

Natuur.focus

VLAAMS DRIEMAANDELIJKS TIJDSCHRIFT OVER NATUURSTUDIE & -BEHEER – DECEMBER 2010 – JAARGANG 9 – NUMMER 4
VERSCHIJNT IN MAART, JUNI, SEPTEMBER EN DECEMBER



Waar zit nog wat
in Vlaanderen?

Overleven als bedreigde
plantensoort

Genetische variatie
bij Hamsters



Behoud van Vlaamse en Nederlandse Hamsters

Genetisch herstel en akkerbeheer gaan hand in hand

Maurice La Haye, Veronique Verbist & Hans Peter Koelewijn

Uit genetisch onderzoek aan de Hamster in Vlaanderen en Nederland is gebleken dat alle resterende populaties een geringe genetische variatie hebben, wat de levensvatbaarheid van de populaties in het gedrang brengt. De genetische variatie kan het best worden verhoogd door bijplaatsingen van individuen uit Vlaanderen, Nederland en Noord-Rhein Westfalen, omdat de populaties in die regio historisch gezien een geheel vormden. Het verhogen van de genetische variatie is enkel zinvol in leefgebieden waar voldoende hamstervriendelijk beheer wordt uitgevoerd of waar uitbreiding van het hamstervriendelijke beheer in de nabije toekomst te verwachten is. Zonder aangepaste beheermaatregelen in het agrarisch gebied zal de soort immers weer sterk achteruitgaan.



De Europese Hamster, sterk bedreigd in België en Nederland (foto: Vilda/Rollin Verlinde).

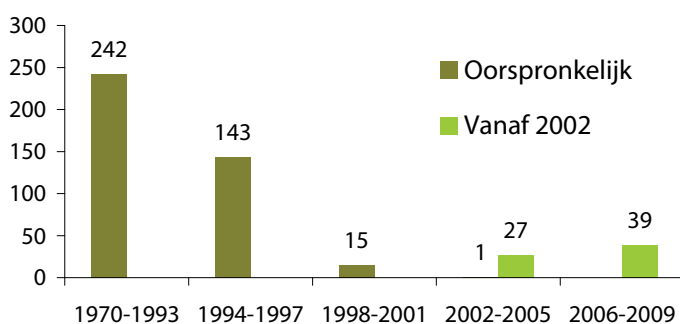


Een vers uitgegraven ingang van een hamsterburcht (foto: Gerard Muskens)

Hamsters in de verdrukking

De Europese Hamster *Cricetus cricetus* is een uiterst zeldzaam knaagdier dat in Vlaanderen nog slechts in enkele akkergebieden in de provincies Vlaams-Brabant en Limburg wordt aangetroffen. Enige decennia geleden was het diertje nog wijdverspreid in deze provincies, maar inmiddels is de Hamster er bijna volledig verdwenen. Niet alleen in Vlaanderen is de soort sterk achteruitgegaan, ook in het gehele westelijke deel van het Europese areaal (Zuid-Nederland, Noord-Frankrijk en het Rijndal in Duitsland) is de soort momenteel ernstig bedreigd. Meer recent gaat de Hamster ook sterk achteruit in het oostelijk deel van het Europese areaal in landen als Polen, Hongarije en in het oosten van Duitsland. Recente beschermingsprojecten in West-Europa richten zich op het vergroten van de genetische variatie in de laatste restpopulaties in samenhang met aangepast hamstervriendelijk agrarisch beheer.

De belangrijkste oorzaak van de achteruitgang van de Hamster is de intensivering van de landbouw, waardoor in het agrarische gebied van West-Europa grote veranderingen zijn opgetreden. De Hamster is sterk gebonden aan granen (tarwe, haver, gerst, rogge; Kayser 2002, Kupfernagel 2007), maar juist de graanteelt is sterk veranderd. Het areaal granen is afgenomen en in de plaats daarvan worden nu op veel grotere schaal maïs, bieten en aardappelen geteeld, gewassen waarin de Hamster niet of nauwelijks kan overleven (Kuiters et al. 2010).



Figuur 1. Aantal kilometerhokken waarin hamsterburchten zijn gevonden in Nederland in de periode 1970–2009. Sinds 2002 wordt de soort actief geherintroduceerd in verschillende leefgebieden (zie ook Figuur 4).

Ook worden er andere graansoorten en -variëteiten geteeld. Vroeger hadden zomergranen de overhand, maar tegenwoordig worden vrijwel alleen nog wintergranen verbouwd. Wintergranen hebben als groot nadeel dat de oogst enkele weken vroeger valt dan bij zomergranen, wat nadelig is voor de overleving van de Hamsters (La Haye et al. 2010). Het agrarische landschap is bovendien veranderd door een toename van de perceelsgrootte, het verdwijnen van onbewerkte perceelranden en graften (steilrandjes) en een sterke toename van de infrastructuur (wegen en bebouwing). Het huidige agrarische landschap is vanuit het perspectief van de Hamster momenteel matig van kwaliteit en sterk gefragmenteerd. Alleen op enkele kleine plekkjes zijn de omstandigheden nog gunstig genoeg om een kleine populatie te laten voortbestaan. De vraag is echter voor hoe lang.

Snelle achteruitgang

De achteruitgang van de Hamster is waarschijnlijk al decennia aan de gang (Merceland 2003), maar de voorbije tien jaar lijkt het alsof die in een stroomversnelling terecht is gekomen en er een 'minimale ondergrens' is overschreden. De snelle achteruitgang in Vlaanderen kan geschetst worden aan de hand van het aantal UTM-hokken waarin de soort werd aangetroffen. In de periode 1998-2002 werd de soort in maar liefst 92 kilometerhokken aangetroffen (bron: Zoogdierendatabank van Natuurpunt Studie/Zoogdierenwerkgroep). Nadien gaat de Vlaamse hamsterpopulatie sterk achteruit. In 2007 werd de aanwezigheid nog slechts in 15 hokken vastgesteld. In voorheen bekende leefgebieden als Hoegaarden is de soort ondanks gerichte inventarisaties recent niet meer aangetroffen (Verbeylen & Hens 2008). Na 2007 is de Hamster in Vlaanderen alleen nog aangetroffen in enkele kilometerhokken in Bertem-Leefdaal (provincie Vlaams-Brabant) en in de omgeving van Widoote-Tongeren (provincie Limburg).

Een zelfde patroon van achteruitgang heeft zich ook in Nederland voorgedaan (Figuur 1), waarbij in de jaren negentig van de vorige eeuw de soort in minder dan tien jaar van redelijk wijdverspreid achteruitgang tot één enkele populatie nabij Maastricht (Apeldoorn & Nieuwenhuizen 1998). Hoe de hamsterpopulatie Apeldoorn volgens de literatuurlijst zich heeft ontwikkeld in aangrenzend Duitsland (in de deelstaat Noord-Rhein Westfalen) is onduidelijk, maar net als in Vlaanderen en Nederland resteren daar nu nog slechts enkele geïsoleerde populaties (Figuur 2; Pauly 2007). De exacte reden voor het plotselinge instorten van de populaties in Vlaanderen en Nederland is onbekend, maar het is duidelijk dat deze 'crash' grote gevolgen heeft voor de wijze waarop de Hamster in Vlaanderen, Nederland en Noord-Rhein Westfalen behouden en beschermd kan worden.

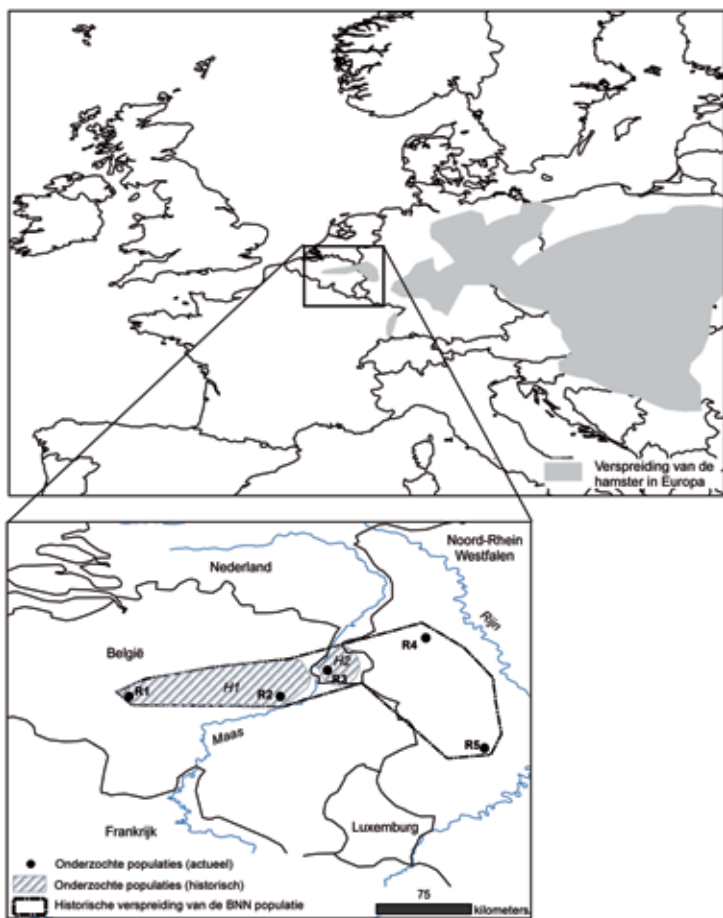
Kleine populaties en genetische diversiteit

Het instorten van een populatie gaat vaak samen met een groot verlies aan genetische variatie. Er blijven maar weinig individuen over. Deze individuen zijn meestal een subset van de oorspronkelijk aanwezige variatie. Daarnaast zijn de mogelijkheden voor partnerkeuze in de nieuwe populatie beperkt. Hierdoor kan de onderlinge verwantschap tussen de Hamsters snel toenemen en ligt inteelt op de loer. Gezamenlijk leidt dit tot een geringere variatie en genetisch meer uniforme individuen. Als de resterende populaties ook nog onderling

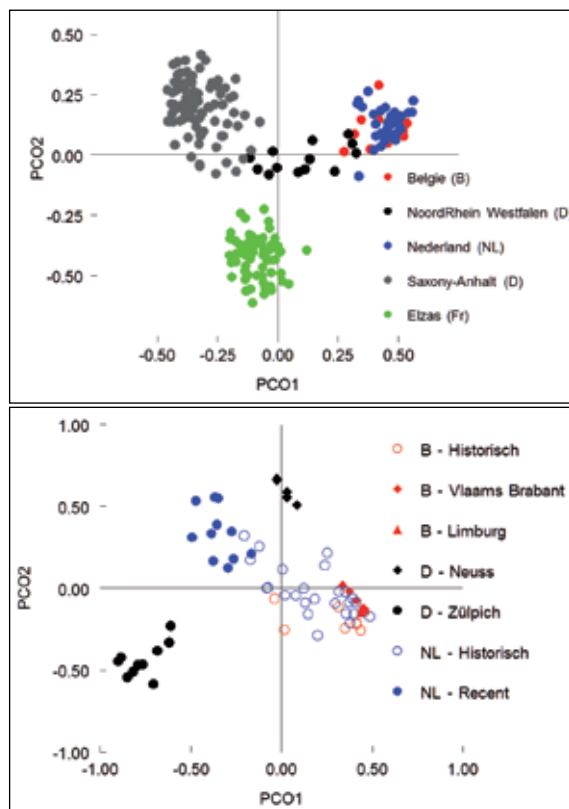
geïsoleerd raken en er geen uitwisseling van individuen meer plaatsvindt (migratie), kunnen deze restpopulaties door toeval onderling genetisch sterk van elkaar gaan verschillen (drift). Een bijkomend gevolg van de geringe genetische variatie is dat ook het evolutionair aanpassingsvermogen van een populatie afneemt (Frankham et al. 2002). Kort gesteld, een populatie ontbeert de genetische informatie om zich bij gewijzigde omstandigheden te kunnen handhaven en zal steeds meer genetische variatie kwijtraken. De 'fitness' van de populatie wordt daarmee steeds lager. Hoewel dit onder stabiele omstandigheden geen direct waarneembare gevolgen hoeft te hebben, kan dit bij meer stressvolle of veranderende omstandigheden leiden tot het uitsterven van de populatie.

Genetisch onderzoek voor behoud van de Hamster

Onderzoek naar de genetische kenmerken van de hamsterpopulaties kan op verschillende manieren inzicht verschaffen die essentieel zijn voor het behoud van de soort en doeltreffende beschermingsmaatregelen. Enerzijds als diagnostisch gereedschap om Hamsters individueel te herkennen (ieder individu is uniek en als zodanig te herkennen via zijn/haar DNA-patroon, de genetische vingerafdruk), anderzijds als studieobject ('hoeveel genetische variatie moet een levensvat-



Figuur 2. Verspreiding van de Hamster in Europa, gebaseerd op Mitchell-Jones et al. (1999), met een detailuitsnede van België, Nederland en aangrenzend Duitsland (Noord-Rhein Westfalen). Zwarte omlijning = historische areaal; grijs gearceerd: verspreiding historische populatie België en Nederland; H1 – Historisch België; H2 – Historisch Nederland; zwarte punten: huidige (onderzochte) populaties; R1 = Bertem-Leefdaal (B); R2 = Widoorie-Tongeren (B); R3 = Heer (NL); R4 = Neuss (D); R5 = Zülpich (D).



Figuur 3. Principale Coördinaten Analyse (PCA) gebaseerd op de genetische verwantschap van de onderzochte hamsterpopulaties. Elk symbool stelt een Hamster voor en de vorm of kleur van het symbool geeft de populatie weer waar de Hamster bemonsterd is. Hoe dichter punten bij elkaar liggen, hoe groter de onderlinge genetische gelijkenis tussen de Hamsters. Op de X-as de score van een Hamster monster op de eerste principale coördinaat (PCA 1), op de Y-as de score op de tweede principale coördinaat (PCA 2).

(a) Een analyse op Europese schaal toont duidelijk drie verschillende clusters met Hamsterpopulaties. Hamsters uit de Elzas en uit Oost-Duitsland vormen twee afzonderlijke clusters. De Hamsters van België, Nederland en Noord-Rhein Westfalen vormen gezamenlijk een derde cluster.

(b) Verdere analyse van dit laatste cluster toont dat ook de Hamsters uit België, Nederland en Noord-Rhein Westfalen onderling duidelijke genetische verschillen tonen. Historisch (museum) materiaal uit Nederland en België (open symbolen) toont duidelijke onderlinge overlap: vroeger was er sprake van één grensoverschrijdende populatie in België en Nederland. Alle huidige populaties zijn onderling te onderscheiden en vertegenwoordigen verschillende delen van de oorspronkelijke variatie.

bare populatie minimaal bevatten?) en methode om relaties tussen populaties in kaart te brengen. In het eerste geval kunnen de gegevens inzicht geven in de populatiedynamiek van een soort (mortaliteit, reproductie en gedrag), in het tweede geval kan een indicatie worden verkregen waar eventueel dieren voor herintroducties of fokprogramma's vandaan zouden kunnen komen. Door dezelfde populaties gedurende verschillende jaren te bemonsteren kunnen veranderingen in genetische parameters aangeven welke processen er spelen in een populatie (genetische monitoring; Schwarz et al. 2007). Genetisch onderzoek kan daarom een veel beter inzicht opleveren in de processen die spelen bij kleine populaties en hoe daarin te sturen dan meer traditionele methoden als telemetrie (Koelewijn & Kuiters 2011).

Omdat de Hamsters in zowel Vlaanderen, Nederland en Duitsland achteruitgingen en nu beperkt zijn tot kleine restpopulaties werd in Nederland een groot beschermingsproject



Het leefgebied van de Hamsters te Bertem is een landschappelijk gevarieerd akkergebied met kleine percelen (gemiddeld 1 ha) waar jaarlijks op 50-60% van de oppervlakte granen verbouwd worden. (foto: Maarten Hens)

opgezet (Krekels 1999), waarbij 14 wilde Hamsters (populatie Heer, Nederlands Limburg) werden weggevangen om de basis te vormen van een fokprogramma onder leiding van Diergaarde Blijdorp in Rotterdam. Een genetische studie werd opgezet om beter zicht te krijgen op de verspreiding en genetische relaties tussen de kleine populaties in Vlaanderen, Nederland en Noord-Rhein Westfalen (aangrenzend Duitsland). Ook werden twee grote referentiepopulaties (Elzas in Frankrijk en Saksen-Anhalt in voormalig Oost-Duitsland) in de analyses betrokken (**Figuren 2 & 3**). Daarnaast werden de natuurhistorische musea in Leiden (Naturalis) en Brussel (KBIN) bezocht om het genetisch profiel van opgezette Hamsters te onderzoeken: dit materiaal vormt een signatuur uit het verleden (historische bronpopulatie) en kan als referentie dienen om inzicht te krijgen in de processen die betrokken waren bij de snelle achteruitgang van de Hamster (La Haye et al. aangeboden).

Oorspronkelijk één, inmiddels gescheiden

Genetisch onderzoek van de laatste Nederlandse Hamsters toonde aan dat in het DNA van de gevangen Hamsters weinig genetische variatie te vinden was (Neumann & Jansman 2004). Onderzoek van hamsterharen uit de populaties van Bertem-Leefdaal, Widoioie-Tongeren en Noord-Rhein Westfalen bleek hetzelfde resultaat op te leveren. In de populatie van Bertem-Leefdaal bleek de genetische variatie zelfs volledig te zijn verdwenen. Alle onderzochte Hamsters uit dit leefgebied in de periode 2000–2007 hadden hetzelfde genetische profiel en verschillende individuen waren onderling niet meer te onder-

scheiden. Daarentegen bleek dat in de 'historische' populaties van zowel Nederland als Vlaanderen veel meer genetische variatie aanwezig was (La Haye et al. aangeboden). Deze variatie was wel lager en verschillend van die in de referentie populaties (**Figuur 3a**).

Niet alleen hadden alle huidige hamsterpopulaties van Vlaanderen, Nederland en Noord-Rhein Westfalen een lage genetische variatie, ook bleek dat in de verschillende populaties andere genetische variatie was behouden (**Figuur 3b**). Dit duidt op genetische drift: in korte tijd gaat (veel) genetische variatie verloren, maar het is onvoorspelbaar welke deel van de genetische variatie aanwezig blijft. Zo bedroeg de *Fst* (zie **Box 1**) tussen de huidige Vlaamse en Nederlandse hamsterpopulaties 0,64. Opvallend genoeg bleek uit de analyse dat de historische populaties van Nederland en Vlaanderen genetisch niet te onderscheiden waren (*Fst* = 0,03). De hamsterpopulaties van beide landen vormden vroeger dus één grensoverschrijdende populatie. Vermoedelijk behoorden de Hamsters in aangrenzend Duitsland (deelstaat Noord-Rhein Westfalen) ook tot dezelfde populatie, maar daarvan waren helaas geen museumexemplaren aanwezig om te onderzoeken.

Het drifteffect heeft er zo toe geleid dat iedere hamsterpopulatie in Vlaanderen, Nederland en Noord-Rhein Westfalen momenteel een unieke genetische samenstelling heeft. Iedere populatie vertegenwoordigt een stukje van de historisch aanwezige genetische variatie (**Figuur 3b**) en het uitsterven van een van de populaties zal dan ook leiden tot een onomkeerbaar verlies aan genetische variatie.

Box 1: Genetische analyses

We gebruikten microsatellietmerkers om de genetische structuur van de onderzochte populaties in kaart te brengen. Microsatellieten zijn kleine stukjes repetitief DNA die random over het genoom voorkomen. Microsatellieten zijn zeer variabel en hebben daardoor een hoog onderscheidend vermogen. Via specifieke primers kunnen microsatellieten door middel van PCR-amplificatie vermeerderd worden (PCR = 'Polymerase Chain Reaction'). Door de PCR-fragmenten te merken en vervolgens te scheiden door middel van gelelectroforese, een scheidingstechniek waarbij DNA-fragmenten onder invloed van een elektrisch veld bewegen in een gel, kan voor ieder individu een bandenpatroon (de genetische vingerafdruk) zichtbaar worden gemaakt.

Hoe nauwer verwant twee individuen zijn, hoe gelijkaardiger het bandenpatroon. Dit kan voor alle individuen worden gedaan. Vervolgens kan tussen alle individuen de genetische afstand worden bepaald; hoe meer twee individuen op elkaar lijken, hoe kleiner hun onderlinge genetische afstand. Deze genetische afstandsmatrix wordt gebruikt voor het berekenen van de genetische diversiteit van de bemonsterde populaties en voor het in kaart brengen van hun relaties (Principale Coördinaten Analyse, PCA). Het hier gebruikte PCA groepeert individuen op basis van hun genetische verwantschap en maakt daardoor verschillen tussen populaties zichtbaar. Resultaten van een PCA worden vaak weergegeven in de vorm van een XY-grafiek; hierdoor is het visueel meteen duidelijk of er gescheiden populaties bestaan of niet.

We berekenden ook een maat voor de genetische differentiatie tussen de onderzochte populaties. Hoe hoger de genetische differentiatie, hoe meer twee populaties verschillen in hun genetische samenstelling. Genetische differentiatie wordt meestal voorgesteld door het symbool *F_{st}*. *F_{st}*-waarden variëren tussen 0 (de populaties zijn genetisch identiek) en 1 (de populaties zijn genetisch volledig verschillend). De grootte van de *F_{st}* kan gezien worden als een indicator voor de mate van (genen)uitwisseling tussen populaties.

Mogelijke bronpopulaties voor vergroten genetische variatie

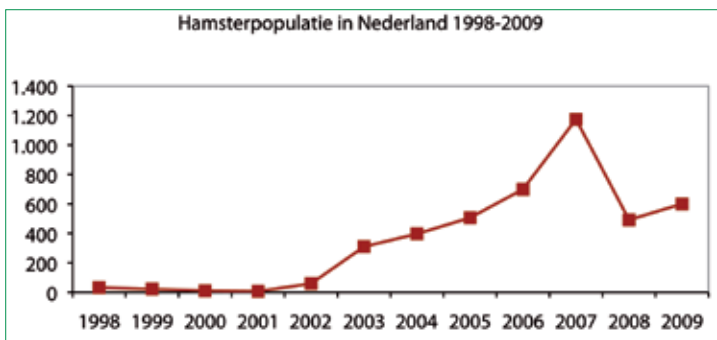
De aandacht voor de genetische variatie bij het beschermen en behouden van de Hamster is mede ingegeven door het feit dat een lage genetische variatie kan duiden op een lagere 'fitness' van de populatie, waardoor de levensvatbaarheid van een populatie op de langere of kortere termijn in het gedrang komt. Aangezien genetische variatie niet spontaan terugkeert (of alleen over hele lange tijdsperiodes) en de huidige populaties sterk geïsoleerd zijn, is het actief introduceren van Hamsters uit andere populaties de enige mogelijkheid om de genetische variatie te vergroten. Het is daarbij belangrijk dat zoveel mogelijk gebruik gemaakt wordt van populaties die ecologisch en genetisch het meest lijken op de van origine aanwezige Hamsters. Als daar geen rekening mee gehouden wordt (of kan, omdat andere populaties niet voor handen zijn) is er kans op 'outbreeding depression'. Daarbij wordt genetische variatie geïntroduceerd die niet leidt tot herstel van de populatie-fitness, maar de problemen juist vergroot, bijvoorbeeld door wijzigingen in het gedrag van de voorheen aan de lokale situatie aangepaste dieren of in het tijdstip waarop jongen worden geboren.

Genetisch gezien wijkt de (historische) populatie in België, Nederland en Noord-Rhein Westfalen duidelijk af van andere populaties in West- en Oost-Europa (Figuur 3a; Neumann et al. 2005). Het zou dus onverstandig zijn om bijvoorbeeld Hamsters uit Oost-Europa of de Elzas in Vlaanderen of Nederland los te laten. Vooralsnog is het daarom beter om de genetische variatie in andere populaties te verhogen met Hamsters uit het Nederlandse fokprogramma of met Hamsters uit in het wild levende populaties in Vlaanderen, Nederland en Noord-Rhein Westfalen. Bij deze conclusie is leidend dat de historische populatie één geheel vormde (lage *F_{st}*, weinig genetisch verschil), want op basis van de huidige populaties zou deze conclusie niet meer kunnen worden getrokken (hoge *F_{st}*, sterk genetisch verschil).

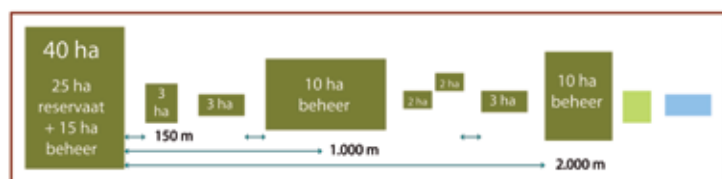
Fokprogramma

In het Nederlandse fokprogramma is de genetische variatie verhoogd door enkele Hamsters uit populaties in Vlaanderen (Bertem-Leefdaal en Widoioie-Tongeren) en Noord-Rhein Westfalen (Neuss) in te kruisen. Een verdere uitbreiding van de genetische variatie in het fokprogramma blijft echter van groot belang, enerzijds doordat het aantal 'founders' (het aantal wildvang dieren dat zich heeft voortgeplant binnen het fokprogramma) niet groter is dan 14, anderzijds doordat deze individuen afkomstig zijn uit slechts vier populaties (Heer 10 individuen, Bertem-Leefdaal 2, Widoioie-Tongeren 1 en Neuss 1). De genetische basis voor het fokprogramma is en blijft daarmee erg smal. Uitbreiding van de genetische variatie in het fokprogramma is alleen mogelijk door het inkruisen van dieren uit de niet-vertegenwoordigde populaties, waarbij vooral de Duitse populatie van Zülpich uniek genetisch materiaal lijkt te herbergen (La Haye et al. aangeboden).

Gehoopt werd dat de komst van enkele 'onverwante' Hamsters in het fokprogramma zou leiden tot een toename van de fitness. Om eventuele effecten goed in beeld te brengen, werden met de Hamsters uit Vlaanderen en Noord-Rhein Westfalen aparte foklijnen opgezet, waarbij de dieren werden gekruist met Nederlandse hamstervrouwtjes. De Vlaamse Hamsters hadden geen direct aantoonbaar positief effect in het



Figuur 4. Ontwikkeling van de hamsterpopulatie in Nederland sinds 1998. In 2002 ging het herintroductieproject van start en begint de populatie in sterk aantal te groeien. De terugval in 2008 deed zich voor in alle leefgebieden en werd vermoedelijk veroorzaakt door slechte weersomstandigheden en een zeer lage veldmuizenstand, waardoor predatoren extra veel hamsters hebben geperdeerd.



Figuur 5. Voorbeeld van een momenteel toegepast ruimtelijk schema voor hamstervriendelijk agrarisch beheer in Nederlands Limburg: een combinatie van grote en kleinere percelen binnen een leefgebied. Idealiter sluiten verschillende leefgebieden op elkaar aan.



Gefokte Hamsters worden uitgezet in nieuwe populaties (foto: Fons Aelberts)

fokprogramma (enkel op de genetische variatie), maar in de foklijn van de Duitse Hamster ging de gemiddelde worpgrootte van vijf naar zeven jongen. Voor een soort die afhankelijk is van een goede reproductie een enorme vooruitgang, omdat daardoor gemakkelijker verliezen als gevolg van predatie in voldoende mate kunnen worden gecompenseerd. Daarmee werd bevestigd dat het mengen van Hamsters uit verschillende populaties gunstig kan zijn voor het behoud van de soort, maar dat dit ook sterk afhankelijk is van de eigenschappen van de ingebrachte individuen (La Haye et al., in voorbereiding).



Een gepredeerde Hamster, de zender (grijze capsule) ligt er nog naast (foto: Gerard Muskens)

Omdat er gewerkt wordt met kleine aantallen komt ook hier weer een toevalseffect om de hoek kijken.

Van theorie naar praktijk

Het fokprogramma werd en wordt in Nederland gebruikt om in aangewezen leefgebieden de soort te herintroduceren. In Nederland heeft dat geleid tot de vestiging van een zevental nieuwe populaties. De resultaten verschillen echter sterk per leefgebied (La Haye et al. 2010). Zo is de populatie in 2008 sterk teruggeslagen (na een piek van ca. 1.200 burchten in 2007; *Figuur 4*). Vlaanderen heeft inmiddels ook geprofiteerd van het fokprogramma, omdat in ruil voor de founders ten behoeve van het fokprogramma in 2007 en 2008 Hamsters beschikbaar zijn gesteld om de Vlaamse populaties te versterken (Verbist 2008). In totaal zijn 120 Hamsters uitgezet in Bertem-Leefdaal en in Widooye-Tongeren (jaarlijks 60 individuen: in beide gebieden zijn in 2007 en 2008 telkens 30 individuen bijgeplaatst).

De bijplaatsingen hebben in Vlaanderen geleid tot een korte opleving van de aantallen gevonden burchten (Verbist 2008), maar net als in Nederland in 2008 zijn de hamsterpopulaties in 2009 sterk teruggeslagen (Verbist 2009: poster op Internationale Hamster Meeting in Ranis, Duitsland). Over de mogelijke oorzaken van de achteruitgang in 2009 kan slechts worden gespeculeerd. Mogelijk heeft het natte en koude weer een belangrijke rol gespeeld, maar ook het instorten van de muispopulatie in het voorjaar van 2009 (door de weersomstandigheden?) kan van grote invloed zijn geweest. Predatoren die gewend waren aan grote hoeveelheden muizen moesten overschakelen naar andere voedselbronnen en zullen daarbij wellicht grotere aantallen Hamsters hebben gepredeerd (Kuiters et al. 2010).

Vlaamse bijplaatsingen genetisch succesvol

Naast het verhogen van de aantallen hadden de bijplaatsingen in Vlaanderen ook tot doel om de genetische variatie te vergroten, waarbij is getracht zoveel mogelijk van de 'oorspronkelijk' aanwezige variatie te behouden. De aantallen Hamsters per leefgebied waren niet goed bekend, maar vermoedelijk waren in ieder van de leefgebieden minder dan 20 individuen aanwezig. In 2007 is de bijplaatsing in eerste instantie alleen uitgevoerd met vrouwtjes. De idee was om zo de eventueel aanwezige 'oorspronkelijke' wilde hamstermannetjes een maximale kans te geven op voortplanting en het doorgeven van hun genetische materiaal. Enkele weken later zijn alsnog mannetjes uitgezet, om ervoor te zorgen dat de vrouwtjes toch ook echt gedekt zouden worden bij afwezigheid van wilde mannetjes. Een vondst van een dode Hamster in de zomer van 2007 in Bertem bevestigde in ieder geval nog de aanwezigheid van oorspronkelijke niet-bijgeplaatste wilde Hamsters, omdat het genetisch profiel overeen kwam met dat van wilde 'Bertem'-hamsters uit voorgaande jaren. De aanwezigheid van oorspronkelijke wilde Hamsters kon in Widooie in 2007 niet worden vastgesteld.

Om het effect van de bijplaatsingen te evalueren, zijn in het voorjaar van 2010 in beide leefgebieden haarmonsters verzameld op bewoonde hamsterburchten. Analyse van deze monsters duidde erop dat in Widooie-Tongeren de genetische variatie effectief was verhoogd, waarbij 50% van het genetische materiaal van lokale oorsprong was en 50% afkomstig was uit het fokprogramma. Daarmee is aangetoond dat de eerdere strategie heeft gewerkt (het behouden van lokale genetische variatie) en dat de doelstelling van het verhogen van de genetische variatie ook is gerealiseerd. Het verhogen van de genetische variatie is echter alleen zinvol in leefgebieden waar voldoende hamstervriendelijk beheer wordt uitgevoerd of waar uitbreiding van het hamstervriendelijk beheer in de nabije toekomst is te verwachten. Zonder aangepaste beheermaatregelen in het agrarisch gebied zal de soort immers weer sterk achteruitgaan (Kuiters et al. 2010).



Veldwerk in het kader van de bijplaatsingen van Hamsters (foto: Gerard Muskens)

Aangepast agrarisch beheer hard nodig voor verder succes

Uit het Nederlandse ecologische hamsteronderzoek is gebleken dat het voor een hamsterpopulatie van groot belang is dat er steeds voldoende akkers aanwezig zijn die overlevingskansen bieden. De hoogste overlevingskansen hebben Hamsters in graan- en luzernepercelen met een aangepast beheer (Muskens et al. 2005, 2008). Deze gewassen bieden een uitstekende dekking en zijn op de bodem toch nog gemakkelijk te door kruisen. Paden (wissels) in deze gewassen groeien niet dicht en zijn voor Hamsters langere tijd over grotere afstanden en oppervlakten bruikbaar, waardoor de dieren zonder al teveel gevaar voedsel kunnen zoeken.

Aangezien de Hamster zich prima thuis voelt in monoculturen van granen en luzerne, is hamsterbeheer een ideaal 'natuurbeheer'-pakket voor landbouwers. Landbouwers zijn uitstekend in staat om gewassen als granen en luzerne te telen, maar het verschil met conventionele landbouw is dat er beperkingen worden gesteld aan het tijdstip en de omvang van de oogst. Een populatie Hamsters kan in het huidige landschap alleen overleven als elk vrouwtje minimaal twee worpen met jongen produceert (Swinnen 2010). Dat is echter alleen haalbaar als de oogst laat in de zomer plaatsvindt (na 1 september). Op conventioneel beheerde akkers zullen de meeste vrouwtjes slechts één worp kunnen produceren (Out et al. in druk), wat (veel) te weinig is om de populatie in stand te houden.

Hamsterbeheer in de praktijk

Hamstervriendelijk beheer van granen en luzerne is gericht op het niet of slechts zeer beperkt oogsten van het gewas. Dat klinkt eenvoudig, maar in de praktijk blijkt het uitvoeren van kwalitatief goed hamsterbeheer erg lastig. Wat ontbreekt is de prikkel om het gewas intensief genoeg te beheren (La Haye et al. 2010). De vergoeding voor het beheer ligt meestal voor enkele jaren vast, waardoor de opbrengst van de akkers niet meer afhankelijk is van de beheerinspanning die de landbouwer levert. Of het gewas nu dik of dun wordt gezaaid, veel of weinig onkruiden bevat, de opbrengst is hetzelfde. Veel landbouwers beginnen in het eerste jaar vol goede moed aan het beheer, maar na verloop van tijd krijgen de andere conventionele akkers toch meer aandacht, aangezien de opbrengsten daarvan directe financiële gevolgen hebben. In Nederland en Vlaanderen heeft dit (onbedoelde en ongewenste!) effect al geleid tot compleet verwaarloosde akkers met enkel zuring, brandnetels en kweek, waarin geen Hamster of andere akkersoort meer te vinden is.

In Nederland is ervoor gekozen om het hamsterbeheer voortaan te laten roteren binnen een bouwplan op bedrijfsniveau, waardoor het hamsterbeheer telkens in ruimte en tijd wordt verplaatst (Kuiters et al. 2010). Het maakt het hamsterbeheer voor de landbouwer makkelijker inpasbaar in zijn bedrijfsvoering en het zorgt ervoor dat akkers kwalitatief in orde blijven. Regelmatige controle en begeleiding bij het hamsterbeheer zijn eveneens essentieel om tot een goed resultaat te komen. Overigens moet er ook bij natuurbeschermende organisaties op worden toegezien dat er in voldoende mate wordt bemest en dat onkruiden worden bestreden. Voor alle betrokken partijen (Hamster, landbouwers en natuurbeschermende organisatie) geldt dat eenieder is gebaat bij een kwalitatief goed beheer: dekkinggevend gewassen zonder al teveel onkruiden. In de praktijk blijkt hamsterbeheer ook heel goed te combine-



Op akkerpercelen onder beheerovereenkomst 'hamsterbescherming' worden opvangstroken van luzerne en van ongeogst graan voorzien. (foto: Maarten Hens)

ren met (winter)beheer voor akkervogels (van Dongen 2004). Een combinatie van hamsterbeheer met akkerflora lijkt niet of nauwelijks te realiseren (Kuiters et al. 2006), omdat voor akkerflora een te open gewas nodig is waar de Hamster zich niet in thuis voelt.

Zicht op de toekomst

Op de wat langere termijn zal de Hamster in Vlaanderen, Nederland en Noord-Rhein Westfalen kunnen overleven als voldoende leefgebieden worden ingericht die per leefgebied minimaal 500 volwassen reproducerende Hamsters kunnen herbergen. Alleen bij zulke aantallen wordt aangenomen dat voldoende genetische variatie aanwezig blijft in een populatie om gezond te blijven en geen last te krijgen van inteelt (Soulé 1986, Frankham et al. 2002). We gaan er daarbij gemakshalve vanuit dat dit een gemiddelde zou moeten zijn door de jaren heen.

Dit betekent dat per leefgebied gestreefd moet worden naar minimaal 1.000-1.500 Hamsters bij de najaarstelling (burchteninventarisatie) om de verliezen tijdens de winter en het voorjaar te kunnen opvangen. In 'slechte' jaren zal zelfs een aantal van 250 Hamsters in een leefgebied moeilijk haalbaar zijn. Dit hoeft echter geen probleem te zijn, mits zo'n daljaar wordt opgevolgd door een snelle groei en forse toename van de populatie in de daaropvolgende jaren. De genoemde aantallen Hamsters (burchten) staan in schril contrast met de aantallen die de afgelopen jaren in het wild werden gevonden in Vlaanderen en benadrukken nog eens de dramatische achteruitgang en de ernstig bedreigde status van de Hamster.

De aantallen Hamsters kunnen ook vertaald worden naar een dichtheid per hectare. Een algemene vuistregel is dat een hectare hamsterbeheer in principe goed zou moeten zijn voor vier

hamsterburchten in het najaar of twee (geopende) hamsterburchten in het voorjaar. Voor een leefgebied met 500 Hamsters moet dan ook minimaal 250 hectare aan hamsterbeheer aanwezig zijn. De exacte ligging van de percelen met hamsterbeheer is daarbij minder van belang, mits de grondsoort aan de eisen van de Hamster voldoet en de percelen binnen een overbrugbare afstand van elkaar liggen (Kuiters et al. 2010). Zo'n netwerk van akkers met hamstervriendelijk beheer (Figuur 5) zal niet alleen erg gunstig zijn voor het duurzame behoud van de hamsterpopulatie, maar naar verwachting zullen ook akkervogels als Grauwe gors, Geelgors en Patrijs profiteren van het hamstervriendelijk beheer.

Besluit

De Hamster is in Vlaanderen, Nederland en aangrenzend Noord-Rhein Westfalen ernstig bedreigd in zijn voortbestaan. Alleen internationale samenwerking kan leiden tot behoud en herstel van de populaties. Het genetische onderzoek van de Hamsters heeft laten zien dat de huidige relictpopulaties veel van hun vroegere genetische variatie zijn kwijtgespeeld. Als we alle populaties samen beschouwen, is alle historische genetische variatie nog wel aanwezig, maar de genetische informatie is nu alleen nog in een of enkele populaties te vinden. Uitsterven van de resterende populaties zal leiden tot onherroepelijk en onherstelbaar verlies van genetische variatie en het behoud van de soort bemoeilijken.

Om de genetische variatie in populaties te vergroten, zullen Hamsters van andere populaties uit Vlaanderen, Nederland of Noord-Rhein Westfalen actief verplaatst moeten worden tussen de huidige bestaande populaties. Daarmee wordt waarschijnlijk ook de fitness van de laatste populaties verhoogd, zoals bijvoorbeeld blijkt uit de toename in worpgrootte in

de Duits-Nederlandse foklijn (van vijf naar zeven jongen per worp). Hamsterpopulaties uit andere delen van Europa komen in eerste instantie niet in aanmerking om de genetische variatie te vergroten, omdat de genetische samenstelling van de populaties binnen Europa sterk verschilt. Bijplaatsingen met Hamsters vanuit het Nederlandse fokprogramma hebben in ieder geval in de populatie van Widoie-Tongeren geleid tot een sterke toename van de genetische variatie. Bijplaatsingen of herintroducties zijn echter alleen zinvol als in de beoogde leefgebieden voldoende hamstervriendelijk

beheer (ca. 250 ha per leefgebied) aanwezig is en het beheer kwalitatief goed wordt uitgevoerd. Dat wil zeggen dat akkers ook daadwerkelijk als akkers worden beheerd. Het moderne hamsterbeheer is eenvoudig en goed toepasbaar in de agrarische bedrijfsvoering, hoewel een goede begeleiding van het hamsterbeheer essentieel is en blijft. Hamsterbeheer kan uitstekend worden gecombineerd met akkervogelbescherming, zeker in de winter, maar waarschijnlijk ook in de zomer. Het agrarische landschap zal, vanuit een natuuroogpunt, met hamsterbeheer weer stukken interessanter worden.

Summary:

LA HAYE M., VERBIST V. & KOELEWIJN H.P. 2010. Conservation of the Common Hamster in the Netherlands and Belgium through restoration of genetic diversity and specific habitat management. *Natuur. focus* 9(4): 158-166.

The number of Hamsters has declined with more than 95% in Flanders and the Netherlands. Hamsters are nowadays only present in a few agricultural areas. Genetic research showed a strong loss of genetic diversity in most of the current and highly threatened populations. Since

different genetic varieties (alleles) became fixed in different populations, this resulted in strong genetic differentiation between current populations (random genetic drift). Despite this differentiation, the total gene diversity of all populations combined is not much less than that of the historical population. Restockings in Flanders with Hamsters from the Dutch breeding program proved to be successful, with 50% retention of the local genetic diversity. However, restockings or reintroductions are not enough, it is very important that habitat conditions will be optimized in sufficient large areas of at least 250 hectares, otherwise populations will start to decline again and will go extinct in the near future.

DANK

De gegevens voor deze studie werden verzameld in het kader van het LNV-BO project 11-008-001, dat in onderlinge samenwerking werd uitgevoerd door ALTERRA-Wageningen UR en de Radboud Universiteit Nijmegen, met medewerking van het Agentschap voor Bos en Natuur. We danken ook Dr. Georges Lenglet van het Koninklijk Belgisch Instituut voor Natuurwetenschappen (KBIN) in Brussel (België) en Ing. H. van Grouw van Nationaal Natuurhistorisch Museum, Naturalis in Leiden (Nederland) voor hun toestemming om stalen te nemen van Hamsters uit de collectie van beide Musea.

AUTEURS:

Maurice La Haye is assistent in opleiding aan de Radboud Universiteit Nijmegen en werkzaam bij ALTERRA-Wageningen UR. Hij houdt zich al jaren bezig met herstel en beheer van de Hamster. Veronique Verbist is medewerker bij het Agentschap voor Natuur en Bos (ANB, Vlaamse overheid). Hans Peter Koelewijn is onderzoeker moleculaire ecologie bij ALTERRA – Wageningen UR, Centrum voor Ecosysteem Studies.

CONTACT:

Maurice La Haye, ALTERRA-Wageningen UR, Postbus 47, Droeveendaalse steeg 3, 6700AA Wageningen, Nederland. E-mail: maurice.lahaye@wur.nl

Referenties

- Frankham R., Ballou J.D. & Briscoe D.A. 2002. *Introduction to Conservation Genetics*. Cambridge University Press. 617 p.
- Kayser A. 2002. *Populationsökologische Studien zum Feldhamster *Cricetus cricetus* (L., 1758) in Sachsen-Anhalt*. Dissertation. Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg.
- Koelewijn H.P. & Kuiters L. 2011. *Genetica als monitoringinstrument: het niet-zichtbare zichtbaar maken geeft vele toepassingsmogelijkheden*. De Levende Natuur (in druk, Februari 2011).
- Krekels R. 1999. *Beschermingsplan hamster 2000–2004*. Directie Natuurbeheer 41. Informatie- en Kenniscentrum Natuurbeheer, Wageningen.
- Kuiters L., Huiskes R. & Hazebroek E. 2006. *Is het hamstervriendelijke beheer ook gunstig voor de akkerflora? Flora-inventarisaties van de hamsterkerntuinen in de periode 2002–2005*. *Natuurhistorisch Maandblad* 95(4): 85–92.
- Kuiters L., La Haye M., Müskens G. & Van Kats R. 2010. *Perspectieven voor een duurzame bescherming van de hamster in Nederland*. Rapport Alterra 2022, Wageningen, Nederland.
- Kupfermager C. 2007. *Populationsdynamik und Habitatnutzung des Feldhamsters (*Cricetus cricetus*) in Südost-Niedersachsen*. Dissertation, Technischen Universität Carolo-Wilhelmina zu Braunschweig, Deutschland.
- La Haye M.J.J., Müskens G.J.D.M., Van Kats R.J.M., Kuiters A.T. & Siepel H. 2010. *Agri-environmental schemes for the Common hamster (*Cricetus cricetus*). Why is the Dutch project successful?*

Aspects of Applied Biology 100: 117–124.

- La Haye M.J.J., Neumann K. & Koelewijn H.P. *Genetic drift and inbreeding in highly threatened populations of the Common hamster (*Cricetus cricetus*) in the western part of its European range*. Ingediend bij Conservation Genetics.
- La Haye M.J.J., Windig J. & Koelewijn H.P. (in voorbereiding) *Genetics of litter size in the recovery breeding program of the endangered Common Hamster (*Cricetus cricetus*) in the Netherlands*.
- Mercelis S. 2003. *Europese hamster*. In: Verkem et al. 2003. *Zoogdieren in Vlaanderen, Ecologie en verspreiding van 1987 tot 2002*. Natuurpunt Studie & JNM-Zoogdierenwerkgroep, Mechelen & Gent, België.
- Mitchell-Jones A.J., Amori G. & Bogdanowicz W. 1999. *The Atlas of European Mammals*. Poyser, London.
- Müskens G.J.D.M., Kats R.J.M. & Kuiters A.T. 2008. *Reintroduction of the Common hamster, *Cricetus cricetus*, in the Netherlands. Preliminary results*. In: *Proceedings of the 11th, 14th, 15th Meeting of the International Hamster Workgroup*; Budapest, Hungary (2003), Munsterschwarzach, Germany (2006) and Kerkrade, the Netherlands (2007). Wageningen/Nijmegen, the Netherlands. Part I, p. 33–40.
- Müskens G.J.D.M., La Haye M. & van Kats R.J.M. 2005. *Reestablishment of a viable network-population of the common hamster in south-Limburg, the Netherlands: impact of crop-management and survival strips on burrow density in the release sites. Preliminary results*. *Proceedings of the 12th International Hamster Congress*. October, 2004. Strasbourg, France.
- Neumann K. & Jansman H. 2004. *Polymorphic microsatellites for the analysis of endangered common hamster populations (*Cricetus cricetus* L.)*. *Conservation Genetics* 5: 127–130.
- Neumann K., Michaux J.R., Maak S., Jansman H., Kayser A., Mundt G. & Gattermann R. 2005. *Genetic spatial structure of European common hamsters (*Cricetus cricetus*) - a result of repeated range expansion and demographic bottlenecks*. *Molecular Ecology* 14: 1473–1483.
- Out M, RJM van Kats, AT Kuiters, GJDM Müskens & MJJ La Haye (in druk) *Hard to stay undercover: seven years of crop management aiming to preserve the Common hamster (*Cricetus cricetus*) in the Netherlands*. *Saugetierkundliche Informationen: Proceedings of the 16th and 17th Meeting of the International Hamster Workgroup*; Ranis, Germany (2009), Gödollo, Hungary (2010).
- Pauly A. 2007. *Report on the status of the Common Hamster (*Cricetus cricetus*) in Germany*. Report published by the Council of Europe, Strasbourg.
- Schwartz M.K., Luikart G. & Waples R.S. 2007. *Genetic monitoring as a promising tool for conservation and management*. *Trends in Ecology and Evolution* 22: 25–33.
- Soulé M.E. 1986. *Conservation Biology: The Science of Scarcity and Diversity*. Sinauer Associates. 584 p.
- Swinnen K. 2010. *Doctoraal verslag*. Universiteit Antwerpen. *Analyse van de populatiedynamiek van de hamster *Cricetus cricetus**
- van Apeldoorn R.C. & Nieuwenhuizen W., m.m.v. Klein C.H., Douwel & Thomas P.L.L. 1998. *Overlevingsplan hamster (*Cricetus cricetus*): analyse van knelpunten, oplossingsrichtingen en voorwaarden voor een duurzame toekomst in Limburg*. Instituut voor Bos- en Natuuronderzoek IBN-DLO, Wageningen, Vereniging Das & Boom, Beek-Ubbergen en Natuurhistorisch Genootschap Limburg (Stichting de Lierelei), Maastricht.
- van Dongen R. 2004. *Het succes van Sibbe voor broedvogels en overwinterende akkervogels*. *Limburgse Vogels* 14.
- Verbeylen G. & Hens M. 2008. *Inventarisatie en monitoring van de Europese hamster (*Cricetus cricetus*) in Vlaams-Brabant in 2007*. Rapport Natuurstudie 2008/3, Natuurpunt Studie (Zoogdierenwerkgroep) i.s.m. Natuurpunt Natuurstudiegroep Dijkeland, Mechelen, België.
- Verbist V. 2008. *Restocking and protection of the European hamster in Flanders, preliminary results*. In: *Proceedings of the 11th, 14th, 15th Meeting of the International Hamster Workgroup*; Budapest, Hungary (2003), Munsterschwarzach, Germany (2006) and Kerkrade, the Netherlands (2007). Wageningen/Nijmegen, the Netherlands. Part III, p. 5-9.