

WPA-Benelux



Nieuws 1998/3

**19<sup>e</sup> jaargang**

**November 1998**

**Nummer 3**

## **Inhoudsopgave**

Blz	3	Inhoudsopgave
Blz	4	Van de Redactie
Blz	5	Kamhoendag te Tiergarten Kleve; door Madelon van der Zee
Blz	7	CBAC – Nieuwsflitsen
Blz	8	Benelux Nieuws
Blz	9	Genetische diversiteit, conservatie en phylogenetisch onderzoek van Edwards' fazanten; door Alain Hennache
Blz	14	Activiteiten kalender
Blz	16	Stamboeken, EEP's en registers voor hoendervogels

## *Van de Redactie...*

Voor U ligt alweer de derde Nieuwsbrief van dit jaar. In deze Nieuwsbrief ondermeer het vervolg van het artikel over het genetisch onderzoek van de Edwards' fazanten. Bovendien vierde Aviornis haar 25 jarig jubileum, dit werd uitgebreid gevierd in Domein Bokrijk. Wij feliciteren Aviornis heel hartelijk voor een uitstekende dag en voor de nauwe samenwerking gedurende zoveel jaren. In de volgende Nieuwsbrief een verslag.

Tevens vonden er in september twee belangrijke vergaderingen plaats en wel de internationale conventie van de World Pheasant Association te Edinburgh in Schotland gevolgd door een 'post-conventie' tour.

Bovendien was er een gezamenlijke vergadering van de Conservation Breeding Advisory Committee van WPA en de Europese Taxon Advisory Group voor Galliformes van EAZA om het genetisch onderzoek (DNA-Onderzoek) te bespreken op het wildlife instituut INFS te Bologna in Italië.

Tijdens deze bespeking werd de fondsenwerving voor dit project besproken en werden voorlopig, prioriteiten toegekent aan de soorten, die momenteel in Europese collecties worden gehouden, en waarvoor DNA-onderzoek gewenst is.

Het volgende jaar heeft het bestuur het voornemen om de internationale conventie te Clères te Frankrijk georganiseerd te bezoeken. De bekende dierentuin van wijlen Dr Jean Delacour staat dan op het programma. De huidige directeur Alain Hennache heeft de grote interesse in fazanten voortgezet en dit blijkt dan ook uit de voortreffelijke collectie en de uitstekende resultaten.

***Veel leesplezier toegewenst !***

***In de volgende Nieuwsbrief hopen wij verder in te gaan op het DNA-Onderzoek. Op dit moment zijn nog niet alle gegevens beschikbaar om een volledig overzicht te geven.***

***Ook hopen wij dan een verslag te doen van het Jubileum van Aviornis te Bokrijk en van de conventie in Edinburgh***

### **Redaktieraad:**

**H. Assink, P. Hermans, P. Holsheimer, A. Ovington, S. Vansteenkiste,  
P. Toelen, M. van der Zee-Willems.**

**Redaktieadres Nieuwsbrief:      Nieuwsbrief WPA  
Boerenweg 66  
5944 EL Arcen  
Nederland**

**Tel: 077-473 1272**

**Fax: 077-473 2884**

**Email: [vogelhof@worldonline](mailto:vogelhof@worldonline)**

# *1<sup>ste</sup> Kamhoendag van de EJFG, 8 augustus 1998, te Kleef – Duitsland*

**Madelon van der Zee, EJFG—secretariaat**

Bijna 20 jaar is de werkgroep Wilde Kamhoenders actief. Een initiatief van enkele leden van WPA Benelux en Aviornis die de noodzaak zagen om aandacht te geven aan deze groep vogels, de voorouders van het ons zo nuttige huishoen, waarvan er toentertijd enkel bekend was dat zij zoveel op deze laatste leken. Het moet natuurlijk andersom zijn. De oorspronkelijke soort is degene die de basis legt voor het erna volgende fokprodukt en daarvan zijn er vele gekomen. De mens is nu eenmaal zelf ook een soort die andere soorten aan zich onderwerpt ten nutte en ten vermaak. Maar dit is een zijspoor.

De laatste jaren was de werkgroep enigszins in een rustig vaarwater gekomen. Waren er de eerste jaren diverse importen geweest, hiervan waren er helaas niet veel meer van over. Op initiatief van enkele leden is er toen eerst begonnen met het verzamelen van data uit museumcollecties, balgen dus. Deze zijn grondig bestudeerd en gefotografeerd, omdat het dringend nodig was de verschillen eens duidelijk aan het licht te brengen. Toen kwam er dit voorjaar de gedachte naar boven om eens naar buiten te treden en zo meer liefhebbers te bereiken. Al op de WPA Fazantendag in april j.l. bracht Ludo Pinceel de soorten der Galli eens op een duidelijke wijze naar voren en het bleek dat er veel meer liefhebbers geïnteresseerd zijn in deze groep vogels. Door Pierre Hermans was er toen reeds een vragenlijst gemaakt waarop liefhebbers hun gegevens kwijt konden.

De werkgroep is sindsdien enorm uitgebreid met contacten met liefhebbers en instituten in vele landen tot Zweden en Japan aan toe. Om kort te gaan besloten werd om in augustus een dag te organiseren in het Dierenpark te Kleef. Op uitnodiging van Dietmar Cornelissen, de curator aldaar. Dit park heeft zich gespecialiseerd om oude huisdierrassen met daarbij tevens een vertegenwoordiger van de oorspronkelijke stamouder te laten zien aan een groot publiek. Hier kwamen dus zo'n 30 liefhebbers bijeen uit Duitsland, België en Nederland. Nadat Han Assink iedereen welkom had geheten sprak Dietmar Cornelissen als eerste een inleiding over het ontstaan van het park, geïllustreerd met dia's van de huisdierrassen en hun stamouders. Vervolgens gaf Ludo Pinceel nogmaals zijn uitgebreide overzicht van de Rode kamhoenders met de ondersoorten, en de vraagtekens die hieromtrent nu al gerezen zijn (daarover leest u alles in het artikel van Ludo zelf) en het Sonnerathoen, het Lafayettehoen en het Groene Javahoen. Het blijkt eens te meer dat het onderzoek zich nog in een beginfase bevindt en we voorsnog nog werk genoeg hebben aan dit interessante project. Pierre Hermans sprak vervolgens over de gegevens die hij uit de twee afzonderlijke vragenlijsten tot nu toe heeft verkregen. Hierna was er een korte lunchpauze waarna weer snel verder gegaan werd daar op deze mooie dag het park natuurlijk ook bezocht moest worden.

Maar eerst gaf Marc Neyrinx een weergave van het verspreidingsgebied van de soorten en de overlappende gebieden en de problemen hieromtrent. De gegevens zijn verzameld uit literatuuronderzoek en dan met name van Delacour en Johnsgard, maar komen ook van de vindplaatsen van balgen uit de collecties van Tring en Parijs waar immers de plaats van herkomst bij vermeld staat. Het moet gezegd dat de balgencollectie van Leiden dit najaar onderzocht zal worden waar de gegevens van met name het Rode Kamhoen van Java, *Gallus gallus bankiva* van groot belang zullen zijn, daar het hier met aan zekerheid grenzende waarschijnlijkheid om een aparte ondersoort gaat. Dit is immers waarschijnlijk omdat zoals uit de tot nu toe verkregen gegevens blijkt dat de drie ondersoorten *Gallus gallus gallus*, *Gallus gallus murghi* en *Gallus gallus spadiceus* mogelijk slechts verspreidingsverschillen laten zien in uiterlijk. Het is dus zeer de vraag of het hier werkelijk om ondersoorten gaat of slechts om variëteiten. Net zoals we kunnen zeggen dat van de menselijke soort er vele variëteiten bestaan maar het hier toch ook om een enkele soort gaat. Denk maar aan mensen met noordelijke

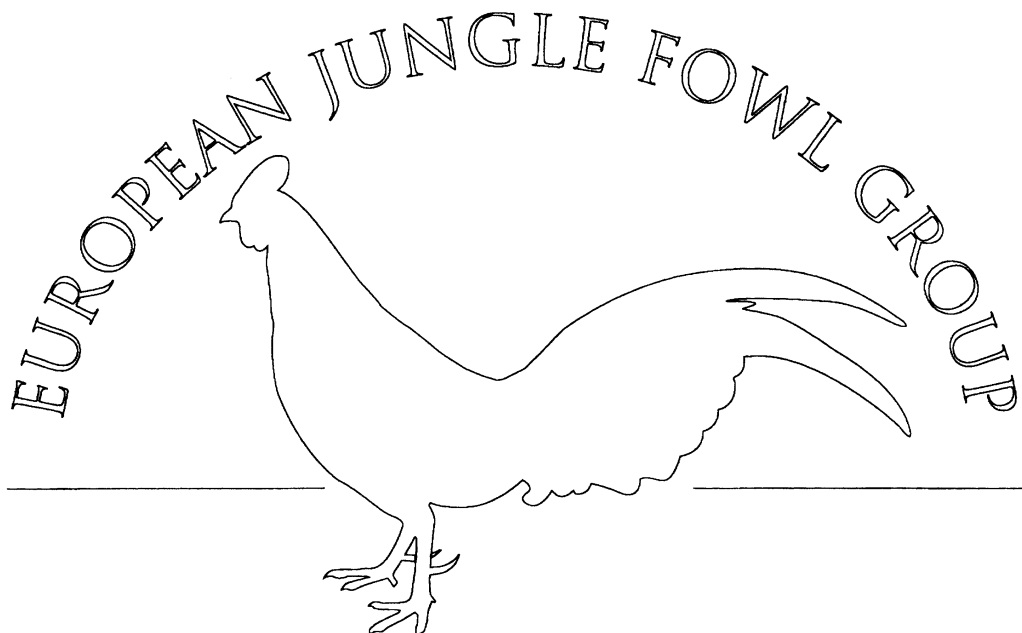
kenmerken, blond haar blauwe ogen lang van gestalte en zuidelijke typen zwart haar, donkerbruine of zwarte ogen en alle variëteiten daartussen om nog maar niet te spreken van de Afrikaanse, Aziatische en Amerikaanse mensentypen. Dit alles terzijde maar het geeft wel te denken, temeer daar we nu met behulp van het DNA onderzoek veel verder kunnen gaan dan we zo'n 20 jaar geleden voor mogelijk hadden gehouden. Toen konden we alleen uitgaan van de uiterlijke kenmerken en nu weten we al zoveel meer!

Na nog een korte discussie vertrokken we naar het park waar we een aangename rondleiding kregen van Dietmar. Waarna we tot besluit konden genieten van de nodige dorstlessende dranken waar op deze hete dag een grote behoefte aan bestond en diverse lekkere hapjes. Dietmar en zijn vrouw die dit alles verzorgd hadden bedankten we hiervoor hartelijk en ook voor deze zeer geslaagde dag en we hopen de kamhoenderdag tot een terugkerend evenement te maken, want het blijkt dat er een grote interesse bestaat voor deze oorspronkelijke en in zijn uiterlijk zowel als gedrag zeer belangwekkende groep vogels.

**Summary:**

After being in existence for over twenty years the working group of the Jungle Fowl decided the time had come to keep a meeting for all interested in these species to attend. The meeting place was the Specialist Zoo for Rare Domestic Breeds in Kleve, Germany. During the last year many more interested breeders joined the working group as the Jungle Fowl is of utmost importance to Man being the founder of such an important species as the provider of eggs. Some members of the Working Group have gathered data from the collections of Tring, England and Paris, France and next will be those of Leyden, Netherlands. So as to establish the true characteristics of the four species of Gallus and in particular the subspecies of the Red Jungle Fowl, of which however there are doubts risen as them being subspecies at all. 30 People were present from Germany, Belgium and the Netherlands, which shows there is a growing interest in these birds.

Descriptions, behaviour and occurrence as well as husbandry were lengthly discussed. It is planned to make it a yearly event.



**Afbeelding:** Nieuwe logo van de EJFG ontworpen door Jacques Vaes te Overpelt, België

- De 1997 editie van het Internationale Blyth's stamboek is uitgekomen en voor geïnteresseerden beschikbaar bij de redactie tegen een vergoeding van Hfl 25 /BEF 450. De kweek met deze soort loop minder voorspoedig dan in voorgaande jaren en het is dan ook noodzakelijk om gebruik te gaan maken van andere technieken om de gevangenschapspopulatie te laten groeien. Thans zijn er zo'n 75 vogels in 25 collecties, waarvan er 6 in de Benelux. Eén van de technieken is kunstmatige inseminatie die wij in een aantal gevallen gedoseerd gaan toepassen en onder begeleiding van deskundigen. De deelnemers aan het project krijgen een uitnodiging om een workshop bij te wonen in Frankrijk in Clères op 6 en 7 maart 1998. De workshop omvat een theoretisch gedeelte en een praktisch gedeelte. De techniek mag alleen dan toegepast worden indien schriftelijke toestemming van de stamboekhouder is verkregen. In 1998 zijn er slechts 3 vogels geboren, hetgeen veel te weinig is om de populatie in stand te houden.
- Het kweekprogramma met de Vietnamfazanten lijkt voorspoediger te verlopen. Met name de dierentuin van Antwerpen heeft met het paar dat aldaar geplaatst is gezorgd voor een 11-tal nakomelingen, waarvan helaas de overgrote meerderheid van de dieren tot het mannelijke geslacht behoren. Ook in Engeland wist de 'Old House Bird Garden' opnieuw tot resultaat te komen evenals uiteraard de dierentuin van Hanoi die ook een aantal dieren heeft gekweekt. Hopelijk is WPA instaat om een aantal collecties toe te voegen om de populatie verder te laten groeien. In ieder geval zal de Jersey Wildlife Preservation Trust tenminste 1 paar ontvangen. Bovendien heeft het voorlopig genetisch onderzoek uitgewezen dat de Vietnamfazant en de keizerfazant toch werkelijk soorten zijn die in het beginstadium verkeren van soortvorming. Zodra meer informatie hierover bekend wordt zal hierover een publicatie verschijnen.
- Ook zijn er een aantal rode kamhoenders gekweekt. Bij de plaatsing van deze dieren wordt de European Jungle Fowl Group betrokken. Binnenkort zal een team van onderzoekers werk gaan doen t.a.v de rode kamhoenders in Thailand onder leiding van prof. Takao Nishida.
- Om het DNA onderzoek verder vorm te geven zal een groot beroep worden gedaan op de liefhebberij. De hulp die dan nodig is, is een grote bereidheid om tellijsten in te vullen per soort en om mee te werken aan het nemen van veermonsters van dieren in Uw bezit. De co-ordinator voor een bepaalde soort zal U hiervoor benaderen. Het is nog onvoldoende duidelijk hoe hoog de bijdrage van de kweker per monster zal zijn. Het is echter van het grootste belang om duidelijkheid te verschaffen in met name twee aspecten: (1) de zuiverheid van het individu en (2) de aanwezige genetische variatie binnen de soort. In de volgende Nieuwsbrief en in het tijdschrift van Aviornis zullen wij U hierover zoveel mogelijk op de hoogte houden.
- Het bezoek van de dierenarts van Saigon Zoo is tot onze grote spijt verschoven naar het volgende jaar.
- Er zijn plannen gaande om in het jaar 2000 opnieuw een conferentie te houden over de hoenderachtigen van Zuidoost Azië. Deze zal wellicht gehouden worden in de dierentuin van Hanoi. Het ligt in de bedoeling om deze conferentie te houden onmiddellijk na het geplande Fazanten Symposium in 2000 in Nepal.

## *Benelux Nieuws*

*Tijdens de algemene ledenvergadering zijn twee bestuursleden van WPA-Benelux gekozen tot vice-president van de WPA voor hun verdiensten voor de 'Association'. Na de heer F. Daman, directeur van de ZOO Antwerpen is deze eer ook te beurt gevallen aan Roland van Bockstaele en Han Assink.*

*De volgende Nieuwsbrief ontvangt U voor de kerst. Hierin treft U ook de acceptgiro kaart aan om Uw contributie te betalen.*

*Overweeg om Lidbegustiger (Hfl 110 of BEF 2100) of Conservation Member van de WPA te worden. Conservation Members worden jaarlijks gemeld in de Nieuwsbrief. Een bedrag van tussen de Hfl 250 en Hfl 500 of BEF 4500 en BEF 10.000 is dan verschuldigd. U steunt hiermee de projecten van de WPA; bv in China, Vietnam, Pakistan of waar ook ter wereld of U helpt mee om registers en stamboeken bij te houden van bedreigde fazantensoorten !!*



# *De Genetische Diversiteit, Conservatie en Phylogenetisch onderzoek van de Edwards' fazant, *Lophura edwardsi**

**Alain Hennache, directeur Parc Zoologique de Clères**

**Vertaling: Madelon van der Zee**

2<sup>o</sup> deel. Voortzetting van voordracht van Alain hennache tijdens de Fazantendag te Antwerpen

## **Identificatie van de bloedlijnen.**

De reconstructie van de genetische verwantschap van alle Edwards' fazanten die zijn geregistreerd in het Internationale Stamboek (uitgevoerd met gebruik van software ZRBOOK (Princée 1991) en SPARKS (Scobie 1996) veronderstelt het bestaan van enige bloedlijnen.

We definiëren hier **(1) Founder** : een dier van een wilde populatie die levende nakomelingen heeft gekregen en waarvan er individuen leven in gevangenschaps-populaties;

**(2) Pseudofounder** : een dood of levend dier uit de gevangenschaps-populatie, waarvan de herkomst onbekend is, maar die echter wel nakomelingen heeft gekregen en

**(3) Bloedlijn** : de dode of levende nakomelingen afkomstig van een founder of pseudofounder.

We hebben alle veronderstelde Pseudofounders geïdentificeerd; meer dan 200 Edwards's die zijn opgenomen in het Stamboek met al hun nakomelingen. De bepaalde groep die deel uitmaakt van de pseudofounders en hun nakomelingen wordt aangeduid als de bloedlijnen. Als resultaat hebben we 14 Fazanten geïdentificeerd als potentiële Pseudofounders van het Stamboek. Veel Edwards's fazanten die zijn verspreid over heel Europa stammen van deze vogels af. De nakomelingen zijn over zes generaties genoteerd.

Aan deze 14 hebben we 7 meer bloedlijnen kunnen toevoegen. Hiervan zijn er 5 verbonden aan kleine regionale populaties komende van de nakweek van privé kwekers in een land zonder dat er uitwisselingen hebben plaatsgevonden met andere landen.

Een is verbonden aan veronderstelde wilde hennen die een Duitse privé kweker heel waarschijnlijk importeerde begin jaren 80, en de laatste naar één hen die in 1975 door de WPA werd geïmporteerd vanuit de V.S. naar de U.K. ofschoon hiervan verder geen nakomelingen bekend zijn.

Er zijn daarom 21 potentiële bloedlijnen, genummerd A t/m T en X, waarvan we de genetische diversiteit kunnen bepalen.

## **Doel van deze studie**

In dit rapport geven we de eerste resultaten weer van de nucleotide sequentie van het mtDNA controle gebied in monsters van Edwards's fazanten vertegenwoordigers van 10 van de 21 bestaande bloedlijnen zoals geïdentificeerd en vermeld in het Internationale Stamboek.

Bovendien hebben we andere Edwards's fazanten erbij betrokken die niet in het Stamboek voorkomen evenals enige historische en recente monsters van wilde individuen. Andere soorten *Lophura*'s werden ook geanalyseerd om een eerste beeld te krijgen van de polygenetische relaties van de laagland fazanten van Vietnam.

Recente moleculaire data suggereren dat de drie endemische laagland fazanten van Vietnam (*Lophura edwardsi*, *L. hatinhensis* en *L. imperialis*) slechts een zeer geringe genetische divergentie hebben geaccumuleerd sinds hun recente afscheiding en hun taxonomische status is nog onduidelijk.

De mtDNA is een van moederszijde geërfd genoom, die ca. 16.800 nucleotiden lang is bij de meeste gewervelden en bevat ook de proteïne-code genen tRNA en rRNA en het controle gebied, het unieke, niet gecodeerde deel met de promotors voor mtDNA replicatie en transcriptie.

De mtDNA heeft de volgende interessante eigenschappen:

(1) zijn mate van moleculaire evolutie is ongeveer 5x sneller dan van welke andere nucleaire genoom;

(2) het is een haploïde molecuul die niet recombineert.

Het resultaat hiervan is dat de verschillende mtDNA haplotypen kunnen worden geïdentificeerd door middel van moleculaire analyse die gebruikt kunnen worden als markers van de genetisch verschillende moederlijnen in gevangenschaps- zowel als in wilde populaties.

Het controle gebied is het snelst evoluerende mtDNA gebied ofschoon het puntmutaties accumuleert en zich invoegende of verdwijnende stukjes met verschillende mate in verschillende domeinen.

Het zeer behoudende centrale domein evolueert ongeveer 20 -30 maal langzamer dan hyper variabele blokken binnen de twee perifere gebieden.

Daarom is de nucleotide sequentie van de mtDNA controle gebied een sterk middel om genetische diversiteit binnen en tussen conspecifieke populaties te schatten, evenals de polygenetische verwantschappen te reconstrueren tussen meer verschillende taxa zoals congenetische soorten. De kennis van de specifieke mtDNA controlegebied sequenties, staat toe om moeder soorten van elke soort van elke groep te identificeren en daardoor de hybridisatie via de moederlijn op te sporen.

(1) zijn mate van moleculaire evolutie in ongeveer 5x sneller dan van welke andere nucleaire genoom;

(2) het is een haploïde molecuul die niet recombineert.

Het resultaat hiervan is dat de verschillende mtDNA haplotypen kunnen worden geïdentificeerd door middel van moleculaire analyse die gebruikt kunnen worden als markers van de genetisch verschillende moederlijnen in gevangenschaps- zowel als in wilde populaties.

Het controle gebied is het snelst evoluerende mtDNA gebied ofschoon het puntmutaties accumuleert en zich invoegende of verdwijnende stukjes met verschillende mate in verschillende domeinen. Het zeer behoudende centrale domein evolueert ongeveer 20 -30 maal langzamer dan hyper variabele blokken binnen de twee perifere gebieden.

Daarom is de nucleotide sequentie van de mtDNA controle gebieden een sterk middel om genetische diversiteit binnen en tussen conspecifieke populaties te schatten, evenals de polygenetische verwantschappen te reconstrueren tussen meer verschillende taxa zoals congenetische soorten. De kennis van de specifieke mtDNA controlegebied sequenties, staat toe om moeder soorten van elke soort van elke groep te identificeren en daardoor de hybridisatie via de moederlijn op te sporen.

## **Materiaal en Methoden.**

### De monsters

Veer- en bloedmonsters werden verzameld van in gevangenschap levende Edwards's fazanten, die de meeste bestaande bloedlijnen vertegenwoordigen, gekweekt in de U.S.A., Engeland, Nederland, België, Duitsland, Japan en Frankrijk. Voor deze studie verkregen we de sequenties van 820 nucleotiden van het mtDNA controle gebied uit 27 in gevangenschap geboren Edwards's fazanten van de volgende moederlijnen: B (1 fazant bestudeerd), C (3), E (6), H (10), K (2), O (6), P (2), Q (2), R (3) en S (1). Tevens hebben we van de balgen van specimina van 3 wilde Edwards's fazanten verzameld door Jean Delacour in Vietnam huidmonsters verkregen in 1924 (in dit artikel heeft dit monster label LED 56) in 1927 (LED 57) en in 1931 (LED 55). Deze balgen worden bewaard in het Museum voor Natuurlijke Historie in Parijs en van 2 wilde Edwards's fazanten die in augustus 1996 werden gevangen in Noord Vietnam (label LED 58 en LED 59; zie tabel 1).

Phylogenetische verwantschappen tussen sommige soorten *Lophura* werden gereconstrueerd met gebruik van nucleotide sequenties in het gehele (ca. 1100 nucleotiden) mtDNA controle gebied van de volgende monsters: (1) twee Vietnamese fazanten (*L. hatinhensis*) gekweekt in Hanoi Zoo, (2) twee specimens elk van Swinhoe's fazant (*L. swinhoei*) en witkuiffazant (*L.*



*leucomelana*), zilverfazant (*L. nycthemera*) en Salvadori's fazant (*L. inornata*) en de er buiten vallende groep Elliot's fazanten (*Syrmaticus ellioti*).

### Laboratorium methoden

Voor deze genetische analyse hebben we methoden gebruikt gebaseerd op de Polymerase kettingreactie (PCR) die toestaat om geselecteerde genen in vitro te kopiëren en te vermeerderen met een hoge graad van betrouwbaarheid gebruik maken van een oneven aantal biologische monsters. De PCR maakt het mogelijk om een zeer klein aantal DNA moleculen te vermeerderen, zelfs als ze gedeeltelijk gedegradeerd zijn. Daarom kunnen monsters gebruikt worden die beschadigd zijn van b.v. veren, weefseltissue van dood gevonden dieren, kleine delen van weefsels, balgen, botten en materiaal van oude museumexemplaren. Al deze monsters kunnen op kamertemperatuur in ethanol bewaard worden zondere verdere degeneratie van het DNA.

### **Resultaten.**

We hebben zo deel-sequenties verkregen van de mtDNA controle gebied van 27 in gevangenschap gekweekte Edwards's fazanten van 10 moederlijnen (tabel 1). Al deze sequenties waren volledig aan elkaar gelijk met een uitzondering, nl. label LED 64 (*L. edwardsi* 64). die sequentie verschillen van ongeveer 1.5% liet zien met alle andere bestudeerde Edwards's fazanten. Na vergelijking met andere soorten -*Lophura*'s, bleek de LED 64 sequentie identiek te zijn aan de controle regio sequentie van *L. swinhoei*. Daarom wordt verondersteld dat LED 64 een hybride is die het moederlijke mtDNA van *L. swinhoei* heeft behouden.

Al de bestudeerde gekweekte Edwards's fazanten hadden identieke nucleotiden sequenties die maar licht verschillen van de historische en recente wilde Edwards's monsters. Wilde Edwards's lieten twee verschillende mtDNA controle gebied sequenties zien: *L. edwardsi* 55 had maar één nucleotide verschil met gekweekte Edwards's, terwijl de historische (no's 55 en 57) en de recente monsters (no's 58 en 59) vijf verschillen (alle transitions) bezaten, die separaat waren geclustered op ongeveer 0,5% sequentie verschil met de gekweekte Edwards's fazanten.

Sequenties van de Vietnamese fazanten (*L. hatinhensis*) waren heel nauw verwant aan de *L. edwardsi*; zij hadden gefixeerde op de posities 201, 297 en 463. Het is interessant dat de twee bestudeerde *hatinhensis* twee nucleotiden gemeen hadden met de gekweekte Edwards's en de wilde LED 55 (op posities no's 72 en 150), terwijl drie nucleotiden werden gedeeld met al de andere historische en wilde Edwards's fazanten (op de posities 142, 205 en 310). Hieruit volgt dat *L. hatinhensis* onmiddellijk clusteren en binnen de twee groepen Edwards's nestelden op respectievelijk ongeveer 0.4% en 0.5% sequentie verschil.

Zo werd er een polygenetische boom verkregen waarop de sequentie volgorde van de *Lophura* staan opgetekend. Een zeer klein verschil tussen de sequenties (de maximale genetische afstand was niet groter dan 0.5%) gemeten.

Een eerste optekening van de phylogenetische positie van de laagland Vietnamese fazant werd verkregen, gebruik makend van de gehele controle gebieden van de *L. swinhoei*, *L. leucomelana*, *L. nycthemera* en *L. inornata* en de andere groep *Syrmaticus ellioti*. De Salvadori fazant *L. inornata* had een lage positie in de polygenetische boom. Daarna kwamen er twee stevige aftakkingen die leidde naar de zuster soorten *L. leucomelana*, *L. nycthemera* en *L. swinhoei*, die weer de zuster-soort is van de bestudeerde laagland Vietnam fazanten *L. edwardsi* en *hatinhensis*.

## Discussie.

Nucleotide sequentie van het mtDNA controle gebied doet vermoeden dat de in gevangenschap gekweekte Edwards's fazanten slechts een geringe genetische diversiteit hebben behouden, waarschijnlijk als gevolg van het lage aantal founder hennen en de zich herhalende problemen gedurende meer dan 30 jaar van kweek. Er zijn geen bekende mtDNA verschillen tussen en in de verschillende bloedlijnen die we hebben bestudeerd. Ofschoon we slechts 10 van de 21 bestaande Edwards bloedlijnen hebben bestudeerd, lijkt het onwaarschijnlijk dat een grotere monster-bepaling andere informatie aan het licht zou brengen, omdat het gedocumenteerde aantal van de Founding hennen laag was en de uitwisseling van fazanten, dus de kunstmatige genen-vloed tussen kwekers, tot voor kort hoog was.

Populatie genetica voorspelt dat kleine geïsoleerde populaties zonder immigratie snel genetische diversiteit zullen verliezen met een ratio die in proportie staat met hun aantal. Het foundereffect en de toevalige verspreiding zijn krachtige middelen die snel de genetische variabiliteit verminderen van kleine geïsoleerde populaties. Computer simulaties die zijn uitgevoerd voorspellen dat gekweekte Edwards's fazanten zeer weinig of geen genetische variabiliteit hebben behouden binnen de bloedlijnen, zowel in de nucleaire als in de mitochondriale genomen, ofschoon het proces van onafhankelijke begin in de eerste stammen in Frankrijk, Engeland en Japan en de later onafhankelijke management van populaties in Amerika en Australië, zou hebben kunnen geresulteerd in toevallige fixatie van verschillende allelen in deze verschillende bloedlijnen.

In contrast hiermee, vergelijkingen tussen mitochondriale genomen van historische en recente wilde Edwards' suggereren dat genetische variabiliteit aanwezig is in wilde populaties. Het kleine aantal historische en recentelijk gevangen wilde Edwards' maakt het moeilijk te bepalen in welke mate genetische diversiteit in deze soort aanwezig is. Zorgvuldig gepland veldwerk en het ophalen van gevangen fazanten kan van nut zijn om waardevolle monsters zeker te stellen voor toekomstig genetisch onderzoek. Bovendien moeten we de beschikbare laboratorium methoden verbeteren om DNA te verkrijgen en te analyseren van oude museum exemplaren. Bijvoorbeeld, het enige DNA monster van de keizerfazant *Lophura imperialis* dat we hebben kunnen verkrijgen was van een oude museumbalg, die sequenties produceerde die waarschijnlijk waren besmet met extraneus++ DNA en die heel moeilijk was te interpreteren.

Onze voorafgaande moleculaire data en morfologische studies ondersteunen eerder gevonden bevindingen die zeggen dat de keizerfazant nauw verwant is aan de twee andere Vietnamese laagland soorten. Hier kunnen we de observaties die in Clères zijn gedaan met levende dieren, balgen en de handopfok van zowel de Vietnamese als de Edwards's fazantenkuiken rapporteren. Ofschoon zeer gelijkend zijn de kuikens toch verschillend in sommige opzichten : de gehele kleur van *hatinhensis* is donkerder dan van de *edwardsi*; kroon donkerder met een bredere zwarte lijn; keel, wangen en zijkant meer bronsachtig; poten roder; onderkant van de snavel zwarter, bij *edwardsi* is deze geliger. De lengte van de tarsus van de volwassen haan van de Vietnamese fazant is 89 mm., dit is iets langer als die van de keizerfazant, die 87 mm bedraagt, waar die van de Edwards's fazant slechts 75 mm. lang is. De hoofdkleur van de Vietnamese fazanthennen lijkt meer op die van de keizerfazant: kastanjebruin, bleker dan die van de Edwards's fazant waarvan het gehele verenkleed rossiger is en overal gewormd met zwart. Op dezelfde manier is het blauw van de vleugel en de staartdekveren van de haan van de Vietnamese fazant ook meer gelijkend op dat van de keizerfazant, nl. diepzwart.

De middelste staartpennen zijn lang, gepunt en licht gebogen bij de Vietnamese en keizerfazant, terwijl deze bij de Edwards's fazant rond, niet puntig en korter zijn. Al deze karakteristieken zetten de *L. hatinhensis* dichter bij de *L. imperialis* dan bij de *L. edwardsi*. Bovendien zijn de Vietnamese fazant en de keizerfazant in 1990 in hetzelfde gebied gevonden at Cat Bin, terwijl de Edwards's fazant opnieuw is ontdekt in 1996 in een meer zuidelijk gelegen gebied van midden Vietnam, binnen het gebied waarin hij historisch ook beschreven is.

De bijzonder lage graad van genetisch verschil die zich vertoont bij het snel ontwikkelende mtDNA controle gebied maakt het moeilijk om een betrouwbaar phylogenetisch netwerk van de evolutionaire geschiedenis te reconstrueren voor de laagland Vietnamese fazanten. De nucleotide sequenties die in deze studie gepresenteerd worden scheiden de *L. edwardsi* en de *L. hatinhensis* niet in twee verschillende CLADES. Integendeel, *L. hatinhensis* zit genesteld binnen de *L. edwardsi* in een paraphyletische positie. Het is mogelijk dat de vrij recente evolutionaire scheiding (als die er al is) bij deze twee taxa, een incomplete afscheiding van de mitochondriale DNA typen hebben geproduceerd, en dat hun populaties nog steeds gezamenlijke polymorfisme hebben behouden. De informatie die tot nu toe beschikbaar is laat geen concluderende beslissing zien over de evolutionaire verwantschap tussen de laagland Vietnamese fazantensoorten. De lage niveau's van DNA verschillen doen vermoeden dat deze drie morfologische phenotypen vrij recent zijn ontstaan (Scott 1997), maar de vrijwel afwezige veldstudies en het zeer kleine aantal wilde monsters die beschikbaar zijn voor chemische analyse belet om de alternatieve mogelijkheden te evalueren die verenkleept polymorfisme binnen een populatie, de eerste stadia van of incomplete soortvorming of van soorten die recent zijn ontstaan, hoewel nog niet reproducerend, geïsoleerd.

Een populatie-genetische benadering zou meer geschikt zijn om de morfologische en DNA diagnostische velden vastleggen binnen verschillende allopatrische (of parapatrische) populaties, of indien zij gedeelde polymorfisme laten zien binnen een populatie van +interbreeding individuen.

Genetische verschillen alleen kunnen niet gebruikt worden als een meetlat om taxonomische posities te bepalen, en reproductieve isolatie, vooral bij vogels, kan verkregen worden door de evolutie van slechts enkele veervelden die dienst doen als signalen bij het balts herkenningssysteem.

Het volgen van de reeksen van de controle gebieden staat toe om een scherpe identificatie van het mtDNA van verschillende soorten *Lophura* te maken. De phylogenetische stammen die we in dit stuk hebben getoond zijn voorlopig en moeten met meer soorten geïntegreerd worden en langere DNA sequenties moeten worden bestudeerd. Toch kunnen we al zeggen dat: (1) *L. inornata* de meest primitieve en phylogenetisch op de laagste plaats staat van de *Lophura*'s, zoals ook gesuggereerd wordt bij de morfologische velden; (2) *L. leucomelana* en *L. nycthemera* zustersoorten zouden kunnen zijn, zoals ook wordt verondersteld door hun parapatrische verspreiding; en (3) *L. swinhoei* en de laagland Vietnamese fazantensoorten zouden zeer nauw verwant zijn, zoals verondersteld wordt op morfologische gronden door andere auteurs.

### **Gevolgen voor de instandhouding van de soort.**

De genetische data die tot nu toe beschikbaar zijn doen vermoeden dat de in gevangenschap levende Edwards's fazanten een zeer geringe genetische variabiliteit hebben, maar dat ze, ondertussen, enige genetische vervuiling hebben ondergaan doordat ze met andere nauw verwante soorten zijn gehybridiseerd. De eerste consequentie van onze studie is dat alle Edwards die zijn geregistreerd in het Internationale Stamboek genetisch moeten worden getest en dat de hybriden moeten worden uitgesloten van de studie doelgroep. Dit doel kan technisch snel zonder al te veel kosten worden gerealiseerd, als de kwekers hun volledige medewerking verlenen. Het tweede voorstel is dat de wilde Edwards' enige genetische variabiliteit vertonen. De bepaalde mtDNA controle gebied sequentie die zichtbaar vastgelegd is in de onder beschermde omstandigheden levende vogels, is tot nu toe niet gevonden bij de wilde specimina. Een zorgvuldige schatting van de mate van genetische diversiteit bij de in leven zijnde wilde Edwards's populatie is kritisch om de origine van het mtDNA type te evalueren dat gefixeerd is in de onder beschermde omstandigheden levende Edwards' populatie, en uiteindelijk, om te beslissen of deze vogels wel of niet kunnen worden gebruikt bij een eventueel herintroductieprogramma.

Een verbeterd phylogenetisch framework van het genus *Lophura* is nodig om het patroon te evalueren van de uiteenloping binnen de populaties, tussen stevig bepaalde ondersoorten en tussen soorten. Dit soort vergelijkend werk zal de evolutionaire en taxonomische posities van taxa die problemen geven zoals de laagland Vietnamese fazanten verduidelijken. Op dit

moment willen we nog geen conclusies trekken met betrekking tot de taxonomische status van deze drie soorten, hangende verder moleculair, zoölogisch en veldonderzoek. Maar we willen niet nalaten om alvast de nadruk te leggen op het volgende in verband met de conservatie positie: individuen die behoren tot de drie laagland Vietnam fazanten moeten nooit met de elkaar worden gekruist in welke vorm dan ook en hun wilde soortgenoten moeten afzonderlijk worden beheerd, alsof het drie verschillende soorten zijn. Soortvorming is niet een alles of niets proces en alle soorten zijn hun bestaan begonnen door de accumulatie van lichte morfologische en moleculaire veranderingen. Een zorgvuldig beheer van de bestaande fazanten biodiversiteit in Centraal Vietnam vraagt om conserveren en niet om het samengaan van *L. edwardsi*, *hatinhensis* en *imperialis*.

De samenwerking tussen INFS en MNHN zal doorgaan gedurende de komende jaren met het volgende doel:

- (1) om de nucleaire genen te identificeren en de genetische analyse van de in gevangenschap levende dieren te completeren van *Lophura*
- (2) om een protocol te kunnen geven voor moleculaire identificatie van hybriden en te benadrukken dat deze moeten worden uitgesloten van verdere kweek
- (3) om een kweekprogramma te maken dat het behoud van de genetische variabiliteit te maximaliseren en het inkruisen tussen verwante vogels te minimaliseren
- (4) om een complete phylogenetische stam te verkrijgen van *Lophura* gebruik makend van mitochondriale en nucleaire genen. Deze phylogenetische stam zal waar mogelijk, zowel de soorten als de ondersoorten in zich bergen en zal een bruikbaar frame zijn om de evolutionaire betekenis te evalueren van problematische taxa, het identificeren van hybriden, en het reconstrueren van de biogeografische geschiedenis van *Lophura*.

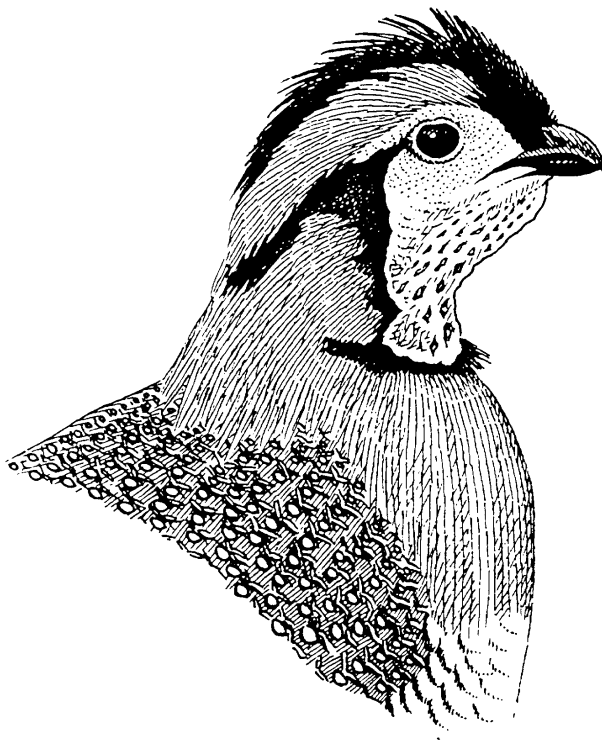
**Genoom = Het geheel van alle genen van de chromosomen van een individu.**



*Logo: Natuurhistorisch Museum Parijs en Parc Zoologique de Clères 'Jean Delacour'*

## *Activiteiten Kalender*

- 6/7 febr. 1999      WPA commissie en TAG vergaderingen; toegankelijk voor iedereen  
Harewood Bird Garden
- 6/7 maart 1999      Workshop voor kunstmatige inseminatie te Clères, Frankrijk  
op invitatie
- 12 maart 1999      Jaarvergadering WPA-Benelux. Cafe-Restaurant 'De Wielerbaan' te Budel
- 10 april 1999      Fazantendag 1999 (alternatieve datum 17 april)



***Pentekening van Graig Robson, die beschikbaar is gesteld voor de omslag van het Internationale Stamboek voor Blyth's Tragopans***

## *Internationale Stamboeken, EEP's en Registers voor hoedervogels*

<b>Soort</b>	<b>wetenschappelijke naam</b>	<b>stamboekhouder/co-ordinator</b>
--------------	-------------------------------	------------------------------------

### **Internationale Stamboeken:**

Congopauw	<i>Afropavo congensis</i>	Roland van Bockstaele
Blyth's Tragopan	<i>Tragopan blythii</i>	Han Assink
Cabot's Tragopan	<i>Tragopan caboti</i>	Han Assink
Edwards' fazant	<i>Lophura edwardsi</i>	Alain Hennache/Han Assink
Maleise pauwfazant	<i>Polyplectron malacense</i>	Don Bruning
Bergpauwfazant	<i>Polyplectron inopinatum</i>	Don Bruning

### **EEP's – European Endangered Species Programme**

Congopauw	<i>Afropava congensis</i>	Roland van Bockstaele
Edwards' fazant	<i>Lophura edwardsi</i>	Alain Hennache
Palawanpauwfazant	<i>Polyplectron emphanum</i>	Gillian Stewart

### **ESB's – European Studbook**

Geen

### **Andere registers**

Vietnamfazant	<i>Lophura hatinhensis</i>	Dang Gia Tung/Han Assink
Rheinarts' Argusfaz.	<i>Rheinartia ocellata</i>	Phan Viet Lam/Eric Plouzeau
Kamhoenders	<i>Gallus spp.</i>	Pierre Hermans

# Steun het DNA-Onderzoek