



Vlaanderen
is wetenschap



Genetische structuur en herkomst van patrijs in Vlaanderen

Io Deflem, Caroline Mouton, Nico De Regge, An Van Breusegem, Sabrina Neyrinck en
Joachim Mergeay

INSTITUUT
NATUUR- EN BOSONDERZOEK

Auteurs:

Io Deflem , Caroline Mouton , Nico De Regge, An Van Breusegem , Sabrina Neyrinck ,
Joachim Mergeay 

Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek

Reviewers: Thomas Scheppers

Het INBO is het onafhankelijk onderzoeksinstituut van de Vlaamse overheid dat via toegepast wetenschappelijk onderzoek, data- en kennisontsluiting het biodiversiteitsbeleid en -beheer onderbouwt en evalueert.

Vestiging:

INBO Geraardsbergen
Gaverstraat 4, 9500 Geraardsbergen
vlaanderen.be/inbo

e-mail:

io.deflem@inbo.be

Wijze van citeren:

Deflem I, Mouton C, De Regge N, Van Breusegem A, Neyrinck S, Mergeay J (2021). Genetische structuur en herkomst van patrijs (*Perdix perdix*) in Vlaanderen. Rapporten van het Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek 2021 (57). Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek, Brussel.
DOI: doi.org/10.21436/inbor.62125143

Depotnr: D/2021/3241/362

Rapporten van het Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek 2021 (57)

ISSN: 1782-9054

Verantwoordelijke uitgever:

Maurice Hoffmann

Foto cover:

© Nico De Regge

Dit onderzoek werd uitgevoerd in opdracht van:

Het Agentschap voor Natuur en Bos

AGENTSCHAP
NATUUR & BOS



Dit werk valt onder een [Creative Commons Naamsvermelding-GelijkDelen 4.0 Internationaal-licentie](https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/).

GENETISCHE STRUCTUUR EN HERKOMST VAN
PATRIJS (*PERDIX PERDIX*) IN VLAANDEREN

Io Deflem, Caroline Mouton, Nico De Regge, An Van Breusegem,
Sabrina Neyrinck, Joachim Mergeay

doi.org/10.21436/inbor.62125143

Dankwoord

We bedanken Hubertus Vereniging Vlaanderen, de lokale jachtrechthouders, grondeigenaars, Natuurinspectie, Didier Vangeluwe en de ringers van het Koninklijk Belgisch Instituut voor Natuurwetenschappen voor de enthousiaste medewerking bij het inzamelen van de stalen. Dank ook aan Ariane Staelens van het Instituut voor Landbouw-, Visserij- en Voedingsonderzoek en David Halfmaerten voor de hulp bij het labowerk. Ten slotte bedanken we Thomas Scheppers en Yasmine Verzelen voor hun inzicht en input bij de interpretatie van de resultaten.

Dit onderzoek werd gefinancierd via het Jachtfonds van het Agentschap voor Natuur en Bos onder overeenkomst.

Samenvatting

Sinds het Jachtdecreet van juli 1991 is het in Vlaanderen wettelijk verboden om jachtwild uit te zetten. Ondanks dit verbod zijn er toch vermoedens dat patrijzen (*Perdix perdix*) op regelmatige basis worden uitgezet. Door de verschillende geografische herkomst en onvermijdelijke adaptatie aan kweekomstandigheden, verwachten we dat kweekindividuen genetisch duidelijk verschillen van wilde patrijzen. Vermenging van beide kan bovendien nadelig zijn voor natuurlijke populaties, zeker in het kader van de recente achteruitgang van patrijs in Vlaanderen. Om zulke illegale uitzettingen beter te kunnen opsporen, gingen we in deze studie na of het mogelijk is om met genetische technieken patrijzen afkomstig uit gevangenschap maar vrijgelaten in het wild te onderscheiden van wilde vogels. De bekomen resultaten geven ons ook een beter zicht op de genetische diversiteit en structuur van patrijs in Vlaanderen. Dat kan van belang zijn bij het beheer van patrijzen.

In het najaar van 2020 en het voorjaar van 2021 werden verspreid over Vlaanderen stalen verzameld van 495 in het wild voorkomende patrijzen. Daarnaast werden stalen genomen van 120 in gevangenschap gekweekte patrijzen afkomstig uit vijf kwekerijen uit Vlaanderen, Nederland en Frankrijk. We genotypeerden een totaal van 546 patrijzen op meer dan 30 000 genetische markers.

Op basis van deze genetische markers werden verschillende parameters berekend. De **genetische diversiteit** was niet verschillend tussen kweek en wilde populaties. Bovendien was de diversiteit in geen enkele regio laag en observeerden we in geen enkele regio tekenen van inteelt. We leiden hieruit af dat er in het kader van genetische diversiteit geen noodzaak is tot bijplaatsingen, herintroducties of andere translocaties van patrijs in Vlaanderen.

Ondanks de lage **genetische differentiatie** tussen gekweekte en wilde patrijzen, konden we een duidelijk onderscheid maken tussen beide types. Met uitzondering van individuen uit één kweekpopulatie, lijken alle kweekindividuen afkomstig te zijn van éénzelfde (al dan niet ancestrale) bronpopulatie. Hierdoor kunnen we dus geen uitspraken doen over de exacte herkomst van gekweekte individuen per kwekerij. Wanneer we vervolgens kijken naar de genetische structuur van enkel de wilde populaties in Vlaanderen, onderscheiden we twee genetische clusters. Patrijzen afkomstig uit de het Noorden van de provincie Antwerpen vormen een duidelijk aparte groep ten opzichte van alle andere individuen. Verder lijkt de geobserveerde genetische structuur deels verklaard te worden door verbreiding over korte afstanden, wat zich vertaalt in een duidelijke west-oost gradiënt van genetische structuur.

Wanneer we focussen op de **detectie van uitzettingen**, zien we dat de gevolgde methode toelaat om zuivere wilde individuen te onderscheiden van zuivere individuen van kweekherkomst en van kruisingen tussen beiden. In gevangenschap gekweekte patrijzen werden vooral waargenomen in de provincies Vlaams-Brabant en Limburg; dit zijn regio's waar ook de densiteiten van wilde patrijzen lager zijn. Bovendien was een deel van deze individuen meerjarig en detecteerden we nakomeling van gekweekte en wilde individuen, wat doet vermoeden dat sommige uitgezette individuen zich ook succesvol kunnen voortplanten. In een latere fase van het onderzoek zullen we een subset van merkers (circa 300) kiezen die in de

toekomst een snelle en doeltreffende screening van patrijzen zal toelaten in het kader van de detectie van illegale uitzettingen.

////////////////////////////////////

Aanbevelingen voor beheer en/of beleid

Dit project had als doel om een methode te ontwikkelen die het mogelijk maakt om op een snelle en routinematige wijze illegale uitzettingen van patrijs te detecteren. Hiervoor bestudeerden we de genetische structuur en diversiteit van wilde patrijzen in Vlaanderen. Hieronder vatten we alle aanbevelingen, die meer uitgebreid in de discussie van dit rapport worden besproken, samen.

- **Genetische diversiteit** verschilt niet sterk tussen wilde patrijzenpopulaties. Bovendien werd er nergens inteelt vastgesteld. Bijplaatsingen en/of translocaties zijn dus niet nodig met oog op het verhogen van de genetische diversiteit en om inteelt tegen te gaan.
- Op basis van de **genetische structuur** zien we dat patrijzen uit het noorden van Antwerpen een aparte cluster vormen. We suggereren deze ook als dusdanig als aparte beheereenheid te behandelen.
- De genetische structuur die we waarnemen is gebaseerd op vrijwillige medewerking van wildbeheereenheden, en biedt daardoor geen volledig beeld van de praktijk van **uitzettingen** van patrijzen. We raden aan om de opening van de jacht op patrijs per wildbeheereenheid vanaf 2022 te verbinden aan een verplichting tot inzamelen van DNA van elk gestrekt exemplaar. Dit zal ons toelaten om een meer objectief beeld te krijgen van de genetische structuur van patrijs in Vlaanderen, en van het voorkomen van uitgezette patrijzen.

English abstract

Releasing game has been forbidden in Flanders since 1991. Despite this ban, captive-bred individuals of the grey partridge (*Perdix perdix*) are still illegally released on a regular basis. Due to differences in origin and strong adaptation to breeding conditions, we expect that farmed partridges differ genetically from their wild conspecifics. Mixing the two might be detrimental to natural populations, especially given the strong decline of grey partridge in Flanders. In order to detect such illegal releases, we explored the possibility to genetically distinguish partridges reared in captivity, but released into the wild, from wild birds. Moreover, the obtained results will also give us a better insight into the genetic diversity and structure of the grey partridge in Flanders, which can be important for future conservation and management.

In the autumn of 2020 and the spring of 2021, samples were collected from 495 wild partridges distributed across Flanders. In addition, samples were taken from 120 captive-bred partridges from five farms in Flanders, the Netherlands and France. We genotyped a total of 546 partridges on more than 30,000 genetic markers.

Genetic diversity did not differ between farmed and wild populations. In addition, diversity was not reduced in any of the wild populations. This suggests that introducing or translocating individuals is not needed for the genetic conservation of the grey partridge in Flanders.

Despite the low **genetic differentiation**, we were able to distinguish captive-bred partridges from wild birds. With the exception of individuals from one farm, all captive-bred individuals appeared to originate from the same source population. As a result, we cannot make statements about the exact origin of illegally released individuals. On the basis of the genetic structure of the wild populations in Flanders, we observed that partridges from the north of the province of Antwerp form a clearly separate group from all other individuals. Furthermore, the observed genetic structure appears to be partly explained by short-distance dispersal, which translates into a clear west-east gradient of genetic structure.

Focusing on the detection of **illegal releases**, we are able to detect both recent (pure captive-bred individuals) and historical (introgressed individuals) releases. Captive-bred partridges were mainly observed in the provinces of Flemish Brabant and Limburg, regions with low partridge densities. In addition, some of these individuals were adults (>1y old) and the detection of introgressed individuals indicates successful reproduction of some captive-bred individuals in the past. We will further select a panel of circa 300 genetic markers for routine monitoring, which will allow a fast and effective screening of partridges in the future.

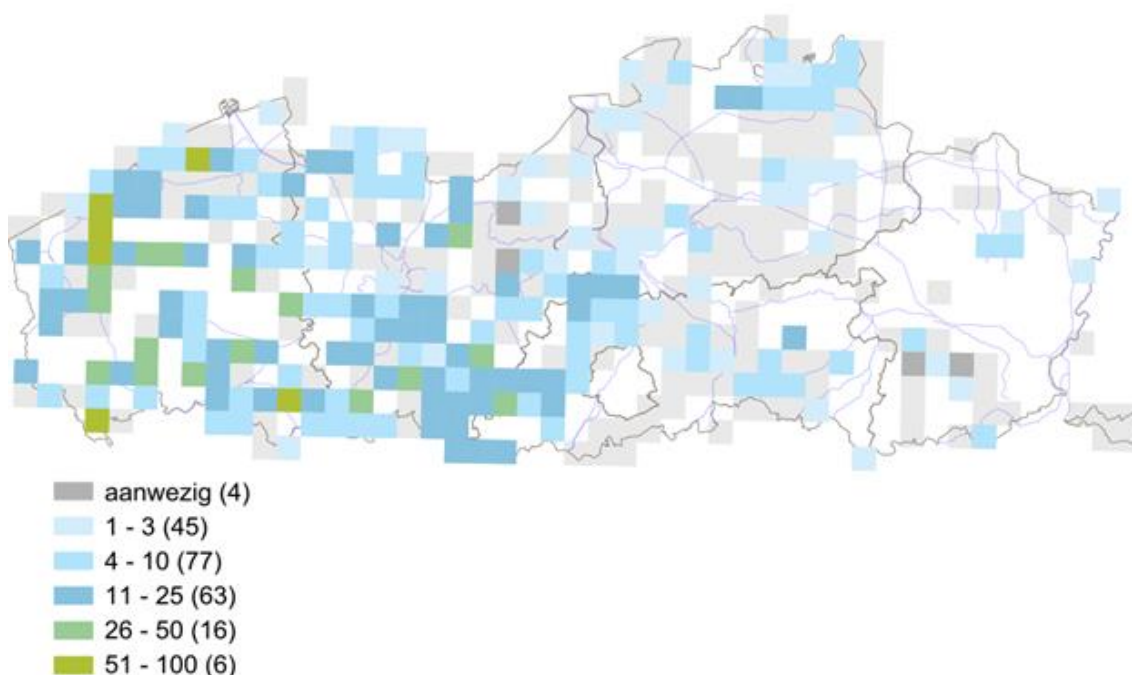
Inhoudstafel

Dankwoord.....	2
Samenvatting.....	3
Aanbevelingen voor beheer en/of beleid	5
English abstract.....	6
1 Inleiding en doelstellingen.....	9
1.1 Patrijs in Vlaanderen en Europa.....	9
1.1.1 De achteruitgang van patrijs	10
1.1.2 De jacht op patrijs in Vlaanderen.....	11
1.2 Populatie- en conservatiegenetica.....	13
1.2.1 Genetische aanpassingen aan gevangenschap.....	13
1.2.2 Genetische aanpassingen aan gevangenschap in patrijs.....	14
1.2.3 Genetische identificatie van (illegale) introducties.....	15
1.3 Doelstellingen	16
2 Werkwijze	17
2.1 Staalname.....	17
2.1.1 Wildvangst patrijzen.....	17
2.1.2 Kwekerijen.....	17
2.2 Genetische analyses	20
2.2.1 Sequencing.....	20
2.2.2 Bio-informatische data-analyse	21
2.2.3 Data-analyse	22
3 Resultaten.....	24
3.1 Stap 1: Genetische diversiteit en structuur van alle individuen	24
3.2 Stap 2: Genetische diversiteit en structuur van autochtone populaties	30
4 Discussie.....	37
4.1 Evaluatie van de genetische diversiteit.....	37
4.2 Evaluatie van de genetische structuur.....	38
4.2.1 Genetische afstand tussen wilde en kweekpopulaties.....	38
4.2.2 Genetische structuur van wilde populaties.....	39
4.3 Recente en minder recente uitzettingen van patrijs in Vlaanderen	39
4.3.1 Toelichting en validatie van methodiek.....	39
4.3.2 Onderscheid tussen recente en minder recente uitzettingen	40
4.3.3 Uitzettingen in Vlaanderen	41
4.4 Vervolgonderzoek.....	42
4.5 Aanbevelingen voor beleid.....	42

1 INLEIDING EN DOELSTELLINGEN

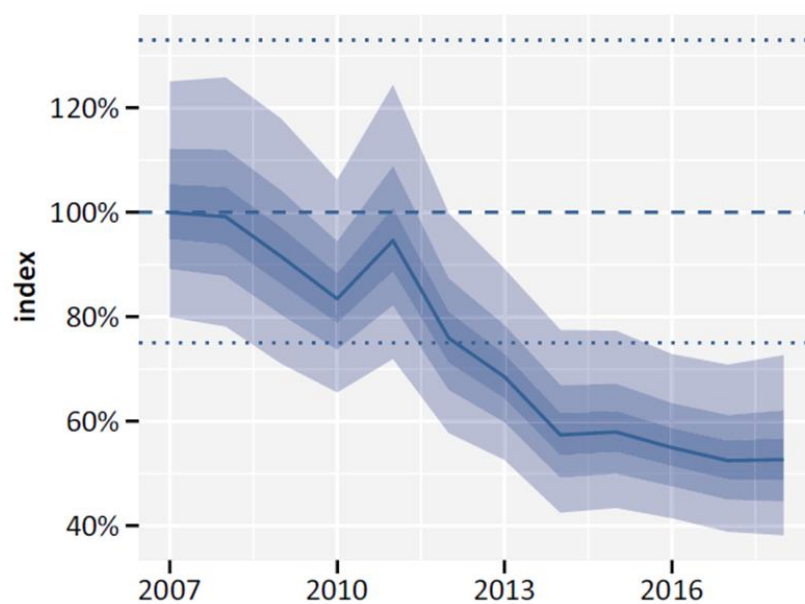
1.1 PATRIJS IN VLAANDEREN EN EUROPA

De gewone patrijs (*Perdix perdix*, Phasianidae) is een akkervogel die verspreid voorkomt in Europa. Patrijzen zijn typische grondbroedende vogels van open agrarische gebieden (Birkan 1988; Carroll 1993; McGowan & Kirwan 2013). Op Europees niveau bevindt, met 644 000 tot 1 266 000 broedparen, ongeveer 50% van de Europese patrijzenpopulatie zich binnen de landsgrenzen van Frankrijk. Hoge aantallen komen ook voor in Rusland, Polen en Roemenië (respectievelijk 14%, 9% en 8% van de totale patrijzenpopulatie; BirdLife International 2015). De totale Belgische patrijzenpopulatie bestaat uit een geschatte 5400 tot 13 600 paren (BirdLife International 2015, 2017), wat overeenkomt met minder dan 1% van de volledige Europese populatie (**Bijlage 1**; BirdLife International 2015). De Vlaamse populatie op zijn beurt zou zo'n 5000 broedparen tellen (periode 2013-2018, Vermeersch et al. 2020). In Vlaanderen zijn densiteiten het hoogst in de provincie West-Vlaanderen en nabij de gewestgrens met Wallonië in de Vlaamse Ardennen. In de provincies Antwerpen en Limburg is de verspreiding het meest versnipperd, met hogere densiteiten rond Hoogstraten, Zuidoost-Brabant en Haspengouw (**Figuur 1**; Devos 2004; Vlaamse Vogelatlas 2021). In Wallonië worden de meeste patrijzen waargenomen in het noordwesten waar de grootste concentraties zich tegen de Franse grens bevinden in Henegouwen en Waals-Brabant (**Bijlage 1**; AVES 2020).



Figuur 1. Voorlopige schattingen van het aantal broedvogels van patrijs in 2020-2022 (Vlaamse Vogelatlas 2021).

Ondanks deze schijnbaar hoge aantallen, gaat de patrijs sinds enkele tientallen jaren sterk achteruit. Na een lange geschiedenis van fluctuaties in populatieaantallen vertoont de Europese en Vlaamse patrijzenpopulatie sinds enkele decennia een dalende trend (o.a. BirdLife International 2017; Devos et al. 2016a, 2016b; Kuijper et al. 2009; Vermeersch et al. 2020, 2021). Bovendien voorspellen populatiemodellen, op zowel korte als lange termijn, een verdere achteruitgang (**Bijlage 1**; BirdLife International 2015). Op Europese schaal onderging de soort sinds 1980 een erg steile daling van maar liefst 94% (PECBMS in Buner & Gottschalk 2021). Op Vlaams niveau kende de patrijzenpopulatie een sterke afname van 47% over de periode 2007-2020 (Onkelinx et al. 2021, Vermeersch et al. 2021). **Figuur 2** toont deze trend, aangeduid als index, in Vlaanderen voor patrijs voor de periode 2007-2018 (Vermeersch et al. 2020). Een gelijkaardige daling wordt ook waargenomen in de afschotstatistieken bijgehouden door de Vlaamse wildbeheereenheden (Scheppers et al. 2019). Deze trends in de populatiedynamiek van patrijs zorgden er voor dat de soort werd opgenomen in de rode lijst van bedreigde Europese vogelsoorten en dat de status op Vlaams niveau in de meest recente versie van de IUCN rode-lijst van de Vlaamse broedvogels als kwetsbaar werd aangeduid (Devos et al. 2016a).



Figuur 2. Trend van de patrijs (index) in Vlaanderen tijdens de periode 2007-2018 waarbij het referentiejaar 2007 op 100% werd gezet (Vermeersch et al. 2020). Indexen voor 2019-2020 werden nog niet toegevoegd.

1.1.1 De achteruitgang van patrijs

De achteruitgang van de patrijs wordt doorgaans toegewezen aan een verminderde habitatkwaliteit en -geschiktheid ten gevolge van de intensivering van de landbouw. De modernisering en de daarbij behorende nieuwe landbouwtechnieken resulteren vaak in het verwijderen van smalle hagen en verwilderde grasstroken waar diverse grassen en kruiden

////////////////////////////////////

Bovendien leidt het intensiveren van landbouw vaak tot een verhoogd gebruik van pesticiden en herbiciden. Verschillende studies (o.a. Kuijper et al. 2009; Southwood & Cross 1969) toonden intussen aan dat dit in direct verband staat met een veranderend en verminderd voedselaanbod in verschillende kritieke periodes van het jaar. Volwassen individuen consumeren voornamelijk zaden, granen, klaver, groeitoppen van gewassen en insecten (McGowan & Kirwan 2013). Hierbij foerageren patrijzen tussen gewassen binnen een straal van 500m verwijderd van de nestplaats (Green 1984). Kuikens daarentegen zijn in de vroegste fases van hun leven voornamelijk aangewezen op het eten van verschillende insecten (Southwood & Cross 1969). De overleving van de kuikens speelt een sleutelrol in de algemene populatiedynamiek bij patrijs (Blank et al. 1967; Kuijper et al. 2009; Manly 1977 in Bro et al. 2000; Southwood & Cross 1967, 1969). Wanneer er minder voedsel voorhanden is, in dit geval door een lage densiteit aan insecten door pesticidengebruik en landbouwingrepen zoals het ploegen van grond waarin insectenlarven en -poppen gedijen, moeten kuikens vaak langere afstanden afleggen om geschikt voedsel te vinden. Dit maakt de kans op sterfte door honger of door een verhoogde blootstelling aan predatoren groter. Voor het voortbestaan van de patrijs is het dus cruciaal om de negatieve impact van het pesticidengebruik en landbouwbeleid op het voedselaanbod te verminderen (Kuijper et al. 2009).

1.2.2 Genetische aanpassingen aan gevangenschap in patrijs

In functie van de jacht, worden patrijzen afkomstig uit gevangenschap al decennia lang uitgezet in verschillende Europese landen. Doorgaans worden patrijzen gekweekt in grootschalige industriële complexen met behulp van broedmachines. Meer conservatieve kwekerijen daarentegen proberen meer natuurlijke condities na te bootsen en proberen inteelt tegen te gaan door inmenging van individuen uit het wild (Bech et al. 2020; Bro et al. 2017; Soko et al. 2008). De sterk verschillende condities in kwekerijen ten opzichte van een natuurlijke omgeving uiting zich onder meer in een onbeperkte toegang tot kunstmatige voeding, de hoge dichtheid aan pathogenen en het gebruik van anti-parasitaire middelen, het gebrek aan natuurlijke omstandigheden en mogelijkheid tot sociaal gedrag, en de incubatie van een onbeperkt aantal eieren. Dit leidt verder tot het verbreken van de ruilfunctie tussen tussen legselgrootte en de kans op het succesvol uitbroeden van alle eieren, aanpassingen aan een onnatuurlijk dieet, verlaagde vluchtrespons en verhoogde stresstolerantie. Sommige producenten gebruiken al tientallen generaties bepaalde kweeklijnen, wat onvermijdelijk leidt tot sterke adaptatie aan gevangenschap (Gilligan & Frankham 2003).

Bovendien toont een groot aantal studies uit verschillende Europese landen aan dat de overlevings- en voorplantingskansen van gekweekte patrijzen erg laag zijn. Deze lage overleving is vaak het resultaat van de gebrekkige habitatselectie en de afwezigheid van anti-predatiegedrag in gekweekte individuen. Andere verschillen die de overlevingskansen van gekweekte individuen verlagen zijn verminderde waakzaamheid, een gebrek aan correcte voedingsstrategie en vaak gebrekkige resistentie tegen ziektes. De patrijzen die wel langere tijd overleven, planten zich zelden succesvol voort (Buner et al. 2005; 2011; Morris & Gilroy 2008; Parish & Sotherton 2007; Putaala et al. 2001; Rantanen et al. 2010; Rymešová et al. 2012).

Slechts een beperkt aantal studies heeft de genetische structuur van patrijzen onderzocht (Andersen & Kahlert 2012; Bech et al. 2012; 2014; 2020; Liukkonen-Anttila et al. 2012). Van deze studies bestudeerde enkel Bech et al. (2020) de genetische verschillen tussen wilde en gekweekte individuen, en met een zeer beperkte genetische resolutie. Uit deze studie bleek dat wilde en gekweekte patrijzen in het noorden van Frankrijk niet sterk van elkaar verschillen. Bovendien toont geen enkele studie aan dat hybriden frequent voorkomen, in tegenstelling tot bij rode patrijzen (Barbanera et al. 2010; Blanco-Aguilar et al. 2008; Casas et al. 2011). Deze afwezigheid of lage densiteit van hybriden kan worden verklaard door de lage overlevingskansen van uitgezette patrijzen, zoals eerder vermeld, door de lage overlevingskansen van gekruiste individuen, of door het gebrek aan statistische kracht om kruisingen te detecteren (Bech et al. 2020).

1.3 DOELSTELLINGEN

Dit project heeft als doel het ontwikkelen van een genetische methode die toelaat om te detecteren waar en of patrijzen illegaal uitgezet worden in Vlaanderen. Om dit na te gaan zullen we genetische verschillen tussen wilde populaties onderling en tussen wilde populaties en kweekpopulaties onderzoeken. Algemeen zal deze studie ons een beter inzicht geven in het genetische verleden, heden en toekomst van patrijzen in Vlaanderen. Verdere conclusies over de populatiestructuur kunnen hieruit getrokken worden. Meer concreet hebben we volgende doelstellingen:

- Nagaan of en waar er illegaal patrijzen werden **uitgezet**, met uitrol van een eenvoudige genetische identificatiemethode om routinematig, via steekproeven of gerichte controle, patrijzen toe te wijzen aan referentiegroepen.
- De **genetische diversiteit, structuur en connectiviteit** van patrijs in Vlaanderen bepalen, met het oog op evaluatie van de noodzaak tot bijplaatsingen.

2 WERKWIJZE

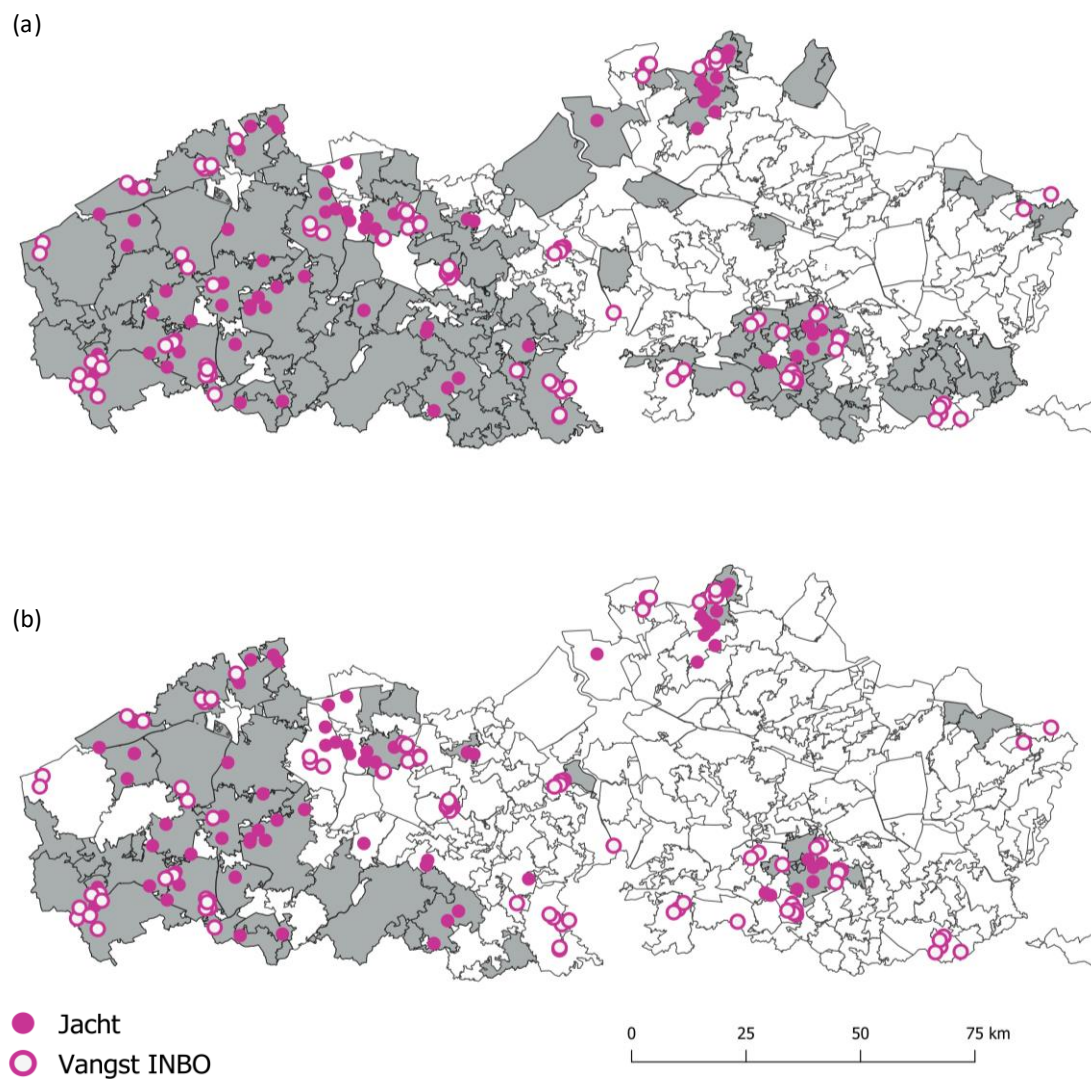
2.1 STAALNAME

2.1.1 Wildvangst patrijzen

Patrijzen ‘in de vrije wildbaan’ werden tijdens twee fases bemonsterd. Beide staalnamecampagnes gebeurden met medewerking van de lokale jagers. Er zijn dus geen stalen afkomstig uit gebieden waar de lokale jagers niet wilden meewerken aan dit onderzoek. Tijdens de eerste fase, in oktober 2020, werd via Hubertus Vereniging Vlaanderen (HVV) aan alle wilbbeheereenheden (WBE’s) gevraagd om van geschoten patrijzen een poot of teen te bewaren bij -20 °C. Op deze manier werden 326 stalen ingezameld uit 28 WBE’s (**Figuur 3, Tabel 1**). Om ook stalen te verzamelen van gebieden waar we geen of onvoldoende stalen van hadden ontvangen, werd er tijdens een tweede fase, van 31 januari tot en met 16 april 2021, een staalnamecampagne georganiseerd om patrijzen in het veld te bemonsteren in samenwerking met HVV en de lokale WBE’s. Deze campagne werd goedgekeurd door de Ethische Commissie Dierenwelzijn (ECINBO13). In samenwerking met lokale jachtrechthouders werd er een lokgeluid afgespeeld op geschikte locaties. Solitaire hanen, dewelke hierop reageerden, werden vervolgens gevangen. Van de gevangen vogels werd een bloedstaal genomen. De bloedstalen werden vervolgens bewaard in Queen’s Lysis buffer met een verhouding 100 µL bloed in 1000 µL buffer. Het nemen van een bloedstaal werd in dit genetisch onderzoek geprefereerd door de hoge kwaliteit en kwantiteit aan DNA die op deze manier verzameld kan worden (Guidelines for Taking Samples from Birds and Mammals for DNA Extraction, n.d.). Elk gevangen individu kreeg vervolgens een wetenschappelijke metalen ring en werd levend terug vrijgelaten op de locatie van vangst. Op deze manier werden er 169 stalen (168 hanen, 1 hen) uit 30 WBE’s toegevoegd (**Figuur 3, Tabel 1**). Op basis van het ruipatroon en de slijtage van de twee buitenste handpennen werd de leeftijdsklasse geschat. Van de 169 individuen waren 45 vogels met zekerheid ouder dan 1 jaar, 114 vogels waren jonger dan 1 jaar, en van 10 individuen was de leeftijdsbepaling onzeker.

2.1.2 Kwekerijen

Eendagskuikens afkomstig uit een Franse, een Vlaamse en een Nederlandse/Duitse kwekerij werden geëuthanaseerd, alvorens er een bloed- en weefselstaal werd genomen. Individuen uit Kwekerij 1 werden opgedeeld in twee groepen (Kwekerij 1A en Kwekerij 1B), waarbij patrijzen uit Kwekerij 1A volgens de leverancier speciaal worden gekweekt voor conservatietranslocaties/populatieherstel. Verder werden er op 6 november en 30 oktober 2020, respectievelijk 7 en 23 volwassen patrijzen, afkomstig uit een niet nader gekende en een gekende Franse kwekerij, in beslag genomen door Natuurinspectie West van het Agentschap voor Natuur en Bos (**Tabel 2**).



Figuur 3. Overzichtskaarten van alle gevangen patrijs (tijdens beide fases) met de grenzen van de wildbeheereenheden in Vlaanderen. De wildbeheereenheden aangeduid in het grijs hebben in 2020 (a) en 2021 (b) op patrijs gejaagd.

‘t Veld	WestVI - Centraal	6	1	7	6
Baekeland	WestVI - Centraal	4	0	4	4
De Hazebeek	WestVI - Centraal	3	0	3	2
Driekoningen	WestVI - Centraal	10	0	10	6
Houtland	WestVI - Centraal	0	3	3	3
Mandelvallei	WestVI - Centraal	26	0	26	20
De Harelbeek- en Heulebeekvallei	WestVI - Zuid	16	15	31	26
Ieperlee	WestVI - Zuid	3	0	3	3
Leie- en Schelde kouters	WestVI - Zuid	5	1	6	2
Totaal		326	169	495	378

Tabel 2. Overzicht van het totaal aantal patrijzen per kwekerij en het aantal dat werd meegenomen in de genetische analyses. De stalen meegenomen in de genetische analyses zijn stalen waarvan de kwaliteit voldoende hoog was en die vervolgens ook succesvol gegenotypeerd werden.

Afkomst	Totaal	Geanalyseerd
Kwekerij 1A (Frans)	20	19
Kwekerij 1B (Frans)	20	19
Kwekerij 2 (Frans)	7	7
Kwekerij 3 (Belgisch)	30	28
Kwekerij 4 (Nederlands/Duits)	20	13
Kwekerij 5 (Onbekend)	23	18
Totaal	120	104

2.2 GENETISCHE ANALYSES

2.2.1 Sequencing

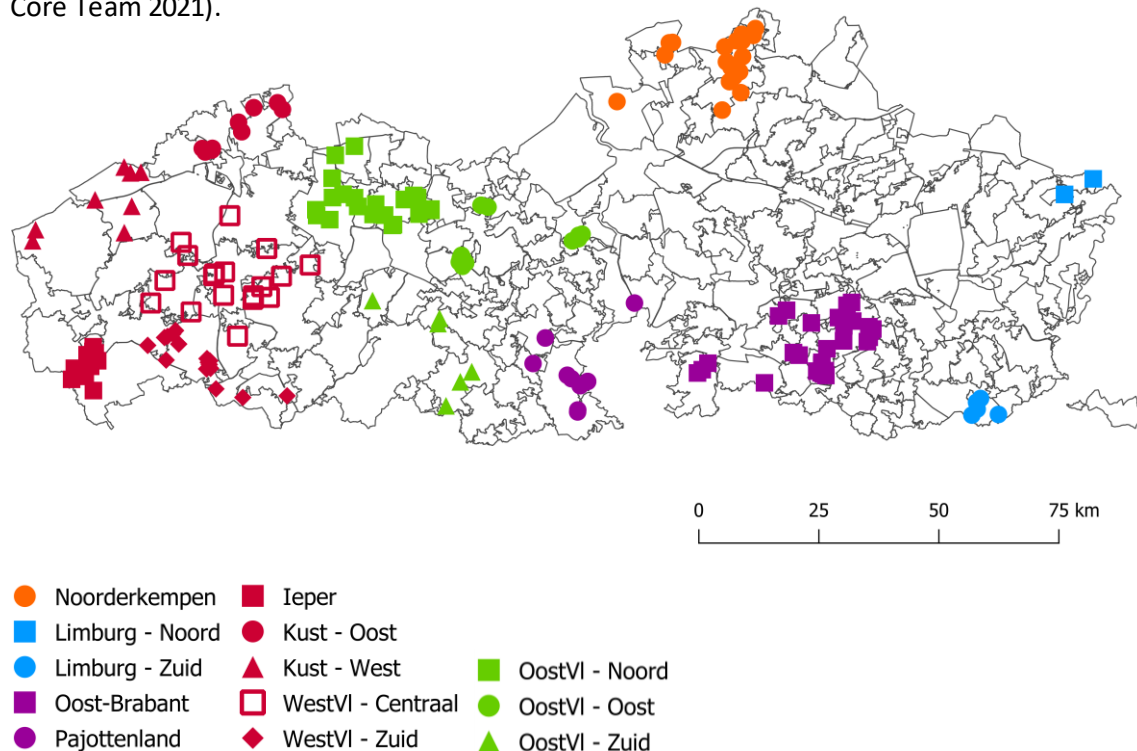
In een eerste stap werd DNA van alle stalen geëxtraheerd met de DNeasy Blood & Tissue Kit (Qiagen). De concentratie van het geëxtraheerde DNA werd bepaald met de Quant-iT PicoGreen dsDNA kit (Thermo Fisher Scientific Inc.). DNA kwaliteit werd gecontroleerd via Agarose gel elektroforese (1% agarose in TAE, 30 min/100 V). De kwaliteit van 67 stalen bleek onvoldoende. Het DNA van deze stalen werd opnieuw geëxtraheerd met de QIAamp DNA micro kit (Qiagen). Van 47 stalen was de kwaliteit na deze nieuwe extractie nog steeds niet voldoende. Al deze stalen waren tenen of pootjes afkomstig van de jacht. Van deze locaties werden wel nog andere stalen meegenomen waarvan de kwaliteit wel goed was. Op basis van de kwaliteit en aantal stalen per WBE, werden uiteindelijk 546 stalen gebruikt voor verdere genetische analyses (**Tabel 1, Tabel 2**). Deze stalen werden willekeurig verdeeld over zes pools van 90 individuen. Aan elke pool werden telkens zes replicaten toegevoegd.

Als genetische merker werd er gekozen om met Single Nucleotide Polymorphisms (SNP's) te werken. Bijvoorbeeld, in een populatie kan op een bepaalde plaats in het genoom de DNA-sequentie 5'-CACTAT**AC**GAG-3' voorkomen, maar ook 5'-CACTAT**G**CCGAG-3'. De variabele positie is hier A of G (in het vet aangeduid). In sommige populaties komt de ene variant meer voor dan de andere. Wanneer zulke informatie op honderden tot tienduizenden plaatsen op het genoom wordt gecombineerd, krijg je een beeld van de genomwijde genetische structuur

Na kwaliteitscontrole varieerde het aantal reads per pool tussen 537 951 948 (Pool 1) en 713 315 417 (Pool 4). Het aantal reads per individu varieerde tussen 10 156 en 28 206 569, met een gemiddelde van 6 059 954 reads. Negen individuen met minder dan 500 000 reads werden verwijderd. Vervolgens werden 20 individuen met alignment rate lager dan 70% verwijderd om dat deze in een volgende fase de analyses bemoeilijken. Van de zes controlestalen, die aan elke pool werden toegevoegd, werd telkens het staal met het meeste aantal reads behouden; 30 stalen werden dus verwijderd. Vervolgens werden er nog 35 individuen verwijderd waarvan meer dan 20% van de SNPs niet gegenotypeerd werden. De finale dataset bedraagt 30 194 SNPs gesequeneerd in 482 individuen afkomstig uit 49 WBE's en vijf kwekerijen (**Tabel 1**, **Tabel 2**). Gemiddelde read depth per individu is 14.431x (range = 5.289 - 60.796). Gemiddelde missingness is 3.8% per individu (range = 1.3% - 23.6%).

2.2.3 Data-analyse

De data-analyse werd uitgevoerd in twee stappen. Alle individuen gevangen in de 'vrije wildbaan' (zie 2.1.1), vanaf nu aangeduid als wildvangst individuen, werden opgedeeld op basis van regio, zoals weergegeven in **Figuur 4** en **Tabel 1**. In de eerste stap werden alle wildvangst en kweekindividuen samen geanalyseerd. De term weekindividuen refereert naar de stalen genomen uit kwekerijen (zie 2.1.2). In een tweede stap werden vervolgens, op basis van de resultaten en de toewijzingen, de stalen geïdentificeerd als wildvangst maar afkomstig uit kweek en de kweekindividuen verwijderd. Alle analyses in deze stap werden vervolgens uitgevoerd voor deze autochtone groep. Alle analyses werden uitgevoerd in R versie 4.0.2 (R Core Team 2021).



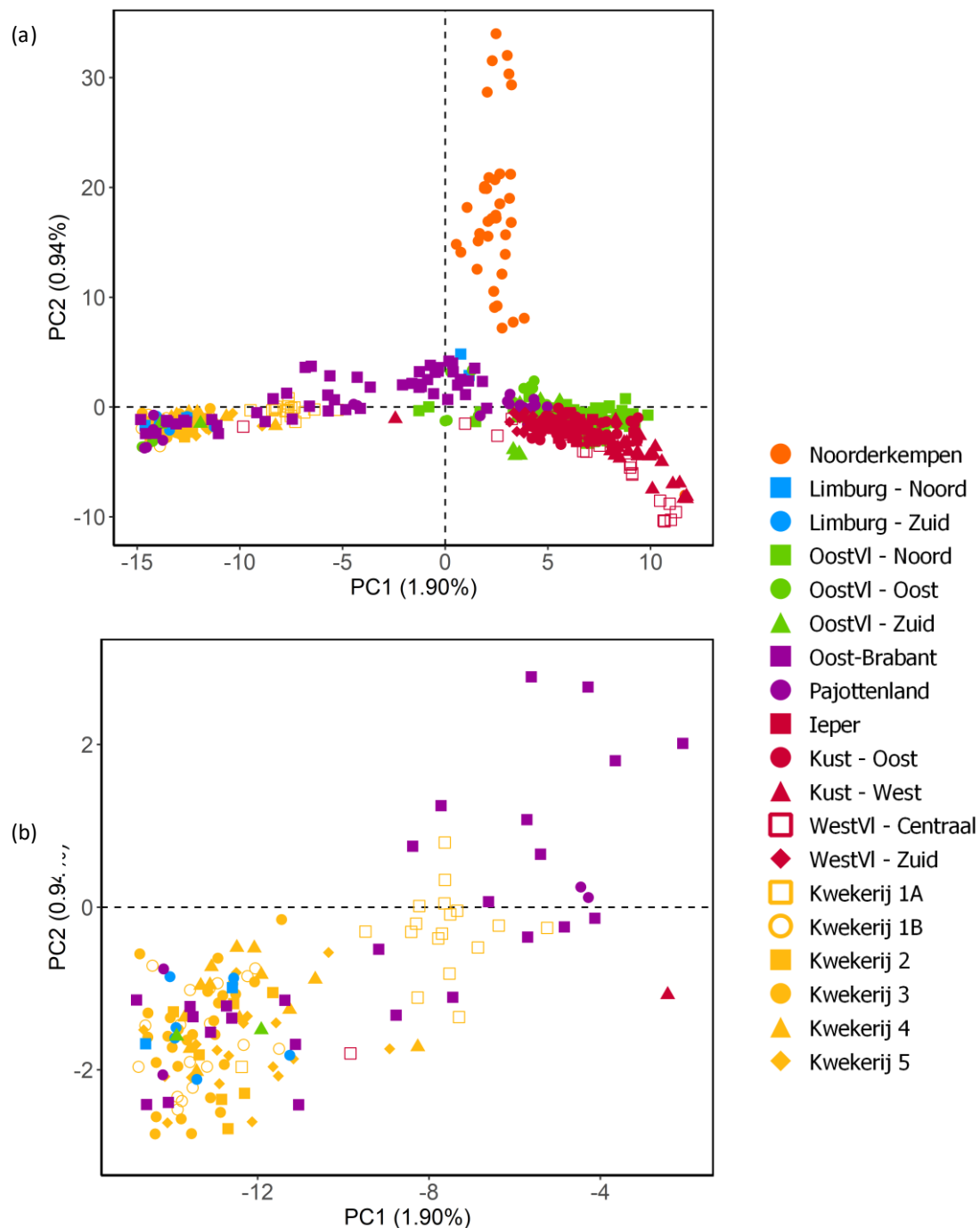
Figuur 4. Overzicht van alle wildvangst (geschoten en eigen vangst) patrijzen. Kleuren en symbolen geven de opdeling in regio's, zoals gebruikt voor de verdere analyses, weer.

3.1 STAP 1: GENETISCHE DIVERSITEIT EN STRUCTUUR VAN ALLE INDIVIDUEN

Genetische diversiteit - De waargenomen heterozygositeit H_o varieerde tussen 0.231 (Regio Noorderkempen) en 0.247 (Regio Limburg-Zuid) voor de wildvangst populaties, en tussen 0.239 (Kwekerij 4) en 0.250 (Kwekerij 5) voor de kweekpopulaties (**Tabel 3**). Verwachte heterozygositeit H_e verschilde niet significant van waargenomen heterozygositeit H_o (**Tabel 3**).

Regio	n	H _O	H _E
Noorderkempen	38	0.231	0.224
Limburg - Noord	4	0.238	0.235
Limburg - Zuid	6	0.247	0.238
OostVI - Noord	50	0.230	0.226
OostVI - Oost	34	0.237	0.236
OostVI - Zuid	29	0.231	0.225
Pajottenland	19	0.237	0.233
Oost-Brabant	42	0.242	0.234
Ieper	32	0.234	0.229
Kust - Oost	19	0.229	0.223
Kust - West	33	0.232	0.224
WestVI - Centraal	41	0.235	0.227
WestVI - Zuid	31	0.232	0.228
Kwekerij 1A (Frans)	19	0.244	0.238
Kwekerij 1B (Frans)	19	0.244	0.236
Kwekerij 2 (Frans)	7	0.248	0.235
Kwekerij 3 (Belgisch)	28	0.243	0.237
Kwekerij 4 (Nederlands/Duits)	13	0.239	0.231
Kwekerij 5 (Onbekend)	18	0.250	0.237

Pajottenland (n = 7), Noord- en Zuid-Limburg (n = 2 en 6) en het Oosten en Zuiden van Oost-Vlaanderen (n = 9 en 2). De exacte afkomst van deze individuen is toegevoegd als bijlage (**Bijlage 2**). Gelijkaardige resultaten worden gevonden op basis van genetische differentiatie (gemeten als paarsgewijze F_{ST}) tussen de regio's (**Tabel 4**). Over het algemeen is de genetische differentiatie laag (overall $F_{ST} = 0.022$, range = 0 - 0.042).

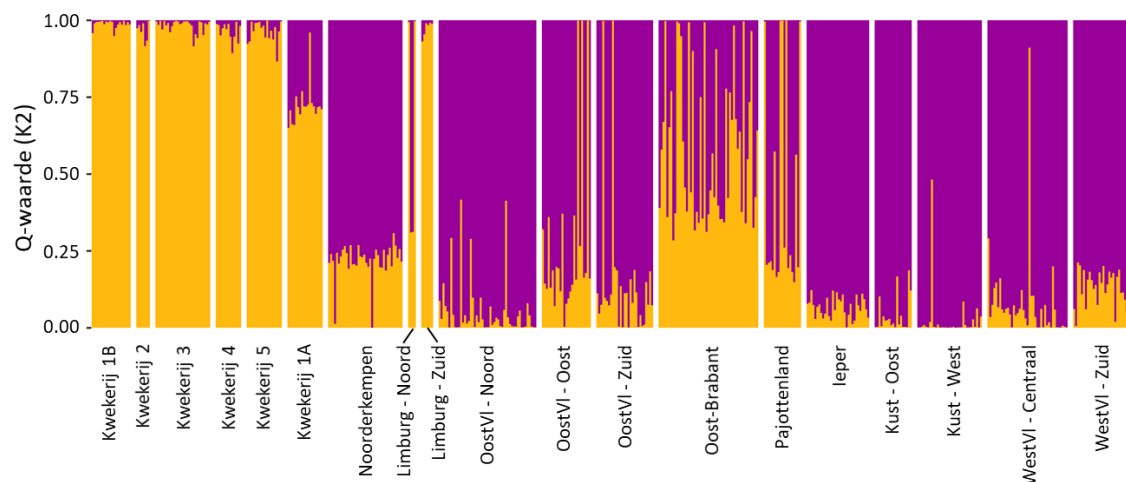


Figuur 5. Ordinatieplot (PCA) waarbij de symbolen de verschillende patrijzenindividuen voorstellen. De kleuren en symbolen geven aan tot welke groepen deze individuen behoren. Hoe dichter de afstand tussen individuen op de plot, hoe meer gelijkend deze zijn qua genetische samenstelling. (a) Overzicht van alle (wildvangst en kweek) individuen. (b) Detail van de ordinatie, gefocust op dat deel dat overeenkomt met de kweekpopulaties.

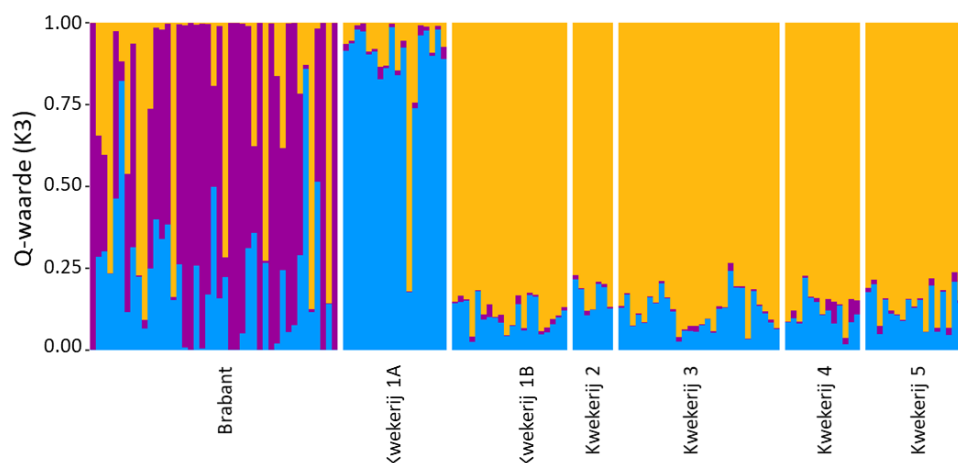
Tabel 4. Paarsgewijze genetische afstand (op basis van F_{ST}) tussen de verschillende wildvangst- en kweekpopulaties.

	Noorderkempen	Limburg - Noord	Limburg - Zuid	OostVI - Noord	OostVI - Oost	OostVI - Zuid	Pajottenland	Oost-Brabant	Ieper	Kust - Oost	Kust - West	WestVI - Centraal	WestVI - Zuid	Kwekerij 1A	Kwekerij 1B	Kwekerij 2	Kwekerij 3	Kwekerij 4	Kwekerij 5
Noorderkempen	-	0.026	0.040	0.033	0.030	0.039	0.033	0.031	0.035	0.037	0.040	0.035	0.034	0.036	0.042	0.043	0.041	0.040	0.040
Limburg - Noord	0.026	-	0.003	0.020	0.007	0.023	0.010	0.008	0.021	0.025	0.030	0.022	0.019	0.007	0.004	0.005	0.004	0.004	0.006
Limburg - Zuid	0.040	0.003	-	0.033	0.015	0.035	0.018	0.014	0.033	0.037	0.042	0.032	0.030	0.008	-0.001	0.000	-0.002	0.000	-0.001
OostVI - Noord	0.033	0.020	0.033	-	0.016	0.024	0.021	0.024	0.019	0.016	0.024	0.017	0.019	0.029	0.035	0.035	0.035	0.034	0.033
OostVI - Oost	0.030	0.007	0.015	0.016	-	0.021	0.009	0.013	0.019	0.021	0.026	0.019	0.017	0.015	0.017	0.018	0.018	0.017	0.016
OostVI - Zuid	0.039	0.023	0.035	0.024	0.021	-	0.023	0.027	0.026	0.028	0.032	0.025	0.025	0.031	0.036	0.036	0.036	0.035	0.034
Pajottenland	0.033	0.010	0.018	0.021	0.009	0.023	-	0.016	0.022	0.025	0.030	0.023	0.021	0.018	0.019	0.019	0.019	0.018	0.018
Oost-Brabant	0.031	0.008	0.014	0.024	0.013	0.027	0.016	-	0.025	0.027	0.032	0.025	0.022	0.014	0.015	0.016	0.016	0.015	0.015
Ieper	0.035	0.021	0.033	0.019	0.019	0.026	0.022	0.025	-	0.021	0.024	0.018	0.014	0.029	0.035	0.035	0.035	0.034	0.033
Kust - Oost	0.037	0.025	0.037	0.016	0.021	0.028	0.025	0.027	0.021	-	0.021	0.019	0.020	0.031	0.039	0.039	0.039	0.038	0.037
Kust - West	0.040	0.030	0.042	0.024	0.026	0.032	0.030	0.032	0.024	0.021	-	0.022	0.024	0.038	0.043	0.043	0.043	0.042	0.041
WVI - Centraal	0.035	0.022	0.032	0.017	0.019	0.025	0.023	0.025	0.018	0.019	0.022	-	0.016	0.028	0.035	0.035	0.034	0.034	0.033
WestVI - Zuid	0.034	0.019	0.030	0.019	0.017	0.025	0.021	0.022	0.014	0.020	0.024	0.016	-	0.025	0.032	0.031	0.032	0.030	0.030
Kwekerij 1A	0.036	0.007	0.008	0.029	0.015	0.031	0.018	0.014	0.029	0.031	0.038	0.028	0.025	-	0.012	0.011	0.011	0.011	0.011
Kwekerij 1B	0.042	0.004	-0.001	0.035	0.017	0.036	0.019	0.015	0.035	0.039	0.043	0.035	0.032	0.012	-	0.002	0.001	0.001	0.000
Kwekerij 2	0.043	0.005	0.000	0.035	0.018	0.036	0.019	0.016	0.035	0.039	0.043	0.035	0.031	0.011	0.002	-	0.001	0.002	0.001
Kwekerij 3	0.041	0.004	-0.002	0.035	0.018	0.036	0.019	0.016	0.035	0.039	0.043	0.034	0.032	0.011	0.001	0.001	-	0.001	0.001
Kwekerij 4	0.040	0.004	0.000	0.034	0.017	0.035	0.018	0.015	0.034	0.038	0.042	0.034	0.030	0.011	0.001	0.002	0.001	-	0.002
Kwekerij 5	0.040	0.006	-0.001	0.033	0.016	0.034	0.018	0.015	0.033	0.037	0.041	0.033	0.030	0.011	0.000	0.001	0.001	0.002	-

zijn waarschijnlijk afkomstig van genetische vermenging tussen autochtone wilde en gekweekte patrijzen. Om een beter zicht te krijgen op de afkomst van de wildvangst stalen in Vlaams-Brabant, werd een aparte STRUCTURE analyse uitgevoerd met de wildvangst patrijzen uit Vlaams-Brabant en de kweekpopulaties. Deze analyse onderscheidt wel individuen uit Kwekerij 1A als een andere herkomst (op één exemplaar na dat toch afkomstig lijkt uit de andere kwekerij), en we zien verder ook dat individuen uit Vlaams-Brabant toegewezen worden aan (1) Kwekerij 1A, (2) aan andere kwekerijen, (3) aan de autochtone populatie, of (4) aan een mengsel van deze drie herkomsten. Dit geeft niet noodzakelijk weer dat er frequente hybridisatie optreedt tussen verschillende kweekstammen in de vrije wildbaan; het is ook mogelijk dat sommige kwekers (niet door ons bemonsterd) zelf een mengsel gebruiken van deze twee herkomsten.

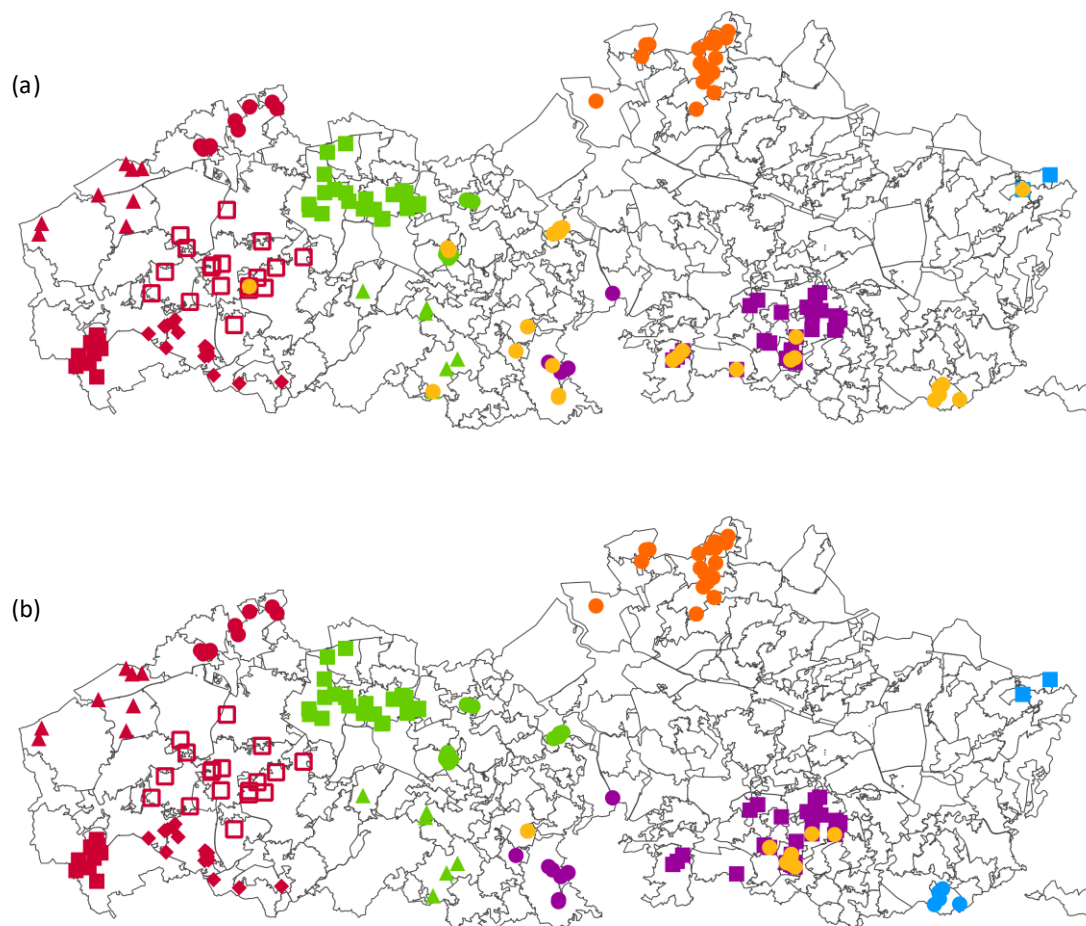


Figuur 6. Q-waarde berekend voor elk individu (weergegeven door één staaf) met behulp van STRUCTURE software. Deze waarde geeft de admixture proportie van elk individu weer. STRUCTURE identificeerde twee genetische clusters (geel = kweek, paars = wild). Een Q-waarde van meer dan 70% wordt geïnterpreteerd als een zuivere afstameling van de cluster.



Figuur 7. Q-waarde berekend voor elk individu (weergegeven door één staaf) voor de wildvangst stalen uit Vlaams-Brabant en de kweekpopulaties. STRUCTURE identificeerde drie genetische clusters, weergegeven door de drie kleuren.

Wildvangst individuen ($n = 35$) die door elke methode (PCA, DAPC, STRUCTURE) geïdentificeerd werden als afkomstig uit een gekweekte populatie worden weergegeven in **Figuur 8a**. Bovendien werden er door STRUCTURE 13 individuen als nakomelingen van gekweekte en wilde individuen gedetecteerd regio's Oost-Brabant en Pajottenland (**Figuur 8b**). Van deze 13 individuen zijn er 12 die eerder werden toegewezen aan de kweekpopulatie door PCA en DAPC (**Tabel 5**).



Figuur 8. Overzicht van alle wildvangst patrijzen met in het geel aangeduid welke individuen werden geïdentificeerd als (a) zuivere kweekindividu en (b) nakomeling van een kweekindividu.

3.2 STAP 2: GENETISCHE DIVERSITEIT EN STRUCTUUR VAN AUTOCHTONE POPULATIES

In het tweede deel van de analyses werden alle individuen die gevangen werden in het wild, maar in voorgaande analyses werden toegewezen als afkomstig uit kweekpopulaties ($n = 48$) verwijderd om zo een beeld te krijgen van de populatiegenetische structuur van de autochtone patrijzen in Vlaanderen. Met uitzondering van Noord en Zuid-Limburg ($n = 2$ en 0), bleven er in elke regio nog voldoende individuen over. Ook de kweekindividuen ($n = 104$) werden verwijderd uit deze dataset. Uiteindelijk bleven er autochtone 330 individuen over (**Tabel 6**).

Genetische diversiteit - Waargenomen heterozygositeit van de autochtone populaties varieert tussen 0.229 (Regio Kust - Oost) en 0.242 (Oost-Brabant) en verschilt niet significant van verwachte heterozygositeit (**Tabel 6**). Heterozygositeit is over het algemeen lager na het verwijderen van kweekindividuen en wildvangst individuen die in voorgaande analyses werden toegewezen als afkomstig uit kweekpopulaties, maar dit effect is verwaarloosbaar (range = 0 - 0.007).

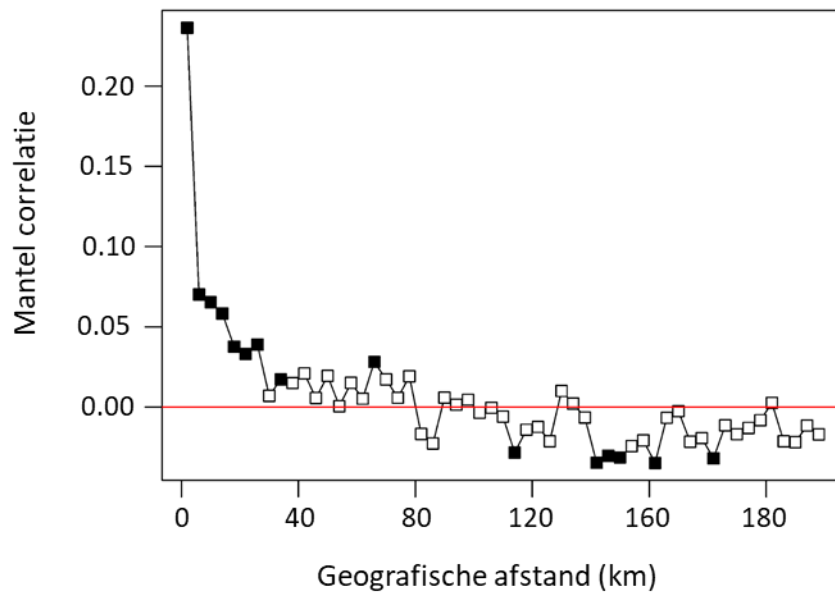
Tabel 6. Waargenomen en verwachte heterozygositeit (H_O en H_E), en het aantal individuen (n) per groep voor alle individuen en voor alle autochtone individuen (exclusief kweekindividuen wildvangst individuen die in voorgaande analyses werden toegewezen als afkomstig uit kweekpopulaties). In het vet staat aangeduid uit welke groepen individuen afkomstig uit kweek werden geïdentificeerd.

Regio	Totaal			Autochtoon		
	n	H_O	H_E	n	H_O	H_E
Noorderkempen	38	0.231	0.224	38	0.231	0.224
Limburg - Noord	4	0.238	0.235	2	0.231	0.223
Limburg - Zuid	6	0.247	0.238	0	-	-
OostVI - Noord	50	0.230	0.226	50	0.230	0.226
OostVI - Oost	34	0.237	0.236	25	0.233	0.231
OostVI - Zuid	29	0.231	0.225	27	0.230	0.224
Pajottenland	19	0.237	0.233	12	0.232	0.226
Oost-Brabant	42	0.242	0.234	21	0.242	0.229
Ieper	32	0.234	0.229	32	0.234	0.229
Kust - Oost	19	0.229	0.223	19	0.229	0.223
Kust - West	33	0.232	0.224	33	0.232	0.224
WestVI - Centraal	41	0.235	0.227	40	0.235	0.227
WestVI - Zuid	31	0.232	0.228	31	0.232	0.228

Genetische structuur - De autochtone individuen uit de regio Noorderkempen vormen zoals in de vorige analyses een duidelijke aparte cluster (**Figuur 9**). Verder clusteren enkele individuen uit de regio centraal West-Vlaanderen apart. Al deze individuen zijn afkomstig uit één WBE (**Bijlage 3**). F_{ST} waarden variëren tussen 0.014 en 0.042 (overall $F_{ST} = 0.026$). Genetische differentiatie is het grootst tussen de Noorderkempen en Oost-Vlaanderen Zuid (**Tabel 7**). Zowel DAPC als STRUCTURE (**Figuur 10**, **Figuur 11**) bevestigen dit resultaat en geven aan de er

Genetische en geografische afstand tussen individuen is het sterkst gecorreleerd bij korte afstanden (<2 km). Deze correlatie is significant maar veel minder sterk voor afstanden tot 20 km (**Figuur 12**).

Genetische en geografische afstand tussen individuen is het sterkst gecorreleerd bij korte afstanden (<2 km). Deze correlatie is significant maar veel minder sterk voor afstanden tot 20 km (**Figuur 12**).



Figuur 12. Spatiële autocorrelatie tussen genotypes. Dit geeft de correlatie weer tussen genetische en geografische afstanden tussen de wilde individuen voor afstandsklassen die telkens 2 km van elkaar verschillen. Volle vierkantjes geven een significante (positieve of negatieve) correlatie tussen beide weer, holle vierkantjes geven een niet significante waarde weer.

4 DISCUSSIE

Het doel van dit rapport was om enerzijds een methodiek op punt te stellen die het mogelijk maakt om wilde patrijzen van gekweekte individuen te onderscheiden, en anderzijds om de populatie-genetische structuur van patrijs in Vlaanderen te bestuderen (met oog op evaluatie van de noodzaak tot translocaties). In de discussie overlopen we eerst patronen van genetische diversiteit in populaties van autochtone, wildvangst en kweekindividuen, en de noodzaak voor eventuele maatregelen. Vervolgens bespreken we de genetische structuur van autochtone, wildvangst en kweekindividuen. Tot slot focussen we op de mogelijkheden om gekweekte van autochtone individuen te onderscheiden en de ontwikkeling van een genetische methode om dit onderscheid in de toekomst op een routinematige wijze te kunnen maken.

4.1 EVALUATIE VAN DE GENETISCHE DIVERSITEIT

Geobserveerde en verwachte heterozygositeit wordt vaak gebruikt als maat voor de genetische diversiteit van populaties (Frankham et al. 2002). Een individu is heterozygoot voor een bepaald locus als voor dit specifieke locus twee verschillende allelen (of varianten) aanwezig zijn. In dit geval wordt elk van de > 30 000 geanalyseerde SNPs beschouwd als een locus. De geobserveerde heterozygositeit wordt dan berekend als het percentage van loci dat heterozygoot zijn in een bepaalde populatie of regio. Voor de wilde patrijzen varieerde de geobserveerde heterozygositeit tussen 0.229 (Regio Kust - Oost) en 0.242 (Oost-Brabant). De verschillen in genetische diversiteit tussen de verschillende regio's zijn verwaarloosbaar (grootste verschil = 0.013). Genetische diversiteit was bovendien maar een fractie hoger (maximale verschil van 0.018) in kweekpopulaties ten opzichte van de autochtone populaties.

Bovendien verschilde de geobserveerde heterozygositeit (H_0) niet van de heterozygositeit die men verwacht onder Hardy-Weinberg evenwicht (i.e. verwachte heterozygositeit, H_E). Geobserveerde heterozygositeit kan lager zijn dan verwachte heterozygositeit als een gevolg van populatiestructuur (non-random paarvorming binnen het beschouwde staal), inteelt, recente bottlenecks, kleine populatiegroottes en/of een Wahlund effect (i.e. wanneer populaties met een verschillende genetische samenstelling vermengd worden).

Deze resultaten tonen aan dat diversiteit in geen enkele regio lager is en dat Vlaamse autochtone patrijzenpopulaties niet meetbaar te lijden hebben onder inteelt, ook niet in regio's waar densiteiten lager zijn. Translocaties of gecontroleerde bijplaatsingen met als doel de nadelige invloeden van lage genetische diversiteit en inteelt tegen te gaan, lijken dus niet nodig te zijn voor de instandhouding van patrijzenpopulaties in Vlaanderen (Weeks et al. 2011).

groepen. Hierbij verwachten we assignmentsscores tussen 50 en 70%. Van de 48 individuen die werden geïdentificeerd als afkomstig uit een kwekerij, zijn er 13 waarschijnlijk kruisingen tussen wilde en kweekindividuen.

4.3.3 Uitzettingen in Vlaanderen

Wildvangst patrijzen met een herkomst uit kweekpopulaties detecteerden we nagenoeg in alle regio's, behalve de Noorderkempen en de meeste West-Vlaamse regio's. Met uitzondering van Zuid-Limburg, waren er in elk van deze regio's telkens ook autochtone individuen aanwezig. Van de uitgezette individuen waren stalen aanwezig die zowel afkomstig waren van de jacht (n = 15 op een totaal van 216 individuen, jachtseizoen 2020) als van onze eigen staalnamecampagne (n = 33 op een totaal van 160 individuen, voorjaar 2021).

We benadrukken dat dit geen representatief beeld geeft van de omvang van uitzettingen van patrijzen. De staalnames waren beperkt tot gebieden waar lokale wildebeheereenheden zich bereid hadden getoond tot samenwerking, zowel voor het aanleveren van stalen van gestrekte patrijzen als voor hulp bij de vangst van levende patrijzen. Dit maakt dat we zeker voor geschoten patrijzen relatief weinig uitgezette dieren verwachtten. Aangezien het overlevingssucces van uitgezette patrijzen doorgaans lager wordt ingeschat dan dat van wilde exemplaren (Buner et al. 2005, 2011; Parish & Sotherton 2007; Rymešová et al. 2012), verwachtten we ook een onderschatting van het aandeel uitgezette patrijzen bij de ringvangsten in de periode februari tot april 2021.

Over het algemeen lijken uitzettingen een groter aandeel te hebben op de totale populatie in Oost-Brabant (21 van de 42 individuen), waar ook een aanzienlijk deel kruisingen werd gedetecteerd (11 van de 21 individuen), en Limburg (8 van de 10 individuen). Een belangrijke nuance die we hierbij moeten maken, is dat in de provincie Limburg slechts 11 stalen bekomen werden, afkomstig uit vier WBE's. Dit ondanks het feit dat er in deze provincie in 2020 nog 739 patrijzen verdeeld over 11 WBE's geschoten werden (Scheppers 2021). Van de WBE's waar uitzettingen gedetecteerd zijn, zijn er drie die volgens hun gerapporteerde afschotcijfers in het najaar van 2020 niet op patrijzen hebben gejaagd (**Figuur 3**). Hoewel het uitzetten van patrijzen in functie van jacht in Wallonië actueel ter discussie staat, met recente wijzigingen in de regelgeving hieromtrent, was het in 2020 nog toegestaan om in Wallonië gekweekte patrijzen uit te zetten. Dit is vooral relevant voor gebieden dichtbij de Waalse grens (vb. Zuid-Limburg). Hierbij moet rekening gehouden worden met de (beperkte) dispersieafstand van patrijzen. Sinds 2020 is het uitzetten van patrijzen aan strikte voorwaarden verbonden in Wallonië. Uitzettingen zijn enkel nog mogelijk in het kader van bijplaatsingen voor soortherstel, waarna er gedurende drie jaren een jachtverbod bestaat. Bovendien moeten alle uitgezette dieren voorzien zijn van een wetenschappelijke ring. Dit verkleint drastisch de kans dat in de toekomst een in Wallonië (legaal) uitgezette patrijs foutief gedetecteerd zou worden als een in Vlaanderen uitgezet exemplaar.

Van de individuen die gevangen werden, werd ook telkens de leeftijdsklasse ($<1j$, $>1j$) geschat in het veld op basis van het ruipatroon. Hieruit bleek dat 28% van de gevangen patrijzen

gesteld dient te worden van het ANB of het INBO (BVR 25/04/2014³). Dit kan gebruikt worden voor monitoring van de genetische structuur over de jaren heen, waarbij plotse verschuivingen ook kunnen wijzen op uitzettingen. Deze gebiedsdekkende staalname laat het beleid ook toe om jaarlijks een selectie te maken van stalen voor de herkomstbepaling van gestrekte patrijzen.

³ Art. 20. Besluit van de Vlaamse Regering houdende vaststelling van de voorwaarden waaronder de jacht kan worden uitgeoefend [citeeropschrift:"het Jachtvoorwaardenbesluit van 25 april 2014"] (B.S. 2014)

Referenties

- ANB (2020). Subsidie bescherming nesten en jongen broedvogels op landbouwpercelen 2020.
- Aebischer N.J. (2019). Fifty-year trends in UK hunting bags of birds and mammals, and calibrated estimation of national bag size, using GWCT's National Gamebag Census. *European Journal of Wildlife Research* 65 (4). <https://doi.org/10.1007/s10344-019-1299-x>.
- Andersen L.W. & Kahlert J. (2012). Genetic indications of translocated and stocked grey partridges (*Perdix perdix*): does the indigenous Danish grey partridge still exist? *Biological Journal of the Linnean Society* 105 (3): 694–710. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8312.2011.01833.x>.
- Andrews S. (2015). FastQC: A quality control tool for high throughput sequence data [WWW document]. <https://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/>.
- Araki H., Cooper B. & Blouin M.S. (2007). Genetic effects of captive breeding cause a rapid, cumulative fitness decline in the wild. *Science* 318 (5847): 100–103. <https://doi.org/10.1126/science.1145621>.
- AVES (2020). L'Atlas des Oiseaux Nicheurs: Explications sur les cartes (unpublished data).
- Barbanera F., Pergams O.R., Guerrini M., Forcina G., Panayides P. & Dini F. (2010). Genetic consequences of intensive management in game birds. *Biological Conservation*, 143(5), 1259–1268. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2010.02.035>.
- Bech N. (2010). Génétique de la Conservation et du Paysage: Étude des Populations de Lagopède alpin et de Perdrix grise en France. *Sciences de l'environnement*, Université de Perpignan.
- Bech N., Novoa C., Allienne J.F. & Boissier J. (2010). Transferability of microsatellite markers among economically and ecologically important galliform birds. *Genetics and Molecular Research* 9 (2): 1121–1129. <https://doi.org/10.4238/vol9-2gmr760>.
- Bech N., Novoa C., Bro E. & Boissier J. (2012). Conservation de la diversité génétique des populations naturelles de perdrix grise: la question des lâchers d'oiseaux d'élevage. *Faune Sauvage* 297: 10–14.
- Bech N., Novoa C., Allienne J.F., Boissier J. & Bro E. (2020). Quantifying genetic distance between wild and captive strains of the grey partridge *Perdix perdix* in France: conservation implications. *Biodiversity and Conservation*, 29(2), 609–624. <https://doi.org/10.1007/s10531-019-01901-w>.
- Besnier F. & Glover K.A. (2013). ParallelStructure: AR package to distribute parallel runs of the population genetics program STRUCTURE on multi-core computers. *PLoS One*, 8(7), e70651. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0070651>.
- BirdLife International (2015). *Perdix perdix* (Grey Partridge) European Red List of Birds. Supplementary Material. Luxembourg: Office for Official Publications of the European Communities.
- BirdLife International (2017). European birds of conservation concern: populations, trends and national responsibilities. Cambridge, UK.
- Birkan M. (1971). Réussite des lâchers de perdrix grise (*Perdix perdix*) et de perdrix rouge (*Alectoris rufa*) d'élevage. *Bulletin du Conseil Supérieur de la Chasse* (15): 44–56.

- Champagnon J., Elmberg J., Guillemain M., Gauthier-Clerc M. & Lebreton J.D. (2012). Conspecifics can be aliens too: a review of effects of restocking practices in vertebrates. *Journal for Nature Conservation*, 20(4), 231–241. <https://doi.org/10.1016/j.jnc.2012.02.002>.
- Christie M.R., Marine M.L., French R.A. & Blouin M.S. (2012). Genetic adaptation to captivity can occur in a single generation. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 109 (1): 238–242. <https://doi.org/10.1073/pnas.1111073109>.
- Commissie voor Leefmilieu Natuur Ruimtelijke Ordening Energie en Dierenwelzijn (2021). Vraag om uitleg over de illegale uitzettingen van fazanten en patrijzen [WWW document] <https://www.vlaamsparlement.be/nl/parlementair-werk/commissies/commissievergaderingen/1079443/verslag/1080934>. Danecek P., Auton A., Abecasis G., Albers C.A., Banks E., DePristo M.A., Handsaker, Robert E., Lunter G., Marth G.T., Sherry S.T., McVean G. & Durbin R. (2011). The variant call format and VCFtools. *Bioinformatics* 27 (15): 2156–2158. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btr330>.
- Devos K. (2004). Patrijs. In: Vermeersch G., Anselin A., Devos K., Herremans M., Stevens J., Gabriëls J. & Van Der Krieken B. (2004). *Atlas van de Vlaamse broedvogels 2000-2002*. Mededelingen van het Instituut voor Natuurbeschoud 23, Brussel.
- Devos K., Anselin A., Driessens G., Herremans M., Onkelinx T., Spanoghe G., Stienen E.W.M., T'jollyn F., Vermeersch G. & Maes D. (2016a). De IUCN Rode-Lijst van de broedvogels in Vlaanderen (2016). *Rapporten van het Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek jaar (11485739)* (DOI: [dx.doi.org/10.21436/inbor.11485739](https://doi.org/10.21436/inbor.11485739)): 52.
- Devos K., Vermeersch G., Onkelinx T., T'jollyn F. & Lewylle I. (2016b) Het project Algemene Broedvogels Vlaanderen (ABV): een nieuwe update van populatietrends (2007-2016). *Vogelnieuws, ornithologische nieuwsbrief van het INBO*, (27) 28-31, Brussel.
- ecopedia.be (2021). Patrijs | Ecopedia [WWW document]. <https://www.ecopedia.be/dieren/patrijs>.
- Earl D.A. & VonHoldt B.M. (2012). STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conservation genetics resources*, 4(2), 359–361.
- Elshire R.J., Glaubitz J.C., Sun Q., Poland J.A., Kawamoto K., Buckler E.S. & Mitchell S.E. (2011). A Robust, Simple Genotyping-by-Sequencing (GBS) Approach for High Diversity Species. *PLoS ONE* 6 (5): e19379. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0019379>.
- Falush D., Stephens M. & Pritchard J. K. (2007). Inference of population structure using multilocus genotype data: dominant markers and null alleles. *Molecular ecology notes*, 7(4), 574–578. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2007.01758.x>.
- Frankham R., Ballou J. & Briscoe D.A. (2002). "Genetic management of captive populations." *Introduction to Conservation Genetics*: 419–446.
- Frankham R. (2008). Genetic adaptation to captivity in species conservation programs. (17): 325–333. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2007.03399.x>.
- Frankham R., Ballou J.D. & Briscoe D.A. (2010). *Introduction to Conservation Genetics*. Cambridge University Press, Cambridge, UK, 618 p.
- Goudet J. (2004). HIERFSTAT, a package for R to compute and test hierarchical F-statistics. *Molecular Ecology Notes* 5 (1): 184–186. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2004.00828.x>.

- Green R.E. (1984). The feeding ecology and survival of partridge chicks (*Alectoris rufa* and *Perdix perdix*) on arable farmland in East Anglia. *Journal of Applied Ecology* (21): 817–830.
- Guidelines for taking samples from birds and mammals for DNA extraction (s.d.). Facility Protocols Sheffield Molecular Genetics. <http://library1.nida.ac.th/termpaper6/sd/2554/19755.pdf>.
- Homberger B., Jenni L., Duplain J., Lanz M. & Schaub M. (2021). Strong effects of radio-tags, social group and release date on survival of reintroduced grey partridges. *Animal Conservation*. <https://doi.org/10.1111/acv.12673>.
- Huyghebaert P. (2020). Lokaal jachtverbod op patrijs, haas en fazant nadat dieren werden uitgezet om te bejagen: “Verboden en ontoelaatbaar” [WWW document]. In: vrt.be. <https://www.vrt.be/vrtnws/nl/2020/10/04/lokaal-jachtverbod-nadat-patrijzen-werden-uitgezet-om-te-bejagen/> (accessed October 4, 2020).
- Jombart T. & Collins C. (2015). A tutorial for discriminant analysis of principal components (DAPC) using adegenet 2.0. O. London: Imperial College London, MRC Centre for Outbreak Analysis and Modelling.
- Karlsson S., Diserud O.H., Fiske P., Hindar K. (2016). Widespread genetic introgression of escaped farmed Atlantic salmon in wild salmon populations. *ICES Journal of Marine Science*, 73: 2488–2498. <https://doi.org/10.1093/icesjms/fsw121>.
- Kraaijeveld-Smit F.J., Griffiths R.A., Moore R.D. & Beebee, T.J. (2006). Captive breeding and the fitness of reintroduced species: a test of the responses to predators in a threatened amphibian. *Journal of Applied Ecology*, 360–365.
- Kuijper D.P.J., Oosterveld E. & Wymenga E. (2009). Decline and potential recovery of the European grey partridge (*Perdix perdix*) population—a review. *European Journal of Wildlife Research* 55 (5): 455–463. <https://doi.org/10.1007/s10344-009-0311-2>.
- Laikre L., Schwartz M.K., Waples R.S. & Ryman N. (2010). Compromising genetic diversity in the wild: unmonitored large-scale release of plants and animals. *Trends in Ecology and Evolution* 25: 520–529. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2010.06.013>.
- Langmead B. & Salzberg S.L. (2012). Fast gapped-read alignment with Bowtie2. *Nature Methods* 9: 357–359.
- Lavretsky P., McInerney N.R., Mohl J.E., Brown J.I., James H.F., McCracken K.G. & Fleischer R.C. (2020). Assessing changes in genomic divergence following a century of human-mediated secondary contact among wild and captive-bred ducks. *Molecular Ecology*: 29(3), 578–595. <https://doi.org/10.1111/mec.15343>.
- Lepais O. & Weir J.T. (2014). SimRAD: an R package for simulation-based prediction of the number of loci expected in RADseq and similar genotyping by sequencing approaches. *Molecular Ecology Resources* 14 (6): 1314–1321. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12273>.
- Liukkonen T., Kvist L. & Mykrä S. (2012). Microsatellite markers show distinctiveness of released and wild grey partridges in Finland. *Animal Biodiversity and Conservation* 35 (2): 419–428. <https://doi.org/10.32800/abc.2012.35.0419>.
- Manly B.F.J. (1977). The determination of key factors from life table data. *Oecologia* (31): 111–117.
- Martin J., Novoa C., Blanc-Manel S. & Tabarlet P. (2003). Les populations de perdrix grise des Pyrénées (*Perdix perdix hispaniensis*) ont-elles subi une introgression génétique à partir d’individus

d'élevage? Analyse du polymorphisme de 1'ADN mitochondrial. Les Actes du BRG (4): 115–126.
<https://www.yumpu.com/fr/document/read/34851708/les-populations-de-perdrix-grise-des-pyrenees-bureau-des->.

Martin M. (2011). Cutadapt removes adapter sequences from high-throughput sequencing reads. EMBnet.journal 17 (1): 10. <https://doi.org/10.14806/ej.17.1.200>.

McGinnity P., Prodöhl P., Ferguson A., Hynes R., Maoiléidigh N., Baker N., Cotter D., Hea B.O., Cooke D., Rogan G., Taggart J., Cross T., McGinnity P., Prodo P., Ferguson A., Hynes R., Baker N., Cotter D., Hea B.O., Cooke D., Rogan G., Taggart J. & Cross T. (2003). Fitness reduction and potential extinction of wild populations of Atlantic salmon, *Salmo salar*, as a result of interactions with escaped farm salmon. Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences, 270(1532), 2443–2450. <https://doi.org/10.1098/rspb.2003.2520>.

McGowan P.J. & Kirwan G.M. (2013). Grey partridge (*Perdix perdix*). In: del Hoyo J., Elliott A., Sargatal J., Christie D.A. & de Juana E. (eds.). Handbook of the Birds of the World Alive. Lynx Edicions, Barcelona.

Meriggi A. & Della Stella R.M. (2004). Dynamics of a reintroduced population of red-legged partridges *Alectoris rufa* in central Italy. *Wildlife Biology* 10 (1): 1–9. <https://doi.org/10.2981/wlb.2004.002>.

Morris A.J. & Gilroy J.J. (2008). Close to the edge: predation risks for two declining farmland passerines. *Ibis* 150 (1): 168–177. <https://doi.org/https://doi.org/10.1111/j.1474-919X.2008.00857.x>.

Muñoz-Fuentes V., Vilà C., Green A. J., Negro J.J. & Sorenson M.D. (2007). Hybridization between white-headed ducks and introduced ruddy ducks in Spain. *Molecular Ecology* (16): 629–638. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2006.03170.x>.

Onkelinx T., Vermeersch G. & Devos K. (2021). Patrijs. In: Trends op basis van de Algemene Broedvogelmonitoring Vlaanderen (ABV). Technisch achtergrondrapport voor de periode 2007-2020. Rapporten van het Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek 2021 (14). Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek, Brussel. <https://doi.org/10.21436/inbor.34162521>

Paris J.R., Stevens J.R. & Catchen J.M. (2017). Lost in parameter space: a road map for stacks. *Methods in Ecology and Evolution* 8 (10): 1360–1373.

Parish D.M.B. & Sotherton N.W. (2007). The fate of released captive-reared grey partridges *Perdix perdix*: Implications for reintroduction programmes. *Wildlife Biology* 13 (2): 140–149. [https://doi.org/10.2981/0909-6396\(2007\)13\[140:TFCRCG\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.2981/0909-6396(2007)13[140:TFCRCG]2.0.CO;2).

Poland J.A., Brown P.J., Sorrells M.E. & Jannink J.-L. (2012). Development of High-Density Genetic Maps for Barley and Wheat Using a Novel Two-Enzyme Genotyping-by-Sequencing Approach. PLoS ONE 7 (2): e32253. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0032253>.

Pritchard J K., Stephens M. & Donnelly, P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155(2), 945–959. <https://doi.org/10.1093/genetics/155.2.945>

Putaala A. & Hissa R. (1998). Breeding dispersal and Demography of wild and Hand-Reared Grey Partridges (*Perdix perdix*) in Finland. Wildlife Biology 4: 137–145.

Putaala A., Turtola A. & Hissa R. (2001). Mortality of wild and released hand-reared grey partridges (*Perdix perdix*) in Finland. Game and Wildlife Science (France).

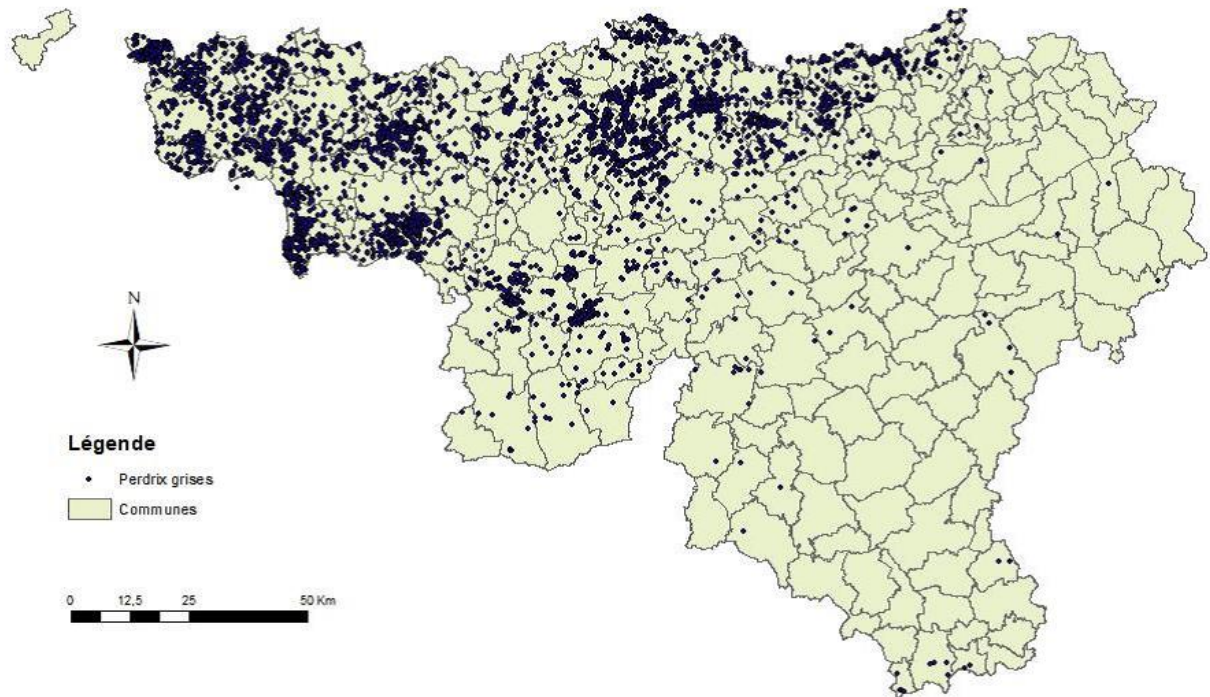
R Core Team (2021). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>

- Randi E. (2008). Detecting hybridization between wild species and their domesticated relatives. *Molecular ecology*, 17(1), 285–293. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2007.03417.x>.
- Rantanen E.M., Buner F., Riordan P., Sotherton N. & Macdonald D.W. (2010). Habitat preferences and survival in wildlife reintroductions: An ecological trap in reintroduced grey partridges. *Journal of Applied Ecology* 47 (6): 1357–1364. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2664.2010.01867.x>.
- Robinson R.A. (2005). BirdFacts: profiles of birds occurring in Britain & Ireland. BTO, Thetford (<http://www.bto.org/birdfacts>, accessed on 21 December 2021).
- Rochette N.C. & Catchen J.M. (2017). Deriving genotypes from RAD-seq short-read data using Stacks. *Nature Protocols* 12: 2640–2659.
- Rochette N.C., Rivera-Colón A.G. & Catchen J.M. (2019). Stacks 2: Analytical methods for paired-end sequencing improve RADseq-based population genomics. *Molecular Ecology* 28 (21): 4737–4754. <https://doi.org/10.1111/mec.15253>.
- Rymešová D., Tomášek O. & Šálek M. (2013). Differences in mortality rates, dispersal distances and breeding success of commercially reared and wild grey partridges in the Czech agricultural landscape. *European Journal of Wildlife Research* (59): 147–158. <https://doi.org/10.1007/s10344-012-0659-6>.
- Sage R. B., Putaala A., Pradell-Ruiz V., Greenall T.L., Woodburn M.I. & Draycott R.A. (2003). Incubation success of released hand-reared pheasants *Phasianus colchicus* compared with wild ones. *Wildlife Biology*, 9(4), 179–184. <https://doi.org/10.2981/wlb.2003.048>.
- Schauvliege M. & De Bruyn P. (2020). Verslag van de hoorzitting namens de Commissie voor Leefmilieu, Natuur, Ruimtelijke Ordening en Energie: over het voorstel van decreet tot wijziging van het Jachtdecreet van 24 juli 1991, wat de schrapping van de patrijs als bejaagbare soort betreft. Vlaams Parlement.
- Scheppers T. (2021). Afschotstatistieken 2020. Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek, 2 pp.
- Scheppers T., Verzelen Y., Devos K., Huysentruyt F., Casaer J., Adriaens T., De Bruyn L., Van Den Berge K., Van Daele T. & Vermeersch G. (2019). De impact van jacht op patrijzenpopulaties: Wat kunnen populatiemodellen ons leren? Rapporten van het Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek 2019 (29). Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek, Brussel. doi.org/10.21436/inbor.15402520.
- Schmidt D.A., Campbell N.R., Govindarajulu P., Larsen K.W. & Russello M.A. (2020). Genotyping-in-Thousands by sequencing (GT-seq) panel development and application to minimally invasive DNA samples to support studies in molecular ecology. *Molecular Ecology Resources*, 20(1), 114–124. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13090>.
- Sokos C.K., Birtsas P.K. & Tsachalidis E.P. (2008). The aims of galliformes release and choice of techniques. *Wildlife Biology* 14 (4): 412–422. <https://doi.org/10.2981/0909-6396-14.4.412>.
- Southwood T.R.E. & Cross D.J. (1967). The Ecology of the Partridge: II. The role of pre-hatching influences. *Journal of Animal Ecology* 38 (3): 497. <https://doi.org/10.2307/3030>.
- Southwood T.R.E. & Cross D.J. (1969). The Ecology of the Partridge: III. Breeding success and the abundance of insects in natural habitats. *Journal of Animal Ecology* 38 (3): 497–509.
- The Game Farmers' Association (2021). Game Farming in the UK [WWW document]. <https://www.gfa.org.uk/game-farming-in-the-uk.html>.

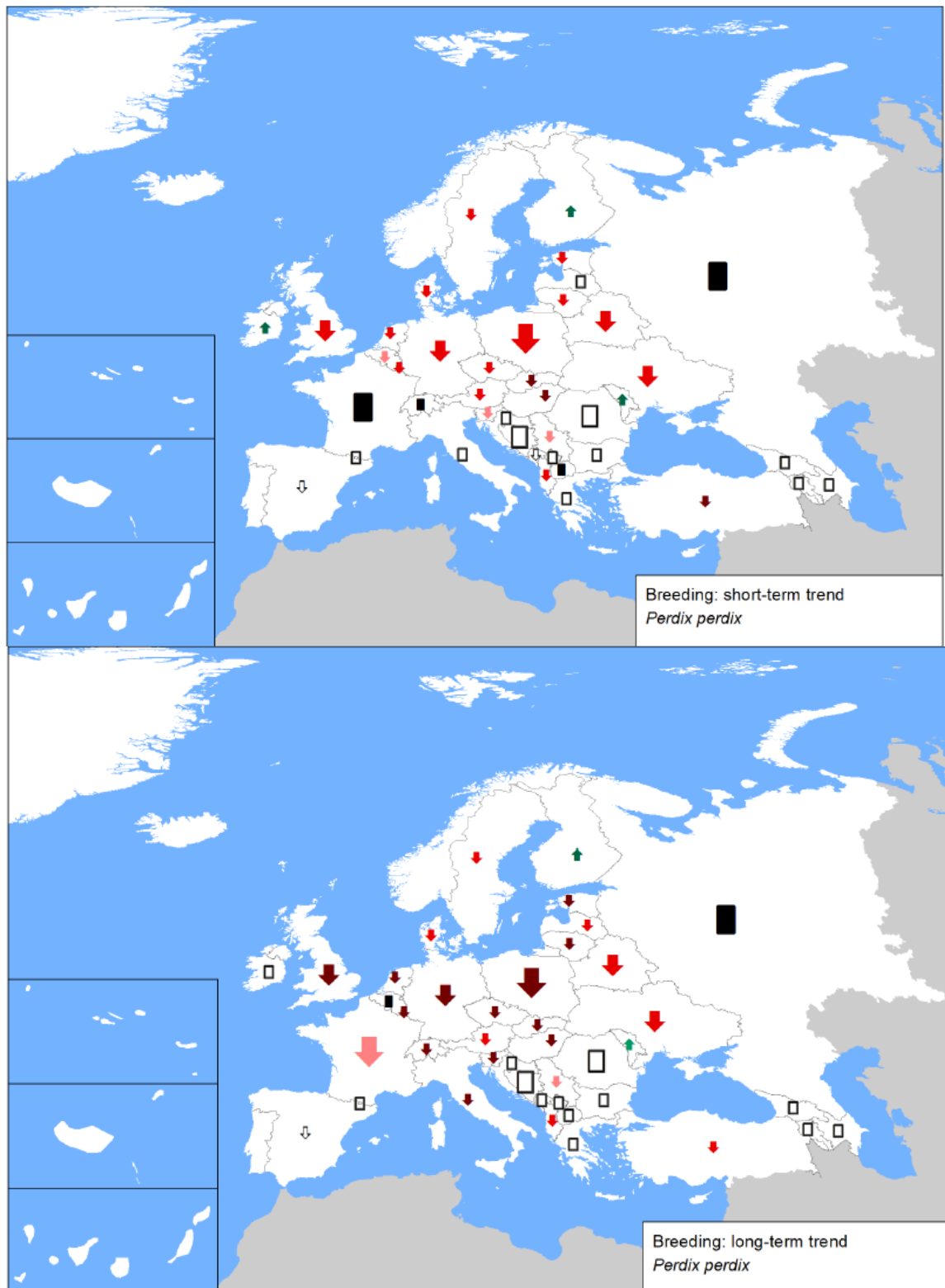
- Vermeersch G. & Devos K. (2020). Patrijs. In: Vermeersch, G., Devos, K., Driessens G., Everaert J., Feys, S., Herremans M., Onkelinx T., Stienen E.W.M. & T'Jollyn F. (2020). Broedvogels in Vlaanderen 2013-2018. Recente status en trends van in Vlaanderen broedende vogelsoorten. Mededelingen van het Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek 2020 (1) Brussel, 228p. DOI: doi.org/10.21436/inbor.18794135
- Vermeersch G., Onkelinx T. & Driessens G. (2021). Resultaten van het project Algemene Broedvogels Vlaanderen (ABV) tot en met 2020. In: INBO Vogelnieuws 34. p. 25–29.
- Verzelen Y., Scheppers T., Onkelinx T., Devos K., Huysentruyt F., Boone N. & Maurice H. (2020). Advies over de toestand van de patrijs. 25: 1–14.
- Vlaamse Vogelatlas (2021). Vogelatlas.be - De vogelatlas van Vlaanderen [WWW document]. <https://www.vogelatlas.be/atlasbe/soorten/soort/3670>.
- Weeks A. R., Sgro C. M., Young A. G., Frankham R, Mitchell N. J., Miller K. A., ... & Hoffmann A. A. (2011). Assessing the benefits and risks of translocations in changing environments: a genetic perspective. *Evolutionary Applications*, 4(6), 709–725. <https://doi.org/10.1111/j.1752-4571.2011.00192.x>.

Bijlage

Bijlage 1: Suplementaire figuren



Figuur 13. Verspreidingskaart van patrijs in Wallonië gebaseerd op recente waarnemingen. Het zwaartepunt van het voorkomen van patrijs lijkt zich voornamelijk in de lager gelegen delen van Wallonië, boven de (Samber-)Maaslijn, te bevinden met duidelijke 'hotspots' nabij de gewestgrens en de landsgrens met Frankrijk. (AVES 2020).



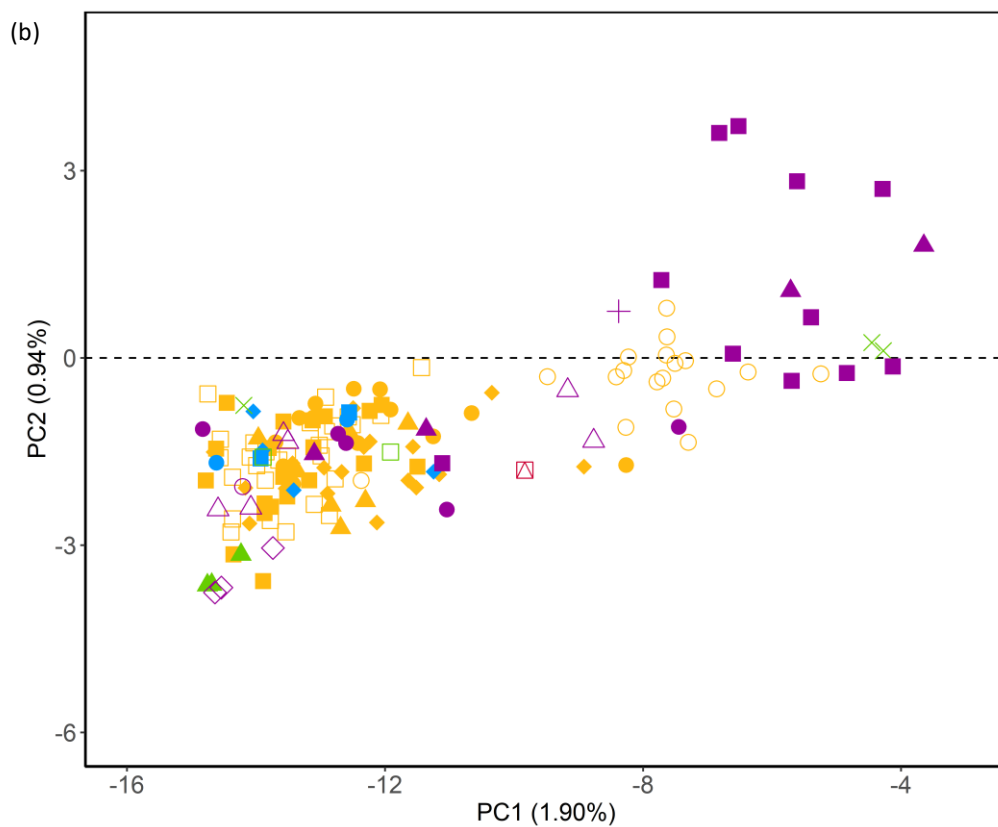
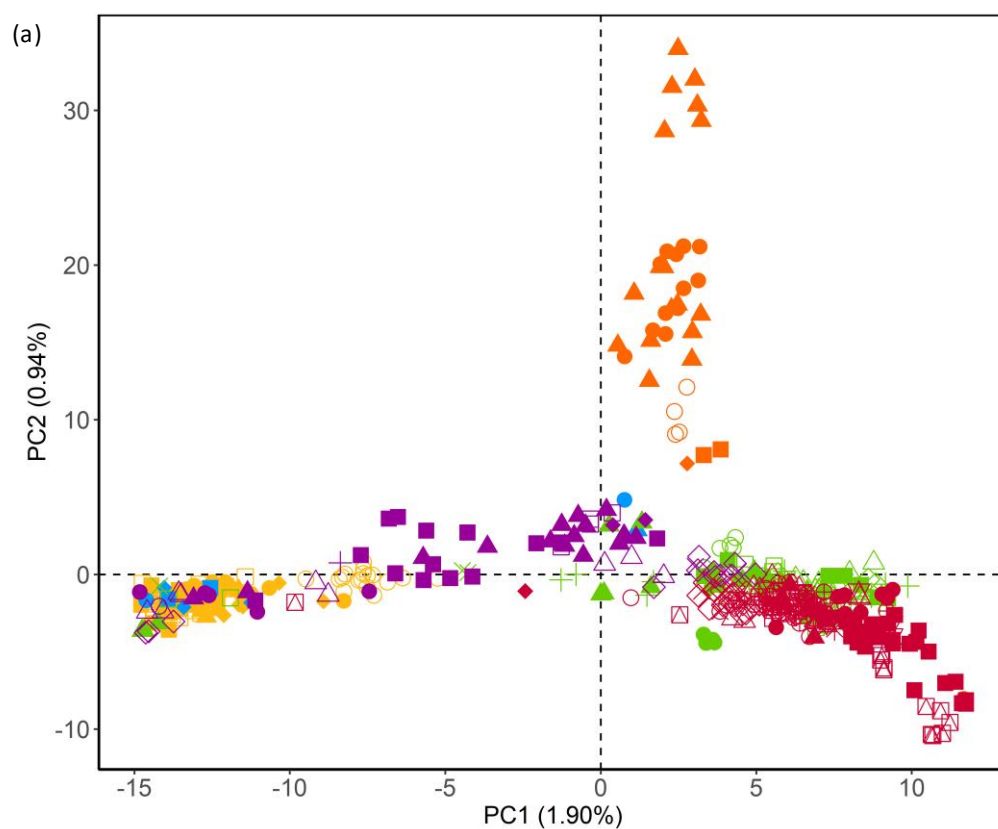
Figuur 14. Populatietrends voor Europese patrijzenpopulaties op zowel korte (boven) als lange (onder) termijn. Op de beide kaarten werden zowel de groottes van de broedpopulaties per land en de verwachte populatietrends voor beide termijnen bepaald. Op basis van de grootteorde, het kleur en de richting duiden de pijlen aan welke trend teruggevonden wordt per land waar patrijs aanwezig is. De grootte van de pijl geeft de proportie, overeenkomend met het aandeel van de Europese populatie dat per land teruggevonden kan worden, weer ($\geq 10\%$, 1-9% en $< 1\%$). Hoe donkerder de kleur, hoe hoger het

////////////////////////////////////

stijgings- of dalingspercentage geschat wordt (donker rood = daling van $\geq 50\%$, rood = daling tussen 20-49%, roze = $< 20\%$ en een lege pijl staat voor een daling van ongekende grootte). Enkel in Finland, Ierland en Moldavië worden op korte termijn grote stijgingen teruggevonden; op lange termijn worden respectievelijk een grote, ongekende en gemiddelde stijging teruggevonden. Volle rechthoekjes staan voor een fluctuerende of stabiele populatie, in landen met een leeg rechthoekje zijn de toekomstige trends niet bekend (BirdLife International 2015)



Bijlage 2 Overzicht genetische structuur alle individuen (per WBE)



Antwerpen - AnPo	OostVlaanderen - HoKa	WestVlaanderen - DaOo
Antwerpen - BeMa	OostVlaanderen - LaAa	WestVlaanderen - DrKo
Antwerpen - Essen	OostVlaanderen - MeNo	WestVlaanderen - HaBe
Antwerpen - GrBr	OostVlaanderen - MoDa	WestVlaanderen - HaHe
Antwerpen - MaBu	OostVlaanderen - RKLB	WestVlaanderen - HaZe
Antwerpen - NoKe	OostVlaanderen - ScOO	WestVlaanderen - HopLa
Kweek - EuHu	OostVlaanderen - ScVa	WestVlaanderen - HouLa
Kweek - GBI1	OostVlaanderen - ZaPu	WestVlaanderen - IeLe
Kweek - GBI2	VlaamsBrabant - BeVo	WestVlaanderen - IFFi
Kweek - MaPl	VlaamsBrabant - DeWP	WestVlaanderen - IJHo
Kweek - NI	VlaamsBrabant - KIBe	WestVlaanderen - KeBe
Kweek - VOC	VlaamsBrabant - MeHo	WestVlaanderen - LSKo
Limburg - JeVa	VlaamsBrabant - NeBr	WestVlaanderen - MaVa
Limburg - Kin	VlaamsBrabant - OoPa	WestVlaanderen - MiVa
Limburg - MoBe	VlaamsBrabant - ROW	WestVlaanderen - PaGa
Limburg - PaKu	VlaamsBrabant - TuVY	WestVlaanderen - Veld
OostVlaanderen - DeVa	VlaamsBrabant - VeDa	WestVlaanderen - WeHo
OostVlaanderen - Etbos	VlaamsBrabant - WaBo	
OostVlaanderen - HaGe	WestVlaanderen - BaLa	

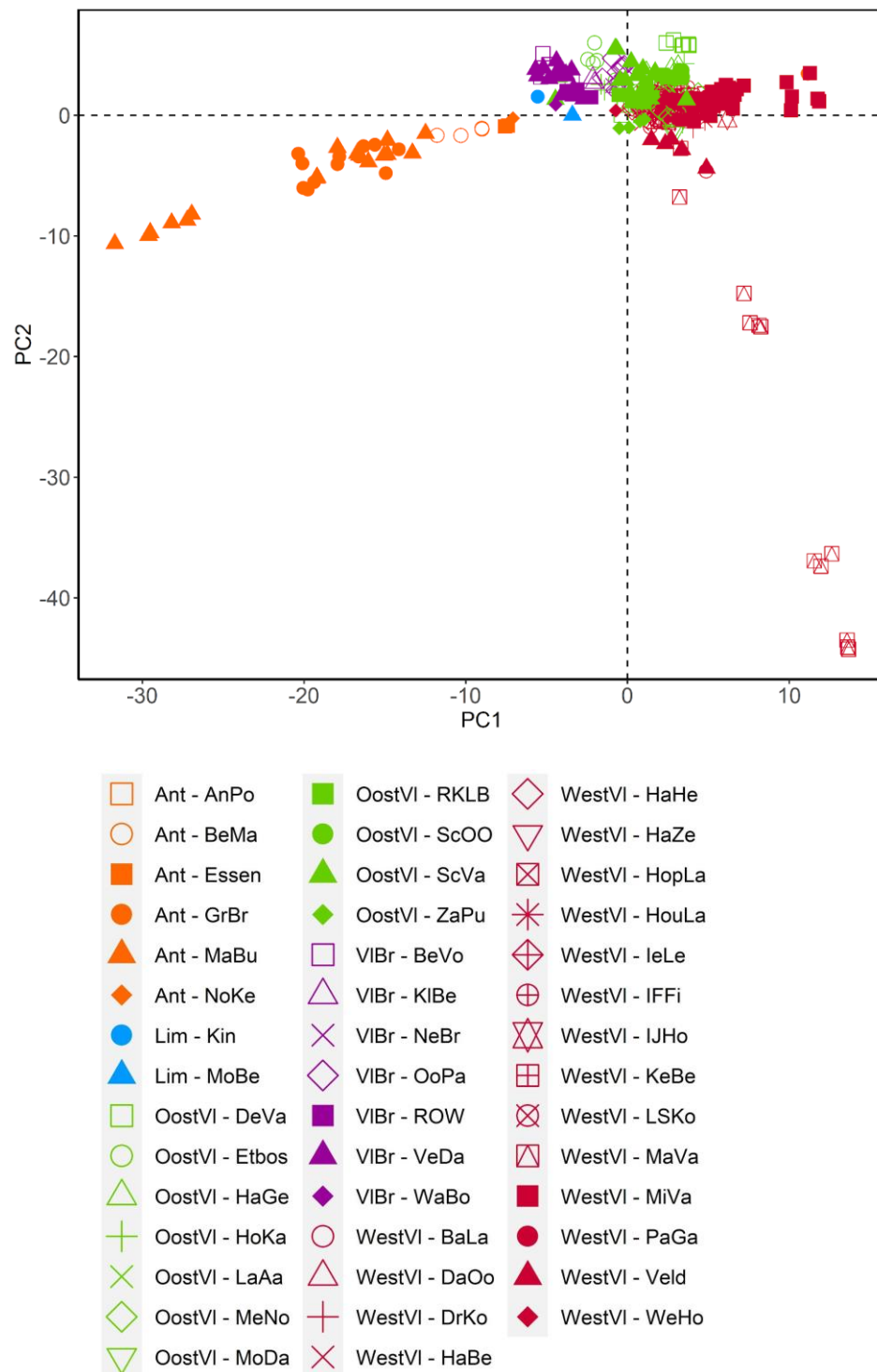
Figuur 15. Ordinatie plot (PCA) waarbij de symbolen de verschillende patrijzen individuen voorstellen. De kleuren en symbolen geven aan tot welke wildbeheereenheden (**Tabel 8**) deze individuen behoren. Hoe dichter de afstand tussen individuen op de plot, hoe meer gelijkend deze zijn qua genetische samenstelling. (a) Overzicht van alle individuen. (b) Detail van de ordinatie, gefocust op dat deel dat overeenkomt met patrijzen afkomstig uit gevangenschap.

Tabel 8. Afkortingen gebruikt voor de wildbeheereenheden in **Figuur 15 en 16.**

WBE	Afkorting	WBE	Afkorting
't Veld	Veld	Klaverbeek	KlBe
Achterhaven Zeebrugge	HaZe	Land van Aalst	LaAa
Antwerpse Polders Noord	AnPo	Langs de Hoge Kale	HoKa
Baekeland	BaLa	Leie en Schelde kouters	LSKo
Damme-Oostkust	DaOo	Mandelvallei	MaVa
De Bekkevoortse	BeVo	Maxburg	MaBu
De Beneden-Marck	BeMa	Meerdaal-Honsem	MeHo
De Harelbeek- en Heulebeekvallei	HaHe	Meetjesland-Noord	MeNo
De Hazebeek	HaBe	Moerstuiver-Damkeuken	MoDa
De Kemmelbeek	KeBe	Molenbeersel	MoBe
De Middenkustvallei	MiVa	Nederbrabant	NeBr
De Zavelputten	ZaPu	Noorderkempen	NoKe
Dendervallei	DeVa	Oost-Pajottenland	OoPa
Dendervallei West-Pajottenland	DeWP	Paddegat	PaGa
Driekoningen	DrKo	Patrijzenkuilen	PaKu
Essen	Essen	Rond Kale, Lieve & Burggrave	RKLB
Etbos	Etbos	ROW	ROW
Groot Brecht	GrBr	Scheldeoord vzw	ScOO
Havengebied Gent	HaGe	Scheldevallei	ScVa
Hoppeland	HopLa	Tussen Ijzer en houtland	IJHo
Houtland	HouLa	Tussen Voer & Yse	TuVY
Ieperlee	IeLe	Velpedal	VeDa
In Flanders Fields	IFFi	Walenbos	WaBo
Jekervallei	JeVa	Westhoek	WeHo
Kinrooi	Kin		

////////////////////////////////////

Bijlage 3 Overzicht genetische structuur wilde individuen (per WBE)



Figuur 16. Ordinatie plot (PCA) voor PC1-2 waarbij de symbolen de verschillende patrijzenindividuen voorstellen. De kleuren en symbolen geven aan tot welke wildbeheereenheden (**Tabel 8**) deze individuen behoren. Hoe dichter de afstand tussen individuen op de plot, hoe meer gelijkend deze zijn qua genetische samenstelling.