

Meerval geïsoleerd

Microsatelliet-analyse biedt inzicht in de verwantschappen tussen Nederlandse meervalpopulaties

TEKST Renske Vroom, KWR, Water Research Institute - Edwin Kardinaal, KWR, Water Research Institute - Bart Wullings, KWR, Water Research Institute - Martin Hoorweg, Sportvisserij Nederland

ILLUSTRATIES Sander Boer, Janny Bosman en Sportvisserij Nederland

De meervalpopulatie in de Westeinderplassen wordt al lange tijd gezien als een bijzondere populatie. Een hoge standvastigheid, de unieke habitat en de afwijkende uiterlijke kenmerken maken deze populatie schijnbaar uniek. Maar is deze populatie ook uniek in haar DNA en wat is haar verwantschap met andere Nederlandse meervalpopulaties? Adviesbureau KWR zocht het uit in samenwerking met Sportvisserij Nederland en het hoogheemraadschap van Rijnland.

De Europese meerval (*Silurus glanis*) is de grootste vissoort van Europa en kan lengtes langer dan twee meter bereiken. De meerval was zo goed als uitgestorven in Nederland, maar is de laatste 10 jaar bezig aan een comeback. Opvallend is de populatie in de Westeinderplassen waar de meerval al honderden jaren standhoudt. De meervalpopulatie in de Westeinderplassen wordt dan ook gezien als een unieke zogenaamde relictpopulatie (een restgroep van de soort).

Het feit dat dit lange tijd de enige meervalpopulatie in Nederland is geweest kan betekenen dat er genetische isolatie is opgetreden. Wellicht kan hiermee verklaard worden waarom de uiterlijke kenmerken lijken af te wijken van andere populaties in Nederland. Bij de Westeinderplassenpopulatie zijn kortere bekdraden en kleinere lichaamslengtes waargenomen. Mocht de meerval hier een unieke populatie vormen dan heeft dit implicaties voor het behoud van het leefgebied en de bijzondere habitat in de Westeinderplassen.

Onderzoeksvragen

Om uit te zoeken of de Westeinderplassenpopulatie inderdaad verschilt van andere Nederlandse meervalpopulaties is genetisch onderzoek gedaan. Hierbij is gekeken naar meervallen uit drie verschillende locaties: de Westeinderplassen, de Maas en de Oude IJssel. Voor dit onderzoek zijn de volgende vragen

geformuleerd:

1. Wat is de genetische verwantschap tussen de meervalpopulatie in de Westeinderplassen en de populaties in de Maas en Oude IJssel?
2. Wat is de populatiestructuur binnen de Westeinderplassen: is deze populatie aan inteelt onderworpen en zijn er aanwijzingen voor recentelijke introducties vanuit andere meervalpopulaties?
3. Hoe zijn de Nederlandse meervalpopulaties verwant aan andere Europese populaties?

Microsatelliet-analyse

Voor het ophelderen van de genetische verwantschap tussen de verschillende meervalpopulaties is gebruik gemaakt van microsatelliet-analyse, een veelgebruikte methode in de populatiegenetica. Deze methodiek geeft inzicht wie waarmee verwant is maar laat ook zien of er sprake is van inteelt. Microsatellieten zijn kenmerkende stukjes DNA van één tot vijf basenparen lang die herhaald voorkomen op het genomisch DNA van organismen (bijvoorbeeld ATCATCATC, waarbij het stukje van drie basenparen 'ATC' drie keer wordt herhaald). Deze stukjes, die verder geen functie hebben, zijn door de herhalende structuur erg gevoelig voor mutatie of veranderingen. Door mutatie kunnen verschillen ontstaan in hoeveel keer deze stukjes zich herhalen. Hierdoor



Behoud en bescherming van de rietzudden is waarschijnlijk van levensbelang voor de meervallen in de Westeinderplassen.

Het gaat steeds beter met de meerval in de Nederlandse wateren.

ontstaan onderlinge verschillen in de lengtes (het aantal basenparen) van een microsatelliet. Deze verschillen worden ook wel genetische variatie genoemd. Mutaties van microsatellieten zijn zo algemeen dat verschillen in lengtes kunnen ontstaan tussen individuen binnen één soort. Dus ondanks dat er binnen de Europese meerval relatief weinig genetische variatie aanwezig is, zijn de verschillen tussen de microsatelliet-genen voldoende groot om deze techniek toe te passen voor het analyseren van genetische diversiteit in meervalpopulaties.

Grote variatie

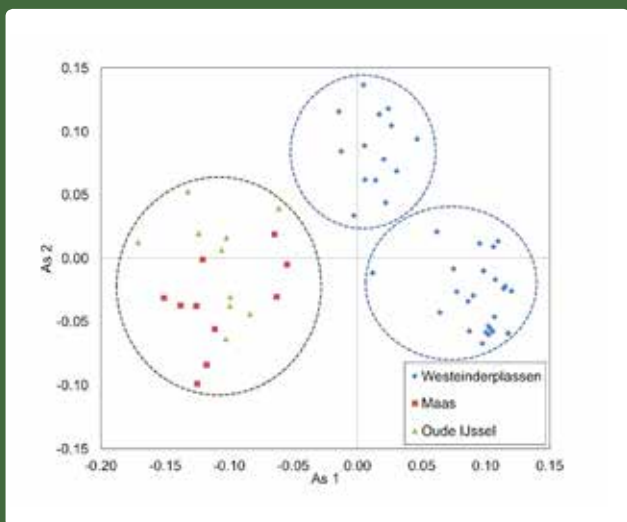
Microsatelliet-analyse is door Griekse onderzoekers in 2002 toegepast om verwantschappen tussen voornamelijk Oost-Europese meervalpopulaties te onderzoeken. In dit onderzoek werd een grote hoeveelheid genetische variatie ontdekt, waardoor verwantschappen tussen populaties succesvol konden worden aangetoond. Na contact met deze onderzoekers was het mogelijk om de Nederlandse populaties te vergelijken met de Oost-Europese soortgenoten.

Monsterlocaties

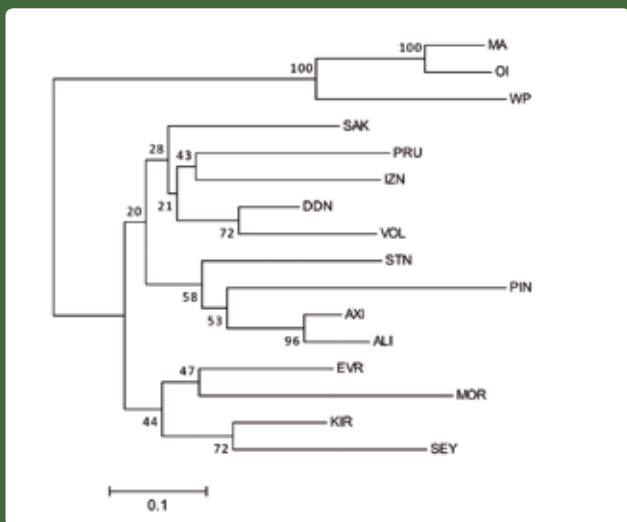
Sportvisserij Nederland heeft recentelijk op verschillende locaties onderzoek gedaan naar de Europese meerval. De meerval lijkt zich via de grote rivieren door Nederland te verspreiden. De Maas en de Rijn spelen ➤

Werkwijze

Van elk meerval individu zijn op basis van het DNA uit een vinknip tien verschillende microsatellieten geanalyseerd. Elke afzonderlijke microsatelliet is vermenigvuldigd met behulp van de polymerasekettingreactie (PCR), een zeer algemeen toegepaste techniek bij DNA-onderzoek. In de PCR worden stukjes DNA kunstmatig vermeerderd. De lengte (herhalingen van de microsatelliet) van dit DNA PCR-fragment is nauwkeurig bepaald door middel van capillaire elektroforese, een techniek gericht op het scheiden van de DNA-fragmenten op basis van grootte. Aangezien het DNA in elke cel in tweevoud aanwezig is (van de vader en moeder) resulteert dit in een 'barcode' van 10x2 (tien paren) microsatelliet-lengtes per individu. Aan de hand van de overeenkomsten en verschillen tussen de lengtes van deze 20 fragmentlengtes kan de verwantschap tussen de individuen worden bepaald: hoe meer lengtes overeenkomen, des te hoger de mate van verwantschap. Ook kan hiermee de hoeveelheid genetische variatie binnen en tussen populaties worden berekend. Tevens kan op basis van de fragmenten bepaald worden wat de kans is dat een individu bij een bepaalde populatie hoort of in hoeveel subpopulaties de gehele populatie verdeeld kan worden (hierbij wordt gebruik gemaakt van de zogenaamde Bayesiaanse toewijzingstests, wat een statistische methode is).



Figuur 1. PCA-plot waarin de verwantschappen tussen de verschillende Meervalpopulaties grafisch worden weergegeven. Te zien is dat punten van de Maas en IJssel samen één groep vormen. De Westeinderplassen vormt hier een aparte groep, die onder te verdelen is in twee subgroepen.



Figuur 2. Verwantschapsboom van Nederlandse en Europese Meervalpopulaties (MA = Maas, OI = Oude IJssel, WP = Westeinderplassen, andere afkortingen zijn Europese populaties). Nei's Da, een maat voor genetische verschillen tussen populaties, is gebruikt om deze verwantschappen te berekenen. Getallen bij de aftakkingen zijn percentages, en geven aan met hoeveel zekerheid de aftakking is berekend (hoe hoger, hoe zekerder).

hierbij een belangrijke rol. De Westeinderplassen staan echter niet met deze wateren in verbinding. Een vergelijking met meervalpopulaties uit het riviereengebied kan zodoende het beste aantonen of er inderdaad sprake is van een genetisch unieke (relict)populatie. Voor dit onderzoek zijn DNA monsters gebruikt uit de Westeinderplassen (n=49), de Oude IJssel (n=21) en de Maas (n=21). Tijdens de onderzoeken is de lichaamslengte en het gewicht van de gevangen meervallen gedocumenteerd en zijn vinknips genomen voor DNA-onderzoek. In totaal zijn 91 Nederlandse meervallen onderzocht. Van elke locatie zijn meervallen geselecteerd met uiteenlopende lichaamslengtes. Om de resultaten uit dit onderzoek te kunnen vergelijken met het eerdere Europese onderzoek zijn vijf DNA-monsters afkomstig van Griekse populaties in dit onderzoek opnieuw geanalyseerd. Op deze manier konden de data van de meerval in Nederland gekalibreerd worden met de data van meervalpopulaties elders in Europa.

Genetische verwantschap

De resultaten laten zien dat de genetische diversiteit in de Westeinderplassen lager is ten opzichte van de andere Nederlandse populaties. Er werden hier minder verschillende microsatellietlengtes gevonden, en het aantal unieke fragmenten (niet gevonden in andere populaties) was hoger. De hoeveelheid genetische variatie in onze data suggereert dat Nederlandse meervallen niet één populatie vormen, maar dat een onderverdeling in meerdere populaties meer waarschijnlijk is. In *figuur 1* zijn de geanalyseerde Nederlandse meervalindividuen weergegeven (PCA-plot). Hier is te zien dat alle Westeinderplassen individuen onderverdeeld kunnen worden in twee aparte subclusters (twee puntenwolven). Daarentegen vormen de populaties IJssel (IJ) en Maas (MA) geen aparte clusters, maar één gemengd cluster. De meervalpopulaties in de Westeinderplassen en in de grote rivieren vormen dus gescheiden populaties. Daarentegen lijken de meervallen in de grote rivieren één homogene populatie te vormen, in plaats van twee aparte populaties. Dit duidt aan dat voortplanting plaats kan vinden tussen de individuen in de twee verschillende rivieren. Hieruit blijkt dat er dus drie Nederlandse populaties zijn te onderscheiden: twee populaties in de Westeinderplassen en één in de grote rivieren. Ook een aanvullende statistische analyse onderschrijft deze conclusie (Bayesiaanse toewijzingsanalyse).

De populatiestructuur binnen de Westeinderplassen

Een onderverdeling van de meervallen in de Westeinderplassen in twee populaties kan verschillende onderliggende redenen hebben. Ten eerste is met eerder onderzoek aangetoond dat er veel variatie is in habitatgebruik van deze vissen. Sommige individuen leken slechts binnen één deelhabitat te verblijven. Door deze ruimtelijke heterogeniteit is het mogelijk dat er binnen eenzelfde locatie subpopulaties ontstaan. Ten tweede bestaat de kans dat er 'vervuiling' van de oorspronkelijke populatie is ontstaan als gevolg van uitzettingen of



Het DNA-materiaal van de Westeinder-meervallen wordt aangeleverd door beroepsvisser Theo Rekelhof.

ontsnappingsen uit kwekerijen. Er is één geval bekend waarin meervallen zijn gekweekt in de Haarlemmervaart en vervolgens uitgezet in de Westeinderplassen. In *figuur 1* is het verschil in uiterlijke kenmerken tussen deze twee populaties duidelijk: in het ene cluster waren geen (volwassen) individuen groter dan 70 cm gevangen, terwijl in het andere clustermeervallen voorkwamen met lengtes tot wel 159 cm.

Nederlandse populaties

Figuur 2 toont de verwantschap van Nederlandse meervalpopulaties aan ten opzichte van eerder onderzochte Europese populaties. Hier is te zien dat de Nederlandse populaties meer aan elkaar zijn verwant dan aan alle andere Europese populaties: deze vormen duidelijk twee verschillende groepen. Deze onderverdeling is zeer waarschijnlijk een resultaat van isolation-by-distance: hoe verder de locaties van populaties uit elkaar liggen, hoe minder onderlinge voortplanting en hoe minder verwant de populaties zijn. Het grote verschil tussen Nederlandse en Europese populaties is verklaarbaar doordat de meest nabije bemonsterde Europese populatie, zoals onderzocht in het Griekse onderzoek, zich in Zwitserland bevindt. Er is dus een hiaat in het bemonsterde gebied: er zijn bijvoorbeeld geen Duitse of Franse populaties onderzocht. Hierdoor is op dit moment niet te bepalen wat de herkomst is van de Nederlandse meerval in de rivieren en de Westeinderplassen.

Conclusies

1. Ten opzichte van de populaties in de Maas en Rijn lijkt de meervalpopulatie in de Westeinderplassen uniek.
2. De meervalpopulatie in de Westeinderplassen lijkt te bestaan uit twee subpopulaties. Dit komt ogenschijnlijk overeen met verschil in uiterlijke kenmerken zoals die in de plassen zijn geconstateerd. Of er sprake is van recente introducties van gebiedsvreemde populaties valt nu nog niet te zeggen.
3. De in Nederland gevangen meervallen wijken genetisch duidelijk af van de meervallen die in eerder onderzoek zijn beschouwd. Hierbij moet opgemerkt dat het eerdere onderzoek zich vooral gericht heeft op meervalpopulaties uit het oosten van Europa.

Toekomst beheer en onderzoek

Dit onderzoek onderschrijft de veronderstelling dat de meervalpopulatie in de Westeinderplassen genetisch uniek is ten opzichte van andere populaties. Om de standvastige populatie in stand te houden is het van belang de unieke rietzudden-habitat, zoals die in de Westeinderplassen voorkomt, zo veel mogelijk te beschermen. Aansluitend is het relevant om te onderzoeken of er uitzettingen of ontsnappingsen hebben plaatsgevonden. Aanvullend genetisch onderzoek kan verder inzicht bieden over het unieke voorkomen van populaties in de Nederlandse rivieren in het algemeen en die in de Westeinderplassen in het bijzonder. Hiertoe zouden meer Nederlandse populaties en populaties uit omliggende landen, zowel natuurlijk als uit kwekerijen, moeten worden bemonsterd en opgenomen in de analyse. **V**

Geraadpleegde literatuur

- Hoorweg, M.K. et al., 2014. Europese meerval (*Silurus glanis*) in de Westeinderplassen: Populatieschatting, habitateisen, migratiegedrag en implicaties voor waterbeheer. Hoogheemraadschap van Rijnland, Leiden & Sportvisserij Nederland, Bilthoven.
- Krieg, F. et al., 1999. Isolation of microsatellite loci in European catfish, *Silurus glanis*. *Molecular ecology*, 8(11), pp.1964–1966.
- Triantafyllidis, A. et al., 2002. Genetic structure and phylogeography of European catfish (*Silurus glanis*) populations. *Molecular Ecology*, 11(6), pp.1039–1055.
- Van Emmerik, W., 2009. Kennisdocument Europese meerval *Silurus glanis* (Linnaeus, 1758). Kennisdocument 29., Sportvisserij Nederland, Bilthoven.