

# Meer jongen bij de Korenwolf dankzij actief genetisch herstel



Maurice La Haye,  
Hans Peter Koelewijn,  
Henk Siepel,  
Nico Verwimp  
& Jack Windig

Nestje jonge hamsters  
(foto: J. Klein Hofmeier).

De Hamster of Korenwolf (*Cricetus cricetus canescens*) is voor Nederland behouden gebleven door het opzetten van een fokprogramma in 1999. Door het kleine aantal Hamsters waarmee de fok is gestart, waren er vanaf de start zorgen over mogelijke genetische problemen in de fokpopulatie. Herintroductie van Hamsters in het wild zou daardoor veel lastiger kunnen worden. In 2003 en 2004 zijn daadwerkelijk drie onverwante Hamsters, allen mannetjes, afkomstig uit België en Duitsland aan het Nederlandse fokprogramma toegevoegd. Dankzij genetische monitoring is bekend of dit een positief effect heeft gehad op de Hamster in Nederland.

Bedreigde plant- en diersoorten hebben vaak kleine en geïsoleerde populaties. Kleine en geïsoleerde populaties hebben doorgaans een lagere genetische diversiteit dan grote populaties, onder andere door processen zoals inteelt, genetische drift en beperkte dispersie (Honnay & Jacquemin, 2010; Vergeer & Ouborg, 2011; zie kader 1 voor definities). Het is juist de genetische diversiteit die voor een groot deel bepaalt of een soort zich kan aanpassen aan nieuwe omstandigheden of een ander leefmilieu. Zo kan het voorkomen dat, door een verlaagde genetische diversiteit, het herstelvermogen van een bedreigde (kleine) populatie sterk is afgenomen, met

Dit wilde Duitse hamstermanneltje uit Neuss bleek gunstige genen te hebben  
(foto: G. Müskens).



als gevolg dat zelfs na habitatherstel de populatie niet zal toenemen of alsnog kan uitsterven. Een voorbeeld daarvan is het onderzoek aan de Blauwe knoop (*Succisa pratensis*) van Vergeer & Ouborg (2011). Een gangbare beschermingsmaatregel om zowel de populatie te vergroten als de genetische variatie te verhogen is (her)introductie; bijvoorbeeld door zaaigoed uit andere terreinen te halen of dieren uit andere populaties uit te zetten. De uitkomst van zulke beschermingsacties is echter onvoorspelbaar en kan zelfs leiden tot nieuwe problemen (Vergeer & Ouborg, 2005). Bijvoorbeeld door het risico op slechte aanpassing van nieuwe individuen waardoor deze nieuw ingebrachte individuen het slechter doen dan de oorspronkelijke populatie of door uitteeltdepressie waardoor na kruising nog meer 'kneusjes' ontstaan (Bijlsma et al., 2011). Alhoewel de theoretische consequenties van het inbrengen van nieuw genetisch materiaal bekend zijn, is er nog weinig (experimenteel)

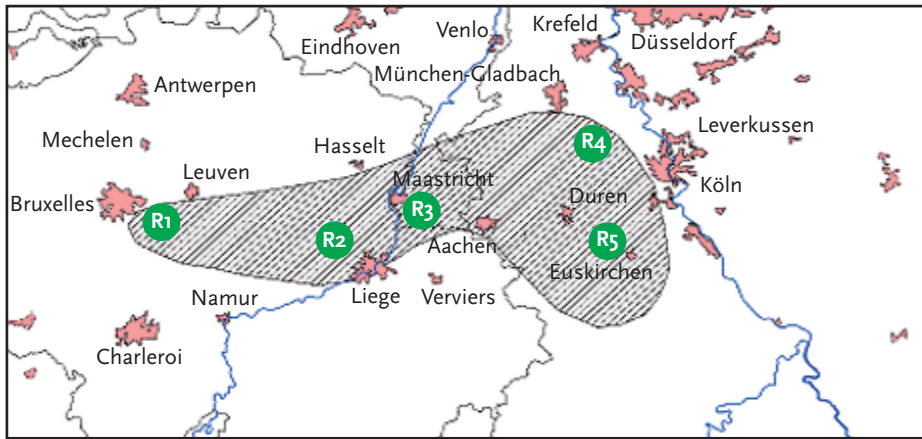
onderzoek gedaan met wilde dierpapalaties of wilde individuen. Door de zeldzaamheid of de bedreigde status van de betreffende diersoorten en het meestal lage aantal beschikbare individuen, worden individuen en populaties vaak strikt beschermd en wordt monitoring en onderzoek tot een minimum beperkt. Erg jammer, want daardoor missen we de mogelijkheid om essentiële kennis op te doen van de voor- en nadelen van actief genetisch herstel of van andere herstel- en/of beschermingsmaatregelen (Koelewijn & Kuiters, 2011). Het Nederlandse fokprogramma van de Hamster of Korenwolf bood de afgelopen jaren echter een unieke mogelijkheid om meer inzicht te krijgen in het proces van introductie van nieuwe individuen met als doel 'genetisch herstel' van een ernstig bedreigde wilde diersoort (La Haye et al., 2012a).

## Hamsterpopulaties in de verdrinking

De Hamster is in Europa ernstig bedreigd en staat in veel landen prominent op de Rode Lijst. Onderzoek heeft uitgewezen dat hamsterpopulaties tussen en zelfs binnen verschillende Europese landen genetisch sterk verschillen (Neumann et al., 2005; Banaszek et al., 2012). Voor het genetisch versterken van kleine geïsoleerde populaties zal dan ook eerst naar de dichtstbijzijnde buurpopulaties gekeken moeten worden, met zoveel mogelijk overeenkomende leefomstandigheden om risico's op slechte aanpassing en uitteeltdepressie zo beperkt mogelijk te houden.

### Kader 1. Genetische termen

Genetische drift is de willekeurige fluctuatie in de samenstelling van genen (allelen) van de ene generatie naar de volgende. Het is een toevalsproces wat kan zorgen voor verandering in genetische samenstelling van een populatie. Inteelt is kruising (voortplanting) tussen verwanten. Uiteeltdepressie is een afname in overleving en voortplantingssucces (fitness) als gevolg van inteelt. Uiteelt is kruising tussen niet-verwante individuen. Wanneer individuen die zijn aangepast aan hun lokale omgeving kruisen met niet-lokale individuen dan kan, door het mixen van genen, de lokale aanpassing verloren gaan. Nakomelingen kunnen hierdoor de lokale aanpassing verliezen, waardoor ze uiteindelijk minder goed presteren dan hun voorouders. Dit proces wordt ook wel uitteeltdepressie genoemd. Genetisch herstel is de introductie van nieuwe individuen in een populatie om de negatieve effecten van genetische verarming en inteelt tegen te gaan, zonder dat dit leidt tot uitteeltdepressie.



**Fig. 1.** Het voormalige grensoverschrijdende verspreidingsgebied van de Hamster in België, Nederland en aangrenzend Noordrijn-Westfalen is grijs gearceerd. De laatste populaties zijn aangeduid met een stip, R1=Bertem-Leefdaal, R2=Tongeren-Widooye, R3=Nederland, R4=Rommerskirchen-Neuss, R5=Zülpich.

Voor Nederland zijn dat de (inmiddels voormalige) hamsterpopulaties in België en Noordrijn-Westfalen (Duitsland) (fig. 1). In deze regio was vroeger sprake van één aaneengesloten populatie, maar inmiddels is de ooit grensoverschrijdende populatie in deze regio gereduceerd tot slechts vijf lokale relictten (La Haye et al., 2012b). In België is het actuele (voort)bestaan van de relictpopulatie in Bertem-Leefdaal en Tongeren-Widooye echter erg onzeker en mogelijk zijn de populaties inmiddels uitgestorven. De laatste Nederlandse relict-populatie is in 2002 ter ziele gegaan, maar heeft tot 2010 voortbestaan als aparte foklijn in het Nederlandse fokprogramma. In Noordrijn-Westfalen is de relictpopulatie van Rommerskirchen vermoedelijk in 2010 uitgestorven en is de relictpopulatie in Zülpich met een actuele omvang van enkele tientallen dieren de laatst bekende wilde populatie in de regio. Een vergelijking van de aanwezige genetische variatie in de relictten in Nederland, België en Noordrijn-Westfalen met de oorspronkelijke grensoverschrijdende populatie in deze regio

toonde een sterke achteruitgang in genetische variatie aan. De huidige relictten zijn genetisch sterk verarmd en uniek van samenstelling (Jansman & Smulders, 2005; La Haye et al., 2012b). De genetische verarming is een signaal dat er mogelijk genetische problemen zijn in de relict-populaties. Herintroductie van Hamsters uit het Nederlandse fokprogramma zou dan zinloos zijn, vanwege minder 'fit' bronmateriaal waardoor het herintroductiesucces laag zou zijn of succes zelfs geheel uitblijven. Vanaf de start van de actieve hamsterbescherming in Nederland is er daarom voor gepleit om Hamsters uit Nederland, België



**boven:** Hamster-vrouwtje in fokbak

Fokhamsters leven solitair en hebben een eigen ruime bak tot hun beschikking (foto's: M. La Haye).

en Noordrijn-Westfalen veilig te stellen in het Nederlands fokprogramma, voordat populaties zouden uitsterven (Jansman & Smulders, 2005). Het doel daarbij was deze – na een succesvol fokprogramma – weer uit te zetten. In 2003 en 2004 zijn daadwerkelijk drie onverwante Hamsters, allen mannetjes, afkomstig uit België (populatie van Bertem-Leefdaal) en Duitsland (populatie van Rommerskirchen-Neuss) aan de Nederlandse fokpopulatie toegevoegd. Het toevoegen van deze extra Hamsters in de kweekpopulatie is enigszins te vergelijken met natuurlijke migratie: een voorval waarbij nieuwe individuen zich succesvol vestigen in een nieuwe populatie en gaan deelnemen aan de voortplanting. Het (gedeeltelijke) herstel van de genetische variatie als gevolg van deze nieuwkomers is een klassiek voorbeeld van 'genetisch herstel'.

De daarmee samenhangende gehoopte verhoging van de 'fitness' (Bijlsma et al., 2011) is vervolgens gemonitord in het fokprogramma (kader 2). Als maat voor de 'fitness' hebben we gekeken naar het verschil in gemiddelde worp-grootte tussen foklijnen met meer genetische variatie en lage inteelt (mixed foklijnen, Belgisch-Nederlands en Duits-Nederlands) en foklijnen met minder genetische variatie en hoge inteelt (100% Nederlandse Hamsters). We hebben worp-grootte gebruikt als maat voor de fitness, omdat worpgrootte een belangrijke populatie-ecologische parameter is, die van grote invloed is op het voortbestaan van een populatie Hamsters en gemakkelijk te meten is in gevangenschap (Kuiters et al., 2010).

### Resultaten fokprogramma 2000-2008

De eerste jaren van de fok (2000 t/m 2003) waren alleen nog NL-lijn Hamsters (kader 2; tabel 1) aanwezig en deze Hamsters hadden een gemiddelde worpgrootte van  $5,3 \pm 2,0$  (SD) (tabel 2). De eerste kruisingen van wilde Belgische mannen met Nederlandse vrouwtjes leverde gemiddeld een iets lagere, maar niet significant afwijkende, worpgrootte op van  $4,4 \pm 1,9$  (SD). In de daaropvolgende kruisingen tussen de jongen uit deze worpen ging de gemiddelde worpgrootte iets omhoog naar  $5,7 \pm 2,2$  (SD), maar het verschil was wederom niet significant afwijkend t.o.v. het Nederlandse gemiddelde. De kruisingen met de wilde Duitse man leverde een worpgrootte



**Tabel 1.** Het aantal worpen (Nworp) en het aantal jongen (Nind) per jaar en per foklijn dat in gevangenschap is geboren t/m 2008.

Jaar	NL-lijn		B/NL-lijn		D/NL-lijn		B/D/NL-lijn		Totaal	
	N <sub>worp</sub>	N <sub>ind</sub>	N <sub>worp</sub>	N <sub>ind</sub>	N <sub>worp</sub>	N <sub>ind</sub>	N <sub>worp</sub>	N <sub>ind</sub>	N <sub>worp</sub>	N <sub>ind</sub>
2000	7	34							7	34
2001	19	99							19	99
2002	23	115							23	115
2003	17	82							17	82
2004	9	52	5	24	6	33			20	109
2005	8	41	13	70	13	90			34	201
2006	8	54	10	60	7	50			25	164
2007	5	27	3	11			14	76	22	114
2008	2	11					4	20	6	31
Totaal	98	515	31	165	26	173	18	96	173	949

van  $5,9 \pm 1,6$  (SD) op (versus de  $5,3 \pm 2,0$  (SD) van de NL-lijn). In latere kruisingen tussen jongen van de D/NL-lijn werden, heel opvallend, gemiddeld grotere worpgroottes waargenomen, van  $7,1 \pm 1,8$  (SD), significant hoger dan de worpgroote in de NL-lijn (voor meer detail: La Haye et al., 2012a). Andere mogelijke factoren die van invloed zouden kunnen zijn op de worpgroote, zoals de leeftijd van het mannetje (1 of 2 jaar), foklocatie of het jaar van fokken bleken niet van invloed te zijn op de worpgroote. De mate van inteelt van de moeder, de vader of de nakomelingen bleek eveneens niet van invloed te zijn op de worpgroote.

De bovenstaande resultaten hebben betrekking op het fokprogramma t/m 2008. Na 2008 zijn er nog diverse Hamsters aan het fokprogramma toegevoegd, waaronder Hamsters uit de omgeving van Tongeren-Widooien en zeer recent ook Hamsters uit Zülpich. Deze dieren hebben nog onvoldoende worpen geproduceerd, zodat over het toevoegen van deze dieren aan de fok nog geen uitspraken kunnen worden gedaan. Dankzij deze nieuwe dieren zijn inmiddels wel alle bekende relict-populaties van de Hamsters in het fokprogramma vertegenwoordigd, al zijn de aantallen 'stichters' erg laag (max. 2 dieren van een relict-populatie, met uitzondering van de tien stichters van de Nederlandse populatie).

### Discussie en perspectief

Vanaf de start van het hamster fokprogramma was er discussie over mogelijk nadelige effecten van inteelt (inteeltdepressie), vanwege het kleine aantal individuen waarmee het fokprogramma was gestart (Jansman & Smulders, 2005). Probleem is echter hoe verschijnselen van inteeltdepressie in een (fok)populatie aan te tonen, allereerst omdat het erg lastig is om te bepalen wat een 'normale' worpgroote is voor (in dit geval) Hamsters. Door het introduceren van nieuwe individuen uit een andere populatie kunnen eventuele effecten wel aangetoond worden, bijvoorbeeld wanneer kruising met nieuwe individuen (nieuwe genotypen) leidt tot fittere nakomelingen. Als, zoals in het fokprogramma, de worpgroote wijzigt door kruising met niet-verwante individuen, dan is dit een signaal dat er 'iets' aan de hand kan zijn.

In het hamster fokprogramma kon de worp-

Foklijn	Kruisingen (Man x Vrouw)	Aantal worpen	Gemiddelde worpgroote ( $\pm$ SD)
NL-lijn	Kruisingen van NL stichters x NL stichters of NL nageslacht & NL nageslacht x NL nageslacht	98	$5,3 \pm 2,0$
NL/B-lijn	Kruisingen van B stichters x NL nageslacht of B/NL nageslacht	9	$4,4 \pm 1,9$
	Kruisingen van B/NL nageslacht x B/NL nageslacht of NL nageslacht	22	$5,7 \pm 2,2$
NL/D-lijn	Kruisingen van D stichter x NL-nageslacht	10	$5,9 \pm 1,6$
	Kruisingen van D/NL nageslacht x D/NL nageslacht of NL nageslacht	16	$7,1 \pm 1,8$
B/D/NL-lijn	Kruisingen van B/NL nageslacht x D/NL nageslacht & B/D/NL nageslacht x B/D/NL nageslacht	18	$5,3 \pm 1,4$

**Tabel 2.** Gemiddelde worpgroote ( $\pm$  SD) van kruisingen tussen onverwante 'stichters' (WxW of WxF) en de gemiddelde worpgroote in daaropvolgende generaties (F1-F6) tussen 2000 en 2008. W='stichters', F=in gevangenschap geboren nakomelingen.

### Kader 2. Fokprogramma

Het hamster fokprogramma in Nederland is in 1999 gestart met veertien dieren die gevangen waren nabij Maastricht en één dier dat, gezien het DNA-profiel, afkomstig was uit België. Van deze vijftien oorspronkelijke 'founders' of 'stichters' hebben zich uiteindelijk tien dieren voortgeplant: allemaal afkomstig uit Nederland. Met deze tien Nederlandse Hamsters is de NL-foklijn opgezet, met de twee nieuwe Belgische mannen uit Bertem-Leefdaal is de B/NL-foklijn (Belgisch-Nederlandse foklijn) opgezet en met het Duitse mannetje uit Rommerskirchen-Neuss de D/NL-foklijn (Duits-Nederlandse foklijn). In 2007 is ook een complete mix-lijn opgezet, waarbij alle foklijnen met elkaar zijn gekruist. Het fokprogramma was zo opgezet dat gestreefd werd naar zo min mogelijk verwantschap tussen de individuen binnen de verschillende foklijnen. Het op deze wijze fokken van dieren leidt, op korte termijn, tot het minste verlies aan genetische variatie en wordt ook veel toegepast bij zeldzame huisdierrassen. Elk jaar wordt in samenwerking met Livestock Research van Wageningen UR berekend, welke individuen mogen voortplanten. De Rotterdamse Diergaarde Blijdorp heeft vanaf de start in 1999 het stamboek bijgehouden, terwijl Stichting Das en Boom van 1999 tot 2004 betrokken was bij de fok. In 2005 is dat deel van de fokgroep overgenomen door de GaiaZoo in Kerkrade. Het fokprogramma wordt tot op de dag van vandaag voortgezet. Dit artikel gaat over de gemiddelde grootte van de worpen in de NL-foklijn, de B/NL-foklijn en de D/NL-foklijn in de periode 1999 t/m 2008.

groote in de NL-lijn vergeleken worden met de worpgroote in de D/NL-lijn en de B/NL-lijn. Het kruisen van de nieuwe wilde mannetjes uit België en Noordrijn-Westfalen met vrouwtjes van de NL-foklijn kan gezien worden als het actief herstellen (verhogen) van de genetische variatie in een populatie. Het proces is enigszins vergelijkbaar met de komst van een (zeldzame) migrant in een wilde populatie, dan wel het actief uitzetten (of uitzaaien) van niet-verwante individuen. In de praktijk zijn er echter nog maar weinig onderzoeken die de effecten van genetisch herstel hebben gemonitord. Het beste voorbeeld is een adderpopulatie in Zweden, die na het actieve inbrengen van enkele genetisch niet-verwante mannetjes na enkele

jaren fors begon te groeien (Madsen et al., 1999).

Het fokprogramma van de Hamsters in Nederland vormde een unieke gelegenheid om dit proces in een wilde zoogdiersoort te volgen. De mogelijke effecten van 'genetisch herstel' zijn gemonitord als de (gemiddelde) worpgroote. Dat Hamsters in gevangenschap werden gehouden was in dit geval een voordeel, omdat de kweek, inclusief huisvesting en voeding, jarenlang op dezelfde wijze heeft plaatsgevonden. De eventuele verschillen in worpgroote kunnen daardoor alleen verklaard worden door de inbreng van de nieuwe genetische variatie.

De uitkomsten van de kruisingen in de verschillende foklijnen zijn opvallend: de gemid-



Elke Hamster heeft een eigen bak, waardoor veel ruimte nodig is in de Gaia-ZOO, waar de Hamsters sinds 2005 verblijven (foto: G. Müskens).

delde worpgrootte in de B/NL-lijn geeft een gelijke worpgrootte als in de NL-lijn, terwijl een significant hogere worpgrootte in de D/NL-lijn wordt waargenomen. Dat inbreng van (genetisch materiaal van) juist het Duitse mannetje leidde tot een hogere worpgrootte in de D/NL-lijn, terwijl het inbrengen van meer genetische variatie alleen (de Belgische mannetjes brachten ook nieuwe genetische variatie in de fokpopulatie) de worpgrootte niet verhoogde, toont aan dat de hogere worpgrootte samenhangt met de unieke genetische eigenschappen van het Duitse (superieure) mannetje. Dit suggereert dat de laatste hamsterpopulatie in Nederland inderdaad te maken had met genetische problemen wat doorwerkte op de worpgrootte, maar dat deze niet zo gemakkelijk waren op te lossen door te kruisen met niet-verwante Hamsters. Immers, de inteelt werd in alle F<sub>1</sub>-nakomelingen van zowel de Belgische als de Duitse man verlaagd, maar alleen de worpgrootte bij de Duitse man nam toe. Het resultaat dat de Duitse man wel

leidt tot een hogere worpgrootte, terwijl de inbreng van de Belgische mannen niet leidt tot een hogere worpgrootte, illustreert de onvoorspelbaarheid van het effect van de introductie van nieuwe individuen. De inbreng van de Belgische mannetjes is overigens zeker niet voor niets. In het geval van de ernstig bedreigde Hamster of soortgelijke bedreigde soorten (bijvoorbeeld de 'South Island Robin' uit Nieuw-Zeeland, Heber et al., 2012), waarvan enkel nog relicten aanwezig zijn, is het van belang dat zoveel mogelijk van de bestaande genetische variatie wordt behouden en weer wordt samengebracht. Bovendien hebben de Belgische mannetjes wellicht andere belangrijke genetische variatie ingebracht die op termijn kunnen bijdragen aan het behoud en herstel van de hamsterpopulaties in België, Nederland en Noordrijn-Westfalen. Als er meer hamsterpopulaties beschikbaar waren geweest, dan hadden natuurlijk meer kruisings- en uitzet-experimenten uitgevoerd kunnen worden. Een aanpak die voor

bedreigde plantensoorten wellicht nog wel haalbaar is, maar voor veel bedreigde fauna is dat vaak onmogelijk. Bedreigde soorten zijn vaak zo bedreigd of zeldzaam, dat er te weinig populaties of individuen zijn om mee te kunnen experimenteren. Dit pleit er dan ook voor om als er fokprogramma's en herintroductie-projecten van bedreigde wilde dieren worden uitgevoerd, de fitheid van de populatie en genetische effecten nauwgezet te monitoren.

De uitgezette Hamsters en hun nakomelingen worden sinds de eerste herintroductie in 2002 nauwgezet gevolgd (Kuiters et al., 2010), maar dat heeft nog niet geleid tot een volledig herstel of een duurzame hamsterpopulatie in Nederland. Het fokprogramma en de herintroducties vinden dan ook nog steeds plaats. Daarbij is de focus verschoven van het 'opbouwen van een wilde populatie', naar het 'maximaliseren en vergroten' van de genetische variatie in de huidige wilde populaties. Genetische monitoring maakt geen deel uit van de huidige werkzaamheden, al worden wel DNA-samples verzameld en opgeslagen voor analyse in de toekomst.

#### Literatuur

**Banaszek, A., J. Ziomek, K.A. Jadwiszczak, E. Kaczyńska & P. Mirski, 2012.** Identification of the barrier to gene flow between phylogeographic lineages of the Common hamster *Cricetus cricetus*. *Acta Theriologica* 57: 195–204.  
**Bijlsma, K.R., J. Bakker, D. Joubert & M. van Rijs-**

Herstel van het habitat is een belangrijke voorwaarde voor herintroductie. Voor de Hamster betekent dat een aangepast extensief agrarisch beheer (foto: G. Müskens).



Een wilde Hamster op weg naar de veilige ondergrondse burcht (foto: G. Müskens).





Een spannende dag voor een serie fokhamsters, die vanuit gevangenschap geïntroduceerd worden in een nieuw leefgebied (foto: R. van Kats).



**wijk, 2011.** Hoe fragmentatie en genetische erosie het aanpassingsvermogen en de overlevingskans van populaties ondermijnen: experimentele evidentie. *De Levende Natuur* 112 (2): 55-58.

**Heber, S., A. Varsani, S. Kuhn, A. Girg, B. Kempnaers & J. Briskie, 2012.** The genetic rescue of two bottlenecked South Island robin populations using translocations of inbred donors. *Proceedings of the Royal Society B, Biological Sciences* 280. No. 1752.

**Honnay, H. & H. Jacquemyn, 2010.** Hoe groot is groot genoeg? De minimale omvang van een levensvatbare populatie vanuit populatie-genetisch perspectief. *Natuur.focus* 9 (3): 117-123.

**Jansman, H. & R. Smulders, 2005.** Implicaties van genetisch onderzoek voor behoud en beheer van de Nederlandse hamsterpopulatie. *De Levende Natuur* 106 (1): 3-7.

**Koelewijn, H.P. & A.T. Kuiters, 2011.** Genetica in het natuurbeheer: een onderschat werk-instrument. *De Levende Natuur* 112 (2): 49-54.

**Kuiters, L., M. La Haye, G. Müskens & R. van Kats, 2010.** Perspectieven voor een duurzame bescherming van de hamster in Nederland. Rapport Alterra 2022, Wageningen.

**La Haye, M.J.J., H.P. Koelewijn, H. Siepel, N. Verwimp & J.J. Windig, 2012a.** Genetic rescue and the increase of litter size in the recovery breeding program of the Common hamster (*Cricetus cricetus*) in The Netherlands. Relatedness, inbreeding and heritability of litter size in a breeding program of an endangered rodent. *Hereditas* 149: 207-216.

**La Haye, M.J.J., K. Neumann & H.P. Koelewijn, 2012b.** Strong decline of gene diversity in local populations of the highly endangered Common hamster (*Cricetus cricetus*) in the western part of its European range. *Conservation Genetics* 13 (2): 311-322.

**Madsen, T., R. Shine, M. Olsson & H. Wittzell, 1999.** Conservation biology – restoration of an inbred adder population. *Nature* 402: 34 – 35.

**Neumann, K., J.R. Michaux, S. Maak, H. Jansman, A. Kayser, G. Mundt & R. Gattermann, 2005.** Genetic spatial structure of European Common hamsters (*Cricetus cricetus*); a result of repeated range expansion and demographic bottlenecks. *Molecular Ecology* 14: 1473-1483.

**Vergeer, P. & N.J. Ouborg, 2005.** Voorwaarden en risico's van herintroductie van planten. *De Levende Natuur* 106 (5): 210-213.

**Vergeer, P. & N.J. Ouborg, 2011.** Milieu en Genetica, twee zijden van dezelfde natuurbeheer-medaille. *De Levende Natuur* 112 (2): 84-87.

## Summary

### Genetic rescue in an endangered rodent: the Common hamster

Reduced genetic variation is a severe threat for long-term persistence of endangered animals. Immigration or translocation of new individuals can result in genetic rescue and an increase in population viability of endangered populations and species. Unfortunately, studying genetic rescue in wild populations is difficult. However, breeding programs of endangered species may contribute to our knowledge of the mechanism of genetic rescue.

A recovery breeding program of Common hamsters from the Netherlands, that included a few wild hamsters from two highly threatened populations (from Belgium and North Rhine-Westphalia) in 2003-2004 enabled the study of genetic rescue in an endangered rodent. Litter size increased over the years: average litter size benefited from the introduction of (genetic material of) a German male hamster, while introduction of hamsters from Belgium had no such effect on litter size. The 'genetic rescue' effect observed in this population seems to originate from the introduction of beneficial alleles by the German male. Breeding programs using several populations may increase the success of reintroductions and long-term persistence of these populations. Monitoring genetics before, during and after breeding and reintroduction is strongly recommended.

## Dankwoord

De betrokken medewerkers van Diergaard Blijdorp, Stichting Das&Boom en het Gaiapark worden hartelijk bedankt voor hun inspanningen in de afgelopen jaren om de hamsters te kweken. Een speciaal woord van dank voor onze buitenlandse collega's die de onverwante dieren hebben geleverd: Veronique Verbist en Michael Straube. Gerard Müskens, Ruud van Kats en Loek Kuiters (Alterra) waren van grote waarde bij de uitvoering. Dit project is gefinancierd door het voormalige Ministerie van LNV (thans Ministerie van EZ), binnen het programma BO-02-013: actief soortenbeleid.

M.J.J. La Haye

Radboud Universiteit Nijmegen, Department of Animal Ecology and Ecophysiology, Institute for Wetland and Water Research, Toernooiveld 1, 6525 ED Nijmegen  
Zoogdiervereniging, Toernooiveld 1, 6525 ED Nijmegen  
Alterra Wageningen UR, Alterra Animal Ecology Group, Postbus 47, 6700 AA Wageningen  
maurice.lahaye@wur.nl

Dr. H.P. Koelewijn

Nunhems Netherlands BV, Postbus 4005, 6080 AA Haalen

Prof. dr. H. Siepel

Radboud Universiteit Nijmegen, Department of Animal Ecology and Ecophysiology, Institute for Wetland and Water Research, Toernooiveld 1, 6525 ED Nijmegen  
Wageningen Universiteit, Nature conservation and Plant ecology group, Postbus 47, 6700 AA Wageningen

N. Verwimp

Ministerie voor Leefmilieu, Natuur en Energie, Agentschap voor Natuur en Bos, Koning Albert II-laan 20 bus 8, 1000 Brussel, België

Dr. J.J. Windig

Wageningen UR, Livestock Research, Animal Breeding & Genomics Centre, Postbus 65, 8200 AB Lelystad

Dit artikel is een bewerkte en ingekorte versie van het artikel 'Genetic rescue and the increase of litter size in the recovery breeding program of the Common hamster (*Cricetus cricetus*) in The Netherlands. Relatedness, inbreeding and heritability of litter size in a breeding program of an endangered rodent.' (La Haye et al., 2012, *Hereditas* 149: 207-216).