

Verleden, heden en toekomst van de hamster *Cricetus cricetus* in Nederland vanuit  
genetisch perspectief



Verleden, Heden en Toekomst van de Hamster *Cricetus cricetus* in  
Nederland vanuit Genetisch Perspectief

H.A.H. Jansman<sup>1</sup>  
A.J.A. van Teeffelen<sup>1</sup>  
K. Neumann<sup>2</sup>  
H.P. Koelewijn<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Alterra – Centrum voor Ecosystemen

<sup>2</sup> Martin-Luther-Universiteit, Halle, Duitsland

Alterra-rapport 861

Alterra, Wageningen, 2003

## REFERAAT

Jansman, H.A.H., A.J.A. van Teeffelen, K. Neumann & H.P. Koelewijn, 2003. *Verleden, Heden en Toekomst van de Hamster *Cricetus cricetus* in Nederland vanuit Genetisch Perspectief*; Wageningen, Alterra, Alterra-rapport 861. 57 blz. 9 fig.; 5 tab.; 25 ref.

Van een potentiële plaagsoort is de hamster *Cricetus cricetus* in Nederland in de laatste decennia tot een sterk bedreigde diersoort geworden. De Minister van Landbouw, Natuurbeheer en Visserij heeft voor de periode 2000-2004 in het Soortbeschermingsplan beleid geformuleerd. Belangrijk voor verantwoord beheer was de genetische status van de hamster. In dit rapport wordt ingegaan op de vragen: hoe is het met de genetische variatie van de Nederlandse populatie gesteld en aan welke omliggende populaties is de Nederlandse populatie het meest verwant. In samenwerking met de Universiteit van Halle (Duitsland) is met behulp van microsatelliet (nucleair DNA) analyse en mitochondriaal DNA analyse deze vraagstelling onderzocht. In vergelijking met grote populaties uit naburige landen blijkt de genetische variatie in de huidige Nederlandse populatie zeer gering. Historisch is deze variatie ook al gering maar niet zo dramatisch als recent. De populatie blijkt het meest verwant aan de Belgische populatie. Op dit moment lijkt de geringe genetische variatie niet tot een ernstige fitness afname te leiden. Het is dan ook verantwoord met de fok en uitzet door te gaan. Wel is het aan te bevelen de genetische variatie te vergroten door hamsters van aangrenzende populaties aan het fokprogramma toe te voegen.

Trefwoorden: *Cricetus cricetus*, genetische verwantschap, Hamster, microsatelliet DNA, mitochondriaal DNA

Foto's: Hugh Jansman/Alterra m.u.v. foto hamster voorpagina: Dick Klees

ISSN 1566-7197

Dit rapport kunt u bestellen door € 19,- over te maken op banknummer 36 70 54 612 ten name van Alterra, Wageningen, onder vermelding van Alterra-rapport 861. Dit bedrag is inclusief BTW en verzendkosten.

© 2003 Alterra

Postbus 47; 6700 AA Wageningen; Nederland

Tel.: (0317) 474700; fax: (0317) 419000; e-mail: [info@alterra.nl](mailto:info@alterra.nl)

Niets uit deze uitgave mag worden veelevoudigd en/of openbaar gemaakt door middel van druk, fotokopie, microfilm of op welke andere wijze ook zonder voorafgaande schriftelijke toestemming van Alterra.

Alterra aanvaardt geen aansprakelijkheid voor eventuele schade voortvloeiend uit het gebruik van de resultaten van dit onderzoek of de toepassing van de adviezen.

## Inhoud

Woord vooraf	7
Samenvatting	9
1 Inleiding	11
1.1 Doelstellingen	11
1.2 IUCN richtlijnen voor herintroducties	12
1.3 Werkwijze	15
1.4 Genetische diversiteit	16
2 Monsterverzameling	19
2.1 Non-invasief verzamelen van DNA monsters	20
3 Moleculaire analyses en resultaten	23
3.1 Mitochondriaal DNA analyse	23
3.2 Microsatelliet analyse	26
4 Discussie	33
4.1 Hoe is het gesteld met de genetische variatie van de Nederlandse hamsterpopulatie?	33
4.2 Welke hamsterpopulaties zijn nauw aan de Nederlandse hamsters verwant?	33
4.3 Is het verantwoord om hamsters met een geringe genetische variatie uit te zetten?	35
5 Conclusies en aanbevelingen	39
6 Dankwoord	41
Literatuur	43
<b><i>Bijlagen</i></b>	
1 IUCN richtlijnen voor Herintroducties	47



## Woord vooraf

De hamster is een kenmerkende soort voor het agrarische landschap in een groot deel van Europa. In West-Europa is de soort echter beperkt tot een smalle zone met löss- en leemgronden die loopt van België, via Nederland naar Duitsland. Eeuwenlang is de soort fel bejaagd en bestreden wegens zijn (vermeende) schade aan landbouwgewassen. De laatste decennia is de soort echter hard achteruit gegaan door een toenemende verstedelijking van het platteland, versnippering van de leefgebieden en de intensivering van de landbouw. In Nederland en België staat de soort inmiddels op de rand van uitsterven.

Het vrijwel totaal verdwijnen van de hamster uit het agrarische landschap heeft in Nederland geleid tot het vangen van de laatste dieren en het opzetten van een fokprogramma. Genetisch onderzoek wees naderhand uit dat de dieren nauw verwant waren en individueel niet van elkaar te onderscheiden. Het genetisch onderzoek aan de Universiteit van Halle en op onderzoeksinstituut Alterra in Wageningen wees verder uit dat in West-Europa weliswaar geen sprake lijkt te zijn van een aparte ondersoort van de hamster, maar wel van een duidelijk genetisch te onderscheiden subpopulatie in Nederland en België.

Aangezien het herstel van de ernstig bedreigde hamsterpopulaties in Nederland en België middels in-situ maatregelen een lange termijn aanpak vereist en nauwelijks via het klassieke natuurbehoud mogelijk is, zijn drastische en onconventionele beschermingsmaatregelen noodzakelijk. Het behoud van de hamster is op de korte termijn het best gewaarborgd met een uitgekiend fokprogramma. De schaarse nog aanwezige populaties zijn totaal van elkaar geïsoleerd en zijn dermate klein dat uitsterven van de populaties, zelfs bij acute beschermingsmaatregelen, onvermijdelijk is. Dat voor een fokprogramma de laatste dieren uit ernstig bedreigde en zeer kleine populaties weggevangen moeten worden, met alle negatieve gevolgen op de lokale populatie, is helaas onvermijdelijk. Langer wachten betekent echter onherroepelijk het verloren gaan van de nog aanwezige populatie en daarmee het definitieve verlies van uniek genetisch materiaal. Voor de overleving van de soort op de lange termijn, is het juist essentieel dat de dieren een zo groot mogelijke genetische diversiteit kennen.

De onderzoeksgegevens in deze rapportage bevestigen nog eens de genetische uniciteit van de West-Europese populaties van de hamster en de noodzaak om de laatste wilde hamsters onder te brengen in een fokprogramma. Alleen het vangen van de laatste dieren en het starten van een fokprogramma kan de hamster nog voor uitsterven behoeden. Op de langere termijn zal in het agrarische landschap een verregaande opwaardering van de natuurwaarden moeten plaatsvinden om de hamster en de bijbehorende flora- en fauna-akker gemeenschappen weer een toekomst te bieden in West-Europa.

Maurice La Haye  
Coördinator Beschermingsplan Hamster





## Samenvatting

De laatste decennia is de hamster *Cricetus cricetus* in Nederland sterk in aantal en verspreidingsgebied achteruit gegaan en wordt de soort in Nederland met uitsterven bedreigd. De Minister van Landbouw, Natuurbeheer en Visserij heeft voor de periode 2000-2004 in het Soortbeschermingsplan beleid geformuleerd dat twee lijnen omvat. De eerste lijn betreft maatregelen om de soort voor Nederland te behouden. Hiertoe zijn enkele van de laatste dieren gevangen voor een fokprogramma. Inmiddels zijn nakomelingen van deze gevangen fokdieren uitgezet in daartoe geschikte gebieden. De tweede lijn richt zich op het veiligstellen van hamsters en hun biotoop in Nederland. Hierbij is het de bedoeling dat een aantal gebieden (kernleefgebieden) 'hamstervriendelijk' worden ingericht en beheerd en dat in enkele daarvan dieren worden uitgezet.

Om de Nederlandse hamsterpopulatie te behouden heeft de Minister toestemming gegeven om de laatste hamsters te vangen en onder te brengen in een fokprogramma. In de afgelopen jaren is met deze groep goed gefokt. Bij enkele van de jongen werden afwijkingen vastgesteld. Daarnaast werd vanuit het fokprogramma melding gemaakt van een mogelijk afgenomen fitness, aangezien de hamsters een lage reproductiviteit vertoonden en in hun tweede levensjaar vrijwel geen jongen produceerden. Vanaf het begin van het fokprogramma werd ernaar gestreefd om de genetische variatie te vergroten door nieuwe hamsters aan het fokprogramma toe te voegen. Vooral de hamsters in België en Nordrhein-Westfalen werden verwacht genetisch het meest verwant te zijn met de Nederlandse populatie. Echter, het is onduidelijk of in de beide buurlanden nog sprake is van duurzame populaties waaruit zonder nadelige effecten individuen weggevangen zouden kunnen worden. Het eventueel toevoegen van 'founders' uit gebieden elders in Europa is alleen verantwoord als blijkt dat zij genetisch niet te ver afstaan van de Nederlandse dieren. Het is dus noodzakelijk om zicht te krijgen op de genetische verwantschap tussen de populaties.

Het Ministerie van LNV Directie Zuid heeft, vanuit het soortbeschermingsplan hamster 2000-2004, Alterra gevraagd een antwoord te geven op de volgende vragen:

1. Hoe is het gesteld met de genetische variatie van de Nederlandse hamsterpopulatie?
2. Welke hamsterpopulaties zijn nauw aan de Nederlandse hamsters verwant en kunnen deze populaties als donor dienen voor het Nederlandse fokprogramma?
3. Is het verantwoord om hamsters met een geringe genetische variatie uit te zetten?

Bij de beantwoording van deze drie vragen is gebruik gemaakt van de meest recente ecologische en genetische informatie betreffende de hamster en de IUCN richtlijnen voor herintroducties.

Om de drie vragen te beantwoorden zijn 236 hamsters uit 5 populaties bemonsterd en onderzocht op mitochondriale DNA en microsatelliet (kern) DNA variatie. Dit DNA onderzoek heeft hoofdzakelijk aan de Universiteit van Halle (Duitsland)

plaatsgevonden. Voor zowel Nederland als België zijn naast recente hamstermonsters ook monsters van museummateriaal genomen om een indruk te krijgen van de oorspronkelijke genetische variatie in zowel Nederland als België. Uit het onderzoek blijkt dat de Nederlandse populatie genetisch sterk verarmd is ten opzichte van een grote referentie populatie als Saxony-Anhalt (Duitsland). Historisch bleek de variatie in Nederland ook al gering te zijn maar nog niet zo dramatisch als de recente status. Voor de Belgische populatie is een vergelijkbare situatie vastgesteld. Ook deze populatie is recent genetisch verarmd als gevolg van te kleine en geïsoleerde populaties. De Belgische populatie is wel het meest verwant aan de Nederlandse populatie. Het is de verwachting dat dat ook geldt voor de aangrenzende hamsterpopulatie in Nordrhein-Westfalen. Helaas konden uit deze deelstaat alleen DNA monsters worden verkregen uit hamstergebieden op meer dan 70 kilometer van de Nederlandse grens. De Nederlandse en Belgische hamsters beschikken over een subset van de aangetroffen genetische variatie in de Duitse populaties. Om de genetische variatie in het fokprogramma te vergroten wordt dan ook aanbevolen hiervoor dieren uit de direct aangrenzende populaties te gebruiken. Aangezien de hamsters niet pas recentelijk door een genetische bottleneck zijn gegaan en mede gezien de goede fokresultaten is het dan ook verantwoord om met de huidige dieren door te fokken en uit te zetten. Het wordt wel aanbevolen bij de fok te streven naar het inbrengen van nieuwe dieren. Daarnaast moet binnen de fok voorkomen worden dat adaptatie aan gevangenschap eenvoudig kan optreden aangezien de overleving van uit te zetten dieren hierdoor kan afnemen.

# 1 Inleiding

De laatste decennia is de hamster *Cricetus cricetus* in Nederland sterk in aantal en verspreidingsgebied achteruit gegaan en wordt de soort in Nederland met uitsterven bedreigd. De Minister van Landbouw, Natuurbeheer en Visserij (LNV) heeft voor de periode 2000-2004 in het Soortbeschermingsplan beleid geformuleerd dat twee lijnen omvat (Ministerie van LNV, 1999). De eerste lijn betreft maatregelen om de soort voor Nederland te behouden. Hiertoe zijn enkele van de laatste dieren gevangen voor een fokprogramma. Het is de bedoeling om de nakomelingen van deze gevangen fokdieren uit te zetten in daartoe geschikt gebieden. De tweede lijn richt zich op het veiligstellen van hamsters en hun biotoop in Nederland. Hierbij is het de bedoeling dat een aantal gebieden (kernleefgebieden) 'hamstervriendelijk' worden ingericht en beheerd en dat in enkele daarvan dieren worden uitgezet. In 2002 is gestart met het uitzetten van een groep hamsters in kernleefgebied 'Sibbe'. In 2003 zijn hier hamsters bijgeplaatst en zijn tevens hamsters uitgezet in het tweede kernleefgebied 'Amby'.

Van de hamster zijn twee ondersoorten beschreven. De Nederlandse hamsters worden geacht te behoren tot de ondersoort *C.c.canescens* (Mitchell-Jones *et al.*, 1999). De verspreiding van deze ondersoort betreft België, Nederland en een klein deel van Duitsland (Nordrhein-Westfalen). De status is in dit gehele gebied bedreigd. In Midden- en Oost-Europa komen hamsters in slechts enkele landen nog in hoge dichtheden voor.

## 1.1 Doelstellingen

Om de Nederlandse hamsterpopulatie te behouden heeft de Minister toestemming gegeven om de laatste hamsters te vangen en onder te brengen in een fokprogramma. In 1999 zijn vijftien hamsters gevangen in Heer, (Limburg) welke zijn ondergebracht bij de Diergaarde Blijdorp en vereniging Das & Boom. In 2001 zijn nog ongeveer 7 belopen hamsterburchten in de akkers rond Heer aangetroffen; voorjaar 2002 betrof het nog slechts 2 burchten en in 2003 zijn tot op heden geen burchten meer waargenomen (bron: Provincie Limburg). Het aantal in het wild levende Nederlandse hamsters lijkt daarmee op een hand te tellen en de 'wilde' populatie is dan ook praktisch uitgestorven.

De 15 gevangen en in het fokprogramma ondergebrachte hamsters hebben in 2000 34 jongen gekregen. In 2001 en 2002 werden respectievelijk 99 en 124 jongen gefokt (de Vries, 2002). Deze stabilisatie op ruim 100 jongen per jaar wordt met name veroorzaakt door capaciteitsbeperkingen in het fokprogramma. Van de totaal 339 jongen die tot en met 2003 in de fok zijn geboren werden bij 15 jongen (4,4%) afwijkingen als wangzak- en penisprolaps, als mede ontbrekende tenen vastgesteld (de Vries, pers. med.). Omdat een genetische basis voor deze afwijkingen niet werd uitgesloten is vanuit het fokprogramma besloten niet met deze dieren verder te

fokken. Daarnaast werd vanuit het fokprogramma melding gemaakt van een mogelijk afgenomen fitness, aangezien de hamsters een lage reproductiviteit vertoonden in hun tweede levensjaar en vrijwel geen jongen meer produceerden. Binnen het fokprogramma werd gewerkt met een stamboek en een daaruit voortvloeiend kruisingsschema. Op basis hiervan werd geconcludeerd dat het in 2002 onvermijdelijk was om verwanten met elkaar te laten paren en dus inteelt te forceren. Vanaf het begin van het fokprogramma werd ernaar gestreefd om de genetische variatie te vergroten door nieuwe hamsters aan het fokprogramma toe te voegen. Deze nieuwe hamsters zouden moeten komen van locaties in Nederland waar nog hamsters voorkomen of met dieren uit andere landen. Het eerste bleek onmogelijk omdat bij herhaalde inventarisaties geen hamsters meer werden aangetroffen op locaties waar ze voorheen leefden (met uitzondering van Heer). Het tweede levert problemen omdat onduidelijk is waar de (genetisch) meest verwante individuen leven. Van de hamsters in België en Nordrhein-Westfalen wordt verwacht dat ze genetisch het meest verwant zijn aan de Nederlandse populatie. Ook is onduidelijk of in de beide buurlanden nog sprake is van duurzame populaties waaruit zonder nadelige effecten individuen weggevangen zouden kunnen worden. Het eventueel toevoegen van founders uit gebieden elders in Europa is alleen verantwoord als blijkt dat zij genetisch niet te ver afstaan van de Nederlandse dieren. Het is dus noodzakelijk de genetische verwantschap tussen de populaties na te gaan.

Aan de Universiteit van Halle (Duitsland) wordt al geruime tijd ecologisch en populatiegenetisch onderzoek verricht aan kleine knaagdieren, waaronder de hamster. In samenwerking met Alterra zijn hier DNA monsters van Nederlandse hamsters aan toegevoegd. Dit resulteerde in een voorlopige conclusie dat de genetische variatie van de Nederlandse hamsters erg gering was (Neumann *et al.*, 2002).

Het Ministerie van LNV Directie Zuid, heeft vanuit het soortbeschermingsplan hamster 2000-2004 Alterra gevraagd een antwoord te geven op de volgende vragen:

1. Hoe is het gesteld met de genetische variatie van de Nederlandse hamsterpopulatie?
2. Welke hamsterpopulaties zijn nauw aan de Nederlandse hamsters verwant en kunnen deze populaties dienen als donor voor het Nederlandse fokprogramma?
3. Is het verantwoord om hamsters met een geringe genetische variatie uit te zetten?

Bij beantwoording van deze vragen is gebruik gemaakt van de meest recente ecologische en genetische informatie betreffende de hamster en daarnaast de IUCN richtlijnen voor herintroducties.

## **1.2 IUCN richtlijnen voor herintroducties**

Binnen de IUCN (International Union for Conservation of Nature and Nature Resources; [www.iucn.com](http://www.iucn.com)) werken veel wetenschappers vrijwillig samen binnen verschillende SSC's (Species Survival Groups), zoals de Re-introduction Specialist Group. Gezamenlijk heeft deze groep van deskundigen richtlijnen voor herintroducties opgesteld. Deze richtlijnen geven een handvat om herintroducties

ecologisch verantwoord uit te voeren. Hierbij dient te worden opgemerkt dat ze geen dwingend karakter hebben, aangezien ook landen die minder kapitaal krachtig zijn er mee moeten kunnen werken. Een land als Nederland zou in staat moeten zijn om deze richtlijnen optimaal toe te passen.

In bijlage 1 is de volledige engelstalige tekst van de richtlijnen opgenomen. Hieronder zijn enkele belangrijke passages vertaald en weergegeven:

Onder herintroductie wordt verstaan: *‘Een poging om een soort te introduceren in een gebied dat eens een onderdeel vormde van zijn verspreidingsgebied, maar waar het uitgeroeid of uitgestorven is’*. Het hoofddoel van elke herintroductie zou moeten zijn het vestigen van een levensvatbare, vrij rondlopende populatie van een soort, ondersoort of ras in het wild, die wereldwijd of lokaal uitgestorven of uitgeroeid is. De populatie zou geherintroduceerd moeten worden in het voormalig habitat en verspreidingsgebied van deze soort, ondersoort of ras. De subdoelen van een herintroductie zouden kunnen omvatten:

- Vergroting van de lange termijn overlevingskansen van een soort.
- Hervestiging van een hoeksteensoort in een ecosysteem.
- Handhaving en/of herstel van de natuurlijke biodiversiteit.
- Verschaffing van lange termijn economische voordelen voor de lokale en/of nationale economie.
- Stimulering van het besef van het belang van natuurbescherming.
- Een combinatie van het bovengenoemde.

Met name voor herintroducties zijn de volgende paragrafen van belang:

**(i) Haalbaarheidsstudie en literatuurstudie**

Een taxonomische inschatting (het wetenschappelijk proces van de classificatie van het leven) zou gemaakt moeten worden van de te herintroduceren exemplaren. De exemplaren zijn bij voorkeur van dezelfde ondersoort of van hetzelfde ras als de uitgeroeide populatie, tenzij hiervan geen adequate aantallen beschikbaar zijn. Een studie naar de historische informatie over het verlies en het lot van de exemplaren uit het herintroductie gebied, zowel als moleculair-genetische studies moeten ondernomen worden wanneer twijfel bestaat over de taxonomische status van de individuen. Een studie naar de genetische variatie binnen en tussen deze populaties en aanverwante taxa kan ook behulpzaam zijn.

**(ii) Beschikbaarheid van geschikte uitzettingsexemplaren**

- Het is wenselijk dat de uitzettingsexemplaren uit natuurlijke populaties komen. Wanneer de uitzettingsexemplaren uit meerdere wilde populaties betrokken kunnen worden, zou de verkozen bronpopulatie in het ideale geval genetisch verwant moeten zijn aan de oorspronkelijke inheemse populatie en overeenkomstige ecologische kenmerken (morfologisch, fysiologisch, wat betreft gedrag en habitatvoorkeur) moeten vertonen aan deze populatie.
- Verwijdering van individuen voor herintroductie mag de bronpopulatie van gevangen of wilde exemplaren niet in gevaar brengen. De uitzettingsexemplaren moeten beschikbaar zijn op een regelmatige en voorspelbare basis. Tevens

moeten de uitzettingsexemplaren voldoen aan de specificaties van het project-protocol.

- Exemplaren zouden alleen verwijderd mogen worden uit een wilde populatie wanneer de effecten van verplaatsing op de donorpopulatie vaststaan en nadat is ingeschat dat deze effecten niet negatief zullen zijn.
- Wanneer gevangen exemplaren of kunstmatig voortgeplante exemplaren gebruikt zullen worden, moeten deze afkomstig zijn uit een populatie die zowel wat betreft demografie als genetica op betrouwbare wijze beheerd is, overeenkomstig de principes van de hedendaagse ‘conservation biology’.
- Herintroductie zou niet uitgevoerd moeten worden louter en alleen omdat gevangen exemplaren beschikbaar zijn, of omdat men zich wil ontdoen van overtollige exemplaren.
- Prospectieve uitzettingsexemplaren, inclusief exemplaren die als gift verkregen zijn tussen twee overheden, moeten onderworpen worden aan grondige veterinaire screening voordat ze vervoerd worden van de oorspronkelijke locatie. Elk exemplaar dat geïnfecteerd blijkt te zijn of positief blijkt te testen op non-endemische of besmettelijke pathogenen met een potentiële impact op populatie niveau, moet verwijderd worden uit zending en de niet-besmette, negatief geteste exemplaren moeten in strikte quarantaine geplaatst worden voor zolang als noodzakelijk is, alvorens opnieuw getest te worden. Wanneer de exemplaren opnieuw negatief testen, kunnen ze vervoerd worden.
- Omdat een infectie met een ernstige ziekte tijdens transport opgedaan kan worden, in het bijzonder wanneer het een intercontinentaal vervoer betreft, moeten de noodzakelijke maatregelen genomen worden om besmettingsrisico's te verminderen.
- De getransporteerde exemplaren moeten aan alle door de inspectiediensten voorgeschreven gezondheidseisen en regulaties van het ontvangende land voldoen en adequate voorzieningen voor quarantaine, indien noodzakelijk, moeten worden genomen.

Deze richtlijnen vormen een goed kader waarbinnen maatregelen gericht op de uitzet van een soort afgewogen en ingevuld kunnen worden. Vanuit de Rodent Specialist Group (‘knaagdier specialisten groep’) van de IUCN is al een verfijning van deze richtlijnen gemaakt, gericht op de hamster (Jordan, 2002). In dit Alterra-rapport wordt ingegaan op de taxonomische status van de hamster met aanbevelingen voor beheer en behoud van de Nederlandse populatie op basis van genetische en ecologische informatie.

### 1.3 Werkwijze

De vragen betreffende de omvang van de genetische variatie in de Nederlandse hamster populatie(s) en de verwantschap met overige Europese hamsterpopulaties is bepaald door van zoveel mogelijk hamsters (levend, dood, balgen) DNA te isoleren en met operationele moleculaire technieken te analyseren. Voor de verwantschapsanalyse is een mitochondriaal DNA analyse gedaan. Mitochondriaal DNA (mtDNA) is conservatief, wat betekent dat het nauwelijks aan veranderingen onderhevig is. Daarnaast erft het alleen via de moeder over. Deze twee eigenschappen maken mtDNA zeer geschikt voor taxonomisch onderzoek. Met behulp van universele primers wordt een stuk DNA geselecteerd en gesequenced, dwz. de base volgorde van dat stuk DNA wordt bepaald. Variatie in de base volgorde wordt dan gebruikt om de verwantschap te bepalen. Dit onderzoek is uitgevoerd aan de Universiteit van Halle (Duitsland) waarbij een steekproef van monsters uit zoveel mogelijk beschikbare hamsterpopulaties is gebruikt. Een tweede toegepaste techniek is microsatelliet analyse. Microsatellieten zijn zeer variabele delen van het DNA in de celkern. Microsatelliet analyse geeft een indruk van de aanwezige genetische variatie binnen populaties. Daarnaast is de microsatelliet variatie in gezonde populaties vaak zo groot dat de dieren individueel te herkennen zijn aan hun unieke DNA fingerprint en daardoor ook te monitoren zijn. Voor microsatelliet analyse is het in het algemeen noodzakelijk om soortspecifieke primers te ontwikkelen. Voor de hamster zijn deze primers aan de universiteit van Halle ontwikkeld. Enkele van deze primers zijn te Alterra operationeel gemaakt. Het merendeel van de monsters, met name die van buiten Nederland en België, is verzameld en geanalyseerd aan de Universiteit van Halle. Voor dit rapport is een selectie van populaties gebruikt die noodzakelijk zijn om de genetische diversiteit van de huidige Nederlandse populatie te kunnen plaatsen.

Om de vragen van LNV gefundeerd te kunnen beantwoorden is het belangrijk om voldoende monsters te verzamelen. Vanwege de bedreigde status van hamsters in voor de vraagstelling belangrijke gebieden (o.a. België en Nordrhein-Westfalen) is een non-invasieve (zonder te hoeven vangen) monitoringstechniek ontwikkeld om van hamsters in het wild monsters voor DNA analyse te kunnen verzamelen. Deze techniek is gebaseerd op het plaatsen van een plastic ring, voorzien van dubbelzijdig tape, in de burchtpijp. Bij het betreden of verlaten van de burcht zullen haren van de hamster aan de tape blijven plakken welke verzameld kunnen worden. Deze methode is nader uitgewerkt in 2.1.

Vanwege het geringe aantal individuen binnen de huidige Nederlandse en Belgische populaties, is ook gebruik gemaakt van opgezette hamsters in musea om DNA te isoleren en analyseren. Bovendien wezen de eerste resultaten op een geringe genetische variatie van de huidige Nederlandse hamsterpopulatie in vergelijking met referentiepopulaties. Daarom heeft een uitgebreide bemonstering van opgezette hamsters in de collectie van Naturalis, het Nationaal Natuurhistorisch Museum te Leiden plaatsgevonden om te achterhalen of deze variatie altijd al aan de lage kant is geweest of dat het iets van de laatste jaren is. Ook zijn in het Natuurhistorisch

Museum te Brussel enkele hamsters bemonsterd uit de daar aanwezige collectie van hamsters.

Op basis van de verkregen resultaten is met mitochondriaal DNA analyse de taxonomische status van de hamster in Europa in kaart gebracht. Daarnaast zijn analyses verricht om inzicht te krijgen in de genetische variatie van de huidige Nederlandse hamsters, de variatie gedurende de afgelopen eeuw en de verschillen met omliggende populaties. Op basis van deze gegevens en aangevuld met literatuurgegevens wordt een visie ontwikkeld op de laatste vraag: Is het verantwoord om hamsters met een geringe genetische variatie uit te zetten?

#### 1.4 Genetische diversiteit

Biodiversiteit wordt vaak op drie niveau's gedefinieerd: op het niveau van ecosystemen en habitats, op soortsniveau en op populatie- en individu niveau (genetische biodiversiteit). Om genetische diversiteit te analyseren zijn verschillende technieken ontwikkeld (Bijlsma, 1995). Cellen bevatten nucleair- en mitochondriaal DNA. DNA bevat de genetische informatie die nodig is om een organisme te maken. DNA is opgebouwd uit vier zogeheten *baseparen* (A,T,G en C) die in verschillende volgorden voorkomen. Het DNA is dan een lange keten van baseparen. Door de volgorde van de baseparen tussen individuen te vergelijken, kan gekeken worden of er variatie is en wat de frequentie van de verschillende varianten binnen een populatie is. Indien stukjes van het DNA worden onderzocht die coderen voor een eiwit (functioneel DNA) spreekt men over een *gen* of genen. Indien de onderzochte stukjes DNA geen functie, of een onbekende functie hebben spreekt men van een *locus* of *merker*. De mate waarin de verschillende onderdelen van het DNA onderhevig zijn aan mutaties en selectie maakt dat er variabele en conservatieve delen in het genoom te vinden zijn. Afhankelijk van de vraagstelling wordt de meest geschikte techniek toegepast waarbij ook rekening moet worden gehouden met de kwaliteit en de kwantiteit van de te verkrijgen DNA monsters.

De twee standaard parameters voor het weergeven van genetische diversiteit zijn de mate van polymorfisme en het percentage heterozygositeit. *Polymorfisme* betekent dat er meerdere varianten of *allelen* (nucleair DNA) of *haplotypen* (mitochondriaal DNA) van een gen of merker aanwezig zijn in een populatie. Indien een individu van de vader een andere allel heeft meegekregen dan van de moeder, is dit individu *heterozygoot* voor dit gen/merker. Indien het twee dezelfde allelen bezit is het *homozygoot*. Hoe groter het aantal verschillende allelen van een gen/merker binnen een populatie, des te groter de genetische variatie van die populatie. Hoe groter het aantal genen waarvoor een individu heterozygoot is, des te groter is de genetische variatie in dat individu. Het belang van genetische diversiteit laat zich het beste verklaren door genen als pakketjes informatie te beschouwen. Bij een grote variatie aan allelen is er dus veel informatie binnen het individu of populatie aanwezig. Deze informatie hoeft niet direct noodzakelijk te zijn voor de huidige overleving maar kan bij veranderende omgevingsfactoren het verschil betekenen tussen overleven en (uit)sterven.



Kleine populaties lopen, als gevolg van een toevallige combinatie van negatieve demografische- en omgevingsfactoren, een groter risico uit te sterven dan grotere populaties. Zo is de kans dat bij sterfte van de helft van de dieren, bijvoorbeeld door een ziekte of slechte weersomstandigheden, de overblijvende helft bestaat uit dieren van hetzelfde geslacht, aanzienlijk groter bij een populatie van 20 dieren dan bij een populatie van 100 individuen. Naast het numerieke aspect spelen ook populatie-genetische processen een belangrijke rol bij het voortbestaan van de populaties (Keller & Waller, 2002). Omdat de genetische variatie per individu niet groot kan zijn en daarmee ook het aanpassingsvermogen aan veranderende milieuomstandigheden beperkt is, wordt het adaptatievermogen van een populatie vooral bepaald door de gezamenlijke genetische variatie van de individuen (Booy, 1998). Binnen grote populaties is er over het algemeen een grotere genetische variatie dan binnen kleine populaties. Een proces dat daarbij een belangrijke rol speelt is de *genetische drift*. Bij het doorgeven van de genetische variatie van de ene generatie naar de volgende kan verlies van variatie optreden. Dit effect zal sterker zijn naarmate de populatie omvang kleiner is. De meest extreme vorm van genetische drift treedt op bij paring tussen verwanten. Organismen beschikken dan ook over verschillende mechanismen om *intelt* te voorkomen. Eén zo'n mechanisme is bijvoorbeeld geslachtsafhankelijke dispersie, waarbij de mannetjes verder wegtrekken dan de vrouwtjes of juist andersom. Bij kleine, geïsoleerde populaties kan aan een belangrijke voorwaarde voor het behoud van genetische variatie, het min of meer willekeurig kiezen van een partner ('random mating'), niet worden voldaan, omdat er daarvoor te weinig potentiële partners zijn. Behalve als gevolg van genetische drift kan de genetische variatie afnemen door selectie, migratie, intelt en *bottlenecks*. Een demografische bottleneck is het proces waarbij een populatie in korte tijd sterk in aantal achteruitgaat. Indien dit een sterke afname van de genetische variatie tot gevolg heeft (als deze bottleneck niet snel door populatiegroei wordt gevolgd) dan spreekt men van een genetische bottleneck.

Afname van de genetische variatie kan leiden tot een verlaagde *fitness*. Onder fitness wordt verstaan het reproductieve succes gedurende het leven van een individu. Hoewel dit niet eenvoudig te analyseren is wordt het vaak gemeten aan de grootte van individuen, fertiliteit, levensverwachting, groeisnelheid en eventueel de metabolische efficiëntie van enkele stoffen.

Voor de vraagstellingen in dit rapport is nog een ander proces van belang: *genetische adaptatie*. Populaties die geïsoleerd raken doordat zij nieuwe gebieden betrekken en/of omdat uitwisseling via dispersie onmogelijk wordt kunnen als gevolg van selectie en genetische drift hun genetische variatie sterk wijzigen. De mate waarin locale adaptatie plaatsheeft is enigszins gerelateerd aan de populatieomvang, de duur van de isolatie en de mate waarin het nieuwe leefmilieu verschilt van het oorspronkelijke. *Locale adaptatie* kan betekenen dat bepaalde genen die voordelig zijn in het nieuwe leefmilieu frequenter voorkomen; minder gunstige genen worden uitgeselecteerd. Daarnaast kan *co-adaptatie* plaatsvinden. Dit betekent dat bepaalde genen elkaars werking kunnen verbeteren indien zij in hetzelfde individu aanwezig zijn en dus tegelijkertijd tot expressie kunnen komen. Indien een lokaal geadapteerde populatie weer in contact wordt gebracht met soortgenoten uit een andere populatie,

hetzij natuurlijk door het opheffen van een migratiebarrière, hetzij kunstmatig door het uitwisselen van individuen, kan dit leiden tot uitbreiding depression. Hiermee wordt bedoeld het opheffen van de locale adaptatie en co-adaptatie wat resulteert in een afnemende fitness. Voor meer informatie betreffende de toepassing van populatiegenetica in het natuurbeheer wordt verwezen naar Frankham *et al.*, 2002.

## 2 Monsterverzameling

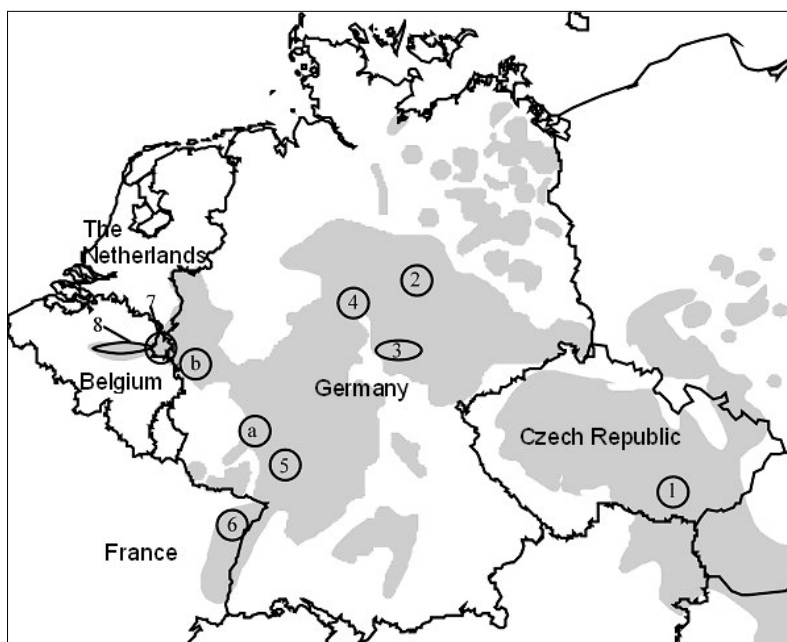
In samenwerking met de Universiteit van Halle zijn circa 350 hamstermonsters vanuit vrijwel het gehele verspreidingsgebied van de soort verzameld. Een selectie van deze monsters is gebruikt voor de mitochondriaal DNA analyse. Voor de microsatelliet analyse in dit rapport is een selectie van 236 monsters gebruikt om de Nederlandse situatie inzichtelijk te maken. Hoewel er meer Nederlandse en Belgische monsters verzameld zijn, was het vanwege geringe DNA kwaliteit en kwantiteit niet altijd mogelijk om alle monsters te analyseren. Herkomst en aantal bemonsterde individuen per populatie zijn weergegeven in figuur 1 en tabel 1. Het is belangrijk om te realiseren dat de monsteraantallen sterk verschillen tussen de populaties. Het is waarschijnlijk dat populaties waarvan slechts een gering aantal DNA monsters verkregen kon worden over meer genetische variatie beschikken dan nu is vastgesteld. Dit zal echter geen doorslaggevende invloed hebben op de eindconclusies.

*Tabel 1 Aantal voor de microsatelliet analyse bemonsterde individuen (N) per populatie, type monster gebruikt voor DNA extractie, tijdsperiode en herkomst van de monsters. D=Duitsland, F=Frankrijk, RP= Rheinland-Pfalz # het weefsel betreft voornamelijk spierweefsel. \* deze monsters zijn op >80 km van de Nederlandse grens verzameld en komen dus niet uit de aangrenzende populaties*

Populatie	N	Type	Periode	Geografische verspreiding
Saxony-Anhalt (D)	95	weefsel#	1994-2000	12 km rondom Harz gebergte: Hakeborn
Nordrhein-Wesfalen en RP (D)	8	weefsel#/haar	1978-1999	* 6 uit regio Keulen, 2 uit Hackenheim (RP: Rheinland-Pfalz)
Elzas (F)	67	weefsel#	1997-2000	Haut-Rhin en Bas-Rhin
Nederland-heden	16	weefsel#/haar	1999-2001	Heer & fokprogramma
Nederland-museum	30	huid uit balg	1926-1980	Zuid- en Midden Limburg
België-heden	14	weefsel#/haar	1999-2002	Vlaanderen
België-museum	6	huid uit balg	1936-1974	m.n. Regio Brabant (Beauvechain & Court St. Etienne)



*Foto 1 Hamsterbalgen in de collectie van Naturalis*



*Figuur 1 Oorspronkelijke verspreidingsgebied van de hamster in West- en Centraal Europa (in het grijs). Met de cirkels zijn de voornaamste bemonsteringslokaties aangegeven: 1 = Zuid Moravie (Brno), 2 = Saxony-Anhalt, 3 = Thüringen, 4 = Lower Saxony (Göttingen), 5 = Baden-Wuerttemberg, 6 = Elzas, 7 = Limburg (Heer), 8 = België, a = Rhineland-Pfalz, b = Nordrhein-Westfalen (Uit: Neumann et al., 2003b).*

## 2.1 Non-invasief verzamelen van DNA monsters

Non-invasieve monitoring maakt onder andere gebruik van DNA monsters die door dieren worden achtergelaten zoals uitwerpselen, veren, afworpstangen en haar (Jansman, 2000). Het voordeel van non-invasieve monitoring is dat de dieren niet hoeven te worden gevangen of anderszins worden verstoord, het nadeel is dat het moeilijker wordt om individuen te onderscheiden. Bij deze studie is onderzocht wat de mogelijkheden zijn om DNA uit uitwerpselen en haren van hamsters te extraheren en te analyseren en hoe deze mogelijke bronnen van DNA verkregen kunnen worden zonder de dieren te verstoren (Van Teeffelen, 2001). Verse uitwerpselen die waren verzameld van hamsters in het fokprogramma bleken geen DNA van voldoende kwaliteit op te leveren om met behulp van microsattelieten te analyseren. Haren vormden echter wel een succesvolle DNA-bron. Vijf haren kunnen genoeg DNA bevatten om de analyse met succes uit te voeren (zie figuur 2). Om haar van hamsters in het wild en in gevangenschap non-invasief te verzamelen zijn verschillende haarvallen ontwikkeld en getest. Deze haarvallen bestaan uit een buis of ring van PVC die aan de binnenkant is bedekt met dubbelzijdige tape (foto 2 en 3). Wanneer de hamster de val passeert blijven een aantal haren in de val achter. Het risico dat meerdere hamsters de val passeren en zo haren van verschillende individuen verzameld worden, wordt verkleind door de solitaire levensstijl van de hamster en zijn sterke territorialiteit. Daarnaast kan dit risico verkleind worden door de vallen regelmatig te controleren. Behalve binnen het fokprogramma zijn non-invasieve haarvallen succesvol toegepast om DNA monsters te verzamelen van hamsters in Heer (NL) en Vlaanderen (BE) (Van Teeffelen, 2001).

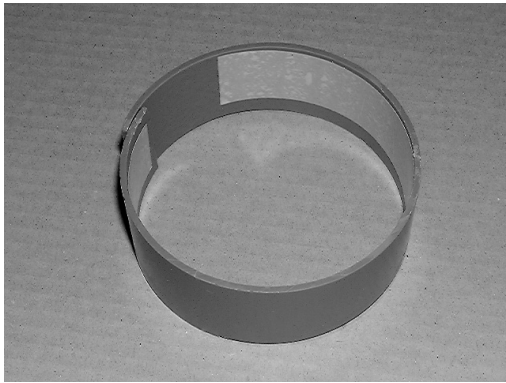
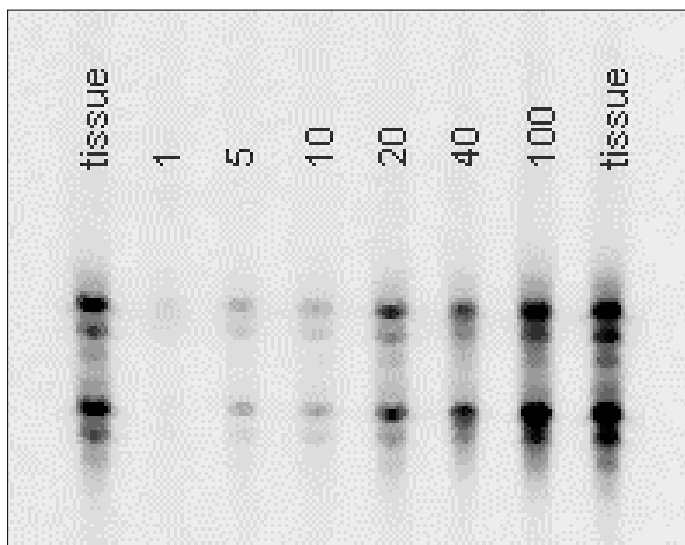


Foto 2 haarval met dubbelzijdige plaktape



Foto 3 haarval geplaatst in burchtingang.



Figuur 2 DNA isolaten van een haarval proef. Tissue = spierweefsel van dezelfde hamster. 1-100: aantal haren van de hamster die zijn geëxtraheerd. Indien 5 of meer haren verzameld kunnen worden, resulteert dit in een DNA profiel wat onderzocht kan worden.



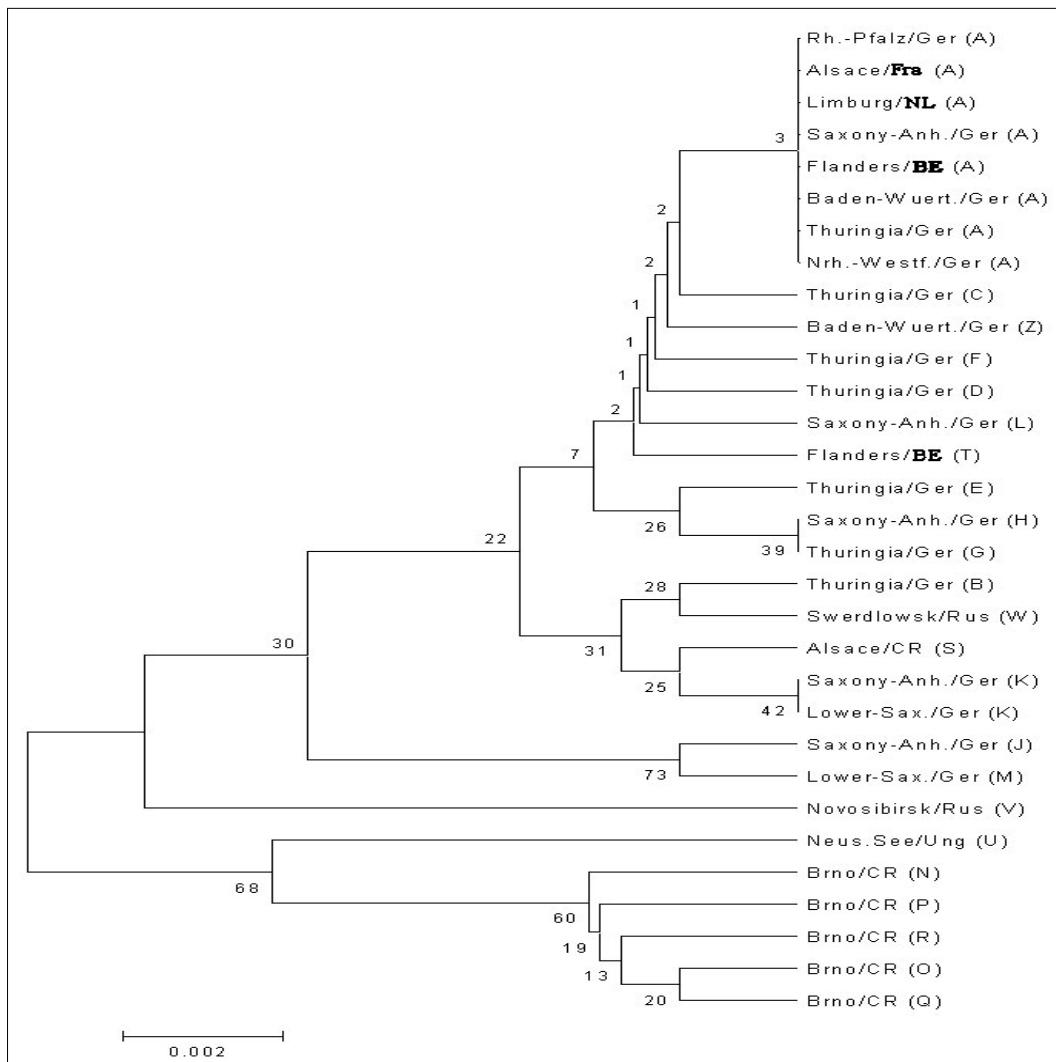
## 3 Moleculaire analyses en resultaten

### 3.1 Mitochondriaal DNA analyse

Bij deze analyse is een 337 basenparen lang onderdeel van de D-loop van het mitochondriaal DNA onderzocht. Naast de voor de microsatelliet analyse geselecteerde populaties zijn voor de mitochondriaal DNA analyse ook monsters uit andere populaties in Duitsland, de populatie in Tsjechië en Hongarije alsmede enkele Russische hamstermonsters onderzocht. Van deze populaties (zie figuur 1) zijn random 10-20 monsters genomen waarvan het mitochondriaal DNA is geanalyseerd. Uitzondering daarop is de populatie uit België waar niet voldoende monsters van voorradig waren of waarvan de kwaliteit en/of kwantiteit onvoldoende was.

De 145 onderzochte monsters resulteerden in 23 verschillende haplotypen of varianten op het geanalyseerde stuk DNA. Een door Neumann uitgevoerde populatiegenetische analyse (UPGMA, Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Averages) resulteerde in een dendrogram of taxonomische boom, welke is weergegeven in figuur 3. De UPGMA analyse is een kansberekening die inschat in welke mate haplotypen aan elkaar verwant zijn

In figuur 3 geven de getallen op de knooppunten de kansen weer: 50 betekent dat in 50% van de gevallen die populaties steeds weer bij elkaar worden gevoegd. Het maatstreepje met 0.002 geeft de genetische afstand aan. Achter elke populatie staat een letter die overeenkomt met een verschillend haplotype. In Nederland (Limburg) is haplotype A aangetroffen, welke ook in Nordrhein-Westfalen, België (Flanders), Rhineland-Pfalz, Elzas, Saxony-Anhalt, Baden-Wuerttemberg en Thüringen is aangetroffen. Dit haplotype is met een frequentie van 56% de meest voorkomende variant onder de onderzochte hamsters (figuur 4). Het merendeel van de populaties wordt vaker vermeld, wat betekent dat er meerdere haplotypen in die populaties zijn aangetroffen. Naast haplotype A is in het beperkte aantal Belgische monsters in een exemplaar een nieuw haplotype aangetroffen: haplotype T. In Nordrhein-Westfalen is alleen haplotype A aangetroffen maar ook hiervan was de steekproef gering. De hamsters uit de Elzas bezitten haplotype A en S. De Tsjechische en Hongaarse hamsters splitsen duidelijk af, staan daarmee op zichzelf en zijn dan ook niet geschikt voor versterking van de Nederlandse populatie. Grofweg zijn er drie taxonomische takken te onderscheiden: de hamsters uit Tsjechië en Hongarije, de hamsters uit Noordwest Europa (Nederland, België, Duitsland en Frankrijk) en daar tussenin de Russische hamsters. Vervolgonderzoek aan de Universiteit van Halle zal hopelijk meer inzicht geven in de postglaciale kolonisatieroute van de hamsters in Europa. Wat betreft deze analyse lijkt het erop dat de Noordwest Europese hamsters allemaal nauw aan elkaar verwant zijn. Er is nog een groot aantal haplotypen aanwezig. De kleinere populaties als Nederland, België, Nordrhein-Westfalen en Elzas bezitten nog maar een gering aantal van die haplotypen en lijken daarmee genetisch armer. Het mitochondriaal DNA onderzoek wordt verder uitgevoerd in Halle. Enkele aanvullende analyses hiervan zijn uitgewerkt in Neumann *et al.*, 2003b.

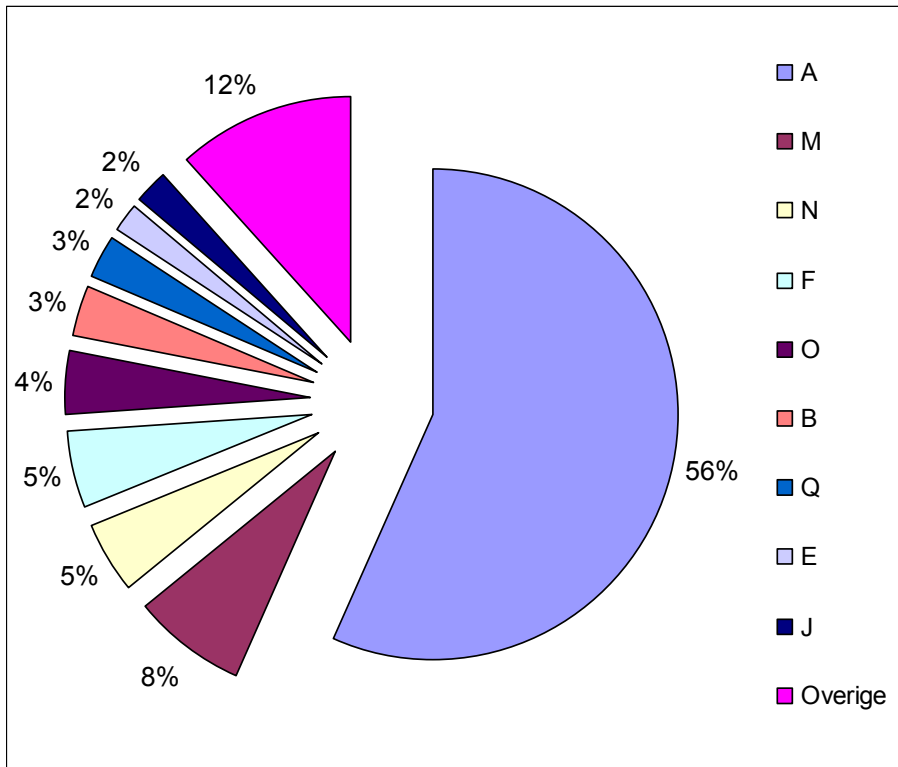


Figuur 3 UPGMA dendrogram van mitochondriaal DNA analyse bij Europese hamsters, gebaseerd op 337 basenparen van de D-Loop. Letters tussen haken betreffen de verschillende haplotypen. De getallen op de assen geven de bootstrapwaarden aan.

Tabel 2 Verklaring van de afkortingen die zijn gebruikt in figuur 3

<b>Naam in Figuur 3</b>	<b>Toelichting</b>
Rh-Pfalz/Ger	Rhineland-Pfalz, Duitsland
Alsace/Fra	Elzas, Frankrijk
Limburg/NL	Nederland-heden (Heer)
Saxony-Anh./Ger	Saxony-Anhalt, Duitsland
Flanders/BL	Vlaanderen, België-heden
Baden-Wuert./Ger	Baden-Wuerttemberg, Duitsland
Thuringia/Ger	Thuringen, Duitsland
Nrh.-Westf./Ger	Nordrhein-Westfalen, Duitsland
Swerdlowsk/Rus	Swerdlowsk, Rusland
Lower-Sax./Ger	Lower Saxony (Göttingen), Duitsland
Novosibirsk/Rus	Novosibirsk, Rusland
Neus.See/Ung	Neusiedler Meer (Hongarije)
Brno/CR	Brno, Tsjechië





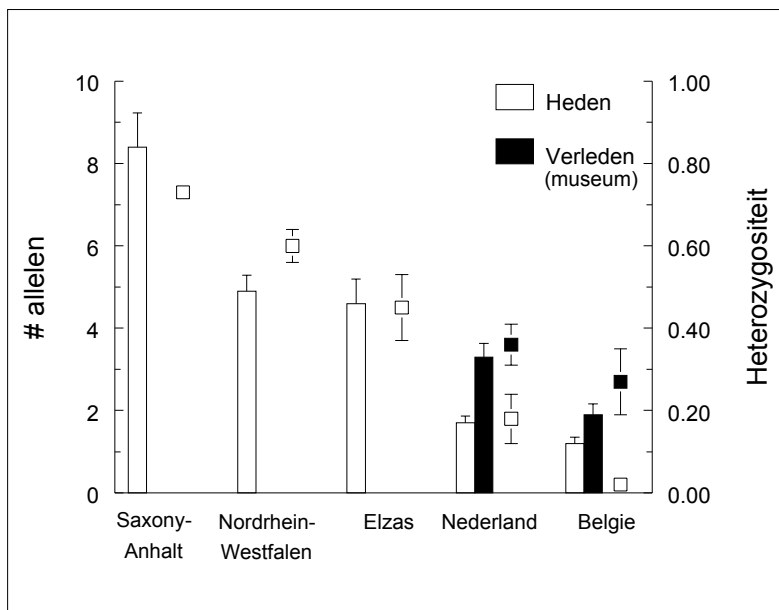
*Figuur 4* Relatieve verdeling van de aangetroffen haplotypen uit figuur 3. Alleen haplotypen die vaker dan 3 maal werden vastgesteld zijn opgenomen.



*Foto 4* Hamster in het fokprogramma. De bloempot fungeert als burcht.

### 3.2 Microsatelliet analyse

Van 236 monsters uit een belangrijk deel van het onderzochte verspreidingsgebied van de hamster is de microsatellietvariatie voor negen merkers bepaald (tabel 1; Neumann & Jansman, 2003a). Om een indruk te krijgen van de genetische variatie is met behulp van het computerprogramma POPGENE (Yeh *et al.*, 1997) het gemiddelde aantal allelen per microsatelliet bepaald en het percentage heterozygoten in de verschillende populaties. Het aantal allelen per microsatelliet is een maat voor het aantal varianten dat voor een gen aanwezig is in de bemonsterde populatie. Het percentage heterozygoten geeft een indruk van het aantal individuen in de bemonsterde populatie dat over twee verschillende varianten van een gen beschikt (tegenover de individuen die voor een gen twee dezelfde varianten bezitten: homozygoten). De resultaten van deze analyse zijn weergegeven in figuur 5.



Figuur 5 Aantal allelen per microsatelliet (staaf diagram) en het percentage heterozygositeit (vierkant symbool) per onderzochte populatie (gemiddelde  $\pm$  1 standaardfout;  $n = 9$  merkers).

Het gemiddelde aantal allelen verschilt sterk tussen de onderzochte populaties. De populatie in Saxony-Anhalt beschikt gemiddeld over acht allelen per microsatelliet merker. Daarentegen worden in de huidige Nederlandse en Belgische populaties gemiddeld minder dan twee varianten aangetroffen. Ook blijkt dat voor beide populaties geldt dat op basis van de museummonsters kan worden geconcludeerd dat deze variatie in het verleden groter is geweest maar ook toen al lager was in vergelijking met een grote populatie als Saxony-Anhalt. Ook de populaties in Nordrhein-Westfalen en Elzas vertonen minder variatie dan Saxony-Anhalt. Gezien het aantal individuen van de populatie in Nordrhein-Westfalen dat is geanalyseerd is het mogelijk dat bij een uitbreiding van de steekproef deze variatie groter zou kunnen zijn dan hier weergegeven. Dit geldt overigens ook voor het monsteraantal van de museum en huidige Belgische hamsters. Hoewel slechts 16 monsters uit de huidige

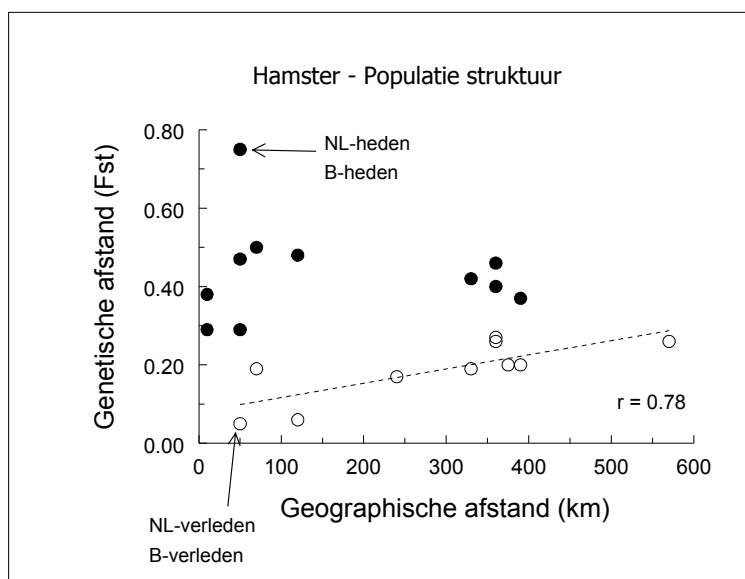
Nederlandse populatie zijn geanalyseerd is het niet waarschijnlijk dat er nog andere allelen in de populatie aanwezig zijn aangezien het merendeel van die populatie (in gevangenschap) nakomelingen zijn van de onderzochte groep.

Figuur 5 laat ook zien dat er een duidelijke relatie is tussen aantal voorkomende allelen en het percentage heterozygoten in een populatie. Hoe ruimer het aanbod aan verschillende varianten van een merker in een populatie, hoe groter de kans dat een individu van elke ouder een verschillende variant (allel) overgeërfd krijgt en dus heterozygoot wordt voor die merker. Uit de figuur blijkt ook dat er de afgelopen decennia een aanzienlijke reductie van de genetische diversiteit heeft plaatsgevonden in zowel Nederland als België. Met name de heterozygositeit is sterk gereduceerd, waarschijnlijk als gevolg van isolatie en het daardoor beperkt aanwezig zijn van partners, waardoor een toename van het aantal homozygote individuen in een populatie kan ontstaan.

Met behulp van het programma FSTAT (Goudet, 1995) is de  $F_{st}$  waarde tussen de verschillende populaties berekend. De  $F_{st}$  is een maat voor de genetische differentiatie tussen verschillende populaties en varieert tussen 0 (de populaties zijn identiek, i.e. de allelfrequenties voor de verschillende allelen zijn hetzelfde) en 1 (maximale differentiatie, i.e. de populaties zijn gefixeerd voor verschillende allelen). De grootte van de  $F_{st}$  wordt sterk beïnvloed door het dispersie vermogen van een soort. Soorten met een gering dispersievermogen hebben vaak hogere  $F_{st}$  waarden omdat er minder makkelijk uitwisseling van genetisch materiaal plaatsvindt in de vorm van migratie. Vaak is het ook zo dat naburige populaties een lagere onderlinge  $F_{st}$  hebben dan populaties die ver verwijderd zijn. De  $F_{st}$  over alle zeven populaties gemeenschappelijk was 0.31: dit duidt op een aanzienlijk populatie differentiatie (Hartl en Clark, 1997; zie ook figuur 6). In figuur 6 en tabel 3 zijn de  $F_{st}$  waarden, als maat voor de genetische afstand, en de geografische afstand tussen de populaties tegen elkaar uitgezet. Indien alle populaties bij de analyse worden betrokken ontstaat een onduidelijke puntenwolk waaruit geen relatie tussen genetische differentiatie en geografische afstand is te herleiden (gesloten en open cirkels tezamen). Worden echter de huidige Nederlandse en Belgische populaties buiten de berekeningen gelaten dan ontstaat een duidelijk verband tussen de beide variabelen (open cirkels). De genetische en geografische afstand zijn sterk gecorreleerd (correlatie coëfficiënt is 0.78). Dit wijst op Isolation By Distance (IBD) en geeft aan dat populaties met toenemende geografische afstand genetisch meer van elkaar gaan verschillen. De huidige Nederlandse en Belgische hamsters verstoren dit patroon volledig omdat ze een beperkte subset vormen van de oorspronkelijke variatie, die bovendien gefixeerd is voor verschillende allelen. Dit soort populaties wijken, hetzij door toevalsprocessen hetzij door inteelt, overal vanaf. Dit blijkt uit het feit dat de hoogste en laagste  $F_{st}$  waarden zijn waargenomen bij Nederlands en Belgisch materiaal: in het eerste geval betrof het de monsters van de huidige populaties, in het andere geval het museum materiaal (tabel 3, figuur 6).

$F_{st}$  berekeningen zijn gebaseerd op allelfrequenties. In het verleden beschikten de Nederlandse en Belgische populaties over meer allelen en waren daarnaast de frequenties evenwichtiger. De huidige populaties zijn op 3 microsatellietmerkers ge-

fixeerd voor verschillende allelen (zie ook figuur 9) wat resulteert in een grote differentiatie ( $F_{st}$ ) tussen de twee populaties.



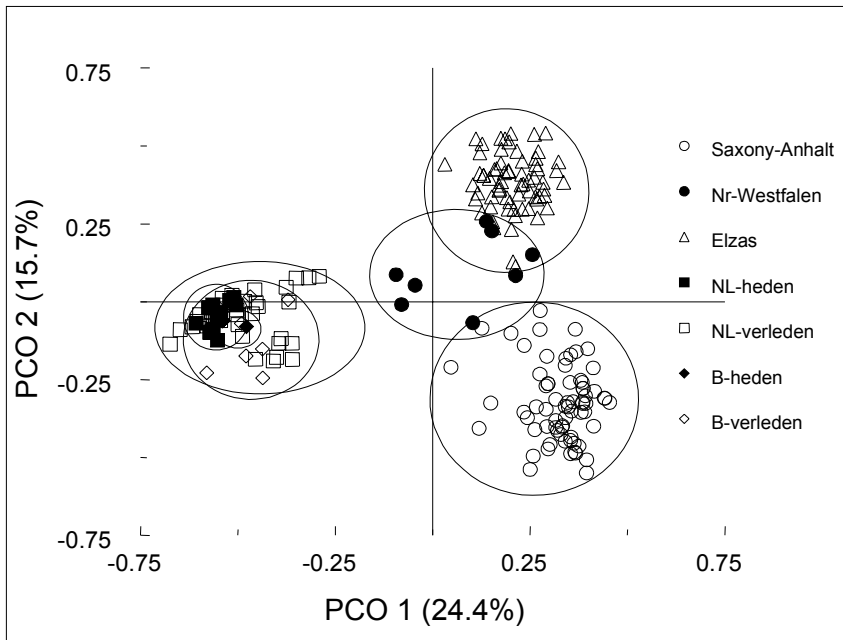
Figuur 6 Genetische differentiatie ( $F_{st}$ ) tussen populaties als functie van de geografische afstand. De open cirkels zijn gebaseerd op de paarsgewijze vergelijking van Saxony-Anhalt, Nordrhein-Westfalen, Elzas en Nederlands en Belgisch museum materiaal. De gesloten cirkels zijn gebaseerd op de vergelijking van de huidige Nederlands en Belgische populaties met bovengenoemde vijf populaties.

Tabel 3 Paarsgewijze vergelijking van genetische differentiatie ( $F_{st}$ , links onder de diagonaal) en geografische afstand (km, rechtsboven diagonaal) van de zeven onderzochte populaties. In vet/bold zijn de  $F_{st}$  waarden van NL-heden versus B-heden en NL-museum versus B-museum weergegeven.

Km	Saxony-Anhalt	Nordrhein-Westfalen	Elzas	Nederland-heden	Nederland-museum	België-heden	België-museum
Saxony-Anhalt	-	240	570	360	360	390	390
NRW	0,17	-	375	70	70	150	150
Elzas	0,28	0,20	-	360	360	330	330
NL-heden	0,40	0,50	0,46	-	10	50	50
NL- museum	0,27	0,19	0,26	0,29	-	50	50
B-heden	0,37	0,48	0,42	<b>0,75</b>	0,19	-	10
B- museum	0,20	0,06	0,19	0,50	<b>0,05</b>	0,38	-

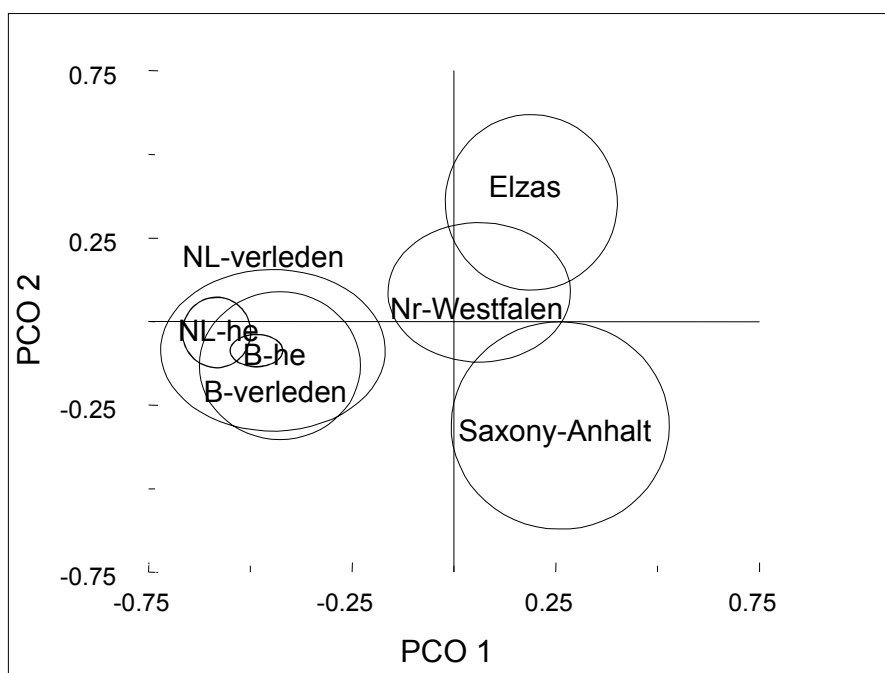
Voor nadere populatiegenetische analyse van de dataset is verondersteld dat alle monsters tot een grote populatie behoren. Binnen deze populatie is structuur gebracht door genetisch verwante dieren te groeperen in clusters. Hiervoor zijn twee methoden gebruikt. Voor de *Principale Coördinaten Analyse* (PCO) is gebruik gemaakt van het programma GENALEX (Peakall & Smouse, 2001). Hierbij wordt eerst de onderlinge genetische afstand tussen alle 236 individuen bepaald en vervolgens is daar met behulp van de PCO structuur in aangebracht. De PCO is een multivariate analyse die probeert de variatie in een dataset zo te combineren en te groeperen dat een inzichtelijker patroon ontstaat. Vaak wordt een PCO analyse grafisch weergegeven door de score van de individuele monsters op de eerste en tweede PCO

as weer te geven. Naast de PCO analyse is op de dataset een Bayesiaanse cluster procedure uitgevoerd. Hiervoor is het programma STRUCTURE (Pritchard *et al.*, 2000) gebruikt. Dit model veronderstelt  $K$  (een onbekend aantal) populaties, welke gekarakteriseerd worden door de allelfrequenties van een set van onafhankelijke merkers. Het resultaat is een onderverdeling van de totale dataset in een optimaal aantal populaties, waarbij vervolgens wordt aangegeven welk percentage van de oorspronkelijke monsters uit een bepaalde populatie tot een bepaald cluster worden toegewezen.



*Figuur 7 Resultaten van een Principale Coördinaten Analyse gebaseerd op de genetische afstand tussen de bemonsterde individuen. Weergegeven zijn de scores op de eerste en de tweede PCO-as, die tezamen 40% van de totale variatie verklaren. De eerste as onderscheidt Nederland en België van de andere populaties, de tweede as brengt structuur aan binnen deze overige populaties. De huidige Nederlandse en Belgische populaties zijn een beperkte subset van hun genetisch historische cluster. De ovalen zijn met de hand om de clusters getekend voor een betere interpretatie.*

De PCO analyse bevestigt het patroon van de Fst analyse: er is sprake van een aanzienlijke populatie differentiatie (Figuren 5 en 8). Saxony-Anhalt, Elzas en Nordrhein-Westfalen verschillen genetisch onderling en gezamenlijk van Nederland en België. Daarnaast blijkt ook waarom het museum materiaal uit Nederland en België zo weinig van elkaar verschilt. Nederland en België weken in het verleden al af van de andere populaties omdat de allelfrequenties duidelijk anders waren. Echter, België en Nederland vielen in het verleden in hetzelfde cluster wat aangeeft dat ze genetisch verwant waren.



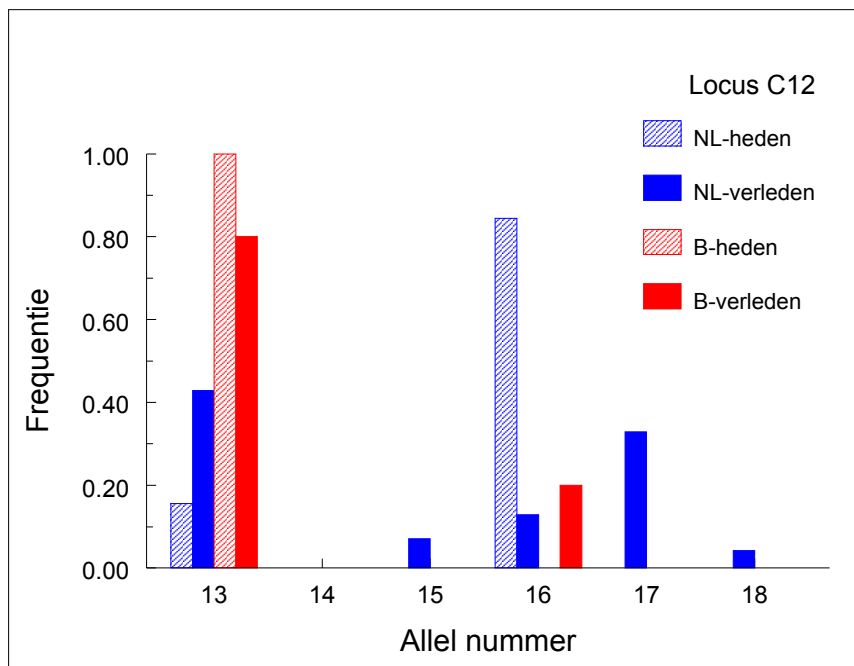
*Figuur 8 Schematische weergave van de omvang van de genetische variatie in de diverse populaties uit figuur 7. De op het oog getrokken ovals omvatten alle waarnemingen van een betreffende populatie. Let op de positie van het de huidige Nederlandse en Belgische populaties.*

*Tabel 4 Cluster analyse van de genetische data. De totale bemonsterde populatie wordt het meest optimaal in 4 clusters onderverdeeld. De getallen geven aan welke percentages (%) van de monsters uit een bepaalde populatie tot een bepaald cluster worden toegewezen. Opvallend is dat Nederland en België niet als onafhankelijke populaties worden onderscheiden (cluster 3).*

Cluster	1	2	3	4
Saxony-Anhalt	<b>0,91</b>	0,07	0,01	0,01
Nordrhein-Westfalen	0,03	<b>0.68</b>	0,15	0,14
Elzas	0	0.02	0	<b>0.98</b>
Nederland heden	0	0	<b>0.99</b>	0
Nederland museum	0	0	<b>0.98</b>	0
België heden	0	0	<b>0.98</b>	0
België museum	0	0	<b>0.99</b>	0

Het programma STRUCTURE verdeelde de totale bemonsterde populatie in 4 clusters (tabel 4). De in de tabel weergegeven getallen geven aan welk percentage van de monsters uit een bepaalde populatie tot een bepaald cluster worden toegewezen. Opvallend is dat vrijwel elke bemonsterde populatie als apart cluster wordt beschouwd. Dit betekent dat de allelfrequenties duidelijk verschillen tussen de populaties. Uitzondering hierop vormt de populatie uit Nordrhein-Westfalen. Deze beperkte monsterset wordt deels als apart cluster gezien (cluster 2; 68%) maar enkele monsters vertonen wat betreft allelfrequentie overlap met andere populaties. Cluster 1 wordt bepaald door de hamsters uit Saxony-Anhalt. Cluster 3 is het cluster waar de Nederlandse en Belgische hamsters (heden en museum) aan worden toegewezen. Het vierde cluster wordt gevormd door de hamsters uit de Elzas. 68% van de monsters van hamsters uit Nordrhein-Westfalen worden toebedeeld tot cluster 2. Echter 15%

en 14% van de monsters van hamsters uit Nordrhein-Westfalen worden toebedeeld tot respectievelijk het Nederlands/Belgische cluster (3) en het Elzas (cluster 4). Een verklaring voor deze bevinding is dat deze populatie geografisch ook tussen alle andere inlicht en mogelijk pas laat hiervan geïsoleerd is geraakt. Deze Structure analyse bevestigt de interpretatie van de PCO analyse: de Nederlandse en Belgische populaties vormen een geheel, de Elzas en Saxony-Anhalt vormen aparte clusters en Nordrhein-Westfalen zit er tussen in. De recente achteruitgang van de Nederlandse en Belgische populaties heeft ertoe geleid dat beiden beperkt zijn tot een kleine groep vrijwel homozygote individuen met nog maar een fractie van hun oorspronkelijke genetische kapitaal. Dit verklaart ook de hoge  $F_{st}$  met de andere populaties (figuur 6). Hoewel Nederland heden en België heden niet ver uit elkaar liggen (figuur 8) hebben ze onderling een hoge  $F_{st}$  door de fixatie op verschillende allelen.



Figuur 9 Frequentie en aantal allelen van Merker C12 binnen het Nederlandse en Belgische materiaal.

Dit wordt bijvoorbeeld duidelijk uit figuur 9 waarin als voorbeeld de allelfrequentie voor de microsatelliet Locus 12 (merker 12) is uitgezet voor de Nederlandse en Belgische populatie. De Belgische hamsters beschikten in het verleden nog over de allelen 13 en 16, terwijl ze recentelijk volledig gefixeerd zijn voor allel 13. De Nederlandse hamsters beschikten de afgelopen eeuw over de allelen 13, 15, 16, 17 en 18. Recentelijk zijn alleen de allelen 13 en 16 geconserveerd gebleven. Echter, de populatie is vrijwel volledig gefixeerd voor allel 16 (83%), wat dus een ander allel is dan waar de Belgische populatie op gefixeerd is. Voor de overige 8 merkers werd een vergelijkbaar beeld vastgesteld (Neumann *et al.*, 2003b).



*Foto 5 Hamsterwijfe gevangen in hamsterkernleefgebied Sibbe*



## 4 Discussie

In de voorgaande hoofdstukken is uitgebreid ingegaan op de verschillende onderdelen van het onderzoek. Dit hoofdstuk zal de resultaten samen nemen om de drie vragen, zoals vermeld in hoofdstuk 1, te kunnen beantwoorden.

### 4.1 Hoe is het gesteld met de genetische variatie van de Nederlandse hamsterpopulatie?

In deze studie is de genetische variatie, gemeten met behulp van mitochondriaal DNA en kern DNA, van de huidige Nederlandse hamsters afgezet tegen het verleden, aan de hand van museummonsters, en daarnaast tegen populaties uit naburige landen. Duidelijk is dat de huidige genetische variatie zeer gering is. Genetisch onderzoek aan het MHC complex ondersteunt deze conclusie (Smulders *et al.*, 2003). De afgelopen eeuw is die variatie wel groter geweest maar in vergelijking met referentiepopulaties als bijvoorbeeld Saxony-Anhalt was deze variatie ook toen al aan de lage kant. Voor deze geringe genetische variatie zijn een aantal verklaringen denkbaar. Ten eerste is weinig bekend over het ontstaan van de Nederlandse populatie. Er wordt gespeculeerd over toevallige vestiging via graantransporten vanuit Oost-Europa. Een zelfstandige uitbreiding van het verspreidingsgebied is echter realistischer en wordt ondersteund door figuur 6 waarin een duidelijke relatie is te vinden tussen genetische afstand en geografische afstand. In beide gevallen zal de genetische variatie echter een steekproef van de grote bronpopulatie vormen, ook wel founder effect genoemd. Door toeval kan de genetische variatie vanaf de vestiging in Nederland dus al aan de geringe kant zijn geweest. Ten tweede spelen populatiegenetische processen in kleine versnipperde populaties een belangrijke rol. Als gevolg van genetische drift en noodgedwongen paring tussen verwanten (inteelt) neemt de genetische variatie af. Dit zal met name in de laatste decennia waarin de populatie sterk versnipperde een grote rol hebben gespeeld. Deze afname heeft zich vertaald in de verschillen tussen de Nederlandse museumpopulatie en de huidige populatie.

De geringe genetische variatie maakt het onmogelijk om hamsters individueel te kunnen onderscheiden (Jansman *et al.*, 2001). Het genetisch monitoren van de populatie met behulp van haarvallen is dan ook niet zinvol.

### 4.2 Welke hamsterpopulaties zijn nauw aan de Nederlandse hamsters verwant?

Voor de hamsterpopulaties in Nederland, België en Nordrhein-Westfalen wordt voornamelijk gesproken van een ondersoort: *Cricetus cricetus canescens* (Mitchell-Jones *et al.*, 1999). Dit zal met name berusten op morfologische kenmerken aangezien er nooit eerder taxonomisch onderzoek aan hamsters is verricht met moleculaire

technieken. In deze studie zijn in Nederland, België en Nordrhein-Westfalen vrijwel geen unieke genetische varianten gevonden maar alleen een selectie van de totale genetische variatie die in West-Europa wordt aangetroffen. Enige uitzondering daarop vormt haplotype T wat bij de mitochondriaal DNA analyse in een Belgische hamster is aangetroffen. De overige hamsters uit de populaties in Nederland, België en Nordrhein-Westfalen bezaten allen haplotype A. Dit haplotype is ook in de meeste Duitse populaties en de Elzas aangetroffen. In de overige Duitse populaties zijn vele andere haplotypen aangetroffen waarvan enkele nauwelijks verschillen van haplotype A en andere die daar, op basis van het type DNA verschillen, wel ver van afstaan. De hamsters uit de Elzas vertonen een tweede haplotype (S) wat ook verschilt met het in Nederland aangetroffen haplotype A.

Taxonomisch gezien zijn de hamsters uit het westelijke deel van het verspreidingsgebied (Duitsland, Nederland, België en Frankrijk) nauw aan elkaar verwant en lijkt er geen sprake te zijn van een ondersoort *C.c.canascens*. Vervolgonderzoek aan de Universiteit van Halle zal hierover in de toekomst waarschijnlijk meer duidelijkheid scheppen. Desondanks zijn er indicaties om voor de uitbreiding van het Nederlandse fokprogramma geen hamsters van buiten de vermeende subpopulatie Nederland-België-Nordrhein-Westfalen te verwerven. Met behulp van de PCO analyse op basis van microsatteliet gegevens is een duidelijke clustering zichtbaar (Figuren 7 en 8). Hierbij vormen Saxony-Anhalt, de Elzas en Nederland-België een duidelijk gescheiden cluster. Nordrhein-Westfalen vormt hierin een overlappend middelpunt, hetgeen op geografische basis ook verwacht mocht worden. Saxony-Anhalt vormt op basis van de mitochondriaal DNA en microsatteliet DNA variatie de basis van de overige populaties in het westelijke deel van het verspreidingsgebied. Nederland, België, Nordrhein-Westfalen en de Elzas beschikken over slechts een fractie van die variatie. Desondanks is de allelfrequentie voldoende verschillend om Nederland-België en de Elzas als clusters te scheiden van de populatie in Saxony-Anhalt. Het feit dat het beperkt aantal verworven en onderzochte monsters uit Nordrhein-Westfalen niet in het cluster Nederland-België valt kan verklaard worden doordat deze monsters op ten minste 80 km van de Nederlands-Belgische populatie zijn verzameld. Indien hamsters in Nordrhein-Westfalen worden bemonsterd die qua leefgebied direct aan Nederland en België grenzen dan is de verwachting dat zij genetisch nauw verwant zullen zijn en in hetzelfde cluster vallen. Uitwisseling van individuen tussen Nordrhein-Westfalen en Nederland in de grensstreek is pas recentelijk vrijwel onmogelijk geworden als gevolg van lokaal uitsterven van grens populaties, met name aan de Nederlandse zijde. Geografisch was het dan ook eerder de vraag in hoeverre de Belgische hamsters nog verwant aan de Nederlandse zouden zijn vanwege de mogelijke barrière die de Maas en het Prins Albert kanaal vormen. Aangezien zij op basis van museum monsters zeer verwant zijn is het niet logisch te veronderstellen dat de hamsters in Nordrhein-Westfalen in de grensstreek minder verwant zullen zijn. Op basis van dit onderzoek wordt ook duidelijk dat de Belgische populatie het meest verwant is aan de Nederlandse populatie. De museum populaties zijn niet van elkaar te onderscheiden. Hoewel het helaas niet mogelijk is gebleken DNA monsters van hamsters in de grensstreek in Nordrhein-Westfalen te verkrijgen is het zeer waarschijnlijk dat ook zij nauw verwant zullen zijn.



Foto 6 Uitvenkooi van  $6 \times 6 \text{ m}^2$ , waarin zwangere wijfjes zijn uitgezet.

#### 4.3 Is het verantwoord om hamsters met een geringe genetische variatie uit te zetten?

Op dit moment is de genetische variatie in het fokprogramma minimaal. Zoals hiervoor vermeld zijn individuen genetisch niet meer te onderscheiden. De kruisings-schema's van het fokprogramma geven aan dat het vanaf 2002 onontkoombaar is om familieleden met elkaar te kruisen (de Vries, 2002). Hierbij is aangenomen dat alle in het veld gevangen dieren voor het fokprogramma niet reeds verwant waren. Er zijn sterke aanwijzingen dat deze aanname niet realistisch is. Enerzijds wijst de geringe omvang van de populatie waaruit de fokdieren zijn onttrokken hierop. Deze was de laatste decennia al zo klein dat 'random mating', het willekeurig kiezen van een partner, niet meer van toepassing was. Paringen tussen verwanten heeft zeer waarschijnlijk dus in het wild al plaatsgevonden. Bij de vangst van de eerste 15 hamsters werd overigens een moeder met waarschijnlijk zes van haar jongen vastgesteld (de Vries, 2002). Anderzijds was de genetische variatie van de Nederlandse populatie in de afgelopen eeuw al geringer in vergelijking met bijvoorbeeld de grote referentiepopulatie uit Saxony-Anhalt. Hieruit kan worden afgeleid dat genetische drift al langer een belangrijke rol speelt, mogelijk doordat 'random mating' niet altijd mogelijk was in de Nederlandse populatie.

Negatieve inteelteffecten, als gevolg van kruisingen tussen nauw verwante dieren, manifesteren zich meestal doordat recessieve allelen, die leiden tot een afwijking, frequenter tot expressie komen. Organismen met een genetische afwijking zijn doorgaans minder levensvatbaar en/of minder reproductief. Door natuurlijke selectie worden deze dieren verwijderd, en dus ook deze afwijkende genen. Populaties die door een acute 'bottleneck' gaan, en daardoor in korte tijd veel van hun genetische variatie verliezen, kunnen sterk te leiden hebben van inteelt. Indien het verlies van genetische variatie langzaam in de tijd plaatsvindt, zijn de effecten vaak minder ernstig doordat veel afwijkende genen geleidelijk worden verwijderd. Omdat de genetische variatie de afgelopen eeuw al gering was is dit laatste te verwachten voor

de Nederlandse hamsterpopulatie. Daarnaast moet bedacht worden dat veel knaagdierensoorten, waaronder de hamster, vanwege hun grote (jaarlijkse) aantalsdynamiek regelmatig door een 'bottleneck' gaan en daar vermoedelijk ook enigszins aan zijn aangepast. In het fokprogramma zijn enkele afwijkingen vastgesteld zoals wangzak- en penisprolapsen. Of deze afwijkingen te wijten zijn aan inteelt is moeilijk aan te tonen. In het veld worden ook incidenteel afwijkingen vastgesteld.

Bij inteelt experimenten aan de Universiteit van Groningen met een andere knaagdiersoort, de Noordse woelmuis *Microtus oeconomus*, zijn ook fitness afnames vastgesteld (van de Zande *et al.*, 2000; van Apeldoorn, 2003). Bij dit experiment werden 80 muizen verdeeld over 2 groepen: een inteelt groep (broer-zus paringen) en een uitteelt groep (random paring tussen niet-verwanten). Na vijf generaties werden grote verschillen aangetroffen tussen de inteelt en uitteelt groep. Voor de ingeteelde groep was het percentage succesvolle paringen afgenomen, de worpgrootte verminderd, de overleving van de jongen afgenomen en ook de groei (gemeten als lichaamsgewicht) was afgenomen. Na afloop van het inteeltexperiment werden de dieren in grote rennen uitgezet en hun overleving gevolgd. De ingeteelde Noordse woelmuizen vertoonden een significant lagere overleving dan hun uitgeteelde soortgenoten. Uit dit experiment komt duidelijk naar voren dat inteelt een lagere fitness tot gevolg kan hebben. Dit proces is waarschijnlijk geleidelijk en kan dan ook moeilijk waarneembaar zijn zonder goede controle groep. Voor de Nederlandse hamsterpopulatie ontbreekt een dergelijke controlegroep. Daarnaast zijn slechts basale gegevens beschikbaar over worpgrootte en groei waartegen de resultaten uit het fokprogramma kunnen worden afgezet. Het is dan ook niet uit te sluiten dat de vanuit het Nederlandse fokprogramma gesuggereerde verminderde voortplantings-efficiëntie daadwerkelijk het geval is. Hierbij moet echter wel bedacht worden dat huisvesting in gevangenschap ook stress kan opleveren en zodoende kan resulteren in afwijkend gedrag en/of een afgenomen reproductiviteit. Op dit moment verdrievoudigd de hamsterpopulatie zich in gevangenschap nog jaarlijks, waarbij dit jaar vanwege capaciteitsbeperkingen de jongenproductie werd beperkt. Hoewel daarbij bij 15 dieren op de 339 jongen een afwijking werd aangetroffen lijkt de groep vooralsnog over voldoende potentie te beschikken om weer uit te kunnen groeien tot een levensvatbare populatie. De eerste bevindingen op basis van uitgezette hamsters in 2002 ondersteunen deze conclusie. De ontwikkeling van jongen in de 6x6 m<sup>2</sup> uitzetrennen, waarin per ren 1 drachtig wijfje is geplaatst, was beduidend beter in vergelijking met hun soortgenoten in gevangenschap. Op een leeftijd van gemiddeld 31 dagen wogen deze hamsters al meer dan jongen in gevangenschap op een leeftijd van gemiddeld 62 dagen (tabel 5; de Vries, 2002). Daarnaast was in veel gevallen het geslachtsorgaan al goed ontwikkeld wat kon worden afgeleid aan de open vulva's en ingedaalde testikels. De worpgrootte, hoewel in de uitwenrennen minder nauwkeurig te bepalen, leek nauwelijks te verschillen tussen gevangenschap (5.04 jong/worp) en in de uitzetrennen (5.0 jong/worp; de Vries, 2002). Middels de monitoring van de uitzet in Sibbe kon vastgesteld worden dat ten minste enkele van de jongen, welke in de zomer in de uitzetrennen zijn geboren, diezelfde zomer zelf hun eerste worp hadden.

Tabel 5 Gewichtsverschillen tussen jonge hamsters geboren in uitzetrennen en jongen geboren in het fokprogramma (de Vries, 2002).

	Gem. leeftijd en range (dagen)	Jaar	Aantal	Gewicht wijfjes (gr)	Gewicht mannetjes (gr)
Veld (uitzetren)	31,3 (27-37)	2002	46	184,5	198,5
Fokprogramma	62,0 (48-90)	2000 2001	43	148,6	182,5

Ingeteelde populaties vertonen soms een significant geringere overleving in het wild. Daarnaast kan bij fok in gevangenschap selectie en adaptatie optreden die voordelig zijn voor gevangenschapomstandigheden, maar leiden tot een verlaagde fitness indien dieren vanuit de fok weer worden uitgezet (Ebenhard, 1995; Frankham *et al.*, 2002). Met name bij dieren met een korte generatieduur zoals de hamster kan dit proces al snel optreden. Het is dan ook belangrijk om binnen het fokprogramma het aantal generaties in gevangenschap beperkt te houden, de omstandigheden zo veel mogelijk op die in het wild te laten lijken en de fokpopulatie niet als een groep te beschouwen maar op te delen in enkele kleine eenheden waartussen uitwisseling plaatsvindt. De bedreigde status van de Nederlandse hamsterpopulatie, welke zich met name in gevangenschap bevindt, maakt het echter niet eenvoudig om dergelijke richtlijnen na te leven. Mogelijk dat de grote uitzetrennen gebruikt kunnen worden als extern fokstation van waaruit (een deel van de) nakomelingen betrokken worden voor het fokprogramma. Hoewel input van 'wilde' dieren in gevangenschappopulaties de adaptatie aan gevangenschapomstandigheden zelden op kunnen heffen, kunnen ze toch een vertraging van dat proces betekenen (Ford, 2002). De eventueel geringere fitness van ingeteelde en uit gevangenschap afkomstige hamsters betekent dat gestreefd moet worden ongunstige omstandigheden in het veld tot een minimum te beperken. Er zijn voldoende voorbeelden van diersoorten, zoals Europese wisent, Przewalskipaard, Arabische oryx en Mauritius torenvalk die laten zien dat ingeteelde populaties onder gunstige omstandigheden weer kunnen uitgroeien tot levensvatbare populaties (Frankham *et al.*, 2002).

Genetische variatie is in het algemeen positief gecorreleerd aan fitness. Gezien de geringe genetische variatie in de Nederlandse populatie is het daarom wenselijk om (genetisch verwante) hamsters met meer genetische variatie aan de populatie toe te voegen. Deze conclusie is al eerder door de Fok- en Begeleidingsgroep getrokken en als advies aan de minister medegedeeld. De resultaten van het genetisch onderzoek bij Alterra en Halle bevestigen deze conclusie. Hierbij passen echter enkele kanttekeningen. Enerzijds bestaat er een risico dat via hamsters uit andere populaties ziekten worden geïntroduceerd, waar onze inheemse hamsters niet (meer) resistent tegen zijn. Anderzijds zijn de Nederlandse hamsters samen met de hamsters uit België en Nordrhein-Westfalen al zo lang geïsoleerd, dat het waarschijnlijk is dat in die periode selectie en lokale adaptatie heeft plaatsgevonden. Het introduceren van hamsters van met name niet nauw verwante populaties kan dan ook leiden tot 'outbreeding depression', het opheffen van de lokale adaptatie wat op zich weer kan resulteren in een afname van de fitness. Het zal in ieder geval leiden tot het verdwijnen van de unieke genetische samenstelling van de Nederlandse populatie en, indien uitwisseling langs natuurlijke weg plaatsvindt, mogelijk op termijn ook tot die

van de subpopulaties in België en Nordrhein-Westfalen. Dit zou strijdig zijn met de IUCN richtlijnen voor herintroducties. Zolang onze inheemse populatie nog voldoende potentie tot voortplanting heeft, iets wat vooralsnog het geval lijkt te zijn, is het inkruisen van dieren uit andere, minder verwante (en verder weg gelegen) populaties pas aan de orde als dieren van elders geen bedreiging vormen voor hun voortbestaan en voor de subpopulaties in België en Nordrhein-Westfalen. Om de genetische variatie van de Nederlandse populatie te vergroten moeten dan ook eerst hamsters uit de populaties van België en de aangrenzende populaties in Nordrhein-Westfalen worden betrokken. Figuur 6 ondersteunt deze aanbeveling. Duidelijk valt hieruit op te maken dat er sprake is van Isolation By Distance, een toename in genetische differentiatie bij toenemende geografische afstand. Aanvullende hamsters moeten dan ook vanuit aangrenzende populaties worden verkregen.

Met ongeveer 10 hamsters uit naburige populaties kan de genetische variatie in de fokgroep aanzienlijk toenemen. Vanwege de bedreigde status van de hamsterpopulaties in in ieder geval België en mogelijk ook Nordrhein-Westfalen is het verkrijgen van ongeveer 10 dieren niet wenselijk dan wel mogelijk. Het effectief inzetten van 3 mannen binnen het fokprogramma is echter ook een methode om met een minimum aan dieren toch de genetische variatie van de Nederlandse hamsters efficiënt te vergroten. Bij voorkeur moeten de dieren uit verschillende subpopulaties betrokken worden aangezien deze waarschijnlijk genetisch al van elkaar verschillen en dus een grotere variatie herbergen. Omdat niet alle dieren in het fokprogramma effectief paren zal dan ook ingezet moeten worden op het leveren van ongeveer 5 mannen.

Vooralsnog is er geen reden om hamsters uit het fokprogramma niet uit te zetten. De hamsters reproduceren redelijk goed tot goed en pathologische afwijkingen treden slechts in beperkte mate op. Hoewel de overlevingskansen van ingeteelde dieren na uitzetten minder kunnen zijn in vergelijking met niet-ingeteelde dieren, is er een goede kans dat er toch een levensvatbare populatie ontstaat, zeker wanneer ernaar wordt gestreefd om de omstandigheden in het uitzetbiotoop optimaal te maken en te houden.

Daarnaast valt te verwachten dat de eerste jaren hamsters vanuit het fokprogramma toegevoegd zullen moeten worden teneinde verliezen te compenseren. Tevens is een goede monitoring van uitzetacties noodzakelijk, gelet op een richtlijn van de IUCN, en van belang omdat dan tijdig kan worden bijgestuurd en gerichter dieren kunnen worden bijgeplaatst. Mochten de uitzetactie(s) onverhoopt toch niet succesvol zijn en indien daardoor de Nederlandse populatie als verloren moet worden beschouwd, dan kunnen altijd nog dieren van verder weg worden geïntroduceerd.

## 5 Conclusies en aanbevelingen

- De genetische variatie van de Nederlandse hamster is zeer gering in vergelijking met gezonde referentiepopulaties (figuur 5).
- Historisch was deze variatie ook al gering, maar de afgelopen decennia is deze verder afgenomen (figuur 5).
- Historisch is de Nederlandse hamster het meest verwant aan de Belgische hamster (figuur 6 en 7).
- Recentelijk is de Nederlandse en Belgische hamsterpopulatie genetisch sterk van elkaar gedifferentieerd als gevolg van te kleine, geïsoleerde populaties waarin genetische drift er toe heeft geleid dat beide populaties voor verschillende genetische varianten (allelen) gefixeerd zijn (figuur 9).
- Hoewel de genetische variatie zeer gering is en er ook sprake is van inteelt (gedefinieerd als paring tussen verwanten) is er nog geen sprake van ernstige inteelt depressie, resulterend in een substantiële fitness afname. Het is dan ook verantwoord met de huidige hamsters door te fokken en uit te zetten.
- Vanwege de zeer geringe genetische variatie in de Nederlandse populatie en vanwege het nu al tot paring tussen verwanten genoodzaakte fokschema is het vanuit het oogpunt van fitness en aanpassingsvermogen aan veranderende milieuomstandigheden noodzakelijk om nieuwe hamsters aan het fokprogramma toe te voegen.
- Gezien de relatie tussen genetische differentiatie en geografische afstand (figuur 6) en daarnaast de duidelijke clustervorming op basis van genetische data (figuur 7) is het noodzakelijk om voor de uitbreiding van het fokprogramma nieuwe hamsters uit naburige populaties te verkrijgen.
- Het verdient aanbeveling om nog DNA monsters van hamsters uit de grensstreek in Nordrhein-Westfalen te verzamelen en te analyseren om vast te stellen of deze hamsters inderdaad genetisch verwant zijn aan de Nederlandse en Belgische dieren.
- Gezien de grote verschillen in genetische differentiatie tussen Nederland heden en België heden ( $F_{st} = 0.75$ ) versus Nederland museum en België museum ( $F_{st} = 0.05$ ; tabel 3) is het van groot belang bij vergelijkbare natuurbeleidsvragen niet blind te varen op  $F_{st}$  waarden van alleen huidige populatiegegevens, maar hierbij ook historisch- en referentiemateriaal te gebruiken.
- Het verdient aanbeveling om binnen het fokprogramma er zorg voor te dragen ziektes te voorkomen en adaptatie aan gevangenschapomstandigheden te beperken.
- De huidige genetische variatie in de Nederlandse hamsterpopulatie is dermate gering dat individuen niet onderscheiden kunnen worden en genetische monitoring vooralsnog onmogelijk is.





## 6 Dankwoord

Bij het fok- en herintroductieprogramma van de hamster zijn vele organisaties en personen betrokken. Een aantal daarvan hebben een belangrijke bijdrage geleverd voor het kunnen uitvoeren van het genetische onderzoek en willen we dan ook speciaal bedanken. Nationaal Natuurhistorisch Museum Leiden (Naturalis), Natuurhistorisch Museum Brussel, Natuurpunt (voorheen De Wielewaal), Das&Boom en Diergaarde Blijdorp willen we speciaal danken voor het verzamelen en/of beschikbaar stellen van hun collectie voor wetenschappelijk onderzoek. Met name de conservatoren van de musea hebben toch enige angst moeten overwinnen uit vrees hun collectie dramatisch vernield te zien worden. Jan Bovenschen en Marie-Claire Boerwinkel leverden fantastisch werk en begeleiding op het laboratorium. Gerard Müskens, Sim Broekhuizen, Paul Voskamp, Loek Kuiters, Dennis Lammertsma, Freek Niewold, Rob van Apeldoorn, Simone de Vries, Sylvia Haffmans, Henk Luten en Willem Schaftenaar leverden een belangrijke bijdrage in de vorm van advies en/of assistentie waardoor dit onderzoek verder kon worden uitgewerkt. Allen hartelijk dank daarvoor! We hopen dat dit onderzoek het behoud van de hamster, nationaal en internationaal, ten goede zal komen.



*Foto 7 Kratten waarin de fok met hamsters wordt uitgevoerd.*



## Literatuur

Bijlsma, R., 1995. Moleculaire genetische technieken en natuurbeheer. De Levende Natuur, 96<sup>e</sup> jaargang, nummer 2.

Booy, G., 1988. Het belang van genetische diversiteit voor de overleving van populaties, literatuurstudie: 1-101. Rapport Centrum voor Plantenveredelings- en Reproductieonderzoek CPRO-DLO, Wageningen.

De Vries, S., 2002. Breeding and reintroduction of the Common Hamster in The Netherlands. In: Mercelis, S., Kayser, A. & G. Verbeylen (eds.)

Ebenhard, T., 1995. Conservation breeding as a tool for saving animal species from extinction. TREE 10(11) p438-443.

Frankham, R., J.D. Balou en D.A. Briscoe, 2002. Introduction to Conservation Genetics. Cambridge University Press

Ford, M.J., 2001. Selection in Captivity during Supportive Breeding May Reduce Fitness in the Wild. Conservation Biology, 16 (3) p815-825.

Goudet, J., 1995. Fstat: a computer program to calculate F-statistics. Journal of Heredity, 86: p485-486.

Hartl, D.L. & A.G. Clark, 1997. Principles of population genetics. 3<sup>rd</sup> edition, Sinauer Associates, Inc., Sunderland.

Jansman, H., 2000. 'Moleculaire Faecologie', een nieuwe onderzoeksmethode. Zoogdier 11 (1): p12-16.

Jansman, H.A.H., P.R.F. Chanin & J.F. Dallas, 2001. Monitoring otter populations by DNA typing of spraints. IUCN Otter Specialist Group Bulletin 18 (1).

Jordan, M., 2002. The pros and cons of captive breeding, translocation, reintroduction and restocking as applied to the Common Hamster (*Cricetus cricetus*). In: Mercelis, S., Kayser, A. & G. Verbeylen (eds.)

Keller L.K. & D.M. Waller, 2002. Inbreeding effects in wild populations. TREE 17(5) p230-241.

Ministerie van Landbouw, Natuurbeheer en Visserij, 1999. Beschermingsplan hamster 2000-2004. Rapport Directie Natuurbeheer nr. 41. IKC-N, Wageningen.

Merceland, S., A. Kayser & G. Verbeylen (eds.), 2002. The hamster (*Cricetus cricetus* L. 1758): ecology, policy and management of the hamster and its biotope. Proceedings of the 10th Meeting of the International Hamsterworkgroup, October 12-14, 2002, Tongeren, Belgium.

Mitchell-Jones, A.J., G. Amori, W. Bogdanowicz, B. Kryštufek, P.J.H. Reijnders, F. Spitzenberger, M. Stubbe, J.B.M. Thissen, V. Vohralík & J. Zima, 1999. The atlas of European mammals. T&AD Poyser Ltd., London.

Neumann, K., A. Kayser, S. Maak, R. van Apeldoorn, H. Jansman & R. Gattermann, 2002. The genetic situation of Dutch common hamsters assessed with microsatellite markers. In: Apeldoorn, R.C. van & M. Stubbe (eds.) 2002: Protection of the Common hamster (*Cricetus cricetus* L., 1758). Publicaties van het Natuurhistorisch Genootschap in Limburg, Reeks XXIII, aflevering 1. Stichting Natuurpublicaties Limburg, Maastricht.

Neumann, K., & H. Jansman, 2003a. Polymorphic microsatellites for the analysis of endangered common hamster populations (*Cricetus cricetus* L.). Conservation Genetics, in press. 2004 5: p. 1-4 (recent bekend geworden)

Neumann, K., H. Jansman, A. Kayser, S. Maak. & R. Gattermann, 2003b. Multiple bottlenecks in threatened western European populations of the common hamster *Cricetus cricetus* (L.). Conservation Genetics, in press.

Peakall, R. & P.E. Smouse, 2001. GenAIEx V5: Genetic Analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. Australian National University, Canberra, Australia. Available from the internet, accessed 23 June 2003. URL: <http://www.anu.edu.au/BoZo/GenAIEx/>

Pritchard, J.K., M. Stephens & P. Donnelly, 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics 155: 945-959. Available from the internet, accessed 23 June 2003. URL: <http://www.stats.ox.ac.uk/~pritch/home.html>

Smulders, M.J.M., L.B. Snoek, G. Booy & B. Vosman, 2003. Complete loss of MHC genetic diversity in the Common Hamster (*Cricetus cricetus*) population in The Netherlands. Consequences for conservation strategies. Conservation Genetics, 4: p441-451.

Teeffelen, A.J.A. van, 2001. Is the Dutch hamster population threatened by its poor genetic diversity? Application of microsatellite analysis to determine genetic diversity of the common hamster (*Cricetus cricetus*). Alterra & Van Hall Instituut afstudeerverslag.

Van Apeldoorn, R.C., 2002. The root vole (*Microtus oeconomus arenicola*) in the Netherlands: threatened and (un)adapted? Lutra 45 (2) p155-166.

Van de Zande, L., R.C. van Apeldoorn, A.F. Blijdenstein, D. de Jonge, W. van Velden & R. Bijlsma, 2000. Microsatellite analysis of population structure and genetic differentiation within and between populations of the root vole, *Microstus oeconomus* in The Netherlands. *Molecular ecology* 9: p. 1651-1656.

Yeh, F.C., R-C. Yang, T.B.J. Boyle, Z-H. Ye & J.X. Mao, 1997. Popgene, the user-friendly shareware for population genetic analysis. Molecular Biology and Biotechnology Centre, University of Alberta, Canada.  
<http://www.ualberta.ca/~fyeh/index.htm> (April 2001)



## **Bijlage 1 IUCN richtlijnen voor Herintroducties**

### **IUCN/SSC Guidelines For Re-Introductions**

*<http://www.iucn.org/themes/ssc/pubs/policy/reinte.htm>*

**Prepared by the SSC Re-introduction Specialist Group \***

**Approved by the 41st Meeting of the IUCN Council, Gland Switzerland, May 1995**

### **INTRODUCTION**

These policy guidelines have been drafted by the Re-introduction Specialist Group of the IUCN's Species Survival Commission (1), in response to the increasing occurrence of re-introduction projects worldwide, and consequently, to the growing need for specific policy guidelines to help ensure that the re-introductions achieve their intended conservation benefit, and do not cause adverse side-effects of greater impact. Although IUCN developed a Position Statement on the Translocation of Living Organisms in 1987, more detailed guidelines were felt to be essential in providing more comprehensive coverage of the various factors involved in re-introduction exercises.

These guidelines are intended to act as a guide for procedures useful to re-introduction programmes and do not represent an inflexible code of conduct. Many of the points are more relevant to re-introductions using captive-bred individuals than to translocations of wild species. Others are especially relevant to globally endangered species with limited numbers of founders. Each re-introduction proposal should be rigorously reviewed on its individual merits. It should be noted that re-introduction is always a very lengthy, complex and expensive process.

Re-introductions or translocations of species for short-term, sporting or commercial purposes - where there is no intention to establish a viable population - are a different issue and beyond the scope of these guidelines. These include fishing and hunting activities.

This document has been written to encompass the full range of plant and animal taxa and is therefore general. It will be regularly revised. Handbooks for re-introducing individual groups of animals and plants will be developed in future.

### **CONTEXT**

The increasing number of re-introductions and translocations led to the establishment of the IUCN/SSC Species Survival Commission's Re-introduction Specialist Group. A priority of the Group has been to update IUCN's 1987 Position Statement on the Translocation of Living Organisms, in consultation with IUCN's other commissions.

It is important that the Guidelines are implemented in the context of IUCN's broader policies pertaining to biodiversity conservation and sustainable management

of natural resources. The philosophy for environmental conservation and management of IUCN and other conservation bodies is stated in key documents such as 'Caring for the Earth' and 'Global Biodiversity Strategy' which cover the broad themes of the need for approaches with community involvement and participation in sustainable natural resource conservation, an overall enhanced quality of human life and the need to conserve and, where necessary, restore ecosystems. With regards to the latter, the re-introduction of a species is one specific instance of restoration where, in general, only this species is missing. Full restoration of an array of plant and animal species has rarely been tried to date.

Restoration of single species of plants and animals is becoming more frequent around the world. Some succeed, many fail. As this form of ecological management is increasingly common, it is a priority for the Species Survival Commission's Re-introduction Specialist Group to develop guidelines so that re-introductions are both justifiable and likely to succeed, and that the conservation world can learn from each initiative, whether successful or not. It is hoped that these Guidelines, based on extensive review of case - histories and wide consultation across a range of disciplines will introduce more rigour into the concepts, design, feasibility and implementation of re-introductions despite the wide diversity of species and conditions involved.

Thus the priority has been to develop guidelines that are of direct, practical assistance to those planning, approving or carrying out re-introductions. The primary audience of these guidelines is, therefore, the practitioners (usually managers or scientists), rather than decision makers in governments. Guidelines directed towards the latter group would inevitably have to go into greater depth on legal and policy issues.

## **1. DEFINITION OF TERMS**

**'Re-introduction'**: an attempt to establish a species<sup>(2)</sup> in an area which was once part of its historical range, but from which it has been extirpated or become extinct <sup>(3)</sup> ('Re-establishment' is a synonym, but implies that the re-introduction has been successful).

**'Translocation'**: deliberate and mediated movement of wild individuals or populations from one part of their range to another.

**'Re-inforcement/Supplementation'**: addition of individuals to an existing population of conspecifics.

**'Conservation/Benign Introductions'**: an attempt to establish a species, for the purpose of conservation, outside its recorded distribution but within an appropriate habitat and eco-geographical area. This is a feasible conservation tool only when there is no remaining area left within a species' historic range.



## **2. AIMS AND OBJECTIVES OF RE-INTRODUCTION**

### **a. Aims:**

The principle aim of any re-introduction should be to establish a viable, free-ranging population in the wild, of a species, subspecies or race, which has become globally or locally extinct, or extirpated, in the wild. It should be re-introduced within the species' former natural habitat and range and should require minimal long-term management.

### **b. Objectives:**

The objectives of a re-introduction may include: to enhance the long-term survival of a species; to re-establish a keystone species (in the ecological or cultural sense) in an ecosystem; to maintain and/or restore natural biodiversity; to provide long-term economic benefits to the local and/or national economy; to promote conservation awareness; or a combination of these.

## **3. MULTIDISCIPLINARY APPROACH**

A re-introduction requires a multidisciplinary approach involving a team of persons drawn from a variety of backgrounds. As well as government personnel, they may include persons from governmental natural resource management agencies; non-governmental organisations; funding bodies; universities; veterinary institutions; zoos (and private animal breeders) and/or botanic gardens, with a full range of suitable expertise. Team leaders should be responsible for coordination between the various bodies and provision should be made for publicity and public education about the project.

## **4. PRE-PROJECT ACTIVITIES**

### **4a. BIOLOGICAL**

#### **(i) Feasibility study and background research**

- An assessment should be made of the taxonomic status of individuals to be re-introduced. They should preferably be of the same subspecies or race as those which were extirpated, unless adequate numbers are not available. An investigation of historical information about the loss and fate of individuals from the re-introduction area, as well as molecular genetic studies, should be undertaken in case of doubt as to individuals' taxonomic status. A study of genetic variation within and between populations of this and related taxa can also be helpful. Special care is needed when the population has long been extinct.
- Detailed studies should be made of the status and biology of wild populations (if they exist) to determine the species' critical needs. For animals, this would include descriptions of habitat preferences, intraspecific variation and adaptations to local ecological conditions, social behaviour, group composition, home range size, shelter and food requirements, foraging and feeding behaviour, predators and diseases. For migratory species, studies should include the potential migratory areas. For plants, it would include biotic and abiotic habitat requirements, dispersal mechanisms, reproductive biology, symbiotic relationships (e.g. with mycorrhizae, pollinators), insect pests and diseases. Overall, a firm knowledge of the natural history of the species in question is crucial to the entire re-introduction scheme.

- The species, if any, that has filled the void created by the loss of the species concerned, should be determined; an understanding of the effect the re-introduced species will have on the ecosystem is important for ascertaining the success of the re-introduced population.
- The build-up of the released population should be modelled under various sets of conditions, in order to specify the optimal number and composition of individuals to be released per year and the numbers of years necessary to promote establishment of a viable population.
- A Population and Habitat Viability Analysis will aid in identifying significant environmental and population variables and assessing their potential interactions, which would guide long-term population management.

**(ii) Previous Re-introductions**

- Thorough research into previous re-introductions of the same or similar species and wide-ranging contacts with persons having relevant expertise should be conducted prior to and while developing re-introduction protocol.

**(iii) Choice of release site and type**

- Site should be within the historic range of the species. For an initial re-inforcement there should be few remnant wild individuals. For a re-introduction, there should be no remnant population to prevent disease spread, social disruption and introduction of alien genes. In some circumstances, a re-introduction or re-inforcement may have to be made into an area which is fenced or otherwise delimited, but it should be within the species' former natural habitat and range.
- A conservation/ benign introduction should be undertaken only as a last resort when no opportunities for re-introduction into the original site or range exist and only when a significant contribution to the conservation of the species will result.
- The re-introduction area should have assured, long-term protection (whether formal or otherwise).

**(iv) Evaluation of re-introduction site**

- Availability of suitable habitat: re-introductions should only take place where the habitat and landscape requirements of the species are satisfied, and likely to be sustained for the foreseeable future. The possibility of natural habitat change since extirpation must be considered. Likewise, a change in the legal/ political or cultural environment since species extirpation needs to be ascertained and evaluated as a possible constraint. The area should have sufficient carrying capacity to sustain growth of the re-introduced population and support a viable (self-sustaining) population in the long run.
- Identification and elimination, or reduction to a sufficient level, of previous causes of decline: could include disease; over-hunting; over-collection; pollution; poisoning; competition with or predation by introduced species; habitat loss; adverse effects of earlier research or management programmes; competition with domestic livestock, which may be seasonal. Where the release site has undergone substantial degradation caused by human activity, a habitat restoration programme should be initiated before the re-introduction is carried out.

**(v) Availability of suitable release stock**

- It is desirable that source animals come from wild populations. If there is a choice of wild populations to supply founder stock for translocation, the source population should ideally be closely related genetically to the original native stock and show similar ecological characteristics (morphology, physiology, behaviour, habitat preference) to the original sub-population.
- Removal of individuals for re-introduction must not endanger the captive stock population or the wild source population. Stock must be guaranteed available on a regular and predictable basis, meeting specifications of the project protocol.
- Individuals should only be removed from a wild population after the effects of translocation on the donor population have been assessed, and after it is guaranteed that these effects will not be negative.
- If captive or artificially propagated stock is to be used, it must be from a population which has been soundly managed both demographically and genetically, according to the principles of contemporary conservation biology.
- Re-introductions should not be carried out merely because captive stocks exist, nor solely as a means of disposing of surplus stock.
- Prospective release stock, including stock that is a gift between governments, must be subjected to a thorough veterinary screening process before shipment from original source. Any animals found to be infected or which test positive for non-endemic or contagious pathogens with a potential impact on population levels, must be removed from the consignment, and the uninfected, negative remainder must be placed in strict quarantine for a suitable period before retest. If clear after retesting, the animals may be placed for shipment.
- Since infection with serious disease can be acquired during shipment, especially if this is intercontinental, great care must be taken to minimize this risk.
- Stock must meet *all* health regulations prescribed by the veterinary authorities of the recipient country and adequate provisions must be made for quarantine if necessary.

**(vi) Release of captive stock**

- Most species of mammal and birds rely heavily on individual experience and learning as juveniles for their survival; they should be given the opportunity to acquire the necessary information to enable survival in the wild, through training in their captive environment; a captive bred individual's probability of survival should approximate that of a wild counterpart.
- Care should be taken to ensure that potentially dangerous captive bred animals (such as large carnivores or primates) are not so confident in the presence of humans that they might be a danger to local inhabitants and/or their livestock.

**4b. SOCIO-ECONOMIC AND LEGAL REQUIREMENTS**

- Re-introductions are generally long-term projects that require the commitment of long-term financial and political support.
- Socio-economic studies should be made to assess impacts, costs and benefits of the re-introduction programme to local human populations.
- A thorough assessment of attitudes of local people to the proposed project is necessary to ensure long term protection of the re-introduced population, especially if the cause of species' decline was due to human factors (e.g. over-

hunting, over-collection, loss or alteration of habitat). The programme should be fully understood, accepted and supported by local communities.

- Where the security of the re-introduced population is at risk from human activities, measures should be taken to minimise these in the re-introduction area. If these measures are inadequate, the re-introduction should be abandoned or alternative release areas sought.
- The policy of the country to re-introductions and to the species concerned should be assessed. This might include checking existing provincial, national and international legislation and regulations, and provision of new measures and required permits as necessary.
- Re-introduction must take place with the full permission and involvement of all relevant government agencies of the recipient or host country. This is particularly important in re-introductions in border areas, or involving more than one state or when a re-introduced population can expand into other states, provinces or territories.
- If the species poses potential risk to life or property, these risks should be minimised and adequate provision made for compensation where necessary; where all other solutions fail, removal or destruction of the released individual should be considered. In the case of migratory/mobile species, provisions should be made for crossing of international/state boundaries.

## **5. PLANNING, PREPARATION AND RELEASE STAGES**

- Approval of relevant government agencies and land owners, and coordination with national and international conservation organizations.
- Construction of a multidisciplinary team with access to expert technical advice for all phases of the programme.
- Identification of short- and long-term success indicators and prediction of programme duration, in context of agreed aims and objectives.
- Securing adequate funding for all programme phases.
- Design of pre- and post- release monitoring programme so that each re-introduction is a carefully designed experiment, with the capability to test methodology with scientifically collected data. Monitoring the health of individuals, as well as the survival, is important; intervention may be necessary if the situation proves unforeseeably favourable.
- Appropriate health and genetic screening of release stock, including stock that is a gift between governments. Health screening of closely related species in the re-introduction area.
- If release stock is wild-caught, care must be taken to ensure that: a) the stock is free from infectious or contagious pathogens and parasites before shipment and b) the stock will not be exposed to vectors of disease agents which may be present at the release site (and absent at the source site) and to which it may have no acquired immunity.
- If vaccination prior to release, against local endemic or epidemic diseases of wild stock or domestic livestock at the release site, is deemed appropriate, this must be carried out during the 'Preparation Stage' so as to allow sufficient time for the development of the required immunity.

- Appropriate veterinary or horticultural measures as required to ensure health of released stock throughout the programme. This is to include adequate quarantine arrangements, especially where founder stock travels far or crosses international boundaries to the release site.
- Development of transport plans for delivery of stock to the country and site of re-introduction, with special emphasis on ways to minimize stress on the individuals during transport.
- Determination of release strategy (acclimatization of release stock to release area; behavioural training - including hunting and feeding; group composition, number, release patterns and techniques; timing).
- Establishment of policies on interventions (see below).
- Development of conservation education for long-term support; professional training of individuals involved in the long-term programme; public relations through the mass media and in local community; involvement where possible of local people in the programme.
- The welfare of animals for release is of paramount concern through all these stages.

## **6. POST-RELEASE ACTIVITIES**

- Post release monitoring is required of all (or sample of) individuals. This most vital aspect may be by direct (e.g. tagging, telemetry) or indirect (e.g. spoor, informants) methods as suitable.
- Demographic, ecological and behavioural studies of released stock must be undertaken.
- Study of processes of long-term adaptation by individuals and the population.
- Collection and investigation of mortalities.
- Interventions (e.g. supplemental feeding; veterinary aid; horticultural aid) when necessary.
- Decisions for revision, rescheduling, or discontinuation of programme where necessary.
- Habitat protection or restoration to continue where necessary.
- Continuing public relations activities, including education and mass media coverage.
- Evaluation of cost-effectiveness and success of re-introduction techniques.
- Regular publications in scientific and popular literature.

## Footnotes:

- 
- <sup>1</sup> Guidelines for determining procedures for disposal of species confiscated in trade are being developed separately by IUCN.
  - <sup>2</sup> The taxonomic unit referred to throughout the document is species; it may be a lower taxonomic unit (e.g. subspecies or race) as long as it can be unambiguously defined.
  - <sup>3</sup> A taxon is extinct when there is no reasonable doubt that the last individual has died

---

The IUCN/SSC Re-introduction Specialist Group (RSG) is a disciplinary group (as opposed to most SSC Specialist Groups which deal with single taxonomic groups), covering a wide range of plant and animal species. The RSG has an extensive international network, a re-introduction projects database and re-introduction library. The RSG publishes a bi-annual newsletter RE-INTRODUCTION NEWS.

If you are a re-introduction practitioner or interested in re-introductions please contact:

Mr. Pritpal S.Soorae Senior Conservation Officer IUCN/SSC Re-introduction Specialist Group (RSG) Environmental Research & Wildlife Development Agency (ERWDA) P.O. Box 45553 Abu Dhabi United Arab Emirates (UAE)

Tel: (D/L) 971-2-693-4650 or general line: 693-4628 Fax: 971-2-681-7361 E-mail: [PSoorae@erwda.gov.ae](mailto:PSoorae@erwda.gov.ae)