

Zwemmend DNA: genmigratie als graadmeter voor de impact van migratieknelpunten op riviervissen

¹ Katholieke Universiteit Leuven, Laboratorium voor Diversiteit en Systematiek van Dieren
² InterGraph Belgium NV, Tennessee House

*Menselijke ingrepen kunnen het waterleven snel verstoren. Artificiële structuren zoals watermolens, terugslagkleppen en stuwen verhinderen de vrije migratie van riviervissen. Genmigratie, de uitwisseling van genetisch materiaal tussen populaties, is erg belangrijk om de stabiliteit van populaties te behouden. Het weerspiegelt ook hoe vlot vissen zich in het rivierbekken kunnen verplaatsen, en waar migratieknelpunten daar een stokje voor steken. Wij gingen de genmigratie na tussen 21 populaties van de driedoornige stekelbaars (*Gasterosteus aculeatus* L.) in het Dijle-Demberbekken op basis van zes DNA segmenten. Vier bovenlopen bleken genetisch sterk geïsoleerd. In het algemeen had het aantal migratieknelpunten tussen twee populaties een veel grotere weerslag op de genetische connectiviteit dan hun onderlinge rivierafstand. Het in kaart brengen van de genetische structuur van riviervissen vormt een goede leidraad voor het herstel en beheer van rivierbekkens.*

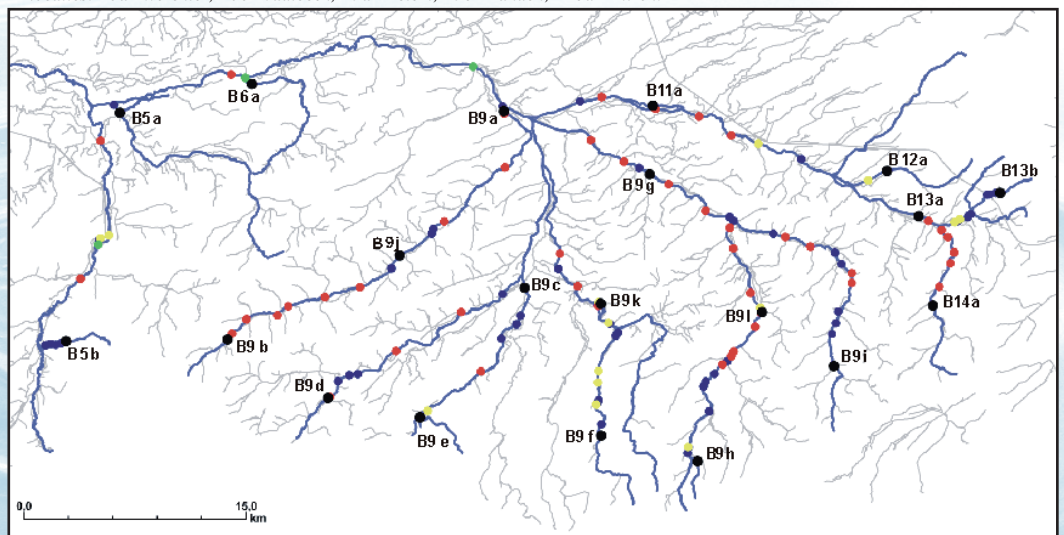
Hoe mobiel zijn onze riviervissen? Goede verplaatsingsmogelijkheden zijn cruciaal voor hun behoud. "Oost, west, thuis best" geldt maar voor weinig vissoorten. Veel vissen migreren gedurende een bepaalde fase in hun leven, of in een bepaalde periode van het jaar. Een gekend voorbeeld is de paling, die als glasaaltje de rivieren opzwemt, en pas als volwassen vis terugkeert naar zee om te paaien. "Tegenliggers" die net het omgekeerde doen, zijn de zalmachtigen, die helaas grotendeels uit Vlaanderen verdwenen zijn. Ook vissen die hun hele leven in zoet water doorbrengen, gaan op zoek naar de properste, veiligste of best beschutte plaatsjes in onze rivieren, beken en kanalen, om voedsel te zoeken of om zich voort te planten.

De Vlaamse waterlopen liggen echter bezaaid met zogenaamde "migratieknelpunten" (Monden *et al.* 2004; zie www.vismigratie.be voor een overzicht). Migratieknelpunten omvatten tal van constructies, zoals watermolens, gemalen, slecht aangelegde tunnels, stuwen en terugslagkleppen, die vooral de stroomopwaartse migratie van het waterle-

ven verhinderen (Monden, 2007 - dit volume). Daarom vormen ze een ernstige bedreiging voor het voortbestaan of herstel van onze riviervissen, die al veel te lijden hebben gehad onder het verlies van geschikt habitat door watervervuiling, of door het rechttrekken en verstevigen van oevers. Op korte termijn vormen migratieknelpunten, letterlijk en figuurlijk, een obstakel in het leven van een vis, wanneer die in zijn vrije migratie wordt gehinderd. Maar de gevolgen kunnen zich ook laten voelen op lange termijn, wanneer knelpunten bepaalde rivierdelen generaties lang isoleren, en hele populaties door inteelt genetisch verarmen. Deze verarming kan leiden tot een algemene vermindering van het aanpassingsvermogen aan de wisselende omstandigheden die in rivieren kunnen optreden, zoals ziektes en schommelingen van de waterkwaliteit. In extreme gevallen kunnen migratieknelpunten dan ook leiden tot het uitsterven van volledige populaties.

De ligging en het type van migratieknelpunten is uitzonderlijk goed gedocumenteerd in het Dijle-Demberbekken (Figuur 1). Doel van ons onderzoek

*Figuur 1. Staalnameplaatsen van 21 populaties van de driedoornige stekelbaars (*Gasterosteus aculeatus*) in het Dijle-Demberbekken. De bolletjes duiden de ligging aan van 46 watermolens (rood), 47 stuwen en dammen (blauw), 14 tunnels (geel), en 4 sluizen (groen). Enkele locaties: B5a - Werchter; B5b - Vaalbeek; B9a - Zelem; B9e - Landen; B13a - Bilzen.*

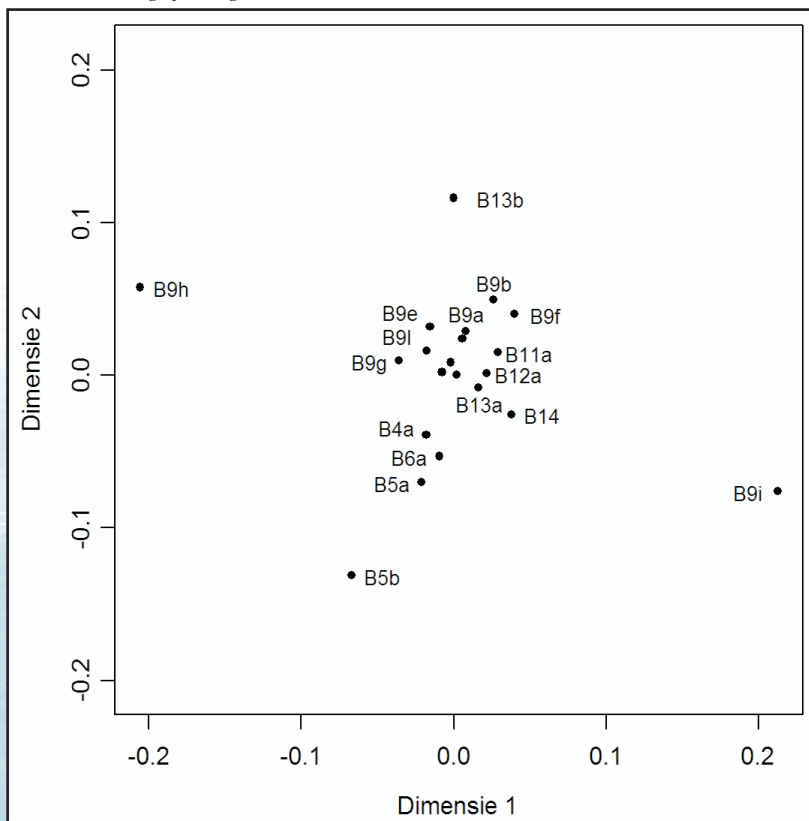


was uit te zoeken waar de nood voor het herstel van vrije vismigratie het hoogst is. Een stel zwemvliezen en een snorkel om hier en daar een kijkje te nemen onder het wateroppervlak volstaan echter niet om deze vraag te beantwoorden. Een veelgebruikte methode om inzicht te krijgen in het migratiegedrag van vissen bestaat er in vissen te vangen, te merken (vaak met een bepaalde gekleurde kunststof die onderhuids kan worden geïnjecteerd), terug uit te zetten, en te hopen dat een deel van de vissen na een bepaalde tijd ergens kan worden teruggevangen. Grotere vissen kunnen ook uitgerust worden met een zendertje, zodat hun migratiegedrag over grotere afstanden kan gevolgd worden. Het is echter moeilijk om vismigratie met deze methoden op grote schaal in kaart te brengen.

In deze studie maakten we gebruik van een efficiëntere methode, die berust op het gebruik van genetische markers (zogenaamde "microsatellieten"; box I). Deze methode gaat uit van het principe dat elk individu beschikt over een unieke genetische code, het DNA. Deze genetische code bevat niet alleen het bouwplan van elk individu, maar weerspiegelt ook zijn verwantschapsgraad met andere individuen. Vispopulaties uit verschillende delen van een stroomgebied zullen een sterk gelijkende genetische code vertonen, en dus een hoge verwantschapsgraad, indien ze onderling sterk migreren. Indien de genetische code van een populatie sterk afwijkt van andere populaties,

dan wijst dit op een lage verwantschapsgraad, en dus op sterke isolatie. Omdat het eigenlijk gaat om de uitwisseling van genen, getransporteerd door individuen, spreekt men ook van genmigratie. Genmigratie kan dus gebruikt worden als maat voor vismigratie, en dit principe pasten we toe op de driedoornige stekelbaars (*Gasterosteus aculeatus* L.), de meest voorkomende inheemse vissoort in Vlaanderen (Raeymaekers *et al.* 2005; 2007). We maakten gebruik van zijn talrijke aanwezigheid in het zuidelijke deel van het Dijle-Demerbekken om de genetische structuur nauwkeurig in te schatten. Op 21 locaties (Figuur 1) werden 50 stekelbaarsjes bemonsterd, en werd een klein deel van de vinnen gebruikt om het DNA te extraheren. Het is niet nodig de hele genetische code te bestuderen. In deze studie volstonden zes microsatellieten (zie box I), die elk een verschillend stukje DNA (een "locus") oppikken, om de genetische verwantschappen te reconstrueren. Vier populaties springen in het oog door hun uitgesproken genetische isolatie (Figuur 2). Deze populaties zijn alle vier afkomstig van de bovenlopen van het Dijle-Demerbekken. De overige populaties vertonen een grotere verwantschapsgraad, maar ook hier is de onderlinge vermenging eerder gering. Het gebruik van genetische markers verschaft tegelijkertijd ook informatie over de mate van genetische variatie of inteelt. In de vier afwijkende populaties bespeuren we een veel lager aantal varianten van elk locus dan in de doorsnee populatie.

Figuur 2. Tweedimensionele projectie van de genetische structuur van 21 populaties van de driedoornige stekelbaars (*Gasterosteus aculeatus*) uit het Dijle-Demerbekken op basis van een index voor genetische isolatie (F_{ST}). Beide assen geven een dimensie weer die de verwantschapsgraad tussen populaties weerspiegelt. Vier populaties (B5b – Vaalbeek; B9i – Borgloon; B9h – Mechelen-Bovelingen; B13b – Zutendaal) vertonen een uitgesproken genetische isolatie.



Hoe onderzoeken we of natuurlijke of menselijke factoren de genetische structuur van deze stekelbaarspopulaties beïnvloeden? Kleinere beekjes ondersteunen van nature kleinere populaties, en daarom is het niet ongewoon dat stroomopwaartse populaties verminderde genetische variatie vertonen. Anderzijds observeren we de sterke genetische verarming slechts in een deel van de bovenlopen, en stellen we het natuurlijk karakter van dit patroon in vraag. Een sluitend antwoord zochten we door de genetische structuur te vergelijken met de geografische connectiviteit. De geografische connectiviteit wordt bepaald door de geografische factoren die beïnvloeden hoe vlot een stekelbaars (en dus zijn genen) zich tussen twee locaties in de rivier kan verplaatsen. Hierbij testen we verschillende scenario's. In een eerste scenario gaan we er van uit dat de stekelbaars in kwestie moeilijkheden heeft om grote rivierafstanden te overbruggen. In een tweede scenario stellen we dat niet zozeer de afstand een rol speelt, maar wel de te overbruggen stroomopwaartse afstand. Dit scenario stemt overeen met de moeilijkere bereikbaarheid van kleine, smallere beken. In een derde scenario gaan we er van uit dat de stekelbaars moeilijkheden heeft om migratieknelpunten te overbruggen. De geografische connectiviteit voor elk van deze scenario's werd berekend met behulp van een Geografisch Informatiesysteem (GeoMedia Professional, InterGraph), en een digitale kaart van het Dijle-Demerbekken (ANB Afdeling Water, 2000) met bijhorende migratieknelpunten. Met behulp van correlatie-analyses gingen we vervolgens na met

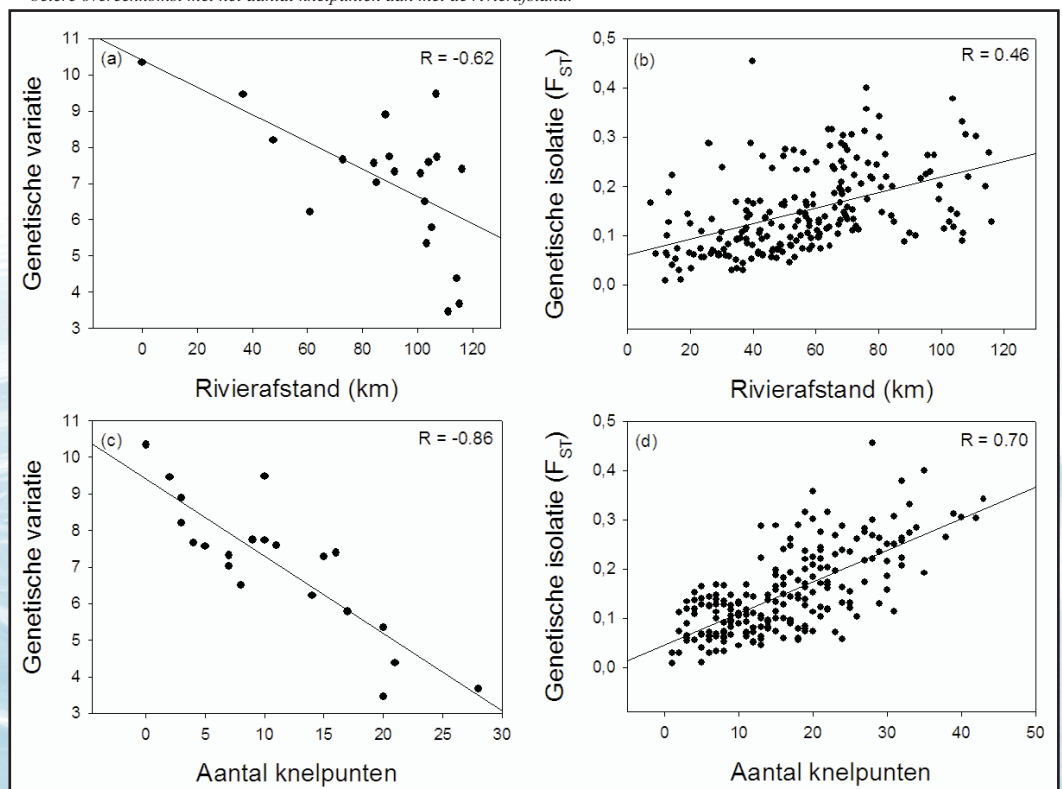
welk van de drie geografische scenarios de genetische structuur het best overeenstemt.

Onze resultaten ondersteunen eenduidig het migratieknelpuntenscenario (Figuur 3). De genetische variatie daalde significant volgens het aantal knelpunten van monding naar bron. Dit verband overtrof de correlatie tussen genetische variatie en stroomopwaartse afstand, en de correlatie tussen genetische variatie en beekbreedte. Verder verklaarde het aantal te overbruggen knelpunten 49% van de variatie in genmigratie, aanzienlijk meer dan beekbreedte (32%), of de te overbruggen rivierafstand (22%). Toch moeten we kritisch staan tegenover dit resultaat. Namelijk, hoe groter de te overbruggen rivierafstand, hoe meer knelpunten een stekelbaars op zijn weg ontmoet. Ook bouwt de mens meer knelpunten op smallere beken. De drie geografische scenario's zijn dus onderling sterk afhankelijk, en het effect van het aantal te overbruggen knelpunten op de genetische structuur zou dus grotendeels door de twee andere scenario's te verklaren zijn. Een volledig geografisch model dat de drie scenario's combineert, liet echter toe het effect van migratieknelpunten in te schatten na correctie voor beide andere scenario's. Ook dit model wees op knelpunten als de belangrijkste verklaring voor de verschillen in genetische variatie en genmigratie.

We concluderen dat migratieknelpunten een grote weerslag hebben op de genetische structuur van de stekelbaarspopulaties in het Dijle-Demberbeken, en geleid hebben tot genetische verarming

en verminderde genmigratie. Al is de stekelbaars geen bedreigde soort, toch kan de ontworpen populatiestructuur op termijn de soort lokaal in problemen brengen. Het effect van migratieknelpunten op stekelbaars kan bovendien tot op zekere hoogte doorgetrokken worden naar andere riviervissen. Voor zeldzame soorten in het bijzonder, waarvoor het moeilijk is genmigratie op grote schaal in te schatten, kunnen de resultaten voor stekelbaars doorgaan als een goede benadering. Als dusdanig vormen onze resultaten een leidraad voor het opstellen van beheersmaatregelen en herstelplannen op schaal van het hele bekken. Hierbij denken we in de eerste plaats aan de bevordering van de connectiviteit met de meest geïsoleerde bovenlopen. Onze studie toont aan dat zowel oude watermolens als recentere constructies deze isolatie in de hand werken. Ook kleinschalige migratieknelpunten mogen niet uit het oog verloren worden. Andere potentiële knelpunten, zoals tunnels, bleken de connectiviteit slechts in beperkte mate te belemmeren; dit rechtvaardigt de lagere prioriteit die de Vlaamse Overheid aan het oplossen van deze structuren heeft toegekend (Monden *et al.* 2004). De goede geografische resolutie waarmee de genetische structuur van riviervissen in kaart kan worden gebracht, is een krachtig hulpmiddel om dit soort prioriteiten verder af te bakenen. Het in rekening brengen van zowel ecologische als genetische karakteristieken van riviervissen, kan leiden tot een doelgericht beheersplan voor de migratieknelpunten in Vlaanderen, en tot een toename van het aantal vissen dat zich "als een visje in het water" voelt.

Figuur 3. Relatie tussen twee geografische factoren, rivierafstand (boven) en aantal knelpunten (onder), en twee genetische parameters, genetische variatie (links) en een index voor paarsgewijze genetische isolatie (rechts), in 21 populaties van de driedoornige stekelbaars. Zoals aangegeven door de correlatiecoëfficiënt (R), vertoont de afname in genetische variatie en de toename in genetische isolatie een betere overeenkomst met het aantal knelpunten dan met de rivierafstand.



Dankbetuigingen

We bedanken Bart Christiaen and Nik Leysen voor de hulp bij de staalname, Saar Monden (INBO) en ANB Afdeling Water voor de digitale kaarten, en Judith Spillemaeckers (InterGraph Belgium) voor het ter beschikking stellen van de GIS software. Dit onderzoek werd gefinancierd door FWO-Vlaanderen (project G.0142.03).

Referenties

AMINAL Afdeling Water (2000). De Vlaamse Hydrografische Atlas, versie 29-05-2000. Vlaamse Gemeenschap. Administratie voor Milieu-, Natuur, Land- en Waterinrichting.

Monden, S., Van Liefferinge, C., Vandenauwele, I., Simoens, I., Beyens, J. Denayer, B., Yseboodt, R., Meire P. & De Charleroy, D. (2004). Databank vismigratieknelpunten op prioritaire waterlopen in het Vlaamse gewest. IBW-UIA databank, <http://www.vismigratie.be>.

Monden, S. (2007). Vismigratie en het oplossen van vismigratieknelpunten. WATER, Ecologisch Herstel (nieuwsbrief 30 juli/augustus 2007).

Raeymaekers, J.A.M., Maes, G. E., Audenaert, E. & Volckaert, F. A. M. (2005) Detecting Holocene divergence in the anadromous-freshwater three-spined stickleback (*Gasterosteus aculeatus*) system. *Molecular Ecology*, **14**, 1001-1014.

Raeymaekers, J.A.M., Van Houdt, J. K. J., Lar-museau, M. H. D., Geldof, S. & Volckaert, F. A. M. (2007) Divergent selection as revealed by P_{ST} and QTL-based F_{ST} in three-spined stickleback (*Gasterosteus aculeatus*) populations along a coastal-inland gradient. *Molecular Ecology*, **16**, 891-905.

BOX I – Microsatellieten

Microsatellieten zijn sterk variabele segmenten van herhalende fragmenten (di-, tri- of tetranucleotide) in een niet-coderende regio van het DNA. Ze zijn populair in populatiegenetica omwille van de hoge graad van polymorfie, het algemeen voorkomen in het genoom, en de herkenbaarheid van beide ouderlijke varianten van het segment. Ze bezitten een sterk discriminerend vermogen om subtiele verschillen tussen populaties waar te nemen, waarbij enkel genetische drift, migratie en mutatie als evolutieve krachten optreden (geen selectie).

J. Raeymaekers

*Katholieke Universiteit Leuven,
Laboratorium voor Diversiteit en Systematiek van Dieren,
Ch. Deberiotstraat, 32,
B-3000 Leuven
e-mail: joost.raeymaekers@bio.kuleuven.be,
Phone: + 32 16 32 39 66,
Fax: +32 16 32 45 75*

*G. E. Maes¹, S. Geldof¹, I. Hontis¹, K. Nackaerts²
en F. A.M. Volckaert¹*

*¹ Katholieke Universiteit Leuven,
Laboratorium voor Diversiteit en Systematiek van Dieren,
Ch. Deberiotstraat 32,
B-3000 Leuven*

*² InterGraph Belgium NV, Tennessee House, Riverside Business Park,
Internationalelaan 55 B5,
B-1070 Brussel*