

In 2010 is er een jaar lang nadrukkelijk aandacht geweest voor biodiversiteit. Opvallend waren de uiteenlopende interpretaties van het begrip biodiversiteit. Het belang van soorten- en ecosysteemdiversiteit wordt door iedereen erkend. Aan de basis van biodiversiteit ligt echter genetische variatie en dit komt minder aan bod. Kennis hierover is nochtans van belang voor het hedendaagse natuurbeheer en een verantwoord duurzaam natuurgebruik, bijvoorbeeld aangaande vraagstukken als populatiegroottes, herintroducties en translocaties, migratiemogelijkheden, exoten, enz. enerzijds en visserij, jacht, enz. anderzijds. Dit themanummer laat zien welke kennis en inzichten resultaten van genetisch onderzoek voor het natuurbeheer kunnen bieden.

Peter Breyne & Joachim Mergeay

## Aandacht voor genetische aspecten in natuurbeheer

De Conventie over Biodiversiteit (CBD) die gehouden werd in 1992 in Rio de Janeiro benadrukte voor het eerst de genetische diversiteit als essentieel onderdeel van de mondiale biodiversiteit, naast de diversiteit van soorten en ecosystemen (fig. 1). Ecosystemen moeten in stand gehouden worden, anders kunnen soorten er niet in overleven. Echter, soorten kunnen niet overleven zonder een voldoende grote genetische variatie. Genetische diversiteit bepaalt immers voor een groot deel hoe populaties en soorten zich kunnen aanpassen aan wisselende levensomstandigheden, een veranderend milieu, vervuiling, habitatfragmentatie, enz. Bovendien staan deze drie biodiversiteitsniveaus (fig. 1) niet los

van elkaar: de genetische samenstelling van een populatie bepaalt mee of deze al dan niet goed aangepast is aan een bepaalde conditie in een leefgebied. Dit kan een weerslag hebben op het functioneren van andere soorten, en dus op de werking van het ecosysteem. Een populatie die genetisch divers is, is beter opgewassen tegen bijvoorbeeld een ziekte. Als de genetische variatie te klein is, dreigt de kans op uitsterven, hetgeen dan ook zijn invloed heeft op onder andere prooidieren en predatoren in het ecosysteem. Genetische factoren kunnen aldus de richting waarin ecosystemen zich ontwikkelen beïnvloeden.

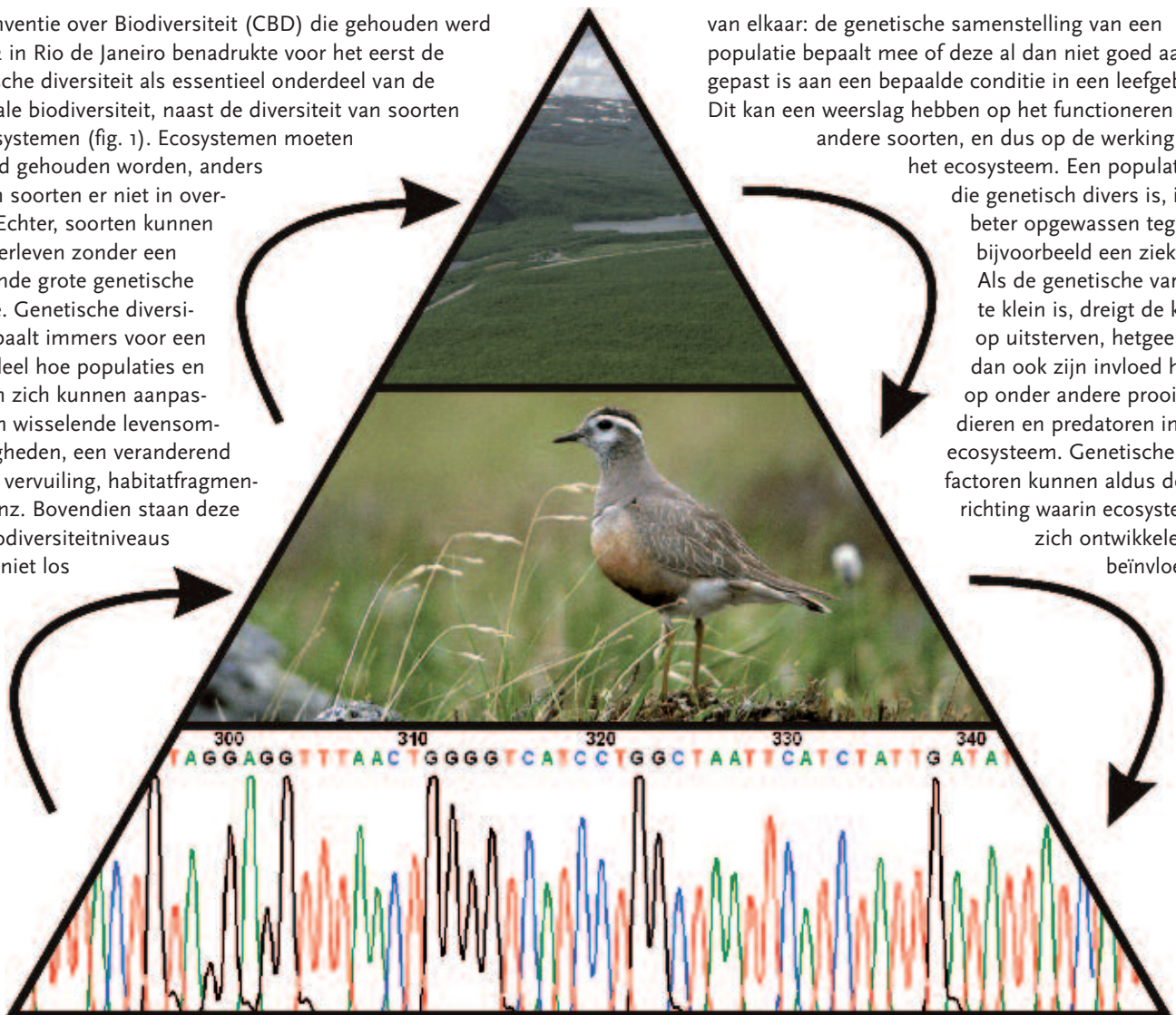


Fig. 1. Biodiversiteitspyramide: elk ecosysteem (boven) bestaat uit populaties van meerdere soorten (midden), die op hun beurt uit duizenden genen (onder) bestaan. Alle niveaus beïnvloeden elkaar via talloze interacties en terugkoppelingen op zowel positieve als negatieve wijze. De diversiteit aan genen en hun interacties beïnvloeden het succes van de

individuele populaties. De interacties tussen de verschillende soorten beïnvloeden de functionering van het ecosysteem, dat op zijn beurt beperkingen oplegt aan de soorten en aantallen die erin kunnen voorkomen. Populatie-aangroei en -afname, dispersie en migratie beïnvloeden de grootte van elke populatie en de genetische diversiteit ervan.

**Genetische aspecten onderschat**

Nochtans constateren we in allerhande beleidsdocumenten een schrijnend gebrek aan aandacht voor genetische variatie, zowel in België, Nederland als in de rest van de landen die de conventie van Rio ondertekenden. Instandhoudingsdoelstellingen, soortbeschermingsplannen, Habitat- en Vogelrichtlijn en dergelijke richten zich op soorten of ecosystemen en hebben weinig tot geen aandacht voor genetische diversiteit en evolutionaire processen.

Wie denkt dat evolutie traag verloopt, omdat het ontstaan van mutaties een traag proces is, heeft het mis. Evolutie gebeurt door een continue herverdeling van bestaande genetische variatie en kan ook razendsnel verlopen, in enkele jaren tijd zelfs en bij micro-organismen nog veel sneller. Steeds meer ontdekt men dat ecologische en evolutionaire processen op dezelfde tijdschaal actief zijn. Biodiversiteit is dus geen statisch gegeven: het verandert voortdurend doordat populaties zich proberen aan te passen, omdat de wereld rondom hen continu verandert. En veranderingen hoeven niet noodzakelijk groot en ingrijpend te zijn, zoals klimaatverandering. Het kan evengoed een nieuwe ziekte zijn of een verandering in zuurgraad van een bodem, iets meer bemesting, minder voedsel, een natter voorjaar, een grote boom in een bos die omgevallen is,...

Het nakend verlies aan biodiversiteit, uitgedrukt in soorten, is indrukwekkend en angstaanjagend: praktisch één derde van alle soorten is met uitsterven bedreigd ([www.iucn.org](http://www.iucn.org)). Het verlies aan biodiversiteit in termen van genetische variatie is allicht nog erger, maar bij gebrek aan gefundeerd wetenschappelijk onderzoek moeilijk in te schatten. Verlies aan biodiversiteit is hoofdzakelijk het gevolg van habitatverlies en fragmentatie, exoten, vervuiling, overexploitatie en klimaatverandering. Dit uit zich vaak het eerst, zij het vaak niet zichtbaar, in de genetische variatie. Om het verlies aan biodiversiteit een halt toe te roepen is wetenschappelijke kennis omtrent de mechanismen en processen die inwerken op de genetische structuur van populaties en soorten daarom onontbeerlijk.

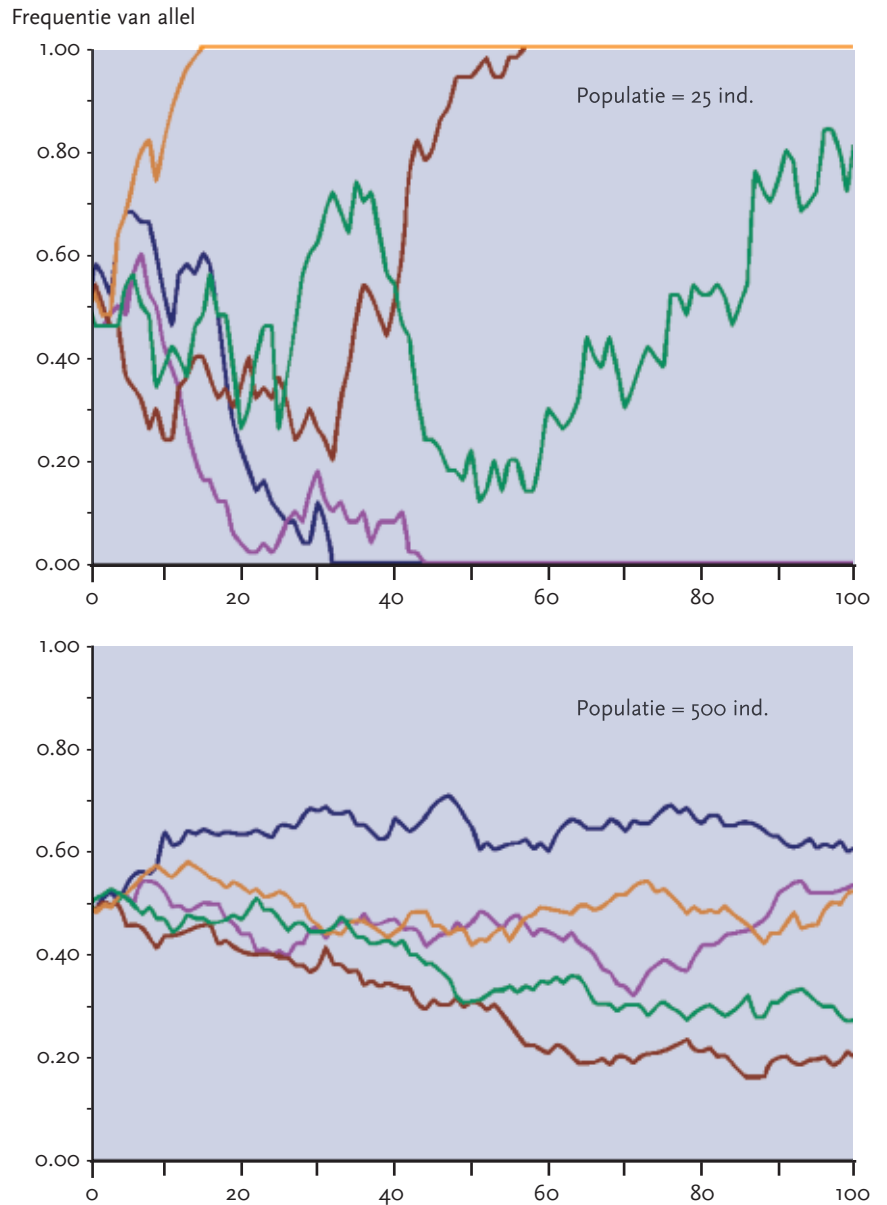
Voor de natuurbeheerder ligt het uiteraard nog moeilijker. Het aantal soorten binnen een gebied, het aantal populaties en het aantal individuen binnen populaties kan hij/zij bepalen of inschatten door waarnemingen en tellingen; het genetisch potentieel van een populatie of soort vergt gespe-

cialiseerd onderzoek in een genetisch labo en accurate data-analyse. Voor de modale natuurbeheerder moeilijke materie en slecht toegankelijk, maar toch zeer waardevol. Daarom geven we enkele algemene principes mee die verband houden met genetische diversiteit.

**Stichtereffect, genetische drift en effectieve populatiegrootte**

Als beheerder kan je enthousiast zijn over een nieuwe, zeldzame inheemse soort die opduikt in je natuurgebied en er zowaar in slaagt een populatie te vormen en tot voortplanting overgaat. Een aanwinst denk je dan, maar helaas, schijn bedriegt soms. Als het aantal stichtende individuen

beperkt is, zal er maar weinig genetische variatie aanwezig zijn. Genetici spreken van een 'stichtereffect' (begrippenlijst). Doordat het aantal genetisch verschillende individuen klein is, verhoogt bij voortplanting de kans op inteelt heel sterk en verkrijgen we individuen die allemaal zeer sterk verwant zijn, die in hoge mate homozygoot (begrippenlijst) zijn. Inteelt op zich is niet noodzakelijk problematisch, maar het verhoogt de kans dat nadelige (recessieve) allelen tot uiting komen. In vele gevallen ziet men een plotse sterfte bij een kritische hoeveelheid inteelt, waardoor een kleine maar schijnbaar succesvolle populatie plots kan ineensstorten. In andere gevallen kan inteelt in



**Fig. 2.** Weergave van vijf simulaties van het effect van genetische drift in een populatie van 25 individuen (boven) en van 500 individuen (onder) op de frequentie van een allel dat aanvankelijk met een frequentie van 50% voorkomt in de populatie, gedurende honderd generaties. In de kleinste populatie verdwijnt vier op de vijf keren de genetische variatie, doordat er fixatie optreedt van één van de allelen. In de grootste populatie treedt geen fixatie noch verlies van allel één op.

combinatie met een kleine omgevingsverandering catastrofale gevolgen hebben. Mits genetische voorkennis had men hierop kunnen anticiperen (Bijlsma et al., dit nummer).

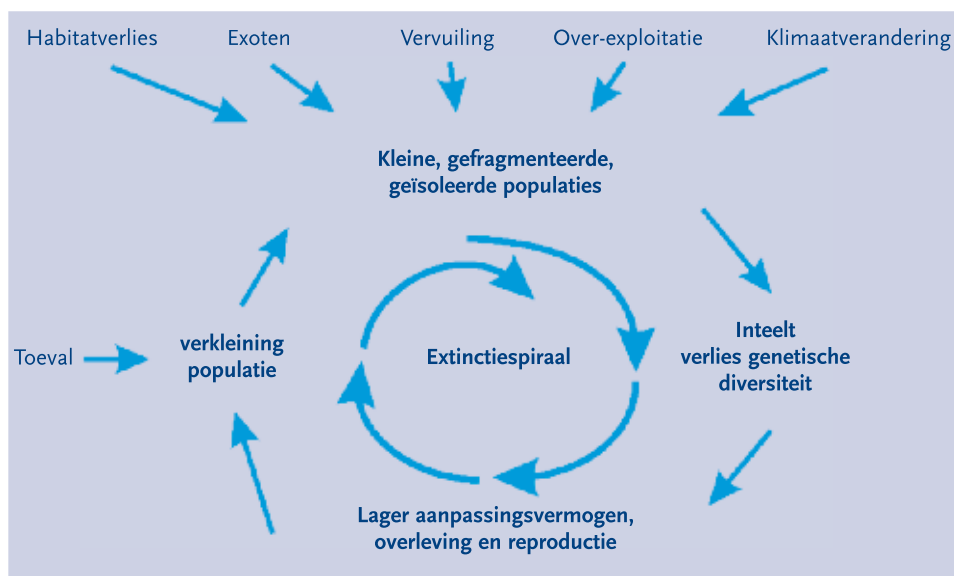
'Genetische drift' (begrippenlijst) leidt tot een toevallig verlies van genetische diversiteit. Hoe groter de populatie, hoe kleiner toevalseffecten zijn. Als je een munt vijf maal opgooit, is de kans dat je vijf keer opeenvolgend kruis dan wel munt gooit 6,25%. Gooi je die munt twintig maal op, dan is de kans dat je telkens dezelfde zijde gooit één op honderd miljoen. Toeval is dus belangrijker naarmate je populatie van opgegooide munten kleiner is. Met genetische drift is het net zo (fig. 2). Hoe zeldzamer een allel, hoe groter de kans dat het verloren gaat door toeval. In realiteit zijn er vaak veel meer dan twee allelen van een gen (soms tientallen), waarvan vele in een lage frequentie voorkomen. Zelfs in relatief grote populaties is de kans op verlies van zeldzame allelen niet klein [ondervind dit zelf bv via <http://exceltemplates.net/wpcontent/excel/GeneticDriftWorkbook.zip>]. Uit dit type simulaties werd overigens een algemene vuistregel gedestilleerd voor duurzaam behoud van populaties, die stelt dat de kans op verlies van genetische variatie onaanvaardbaar groot is onder een populatiegrootte van 500 individuen in een

ideale populatie (begrippenlijst; zie ook 'effectieve populatiegrootte'). Uit langdurig populatie-ecologisch onderzoek blijkt dat voor de meeste soortgroepen een duurzame populatie minimaal 5000 individuen moet tellen (Traill et al., 2007). Gegeven dat een 'effectieve populatiegrootte' (begrippenlijst) doorgaans tienmaal kleiner is dan het aantal aanwezige individuen (de census populatiegrootte), komt dit getal opvallend goed overeen met de theoretische simulaties van genetische data. Migratie vanuit een andere populatie kan het effect van 'genetische drift' compenseren, door een verloren allel terug in de ontvangende populatie te brengen. Maar hoe meer geïsoleerd een populatie is, hoe minder migratie kan compenseren. Ook hier is er een algemene vuistregel: met één effectieve migrant per generatie per populatie (zowel ontvangend als uitsturend) kan verlies van genetische diversiteit voldoende gecompenseerd worden. Maar relatief gezien is dit voor kleine populaties veel ingrijpender dan voor grote populaties: waar tien effectieve migranten tussen tien grote populaties met elk tienduizend planten per generatie voldoende zijn voor de instandhouding van een hele 'metapopulatie' (begrippenlijst), zijn na habitatversnippering die geleid heeft tot 500 populaties met elk 200 individuen 500 effectieve

migranten nodig. Ondanks het feit dat het totale aantal planten gelijk is, moet in deze situatie als gevolg van versnippering de verbreiding met een factor 50 toenemen om verlies van genetische diversiteit tegen te gaan. De verbreidingscapaciteit van elke soort verschilt echter. Soorten met een lage neiging tot verbreiding (ten gevolge van fysieke beperkingen, maar ook door gedrag) zijn dus gevoeliger voor versnippering en kunnen dan ook sneller nadelige gevolgen ondervinden van een dalende populatiegrootte. Het blijft dus noodzakelijk om kritisch te zijn ten opzichte van vuistregels als de ecologie van de soort niet voldoende bekend is. Men zou bijvoorbeeld kunnen denken dat zangvogels, omdat ze ver kunnen vliegen, amper genetische hinder ondervinden van versnippering van hun leefgebied. Genetisch onderzoek op Huismussen (Vangestel et al., dit nummer) toont echter het tegendeel. Verlies van genetische variatie leidt uiteindelijk in de meeste gevallen tot een hogere graad van inteelt, een lager aanpassingsvermogen, een lagere overlevingskans en reproductiesucces, en maakt uiteindelijk een populatie of soort gevoeliger voor wisselende omgevingsfactoren. En nog meer verontrustend is het feit dat de waargenomen populatiegrootte bijlange geen reflectie is van de eigenlijke of 'effectieve populatiegrootte' (begrippenlijst). Niet alle mannetjes en vrouwtjes in een populatie nemen evenveel deel aan de reproductie en produceren even veel nakomelingen. Oudere, dominante mannetjes zorgen bijvoorbeeld voor meer nakomelingen dan jonge dieren en paren in kleine populaties vaker met hun dochters. Inteelt dus... En zo belanden ze in een neerwaartse spiraal.

### De extinctionspiraal

Wanneer populaties steeds kleiner worden, moeten ze zich almaar sneller aanpassen aan externe factoren, zoals habitatverlies en fragmentatie, exoten, vervuiling, overexploitatie en klimaatverandering. Voor deze evolutionaire aanpassingen is genetische diversiteit onontbeerlijk, maar die gaat verloren doordat de populaties kleiner worden en meer geïsoleerd raken. Dit leidt ertoe dat populaties en soorten in een extinctionspiraal kunnen terecht komen (fig. 3) waar ze zonder ingrijpen van een beheerder niet meer uitraken. Deze effecten zijn niet noodzakelijk snel merkbaar in natuurlijke omstandigheden. Vooraleer het tekort aan genetische variatie in een populatie zicht-



**Fig. 3.** De extinctionspiraal. Externe invloeden leiden tot kleinere populaties, die meer geïsoleerd raken van elkaar. Daardoor zijn deze populaties meer onderhevig aan genetische drift en inteelt, hetgeen een negatieve weerslag heeft op fitness en de kansen op aanpassing aan de externe invloeden verkleint. Versterkt door toevallige veranderingen in de omgeving leidt dit tot een verdere afname van de populatiegrootte, waardoor genetische drift en inteelt verder kunnen toenemen, enz. (naar Frankham et al., 2002).



baar is in het 'fenotype' van organismen (begrippenlijst), is het echter reeds merkbaar in het 'genotype' (begrippenlijst). Genetisch onderzoek kan dit aantonen en daardoor fungeren als een vroegtijdig alarmsignaal of het al dan niet goed gaat met de populatie of soort. Maar kan er zomaar genetisch onderzoek verricht worden op elke populatie van elke soort? Is dit haalbaar? Is dit niet onbetaalbaar? Is er een draagvlak voor?

### Technologische revolutie zorgt voor een doorbraak

In een themanummer van De Levende Natuur in 1995 over genetica en natuurbeheer lag de nadruk op genetische drift die optreedt in kleine, gefragmenteerde en geïsoleerde populaties. De problematiek van inteelt, verlies van genetische variatie, levensvatbaarheid, enz. was toen reeds aan de orde. Wat intussen veranderde, is ons genetisch gereedschap om problemen te bestuderen. In 1995 was eiwitlectroforese nog de gangbare techniek om genetisch onderzoek uit te voeren. In een bijdrage van Bijlsma (1995) werd wel een aantal DNA analyse methodes besproken, maar werd als kanttekening gesteld dat dit tijdrovend en duur is en veel uitgangsmateriaal vereist. Hij vermeldde tot slot dat de techniek van 'polymerase chain reaction' (PCR, begrippenlijst) veelbelovend is. Deze ontwikkeling heeft zich voortgezet, met als voorbeeld een artikel van Van Dam & Bakker (2001) in De Levende Natuur, waarin DNA merkers op basis van PCR als analysemiddel worden gebruikt. De technologische revolutie is niet meer gestopt: DNA merkertechnieken en sequentieanalyse worden alsnog gevoeliger, eenvoudiger, sneller, toegankelijker en goedkoper. De laatste jaren hebben nanotechnologische toepassingen hun ingang gevonden in genetisch onderzoek (zogenaamde 'next generation sequencing') die ook doorsijpelen naar natuurbehoud (Ouborg et al., 2010). Bovendien werd de software voor genetische data-analyse uitgebreid, aangepast en vereenvoudigd. Daardoor wordt het mogelijk om grote aantallen monsters in parallel te analyseren en is er steeds minder startmateriaal nodig. Eén enkel haartje of veertje, een faecaal monster, wat slijm of speeksel, een water- of bodemonster is veelal voldoende. Ook museummonsters komen in aanmerking voor genetisch onderzoek. Dit betekent in praktijk dat individuen van kwetsbare, bedreigde soorten niet langer moeten

## zie voor begrippenlijst 'Genetica in natuurbeheer' achterin in dit themanummer pagina 91

gevangen worden om een bloed- of weefselmonster te nemen (Koelewijn & Kuiters, dit nummer).

Tegenwoordig is het ook niet nodig om een taxonomisch expert te zijn van een bepaalde organismegroep om een individu te kunnen herkennen. Met 'DNA-barcoding' (begrippenlijst) is het goed mogelijk om organismen te identificeren en te onderscheiden van schijnbaar identieke soorten. Het heeft het biodiversiteitsonderzoek in de 21e eeuw een fenomenale duw in de rug gegeven, met de ontdekking van duizenden nieuwe soorten als gevolg. Illegale handelspraktijken in beschermde soorten worden met DNA-barcoding blootgelegd, maar ook migratieroutes van exotische invasieve soorten (Mergeay et al., dit nummer). Dat het belang van genetisch onderzoek in conservatiegenetica en natuurbeheer een thema is dat ook internationaal aandacht krijgt, blijkt uit tal van rapporten en wetenschappelijke publicaties (o.a. een speciale uitgave van het tijdschrift 'Conservation Genetics' met onder meer Bijlsma en Ouborg als gastredacteuren (Bijlsma et al., 2010), is alvast een goede start en referentie).

### Multidisciplinaire aanpak natuurbeheer en -gebruik

Een duurzaam beheer en gebruik van de natuur staat of valt met de toepassing van de kennis die er is over de componenten van deze natuur en hun interacties. Een belangrijke natuurbeheervraag waaraan genetisch onderzoek kan bijdragen tot een antwoord, is: hoe duurzaam is onze natuur? Hieronder vallen deelvragen zoals: hoe groot moet een leefbare populatie minimaal zijn, is er voldoende connectiviteit tussen (deel)populaties en maken individuen daar ook gebruik van, is de fitness en het adaptatievermogen van de populatie voldoende hoog om extinctie te vermijden in het licht van omgevingsveranderingen, indien een populatie het niet goed doet, is bijplaatsen van 'vers bloed' een goede oplossing, zijn herintroducties een mogelijke oplossing voor het goed kunnen functioneren van een ecosysteem, enz. Professioneel natuurbeheer vergt een multidisciplinaire aanpak waarvan genetisch onderzoek een onderdeel is.

Ook de gebruikers van natuur en haar hulpbronnen (ruimtelijke ordening, landbouw, jacht, visserij, toerisme, recreatie, enz.) zijn gebaat bij een duurzaam gebruik van de natuur. Ook voor hen zijn deze genetische principes rechtstreeks of onrechtstreeks toepasbaar (Raeymaekers et al., dit nummer). Voor een multifunctionele natuur dienen alle gebruikers van die natuur betrokken te zijn bij een duurzaam beheer ervan.

Dit themanummer zal geen universeel antwoord geven op bovenstaande vragen. De vraag 'hoe doe ik aan genetisch verantwoord natuurbeheer?' kan gewoonweg niet teruggebracht worden tot één allesverklarende formule. Wel kan genetica houvast bieden aan de beheerder, gebruiker en beleidsmedewerker, en opties aanreiken in het algemene beleid en het dagelijkse beheer van natuurgebieden en soorten, en in het behoud van genetische diversiteit.

### Literatuur

- Bijlsma, R., 1995.** Moleculair genetische technieken en natuurbeheer. De Levende Natuur 96 (2): 40-45.
- Bijlsma, R., V. Loeschcke & N.J. Ouborg, 2010.** Special Issue: ESF-ConGen: Integrating Population Genetics and Conservation Biology, Editorial preface. Conservation Genetics 11: 347-347.
- Dam, B. van & E. Bakker, 2001.** Genetische diversiteit in gemengde populaties van Zomer- en Winterreiken. De Levende Natuur 102 (1): 26-29.
- Frankham, R., J.D. Balloux & D.A. Briscoe, 2002.** Introduction to Conservation Genetics. Cambridge University Press.
- Ouborg, N.J., F. Angeloni & P. Vergeer, 2010.** An essay on the necessity and feasibility of conservation genomics. Conservation Genetics 11: 643-653.
- Trill, L.W., C.J.A. Bradshaw & B.W. Brook, 2007.** Minimum viable population size: A meta-analysis of 30 years of published estimates. Biological Conservation 139: 159-166.

Dr P. Breyne & Dr J. Mergeay  
Onderzoeksgroep Genetische Diversiteit  
Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek  
Gaverstraat 4  
9500 Geraardsbergen  
België  
Peter.breyne@inbo.be