

NOTITIE

Onderwerp	Factsheet Veluwemeer
Project	eDNA voedselwebanalyse 2024
Opdrachtgever	STOWA, Rijkswaterstaat Midden-Nederland
Projectcode	143198
Projectleider	W.S. de Raadt MSc
Status	Definitief
Datum	17 december 2025
Referentie	143198/25-019.992

Auteur(s)	W.J. Vernooij MSc
Gecontroleerd door	Dr. R.E. Reitsema, Drs ing. S.A. Schep
Goedgekeurd door	Drs ing. S.A. Schep
Paraaf	



Bijlage(n)	-
------------	---

Aan	STOWA, Rijkswaterstaat Midden-Nederland
Kopie	-

1 INLEIDING

Deze factsheet vormt een overzicht van de belangrijkste bevindingen van de eDNA-voedselwebanalyse bemonstering 2024 voor de casus Veluwemeer. Hierbij worden resultaten getoond van de fysisch-chemische metingen die tijdens de bemonstering zijn uitgevoerd en wordt de productiviteit en diversiteit van het systeem op basis van eDNA besproken.

De eDNA voedselwebanalyse gaat in de basis uit van de universele primer met als idee om een zo groot mogelijk deel van het leven onder water bloot te leggen (zie kaders hieronder). Voor deze factsheet zijn ook een primer voor eukaryoten en twee primers voor vissen ingezet. De analyse van vissen is uitgevoerd op basis van twee visprimers (12S en 16S). De analyse van andere soortgroepen is op basis van de universele primer. Voor waterplanten en macrofauna is dit jaar geen aparte primer ingezet. Deze vallen dus buiten de scope van deze factsheet.

In deze factsheet zijn diverse kaders opgenomen met als doel een nadere toelichting op begrippen. Specialisten kunnen ook zelf aan de slag met de data. In bijlage I zijn de eDNA-webapplicaties, die hiervoor beschikbaar zijn, toegelicht.

Universele primer

Met de universele primer kan eDNA van vrijwel alle soortgroepen worden gedetecteerd. Hoe gemakkelijk eDNA in het monster belandt verschilt echter wel per soortgroep; voor plankton geldt bijvoorbeeld dat het volledige organisme in het monster kan belanden, maar voor planten en macrofauna geldt dat enkel materiaal dat ze verliezen (bijvoorbeeld dode huidcellen of afstervend weefsel) in het monster kan belanden. Voor een aantal groepen (zoals waterplanten, macrofauna en vis) zijn afzonderlijke primers nodig. Tot en met 2023 hebben we aparte primers voor bacteriën en eukaryoten toegepast. Na validatie in 2024 is gebleken dat dit niet nodig is voor bacteriën. Uit een validatie die recent is uitgevoerd blijkt dat dit ook niet meer nodig is voor eukaryoten. Consequentie is dat in 2024 geen bacterienprimer is toegepast in het Eemmeer.

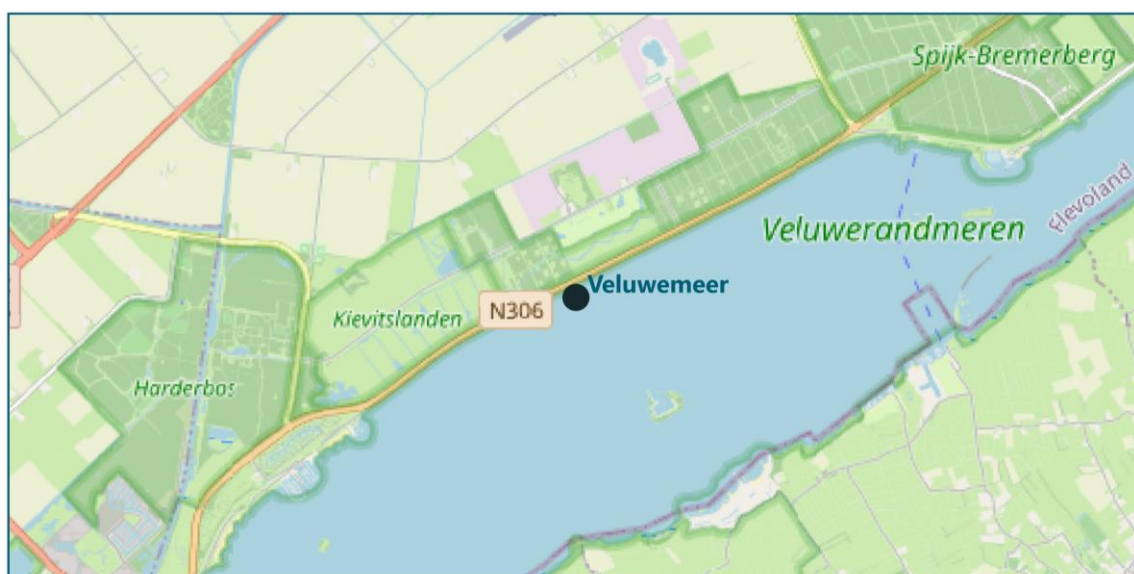
eDNA voedselwebanalyse

De eDNA voedselwebanalyse heeft als (uiteindelijk) doel om tot een betere beoordeling en diagnose van de waterkwaliteit te komen. Dit tegen relatief lage kosten en met snel resultaat. Middels cases wordt deze methode beproefd. In de kern wordt met de eDNA voedselwebanalyse op grond van het vrij beschikbare DNA in het watermilieu (de e van eDNA staat dan ook voor *environmental*) zoveel mogelijk informatie verzameld over het leven onder water, van bacterie tot vis (al kunnen sommige groepen, zoals macrofauna, momenteel nog niet goed in beeld gebracht worden met de eDNA methode). Het doel is het verkrijgen van een integraal beeld (of vingerafdruk) van het onderwaterleven door het nemen van slechts één watermonster.

2 LOCATIE VELUWEMEER

In het Veluwemeer zijn op één locatie vier eDNA samples genomen op 6 mei, 2 juli, 3 juni en 29 juli. Zie afbeelding 2.1 voor de ligging van de bemonsteringslocatie. De bemonstering vindt plaats vanaf het open water, op ongeveer 250 vanaf de oever. Dit betreft dezelfde locatie als in de voorgaande meetjaren 2018-2022 en 2024. Hierbij wordt één liter water bemonsterd door het nemen van circa 40 sub-monsters van 25 ml. Er wordt gebruik gemaakt van sub-monsters om ervoor te zorgen dat het monster zo representatief mogelijk is voor de locatie. De monsters worden ingevroren en worden in het lab van Datura Molecular Solutions geanalyseerd.

Afbeelding 2.1 De bemonsteringslocatie van casus het Veluwemeer (coördinaten RD (x,y) : 174780,490352)



3 FYSISCH-CHEMISCHE METINGEN

Tijdens de bemonstering zijn er fysisch-chemische metingen uitgevoerd. Hoewel deze metingen een momentopname zijn geven ze wel een indicatie van de milieuomstandigheden tijdens de bemonstering. De resultaten zijn weergegeven in tabel 3.1 en tabel 3.2. De monsters van de fysisch-chemische parameters zijn genomen aan het wateroppervlak en in het lab van Eurofins geanalyseerd.

Tabel 3.1 Resultaten van waterkwaliteitsmetingen in het Veluwemeer gedurende de vier meetmomenten in 2024

Datum	Ca (mg/l)	Fe (mg/l)	Mg (mg/l)	Ptot (mg/l)	SO ₄ (mg/l)	NH ₄ -N (mg/l)	Cl (mg/l)	PO ₄ -P (mg/l)	NO ₃ -N (mg/l)
6 mei	70	<0,05	10	<0,05	60	0,14	74	<0,02	0,26
3 juni	52	0,07	10	<0,05	65	0,08	-	0,04	<0,20
2 juli	30	<0,05	9,40	<0,05	52	0,10	67	<0,02	<0,20
29 juli	27	<0,05	9	<0,05	58	0,14	58	0,04	0,32

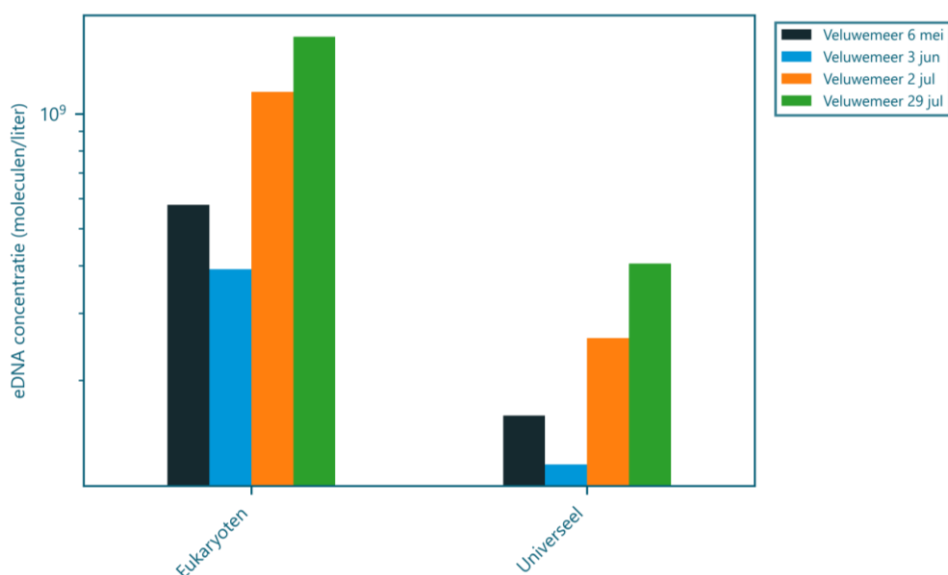
Tabel 3.2 O₂, O₂ %, EGV, pH, temperatuur en doorzicht in het Veluwemeer gedurende de vier meetmomenten in 2024

Datum	O ₂ (mg/l)	O ₂ (%)	Egv (µs/cm)	pH (gemeten eurofins)	Temperatuur (graden C)	Doorzicht (m)
6 mei	9,85	102,20	674	8,40	16,90	2,20
3 juni	9,23	95,50	582	8,20	17,70	1,50
2 juli	9,17	101,50	453	9,20	20,80	2,50
29 juli	9,84	116,90	320	9	24,50	0,80

4 PRODUCTIVITEIT EN (BIO)DIVERSITEIT

De eDNA-concentratie in het Veluwemeer ligt tussen de 120 miljoen en 410 miljoen moleculen per liter met de universele primer (Afbeelding 4.1). Vergeleken met andere systemen die in 2024 bemonsterd zijn is dat een gemiddelde concentratie. Vergeleken met het Eemmeer is dat een lage concentratie. De concentraties in het Veluwemeer liggen ongeveer vier keer lager dan gemiddeld in de andere jaren waarin onderzoek is gedaan op basis van eDNA voedselwebanalyse. Mogelijk is dit het gevolg van het extreem hoge neerslagoverschot. Het jaar 2024 was het natste jaar ooit gemeten.

Afbeelding 4.1 eDNA-concentratie in Veluwemeer gebaseerd op resultaten van de eukaryoten- en universele primer. Let op: er is sprake van een logaritmische schaalverdeling



Met de eukaryoten primer is juist de hoogste eDNA concentratie gemeten als we ook naar eerdere jaren kijken. Dit geldt ook voor het Eemmeer.

Met de universele primer is verder de hoogste concentratie gemeten op 29 juli en de laagste concentratie op 3 juni. Ook in het Eemmeer is de concentratie van eDNA het laagst op 3 juni. De hoogste concentratie in het Eemmeer is op 6 mei gemeten.

tabel 4.1 toont het aandeel bacteriën, eukaryoten, archaea en onbekend, zoals gemeten voor Veluwemeer met de universele primer. Het aandeel archaea is zeer laag. Dit algemene beeld komt overeen met veel andere wateren uit de eDNA database. We weten niet goed wat de oorzaak hiervan is. Een zeer laag aandeel archaea wijst mogelijk op algemenere milieucondities.

Eukaryoten zijn een groep organismen met een complexe celstructuur. Eukaryoten hebben een celkern waarin zich het DNA van het organisme bevindt. Tot de eukaryoten behoren soortgroepen als planten, dieren, schimmels en protisten (verzamelnaam voor eencellige organismen waaronder amoeben en diatomeeën)¹.

Bacteriën zijn eencellige micro-organismen zonder celkern. Hun DNA ligt gewoon los in de cel.

Archaea zijn, net als bacteriën, eencellige micro-organismen zonder celkern. Ze hebben echter eigenschappen die afwijken van bacteriën, zoals de structuur van het celmembraan. Archaea kenmerken zich doordat ze vaak in extremere milieus leven².

¹ Radboud Universiteit Nijmegen (2013). DNA in pro-/eukaryotes. <https://www.vcbio.science.ru.nl/virtuallessons/cellcycle/karyotes/>.

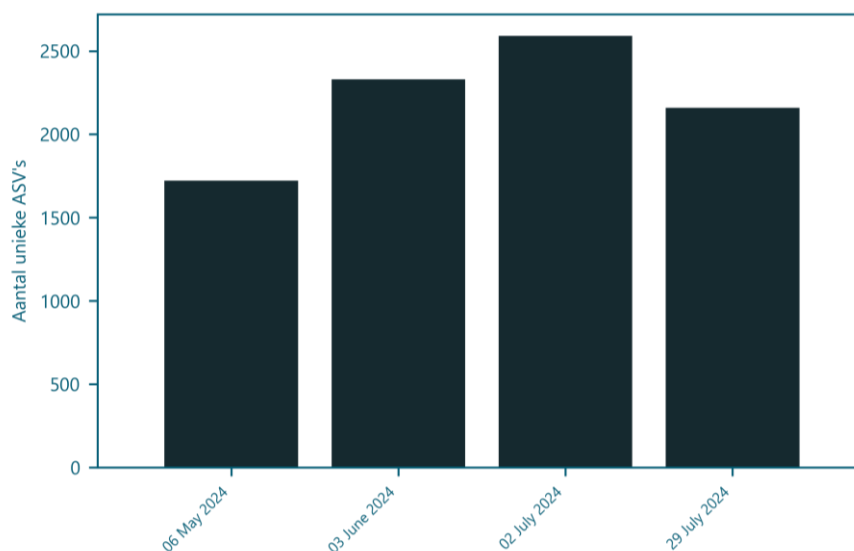
² Artis Micropia (2023). Archaea. <https://www.micropia.nl/nl/ontdek/microbiologie/archaea/>.

Tabel 4.1 Aandeel bacteriën, eukaryoten, archaea en onbekend voor het Veluwemeer gedurende de vier meetmomenten in 2024

Datum	Eukaryota (%)	Bacteria (%)	Archaea (%)	Overig/onbekend (%)
6 mei	26	67	0	7
3 juni	34	57	0	9
2 juli	42	40	0	18
29 juli	16	61	0	23

Het aantal Amplifications Sequence Variants (ASV's) zegt iets over de (bio)diversiteit van het watersysteem, zie het kader 'eDNA concentratie en diversiteit' voor meer uitleg. Het aantal ASV's varieert van 1.722 (6 mei) tot 2.591 (2 juli) (afbeelding 4.2). Deze range is vergelijkbaar met de range van ASV's in het Eemmeer.

Afbeelding 4.2 Aantal ASV's dat is aangetroffen in het Veluwemeer met de universele primer



eDNA concentratie en diversiteit

De totale eDNA concentratie vertelt vermoedelijk iets over de productiviteit van een watersysteem. We meten de totale eDNA concentratie op basis van drie zogenaamde primers: universeel en eukaryoot (eencelligen en meercelligen) en bacteriën (eencelligen) (waarbij de primer voor bacteriën per 2024 is vervallen). Met een primer wordt een deel van het DNA van een organisme belicht. De gevoeligheid van organismen voor primers verschilt. Met deze drie primers krijgen we een zo goed mogelijk beeld van alle aanwezige organismen in het water. Er zijn ook nog twee primers toegepast specifiek voor vis.

Het aantal ASV's (Amplicon Sequence Variants)¹ vertelt vermoedelijk iets over de (bio)diversiteit van een watersysteem. Een ASV is een unieke DNA sequentie van een organisme. Een ASV staat niet gelijk aan een soort: soms zijn er verschillende ASV's van een soort aanwezig in een monster, waarbij een paar nucleotiden van elkaar verschillen. Ook kunnen we niet elke ASV determineren tot op soortniveau, door ontbrekende informatie in de referentiedatabase. We weten dan bijvoorbeeld alleen het fyllum of de familie. Het aantal ASV's is nu bepaald op basis van de universele primer.

¹ In eerdere factsheets noemden we ASV's foutievelijk OTU's (Operational Taxonomic Units). ASV's verschillen van OTU's doordat OTU's groepen van vergelijkbare sequenties samenvoegen op basis van een gekozen drempel, zoals 97 % gelijkheid.

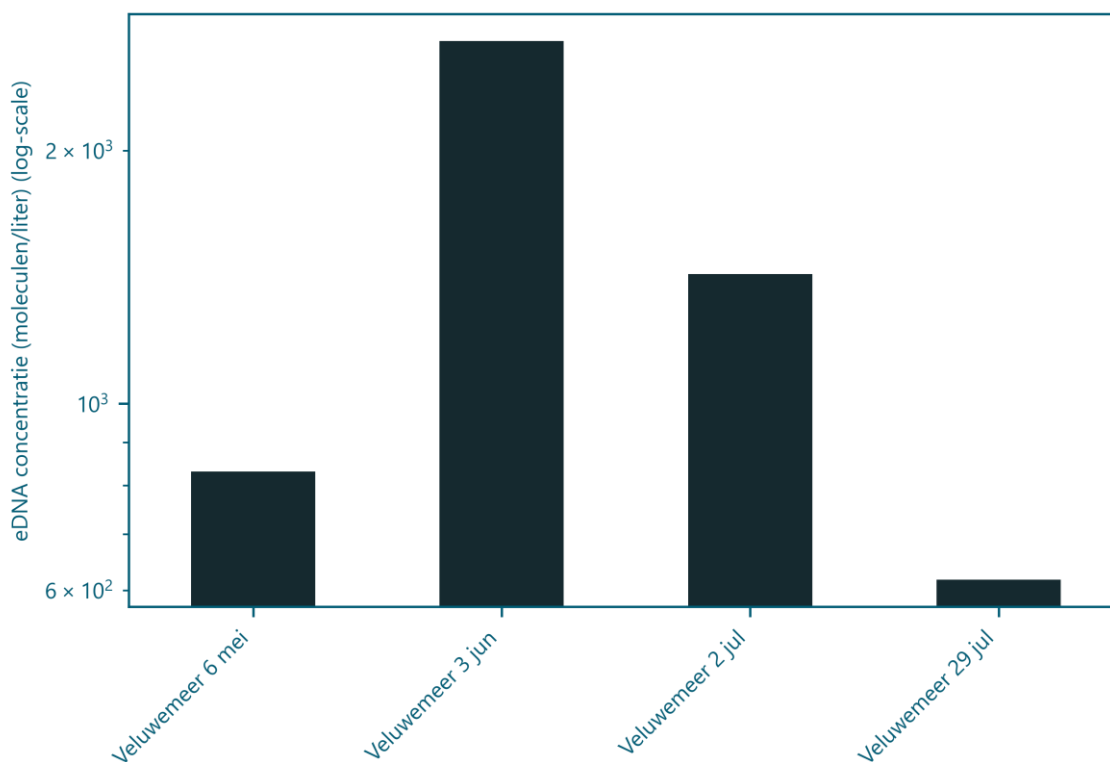
5 SOORTSAMENSTELLING

Hieronder gaan we in op de soortsamenvatting van vissen (gebaseerd op de twee vissenprimers 12S en 16S) en op de samenstelling van de rest van het voedselweb (gebaseerd op de universele primer).

eDNA concentratie en soortsamenvatting vissen

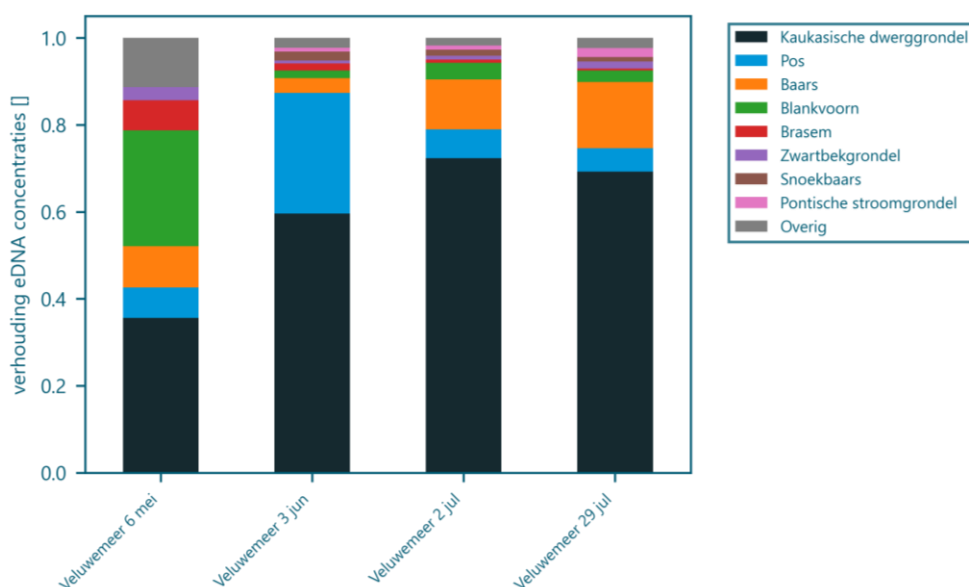
De eDNA-concentratie van vis is weergegeven in afbeelding 5.1. De hoogste vissenconcentratie is gevonden op 3 juni (2.698) en de laagste op 29 juli (618). De eDNA concentratie varieert sterk tussen de monsternamedatum. Gemiddeld genomen heeft Veluwemeer een lage vissenconcentratie in vergelijking met andere cases uit 2024, maar de visconcentratie is vergelijkbaar met die van het Eemmeer. In de laatste 3 monsters die zijn genomen in het Veluwemeer neemt de eDNA concentratie van vissen sterk af. Omdat dit patroon ook zichtbaar is in het Eemmeer ligt hier waarschijnlijk een gemeenschappelijke oorzaak aan ten grondslag. Mogelijk ontstaat dit patroon doordat de paaijperiode van vissen veelal in de maanden mei en juni plaatsvindt.

Afbeelding 5.1 eDNA-concentratie van vis per monster. Let op: er is sprake van een logaritmische schaalverdeling



De visgemeenschap in het Veluwemeer bestaat hoofdzakelijk uit Kaukasische dwerggrondel, pos, baars, blankvoorn en brasem. In totaal zijn er met de 12S-primer en 16S-primer 21 soorten aangetroffen. In afbeelding 5.2 worden de meest aangetroffen soorten getoond per monster. In Tabel 5.1 staat een overzicht met per monster de soorten waarvan het meeste eDNA is aangetroffen.

Abbeelding 5.2 Verdeling ratio vissoorten per monster. Enkel de meest aangetroffen soorten zijn weergegeven, de rest staat onder 'overige'



Tabel 5.1 De meest dominante vissoorten die zijn aangetroffen in het Veluwemeer, waarbij is aangegeven hoe zeldzaam de soort is in Nederland en of het om een exoot gaat. Per monster is aangegeven wat het aandeel van elke soort is in % (percentage van de totale hoeveelheid vis-eDNA)

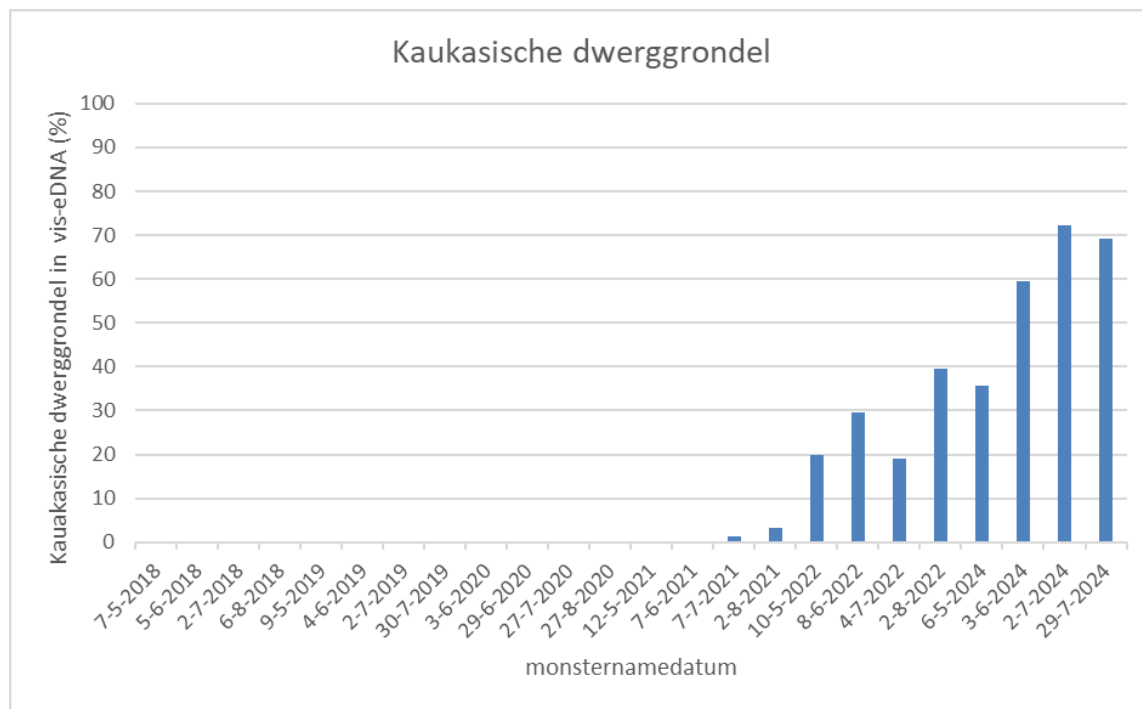
Soort	Zeldzaamheid	Exoot	6 mei (%)	3 juni (%)	2 juli (%)	29 juli (%)
baars	algemeen	geen exoot	9,5	3,3	11,4	15,2
blankvoorn	zeer algemeen	geen exoot	26,6	1,8	3,9	2,7
brasem	zeer algemeen	geen exoot	6,9	1,6	0,8	0,5
karper	algemeen	ingeburgerd	2,7	0,4	0,4	0,4
Kaukasische dwerggrondel	algemeen	exoot	35,6	59,6	72,4	69,2
pontische stroomgrondel	algemeen	exoot	0	0,8	1,0	2,1
pos	algemeen	geen exoot	7,0	27,8	6,6	5,4
snoekbaars	algemeen	geen exoot	0	2,1	1,3	1,0
zwartbekgrondel	algemeen	exoot	3,1	0,6	0,9	1,6

Er is opvallend veel eDNA van de Kaukasische dwerggrondel aangetroffen in 2024. Ook op andere locaties in het land wordt deze soort de afgelopen jaren waargenomen in het eDNA (ook in het Eemmeer). De eerste waarneming van de Kaukasische dwerggrondel in Nederland is gedaan in de Biesbosch op 6 mei 2020. In het jaar 2021 is de soort ook waargenomen in de eDNA bemonstering in het Veluwemeer en sindsdien is zijn aandeel sterk toegenomen (afbeelding 5.3). De Kaukasische dwerggrondel stelt niet veel eisen aan zijn habitat. Het is daarom niet verrassend dat de soort ook in het Veluwemeer aanwezig is. Het grote aandeel van de soort in het eDNA heeft mogelijk ook te maken met de bemonsteringslocatie in het Veluwemeer. De monsters zijn genomen aan de zijde van het meer, waar stortstenen oevers aanwezig zijn. Aanwezigheid van hard substraat voor het afzetten van eitjes is een belangrijke factor voor het voorkomen van de Kaukasische grondels. Mogelijk zijn de concentraties van deze soorten lager aan de andere ondiepe zijde van het meer.

Over- of onderschatting aandeel van vissoorten

De verdeling van vissoorten in de totale hoeveelheid eDNA van vissen correspondeert niet altijd met de biomassa van vissen. Het is bekend dat kleine vissoorten doorgaans meer eDNA loslaten (per kg lichaamsgewicht) dan grote vissoorten¹.

Afbeelding 5.3 aandeel van de Kaukasische dwerggrondel in de totale hoeveelheid vis-eDNA van alle meetjaren in het Veluwemeer



Soortsamenstelling op basis van de universele primer

Om de door de universele primer aangetroffen ASV's beter te kunnen duiden, worden deze ingedeeld in zogenoemde 'functionele groepen' (soortgroepen die een vergelijkbare functie kunnen hebben in een watersysteem). Het uiteindelijke doel is om zoveel mogelijk functionele groepen te identificeren. Er is een start gemaakt met de onderstaande lijst, maar dit is niet uitputtend. Met name voor de bacteriën zijn op dit moment nog veel functies onbekend.

¹ eDNA-metabarcoding vissen: onderzoek naar de mogelijke toepassing van eDNA voor de KRW vismonitoring (2018-2021). Stichting Toegepast Onderzoek Waterbeheer (STOWA), 2022.

Ten slotte zijn nog niet alle ASV's te koppelen aan soorten of soortgroepen. Het aangetroffen eDNA in het Veluwemeer bestaat vooral uit DNA van bacteriën ciliaten, blauwalgen en overige eukaryoten (tabel 5.2). Hieronder worden enkele kenmerken van de soortsaamenstelling uitgelicht. Verder zijn de soortsaamenstellingen voor de soortgroepen zoöplankton, fytoplankton en bacteriën nader uitgewerkt:

- op 6 mei is het aandeel overige bacteriën het hoogst. Twee geslachten bacteriën met een groot aandeel zijn *Candidatus pelagibacter* en *Luteolibacter*. Van het geslacht *Luteolibacter* is bekend dat ze catalase-positief en oxidase-positief zijn¹. Deze eigenschappen kunnen bijdragen aan de aerobe afbraak van organisch materiaal in het systeem;
- het aandeel van zoöplankton is in alle monsters enkele procenten. Er lijkt dus geen duidelijke piek in zoöplankton te zijn in het eDNA van het Veluwemeer;
- op 3 juni is het aandeel overige eukaryoten 13,1 % vrij hoog. Dit aandeel bestaat grotendeels uit de geslachten *Cryptomonas* en *Teleaulax*, beide behorend tot de algenklasse Cryptophyceae;
- in het monster van 2 juli is het aandeel ciliaten zeer hoog. Ciliaten zijn heterotrofe organismen (ze foerageren op bacteriën, detritus). Het aandeel bacteriën en cyanobacteriën in dit monster is relatief laag (respectievelijk 46,1 % en 1,4 %). Het is onduidelijk of dit verband houdt met het hoge aandeel ciliaten;
- in het monster van 29 juli is het aandeel van blauwalgen groot. Het grote aandeel van de groep komt overeen met de gemeten fysisch-chemische parameters, die wijzen op een hoge productie. De zuurstofconcentratie en de pH zijn op 30 juni hoger dan in de andere maanden. Bij de primaire productie wordt CO₂ omgezet in O₂. Wanneer de CO₂ concentratie in het water afneemt, wordt het water minder zuur (hogere pH). Mogelijk als gevolg van de hoge aanwezigheid van blauwalgen is het doorzicht ook relatief laag (0,80 meter) in vergelijking met eerdere meetmomenten (doorzicht 1,50 tot 2,50 meter).

Een **Fylum** is een niveau in de indeling (hiërarchisch) van organismen in de biologie. Ook wel 'stam' genoemd. De hiërarchie van taxonomische niveaus is als volgt: leven > domein > rijk > fyllum > klasse > orde > familie > geslacht of genus > soort.

Tabel 5.2 Het aandeel van verschillende soortgroepen in het Veluwemeer gebaseerd op de universele primer. Vis is hier niet in meegenomen. Vissen worden niet goed opgemerkt door de universele primer, en worden daardoor enkel gemeten met speciale vissenprimers. De dikgedrukte percentages geven de hoogste waarden weer

Soort	6 mei (%)	3 juni (%)	2 juli (%)	29 juli (%)
algen overig	0,4	0,5	1,5	0,3
archaea	0,0	0,0	0,0	0,0
bacteriën overig	63,5	53,1	46,1	46,7
blauwalgen	4,9	6,2	1,4	15,8
ciliaten	18,5	15,0	29,6	7,6
diatomeeën	0,1	0,7	2,3	0,9
eukaryoten overig	3,3	13,1	3,7	3,4
flagellaten	0,0	1,0	0,5	0,5
groenalgen	0,3	0,7	0,8	0,6
schimmels	0,2	0,7	0,3	0,2
tweekleppigen	0,1	0,3	1,3	0,1

¹ Yoon J, Matsuo Y, Adachi K, Nozawa M, Matsuda S, Kasai H, Yokota A. Description of *Persicirhabdus sediminis* gen. nov., sp. nov., *Roseibacillus ishigakijimensis* gen. nov., sp. nov., *Roseibacillus ponti* sp. nov., *Roseibacillus persicus* sp. nov., *Luteolibacter pohnpeiensis* gen. nov., sp. nov. and *Luteolibacter algae* sp. nov., six marine members of the phylum 'Verrucomicrobia', and emended descriptions of the class Verrucomicrobiae, the order Verrucomicrobiales and the family Verrucomicrobiaceae. Int J Syst Evol Microbiol. 2008 Apr;58(Pt 4):998-1007. doi: 10.1099/ijs.0.65520-0. PMID: 18398209.

Soort	6 mei (%)	3 juni (%)	2 juli (%)	29 juli (%)
zoöplankton	3,2	1,4	2,1	2,2
onbekend	5,5	7,4	10,4	21,8

Zoöplankton

In afbeelding 5.4 wordt de soortensamenstelling van zoöplankton getoond (het relatieve aandeel van elke soortgroep). Ten opzichte de totale hoeveelheid eDNA is het aandeel van zoöplankton klein (zie tabel 5.2):

- in alle monsters bestaat de soortensamenstelling van zoöplankton voornamelijk uit ciliaten (ten minste 70 %) en in veel mindere mate uit copepoda en rotifera;
- in alle monsters is de samenstelling van de ciliaten divers. In alle monsters worden zeker 20 families waargenomen. Een veel voorkomende klasse is de Spirotrichea. Ciliaten vormen vaak een belangrijke schakel in de voedselketen. Ze zijn in staat om algen en bacteriën te consumeren. Op hun beurt worden ze gegeten door grotere zoöplanktonsoorten;
- het aandeel van watervlooien (Branchiopoda) is laag. Watervlooien, zoals het bekende geslacht *Daphnia*, zijn vaak grote zoöplanktonsoorten die zeer efficiënt fytoplankton kunnen filteren. Vanwege hun grootte is de predatiedruk van vissen op deze soorten ook groot.

Afbeelding 5.4 Verdeling ratio zoöplanktonsoortgroepen per monster. De soortgroepen zijn: branchiopoda (kieuwpootkreeftjes), ciliophora (trilhaardieltjes), copepoda (eenoogekreeftjes), ostracoda (mosselkreeftjes), rhizopoda (wortelpotigen) en rotifera (raderdieren)

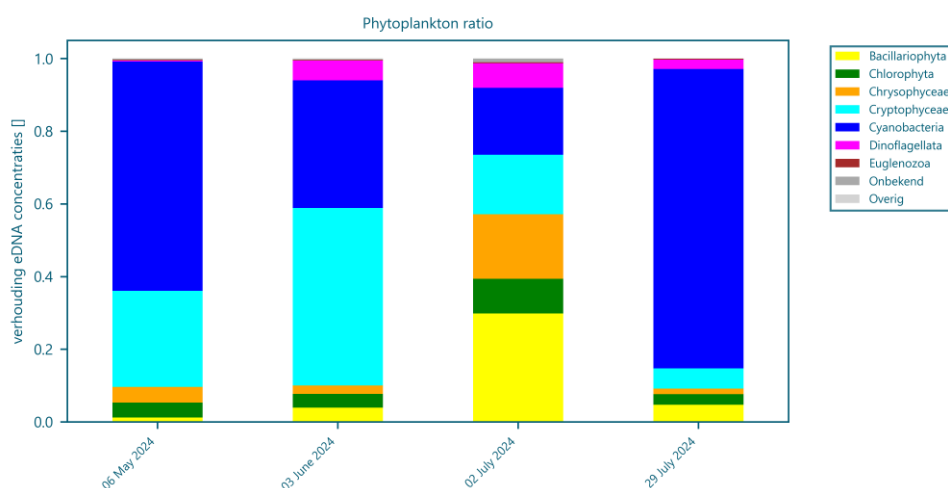


Fytoplankton

In afbeelding 5.5 wordt de soortensamenstelling van fytoplankton getoond (het relatieve aandeel van elke soortgroep).

- de samenstelling van het fytoplankton-eDNA verschilt tussen de monsters. Voornamelijk op 2 juli wijkt de samenstelling sterk af van de andere monsters. In dit monster is de groep Bacillariophyta (diatomeeën) het grootst, maar zijn ook andere fytoplanktongroepen vertegenwoordigd;
- in alle monsters bestaat een groot deel van het eDNA van cyanobacteriën uit de orde Nostocales, voornamelijk in het monster van 6 mei en 29 juli. In alle monsters is het geslacht *Dolichospermum* (uit de orde Nostocales) dominant. Dit is een stikstoffixerder, waardoor de soort competitiever is dan andere fytoplankton bij een stikstoftekort;
- de monsters van 6 mei en 3 juni zijn genomen na periode van regenval. Uitspoeling kan er voor zorgt mogelijk voor impuls in nutriëntenbelasting. Cryptofyten hebben een hoge reproductiesnelheid en zijn heterotroof waardoor ze snel kunnen profiteren van een verhoogde nutriëntenbeschikbaarheid;
- op 2 juni is het aandeel van goudwieren (Chrysophyceae) groter dan in de andere monsters. Voornamelijk het geslacht *paraphysomonas* is aanwezig, daarnaast zijn ook de geslachten *phascolodon*, *ochromonas*, *uroglenopsis spumella*, *uroglena*, *epipyxis* en *chromophyton* uit de orde Chrysophyceae aanwezig;
- de orde goudwieren is in deze notitie ingedeeld bij de fytoplankton. Binnen de goudwieren bestaan echter soorten die autotroof (produceert zelf energie d.m.v. fotosynthese), heterotroof (verkrijgt energie door consumptie van andere organismen) en mixotroof (verkrijgt energie door zowel door fotosynthese als consumptie) zijn. Het geslacht *paraphysomonas* is heterotroof en voed zich voornamelijk met bacteriën;
- in het monster van 3 juni is bijna al het eDNA van dinoflagellaten afkomstig van het geslacht *Azadinium*, in tegenstelling tot de monsters van 2 en 29 juli waar de het eDNA van dinoflagellaten uit meer dan 10 geslachten bestaat in ongeveer gelijke delen voorkomen. Binnen dit geslacht zijn soorten aanwezig die *Azaspicids* produceren. Deze neurotoxines kunnen leiden tot 'paralytic shellfish poisoning', waarbij het zenuwstelsel wordt aangetast. De mens kan deze toxines binnenkrijgen door consumptie van de schelpdieren die zich hebben gevoed met de dinoflagellaten. Of de soorten die in dit monster ook daadwerkelijk deze toxines produceren is onbekend.

Afbeelding 5.5 Verdeling ratio fytoplanktonsoortgroepen per monster. De soortgroepen zijn: rodophyta (roodwieren), bacillariophyta (diatomeeën), cyanobacteria (blauwalgen), chlorophyta (groenwieren), Cryptofyten, Goudwieren (Chrysophyceae), Choanoflagellata en Dinoflagellata.



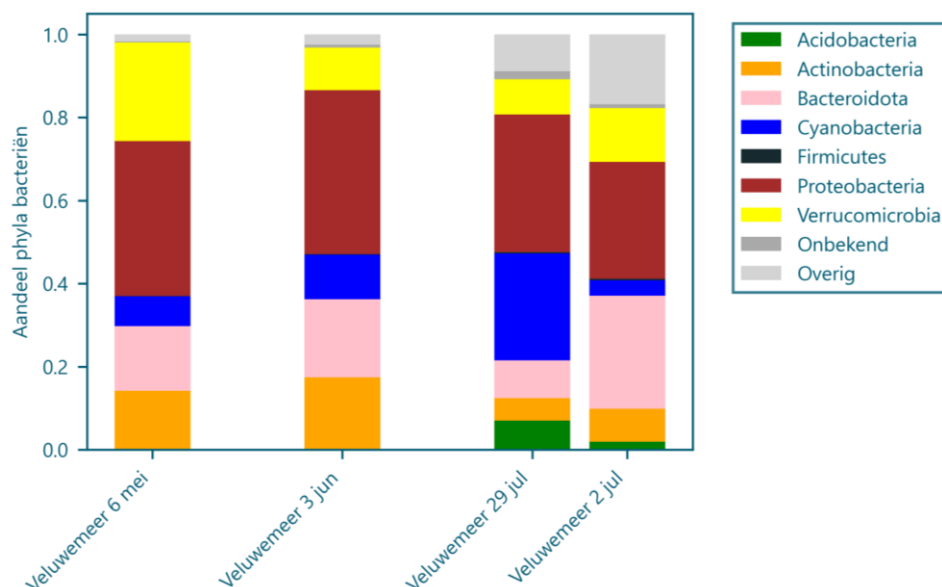
Bacteriën

In afbeelding 5.6 wordt de soortsaamenstelling van bacteriën getoond (het relatieve aandeel van elke soortgroep). Tussen de monsters zijn geen grote verschillen in het aandeel van de bacteriefyla.

Het monster van 29 juli is het meest afwijkend met een relatief groot aandeel cyanobacteria (blauwalg) en acidobacteria:

- op 29 juli en 2 juli bestaat enkele procenten van het eDNA van bacteriën uit het fyllum acidobacteria. Dit betreft een zeer diverse groep. Veel soorten in dit fyllum komen voornamelijk voor in de bodem. Deze soorten zijn tevens overwegend acidofiel, wat betekent dat ze voorkomen onder zure omstandigheden. De pH-metingen die zijn uitgevoerd gelijktijdig met de eDNA bemonstering laten allerm minst zien dat de omstandigheden zuur zijn, beide metingen zijn boven pH 9. Mogelijk wisselt de pH sterk onder invloed van fotosynthese, waarbij in de nacht de pH (sterk) daalt;
- de proteobacteriën zijn in alle monsters goed vertegenwoordigd. Een groot deel van het eDNA van proteobacteriën kan (nog) niet tot op geslachtsniveau of soortniveau op naam worden gebracht. Van het eDNA dat wel tot op geslachtsniveau op naam kan worden gebracht *bestaat* vaak een groot gedeelte uit het geslacht polynucleobacter en een deel uit het geslacht pelagibacter. Polynucleobacter wordt in verband gebracht met de afbraak van humuszuren ¹;
- de samenstelling van het eDNA in het Veluwemeer 2024 laat grote overeenkomst zien met dat in het Eemmeer. Ook daar zijn fyyla die goed vertegenwoordigd zijn de Proteobacteria, Bacteroidota, Verrucomicrobia en de Actinobacteria. In het Eemmeer zijn echter de acidobacteria wel in veel mindere mate aanwezig. Mogelijk is dit te relateren aan de lagere pH en zuurstofgehalten in het Eemmeer zoals overdag gemeten. Dit zou kunnen wijzen op een lagere primaire productie door algen en waterplanten en minder sterk wisselende condities (in de nacht lagere pH en zuurstogehalte);
- in het monster van 2 juli bestaat meer dan 10 % van het eDNA monster uit 'Overig'. Dit is grotendeels afkomstig van het geslacht Nitrospira. Zoals de naam doet vermoeden speelt dit geslacht een rol in de stikstofcyclus door oxidatie van nitriet. Ook zijn sommige soorten van dit geslacht in staat om ammonia direct te oxideren tot nitraat (Comannox proces), waar vroeger werd gedacht dat nitrificatie een tweestapsproces was (van ammonium naar nitriet en van nitriet naar nitraat) ².

Afbeelding 5.6 Verdeling ratio bacteriën per monster. De soortgroepen zijn: acidobacteria, proteobacteria, bacteroidota, planctomycetota, verrucomicrobia, actinobacteria, cyanobacteria, onbekend (ASV's die niet op fyllum-niveau te onderscheiden zijn) en overig (ASV's die tot een andere, minder dominant aanwezige groep behoren dan de genoemde zeven fyyla in de figuur)



¹ Jezberová, J., Jezbera, J., Brandt, U., Lindström, E. S., Langenheder, S., & Hahn, M. W. (2010). Ubiquity of Polynucleobacter necessarius ssp. asymbioticus in lentic freshwater habitats of a heterogenous 2000 km² area. *Environmental Microbiology*, 12(3), 658-669.

² Costa, E., Pérez, J., & Kreft, J. U. (2006). Why is metabolic labour divided in nitrification?. *Trends in microbiology*, 14(5), 213-219.

6 VERGELIJKING EEMMEER EN VELUWEMEER

In dit hoofdstuk wordt allereerst een bredere vergelijking gemaakt tussen meerjarige eDNA-bemonstering van het Eemmeer en het Veluwemeer voor vis met afsluitend een discussie. Daarna wordt voor de overige soortgroepen op meerdere aspecten de soortensamenstelling tussen de twee meren vergeleken.

6.1 Vergelijking vis-eDNA op basis van meerjarige eDNA-meting

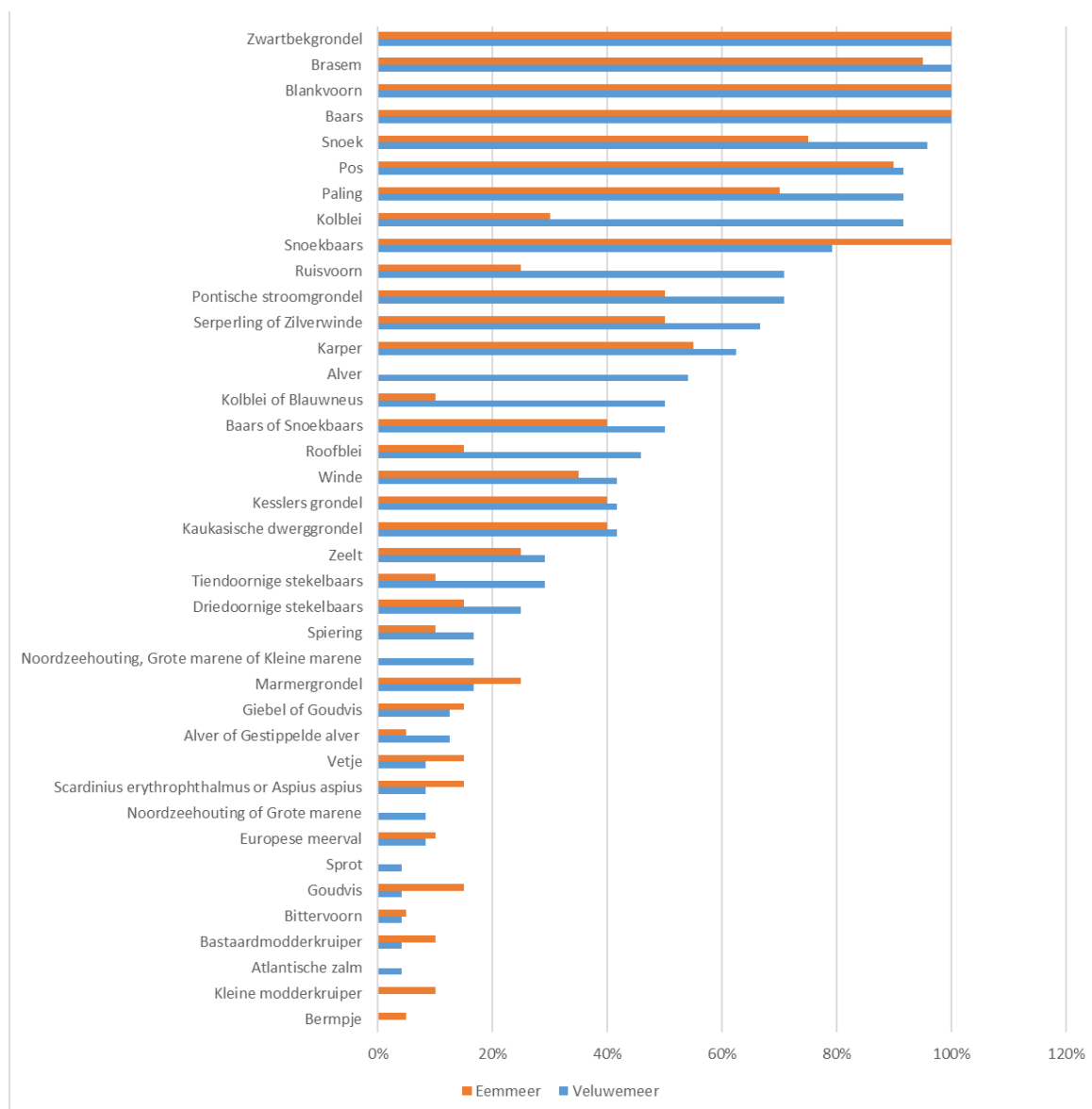
Bemonstering van eDNA vindt in het Veluwemeer sinds 2018 en in het Eemmeer sinds 2019 plaats. Deze metingen geven de mogelijkheid om een robuustere vergelijking te maken tussen het eDNA van vissen in de meren. Deze meetreeks stelt ons in staat om trends te ontdekken in de samenstelling van vissoorten en geeft een nauwkeuriger inzicht in de samenstelling van vissoorten in de meren. Eerst gaan we in op het aantal keer dat een soort is aangetroffen. Vervolgens gaan we in op de eDNA concentratie van soorten.

Aantallen

In Afbeelding 6.1 is per vissoort weergegeven in welk percentage van het totaal aantal eDNA-monsters de soort is waargenomen in het Veluwemeer en het Eemmeer. Er zijn veel overeenkomsten tussen de waargenomen soorten in het Eemmeer en het Veluwemeer. In beide meren komen een aantal zeer algemene soorten voor die in grote wateren te verwachten zijn, bijvoorbeeld baars, brasem, snoekbaars, pos, blankvoorn, paling. Ook komen exoten voor die sinds de voltooiing van het Main-Donaukanaal de weg naar de Nederlandse wateren hebben gevonden, zoals de zwartbekgrondel, Kaukasische grondel en de Pontische stroomgrondel.

Het Eemmeer en het Veluwemeer kennen ook duidelijke verschillen in de samenstelling van het vis-eDNA. Soorten die beduidend vaker zijn waargenomen in het Veluwemeer zijn alver, ruisvoorn, kolblei, snoek, driedoornige stekelbaars, tiendoornige stekelbaars. Deze soorten zijn over het algemeen gebonden aan vegetatierijk water. Dit komt overeen met het beeld van het plantenrijkere Veluwemeer ten opzichte van het Eemmeer.

Afbeelding 6.1 Voor elke vissoort is weergegeven in welk aandeel van het totaal aantal eDNA-monsters de soort is waargenomen in de periode van 2018 tot en met 2024 in het Eemmeer (n=20) en het Veluwemeer (n=24). Voorbeeld: In het Veluwemeer is de karper 15 van de 24 eDNA-monsters aangetroffen. Dit resulteert in een percentage van 63 %



Gemiddeld aandeel in eDNA-monsters

In Afbeelding 6.1 is het gemiddelde aandeel van een soort in alle monsters per meer weergegeven, ofwel de gemiddelde abundantie uitgaande van de eDNA concentratie. In Afbeelding 6.2 is de verhouding tussen de gemiddelde abundantie voor respectievelijk het Eemmeer en Veluwemeer weergegeven.

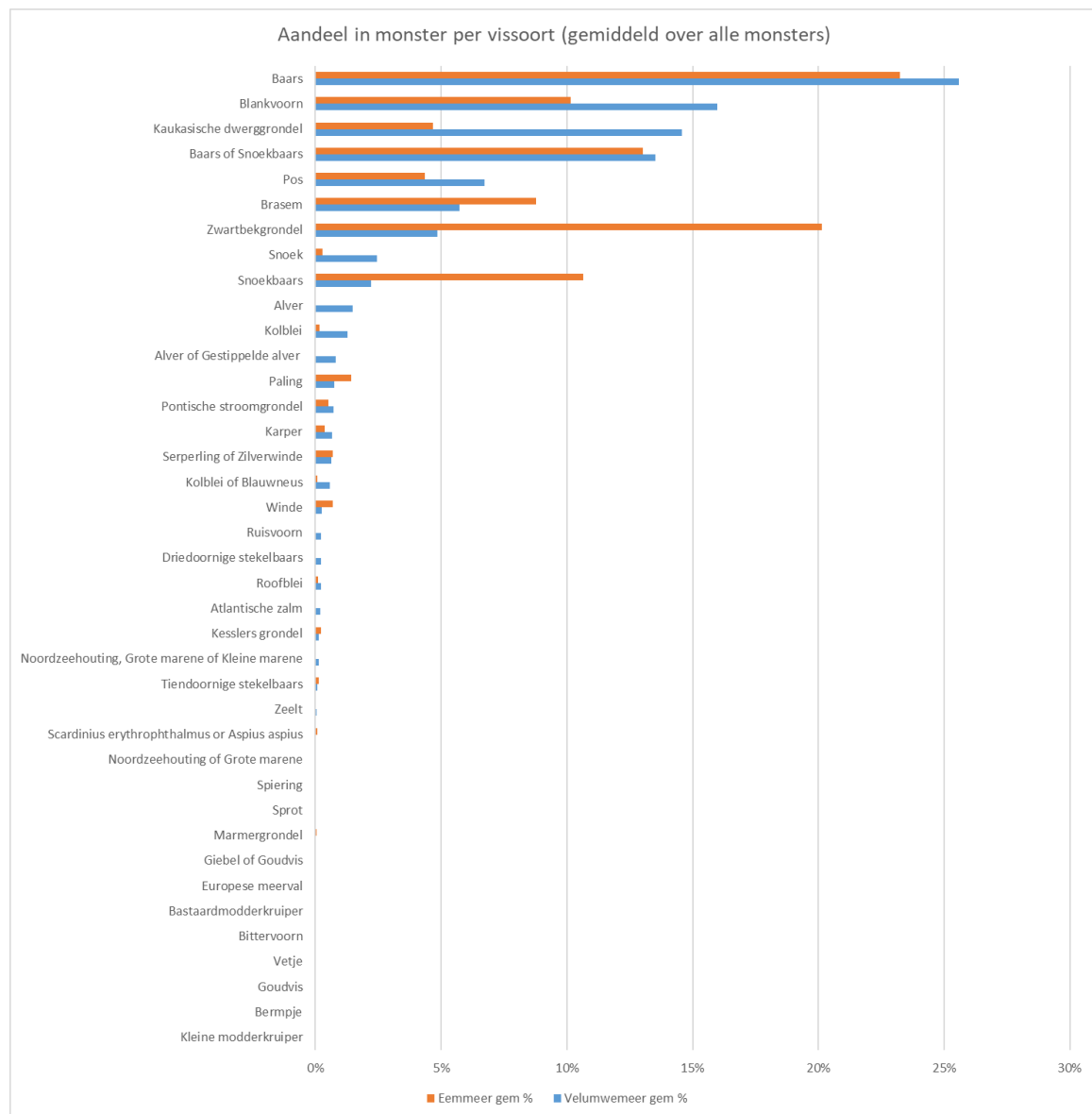
Net als bij het aantal soorten, zien we ook bij het gemiddelde aandeel in de totale abundantie dat er sprake is van grote overeenkomsten tussen de meren. In beide meren hebben de eurytope soorten zoals baars, pos en blankvoorn en brasem een gemiddeld aandeel van meer dan 5 %.

Tussen het Veluwemeer en het Eemmeer zijn ook verschillen in het gemiddelde aandeel in de totale abundantie van de vissoorten. De vissoorten die gemiddeld meer voorkomen in het Veluwemeer zijn driedoornige stekelbaars (12 keer t.o.v. Eemmeer), snoek (9 keer t.o.v. Eemmeer), ruisvoorn (8 keer t.o.v. Eemmeer) en kolblei (8 keer t.o.v. Eemmeer).

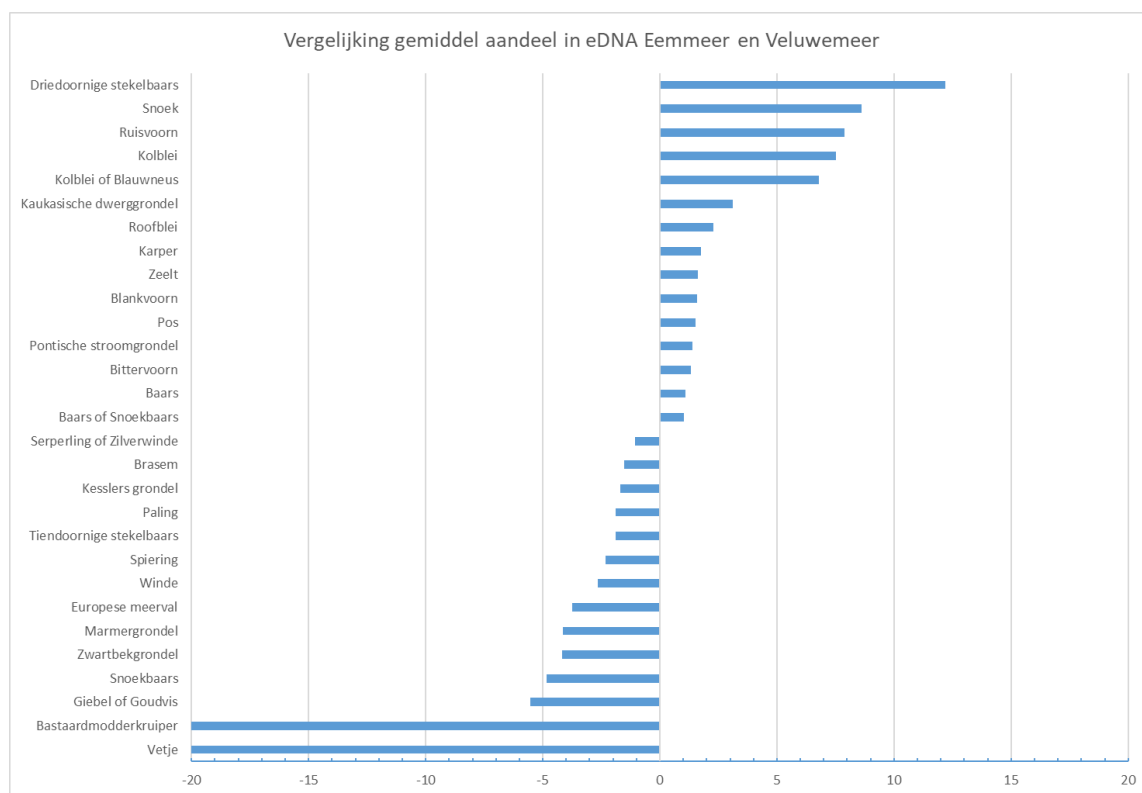
Vissoorten van troebel(er) water komen juist vaker voor in het Eemmeer, dit zijn brasem (1,5 keer t.o.v. Veluwemeer) , paling (1,9 keer t.o.v. Veluwemeer) en snoekbaars (4,8 keer t.o.v. Veluwemeer).

Voor de soorten vetje en bastaardmodderkruiper geldt dat ze zowel in beide meren in weinig monsters aanwezig zijn waarin het eDNA van deze soorten is aangetroffen en dat de hoeveelheid eDNA die is aangetroffen zeer laag is. Hierdoor kunnen grote relatieve verschillen in gemiddelde eDNA-concentratie ontstaan, waardoor de soorten op de grafiek in Afbeelding 6.3 sterk richting één kant op wijzen.

Afbeelding 6.2 Gemiddeld voorkomen van soorten in de eDNA-bemonstering in het Veluwemeer (n=24) en het Eemmeer (n=20) in de periode van 2018 tot en met 2024



Afbeelding 6.3 Vergelijking tussen het gemiddeld aandeel in eDNA monsters van het Eemmeer (n=20) en het Veluwemeer (n=24). Balken naar links geven aan dat de soort gemiddeld meer aanwezig zijn in het Eemmeer en balken naar rechts geven aan dat de soort vaker voorkomt in het Veluwemeer. Voorbeeld: eDNA van Karper is gemiddeld in het Veluwemeer 1,4 % van het eDNA en 0,7 % in het Eemmeer. De balk geeft daarom een waarde van $1,4\% / 0,7\% = 1,8$ naar rechts aan



Discussie

De waterkwaliteit in het Eemmeer en het Veluwemeer is sinds de '90 in beide meren sterk verbeterd. Voor deze periode waren beide meren troebel en werd de vissamenstelling gedomineerd door brasem (niet gemeten met eDNA)¹. De soortensamenstelling weerspiegelt een verbetering van de waterkwaliteit. De huidige omstandigheden met overwegend helder water en dominantie van waterplanten bieden leefgebied aan verschillende soorten vissen.

Ondanks dat in de randmeren veel ondergedoken waterplantvegetatie aanwezig is, bieden de meren maar in beperkte mate leefgebied voor sterk aan vegetatie gebonden (plantminnende) soorten, zoals (jonge) snoek en ruisvoorn. Beide soorten hebben een lage gemiddelde abundantie in zowel het Eemmeer als Veluwemeer (Afbeelding 6.2). Ondergedoken waterplanten zijn in het Veluwemeer wijdverspreid aanwezig, maar sterven af gedurende de winterperiode. In deze periode is de oevervegetatie met riet belangrijk leefgebied voor ruisvoorn en snoek. Voor zowel het Eemmeer als voor het Veluwemeer geldt dat de oeverlengte ten opzichte van het oppervlak van het meer klein is, waardoor de draagkracht van het systeem voor deze plantminnende soorten relatief beperkt is. Dit is een direct gevolg van de omvang van de grote meren. In kleinere meren is de verhouding oeverlengte ten opzichte van oppervlakte gunstiger. Kranswiervegetaties, die wel het gehele jaar aanwezig zijn in het Veluwemeer dragen wel bij aan de draagkracht voor deze soorten.

Verschillen tussen het Veluwemeer en het Eemmeer komen tot uiting in de samenstelling van het vis-eDNA, zowel in aantal waarnemingen (Afbeelding 6.1) als gemiddelde abundantie (Afbeelding 6.3).

¹ Portielje, R., Noordhuis, R., & Meijer, M. L. (2001). *Waterkwaliteit van de zuidelijke randmeren (Eem- en Gooimeer) 1990-1999*. Ministerie van Verkeer en Waterstaat, Directoraat-Generaal Rijkswaterstaat, RIZA Rijksinstituut voor Integraal Zoetwaterbeheer en Afvalwaterbehandeling.

In het Veluwemeer is de nutriëntbelasting lager dan in het Eemmeer waardoor helder water met waterplanten aanwezig is. Het Eemmeer staat onder invloed van het nutriëntenrijke Eemwater. In het Eemmeer zijn ook waterplanten aanwezig, maar wel in mindere mate dan in het Veluwemeer. Deze verschillen in waterkwaliteit komen tot uiting in de verhouding tussen het aandeel van vissoorten (Afbeelding 6.3). Vegetatieminnende soorten komen op basis van het eDNA vaker en meer voor in het Veluwemeer dan in het Eemmeer. Soorten die ook goed in troebel water voor kunnen komen, komen juist sterker naar voren in de eDNA-data van het Eemmeer.

6.2 Vergelijking van alle soortgroepen

In tabel 6. is op een meerdere aspecten een vergelijking gemaakt tussen het Veluwemeer en het Eemmeer.

Tabel 6.2 Vergelijking tussen het Eemmeer en het Veluwemeer

Aspect	Veluwemeer	Eemmeer	Duiding
totale eDNA concentratie	tussen 120 miljoen (3 juni) en 410 miljoen (2 juli)	tussen 75 miljoen (3 juni) en 740 miljoen (2 juli)	de gemiddelde eDNA concentratie is hoger in het Eemmeer. Dit zien we ook gemiddeld over alle meetjaren. dit past bij het beeld van de hogere belasting van het Eemmeer. de eDNA concentratie in het Eemmeer varieert hierbij sterker dan in het Veluwemeer. opvallend is dat in 2024 in beide meren de laagste eDNA-concentratie gemeten is op 3 juni en de hoogste op 2 juli. Het lijkt erop dat er een gemeenschappelijke factor is die van invloed is op de totale eDNA-concentratie.
ASV's	1.722 (6 mei) tot 2.591 (2 juli)	2.161 (3 juni) tot 2.527 (6 mei)	het aantal ASV's is in het Eemmeer gemiddeld iets lager dan in het Veluwemeer. dit correspondeert met eerdere jaren. In 2019 en 2020 was het verschil hierbij groter.
fytoplankton	in het veluwemeer is in drie van de vier monsters blauwalg dominant	in het Eemmeer is in alle monsters diatomeeën de voornaamste groep van fytoplankton	het aandeel blauwalg is hoger in het Veluwemeer dan in het Eemmeer. dit correspondeert met eerder jaren. In het Eemmeer zijn de verschillen tussen maanden groter met vaak verhoogde concentraties in juli en augustus. dit is opvallend, omdat het Eemmeer onder invloed staat van het voedselrijke water uit de Eem. een verklaring zou kunnen zijn dat juist in de maanden mei en juni de verblijftijd in het Eemmeer relatief kort is (door de afvoer van de Eem), waardoor blauwalgen die traag groeien minder kans hebben. mogelijk spelen er ook nog andere factoren, zoals de hogere concentratie zooplankton.
cryptofyten	groot aandeel op 3 juni	groot aandeel op 3 juni	Het monster na 3 juni is genomen na een periode van regenval. De nutriëntenbelasting was hierdoor mogelijk verhoogd. Cryptofyten hebben een hoge reproductiesnelheid en zijn heterotroof waardoor ze snel kunnen profiteren van een verhoogde nutriëntenbeschikbaarheid.
zoöplankton	ciliaten maken gemiddeld 18 % (max 30 %) uit van het totale eDNA. de andere zoöplanktongroepen zijn samen niet meer dan enkele procenten van het totale eDNA.	ciliaten maken gemiddeld 23 (max 46 %) procent uit van het totale eDNA in 2024. De andere zoöplanktongroepen samen gemiddeld 7 %.	in het Eemmeer is meer zoöplankton aanwezig en is in ieder geval in twee monsters een groot deel copepoda (eenooγκreeften) aanwezig. ook Branchiopoda zijn sterker aanwezig in sommige monsters in het Eemmeer. het lijkt er dus op dat het zoöplankton zowel kwalitatief als kwantitatief sterker aanwezig is in het Eemmeer. mogelijk helpt dit bij het drukken van de blauwalgconcentratie

Aspect	Veluwemeer	Eemmeer	Duiding
vis	bestaat deels uit roofvissen van meso- tot eutroof water (baars en snoekbaars). een groot deel bestaat uit kleine exoten (grondels). het gemiddelde aandeel van snoek in het vis-eDNA is 2 %.	een groot deel bestaat uit kleine exoten (grondels). de zwartbekgrondel is minder dominant. bestaat deels uit roofvissen van meso- tot eutroof water (baars en snoekbaars) het gemiddelde aandeel van snoek in het vis-eDNA is 0,2 %.	de toename van exotische grondels kan in beide meren een risico vormen voor andere kleine vissen zoals de rivierdonderpad vanwege de grote overeenkomst in habitat van de soorten. vooral in het Veluwemeer is het aandeel met maximaal 70 % in eDNA concentratie al zeer groot. ondanks dat de percentages laag zijn, komt eDNA van snoek 10 keer meer voor in het Veluwemeer. dit heeft mogelijk te maken met het grotere aandeel waterplanten in het Veluwemeer.
Kaukasische dwerggrondel	in enkele jaren toegenomen tot 36-72 % vis-eDNA	in enkele jaren toegenomen tot 16-25 % van vis-eDNA, waarbij de eerste waarneming later was dan in het Veluwemeer	in het Veluwemeer is Kaukasische dwerggrondel veel dominanter. het is speculeren waar dit grote verschil vandaan komt. in het Veluwemeer is de bedekking van waterplanten groter, wat gunstig zou kunnen zijn voor de soort. tegelijkertijd is bekend dat de soort relatief weinig habitateisen heeft en daardoor in veel wateren kan voorkomen. enkel een substraat om eieren af te zetten is van belang voor de soort. dit is beide meren aanwezig in de vorm van stortstenen oevers. we verwachten dan ook dat het percentage niet representatief is voor het gehele meer.
bacteriën (exclusief cyanobacteriën)	diverse samenstelling van fyta, proteobacteriën zijn de gemiddeld grootste groep	diverse samenstelling van fyta, proteobacteriën zijn de gemiddeld grootste groep. in juli zijn acidobacteria aanwezig	afgezien van cyanobacteriën zijn in beide meren grotendeels dezelfde fyta van bacteriën aanwezig



BIJLAGE: WEBAPPLICATIES

Er zijn twee webapplicaties die ontwikkeld voor de eDNA voedselwebanalyse (het KPI dashboard en het eDNA plusplatform).

eDNA plusplatform

In 2018 is een webapplicatie ontwikkeld waarin de eDNA-gegevens op verschillende manieren ontsloten kunnen worden. Op deze webapplicatie zijn de eDNA concentraties die in verschillende systemen gemeten zijn, te vergelijken. Ook is het mogelijk om van elk watermonster de soort(groep)samenstelling in te zien aan de hand van een ijspegeldiagram. Dit diagram laat op alle taxonomische niveaus zien welke soorten of soortgroepen er zijn gedetecteerd. De resultaten die via de webapplicatie zijn ontsloten, zijn in te zien via: <https://edna.plusplatform.nl>.

KPI-dashboard

In het voorjaar van 2023 is een prototype dashboard voor beoordeling en diagnose van de waterkwaliteit ontwikkeld, met daarin een aantal indicatoren. Hierbij is onderscheid gemaakt in de hoofdgroepen (1) beoordeling, (2) biodiversiteit, (3) Ecologische Sleutelfactoren en (4) (gebruiks)functies. Het prototype wordt de komende jaren uitgebreid. Daarnaast wordt geïnvesteerd in het verbeteren van de rekenregels achter de indicatoren. Het prototype is in te zien via de volgende website: edna-frontend.azurewebsites.net.