

Situering

Om een geïntegreerde fokstrategie voor de verschillende hondenrassen in België te kunnen uitwerken op een verantwoorde en wetenschappelijk onderbouwde manier dienen per ras twee belangrijke aspecten binnen de Belgische context te worden onderzocht. Enerzijds dient nagegaan te worden wat de genetische diversiteit en inteeltgraad is binnen de rassen en anderzijds dient bepaald te worden wat de frequentie is van de belangrijkste erfelijke aandoeningen in deze rassen. Enkel door deze gegevens te combineren kan een degelijke geïntegreerde fokstrategie in de huidige Belgische context uitgewerkt worden. Tot op heden werd voor het bepalen van de frequentie van erfelijke aandoeningen gebruik gemaakt van gegevens verzameld in buitenlandse studies/populaties, voor zover die er al zijn/waren. Deze gegevens werden geëxtrapoleerd naar de Belgische situatie. Hoewel dit zeker een indicatie kan geven over de lokale toestand, houdt het ook een aantal mogelijke valstrikken in. Genetische diversiteit en ook de frequentie van erfelijke aandoeningen zijn onderhevig aan plaats- en tijdsgebonden schommelingen als gevolg van het (overmatig) inzetten van bepaalde (populaire) dieren waardoor subpopulaties (lijnen) ontstaan die wat betreft genetische samenstelling behoorlijk van elkaar kunnen verschillen en die bijgevolg niet representatief zijn voor elkaar.

Om een goed idee te krijgen over de Belgische situatie dienen beide aspecten in de huidige, lokale context bepaald te worden. Het geeft weinig meerwaarde om enkel de genetische diversiteit binnen de Belgische populaties te bepalen en voor de erfelijke afwijkingen van buitenlandse gegevens gebruik te maken of omgekeerd. Om echt een goed werkinstrument te maken dienen beide zaken op dezelfde populaties bepaald te worden. Aangezien er nauwelijks tot geen frequentiebepalingen van erfelijke aandoeningen binnen in België gehouden hondenrassen werden uitgevoerd dient dit nog te gebeuren. Gegevens over frequenties van erfelijke aandoeningen verkregen via dierenartsen, dierenklinieken en fokkers zijn heel fragmentarisch om verschillende redenen, waarvan de voornaamste uiteraard is dat er op enkele uitzonderingen na geen systematische registratie is. In veel gevallen worden dierenartsen en dierenklinieken enkel geconfronteerd met aangetaste dieren of dieren waarvan een vermoeden van aantasting bestaat. Een bijkomend probleem is dat nogal wat erfelijke aandoeningen sterk gelijkende symptomen veroorzaken en dat de symptomen van dezelfde aandoening sterke variaties kunnen vertonen waardoor een eenduidige diagnose moeilijk is en de frequentie van voorkomen van de aandoeningen moeilijk te bepalen is op basis van uiterlijke kenmerken. Frequentieschattingen louter op basis van klinische aspecten dienen dan ook met de nodige voorzichtigheid genomen te worden. De situatie is heel anders voor de erfelijke aandoeningen waarvoor een DNA-test werd ontwikkeld. Frequentiebepalingen van mutaties verantwoordelijk voor een erfelijke aandoening kunnen veel betrouwbaarder gebeuren. Een niet onbelangrijk pluspunt hierbij is dat voor recessieve aandoeningen ook binnen de groep van niet aangetaste dieren onderscheid gemaakt kan worden tussen heterozygoten (dragers), die de mutatie aan 50% van de nakomelingen doorgeven, en homozygoten die volledig vrij zijn van de mutatie. Bij de frequentiebepaling op basis van een DNA-test kan dus ook de frequentie bepaald worden van asymptomatische dragers, wat een belangrijk aspect is om gedegen fokadvies te kunnen geven.

Met de resultaten bekomen in dit project hopen we een eerste aanzet te geven tot het hierboven beschreven opzet.

Keuze van de te bestuderen rassen

Tien rassen werden uitgekozen. De keuze was enerzijds gebaseerd op de rassen opgenomen in de initiële studie uitgevoerd door de groep van prof. Nadine Buys (KULeuven) in het kader van het Consortium. Dit om, zoals hierboven aangegeven, de data van beide onderzoeken zoveel mogelijk te kunnen integreren. Het betreft de rassen border collie, Duitse herder, golden retriever en labrador retriever. Voor zes rassen betrokken in de vermelde studie, Ardense koehond, Vlaamse koehond, Mechelse herder, Tervuurse herder, Belgisch griffonnetje en Brussels griffonnetje, waren geen specifieke DNA testen in het openbare domein beschikbaar. De Mechelse herder werd echter wel opgenomen in de studie. Gezien de populariteit van dat ras in België en de relatieve verwantschap met de Duitse herder vonden we het interessant en nuttig om na te gaan in hoeverre de bij de Duitse herder geïdentificeerde mutaties ook aanwezig zijn bij de Mechelse herder. Hoewel veel erfelijke aandoeningen bij honden ras specifiek zijn worden een aantal aangetroffen bij heel wat rassen. Dikwijls zijn dit oude mutaties die reeds aanwezig waren voor de splitsing van de rassen, soms zijn het nieuwere mutaties die door (onbewuste) inkruising in een ander ras werden geïntroduceerd. Het schipperke, waarvoor 1 DNA test beschikbaar was op het ogenblik van de indiening van het projectvoorstel, is dan weer een weinig populair ras in België en werd daarom niet opgenomen in deze studie.

Naast de 5 vermelde rassen werden nog vijf andere, in België relatief populaire rassen waarvoor minstens 2 DNA testen beschikbaar waren opgenomen in de studie. Het betreft de Australische herder, boxer, cavalier King Charles spaniel, Ierse setter en rottweiler.

Selectie van te typeren dieren

Om een zo representatief mogelijke steekproef van de Belgische (Vlaamse) populatie van elk van de te onderzoeken rassen te verkrijgen werden stalen verzameld via verschillende kanalen zijnde fokverenigingen, individuele fokkers, dierenartsen en dierenklinieken. Gestreefd werd om minimaal 50 dieren van elk ras te verzamelen en zo weinig mogelijk verwante dieren in het onderzoek op te nemen. Enkel voor de Australische herder werd niet aan het minimum van 50 dieren geraakt ($n = 32$). De verwantschap bleek niet altijd te controleren wegens het ontbreken van gegevens voor bepaalde dieren. Door te werken met verschillende kanalen bij het verzamelen van de stalen menen we echter dat het aantal verwante dieren in onze onderzochte populaties klein is en dat de bias die hierdoor wordt gecreëerd beperkt is. Frequentiegegevens moeten sowieso altijd met de nodige omzichtigheid genomen worden en mogen zeker niet als absolute cijfers beschouwd worden. Niettemin zijn we er van overtuigd dat de verkregen resultaten voor alle 10 de onderzochte rassen een goede indicatie geven over de aanwezige genetische belasting met betrekking tot de onderzochte aandoeningen en dat de verkregen gegevens nuttig zijn voor de Belgische hondenfokkerij. Hierna worden bij elk van de onderzochte rassen en aandoeningen de gevonden mutatiefrequenties gegeven en toegelicht. Tevens wordt voor elk ras op basis van de gevonden frequenties en de ernst van de aandoening een fokadvies geformuleerd.