

Visie Verbreding Friezenfokkerij 2024

De vraag naar Friese paarden is onverminderd groot en ze gaan de hele wereld over. Dat maakt het moeilijk voor te stellen dat er ook een tijd was dat er slechts een handjevol echte liefhebbers van het ras over was. Een kruistocht door Friesland was nodig om het ras voor uitsterven te behouden. Met die achtergrond is het bijna niet verdedigbaar om nu het zo goed gaat te beginnen over het kruisen met een ander ras. Dat zal voor weerstand zorgen en dat is begrijpelijk. Toch is er een goede reden voor.

Inteeltniveau blijvend te hoog

Toen het Friese ras langs de rand van de afgrond ging was de populatie zo klein dat er geen andere mogelijkheid was dan zeer nauwe familie paringen. De totale inteelt over alle geregistreerde generaties was in 1920 4% en is nu 18%. Dat is een toename van 14% in 10 generaties. De laatste 2 generaties is de inteelttoename ruim onder de 1% per generatie gebleven. Verder daarvoor was de toename per generatie zo groot dat het eigenlijk een wonder is dat de reproductie op peil is gebleven en het ras kon uitgroeien tot de huidige omvang. Het ras heeft twee keer een genetische flessenhals periode doorstaan. Die geschiedenis is terug te vinden in boeken over het Friese paard, maar ook in het DNA van iedere Fries waar ook ter wereld. Dekhengsten en hengstmoeders uit de flessenhals periode zijn vele malen terug te vinden in de stamboom van iedere hedendaagse Fries. Bovenaan staat op eenzame hoogte de hengst Danilo 137 met 23% genetische contributie. Omdat Danilo 137 bijna 100 jaar geleden met zijn dek-loopbaan bezig was en zijn genen in die 10 generaties zo breed verspreid zijn, is er anno nu geen enkele Fries meer te vinden met minder dan 20% Danilo-genen. Bijna een kwart van de genen van iedere stamboek Fries, die waar ook ter wereld ergens op stal staat, is afkomstig van één gemeenschappelijke voorvader. Dat is een ongekend smalle basis om een gesloten fokpopulatie uit te kunnen laten ontstaan.

De smalle basis aan fokdieren waar alle Friezen van nu uit voortkomen zorgt voor:

1. Een tekort aan genetische variatie in onze gesloten populatie.

Danilo 137 staat bovenaan maar is zeker niet de enige hengst met een te grote genetische contributie. In de grafiek in de bijlage staan de stempelhengsten met meer dan 5 % genetische contributie in de huidige fokpopulatie. De toppers met een contributie >10% bestaan volledig uit hengsten geboren tussen 1900 en 1970. De hengsten van toen zijn nu nog steeds in sterke mate bepalend voor alle genetische eigenschappen van de fokdieren van nu. Natuurlijk is er door de jaren heen geselecteerd en mag je dus aannemen dat de betere genen van de betere fokdieren van toen in de Friezen van nu terecht zijn gekomen. Maar daar zit precies ook het probleem. Selectie in een gesloten populatie leidt tot verlies aan genetische variatie binnen die populatie. Als dan het roer omgegooid wordt en de selectie meer een andere richting op moet, blijkt dat er in onze gesloten populatie met een heel smalle basis, onvoldoende goede genen te vinden zijn om op het gebied van bijvoorbeeld gezondheid een gewenst selectieresultaat te bewerkstelligen.

2. Paring van verwanten wordt onvermijdelijk, met als gevolg inteelt.

Als het genenpakket van iedere Fries voor bijna een kwart afkomstig is van 1 gemeenschappelijke voorouder, zal de bijdrage aan de totale inteelt van die gemeenschappelijke voorouder bij iedere paring zeer aanzienlijk zijn. De bijdrage aan de huidige totale inteelt van de hengst Danilo 137 is 2,75%. Dus van de totale gemiddelde huidige inteelt van 18% is 2,75% toe te schrijven aan de contributie van één enkele stempelhengst uit het verleden. Ter vergelijking: De uiteindelijke bijdrage van de latere stempelhengsten Beart 411 en Jasper 366 is ieder 0,19%. Er zijn dus anno nu 15 stempelhengsten van het kaliber Beart 411 en Jasper 366 voor nodig om in de buurt van het effect op de totale inteelt van de megastempelhengst Danilo 137 te komen. Van een hengst als Tsjalle 454 wordt gedacht dat hij in sterke mate bijdraagt aan de totale inteelt in de populatie. Toch zijn er 25 hengsten met het huidige genetische contributieniveau van Tsjalle voor nodig om de bijdrage aan inteelt van Danilo 137 te bewerkstelligen. Het Friese inteeltprobleem is inherent aan de geschiedenis van het ras en daar is nu niets meer aan te veranderen.

Nieuwe inteelttoename is met de huidige populatieomvang en het huidige beleid goed in de hand te houden. Dat neemt niet weg dat het overgrote deel van de totale inteelt en de negatieve effecten die tot expressie komen in gezondheidsproblemen voortkomt uit de genetische flessenhals. Die invloed is zelfs met het strengste inteeltbeleid niet meer weg te poetsen.

Vanuit het KFPS bestaat het advies om bij paringskeuzes nauwe inteelt in de laatste 5 generaties te vermijden. Met het oog op mogelijke afwijkingen bij het beoogde veulen is dat een goed advies. Het is echter geen middel om inteelt te voorkomen, het resultaat is alleen uitstel van inteelt. Zodra de gemeenschappelijke voorouders naar generaties boven de 5 zijn opgeschoven, zullen fokdieren met een hoge genetische contributie bij gaan dragen aan de totale inteelt. De uiteindelijke omvang van de bijdrage aan totale inteelt van een stempelhengst is gelijk aan het kwadraat van het contributieniveau maal een half.

Het advies om nauwe inteelt in de laatste 5 generaties te vermijden heeft er ook toe geleid dat genetische verschillen tussen dieren in versneld tempo worden verplaatst naar genetische variatie binnen individuen. Voorbeeld: Bij een merrie met veel Jochem-bloed en geen Wessel-bloed werd een hengst gezocht met veel Wessel-bloed en geen Jochem-bloed. Bij een merrie met veel Wessel-bloed en geen of weinig Jochem-bloed werd een hengst gezocht met weinig of geen Wessel-bloed. Resultaat is een volgende generatie fokdieren die qua bloedvoering van Jochem en Wessel weinig verschillen vertonen. Dat gaat ertoe leiden dat nog een paar generaties verder er geen Jochem-vrije of Wessel-vrije fokdieren meer te vinden zijn. Dus vanaf dat moment wordt inteelt op Jochem en Wessel onvermijdelijk.

Fokdieren met een te hoog contributieniveau gaan uiteindelijk bijdragen aan verlies aan diversiteit en toename van de totale inteelt in de populatie. Het ras heeft twee flessenhals periodes overleefd, maar is er niet helemaal zonder restverschijnselen vanaf gekomen. Iedere paardendierenarts in Nederland kan aandoeningen opnoemen die meer bij Friezen voorkomen dan bij andere rassen. De dierenartsen van Dierenkliniek Wolvega komen tot de volgende lijst:

Aandoeningen en problemen die meer bij het Friese ras voorkomen:

1. Slokdarmverwijding
2. Aortaruptuur
3. Degeneratie kogeldraagapparaat (tussenpees)
4. Dwerggroei
5. Waterhoofd
6. Maagoverlading en maagruptuur
7. Chronisch progressief lymfoedeem
8. Dystocia
9. Coxofemorale afwijkingen zoals heupdysplasie
10. Bilaterale cornea dystrofie
11. Losse Processus extensorius
12. Staart en manen eczeem
13. Verbening hoefkraakbeen
14. Dystichiasis
15. Gevoeligheid voor beenschurft en rasp
16. Aan de nageboorte blijven staan
17. Verminderde afweer tegen wormen
18. Verhoogde kans op complicaties bij herstel van een operatie

Dwerggroei, waterhoofd en dystichiasis zijn terug te voeren op drie bekende gendefecten die zich over de populatie verspreid hebben en via inteelt op een gemeenschappelijke drager tot uiting komen.

Bij slokdarmverwijding bestaat het vermoeden dat het ook om een gendefect gaat, dat onder invloed van milieufactoren (of misschien andere genen) slechts bij een deel van de homozygoot recessieven tot uiting komt. Lijders kunnen op die manier onherkenbaar hun defecte genen aan alle nakomelingen doorgeven. Er zijn aanwijzingen dat dit op grote schaal gebeurd is. Als dit vermoeden bevestigd wordt, zal het heel moeilijk worden om de frequentie van het defect in de populatie op een verantwoorde manier terug te dringen met selectie.

Bij alle andere aandoeningen en problemen op de lijst tasten we nog in het duister waar de hogere gevoeligheid van Friezen precies vandaan komt.

Het kan zijn dat:

1. Er nog meer gendefecten gevonden worden, die ergens in de populatie ontstaan zijn en door inteelt tot uiting komen.
2. De genetische component van de gevoeligheid al in de smalle genetische basis van het ras aanwezig was en een raskenmerk is geworden.
3. Door selectie op andere kenmerken gekoppelde "zwakkere genen" mee zijn vastgelegd in de populatie.

4. Inteelt en de daaraan gekoppelde afname van heterozygotie ertoe leidt dat onderdelen uit de lijst zich meer voordoen.

Genoomselectie

Als je ervoor kiest om de erfelijke basis van gezondheidsproblemen binnen de gesloten populatie aan te pakken, dan staat of valt het succes met het lokaliseren van de minder gunstige genen in de populatie. Dat kan op de nu gangbare manier door heel veel fenotype informatie van individuen en zijn of haar verwanten te combineren tot een schatting van de genetische aanleg per dier. Dat kan ook met genoomselectie. De technische mogelijkheden zijn er om genoominformatie van heel veel individuen te bepalen. Koppel daaraan fenotype informatie van die individuen over welke aandoening, wanneer en onder welke omstandigheden tot expressie is gekomen en je kunt “risicogenen” aanwijzen. Daar liggen mogelijkheden, maar op dit moment schiet de vastlegging van individu-informatie tekort om binnen afzienbare tijd resultaten te kunnen verwachten. Daar waar gezondheidsproblemen het gevolg zijn van inteeltdepressie/gebrek aan heterozygotie zal selectie niet tot het gewenste resultaat leiden.

Stel dat het wel binnen afzienbare tijd lukt om dieren met “risicogenen” aan te wijzen. Door de flessenhals-geschiedenis van het ras is de kans groot dat uitsluiting van dieren met “risicogenen” gaat leiden tot een verdere versmalling van de genetische basis. Resultaat: Een nieuwe genetische flessenhals en een handrem op genetische vooruitgang richting fokdoel.

Moraal van het verhaal is, dat we de huidige gezondheid-status van het Friese ras voorlopig moeten accepteren en genoeg moeten nemen met heel weinig genetische vooruitgang richting fokdoel als we binnen een gesloten populatie blijven fokken. Dat is zeker geen reden om er dan maar vanaf te zien. Genoomselectie biedt mogelijkheden en die moeten aangegrepen worden. Maar we moeten rekening houden met de reële kans dat uit het onderzoek van Marije Steensma de conclusie komt dat er te weinig genetische variatie over is en de selectieruimte op raakt.

Tekort aan selectieruimte

Het is de drijfveer van iedere fokker. Bij jouw merrie die uitblinkt in kenmerk A en B een hengst zoeken die uitblinkt in kenmerk C en D en dan hopen op gunstig gezinde fokkerijgoden en een nakomeling die uitblinkt in A, B, C en D. Statistisch zou het mogelijk moeten zijn om ieder jaar een paar hengsten goed te keuren waarbij dat streven meer dan gelukt is. Hengsten waarbij iedereen het erover eens is dat ze toegevoegde waarde hebben qua bloedvoering en selectiekenmerken. De praktijk is anders. Het gaat om veel selectiekenmerken die aandacht krijgen in het traject tot dekhengst. Veterinaire bevindingen, sperma- en röntgenonderzoek en incorretheiden zorgen al voor een grote schifting. Wat er dan overblijft kan nooit overal in uitblinken. Er zijn bij iedere nieuwe dekhengst kenmerken te vinden die nog maar net acceptabel zijn. Hoe hoger je komt in de fokkerij-pyramide hoe moeilijker het wordt om een hengst te vinden die past qua bloedvoering en in genetische potentie boven het niveau van jouw merrie uitstijgt. Dan kan het idee ontstaan dat meer van hetzelfde fokken het hoogst haalbare is, met altijd het risico op tegenvallers en per saldo dus achteruit fokken. Vanuit die achtergrond is het begrijpelijk dat een aantal topfokkers de behoefte voelt om buiten de gesloten populatie van het Friese ras te gaan kijken.

Meerwaarde van verbreding Friezenfokkerij

Het Friese paard heeft een sterke positie in het spectrum van hippische gebruiksdoelen en die sterke positie is verworven ondanks de handicaps van flessenhalzen en inteelt. De kracht van het Friese paard en het onderscheid met andere rassen zit in het karakter, de statuur en het rastypische (kleur en behang). De doorsnee Fries is een fijn gebruikspaard voor recreatie en sport. Vergeleken met een open sport-gerichte fokkerij van bijvoorbeeld het KWPN is er gemiddeld genomen een begrijpelijke achterstand in de genetische vooruitgang in bewegingskenmerken. Er tekent zich nu een doelgroep af van gebruikers die gaan voor een paard dat ergens tussen het doorsnee sport-gefoekte warmbloedpaard en de Fries in staat. Daar ligt een uitdaging voor fokkers die het beste van twee werelden in een nakomeling willen verenigen. Qua levensduur, vitaliteit en gezondheid heeft de verbrede fokkerij met Friezen, door de sterke inteelt in de zuivere populatie, aanzienlijke meerwaarde ten opzichte van alleen maar zuiver blijven fokken.

De foktechnische wetmatigheden op een rij:

1. Bekende en onbekende gendefecten die slechts bij één van beide ouderrassen voor komen zullen in de F1 niet tot expressie komen.
2. Gezondheidsproblemen die als gevolg van gebrek aan heterozygotie bij zuivere Friezen vaker voor komen, zullen bij de F1 nooit vaker voor komen dan het gemiddelde van de incidentieniveaus van de beide ouderrassen.
3. In open populaties zijn fokdieren te vinden die op het gebied van universele fokdoelkenmerken aanzienlijke voorsprong hebben t.o.v. de zuivere Friezen (denk aan kwaliteit van de basisgangen en sportaanleg bij de top van de warmbloed stamboek geregistreerde dekhengsten). Die voorsprong komt voor een belangrijk deel in de F1 terecht.

De potentiële genetische vooruitgang in de F1 t.o.v. de uitgangs-Fries is dus groot op het gebied van gezondheid, levensduur, functionele bouw, kwaliteit van de basisgangen en sportaanleg. Het wisselgeld is verlies aan rastypisch Friese kenmerken, die vaak homozygoot in het zuivere ras verankerd zijn.

In de praktijk blijkt dat er een groeiende groep bereid is dat wisselgeld te betalen voor de voordelen van de outcross.

Valkuilen bij het fokken met de kruislingen

- Een eigenaar van een Friese merrie die een paar keer tegenvallend gefokt heeft, gaat bij de eigenaar van een zeer aansprekende F1 hengst informeren of hij voor de dekdienst beschikbaar is. Misschien dat wat vreemd bloed een positieve bijdrage kan leveren. De kans is groot dat ook dit tegen gaat vallen. Het is vergelijkbaar met een fokker die een palomino wil fokken en op zoek gaat naar de mooiste palomino hengst om daarmee te dekken. Kenmerken die positief tot expressie komen door heterozygotie zijn per definitie niet fokvast. De F1 staat bol van genetische variatie, maar het is maar de vraag wat daarvan in de volgende generatie terecht komt.
- Het bloed kruipt waar het niet gaan kan. Een fokker wil fokken. De topfokster, die buiten de zuivere Friezenpopulatie iets heel mooi gevonden heeft en haar verbrede Friezenfokkerij bekroond zag met een droom-F1, wil daar vroeg of laat toch mee fokken. Ze heeft kunnen genieten van een prachtige sportloopbaan en ze vindt het tijd voor een veulen. Wat zij het meest mist bij haar F1 merrie is de voorpluk en de sokken. De meest logische keuze is dan een Friese stamboekhengst die bekend staat

als vererfer van veel behang. Het maakt vervolgens niet uit welke stamboekhengst het uiteindelijk wordt. In alle gevallen zal ongeveer 60% van het genenpakket van de hengst afkomstig zijn van voorouders die ook in de stamboom van haar F1 merrie te vinden zijn. Bij de F1 merrie is 30% van haar genen afkomstig van diezelfde gemeenschappelijke voorouders. Waar de F1 nog vrij van inteelt was, levert één keer terugkruisen al meteen een nakomeling met 9% inteelt ($2 \times (1/2 \times 0,6) \times (1/2 \times 0,3)$). Nog een keer terugkruisen geeft 13% inteelt met bijbehorende kans op inteeltproblemen.

De voortgezette F1 paring

Zoals eerder aangegeven zit de F1 vol met genetische variatie. Zolang die variatie in een individu vanuit twee onverwante ouders is samengevoegd is die variatie nog niet beschikbaar voor selectie. Als je F1's onderling gaat paren geeft dat een verplaatsing van genetische variatie binnen individuen naar variatie tussen individuen. Vanaf dat moment komt er genetische variatie in de vorm van fenotypische verschillen tussen dieren tot expressie en ontstaan selectiemogelijkheden. Dat maakt het ook weer zinvol om die verschillen te toetsen aan de Friese rasstandaard en het Friese fokdoel. Veel fenotypische variatie met name op het vlak de rastypische kenmerken gaat ervoor zorgen dat in eerste generaties een aanzienlijk deel onvoldoende scoort op rastype, maar ruim boven het gemiddelde scoort op functionele bouw, beenwerk en gangen. De allelen verantwoordelijk voor de rastypische kenmerken zijn niet verdwenen, maar komen minder tot expressie door heterozygotie. Selectieresponse zal groot zijn en op termijn ontstaat een synthetische nieuwe raspopulatie die steeds sterkere gelijkenis gaat vertonen met de oorspronkelijke zuivere Friezen. Het is niet zo dat met de overgang naar een synthetisch nieuw ras alle Friese gendefecten tot het verleden behoren. Van 100% naar 50% Fries bloed gaat voor een afname in allelfrequentie zorgen, maar het blijft zaak om te blijven lokaliseren en selecteren.

Geen vreemd bloed in het KFPS hoofdboek

De grootste zorg voor iedereen die het Friese ras een warm hart toedraagt is het risico dat vreemd bloed ervoor gaat zorgen dat het ras, zoals we het nu kennen, verloren zal gaan. Als er al een begin van bereidheid is iets met vreemd bloed te doen, leidt dat tot de neiging om de deur op een heel klein kiertje te zetten voor fokdieren met een beetje vreemd bloed. Dat moeten dan dieren zijn die op alle fronten zoveel mogelijk voldoen aan de Friese rasstandaard. Zoals eerder aangegeven zal die werkwijze niet het inteelt probleem oplossen. De hoeveelheid vreemd bloed, die nodig is om vitaliteit en levensduur in de hele populatie aantoonbaar te verbeteren, is zo groot dat daarmee verlies van het ras zoals we dat nu kennen onafwendbaar is. Als uit het nu lopende onderzoek blijkt dat de genetische variatie binnen de zuivere populatie niet toereikend is om verantwoord nog langer door te blijven fokken binnen de gesloten populatie, is dat scenario aan de orde. Ook na afronding van het onderzoek is het niet aannemelijk dat er een eenduidig oordeel komt over de vraag of de genetische variatie toereikend is. Een antwoord op die vraag blijft altijd onderhevig aan afwegingen. Hoeveel jaren gemiddelde levensduur minder is nog wel acceptabel en hoeveel niet meer? Hoeveel uitval rond de geboorte of in de opfokfase is nog acceptabel? Hoeveel genetische vooruitgang in kracht in het achterbeen wil je inleveren om het ras gezonder te maken? Enz.... enz.....

Dat zijn allemaal vragen waar niet iedere fokker dezelfde afweging in zal maken. Die ruimte moeten we elkaar gunnen. Je hoeft niet tegen fokken in een gesloten populatie te zijn om

voor verbrede Friezenfokkerij te zijn en je hoeft niet tegen verbrede Friezenfokkerij te zijn, als je zelf streeft naar genetische vooruitgang in de gesloten Friezenpopulatie. Beide stromingen kunnen elkaar versterken. Daarbij is er geen enkele legitieme reden om het KFPS hoofdboek nu te openen voor vreemd bloed. Als fokkers ervoor kiezen om met een F1 verder te gaan fokken en verbrede Friezenfokkerij uit te bouwen richting nieuw synthetisch Fries ras, dan is een eigen registratie met een eigen fokprogramma en hetzelfde fokdoel als het huidige KFPS-fokdoel de beste basis om het tot een succes te maken. Het Friese ras is gebaat bij eigenwijze fokkers die buiten de gesloten populatie naar passende fokdieren zoeken. Het Friese ras is ook gebaat bij eigenwijze fokkers die trouw blijven aan de zuivere Fries. Het Friese ras is het meest gebaat bij overeenstemming over de vaststelling dat beide keuzes verdedigbaar zijn.

Bijlage:

