



DNA ONDERZOEK BIJ DE DAS

TE DE BILT



Ecologie



Rapportage DNA onderzoek bij de das

Opdrachtgever	Verwelius Projectontwikkeling Postbus 323 1270 AH Huizen
Rapportnummer	2949.005
Versienummer	D1
Status	Eindrapportage
Datum	3 oktober 2019
Vestiging	Zuid-Holland Max Euwelaan 21-29 3062 MA Rotterdam 010 - 7640828 rotterdam@econsultancy.nl
Opsteller	C. van Tuijl, MSc
Paraaf	
Kwaliteitscontrole	M.C. de Visser, MSc
Paraaf	



Kwaliteitszorg

Econsultancy is lid van het Netwerk Groene Bureaus (NGB). Het NGB is een vereniging van ecologische advies- en -onderzoeksbureaus en werkt aan de kwaliteit van advisering gericht op natuur, landschap, water, milieu en ruimte en behartigt de belangen van groene adviesbureaus. Het Netwerk hanteert een gedragscode die opdrachtgevers en andere belanghebbenden een basis biedt om de leden aan te spreken op de kwaliteit van hun werk.

Econsultancy werkt volgens een dynamisch kwaliteits- en milieusysteem, zoals beschreven in het kwaliteits- en milieuhandboek. Ons kwaliteits- en milieusysteem is gecertificeerd volgens de eisen in de NEN-EN-ISO 9001 en NEN-EN-ISO 14001.

Betrouwbaarheid

Dit onderzoek is op zorgvuldige wijze uitgevoerd conform de toepasselijke en van kracht zijnde protocollen en richtlijnen voor onderzoek. Het onderzoek betreft echter een momentopname en geeft een inschatting van de aanwezigheid van beschermde soorten op de onderzoekslocatie. Het incidenteel voorkomen van beschermde soorten is nooit met zekerheid uit te sluiten. Econsultancy accepteert op voorhand geen aansprakelijkheid ten aanzien van mogelijke beslissingen die de opdrachtgever naar aanleiding van het door Econsultancy uitgevoerde onderzoek neemt.

INHOUDSOPGAVE

1	INLEIDING	1
2	GEBIEDSBESCHRIJVING	2
	2.1 Huidig gebruik onderzoekslocatie en omgeving	2
3	ONDERZOEKSMETHODIEK	3
4	ONDERZOEKSRESULTATEN	4
	4.1 Resultaten van onderzoek over de gehele Utrechtse populatie	4
	4.2 Resultaten van onderzoek, omgeving de Bilt	5
	4.2.1 Beukenburg	6
	4.2.2 Sandwijck	7
	4.2.3 Oostbroek	8
	4.2.4 Vollenhoven	9
5	DISCUSSIE	10
	5.1 Toepassing resultaten op Landgoed Sandwijck en beoogde ruimtelijke ontwikkeling... 11	
	BIJLAGE 1 FAUNAPASSAGES IN UTRECHT PER 2018	1

1 INLEIDING

Econsultancy heeft van Verwelius Projectontwikkeling opdracht gekregen voor het uitvoeren van een aanvullend ecologisch onderzoek dat in de omgeving van De Bilt.

Het aanvullend ecologisch onderzoek naar de das is uitgevoerd naar aanleiding van de resultaten van de quickscan flora en fauna die Econsultancy op de onderzoekslocatie heeft uitgevoerd (rapport 2949.002, d.d. 21 februari 2018, versie D2). In het kader van aanvullend ecologisch onderzoek naar beschermde soorten volgens de Wet Natuurbescherming (rapport 2949.004, d.d. 9 april 2019, versie D5) werd onderzoek uitgevoerd naar de das met behulp van wildcamera's. Deze methode bleek niet volledig toepasbaar te zijn op de locatie. Om een onderzoek op populatie niveau uit te voeren, is een onderzoek opgezet waarbij door het gebruik van DNA (afkomstig van weefsel en uitwerpselen) populatiegenetische structuren in kaart zijn gebracht. Dit onderzoek is uitgevoerd door Econsultancy in samenwerking met Datura Molecular Solutions en lokale dassen experts. Het onderzoek is gepubliceerd in juli 2019: *Genetic structure of populations in a fragmented landscape, how do barriers affect populations on genetic level?* (van Tuijl 2019), deze studie is tevens uitgevoerd voor de Resource Ecology Group van Wageningen University & Research. De studie dient als naslagwerk voor onderhavig rapport.

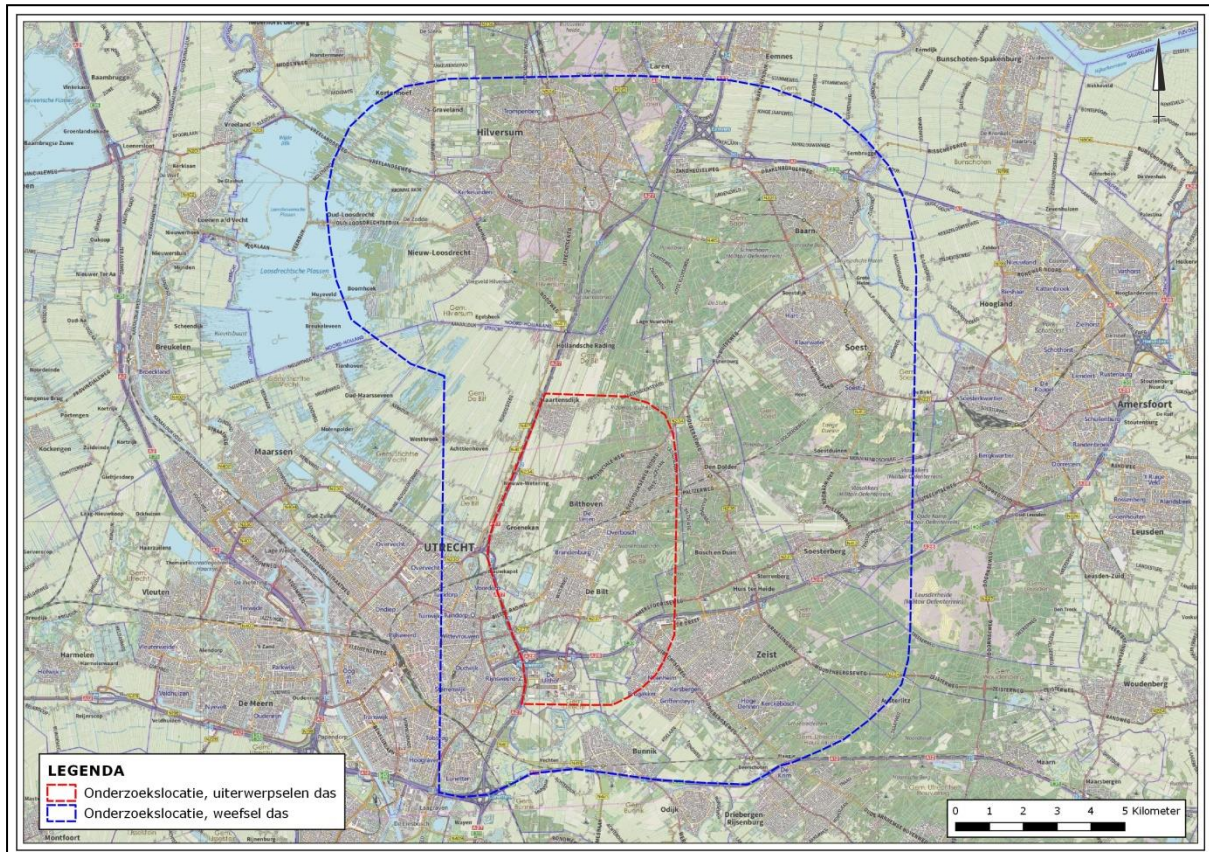
Door een groot deel van de Utrechtse populatie te behandelen in de studie is in eerste instantie een breed beeld verkregen van de genetische compositie van de populatie(s). Door op lokale schaal een analyse uit te voeren tussen aangrenzende families is getracht daartussen territoriumgrenzen vast te stellen even als territorium grootte (met name voor Sandwijkstra) en samenhang tussen families te toetsen.

Econsultancy is lid van de branchevereniging "Netwerk Groene Bureaus" en werkt volgens de door het Netwerk opgestelde gedragscode en protocollen.

2 GEBIEDSBESCHRIJVING

2.1 Huidig gebruik onderzoekslocatie en omgeving

De onderzoekslocatie waar monsters voor het onderzoek naar DNA populatiegenetische structuren zijn genomen van uitwerpselen betreft een groot gebied rondom De Bilt en Bilthoven (rode kader, figuur 1). De onderzoekslocatie waar weefselmonsters zijn genomen betreft het gebied tussen Hilversum en Bunnik (blauwe kader, figuur 1).



Figuur 1. Topografische ligging onderzoekslocatie.

De gehele onderzoekslocatie betreft de westelijke Utrechtse Heuvelrug. Binnen dit gebied liggen grote plaatsen als Hilversum, Utrecht en Zeist. Echter liggen er ook verschillende kleine plaatsen als Groenekan en Hollandsche Rading. Verschillende grote wegen (A27, A28) doorkruisen het gebied, evenals spoorlijnen en provinciale wegen. De westelijke Utrechtse Heuvelrug betreft een overgangsgedebied van hoge zandgrond met bossen naar lage, kleihoudende grond met graslanden. Op deze overgang is een rijk kleinschalig cultuurlandschap ontstaan met historische elementen als de Nieuwe Hollandse waterlinie en landgoederen.

3 ONDERZOEKSMETHODIEK

Aan de hand van monsters van weefsel en uitwerpselen van de das is een DNA studie uitgevoerd waarbij populatie structuur is onderzocht. Weefselmateriaal is verzameld in de periode 2011 – 2018 door lokale dassendeskundige Dhr. Jaap Mulder (Bureau Mulder-natuurlijk) (blauwe kader, figuur 1). Materiaal van uitwerpselen en haar is verzameld in de periode augustus – oktober 2018 (rode kader, figuur 1) van negen verschillende dassenfamilies, verspreid over zes veldbezoeken. Het toepassen van een studie waarbij DNA is gebruikt afkomstig van uitwerpselen is een non-invasieve methode die mogelijk kan leiden tot veel inzicht in het sociale leven van dassen.

In samenwerking met Datura Molecular Solutions, Wageningen, is het DNA van dassen verzameld uit de monsters en gebruikt voor genetische analyses. Voor de analyses zijn microsatellieten gebruikt die in eerdere, wetenschappelijke studies gebruikt zijn om populatie genetische structuren bij de das te onderzoeken: Mel102, Mel105, Mel106, Mel109, Mel111, Mel113, Mel117 en Zinc_y_ri (Carpenter *et al.* 2003, Frantz *et al.* 2003).

Verschiedende programma's zijn toegepast bij de DNA analyses: Geneious Prime, Structure v. 2.3.4 en Genepop v. 4.2. Met behulp van Geneious Prime zijn de lengtes van loci bepaald in basenparen (bp) en aan de hand daarvan zijn individuele dassen geïdentificeerd. Structure v. 2.3.4 is toegepast om de theoretische populaties te bepalen. Met behulp van Genepop v. 4.2 zijn populatie genetische parameters berekend.

Grenzen en omvang van territoria zijn getracht in kaart te brengen door individuen die op verschillende locaties zijn vastgesteld te plotten en te vergelijken tussen dassenfamilies. Een referentiekader werd per familie opgesteld door een select aantal monsters te verzamelen in latrines in de directe omgeving van de burcht. Deze zijn vergeleken met monsters die zijn verzameld verspreid door het gebied.

Een meer uitgebreide beschrijving van de methode is beschreven in van Tuijl (2019).

De medewerkers van Econsultancy zijn actief bij diverse organisaties en belangenbehartigers zoals 'Netwerk Groene Bureaus', Sovon, RAVON, VZZ, Vleermuiswerkgroep Nederland (VLEN) en meer. Econsultancy werkt volgens de door het netwerk opgestelde gedragscodes en protocollen.

In onderhavig rapport wordt een pilot studie omschreven die in overleg met specialisten van verschillende professionele expertise is opgesteld. Een samenwerking is opgezet met wetenschappers van de Universiteit Wageningen en het onderzoeksbureau Datura Molecular Solutions. Daarnaast is samengewerkt met lokale dassendeskundige dhr. Jaap Mulder (Bureau Mulder-natuurlijk), Hans Vink (Dassenwerkgroep Utrecht en 't Gooi), Hans Hoogewerf, Markus Feijen (Utrechts Landschap) en Dick van Beek (Gemeente de Bilt & Werkgroep Sandwijck).

Econsultancy werkt volgens een dynamisch kwaliteits- en milieusysteem, zoals beschreven in het kwaliteits- en milieuhandboek. Ons kwaliteits- en milieusysteem is gecertificeerd volgens de eisen in de NEN-EN-ISO 9001 en NEN-EN-ISO 14001."

4 ONDERZOEKSRESULTATEN

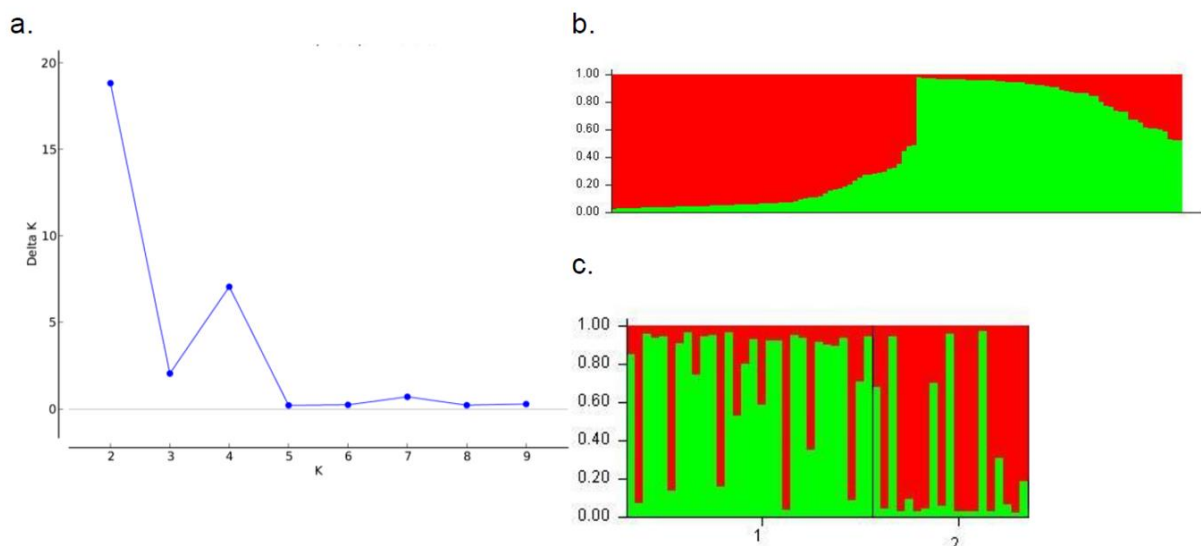
4.1 Resultaten van onderzoek over de gehele Utrechtse populatie

Zie ook: *'Genetic structure of populations in a fragmented landscape, how do barriers affect populations on genetic level? Van Tuijl 2019.*

Van het verzamelde weefselmateriaal bleek 96% bruikbaar voor vervolg analyses. Het DNA van de dassen is in 76% van de monsters van uitwerpselen succesvol geëxtraheerd. Hiervan is 46% van de monsters gebruikt voor vervolg analyses.

Populatiestructuur was bepaald aan de hand van resultaten van Genepop v. 2.3.4 die werden geïnterpreteerd met behulp van Evanno *et al.* (2015). Hiervoor werd de hoogste waarde van delta K gehanteerd, een theoretische benadering van de populatiesamenstelling (figuur 2a). De hoogste waarde van delta K lag bij $K = 2$. Dat wil zeggen dat binnen de populatie twee (sub)populaties aanwezig zijn. Dit is ook geïllustreerd in figuur 2b waarbij twee populaties (op basis van vergelijkbare allel distributie) zijn aangegeven. Het aandeel groen in het figuur geeft aan hoeveel samenhang het individu heeft met (sub)populatie 1, het aandeel rood geeft aan hoeveel samenhang het individu heeft met (sub)populatie 2. Omdat een groot deel van de populatie vrijwel geen samenhang heeft met populatie 1, en een ander deel van de populatie vrijwel geen samenhang heeft met populatie 2, is de meest waarschijnlijke onderverdeling dat de totale onderzochte populatie bestaat uit twee (sub)populaties.

Het verschil tussen (sub)populaties was het meest kenmerkend tussen populaties ten westen van de A27 (figuur 2c, 1; hierna: westelijke populatie) en ten oosten van de A27 (figuur 2c, 2; hierna oostelijke populatie). Waaruit volgt dat de genetische structuur van de westelijke populatie verschilt van de genetische structuur van de oostelijke populatie.



Figuur 2. Resultaten van Genepop 2.3.4 waarbij analyse is uitgevoerd naar populatiestructuur. In totaal zijn 2 (sub)populaties te onderscheiden (zie a. $K = 2$). Voor verschillende individuen geldt dat er vrijwel geen samenhang is met de andere (sub)populatie (zie b.). Het verschil in populatie structuur is met name voor de populaties aan weerszijde van de A27 (1, west; 2, oost) groot. (van Tuijl 2019)

De genetische diversiteit tussen de (sub)populaties aan weerszijde van de A27 verschilt sterk. Zo zijn verschillende allelen niet aanwezig in de westelijke populatie. De verhouding waarin allelen aanwezig zijn in beide populaties verschilt in enkele loci sterk (tabel 1). De geobserveerde heterozygositeit voor verschillende loci was lager dan verwacht, voor de westelijke populatie tot 15% lager (Mel106).

Tabel 1. In totaal werden 7 loci succesvol geanalyseerd voor het onderzoek naar genetische populatie structuur. De kolommen geven het aantal succesvol analyses (%), het aantal allelen (N), verwachte heterozygositeit (H_E) en geobserveerde heterozygositeit (H_O) aan. (vrij naar van Tuijl 2019).

Locus	Utrechtse populatie				Westelijke populatie				Oostelijke populatie			
	%	N	H_E	H_O	%	N	H_E	H_O	%	N	H_E	H_O
Mel102	94%	6	0.78	0.67	100%	5	0.68	0.63	91%	6	0.79	0.69
Mel105	97%	6	0.56	0.55	100%	4	0.56	0.58	95%	6	0.56	0.54
Mel106	95%	5	0.52	0.42	100%	3	0.52	0.37	93%	5	0.52	0.45
Mel109	100%	3	0.14	0.14	100%	2	0.07	0.07	99%	3	0.17	0.16
Mel111	90%	5	0.40	0.40	97%	2	0.45	0.55	87%	5	0.37	0.34
Mel113	97%	5	0.56	0.52	97%	3	0.54	0.62	96%	5	0.57	0.48
Mel117	99%	4	0.37	0.38	97%	2	0.24	0.28	99%	4	0.41	0.42

De totale populatie laat voor vijf van de zeven loci een te kort aan heterozygoten zien (ten opzichte van een Hardy-Weinberg equilibrium). Dit tekort is sterker voor de totale populatie dan voor de (sub)populaties aan weerszijden van de A27. Genetische differentiatie (de maat voor genetische variatie tussen subpopulaties, F_{st}) laat voor de zes van de zeven loci een lage differentiatie zien ($0 - 0,05$), voor één locus echter (Mel 102) is er sprake van gematigde differentiatie ($0,05 - 0,15$) (Hartl & Clark 1997) (tabel 2).

Tabel 2. Populatie parameters: maat voor afwijking van Hardy-Weinberg in subpopulaties (F_{is}), genetische differentiatie tussen subpopulaties (F_{st}), maat voor afwijking van Hardy-Weinberg voor totale populatie (F_{it}) (vrij naar van Tuijl 2019).

Locus	F_{is}	F_{st}	F_{it}
Mel102	0.1145	0.0595	0.1672
Mel105	0.0298	0.0035	0.0332
Mel106	0.1816	-0.0046	0.1778
Mel109	0.0494	0.0103	0.0592
Mel111	-0.0184	0.0361	0.0183
Mel113	0.0791	0.0059	0.0736
Mel117	-0.0402	0.0365	-0.0022
Totaal	0.0692	0.0219	0.0896

4.2 Resultaten van onderzoek, omgeving de Bilt

In de omgeving van de Bilt (zie figuur 1, rode kader) zijn uitwerpselen bemonsterd van negen verschillende dassenfamilies. In totaal zijn 43 verschillende individuen (25 beren, 18 zeugen) geïdentificeerd. Voor enkele families geldt dat hetzelfde individu verschillende malen is gedetecteerd in de DNA analyses. Deze individuen zijn hieronder geïllustreerd. Zowel verspreiding binnen het territorium (landgoed Sandwijck) als territoriumgrenzen (Vollenhoven) zijn in kaart gebracht met behulp van deze methode.

Voor de dassenfamilie bij De Bilt (aan de Biltse Rading) zijn drie individuen geïdentificeerd, alle drie beren. Een groot deel van de verzamelde monsters (haarmonsters) op deze locatie bleken niet bruikbaar te zijn. Op Landgoed Den Eijck zijn eveneens drie individuen geïdentificeerd, twee beren en een zeug. Deze dassen werden gevonden bij een latrine in de buurt van een faunapassage. Voor de dassenfamilies bij Ridderbosch, Twislaan en de Universiteitsweg werd steeds slecht één individu geïdentificeerd, respectievelijk twee zeugen en een beer. De das bij Ridderbosch werd tweemaal gevonden, dit was echter bij dezelfde latrine.

4.2.1 Beukenburg

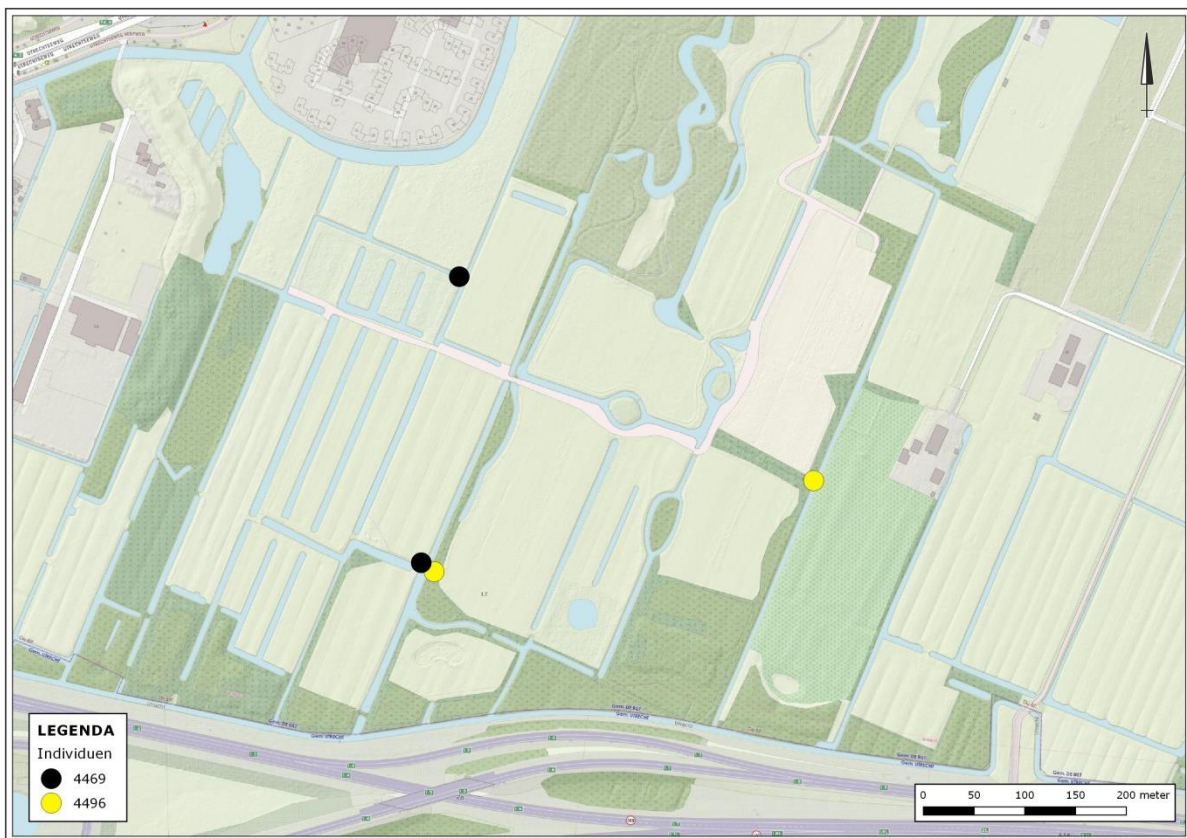
Voor de dassen familie op het landgoed Beukenburg werden in totaal vijf verschillende individuen geïdentificeerd, twee beren en drie zeugen. Hiervan zijn twee individuen op verschillende locaties gedetecteerd (figuur 3). Individuen die herhaaldelijk werden vastgesteld werden enkel in de nabijheid van de burcht gevonden en niet langs vermoedelijke territoriumgrenzen. Het is hierdoor liggen de locaties vrij dicht bij elkaar en zijn details over de volledige territorium grootte niet te achterhalen. De grootte van de familie is ook zeer waarschijnlijk groter dan het gevonden aantal individuen.



Figuur 3. Bij Beukenburg werden twee individuen meerdere malen gedetecteerd. Bij een latrine dichtbij de burcht en een latrine in de bosrand, mogelijk een knooppunt van wissels.

4.2.2 Sandwijkstraak

Op landgoed Sandwijkstraak zijn 10 verschillende individuen geïdentificeerd, vier beren en zes zeugen. Hiervan werden twee individuen, twee zeugen, meerdere malen gedetecteerd. Bij Sandwijkstraak werden geen grote latrines gevonden zoals op Beukenburg of landgoed Oostbroek (zie 4.2.3 Oostbroek). Latrines waren meer verspreid en bestonden uit enkele, of slechts één mestputje(s). Dit viel niet binnen de verwachting, daar bekend is dat het grote familie betreft (pers. contact Dick van Beek). Voor de familie Sandwijkstraak is zover mogelijk getoets of voorgaande inschattingen met betrekking tot territoriumgrenzen kloppen (zie rapport 2949.004, d.d. 4 april 2019, D5). Individueel 4469 is gevonden in een dicht bosje ten zuiden van het voormalig Hessingterrein. Dit individu volgde een west-oostelijk liggende wissel. Hetzelfde individu werd ook bij een 'oversteek' van een sloot gevonden. Bij deze zelfde 'oversteek', echter aan de overzijde, werd individu 4496 gevonden. Ditzelfde individu werd ook gevonden in een houtwal bij een maïsakker op het landgoed. Het is daarmee te stellen dat de hypothese van de omvang van het territorium, zoals deze is geopperd in het rapport 2949.004, correct is, al is het nog niet duidelijk waar de oostelijke grens ligt.



Figuur 4. Bij Sandwijkstraak werden twee individuen meerdere malen gedetecteerd. In alle gevallen bij latrines op 'oversteeken' of knooppunten van wissels.

4.2.3 Oostbroek

Voor de dassen familie op het landgoed Oostbroek werden in totaal 13 verschillende individuen geïdentificeerd, acht beren en vijf zeugen. Hiervan zijn twee individuen op verschillende locaties gedetecteerd, beide beren (figuur 3). Individuen die herhaaldelijk werden vastgesteld werden enkel in de nabijheid van de burcht gevonden en niet langs vermoedelijke territoriumgrenzen. Het is hierdoor liggen de locaties vrij dicht bij elkaar en zijn details over de volledige territorium grootte niet te achterhalen.



Figuur 5. Bij Oostbroek werden twee individuen meerdere malen gedetecteerd. In beide gevallen bij een grote latrine nabij de burcht.

4.2.4 Vollenhoven

In totaal werden er zes verschillende dassen geïdentificeerd op landgoed Vollenhoven, vijf beren en één zeug. Voor de zeug en voor één van de beren geldt dat deze meerdere malen zijn gedetecteerd. Op de locatie waar 4463 (zeug) verschillende malen is gevonden ligt een faunapassage. Mulder (2016) volgend, het is zeer aannemelijk dat dit een latrine betrof die een territoriumgrens aangaf. De das 4472 (beer) werd op twee plaatsen gevonden, in de buurt van dezelfde latrine als waar ook 4463 werd gevonden, en in de buurt van de faunapassage onder de A28. Voor deze locatie geldt ook dat het zeer waarschijnlijk een territoriumgrens betreft.



Figuur 6. Bij Vollenhoven werden twee individuen meerdere malen gedetecteerd. In beide gevallen was dit op locaties waarvan verwacht wordt dat het territoriumgrenzen betreft.

5 DISCUSSIE

Zie ook: 'Genetic structure of populations in a fragmented landscape, how do barriers affect populations on genetic level?' Van Tuijl 2019 en referenties hierin.

Voor de onderzochte populatie in westelijke Utrechtse heuvelrug regio geldt dat sprake is van twee subpopulaties met verschillende populatiestructuren. Omdat er een mate van samenhang is, is het niet te stellen dat beide subpopulaties volledig geïsoleerd zijn. Het verschil in populatiestructuur tussen beide subpopulaties is echter dermate groot dat aan de hand van deze studie (zie ook van Tuijl 2019) wel kan worden gesteld dat de A27 de verspreiding van genen (gene flow) tussen beide subpopulaties limiteert.

Het toepassen van een DNA studie voor om samenhang tussen populaties te onderzoeken bleek zeer succesvol. Het toepassen van een DNA studie geeft tevens positieve resultaten bij het bepalen van territoriumgrenzen en kan een goed beeld scheppen van de omvang van de familie. Er is echter meer rendement te halen bij de uitkomst van analyses van uitwerpselen, door de methode hierop aan te passen. Voor deze studie was dit echter praktisch niet mogelijk. Dassenlocaties werden bezocht onder begeleiding van verschillende lokale dassendeskundigen.

In deze studie werd een relatief hoog aandeel zeugen vastgesteld langs in latrines nabij territoriumgrenzen. Het gebruik van latrines wordt met name toegeschreven aan het territoriale of seksuele gedrag van beren. In het bijzonder in najaar wordt, vanwege de seksuele actieve periode, gebruik van latrines toegeschreven aan beren. Het gevonden aandeel zeugen doet vermoeden dat het najaar ook een toename plaatsvindt van sociale interactie of dat zeugen ook bijdragen aan het onderhouden van territoriumgrenzen.

De genetische samenstelling van de populatie dassen in Utrecht laat geen sterke overeenkomsten zien met populaties in het buitenland, zoals Zwitserland en Engeland. Zowel heterozygositeit als diversiteit van allelen is lager in de populatie in Utrecht dan die in Zwitserland of Engeland. Heterozygositeit en diversiteit van allelen zijn indicatoren voor de genetische diversiteit van een populatie. Heterozygositeit en diversiteit van allelen worden beiden negatief beïnvloed door genetische drift (genetic drift) en gelimiteerde gene flow. Fragmentatie van leefgebied (waarbij populaties geïsoleerd raken) worden de effecten van genetische drift en gelimiteerde gene flow versterkt. Een verkleinde genenpool en grotere kans op random veranderingen waarbij allelen verloren gaan liggen hieraan ten grondslag.

Enkele individuen gevonden aan de westzijde van de A27 laten relatief sterke samenhang zien met de populatiestructuur van de oostelijke (sub)populatie (figuur 2c). Voor de meeste gevallen betroffen dit dieren die binnen tientallen tot enkele honderden meters van de A27 verkeersslachtoffer werden. Hetzelfde patroon was aanwezig bij dieren in de oostelijke (sub)populatie met een relatieve sterke samenhang met de westelijke (sub)populatie. Het is hiervoor aannemelijk dat het migrerende dieren betroffen die de oversteek van de A27 succesvol hadden gemaakt, maar vrij kort daarna alsnog verkeersslachtoffer werden. Voor één geval bleek de oversteek echter succesvol. DNA afgenomen van een gevestigde das ten oosten van de A27 (tussen Hollandsche Rading en Maartensdijk) liet sterke samenhang met de westelijke populatie. Dit is daarmee mogelijk een das die zelf de oversteek heeft gemaakt en zich succesvol heeft gevestigd of een direct afstammeling is van een das die de oversteek succesvol heeft gemaakt.

Omdat de dassenpopulatie in Utrecht afstamt van een relatief kleine bronpopulatie werd verwacht dat ondanks aanwezige barrières populatie structuur over de hele populatie gelijk zou zijn. Het vinden van een dergelijk verschil voor twee populaties is daarom significant te noemen. Een mogelijke verklaring hiervoor is dat de A27 beide populaties genetisch (deels) heeft geïsoleerd en dat beide (sub)populaties zich (relatief) onafhankelijk van elkaar hebben ontwikkeld. Gene flow tussen beide

(sub)populaties heeft dit effect mogelijk onvoldoende kunnen keren. Een andere mogelijkheid is dat oostelijke dassen (omgeving oost Utrechtse Heuvelrug of Veluwe) zich vermengd hebben met de oostelijke populatie en dat dit (nog) niet gebeurd is met de westelijke populatie, dit zou de uitkomst van onderhavige studie kunnen beïnvloeden. Voor beide scenario's geldt echter dat gene flow over de A27 gelimiteerd wordt, een opmerkelijke bevinding gezien de relatieve hoge dichtheid van faunapassages in Utrecht (zie bijlage 1) en het ogenschijnlijke bewijs dat deze maatregel succesvol is om habitat van dassen te verbinden. Het territoriale gedrag van de das, vrij strikte territoria die over lange perioden behouden blijven, werkt mogelijk in het nadeel van de das aangaande gene flow. Dassen migreren zeer langzaam en over zeer korte afstanden, het duurt verschillende maanden voordat een das zich vestigt in een nieuw territorium, in de meeste gevallen betreft dit het naburige territorium. Gene flow van één zijde naar de andere zijde zal dan in vrijwel alle gevallen gaan via het territorium waarin een faunapassage zich bevindt. Voordat genen de faunapassage oversteken duurt dit mogelijk minimaal twee generaties.

De mogelijkheden voor dassen om zich te verspreiden, en daarmee gene flow te faciliteren, dienen mogelijk te worden verbeterd en vergroot. Richtlijn hiervoor zou kunnen zijn om langs barrières minimaal één veilige oversteek te realiseren per territorium, hierbij dient aandacht uit te gaan naar weerszijde van de barrière. Zodoende wordt de kans vergroot dat iedere dassenfamilie, waarvan het territorium aan een barrière grenst, de overzijde van een barrière kan bereiken. Het verzamelen van weefselmonsters van verkeersslachtoffers bleek een zeer waardevolle bijdrage aan deze studie. Voor vervolgonderzoek, waarbij getoetst kan worden hoe de populatiestructuur over tijd veranderd, is meer weefsel materiaal van verschillende locaties en jaren van grote waarde. Het verzamelen van weefsel monsters wordt derhalve bemoedigd.

5.1 Toepassing resultaten op Landgoed Sandwijck en beoogde ruimtelijke ontwikkeling (zie ook rapport 2949.002 en 2949.004, d.d. april 2019)

DNA analyses wijzen uit dat de dassenfamilie bij landgoed Sandwijck uit minimaal tien dieren bestaat, dit komt overeen met tellingen uit voorgaande jaren door Dick van Beek. De verhouding van vier beren en zes zeugen wijst er waarschijnlijk op dat de familie jaarlijks jongen grootbrengt en dat er dus jongen in de burcht aanwezig zijn van verschillende jaren. De familie op het landgoed betreft daarmee een gezonde familie. De dassenfamilie op het landgoed Sandwijck heeft een directe vrije verbinding met een kleine familie aan de Universiteitsweg. De territoriumgrens tussen beide families ligt waarschijnlijk langs de houtwal ter hoogte van Universiteitsweg 12, het is ook mogelijk dat de grens een perceel westelijker ligt. Het is waarschijnlijk dat tussen beide families uitwisseling plaats vindt.

De volgende bekende families liggen bij Vollenhoven en Oostbroek in het oosten en de Biltse Rading in het noorden. Gezien het beschikbare habitat is het niet uit te sluiten dat een (kleine) familie een territorium ophoudt tussen de Universiteitsweg en landgoed Vollenhoven. Met de families in het westen is via een faunapassage onder de Universiteitsweg een mogelijke vrije doorgang. Met de familie in het noorden is geen vrije doorgang.

Omdat nu nog geen vrije doorgang, of veilige migratieroute, is tussen de dassen op landgoed Sandwijck en het noorden is het zeer wenselijk dat hier een vrije doorgang wordt gerealiseerd zodat de kans op uitwisseling wordt vergroot. De mogelijkheden tot uitwisseling verdubbelen (uitgaande van aangrenzende territoria) als gevolg van het realiseren van een vrije doorgang naar het noorden. Naast dat de familie op landgoed Sandwijck profiteert van een dergelijke verbinding, profiteren op termijn ook naburige families door een beter gefaciliteerde mogelijkheid voor uitwisseling van genen. Het is hierbij echter van belang dat een verbinding ook daadwerkelijk functioneert. Zoals hiervoor besproken migreren dassen traag. Het faciliteren van een omgeving rondom vrije doorgangen of faunapassages die dit proces positief beïnvloeden, is daarom gewenst.

Verspreiding door het territorium (figuur 4) laat zien dat de dassen bij landgoed Sandwijck het volledige landgoed gebruiken. Locaties van mestputten geven aan dat vrijwel alle houtwallen verspreid over het landgoed worden gebruikt door de dassen, het DNA onderzoek heeft aangetoond dat dit geldt voor meerdere individuen, er zijn derhalve geen aanwijzingen dat binnen het territorium delen enkel door specifieke individuen wordt gebruikt.

BIJLAGE 1 FAUNAPASSAGES IN UTRECHT PER 2018

