

Genetisch onderzoek van zoetwatervissen ten dienste van natuurbeheer

Zoetwatermilieus zijn kwetsbare ecosystemen die door toedoen van de mens vaak aan natuurwaarde inboeten. De eerst opgemerkte slachtoffers zijn meestal vissen. Natuurherstelprogramma's richten zich op habitattherstel en verbetering van de paai- en migratiemogelijkheden. Het kostenplaatje ligt echter hoog, en tegelijk moeten bekkenbeheerders rekening houden met andere aspecten van waterbeheer, zoals transport, watervoorziening en waterveiligheid. Voor een doeltreffend en verantwoord natuurbeheer is een goede kennis van de populatiegenetica van zoetwatervissen nodig. Deze kennis heeft inmiddels geleid tot een beter begrip van de structuur van zowel gezonde, kwetsbare, verdwenen, opnieuw geïntroduceerde als exotische vispopulaties, en daarmee tot het opstellen van doeltreffende beheermaatregelen. Op termijn verdient populatiegenetisch advies een vaste plaats in een duurzaam visstands- en waterlopenbeheer.

Hoe is het gesteld met de Belgische en Nederlandse zoetwatervissen? Vanuit het oogpunt van instandhouding van soorten kunnen we vier groepen onderscheiden: 1) inheemse soorten die het goed doen, zoals de Driedoornige stekelbaars (*Gasterosteus aculeatus*) en Blankvoorn (*Rutilus rutilus*); 2) inheemse soorten die kwetsbaar zijn en door toedoen van de mens zeldzaam zijn geworden, zoals Beekforel (*Salmo trutta*) en Rivierdonderpadden (soorten van het geslacht *Cottus*); 3) inheemse soorten die verdwenen zijn, zoals Atlantische zalm (*Salmo salar*), of die intussen opnieuw

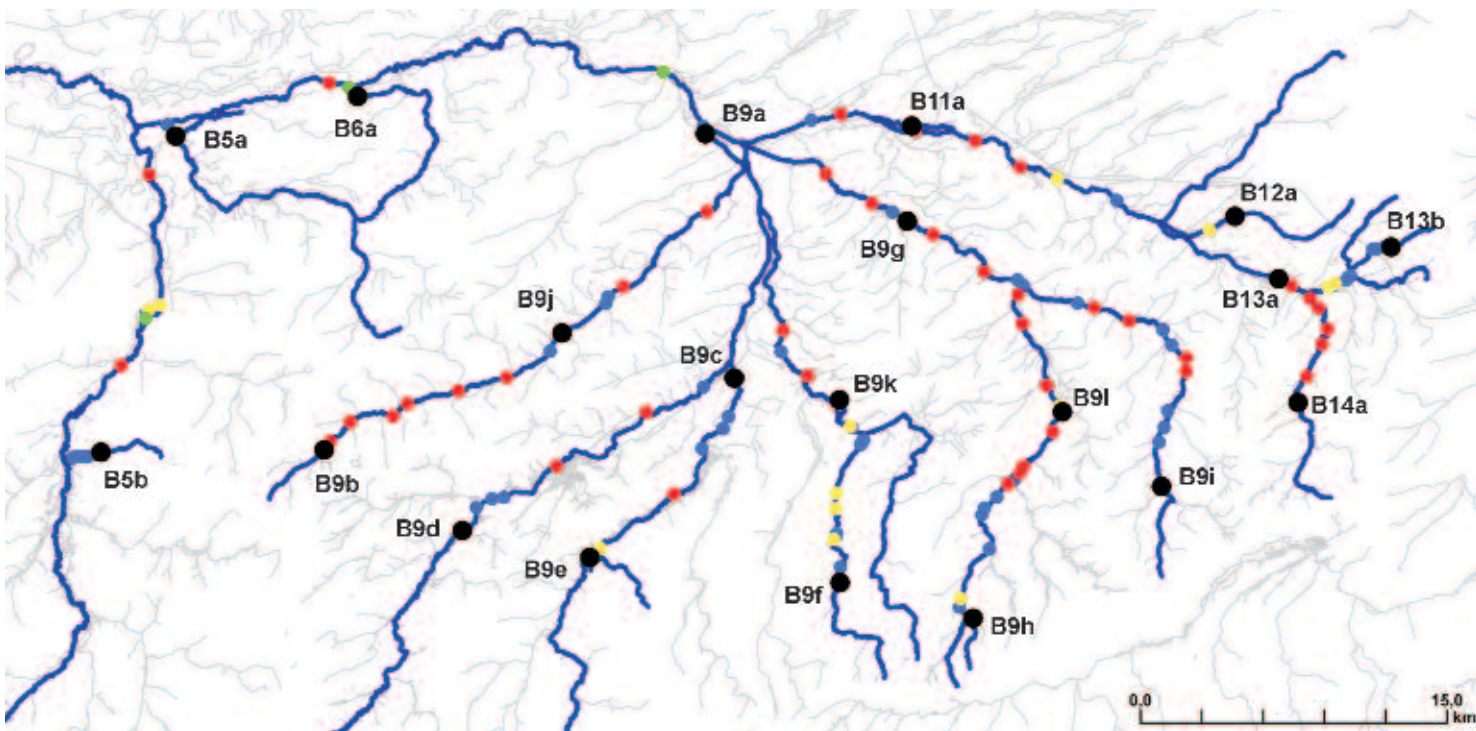
geïntroduceerd zijn, zoals Kwabaal (*Lota lota*); en 4) exoten, zoals Blauwbandgrondel (*Pseudorasbora parva*). Elk van deze groepen kent zijn eigen mogelijkheden en problemen ten opzichte van het gevoerde beheer. Bij het opstellen van beheermaatregelen kan populatiegenetica haar nut bewijzen door informatie te verschaffen over onder meer historische oorsprong,

apart te beschouwen evolutionaire eenheden, uitwisseling tussen populaties en knelpunten voor migratie. Dit wordt voor elke groep uiteengezet. We besluiten met een aantal algemene beschouwingen over de inpassing van genetische inzichten in het beheer van zoetwatervissen.

1. Vissen die het goed doen

Sommige vissoorten stellen minder hoge eisen aan waterkwaliteit. Een voorbeeld is de Driedoornige stekelbaars, die bijna in elk water wordt aangetroffen en over een opmerkelijk aanpassingsvermogen beschikt. In rechtgetrokken beken met een te hoge stroomsnelheid maakt dit visje handig gebruik van het zwerfveuil, tegengehouden door bijvoorbeeld een verroeste fiets, om beschutting te zoeken. De verwante Tiendoornige stekelbaars (*Pungitius pungitius*) doet het nog beter als het aankomt op het verdragen van lage zuurstofconcentraties. Waar het water ooit te vervuild was, keren beide soorten als eersten

Fig. 1. Staalnameplaatsen van 20 populaties van de Driedoornige stekelbaars (*Gasterosteus aculeatus*) in het Dijle-Demerbekken dat bezaaid ligt met vismigratieknelpunten. Zo tellen we 46 watermolens (rood), 47 stuwen en dammen (blauw), 14 tunnels (geel) en 4 sluizen (groen). Allemaal samen hebben deze migratieknelpunten een negatieve invloed op de uitwisseling van genetisch materiaal tussen populaties (Raeymaekers et al., 2008). De invloed van stuwen en dammen was hierbij het grootst.



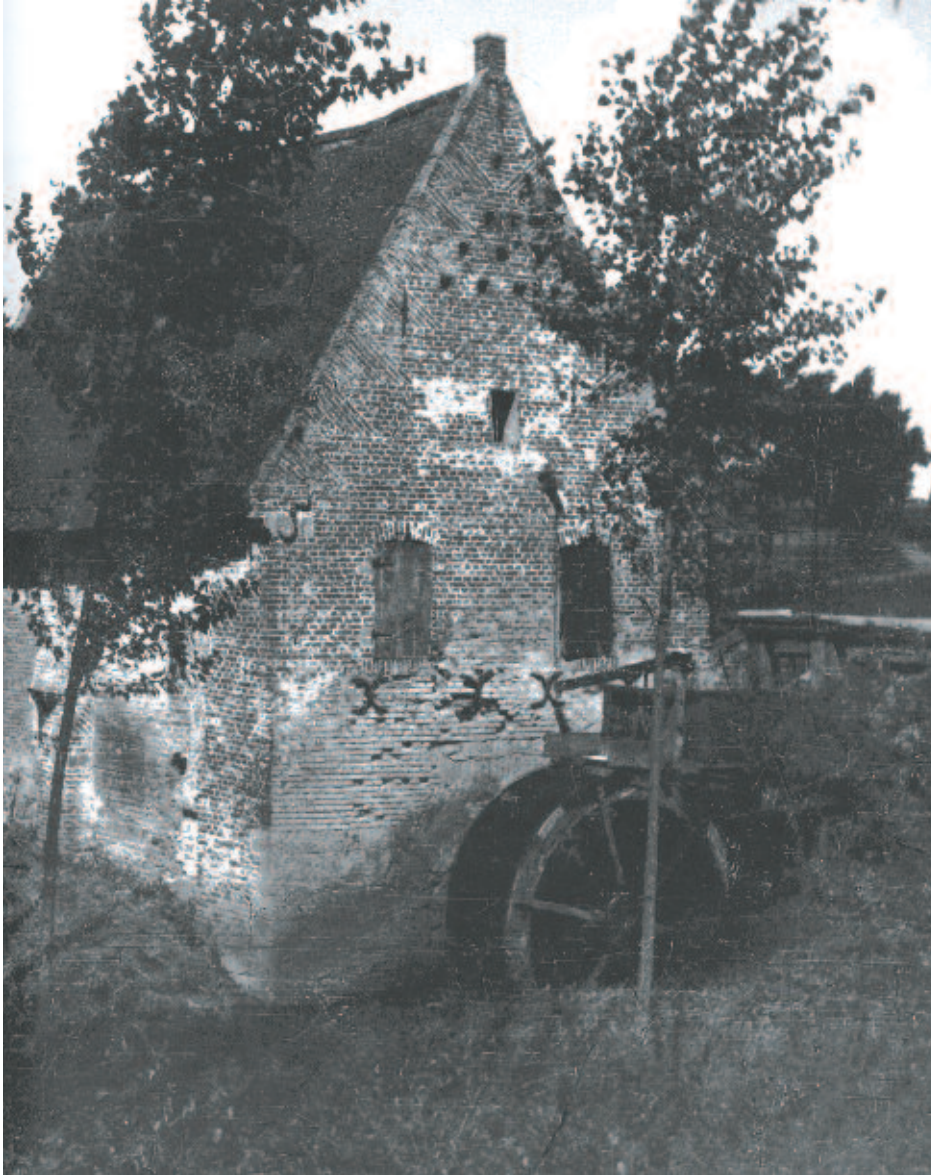


Foto 1. De Temeuse molen in het Zwalm-bekken, hier afgebeeld in 1935, werd gebouwd vóór 1690 (bron: Centrum voor Streekgeschiedenis, Zottegem).

terug zodra de waterkwaliteit verbetert. Toch is het onjuist te beweren dat deze soorten vrij zijn van nefaste menselijke invloeden. Ten eerste gebeurt het nog veel te vaak dat geen van beide soorten voorkomen (trouwens geen enkele andere soort); op zulke plaatsen zijn er doorgaans ernstige problemen met de waterkwaliteit. Ten tweede liggen de Belgische en Nederlandse waterlopen bezaaid met vismigratieknelpunten die de verplaatsingen van vissen belemmeren. Het gaat hier vooral om watermolens, pompgemalen en stuwen (voor een overzicht zie www.vismigratie.be voor Vlaanderen en www2.vismigratie.nl voor Nederland). Ook soorten zoals de stekelbaars zullen daar hinder van ondervinden. Maar hoe sporen we dit op? Net hier komt populatiegenetica goed van pas. In het Demer-Dijlebekken neemt genetische variatie bij de Driedoornige stekelbaars sterk af van de monding naar de bron, en dit is grotendeels te wijten aan vismigratieknelpunten (Raeymaekers et al., 2008; fig. 1): vissen kunnen immers wel stroomafwaarts meedriften, maar geraken niet meer stroomop voorbij een knelpunt. Een gelijkaardige studie op stekelbaarzen in het Zwalm-bekken identificeerde zelfs de

sterkte van elk knelpunt voor dit proces (Raeymaekers et al., 2009; fig. 2 & foto 1). De gevolgen van het barrière-effect zijn sterker in de bovenlopen, waar procentueel het grootste verlies aan genetische variatie wordt vastgesteld. Dat komt doordat de 'effectieve populatiegrootte' (begrippenlijst) er van nature laag is, en verlies van genetische diversiteit door toeval dus sneller verloopt. Kleine stuwen en onzorgvuldig aangelegde verstevigingen belemmeren de vrije migratie en isoleren daarmee de populaties zowel fysisch als genetisch. De combinatie van stressfactoren in de buurt (bijvoorbeeld door eutrofiëring, vervuilende stoffen of ongewone temperatuurschommelingen) en genetische isolatie kan de leefbaarheid van een populatie sterk doen afnemen. Naast stekelbaars is ook Blankvoorn een vrij algemene soort. Deze vis wordt echter sterk bevestigd, en om aan de vraag van hengelvissers te voldoen is het gangbaar om de natuurlijke populaties aan te vullen met pootvis uit kweekpopulaties. Onderzoek in België wijst uit dat de gekweekte Blankvoorns zelden tot dezelfde genetische (fylogeografische) lijn behoren als de natuurlijke populaties (Larmuseau et al.,

2009). Op die manier sluipen er genetische varianten in de natuurlijke populatie die mogelijk niet goed zijn aangepast aan de plaatselijke omstandigheden. De gevolgen hiervan kunnen op twee manieren nadelig zijn. Als de overleving van de uitgezette vissen zeer laag is, dan zijn de bepotingen geld- en tijdverspilling, want ze zullen nooit de natuurlijke populatie versterken. Als de uitgezette individuen zich enigszins kunnen vestigen en zich inkruisen in de natuurlijke populatie, dan kan deze laatste juist verzwakken. Het omgekeerde is echter ook mogelijk, namelijk dat door een verhoging van de genetische variatie lokale populaties versterkt worden, of dat er geen merkbaar effect van is. Geen van deze hypothesen is echter al voldoende bestudeerd om hierover gefundeerde uitspraken te doen, waardoor het voorzichtigheidsprincipe stelt dat inkruising van uitheems DNA best vermeden wordt.

We besluiten dat de genetische populatiestructuur van de zogenaamde 'soorten die het goed doen' volledig kan hertekend worden door menselijke factoren, zoals migratieknelpunten of bepoting. En ook al zijn deze soorten misschien niet rechtstreeks

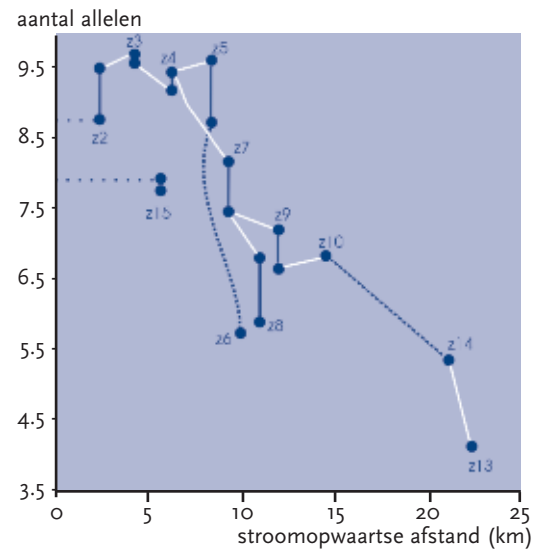


Fig. 2. Genetische variatie in populaties van Driedoornige stekelbaars in functie van de stroomopwaartse afstand in het Zwalm-bekken. Globaal is er een duidelijke daling waar te nemen, vooral ter hoogte van de watermolens (volle zwarte lijnen, in het bijzonder bij watermolen z5, z7, z8 en z9) en ter hoogte van andere migratieknelpunten (onderbroken zwarte lijnen). Watermolen z5 is de Temeuse molen (bron: Raeymaekers et al., 2009).

in gevaar, het is belangrijk om te weten welke menselijke verstoringen hen treffen. Aanwezigheid stemt niet noodzakelijk overeen met sterke populaties.

2. Kwetsbare vissen

Deze soorten stellen hoge eisen aan de kwaliteit van water en habitat, en daardoor zijn ze op verschillende plaatsen ook verdwenen. Voor deze groep is de onderzoekstak van de 'conservatie-genetica' initieel in het leven geroepen. Deze discipline tracht, met behulp van populatiegenetische technieken, de soortstatus, verbondenheid, verwantschapsgraad en grootte van de bedreigde populaties in te schatten, met als doel onderbouwde beschermingsmaatregelen te nemen.

In België is de best bestudeerde soortgroep in deze categorie de Rivierdonderpad (*Cottus* spp.; foto 2). Rivierdonderpad komt voor in stromend, zuurstofrijk water met overhangende oevers of steenslag. In een eerste stap werd voor de Rivierdonderpad onderzocht welke grote genetische groepen er bestaan in Europa (Volckaert et al., 2002) en welke daarvan vertegenwoordigd zijn in België (Volckaert et al., 2002; Knapen et al., 2003). Verrassend genoeg bleken de genetische verschillen groot genoeg om te kunnen spreken van verschillende soorten in het Scheldebekken (*C. perifretum*) en het Maas- en Rijnbekken (*C. rhenanus*). *C. perifretum* blijkt bovendien bezig aan een opmars in het Rijnbekken en vormt via hybridisatie daar een bedreiging voor *C. rhenanus* (A. Nolte, pers. comm.). Verder is één van de populaties ten zuiden van Brussel afkomstig uit Oost-Europa, vermoedelijk als gevolg van een toevallige co-introductie met opzettelijk uitgezette Beekforel (Knapen et al., 2003).

In een tweede stap werden de meest kwetsbare populaties geïdentificeerd. In België vertonen de meeste populaties een zeer lage genetische variatie, die bovendien gekoppeld is aan de omvang van het beschikbare habitat (Knaepkens et al., 2004). De kleinste populaties in de bovenlopen van de Zwalm (Scheldebekken) vertonen nauwelijks genetische variatie en leven geïsoleerd. Bovendien is de fysieke toestand van deze dieren lager dan in genetisch meer diverse populaties (Knaepkens et al., 2002). Bij de in groep 1 vermelde stekelbaarzen waren de migratieknelpunten in deze rivier verantwoordelijk voor een halvering van de genetische variatie ten opzichte van de benedenloop.



Foto 2. De Rivierdonderpad (*Cottus perifretum*) verkiest dekking (foto: Guy Knaepkens).

Migratieknelpunten hebben dus naar alle waarschijnlijkheid ook bij de Rivierdonderpad geleid tot genetische isolatie, en daardoor (via inteelt) tot een verzwakking van de individuen. Concrete oplossingen om de populaties te versterken omvatten een verdere verbetering van de waterkwaliteit, de verbetering van de verbinding met de rest van het Scheldebekken of het uitzetten van individuen uit naburige populaties om de genetische variatie te verhogen (Knaepkens et al., 2004). Het belang van genetische variatie is duidelijk te merken aan de gezondheidstoestand van de vissen. Een andere kwetsbare soort is de Beekforel. Net zoals de Blankvoorn wordt de Beekforel sterk bevestigd en worden de natuurlijke populaties herbepoot met kweekvis. Een populatiegenetische studie (Van Houdt et al., 2005) wees uit dat Belgische kwekerijen daarvoor grotendeels gebruik maken van Belgische bronpopulaties. Dat is wenselijk, want herbepoelingen met lokale populaties hebben meer kans op succes, omdat deze populaties vaak het best zijn aangepast aan de heersende omstandigheden. Toch werden er hier en daar ook Oost-Europese genotypes geïdentificeerd (fig. 3). Net zoals voor de Rivierdonderpad betreft het wellicht toevallige introducties. Bovendien vertonen de stroomafwaartse populaties van de belangrijkste bijrivieren van de Maas opvallend weinig genetische verschillen. Vermoedelijk zorgen de regelmatige uitzettingen vanuit verschillende kwekerijen voor een sterke genetische uitwisseling en daardoor homogenisatie. Enkel in de bovenlopen komen nog populaties voor die oorspronkelijk

zijn; ze worden paradoxaal genoeg afgeschermd van de stroomafwaartse populaties door vismigratieknelpunten. Met het oogmerk op het behoud van de genetische integriteit van deze oorspronkelijke populaties is een behoud van deze knelpunten eerder wenselijk.

We besluiten dat signalen van menselijke verstoring zoals isolatie door migratieknelpunten, accidentele introducties en genetische homogenisatie door uitzettingen gemakkelijk terug te vinden zijn in de genetische structuur van kwetsbare vissoorten. Sommige van deze effecten zijn zelfs zo sterk dat er verbanden gevonden worden met gezondheidsindicatoren van de vissen, en dus een weerslag hebben op de leefbaarheid van de populaties op lange termijn.

3. Verdwenen en opnieuw geïntroduceerde vissen

Ooit zwommen er in de rivieren van de Lage Landen soorten die nu tot de verbeelding spreken of enkel nog in kwekerijen voorkomen: Atlantische zalm (*Salmo salar*), Fint (*Alosa fallax*), Europese meerval (*Silurus glanis*), Houting (*Coregonus oxyrinchus*), Kwabaal, Europese steur (*Acipenser sturio*) en Westatlantische steur (*A. oxyrinchus*). Als er meer werk wordt gemaakt van de waterkwaliteit en de sanering van vismigratieknelpunten, dan zal het mogelijk zijn bepaalde soorten opnieuw uit te zetten. Zo zijn er voor de Fint voorspellingen gemaakt wanneer de zuurstofconcentraties hoog genoeg zijn, opdat de soort zich terug zou kunnen voortplanten (Maes et al., 2008). Maar wat is bekend over welke soorten

vroeger voorkwamen? Van de Europese meerval weet men op basis van archeozoologisch onderzoek dat hij in onze contreien voorkwam tot in de Late Middeleeuwen (Van Neer & Ervynck, 2009). In het geval van de steur tracht men door een combinatie van onderzoek op visbotjes gevonden in archeologische sites (foto 3) en genetisch onderzoek op 'oud DNA' (DNA geïsoleerd uit deze archeologische vondsten) te achterhalen welke steursoort vroeger in Maas en Schelde voorkwam: *A. sturio* en/of *A. oxyrinchus*. Eenmaal deze kennis bestaat, kan gekeken worden welke van de bestaande steurpopulaties in Europa het meest verwant zijn met de verdwenen populatie, opnieuw door een vergelijking aan de hand van het DNA. Pas dan kan overgegaan worden tot herintroductie, in de wetenschap dat de slaagkansen door de keuze van de juiste soort en bronpopulatie optimaal zijn. Ook na een herintroductie moet de populatie opgevolgd worden. Het is immers belangrijk om te weten hoeveel individuen zich succesvol vestigen, en welke individuen zich succesvol voortplanten, en of dit volstaat voor een duurzaam behoud. Aangezien DNA gebruikt kan worden als een

individuele vingerafdruk, kunnen ook hier genetische analyses gebruikt worden om de verschillende individuen te onderscheiden of om ouderschapsanalyses uit te voeren. Er kan worden nagegaan of de genetische variatie van de geïntroduceerde populatie stabiel is in de tijd en hoe deze zich verhoudt tot de variatie in een gezonde natuurlijke populatie. In het ideale geval benadert de genetische structuur en variatie deze van natuurlijke populaties. De meest recente herintroducties in België zijn de Kopvoorn (*Leuciscus cephalus*; Coeck et al., 2000), een stroomminnende vis, en de Kwabaal, de enige zoetwaterverteenwoordiger van de kabeljauwachtigen (Coeck et al., 2008). Voor beide soorten wordt er door het INBO gewerkt aan een genetisch en ecologisch opvolgingsprogramma van de uitgezette populaties.

4. Exoten

Exoten zijn soorten die oorspronkelijk niet in hun huidig leefgebied voorkwamen. Door een samenloop van omstandigheden konden ze zich vestigen en in een beperkt aantal gevallen hun populaties sterk uitbreiden. Ook de populatiegenetische kennis van exotische vissoorten kan bijdragen

tot een meer onderbouwd natuurbeheer, bijvoorbeeld bij de bestrijding van deze soorten. In de Lage Landen zijn sommige exoten reeds lang ingeburgerd, zoals Karper (*Cyprinus carpio*), Zonnebaars (*Lepomis gibbosus*), Giebel (*Carassius gibelio*), en Bruine en Zwarte dwergmeerval (*Ictalurus nebulosus* en *I. melas*). Een recente introductie uit de jaren 1960 is de Blauwbandgrondel; de soort reisde mee met graskarperbroed uit China naar Oost-Europa, en vandaar met karperbroed naar West-Europa. Ze zijn vaak drager van een voor hen milde pathogeen, die voor Europese karperachtigen echter veel schadelijker is (Gozlan et al., 2005). Moeten we dus alle populaties van de Blauwbandgrondel beschouwen als een potentieel gevaar voor de inheemse visfauna? Het is immers mogelijk dat er verschillende introductiegolven zijn geweest, en dat we niet elke blauwbandgrondelpopulatie over dezelfde kam mogen scheuren. Een populatiegenetische studie biedt echter het antwoord: de oorsprong van alle blauwbandgrondelpopulaties in Europa is terug te brengen tot dezelfde introductiegolf in Oost-Europa (F. Volckaert, pers. comm.). Ze beschikken dus over een vergelijkbare genetische achtergrond, en wellicht ook over dezelfde resistentie tegen deze ziekte. Blauwbandgrondel zal dus waarschijnlijk overal gelijkaardige problemen veroorzaken. De invasie van deze soort is echter al zeer sterk gevorderd, terwijl de voortplantingscapaciteit dermate is dat bestrijding zeer moeilijk is zonder andere soorten aan te tasten (Britton et al., 2008). Voorkomen is dus beter dan genezen. Daarom is het belangrijk dat de herkomst van exoten getraceerd wordt (zie ook Mergeay et al., dit nummer) om snel in te kunnen grijpen in het invasieproces.

Besluit

Voor wie met een schepnet het water onderzoekt is het niet moeilijk te ontdekken dat het zoetwaterleven ernstig verstoord is. Wereldwijd tonen studies aan dat migratieknelpunten en de waterkwaliteit een nefaste invloed hebben op de groei, weerbaarheid en overleving van zoetwatervissen. Populatiegenetische studies bieden de nodige ondersteunende informatie om een diagnose te stellen en hieraan te verhelpen. Ze stellen ons in staat de soortstatus, connectiviteit, verwantschap en grootte van bedreigde populaties in te schatten. Deze kennis is nodig om juiste beheermaatregelen te nemen, en dit zowel voor robuuste, kwetsbare, ver-

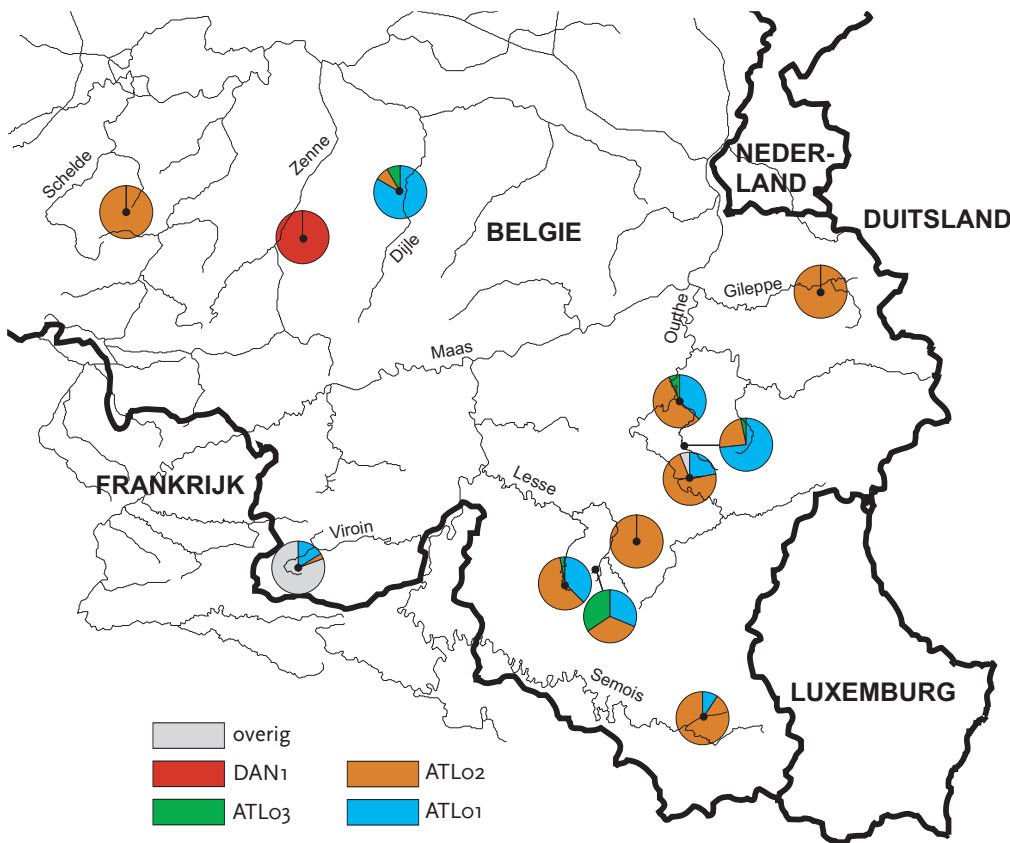


Fig. 3. Locaties en haplotyfefrequenties van 11 populaties van de Beekforel (*Salmo trutta*) in België. DAN1: haplotypes met een Oost-Europese origine, vermoedelijk geïntroduceerd; ATLO1-03: haplotypes van Atlantische origine, natuurlijk van oorsprong (Van Houdt et al., 2005).

dwenen, geherintroduceerde als exotische soorten. Eveneens wordt duidelijk dat een duurzaam beheer van waterlopen en visen niet gevoerd kan worden zonder ook de verschillende partners en gebruikers ervan (ruimtelijke ordening, waterbeleid, natuurverenigingen, hengelsportverenigingen, viskwekers, waterloopbeheerders...) hierbij te betrekken, omdat elke ingreep door één partij consequenties kan hebben voor alle andere partijen.

In België en Nederland is het hoopgevend dat steeds meer afvalwater gezuiverd wordt vooraleer het in grachten, beken en rivieren belandt. Op termijn betekent dus niet de waterkwaliteit, maar wel de versnippering van onze waterlopen door honderden migratieknelpunten, de belangrijkste hinderpaal voor het herstel van de visstand. Veel migratieknelpunten zijn in het leven geroepen om het gebruik van waterwegen te optimaliseren voor transport, watervoorziening en waterveiligheid. Deze functies in overeenstemming brengen met het herstel van de connectiviteit ten behoeve van het waterleven vormt een complex geografisch probleem. Een eerste stap naar een oplossing is om deze problematiek in kaart te brengen; hier bewijzen populatiegenetische studies hun nut. Eén van de belangrijkste bevindingen is dat vismigratieknelpunten vooral in de bovenlopen een afname van de genetische variatie bewerkstelligen en daarmee de kans op inteelt verhogen. Bij kwetsbare vissen – soorten die hoge eisen stellen aan de kwaliteit van water en habitat – kunnen deze effecten leiden tot verzwakking van de populaties. Soms komt het voor dat vismigratieknelpunten de oorspronkelijke lokale populaties afschermen van populaties uitgezet voor de visserij. Daarmee dragen ze bij tot het behoud van de genetische integriteit van de lokale vispopulaties. In dit geval is het raadzaam deze migratieknelpunten voorlopig in stand te houden en de lokale populaties goed op te volgen. Bij uitzettingen en herintroducties, of dit nu is voor natuurdoelstellingen dan wel voor andere gebruikers van aquatische natuur (bv. hengelsport), is het belangrijk de juiste of meest geschikte genetische lijnen te gebruiken. Dit vraagt om populatiegenetische analyses zowel voorafgaand als in opvolgstudies. Ten eerste, als er twijfel bestaat over de identiteit van de soort, dan is genetische identificatie noodzakelijk. Ten tweede is het ook belangrijk de genetische verwantschap van uitgezette dieren te beperken om inteelt te vermijden. Extreme

situaties zoals bijvoorbeeld uitzetting met broed van eenzelfde ouderpaar dienen vermeden te worden. Ten derde wordt het welslagen van herstelprogramma's te weinig opgevolgd. Genetische vangst-hervangst studies en ouderschapsanalyses kunnen uitwijzen welke individuen wel of niet overleven, en welke zich voortplanten. Het opvolgen van behoud of verlies aan genetische diversiteit in de doelpopulaties kan aanduiden of het programma al dan niet succesvol is en de oorzaken daarvan identificeren. Tenslotte, voor het natuurbeheer is ook genetische kennis van exotische vissoorten van belang, bijvoorbeeld om hun exacte oorsprong (waaronder de lokale vijverwinkel) te kunnen traceren, hun verspreidingspatronen te kunnen karteren en andere kenmerken van hun demografie en voortplantingswijze te bepalen. Om de introductie van nieuwe exoten te vermijden dient de soortstatus van pootvis met zekerheid gekend te zijn vooraleer over te gaan op uitzetting – wat de reden voor de uitzetting ook moge zijn. Genetische tests kunnen hier 100% uitsluitel bieden.

Bij dit alles hebben genetische studies de reputatie duur te zijn. Hier is het echter vooral de ontwikkelingsfase die een struikelblok vormt. Voor een nieuwe doelsoort moet immers vaak een nieuw panel van genetische merkers ontworpen worden en de kosten daarvan lopen aardig op. Deze inspanningen worden daarom best in de vorm van een internationale samenwerking gedaan en op basis van gemeenschappelijke beleidsplannen, bijvoorbeeld voor doelsoorten in de Benelux. Voor een eerder routinematige studie op regionaal niveau, zoals een analyse van een 500-tal individuen van een soort waarvoor deze panels reeds bestaan, bedragen de kosten ongeveer 5000 Euro. Omdat het aantal genetische studies sterk in omvang toeneemt en de technologie optimaler wordt, verwachten we dat het prijskaartje verder zal dalen. 'Goedkoop' zal het daarmee nooit worden, terwijl populatiegenetische studies bijkomende ecologische studies niet overbodig zullen maken.

Investerings in genetisch onderzoek zijn echter ten zeerste het overwegen waard bij de bedenking dat een goed uitgedachte studie de slaagkansen van beleidsplannen opmerkelijk kan doen verhogen. In het specifieke geval van zoetwatervissen die (veel meer dan terrestrische organismen) gebonden zijn aan dezelfde habitat en dezelfde migratiewegen, is de studie op

een zogenaamde 'paraplusoor' binnen een waterbekken vaak richtinggevend voor andere soorten. Zo kan het volstaan de invloed van migratieknelpunten na te gaan op een vertegenwoordiger van de niet-trekkende vissoorten en een vertegenwoordiger van de trekkende vissoorten (voor zover ze nog voorkomen, want door hun levenswijze zijn trekkende vissoorten zeer kwetsbaar). Door deze benadering zijn populatiegenetische studies geschikt om het natuurbeleid af te stemmen op de hele visgemeenschap in plaats van op afzonderlijke soorten. Tot slot verschaffen genetische studies expliciete informatie over de connectiviteit tussen bedreigde populaties, en dit op een of andere geografische schaal of beleidsniveau: lokaal, regionaal, nationaal of internationaal. Populatiegenetica wordt daarmee een onmisbaar beleidsinstrument, want connectiviteit betekent ook voor zoetwatervissen een sleutelement om de uitdagingen aan te gaan die gesteld worden door 'global change'.

Literatuur

- Britton, J.R., M. Brazier, G.D. Davies & S.I. Chare, 2008.** Case studies on eradicating the Asian cyprinid *Pseudorasbora parva* from fishing lakes in England to prevent their riverine dispersal. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems* 18: 867-876.
- Coeck, J., S. Colazzo, P. Meire & R.F. Verheyen, 2000.** Herintroductie en herstel van kopvoornpopulaties (*Leuciscus cephalus*) in het Vlaamse Gewest. Wetenschappelijke opvolging van lopende projecten en onderzoek naar habitatbinding in laaglandrivieren. Rapport Universiteit Antwerpen – UIA, dept. Biologie & Instituut voor Natuurbehoud IN.2000.15. Brussel.
- Coeck, J., A. Dillen, D. de Charleroy, I. Vught & K. De Gelas, 2008.** Soortherstelproject Kwabbaal: nieuwe kansen voor een verdwenen vissoort in Vlaanderen. *De Levende Natuur* 109 (3): 101-103.
- Desse-Berset, N., 2009.** First archaeozoological identification of Atlantic sturgeon (*Acipenser oxyrinchus* Mitchill 1815) in France. *Comptes Rendus Pale* vol. 8: 717-724.
- Gozlan, R.E., S. St-Hilaire, S.W. Feist, P. Martin & M.L. Kent, 2005.** Biodiversity; disease threat to European fish. *Nature* 435: 1046.
- Houdt, J.K.J. Van, C. Flamand, M. Briquet, E. Dupont, F.A.M. Volcaert & P.V. Baret, 2005.** Migration barriers protect indigenous brown trout (*Salmo trutta*) populations from introgression with stocked hatchery fish. *Conservation Genetics* 6: 175-191.
- Knaepkens, G., D. Knapen, L. Bervoets, B. Hanfling, E. Verheyen & M. Eens, 2002.**

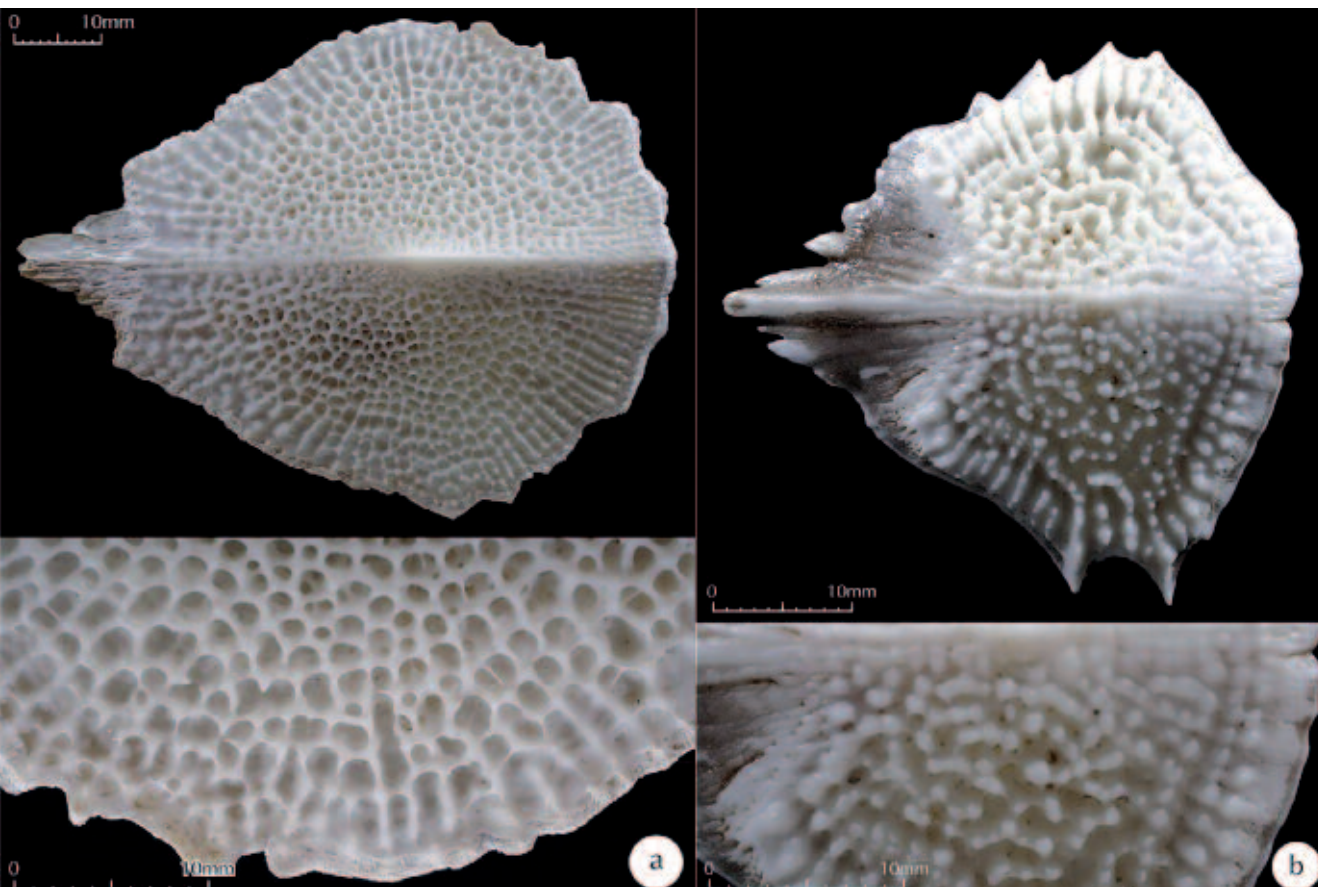


Foto 3. Dorsale beenplaten van de steursoorten *Acipenser oxyrinchus* (a) en *A. sturio* (b). Een combinatie van morfologisch en genetisch onderzoek op deze beenplaten kan uitsluitend geven welk van deze soorten vroeger voorkwam in de Lage Landen (Desse-Berset, 2009).

Genetic diversity and condition factor: a significant relationship in Flemish but not in German populations of the European bullhead (*Cottus gobio* L.). *Heredity* 89: 280-287.

Knaepkens, G., L. Bervoets, E. Verheyen & M. Eens, 2004. Relationship between population size and genetic diversity in endangered populations of the European bullhead (*Cottus gobio*): implications for conservation. *Biological Conservation* 115: 403-410.

Knapen, D., G. Knaepkens, L. Bervoets, M.I. Taylor, M. Eens & E. Verheyen, 2003.

Conservation units based on mitochondrial and nuclear DNA variation among European bullhead populations (*Cottus gobio* L., 1758) from Flanders, Belgium. *Conservation Genetics* 4: 129-140.

Larmuseau, M.H.D., J. Freyhof, F.A.M. Volckaert & J.K.J. Van Houdt, 2009. Matrilinial phylogeography and demographic patterns of *Rutilus rutilus*: implications for taxonomy and conservation. *Journal of Fish Biology* 75: 332-353.

Maes, J., M. Stevens & J. Breine, 2008. Poor water quality constrains the distribution and movements of twaite shad *Allosa fallax fallax* (Lacepede, 1803) in the watershed of River Scheldt. *Hydrobiologia* 602: 129-143.

Neer, W. Van & A. Eryvncck, 2009. The Holocene occurrence of the European catfish *Silurus glanis* in Belgium: the archaeozoological evidence. *Belgian Journal of Zoology* 139: 70-78.

Raeymaekers, J.A.M., G.E. Maes, S. Geldof, I. Hontis, K. Nackaerts & F.A.M. Volckaert, 2008. Modeling genetic connectivity in stickle-

backs as a guideline for river restoration. *Evolutionary Applications* 1: 475-488.

Raeymaekers, J.A.M., D. Raeymaekers, I. Koizumi, S. Geldof & F.A.M. Volckaert, 2009. Guidelines for restoring connectivity around water mills: a population genetic approach to the management of riverine fish. *Journal of Applied Ecology* 46: 562-571.

Volckaert, F.A.M., B. Hänfling, B. Hellemans & G.R. Carvalho, 2002. Timing of the population dynamics of bullhead *Cottus gobio* (Teleostei : Cottidae) during the Pleistocene. *Journal of Evolutionary Biology* 15: 930-944.

Summary

How genetic studies of freshwater fishes can support nature conservation

Freshwater environments are vulnerable ecosystems, and anthropogenic pressures often degrade their intrinsic value. Fishes are often the most visible victims of anthropogenic impacts, such as pollution, habitat degradation and migration barriers. Nature restoration programs focus on restoring habitats and connectivity. While costs are high, restoration projects also have to be compatible with other aspects of water management, such as water treatment and flood control. A sound knowledge of the population genetics of freshwater fish represents an important basis for nature conservation and may provide guidelines for restoration and management. Here we illustrate how the understanding of the genetic structure of healthy, vulnerable, extinct, reintroduced

and exotic fish populations may contribute to nature conservation. In the long run, population genetic studies should become a fixed component of an integrated management of fish populations.

Dankwoord

Met dank aan Theo Raeymaekers, Els Thieren, de medewerkers van het Laboratorium voor Diversiteit en Systematiek van Dieren, het Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek (INBO) en het Fonds voor Wetenschappelijk Onderzoek, Vlaanderen.

Dr. J.A.M. Raeymaekers, Dr. K. De Gelas, Dr. M.H.D. Larmuseau, Dr. G.E. Maes, Dr. J.K.J. Van Houdt, Prof.dr. W. Van Neer & Prof.dr. F.A.M. Volckaert

Laboratorium voor Diversiteit en Systematiek van Dieren
Katholieke Universiteit Leuven
Ch. Deberiotstraat 32
3000 Leuven
België
e-mail: Joost.Raeymaekers@bio.kuleuven.be

Drs. A. Kobler
Onderzoeksgroep Ethologie
Universiteit Antwerpen
Campus Drie Eiken
Universiteitsplein 1
2610 Wilrijk (Antwerpen)
België