie op basis van fokwaardeschattingen wat beperkter inzetbaar zijn.

Cultuuromslag noodzakelijk

Tot slot: we blijven bij de geschikte aanpak van het selectiebeleid nog wel zitten met de maatschappelijke beleving en jurisprudentie betreffende 'fokken met honden die een slechte HD-beoordeling kregen'. Er heersen per ras verschillende opvattingen over hetgeen wèl en niet als toelaatbaar moet worden gezien ten aanzien van het fokken met honden die als HD-D (HD+) of als HD-E (HD++) werden beoordeeld. Bij nogal wat rassen (onder andere bij een groot deel van de Molossers) wordt het fokken met HD-D honden als zeer aanvaardbaar gezien, de bouw van hun skelet en de constructie van hun heupgewricht leidt tot een relatief groot aandeel van honden met deze HD-uitslag. Bij letterlijk alle rassen zijn de HD-E honden uitgesloten van de fokkerij. De tot nu toe opgebouwde jurisprudentie gaat uitsluitend uit van de fenotypische verschijningsvorm (de individuele HD-uitslag) van de hond. Het zal enige tijd en uitleg vergen om behalve de kynologie, ook de maatschappij en de rechterlijke macht te overtuigen van het belang en de rechtmatigheid van het selecteren op fokwaarden (erfelijke aanleg) in plaats van op HD-uitslagen (fenotypen). In de aanloop van dit 'cultuurveranderingsproces' verdient het aanbeveling om, ter bescherming van de fokkers, in ieder geval de HD-E honden uit te sluiten van de fokkerij, ook al is hun fokwaarde nog zo goed.

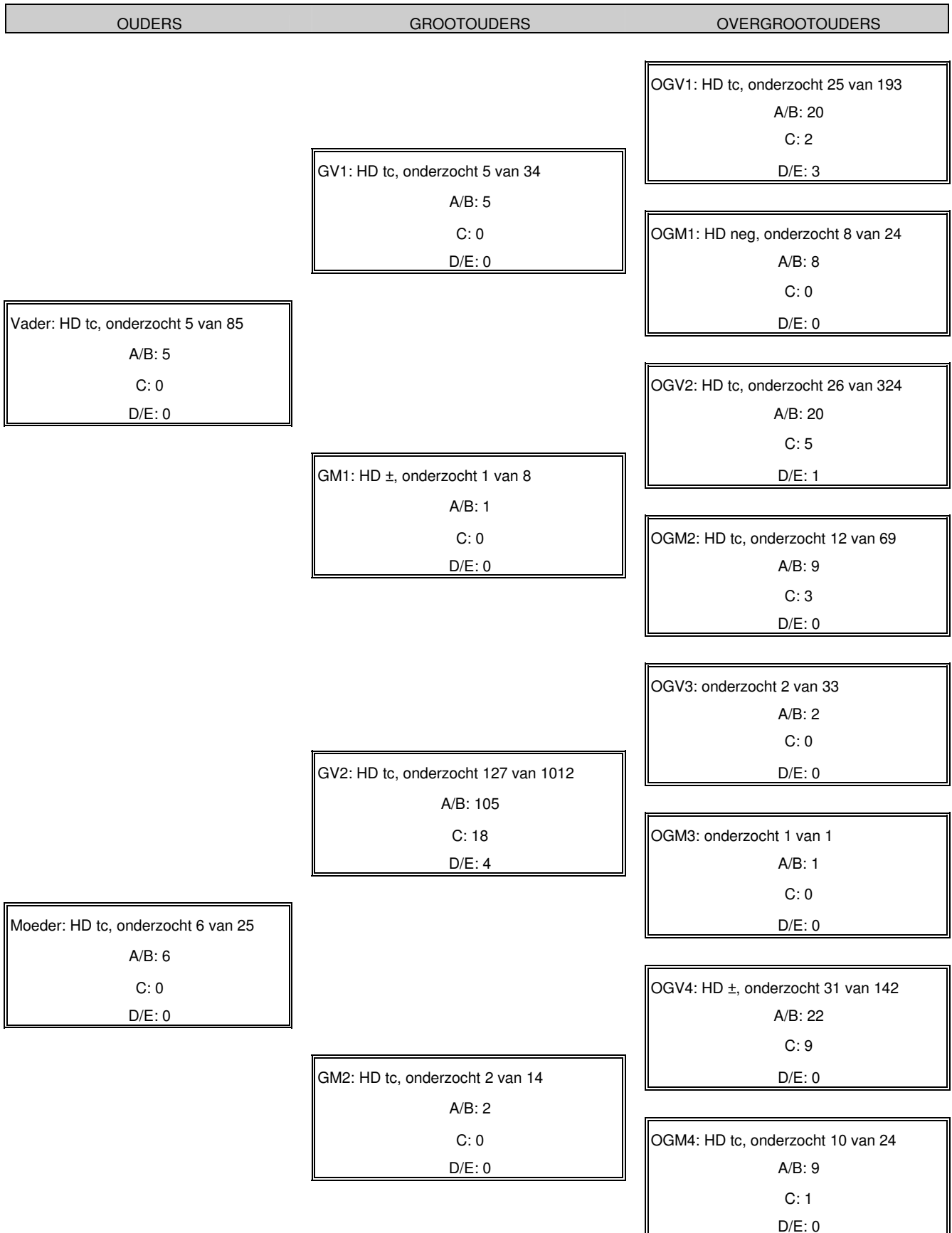
Kort samengevat

- · In de fokwaardeschatting voor HD worden alle op dat moment beschikbare HD-gegevens meegewogen.
- · Een fokwaardeschatting van minder dan 100 geeft een erfelijke aanleg aan die gunstiger is dan gemiddeld voor het ras.
- · Een fokwaardeschatting van meer dan 100 betekent een meer dan gemiddelde erfelijke aanleg voor HD.
- · Door steeds oudercombinaties te vormen die een fokwaardeschatting van minder dan 100 opleveren voor het nest (de schattingen van beide ouders opgeteld en gedeeld door 2), kunnen we langzaam maar zeker vooruitgang boeken in het ras.
- · We lopen minder risico dat we twee honden combineren die weliswaar zelf goede HD-uitslagen hebben, maar beide toch een bovengemiddelde kans lopen om HD te vererven.
- · Er komt meer ruimte voor honden waarmee eerder, op grond van hun individuele HD-uitslag, niet gefokt kon worden.

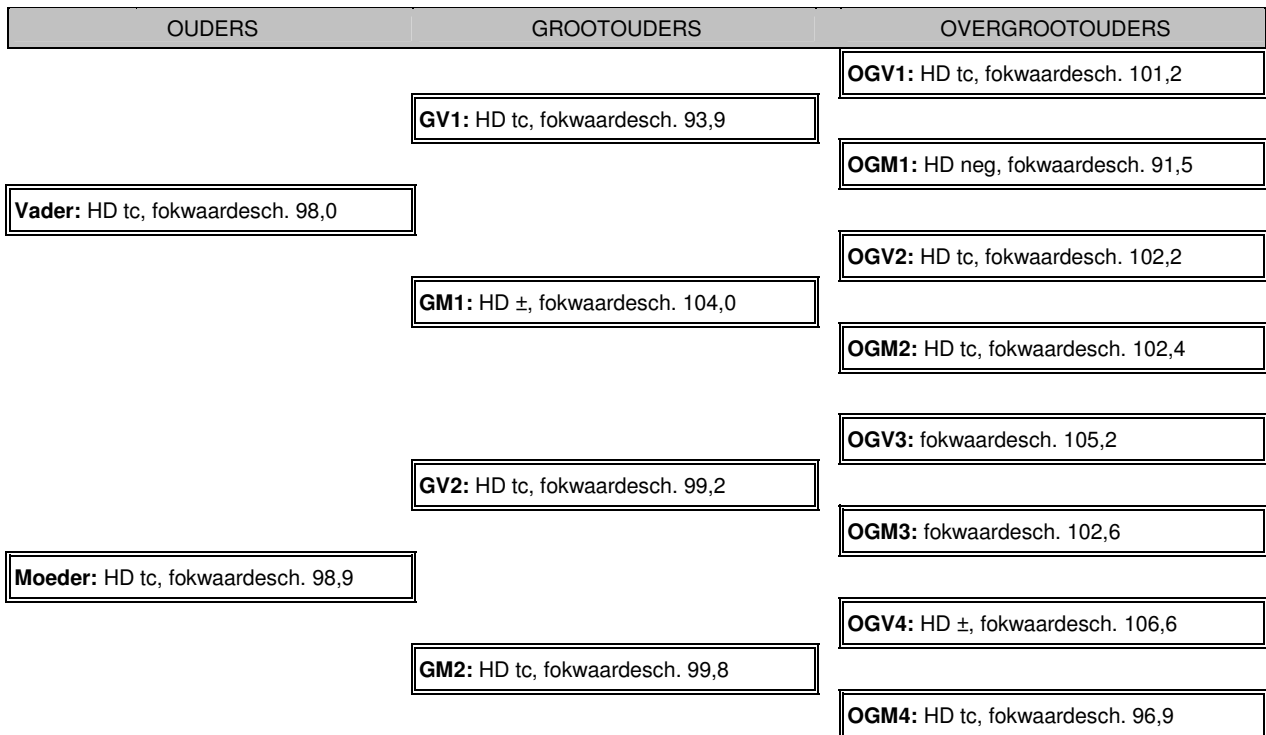
* Noot: Medio november 2003 is, op verzoek van het bestuur van de Raad van Beheer op Kynologisch Gebied in Nederland, de naam 'Hirschfeld Instituut' gewijzigd. Het instituut heet sindsdien: Genetic Counselling Services (GCS).

FIGUREN:

Figuur 1. Stamboom van een hond met daarin de HD-uitslagen van de ouders, de grootouders en de overgrootouders, het aantal op HD onderzochte nakomelingen, hun totale aantal nakomelingen en de verdeling van de HD-uitslagen van de onderzochte nakomelingen



Figuur 2. Stamboom van een hond met daarin de HD-uitslagen van de ouders, de grootouders en de overgrootouders en de berekende fokwaardeschattingen



Bron: NLV-database/GCS-datamanager®