

NHM JULI

ARTIKEL NAAR ARJAN: 03-04-2014/ 27-05-2014

# Verwantschap en herkomst van de Limburgse populaties van het Wild zwijn

Arjen de Groot, ALTERRA – Wageningen UR, Postbus 47, 6700 AA, Wageningen

Hugh Jansman, ALTERRA – Wageningen UR, Postbus 47, 6700 AA, Wageningen

Tim Hofmeester, Resource Ecology Group, Wageningen UR, Postbus 47, 6700 AA, Wageningen

Het Wild zwijn (*Sus scrofa*) [figuur 1] mag in Limburg officieel alleen voorkomen in Nationaal Park De Meinweg en een deel van het Meerlebroek ten noorden van Swalmen. Hierbuiten geldt een nulstandbeleid: zwijnen worden in principe niet getolereerd en mogen worden afgeschoten. Op veel plaatsen in dit nulstandsgebied worden echter Wilde zwijnen waargenomen en hun aantallen nemen bovendien toe. Deels betreft het mogelijk rondzwervende dieren uit de Meinweg, Duitsland of België, maar het idee bestaat dat inmiddels op meerdere plaatsen sprake is van zelfstandige lokale populaties. De Provincie Limburg vroeg Alterra om onderzoek te doen naar de dynamiek van deze nieuwe populaties en om hun herkomst te achterhalen.

## UITBREIDING

Het Wild zwijn kwam in de afgelopen eeuw vrijwel uitsluitend voor in het Meinweggebied en op de Veluwe. In Duitsland en België zijn grotere leefgebieden te vinden. Gevestigde individuen in populaties blijven doorgaans erg plaatstrouw (GROOT BRUINDERINK *et al.*, 2000), maar vanaf eind jaren negentig is het Wild zwijn toch aan een opmars begonnen [figuur 2] waarbij ook buiten deze leefgebieden voortplanting is vastgesteld (AKKERMANS, 2010). Waarschijnlijk is dit voornamelijk het gevolg van een groei van de populatie in de oude leefgebieden (LENDERS & JANSSEN, 2010), waardoor jonge dieren gedwongen werden om te vertrekken uit het territorium van hun ouders. Deze populatiegroei is mogelijk te relateren aan het opwarmende klimaat, dat zorgt voor een beter voedselaanbod (meer mastjaren), een langere voortplantingsperiode (meer worpen per jaar) en minder wintersterfte. Een tweede mogelijkheid is

dat nieuwe populaties zijn ontstaan door de introductie van dieren door mensen.

Momenteel komen in grote delen van Limburg Wilde zwijnen voor: met name in de Meinweg en de aangrenzende Roerstreek, maar ook in de Kop van Limburg, ten westen van de Maas en in Zuid-Limburg [figuur 2]. Echter, het nulstandbeleid wordt vooralsnog gehandhaafd, met name vanwege de overlast die de aanwezigheid van zwijnen kan opleveren, vooral door aanrijdingen en schade aan gewassen. Voor een afgewogen beleid is een beter beeld van de overlevingskansen en uitbreidingsmogelijkheden van Wilde zwijnen in Limburg nodig waarbij aandacht is voor ontsnippering en kwaliteitsverbetering van de leefgebieden, met tevens nadrukkelijk inperking van de schade. Recent onderzocht Alterra welke gebieden in Limburg het meest geschikt zijn als leefgebied voor een duurzaam aanwezige populatie (GROOT BRUINDERINK *et al.*, 2011; LAMMERTSMA *et al.*, 2012). Daarnaast is relevant om na te gaan op welke wijze deze gebieden momenteel bevolkt zijn geraakt en in hoeverre het Limburgse landschap verdere verspreiding en uitwisseling tussen populaties toelaat. In opdracht van de Provincie Limburg heeft Alterra een genetische studie verricht om een antwoord te vinden op deze nieuwe vragen (JANSMAN *et al.*, 2013).

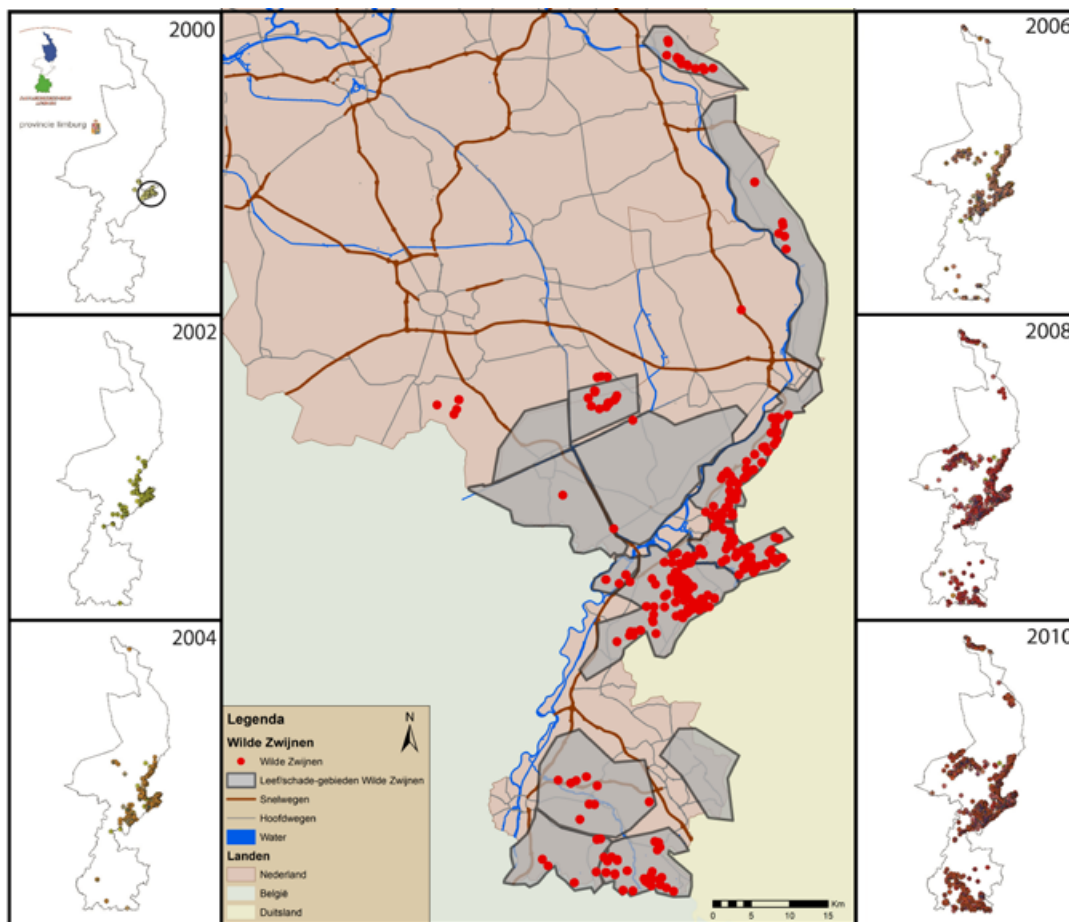
## GENETISCH ONDERZOEK

Na de eerste signalen van een uitbreidende populatie in Limburg is op verzoek van Alterra door lokale beheerders en jagers gestart met het nemen van DNA-monsters voor toekomstig genetisch onderzoek. In de periode 2006-2010 zijn ruim 600 monsters verzameld van dieren die waren gedood als gevolg van aanrijdingen of



FIGUUR 1

Een groep wilde zwijnen (*Sus scrofa*) (foto: Luuk Belgers).



FIGUUR 2  
Vindplaats van de in Limburg bemonsterde Wilde zwijnen (*Sus scrofa*) die werden meegenomen in dit onderzoek (grote kaart), en een overzicht van de uitbreiding van het aantal meldingen van Wilde zwijnen in Limburg tussen 2000 en 2010 (kleine figuren aan linker en rechterzijde; copyright: Faunabeheereenheid Limburg).

jacht. Het accent lag op het verkrijgen van een representatief beeld van de genetische status van de Wilde zwijnen op de Meinweg en daarnaast het zo volledig mogelijk bemonsteren van de overige gebieden. De monsters werden op basis van hun vindplaats ingedeeld in een zestal Limburgse populaties: de Kop van Limburg, de Maasduinen, de Meinweg, de zuidelijke Roerstreek, de Grote Peel en Zuid-Limburg. Deze veronderstelde populatie-indeling was gebaseerd op huidige hotspots van Wilde zwijnen en de ligging van mogelijke barrières voor verspreiding zoals grotere wegen, rivieren en steden.

Op dezelfde wijze werden monsters verkregen van de Veluwe en uit Noord-Brabant (Leenderbos en Brabantse Peel). Deze populaties worden hier slechts zijdelings behandeld, maar komen uitgebreider aan bod in het Alterra-rapport (JANSMAN *et al.*, 2013). Veluws materiaal is relevant als referentie voor de genetische status van de nieuwe populaties, aangezien het hier een oudere en veel grotere populatie betreft. Om dezelfde reden werd een samenwerking opgezet met het Vlaamse Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek (INBO) en de Waalse Service Public de Wallonie, die Belgische monsters aanleverden. Monsters van Duitse dieren zijn verkregen via WUR-promovendus Daniel Goedbloed (GOEDBLOED *et al.*, 2012) en via het Landesbetrieb Wald und Holz, Nordrhein-Westfalen (Michael Petrak en Lutz Walburga).

Van elk dier werd een genetisch profiel bepaald met behulp van veertien microsatelliet-merkers. Dit zijn korte regionen in het DNA waarvan bekend is dat ze een zekere variatie in lengte vertonen. Door elke lengtevariant een eigen code of nummer te geven, is voor elk individu een profiel op te stellen van diens genetische samenstelling. Met dit type merkers, dat op grote schaal wordt toegepast

voor onderzoek aan bedreigde planten- en diersoorten (zie bijvoorbeeld FRANKHAM *et al.*, 2010), is het mogelijk om zelfs nauw verwante individuen binnen populaties van elkaar te onderscheiden op basis van hun eigen genetische profiel.

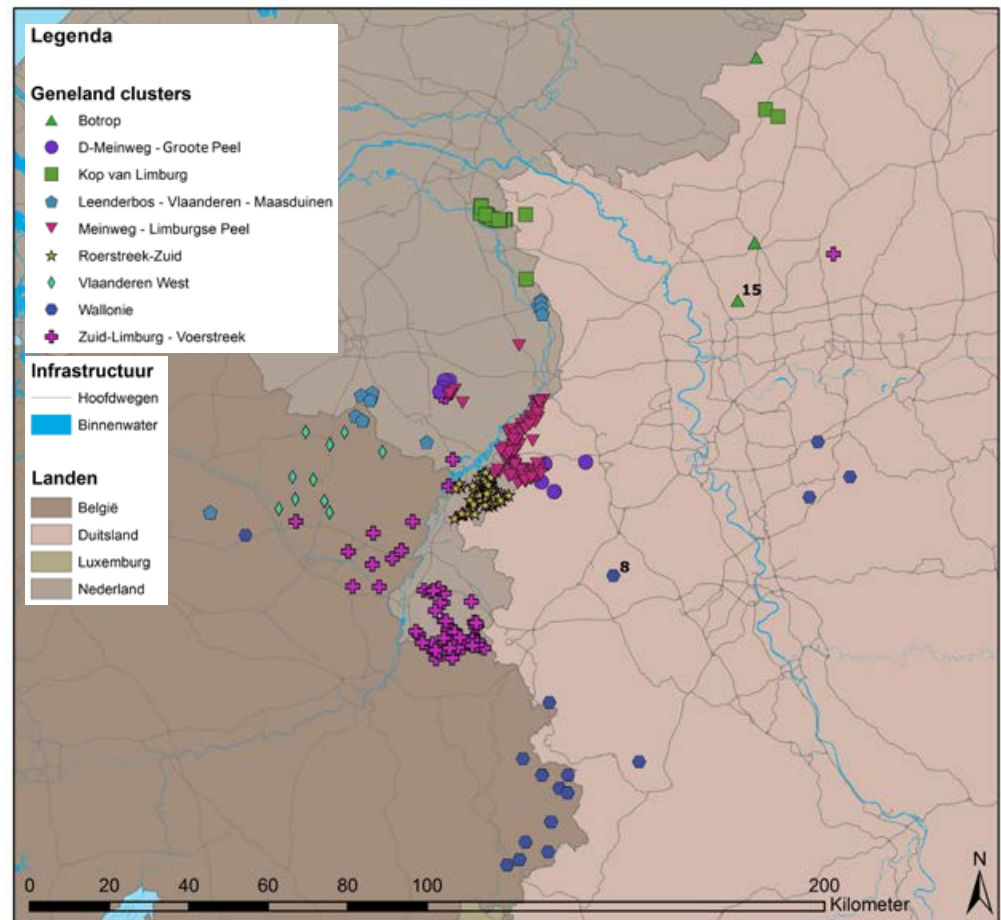
#### DUIDELIJKE POPULATIESTRUCTUUR

De in dit onderzoek verkregen profielen zijn zeer bruikbaar voor het meten van onderlinge verwantschappen, zowel tussen specifieke individuen als vooral ook tussen groepen van individuen. Tegenwoordig zijn geavanceerde computerprogramma's beschikbaar die helpen bij het vaststellen van de populatiestructuur. Het in dit onderzoek toegepaste programma, GENELAND (GUILLOT *et al.*, 2005), bepaalt in hoeveel verschillende genetische clusters de bemonsterde individuen het beste te verdelen zijn. Vervolgens wordt ieder individu aan een cluster toegewezen. De uitkomst van deze analyse is af te lezen in figuur 3. Opvallend is dat vijf van de zes vooraf veronderstelde populaties inderdaad als aparte genetische clusters uit de bus komen. Dit wordt bevestigd door paarsgewijze verwantschappen tussen de zes groepen [tabel 1], die in de meeste gevallen een redelijk tot groot verschil in genetische samenstelling indiceren. Een uitzondering is de Peel-regio, waar een aantal individuen sterk verwant lijkt te zijn aan de dieren in de Meinweg. In de overige gevallen is de conclusie dat er inderdaad sprake is van afzonderlijke populaties met een verschillende genetische signatuur.

Een belangrijke vraag blijft echter of deze relatief kleine populaties in de toekomst zullen kunnen voortbestaan (BUIJTEVELD & KOELEWIJN, 2006). Dit hangt onder meer af van hun genetische diversiteit en de

FIGUUR 3

Indeling van de bemonsterde Wilde zwijnen (*Sus scrofa*) in verschillende genetische clusters, op basis van een analyse met het computerprogramma GENELAND. Dit programma gebruikt zowel genetische profielen als geografische positie van de monsters in een dataset om de genetische substructuur in een landschap te bepalen. Wanneer ook de dieren uit Noord-Brabant en de referentiepopulaties op de Veluwe, in België en Duitsland werden meegenomen, suggereerde GENELAND in totaal negen genetische clusters. Bijna alle Limburgse populaties werden hierbij in een ander cluster ingedeeld.



mate waarin deze diversiteit op peil kan worden gehouden door uitwisseling van dieren tussen populaties. Ook blijft het de vraag wat de oorzaak is van het verschil in samenstelling tussen de populaties buiten de Meinweg. Wordt Limburg langs meerdere wegen gekoloniseerd of zijn andere verklaringen mogelijk? Ook hierover geven de resultaten van dit onderzoek meer duidelijkheid.

### GENETISCHE DIVERSITEIT EN INTEELT

Tabel 2 geeft een overzicht van de genetische variatie in de Limburgse populaties en de referentiepopulaties op de Veluwe, in België en Duitsland. Een lage diversiteit in een populatie kan op termijn diens overlevingskans beperken. Genetische variatie uit zich in een verschil in eigenschappen tussen individuen. Afhankelijk van de omgevingscondities zullen individuen met een bepaalde set eigenschappen in het voordeel zijn. Echter, hoe minder verschil in eigenschappen binnen een populatie, hoe kleiner de kans dat tenminste een deel van de populatie zich weet aan te passen aan veranderende omstandigheden. Dit is een risico, eens te meer in de huidige tijden waarin de natuur aan sterke veranderingen onderhevig is. Een tweede risico is het optreden van schadelijke inteelteffecten, doordat paringspartners binnen een populatie steeds sterker aan elkaar verwant raken. Hoe groot dit risico is, is in zekere mate te schatten aan de hand van de heterozygositeit, een maat voor de genetische variatie in een populatie.

Gemiddeld blijken de Limburgse populaties genetisch iets armer te zijn dan de grotere referentiepopulaties. Dit is niet onlogisch voor populaties die waarschijnlijk recent zijn ontstaan uit een gering aantal individuen. De scenario's A en B in het kader laten schematisch zien wat er gebeurt als een klein aantal individuen vanuit een bronpopulatie een nieuw gebied koloniseert. De genetische samen-

stelling van de nieuwe populatie zal in eerste instantie slechts bestaan uit een beperkt deel van de variatie in de bronpopulatie, namelijk slechts de varianten die deze kolonisten in zich droegen. Dit principe wordt het *founder effect* genoemd. Het gevolg is vaak een relatief lage variatie, die voortduurt totdat aanvullende genetische varianten zijn binnengekomen door uitwisseling met andere populaties.

Ook het niveau van heterozygositeit blijkt in de Limburgse populaties iets verlaagd ten opzichte van de referentiepopulaties [tabel 1]. Echter, zowel voor de hoeveelheid variatie als de heterozygositeit geldt dat de gevonden waarden op dit moment geen reden tot zorg zijn aangezien de trend van het Wild zwijn een toenemende is zodat genetische versterking op termijn aannemelijk zal zijn. Veel theoretisch en empirisch onderzoek heeft echter al laten zien dat in kleine populaties zowel de variatie als de heterozygositeit relatief snel kunnen teruglopen (zie bijvoorbeeld BUITEVELD & KOELEWIJN, 2006). Of dit in de toekomst bij de Limburgse Wilde zwijnen het geval zal zijn hangt af van de mate waarin uitwisseling met andere populaties mogelijk is en blijft.

### (ON)NATUURLIJKE IMMIGRATIE?

Om meer zicht te krijgen op de herkomst van de verschillende zwijnenpopulaties in Limburg buiten de Meinweg zijn de relatieve verwantschappen tussen de populaties in Limburg en omgeving verder onder de loep genomen. De uitkomsten van het programma GENELAND bieden hierbij een eerste indicatie. Verrassend is dat de Nederlandse- en Duitse Meinwegpopulaties op basis van geneti-

	Kop van Limburg	Maasduinen	Nederland -Meinweg	Roerstreek-Zuid	Peel	Zuid-Limburg	Veluwe	Duitsland -Bottrop	Duitse Meinweg	Duitsland -Overig	Vlaanderen -Onbepaald	Vlaanderen -Oost	Vlaanderen -Voeren	Vlaanderen -West	Wallonië
Kop van Limburg															
Maasduinen	0.17														
Nederland-Meinweg	0.12	0.19													
Roerstreek-Zuid	0.13	0.23	0.07												
Peel	0.15	0.25	0.04	0.09											
Zuid-Limburg	0.13	0.19	0.09	0.08	0.1										
Veluwe	0.12	0.2	0.16	0.18	0.21	0.13									
Duitsland-Bottrop	0.15	0.24	0.13	0.14	0.12	0.09	0.2								
Duitse Meinweg	0.1	0.21	0.05	0.11	0.05	0.1	0.16	0.12							
Duitsland-Overig	0.06	0.14	0.06	0.06	0.08	0.03	0.09	0.07	0.06						
Vlaanderen-Onbepaald	0.1	0.11	0.1	0.13	0.13	0.09	0.12	0.12	0.1	0.06					
Vlaanderen-Oost	0.14	0.17	0.14	0.15	0.17	0.07	0.13	0.13	0.13	0.05	0.08				
Vlaanderen-Voeren	0.15	0.2	0.13	0.14	0.15	0.06	0.16	0.09	0.12	0.06	0.08	0.05			
Vlaanderen-West	0.13	0.19	0.11	0.11	0.13	0.09	0.16	0.12	0.11	0.06	0.06	0.09	0.06		
Wallonië	0.08	0.14	0.07	0.07	0.08	0.04	0.11	0.07	0.06	0.01	0.07	0.06	0.06	0.07	

TABEL 1

Paarsgewijze verwantschappen tussen de bemonsterde populaties. De verwantschap is uitgedrukt met behulp van Fst-waarden: een maat voor het verschil in genetische samenstelling tussen populaties. Hoe hoger de Fst-waarde, hoe sterker het verschil, en hoe lager dus de onderlinge verwantschap. Een klein verschil ( $Fst \leq 0,05$ ; hoge verwantschap) is weergegeven in groen, een redelijk verschil ( $0,05 < Fst \leq 0,15$ ) in geel, en een groot verschil ( $0,15 < Fst \leq 0,25$ ) in rood.

sche en geografische kenmerken als aparte clusters worden aangemerkt. Dit duidt op enige genetische verschillen, wat betekent dat er of geen optimale onderlinge uitwisseling plaatsvindt of onvoldoende monsters zijn onderzocht. De verschillen zijn echter gering en de populaties zijn sterk aan elkaar verwant [Tabel 1]. Sommige dieren in de Peelregio vallen in hetzelfde cluster vallen als de populatie in de Nederlandse Meinweg. Een ander deel clustert samen met de Duitse Meinweg [figuur 3]. Al met al wijst dit erop dat de Peel-regio gekoloniseerd is vanuit het grensoverschrijdende

Meinweggebied. De dieren in de Kop van Limburg lijken echter sterker verwant met dieren uit het Duitse achterland ten oosten van Nijmegen [figuur 3 en tabel 1]. Waarschijnlijk vindt deze populatie dus zijn oorsprong in Duitsland. Zowel verschillende clusteranalyses (JANSMAN *et al.*, 2013) als de hoge genetische variatie in de Kop van Limburg wijzen erop dat waarschijnlijk vanuit meerdere plekken in Duitsland immigratie is opgetreden.

De populatie in Zuid-Limburg lijkt min of meer één populatie te vormen met de zwijnenpopulatie net over de grens in Belgisch Limburg en de Voerstreek. Zuid-Limburg is waarschijnlijk in korte tijd vanuit deze beide gebieden gekoloniseerd. Een blijvende uitwisseling in de toekomst, vooral met het zuidoostelijk gelegen gebied (Voerstreek / Wallonië), is waarschijnlijk. Langs deze route staat de populatie via stapsgewijze uitwisseling in contact met de grotere populaties in de Duitse en Waalse bosgebieden (Eifel, Ardennen).

Het lijkt er dus op dat Limburg vanuit meerdere hoeken op natuurlijke wijze wordt gekoloniseerd, waarbij telkens gevestigde populaties in nabijgelegen oudere leefgebieden als bron optreden. Dit bevestigt het idee dat de populaties groeiende zijn waardoor dieren gaan zwerven. Tevens is het omliggende landschap mogelijk beter geschikt geworden voor Wilde zwijnen. In enkele gevallen is

	Populatie	A	Ho
Limburg	Kop van Limburg	3.4	0.43
	Maasduinen	2.5	0.45
	Nederland-Meinweg	3.7	0.46
	Peel	2.8	0.39
	Roerstreek-Zuid	3.3	0.41
	Zuid-Limburg	3.8	0.49
	Gemiddelde	3.3	0.44
Referentie	Veluwe	3.5	0.39
	Duitsland-Botrop	3.1	0.54
	Duitse Meinweg	2.9	0.44
	Duitsland-Overig	4.8	0.49
	Vlaanderen onbepaald	4.7	0.62
	Vlaanderen Oost	2.8	0.43
	Vlaanderen Voeren	3.8	0.45
	Vlaanderen West	4.1	0.48
	Wallonië	4.8	0.53
Gemiddelde	3.8	0.49	
Totaal	Gemiddelde	3.6	0.47

TABEL 2

Genetische variatie (A), de geobserveerde heterozygositeit (Ho) per populatie. De genetische variatie is weergegeven als het gemiddelde aantal gevonden allelen (lengte-varianten) per merker. De geobserveerde heterozygositeit is berekend als het gemiddeld percentage individuen dat per merker twee verschillende varianten liet zien.

echter niet uit te sluiten dat er, tenminste ten dele, sprake is van onnatuurlijke aanwas.

Een eerste voorbeeld hiervan is de populatie in de Maasduinen. Deze populatie vertoonde meerdere eigenaardige uitkomsten in de genetische analyses. Paarsgewijze vergelijkingen [tabel 1] toonden aan dat de populatie sterk afwijkt van alle andere bemonsterde populaties. De GENELAND-analyse suggereert een verwantschap met het Leenderbos en Vlaanderen, maar ook deze verwantschap is opvallend zwak. Ook was in de Maasduinen een genetische variant aanwezig die in geen van de andere Limburgse populaties werd aangetroffen. Dit maakt een natuurlijke oorsprong uit een van de andere bemonsterde populaties onwaarschijnlijk [kader, scenario C]. Een grootschaliger bemonstering van de Duitse populaties zou echter nodig zijn om meer bewijs te krijgen voor een onnatuurlijke oorsprong. Een andere bijzondere situatie deed zich voor in de zuidelijke Roerstreek. Deze populatie vormde zowel in de GENELAND-analyse als in de verwantschapsanalyses een duidelijk aparte groep (JANSMAN *et al.*, 2013) en ook hier lieten paarsgewijze vergelijkingen een redelijke tot grote differentiatie ten opzichte van alle andere populaties zien. Het is niet uit te sluiten dat deze dieren vanuit het aangrenzende Meinweggebied komen, een volledig natuurlijke oorsprong lijkt echter niet voor de hand liggend. Enige vorm van kunstmatige introductie zou het waargenomen patroon het beste kunnen verklaren.

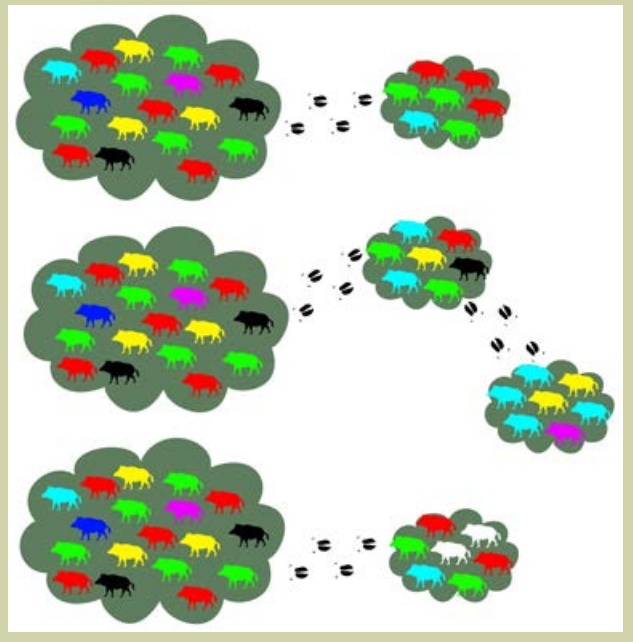
#### BEPERKTE BARRIÈRES VOOR VERSPREIDING

Wilde zwijnen kunnen aanzienlijke afstanden afleggen in hun zoektocht naar nieuw leefgebied (GROOT BRUINDERINK *et al.*, 2000). De waarschijnlijk natuurlijke kolonisatie van de Peel-regio vanuit de Meinweg en van Zuid-Limburg vanuit onder meer Belgisch Limburg laat zien dat ze zich hierbij niet laten tegenhouden door grote rivieren zoals de Maas, of grote autowegen als de A2 en A73. De bevinding dat de Wilde zwijnen in verschillende delen van Limburg in genetisch opzicht toch duidelijk afzonderlijke populatie vormen, lijkt dan ook niet zo zeer een gevolg van een gebrek aan dispersiemogelijkheden. Dit strookt met eerdere bevindingen dat Wilde zwijnen in eenmaal gevestigde populaties vrij honkvast zijn (GROOT BRUINDERINK *et al.*, 2000).

In enkele gevallen lijken bepaalde landschapselementen echter toch de uitwisseling tussen populaties te beïnvloeden. Een mooi voorbeeld lijkt de strikte populatiescheiding tussen de Meinweg en de zuidelijke Roerstreek, die volledig overeenkomt met de loop van de rivier de Roer [figuur 4]. De genetische resultaten duiden erop dat het verschil (ten dele) verklaart kan worden door een onnatuurlijke oorsprong van de populatie in de zuidelijke Roerstreek. Er lijkt echter wel sprake van een hindernis die het verschil de afgelopen jaren in stand heeft gehouden. Hoewel incidenteel zwijnen worden waargenomen die de rivier overzwemmen, komt dit blijkbaar toch onvoldoende voor om het verschil in genetische structuur teniet te doen. Waarden voor onderlinge genetische differentiatie [tabel 1] die hoog maar niet extreem hoog zijn, suggereren dat ook tussen de overige Limburgse populaties wel mondjesmaat uitwisseling plaatsvindt. Dit wordt bevestigd door de genetische variatie in de nieuw gevestigde populaties, die slechts ietsje lager is dan in hun waarschijnlijke bronpopulaties. Dit doet vermoeden dat geen sprake is geweest van eenmalige dispersie van een paar individuen, maar dat sinds die tijd met enige regelmaat nieuwe dieren de reis hebben gemaakt en zo de diversiteit hebben aangevuld. Gezien de blijvend hoge aantallen dieren in de oorspronkelijke brongebieden valt te verwachten dat

### Schematische weergave:

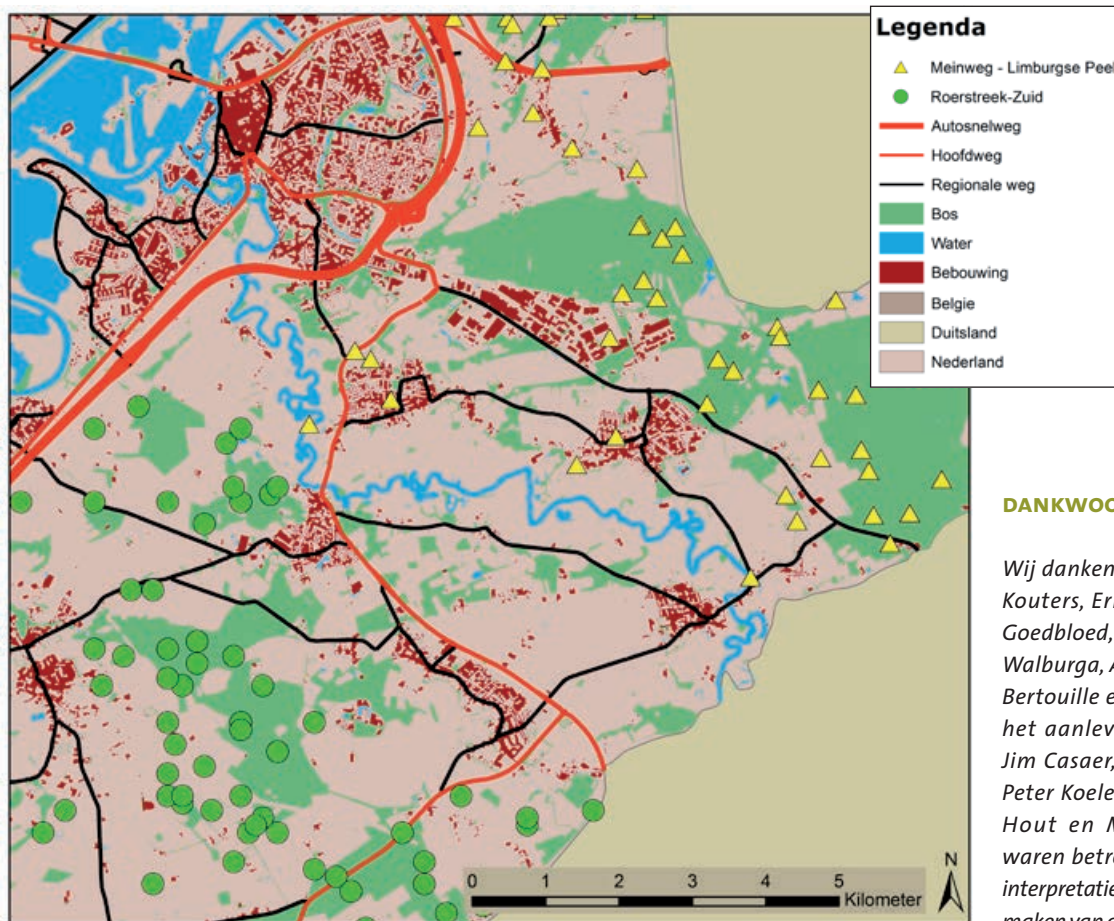
Schematische weergave van de verandering van genetische samenstelling tussen een of meer kleine nieuw gevormde populatie(s) en de bronpopulatie. Elke kleur geeft een genetische variant weer. Scenario A is het meest gangbaar, en laat het zogenaamde *founder effect* zien: migranten die een nieuwe populatie vestigen nemen slechts een gedeelte van de genetische variatie met zich mee. Hierdoor is een nieuwe populatie vaak genetisch armer. Scenario B is al iets complexer. Alle kleurvarianten in de middelste populatie komen ook voor in de grote buurpopulatie, echter de verhoudingen tussen de genetische varianten zijn sterk veranderd. Dit is goed te verklaren als gevolg van simpele toevalsfactoren, of natuurlijke selectie. In scenario C bevat de nieuwe populatie echter een variant (wit) die niet in de bronpopulatie voorkwam. Dit is lastiger te verklaren, hoewel door mutatie nieuwe varianten kunnen ontstaan, is de meest waarschijnlijke oorzaak introductie van dieren vanuit een tweede bron (met name als het nieuwe allel al direct in hoge frequentie voorkomt).



dergelijke dispersie ook in de toekomst zal blijven plaatsvinden en dat de nieuwe populaties op deze wijze een voldoende hoge genetische variatie zullen kunnen handhaven.

#### TOEKOMST

De resultaten van dit onderzoek tonen de kracht van genetische merkers om zicht te krijgen op de ruimtelijke verschillen in samenstelling en herkomst van groepen wilde dieren. Ook geeft het inzicht in de huidige en te verwachten risico's voor de vitaliteit van de populaties. Het is aan te bevelen om (een steekproef van) DNA-monsters te blijven verzamelen in de huidige en eventuele nieuwe vestigingsgebieden, om in de toekomst de herkomst en vitaliteit te kunnen blijven monitoren. Dergelijke langdurige monitoring kan laten zien in hoeverre verdere populatiegroei het gevolg is van lokale voortplanting, immigratie of illegale introductie.



FIGUUR 4

Indeling van Wilde zwijnen (*Sus scrofa*) in twee genetische clusters aan weerszijden van de rivier de Roer. Clusterindeling is gebaseerd op uitkomsten van het computerprogramma GENELAND.

#### DANKWOORD

Wij danken Gerrit Jan Spek, Cor Kouters, Erik Koffeman, Daniel Goedbloed, Michael Petrak, Lutz Walburga, Alain Licoppe, Sabine Bertouille en Céline Prévot voor het aanleveren van monsters. Jim Casaer, Peter Breyne, Hans Peter Koelewijn, Jasper van der Hout en Marinus Speelman waren betrokken bij analyse en interpretatie van de data en/of het maken van de figuren.

## Summary

### ORIGIN AND RELATEDNESS OF WILD BOAR POPULATIONS IN LIMBURG

Officially, Wild boars (*Sus scrofa*) are only occurring in Limburg within National Park De Meinweg. In practice, however, several groups of individuals are living in other parts of the province. Using a genetic study, it could be showed that these groups form clear independent populations. Most of them seem to have originated by means of natural colonisation, although for two of them (Maasduinen en Roerstreek-Zuid) artificial input may have contributed to the current variation. Levels of genetic diversity and heterozygosity were somewhat lower in the new populations than in the long established habitats. Yet, even the new populations are quite diverse. Levels of genetic differentiation indicate that exchange between the populations is not very common, but may occurs sufficiently often to maintain current levels of diversity. Landscape features like roads and rivers seem to be a hurdle rather than a true barrier.

## Literatuur

- AKKERMANS, R.W., 2010. Wild Zwijn *Sus scrofa*. In: C.E. Huizenga, R.W. Akkermans, J.C. Buys, J. van der Coelen, H. Morelissen & L.S.G.M. Verheggen, 2010. Zoogdieren van Limburg, verspreiding en ecologie in de periode 1980-2007. Stichting Natuurpublicaties Limburg, Maastricht.
- BUIDEVELD, J. & H.P. KOELEWIJN, 2006. Klein, en dan? Wat kan een beheerder doen met kleine en kwijnende populaties. Alterra-rapport 1250. Alterra, Wageningen.
- FRANKHAM, R., J.D. BALLOU & D.A. BRISCOE, 2010. Introduction to Conservation Genetics. Tweede editie. Cambridge University Press, Cambridge.
- GOEDBLOED, D.J., H.J. MEGENS, P. VAN HOOFT, J.M. HERRERO-MEDRANO, W. LUTZ, P. ALEXANDRI, R.P.M.A. CROOIJMANS, M. GROENEN, S.E. VAN WIEREN, R.C. YDENBERG, H.H.T. PRINS, 2012. Genome-wide single nucleotide polymorphism analysis reveals recent genetic introgression from domestic pigs into Northwest European wild boar populations. *Molecular Ecology* 22: 856-866.
- GROOT BRUINDERINK, G.W.T.A., D.R. LAMMERTSMA & R. POUWELS, 2000. De geschiktheid van natuurgebieden in Noord-Brabant en Limburg als leefgebied voor edelhert en wild zwijn. Alterra-rapport 086. Alterra, Wageningen.
- GROOT BRUINDERINK, G.W.T.A., D.R. LAMMERTSMA, R. POUWELS, M. VAN EUPEN, G.J. SPEK & J.G. OORD, 2011. Wilde zwijnen in Limburg – Wat zijn de consequenties van meer leefgebieden voor Wilde zwijnen in Limburg? Alterra-rapport 2207. Alterra, Wageningen.
- GUILLOT, G., F. MORTIER & A. ESTOUP, 2005. GENELAND: a computer package for landscape genetics. *Molecular Ecology Notes* 5 (3): 712-715.
- JANSMAN, H.A.H., T. HOFMEESTER, G.A. DE GROOT, I. LAROS, J. BOVENSCHEN, M. SPEELMAN, J. VAN DER HOUT, J. CASAER, P. BREIJNE & H.P. KOELEWIJN, 2013. De genetica van Wilde zwijnen in Limburg en Noord-Brabant: verspreiding, herkomst en verwantschap. Alterra-rapport 2404. Alterra, Wageningen.
- LAMMERTSMA, D.R., G.W.T.A. GROOT BRUINDERINK, R. POUWELS, M. VAN EUPEN, G.J. SPEK & J.G. OORD, 2012. Mogelijke gevolgen van nieuwe leefgebieden voor wilde zwijnen in Limburg. *Vakblad Natuur Bos Landschap*, jaargang 2012(3): 14-17.
- LENDERS, A.J.W. & P.W.A.M. JANSSEN, 2010. Populatieontwikkelingen bij Adders en Wilde zwijnen. Een onderzoek naar een mogelijk verband tussen de toename van het Wild zwijn en de afname van de Adder in het Meinweggebied. *Natuurhistorisch Maandblad* 99 (2): 27-37.