

Hoe meerval in de Westeinderplassen vervaagt

*

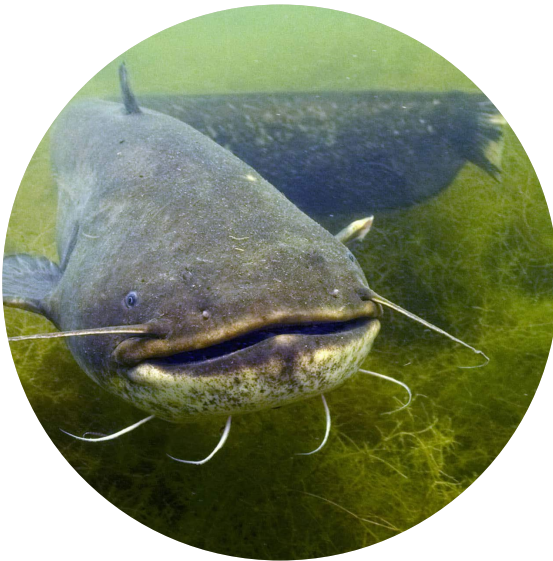
Uitdoving van een relictpopulatie



Hendrik-Jan Megens

Wageningen Universiteit

VISSENNETWERK 26/11/2025



WAGENINGEN UNIVERSITY
WAGENINGEN **UR**

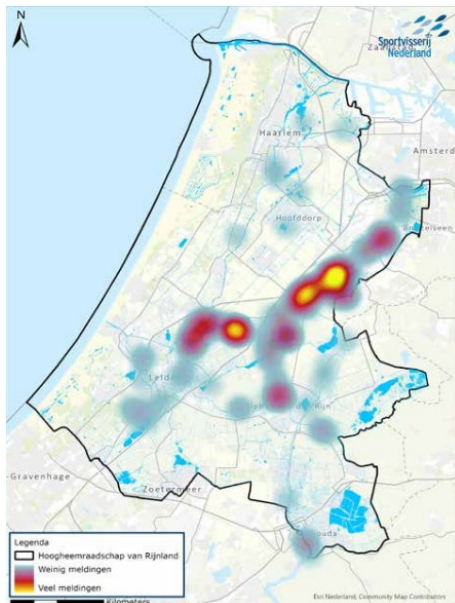


VISSEN. HET IS ONZE NATUUR.
SPORTVISIE

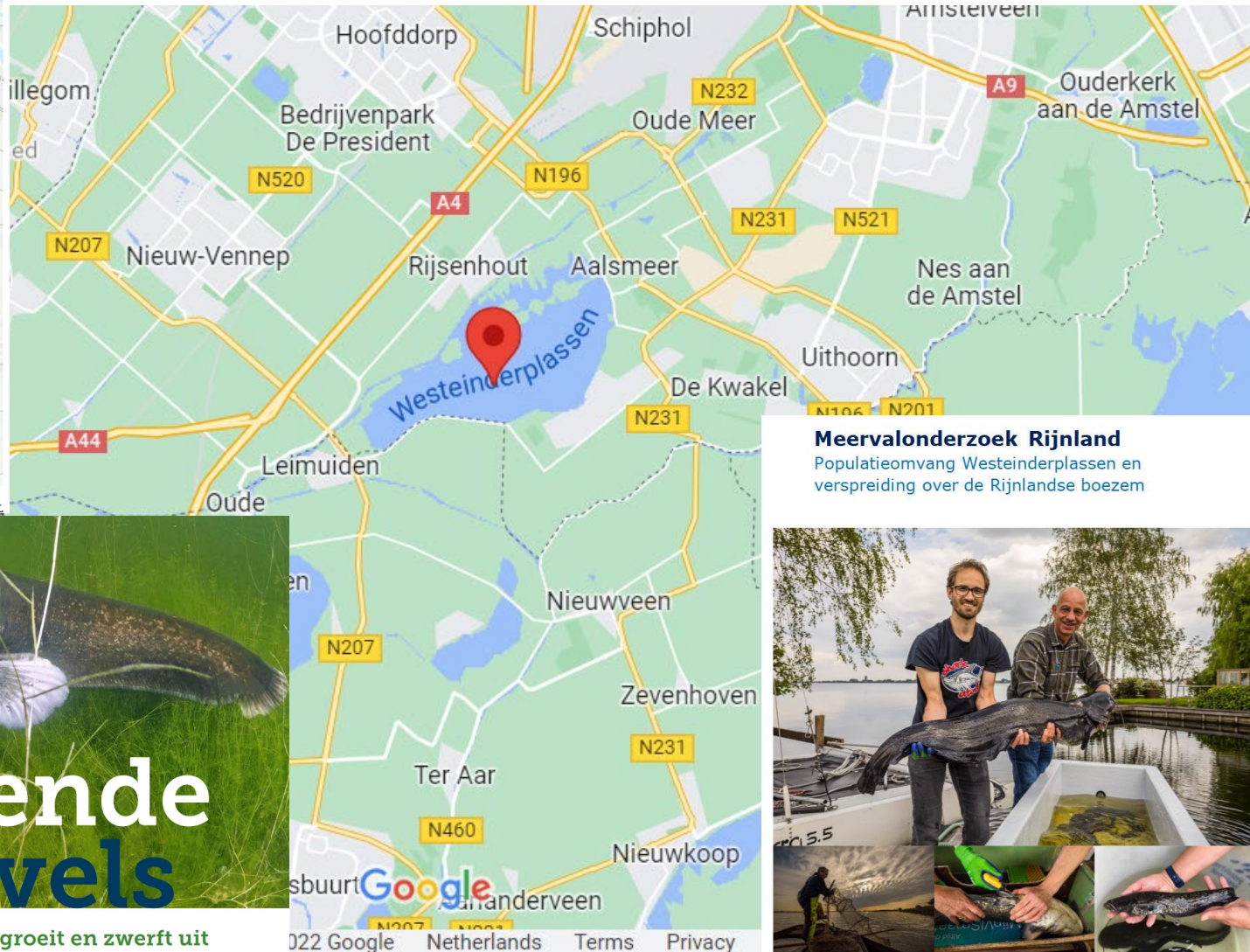


Hoogheemraadschap van
Rijnland

Europese meerval in de Westeinderplassen



De meervalpopulatie van de Westeinderplassen breidt zich gestaag uit.



Meervalonderzoek Rijnland
Populatieomvang Westeinderplassen en
verspreiding over de Rijnlandse boezem



Rijnlands Meervalpopulatie groeit en zwerft uit



WAGENINGEN UNIVERSITY
WAGENINGENUR



Hoogheemraadschap van
Rijnland



Westeinderplassen – een relict populatie?

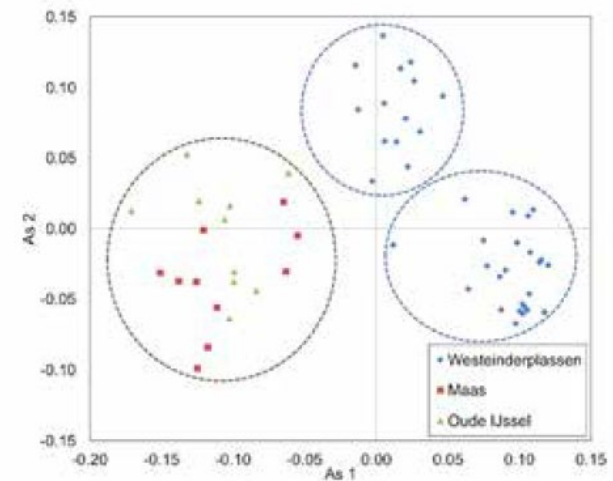
Meerval geïsoleerd

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

Locus	Maas		Oude IJssel		Westeinderplassen		Overall
	Obs.	Exp.	Obs.	Exp.	Obs.	Exp.	Exp.
	Het.	Het.	Het.	Het.	Het.	Het.	Het.
S1-40	0.211	0.477	0.667	0.622	0.261	0.275	0.617
S1-154	0.789	0.680	0.588	0.745	0.667	0.600	0.732
S3-3	0.667	0.764	0.556	0.638	0.444	0.462	0.606
S3-10	0.368	0.764	0.471	0.684	0.023	0.045	0.516
S3-25	0.650	0.782	0.684	0.765	0.596	0.555	0.705
S5-F	0.600	0.622	0.421	0.576	0.261	0.236	0.624
S6-95	0.824	0.756	0.789	0.758	0.500	0.602	0.765
S7-159	0.600	0.849	0.625	0.855	0.467	0.562	0.760
S7-E	0.588	0.904	0.316	0.802	0.523	0.638	0.845
S7-F	0.333	0.559	0.667	0.632	0.444	0.512	0.580
Mean	0.563	0.716	0.578	0.708	0.419	0.449	0.675
s.d.	0.199	0.132	0.141	0.090	0.189	0.197	0.102



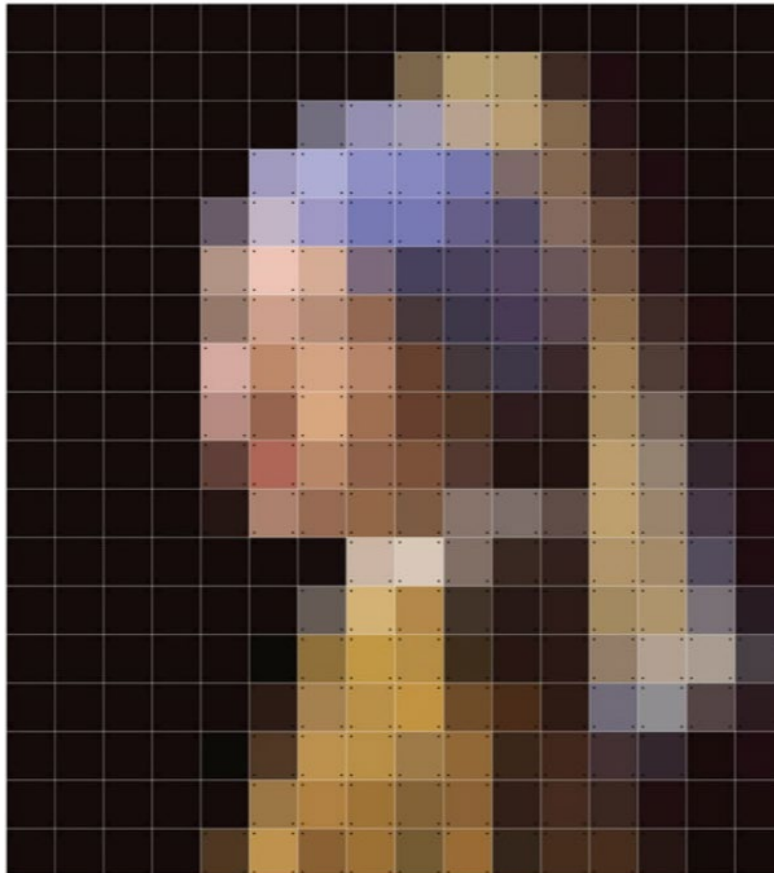
Figuur 1.

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.



More Markers Matter: oplossend vermogen

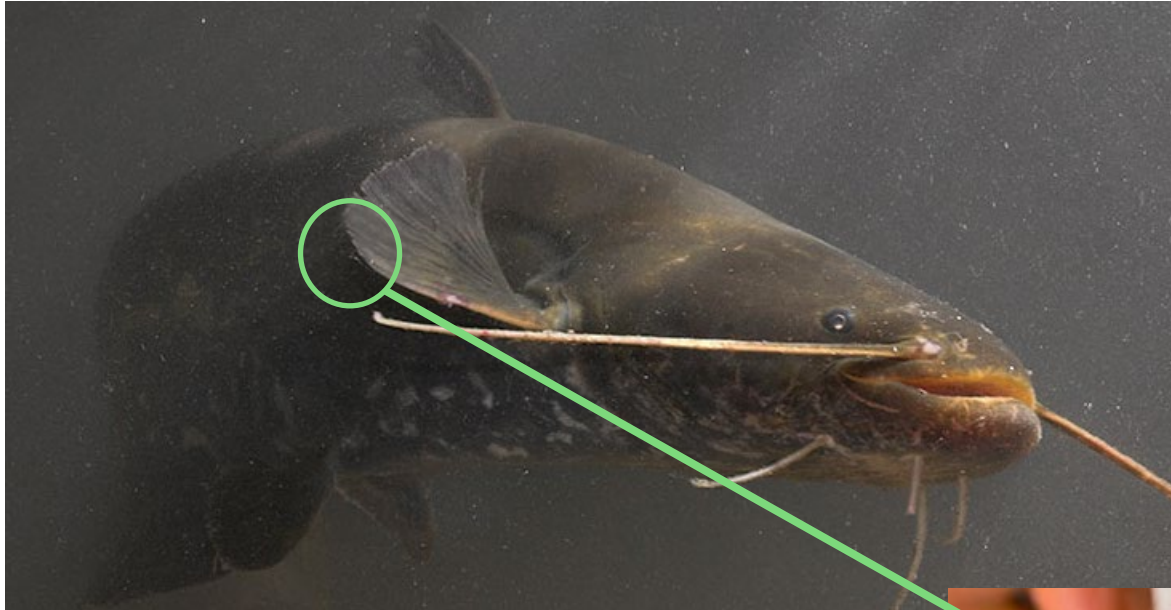
DNA sequencing van complete genomen maakt het mogelijk om complexe demografische processen te reconstrueren uit een beperkt aantal dieren.



Bemonstering van meerval in Kudelstaart



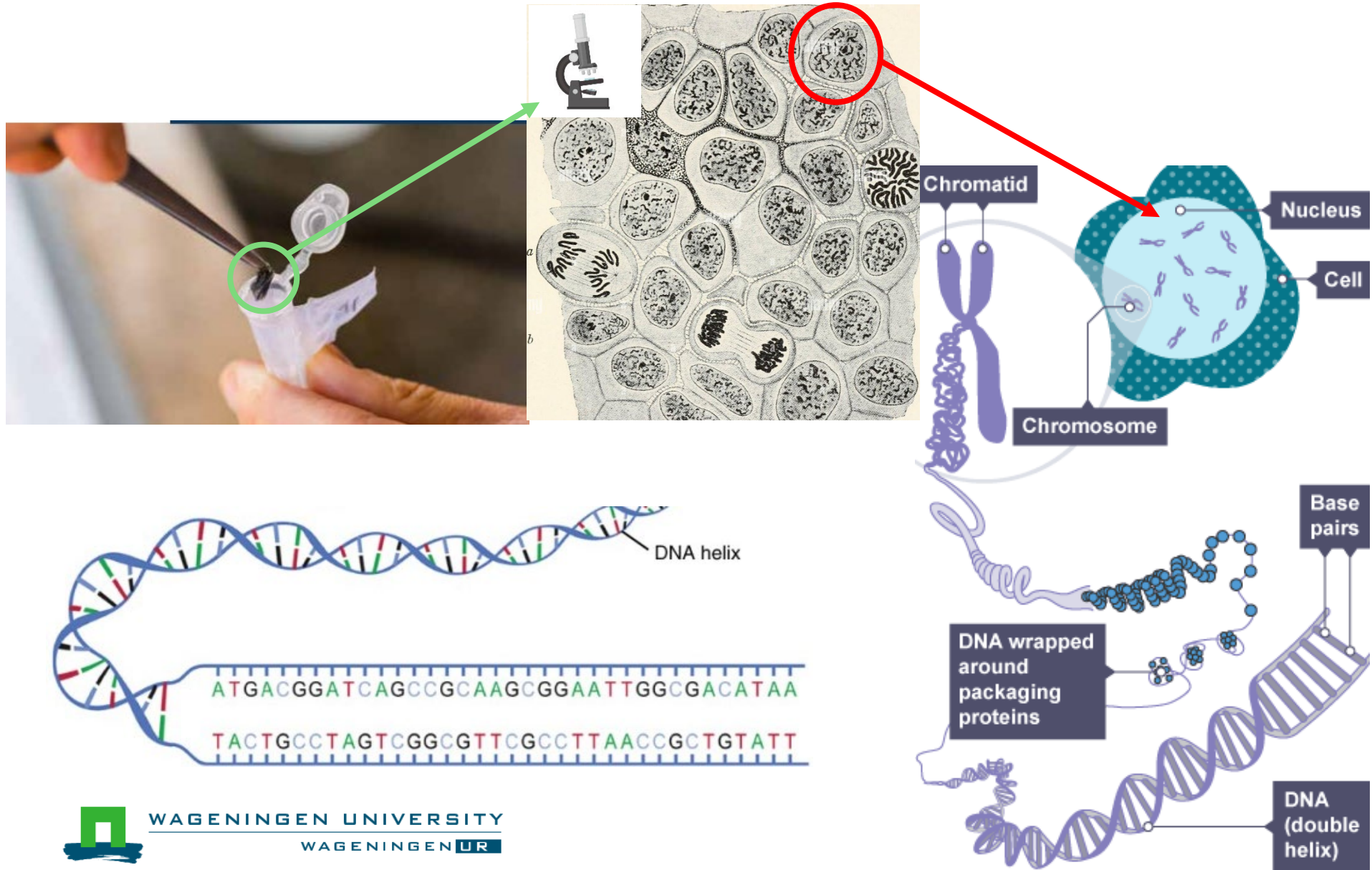
Het nemen van vinknipjes



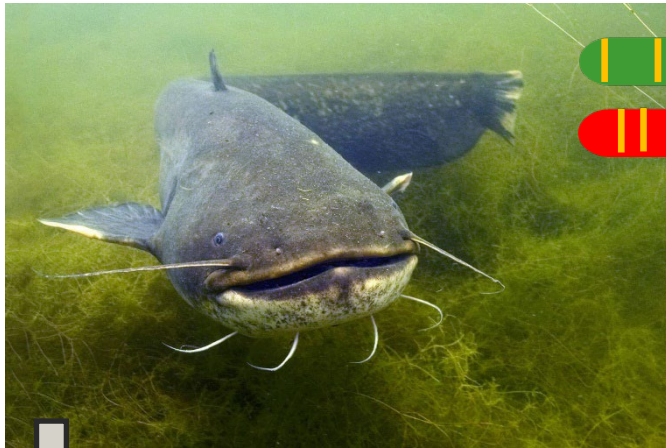
- 96% Ethanol
- Meteen koelen indien mogelijk
- Opslaan in vriezer



Vinknipjes als bron van genomisch DNA



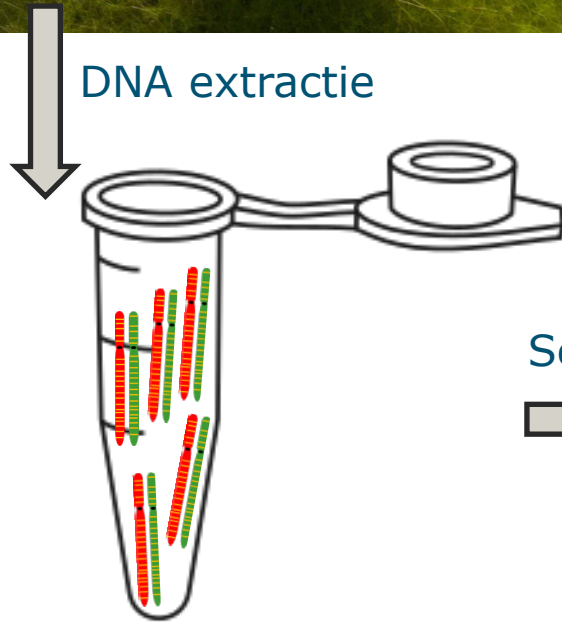
Re-sequencing: variatie op genoom schaal



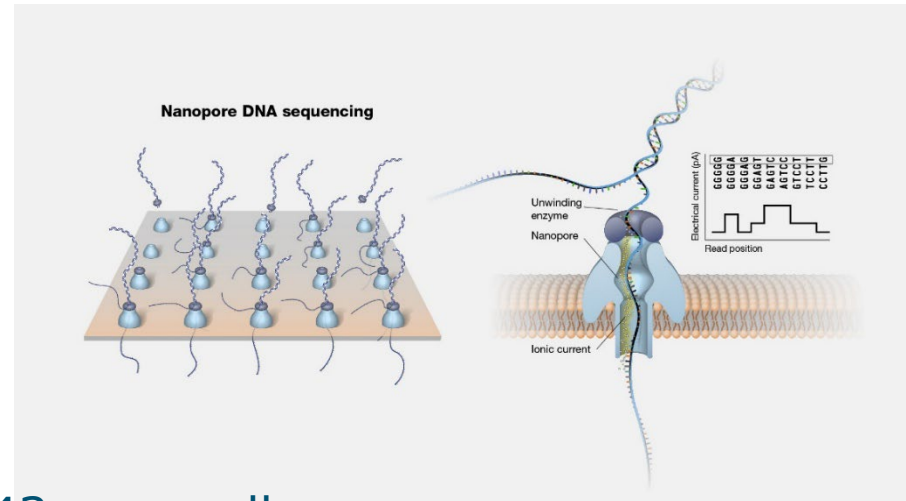
29 **paren** chromosomen

1 elk van vader en moeder

DNA extractie



Sequence



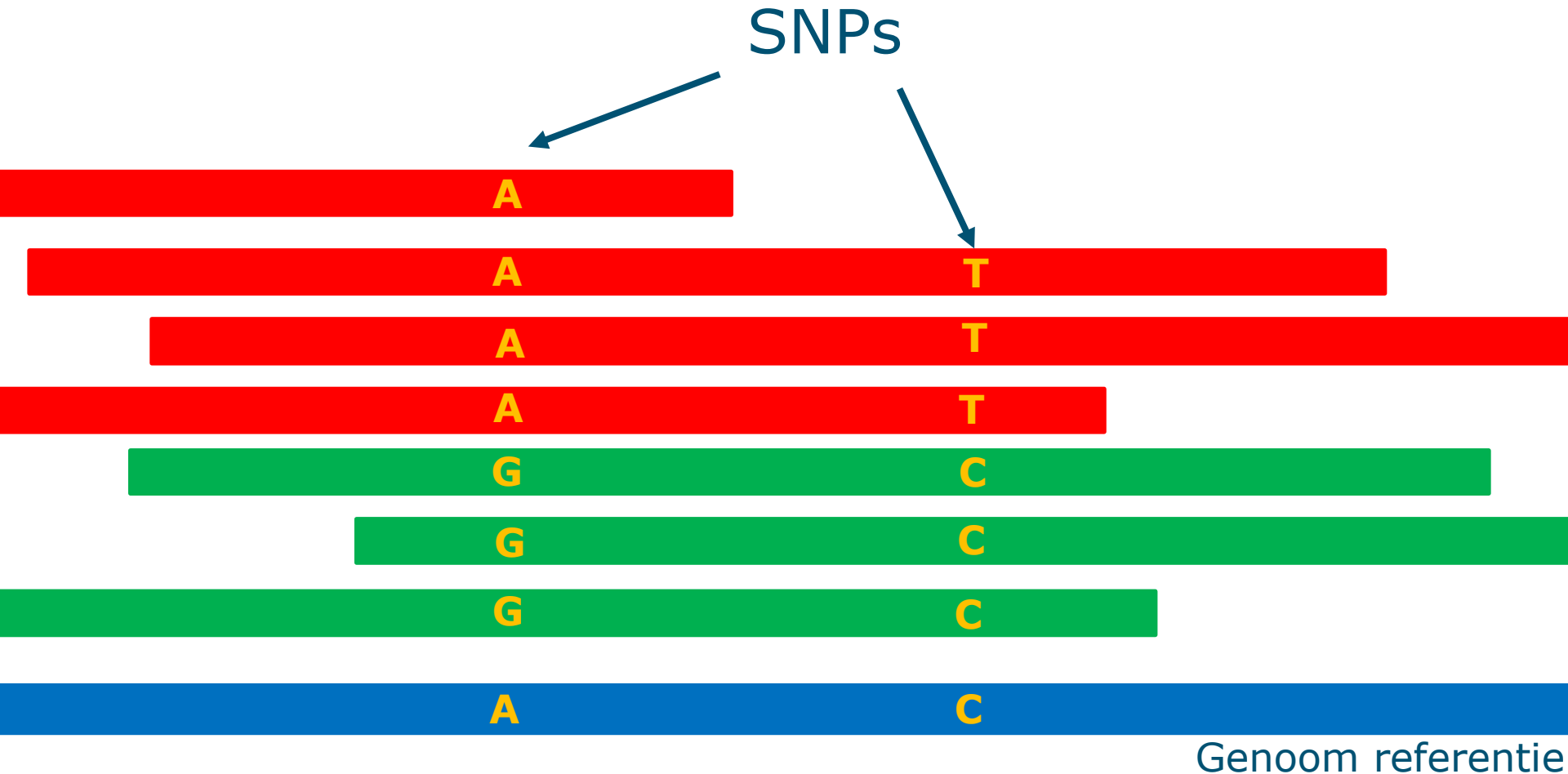
43 meervallen

> 320 miljard DNA letters afgelezen

~ 600 duizend varianten geselecteerd



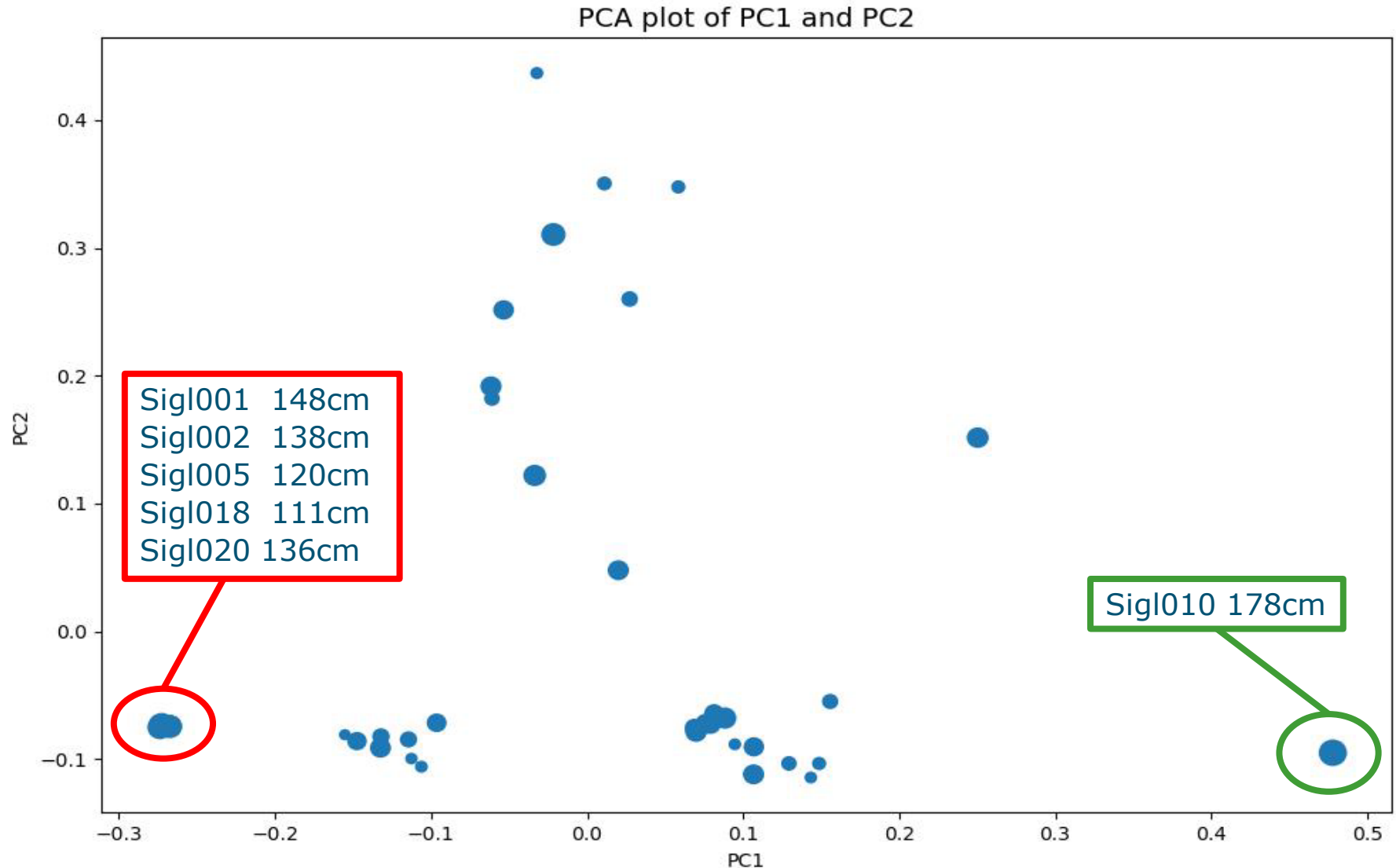
Single Nucleotide Polymorphism (SNP)



Heterozygoot

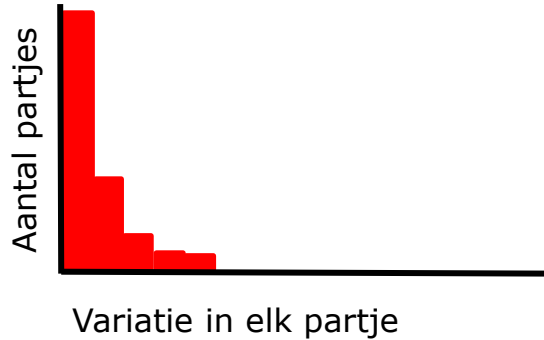
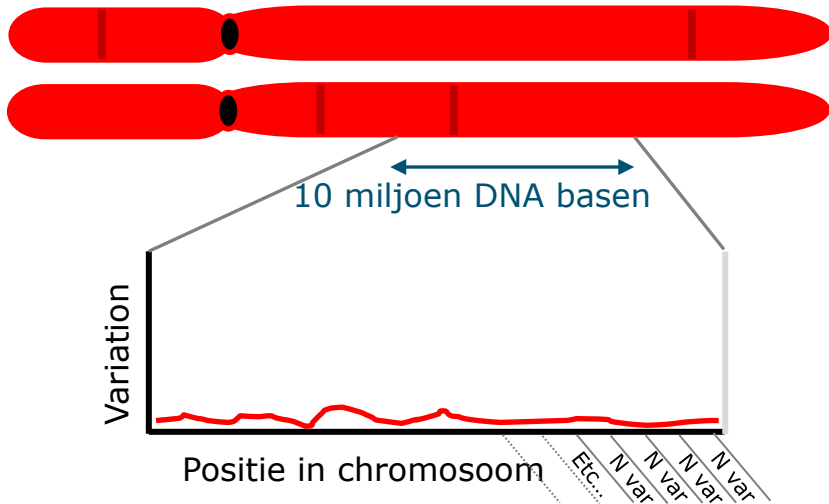


PCA (PC1 and PC2), SNP data



Sigl001, Sigl002, Sigl005, Sigl018, Sigl020

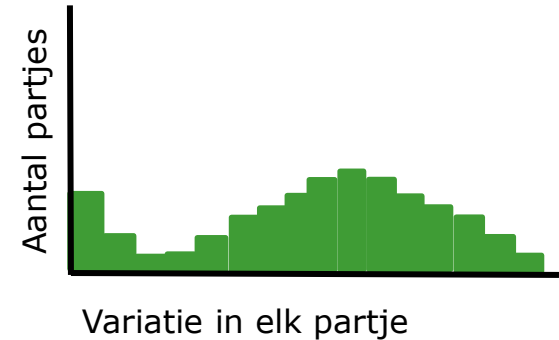
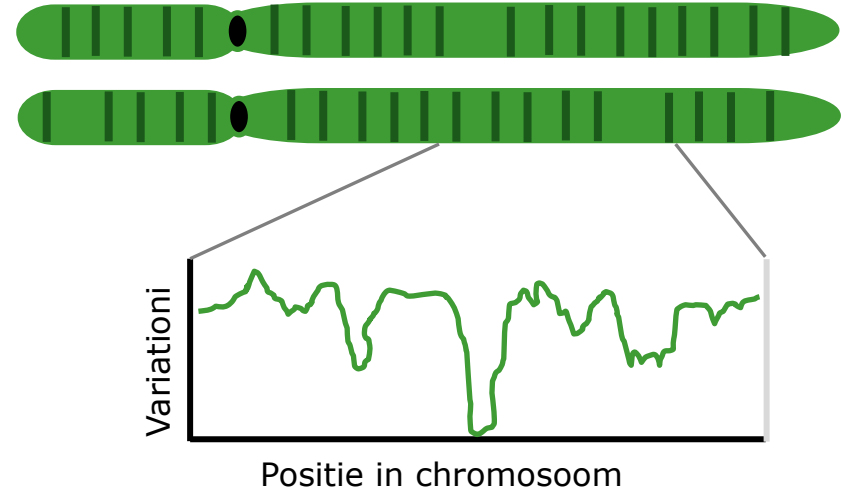
Meerval uit de relict population



Hak alle
chromosomen in
partjes van duizend
basen en bereken
heterozygotie in elk
partje

Sigl010

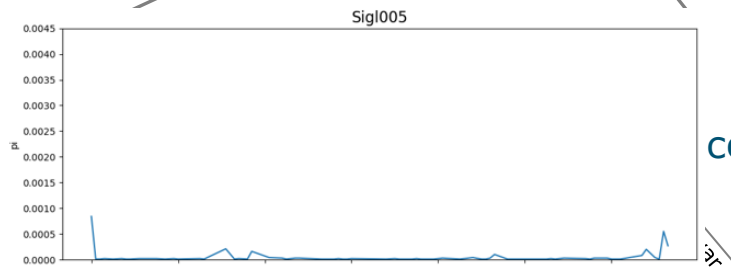
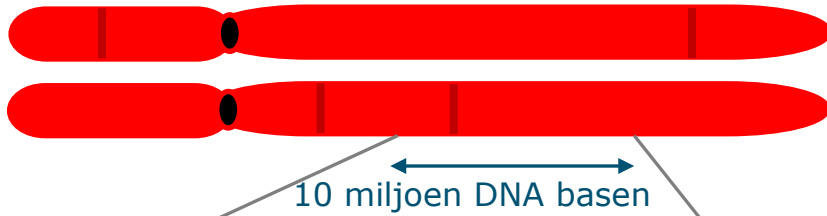
Meerval van 'elders'



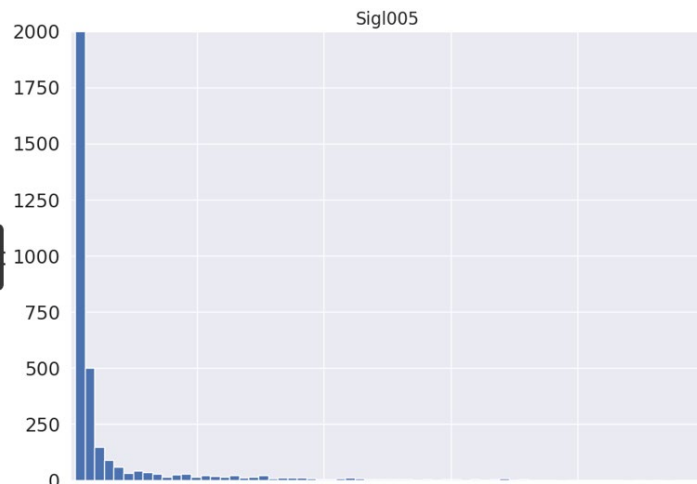
Sigl001, Sigl002, Sigl005, Sigl018, Sigl020

Sigl010

Meerval uit de relict populatie

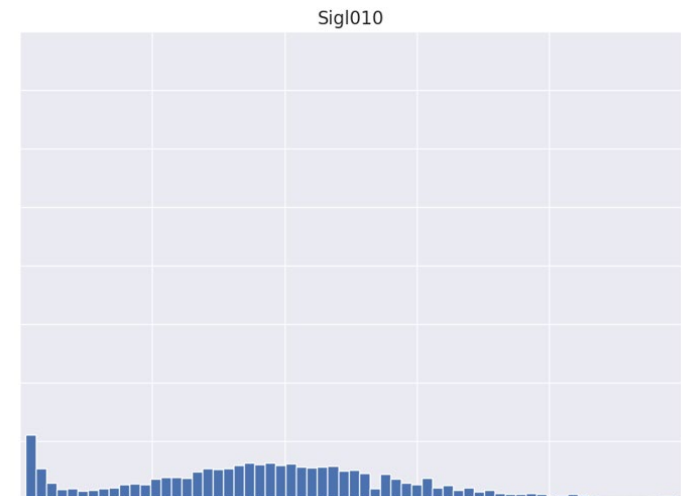
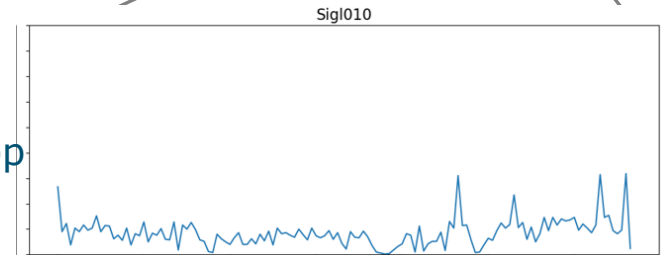
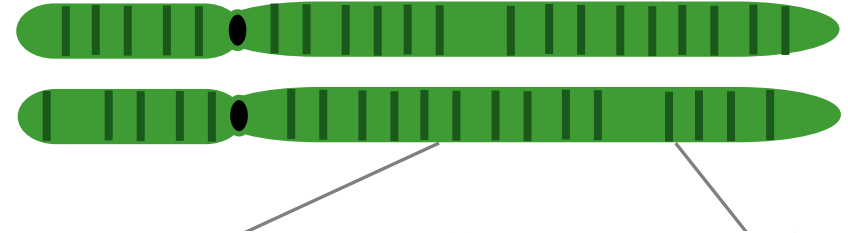


Example:
contig_12, 13.3 Mbp



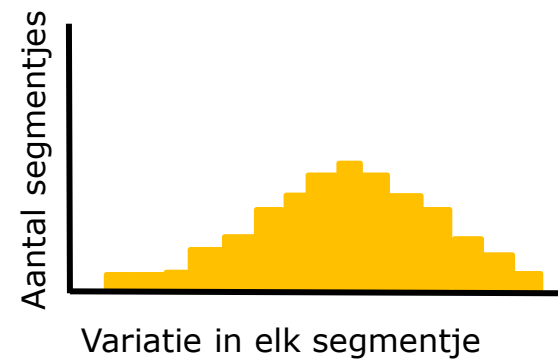
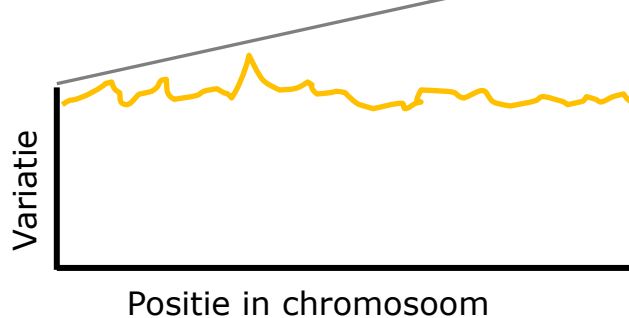
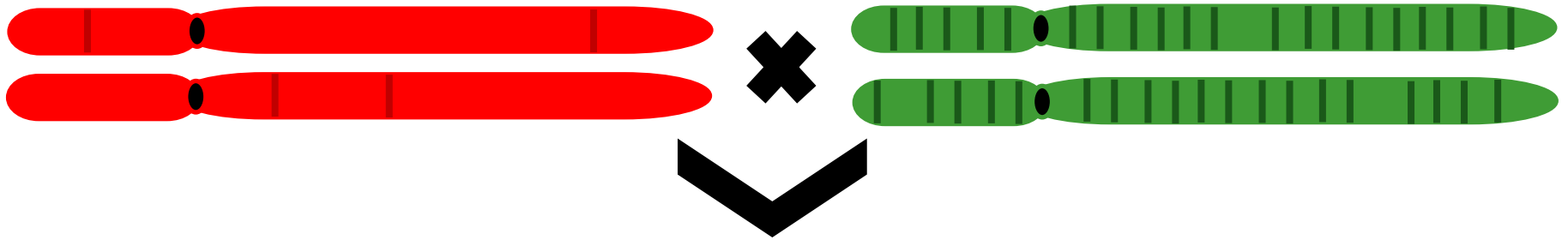
Hak alle
chromosomen in
partjes van duizend
basen en bereken
heterozygotie in elk
partje

Meerval van 'elders'



Nazaat van een relict en een meervul van 'elders'

F1 kruising



Haplotype sharing tussen Sigl001 en Sigl010



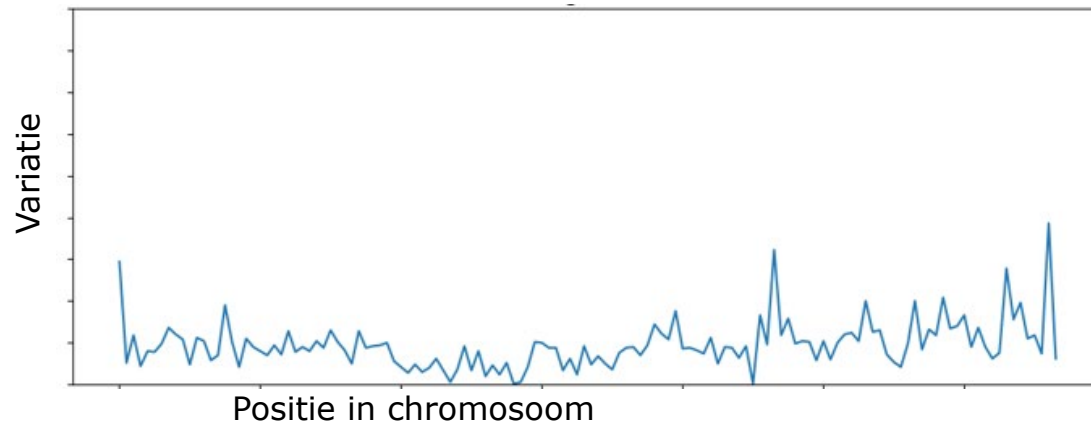
Sigl012 wellicht nazaat van beiden

voorbeeld: contig_12, 13.3 Mbp

Sigl012 : sharing with Sigl001

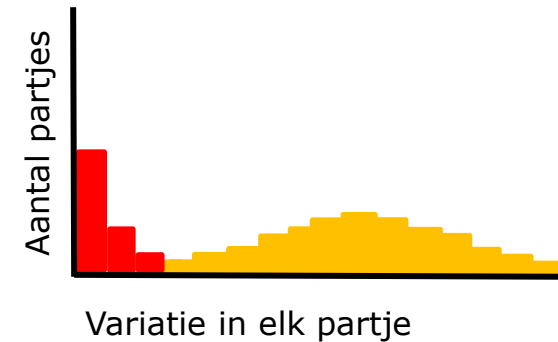
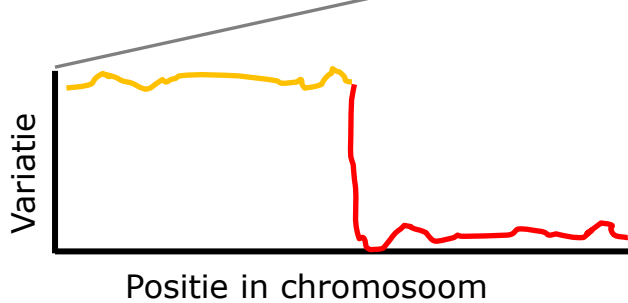
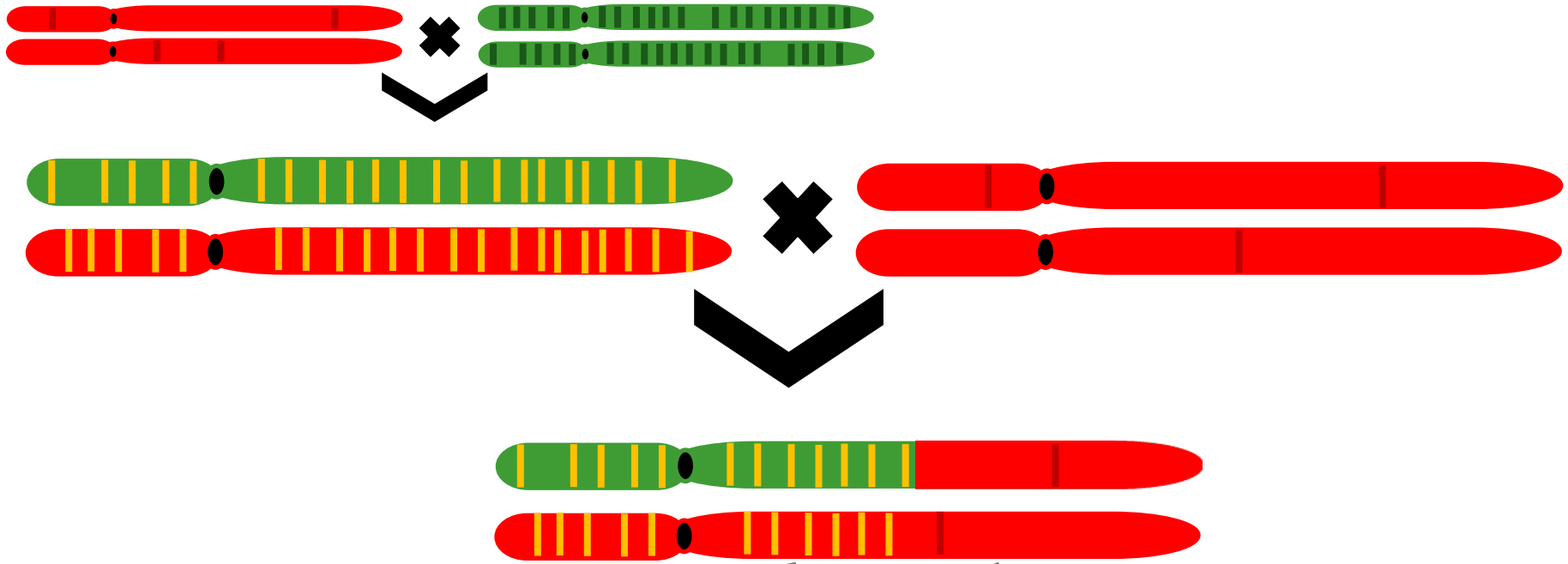


Sigl012 : sharing with Sigl010



Nakomeling van hybride (F1 kruising) met relict

F2 terugkruising



Sigl016 is een 2nd generatie terugkruising met een relict

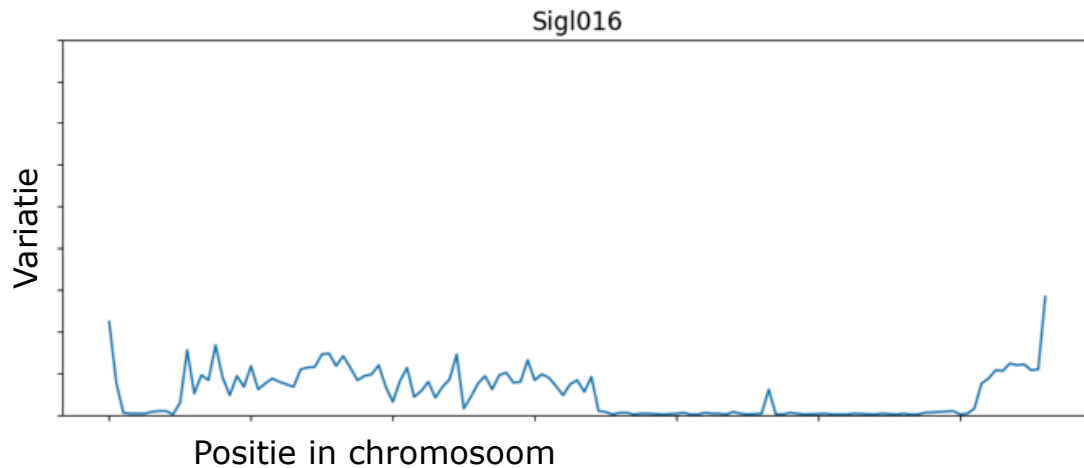


Example: contig_12, 13.3 Mbp

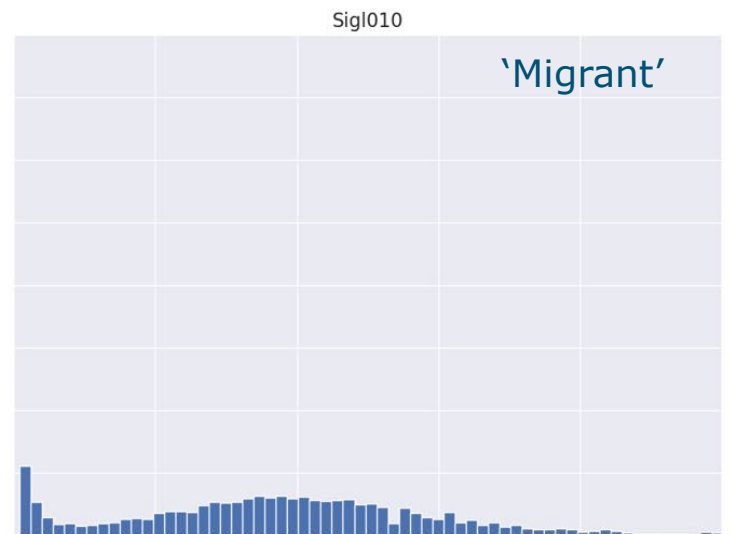
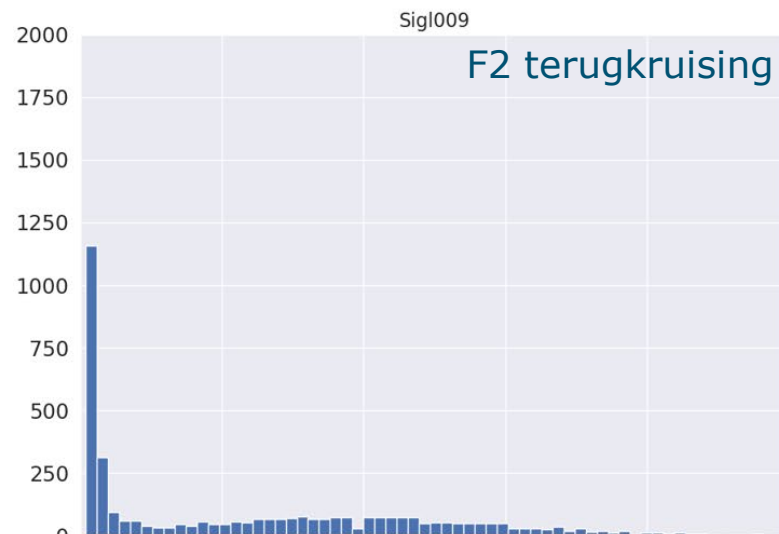
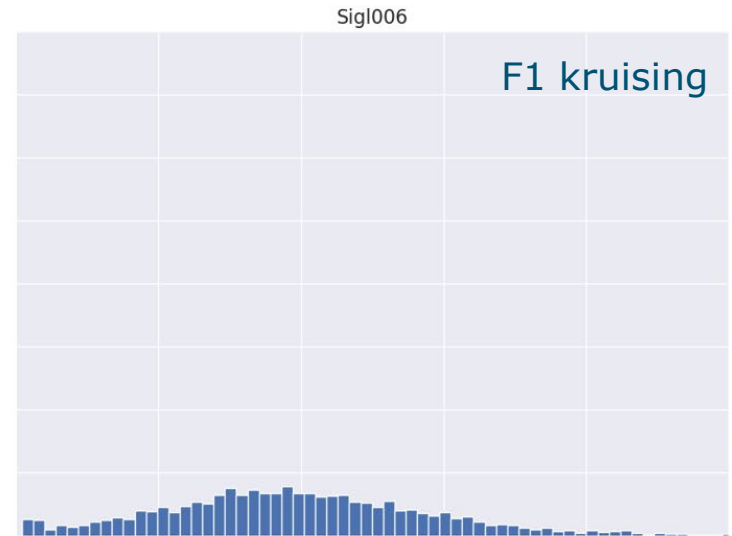
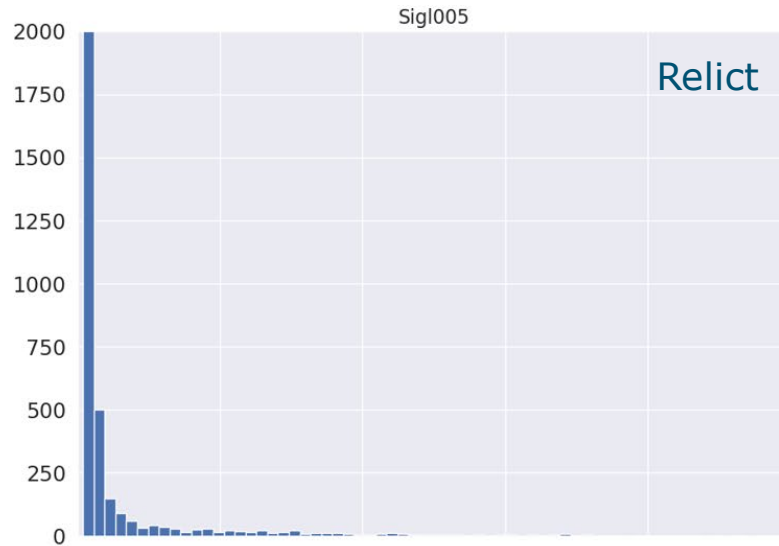
Sigl016 : sharing with Sigl001



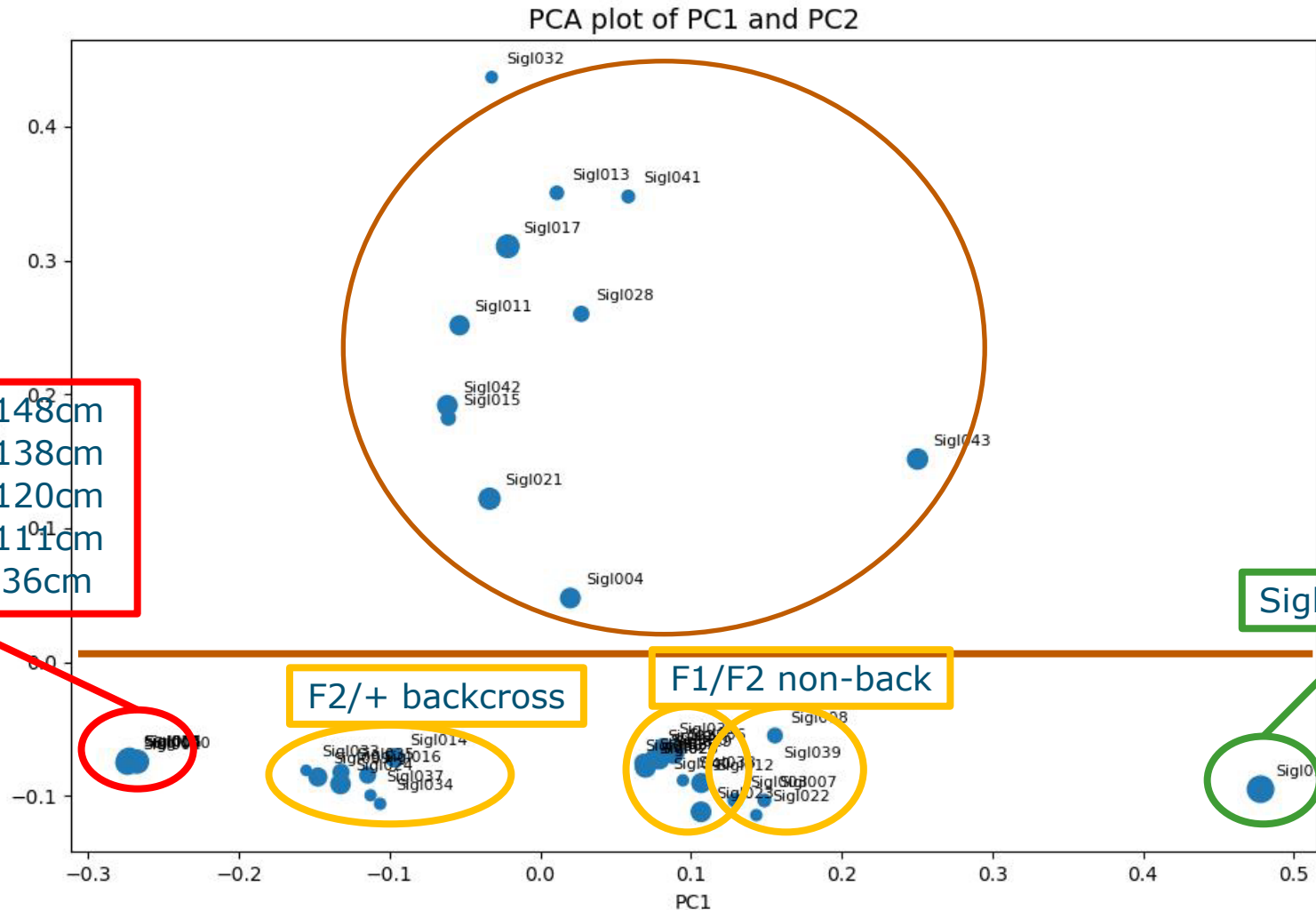
Sigl016 : sharing with Sigl010



Mix van relict, migranten, “hybriden”



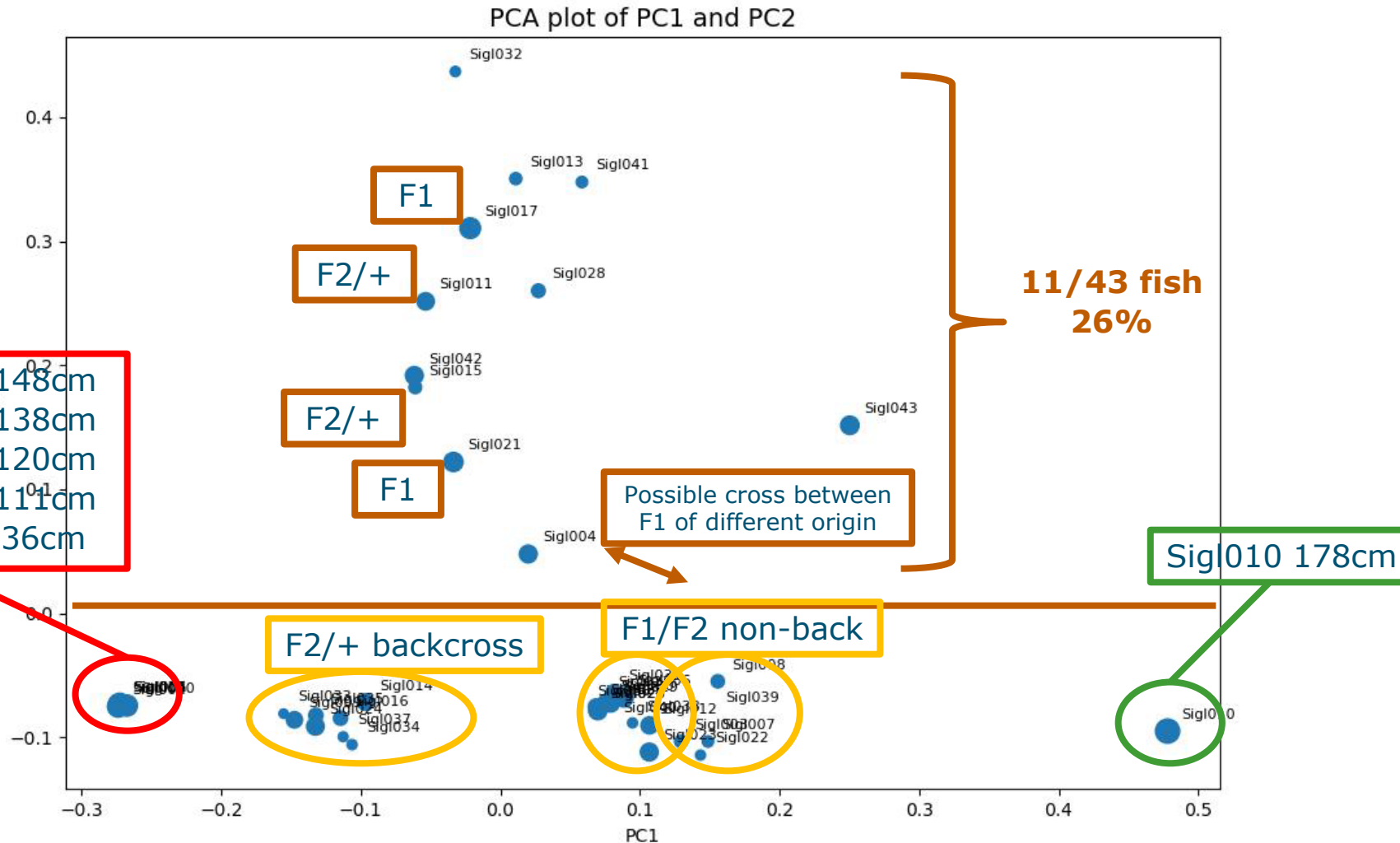
PCA plot van 43 meervallen (PC1 and PC2)



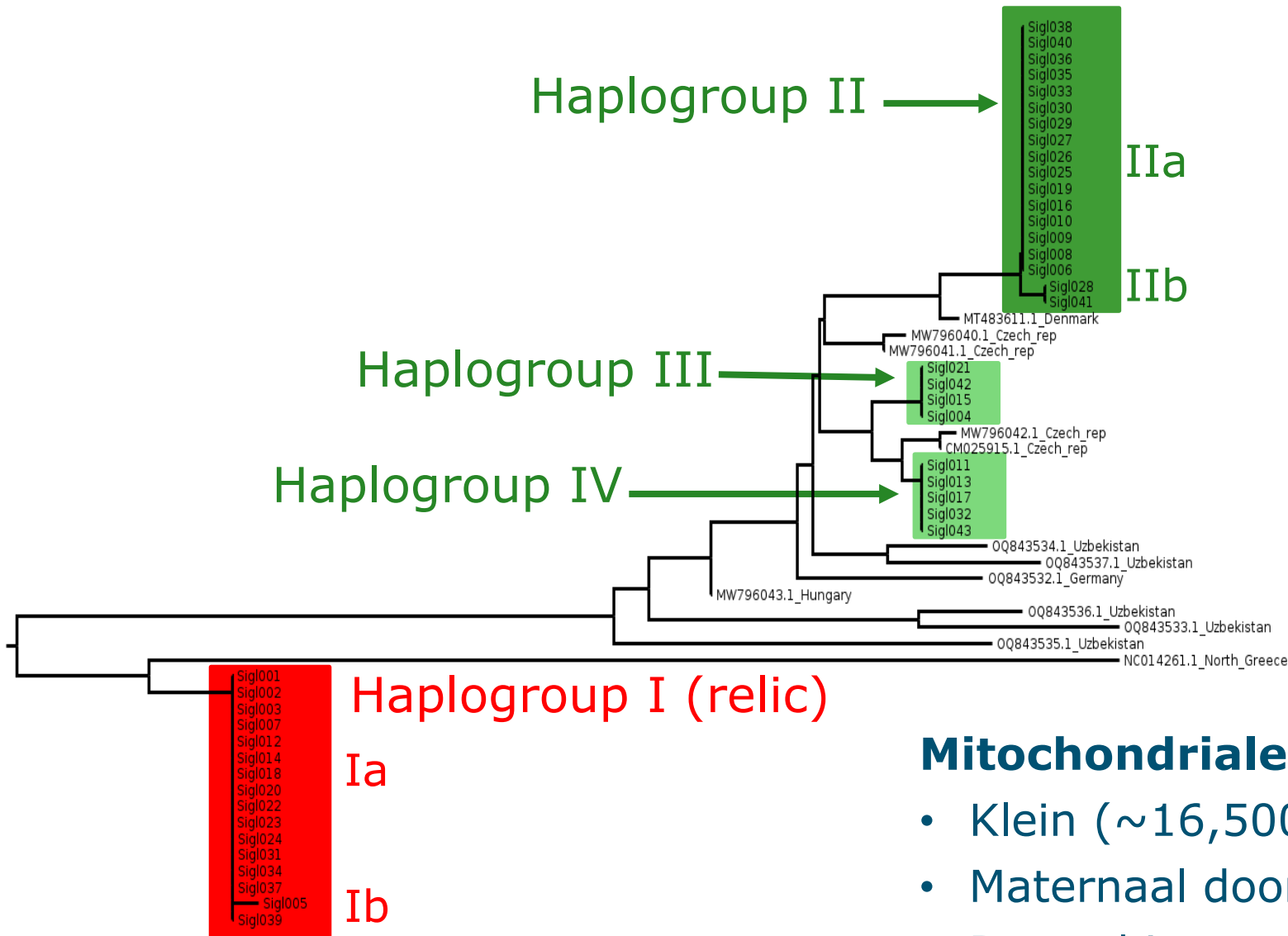
26/43 fish
60%



PCA plot van 43 meervallen (PC1 and PC2)



Mitogenoom – Meerdere herkomsten



Mitochondriale genomen:

- Klein (~16,500 basen)
- Maternaal doorgegeven
- Recombineren niet
- Fylogeografie



Beperk aantal, recente (~ 20 years) migratie/restocking gebeurtenissen

- Rond de 60% van alle vissen resultaat van enkele introductie
 - Meerdere individuen met hoge verwantschap.
- 26% van de vissen resultaat van 2 of 3 verdere migraties
 - Clustering van genomische diversiteit en mt haplotypen
 - Eerder? – grootste van alle F1s, 130 cm



Afkomst en vis length (~leeftijd)

Ancestry type	mean	stdev	range	N
Relics	130.6	14.9	111-148 cm	5
Migrants	178	NA	178 cm	1
F1	94.5	15.3	71-130 cm	15
F2/+	54.9	25.3	29-103 cm	22

- NUL jonge, 'pure relictten'!
- F1s zijn kleiner (~jonger) dan de relictten
- Relictten dragen bij aan de genenpool! (recente terugkruisingen)
- Bijna alle jongste vissen zijn F2 – hybriden nemen het over



Conclusies /1

- Meervallen in Westeinderplassen duidelijk van verschillende herkomsten
 - Discrete verschillen in niveaus van gerelateerdheid en inteelt
 - Discrete herkomsten – bevestigd door mt genomes
- De relictten zijn de meest ingeteelde meervallen
 - Draagcapaciteit 100-200 grote adults
- Variatie in grote meerderheid van dieren te verklaren als product van recente hybridisatie
- Er zijn tenminste 3 migraties geweest



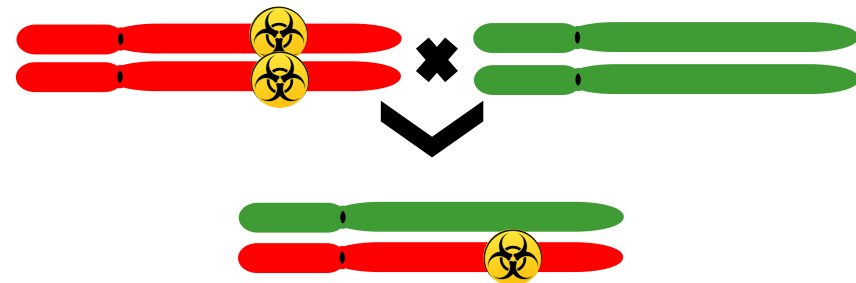
Conclusions /2

- Hybridisaties zijn recent, en relicten, F1s, en F2/F2+ meervallen zijn allemaal nog aanwezig
 - Correlaties met lengte/leeftijd
 - De relicten dragen in hoge mate bij
 - **Maar: geen jonge relicten!**
- Mogelijk scenario:
 - Beperkt aantal migranten in ecosysteem vol met volwassen relicten
 - Hybriden deden het veel beter dan de relicten
 - Inteelt depressie zichtbaar gemaakt?
 - Verminderde vruchtbaarheid waarschijnlijk gevolg van inteelt



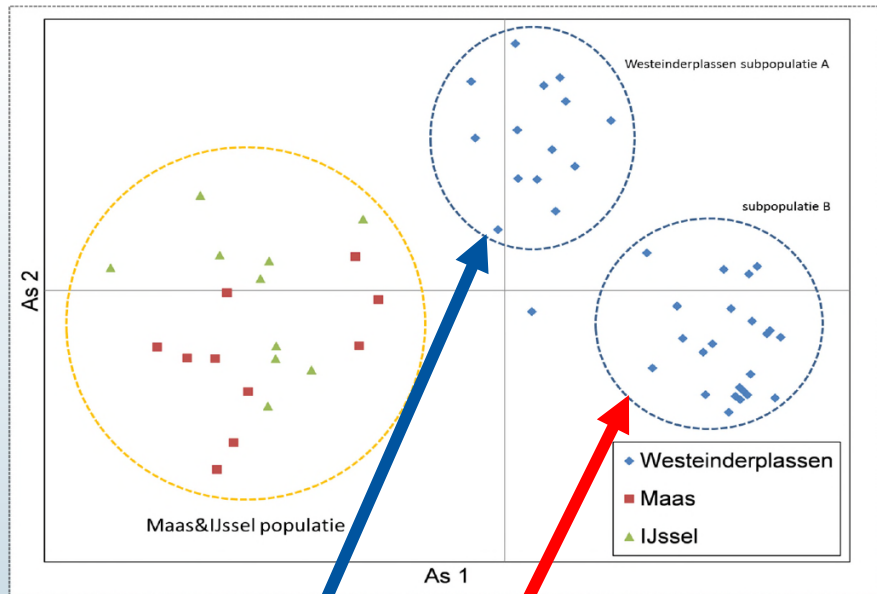
Beheer van de Westeinder meervallen

- De oorspronkelijk vorm van de oude Westeinder meervallen
 - Is dat erg?
- Overgrote deel van de populatie bestaat uit migranten
- Er is weinig zicht op de genetische diversiteit
- De relictten worden ingekruist met nieuwe Westeinder meervallen
- Is hier sprake van per ongeluk 'genetic rescue'?



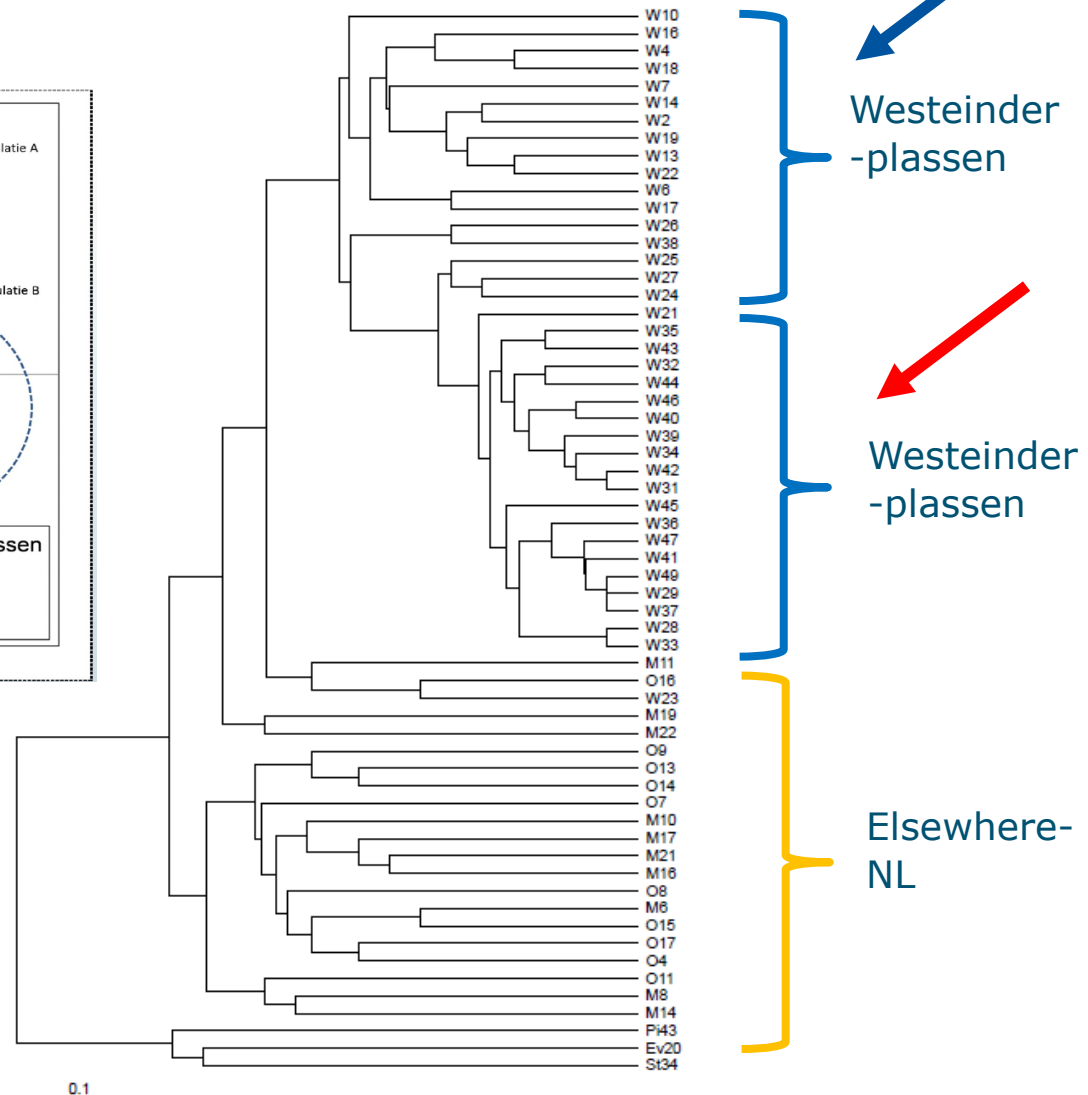
Postscript - Vergelijking microsatelliet resultaten van 10 jaar geleden

PCA-plot verwantschap meervalpopulaties



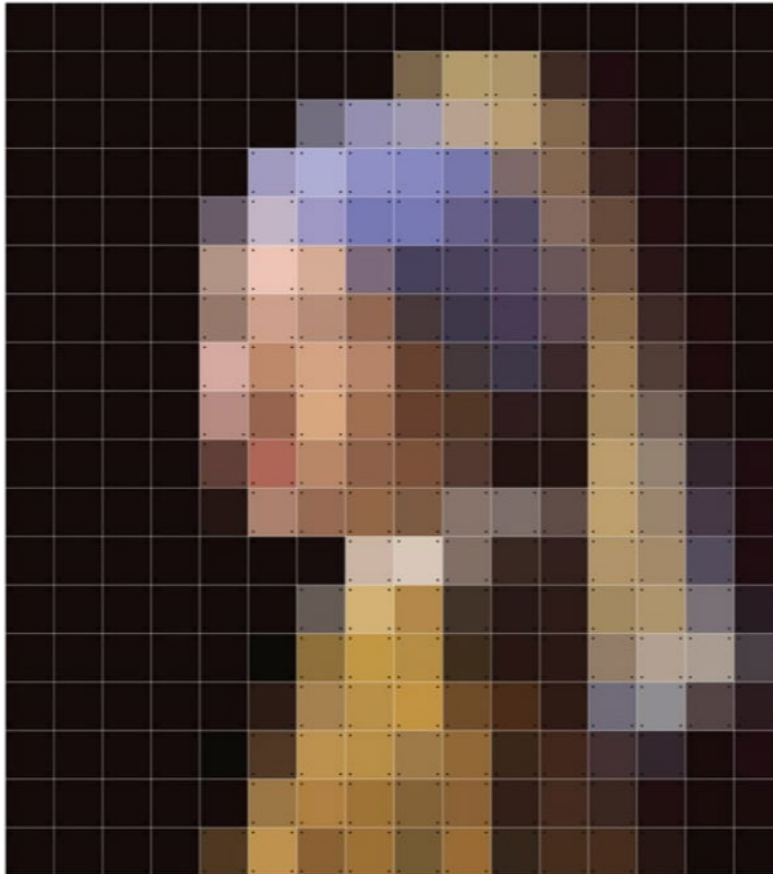
Relics?

First generation hybrids? F1?



More Markers Matter: oplossend vermogen

DNA sequencing van complete genomen maakt het mogelijk om complexe demografische processen te reconstrueren uit een beperkt aantal dieren.



Hoe meerval in de Westeinderplassen vervaagt

Uitdoving van een relictpopulatie

Meervallen kunnen niet alleen erg groot worden. Ook kunnen ze een hoge leeftijd bereiken.

De Europese meerval (*Silurus glanis*) is de grootste Nederlandse zoetwatervis. De soort komt in Nederland al zeker vanaf de middeleeuwen voor en opgravingen van botresten laten zien dat de meerval zelfs al 5.500 tot 2.000 jaar geleden in onze streken bestond. In de tweede helft van de vorige eeuw nam de populatie echter sterk af. Tot begin jaren '90 werd aangenomen dat er alleen in het Haarlemmermeergebied een stabiele relictpopulatie voor kwam.

TEKST
Hendrik-Jan Megens, Wageningen University & Research (Animal Breeding & Genomics)
Bert Dibbets, Wageningen University & Research (Animal Breeding & Genomics)
Reindert Nijland, Wageningen University & Research (Marine Animal Ecology)
Remko Verspui, Sportvisserij Nederland
Jan Kamman, Sportvisserij Nederland
Bart Schaub, Hoogheemraadschap Rijnland
Mike Dijkstra, Hoogheemraadschap Rijnland

ILLUSTRATIES
Janny Bosman en Wageningen University & Research

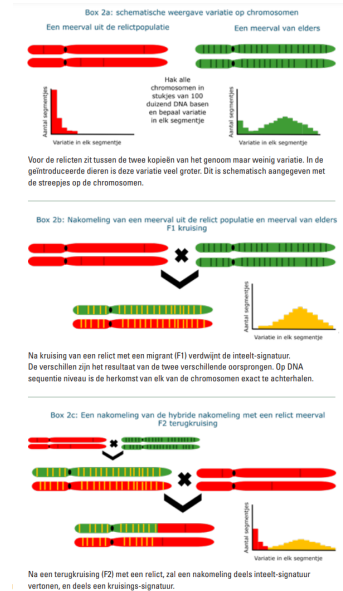


WAGENINGEN UNIVERSITY
WAGENINGENUR



Onbedoeld herstel van genetische diversiteit

De negatieve gevolgen van inteelt laten zich vooral zien wanneer dieren in directe competitie gaan met soortgenoten. Soortgenoten die mogelijk genetisch vitaler zijn (hybriden ten opzichte van relictindividuen) bezitten wellicht ook nog andere eigenschappen, zoals een snellere groei. In de hybriden is het inteelt probleem direct opgelost. Defecte genen worden dan gecompenseerd door een goede kopie afkomstig van een ouder van elders. Dat is waarschijnlijk het geval bij de meervalpopulatie van de Westeinderplassen: de hybriden lijken het meer dan uitstekend te doen. In de genetica van populatiebehoud wordt dit principe soms bewust toegepast: een inteeltpopulatie kan worden 'gered' door te kruisen met een andere populatie. In gevallen waarin deze 'genetic rescue' is toegepast doen de hybriden het beter dan beide ouderpopulaties. Dit effect van 'hybrid vigor', verlost de nakomelingen van inteelt in de ouderpopulatie.



Het onderzoek toont aan dat de relictpopulatie uit de Westeinderplassen echt zeer uniek was.

Uitdoven relictpopulatie

Het onderzoek toont aan dat de relictpopulatie uit de Westeinderplassen echt zeer uniek was. Mogelijk vertegenwoordigt deze populatie zelfs relict uit de ijstijd. In de rest van West-Europa is dit relict uitgestorven. De analyse laat zien dat er op dit moment nog een beperkt aantal oorspronkelijke relictindividen rondzwemmen. En onze analyse laat ook zien dat er enkel aanwas lijkt te zijn van hybriden. Dit heeft als consequentie dat de oorspronkelijke relictpopulatie op termijn zal gaan uitsterven. Het kan nog tientallen jaren duren voor de laatste relictten zijn verdwenen, meervallen kunnen namelijk zeer oud worden. Met de genetische informatie die nu voorhanden is kan met DNA markers het verloop van dit proces routinematig worden gevolgd.

Verborgen genetische herkomst

Zonder gericht populatiebeheer zullen de relictten uitsterven. Maar toch niet helemaal. De relictten zullen voortleven als een uniek onderdeel van het genoom in een nieuwe Westeinderplassen-populatie, een vorm van mix van oud en nieuw. Met de beschikbare genetische tools wordt het wellicht mogelijk deze verborgen genetische herkomst een grotere kans te bieden om te blijven bestaan. Hiervoor is de plaats komt mogelijk een vitalere meervalpopulatie die een belangrijke rol in het voedselweb zal gaan spelen van de Westeinderplassen en de gebieden eromheen.

Acknowledgments

- Theo Rekelhof, Kudelstaart



- Sportvisunie

- Remko Verspui
- Jan Kamman
- Niels Brevee



- Hoogheemraadschap Rijnland
 - Mike Dijkstra
 - Bart Schaub



- Wageningen University
 - Bert Dibbits (ABG)
 - Kimberley Laport (ABG)
 - Reindert Nijland (MAE)
 - Mirte Bosse (ABG/VU)

ONDERZOEK EN BEHEER

TEKST

Kerngroep Genetische Atlas <zie kader>

ILLUSTRATIES

Jelger Herder, Shutterstock, Róislav Stefanek en Ingrid Tulp

Van vin tot variatieatlas

**Genetische visatlas zorgt voor doorbraak
in visbeheer en -beleid**



WAGENINGEN UNIVERSITY
WAGENINGEN UR

4 December symposium "Genetische Visatlas"

Locatie: Wageningen
Aanmelden nog mogelijk

landse zoetwatervissen te komen.

Tool voor beheer en beleid

Water- en natuurbeheerders werken met biodiversiteitsindicatoren, gegevens uit het veld die iets zeggen over de staat van de natuur. Tot nu toe ontbreekt daar echter één belangrijke bouwsteen aan, namelijk de informatie over genetische variatie binnen en tussen populaties. De reden is simpelweg omdat zulke gegevens nog nauwelijks beschikbaar zijn. In diverse internationale verdragen, zoals het VN-Biodiversiteitsverdrag, zijn echter expliciete doelen opgenomen om de genetische diversiteit binnen populaties van wilde en gedomesticeerde soorten te behouden. De belangrijkste reden hiervoor is dat genetische diversiteit een cruciale factor vormt in het vermogen tot aanpassing en

Over het genoom van de
Europese meerval is inmiddels veel bekend.

Kerngroep Genetische Visatlas

Dit artikel is tot stand gekomen dankzij de bijdragen van de Kerngroep Genetische Visatlas.

De genetische visatlas is een initiatief van Wageningen University & Research, RAVON, Sportvisserij Nederland, Radboud Universiteit en het Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek (INBO).

Dit team streeft naar een 'Open science for nature conservation'. Iedereen die de wetenschappelijke standaarden en natuurbeheerdoelstellingen onderschrijft is welkom om aan te sluiten. Op 4 december 2025 zal er over dit onderwerp een symposium in Wageningen worden georganiseerd. Aankondiging volgt via het Vissennetwerk.

De kerngroep bestaat uit de volgende personen: