

Genetica vispopulaties belangrijk bij natuurherstel

Maarten Bruns & Hendrik-Jan Megens

Van veel soorten zijn atlassen op basis van verspreidingsgegevens gemaakt. Zo laat de Visatlas van Nederland (Kranenbarg *et al.* 2022) op basis van bijna vier miljoen viswaarnemingen uit 26.000 kilometerhokken zien waar zoetwatervissoorten voorkomen, wat de trends zijn en wat dit zegt over de staat van onze waternatuur. Onder dat zichtbare verspreidingsbeeld bevindt zich echter een nog grotendeels onzichtbare laag: de genetische variatie binnen en tussen vispopulaties. In dit artikel gaan wij in op de mogelijkheden die dit biedt voor het werken aan herstel van vispopulaties.

Nut van genetische informatie bij natuurherstel

Op basis van klassieke verspreidings- en telgegevens kan vastgesteld worden of soorten toe- of afnemen, waar ze onder druk staan en waar herstelmaatregelen effect hebben in de praktijk. Maar dit vertelt niet het hele verhaal. Afzonderlijke populaties kunnen bijvoorbeeld genetisch sterk van elkaar verschillen of juist nauw verwant zijn onder invloed van verbindingen, migratievoorzieningen of uitzettingen. We weten meestal niet precies hoe 'gezond' populaties zijn.

Door populaties genetisch in beeld te brengen wordt een nieuwe laag aan de bestaande gegevens toegevoegd, namelijk informatie over genetische diversiteit, verwantschap, herkomst en populatiestructuur. Waar een visatlas laat zien waar vissen zwemmen, geeft de genetica inzicht in welke evolutionaire geschiedenis er met die vissen meebeweegt. Die aanvulling helpt om de kwetsbaarheid en herstell potentie van populaties te bepalen.

Genetisch gezonde visbestanden zijn doorgaans veerkrachtiger. Ze hebben meer mogelijkheden om zich aan te passen aan bijvoorbeeld klimaatverandering en zich na een calamiteit te herstellen. Genetisch verarmde populaties kunnen minder veerkrachtig zijn en daardoor meer risico lopen om te verdwijnen. Op basis van verspreidingsgegevens kan er nog weinig aan de hand lijken, maar kan een populatie in de praktijk aan een genetisch zijden draadje hangen. Bij een soort als de grote modderkruiper bestaat dit vermoeden al enige jaren.



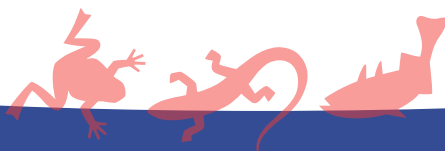
Door genetisch onderzoek kunnen we zien of populaties rivieronderpadden aan twee kanten van een vispassage elkaar weten te vinden. (Foto: Jelger Herder)

Inzet van genomsequencing als innovatieve techniek

Een belangrijke genetische techniek is genomsequencing: het uitlezen van grote delen van het erfelijk materiaal van vissen, en waar mogelijk het volledige genoom. Oudere genetische technieken werken meestal met enkele zogenaamde markers die gekoppeld zijn aan kleine stukjes van het genoom. *Whole-genome sequencing* leest vrijwel het complete genoom af. Hiermee kunnen honderdduizenden tot miljoenen variaties tussen individuen en populaties vergeleken worden. Hierdoor kunnen we ook variatie in genen en in gebieden die genen aansturen onderzoeken. Daardoor ontstaat een veel scherper beeld van verwantschap, populatiestructuur, risico op inteelt en genetische diversiteit, en krijgen we aanwijzingen voor adaptief vermogen. Het aflezen van DNA is in de afgelopen jaren snel goedkoper geworden. Analyses die vroeger honderdduizenden euro's kosten, worden nu voor enkele honderden euro's uitgevoerd. Hiermee komt deze techniek, die vroeger vooral gebruikt werd in grote onderzoeks-programma's, binnen bereik van natuurbeheersvraagstukken. En dat is belangrijk, want voor natuuronderzoek is er doorgaans veel minder geld beschikbaar.

Elke vis is een levend archief

Vissen in een beek, rivier, plas of polderwater dragen allemaal een genetisch archief met zich mee. In hun DNA liggen namelijk de sporen opgeslagen van vroegere verbindingen tussen watersystemen, perioden van isolatie, natuurlijke kolonisatie, eventuele uitzettingen, bottlenecks en lokale aanpassingen. Voorheen konden we maar moeilijk in deze rugzak met informatie kijken. Met genomsequencing lukt dat wel. We kunnen het levende archief dat elke vis in zich draagt documenteren, lezen en begrijpen. Door genomen van vissen uit verschillende populaties te vergelijken kunnen we bovendien onderzoeken of populaties nog genetisch contact hebben, hoe groot hun effectieve populatiegrootte is (een genetische maat voor hoeveel dieren effectief bijdragen aan het doorgeven van genetische variatie), of er sprake is van inteelt en of er voldoende variatie is om veranderingen op te vangen. Het stelt ons niet alleen in staat om Nederlandse populaties met elkaar te vergelijken, maar ook met populaties op andere plekken in Europa. Hierdoor zijn we er bijvoorbeeld achter gekomen dat de oorspronkelijk Nederlandse meervalpopulatie uniek is (Kranenbarg, Megens & Groen, 2026).



Eerste hulp bij soortherkenning, hybriden en exoten

Sommige vissen zijn in het veld maar moeilijk van elkaar te onderscheiden, zeker wanneer nauw verwante soorten sterk op elkaar lijken of zelfs samen nakomelingen produceren (hybridiseren). Genoomsequencing kan duidelijk maken of het gaat om zuivere soorten, hybriden of genetisch afwijkende lijnen. Bij exoten kan genomische informatie helpen om introductieroutes te reconstrueren. Komen dieren uit hetzelfde brongebied, of zijn er misschien wel meerdere introducties geweest? Zijn populaties ontstaan uit een klein aantal stichters, of is herhaaldelijk nieuwe genetische variatie binnengekomen? Zulke kennis is relevant voor risicobeoordeling, het begrijpen van verspreiding, eventuele bestrijding en het voorkomen van introducties. Het kan ook helpen om een afweging te maken bij het aanleggen van migratievoorzieningen. Soms is het zelfs beter om een vispassage achterwege te laten als er risico bestaat op het verder verspreiden van invasieve exoten.

Herstelmaatregelen beter beoordelen

Water- en natuurbeheerders nemen maatregelen om het leefgebied van vissen te verbeteren. Denk aan het verbeteren van de waterkwaliteit, beek- en rivierherstel, de aanleg van vismigratievoorzieningen en natuurvriendelijke oevers.



Met genetisch onderzoek krijgen we inzicht in de nauwe verwantschap tussen beekprik en rivierprik. (Foto: Arthur de Bruin)

Met genoomsequencing kan in beeld gebracht worden of de genetische situatie van vispopulaties hierdoor ook daadwerkelijk verbetert. Worden geïsoleerde populaties weer genetisch verbonden? Ontstaat er voldoende uitwisseling tussen deelgebieden? Of blijven populaties genetisch arm, ondanks een stijging in aantallen?

Neem vismigratievoorzieningen. Een vistrap, nevengeul of vismigratierivier kan fysiek passeerbaar zijn, maar de ecologische vraag is of populaties daardoor ook daadwerkelijk met elkaar verbonden raken. Genomische informatie kan zichtbaar maken of dieren zich tussen populaties verplaatsen, zich daar voortplanten en zo zorgen voor genetische uitwisseling.

Genetische nulmeting voor onze vissen

De afgelopen jaren zijn we in Nederland gestart met een zogenaamde genetische nulmeting op basis van genoomsequencing. Hiermee leggen we vast hoe de genetische diversiteit van Nederlandse zoetwatervispopulaties er nu voor staat. De eerste nulmetingsoorten zijn rivierprik en beekprik, grote modderkruiper, kwabaal,

rivierdonderpad, serpeling en Europese meerval. Het zijn merendeels kwetsbare soorten, waar waterbeheerders graag van willen weten hoe ze te helpen zijn. De Europese meerval is juist enorm toegenomen (Kranenbarg, Megens & Groen, 2026) en we willen uitzoeken of dat komt door verbeterde omstandigheden of uitgezette dieren.

Dankzij een nulmeting kunnen we de huidige situatie voor deze soorten in beeld brengen. Zijn de dieren in de populaties afkomstig van veel of weinig verschillende ouderdieren en is er hierdoor sprake van inteelt? Is de populatie verbonden met andere populaties, of juist geïsoleerd geraakt in de loop der tijd? En als een soort is teruggekeerd na herstelmaatregelen, gaat het dan om natuurlijke kolonisatie, dieren uit nabijgelegen bronpopulaties, of om dieren afkomstig van uitzettingen?

Op weg naar een genetische visatlas

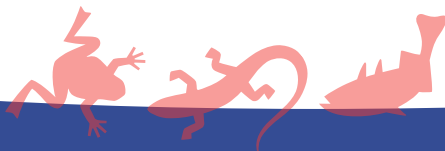
De Nederlandse wateren zijn de afgelopen honderd jaar sterk veranderd. Sinds enkele decennia wordt er gewerkt aan herstel van de schade die door menselijk handelen is ontstaan. Rivieren worden natuurlijker ingericht, beken krijgen weer stroming en structuur, migratieroutes worden hersteld en er is meer aandacht voor natuurlijke oevers en overstromingsdynamiek.



Komen de enorme meervallen in onze rivieren oorspronkelijk uit Nederland of zijn ze uitgezet? (Foto: Jelger Herder)

Tegelijkertijd zorgen klimaatverandering, intensief landgebruik, waterverontreiniging en de komst van nieuwe soorten voor onzekerheid. Een genetisch verarmde populatie kan een te smalle basis hebben, waardoor goedbedoelde en vaak kostbare herstelmaatregelen niet het beoogde effect zullen hebben. Voor het succesvol nemen van herstelmaatregelen kan informatie over de genetische basis van soorten en uitwisseling tussen populaties essentieel zijn. Om dit voor elkaar te krijgen gaan we voor alle in Nederland levende vissoorten genomische analyses uitvoeren, te beginnen met de kwetsbare soorten en urgente beheer- en beschermingsvragen. Door populaties 'genetisch' te volgen is het op termijn mogelijk om veranderingen te constateren en hier vervolgens op te reageren.

Als we de toekomst van onze zoetwatervissen willen veiligstellen, moeten we niet alleen tellen wat er zwemt. We moeten ook lezen wat er in hun genoom geschreven staat. Als we weten waar problemen zitten, kunnen we deze gericht aanpakken. Een genetische visatlas is een belangrijke stap in het begrijpen van onze vispopulaties om ze



beter te beheren en beschermen. Hierbij wordt samengewerkt met beheerders, vrijwilligers en onderzoekers van RAVON, WUR, Sportvisunie, Radboud Universiteit en INBO.

Summary

Fish population genetics important for conservation efforts

Many species groups now have their own atlases based on distribution data. The Visatlas van Nederland ('Atlas of Fishes in the Netherlands'), for instance, shows where freshwater species occur, what the trends are, and what this says about the state of our freshwater nature. Under the surface of visible distribution, however, there is an as yet mostly invisible layer: genetic variation within and between fish populations. The authors discuss the possibilities genome sequencing offers for more insight into fish populations as well as for their restoration. To safeguard the future of our freshwater fishes we have to do more than count what we see; we have to gain knowledge of populations' genetics in order to determine vulnerabilities and potential for restoration.

Literatuur

- Auwerx, J., J. Wichelen, R. van Brys, J. Mergeay & R. Yseboodt, 2024. Op het einde van de Fuik zit de Vis. Het Vlaamse Soortbeschermingsplan Voor de Grote Modderkruiper (*Misgurnus fossilis*) Linnaeus 1758.
- Bruns, M. & H.-J. Megens, 2025. Kan de beekprik overleven zonder de rivierprik? Tijdschrift RAVON 97, 24–26.
- Kranenbarg, J., J.E. Herder, W.A.M., van Emmerik & M. Groen (red.), 2022. Visatlas van Nederland. Stichting RAVON, Sportvisserij Nederland en Noordboek, Gorredijk.
- Kranenbarg, J., H.-J. Megens & M. Groen, 2026. De Europese meerval in Nederland: van IJstijdrelict tot klimaatopportunist. Tijdschrift RAVON 100: 14-19.
- Megens, H.J. *et al.*, 2024. Hoe de meerval in de Westeinderplassen vervaagt: uitdoving van een relictpopulatie. VISIONAIR 73, 4-7 (2024)
- Megens, H.-J., I. Deflem, M. Bruns, A.P. Palstra, R. Nijland, S. Coppis, M. Vos, J.E. Herder, J. van Wichelen, J. Auwerx & J. Mergeay, 2025. Towards a genome variation atlas of the weatherfish (*Misgurnus fossilis*) in the Low Countries. ARPHA Conference Abstracts 8:E178446, 8

Maarten Bruns

RAVON, m.bruns@ravon.nl

Hendrik-Jan Megens

Wageningen Universiteit & Research, hendrik-jan.megens@wur.nl

Genetische vingerafdruk voor herstel van de grote modderkruiper

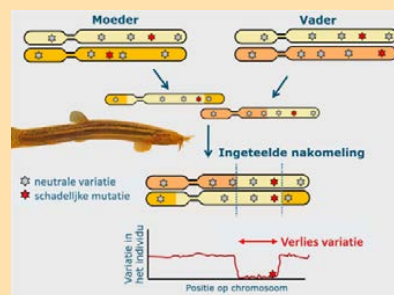
De grote modderkruiper (*Misgurnus fossilis*) is een soort van laagdynamische moerassen, sloten en overstromingsvlakten. In het historische Nederlandse landschap waar Rijn, Maas en riviertjes doorheen kronkelden, lagen veel leefgebieden. Niet als losse eilandjes in het landschap, maar als een netwerk van natte zones die bij hoge waterstanden tijdelijk met elkaar in verbinding konden staan. Dit maakte uitwisseling tussen populaties mogelijk. In het huidige landschap is de overstromingsdynamiek grotendeels verdwenen. Overgebleven populaties liggen vaak in kleine, geïsoleerde gebieden, waar nog maar weinig grote modderkruipers het hoofd boven water weten te houden. Voor beheer en soortherstel roept dat een belangrijke vraag op: kijken we naar losse populaties, of naar een ooit samenhangend netwerk van deelpopulaties dat nu bestaat uit genetisch verarmde relicten?

Binnen het project Grote Modderkruiper wordt genomische informatie gebruikt als aanvullende bewijslijn onder deze herstelvraag. In 2025 en 2026 zijn op verschillende locaties vinkipjes verzameld, waaronder natuurgebied Het Klooster, bij Nieuwegein, Binnenveld, Zouweboezem, diverse gebieden rondom Den Bosch, en Haaksberger Veen. Samen met Vlaamse monsters van INBO ontstaat zo, op basis van zoo compleet gesequencede grote modderkruipers, een eerste genetische variatiekaart van de soort in Nederland en Vlaanderen. Het uitgangspunt is eenvoudig: door het hele genoom van individuele vissen te sequencen kan niet alleen worden vastgesteld dat populaties verschillen, maar ook hoe sterk ze genetisch van elkaar zijn gescheiden, hoeveel variatie ze nog dragen en of er aanwijzingen zijn voor recente of oudere inteelt. Een belangrijk onderdeel daarvan is de analyse van zogenoemde Runs of Homozygosity, of ROH: langere stukken DNA waarin beide chromosomen vrijwel identiek zijn, omdat vader en moeder een hoge mate van verwantschap vertonen. Zulke patronen ontstaan wanneer verwante dieren zich met elkaar voortplanten, of wanneer een populatie langdurig klein is geweest. ROH-analyse geeft daarmee een directer beeld van inteelt dan alleen het tellen van aantallen gevangen dieren. De eerste analyses laten vooral zien dat

populaties niet zonder meer als onderling uitwisselbare eenheden moeten worden behandeld. Er zijn duidelijke verschillen in genetische eigenheid, variatie en inteelt, maar de precieze interpretatie vraagt om zorgvuldige koppeling met veldkennis, herkomstinformatie en beheerhistorie.

Voor soortherstel is die koppeling cruciaal. Genetica geeft geen automatisch antwoord op de vraag wat beheerders moeten doen, maar maakt de afweging scherper. Waar is herstel van verbinding zinvol? Waar is een populatie kwetsbaar door langdurige isolatie? Wanneer kan natuurlijke uitbreiding volstaan, en wanneer moet er actieve versterking of herintroductie worden overwogen? En als er dieren worden verplaatst, uit welke bronpopulatie kan dat dan verantwoord gebeuren?

De meerwaarde van de genoomvariatie-atlas ligt in het toevoegen van een nieuwe laag onder bestaande monitoring. Verspreidingsgegevens, habitatkwaliteit, beheermaatregelen en genetische variatie kunnen samen worden gebruikt om herstel van de grote modderkruiper niet alleen lokaal, maar op landschapsschaal te plannen.



Inteelt kan leiden tot minder vitaliteit. Bij voortplanting tussen verwante ouders wordt de kans groter dat in de populatie aanwezige defecte genen in twee-voud in een nakomeling terechtkomen.

Deze afbeelding is een bewerking uit:

Bosse, M., H.-J. Megens, M.F.L. Derks, Á.M.R. Cara & M.A.M. Groenen, 2019. Deleterious alleles in the context of domestication, inbreeding, and selection. *Evolutionary Applications*, 12(1), 6–17.

