

Genetische diversiteit van de Eikelmuispopulatie in het Savelsbos, Zuid-Limburg

Maurice La Haye



2019.19

Rapport van de Zoogdierverseniging
In opdracht van de provincie Limburg

Titel

Rapport nr.:	2019.19
Datum uitgave:	5-12-2019
Status	Definitief
Auteur:	Maurice La Haye
Illustraties:	Maurice La Haye
Kwaliteitscontrole:	Ellen van Norren
Productie:	Steunstichting VZZ, in rapport vermeld als de Zoogdiervereniging Bezoekadres: Toernooiveld 1 6525 ED Nijmegen Postadres: Postbus 6531 6503 GA Nijmegen Tel.: 024 7410500 secretariaat@zoogdiervereniging.nl www.zoogdiervereniging.nl
Gegevens opdrachtgever:	Provincie Limburg, cluster Natuur en Water Limburglaan 10 6229 GA Maastricht
Contactpersoon opdrachtgever	Ludy Verheggen

De Steunstichting VZZ is onderdeel van de Zoogdiervereniging

Dit rapport kan geciteerd worden als:

La Haye, M., 2019. Genetische diversiteit van de Eikelmuispopulatie in het Savelsbos, Zuid-Limburg. Rapport 2019.19. De Zoogdiervereniging, Nijmegen.

De Steunstichting VZZ, onderdeel van de Zoogdiervereniging, is niet aansprakelijk voor gevolgschade, alsmede voor schade welke voortvloeit uit toepassingen van de resultaten van werkzaamheden of andere gegevens verkregen van de Zoogdiervereniging; opdrachtgever vrijwaart de Stichting VZZ voor aanspraken van derden in verband met deze toepassing. Niets uit dit rapport mag worden veeleenvoudigd en/of openbaar gemaakt worden d.m.v. druk, fotokopie, microfilm of op welke andere wijze dan ook, zonder voorafgaande schriftelijke toestemming van de opdrachtgever hierboven aangegeven en de Zoogdiervereniging, noch mag het zonder een dergelijke toestemming worden gebruikt voor enig ander werk dan waarvoor het is vervaardigd.

Inhoudsopgave

1	INLEIDING	5
2	MATERIAAL EN METHODEN	6
3	RESULTATEN	7
3.1	VERGELIJKING MET REFERENTIE POPULATIES	7
3.2	VERGELIJKING IN DE TIJD.....	7
3.3	ADVIEZEN VAN HET SENCKENBERG.....	9
4	DISCUSSIE EN CONCLUSIE.....	10

Samenvatting

De genetische analyse van de DNA-samples van de populatie eikelmuisen uit het Savelsbos die in 2019 is uitgevoerd laat zien dat de genetische variatie in het Savelsbos lager is dan in buitenlandse referentie populaties. De populatie is geïsoleerd en in de afgelopen jaren is de genetische variatie licht gedaald. De situatie is niet zo zorgwekkend dat op korte termijn genetische problemen ontstaan (bijvoorbeeld een kleinere worpgrootte, minder worpen, een korte levensduur of anderszins). Op de wat langere termijn kan de genetische diversiteit wel afnemen tot een problematisch niveau. Een verdere verlaging van de genetische diversiteit is ongewenst en moet voorkomen worden. Om verlies aan genetische variatie te voorkomen is het op de eerste plaats belangrijk dat de aantallen eikelmuisen in het Savelsbos toenemen, zodat de afname van genetische variatie door 'genetic drift' of inteelt wordt gestopt.

1 Inleiding

In het Savelsbos bevindt zich één van de laatste populaties eikelmuisen van Nederland. Het populatieverloop wordt door de Zoogdierverseniging sinds 2009 gevolgd, waarbij dieren worden gevangen en gemerkt. Van alle gevangen eikelmuisen zijn DNA-samples (haren) verzameld en ook van dood gevonden exemplaren wordt weefsel verzameld. Door een genetische analyse van deze samples kan duidelijk worden wat de genetische diversiteit is in het Savelsbos. Gezien de lage aantallen individuen die de laatste jaren worden gevangen zijn er zorgen over de genetische diversiteit en hoe de genetische diversiteit zich in de afgelopen jaren heeft ontwikkeld. De verwachting is dat de genetische diversiteit beperkt van omvang zal zijn (in vergelijking met andere eikelmuispopulaties) en dat de genetische diversiteit in de loop van de tijd is afgenomen (door de geringe omvang van de populatie). Op basis van de uitkomsten van de genetische analyse kan bekeken of extra beschermingsmaatregelen nodig zijn en hoe de eventuele knelpunten opgelost kunnen worden.

2 Materiaal en methoden

De DNA-samples die in de periode 2009-2018 door de Zoogdierverseniging zijn verzameld (n= 137), zijn in 2019 geanalyseerd door het Senckenberg Instituut uit Gelnhausen (Hessen, Duitsland). De onderzoeksvraag was om de genetische variatie in de loop van de tijd te bekijken en de genetische variatie van de populatie in het Savelsbos te vergelijken met andere populaties eikelmuisen (uit het buitenland).

Het aantal beschikbare merkers waarnaar gekeken kon worden was beperkt tot zes, omdat er tot op heden niet meer genetische merkers ontwikkeld zijn voor de eikelmuis. Voor de analyse is daardoor gebruik gemaakt van een relatief klein aantal microsatteliet-merkers, waardoor bijvoorbeeld een zeer nauwkeurige verwantschapsanalyse niet mogelijk was. Wel is het mogelijk om op basis van deze analyse algemene conclusies te trekken over hoe het gaat met de genetische variatie in de populatie en in hoeverre de genetische variatie van de populatie in het Savelsbos afwijkt van andere populaties en de noodzaak tot behoud of versterking van de populatie vanuit genetisch oogpunt.

Tabel 1: overzicht van het aantal samples, per jaar, die in het Savelsbos zijn verzameld en geanalyseerd.

Verzameld in jaar	Aantal samples
2009	7
2010	37
2012	32
2013	7
2014	12
2015	21
2016	18
2018	3
Totaal	137

3 Resultaten

3.1 Vergelijking met referentie populaties

De analyse van de samples met behulp van zes microsatellieten toont aan dat sprake is van één grote populatie met een ‘genetische mix’ van een natuurlijke populatie met voortplanting (de DNA-samples en allelen laten een natuurlijk patroon in frequentie en variatie zien en geen opdeling in kleinere deelpopulaties). In vergelijking met buitenlandse referentie-populaties is er wel sprake van een lagere genetische diversiteit (tabel 2). In de populatie in het Savelsbos zijn vijf ‘private alleles’ (unieke allelen) aanwezig die niet in andere populaties zijn aangetroffen.

Tabel 2: Resultaten van de genetische analyses op basis van de microsatellieten. N = aantal samples; pA = aantal ‘private alleles’; AE = effectieve aantal allelen; Ho = ‘observed heterozygosity’; He = ‘expected heterozygosity’.

Herkomst	N	pA	AE	Ho	He
België	5	0	2.5	0.54	0.63
Frankrijk	3	3	3.2	0.67	0.8
Hessen (D)	32	3	3.0	0.52	0.67
Rheinland-Pfalz (D)	32	1	3.6	0.59	0.73
Savelsbos (2009-2018)	137	5	2.2	0.34	0.43

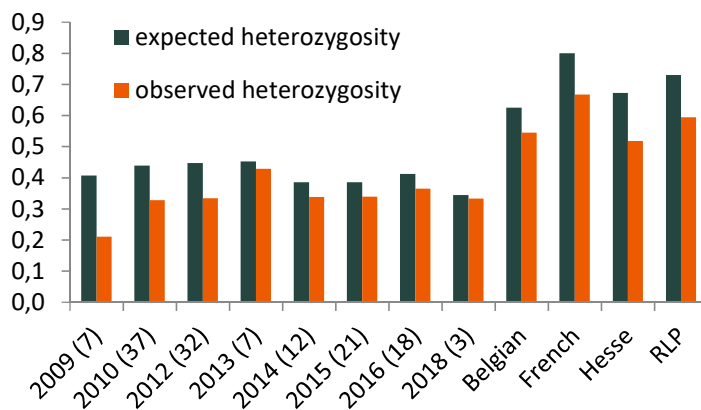
3.2 Vergelijking in de tijd

In de loop van de tijd zijn een groot aantal samples verzameld, waardoor het mogelijk is om het verloop van de genetische variatie door de jaren heen te bekijken. Met name in de jaren 2010 en 2016 zijn grotere aantallen samples verzameld wat het mogelijk maakt om de heterozygotie tussen jaren te vergelijken. De heterozygotie geeft aan in hoeverre individuen twee verschillende allelen hebben van een specifieke microsatelliet. Het is daarmee een maat voor de genetische variatie. In 2010 was de ‘expected heterozygosity’ (He) 0.44 en de ‘observed heterozygosity’ (Ho) 0.33. In 2016, dus enkele jaren later, was de ‘expected heterozygosity’ (He) 0.41 en de ‘observed heterozygosity’ (Ho) 0.37. Deze verschillen zijn marginaal. De ‘Exact-test’, om afwijkingen van het ‘Hardy-Weinberg Equilibrium (HWE)’ aan te tonen, geeft bovendien aan dat er geen significant verschil is tussen de ‘He’ en ‘Ho’ in beide jaren en dat sprake is van een stabiele genetische variatie in de populatie.

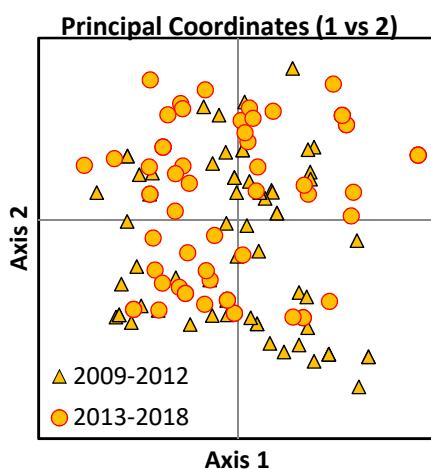
De stabiele genetische variatie geeft aan dat er geen immigratie optreedt (er komen geen nieuwe dieren met ‘onbekend’ DNA de populatie binnen) en dat de populatie niet door een ‘bottle-neck’ is gegaan. Er is dus in de afgelopen jaren geen sprake geweest van immigratie van nieuwe individuen of een sterke (tijdelijke) afname van de populatiegrootte.

Dit resultaat wordt ook bevestigd in figuur 1 waarin de ‘He’ en ‘Ho’ per jaar zijn weergegeven en in figuur 2 waarin de samples uit de periode 2009-2012 worden vergeleken met de samples uit de periode 2013-2018 met behulp van een PCA-diagram. In figuur 2 stelt elk bolletje of driehoekje een sample voor, waarbij samples die genetisch sterk op elkaar lijken dicht bij elkaar worden geplott. Het PCA-diagram laat zien dat de samples in beide periodes overlappen en één grote puntenwolk vormen, wat aangeeft dat er geen verschil is in genetische variatie tussen beide periodes.

Desondanks is er toch een lichte achteruitgang in de genetische variatie gevonden, omdat in de periode 2009-2012 vijf allelen zijn gevonden die niet meer aangetroffen zijn in de periode 2013-2018 (op een totaal van 32 verschillende allelen). Dat wijst erop dat er sprake is van een lichte afname van de genetische variatie.



Figuur 1. De ‘expected heterozygosity’ (He) en de ‘observed heterozygosity’ (Ho) van de populatie eikelmuisen in het Savelsbos in de periode 2009 t/m 2018 en de heterozygotie (He en Ho) van de buitenlandse referentie populaties.



Figuur 2. In deze PCA staan alle samples uit de periode 2009-2012 (driehoekjes) en de periode 2013-2018 (bolletjes). Samples die vrijwel dezelfde genetische variatie hebben staan dicht bij elkaar. De symbolen van beide periodes overlappen, wat aangeeft dat er geen verschil is in genetische variatie

tussen beide perioden.

3.3 Adviezen van het Senckenberg Institute

Op basis van de resultaten heeft het Senckenberg Institute het volgende advies gegeven:

“We suggest to further conduct a genetic monitoring of the population and to set up a conservation breeding station and to exchange individuals from the wild and from captivity to increase the total size of the population and to avoid demographic and genetic bottlenecks in the future.”.

4 Discussie en conclusie

De resultaten van de genetische analyse laten zien dat de populatie eikelmuisen in het Savelsbos in vergelijking met referentie populaties in het buitenland een lagere genetische variatie heeft. De populatie heeft ook geen contact met andere populaties, aangezien in de afgelopen jaren geen 'nieuwe' genetische variatie in de populatie is gevonden. De genetische variatie is zelfs licht afgenomen. Dit wijst erop dat de populatie op termijn gevoelig zal zijn voor inteelt. Vooralsnog lijkt de populatie genetisch 'voldoende gezond', maar het verloren gaan van specifieke allelen is een eerste signaal dat de genetische variatie afneemt.

Het huidige aantal beschikbare genetische merkers is onvoldoende om een betrouwbare 'effectieve' populatiegrootte te bepalen (de effectieve populatiegrootte is een maat voor hoe groot de populatie moet zijn om geen genetische variatie te verliezen), maar gezien de lichte achteruitgang van de genetische variatie is de huidige populatie in het Savelsbos te klein om verlies van genetische variatie te voorkomen.

De populatieschatting op basis van 'vangen-merken-terugvangen' geeft aan dat de populatie uit enige tientallen individuen bestaat (berekeningen van Jasja Dekker), wat beduidend meer is dan het jaarlijkse aantal individuen dat werkelijk wordt gevangen. Het aantal vangsten varieert van enkele dieren tot bijna 20, maar door de systematische aanpak van de vallen-monitoring is de omvang van de populatie wel goed modelmatig te schatten.

De populatie eikelmuisen in het Savelsbos is geïsoleerd en natuurlijke immigratie van nieuwe individuen vanuit andere populaties lijkt op voorhand onmogelijk, vooral door het feit dat nabije populaties niet bekend zijn, met uitzondering van de recent geïntroduceerde populatie op de Bemelerberg en de populatie in de Voerstreek (in het onderzoeksgebied van Goedele Verbeylen). Mogelijk dat er zich ook nog eikelmuisen bevinden op de Pietersberg aan de overzijde van de Maas.

Een natuurlijke uitwisseling van individuen met nabije populaties is echter een zaak van lange adem. Tussen de Bemelerberg, de Voerstreek en het Savelsbos bevinden zich weliswaar natuurlijke bosverbindingen, maar het is niet bekend in hoeverre deze bosgebieden kunnen fungeren als migratieroute voor eikelmuisen.

De recent bevestigde aanwezigheid van eikelmuisen bij 'Moerslag' (door J. Creuwels), een meer zuidelijk deel van het Savelsbos en op een afstand van 1 à 1,5 kilometer van het Rijckholtse deel van het Savelsbos, is op korte termijn veel interessanter. Het is mogelijk dat de eikelmuisen bij 'Moerslag' onderdeel zijn van één en dezelfde populatie en dat er uitwisseling is met de dieren bij Rijckholt. Door DNA-samples van eikelmuisen bij Moerslag te verzamelen en te analyseren kan duidelijk worden of sprake is van één of twee populaties.

Op dit moment neemt de genetische variatie in de populatie eikelmuisen in het Savelsbos

langzaam af, maar het is onwaarschijnlijk dat de genetische variatie nu al zo klein geworden is dat op korte termijn genetische problemen ontstaan (bijvoorbeeld een kleinere worpgrootte, minder worpen, een korte levensduur of anderszins). Op de wat langere termijn kan de genetische diversiteit wel afnemen tot een problematisch niveau. Een verdere verlaging van de genetische diversiteit is ongewenst en moet zoveel mogelijk voorkomen worden. Om verlies aan genetische variatie te voorkomen is het op de eerste plaats belangrijk dat de aantallen eikelmuisen in het Savelsbos toenemen, zodat de afname van genetische variatie door 'genetic drift' wordt gestopt. Het vergroten van de populatie zal moeten gebeuren door het optimaliseren van het leefgebied met behulp van beheeringrepen (zie voor een concrete uitwerking daarvan het Soortbeschermingsplan Eikelmuis).

Om de aantallen versneld te vergroten kan ook overwogen worden om enkele wildvang dieren uit het Savelsbos en Moerslag aan de kweek in GaiaZOO toe te voegen (als een aparte fokgroep), waarna de nakomelingen daarvan bijgezet kunnen worden in het Savelsbos. Dat zal de genetische variatie niet verhogen, maar kan wellicht wel bijdragen aan het op peil houden van de aantallen en daarmee het behoud de genetische variatie van de populatie eikelmuisen in het gebied.