

Het zit allemaal in de genen...

*Lonesome George,
de enige overlevende van zijn
subsoort!*
© Patrick Gallitz, 2005

George voelt zich zo vreselijk eenzaam...

George is een reuzenschildpad, zo'n honderd jaar oud, afkomstig van het eiland Pinta in het noorden van de Galápagos-archipel. Hij behoort tot de ondersoort *Geochelone nigra abingdoni*, waarvan hij nu nog de enige bekende vertegenwoordiger is. Ondanks alle onderzoeksinspanningen is er inderdaad geen andere soortgenoot gevonden op Pinta. Daarom wordt de schildpad *Lonesome George* (Eenzame George) genoemd. De soortgenoten van George werden in de 19^{de} eeuw uitgeroeid door zeelieden die op de Galápagos-eilanden aan land gingen. Ze namen de schildpadden mee als levende voedselvoorraad. Toen de lokale reptielen zeldzaam begonnen te worden, hebben de zeelieden geiten uitgezet op Pinta als alternatieve voedingsbron. Deze hebben de vegetatie geheel weggegraasd voor de neus van de laatste schildpadden.

Dit is het duidelijkste voorbeeld van hoe een organisme door menselijk ingrijpen wordt gedoemd tot uitsterven. Op dit ogenblik hebben menselijke activiteiten tal van populaties uitgeroeid tot het aantal individuen zo klein wordt dat hun overleving onzeker is. Behalve de onmiddellijke demografische en ecologische gevaren die druk uitoefenen op kleine populaties, wordt het behoud ervan op lange termijn ook bedreigd door een ander verschijnsel: het verlies van genetische diversiteit.

Genetische diversiteit: waarom?

Elk individu heeft een aantal genen die de soort kenmerken waar hij toe behoort. Alle individuen van eenzelfde soort zijn echter niet identiek: ze verschillen in kleur, grootte, weerstand tegen sommige ziekten,... naargelang de genen die ze van hun ouders hebben gekregen. Elk individu erft van zijn ouders eigenlijk een uniek aantal allelen (een combinatie van twee allelen - één van de moeder en één van de vader - voor elk gen) en dit is zijn eigen genetische erfgoed.

Binnen populaties is er een hoge genetische diversiteit: dit is de basis van het aanpassingsvermogen en van de evolutie. Hoe meer genetische variabiliteit er is binnen een populatie, hoe meer kans er bestaat dat sommige leden in staat zijn om zich aan te passen aan een verandering in hun leefmilieu (klimaat, vervuiling, epidemie, ...) en dat zo de overleving van de populatie wordt verzekerd. Als de genetische diversiteit en de omvang

van een populatie echter sterk dalen, wordt de kans dat er enkele individuen tussen zijn die zich kunnen aanpassen aan nieuwe levensomstandigheden aanzienlijk kleiner. De overleving van de groep is dan afhankelijk van de stabiliteit in de leefomgeving.

Geringe genetische diversiteit: een risico voor de overleving van kleine populaties

Als een populatie inkrimpt, gaat dit meestal gepaard met het verlies van een aantal allelen die aanwezig waren in de initiële bevolking en die, door het toeval of door selectie, niet meer terug te vinden zijn in de uiteindelijke populatie. In kleine geïsoleerde populaties wordt het risico van verlies van genetische diversiteit nog eens versterkt door twee verschijnselen:

- genetische drift of het toevallige verlies van bepaalde genen tussen opeenvolgende generaties;
- bloedverwantschap of kruisingen tussen verwante individuen zoals broers/zussen, ouders/kinderen, neven/nichten, ...

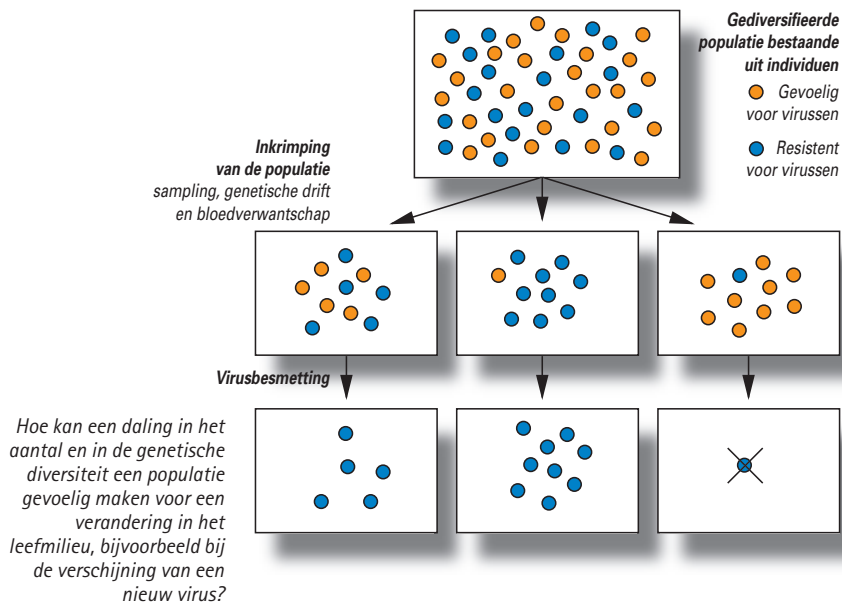
Deze twee verschijnselen, die nog sterker worden naarmate de populatie krimpt, verkleinen de genetische diversiteit op twee manieren:

- door verlies van allelen;
- door de toename van homozygoten (aantal genen waarvoor de allelen van de moeder en de vader identiek zijn voor een individu).

Verlies van genetische diversiteit heeft uiteenlopende gevolgen voor een populatie. Over het algemeen vermindert een teloorgang van de genetische diversiteit het aanpassingsvermogen van populaties aan toekomstige veranderingen in het leefmilieu. Met name de verarming tot een eenzijdig immuunsysteem van de individuen in een populatie maakt deze kwetsbaarder voor infecties door ziekteverwekkers. Bovendien bevordert de stijging in het aantal homozygoten het uitbreken van recessieve ziekten (die alleen tot uiting komen als zowel het allel van vader en moeder de ziekte dragen). Deze aan-
doeningen zijn meestal zeer zeldzaam in genetisch diverse populaties.

Behalve de onmiddellijke demografische en ecologische gevaren die druk uitoefenen op kleine populaties, wordt het behoud ervan op lange termijn ook bedreigd door een ander verschijnsel: het verlies van genetische diversiteit.





De weerslag van een kleine genetische variabiliteit op de leefbaarheid van wilde populaties is vaak moeilijk in te schatten. Sommige soorten, zoals de zeeolifant, hebben een zeer geringe genetische diversiteit. De mens heeft gejaagd op deze zeezoogdieren tot ze bijna uitgeroeid waren en de huidige populaties zijn gegroeid uit de enkele overlevenden van deze massaslachting. De “genetische flessenhals” heeft geleid tot een willekeurig verlies van talrijke allelen, maar de huidige populaties lijken niet te lijden onder dit gebrek aan diversiteit. Voor een aantal katachtigen is de toestand helemaal anders. De panters uit Florida, die uitgeroeid waren tot minder dan 30 volwassen exemplaren, vertonen een uiterst kleine genetische variabiliteit. Bij deze individuen ging het zwakke voortplantingsvermogen gepaard met een zeer slechte kwaliteit van het sperma: 95% van de spermatozoiden in het ejaculaat zijn misvormd! Bovendien is de incidentie van cryptorchisme, een zeldzame erfelijke afwijking, bij mannetjes gestegen van 0 tot 80% in de loop van de voorbije 15 jaar. Bij de luipaarden is een hele populatie bijna uitgeroeid in de staat Oregon door een virusepidemie. Dit werd in verband gebracht met een totaal gebrek aan variabiliteit in sommige moleculen die een cruciale rol spelen in de eliminatie van ziekteverwekkers door het immuunsysteem.

Uit deze enkele voorbeelden blijkt dat een kleine genetische variabiliteit op korte termijn niet noodzakelijk een bedreiging hoeft te zijn: populaties kunnen overleven met een vrij geringe genetische diversiteit. Maar op min of meer lange termijn hangt een geringe diversiteit als een zwaard van Damocles boven het hoofd van deze soorten, vooral als hun aantal al zeer klein is.

Bewust van het gebrek aan genetische diversiteit voor bedreigde populaties heeft professor Michel Milinkovitch van het laboratorium voor evolutiegenetica van de *Université Libre de Bruxelles* meegewerkt aan

het programma voor het behoud van de landschildpad *Geochelone nigra hoodensis*, een ondersoort die nog verwantschap vertoont met *Lonesome George*. Deze soort komt alleen voor op het eiland Española in de Galápagos. Net als op het eiland Pinta is het aantal schildpadden op Española door de menselijke tussenkomst gedaald van meer dan 3.000 tot 14 exemplaren (twee mannetjes en twaalf wijfjes) in 1965. Op dat moment werd het uitblijven van voortplanting op het eiland vastgesteld, en werd er een voortplantingsprogramma in gevangenschap opgezet. Het succes is duidelijk: er zijn nu meer dan 1.500 schildpadden in gevangenschap geboren en teruggebracht naar Española, waar ze zich beginnen voort te planten. De toestand is echter nog niet zo rooskleurig. Het team van professor Milinkovitch heeft aangetoond dat niet alle schildpadden uit het voortplantingsprogramma op dezelfde manier hadden bijgedragen tot de nieuwe generatie. De wedersamengestelde populatie heeft dus te maken met problemen van bloedverwantschap (Milinkovitch et al. 2004).

Wordt het genetische erfgoed van kleine wilde populaties bedreigd door variëteiten die de mens heeft ingevoerd?

Als inheemse soorten in contact komen met varianten die door de mens worden geselecteerd of geïmporteerd, ontstaat er een risico van hybridisatie. De genen van de ene variëteit dringen dan door in het genetische erfgoed van de andere variëteit. Dit risico vergroot naarmate de wilde populatie kleiner is ten opzichte van het aantal geïmporteerde individuen (verdunningseffect). De gevolgen van hybridisatie zijn het geleidelijke verlies van wilde allelen, die worden vervangen door de nieuwe allelen. Dit kan leiden tot een verzwakking van het aanpassingsvermogen van de populaties aan lokale omstandigheden en tot een algeheel verlies van genetische diversiteit voor de hele soort.

Twee projecten gefinancierd door het Federaal Wetenschapsbeleid in het kader van het Plan voor wetenschappelijke ondersteuning van een beleid gericht op duurzame ontwikkeling houden zich bezig met de gevolgen van de genetische verdringing op dieren- en plantenpopulaties.

Het eerste project (APPLE) bestudeert een wilde appel *Malus sylvestris*, een soort die in België alleen nog wordt vertegenwoordigd door een klein aantal zeer kleine populaties die van elkaar geïsoleerd zijn. Buiten de problemen die verband houden met de omvang van deze populaties, is er nog een ander gevaar voor de wilde appel: het verlies van zijn genetische identiteit door hybridisatie met appelvariëteiten die op grote schaal worden gekweekt (*Malus x domestica* die voortkomt uit



© S. Lemaire

natuurlijke en complexe hybridisatie tussen tal van appelsoorten uit Azië en Midden-Europa). De eerste gegevens van deze studie wijzen uit dat in de Waalse bossen 24% van de “wilde” appelbomen eigenlijk hybriden zijn, tegen slechts 4% in de Deense bossen (Els Coart, persoonlijke mededeling).

Het andere project (FISHGARD) bestudeert de weerslag van het uitzetten van vis in onze rivieren op de inheemse populaties van de beekforel (*Salmo trutta fario*). Forellen afkomstig uit visvijvers (met een veelal onzekere genetische afkomst) werden massaal losgelaten in onze waterlopen op vraag van visclubs. De eerste resultaten van deze studie (Cornille et al., manuscript in voorbereiding) zijn niet zeer geruststellend. Het blijkt

Het behoud van de genetische integriteit van de Malus sylvestris ligt niet enkel in het behoud van de biodiversiteit, sommige genen van deze soort kunnen gebruikt worden om nieuwe kweekvariëteiten te verbeteren.

dat de gekweekte forel zich goed aanpast aan onze rivieren en kruist met de wilde forel. Dit verandert de genetische identiteit en brengt de overleving van de wilde forelpopulaties in gevaar. Het project FISHGUARD besteedt ook aandacht aan het effect van een andere menselijke activiteit die het visbestand in onze rivieren bedreigt: de bouw van obstakels in de waterlopen, zoals dammen. Deze fysieke barrières beperken de migratie van vissen tussen de verschillende delen van een waterloop en beperken zo de mogelijkheden voor genetische uitwisseling tussen deze subpopulaties. Het gevolg is een geleidelijk verlies van genetische diversiteit en een verhoogd risico op lokaal uitsterven.

Genetische diversiteit: onontbeerlijk...

De genetische diversiteit is de basis van het aanpassingsvermogen van populaties en soorten aan nieuwe situaties. In de huidige context, waar het leefmilieu vaak met een razend tempo verstoord wordt door menselijke activiteiten (opwarming van de aarde, vervuiling, ontbossing,...), moet het behoud van genetische diversiteit dus beschouwd worden als een prioriteit in de programma's voor natuurbehoud, in het bijzonder voor soorten waarvan de populaties demografisch en ecologisch al zwak staan.

E.Ba.



Project APPLE: Studie van de diversiteit van de appelboom: behoud en duurzaam gebruik van genetische bronnen (Katholieke Universiteit Leuven, Centrum voor Landbouwkundig Onderzoek/Gent, Centre de recherches agronomiques/Gembloux, Nationale Boomgaardenstichting, Instituut voor Bosbouw en Wildbeheer en Centre de Recherche de la nature, de la forêt et du bois):

www.belspo.be > FEDRA > Onderzoeksacties > Global change, ecosystemen en biodiversiteit; PODO 2 > project EV 28

Contact: Professor Wannes Keulemans:
wannes.keulemans@ara.kuleuven.be

Project FISHGARD: Weerslag en herstel van menselijke activiteiten op visbestanden (Universiteit Antwerpen, Instituut voor Bosbouw en Wildbeheer, Katholieke Universiteit Leuven, Université Catholique de Louvain, Université de Liège):

www.belspo.be > FEDRA > Onderzoeksacties > Global change, ecosystemen en biodiversiteit; PODO 2 > project EV 31

Contact: Gudrun Deboeck:
gudrun.deboeck@ua.ac.be

M. C. Milinkovitch, D. Monteyne, J. P. Gibbs, T. H. Fritts, W. Tapia, H. L. Snell, R. Tiedemann, A. Caccone, & J. R. Powell, Genetic analysis of a successful repatriation program: Giant Galápagos tortoises, *Proceedings of the Royal Society, London B*, 271: 341-345 (2004)