

# Congres Watersysteemkennis 2006/2007

Aquatische biodiversiteit

Gasteditors: Wim Vyverman, Nico Boon en Willy Verstraete



Vrije  
Universiteit  
Brussel

universiteit  
hasselt



UNIVERSITEIT  
GENT

KATHOLIEKE UNIVERSITEIT  
**LEUVEN**



Universiteit  
Antwerpen

**WATER**  
MILIEU



Coördinatiecommissie  
Integraal Waterbeleid



# **Congres Watersysteemkennis 2006/2007**

Aquatische biodiversiteit

Gasteditors: Wim Vyverman, Nico Boon en Willy Verstraete



**Tijdschrift over integraal waterbeleid**

**Nummer 29**

**Jaargang 2007**

In 1984 werd onder voorzitterschap van professor André Van der Beken het congres 'Water voor Groen' georganiseerd. Dat bracht een "state of the art" van het onderzoek aan watersystemen in Vlaanderen en was uniek omdat het wetenschappers en beheerders van alle mogelijke disciplines en sectoren samenbracht. Het congresboek is dan ook nu nog steeds een standaardwerk. Niettegenstaande vele studiedagen, is er sindsdien echter geen initiatief meer geweest dat de verschillende wetenschappers en administraties, actief in diverse domeinen met betrekking tot water, samenbracht. Nochtans is de kennis de voorbije jaren enorm toegenomen, niet in het minst door de grote investeringen van het Vlaamse Gewest in wetenschappelijk onderzoek, zowel via de verschillende TWOL studies als via de verhoging van de reguliere middelen voor onderzoek (IWT, FWO,...).

Anderzijds is de wens en de noodzaak om onze watersystemen te herstellen nog nooit zo sterk aanwezig geweest als nu. De uitdagingen voor het waterbeheer en beleid zijn dan ook evenredig groot. In dit kader is er dan ook een steeds grotere noodzaak tot het integraal aanpakken van de problemen die zich stellen binnen het waterbeheer. Een eerste vereiste binnen dit multidisciplinair karakter van het waterbeheer is dan ook het kennen van de verschillende actoren en het op de hoogte zijn van de vooruitgang in het wetenschappelijk onderzoek. Het congres Watersysteemkennis, die de verschillende actoren samenbracht, wil een grote stimulans zijn voor het onderzoek met betrekking tot water in Vlaanderen en op die manier bijdragen aan een verdere wetenschappelijke onderbouwing van het integrale waterbeleid.

Het congres Watersysteemkennis omvatte 9 studiedagen waar aan de hand van 146 lezingen en 101 posters, een beeld geschetst werd van het lopende onderzoek in Vlaanderen. Hieruit bleek duidelijk dat in vele disciplines van watersysteemkennis hoogstaand wetenschappelijk onderzoek verricht wordt. Niettemin blijkt er eveneens een sterke noodzaak tot meer samenwerking. Ook binnen het waterbeleid en beheer wordt deze nood steeds sterker gevoeld en dit niet in het minst omdat de verwachtingen en de doelstellingen van het waterbeheer steeds breder worden. Hierbij wordt men steeds meer geconfronteerd met enerzijds kennishiaten in watersysteemkennis en anderzijds nieuwe uitdagingen voor multidisciplinair onderzoek.

Decades van thematisch en gecompartmenteerd beleid hadden hun evenknie in het disciplinair onderzoek. Een multidisciplinaire aanpak is echter essentieel voor integraal waterbeheer en vereist een vlotte uitwisseling en gezamenlijk gebruik van data en resultaten, zowel tussen de onderzoeksgroepen onderling, als tussen de wetenschappelijke instellingen en de administraties. Deze uitdaging aangaan vereist ook het mogelijk maken en stimuleren van interdisciplinair onderzoek. Het congres watersysteemkennis wil hiertoe bijdragen. Op het afsluitende 2 daagse symposium van het congres Watersysteemkennis, worden niet alleen syntheses gebracht van de studiedagen maar worden ook verschillende nationale en internationale geïntegreerde onderzoeksprogramma's toegelicht.

De resultaten van het congres worden gepubliceerd in 10 afzonderlijke nummers van het tijdschrift WATER, die gezamenlijk de neerslag van het volledige congres vormen.

#### **Samenstelling Wetenschappelijk Comité:**

Willy Baeyens, Vrije Universiteit Brussel  
Okke Batelaan, Universiteit Gent  
Jean Berlamont, Katholieke Universiteit Leuven  
Lieven Bervoets, Universiteit Antwerpen  
Ronny Blust, Universiteit Antwerpen  
Marleen Coenen, Universiteit Antwerpen  
Steven Declerck, Katholieke Universiteit Leuven  
Niels De Pauw, Universiteit Gent  
Florimond De Smedt, Vrije Universiteit Brussel  
Alain De Vocht, Universiteit Hasselt  
Gerard Govers, Katholieke Universiteit Leuven  
Rudy Herman, Dept. Economie, Wetenschap en Innovatie  
Patrick Meire, Universiteit Antwerpen  
Frank Mostaert, Waterbouwkundig Laboratorium  
Frans Ollevier, Katholieke Universiteit Leuven  
Marc Van Camp, Universiteit Gent  
André Van der Beken, Vrije Universiteit Brussel  
Ronny Verhoeven, Universiteit Gent  
Willy Verstraete, Universiteit Gent  
Wim Vyverman, Universiteit Gent  
Kristine Walraevens, Universiteit Gent  
Patrick Willems, Katholieke Universiteit Leuven  
Guido Wyseure, Katholieke Universiteit Leuven

#### **Samenstelling redactieraad WATER:**

Hoofredacteur:  
Michel Bruyneel

#### **Leden:**

Willy Bauwens, Marcel Bruyndoncx, Marc Buysse,  
Herman Crommelinck, Lieve De Roeck, Marie-Paule Devroede,  
Heleen Geeraert, Maarten Goris, Jan Hammenecker, Jos Heylen,  
Patrick Meire, Jaak Monbaliu, Frank Mostaert, Rik Serruys,  
Didier Soens, Lieve Stoops, Jan Strubbe, Paul Thomas,  
José Vandevijvere, Marc Vercruysse en Louis Wauters

#### **Samenstelling Organisatiecomité:**

Johan Bogaert, dep. LNE afdeling Milieu-, Natuur-, en Energiebeleid  
Michel Bruyneel, tijdschrift WATER  
Marc Buysse, Stichting Vlaams Water  
Christophe Claeys, Vereniging van Vlaamse Steden en Gemeenten  
Marleen Coenen, Universiteit Antwerpen  
Willem Coppens, Waterwegen en Zeekanaal nv  
Kathleen Goris, IWT  
Kathy Haustraete, CIW-secretariaat  
Henk Maeckelberghe, Vlaamse Milieumaatschappij  
Koen Maeghe, nv De Scheepvaart  
Patrick Meire, Universiteit Antwerpen  
Kurt Sannen, Agentschap voor Natuur en Bos  
Lieve Stoops, Vereniging van Vlaamse Provincies  
Jan Spaas, Vlaamse Vereniging van Polders en Wateringen  
Karel Vandaele, Watering Sint Truiden  
Philippe Van Haver, dep. LNE afdeling Milieu-, Natuur- en  
Edward Van Keer, dep. MOW afdeling Haven- en Waterbeleid  
Astrid Van Vosselen, dep. MOW afdeling Algemeen Beleid  
Véronique Vens, Vlaamse Milieumaatschappij

Tijdschrift over  
integraal waterbeleid  
in samenwerking  
met de CIW



v.z.w. WATER  
Broechemsesteenweg 165 • 2531 Boechout  
tel.: 03/475 09 66 en 0486 939 025 • fax: 03/475 09 66  
e-mail: claire.bruyneel@telenet.be  
website: www.tijdschriftwater.be

# Voorwoord



## Thema aquatische biodiversiteit

Zoetwaterecosystemen herbergen een enorme diversiteit aan organismen en gemeenschappen, die echter onder zware menselijke druk staat. Naast haar intrinsieke waarde, is deze biodiversiteit grotendeels verantwoordelijk voor de gezondheid en functie van ecosystemen en heeft daarom eveneens een groot economisch belang. Tijdens de talrijk bijgewoonde studiedag rond aquatische biodiversiteit van 7 maart eerder dit jaar gaven onderzoekers vanuit academische en beleidsondersteunende instanties een overzicht van onderzoek naar en de huidige status van de aquatische biodiversiteit in Vlaanderen.

Daarbij werd zowel aandacht besteed aan patronen en veranderingen in de genetische diversiteit binnen soorten als aan de trends en biodiversiteitsstatus van hogere taxonomische en functionele groepen. De laatste jaren is een aanzienlijke expertise opgebouwd naar de mechanismen die de aquatische biodiversiteit sturen. De integratie van evolutionaire en ecologische

processen is hierbij één van de grote uitdagingen, en moet in de toekomst toelaten de effecten van de snelle en grootschalige veranderingen die aquatische ecosystemen ondergaan ten gevolge van global change en meer directe ingrepen door de mens beter in te schatten. De zich snel ontwikkelende theorie rond metageenschappen schept hiervoor een interessant kader, in interactie met de ontwikkeling van instrumenten voor waterbeheer en -kwaliteitsbewaking.

Het behoud en de bescherming van aquatische biodiversiteit vereist weinig argumentatie wanneer het gaat om goed gekende en grote organismen zoals vogels, amfibieën, vissen, insecten en waterplanten. De status van deze groepen worden dan ook al langere tijd opgevolgd, waarbij de waargenomen trends binnen een internationale context kunnen geplaatst worden. De oorzaken voor deze veranderingen zijn echter zeer divers van aard en vereisen naast verdere monitoring ook gericht onderzoek vanuit verschillende disciplines, waaronder gedrags- en voedingsecologie.

De (functionele) diversiteit van microscopisch kleine organismen was daarentegen tot voor kort grotendeels ongekend, wat vooral te wijten was aan het gebrek aan efficiënte identificatietechnieken om de diversiteit van microbiële gemeenschappen en populaties te meten. Recent onderzoek heeft aangetoond dat microben niet alleen de overgrote meerderheid vormen van de aquatische biodiversiteit, maar ook dat het centrale spelers zijn in het functioneren van natuurlijke en artificiële aquatische ecosystemen. Verschillende sprekers en posters behandelden aspecten van fundamentele en toegepaste microbiële ecologie. Een goed begrip van het voorkomen, samenstelling en functie van microbiële gemeenschappen maakt het mogelijk om microorganismen aan te wenden als "kanaries in de koolmijn" om verstoringen en het effect van beheersmaatregelen op te volgen en om nieuwe manieren te ontwikkelen om de functie van microbiële gemeenschappen te manipuleren. Een belangrijke uitdaging voor de toekomst is ook de controle van toxische en pathogene microorganismen die de kwaliteit van oppervlaktewateren, zwembijvers en drinkwater aantasten.

Een staalkaart van de thema's die in deze studiedag aan bod kwamen, vindt u terug in de artikels in dit nummer van Water.

Wim Vyverman,

*Universiteit Gent, Vakgroep Biologie, onderzoeksgroep Protistologie en Aquatische Ecologie*

# Inhoud

## ARTIKELS

- 
- 1** **Het Belgisch Biodiversiteitplatform: een brug tussen onderzoek en beleid**  
*H. Segers*
- 
- 3** **Leven in een geografische mozaïek van selectiefactoren: een pleidooi voor een evolutionaire benadering van (meta)gemeenschappen bij natuurbehoud**  
*L. De Meester, S. Rousseaux, W. Van Doorslaer, C. Duvivier, M. Jansen, J. Vanoverbeke, E. Decaestecker, J. Mergeay, R. Stoks en S. Declerck*
- 
- 10** **Microbiële diversiteit in aquatische ecosystemen: stand van zaken van het onderzoek in Vlaanderen**  
*K. Muylaert, K. Van der Gucht, S. Cousin, L. De Meester en W. Vyverman*
- 
- 15** **Vogels van waterrijke gebieden in Vlaanderen: status en trends**  
*K. Devos, G. Vermeersch en A. Anselin*
- 
- 21** **Soortenrijkdom in veedrinkpoelen: patronen van congruentie en potentieel voor biodiversiteitsindicatoren**  
*S. Declerck, T. De Bie, D. Ercken, H. Hampel, J. Van Wichelen, F. Van de Meutter, L. Van Hecke, L. Denys, W. Vyverman, B. Goddeeris, K. Van der Gucht, L. Brendonck, K. Martens en L. De Meester*
- 
- 26** **Impact van pollutie aan de hand van de diversiteit van macro-invertebraten**  
*E. De Deckere, C. Van Liefferinge, J. Baets, V. Leloup, C. Schmitt, I. Munoz, P. von der Ohe, C. Orendt, G. Wolfram en P. Meire*
- 
- 33** **Cyanobacteriënbloei in België: voorkomen, diversiteit en toxiciteit**  
*I. van Gremberghe, J. Van Wichelen, S. De Coster, F. De Ruyscher, K. De Keyser, K. Van der Gucht, P. Vanormelingen en W. Vyverman*
- 
- 39** **Het belang van protozoa in de prokaryote-eukaryote co-evolutie**  
*P. Declerck en F. Ollevier*
- 
- 43** **Overlevingsstrategieën en biocontrole van *Legionella pneumophila***  
*R. Temmerman*
- 
- 46** **Genetische variatie in populaties van *Chironomus nuditarsis* Keyl (Diptera, Chironomidae); implicaties voor biodiversiteit**  
*L. Int Panis*
- 
- 49** **Watervlooiën in Vlaanderen: verspreiding, status en trends**  
*G. Louette, T. De Bie, J. Vandekerkhove, S. Declerck en L. De Meester*
- 
- 52** **Zwemmend DNA: genmigratie als graadmeter voor de impact van migratieknoelpunten op riviervissen**  
*J. A.M. Raeymaekers, G. E. Maes, S. Geldof, I. Hontis, K. Nackaerts en F. A.M. Volckaert*
- 
- 56** **De impact van bestrijdingsmiddelen op de biologische waterkwaliteit in de Haspengouwse fruitstreek**  
*T. Warmoes*
-

# Het Belgisch Biodiversiteit- platform: een brug tussen onderzoek en beleid

*Het Belgisch Biodiversiteitplatform is een initiatief van het federaal wetenschapsbeleid, berustend op een samenwerkingsakkoord met de regio's, dat als taak heeft het onderzoeksbeleid inzake het duurzaam gebruik en de bescherming van de biodiversiteit te ondersteunen. Het doet dit door het de interactie tussen wetenschappers onderling en tussen wetenschappers en beleidsverantwoordelijken te bevorderen, onder andere door het organiseren van gespecialiseerde forums zoals dat betreffende zoetwaterbiodiversiteit.*

*Verder promoot en vertegenwoordigt het Platform het Belgisch wetenschappelijk onderzoek aan biodiversiteit in het kader van internationale initiatieven, conventies en onderzoeksprogramma's. Hiervoor fungeert het Platform als nationaal knooppunt van een aantal internationale initiatieven zoals het Europees biodiversiteitplatform (European Platform for Biodiversity Research Strategy, EPBRS), DIVERSITAS, en het "Global Biodiversity Information Facility" (GBIF).*

*Meer informatie: <http://www.biodiversity.be/>*

## Geen beleid zonder kennis

Het uitstippelen van een goed beleid voor het onderzoek aan, en voor de bescherming van de biodiversiteit vereist dat verantwoordelijken beschikken over voldoende en betrouwbare kennis. Het federaal wetenschapsbeleid heeft hiervoor in het kader van een samenwerkingsakkoord met de regio's, een bijzonder informatie- en communicatie-initiatief opgestart, het Belgisch Biodiversiteitsplatform (<http://www.biodiversity.be/>). Dit Platform is in de eerste plaats gericht op het ondersteunen van het wetenschappelijk onderzoek en het onderzoeksbeleid aan biodiversiteit; daarnaast is er nog het Nationaal Knooppunt en het uitwisselingsweb ("Clearing House Mechanism") van het verdrag inzake biologische diversiteit dat beantwoordt aan internationale verplichtingen in verband met het doorgeven van informatie, die voortvloeien uit de ratificatie van het verdrag inzake biologische diversiteit (<http://www.biodiv.be/>)

## Het Belgisch Biodiversiteitsplatform

Het Belgisch Biodiversiteitsplatform is het informatie- en communicatieplatform bij uitstek over wetenschappelijk onderzoek aan biodiversiteit. De informatie die het Platform verwerkt zowel als de diensten die het aanbiedt zijn zeer divers.

Het Platform bevordert de valorisatie van wetenschappelijke basisgegevens door ze via het web toegankelijk te maken voor alle geïnteresseerden. Hiervoor biedt het Platform onderzoekers op maat ontworpen databankstructuren aan en verzorgt ze, indien gewenst, de lange-termijn opslag van de gegevens, al dan niet in samenwerking met andere datacentra. Deze taak kadert in haar functie als nationaal contactpunt voor het *Global Biodiversity Information Facility* (GBIF, zie kader)

Het Platform is niet enkel het nationaal contactpunt voor GBIF, maar het realiseert ook interna-

tionale projecten rond specifieke domeinen in verband met biodiversiteitgegevens. Het betreft de volgende projecten:

- SCAR-MarBIN, rond Antarctische Mariene biodiversiteit. Dit project loopt op het Koninklijk Belgisch Instituut voor Natuurwetenschappen (KBIN), in samenwerking met het Vlaams Instituut voor de Zee (VLIZ) en onder de bescherming van het *Scientific Committee on Antarctic Research* (SCAR). Het moet de Antarctische component vormen van het *Ocean Biogeographic Information System* (OBIS), dat op zijn beurt gegevens over globale mariene biodiversiteit verzorgt voor GBIF. Het is een van de Belgische bijdragen aan het *International Polar Year 2007-2008*. Zie: <http://www.scarmarbin.be/>
- Het "Freswater Animal Diversity Assessment" (FADA) is een project dat als doel heeft een overzicht te maken van de globale biodiversiteit en biogeografie op soort- en genus niveau van de fauna van terrestrische aquatische milieus. Zie: <http://FADA.biodiversity.be/> (verwacht eind augustus 2007)

Een tweede type gegevens betreft informatie over het wetenschappelijk onderzoek zelf. Zo inventariseert en analyseert het Platform de wetenschappelijke expertise en de onderzoeksinfrastructuur die in België voorhanden is, de onderzoeksprojecten welke aan onze universiteiten en onderzoeksinstellingen uitgevoerd worden, het aantal en de impact van de wetenschappelijke publicaties waarin resultaten gepubliceerd worden, en de financieringsbronnen die voor onderzoek kunnen aangesproken worden. Deze gegevens worden gebundeld in het "BioBel" gegevensbestand en kunnen geraadpleegd worden via <http://biobel.biodiversity.be/>

Naast wetenschappelijke gegevens wordt nog informatie verzameld over het wetenschapsbeleid zelf. Hier spreken we dan over teksten van verdragen en besluiten die een impact hebben op het biodiversiteitsonderzoek.



Biodiversity.be



Belgian Forum on  
Freshwater Ecosystems

Het verzamelen van al deze informatie en het organiseren van overleg heeft als uiteindelijk doel gefundeerde adviezen te verlenen voor het uitstippen van een coherent beleid voor het biodiversiteitsonderzoek op federaal en internationaal niveau. Deze kennis draagt ook bij tot het afstemmen van het Belgisch wetenschappelijk onderzoek op de maatschappelijke noden, onder andere zoals die erkend zijn in de doelstellingen van het Verdrag inzake biologische diversiteit en door het internationale wetenschappelijke programma DIVERSITAS. Hiervoor bevordert het Platform de communicatie tussen enerzijds wetenschappers onderling en anderzijds tussen wetenschappers en beleidsverantwoordelijken. Dit gebeurt door middel van thematische forums over onderwerpen zoals, bijvoorbeeld, biodiversiteit van zoetwater ecosystemen of invasieve exotische soorten. Door het samenbrengen van Belgische en buitenlandse experts bevorderen de forums het interdisciplinair onderzoek en de internationale uitstraling van het Belgisch biodiversiteitsonderzoek. Om deze taak beter te vervullen fungeert het Platform ook nog als contactpunt voor tal van internationale organisaties waaronder DIVERSITAS en het Europees Biodiversiteitplatform (*European Platform for Biodiversity Research Strategy, EPBRS*) en het "European Research Area" netwerk 'BiodivERsA' (zie kader).

Enkele internationale initiatieven die voor België opgevolgd worden door het Biodiversiteitsplatform

### DIVERSITAS

DIVERSITAS is een internationaal wetenschappelijk programma dat biologische, ecologische en sociale wetenschappers samenbrengt om onze beperkte kennis van de biodiversiteit te verbeteren. Met een betere kennis van de biodiversiteit kunnen we immers op een meer doordachte wijze ingrijpen in de huidige processen. Om dit te realiseren maakt DIVERSITAS gebruik van een uitgebreid netwerk van wetenschappers. Een belangrijke doelstelling van DIVERSITAS is het synthetiseren van reeds bestaande wetenschappelijke kennis, het identificeren van leemtes en opkomende problemen en het promoten van nieuwe onderzoeksinitiatieven die wetenschap en beleid met elkaar linken.  
Zie: <http://www.diversitas-international.org/>

### EPBRS (European Platform for Biodiversity Research Strategy)

Het Europees Biodiversiteitsplatform voor biodiversiteitsonderzoekstrategieën is een groepering van wetenschappers en beleidsmensen die zich tot doel hebben gesteld om door gericht wetenschappelijk onderzoek bij te dragen om het verlies aan biodiversiteit tegen 2010 te stoppen. De deelnemende leden, afkomstig vanuit geheel Europa, komen zesmaandelijks in werkvergaderingen bij

elkaar voor het identificeren en het promoten van belangrijk biodiversiteitsonderzoek ter ondersteuning van o.m. het natuurbeleid. EPBRS leden werken in deze workshops - meestal georganiseerd als initiatief vanuit de opeenvolgende Europese voorzitterschappen - een aantal onderzoeks- en beleidsaanbevelingen uit en onderhouden goede contacten met nationale, Europese en internationale onderzoeksorganisaties en beleidsverantwoordelijken.  
Zie: <http://www.epbrs.org/>

### ERA-Net BiodivERsA

BiodivERsA is een netwerk van organisaties die wetenschappelijk onderzoek financieren, met 'biodiversiteit' als gemeenschappelijk thema. België is vertegenwoordigd door de federale Overheidsdienst Wetenschapsbeleid en speelt een cruciale rol in het bij elkaar brengen van informatie over onderzoeksprogramma's rond biodiversiteit. Op termijn streeft BiodivERsA ernaar om gemeenschappelijke Europese onderzoeksprogramma's m.b.t. biodiversiteit op te zetten en een deel van de nationale budgetten voor biodiversiteitsonderzoek te bundelen.  
Zie: <http://www.eurobiodiversa.org/>

### GBIF (Global Biodiversity Information Facility)

Sinds de introductie van het internet heeft de wereldwijde communicatie drastische wijzigingen ondergaan. Technische vooruitgang maakt het verspreiden van digitale data over de gehele wereld een stuk eenvoudiger. Informatie over biodiversiteit (collecties, informatie, databases) is evenwel zeer ongelijkmatig verspreid over onze planeet. Meer dan drievierden van de biodiversiteitsdata wordt opgeslagen in de geïndustrialiseerde wereld. Het merendeel van deze data kan evenwel niet beschikbaar worden gesteld omdat het niet bestaat in een gedigitaliseerde vorm. Het GBIF, een initiatief van de Organisatie voor Economische Samenwerking en Ontwikkeling (OECD) heeft als taak alle beschikbare gegevens over biodiversiteit universeel, via het web toegankelijk te maken voor alle geïnteresseerden.  
Zie: <http://www.GBIF.org/>

*Hendrik Segers*

*Koninklijk Belgisch Instituut  
voor Natuurwetenschappen  
Vautierstraat 29, 1000 Brussel  
tel.: 02 627 43 10  
fax: 02 627 43 15  
e-mail: [hendrik.segers@natuurwetenschappen.be](mailto:hendrik.segers@natuurwetenschappen.be)*

L. De Meester, S. Rousseaux,  
W. Van Doorslaer, C. Duvivier,  
M. Jansen, J. Vanoverbeke,  
E. Decaestecker, J. Mergeay,  
R. Stoks en S. Declerck

# Leven in een geografische mozaïek van selectiefactoren: een pleidooi voor een evolutionaire benadering van (meta)gemeenschappen bij natuurbehoud

Katholieke Universiteit Leuven,  
Laboratorium voor Aquatische  
Ecologie en Evolutiebiologie

*Genetische diversiteit vormt de basis-bouwsteen van biodiversiteit. Genetische variatie is een voorwaarde voor evolutionaire veranderingen die populaties toelaten zich genetisch aan te passen aan zich wijzigende condities, en die onder specifieke voorwaarden ook kunnen leiden tot soortvorming. Toch wordt de studie van genetische diversiteit in veel onderzoek dat gericht is op natuurbehoud, behoud van diversiteit en duurzaamheid vaak onbelangrijk geacht, omdat er impliciet wordt aangenomen dat genetische variatie eerder "details" betreft, die de grote patronen en bedreigingen van biodiversiteit niet al te zeer beïnvloeden. Recente studies duiden er echter op dat snelle evolutionaire veranderingen in populaties geen zeldzaamheid zijn, en dat er een potentieel zeer sterke wederzijdse beïnvloeding is van evolutionaire en ecologische dynamieken. Op die manier kan genetische adaptatie van natuurlijke populaties aan zich wijzigende omstandigheden een structurerende invloed hebben op de populatiedynamiek van natuurlijke populaties en de soortensamenstelling van gemeenschappen. In een wereld die aan snelle wijzigingen onderhevig is omwille van menselijk handelen zijn de selectiedrukken sterk, en kan een belangrijke sturende invloed van evolutionaire responsen worden verwacht. In een natuurlijk landschap met semi-geïsoleerde gunstige habitatpatches is het bovendien belangrijk rekening te houden met patronen van dispersie en gennigratie. In deze bijdrage situeren we enkele concepten aan de hand van Vlaams onderzoek bij aquatische modelsystemen, en houden we een pleidooi voor een metagemeenschapsbenadering waarin ook rekening wordt gehouden met evolutionaire dynamieken. We geven aan dat aquatische systemen goed geplaatst zijn voor onderzoek naar evolutie in een landschapscontext.*

In veel studies, analyses en overzichten van de bedreigingen van biodiversiteit wordt weinig of soms geen aandacht geschonken aan de patronen van genetische variatie binnen soorten. Dit heeft verschillende redenen. Een eerste belangrijke reden is dat genetische variatie moeilijker te kwantificeren is dan variatie in soortensamenstelling - je kan genetische variatie immers niet (altijd) "zien". Een zonder twijfel belangrijke reden is echter de impliciete aanname van veel onderzoekers en beheerders dat genetische variatie in wezen over kleine verschillen gaat, die in essentie weinig belangrijk zijn ten opzichte van de grote variatie in kenmerken die we waarnemen als we over de grenzen van soorten heen kijken. Er zijn overigens verschillende vaststellingen die aangeven dat deze redenering een grond van waarheid heeft: de variatie in kenmerkwwaarden in een gemeenschap van verschillende soorten is inderdaad meestal veel ruimer dan de uiterste waarden die een bepaalde soort kan aannemen, en we kunnen inderdaad soms mooie relaties leggen tussen het voorkomen van soorten en omgevingsfactoren, ook als we geen informatie hebben over de genetische variatie binnen elk van deze soorten. Een derde reden waarom relatief weinig aandacht aan genetische variatie wordt gegeven betreft de overtuiging dat evolutionaire processen zich eerder op lange termijn (honderden tot duizenden generaties) afspelen, terwijl veel ecologische processen die

belangrijk zijn voor beheer zich afspelen op veel kortere tijdsschaal. Er is een gespecialiseerde literatuur over conservatiegenetica, met handboeken (Frankham et al., 2002) en toegewijde tijdschriften (bv. *Conservation Genetics*), maar de beheerder in het veld en een groot deel van de biologen die zich richten op natuurbehoud en het duurzaam beheer van onze natuurlijke hulpbronnen hebben weinig oog voor de erin gerapporteerde resultaten. Hebben ze ongelijk? Er zijn twee redenen waarom voldoende aandacht voor genetische aspecten een belangrijke troef kan zijn voor het duurzaam beheren van natuurlijke populaties. De eerste reden houdt verband met verwantschap en de nadelen van inteelt en genetische toevalsprocessen in kleine populaties, en is reeds intensief bestudeerd en zowel theoretisch als experimenteel goed onderbouwd. De tweede reden betreft de meer recente vaststelling dat evolutionaire veranderingen in een korte tijdsschaal kunnen optreden, en dat er daarom een sterke wederzijdse interactie mogelijk is tussen ecologische en evolutionaire processen. Dit betekent dat evolutie een centrale sturende kracht kan zijn voor ecologische dynamiek, en dat de ecologie en eventueel het voortbestaan van populaties derhalve kritisch kan afhangen van evolutionaire responsen. We behandelen beide redenen verder in meer detail en gaan tenslotte dieper in op de evolutie van metagemeenschappen.

## Kleine populaties en de negatieve gevolgen van inteelt en genetische drift

Kleine populaties ervaren niet enkel een direct verhoogd risico op uitsterven omwille van demografische factoren (cfr. minder gebufferd bij intrinsieke fluctuaties in populatiedensiteiten), maar zijn ook onderhevig aan ongunstige genetische dynamieken (Hendriks et al., 1998; Frankham et al., 2002; Willi et al., 2006). Vooreerst gaat door genetische drift genetische variatie verloren. Genetische drift is een toevalfenomeen waarbij door toeval bepaalde genetische varianten niet in de nakomelingengeneratie aanwezig zijn; het is een bemonsteringsprobleem dat groter wordt naarmate het aantal dieren per generatie kleiner is. Genetische drift kent geen richting, maar heeft altijd als effect dat genetische variatie verloren gaat (Ridley, 2004). Daarnaast is er in kleine populaties ook een verhoogd risico op inteelt (i.e. paring met verwante individuen). Het is aangetoond dat inteelt in de meeste soorten een belangrijk fitnessverlies met zich meebrengt (Soulé, 1980; Saccheri et al., 1998), en dat deze fitnesskost wordt versterkt onder stresscondities (Bijlsma & Loeschcke 2005). Deze genetische effecten kunnen bijdragen tot lokaal uitsterven, omdat ze kleine populaties, die reeds een groter risico op uitsterven kennen, verder verzwakken door een algemeen verlaagde fitness (na inteelt) en een verlies aan evolutionair potentieel (Hendriks et al., 1998; Willi et al., 2006). Het is hierbij belangrijk op te merken dat een populatie-flessenhals (een tijdelijke sterke inkrimping van de populatie-omvang) een langdurig effect op genetische diversiteit kan hebben, die na honderden generaties nog steeds meetbaar is. De klassieke voorbeelden zijn de jachtluipaard en de Californische zee-olifant, die een zeer lage genetische diversiteit vertonen omwille van een historische populatie-flessenhals (Frankham et al., 2002). Deze studies tonen overigens ook aan dat soorten met een geringe genetische diversiteit niet meteen tot uitsterven zijn gedoemd, want beide soorten hebben zich na de populatie-flessenhals demografisch toch enigszins hersteld. Toch dient opgemerkt dat de kans zeer reëel is dat deze soorten erg gevoelig zouden kunnen zijn voor blootstelling aan nieuwe selectiefactoren zoals b.v. pathogenen.

Naast inteelt kan ook uitkruising van genetisch te sterk verschillende populaties aanleiding geven tot een fitness-nadeel ("outbreeding depression"; Frankham et al., 2002). Meer algemeen kunnen we stellen dat voor een goed beheer en het afbakenen van "eenheden van beheer" informatie over verwantschappen en historiek van de populaties zeer nuttig en vaak noodzakelijk is. Deze informatie kan men bekomen via studies aan de hand van moleculaire technieken (allozyme-electroforese en PCR-gebaseerde technieken met DNA merkers zoals microsatelliet-loci; Frankham et al., 2002). Gespreid over verschillende onderzoeksgroepen wordt de populatiegenetica bestudeerd van een breed gamma van onze Vlaamse zoetwaterorganismen: vissen (Kn timer et al., 2003; Knaepkens

et al., 2004; Van Houdt et al., 2005; Maes et al., 2006; Raeymaekers et al., 2007), amfibieën (Holsbeek et al., niet gepubl.), aquatische insecten (Geenen et al. 2000; De Block et al., 2005), zoöplankton (Michels et al., 2001; De Gelas & De Meester, 2005; De Meester et al., 2006), ééncellige algen (Vanormelingen P., niet gepubl.) en macrofyten (De Greef & Triest, 1999; Triest & Mannaert, 2006).

## De interactie tussen ecologie en evolutie

Lange tijd zijn ecologie en evolutie ontwikkeld als twee afzonderlijke disciplines, met weinig interactie met elkaar, ondanks de duidelijke parallelen in een aantal ecologische en evolutionaire processen (zie bvb. Agrawal, 2003; Vellend & Geber, 2005). Uiteraard erkennen ecologen wel dat evolutie bepalend is voor soortkenmerken, en evolutionaire biologen erkennen dat ecologische interacties de drijvende kracht zijn van evolutie door natuurlijke selectie. Maar er is relatief weinig aandacht voor integratie van de twee disciplines via het in rekening brengen van directe terugkoppelingsmechanismen. De belangrijkste reden is opnieuw de perceptie dat evolutie een fenomeen is dat zich afspeelt op een veel grotere tijdschaal dan de meeste ecologische processen. In de loop van de voorbije twee decennia zijn er echter een aantal studies gepubliceerd waaruit duidelijk wordt dat snelle evolutionaire responsen mogelijk zijn (overzichten in Hendry & Kinnison, 1999; Hairston et al., 2005). Soorten kunnen adaptieve genetische verschuivingen vertonen gerelateerd aan de jaar-tot-jaar variatie in omgevingscondities.

Een voorbeeld uit onze regio is de waarneming, via een reconstructie van evolutie door ontluiken van ruststadia uit verschillende tijdszones in het meersediment, dat de zoöplanktonpopulatie (van met name de grote watervlo *Daphnia magna*) in een viskweekvijver in Oud Heverlee zich in de loop van de voorbije 30 jaar genetisch heeft aangepast aan de wisselende predatiedruk opgelegd door visbepotingen (Cousyn et al., 2001). Op een tijdsspanne van minder dan tien jaar blijkt de lokale watervlo-populatie de veranderingen in vispredatiedruk te volgen via veranderingen in migratie-gedrag, een belangrijk antipredatiegedrag. Het is zeer aannemelijk dat zonder die genetische aanpassingen deze populatie niet zou kunnen hebben overleefd bij de veranderende condities, omdat vissen visuele predatoren zijn, en *D. magna* door zijn grootte zeer gevoelig is voor vispredatie. Dergelijke snelle genetische veranderingen die gecorreleerd zijn met omgevingsveranderingen worden niet enkel waargenomen bij invertebraten met een korte generatietijd, maar ook bij vertebraten. Voorbeelden zijn de studies naar de evolutie van snavelkenmerken bij de Galapagosvinken (Grant & Grant, 2002) en van antipredatiekenmerken bij guppies in Trinidad (Reznick et al., 1990; zie ook Hendry & Kinnison, 1999). Zelfs bij soorten die een generatietijd hebben van enkele maanden tot verschillende jaren blijkt

men dus jaar-tot-jaar genetische verschuivingen waar te nemen.

Aangezien dergelijke genetische adaptatie een invloed kan hebben op de competitieve sterkte van soorten, verwachten we een impact van de evolutionaire respons op de ecologische interacties tussen de verschillende soorten. Tot dusver werd dit onvoldoende experimenteel gekwantificeerd, maar de weinige studies die deze vraagstelling hebben onderzocht suggereren inderdaad een mogelijk belangrijke invloed van genetische variatie binnen populaties op predator-prooi interacties (Yoshida et al., 2003; Hairston et al., 2005) en op het vestigingssucces van invaderende soorten (De Meester et al., 2007). Yoshida et al. (2003) toonden aan dat genetische variatie in een algenpopulatie die werd blootgesteld aan predatoren (raderdierpjes) de populatieschommelingen van zowel predator als prooi sterk kan dempen. Dit is belangrijk, omdat de schommelingen in populatiedensiteiten van prooi en predatoren vaak leiden tot het uitsterven van lokale populaties, en factoren die deze dynamiek temperen dus voor een grotere stabiliteit in de soortensamenstelling kunnen zorgen.

De Meester et al. (2007) entten 200 liter tonnen met watervlooien (*Daphnia magna*) die afkomstig waren van twee verschillende vijvers, die geografisch zeer dicht bij elkaar liggen (< 500 m afstand; Oud-Heverlee) maar ecologisch sterk verschillend zijn (voornamelijk met betrekking tot de aanwezigheid van vis en ondergedoken waterplanten). De watervlooien van de twee populaties bleken beide in staat dense populaties te vormen in de openlucht tonnen, maar bleken zeer sterk te verschillen in de mate waarin ze toelieten dat ook andere soorten zich vestigen in de tonnen. Wanneer na een week een mengstaal met een groot aantal zoöplanktonsoorten uit de regio op alle tonnen werd geënt, werd vastgesteld dat het vestigingssucces van deze nieuwe soorten tot twee keer hoger was in de tonnen met de watervlooien uit de ene vijver dan in de tonnen met watervlooien uit de andere vijver. Ondanks het feit dat alle tonnen initieel geënt werden met dezelfde soort en in dezelfde densiteiten, bleken de genetische verschillen tussen de populaties een heel sterke invloed te hebben op de soortensamenstelling van de uiteindelijke gemeenschap. Genetische verschillen in één soort vertalen zich hier dus in een verschillende gemeenschapsecologie.

Snelle evolutionaire veranderingen zullen vooral voorkomen wanneer er sterke selectiedrukken optreden, aangezien de snelheid van evolutionaire verandering evenredig is met zowel de overerfbaarheid van het kenmerk onder selectie als de selectiedruk. Het is daarbij belangrijk op te merken dat sterke selectiedrukken niet zeldzaam zijn in de natuur: factoren zoals de aanwezigheid van predatoren en parasieten kunnen sterke selectiedrukken uitoefenen op natuurlijke populaties. Bovendien vertegenwoordigen ook heel wat door de mens opgelegde veranderingen in habitatkenmerken sterke selectiedrukken: eutrofiëring,

pollutie en invasieve soorten bijvoorbeeld vormen elk op zich uitgesproken selectiedrukken die kunnen leiden tot snelle evolutionaire veranderingen in lokale populaties. Het is dan ook ons pleidooi dat vooral in een landschap dat aan sterke veranderingen onderhevig is door menselijk toedoen er een belangrijke impact kan verwacht worden van evolutionaire dynamieken op de verandering in soortensamenstelling. Meer bepaald zouden evolutionaire veranderingen een belangrijke buffer kunnen vormen tegen soortverschuivingen.

Onder meer in het kader van de problematiek van de exoten zijn er meer en meer studies die aandacht vragen voor de impact van evolutie (zie bvb. Schlaepfer et al., 2002). Eén van de factoren die het succes van invasieve soorten kan verklaren is de afwezigheid van specifieke vijanden. Ze kunnen daarop een evolutionaire verandering vertonen naar een verminderde energie-investering in verdedigingsmechanismen, waardoor ze competitief sterker worden. Ook met betrekking tot het voorspellen van de respons van soorten en gemeenschappen op de globale opwarming van het klimaat is het waarschijnlijk belangrijk om de interactie tussen ecologie en evolutie in rekening te brengen. Er is immers een groeiend aantal studies die genetische variatie en micro-evolutie hebben aangetoond voor temperatuur-gerelateerde kenmerken (Thomas et al. 2001), ook in aquatische organismen (Van Doorslaer et al., 2007). In een experiment met opgewarmde openlucht 3000 L mesocosmen geënt met de "watervlo" *Simocephalus vetulus* bleek er bij deze soort een snelle evolutie op te treden in het vermogen te overleven bij hogere temperaturen. Zonder deze genetische aanpassingen zou deze soort waarschijnlijk uitgestorven zijn in de experimentele populaties.

### Evolutie in metagemeenschappen

De interactie tussen ecologische en evolutionaire processen kan maar in zijn volle diepgang geapprecieerd worden wanneer ze wordt ingebed in een landschapscontext. Beschouw een aantal habitatten in een landschapsmatrix (Figuur 1). Aquatische systemen zijn hier een goed model, omdat vijvers en meren mooi afgelijnde habitatten vormen (De Meester et al., 2005), maar andere habitattypes (bvb. bos- en heidefragmenten) kunnen op analoge manier benaderd worden. Elk habitat is gekenmerkt door specifieke abiotische en biotische condities, en het is aannemelijk dat habitatten vaak verschillen in specifieke factoren die sterke selectiedrukken kunnen genereren. In Figuur 1 hebben we voor zoöplanktonpopulaties de realistische situatie weergegeven waarbij vijvers verschillen in de aanwezigheid van predatoren (vis), parasitaire druk, en landgebruik (risico op pollutie, eutrofiëring). Van elk van deze factoren is gekend dat ze een sterke selectiedruk uitoefenen op zoöplanktongemeenschappen en populaties (Cousyn et al., 2001; Decaestecker et al., 2005; Declerck et al., 2006 & niet gepubl.). Omdat deze factoren deels onafhankelijk van elkaar

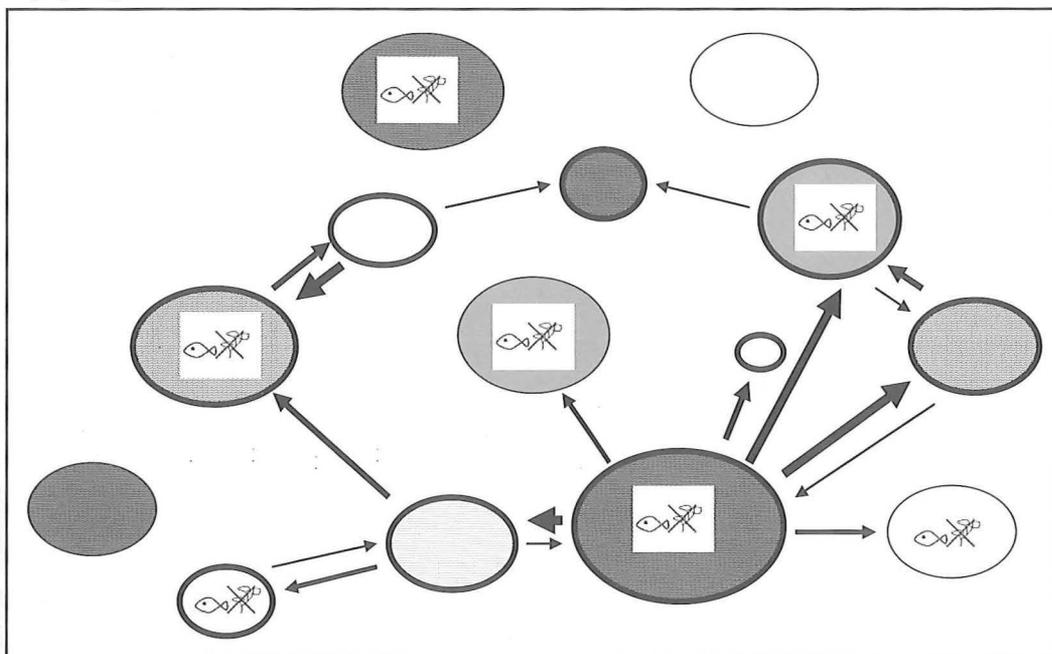
kunnen variëren, is het resultaat een geografische mozaïek van selectiefactoren (geïnspireerd op Thompson, 2005). Zoals aangegeven in Figuur 1 zijn deze populaties en gemeenschappen niet volledig onafhankelijk van elkaar, maar is er een zekere mate van verbondenheid via dispersie van individuen tussen de habitatten. We spreken van metapopulaties (Hanski & Gilpin, 1997; Hanski, 1998) respectievelijk metagemeenschappen (Leibold et al., 2004; Holyoak et al., 2005). De metagemeenschapsecologie is een eerder recent concept, waarbij de soortensamenstelling in lokale gemeenschappen wordt geëvalueerd in relatie tot lokale ecologische factoren en regionale ruimtelijke factoren (dispersie; zie Cottenie et al., 2003; Michels et al., 2005; Van de Meutter et al., 2007 voor voorbeelden in Vlaamse context).

Eén van de interessante inzichten van de metagemeenschapsecologie is dat de mate waarin gemeenschappen zich via soortverschuivingen ("species sorting") kunnen aanpassen aan de ecologische condities van lokale habitatten het sterkst is bij intermediaire dispersiesnelheden. Bij zeer lage landschapsconnectiviteit raken de juiste soorten immers niet op de juiste plaats (vermoedelijk een groot probleem in de Vlaamse natuurreservaten), terwijl bij massale dispersie er veel populaties voorkomen in habitatten die suboptimaal zijn, omdat de populaties steeds worden aangevuld met immigranten. De parallellen met inzichten uit de populatiegenetica en evolutionaire biologie zijn frappant, omdat ook voor lokale genetische adaptatie via natuurlijke selectie geldt dat ze optimaal is bij intermediaire niveaus van genmigratie. Bij te lage genmigratie raakt de lokale genetische variatie uitgeput, hetgeen evolutie vertraagt. Bij hoge genmigratie

treedt genetische homogenisatie op, en is er geen mogelijkheid tot lokale genetische differentiatie. Dit creëert een heel boeiend spanningsveld, omdat bij een gegeven landschapsconnectiviteit adaptatie van de gemeenschap aan lokale condities via twee mechanismen kan optreden, namelijk via soortverschuivingen en via genetische adaptatie van de residente soorten. Bovendien worden beide beïnvloed door interacties met de andere lokale populaties en gemeenschappen in de metagemeenschap.

Inzicht krijgen in deze dynamiek is naar onze mening van cruciaal belang om de respons van gemeenschappen op veranderingen in omgevingscondities te voorspellen. Deze zal afhangen van zowel lokale als regionale processen, en dit in een interactie tussen ecologische en evolutionaire dynamieken. Dit is bijvoorbeeld zeer belangrijk in het kader van globale klimaatsverandering: een lokale gemeenschap kan zich aanpassen via lokale genetische adaptatie van de residente soorten en via soortverschuivingen binnen de residente gemeenschap. Het relatieve belang van beide zal afhangen van de snelheid van genetische adaptatie van de verschillende soorten, zelf afhankelijk van de mate van genetische variatie voor sleutelkenmerken in deze soorten. In de mate dat soorten zich genetisch kunnen aanpassen zal dit resulteren in minder sterke verschuivingen in soortensamenstelling. Maar er is meer, want de lokale dynamieken worden ook beïnvloed door immigratie van soorten en genotypes uit meer zuidelijke locaties. De mate dat immigratie een rol zal spelen zal dan weer kritisch afhangen van de snelheid van lokale adaptatie van de residente gemeenschap via evolutie of soortverschuivingen enerzijds en van de landschapsconnectiviteit

*Figuur 1. Schematische voorstelling van een metagemeenschap met vijvers en meren in een terrestrisch landschap. De verschillende habitatten zijn gekenmerkt door sterke ecologische verschillen, die bepaald worden door deels onafhankelijke variatie in (1) aan- of afwezigheid van vis (aangegeven door symbool dat de aanwezigheid van vis en de vaak ermee geassocieerde afwezigheid van ondergedoken waterplanten voorstelt), (2) hoge of lage intensiteit aan parasieten (stippels) en (3) weinig of intens landgebruik (grijze achtergrond). De pijlen stellen de uitwisselingen van individuen voor tussen de verschillende poelen, en geven derhalve de metagemeenschapstructuur aan. De figuur is opgesteld voor zoöplankton (cfr: vis als belangrijke predator), maar is mits wijzigingen uiteraard toepasbaar voor diverse groepen organismen.*



en dus aanvoer van immigrante genotypes en soorten anderzijds. Dit is een bijzonder boeiende dynamiek, die echter tot dusver voor geen enkel modelstelsel in al zijn aspecten is bestudeerd. Er zijn verschillende overzichtartikelen die wijzen op het belang van een dergelijke aanpak (bvb. Urban & Skelley, 2006), en er zijn veel deelstudies die verschillende aspecten van dit scenario hebben aangetoond (vermeld in de tekst). Om echter tot een meer omvattend inzicht in het relatieve belang van ecologische en evolutionaire processen bij de bepaling van soortverschuivingen in natuurlijke metagemeenschappen te komen, is er nood aan bijkomend onderzoek. Dit onderzoek omvat zowel experimentele studies die de precieze inbreng van evolutie op ecologie kwantificeren, als veldstudies die tegelijkertijd de ecologische variatie, soorten-samenstelling en genetische variatie in zowel neutrale merkers als ecologisch relevante kenmerken kwantificeren over relevante omgevingsgradiënten. Omwille van de sterke fragmentatie van de natuur in Vlaanderen is een metapopulatie- en metagemeenschapsbenadering ons insziens essentieel om via vernieuwde inzichten beter in te spelen op de toenemende bedreigingen voor biodiversiteit. We hopen met de in bovenstaande tekst aangegeven voorbeelden in relatie tot invasieve soorten en klimaatsverandering de lezer te hebben overtuigd dat het in beschouwing nemen van evolutionaire dynamiek een belangrijke bijdrage kan leveren tot het begrijpen van de ecologische respons op deze grootschalige veranderingen, en dus tot het beheer met het oog op het behoud van biodiversiteit.

## Literatuur

Agrawal A. (2003). Community genetics: new insights into community ecology by integrating population genetics. *Ecology*, 84 : 543-544.

Bijlsma, R. & Loeschcke V. (2005). Environmental stress, adaptation and evolution. *Journal of Evolutionary Biology*, 18 : 744-749.

Cottenie K., Michels E., Nuytten N. & De Meester L. (2003). Zooplankton metacommunity structure: regional versus local processes in highly interconnected ponds. *Ecology*, 84 : 991-1000.

Cousyn C., De Meester L., Colbourne J.K., Brendonck L., Verschuren D. & Volckaert F. (2001). Rapid, local adaptation of zooplankton behavior to changes in predation pressure in the absence of neutral genetic changes. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 98 : 6256-6260.

De Block M., Geenen S., Jordaens K., Bäckeljau T. & Stoks R. (2005). Spatiotemporal allozyme variation in the damselfly, *Lestes viridis* (Odonata: Zygoptera): gene flow among permanent and temporary ponds. *Genetica*, 124 : 137-144.

Decaestecker E., Declerck S., De Meester L. & Ebert D. (2005). Ecological implications of parasites in natural *Daphnia magna* populations. *Oecologia*, 144 : 382-390.

Declerck S., De Bie T., Ercken D., Hampel H., Schrijvers S., Van Wichelen J., Gillard V., Mandiki R., Losson B., Bauwens D., Keijers S., Vyverman W., Goddeeris B., De Meester L., Brendonck L. & Martens K. (2006). Ecological characteristics of small farmland ponds: associations with land use practices at multiple spatial scales. *Biological Conservation*, 131 : 523-532.

De Gelas K. & De Meester L. (2005). Phylogeography of *Daphnia magna* in Europe. *Molecular Ecology*, 14 : 753-764.

De Greef B. & Triest L. (1999). The use of random amplified polymorphic DNA (RAPD) for hybrid detection in *Scirpus* from the river Schelde (Belgium). *Molecular Ecology*, 8 : 379-386.

De Meester L., Declerck S., Stoks R., Louette G., Van de Meutter F., De Bie T., Michels E. & Brendonck L. (2005). Ponds and pools as model systems in conservation biology, ecology and evolutionary biology. *Aquatic Conservation*, 15: 715-725.

De Meester L., Louette G., Duvivier C., Van Damme C. & Michels E. (2007). Genetic composition of resident populations influences establishment success of immigrant species. *Oecologia*, in druk.

De Meester L., Vanoverbeke J., De Gelas K., Ortells R. & Spaak P. (2006). Genetic structure of cyclic parthenogenetic zooplankton populations – a conceptual framework. *Archiv für Hydrobiologie*, 167 : 217-244.

Frankham R., Balou D. & Briscoe D.A. (2002). Introduction to conservation genetics. Cambridge University Press, Cambridge.

Geenen S., Jordaens K., De Block M., Stoks R. & De Bruyn L. (2000). Genetic differentiation and dispersal among populations of the damselfly *Lestes viridis* (Odonata). *Journal of the North American Benthological Society*, 19 : 321-328.

Grant P.R. & Grant B.R. (2002). Unpredictable evolution in a 30-year study of Darwin's finches. *Science*, 296 : 707-711.

Hairston N.G.Jr., Ellner S.P., Geber M.A., Yoshida T. & Fox J.A. (2005). Rapid evolution and the convergence of ecological and evolutionary time. *Ecology Letters*, 8 : 1114-1127.

Hanski I.A. & Gilpin M.E. (Eds.) (1997). *Metapopulation Biology. Ecology, Genetics and Evolution*. Academic Press, 512 pp.

Hanski I. (1998). Metapopulation dynamics. *Nature*, 396 : 42-49.

Hendriks, R.J.J., Ouburg N.J. & Groenendaal J.M. (1998). Is natuurbeheer ook beheer van genen? Het thema genetische erosie in onderzoek, beleid en beheer. Katholieke Universiteit Nijmegen.

- Hendry A.P. & Kinnison M.T. (1999). The pace of modern life: measuring rates of contemporary microevolution. *Evolution*, 53 : 1637-1653.
- Holyoak M., Leibold M.A. & Holt R.D. (Eds.) (2005). *Metacommunities: spatial dynamics and ecological communities*. University of Chicago Press, 520 pp.
- Knaepkens G., Bervoets L., Verheyen E. & Eens M. 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., Knaepkens G., Bervoets L., Taylor M.I., Eens M. & Verheyen E. (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.
- Leibold M.A., Holyoak M., Mouquet N., Amarasekare P., Chase J.M., Hoopes M.F., Holt R.D., Shurin J.B., Law R., Tilman D., Loreau M. & Gonzalez A. (2004). The metacommunity concept: a framework for multi-scale community ecology. *Ecology Letters*, 7 : 601-613.
- Maes G., Pujolar M., Hellemans B. & Volckaert F. (2006). Evidence for isolation by time in the European eel (*Anguilla anguilla* L.). *Molecular Ecology*, 15 : 2095-2107.
- Michels E., Cottenie K., Neys L., De Gelas K., Coppin P. & De Meester L. (2001). Modelling the effective geographic distance between zooplankton populations in a set of interconnected ponds : a validation with genetic data. *Molecular Ecology*, 10 : 1929-1938.
- Michels E., Cottenie K., Van de Meutter F., Declerck S. & De Meester L. (2005). Ecologische gevolgen van verbindingen tussen leefgebieden: de vijvers van het natuurreservaat De Maten (Genk). *Natuurfocus*, 4 : 16-22.
- Raeymaekers J., Van Houdt J., Larmuseau M., Geldof S. & Volckaert F. (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.
- Reznick D.A., Bryga H. & Endler J.A. (1990). Experimentally induced life-history evolution in a natural population. *Nature*, 346 : 357-359.
- Ridley, M. (2004). *Evolution*. Third Edition. Blackwell Publishing, Oxford.
- Saccheri I., Kuusaari M., Kankare M., Vikman P., Fortelius W. & Hanski I. (1998). Inbreeding and extinction in a butterfly metapopulation. *Nature*, 392 : 491-494.
- Schlaepfer M.A., Runge M.C. & Sherman P.W. (2002). Ecological and evolutionary traps. *Trends in Ecology and Evolution*, 17 : 474-480.
- Soulé, M.E. (1980). Thresholds for survival: maintaining fitness and evolutionary potential. In: Soulé, M.E. & Wilcox, B.A. (eds.), *Conservation biology: an evolutionary-ecological perspective*, Sinauer, Sunderland (MA): 151-169.
- Thomas C.D., Bodsworth E.J., Wilson R.J., Simons A.D., Davies Z.G., Mussche M. & Conradt L. (2001). Ecological and evolutionary processes at expanding range margins. *Nature*, 411: 577-581.
- Thompson J.N. (Ed.) (2005) – *The geographic mosaic of coevolution*. The University of Chicago Press, 443 pp.
- Triest L. & Mannaert A. (2006). The relationship between *Callitriche* L. clones and environmental variables using genotyping. *Hydrobiologia*, 570: 70-77.
- Urban M.C. & Skelly D.K. (2006) – Evolving metacommunities: toward an evolutionary perspective on metacommunities. *Ecology*, 87 : 1616-1626.
- Van de Meutter F., De Meester L. & Stoks R. (2007). Metacommunity structure of pond macroinvertebrates: effects of dispersal mode and generation time. *Ecology*, in druk.
- Van Doorslaer W., Stoks R., Jeppesen E. & De Meester L. (2007). Adaptive micro-evolutionary responses to global warming in *Simocephalus vetulus*: a mesocosm study. *Global Change Biology*, 13 : 878-886.
- Van Houdt J., De Cleyn L., Perretti A. & Volckaert F. (2005). A mitogenic view on the evolutionary history of the Holarctic freshwater gadoid, burbot (*Lota lota*) *Molecular Ecology*, 14 : 2445-2457.
- Vellend M. & Geber M.A. (2005) – Connections between species diversity and genetic diversity. *Ecology Letters*, 8 : 767-781.
- Yoshida T., Jones L.E., Ellner S., Fussmann G.F. & Hairston N.G. (2003). Rapid evolution drives ecological dynamics in a predator-prey system. *Nature*, 424 : 303-306.
- Willi Y., Van Buskirk J. & Hoffmann A.A. (2006). Limits to the adaptive potential of small populations. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 37 : 433-458.

#### Situering van enkele termen:

**Dispersie:** een ongerichte uitzwerving of verspreiding van organismen.

**Genmigratie:** beweging van genen tussen populaties te wijten aan een combinatie van dispersie gevolgd door succesvolle vestiging.

**Kenmerkwaarde:** fenotypische waarde voor een bepaald kenmerk (bv. lichaamslengte).

**Neutrale markers:** kenmerken die niet gerelateerd zijn aan fitness, en die dus voornamelijk inzicht geven in de historische elementen die een populatie hebben beïnvloed.

**Fitness** van een genotype: de relatieve bijdrage van dit genotype tot de volgende generatie (relatief ten opzichte van de bijdrage van andere genotypes).

**Ecologisch relevante kenmerken:** kenmerken die gerelateerd zijn aan de fitness van een organisme (i.e. zijn/haar bijdrage tot de volgende generatie); bv. ontwikkelingssnelheid, lichaamsgrootte, aantal nakomelingen, anti-predatiegedrag, ...

**Selectiedruk:** een omgevingsfactor (bv. predatie, pollutie, parasitisme) die fitnessverschillen teweeg brengt tussen individuen met andere kenmerkwaarden (bv. anti-predatiegedrag). Dit kan leiden tot verschuivingen in genetische samenstelling (op populatieniveau) en/of tot soortverschuivingen (op gemeenschapsniveau).

**Metagemeenschap:** set van lokale gemeenschappen waartussen er uitwisseling is van individuen door dispersie van de verschillende soorten

*L. De Meester;  
S. Rousseaux,  
W. Van Doorslaer;  
C. Duvivier;  
M. Jansen,  
J. Vanoverbeke,  
E. Decaestecker;  
J. Mergeay,  
R. Stoks,  
S. Declerck*

*Laboratorium voor Aquatische Ecologie en  
Evolutiebologie, K.U.Leuven  
Ch. Deberiotstraat 32, B-3000 Leuven  
Tel. 016/32 37 08; Fax 016/32 45 75*

*Luc.DeMeester@bio.kuleuven.be  
Sarah.Rousseaux@bio.kuleuven.be  
Wendy.VanDoorslaer@bio.kuleuven.be  
Cathy.Duvivier@bio.kuleuven.be  
Mieke.Jansen@bio.kuleuven.be  
Joost.Vanoverbeke@bio.kuleuven.be  
Ellen.Decaestecker@bio.kuleuven.be  
Joachim.Mergeay@bio.kuleuven.be  
Robby.Stoks@bio.kuleuven.be  
Steven.Declerck@bio.kuleuven.be*

# Microbiële diversiteit in aquatische ecosystemen: stand van zaken van het onderzoek in Vlaanderen

<sup>1</sup> Katholieke Universiteit Leuven, Campus Kortrijk, Lab. Biologie

<sup>2</sup> Universiteit Gent, Lab. Protistologie & Aquatische Ecologie

<sup>3</sup> Institut für Terrestrische Ökologie, Zürich, Switzerland

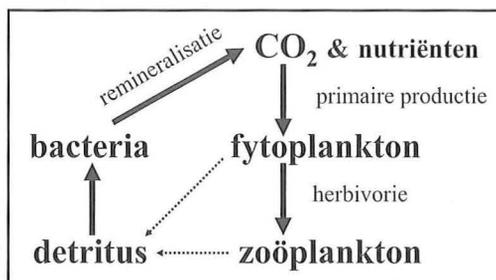
<sup>4</sup> Katholieke Universiteit Leuven, Lab. Aquatische Ecologie

Het onderzoek naar de diversiteit van bacteria in aquatische ecosystemen kreeg een extra impuls na de ontwikkeling van moleculaire technieken zoals PCR, DGGE analyse en DNA sequentieanalyse, en de algemene toepassing ervan in een aquatische omgeving, inmiddels ongeveer 15 jaar geleden. Dit artikel wil een overzicht geven van de stand van zaken van het onderzoek naar de diversiteit van aquatische bacteria in ondiepe meren in Vlaanderen en hun relatie tot het ecosysteem. Monitoringstudies in diverse natuurgebieden leveren een gedetailleerd beeld van de ruimtelijke en seizoensale verschillen in bacteriële gemeenschappen in Vlaamse ondiepe meren. Multivariate analyse van deze monitoringdata en experimenten met natuurlijke microbiële gemeenschappen lieten toe het relatieve belang van 'bottom-up' (omgevingscondities) en 'top-down' (predatie) processen op de diversiteit van microbiële gemeenschappen in the schatten.

## Wat is de rol van aquatische bacteria?

In tegenstelling tot op het land worden de belangrijkste ecosysteemprocessen in het water uitgevoerd door microscopische organismen (Figuur 1). Het ééncellige fytoplankton vervult bijvoorbeeld de rol van planten terwijl het nauwelijks grotere zoöplankton de rol vervult van de grazers of herbivoren. De rol van schimmels of fungi op het land als opruimers van dood materiaal of detritus wordt in het water vervuld door aquatische bacteria. Aquatische bacteria breken dood detritus afkomstig van andere organismen af tot CO<sub>2</sub>. Tijdens dit proces remineraliseren ze anorganische nutriënten zoals stikstof en fosfor die gebonden zijn aan het organisch materiaal en maken ze deze opnieuw beschikbaar voor het fytoplankton. In deze tekst willen we een overzicht geven van het onderzoek naar de biodiversiteit van deze aquatische bacteria in Vlaanderen. Dit onderzoek werd uitgevoerd in een samenwerking tussen de Universiteit Gent (Lab. voor Protistologie & Aquatische Ecologie) en de Katholieke Universiteit Leuven (Lab. voor Aquatische Ecologie).

Figuur 1: Overzicht van de voornaamste ecosysteemprocessen en de organismen die hierbij betrokken zijn in een aquatisch ecosysteem.



## Een jong onderzoeksdomein

De studie van de diversiteit van aquatische bacteria is een relatief jong onderzoeksdomein. Dit is vooral te wijten aan het feit dat tot aan het

begin van de jaren 1990 de technieken om de diversiteit van aquatische bacteria te bestuderen beperkt waren. Bacteria bezitten bijzonder weinig bruikbare morfologische kenmerken. Daarom is het onmogelijk om bacteria met behulp van een microscoop te identificeren, laat staan met het blote oog. Tot begin jaren 1990 werden bacteria geïdentificeerd door hun fysiologische eigenschappen te bepalen. Dit vereiste het opkweken van bacteria op diverse artificiële media. Slechts een beperkte fractie van de aquatische bacteria kan echter gekweekt worden op artificiële media. Hierdoor bleef het merendeel van de aquatische bacteria ongekend.

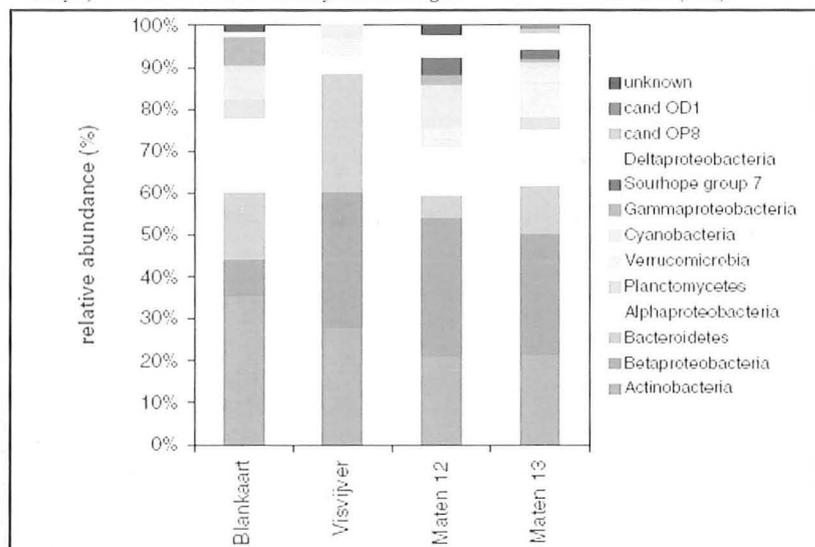
In begin jaren 1990 ontwikkelde de Nederlander Gerard Muyzer genetische technieken voor het bestuderen van de diversiteit van aquatische bacteria (Muyzer et al. 1993). Deze technieken werden tot dan toe vooral gebruikt in de medische sector. Ze maken gebruik van de code in het DNA voor het onderscheiden en identificeren van de verschillende soorten bacteria in een watermonster. Bacteria en hun DNA worden bemonsterd door een bepaalde hoeveelheid water te filteren over een filter met kleine poriëgrootte (0,2 µm). Het DNA op deze filter wordt geëxtraheerd en met behulp van PCR ("Polymerase Chain Reaction") wordt een bepaald fragment van het DNA afkomstig van bacteria vermenigvuldigd. Dit fragment is vaak een stukje uit de DNA code voor het ribosomale DNA. Men kiest hiervoor een stukje uit de ribosomale DNA code dat duidelijk verschilt tussen verschillende soorten bacteria maar dat binnen dezelfde soort identiek is. Men kan deze keuze maken omdat van vele (kweekbare) bacteriestammen genen werden gesequeneerd, en men derhalve weet welke stukken DNA veel variatie vertonen tussen en binnen soorten. De verschillende fragmenten worden vervolgens door middel van elektroforese gescheiden van elkaar. Hierdoor kan het totaal aantal verschillende soorten bacteria in een bepaald monster bepaald worden. De elektroforetische techniek

die hiervoor vaak gebruikt wordt is DGGE of "Denaturing Gradient Gel Electrophoresis". De individuele DNA fragmenten kunnen ook gecloneerd en gesequeneerd worden ("clone library" analyse). De bekomen sequenties kunnen vervolgens vergeleken worden met sequenties van gekende bacteria in een centrale databank ("GenBank"). Hierdoor kan de identiteit van de bacteria die aanwezig waren in het watermonster achterhaald worden. Door de ontwikkeling van deze moleculaire genetische technieken in het begin van de jaren 1990 werd het onderzoek naar de diversiteit van aquatische bacteria wereldwijd in een stroomversnelling gebracht.

## Ondiepe meren

In Vlaanderen werd vanaf eind jaren 1990 onderzoek uitgevoerd naar de samenstelling van de gemeenschap van aquatische bacteria in ondiepe meren. Ondiepe meren zijn het meest algemene type van meren in laaggelegen gebieden zoals Vlaanderen. Deze meren zijn bijzonder gevoelig voor voedselaanrijking of eutrofiëring. Onder voedselarme omstandigheden worden ondiepe meren gekenmerkt door helder water en een weelderige vegetatie van ondergedoken waterplanten (Scheffer, 1998). De visgemeenschap wordt gedomineerd door predatoren zoals snoek en baars. Deze predatore vissen houden de populaties van planktivore vissen onder controle. Daardoor kan zoöplankton zoals de *Daphnia* of watervlo dichte populaties opbouwen en de fytoplanktonbiomassa laag houden. Bij eutrofiëring gaan deze ondiepe meren van een heldere toestand over naar een troebele toestand. Visetende vis verdwijnt, waardoor planktivore vis in hoge aantallen kan voorkomen. Deze planktivore vis eet het meeste zoöplankton op, waardoor fytoplankton ongecontroleerd kan groeien. Er treden daarom frequent algenbloeien op, waardoor het water troebel wordt en waterplanten geen kans meer krijgen (zie ook Declerck et al., 2006).

Figuur 2: Samenstelling van de bacteriële gemeenschappen (bepaald aan de hand van een "clone library" analyse) in de vier onderzochte modelsystemen. Overgenomen uit Van der Gucht et al. (2005).



Bij relatief lage nutriëntconcentraties komen ondiepe meren steeds in een heldere toestand voor, terwijl ondiepe meren met hoge nutriëntconcentraties vrijwel steeds troebel zijn. Bij tussenliggende nutriëntconcentraties kunnen ondiepe meren echter zowel in een troebele als heldere toestand voorkomen. De troebele en heldere toestanden worden in dit geval gestabiliseerd door ecologische terugkoppingsmechanismen (Scheffer et al., 1993; Scheffer 1998; zie ook Declerck et al., 2006). De ecologie en diversiteit van fytoplankton, zoöplankton en vis in heldere versus troebele ondiepe meren was al geruime tijd bijzonder goed gedocumenteerd. Daarentegen was tot voor kort nauwelijks iets gekend over de diversiteit van bacteria in deze ecosystemen.

Om de diversiteit van bacteria in ondiepe meren te onderzoeken werden in Vlaanderen vier modelsystemen geselecteerd. Deze vier modelsystemen waren gelegen in 2 natuurgebieden: De Blankaart in West-Vlaanderen en De Maten in Limburg. De modelsystemen in De Blankaart werden gekenmerkt door bijzonder hoge nutriëntconcentraties ( $> 100 \mu\text{g}$  totaal fosfaat  $\text{l}^{-1}$ ) terwijl deze in De Maten lagere nutriëntconcentraties vertoonden ( $< 100 \mu\text{g}$  totaal fosfaat  $\text{l}^{-1}$ ). In elk gebied werden 2 ondiepe meren geselecteerd – een helder en een troebel meer: de heldere Visvijver en de troebele Blankaartvijver in natuurgebied De Blankaart en een heldere en troebele vijver in het natuurgebied De Maten. De twee ondiepe meren in elk natuurgebied zijn telkens gekenmerkt door vergelijkbare nutriëntconcentraties, verschillen voornamelijk wat betreft hun interne ecologische structuur en niet wat betreft hun voedselrijkdom. De bacteriële diversiteit werd in deze vier modelsystemen gedurende twee jaar in detail opgevolgd. Tergelijkertijd werden een aantal belangrijke parameters opgevolgd die van invloed kunnen zijn op de bacteriële diversiteit, zoals concentraties aan nutriënten, fytoplankton, zoöplankton en predatoren van bacteria. Daarnaast werden in deze modelsystemen bijkomende experimentele studies uitgevoerd om de invloed van predatoren en van dispersie op de bacteriële diversiteit na te gaan.

## Bacteriële gemeenschappen van ondiepe meren

Studies in rivieren en diverse types van meren toonden aan dat een aantal soorten of soortgroepen van bacteria vrijwel steeds terug te vinden zijn in zoetwatersystemen, ongeacht de geografische regio (Zwart et al. 2002). Een groot aantal van deze zogenaamde typische zoetwaterclusters van bacteria werden ook in Vlaamse ondiepe meren waargenomen (Van der Gucht et al. 2005), en ongeveer tweederde van de waargenomen soorten bacteria behoorden tot deze typische zoetwaterclusters. Slechts een kleine minderheid van de waargenomen bacteria betroffen soorten die voordien nog niet waargenomen waren in zoetwaterhabitaten en die enkel gekend waren van bodems of van mariene systemen. Ondiepe

meren blijken dus bacteriële gemeenschappen te herbergen die sterk gelijken op gemeenschappen die ook in andere zoetwatersystemen voorkomen.

De bacteriële gemeenschappen vertoonden duidelijke verschillen tussen de vier modelsystemen (Figuur 2). Vooral de troebele Blankaartvijver bleek een afwijkende soortensamenstelling te hebben, met relatief veel *Actinobacteria* en relatief weinig *beta-Proteobacteria*, en een globaal lagere diversiteit aan bacteria. Deze afwijkende gemeenschap is wellicht te wijten aan de bijzonder hoge fytoplanktonbiomassa en troebelheid van het meer. Daarnaast werden er ook duidelijke verschillen waargenomen tussen de heldere en troebele meren, en deze verschillen waren zeer vergelijkbaar in beide natuurgebieden. Troebele meren bleken gekenmerkt door de aanwezigheid van *Cyanobacteria*, een groep van fotosynthetische bacteria die ook wel tot het fytoplankton gerekend worden en die vaak problemen vormen in troebele ondiepe meren. In heldere meren worden deze *Cyanobacteria* vaak weggeconcentreerd door eukaryote fytoplanktonsoorten. Heldere meren bleken dan weer gekenmerkt door een groter aantal soorten uit de groep *Bacteroidetes*. Soorten uit de groep *Bacteroidetes* zijn gekend als afbrekers van polymeren zoals cellulose. Wellicht kan hun aanwezigheid in heldere meren verklaard worden door de dichte vegetatie van waterplanten, wat een hoge celluloseproductie met zich meebrengt. Deze studie was beperkt tot slechts 2 heldere en 2 troebele meren. Verder onderzoek is echter nodig

om na te gaan of deze patronen zich herhalen in andere heldere of troebele ondiepe meren.

### 'Bottom-up' versus 'top-down' controle van bacteriële gemeenschappen

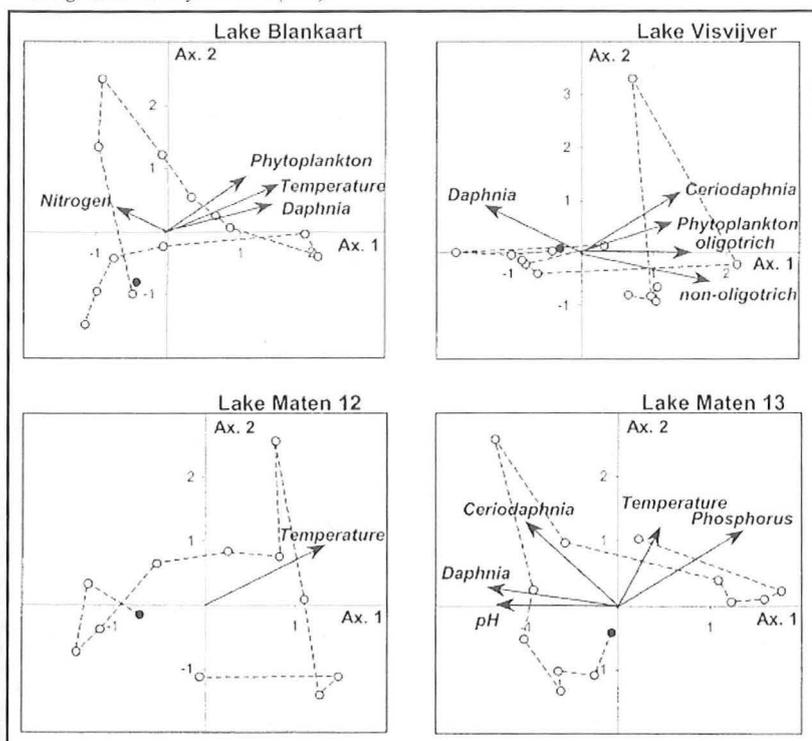
In de vier modelsystemen werden duidelijke seizoensverschiuvingen in de samenstelling van de bacteriële gemeenschappen waargenomen. Aan de hand van multivariate statistische technieken werden deze verschiuvingen in de soortensamenstelling gerelateerd aan omgevingsfactoren (Muylaert et al. 2002). Deze omgevingsfactoren kunnen ingedeeld worden in twee grote groepen: 'bottom-up' en 'top-down' factoren. 'Bottom-up' factoren beïnvloeden rechtstreeks de groei van bacteria; deze factoren omvatten temperatuur, pH, anorganische nutriënten, gesuspendeerd materiaal en de biomassa van het fytoplankton. Fytoplankton scheidt tijdens het primaire productie proces een deel van de fotosynthetische producten uit onder de vorm van opgelost organisch materiaal, en dit opgelost organisch materiaal vormt een belangrijk substraat voor aquatische bacteria. 'Top-down' factoren omvatten predatoren van bacteria. In aquatische ecosystemen zijn dit voornamelijk ééncellige protozoa zoals heterotrofe flagellaten en ciliaten, maar ook zoöplankton zoals de watervlo *Daphnia*.

De multivariate statistische analyses toonden aan dat seizoensverschiuvingen in de bacteriële gemeenschap zowel gerelateerd waren aan 'bottom-up' factoren (temperatuur, nutriënten, fytoplankton en pH) als aan 'top-down' factoren (ciliaten en *Daphnia*) (Figuur 3). Terwijl in troebele meren de seizoensvariatie voornamelijk door 'bottom-up' factoren bepaald werd, speelden zowel 'bottom-up' als 'top-down' factoren onafhankelijk van elkaar een rol in de heldere meren. Dit is niet verrassend, aangezien heldere meren gekend zijn als systemen waar 'top-down' controle bijzonder sterk is. Door een sterke 'top-down' controle beïnvloedt de top van de voedselketen de basis in heldere ondiepe meren: predatore vis controleert planktivore vis en zoöplankton controleert fytoplankton. Onze resultaten tonen aan dat deze 'top-down' controle ook terug te vinden is op het niveau van het microbiële voedselweb. Troebele meren zijn systemen waar 'top-down' controle weggevallen is, waardoor de fytoplanktonbiomassa voornamelijk 'bottom-up' gereguleerd wordt door nutriënten en licht. Onze resultaten suggereren dat dit ook geldt voor bacteria.

### De invloed van predatoren op bacteriële gemeenschappen

De resultaten van het monitoringonderzoek wijzen op een belangrijke 'top-down' controle van bacteria in heldere ondiepe meren. De invloed van predatie op de bacteriële gemeenschap werd daarom experimenteel onderzocht in een helder ondiep meer: de Visvijver in het natuurgebied De Blankaart (Muylaert et al. 2006). Hiervoor

Figuur 3: Multivariate analyse ("correspondence analysis" of CA) die de seizoensverschiuvingen in de bacteriële gemeenschappen in de 4 modelsystemen in 1999 weergeeft. Het eerste monster dat verzameld werd in het seizoen is weergegeven als een zwart punt, de overige monsters zijn weergegeven als witte punten, waarbij de gebroken lijn de tijdsreeks voorstelt. De pijlen zijn een voorstelling van de correlaties tussen de assen en omgevingsvariabelen die significant variatie in de gemeenschapstructuur verklaarden. Overgenomen uit Muylaert et al. (2002).



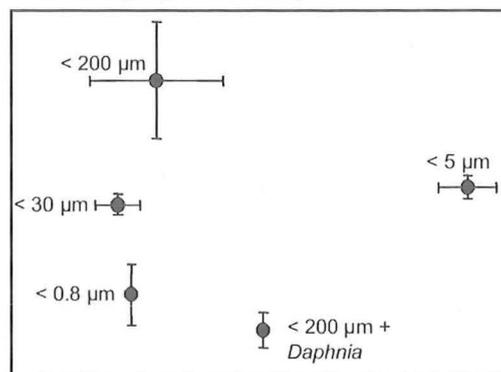
werd een fractionatie-experiment uitgevoerd. In een dergelijk experiment worden predatoren verwijderd door het water te filteren over filters met een poriegrootte die net iets kleiner is dan de gemiddelde grootte van de predator. In de Visvijver werd zoöplankton zoals *Daphnia* en copepoden verwijderd met een filter met poriegrootte 200  $\mu\text{m}$ . Larvale stadia of nauplii van copepoden werden verwijderd met een filter met poriegrootte 30  $\mu\text{m}$ , ciliaten met een filter met poriegrootte 5  $\mu\text{m}$  en heterotrofe flagellaten met filter met poriegrootte 0,8  $\mu\text{m}$ . Water gefilterd over de filter met poriegrootte 0,8  $\mu\text{m}$  bevatte enkel nog bacteria en was vrij van predatoren. Water gefilterd over een filter met poriegrootte 5  $\mu\text{m}$  bevatte enkel bacteria en heterotrofe flagellaten, enzovoort. Voor het experiment werden bacteria in zowel ongefilterd water uit de Visvijver als in water gefilterd over filters met poriegrootte 0,8, 5, 30 en 200  $\mu\text{m}$  gedurende 3 dagen opgevolgd. Het experiment werd uitgevoerd in kooitjes gemaakt van dialysemembraan die geïncubeerd werden in de Visvijver zelf. Dialysemembranen laten opgeloste stoffen zoals opgelost organisch materiaal en nutriënten door maar houden bacteria en grotere organismen tegen. Het gebruik van dialysemembranen zorgde ervoor dat 'bottom-up' condities gelijk waren in de verschillende behandelingen. Uit verschillen in de dichtheden van bacteria in de verschillende behandelingen kon afgeleid worden welke de voornaamste predatoren van bacteria waren in de Visvijver. Aan het eind van het experiment werd de soortensamenstelling van de bacteriële gemeenschap in de verschillende behandelingen onderzocht om na te gaan welke predatoren de sterkste invloed uitoefenden op de bacteriële gemeenschap.

Het experiment werd tweemaal uitgevoerd in hetzelfde jaar, in juli en begin oktober 2000. In juli was *Daphnia* de voornaamste zoöplanktonsoort terwijl in oktober copepoden belangrijker waren. Nauplii van copepoden, ciliaten en heterotrofe flagellaten waren 5 tot 10 keer abundanter in juli dan in oktober. In juli werd predatie van bacteria door *Daphnia*, ciliaten en heterotrofe flagellaten aangetoond, terwijl in oktober enkel predatie door ciliaten en heterotrofe flagellaten voorkwam (*Daphnia* was afwezig). Op het eind van het experiment werden duidelijke verschillen in de bacteriële gemeenschap waargenomen in de verschillende behandelingen (Figuur 4). De soortensamenstelling van de bacteriële gemeenschap bleek het meest afwijkend te zijn in de behandelingen waarin heterotrofe flagellaten de dominante predatoren waren. Dit is niet verwonderlijk, aangezien heterotrofe flagellaten bacteria één voor één opnemen, terwijl de andere groepen filtervoeders zijn. Bovendien zijn bacteria relatief groot ten opzicht van heterotrofe flagellaten, waardoor bepaalde soorten misschien net iets te groot zijn om opgenomen te worden en andere niet. Hierdoor kan er een duidelijke selectie optreden tijdens de predatie. Ciliaten en *Daphnia* oefenden een veel minder uitgesproken invloed uit op de samenstelling van de bacteriële gemeenschap. Dit kan verklaard worden door het feit dat

zowel de ciliaten die in de Visvijver voorkwamen op het ogenblik van de experimenten (oligotriche *Pelagohalteria*) als *Daphnia* filtervoeders zijn die bacteria uit het water filteren zonder daarbij bepaalde soorten te selecteren.

Dit onderzoek bleef totnogtoe beperkt tot een enkel, helder ondiep meer. Verdere studies in troebele ondiepe meren en andere heldere meren zijn nodig om een beter begrip te krijgen de van invloed die predatoren uitoefenen op de samenstelling van bacteriële gemeenschappen. In andere systemen spelen andere zoöplanktongroepen wellicht een rol. Zo werd aangetoond dat ook *Daphnia* de samenstelling van bacteriële gemeenschappen kan beïnvloeden (Degans et al. 2002).

Figuur 4: Multivariate analyse ("non-metric multidimensional scaling" of MDS) van bacteriële gemeenschappen (bepaald aan de hand van DGGE analyse) in de verschillende behandelingen aan het eind van een fractionatie-experiment uitgevoerd in de Visvijver in oktober 2000. De gemiddelden van de 3 replica's en de 95% confidentieintervallen zijn weergegeven per behandeling. Zie tekst voor meer uitleg over de verschillende behandelingen. Gebaseerd op Muylaert et al. (2006).



## Referenties

Degans H, Zollner E, Van der Gucht K, De Meester L, Jurgens K (2002) Rapid *Daphnia*-mediated changes in microbial community structure: an experimental study. FEMS MICROBIOLOGY ECOLOGY 42: 137-149.

Muylaert, K; Van der Gucht, K; Vloemans, N; De Meester, L; Gillis, M; Vyverman, W. 2002. Relationship between bacterial community composition and bottom-up versus top-down variables in four eutrophic shallow lakes. APPLIED AND ENVIRONMENTAL MICROBIOLOGY 68: 4740-4750.

Muylaert, K; Zhao, L; Van der Gucht, K; Cousin, S; Declerck, S; Vyverman, W. 2006. Trophic coupling in the microbial food web of a eutrophic shallow lake (Lake Visvijver, Belgium). ARCHIV FUR HYDROBIOLOGIE 166: 307-324.

Muyzer, G; Dewaal, EC; Uitterlinden, AG. 1993. Profiling of complex microbial populations by denaturing gradient gel electrophoresis analysis of polymerase chain reaction amplified genes coding for 16s ribosomal-RNA. APPLIED AND ENVIRONMENTAL MICROBIOLOGY 59: 695-700.

Declerck, S.; Van de Meutter, F.; De Meester, L. 2006. Ondiepe vijvers en meren – Ecologische achtergronden en beheer. *Natuur.focus* 5: 22-29.

Van der Gucht, K; Vandekerckhove, T; Vloemans, N; Cousin, S; Muylaert, K; Sabbe, K; Gillis, M; Declerck, S; De Meester, L; Vyverman, W. 2005. Characterization of bacterial communities in four freshwater lakes differing in nutrient load and food web structure. *FEMS MICROBIOLOGY ECOLOGY* 53: 205-220.

Scheffer, M., Houser, S.H., Meijer, M.L., Moss, B. & Jeppesen, E. (1993) Alternative equilibria in shallow lakes. *TRENDS IN ECOLOGY & EVOLUTION* 8: 275-279.

Zwart, G; Crump, BC; Agterveld, MPKV; Hagen, F; Han, SK. 2002. Typical freshwater bacteria: an analysis of available 16S rRNA gene sequences

from plankton of lakes and rivers. *AQUATIC MICROBIAL ECOLOGY* 28: 141-155.

*K. Muylaert*

*K.U.Leuven – Campus Kortrijk,*

*Lab. Biologie*

*E. Sabbelaan 53, B-8500 Kortrijk*

*Tel: +32 56 24 62 83*

*Fax: +32 56 24 69 99*

*E-mail: koenraad.muylaert@kuleuven-kortrijk.be*

*K. Van der Gucht<sup>1</sup>, S. Cousin<sup>2</sup>, L. De Meester<sup>3</sup>,  
W. Vyverman<sup>1</sup>*

<sup>1</sup> *UGent, Lab. Protistologie & Aquatische Ecologie*

<sup>2</sup> *Institut für Terrestrische Oekologie, Zürich,  
Switzerland*

<sup>3</sup> *K.U.Leuven, Lab. Aquatische Ecologie*

# Vogels van waterrijke gebieden in Vlaanderen: status en trends

Zowel in het broedseizoen als in de trek- en winterperiode vervullen heel wat waterrijke gebieden in Vlaanderen een belangrijke rol als broed-, rust- en voedselgebied voor vogels.

Broedende watervogels tonen een wisselend beeld wat trends betreft. De 'echte' watervogels - soorten die in belangrijke mate gebonden zijn aan open water zoals aalscholvers, futen, ganzen en eenden - vertonen meestal een stijgende trend. Vooral bij ganzen en eenden is tevens de sterke opmars van exoten opvallend. Moerasvogels die vooral voorkomen in de overgangszone tussen land en water doen het veel minder goed. Ook de meest kritische soorten van vochtige graslanden nemen meestal in aantal af.

In de winterperiode vormen plassen, moerassen, rivieren, kanalen en vochtige graslanden belangrijke overwinteringsplaatsen voor watervogels. Diverse gebieden zijn van internationaal belang. De meeste soorten - zowel piscivore, benthivore als herbivore - lieten de voorbije decennia een duidelijke toename noteren.

De status en populatietrends van vogels worden meestal door een combinatie van verschillende factoren bepaald. De belangrijkste worden in het artikel kort besproken.

Vlaanderen heeft relatief weinig grote waterrijke gebieden. De meeste hebben een kunstmatige oorsprong (bv. spaarbekken en zandwiningen) of zijn sterk onderhevig aan menselijke invloeden (bv. rivieren). Toch vormen die gebieden voor heel wat vogelsoorten een belangrijk habitat, hetzij als broedgebied, hetzij als overwinteringsgebied of als pleisterplaats tijdens de trek. De eisen die vogels aan dit habitat stellen, kunnen sterk variëren van soort tot soort of tussen verschillende soortgroepen. Habitatveranderingen hebben in de loop van de voorbije decennia vaak een grote invloed uitgeoefend op de evolutie van de aanwezige vogelpopulaties, zowel in positieve als negatieve zin. In die context kunnen watervogels in bepaalde gevallen fungeren als indicatoren voor ecosystemen, hoewel de grote variatie aan factoren die populatietrends beïnvloeden vaak een interpretatie bemoeilijken (Kushlan 1993).

In deze bijdrage wordt een bondig overzicht gegeven van de verspreiding en de aantalsontwikkeling van vogelsoorten in Vlaanderen die gebonden zijn aan water. Waar mogelijk wordt kort ingegaan op factoren die aan de grondslag kunnen liggen van de vastgestelde patronen.

## Materiaal & Methoden

De gegevens die gepresenteerd worden in deze bijdrage zijn ontleend aan databanken op het Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek waarin resultaten van atlas- en monitoringprojecten zijn opgenomen. De verzameling van de veldwaarnemingen gebeurde in hoofdzaak door vrijwillige medewerkers, waarbij een belangrijke ondersteunende rol is weggelegd voor Natuurpunt Studie.

## Broedvogels

De verspreiding van broedvogels in Vlaanderen werd in kaart gebracht tijdens twee atlasprojecten, respectievelijk in de periode 1973-1977 (Devillers et al. 1988) en 2000-2002 (Vermeersch et al. 2004). Voor de meeste soorten werden voor die

twee perioden ook populatieschattingen opgesteld zodat door een onderlinge vergelijking een globaal beeld van de trend kan samengesteld worden. Daarnaast worden de aantallen van koloniebroedende en zeldzamere soorten sinds 1994 jaarlijks opgevolgd via het project Bijzondere Broedvogels Vlaanderen (BBV-project) (zie o.a. Anselin et al. 1998, Vermeersch et al. 2006b). Pas dit jaar werd een monitoringprogramma voor algemenere broedvogelsoorten opgestart zodat op dit ogenblik voor deze groep weinig of geen echte trendgegevens beschikbaar zijn.

Voor een beschrijving van inventarisatietechnieken verwijzen we naar de hierboven vermelde publicaties.

## Niet-broedvogels

Tellingen van overwinterende en doortrekkende watervogels vinden jaarlijks plaats sinds eind de jaren '60. Sinds 1979 vinden in Vlaanderen zes tellingen plaats van oktober tot en met maart, waarbij tegenwoordig gemiddeld 500 telgebieden worden bezocht (zie o.a. Devos et al. 2001).

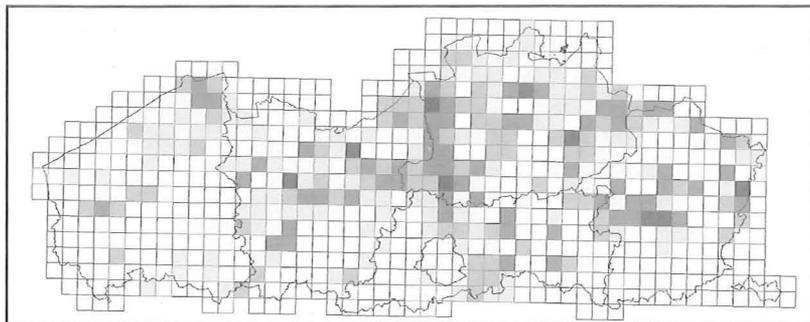
De trends die in dit artikel worden weergegeven, zijn gebaseerd op de werkelijk getelde aantallen, zonder een correctiefactor voor niet getelde gebieden. Gezien de belangrijkste gebieden zo goed als maandelijks werden geteld, kunnen de beschreven trends als betrouwbaar worden beschouwd. Een meer statistisch onderbouwde trendanalyse is in voorbereiding.

## Resultaten

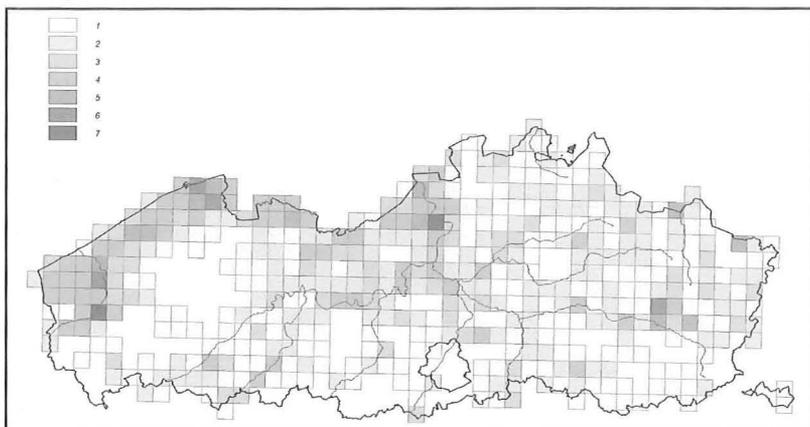
### Broedvogels

Bij broedvogels die afhankelijk zijn van vochtige biotopen, worden drie groepen onderscheiden: soorten die gebonden zijn aan open water, soorten die vooral voorkomen op de grens van water en land (moerassen) en soorten die broeden in vochtige graslanden. Voor elke groep werden een aantal kensoorten geselecteerd.

Figuur 1. Verspreiding in Vlaanderen van enkele typische vogelsoorten die gebonden zijn aan open water (Fuut, Aalscolver, Krakeend, Tafeleend, Kuifeend). Weergegeven is het aantal soorten per atlashok van 5 op 5 km (naar Vermeersch et al. 2004).



Figuur 2. Verspreiding in Vlaanderen van enkele typische vogelsoorten die gebonden zijn aan rietmoerassen (Roerdomp, Woudaap, Bruine Kiekendief, Blauwborst, Kleine Karekiet, Snor, Rietzanger en Baardmannetje.). Weergegeven is het aantal soorten per atlashok van 5 op 5 km (naar Vermeersch et al. 2004).



Tabel 1. Vergelijking van het aantal broedparen van diverse soorten watervogels tijdens atlasprojecten in de periode 1973-77 en 2000-2002.

Aantal broedparen	1973-1977	2000-2002
Fuut	200-300	1100-1500
Aalscolver	0	573-853
Knobbelzwaan	80-100	270-360
Grauwe Gans	< 50	1000-1300
Krakeend	17	1000-1200
Tafeleend	150-180	600-800
Kuifeend	180-200	1900-2400

Tabel 2. Vergelijking van het aantal broedparen van diverse soorten exotische watervogels tijdens de periode 1973-77, in 1994-1996 en 2000-2002.

Aantal broedparen	1973-1977	1994-1996	2000-2002
Zwarte Zwaan	0	0	40-45
Indische Gans	0	0	20-25
Canadese Gans	1	210-300	1400-1800
Brandgans	0	14-30	120-150
Magelhaengans	0	0-4	30-45
Nijlgans	0	75-120	800-1100
Casarca	0	0	5-10
Carolina-eend	0	0	25-30
Mandarijneend	0	5-10	80-95

Tabel 3. Vergelijking van het aantal broedparen van diverse soorten moerasvogels tijdens atlasprojecten in de periode 1973-77 en 2000-2002.

Aantal broedparen	1973-1977	2000-2002
Roerdomp	60-65	11-12
Woudaapje	60	11-19
Bruine Kiekendief	20	140-160
Snor	70-80	9-20
Rietzanger	> 1000	2100-2600
Blauwborst	500-800	3000-3700
Baardman	10-25	10-20
Grote Karekiet	100	0

## Broedvogels van open water

Vooraf futen en duikeenden zijn sterk afhankelijk van open water. Bij andere soorten zoals zwanen en ganzen is vooral de combinatie van open water met aanpalende (grazige) landvegetaties belangrijk. Bij Aalscholvers is ook de aanwezigheid van geschikte nestbomen in de buurt van water belangrijk.

Soorten van open water komen ruim verspreid voor in Vlaanderen (Figuur 1). Het hoogste aantal watergebonden soorten komt voor in enkele riviervalleien (vooral Scheldebekken) en vijvergebieden (o.a. Midden-Limburg). Een groot gedeelte van West-Vlaanderen, het zuidoosten van Oost-Vlaanderen en het zuiden van Limburg zijn regio's waar de kensoorten weinig of niet vertegenwoordigd zijn.

De meeste soorten die afhankelijk zijn van de beschikbaarheid van open water kenden de voorbije decennia een sterke toename (Tabel 1). Zowel visetende soorten (bv. Fuut) als herbivore (Krakeend) en benthivore (Kuifeend) soorten vertoonden een positieve trend. Bij enkele soorten betreft het een herstel van eerdere afnames (bv. Aalscolver die als broedvogel in Vlaanderen verdween in 1964).

Bij deze groep van watervogels valt ook het hoge aandeel exoten op. Niet inheemse watervogels komen reeds ruim verspreid in Vlaanderen voor. De meeste soorten stellen weinig eisen aan hun habitat en komen ook in verstedelijke gebieden voor (parkvijvers).

Ze kennen in het algemeen een sterk stijgende trend zoals weergegeven in Tabel 2. In de jaren '70 was de problematiek van exotische watervogels nog bijna onbestaande. De eerste soorten die een doorbraak kenden in de jaren '80 en '90 waren Canadese Gans en Nijlgans. Sinds het midden van de jaren '90 vertoonden beide soorten een exponentiële toename en vestigden zich ook andere soorten als broedvogel (zie ook Anselin & Vermeersch 2005).

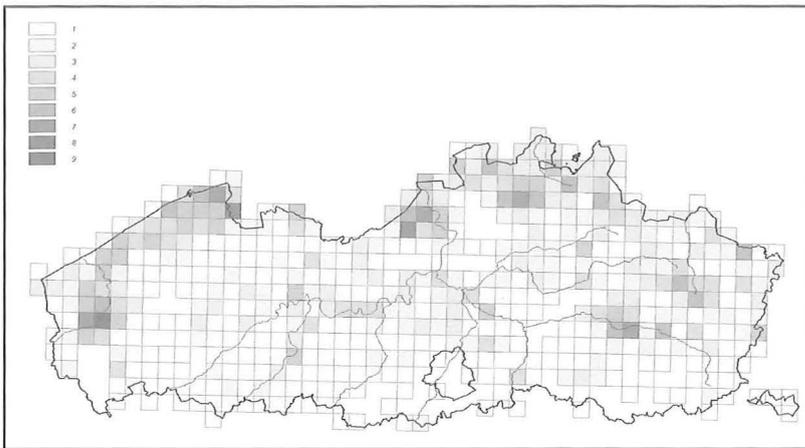
Er wordt vanuit gegaan dat broedende Brandgansen hoofdzakelijk verwilderde vogels zijn, hoewel ontwikkelingen in Nederland er op wijzen dat een gedeeltelijk wilde herkomst niet uit te sluiten is (Voslamber et al. 2007).

## Broedvogels van (riet)moerassen

De verspreidingskaart van moerasvogels toont duidelijke concentraties in de polderregio's en langs rivieren, waar vooral gebruik gemaakt wordt van een netwerk van lineaire rietelementen langs waterlopen. Grote moerasgebieden en uitgestrekte rietvelden zijn zeldzaam in Vlaanderen. Die gebieden herbergen het hoogste aantal kensoorten (o.a. Vijvergebied van Midden-Limburg, de Blankaart te Woumen en het Groot Rietveld te Melsele).

Moerasvogels vertonen sterk uiteenlopende trends (Tabel 3). Globaal gezien kan gesteld worden dat

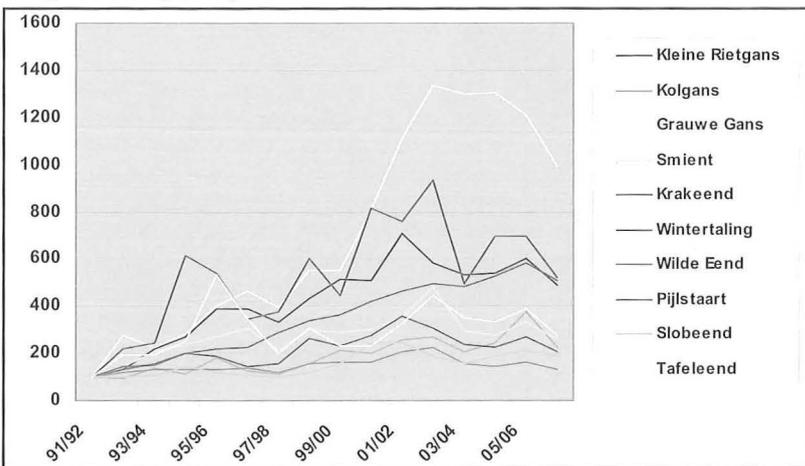
Figuur 3. Verspreiding van enkele typische vogelsoorten in Vlaanderen die gebonden zijn aan vochtige graslanden (Slobeend, Zomertaling, Kwartelkoning, Watersnip, Grutto, Tureluur; Slobeend, Zomertaling, Graspieper en Paapje). Weergegeven is het aantal soorten per atlashok van 5 op 5 km (naar Vermeersch et al. 2004).



Tabel 4. Vergelijking van het aantal broedparen van diverse soorten graslandvogels tijdens atlasprojecten in de periode 1973-77 en 2000-2002.

Aantal broedparen	1973-1977 (*: 1981)	2000-2002
Slobeend	265-300	800-1000
Zomertaling	250	160-200
Tureluur	210*	420-450
Wulp	470-500*	500-600
Grutto	750-780*	1050-1200
Watersnip	110-130	30-50
Kwartelkoning	1-5	2-5
Graspieper	>=25.000	3800-5500
Paapje	300	5-10

Figuur 4. Trendindex van overwinterende populaties van watervogelsoorten waarvoor Vlaanderen een internationale verantwoordelijkheid heeft. De index is gebaseerd op de zes midmaandelijke watervogeltellingen die elke winter in Vlaanderen plaatsvinden. De som van deze zes tellingen geeft per winter een seizoenom die een maat is voor het aantal doorgebrachte vogeldagen in een gebied of regio. Voor de indexberekening werd de seizoenom van de winter 1991/92 gelijkgesteld aan 100 en werden alle andere seizoenommen uitgedrukt als een percentage hiervan.



Tabel 5. Gemiddelde wintermaxima van verschillende soorten watervogels in Vlaanderen tijdens drie opeenvolgende perioden, gebaseerd op de resultaten van de midmaandelijke watervogeltellingen (oktober-maart)

	1980/81- 1989/90	1990/91 - 1999/00	2000/01 - 2005/06
Fuut	1200	2300	2300
Aalscholver	450	2500	3900
Kleine Rietgans	x	20600	34800
Kolgans	x	24200	43100
Grauwe Gans	x	6100	17900
Bergeend	2100	4900	5600
Smient	16800	52700	80500
Krakeend	1700	3700	9100
Wintertaling	9700	22100	36600
Wilde Eend	63500	58300	82300
Pijlstaart	590	1600	3000
Slobeend	2600	3000	4200
Tafeleend	6200	12800	17400
Kuifeend	5700	13500	13900

soorten van natte (en grootschalige) moerassen het slecht doen (Roerdomp, Grote Karekiet) terwijl soorten van drogere, vaak verruigde moerasbiotopen een stijgende trend kennen (Bruine Kiekindief, Blauwborst, Rietzanger). Bij de Rietzanger betreft het evenwel slechts een gedeeltelijk herstel van een grote populatieafname in de jaren '60.

#### Soorten van natte graslanden

De verspreidingskaart van deze soortengroep toont belangrijke concentraties weidevogels in de Kustpolders, de IJzervallei, het polder- en havegebied nabij Antwerpen en plaatselijk in de Kempen en langs de Demer.

Net als bij de moerasvogels stellen we een wisselend beeld vast wat de populatietrend betreft (Tabel 4). Steltlopersoorten zoals Grutto, Wulp en Tureluur doen het over algemeen goed, met uitzondering van Watersnip. Die laatste is de meest kritische soort die het sterkst gebonden is aan zeer natte terreinen. De sterkste afnames worden vastgesteld bij zangvogelsoorten als Graspieper en Paapje. Bij enkele soorten (bv. Kwartelkoning) dateert de grootste afname van de periode vóór 1970.

#### Niet-broedvogels

Buiten het broedseizoen vormen plassen, meren, rivieren, kanalen en estuaria een belangrijke pleisterplaats voor diverse groepen van watervogels. In Vlaanderen komen jaarlijks meestal tussen 400.000 en 500.000 watervogels overwinteren (meeuwen niet meegerekend), een aantal dat internationaal gezien niet bijzonder groot is. Ter vergelijking: in Nederland telt men geregeld tot bijna 5 miljoen watervogels. Uiteraard speelt de oppervlakte van een land of regio en het aanbod aan waterrijke gebieden hierin een belangrijke rol.

Nochtans vervullen Vlaamse wetlands voor enkele soorten wel degelijk een internationaal belangrijke functie. Soorten waarvan een belangrijk deel van de totale 'flyway' populatie in Vlaanderen verblijft zijn: Kleine Rietgans (> 80 %), Krakeend (15 %), Slobeend (10 %), Wintertaling (8 %), Smient (5 %), Tafeleend (5 %) en Pijlstaart (4 %).

In Tabel 5 wordt het gemiddeld wintermaximum in drie opeenvolgende perioden weergegeven (jaren '80, jaren '90 en periode sinds 2000) voor een selectie van watervogelsoorten. De vermelde aantallen geven een indicatie van de grootte-orde van de aanwezige aantallen in Vlaanderen, maar er moet rekening mee gehouden worden dat het aantal getelde gebieden vooral in de jaren '80 lager lag dan daarna.

Een meer betrouwbare trend van de internationaal belangrijke soorten sinds 1990 wordt grafisch voorgesteld in Figuur 4. De meeste soorten watervogels zijn de voorbije decennia aanzienlijk talrijker geworden. De toename doet zich bij verschillende voedselgroepen voor (piscivore, herbivore, benthivore en omnivore soorten).

Voor een meer gedetailleerde bespreking van de aantalsevolutie van ganzen in Vlaanderen kunnen we verwijzen naar Devos et al. (2005).

## Discussie

Soorten die afhankelijk zijn van waterrijke gebieden kenden in Vlaanderen een overwegend positieve trend tijdens de voorbije 10 tot 20 jaar. Uitzonderingen worden vooral gevonden in de groepen van moerasvogels en graslandsoorten (in het bijzonder soorten die hoge waterpeilen prefereren).

De status en populatietrends van vogels worden meestal door een combinatie van veel verschillende factoren bepaald, die bovendien vaak op verschillende schaalniveau's of in verschillende fasen van de levenscyclus ingrijpen. Zo wordt het aantal watervogels dat langs de Zeeschelde overwintert, beïnvloed door ontwikkelingen in het riviersysteem maar evenzeer door weersomstandigheden en de grootte van de totale geografische populatie.

## Een betere bescherming

De toename van heel wat watervogelsoorten in Vlaanderen is geen alleenstaand feit maar past in een algemene trend in een groot deel van Noordwest-Europa (Davidson & Stroud 2006, Wetlands International 2006). Vanaf het midden van de 20<sup>ste</sup> eeuw werden via nationale en internationale verdragen en richtlijnen steeds meer beschermingsmaatregelen genomen ten aanzien van soorten (Europese Vogelrichtlijn, AEWa) en wetlands (Habitatrichtlijn, Ramsar-Convention, ...) (Kuijken 2006). Het is duidelijk dat het herstel van soorten als Aalscholver en Bruine Kiekendief onmogelijk was geweest zonder maatregelen die de vervolging aan banden hebben gelegd. Ook de jachtwetgeving werd strikter gereguleerd (Ebbing 1991), met ondermeer een verbod op de voorjaarsjacht via de Europese Vogelrichtlijn. Tegelijkertijd werden in geheel Europa heel wat nieuwe natuur- en vogelreservaten en/of jachtvrije gebieden gecreëerd, waarbij meer en meer gestreefd wordt naar een netwerk van beschermde gebieden over de volledige 'flyway' van trekvogels (Hagemeyer 2006).

Ook in Vlaanderen zijn dit factoren die zeker hebben meegespeeld. Zo wordt het ontstaan van traditionele ganzenpleisterplaatsen aan de Oostkust gelinkt aan het nemen van beschermingsmaatregelen in de jaren '60 (o.a. het instellen van jachtvrije zones) (Kuijken et al. 2005, Kuijken 2005). De voorbije decennia is het aantal natuurreservaten gestaag toegenomen en werden gradueel steeds meer jachtbeperkingen in vogelrijke gebieden doorgevoerd. Hierdoor is het aantal rustgebieden voor watervogels aanzienlijk toegenomen.

Tegenover de toename van watervogelsoorten in Noordwest-Europa staat een veel minder rooskleurig beeld in andere delen van Europa waar vooral als gevolg van habitatverlies en -degrada-

tie heel wat watervogelpopulaties een negatieve trend vertonen (Davidson & Stroud 2006). Er zijn aanwijzingen dat dit bij diverse soorten geleid heeft tot areaalverschuivingen binnen Europa.

## Meer voedsel

Naast een betere bescherming en verminderde jachtdruk hebben vrij recent ook een aantal habitatwijzigingen en veranderende milieumomstandigheden in Vlaanderen een positieve invloed uitgeoefend op watervogelpopulaties.

De algemene eutrofiëring van waterlopen en waterplassen in Vlaanderen als gevolg van een overmatige nutriëntenaanvoer heeft geleid tot een grotere voedselrijkdom. Van Impe (1983) vond een verband tussen de toename van Tafeleend, Kuifeend en Krakeend en de eutrofiëring van waterrijke gebieden in België. Toch was dit niet overal het geval. Op veel plaatsen was de vervuilingsgraad van rivieren en kanalen tot in de jaren '80 dermate hoog dat ze nagenoeg ongeschikt waren voor biologisch leven (inclusief watervogels). Een verbetering van de waterkwaliteit heeft vooral na 1990 voor een trendbreuk gezorgd, ondermeer in het Zeeschelde-estuarium. Er zijn sterke aanwijzingen dat een betere waterkwaliteit en de daarmee samenhangende grote beschikbaarheid aan Oligochaeten aan de basis liggen van de sterke toename van de watervogelaantallen langs de Schelde, hoewel meer onderzoek noodzakelijk is om de relatie tussen vogels en voedsel beter te begrijpen (Van Ryckegem et al. 2006). Dit laatste geldt trouwens ook voor andere gebieden. Het is niet onmogelijk dat een verdere verbetering van de waterkwaliteit en een verminderde eutrofiëeringsgraad op termijn zullen leiden tot een afname van het aantal watervogels.

Niet alleen watersystemen leveren meer voedsel, ook ontwikkelingen in het agrarisch gebied hebben bijgedragen aan het succes van diverse soorten watervogels. Vooral voor herbivore soorten zoals ganzen (inclusief de vele niet inheemse soorten) is de voedselbeschikbaarheid aanzienlijk toegenomen dankzij de bemesting van graslanden en de opkomst van teelten als Maïs (zie o.a. van Eerden et al. 1996). Samen met een verminderde jachtdruk heeft dit gezorgd voor een verminderde wintermortaliteit. Een andere factor die vooral broedende herbivore soorten (ganzen) in de kaart speelt is het aanleggen of beheren van kleine natuurreservaten middenin een groot landbouwgebied. Hierdoor ontstaat immers een ideale combinatie van veilige nestgelegenheid en gemakkelijk bereikbaar voedsel (Voslamber et al. 2007).

## Onvoldoende habitatkwaliteit

Hoewel de algemene trend bij watervogels positief lijkt, zijn er ook soorten die de voorbije decennia harde klappen kregen.

De sterke intensivering van landbouwgronden en graslanden in het bijzonder heeft weliswaar bijgedragen tot het grote succes van heel wat eenden- en ganzensoorten maar bleek voor

diverse broedende weidevogels een negatieve factor. Met name kritische soorten die afhankelijk zijn van vochtige, bloemrijke hooilanden met een late maaidatum zijn de voorbije decennia sterk afgenomen en kwamen op de Rode Lijst terecht (bv. Watersnip, Paapje) (Devos et al. 2004). Minder kritische soorten zoals Kievit en zelfs Grutto houden in Vlaanderen voorlopig goed stand (Vermeersch et al. 2006a), dit in tegenstelling tot landen als Nederland waar de landbouwintensivering zich nog verder heeft doorgezet.

Ook soorten van moerasgebieden hebben het moeilijk, hoofdzakelijk als gevolg van habitatdegradatie. Verdroging en versnippering vormen vooral een probleem voor soorten met grote territoria en een voorkeur voor waterriet (bv. Roerdomp en Grote Karekiet). Moerasvogelsoorten die wel goed stand houden, hebben meestal een voorkeur voor drogere en vervuilde rietlanden en/of slaagden er in om alternatieve broedgebieden te koloniseren. Het frequent broeden van Bruine Kiekendief in graanvelden en graslanden of Blauwborst in landbouwgewassen (bv. koolzaadvelden) zijn gekende voorbeelden.

### Klimaatverandering een probleem ?

De meeste vogelsoorten migreren elk jaar over aanzienlijke afstanden, meestal tussen broed- en overwinteringsgebieden. Veel arctische broedvogels trekken naar West-Europa om er de winter door te brengen terwijl Europese soorten in Afrika gaan overwinteren. Vooral die laatste groep is sterk afhankelijk van klimatologische omstandigheden. Langdurige droogteperiodes in de Sahelstreek hebben in de jaren '70 en '80 geleid tot een sterke afname van soorten als Rietzanger en Zomertaling (zie o.a. Peach et al. 1991).

Klimaatgebonden factoren zullen naar verwachting ook in de toekomst een belangrijke rol spelen (Finlayson et al. 2006). Nu al zijn er aanwijzingen dat de tendens naar zachtere winters in Noordwest-Europa leidt tot verschuivingen in het verspreidingsareaal van watervogels. Een recente afname van het aantal overwinterende watervogels in Groot-Brittannië (voornamelijk aan de oostkust) wordt er in verband gebracht met een toename in continentaal Europa (Rehfish & Austin 2006). Vogels zijn in staat om dichterbij de broedgebieden te overwinteren en kunnen dus de trekafstand inkorten. Minder positief zijn het verwachte verlies aan getijdegebieden als gevolg van een stijging van de zeespiegel en mogelijk grote veranderingen in arctische broedgebieden (o.a. verbossing) die heel wat soorten die broeden in toendragebieden in de problemen kunnen brengen (O'Connell et al. 2006).

Deze voorbeelden tonen aan dat het interpreteren en evalueren van populatieveranderingen bij (water)vogels complex is. Om beter inzicht te verwerven in de beïnvloedende factoren is niet alleen een verdere monitoring noodzakelijk maar is ook meer informatie vereist uit verschillende onderzoeksdisciplines zoals voedsel生态学,

gedragsecologie en habitat (zie ook Van Ryckegem et al. 2006)

### Referenties

ANSELIN A., K. DEVOS & E. KUIJKEN (1998) *Kolonievogels en zeldzame broedvogels in 1995 en 1996*. Rapport Instituut voor Natuurbehoud 98/9. Instituut voor natuurbehoud, Brussel.

ANSELIN A. & G. VERMEERSCH (2005) De status van broedende verwilderde ganzen in Vlaanderen. *Natuur.oriolus* 71 (Bijlage): 111-120.

DAVIDSON N.C. & D.A. STROUD (2006) African-Western Eurasian Flyways: current knowledge, population status and future challenges. *Waterbirds around the world*. Eds. G.C. Boere, C.A. Galbraith & D.A. Stroud. The Stationery Office, Edinburgh, UK, pp. 63-73.

DEVILLERS P., W. ROGGEMAN, J. TRICOT, P. DEL MARMOL, C. KERWIJN, J.-P. JACOB & A. ANSELIN (1988) *Atlas van de Belgische broedvogels*. Koninklijk Belgisch Instituut voor Natuurwetenschappen, Brussel.

DEVOS K., T. YSEBAERT & E. KUIJKEN (2001) *Watervogels in Vlaanderen tijdens het winterhalfjaar 1997/1998*. Rapport Instituut voor Natuurbehoud 2001.10. Brussel.

DEVOS K., A. ANSELIN & G. VERMEERSCH (2004) Een nieuwe Rode Lijst van de broedvogels in Vlaanderen (versie 2004). In: Vermeersch G., A. Anselin, K. Devos, M. Herremans, J. Stevens, J. Gabriëls & B. Van Der Krieken, 2004. *Atlas van de Vlaamse broedvogels 2000-2002*. Mededelingen van het Instituut voor Natuurbehoud 23, Brussel, p 60-75.

DEVOS K., E. KUIJKEN, C. VERSCHEURE, P. MEIRE, L. BENOY, W. DE SMET & J. GABRIËLS (2005) Overwinterende wilde ganzen in Vlaanderen, 1990/91 – 2003/04. *Natuur.oriolus* 71 (Bijlage): 4-20.

EBBINGE B. (1991) The impact of hunting on mortality rates and spatial distribution of geese wintering in the Western Palearctic. *Ardea* 79: 197-210.

FINLAYSON C.M., H. GITAY, M. BELLIO, R. VAN DAM & I. TAYLOR (2006) Climate variability and change and other pressures on wetland and waterbirds: impacts and adaptation. *Waterbirds around the world*. Eds. G.C. Boere, C.A. Galbraith & D.A. Stroud. The Stationery Office, Edinburgh, UK, pp. 88-97.

HAGEMEIJER W. (2006) Site networks for the conservation of waterbirds. *Waterbirds around the world*. Eds. G.C. Boere, C.A. Galbraith & D.A. Stroud. The Stationery Office, Edinburgh, UK, pp. 697-699.

KUIJKEN E. (2006) A short history of waterbird conservation. *Waterbirds around the world*. Eds. G.C. Boere, C.A. Galbraith & D.A. Stroud. The Stationery Office, Edinburgh, UK, pp. 52-59.

KUIJKEN E., C. VERSCHEURE & P. MEIRE (2005) Ganzen in de Oostkustpolders: 45 jaar evolutie van aantallen en verspreiding. *Natuur.oriolus* 71 (Bijlage): 21-42.

KUIJKEN E. (2005) Bescherming van wilde ganzenpopulaties in Vlaanderen. Verleden, heden en toekomst. *Natuur.oriolus* 71 (Bijlage): 170-176.

KUSHLAN J.A. (1993) Waterbirds as bioindicators of wetland change: are they a valuable tool? In: Moser M., R.C. Prentice & J. van Vessem, (Eds). *Waterfowl and Wetland Conservation in the 1990s – a global perspective*. Proc. IWRB Symp., St. Petersburg Beach, Florida, USA. IWRB Special Publication No 26, Slimbridge, UK, pp.48-55.

O'CONNOLL M.J., A.H.L. KUISKES, M.L. LOONEN, J. MADSEN, M. KLAASSEN & M. ROUNSEVELL (2006) Developing an integrated approach to understanding the effects of climate change and other environmental alterations at a flyway level. *Waterbirds around the world*. Eds. G.C. Boere, C.A. Galbraith & D.A. Stroud. The Stationery Office, Edinburgh, UK, pp. 385-397.

PEACH W.J., S. BAILLIE & L. UNDERHILL (1991) Survival of British Sedge Warblers *Acrocephalus schoenobanus* in relation to West-African rainfall. *Ibis* 133: 300-305.

REHFISCH M.M. & AUSTIN G.E. (2006) Climate change and coastal waterbirds: the United Kingdom experience reviewed. *Waterbirds around the world*. Eds. G.C. Boere, C.A. Galbraith & D.A. Stroud. The Stationery Office, Edinburgh, UK, pp. 398-404.

VAN EERDEN M.R., M. ZIJLSTRA, M. VAN ROOMEN & A. TIMMERMAN (1996) The response of Anatidae to changes in agricultural practice: long-term shifts in the carrying capacity of wintering waterfowl. *Gibier Faune Sauvage* 13: 681-706.

VAN IMPE J. (1983) De toename van de Tafeleend *Aythya ferina*, de Kuifeend *Aythya fuligula* en de Krakeend *Anas strepera* als een indicator van een gewijzigde waterkwaliteit in België. *De Giervalk* 73: 433-448.

VAN RYCKEGEM G., N. DE REGGE & E. VAN DEN BERGH (2006) *Voedseleecologie en gedrag van overwinterende watervogels langs de Zeeschelde. Een methodologische studie*. Rapport Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek INBO. R.2006.28. Brussel.

VERMEERSCH G., A. ANSELIN, K. DEVOS, M. HERREMANS, J. STEVENS, J. GABRIËLS & B. VAN DER KRIEKEN (2004) *Atlas van de Vlaamse broedvogels 2000-2002*. Mededelingen van het Instituut voor Natuurbehoud 23, Brussel, 496 p.

VERMEERSCH G., K. DEVOS & A. ANSELIN (2006) Weidevogels in Vlaanderen. *De Levende Natuur* 107: 75-80.

VERMEERSCH G., A. ANSELIN & K. DEVOS (2006) Bijzondere Broedvogels in Vlaanderen in de periode 1994-2005. Populatietrends en recente status van zeldzame, kolonievormende en exotische broedvogels in Vlaanderen. *Mededeling INBO.M.2006.2*. Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek, Brussel.

VOSLAMBER B., H. VAN DER JEUGD & K. KOFFIJBERG (2007) Aantallen, trends en verspreiding van overzomerende ganzen in Nederland. *Limosa* 80: 1-17.

WETLANDS INTERNATIONAL (2006) *Waterbird Population Estimates – Fourth Edition*. Wetland International, Wageningen, The Netherlands.

K. Devos,  
G. Vermeersch &  
A. Anselin

Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek  
Kliniekstraat 25  
1070 Brussel  
02/558.18.27  
koen.devos@inbo.be

S. Declerck<sup>1</sup>, T. De Bie<sup>1</sup>,  
D. Ercken<sup>2</sup>, H. Hampel<sup>2</sup>,  
J. Van Wichelen<sup>3</sup>,  
F. Van de Meutter<sup>1</sup>, L. Van Hecke<sup>4</sup>,  
L. Denys<sup>5</sup>, W. Vyverman<sup>2</sup>,  
B. Goddeeris<sup>2</sup>, K. Van der Gucht<sup>2</sup>,  
L. Brendonck<sup>1</sup>, K. Martens<sup>2</sup> en  
L. De Meester<sup>1</sup>

# Soortenrijkdom in veedrinkpoelen: patronen van congruentie en potentieel voor biodiversiteitsindicatoren

<sup>1</sup>Katholieke Universiteit Leuven, Laboratorium voor Aquatische Ecologie

<sup>2</sup>Koninklijk Belgisch Instituut voor Natuurwetenschappen

<sup>3</sup>Universiteit Gent, Laboratorium voor Protistologie en Aquatische Ecologie

<sup>4</sup>Nationale Plantentuin, Domein van Bouchout

<sup>5</sup>Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek

*Het inschatten van de volledige biodiversiteit van een systeem is een arbeidsintensieve onderneming die de inzet van een brede expertise vergt. In de praktijk wordt daarom bij veldstudies soms gebruik gemaakt van surrogaatvariabelen of indicatoren. Dit zijn relatief gemakkelijk te karakteriseren groepen van organismen of milieuvariabelen, waarvan wordt aangenomen dat ze een goed beeld geven van de lokale biodiversiteit. Indicatoren voor totale biodiversiteit kunnen evenwel maar effectief en representatief zijn indien er een positief verband bestaat tussen de soortenrijkdom van de verschillende groepen van organismen die in hetzelfde systeem samenleven.*

*Dit artikel geeft de resultaten weer van een uitgebreide studie naar biodiversiteit in veedrinkpoelen. In totaal werd van 13 verschillende groepen van organismen de soortensamenstelling en -rijkdom bepaald in 126 poelen verspreid over het Belgische grondgebied. De hier behandelde vragen zijn: (1) in welke mate de soortenrijkdom van deze verschillende groepen een onderling verband vertoont, en (2) in hoeverre deze kennis kan worden aangewend bij de ontwikkeling van betrouwbare indicatoren voor de globale taxonomische rijkdom van veedrinkpoelen.*

*Uit correlatie- en principale componentenanalyse bleek de taxonrijkdom (rijkdom aan soorten of genera) van de meeste groepen relatief goed te worden vertegenwoordigd door één enkele algemene biodiversiteitsgraadient. Dergelijke congruentie in diversiteit tussen organismegroepen biedt interessante perspectieven voor de ontwikkeling van indicatoren voor totale poelbiodiversiteit. Zo bleek een meervoudig regressiemodel, gebaseerd op slechts twee relatief gemakkelijk te bepalen variabelen (aantal waterplantensoorten en aantal macro-invertebratenordes), toe te laten een ruwe inschatting te maken van de totale poelbiodiversiteit.*

Kleine watersystemen, zoals poelen en vijvers, vertegenwoordigen een groot ecologisch en socio-economisch potentieel doordat ze in vele streken numeriek sterk vertegenwoordigd zijn, doordat ze gemakkelijk te creëren en te onderhouden zijn en doordat ze ook heel wat natuureducatieve troeven bieden. Poelen en vijvers kunnen, ondanks hun geringe oppervlakte, ook in onevenredige mate bijdragen tot de aquatische biodiversiteit die aanwezig is in het landschap (Williams et al. 2004), onder meer als gevolg van hun grote onderlinge verscheidenheid (betadiversiteit; Oerli et al. 2002, Biggs et al. 2005). Ondanks deze eigenschappen zijn deze systemen relatief weinig onderzocht in vergelijking met grotere systemen, zoals meren, rivieren en moerasgebieden (De Meester et al. 2006).

Veldstudies naar biodiversiteit richten zich in het ideaal geval op alle groepen van organismen. Dergelijke opzet vereist evenwel grote investeringen in termen van personeel en middelen en een brede inzet van expertise. Dit wordt doorgaans omzeild door gebruik te maken van indicatoren voor biodiversiteit. Dit zijn relatief gemakkelijk te karakteriseren groepen van organismen of milieuvariabelen, waarvan verondersteld wordt dat ze een goed idee geven van de volledige biodiversiteit. Hoewel indicatoren voor biodiversiteit in bepaalde systemen ongetwijfeld hun nut al hebben bewezen (Maes et al. 2005), wordt deze werkwijze in toenemende mate in vraag gesteld.

Zo is zowel voor terrestrische als aquatische systemen aangetoond dat het verband tussen de soortenrijkdom van bepaalde groepen en hun veronderstelde indicatoren verrassend zwak is (Vessby et al. 2002, Wolters et al. 2006).

In dit artikel worden een aantal resultaten toegelicht van een uitgebreide studie (MANSCAPE) die werd verricht naar de biodiversiteit in veedrinkpoelen. In het kader van deze studie werd van 13 verschillende groepen van organismen de soortensamenstelling en -rijkdom bepaald in 126 poelen die verspreid liggen over het Belgische grondgebied. De hier behandelde vragen zijn: (1) in welke mate de soortenrijkdom van verschillende groepen van aquatische organismen met elkaar een verband vertoont, en (2) in hoeverre deze kennis kan worden aangewend bij de ontwikkeling van betrouwbare indicatoren voor de globale taxonomische rijkdom van veedrinkpoelen.

## Studiemethoden

De poelen (Figuur 1) werden tweemaal bemonsterd, éénmaal in de zomer van 2004 en éénmaal in de lente van 2005. De poelen werden bemonsterd voor een diverse waarder aan fysisch-chemische kenmerken (waaronder pH, conductiviteit, fosfaten en nitraten, zwevende stoffen, waterdoorzicht). Daarnaast zijn monsters genomen van het fyto- en zoöplankton, het fyto-

en zoöbenthos, de macro-invertebratenfauna en het visbestand. Amfibieën werden in het veld geïdentificeerd en weer losgelaten. Van macroscopische waterplanten (macrofyten) is een inschatting gemaakt van de bedekkingsgraad; deze werden vervolgens ingezameld, gedroogd en in het laboratorium tot op soort geïdentificeerd. Het fytoplankton en de keverfauna werd

*Figuur 1. Enkele voorbeelden van Belgische veedrinkpoelen die in deze studie werden bestudeerd (Foto's: Tom De Bie).*



tot op genusniveau geïdentificeerd. Zoöplankton (cladoceren), bentische diatomeeën, bentische chironomiden, waterwantsen, eendagsvliegen, kokerjuffers, slakken, tweekleppigen, amfibieën en vissen werden tot op soort gedetermineerd. Voor een gedetailleerde beschrijving van de methodes die werden aangewend bij de bepaling van omgevingsvariabelen en de biodiversiteit in elk van de groepen van organismen verwijzen we naar Declerck et al. (2006) en Declerck et al. (ingediend).

Indicatoren kunnen enkel op een betrouwbare en representatieve manier de totale biodiversiteit van een poel aangeven indien taxonrijkdom een positief verband vertoont tussen verschillende groepen van organismen onderling. Of dit al of niet het geval is, werd in deze studie onderzocht aan de hand van correlatie- en principale componentenanalyse (PCA). Indien de taxonrijkdom tussen groepen van organismen positief is geassocieerd, dan kan de eerste as van een PCA-analyse per definitie worden beschouwd als een gradiënt die maximaal de biodiversiteit van alle groepen vertegenwoordigt. De score van elke poel op de eerste PCA-as kan dus worden gebruikt als een indicatie van diens totale taxonrijkdom over alle groepen heen. In de PCA-analyse werd aan elke groep een gelijk gewicht toegekend, onafhankelijk van het aantal soorten of genera in de groep (door te werken met gestandaardiseerde gegevens). Op deze manier werd bij het berekenen van de score een even groot belang toegekend aan relatief soortenarme groepen (zoals amfibieën met 8 soorten) als aan grote groepen (bijvoorbeeld macrofyten met 148 soorten).

Vervolgens werd via meervoudige regressie-analyse naar een combinatie van organismegroepen gezocht die gezamenlijk een goede indicatie kunnen geven voor de totale biodiversiteit van de overige groepen van organismen. Hierbij testten we ook de voorspellende waarde van het aantal macro-invertebratenordes, een variabele die zelfs in het veld relatief gemakkelijk en snel door niet-specialisten kan worden bepaald.

## Resultaten

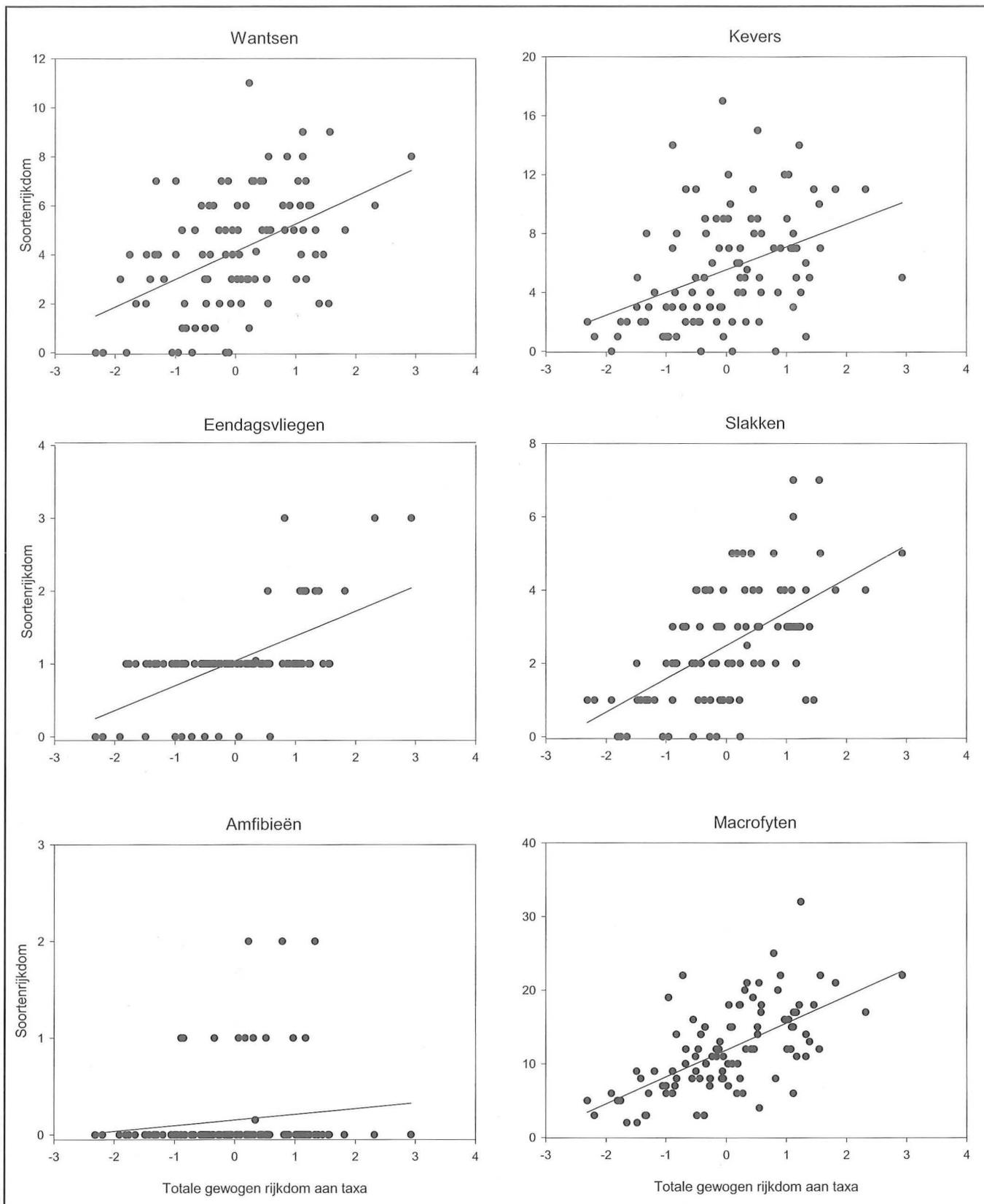
Voor het fytoplankton en voor kevers werden in totaal 65 en 42 genera vastgesteld. Van de groepen die tot op soortniveau werden gedetermineerd, bleken diatomeeën, macrofyten, watervlooiën, waterwantsen en waterslakken vertegenwoordigd te worden door, respectievelijk, 607, 148, 45, 26 en 22 soorten. Van kokerjuffers werden 15 soorten vastgesteld, terwijl amfibieën, tweekleppigen en eendagsvliegen, respectievelijk, acht, vijf en vier soorten telden. In totaal werden 67 verschillende soorten of soortgroepen van bentische chironomiden vastgesteld.

Uit de PCA-analyses bleek voor alle groepen een gemeenschappelijke gradiënt aan biodiversiteit te bestaan. Voor elk van de groepen was de taxonrijkdom positief met deze gradiënt gecor-

releerd. De gemeenschappelijke gewogen biodiversiteitsgradiënt vertegenwoordigde evenwel niet alle groepen even goed. Benthische diatomeeën, fytoplankton, cladocerenzoöplankton en kokerjuffers vertoonden een relatief zwak verband met deze gradiënt. De soortenrijkdom van alle andere

bestudeerde groepen (eendagsvliegen, kevers, wantsen, slakken, tweekleppigen, macrofyten en amfibieën) bleek daarentegen goed tot zeer goed door de gradiënt te worden vertegenwoordigd (zie Figuur 2 voor een aantal voorbeelden).

Figuur 2. Illustratie van de relatie tussen de gewogen score voor totale poelbiodiversiteit en de taxonrijkdom van zes verschillende groepen van organismen (wantsen, kevers, eendagsvliegen, slakken, amfibieën en macrofyten) in Belgische veedrinkpoelen.



Uit de multiple regressie-analyses bleek dat twee variabelen vrij sterk met de gemeenschappelijke biodiversiteit van de overige groepen geassocieerd waren, namelijk het aantal macrofytensoorten en het aantal macro-invertebratenordes (Figuur 3). Wanneer beide variabelen werden gecombineerd in een regressiemodel bleken ze met 46 % van de variatie in de totale gewogen biodiversiteit (exclusief de rijkdom aan macrofyten) bij te dragen ( $R^2 = 0,46$ ,  $F(2,96) = 41$ ,  $p < 0,001$ ).

### Bespreking

Uit onze analyses blijkt dat in veedrinkpoelen de alfadiversiteit (lokale taxonrijkdom) van een brede

waaier aan onderling sterk verschillende groepen van organismen een relatief sterke onderlinge associatie vertoont. Dit staat in contrast met een groeiend aantal studies in andere biomen waar dergelijke congruentie steeds meer in vraag wordt gesteld (o.a. in grotere ondiepe meren: Declerck et al. 2005). De vaststelling van een dergelijke graad van associatie tussen groepen van organismen die onderling ecologisch zo sterk van mekaar verschillen is opmerkelijk en wordt vermoedelijk veroorzaakt doordat de diversiteit in deze groepen een gelijkaardige respons vertoont op dezelfde omgevingsgradiënten.

De congruentie in diversiteit tussen organismegroepen onderling biedt interessante perspectieven voor de ontwikkeling van snelle en efficiënte indices voor aquatische biodiversiteit in poelen. Zo blijken het aantal waterplantensoorten en het aantal macro-invertebratenordes potentieel krachtige indicatoren te zijn voor de diversiteit van andere groepen van organismen. Worden beide variabelen gecombineerd in een regressiemodel, dan kan een ruwe schatting gemaakt worden van de gewogen totale biodiversiteit in poelen, zonder dat de andere groepen van organismen worden bestudeerd. De betrouwbaarheid van dit model dient nog verder te worden uitgetest op een onafhankelijke dataset. Niettemin biedt deze benadering het perspectief dat niet-specialisten op een snelle en goedkope manier een eerste inschatting kunnen maken van een significant deel van de totale biodiversiteit in poelen.

### Dankwoord

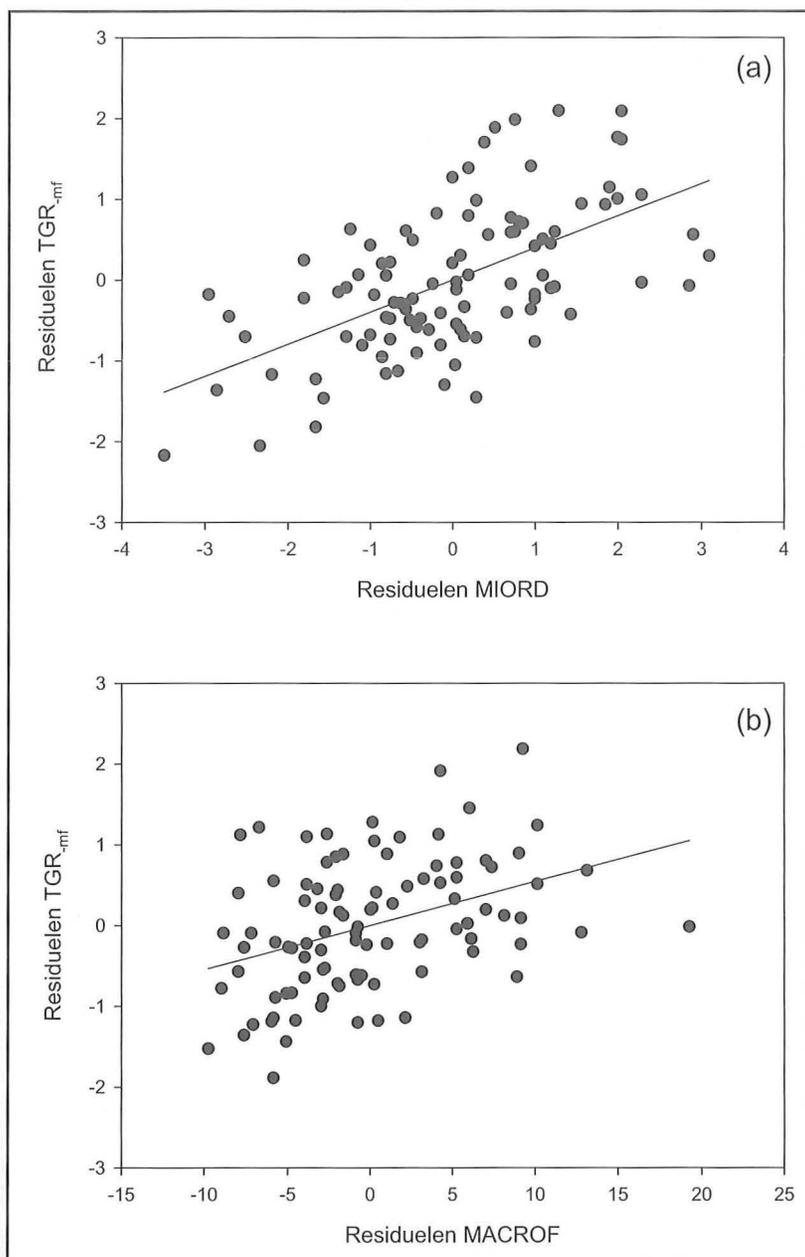
De kern van deze studie werd via het BELSPO-project "Integrated Management Tools for Water Bodies in Agricultural Landscapes" (MANSCAPE; EV/01/29E) gesteund door de Belgische federale overheid (PODO II-programma). Enkele bijkomende analyses werden verricht in het kader van EU IP project ALARM (GOCE-CT-2003-506675). We danken Jelle Quartier voor de hulp bij de bemonsteringen alsook de vele landeigenaars en landbouwers die ons toegang verleenden tot hun veedrinkpoelen. Steven Declerck en Frank Van de Meutter zijn postdoctoraal onderzoeker bij het Fonds voor Wetenschappelijk Onderzoek - Vlaanderen (FWO-Vlaanderen).

### Referenties

Biggs., J., P. Williams, M. Whitfield, P. Nicolet & A. Weatherby. 2005. 15 years of pond assessment in Britain: results and lessons learned from the work of Pond Conservation. *Aquatic Conservation - Marine and Freshwater Ecosystems* 15:693-714.

Declerck, S., J. Vandekerckhove, L. Johansson, K. Muylaert, J.M. Conde-Porcuna, K. Van der Gucht, C.P. Martinez, T. Lauridsen, K. Schwenk, G. Zwart, W. Rommens, J. Lopez-Ramos, E. Jeppesen, W. Vyverman, L. Brendonck & L. De Meester. 2005.

*Figuur 3. De unieke bijdrage van twee voorspellende variabelen, namelijk het aantal macro-invertebratenordes en het aantal macrofytensoorten, tot de gewogen score voor totale taxonrijkdom in veedrinkpoelen ( $TGR_{mf}$ : totale gewogen taxonrijkdom, exclusief soortenrijkdom van macrofyten; MIORD: aantal waargenomen ordes van macro-invertebraten; MACROF: aantal waargenomen macrofytensoorten). Alle variabelen zijn voorgesteld door residuen die berekend zijn aan de hand van het multiple regressiemodel. In (a) zijn  $TGR_{mf}$  en MIORD gecorrigeerd voor MACROF en in (b) zijn  $TGR_{mf}$  en MACROF gecorrigeerd voor MIORD.*



Multi-group biodiversity in shallow lakes along gradients of phosphorus and water plant cover. *Ecology* 86:1905-1915.

Declerck, S., T. De Bie, D. Ercken, H. Hampel, S. Schrijvers, J. Van Wichelen, V. Gillard, R. Mandiki, B. Losson, D. Bauwens, S. Keijers, W. Vyverman, B. Goddeeris, L. De Meester, L. Brendonck & K. Martens. 2006. Ecological characteristics of small ponds: associations with land-use practices at different spatial scales. *Biological Conservation* 131:523-532.

De Meester, L., S. Declerck, R. Stoks, G. Louette, F. Van de Meutter, T. De Bie, E. Michels & L. Brendonck. 2005. Ponds and pools as model systems in conservation biology, ecology and evolutionary biology. *Aquatic Conservation – Marine and Freshwater Ecosystems* 15:715-725.

Maes, D., D. Bauwens, L. De Bruyn, A. Anselin, G. Vermeersch, W. Van Landuyt, G. De Knijf & M. Gilbert. 2005. Species richness coincidence: conservation strategies based on predictive modeling. *Biodiversity and Conservation* 14: 1345-1364.

Oertli B, J. D. Auderset, E. Castella, R. Juge, D. Cambin & J. B. Lachavanne. 2002. Does size matter? The relationship between pond area and biodiversity. *Biological Conservation* 104:59-70.

Vessby, K., B. Soderstrom, A. Glimskar & B. Svensson. 2002. Species-richness correlations of six different taxa in Swedish seminatural grasslands. *Conservation Biology* 16:430-439.

Williams P, M. Whitfield, J. Biggs, S. Bray, G. Fox, P. Nicolet & D. Sear. 2004. Comparative biodiversity of rivers, streams, ditches and ponds in an agricultural landscape in Southern England. *Biological Conservation* 115:329-341.  
Wolters, V., J. Bengtsson & A.S. Zaitsev. 2006. Relationship among the species richness of different taxa. *Ecology* 87:1886-1895.

S. Declerck<sup>1,6</sup>, T. De Bie<sup>1</sup>, D. Ercken<sup>2</sup>, H. Hampel<sup>3</sup>, J. Van Wichelen<sup>3</sup>, F. Van de Meutter<sup>1</sup>, L. Van Hecke<sup>4</sup>, L. Denys<sup>5</sup>, W. Vyverman<sup>3</sup>, B. Goddeeris<sup>2</sup>, K. Van der Gucht<sup>3</sup>, L. Brendonck<sup>1</sup>, K. Martens<sup>2</sup> en L. De Meester<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratorium voor Aquatische Ecologie, KULeuven, Ch. De Beriotstraat 32, 3000 Leuven, België (tom.debie@bio.kuleuven.be; luc.demeester@bio.kuleuven.be; luc.brendonck@bio.kuleuven.be);

<sup>2</sup>Koninklijk Belgisch Instituut voor Natuurwetenschappen, Vautierstraat 29, 1000 Brussel, België (dirkercken@yahoo.com; hennihampel@yahoo.com; boudewijn.goddeeris@natuurwetenschappen.be; kmartens@naturalsciences.be);

<sup>3</sup>Laboratorium voor Protistologie en Aquatische Ecologie, Universiteit Gent, Krijgslaan 281 (S8), 9000 Gent, België (jeroen.vanwichelen@ugent.be; katleen.vandergucht@ugent.be; wim.vyverman@ugent.be);

<sup>4</sup>Nationale Plantentuin, Domein van Bouchout, 1860 Meise (leo.vanhecke@br.fgov.be)

<sup>5</sup>Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek, Kliniekstraat 25, 1070 Brussel luc.denys@inbo.be

<sup>6</sup>Contactpersoon: steven.declerck@bio.kuleuven.be

E. De Deckere<sup>1</sup>,  
C. Van Liefveringhe<sup>1</sup>,  
J. Baets<sup>1</sup>, V. Leloup<sup>1</sup>,  
C. Schmitt<sup>1</sup>, I. Muñoz<sup>2</sup>,  
P. von der Ohe<sup>3</sup>, C. Orendt<sup>4</sup>,  
G. Wolfram<sup>5</sup> en P. Meire<sup>1</sup>

# Impact van pollutie aan de hand van de diversiteit van macro-invertebraten

*De biodiversiteit in aquatische ecosystemen wordt in grote mate bepaald door de habitatkwaliteit, de trofische toestand en de chemische stress ten gevolge van contaminanten. Het is echter onduidelijk of uit de biodiversiteit die in een bekken of op een locatie aanwezig is, kan afgeleid worden welke van deze drie factoren de meest beperkende factor is. In deze studie, uitgevoerd in het Europese project Modelkey, wordt er aan de hand van monitoringsgegevens van een aantal subbekkens van het Schelde bekken gekeken of er een onderscheid gemaakt kan worden in de kwaliteit. Hieruit blijkt dat er in de zwaar verontreinigde bekkens van de Dijle-Zenne en de Bovenschelde minder macro-invertebraten families worden aangetroffen in vergelijking tot het bekken van de Nete, wat onder meer veroorzaakt wordt door pesticiden. Aanvullend is er op een tweetal locaties in respectievelijk het Groot Schijn en de Grote Nete aangetoond dat verontreiniging een duidelijke impact heeft op de diversiteit van macro-invertebraten, waarmee wordt aangetoond dat diversiteit als hulpmiddel kan dienen om impact van pollutie aan te tonen.*

<sup>1</sup> Universiteit Antwerpen, Onderzoeksgroep Ecosystembeheer

<sup>2</sup> Universiteit van Barcelona, Departement Ecologie, Barcelona, Spanje

<sup>3</sup> Centrum voor milieu onderzoek (UFZ), Leipzig-Halle, Duitsland

<sup>4</sup> Orendt Hydrobiologie, Leipzig, Duitsland

<sup>5</sup> DWS Hydro-Ökologie GmbH, Wenen, Oostenrijk

Een slechte ecologische toestand en een gereduceerde biodiversiteit van aquatische ecosystemen wordt onder meer bepaald door habitatkwaliteit, trofische toestand en chemische stress ten gevolge van contaminanten. Het aandeel van deze factoren in de verstoring van de levensgemeenschap en de diversiteit van macro-invertebraten is onduidelijk, maar diverse studies hebben het verband reeds aangetoond tussen deze factoren en de afname van het aantal soorten (Linke & Norris, 2003; Kamppinen & Walls, 1999; Reyers & James, 1999). Macro-invertebraten worden binnen de monitoringsprogramma's die ontwikkeld zijn in functie van de Kaderrichtlijn water dan ook beschouwd als een belangrijke indicatorgroep. Een indicatorgroep waarvoor vele indices zijn ontwikkeld om de gegevens te kunnen interpreteren, zoals onder andere de Belgische biotische Index (BBI), maar waarbij in zoete aquatische systemen geen of nauwelijks rekening wordt gehouden met dichtheden en biomassa van de macro-invertebraten in tegenstelling tot brak- en zoutwater systemen. De ratio dichtheid/biomassa blijkt echter een goede indicator zijn voor stress ten gevolge van verontreiniging (Meire & Dereu, 1990). Bovendien blijkt dat voor de interpretatie van de macro-invertebraten gemeenschap op lokaal niveau rekening gehouden moet worden met het feit dat door de lokale karakteristieken reeds van nature een afwijking t.o.v. bepaalde condities kan optreden, waardoor de ervaring van experts en alle taxonomische kennis nodig is voor een juiste interpretatie van de gegevens (Verdonschot, 2006).

In het kader van het Europese project MODELKEY wordt er gekeken naar de mogelijkheid om op basis van de diversiteit van macro-invertebraten, inclusief invasieve soorten, en rekening houdende met zowel dichtheden als biomassa, een idee te krijgen welke factor het meest beperkend is voor de levensgemeenschap. Meer specifiek wordt er gekeken of de impact van pollutie zichtbaar is in de samenstelling van de levensgemeenschap. Hiervoor is er in eerste instante een uitgebreide

analyse gebeurd van de macro-invertebraten monitoringsgegevens in een aantal subbekkens van de Schelde. Deze gegevens zijn ook vergeleken met data van de Elbe en de Llobregat. Het determinatie niveau van deze gegevens is meestal niet gedaan tot op soort. Daarnaast is er op een aantal locaties, in de Grote Nete en het Groot Schijn, zowel bovenstrooms als benedenstrooms van een vervuilingsbron een uitgebreide analyse gebeurd van de macro-invertebraten soorten. De aangetroffen macro-invertebraten zijn geanalyseerd met behulp van verschillende biotische indices.

De doelstelling is om aan te tonen dat traditionele monitoringsgegevens een duidelijk onderscheid kunnen geven op grotere schaal, maar dat voor het bestuderen van effecten op lokaal niveau, een grondige analyse van de aanwezige macro-invertebraten een goed inzicht kan opleveren van de mogelijke verstoringen.

## Materiaal en Methoden

Om het nut van macro-invertebraten als indicator voor pollutie aan te tonen zijn er zowel monitoringsgegevens gebruikt voor een analyse op bekkenniveau als veldgegevens van twee locaties in respectievelijk de Grote Nete en het Groot Schijn.

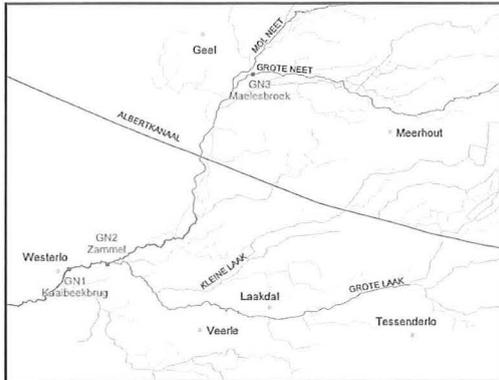
## Effect op bekkenschaal

Voor de monitoringsgegevens is gebruik gemaakt van de gegevens in de Modelkey Basin databank, waarin monitoringsgegevens zijn verzameld van een drietal rivierbekkens, namelijk de Elbe, de Llobregat en de Schelde. De gegevens zijn afkomstig van respectievelijk Arge-Elbe, Catalaans water agentschap en de Vlaamse Milieu Maatschappij. In tabel 1 staat een overzicht van de gebruikte gegevens. Alle gegevens zijn gebaseerd op staalnames verzameld met een handnet, maar het determinatie niveau verschilt per rivierbekken (tabel 1). Vanwege het verschil in taxonomische resolutie

Tabel 1: Overzicht van de gegevens uit de Modelkey database die voor deze studie zijn gebruikt.

Bekken	Subbekken	Aantal locaties	Periode	Frequentie	Taxonomisch niveau
Elbe		25	1999-2004	2 x per jaar	Soort
Llobregat		31	1989-1991	2 of 3 x per jaar	Familie
Schelde	Beneden Schelde	46	2000-2004	Jaarlijks	Familie/Genus
	Boven Schelde	51			
	Dijle Zenne	42			
	Nete	82			

Figuur 1: Locaties waar macro-invertebraten zijn bemonsterd in de Grote Nete, met het referentiepunt Maelesbroek, het licht verontreinigd punt Zammel en het zwaar verontreinigd punt Kaibeekbrug.

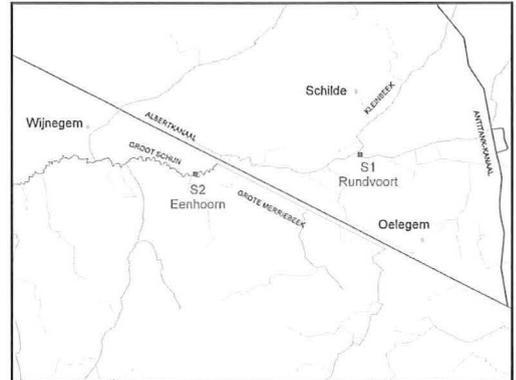


zijn voor de analyse op bekkenniveau alle soorten en genera teruggebracht tot familie niveau in de data. Vervolgens werden de gegevens per locatie gebundeld, zodat er per locatie een lijst was van soorten die er tijdens een of meerdere keren dat er stalen genomen waren aanwezig waren.

Een eerste analyse van de data is gedaan met een Bray-Curtis similarity index op basis van de aan- of afwezigheid van de families om te kijken in hoeverre de macro-invertebraten samenstelling varieerde tussen de locaties. Op basis van de similarity index is een hiërarchische cluster routine toegepast om te kijken welke groepen van families op meer locaties binnen een bekken voorkwamen (ANOSIM, analysis of similarities) en om te zien welk percentage de betreffende families de totale macro-invertebraten gemeenschap in het betreffende bekken vertegenwoordigen (SIMPER routine). Al deze bewerkingen zijn uitgevoerd met het programma PRIMER, een statistisch pakket voor biodiversiteitsanalyses (Plymouth Marien Laboratorium, UK, 2001).

Om te kijken of er een mogelijke indicatie is voor de impact van pesticiden op de macro-invertebraten populatie is er de SPEAR (SPECies At Risk) index bepaald per locatie (Liess & Von der Ohe, 2005). De SPEAR index is het aantal voor pesticiden gevoelige soorten of in dit geval families, ten opzichte van het totale aantal. Of een soort gevoelig is voor pesticiden is afhankelijk van hun gevoeligheid voor een bepaalde stof ten opzichte van de gevoeligheid van *Daphnia magna* voor die bepaalde stof.

Figuur 2: Locaties waar macro-invertebraten zijn bemonsterd in het Grote Schijn, met het referentiepunt Rundvoort en het verontreinigde punt Eenhoorn.



#### Effect op lokaal niveau

In het kader van het MODELKEY project zijn er op zowel de Grote Nete als in het Groot Schijn macro-invertebraten staalnames gedaan om de impact van pollutie te bekijken. De locaties op de Grote Nete zijn Maelesbroek, Zammel en de Kaibeekbrug (figuur 1). Het Maelesbroek is een referentiepunt net bovenstrooms van de monding van de Molse Nete, via waar verhoogde concentraties cadmium en zink worden aangevoerd naar de Grote Nete. Zammel is benedenstrooms de Molse Nete, maar bovenstrooms van de monding van de Grote Laak. Via de Grote Laak wordt het effluent van Tessenderlo chemie groep NV. aangevoerd met een hoog gehalte aan calciumchloride ( $\pm 4000 \text{ mg.l}^{-1}$  bij de monding van de Grote Laak), sulfaat ( $700 \text{ mg.l}^{-1}$ ), zware metalen, extraheerbare organohalogenen en andere stoffen (Van Liefveringe et al., 1998, 2005). De derde locatie Kaibeekbrug, benedenstrooms van de monding van de Grote Laak, is dan ook het zwaarst verontreinigd.

Op Groot Schijn zijn er twee locaties gekozen (figuur 2). Het referentiepunt is de Rundvoortbrug. Het verontreinigde punt is Eenhoorn, een locatie net benedenstrooms van de monding van de Grote Merriebeek. De Grote Merriebeek voert ongezuiverd afvalwater aan. Verder worden er verhoogde concentraties van diverse metalen, polyaromatische koolwaterstoffen, polychloorbifenylen en minerale olie gemeten in zowel het sediment als het water van de Grote Merriebeek.

Op alle locaties zijn tien stalen genomen, voorjaar 2005, voor de bepaling van de macro-invertebraten levensgemeenschap. Een staal is een mengeling van drie random genomen cores ( $\varnothing$  47mm). De stalen zijn vervolgens gefixeerd met formaldehyde en in de weken erna gezeefd op een zeef van 500  $\mu$ m, waarna ze gesorteerd zijn en gedetermineerd tot op soort. Vervolgens is voor alle soorten de biomassa bepaald. Voor *Chironomidae* en *Oligochaeta* is dit gedaan op basis van schattingen, rekening houdende met de lengte en diameter (Van Liefvering et al., 2006).

Verskillende biotische indexen, zoals de Biotische Sediment Index (BSI; De Pauw & Heylen, 2001), de Belgische Biotische Index (BBI; De Pauw & Vannevel, 1991), de Multi Criteria Analyse (MCA; Den Besten et al., 1995), de Multi metric index (MMI;) en de Oligochaete index voor sedimenten (IOBS; Prygiel et al, 2000) in combinatie met het percentage *tubificidae* zonder setae (TUSP).

## Resultaten

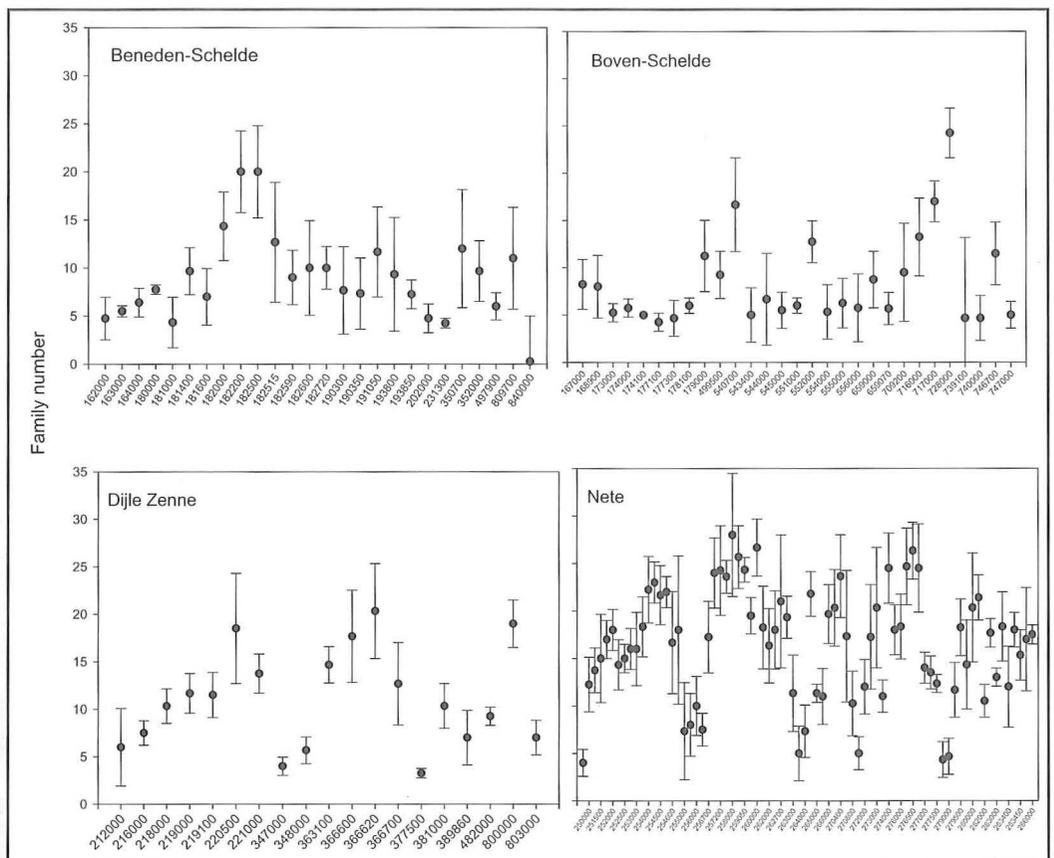
### Effect op bekkenschaal

De monitoringsgegevens, waarbij het determinatie niveau in vele gevallen slechts tot op familieniveau is, laten al duidelijke verschillen zien. Het hoogste aantal families zit in alle drie de stroombekkens tussen de 20 en 28 families. In de Llobregat is er een duidelijke afname te zien in het aantal families in stroomafwaartse richting ten gevolge van pol-

lutie. Op het meest bovenstroomse punt zijn 21 families aangetroffen en dit neemt af tot slechts een 9 families op het meest benedenstroomse punt. In de rivier de Elbe is het aantal families constant tussen de 6 en de 14. In de subbekkens worden hogere aantallen aangetroffen. In het Scheldebekken zien we een duidelijk verschil tussen subbekkens die zwaar verontreinigd zijn, zoals het Dijle-Zenne bekken en de Bovenschelde, en het Netebekken dat minder verontreinigd is (figuur 3). In de Nete werd zelfs op een locatie in de Kleine Neet het hoogste aantal families, namelijk 28, aangetroffen. In het bekken van de Benedenschelde en de Bovenschelde werden er op de meeste locaties echter minder dan 10 families aangetroffen, terwijl dit in het bekken van de Dijle en de Zenne varieerde rond de 10 families met enkele dieptepunten in het bekken van de Zenne.

Uit tabel 2 blijkt dat determinatie tot op familieniveau voldoende is om een onderscheid te maken tussen bekkens en zelfs tussen subbekkens, zoals hier is getest met de ANOSIM test. De hoge R-waarden in tabel 2 geven grote verschillen aan, wat voornamelijk tussen de bekkens het geval is. Tussen de subbekkens zijn de waarden kleiner, dus de verschillen kleiner. Algemeen voorkomende soorten in de bekkens van de Beneden-Schelde, Boven-Schelde en Dijle-Zenne blijven beperkt tot een vijftal families, o.a. *Tubificidae*, *Chironomidae* en *Glossiphoniidae* (tabel 3). In het Netebekken zijn er een negental families die domineren, waaronder ook de vijf families die dominant waren in de andere subbekkens. Dit komt overeen

Figuur 3: Gemiddelde aantal families macro-invertebraten op de monitoringslocaties in vier subbekkens van de Schelde gedurende de periode 2000-2004



met de diversiteit van families in de Elbe en de Llobregat, waar weliswaar wel andere families worden aangetroffen naast die vijf families. Verder onderscheidt het Nete bekken zich van alle andere bekkens door de aanwezigheid van verschillende molluscan families namelijk *Physidae*, *Lymnaeidae* en *Sphaeriidae*. Tussen de andere drie subbekkens is geen duidelijk verschil tussen de samenstelling van de families.

Op basis van de SPEAR index, waarbij de aanwezigheid van de soorten wordt gelinkt aan de gevoeligheid voor pesticiden blijkt dat de beperkte hoeveelheid families die voorkomen in de Schelde bekkens onder meer ten gevolge is van de verontreiniging met pesticiden. Er zijn slechts vier locaties waar vijftig procent van de families bekend staan als gevoelig voor pesticiden. Op alle andere locaties ligt dit aandeel lager (figuur 4). Indien deze beneden de 20% ligt, duidt dit onder meer op een effect ten gevolge van pesticiden.

Tabel 2: R waarde voor de vergelijking van de macro-invertebraten families tussen twee (sub)bekkens. E (Elbe), L (Llobregat), BES (Beneden-Schelde), BOS (Boven-Schelde), DZ (Dijle Zenne), N (Nete). Significance level  $p \leq 0.001$ .

	L	BES	BOS	DZ	N
E	0.652	0.625	0.493	0.534	0.447
L		0.609	0.505	0.476	0.550
BES			0.216	0.174	0.302
BOS					0.359
DZ					0.280

Tabel 3: Families waartoe meer dan 50% van de aangetroffen soorten op de locaties in het subbekken behoren.

Benedenschelde	Bovenschelde	Dijle-Zenne	Nete
<i>Tubificidae</i>	<i>Tubificidae</i>	<i>Tubificidae</i>	<i>Tubificidae</i>
<i>Chironomidae</i>	<i>Chironomidae</i>	<i>Chironomidae</i>	<i>Chironomidae</i>
<i>Naididae</i>	<i>Glossiphoniidae</i>	<i>Glossiphoniidae</i>	<i>Asellidae</i>
<i>Glossiphoniidae</i>	<i>Asellidae</i>	<i>Erpobdellidae</i>	<i>Lymnaeidae</i>
<i>Nematoda</i>	<i>Psychodidae</i>	<i>Asellidae</i>	<i>Glossiphoniidae</i>
			<i>Physidae</i>
			<i>Erpobdellidae</i>
			<i>Sphaeriidae</i>
			<i>Naididae</i>

Tabel 4: De indicatie voor verstoring van de macro-invertebratengemeenschap op de locaties in het Groot Schijn en de Grote Nete met behulp van de Biotische sediment index (BSI), Belgische Biotische index (BBI), Multi Criteria Analyse (MCA), Multi metric index (MMI) en de Oligochaete index (IOBS-TUSP). - = geen indicatie voor verstoring, + = indicatie voor verstoring, ++ = indicatie voor zware verstoring.

Index	Schijn		Grote Nete		
	Referentie	Vervuild	referentie	vervuild	Zwaar vervuild
BSI	-	-	-	-	-
BBI	-	+	-	-	-
MCA			+	+	+
MMI			-	-	+
IOBS (+TUSP)			-	++	++

## Effect op lokaal niveau

Als er gekeken wordt naar de kwaliteitsbeoordeling van de macro-invertebraten gemeenschap op de locaties in het Groot Schijn en in de Grote Nete, dan is het duidelijk dat de gebruikte indices geen kwaliteitsgradient vertonen op de twee locaties (tabel 4). Enkel de BBI resultaten voor het Groot Schijn geven een verschil aan tussen de referentie en de verontreinigde locatie, terwijl de IOBS een duidelijke verstoring aangeeft op de twee verontreinigde locaties in de Grote Nete. Indien de biodiversiteit van de locaties echter wordt bepaald met behulp van de Shannon-Wiener index, dan is er een duidelijke afname van de diversiteit te zien langs de pollutie gradienten in beide beken (figuur 5). Er is echter ook een verschil in diversiteit op de twee referentielocaties. De afname van diversiteit wordt ook bevestigd als er gekeken wordt naar de dichtheid en de biomassa in de Grote Nete (figuur 6). Hieruit blijkt dat het grootste gedeelte van de biomassa en de grootste aantallen bepaald worden door de minste soorten op de zwaar verontreinigde locatie, terwijl op de referentielocatie de meeste soorten nodig zijn om 90% van de dichtheid of biomassa te verklaren.

## Discussie

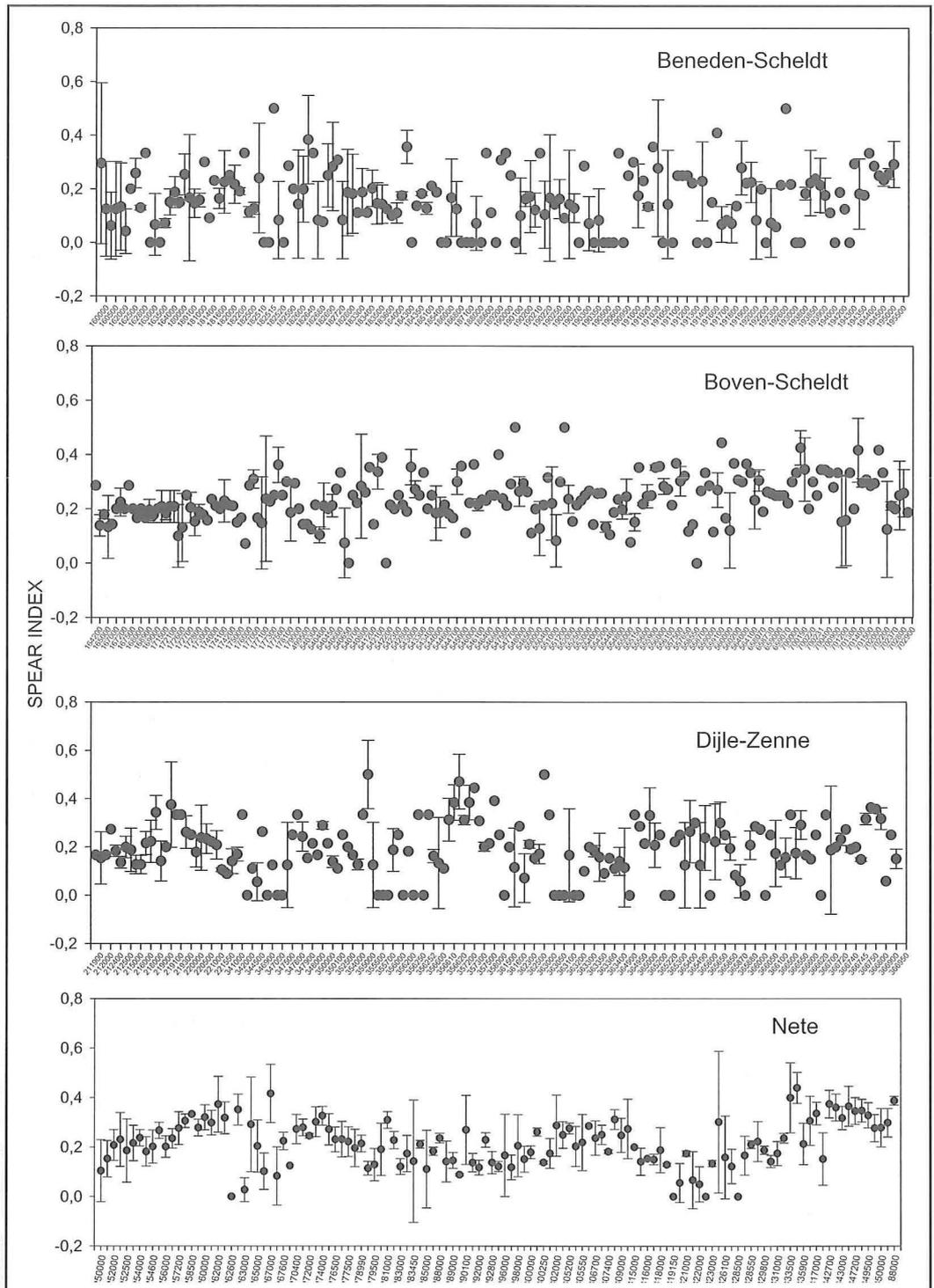
In de huidige monitoringsprogramma's van diverse waterbeheerders is het determinatieniveau van macro-invertebraten beperkt. De meesten worden slechts tot op familie of op genus niveau gedetermineerd, omdat het tot op soort determineren behoorlijk wat expertise en tijd vraagt, zeker wat betreft de *Oligochaeta* en *Chironomidae*. Ondanks het feit dat er bij een beperkt determinatieniveau waardevolle informatie verloren gaat (Verdonschot, 2006), blijkt uit deze studie dat het toch mogelijk is om de verschillende bekkens te onderscheiden en dat er zelfs een onderscheid is tussen het relatief schone Nete bekken en de drie andere meegenomen vervuilde subbekkens van het Scheldebekken. Aangezien er tussen de drie verstoordes subbekkens geen onderscheid gemaakt kan worden, o.a. door een beperkt aantal families, lijkt het erop dat de natuurlijke verschillen tussen subbekkens verminderen ten gevolge van menselijke verstoringen. Het uiteindelijke determinatieniveau dient in ieder geval afgestemd te zijn op de doelstelling van de monitoring, zoals ook eerder aangegeven door Dodélec et al. (2000) en Gayraud et al. (2003), waarbij determinatie tot op familieniveau voldoende is voor een globale toestands monitoring. Bij de interpretatie kan er van uit gegaan worden dat er minstens 10 families moeten voorkomen, maar dat onder goede omstandigheden zeker meer dan 20 families zouden aangetroffen moeten worden. In de Schelde is dit dikwijls niet het geval onder meer ten gevolge van pesticiden.

Voor de bepaling van de impact van een bepaalde verontreinigingsbron kan het best worden overgegaan tot een grondige analyse van de

macro-invertebratengemeenschap, waarbij de gemeenschap het best vergeleken kan worden met een ongestoorde locatie in hetzelfde watersysteem, dus bovenstrooms van de verstoringsbron. Diversiteit kan namelijk tussen watersystemen, zelfs binnen een subbekken, verschillen, zoals in deze studie ook het geval is voor het Groot Schijn en de Grote Nete, wat mogelijk kan komen door natuurlijke verschillen. Indien voor de analyse van de gegevens wordt overgegaan tot het gebruik van biotische indices die slechts rekening houden met kwaliteitsindicaties van de groepen op familieniveau, gaat wederom waardevolle

informatie verloren en is het onderscheidingsvermogen tussen de verontreinigde en referentie locatie mogelijk te klein, zoals in deze studie is gebleken. Desondanks was er zowel in de Grote Nete als in het Groot Schijn een duidelijke impact van de verontreinigingsbronnen op de macro-invertebratengemeenschap. Dit kwam tot uiting in zowel de biodiversiteit, berekend op basis van de determinaties tot op soortniveau, en in de k-dominantie grafieken, gebaseerd op dichtheid en biomassa van de verschillende soorten. Pollutie leidt duidelijk tot een lagere biodiversiteit.

Figuur 4: Spear index voor de verschillende locaties in de Schelde



De macro-invertebratengemeenschap kan dus goed gebruikt worden om de impact van pollutie na te gaan, maar er moet afhankelijk van de schaal tot op een lager niveau worden gedetermineerd. Het lijkt bovendien aanbevelingswaardig om biomassa en (relatieve) dichtheid als een parameter mee te nemen. De interpretatie van de resultaten kan dan het best gedaan worden met meerdere evaluatie-tools, wat samen met de mogelijke gevoeligheid van bepaalde soorten voor een bepaald type van contaminatie waardevolle informatie kan opleveren om het type van verstoring verder te identificeren. Hiertoe moet er in de toekomst nog wel een betere link gelegd worden tussen gevoeligheidsanalyses van soorten in het labo en de bevindingen in het veld.

### Dankwoord

Deze studie is mede mogelijk gemaakt door de Europese Commissie in het kader van het project MODELKEY (Contract-No. 511237-GOCE).

### Referenties

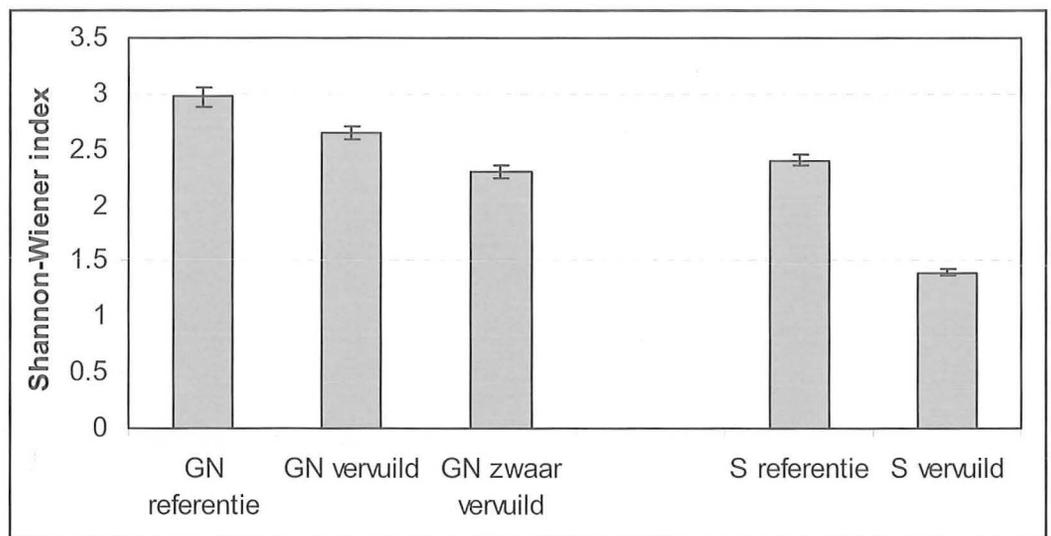
den Besten, P.J., C.A. Schmidt, M. Ohm, M.M. Ruys, J.W. van Berghem & C. van de Guchte, 1995. Sediment quality assessment in the delta of rivers Rhine and Meuse based on field observations, bioassays and food chain implications. *Journal of Aquatic ecosystem health*, 4: 257-270.

De Pauw, N. & S. Heylen, 2001. Biotic index for sediment quality assessment of watercourses in Flanders, Belgium. *Aquatic Ecology*, 35, 121-133.

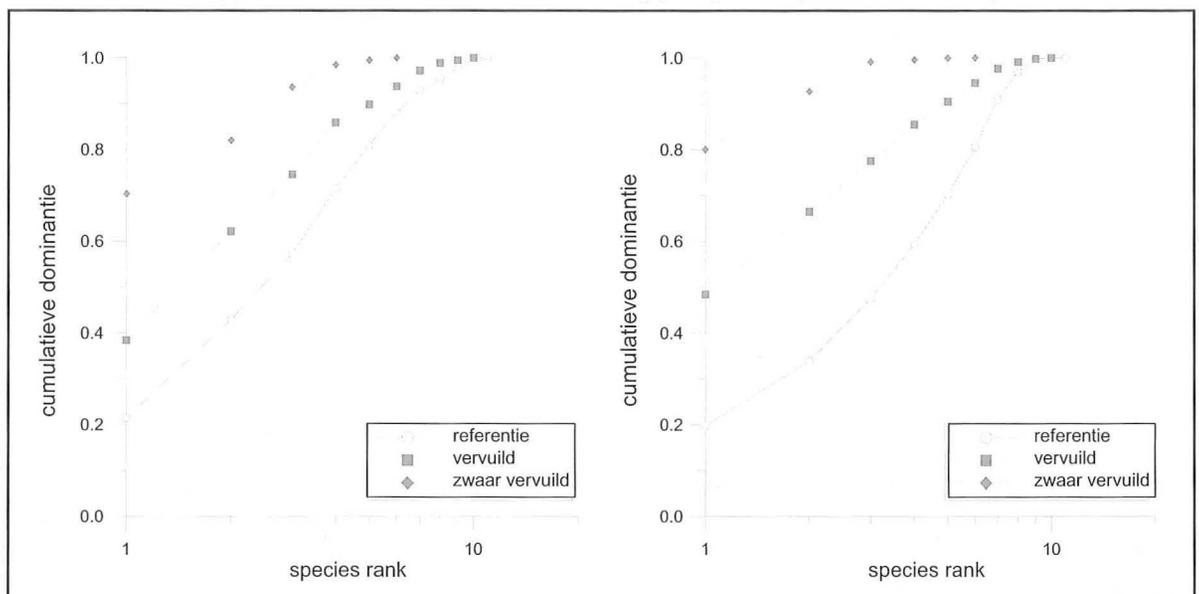
De Pauw, N. & R. Vannevel, 1991. Macro-invertebraten en waterkwaliteit. Stichting Leefmilieu Antwerpen.

Dolédec S., J.M. Olivier J.M. & B. Statzner, 2000. Accurate description of the abundance of taxa and their biological traits in stream invertebrate communities: effect of taxonomic and spatial resolution. *Archiv für Hydrobiologie*, 148, 25-43.

Figuur 5: De Shannon-Wiener index waarden voor de locaties in de Grote Nete en het Schijn gebaseerd op de staalnames in het voorjaar van 2005.



Figuur 6: K-dominantie grafieken van de drie locaties in de Grote Nete. De linkse grafiek is gebaseerd op dichtheden, de rechtse op biomassa.



Gayraud S., B. Stutzner, P. Bady, A. Haybach, F. Schöll, P. Usseglio-Polatera & M. Bachi, 2003. Invertebrate traits for the biomonitoring of European large rivers: an initial assessment of alternative metrics. *Freshwater Biology*, 48, 2045–2064.

Kamppinen, M. & M. Walls, 1999. Integrating biodiversity into decision making. *Biodiv. Conserv.*, 8: 7–16.

Liess, M. & P.C. Von der Ohe, 2005. Analyzing effects of pesticides on invertebrate communities in streams. *Environmental Toxicology and Chemistry*, 24: 954–965.

Linke, S. & R. Norris, 2003. Biodiversity: bridging the gap between condition and conservation. *Hydrobiologia*, 500: 203–211.

Meire, P.M. & J. Dereu, 1990. Use of the abundance/biomass comparison method for detecting environmental stress: some considerations based on intertidal macrozoobenthos and bird communities. *Journal of Applied Ecology*, 27: 210–223.

Prygiel J, Rosso-Darmet A, Lafont M, Lesniak C, Durbec A, Ouddane B. 2000. Use of oligochaete communities for assessment of ecotoxicological risk in fine sediment of rivers and canals of the Artois-Picardie water basin (France). *Hydrobiologia* 410, 25–37.

Reyers, B. & A. N. James, 1999. An upgraded national biodiversity risk assessment index. *Biodiv. Conserv.*, 8: 1555–1560.

Van Liefveringe, C., W. De Cooman, R. Yseboodt, L. Bervoets, A. Schneiders, L. Clement, E. De Bruyn, P. Meire & R. Verheyen, 1998. Onderzoek naar het effect van de zoutlozingen van Tessenderlo Chemie op het aquatische ecosystem van de Grote Nete. Visstandsonderzoek, waterbodempkwaliteit & waterkwaliteitsanalyse. Universiteit Antwerpen, studie in opdracht van Tessenderlo Chemie, 99p.

Van Liefveringe, C., P. Meire, A. De Vocht, S. Eersels, S. Van de Broeck, 2005. Impactstudie Tessenderlo Chemie. Universiteit Antwerpen, studie in opdracht van Tessenderlo Chemie, 247 p.

Van Liefveringe, C., Baets, J., Orendt, C., Wolfram, G., Großschartner, M., Höss, S., Muñoz Gracia, I., de Deckere, E. & Patrick Meire, 2006. SD 4.3 Intercalibrated sampling strategy and design. Project Modelkey, Models for Assessing and Forecasting the Impact of Environmental Key Pollutants on Marine and Freshwater Ecosystems and Biodiversity, 51p.

Verdonschot P.F.M. 2006. Data composition and taxonomic resolution in macroinvertebrate stream typology. *Hydrobiologia*, 566: 59–74.

*E. De Deckere, C. Van Liefveringe, J. Baets, V. Leloup, C. Schmitt, en P. Meire*  
Universiteit Antwerpen,  
Onderzoeksgroep Ecosysteembeheer;  
Universiteitsplein 1, Wilrijk 2610  
contactpersoon: eric.dedeckere@ua.ac.be

*I. Munoz*  
Departement Ecologie, Universiteit van Barcelona, Barcelona, Spanje

*P. von der Ohe*  
Centrum voor milieu onderzoek (UFZ), Leipzig-Halle, Duitsland

*C. Orendt*  
Orendt Hydrobiologie, Brandvorwerkstr. 66,  
04275 Leipzig, Duitsland

*G. Wolfram*  
DWS Hydro-Ökologie GmbH, Zentagasse 47,  
A-1050 Wenen, Oostenrijk

# Cyanobacteriënbloeien in België: voorkomen, diversiteit en toxiciteit

Universiteit Gent, Departement Biologie, Laboratorium voor Protistologie en Aquatische ecologie

De massale ontwikkeling van cyanobacteriën in oppervlaktewater tijdens de zomer is de laatste decennia wereldwijd een groeiend probleem geworden. Meren, vijvers en poelen krijgen dan een groen uitzicht en dit verschijnsel wordt "cyanobacteriënbloei" genoemd. Deze bloeien kunnen daarenboven toxisch zijn voor mens en dier. Cyanobacteriënbloeien komen vooral voor bij hoge temperaturen en in geëutrofeerde wateren (wateren belast met een hoog stikstof- en fosforgehalte). Vermits de meeste van onze vijvers en poelen hiermee te kampen hebben, komen cyanobacteriënbloeien veelvuldig voor in de zomerperiode. Een uitgebreide monitoringstudie bracht meer aan het licht over het voorkomen, de diversiteit en de toxiciteit van cyanobacteriënbloeien in België. In totaal werden meer dan 100 cyanobacteriënbloeien bemonsterd in meren, vijvers en poelen in België (voornamelijk in Vlaanderen) gedurende de zomers van 2003, 2004 en 2005. Uit de monitoringstudie bleek dat de meest voorkomende cyanobacterie in de bloeien *Microcystis* was (gevolgd door *Planktothrix* en *Anabaena*). Deze drie cyanobacteriën produceren het toxine microcystine en uit toxinemetingen bleek dat een groot deel van de bloeien hoge concentraties aan microcystine bevatten.

Het ontstaan van waterbloeien van cyanobacteriën is een natuurlijk voorkomend verschijnsel tijdens de zomerperiode. Deze bloeien kunnen zich echter ontwikkelen tot een groene (soms ook rode), toxische, schuimige massa, drijvend op het wateroppervlak, die een zeer onaangename geur verspreidt bij het afsterven. Cyanobacteriënbloeien vormen wereldwijd een potentieel gevaar voor de gezondheid van mens en dier en interfereren met de exploitatie van oppervlaktewateren (drinkwater, recreatie, viskweek...). De Wereld-Gezondheids-Organisatie (1998) wijst in een richtlijn voor drinkwaterkwaliteit op het gevaar van toxische cyanobacteriën. Cyanobacteriënbloeien beïnvloeden daarenboven de helderheid van het water, vergroten de kans op acuut zuurstoftekort 's nachts en kunnen andere organismen wegconcurreren.

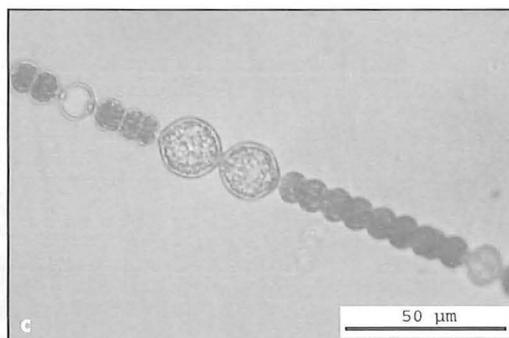
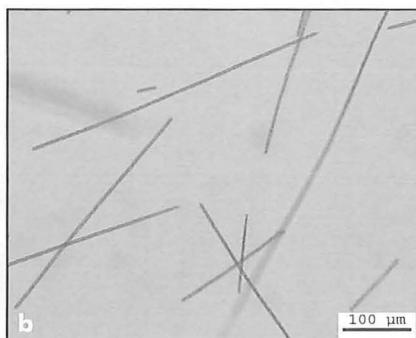
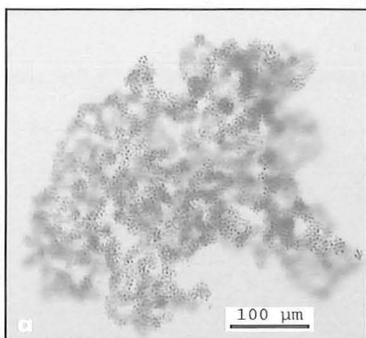
De eutrofiëring van onze oppervlaktewateren (invloei van stikstof en fosfor afkomstig van landbouw, huishoudens en industrie) in combinatie met een hoge temperatuur stimuleert de groei van cyanobacteriën. Daarom komen cyanobacteriënbloeien het meest voor in eutrofe meren, vijvers en poelen tijdens de zomer.

## Wat zijn cyanobacteriën?

Cyanobacteriën zijn wellicht 3 miljard jaar geleden (Precambrium) op aarde ontstaan. Deze micro-organismen zijn net als groene planten autotroof en bevatten dus chlorofyl en andere pigmenten waarmee ze aan fotosynthese kunnen doen. Cyanobacteriën hebben een belangrijke rol gespeeld in de evolutie van het leven op aarde. Zij waren immers de eerste zuurstofproducerende organismen en hebben er dus voor gezorgd dat zuurstof op aarde begon te accumuleren en de atmosfeer langzaam van anoxisch naar oxisch evolueerde. Bovendien zijn de chloroplasten van algen en hogere planten in oorsprong opgenomen cyanobacteriën.

De cyanobacteriële cel bevat zoals andere bacteriën geen echte kern en organellen en ze planten zich niet seksueel voort. Cyanobacteriën kunnen voorkomen als eencelligen, maar kunnen ook filamenten of kolonies vormen (zie figuur 1). Ze kunnen voorkomen in zeer diverse milieus, zowel aquatisch als terrestrisch.

Figuur 1: Foto's van de toxische cyanobacteriën *Microcystis aeruginosa* (a), *Planktothrix rubescens* (b) en *Anabaena planktonica* (c) (Foto's a en b: Ineke van Grembergh, c: Sam De Coster met Leitz Diaplan lichtmicroscop)



## Hoe ontstaan cyanobacteriënbloeiën?

De massale groei van cyanobacteriën in zoete wateren wordt ten dele veroorzaakt door hoge temperaturen doordat de cellen dan sneller delen. Bij het stijgen van de temperatuur te wijten aan de opwarming van de aarde zal het fenomeen van cyanobacteriënbloeiën mogelijks nog toenemen. Tijdens de winter kunnen cyanobacteriën in het sediment overleven met behulp van een rustspore die terug kan ontkiemen in de lente waardoor op korte tijd een nieuwe populatie kan worden opgebouwd.

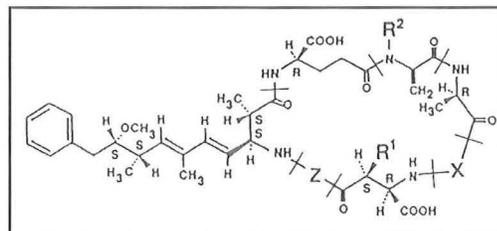
Cyanobacteriën kunnen domineren in troebel water waarin de lichtintensiteit relatief laag is. Hierdoor kunnen ze andere algen die veel licht nodig hebben wegconcurreren. Dit doen ze door gebruik te maken van gasvacuolen waarmee ze hun soortelijk gewicht kunnen regelen zodat ze verticaal in de waterkolom kunnen migreren. Zo kunnen ze overdag naar de oppervlakte gaan waar ze dan veel licht kunnen opvangen en 's nachts naar diepere voeselrijke waterlagen migreren. Ook hebben ze een efficiënt koolstofmetabolisme waardoor ze andere algen kunnen wegconcurreren bij een laag CO<sub>2</sub>-gehalte in het water. Cyanobacteriën zijn in staat om fosfor op te slaan zodat ze een voorraad hebben bij fosfortekort in het water, wat kan voorkomen bij hoge densiteiten aan fytoplankton in de zomer. Sommige cyanobacteriën kunnen stikstof (N<sub>2</sub>) fixeren uit de lucht waardoor ze bevoordeeld zijn bij lage concentraties aan opgeloste stikstof. Een andere belangrijke factor die het succes van deze micro-organismen kan verklaren is het feit dat ze beperkt eetbaar zijn door zoöplankton doordat ze grote kolonies of filamenten vormen en ze vaak toxisch zijn.

## Hoe toxisch zijn cyanobacteriënbloeiën?

Meer dan de helft van de bemonsterde cyanobacteriënbloeiën wereldwijd blijkt toxisch te zijn (Chorus *et al.*, 2000). Een groot deel van de cyanobacteriënsoorten produceren bepaalde toxische stoffen, nl. neurotoxines (werken in op het zenuwstelsel), dermatotoxines (beschadigen de huid) en/of hepatotoxines (werken in op de lever en andere interne organen). Deze toxines kunnen schadelijk zijn voor o.a. zoöplankton, vis, gevogelte, vee, huisdieren en de mens. Gevallen van mortaliteit bij vissen, vogels en vee te wijten aan toxische cyanobacteriën zijn gerapporteerd en ook bij de mens zijn vergiftigingen met soms dodelijke afloop bekend (Codd *et al.*, 2005). Vermoedelijk worden vergiftigingen door cyanobacteriën bij dieren en mensen vaak niet als dusdanig herkend. De toxiciteit van cyanobacteriële toxines is te vergelijken met het gif van een cobra (de fatale concentratie is 10-50 µg/kg lichaamsgewicht). Hepatotoxines komen het meest voor en het belangrijkste hiervan is microcystine, een eiwit waarvan meer dan 70 structurele varianten gekend zijn (zie figuur 2). De veel voorkomende cyanobacteriën *Microcystis*, *Planktothrix* en *Anabaena* (zie figuur 1) produceren dit toxine.

Volgens een WHO-richtlijn moet de concentratie aan microcystine-LR (meest voorkomende en meest toxische variant) in drinkwater lager zijn dan 1 µg/l (WHO, 1998). De symptomen van vergiftiging door microcystine bij de mens zijn misselijkheid, hoofdpijn, gastro-enteritis en leveraandoeningen.

Figuur 2: Chemische structuur van het heptapeptide microcystine



Microcystines zijn vooral in de cellen aanwezig maar kunnen ook vrijkomen bij het openbreken of afsterven van de cel en ze worden wellicht ook in beperkte mate actief uitgescheiden (Pearson *et al.*, 2004). Microcystines kunnen na het afsterven van de bloei nog lang in het water aanwezig blijven omdat ze traag worden afgebroken. Daarbij kunnen ze ook accumuleren in zoöplankton en vis en zo verder terecht komen in de voedselketen.

Het toxinegehalte van een bloei is niet constant en hangt af van de omvang van de bloei, het aantal toxische cyanobacteriënsoorten die voorkomen, de microcystineproductie binnen individuele cellen en de soorten microcystines die geproduceerd worden. Verscheidene studies vermelden ook dat het toxinegehalte per eenheid biomassa van *Microcystis* het hoogst is bij het begin van de bloei, wanneer de biomassa nog laag is (Kardinaal & Visser, 2005). De toxineproductie in de cellen blijkt ook beïnvloed te worden door externe groei-stimuli zoals licht en temperatuur en concentraties aan opgeloste nutriënten (een stijging in fosfaat en nitraatconcentraties kan de toxineproductie verhogen) (Rapala *et al.*, 1997).

De eigenlijke functie van microcystines is nog steeds niet gekend. Mogelijks zouden ze een rol kunnen spelen in de regulatie van lichtcaptatie (Kaebernick *et al.*, 2000), ze zouden betrokken kunnen zijn in ijzertransport (Utkilen & Gjølme, 1995) of ze zouden een rol kunnen spelen in intercellulaire communicatie tussen cyanobacteriën (Dittmann *et al.*, 2001). Ten slotte is er de hypothese die stelt dat toxines geproduceerd worden als bescherming tegen predatie door zoöplankton (Jang *et al.*, 2003).

## Toxische cyanobacteriënbloeiën in België

Om het fenomeen van toxische cyanobacteriënbloeiën in België te bestuderen, werd in 2003 het nationale onderzoeksproject "B-Blooms" (*Algal blooms: emerging problem for health and sustainable use of surface waters*) opgericht door de universiteiten van Gent (UGent), Namen (FUNDP) en Luik (ULg). Dit project eindigde in 2006 en in januari 2007 werd het vervolproject "B-Blooms2" opgestart. De doelstellingen

van "B-Blooms" waren: (1) documenteren van voorkomen, soortensamenstelling en toxiciteit van cyanobacteriën, (2) studie naar de ecologische condities die bloeien veroorzaken en (3) middelen ontwikkelen (protocols voor staalname, moleculaire merkers...) voor een nationaal monitoringnetwerk.

In totaal werden meer dan 100 cyanobacteriën-bloeien bemonsterd in meren, vijvers en poelen in België (voornamelijk in Vlaanderen) gedurende de zomers van 2003, 2004 en 2005. Tevens werden ook verschillende chemische (concentraties aan opgeloste nutriënten: nitraat, ammonium en orthofosfaat) en fysische parameters (o.a. temperatuur, lichtintensiteit, troebelheid, zuurstofgehalte en pH) bepaald in de bemonsterde waterlichamen. De voorkomende cyanobacteriënsoorten in de waterstalen werden gedetermineerd en

Figuur 3: Cyanobacteriënbloei van *Microcystis* in vijver in Westveldpark (St-Amandsberg) (a), *Planktothrix agardhii* in Klotkom (Brugge) (b) en *Anabaena* in visvijver (Grembergen) (c) (Foto's a en b: Fanny De Ruysscher, c: Sam De Coster)



gekwantificeerd a.d.h.v. microscopische analyses. Kolonies van *Microcystis* en filamenten van *Planktothrix* werden ook geïsoleerd en opgekweekt in het laboratorium. De genetische diversiteit van de bloeien werd ook bestudeerd a.d.h.v. een moleculaire techniek, nl. denaturerende gradiënt gelelektroforese of kortweg DGGE. Het principe van deze techniek is dat verschillende sequenties van een specifiek DNA-fragment gescheiden worden in een gel. Op die manier kunnen de verschillende cyanobacteriënsoorten (of genera) in een bloei onderscheiden worden op basis van hun sequentie voor dat specifiek DNA-fragment. Voor meer informatie omtrent de gebruikte techniek wordt verwezen naar Zwart *et al.*, 2005. Daarnaast werd ook het al dan niet aanwezig zijn van toxinegenen in de bloeien bepaald (Nonneman & Zimba, 2002; Rantala *et al.*, 2004) en werden toxineconcentraties in het water gemeten m.b.v. HPLC (High Performance Liquid Chromatography).

Uit de monitoringstudie bleek dat de meest voorkomende cyanobacterie in de bloeien *Microcystis* (44 % van de bemonsterde bloeien), gevolgd door *Planktothrix* (19 % van de bemonsterde bloeien) en *Anabaena* (12 % van de bemonsterde bloeien) was (zie figuur 3) (Van Wichelen *et al.* 2006). Verder bleek uit de studie van de genetische diversiteit dat in de meeste bloeien slechts één soort cyanobacterie domineerde en dat de soort die de bloei veroorzaakt in een bepaalde vijver ook kan verschillen van jaar tot jaar. *Anabaena* werd vooral gedetecteerd in diepe wateren, terwijl *Planktothrix* vooral voorkwam in ondiepe vijvers. Variantie-analyses ('Analysis of Variance' of ANOVA en Post Hoc Tukey tests, significantieniveau:  $p < 0,05$ ) toonden aan dat *Anabaena* vooral domineert bij significant lagere opgeloste stikstofconcentraties (wellicht omdat deze in staat is stikstof uit de lucht te fixeren) en significant hogere temperaturen dan *Planktothrix*. *Microcystis* daarentegen kan onder verschillende omstandigheden een bloei vormen. Deze cyanobacterie komt dan ook wereldwijd het meest voor (Visser *et al.*, 2005). Omdat alledrie deze cyanobacteriën microcystines kunnen produceren, kan gesteld worden dat een groot deel van de cyanobacteriënbloei in België toxisch is. Dit bleek ook uit de aanwezigheid van toxinegenen (in bijna alle bloeien werden microcystine-synthetase-genen gedetecteerd!) en uit de metingen van microcystineconcentraties. Deze laatste analyses werden uitgevoerd op een selectie van de stalen (56 bloeien) en hieruit bleek effectief dat 38 % van de bloeien hoge concentraties aan microcystines bevatten. In de natuurreservaten het Leeuwenhof in Drongen (zie figuur 4) en het Tiens Broek (zie figuur 5) werden in de vijvers, waarin dense bloeien van *Microcystis* voorkwamen, zelfs heel hoge waarden gemeten (zie tabel 1). Rond deze vijvers werd dan ook vogelsterfte opgemerkt (Van Wichelen *et al.*, 2006).

### Wat valt eraan te doen?

Wanneer men te maken krijgt met een cyanobacteriënbloei is het niet zo eenvoudig deze te verwij-

Figuur 4: Microcystisbloei in vijver van het natuurreservaat het Leeuwenhof in Drongen (Foto's: Jeroen Van Wichelen en Renaat Dasseville)



Figuur 5: Microcystisbloei in vijver van het natuurreservaat het Tiens Broek (Foto's: Pieter Vanormelingen)



deren en te voorkomen dat de bloei de volgende zomer terugkomt. De belangrijkste remedie is er voor te zorgen dat de waterkwaliteit verbetert, dit wil concreet zeggen dat de nutriëntenbelasting moet verminderd worden. In een nitraatvervuild gebied als Vlaanderen is dit op korte termijn vaak moeilijk realiseerbaar. Wanneer er een bloei wordt gedetecteerd is het in eerste instantie belangrijk na te gaan of het om een toxische bloei gaat. Zo ja, dan kan de vijver afgesloten worden voor mens en dier, afhankelijk van de gemeten toxineconcentratie (voor microcystines ligt de drempel voor recreatiegebied op  $20 \mu\text{g/l}$ ). Indien mogelijk kan de vijver best volledig leeg gelaten worden, de sliblaag verwijderd en opnieuw gevuld worden. Deze methode geeft hoe dan ook geen garantie dat de bloei niet terugkomt. Het artificieel mengen van de waterkolom kan in sommige gevallen ook een oplossing bieden (Visser *et al.*, 1996). Uit studies in Nederland is gebleken dat Actief Biologisch Beheer (een maatregel waarbij door een drastische uitdunning van de visstand de consumptie van algen door watervlooiën wordt vergroot en de bodemwoeling door grote vis afneemt) niet altijd goede resultaten geeft in het verhinderen van cyanobacteriënbloei (Gulati & van Donk, 2002).

Samenvattend kunnen we besluiten dat het ontstaan van toxische cyanobacteriënbloei in geëutrofiëerde waterlichamen tijdens de zomer in België een veel voorkomend fenomeen is. Het terugdringen van de eutrofiëring van onze oppervlaktewateren is hoe dan ook onontbeerlijk om te verhinderen dat toxische bloeiën zich ontwikkelen.

## Dankwoord

Dit onderzoek kadert in het nationale 'B-Blooms' project gesponsord door Belspo (Belgisch Federaal Wetenschapsbeleid), in samenwerking met Prof. Dr. Annick Wilmotte (Universiteit de Liège (ULg), Centre d'Ingénierie des Protéines, Institut de Chimie) en Prof. Dr. Jean-Pierre Descy (Facultés Universitaires Notre-Dame de la Paix, Namur (FUNDP), Unité d'Ecologie des Eaux Douces). Renaat Dasseville (UGent) en Sara Denayer (UGent) hebben meegeholpen aan een aantal staalnames. Een aantal stalen van openbare wateren werden verkregen dankzij samenwerking met medewerkers van de Vlaamse Milieumaatschappij (VMM, in het bijzonder Saskia Lammens, Annick De Winter, Thierry Warmoes en Martin Verdievel), en met medewerkers van het Instituut voor Natuurbehoud (IN, Kris van Looy en Alexander Van Braeckel) en met Luc Samsoen van de Provinciale Visserij Commissie Oost-Vlaanderen. Een aantal stalen van private visvijvers werden ons bezorgd door Peter Coene van de Vlaamse Vereniging van Hengelsport Verbonden vzw (VVHV). Dr. Hélène Ducobu (CRIT Bio-Industries, Toulouse), Aurélie Ledreux (Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris), Bruno Leporcq en Detelina Todorova (FUNDP) voerden de toxineanalyses uit. Christophe Boutte (ULg) detecteerde de toxinegenen.

## Referenties

Chorus, I., Falconer, I.R., Salas, H.J., & Bartram, J. (2000) Health risks caused by freshwater cyanobacteria in recreational waters. *Journal of Toxicology and Environmental Health Part B*, 3: 323-347.

Codd, G.A., Lindsay, J., Young, F.M., Morrison, L.F. & Metcalf, J.S. (2005) Harmful cyanobacteria. From mass mortalities to management measures. In *Harmful cyanobacteria*. Huisman, J., Matthijs, H.C.P., and Visser P.M. (eds.). Dordrecht, The Netherlands: Springer, pp.1-23.

Dittmann, E., Erhard, M., Kaebernick, M., Scheler, C., Neilan, B.A., von Dohren, H. & Borner, T. (2001) Altered expression of two light-dependent genes in a microcystin-lacking mutant of *Microcystis aeruginosa* PCC 7806. *Microbiology-Sgm* 147: 3113-3119.

Gulati, R.D. & van Donk, E. (2002) Lakes in the Netherlands, their origin, eutrophication and restoration: state-of-the-art review. *Hydrobiologia* 478: 73-106.

Jang, M.H., Ha, K., Joo, G.J. & Takamura, N. (2003) Toxin production of cyanobacteria is increased by exposure to zooplankton. *Freshwater Biology* 48: 1540-1550.

Kaebernick, M., Neilan, B.A., Borner, T. & Dittmann, E. (2000) Light and the transcriptional response of the microcystin biosynthesis gene cluster. *Applied and Environmental Microbiology* 66: 3387-3392.

Kardinaal, W.E.A. & Visser, P.M. (2005) Dynamics of cyanobacterial toxins. Sources of variability in microcystin concentrations. In *Harmful cyanobacteria*. Huisman, J., Matthijs, H.C.P., and Visser P.M. (eds.). Dordrecht, The Netherlands: Springer, pp.41-63.

Nonneman, D. & Zimba, P.V. (2002) A PCR-based test to assess the potential for microcystin occurrence in channel catfish production ponds(1.2). *Journal of Phycology* 38: 230-233.

Pearson, L.A., Hisbergues, M., Borner, T., Dittmann, E. & Neilan, B.A. (2004) Inactivation of an ABC transporter gene, *mcyH*, results in loss of microcystin production in the cyanobacterium *Microcystis aeruginosa* PCC 7806. *Applied and Environmental Microbiology* 70: 6370-6378.

Rantala, A., Fewer, D.P., Hisbergues, M., Rouhinen, L., Vaitomaa, J., Borner, T. & Sivonen, K. (2004) Phylogenetic evidence for the early evolution of microcystin synthesis. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 101: 568-573.

Tabel 1: Resultaten van microcystine (MC) analyse van stalen genomen in vijvers met cyanobacteriënbloei (enkel de stalen waarin microcystines gedetecteerd werden zijn in de tabel opgenomen; DS = droge stof bloeimateriaal, laatste kolom: MC totaal = µg/l dens bloeimateriaal uit litoraal, nd: niet gedetecteerd, na: niet geanalyseerd)

Datum staalname	Plaats	Naam of ligging vijver	Collector	Instantie analyse	Dominant taxon	MC LR µg/ g DS	MC RR µg/ g DS	MC YR µg/ g DS	MC totaal µg/ g DS	MC totaal µg/l bloeimateriaal
23/09/2003	St-Amandsberg	Vijver park Westveld	UGent	CRITT	<i>Microcystis</i>	418	775	na	1193	966
30/09/2003	Hamme	Bunt 1	UGent	FUNDP	<i>Microcystis</i>	186	122	35	343	122
30/09/2003	Hamme	Bunt 2	UGent	FUNDP	<i>Microcystis</i>	196	147	28	371	300
30/09/2003	Hamme	Bunt 3	UGent	FUNDP	<i>Microcystis</i>	782	119	54	954	761
30/09/2003	Baasrode	visvijver	UGent	CRITT	<i>Microcystis</i>	19	145	na	164	2
24/08/2004	Drongen	Leeuwenhofvijver	UGent	CRITT	<i>Microcystis</i>	459	nd	na	459	26240
6/09/2004	Drongen	Leeuwenhofvijver	UGent	FUNDP	<i>Microcystis</i>	515	0	222	737	1667
16/09/2004	Drongen	Leeuwenhofvijver pelagiaal	UGent	FUNDP	<i>Microcystis</i>	403	0	185	589	2
16/09/2004	Drongen	Leeuwenhofvijver sediment	UGent	FUNDP	<i>Microcystis</i>	107	0	98	206	3879
30/09/2004	Drongen	Leeuwenhofvijver	UGent	FUNDP	<i>Microcystis</i>	603	0	228	832	843
25/09/2004	Brugge	Klotkom	UGent	CRITT	<i>Planktothrix</i>	22	nd	na	22	0
28/09/2004	Oudenaarde	vijver Liedtspark	UGent	FUNDP	<i>Microcystis</i>	105	126	29	259	1
28/09/2004	Kluisbergen	vijver elektriciteitscentrale	UGent	CRITT	<i>Microcystis</i>	683	1968	na	2651	76998
29/09/2004	Zottegem	Breivelde	UGent	FUNDP	<i>Microcystis</i>	114	44	11	169	2
29/09/2004	Merelbeke	Sint-Elooisput	UGent	CRITT	<i>Microcystis</i>	149	nd	na	149	6
4/10/2004	Grimbergen	Ter Killen	UGent	FUNDP	<i>Microcystis</i>	1422	52	19	1493	2051
6/04/2005	Beringen	Goudkarper	VHV	CRITT	<i>Microcystis</i>	24	435	na	459	174
29/08/2005	Beringen	Goudkarper	VMM	CRITT	<i>Microcystis</i>	1023	490	na	1513	5600
12/05/2005	Averbode	Terelzen vijver	VHV	CRITT	<i>Microcystis</i>	84	1161	na	1245	6568
19/05/2005	Poederlee	Leute en Plezier	VHV	FUNDP	<i>Microcystis</i>	45	36	0	82	65
9/08/2005	Tienen	Tiens broek	UGent	CRITT	<i>Microcystis</i>	502	nd	na	502	12938
21/09/2005	Lummen	Schulensmeer	VMM	FUNDP	<i>Microcystis</i>	441	414	105	961	708

- Rapala, J., Sivonen, K., Lyra, C. & Niemela, S.I. (1997) Variation of microcystins, cyanobacterial hepatotoxins, in *Anabaena* spp. as a function of growth stimuli. *Applied and Environmental Microbiology* 63: 2206-2212.
- Utkilen, H. & Gjolme, N. (1995) Iron-Stimulated Toxin Production in *Microcystis aeruginosa*. *Applied and Environmental Microbiology* 61: 797-800.
- Van Wichelen, J., De Coster, C., De Ruyscher, F., De Keyser, K., van Gremberghe, I., Sterken, M., Vanormelingen, P., Van der Gucht, K. & Vyverman, W. (2006) Algenbloei, een bedreiging voor natuurwaarden in Vlaanderen? *Natuur.focus* 5(3): 91-97.
- Visser, P.M., Ibelings, B.W., Mur, L.R. & Walsby, A.E. (2005) The ecophysiology of the harmful cyanobacterium *Microcystis*. Features explaining its success and measures for its control. In *Harmful cyanobacteria*. Huisman, J., Matthijs, H.C.P., and Visser P.M. (eds.). Dordrecht, The Netherlands: Springer, pp.109-142.
- Visser, P.M., Ibelings, B.W., Van der Veer, B., Koedood, J. & Mur, L.R. (1996) Artificial mixing prevents nuisance blooms of the cyanobacterium *Microcystis* in Lake Nieuwe Meer, the Netherlands. *Freshwater Biology* 36: 435-450.
- W.H.O. (1998) Cyanobacterial toxins: Microcystin-LR. Guidelines for Drinking-Water Quality. In. Geneva: World Health Organization, pp. 95-110.
- Zwart, G., Kamst-van Agterveld, M.P., van der Werff-Staverman, I., Hagen, F., Hoogveld, H.L. & Gons, H.J. (2005) Molecular characterization of cyanobacterial diversity in a shallow eutrophic lake. *Environmental Microbiology* 7: 365-377.
- Ineke van Gremberghe, doctoraatsstudent  
Laboratorium voor Protistologie en Aquatische ecologie, Departement Biologie, Universiteit Gent  
K.L. Ledeganckstraat 35, 9000 Gent  
tel: +32 9 264 87 30  
fax: +32 9 264 85 99  
Ineke.vanGremberghe@UGent.be*
- Jeroen Van Wichelen,  
wetenschappelijk medewerker*
- Sam De Coster, Fanny De Ruyscher en  
Kevin De Keyser;  
licentiaatsstudenten*
- Katleen Van der Gucht en Pieter Vanormelingen,  
postdoctorale medewerkers*
- Wim Vyverman,  
professor en hoofd van het laboratorium voor  
Protistologie en Aquatische ecologie, Departement  
Biologie, Universiteit Gent,  
Krijgslaan 281 S8, 9000 Gent*

# Het belang van protozoa in de prokaryote-eukaryote co-evolutie

Protozoa kennen een kosmopolitische verspreiding, waarbij hun abundantie en diversiteit sterk bepaald wordt door allerhande omgevingsfactoren. Ze vormen een onmisbare schakel in elk ecosysteem omdat ze zorgen voor het onder controle houden van algen en bacteriële populaties, voor de recirculatie van biomassa in de voedselketen en omdat ze bijdragen tot de co-evolutie van pro- en eukaryoten. In de loop van de evolutie hebben bepaalde micro-organismen een manier ontwikkeld om predatie of vertering door protozoa tegen te gaan. Predatie wordt tegengegaan door bijvoorbeeld de aanwezigheid van toxines in de microbiële celwand. Andere bacteriesoorten worden wel opgenomen, maar hebben een gesofisticeerd systeem ontwikkeld om intracellulair te overleven in de protozoogastheer. Het bestuderen van interacties tussen protozoa en protozoa resistente micro-organismen geniet momenteel veel wetenschappelijke aandacht aangezien verschillende van beiden gekend zijn als humane pathogenen (bv. *Naegleria fowleri*, *Legionella pneumophila*). Inzicht in de infectie en replicatie van zulke micro-organismen in protozoa draagt bij tot de studie naar hun ecologie en mogelijke bestrijding.

## Algemene inleiding en classificatie

Protozoa behoren samen met de ééncellige algen en slijmzwammen tot het koninkrijk van de protisten en omvatten een grote collectie micro-organismen ( $\pm 35\ 000$  soorten), met aanzienlijke onderlinge morfologische en fysiologische verschillen (Sigeo, 2005). Het merendeel van hen is chemoheterotroof (= voor bepaalde essentiële voedingscomponenten zijn ze afhankelijk van anderen, die deze stoffen wel kunnen produceren). Echter, bepaalde protozoa bevatten ook chloroplasten en zijn zo in staat tot foto-autotrofie (= in staat om zonder de hulp van anderen chemische energie in de cellen op te slaan in een proces waarbij (zon)licht de energiebron is). De meeste protozoa zijn gemiddeld  $2\ \mu\text{m}$  tot ongeveer  $1\ \text{mm}$  in diameter, met uitzondering van bepaalde slijmzwammen die afmetingen van enkele centimeters kunnen bereiken.

Momenteel worden de eukaryoten in zes supergroepen ingedeeld (Adl *et al.*, 2005). Vier van de zes supergroepen vertegenwoordigen de protozoa. Deze zijn:

- Amoebozoa: hier worden de amoeben (bv. *Acanthamoeba* spp.) en slijmzwammen (bv. *Dictyostelium* spp.) in onderverdeeld. Amoebozoa bewegen zich voort door middel van cytoplasmatische stromingen of pseudopodia (= schijnvoetjes). Onder bepaalde ongunstige omgevings- of voedingscondities vindt er een transformatie naar de cystevorm plaats. Hierbij worden de cellen door een buitenste capsule omgeven, waardoor ze zeer resistent worden aan allerhande invloeden van buitenaf. Wanneer de omstandigheden opnieuw gunstig worden zullen de cellen excyteren.
- Chromalveolata: hierbinnen bevinden zich de Ciliophora of ciliaten bv. *Paramecium caudatum*, tesamen met heel wat flagellate groepen. De ciliaten zijn een extreem grote groep en zijn de meest gespecialiseerde en gecompliceerde protozoa. Flagellaten en ciliaten zijn twee klas-

sen van protozoa met locomotorische organellen. Flagellen zijn typisch langer dan de rest van de cel, in tegenstelling tot de ciliën die meer op haartjes lijken en korter zijn dan de cel.

- Rhizaria: bv. *Euglena* spp. Deze organismen bevatten fijne pseudopodia, al dan niet ondersteund door microtubuli (axopodia).
- Excavata: bv. *Giardia trichomonas*. Deze groep omvat zowel vrij-levende als symbiotische organismen, alsook enkele belangrijke humane parasieten. De meeste onder hen bezitten twee, vier of meerdere flagella en hebben een duidelijk zichtbare ventrale voedingsgroeve, ondersteund door microtubuli.

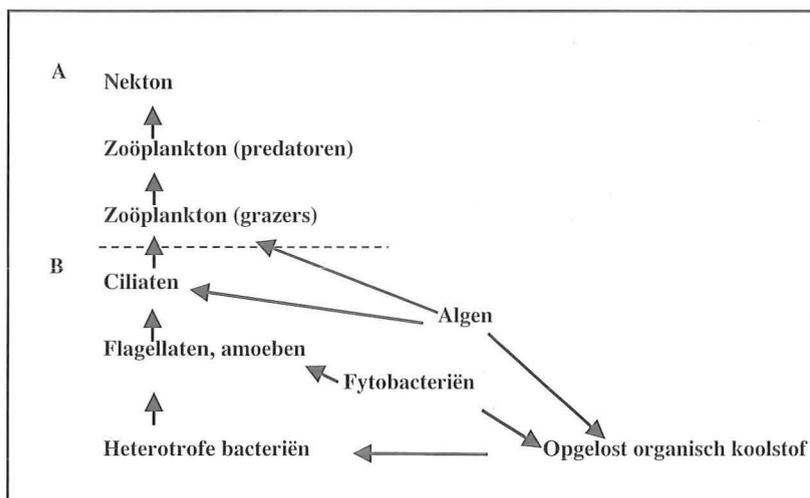
Zowel de Rhizaria als de Excavata bevatten heel wat flagellate vertegenwoordigers.

## Voedselopname en ecologische impact

Protozoa komen algemeen voor in de bodem, water en lucht, waar ze een groot aantal ecologische niches en trofische niveaus innemen (Rodriguez-Zaragoza, 1994). Welk type van protozoa waar wordt teruggevonden is afhankelijk van verschillende omgevingskenmerken zoals de saliniteit, de pH, de temperatuur, de aanwezigheid van nutriënten en de hoeveelheid opgeloste gassen zoals zuurstof, koolstofdioxide en zwavel. Flagellaten en ciliaten worden voornamelijk teruggevonden in open water waar ze prederen op planktonische of vrijzwemmende micro-organismen. Sedimentatie van de protozoa wordt hierbij tegengegaan door actief te bewegen, drijven of het zich vasthechten aan de planktonische biota. Flagellaten en ciliaten zijn doorgaans filtervoeders of prederen actief op hun prooi. Kleine ciliaten en amoeben daarentegen beperken zich doorgaans tot het afgrazen van biofilmen (= georganiseerde gemeenschappen van micro-organismen die onderling en aan het substraatoppervlak gehecht zijn door middel van extracellulaire polymere substanties).

Als predatoren van unicellulaire of filamenteuze algen, bacteriën en microfungi zijn protozoa zeer belangrijk voor de stabiliteit en productiviteit van biologische gemeenschappen en dragen ze zo bij aan de waterkwaliteit en de bodemvruchtbaarheid (Jürgens en Matz, 2002; Weekers *et al.*, 1993). Het is aangetoond dat *Acanthamoeba castellanii* en *Colpoda maupasi* een grote rol vervullen in de populatiedynamica van biofilmgemeenschappen. Figuur 1 geeft duidelijk de positie en het aandeel van protozoa in de voedselketen weer. Enerzijds zijn ze van belang in de microbiële lus (Figuur 1B), waar ze ervoor zorgen dat de koolstof geproduceerd door de primaire producenten (= algen en fyto bacteriën) doorgegeven wordt aan de hogere trofische niveaus (klassieke pelagische voedselketen) (Figuur 1A). Daarenboven vormen ze ook een belangrijke voedselbron voor micro-invertebraten. Het is duidelijk dat protozoa zorgen voor een turnover van nutriënten en zo lagere en hogere trofische niveaus linken (Boenigk en Arndt, 2002; Hahn en Höfle, 2001).

Figuur 1: Schematische weergave van de turnover van nutriënten in het milieu door toedoen van protozoa (Siggé *et al.*, 2005). (A) Klassieke pelagische voedselketen, (B) Microbiële lus. Naast de klassieke pelagische voedselketen vormt de microbiële lus een belangrijke trofische sequentie in aquatische systemen.



### Evolutief gevolg van predatie

Bepaalde micro-organismen hebben doorheen de evolutie verscheidene strategieën ontwikkeld om predatie of vertering door protozoa tegen te gaan.

#### A. Tegengaan van predatie

Van de meeste protozoa is gekend dat ze zeer selectief micro-organismen opnemen (Boenigk *et al.*, 2001). Meestal wordt er geselecteerd op grootte, wat een invloed heeft op de grootte-distributie van micro-organismen in de desbetreffende gemeenschappen (Hahn *et al.*, 2000). Als antwoord hierop gaan enerzijds bepaalde cellen kleiner worden omdat kleine cellen blijkbaar een lagere graasdruk kennen. Anderzijds gaan micro-organismen zich groeperen en filamenten, aggregaten en microkolonies vormen wat ook zeer effectief blijkt te werken (Matz *et al.*, 2002). Tevens zijn er niet-morfologische adaptaties gekend zoals

een toename in de motiliteit (versnelde kolonisatie van nieuwe habitatten) of replicatiesnelheid (om het uitsterven van de bacteriële populatie tegen te gaan) (Matz *et al.*, 2004). Bepaalde bacteriesoorten zoals *Pseudomonas aeruginosa* zijn in staat tot het modifieren van hun celwand en bevatten bijvoorbeeld toxische pigmenten en enzymen met een toxische werking naar protozoa toe.

#### B. Tegengaan van vertering

Protozoa resistente micro-organismen of PRM hebben zich in de loop van de evolutie aangepast aan de intracellulaire omgeving en zijn op die manier in staat vertering tegen te gaan (Greub en Raoult, 2004). De PRM worden in twee grote groepen onderverdeeld.

##### B1. Obligaat intracellulaire levenswijze

Deze micro-organismen worden ook wel endosymbionten (= een gereguleerd harmonieus samenleven van twee niet-gerelateerde partners, waarbij de ene in het lichaam van de andere leeft) genoemd. Deze endosymbiontische relatie mag niet als absoluut worden opgevat omdat veranderende omgevingscondities er alsnog voor kunnen zorgen dat de gastheer gelyseerd wordt (Greub *et al.*, 2003). De micro-organismen zijn in staat hun replicatieve niche binnenin de amoeben te behouden. Een gekend voorbeeld hiervan is *Coxiella burnetii* (La Scola en Raoult, 2001). Naar schatting zijn ongeveer 20% van de *Acanthamoeba* spp. isolaten drager van endosymbiontische micro-organismen, waarbij deze laatste bij elke celdeling aan de dochtercellen worden doorgegeven. Omwille van het feit dat obligaat intracellulaire micro-organismen niet kunnen overleven buiten de gastheer, werden ze pas dertig jaar geleden voor het eerst ontdekt via electronen microscopische observaties (Proca-Ciobanu *et al.*, 1975).

##### B2. Facultatief intracellulaire levenswijze

Deze groep van micro-organismen bestaat uit drie groepen (Snelling *et al.*, 2006):

- Intracellulaire overleving zonder replicatie bv. *Mycobacterium* spp.
- Intracellulaire replicatie zonder cellysis van de gastheer bv. *Vibrio cholerae*.
- Intracellulaire replicatie gevolgd door cellysis van de gastheer bv. *Listeria* spp. Het lysisproces kan al na een paar uur (Mimivirus) of een paar dagen (*L. pneumophila*) optreden, waarbij de vrijgestelde micro-organismen nieuwe ecologische niches gaan koloniseren of potentiële gastheren infecteren.

Het feit dat micro-organismen in amoeben kunnen repliceren houdt in dat het intracellulaire milieu talrijke voordelen biedt, waaronder de aanwezigheid van voldoende voedingsstoffen. Zoals eerder vermeld is het geweten dat bepaalde protozoa onder ongunstige omgevingscondities overgaan van de trofozoiet (actief) naar de cyste (dormant) levensvorm. De cyste beschermt de

amoëbe tegen droogte, voedselgebrek, chemische processen (desinfecterende en antimicrobiële middelen, pH veranderingen) en fysische processen (warmte, koude en ultraviolet (UV) radiatie) (Aksozek *et al.*, 2002). Bij deze overgang gaan de intracellulaire micro-organismen ook over naar een soort van dormant stadium. Bij de overgang van de cyste naar de trofozoiet zullen de intracellulaire parasieten opnieuw actief worden en hun celdeling hervatten.

### Trojaanse paarden van de microbiële wereld

Voor bepaalde humaan pathogenen worden protozoa echt aanzien als trojaanse paarden (Barker en Brown, 1994). Hierbij brengen de protozoa ('de paarden') resistente en humaan pathogene micro-organismen het menselijke 'Troje' binnen. Op die manier omzeilen deze laatste de eerstelijnsdefensie van het menselijk lichaam ter hoogte van de respiratorische tractus en worden ze vlot naar de longblaasjes vervoerd. Ook is geweten dat amoeben besmet met bv. *L. pneumophila* in staat zijn vesikels te produceren die tot 10<sup>4</sup> bacteriën per vesikel kunnen bevatten (Berk *et al.*, 1998). Deze vesikels zorgen voor een toegenomen transmissiepotentiaal van *Legionella*. Studies hebben immers uitgewezen dat de vesikels resistent zijn tegen allerlei biociden en omgevingsomstandigheden en dat de bacteriën in staat zijn zich over een straal van ongeveer 10 km te verspreiden, met behoud van de bacteriële pathogeniciteit. Kilvington en Price (1990) toonden aan dat *A. polyphaga* cysten intracellulaire *L. pneumophila* tegen 50 mg l<sup>-1</sup> vrije chloor konden beschermen.

We kunnen protozoa dus zien als een soort van evolutionaire kribbe/trainingskamp en een belangrijk genetisch reservoir van allerlei humaan pathogene bacteriën. Het is namelijk zo dat het intracellulaire milieu van macrofagen en amoeben sterk op elkaar lijkt en dat voor bijvoorbeeld *L. pneumophila* de mechanismen van herkenning, opname en intracellulaire replicatie voor beiden vergelijkbaar zijn (Steinert *et al.*, 2002). De constante selectieve druk die uitgaat van de protozoa op de PRM is hierbij een kritieke factor voor het behoud van de bacteriële virulentie. Het is namelijk zo dat door bepaalde genetische veranderingen, als gevolg van een verblijf in het intracellulaire protozoa milieu, vrijgezette micro-organismen een hogere virulentie bezitten ten opzichte van macrofagen.

### Besluit

De toegenomen interesse van microbiologen voor protozoa is te wijten aan het feit dat velen van hen humaan pathogenen zijn en als reservoir dienen voor protozoa resistente micro-organismen, waarvan velen op hun beurt ook humaan pathogenen zijn. Door het ingrijpend veranderen van de omgeving en het bouwen van onder andere

koeltorens, air conditioning systemen, douches, tropische zwembaden, whirlpools, recreatiecentra en fonteinen is de kans dat de mens in contact komt met besmette protozoa de laatste decennia aanzienlijk toegenomen. Wetenschappelijk onderzoek wordt uitgevoerd om waar mogelijk meer inzicht te verwerven in de interactie tussen protozoa en humaan pathogene bacteriën en dit inzake hun ecologie, epidemiologie en gevaar voor de volksgezondheid.

### Referenties

- Adl SM., Simpson AGB., Farmer MA., *et al.* (2005) The new higher level classification of eukaryotes with emphasis on the taxonomy of protists. *J. Eukaryot. Microbiol.* 52: 399-451.
- Aksozek A., McClellan K., Howard K., Niederkorn JY., Alizadeh H. (2002) Resistance of *Acanthamoeba castellanii* cysts to physical, chemical and radiological conditions. *J. Parasitol.* 88: 621-623.
- Barker J., Brown M. (1994) Trojan horses of the microbial world: protozoa and the survival of bacterial pathogens in the environment. *Microbiology+*. 140: 1253-1259.
- Berk S., Ting RS., Turner GW., Ashburn RJ. (1998) Production of respirable vesicles containing live *Legionella pneumophila* cells by the *Acanthamoeba* spp. *Appl. Environ. Microb.* 64: 279-286.
- Boenigk J., Arndt H. (2002) Bacterivory by heterotrophic flagellates: community structure and feeding strategies. *Antonie Van Leeuwenhoek* 81: 465-480.
- Boenigk J., Matz C., Jürgens K., Arndt H. (2001) Confusing selective feeding with differential digestion in bacterivorous nanoflagellates. *J. Eukaryot. Microbiol.* 48: 425-432.
- Busselen P. (2004) Cursustekst dierkunde: Invertebraten. KULAK.
- Greub G., Raoult D. (2004) Microorganisms resistant to free-living amoebae. *Clin. Microbiol. Rev.* 17: 413-433.
- Greub G., La Scola B., Raoult D. (2003) *Parachlamydia acanthamoeba* is endosymbiotic or lytic for *Acanthamoeba castellanii* depending on the incubation temperature. *Ann. N.Y. Acad. Sci.* 990: 628-634.
- Hahn MW., Höfle MG. (2001) Grazing of protozoa and its effect on populations of aquatic bacteria. *FEMS Microbiol. Ecol.* 35: 113-121.
- Hahn MW., Moore ER., Höfle MG. (2000) Role of microcolony formation in the protistan grazing defense of the aquatic bacterium *Pseudomonas* sp. *Mwhl. Microbiol. Ecol.* 39: 175-185.

- Jürgens K., Matz C. (2002) Predation as a shaping force for the phenotypic and genotypic composition of planktonic bacteria. *Antonie Van Leeuwenhoek* 81: 413-434.
- Kilvington S., Price J. (1990) Survival of *Legionella pneumophila* within cysts of *Acanthamoeba polyphaga* following chlorine exposure. *J. Appl. Bacteriol.* 68: 519-525.
- La Scola B., Raoult D. (2001) Survival of *Coxiella burnetii* within free-living amoeba *Acanthamoeba castellanii*. *Clin. Microbiol. Infect.* 7: 75-79.
- Matz C., Boenigk J., Arndt H., Jürgens K. (2002) Role of bacterial phenotypic strains in selective feeding of the heterotrophic structure of a bacterial community. *Microb. Ecol.* 45: 384-398.
- Matz C., Deines P., Boenigk J., Arndt H., Eberl L., Kjelleberg S., Jürgens K. (2004) Impact of violacein-producing bacteria on survival and feeding of bacterivorous nanoflagellates. *Appl. Environ. Microb.* 70: 1593-1599.
- Proca-Ciobanu M., Lupascu GH., Petrovici A., Ionescu MD. (1975) Electron microscopic study of a pathogenic *Acanthamoeba castellanii* strain: the presence of bacterial endosymbionts. *Int. J. Parasitol.* 5: 49-56.
- Rodriguez-Zaragosa S. (1994) Ecology of free-living amoebae. *Crit. Rev. Microbiol.* 20: 225-241.
- Sigee DC. (Redacteur) (2005) In: *Freshwater microbiology*. Wiley & Sons, LTD pp. 524.
- Snelling WJ., Moore JE., McKenna, JP., Lecky DM., Dooley JSG. (2006) Bacterial-protista interactions: an update on the role these phenomena play towards human illness. *Microbes. Infect.* 8: 578-587.
- Sogin ML., Silberman JD. (1998) Evolution of the protists and protistan parasites from the perspective of molecular systematics. *Int. J. Parasitol.* 28: 11-20.
- Steinert M., Hentschel U., Hacker J. (2002) *Legionella pneumophila*: an aquatic microbe goes astray. *FEMS Microbiol. Rev.* 26: 149-162.
- Weekers P., Bodelier P., Wijen J., Vogels G. (1993) Effect of grazing by the free-living amoebae *Acanthamoeba castellanii*, *Acanthamoeba polyphaga* and *Hartmanella vermiformis* on various bacteria. *Appl. Environ. Microb.* 59: 2317-2319.

*P. Declerck en F. Ollevier*

*Laboratorium voor Aquatische Ecologie en Evolutiebiologie, Zoologisch Instituut, Katholieke Universiteit Leuven, Charles Deberiotstraat 32, 3000 Leuven, Belgium*

*Corresponderende auteur: Priscilla Declerck  
Telefoon: + 32 16 32 36 86  
fax: + 32 16 32 45 75  
e-mail: Priscilla.declerck@bio.kuleuven.be*

# Overlevingsstrategieën en biocontrole van *Legionella pneumophila*

Ondanks de toenemende inzichten in microbiële ecologie en de ontwikkeling van nieuwe waterbehandelingstechnieken, blijven zich grote problemen voordoen met de *Legionella* bacterie, veroorzaker van de veteranenziekte. Recent werden aan de universiteit van Gent belangrijke nieuwe inzichten bekomen die deze problematiek moeten helpen inperken.

Men stelde vast dat met gesloten watersystemen periodieke waterbehandeling aanleiding kan geven tot plots *Legionella* opstoten die enkele weken kunnen aanhouden en dus een acuut infectiegevaar opleveren. De verklaring voor deze opstoten werd gevonden in het verschijnsel necrotrofie, waarbij *Legionella* in staat is om zich te voeden met organisch materiaal dat afgedood werd door de waterbehandelingen. Deze belangrijke nieuwe overlevingsstrategie doet ons inzien dat de bestrijding van deze pathogeen over een heel andere boeg gegooid moet worden. De eerste stappen daartoe werden gezet door de watersystemen aan te rijken met onschadelijke necrotrofe competitieorganismen om *Legionella* onder bepaalde drempelwaarden te houden.

*Legionella pneumophila* (*L. pn.*) vormt, als veroorzaker van onder meer de veteranenziekte (zware potentieel dodelijke longontsteking), een aanzienlijk gevaar voor de volksgezondheid. Deze bacterie is wereldwijd terug te vinden in nagenoeg alle zoetwaterbronnen en kan zich sterk manifesteren in humane watersystemen zoals koeltorens, douches, zwembaden en bubbelbaden. Aangezien overdracht van mens tot mens niet gekend is, richten alle maatregelen om deze pathogeen te bestrijden zich op die watersystemen waar potentieel veel mensen mee in aanraking komen. Bij voorkeur zal men die installaties in het oog houden waar kleine waterdruppeltjes gevormd worden, aangezien die de overdracht mogelijk maken van *L. pn.* van water naar ons lichaam.

Ondanks het universele voorkomen van deze bacterie rijzen nog steeds veel vragen over de eigenlijke overlevingsstrategieën van *L. pn.*. Men merkt immers dat de pathogeen heel wat nutriëne eisen stelt wanneer men ze op laboschaal wil opgroeien en gegevens over de factoren die bijdragen aan de overleving en actieve groei in haar natuurlijke habitat zijn zeer gering. Enerzijds

weet men dat *L. pn.* zich via interne replicatie in protozoa (vb. sommige amoeben) sterk kan manifesteren; anderzijds lijken steeds meer gegevens voorhanden die erop wijzen dat ook protozoa-onafhankelijke overleving en groei mogelijk is. Zo zou de aanwezigheid van een biofilm in waterleidingen of (humane) waterreservoirs een belangrijke schuilplaats kunnen vormen.

Tijdens een vierjarig GBOU project (Generisch Basisonderzoek van de Universiteiten) aan het Laboratorium

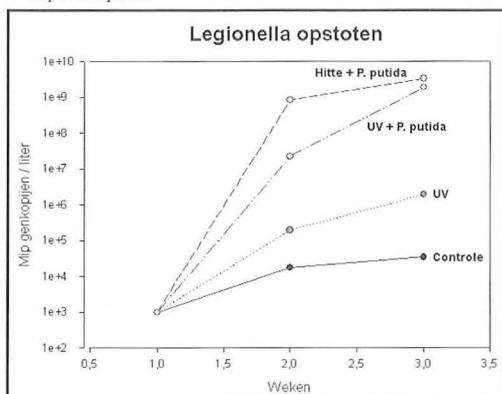
voor Microbiële Ecologie en Technologie van Prof. Willy Verstraete werd onderzocht welke protozoa-onafhankelijke overlevingsstrategieën *L. pn.* zou kunnen aanwenden om zich dermate succesvol in water te manifesteren. Dit onderzoek omvatte drie delen, eerst werd gekeken naar de invloed van enkele huidige waterbehandelingsmethoden op de aantallen *L. pn.*. Vervolgens werd onderzocht hoe *L. pn.* kon groeien en overleven zonder protozoa, om tot slot op basis van de bekomen inzichten een biologische manier te bedenken om *L. pn.* onder controle te houden.

## Legionella opstoten

De preventie van *L. pn.* vermenigvuldiging in watersystemen wordt momenteel uitgevoerd door een combinatie van frequente verhitting van het water en een korte verblijftijd in de leidingen of reservoirs. Echter, veel watersystemen bevatten afgelegen of doodlopende stukken waar deze behandeling geen invloed op heeft. Naast deze structurele tekortkomingen blijkt *L. pn.* ook zeer resistent te zijn aan extreme omstandigheden, waaronder bvb. aan hoge temperaturen. *L. pn.* kan perfect overleven en mogelijks groeien bij temperaturen van 5 tot 65°C. Daardoor is het nagenoeg onmogelijk *L. pn.* volledig te verwijderen uit een watersysteem. Recente observaties geven melding van sterk verhoogde aantallen *L. pn.* na temperatuursbehandeling van de watersystemen. Dit fenomeen werd in het GBOU project uitvoerig onderzocht en daarbij bleek dat verschillende types waterbehandeling (hitte, UV, sonicatie,...) de hoeveelheid *L. pn.* wel degelijk deden stijgen.

In figuur 1 is duidelijk te zien dat bij dagelijkse kortstondige behandeling van een gesloten watersysteem de hoeveelheid *L. pn.* na 1-2 weken sterk toeneemt om gedurende 3 weken zeer hoge en potentieel gevaarlijke waarden te vertonen. Wanneer aan het watersysteem ook *Pseudomonas putida* werd toegevoegd, ter bevordering van

Figuur 1. *Legionella*-opstoten in een gesloten watersysteem na verscheidene dagelijkse periodieke waterbehandelingen. Bepaling met realtime PCR op basis van het specifieke mip gen van *L. pneumophila*.



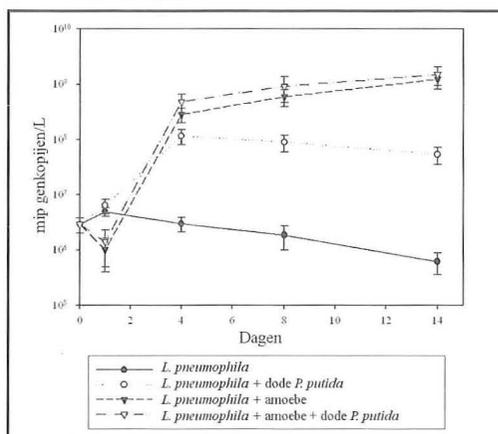
biofilmvorming, bleek *L. pn.* zich nog veel sterker te manifesteren. Met behulp van uitplatingen en realtime PCR werd het aantal *L. pn.* opgevolgd en een drievoudige herhaling van deze proefopzetten leidde tot dezelfde resultaten. Omdat de aanwezigheid van biofilmvorming dit fenomeen sterk leek te bevorderen werd dit aspect in een tweede luik onderzocht. Daarbij werd uitgegaan van de hypothese dat *L. pn.* de nodige voeding moest vinden in de gevormde biofilm.

### Necrotrofie

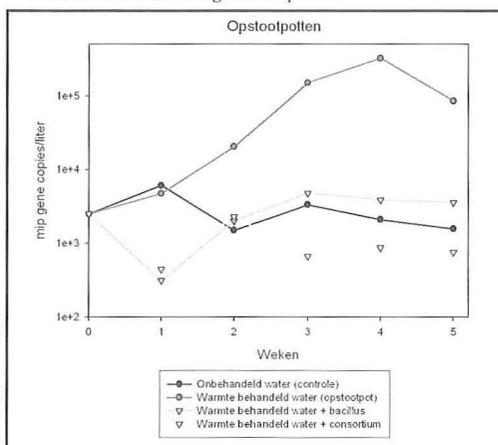
Op basis van de voorgaande bekomen gegevens ging met uit van het idee dat waterbehandelingen afleiding kunnen geven tot een gedeeltelijke afbraak van biofilm, hetgeen dan op zijn beurt een opstapeling van dood organisch materiaal tot gevolg heeft in bepaalde zones van het watersysteem. Dit materiaal zou dan als voedingsbron kunnen dienen voor de fractie *L. pn.* die de waterbehandeling overleefde.

Er werd zodoende via een aantal tests bepaald of *L. pn.* in staat is te groeien met afgedode

Figuur 2. Aantal *L. pn.* cellen in een gesloten steriel watersysteem zoals bepaald met realtime PCR. Aan *L. pn.* werd ofwel afgedode *P. putida*, of een levende amoëbe of beide toegevoegd om na te gaan wat de kinetiek is van necrotrofie, interne replicatie of een combinatie van beide.



Figuur 3. Aantal *L. pn.* cellen in een gesloten watersysteem zoals bepaald met realtime PCR. Onbehandeld water is de negatieve controle (geen *Legionella* opstoot); hittebehandeld water is de positieve controle (*Legionella* opstoot); toevoeging van *Bacillus* of de set (consortium) necrotrofie biofilm isolaten aan hittebehandeld water neutraliseert de *Legionella* opstoot.



microbiële cellen als enige bron van voeding. Deze vorm van voeding duidt men aan met de term necrotrofie. Kwantificatie met behulp van uitplatingen, realtime PCR en flow cytometrie toonde meermaals aan dat *L. pn.* wel degelijk in staat is om necrotroof te groeien. In steriel water met afgedode *Pseudomonas putida* bacterie als enige vorm van voeding bleek *L. pn.* na 96u met 2 log eenheden toegenomen te zijn. De vereiste hoeveelheid dode cellen om een significante groei vast te stellen lag 100x hoger dan de startconcentratie aan *L. pn.*. Deze necrotrofe groei werd nadien ook vastgesteld bij gebruik van afgedode *Escherichia coli*, *Acanthamoeba castellanii*, *Saccharomyces boulardii* en een biofilm staal.

Gezien het belang van de interne replicatie van *L. pn.* in protozoa werd ook daarmee een vergelijk gemaakt en de resultaten worden weergegeven in figuur 2. Hieruit bleek dat die interne replicatie uiteindelijk tot hogere aantallen *L. pn.* leidt, maar dat de necrotrofie vooral op korte tijdsperiodes een belangrijke manier van overleving en proliferatie van *L. pn.* in watersystemen kan betekenen. Waterbehandelingstechnieken die zich specifiek richten op de eliminatie van protozoa zullen dus niet noodzakelijk leiden tot de verwijdering van *L. pn.* in het watersysteem. Enkel wanneer ook de vorming van dood organisch materiaal beperkt kan worden geeft dit mogelijk een positieve uitkomst.

De noodzaak werd zodoende duidelijk dat een nieuwe aanpak van de *Legionella* bestrijding zich opdrong, waarbij in een derde en laatste deel van het project gekeken werd naar de mogelijkheden van biologische bestrijding.

### Biocontrole

De huidige waterbehandelingstechnieken in de bestrijding van *Legionella* zijn ofwel chemisch of fysisch. Deze blijken volledig tekort te schieten en vaak aanleiding te geven tot averechtse effecten (zie hoger). Vandaar werd in dit project gezocht naar een biologisch alternatief, waarbij uitgegaan werd van de kennis over necrotrofie. Er werd gezocht naar andere, veilige bacteriën die eveneens in staat waren necrotroof te groeien om zodoende na hun aanrijking in het watersysteem aanleiding te kunnen geven tot een wegconcurreren van *Legionella*.

Er werden meerdere stalen genomen van biofilms om daaruit bacteriële isolaten te nemen en hen te testen op hun capaciteiten tot necrotrofe groei. Een set van 3 isolaten bleek inderdaad dergelijke groei te vertonen, zodat deze in verdere proefopzetten werden opgenomen. Eén van deze isolaten werd geïdentificeerd als een *Bacillus* sp., wat omwille van de sporenvorming voldoende perspectieven bood om dit species te gebruiken voor toevoeging aan watersystemen. Als belangrijkste proefopzet werd gebruik gemaakt van de opstootexperimenten uit het eerste deel van het project. In figuur 3 is duidelijk te zien dat we op-

nieuw via warmtebehandeling van water in een gesloten systeem konden zorgen voor een opstoot aan *L. pn.* (positieve controle). Het onbehandelde systeem (negatieve controle) vertoonde geen *Legionella* opstoot. Wanneer aan het hittebehandelde systeem de *Bacillus* werd toegevoegd, of de set van necrotrofe organismen, bleek de *Legionella* opstoot volledig teniet gedaan. Een drievoudige herhaling van dit experiment, alsook bijkomende *in vitro* testen toonden aan dat de *Bacillus* wel degelijk in staat is om *Legionella* in een watersysteem onder controle te houden. Bijkomend onderzoek zal uitwijzen of deze aanpak haalbaar is voor praktijktoepassingen, eventueel in combinatie met bestaande waterbehandelingsystemen.

### Besluit

Gedurende het vierjarige *Legionella* project werd duidelijk dat de huidige bestrijding van *Legionella* d.m.v. een aantal waterbehandelingstechnieken uiterst inefficiënt is, met mogelijks *Legionella* opstoten als gevolg. Dit onder meer door bepaalde overlevingsstrategieën zoals necrotrofie die *Legionella* heel persistent maken. De ontwikkeling van een biologische controle van de pathogenen met onschadelijke necrotrofe competitiebacteriën kan een uitkomst bieden.

### Relevante literatuur

1. Devos, L., N. Boon, and W. Verstraete. 2006. *Legionella pneumophila* in the environment: occurrence of a fastidious bacterium in oligotrophic conditions. *Rev. Environ. Sci. Biotech. In press.*
2. Fields, B., R. Benson, and R. Besser. 2002. *Legionella* and Legionnaires' Disease: 25 years of investigation. *Clin. Microbiol. Rev.* 15:506-526.
3. Molmeret, M., M. Horn, M. Wagner, M. Santic, and Y. Abu Kwaik. 2005. Amoebae as training grounds for intracellular bacterial pathogens. *Appl. Environ. Microbiol.* 71:20-28.

4. Steinert, M., U. Hentschel, and J. Hacker. 2002. *Legionella pneumophila*: an aquatic microbe goes astray. *FEMS Microbiol. Rev.* 26:149-162.

5. Temmerman, R., Vervaeren, H., Boon, N. and W. Verstraete 2006. Necrotrophic growth of *L. pneumophila*. *Appl. Environ. Microbiol.* 72:4323-4328.

6. van der Kooij, D., H. Veenendaal, and W. Scheffer. 2005. Biofilm formation and multiplication of *Legionella* in a model warm water system with pipes of copper, stainless steel and cross-linked polyethylene. *Water Res.* 39:2789-2798.

7. Vervaeren, H., R. Temmerman, L. Devos, N. Boon and W. Verstraete. 2006. Introduction of a boost of *Legionella pneumophila* in a stagnant water model by heat treatment. Submitted to *FEMS Microbiol. Ecol.*

8. Webb, J.S., L.S. Thompson, S. James, T. Charlton, T. Tolker-Nielsen, B. Koch, M. Givskov and S. Kjelleberg. 2003. Cell death in *Pseudomonas aeruginosa* biofilm development. *J. Bacteriol.* 185:4585-4592.

9. Wellinghausen, N., C. Frost, and R. Marre. 2001. Detection of *Legionellae* in hospital water samples by quantitative real-time LightCycler PCR. *Appl. Environ. Microbiol.* 67:3985-3993.

*Dr. R. Temmerman*

*R&D Manager Chrisal N.V.  
Priester Daensstraat 9  
3920 Lommel  
Tel. 011/54.80.00  
Fax. 011/54.80.02  
Robin@chrisal.be*

# Genetische variatie in populaties van *Chironomus nuditaris* Keyl (Diptera, Chironomidae); implicaties voor biodiversiteit

*Biodiversiteit wordt op verschillende niveaus bestudeerd. Meestal worden morfologisch te onderscheiden soorten gebruikt, maar bij moeilijke groepen worden ook hogere taxa gehanteerd. Niettemin is het uiteindelijke doel het kennen en bewaren van de genetische diversiteit.*

*Dansmuggen spelen een belangrijke ecologische rol in Vlaamse rivieren en plassen. Uit genetische analyse blijkt dat verschillende soorten dansmuggen van het geslacht *Chironomus* in Vlaanderen voorkomen. In een recent artikel van Kiknadze et al. (2006) werden Vlaamse populaties van de dansmug *Chironomus nuditaris* bestudeerd en vergeleken met populaties van dezelfde soort elders in Europa. Deze publicatie bleef echter onopgemerkt omdat ze enkel in het Russisch verscheen. Soorten als *C. nuditaris* worden slechts zelden geïdentificeerd omdat zowel larvale stadia als adulten zeer sterk gelijken op een tiental andere nauw verwante soorten (zgn. tweelingsoorten). Uit de gedetailleerde genetische analyse blijkt dat de genetische variatie in Vlaamse populaties van *C. nuditaris* groter is dan in populaties elders in Europa of in Siberië. Ook het lokale behoud van algemene en wijdverspreide soorten is daarom belangrijk voor het behoud van de genetische biodiversiteit.*

Larven van dansmuggen (Diptera, Chironomidae) vormen een belangrijk deel van de fauna in de meeste rivieren en meren op alle continenten. Ook in Vlaanderen vormen ze zowel in aantallen als in soortenrijkdom vaak het belangrijkste deel van de bodemfauna in beken en vijvers. Soorten van het genus *Chironomus* zijn bekend bij henge-laars en aquarium liefhebbers als "vers-de-vase". Ecologen associëren ze steevast met een slechte waterkwaliteit en verstoorde ecosystemen met een lage biodiversiteit omdat sommige soorten zich hebben aangepast aan zuurstofarme condities.

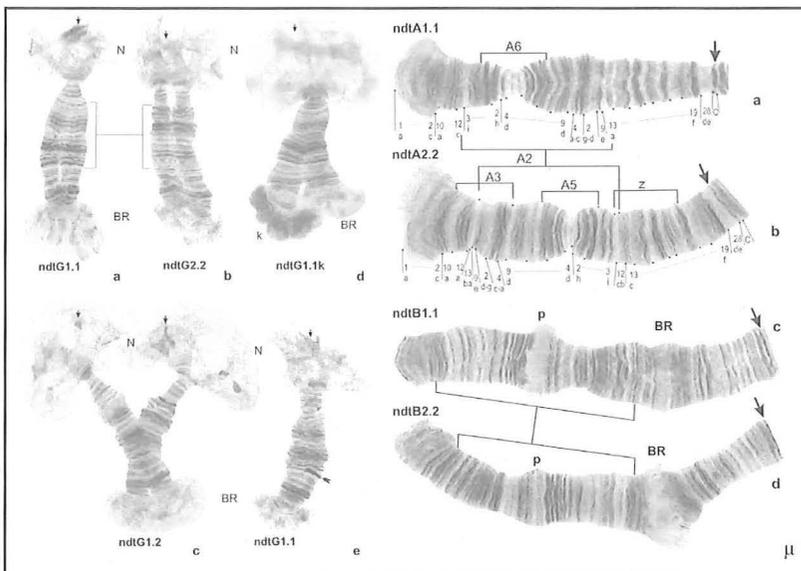
In Vlaanderen komen enkele honderden soorten dansmuggen voor, maar hun verbazingwekkende

diversiteit blijft vaak onopgemerkt. In ecologische studies worden vaak enkel soortengroepen opgenomen omdat zowel larven als adulten van dansmuggen heel erg moeilijk te identificeren zijn op basis van morfologische kenmerken. Elk van deze groepen bestaat echter uit een aantal soorten met morfologisch quasi identieke larven die enkel kunnen worden geïdentificeerd door ze op te kweken tot adulte mannetjes of door een cytogenetische studie van de polytene chromosomen.

## Methodes

Polytene chromosomen of reuzechromosomen werden al in 1881 waargenomen door Balbiani in de speekselklieren van *Chironomus* larven met een eenvoudige microscoop. Ze worden gevormd doordat een grote reeksen parallelle kopieën van hetzelfde DNA worden gevormd zonder dat celdeling optreedt. Dit maakt dat de reuzechromosomen groot genoeg zijn om ze gemakkelijk te kunnen bestuderen. Ze vertonen een "streepjescode", een karakteristiek patroon van lichte en donkere banden dat specifiek is voor elke soort. Variaties in het bandenpatroon laten toe soorten en variëteiten van elkaar te onderscheiden en om de genetische verschillen tussen populaties van dezelfde soort te bestuderen (Dubinin et al, 1936; Keyl, 1959; Fisher, 1978; Dévai et al, 1989; Michailova, 1989; Butler et al, 1999; Shobanov et al, 1999). In een recent artikel van Kiknadze et al. (2006) werd een Vlaamse populatie van de dansmug *Chironomus nuditaris* bestudeerd en vergeleken met zes andere populaties van dezelfde soort in West Siberië, Bulgarije en Zwitserland. Deze publicatie bleef echter onopgemerkt omdat ze enkel in het Russisch verscheen.

*Figuur 1: Aan de hand van het typische strepen patroon in de verschillende chromosomen kunnen sterk gelijkende soorten worden onderscheiden en kunnen genetische verschillen tussen populaties van dezelfde soorten worden bestudeerd. Arm G (links op de figuur); het naast elkaar liggen van de homologe chromosomen is typisch voor *C. nuditaris*. In armen A en B (rechts op de figuur) komen verschillen unieke inversies voor.*



## Resultaten

*C. nuditorsus* wordt slechts zelden geïdentificeerd omdat zowel larvale stadia als adulten zeer sterk gelijken op een tiental andere nauwverwante tweelingsoorten. Uit de genetische analyses van Kiknadze et al (2006) blijkt nu dat verschillende soorten *Chironomus* in Vlaanderen voorkomen. In bepaalde erg zuurstofarme ecosystemen blijken zowel *C. plumosus*, *C. cingulatus* als *C. nuditorsus* samen voor te komen. Bij een klassieke morfologische identificatie worden al deze larven beschouwd als behorende tot één en dezelfde *plumosus*-groep.

*C. nuditorsus* heeft een groot verspreidingsgebied. Daarom is ook gekeken naar genetische verschillen tussen de Vlaamse populaties van *C. nuditorsus* en populaties elders in Europa en in Siberië. Bij mutaties in het erfelijk materiaal gaan soms delen van chromosomen verloren (deletie), worden ze verplaatst naar andere chromosomen (translocatie), of omgedraaid (inversie). Binnen de *Chironomus* populaties in West Europa werden zo niet minder dan 14 inversie sequenties gevonden. Zowel het grote aantal inversies als hun frequentie onderscheiden de Europese populaties van de Siberische. Van alle bestudeerde Siberische populaties bleek het karyotype bijna volledig identiek op één kleine uitzondering na. Het karyotype is de precieze samenstelling en structuur van de verschillende chromosomen en hun armen. In figuur 1 tonen we louter ter illustratie een aanduiding van de delen van 2 chromosoom armen die verschillen tussen de Vlaamse en de Siberische populaties. In één van die armen (A) werden niet minder dan 6 inversies gevonden die enkel voorkomen in Vlaanderen en niet in de andere populaties van *C. nuditorsus*. In een eerste analyse werd daarom gedacht dat het mogelijk om een nieuwe, nog niet beschreven soort zou gaan nauw verwant aan *C. plumosus* (Int Panis et al, 1994). Het conjugereren van homologe chromosomen in arm G is echter typisch voor *C. nuditorsus*. Een bepaalde sequentie (ndtA1) die het meest voorkomt in Vlaanderen is helemaal afwezig in Siberië. Daarnaast komen in België talrijke vormen voor die zijn terug te brengen tot de Siberische vorm door middel van een aantal eenvoudige en complexe (overlappende) inversies in de ndtA2 sequentie. Ook van chromosoom armen G en E werden in Vlaanderen verschillende en soms zelfs unieke vormen gevonden. De chromosoom armen C, D en F bleken steeds identiek.

Ondanks het feit dat er morfologisch niets van te merken is, blijkt er een grote genetische kloof te zijn tussen de Palearctische en de Vlaamse populaties. Die verschillen worden tenminste deels bepaald door de ecologische omstandigheden van de wateren waarin deze dansmuggen voorkomen (Gunderina et al, 1999, 2000). Wanneer populaties lang genoeg gescheiden blijven en genetische verschillen zich opstapelen kunnen uiteindelijk nieuwe soorten worden gevormd (Kiknadze et al, 1996; Shobanov et al, 1999).

## Conclusie

In Vlaamse populaties vinden we een genetische variatie die groter is dan elders in Europa of in Siberië. We besluiten hieruit dat ook het behoud van algemene en wijdverspreide soorten belangrijk is voor het behoud van de genetische biodiversiteit.

## Referenties

BUTLER M.G., KIKNADZE I.I., GOLYGINA V.V., MARTIN J., ISTOMINA A.G., WUELKER W.F., SUBLETTE J.E., SUBLETTE M.F. (1999), Cytogenetic differentiation between Palearctic and Nearctic populations of *Chironomus plumosus* L. (Diptera, Chironomidae). // *Genome*. V. 5, N 42: 797-815.

DÉVAI Gy., MISKOLCZI M., WUELKER W. (1989), Standardization of chromosome arms B, C and D in *Chironomus* (Diptera, Chironomidae) // *Advances in Chironomidology: Acta Biol. Debr. Oecol. Hung. V. 2: 79-92.*

DUBININ N.P., SOKOLOV N.N., TINIAKOV G.G. (1936), Occurrence and distribution of chromosome aberration in nature // *Nature*. V.137: 1035-1936.

FISHER J. (1978), Zum Problem der Chromosomen-Evolution durch Translocationen bei *Chironomus* (Diptera) // *Arch. Genet.* 51: 73-98.

GUNDERINA L.I., KIKNADZE I.I., GOLYGINA V.V. (1999), Intraspecific differentiation of the cytogenetic structure in natural populations of *Chironomus plumosus* L., the central species in the group of sibling species (Chironomidae: Diptera) // *Russ. J. Genet.* 35, 2: 142-150.

GUNDERINA L.I., KIKNADZE I.I. (2000), Divergence of Karyopool in Sibling Species of the plumosus Group (Chironomidae, Diptera) // *Russ. J. Genet.* V. 36, No 3 p. 265-272.

INT PANIS, L., KIKNADZE, I., BERVOETS, L., ALMANOVA, K. (1994), Karyological identifications of some species of the genus *Chironomus* Meigen, 1803, from Belgium. *Bull. Anns Soc. r. belge Ent.*, 130, pp 135-142.

KEYL, H-G, KEYL I. (1959), Die cytologische Diagnostic der Chironomiden. I. Bestimmungstabelle für die Gattung *Chironomus* auf Grund der Speicheldrüsen-Chromosomen //

KIKNADZE I.I., BUTLER M.G., AIMANOVA K.G., GUNDERINA L.I., COOPER J.K. (1996), Geographic variation in the polytene chromosome banding pattern of the Holarctic midge *Chironomus* (Camptochironomus) tentans (Fabricius) // *Can. J. Zool.* Vol. 74: 171-191.

KIKNADZE, I., MICAILOVA, P., ISTOMINA, A.G., GOLYGINA V.V., INT PANIS, L., KRASTANOV

(2006), Chromosomal polymorphism and the divergence of populations in

*Chironomus nuditaris* Keyl (Diptera, Chironomidae). *Tsitologia* V.48, N7, p. 595-609

*ArC. Hydrobiol.* V. 56. P. 43-57.

MICHAILOVA P. (1989), The polytene chromosomes and their significance to the systematics of the family Chironomidae, Diptera // *Acta Zool. Fenn.* V. 186: 107pp

SHOBANOV N.A., KIKNADZE I.I., BUTLER M.G. (1999), Palearctic and Nearctic *Chironomus* (*Camptochironomus*) *tentans* (Fabricius) are different species // *Entomol. Scand* V. 30: 311-322.

*Int Panis L.,*

*Projectverantwoordelijke bij de Vlaamse Instelling voor Technologisch Onderzoek (VITO), expertise-centrum Integrale Milieustudies (IMS), Boeretang 200, 2400 Mol.  
Tel 014 33 58 87. Fax 014 32 11 85*

# Watervlooien in Vlaanderen: verspreiding, status en trends

Watervlooien zijn een belangrijke vertegenwoordiger van het zoöplankton in stilstaande zoetwatersystemen. De laatste eeuw werd dan ook door verschillende wetenschappelijke instellingen faunistisch en ecologisch onderzoek verricht naar deze groep. Om een inschatting te maken van hun huidige verspreiding en status, werden een groot aantal locaties in Vlaanderen bemonsterd. Slechts een beperkt aantal soorten (14%) komt voor in meer dan 50% van de onderzochte locaties. Het overgrote deel van de soorten (63%) is niet wijdverspreid (< 26% van de locaties). Teneinde een vergelijking te maken met het voorkomen van watervlooien uit historische tijden, werd eenzelfde oefening gemaakt met gegevens uit de jaren 30 van vorige eeuw (Luyten 1934). We stellen vast dat voornamelijk soorten behorend tot de familie der Daphniidae in voorkomen zijn toegenomen. De opgang van deze groep kan onder andere verklaard worden door een gestegen graad van eutrofiëring tijdens de laatste decennia. Anderzijds zijn ook een aantal soorten achteruit gegaan ten opzichte van vroegere tijden. Het betreft hier veelal soorten die karakteristiek zijn voor zwakgebufferde oligotrofe wateren, of soorten die geassocieerd zijn met een weelderige ondergedoken vegetatie.

<sup>1</sup> Instituut voor Natuur- en  
Bosonderzoek

<sup>2</sup> Laboratorium voor Aquatische  
Ecologie, K.U.Leuven

<sup>3</sup> Department of Genetics and  
Cytology, University of Gdansk

## Inleiding

Watervlooien (Cladocera) vormen samen met roeipootkreeftjes (Copepoda) en raderdiertjes (Rotifera) de meest algemene vertegenwoordigers van het zoöplankton in allerhande stilstaande zoetwatersystemen. De groep is in staat zich tijdens gunstige omstandigheden op asexuele wijze zeer snel voort te planten. Bij verslechterende omgevingscondities vormen ze seksuele ruststadia die vele decennia levensvatbaar blijven, zelfs onder extreme omstandigheden (droogte, hitte, koude, zuurtegraad). Door hun enorme aantallen in het water zijn watervlooien uitermate belangrijk binnen het aquatisch voedselweb, als grazer op fytoplankton (helder houden van het water) en als voedselbron voor tal van andere taxonomische groepen (vissen, amfibieën en macro-invertebraten).

Doorheen de jaren hebben verschillende auteurs soortenlijsten en aanvullingen over het voorkomen van watervlooien in België gepubliceerd (samengevat in Dumont 1989, Forró et al. 2003, Louette et al. 2007). Evenwel zijn er weinig gegevens beschikbaar over de geografische verspreiding en frequentie van voorkomen in Vlaanderen. Een belangrijke uitzondering hierop vormt het

werk van Luyten (1934), daterend uit de eerste helft van vorige eeuw, waarin het voorkomen van watervlooien in 35 geografisch verspreid gelegen locaties in Vlaanderen werd onderzocht. Om de huidige kennislacune op te vullen en de kans te grijpen tot een vergelijking met de unieke gegevens van Luyten (1934), werd recent onderzoek uitgevoerd naar de geografische verspreiding en status van watervlooien in Vlaanderen, alsook naar de belangrijke trends in voorkomen van soorten doorheen de tijd (Louette et al. 2007).

## Methodiek

Tijdens de periode 2000-2005 werden watervlostalen verzameld van 64 verschillende geografisch verspreid gelegen locaties in Vlaanderen (Fig. 1). In elke locatie (~28 km<sup>2</sup>) werden tijdens de zomerperiode verschillende types van waterlichamen bemonsterd (grachten, tijdelijke en permanente poelen, vijvers, meren, kanalen). Dit resulteerde in een totaal van 605 onderzochte waterlichamen, met een gemiddelde van 9,5 (SE 0,9) waterlichamen per locatie. Watervlostalen werden genomen aan de hand van een zogenaamde 'tube sampler'. Dit bemonsteringstoestel bestaat uit een holle cilinder (diameter 75 mm,

Figuur 1. Geografische situering van de verschillende onderzochte locaties in Vlaanderen. Elke locatie is aangeduid met een cirkel, en het aantal zeldzame watervlooien is aangeduid door de kleurvulling (wit: 0 zeldzame soorten, lichtgrijs: 1 zeldzame soort, donkergrijs: 2 zeldzame soorten, zwart: 3 zeldzame soorten). Locaties bemonsterd door Luyten (1934) zijn aangeduid met een ster.



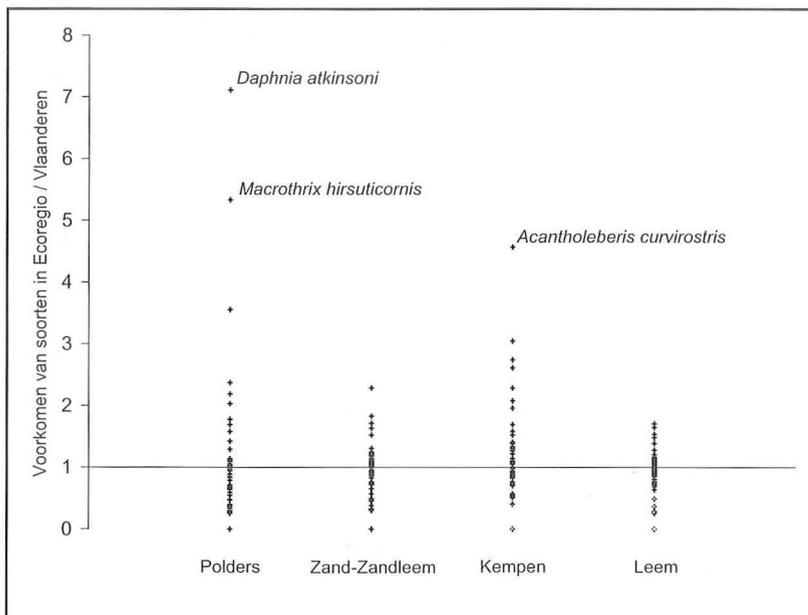
lengte 2 m) die verticaal in de waterkolom wordt geplaatst en onderaan vanop afstand kan worden afgesloten door middel van een afsluitklep, hetgeen een dieptegeïntegreerd staal van de waterkolom oplevert. Het verzamelde water werd gefilterd over een 64 µm planktonnet, en gefixeerd met formaldehyde (4%). Ondiepe wateren (< 30 cm) werden met een plankton schepnet (64 µm) bemonsterd. Elk waterlichaam werd afzonderlijk geanalyseerd, en vervolgens een soortenlijst per locatie opgesteld.

Voor elke soort berekenden we de frequentie van voorkomen (% van de onderzochte locaties waar de soort aanwezig was) om een idee te krijgen van de status in Vlaanderen. We onderscheidden zes verschillende categorieën, gebruik makende van de ACFOR schaal: abundant (> 75%), algemeen (75%-51%), frequent (50%-26%), occasioneel (25%-6%), zeldzaam (5%-1%), en niet waargenomen (in geen enkele locatie waargenomen; de soort is potentieel uitgestorven). Eenzelfde onderverdeling werd door ons gemaakt voor de gegevens van Luyten (1934).

### Geografische verspreiding en status

In totaal zijn tot op heden 88 soorten, behorend tot zeven verschillende families, waargenomen in België. Hiervan werden 69 soorten waargenomen tijdens het recente onderzoek, waarvan het leeuwendeel geen uitgesproken geografische verspreiding over Vlaanderen blijkt te kennen (Fig. 2). Slechts een aantal soorten blijken beperkt te zijn tot bepaalde ecoregio's. Zo worden *Daphnia atkinsoni* (Daphniidae) en *Macrothrix hirsuticornis* (Macrothricidae) relatief meer waargenomen in

Figuur 2. De verhouding van de procentuele vertegenwoordiging van soorten in elk van de vier grootste ecoregio's van Vlaanderen ten opzichte van de procentuele verhouding van deze soorten over geheel Vlaanderen. Soorten waarvan het voorkomen sterk is geassocieerd met een bepaalde ecoregio worden vermeld.



de polders, terwijl de sphagnofiele *Acantholeberis curvirostris* (Macrothricidae) meer in de kempen wordt aangetroffen. Gemiddeld genomen werden 19 (SE 1) soorten waargenomen per locatie, en dit aantal was niet significant verschillend tussen locaties in verschillende ecoregio's.

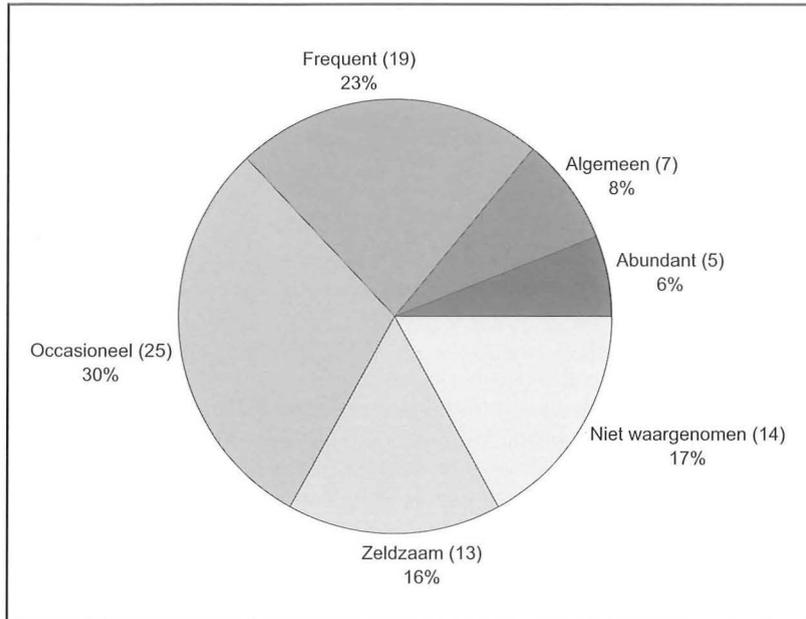
Slechts 6% van de soorten wordt als abundant gecatalogeerd (Fig. 3). Tot deze soorten behoren *Bosmina longirostris* (Bosminidae), *Ceriodaphnia pulchella* (Daphniidae), *Chydorus sphaericus* (Chydoridae), *Scapholeberis mucronata* (Daphniidae) en *Simocephalus vetulus* (Daphniidae). Het overgrote deel (63%) van de watervlooien blijken slechts occasioneel (30%) of zeldzaam (16%) te zijn, of werden helemaal niet waargenomen in de recente survey (mogelijks uitgestorven, 17%).

Hot spots voor watervlooien, geïdentificeerd als locaties waar twee of drie zeldzame soorten werden waargenomen, bleken vooral locaties met heldere, zwakgebufferde en oligotrofe wateren te zijn, zoals Zonhoven (De Teut) en Genk (De Maten en Het Wik). Ook de omgeving van Damme (Oude Stadswallen) vormt een hot spot omdat hier veel tijdelijke, troebele poeltjes aanwezig zijn die waarschijnlijk een ideaal habitat vormen voor bepaalde soorten.

### Trends over de laatste 70 jaar

Wanneer onze gegevens worden vergeleken met deze van Luyten (1934), stellen we vast dat er voor de meeste soorten geen tot weinig verschuivingen zijn tussen categorieën van de ACFOR schaal. Enkel soorten behorend tot de familie der Daphniidae (*Ceriodaphnia* en *Moina* soorten, *Daphnia pulex*, *Megafenestra aurita*, *S. mucronata*, en *S. vetulus*) zijn in het algemeen in voorkomen toegenomen. De opgang van deze groep kan onder andere worden verklaard door een gestegen graad van eutrofiëring tijdens de laatste decennia. Daarenboven zijn tijdens de laatste decennia ook een aantal niet-inheemse soorten in onze fauna opgedoken (*Daphnia ambigua*, *Daphnia parvula*, en *Pleuroxus denticulatus*). Anderzijds zijn ook een aantal soorten achteruit gegaan ten opzichte van ca. 70 jaar geleden. Het betreft hier veelal soorten die karakteristiek zijn voor zwakgebufferde oligotrofe wateren (Macrothricidae), of soorten die geassocieerd zijn met een weelderige ondergedoken vegetatie (Chydoridae). Andere soorten die slechts recent voor het eerst werden aangemeld, werden niet opnieuw waargenomen, zoals de relictsoort *Eurycercus glacialis* (Chydoridae) (gemeld door De Meester & Bosmans 1993) en de niet-inheemse soort *Moina weismanni* (Daphniidae) (gemeld door Forró et al. 2003). Meer gedetailleerd onderzoek in de kempen alsook in gekende historische vindplaatsen, zal waarschijnlijk resulteren in het herontdekken van sommige niet waargenomen soorten.

Figuur 3. Percentage van watervlosoorten dat voorkomt in elke ACFOR-categorie in Vlaanderen. Het aantal soorten in elke categorie is aangeduid tussen haakjes.



### Dankwoord

We willen graag de beheerders en eigenaars van de verschillende studiegebieden bedanken voor hun logistieke steun, alsook H. Dumont voor waardevolle aanvullingen. Steven Declerck is postdoctoraal onderzoeker bij het Fonds voor Wetenschappelijk Onderzoek (FWO-Vlaanderen).

### Referenties

DE MEESTER, L. & BOSMANS, R. (1993), *Eurycerus glacialis* (Crustacea, Anomopoda): a chydorid cladoceran new to the Belgian fauna. *Biol. Jb. Dodonaea*, 61: 80-83.

DUMONT, H.J. (1989), The non-marine Cladocera of Belgium. In: WOUTERS, K., BAERT, L. (eds), *Invertebrates of Belgium*, Royal Belgian Institute of Natural Sciences, Brussels: 137-142.

FORRÓ, L., DE MEESTER, L., COTTENIE, K., DUMONT, H.J. (2003), An update on the inland cladoceran and copepod fauna of Belgium, with a note on the importance of temporary waters. *Belg. J. Zool.*, 133: 31-36.

LOUETTE, G., DE BIE, T., VANDEKERKHOVE, J., DECLERCK, S., DE MEESTER, L. (2007), Analysis of the inland cladocerans of Flanders (Belgium) – Inferring changes over the past 70 years. *Belg. J. Zool.*, 137.

LUYTEN, M. (1934), Over de oecologie der Cladocera van België. *Biol. Jb. Dodonaea*, 25: 33-179.

G. Louette<sup>1</sup>,  
T. De Bie<sup>2</sup>,  
J. Vandekerckhove<sup>3</sup>,  
S. Declerck<sup>2</sup> en  
L. De Meester<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek,  
Kliniekstraat 25, 1070 Brussel

<sup>2</sup> Laboratorium voor Aquatische Ecologie,  
K.U.Leuven, Charles de Bériotstraat 32,  
3000 Leuven

<sup>3</sup> Department of Genetics and Cytology,  
University of Gdansk, Kladki 24, PL-80-822  
Gdansk, Polen

(Tel.: +32 2 558 18 59,  
Fax: +32 2 558 18 05,  
E-mail: gerald.louette@inbo.be)

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

<sup>1</sup> Katholieke Universiteit Leuven, Laboratorium voor Diversiteit en Systematiek van Dieren  
<sup>2</sup> 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.*

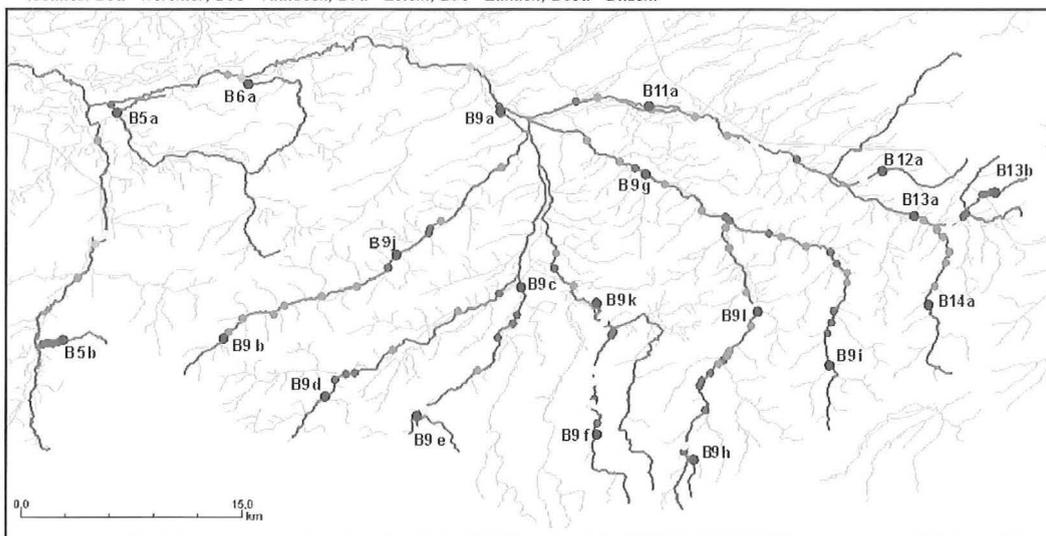
Hoe mobiel zijn onze riviervissen? Goede verplaatsingsmogelijkheden zijn cruciaal voor hun behoud. "Oost, west, thuis best" geldt maar voor weinig vissoorten. Veel vissen migreren gedurende een bepaalde fase in hun leven, of in een bepaalde periode van het jaar. Een gekend voorbeeld is de paling, die 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](http://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 sluisen (groen). Enkele locaties: B5a - Werchter; B5b - Vaalbeek; B9a - Zelem; B9e - Landen; B13a - Bilzen.*

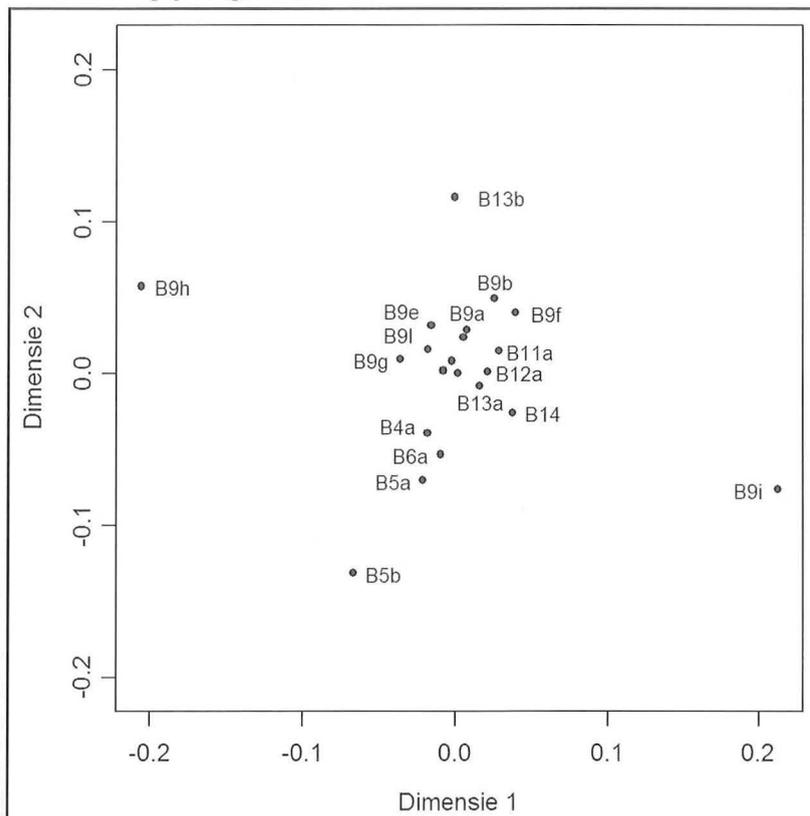


was uit te zoeken waar de nood voor het herstel van vrije vismigratie het hoogst is. Een stel zwemvliezen en een snorkel om hier en daar een kijkje te nemen onder het wateroppervlak volstaan echter niet om deze vraag te beantwoorden. Een veelgebruikte methode om inzicht te krijgen in het migratiegedrag 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 stroombekken 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

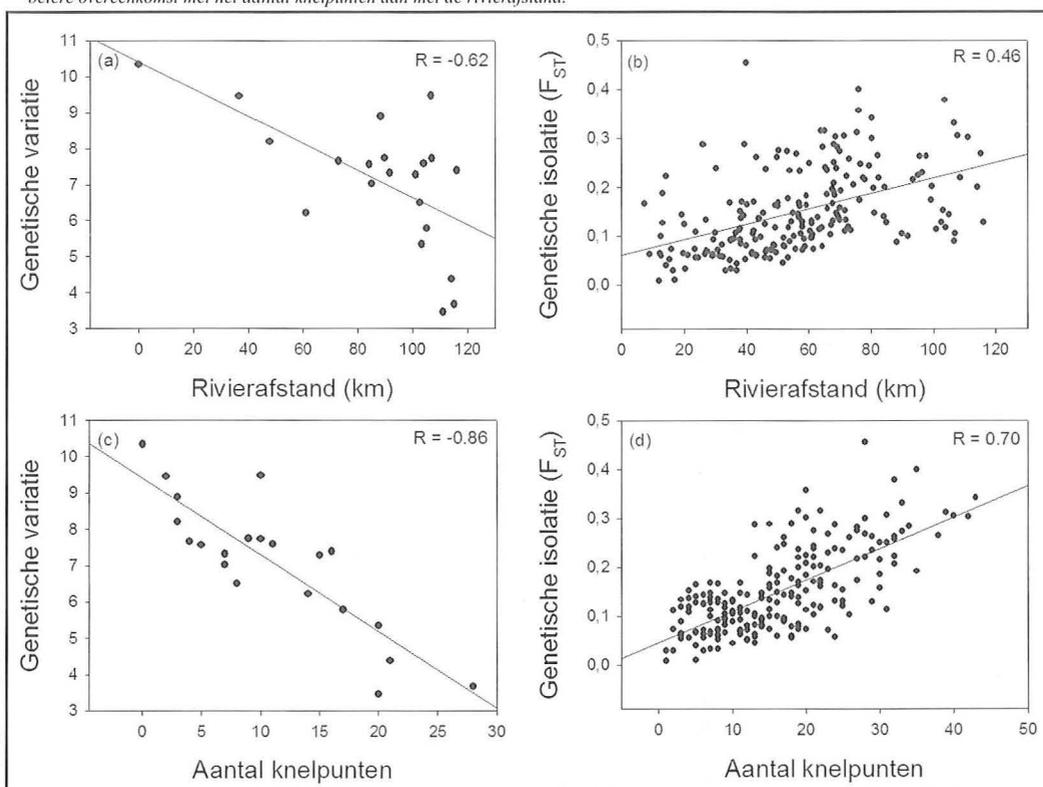
welk van de drie geografische scenario's de genetische structuur het best overeenstemt.

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

Monden, S. (2007). Vismigratie en het oplossen van vismigratiekelpunten. 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., Larmuseau, 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](mailto:joost.raeymaekers@bio.kuleuven.be),  
Phone: + 32 16 32 39 66,  
Fax: +32 16 32 45 75*

*G. E. Maes<sup>1</sup>, S. Geldof<sup>1</sup>, I. Hontis<sup>1</sup>, K. Nackaerts<sup>2</sup>  
en F.A.M. Volckaert<sup>1</sup>*

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

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

# De impact van bestrijdingsmiddelen op de biologische waterkwaliteit in de Haspengouwse fruitstreek

*Een mogelijke oorzaak voor het niet bereiken van een goede biologische kwaliteit in waterlopen is het intensief gebruik van bestrijdingsmiddelen. Om dit concreet na te gaan werden negen meetplaatsen uit het pesticidenmeetnet van de Vlaamse Milieumaatschappij, gelegen in de fruitstreek en gekend voor hun hoge gehalten aan bestrijdingsmiddelen, nader onderzocht.*

*Op basis van de onderzoeksresultaten lijkt een impact van de hoge concentraties aan bestrijdingsmiddelen op de aquatische levensgemeenschappen zeer aannemelijk.*

*Heel wat bestrijdingsmiddelen overschrijden de getoetste ontwerpnormen en van enkele bestrijdingsmiddelen kon zelfs vastgesteld worden dat zij soms in lethale concentraties voorkomen voor Arthropoda (geleedpotigen); van drie stoffen kon ook aangetoond worden dat zij in concentraties voorkomen waarbij er een ernstig effect is op wieren.*

*Ook de analyse van de hydrobiologische stalen wijst in de richting van een impact op de biologische kwaliteit van de getroffen waterlopen.*

## I. Situering

De algemene waterkwaliteit is er in Vlaanderen sterk op vooruit gegaan. Nochtans lijkt de biologische kwaliteit – gemeten aan de hand van de Belgische Biotische Index (BBI) – veelal te stagneren op een matige kwaliteit. Veel aangehaalde redenen hiervoor zijn de overstortproblematiek en de slechte hydromorfologische kwaliteit van vele Vlaamse beken en rivieren. Een andere mogelijke oorzaak voor de degradatie van de levensgemeenschappen is echter het intensief gebruik van bestrijdingsmiddelen. Dit zou bijvoorbeeld het geval kunnen zijn voor kleine bovenlopen in het Demerbekken, die door gebieden vloeien met een intensieve fruitteelt en waar een grote verscheidenheid aan bestrijdingsmiddelen toegepast wordt.

Vraag is of dit concreet vast te stellen is voor enkele kleine beken in de fruitstreek van Oost-Brabant en Limburg. Hiertoe werden negen meetplaatsen uit het pesticidenmeetnet van de Vlaamse Milieumaatschappij, gelegen in de fruitstreek en gekend voor hun hoge gehalten aan bestrijdingsmiddelen, geselecteerd (zie kaart). De meetgegevens betreffen de jaren 1998 t.e.m. 2003.

## II. Resultaten van het pesticidenonderzoek

### Aangetroffen bestrijdingsmiddelen

In totaal werden op de negen onderzochte meetplaatsen 78 verschillende stoffen gedetecteerd: 35 insecticiden, 30 herbiciden, 4 fungiciden, 1 stof die zowel als insecticide als herbicide dienst doet en 8 metaboliëten of afbraakproducten.

Slechts een minderheid, 33 stoffen, werden in meer dan 5% der metingen gedetecteerd. 9 stoffen werden in meer dan de helft der metingen aangetroffen. Het betreft de  $\alpha$ - en  $\beta$ - isomeren van endosulfan, het afbraakproduct endosulfansulfaat, glyfosaat en zijn afbraakproduct AMPA, simazine, diuron, carbendazim en atrazine.

Twaalf stoffen komen voor op de lijst van prioritairere stoffen van de Europese kaderrichtlijn water.

### Toetsing aan de normen

De huidige VLAREM-normen zijn weinig geschikt voor de toetsing van bestrijdingsmiddelen. Daarom heeft het DVP Gevaarlijke Stoffen van de Vlaamse Milieumaatschappij nieuwe ontwerpnormen gedefinieerd overeenkomstig de methodologie die vooropgesteld wordt in de Europese Kaderrichtlijn Water. Voor de acute toxiciteit baseren deze ontwerpnormen op de z.g. MAC-waarden, en voor de chronische toxiciteit op de PNEC-waarden voor de desbetreffende stoffen.

### Acute toxiciteit

MAC-waarden (maximum aanvaardbare concentratie, gebaseerd op acute toxiciteitstesten voor aquatische organismen) worden in de fruitstreek overschreden voor maar liefst 31 stoffen. Bijkomend zijn er nog 10 stoffen die het richtgetal van De Wachter & Blust (1996) overschrijden. Dit betekent dat een meerderheid (41) van de 78 stoffen die totnogtoe in de fruitstreek werden aangetroffen, minstens éénmaal in een concentratie boven het maximum aanvaardbare voorkwam. Van de gedetecteerde stoffen zijn er slechts 18 waarvoor met een tamelijk grote zekerheid kan gesteld worden dat er geen probleem is voor de aquatische fauna en flora.

Opvallend is dat ook voor veel stoffen die in minder dan 5% der metingen aangetoond werden, er een overschrijding van de MAC-waarde is. Hierbij dient vermeld dat als ontwerp maximumnorm veelal de MAC-waarde gehanteerd wordt.

In veel gevallen is de maximumconcentratie een veelvoud van de ontwerpnorm: tot meer dan 6.100 maal de norm in het geval van dichloorvos (een zeer toxisch insecticide!), 2.550 maal de norm voor  $\alpha$ -endosulfan en 1.345 maal de norm voor  $\beta$ -endosulfan, enz.

De MAC-waarden voor endosulfan en diuron worden op (vrijwel) alle onderzochte meetplaatsen van de fruitstreek, en in alle jaren van de periode 2000-2003, overschreden.

#### Chronische toxiciteit

De PNEC-waarde is een concentratie waarbij geen negatieve effecten op aquatische organismen verwacht worden, zelfs bij een langdurige blootstelling. De PNEC-waarde wordt getoetst aan de mediaan van de gemeten concentraties. Er zijn 9 stoffen waar de hoogste van de medianen (afzonderlijk berekend voor elke meetplaats en elk jaar) de ontwerp PNEC-waarden overschrijdt. Het betreft endosulfan ( $\alpha$  en  $\beta$ ), endosulfan-sulfaat, diuron, glyfosaat, lindaan, chloortoluron, isoprotruron en linuron. Voor al deze stoffen overschrijdt het maximum ook de MAC-waarde. Dit zijn dus duidelijk de probleemstoffen voor de fruitstreek.

#### **Kwaliteit van de waterbodem**

Vier van de acht onderzochte waterbodems zijn sterk afwijkend van de referentie voor de som van de organochloorpesticiden, terwijl dat gemiddeld in Vlaanderen voor minder dan 5% van de waterbodems het geval is. Toch kan enkel in het geval van de Hoevenbeek een duidelijk verband gelegd worden tussen sterk afwijkende gehalten aan organochloorpesticiden (en zware metalen) in de waterbodem, een ernstige acute impact op biota (bepaald door ecotoxiciteitstesten) en een zeer slechte biologische waterbodemkwaliteit.

### **III. Toxiciteit op aquatische organismen**

#### **Acute toxiciteit van de meest aangetroffen bestrijdingsmiddelen**

Op basis van internationale databankgegevens (AQUIRE en IUCLID) werd voor de macro-invertebraten een gemiddelde toxiciteit (LC50) per genus berekend. Dit is de concentratie waarbij, in laboratoriumomstandigheden, de helft van de organismen afsterft. Voor de Cladocera (waterlooien) en de groenalgen werd een gemiddelde EC50 (effectconcentratie) berekend voor de hele groep.

Van alle onderzochte bestrijdingsmiddelen, zijn de volgende voor aquatische macro-invertebraten de gevaarlijkste (in afnemende toxiciteit): de

organochloorpesticiden dieldrin, lindaan en endosulfan, gevolgd door de organofosforpesticiden methidation, diazinon en dimethoaat.

Verder blijkt uit de in de internationale databanken verzamelde gegevens dat Mollusca en Oligochaeta (slakken en wormen) een factor 100 à 1000 minder gevoelig zijn voor insecticiden dan Arthropoda (geleedpotigen: insecten en schaaldieren). Binnen de groep der Arthropoda lijkt er dan weer geen duidelijke lijn te trekken. Wel behoren de Plecoptera (steenvliegen), Trichoptera (kokerjuffers of schietmotten) en Ephemeroptera (eendagsvliegen) bijna steeds tot de gevoeligste organismen. Dit zijn net de groepen die voor de BBI het hoogste scoren.

Hoewel de ontwerpnormen veelvuldig overschreden worden, is dat zelden het geval voor de acute toxiciteitswaarden. Slechts voor vier pesticiden (lindaan, diazinon, dimethoaat en endosulfan) ligt de maximumconcentratie boven de LC50-waarde van één of meerdere soorten macro-invertebraten. Vooral voor endosulfan lijkt dit problematisch, gelet op de veelvuldige piekconcentraties die voor deze stof in de fruitstreek optreden.

Bij drie herbiciden (diuron, atrazine en glyfosaat) ligt de maximale concentratie boven de gemiddelde EC50-waarde voor groenwieren. Hier kan dus een impact verwacht worden op de ecologie van de waterloop, o.m. via de voedselbeschikbaarheid.

#### **Toxiciteitindices**

De beoordeling van het effect van bestrijdingsmiddelen op aquatische organismen is niet eenvoudig omdat zij optreden als complexe mengsels met sterke seizoensale fluctuaties van elke component.

Munn & Gilliom (2001) hebben daarom een pesticide toxiciteitindex (PTI) ontwikkeld, die gebruikt kan worden om het relatief risico van pesticiden voor waterorganismen in waterlopen in te schatten. Deze combineert de blootstelling van de organismen aan pesticiden (gemeten concentraties in oppervlaktewater) met een schatting van hun toxiciteit (LC50- en EC50-waarden uit laboratoriumproeven). Het resultaat is één enkele indexwaarde per staal of per meetplaats.

De indexwaarde voor een bepaald staal is de som van de toxiciteitsquotiënten (gemeten concentratie gedeeld door de mediaan van de toxische concentraties uit laboratoriumproeven), volgens onderstaande formule:

$$PTI = \sum_{i=1}^n \frac{E_i}{MTC_{x,i}}$$

waarbij:

$E_i$  = concentratie van pesticide  $i$   
 $MTC_{x,i}$  = mediane toxische concentratie van pesticide  $i$  voor taxonomische groep  $x$   
 $n$  = aantal pesticiden

Zoals verwacht fluctueert de toxiciteitsindex sterk in de tijd en tussen de meetplaatsen. In de regel zijn er hogere waarden in het voorjaar en de zomer (toepassingsperiode van de meeste bestrijdingsmiddelen) en lagere waarden in het (late) najaar en de winter.

Verder blijkt dat endosulfan bijna altijd verreweg de grootste bijdrage levert aan de totale toxiciteit van een staal. Een enkele keer leveren ook dimethoaat, methidation, diuron, carbandazim of lindaan een niet onbelangrijk aandeel. Twee à drie, hoogstens vier, pesticiden zijn steeds verantwoordelijk voor minstens 90% van het toxisch effect op een meetplaats.

#### IV. Impact op de biologische kwaliteit

Het is opvallend dat Crustacea (schaaldieren), Ephemeroptera en Trichoptera in de kleine beken van de fruitstreek relatief weinig voorkomen terwijl zij elders veel algemener verspreid zijn. Verder verschijnen ze in de onderzochte beken vooral in het najaar; dit zou kunnen wijzen op een invloed van insecticiden, die vooral in het voorjaar aangewend worden. Maar omwille van de toch vooral matige tot zelfs slechte algemene waterkwaliteit, de aanwezigheid van huishoudelijke lozingen en overstorten in de stroomgebieden van deze beken, kan dit niet met zekerheid gesteld worden.

De orde van de Diptera (vliegen- en muggenlarven) is in alle stalen vertegenwoordigd. Dit is vrij verwonderlijk daar deze ook beschouwd worden als zeer gevoelig voor insecticiden. Een mogelijke verklaring is dat de vrij korte levenscyclus van de Diptera hen toelaat om zich snel te herstellen na een eventuele ineenstorting van de populatie in gevolge piekconcentraties aan insecticiden.

#### V. Besluit

Op basis van de verschillende in deze studie aangehaalde elementen, lijkt een impact van de hoge concentraties aan bestrijdingsmiddelen in de Haspengouwse fruitstreek op de aquatische levensgemeenschappen en biologische waterkwaliteit zeer aannemelijk.

Heel wat bestrijdingsmiddelen overschrijden de getoetste ontwerpnormen en van enkele (endosulfan, lindaan, diazinon en dimethoaat) kon zelfs

vastgesteld worden dat zij soms in concentraties voorkomen boven de z.g. LC50-waarde voor Arthropoda (geleedpotigen); de LC50-waarde is de concentratie waarbij, onder laboratoriumomstandigheden en met toediening van slechts één enkele stof, de helft van de organismen afsterft. Van drie stoffen (diuron, atrazine en glyfosaat) kon ook aangetoond worden dat zij in concentraties voorkomen waarbij er een ernstig effect is op wieren. Het is dus duidelijk dat bij deze uiterst hoge piekconcentraties ernstige schade zal optreden voor het ecosysteem.

Ook de analyse van de hydrobiologische stalen, genomen op de pesticidenmeetplaatsen, wijst in de richting van een impact op de biologische kwaliteit van de getroffen waterlopen. Gelet op de nog talrijke ongezuiverde huishoudelijke lozingen in het gebied (naast de aanwezigheid van heel wat overstorten), resulterend in een overwegend matige tot slechte algemene waterkwaliteit, is het echter bijzonder gewaagd om de slechte tot matige biologische waterkwaliteit toe te schrijven aan de bestrijdingsmiddelen. Uit bovenstaande kan enkel besloten worden dat zij *waarschijnlijk* een rol spelen.

De invloed van pesticiden op de soortendiversiteit en de abundanties van bepaalde soorten moet ook nog verder onderzocht worden.

#### VI. Referenties

DE WACHTER, B. & BLUST, R. (1996), Kritische evaluatie van de kwaliteitsnormen voor oppervlaktewater, Vlaamse Milieumaatschappij, Aalst.

MUNN, M.D. & GILLION, R.J. (2001), Pesticide Toxicity Index for Freshwater Aquatic Organisms, U.S. Geological Survey, Water-Resources Investigations Report 01-4077, Sacramento, California.

Geraadpleegde databanken:

- Aquatic Toxicity Information Retrieval (AQUIRE): [www.epa.gov/ecotox](http://www.epa.gov/ecotox).
- International Uniform Chemical Information Database (IUCLID): [www.technidata-america.com/iuclid/iisstart.htm](http://www.technidata-america.com/iuclid/iisstart.htm)
- Fraunhofer Instituut: [www.ime.fraunhofer.de](http://www.ime.fraunhofer.de).

*T. Warmoes*

*Verantwoordelijke Immissiemeetnet Demer Dijle Maas*

*Afdeling Meetnetten & Onderzoek Vlaamse Milieumaatschappij (VMM)*

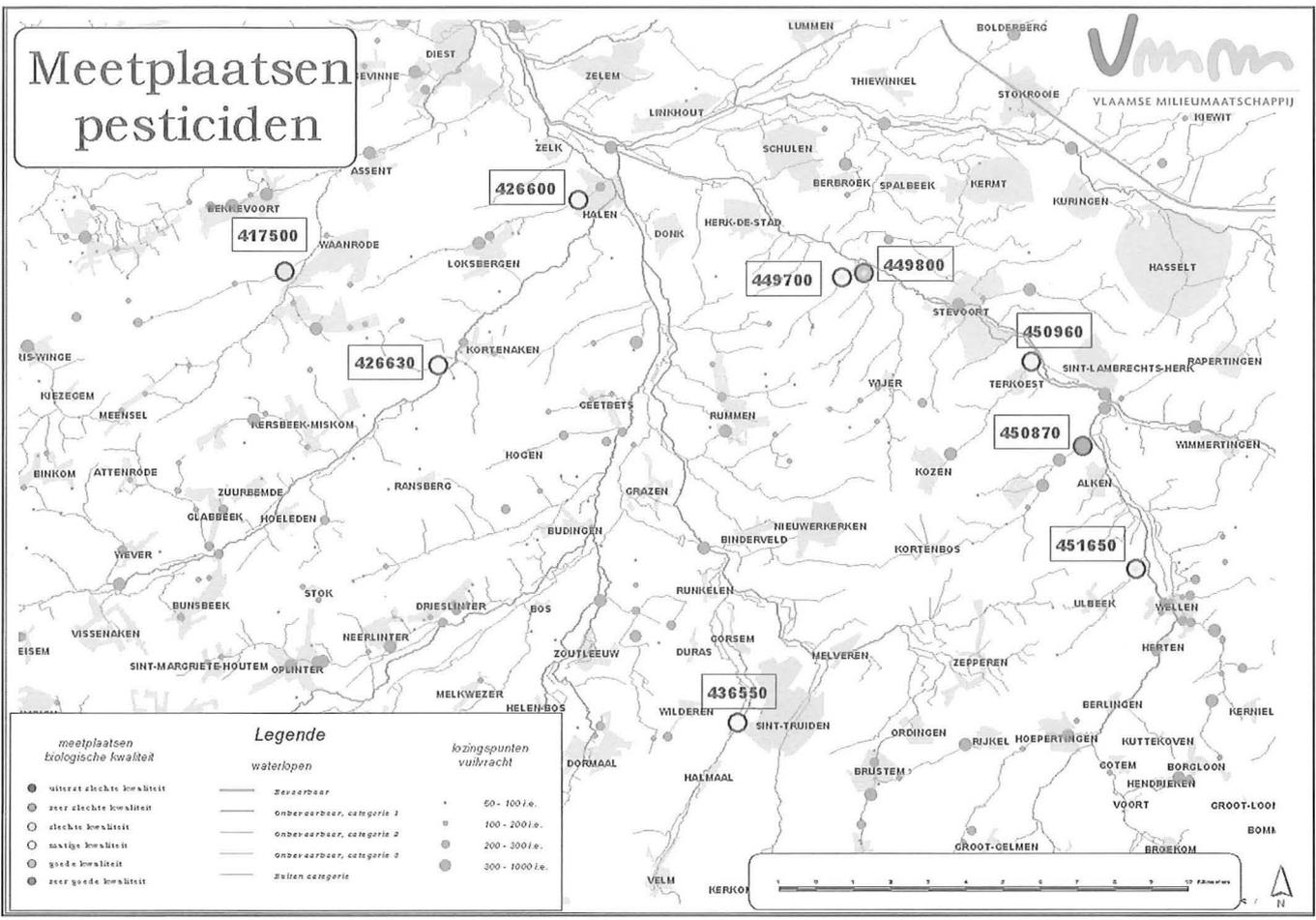
*Bondgenotenlaan 140, 3000 Leuven*

*tel.: 016/23.21.38*

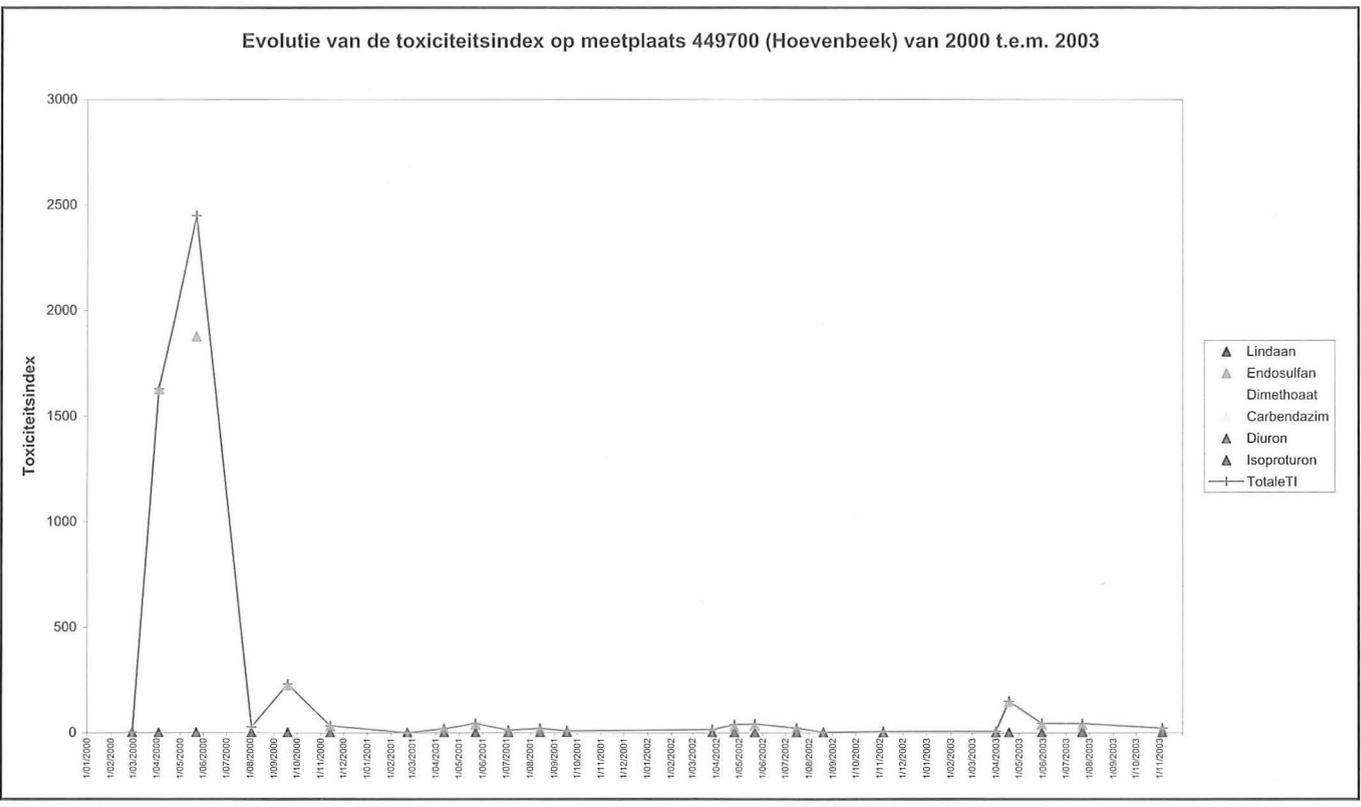
*fax: 016/22.89.77*

*t.warmoes@vmm.be*

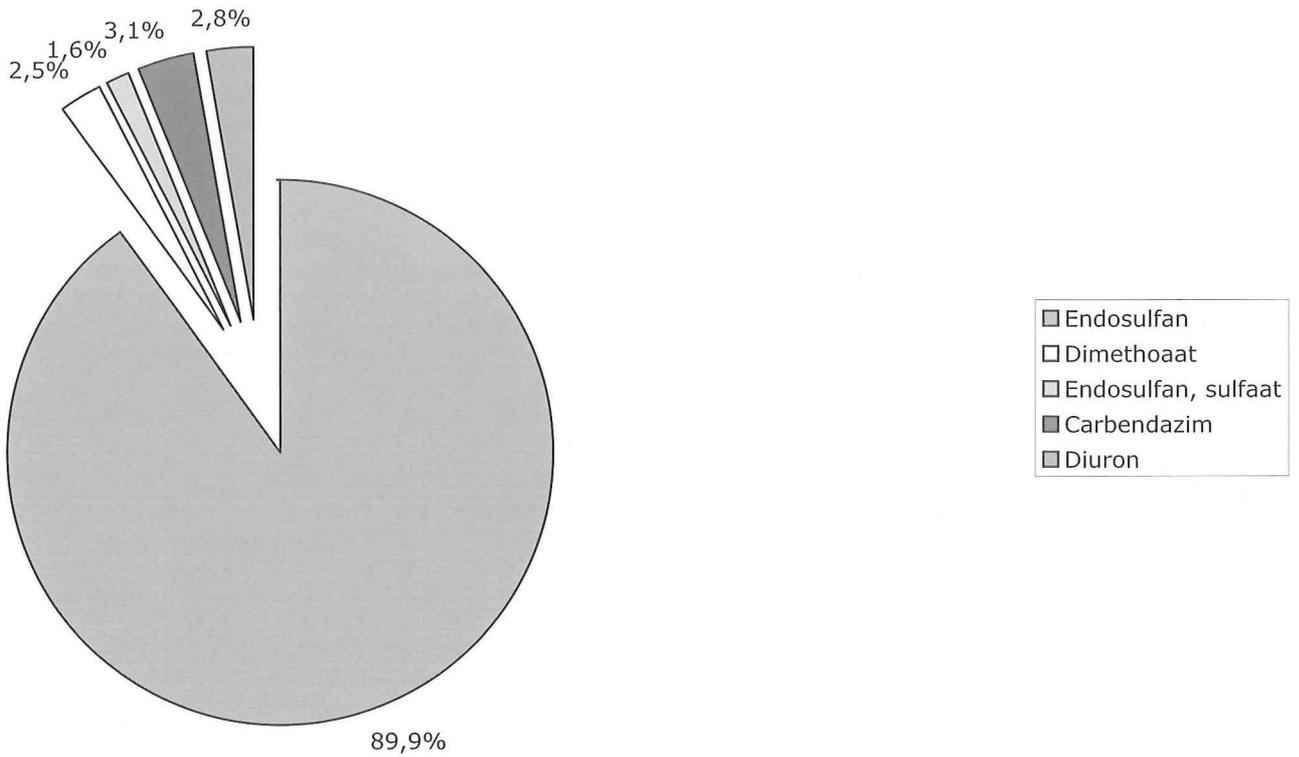
# Meetplaatsen pesticiden



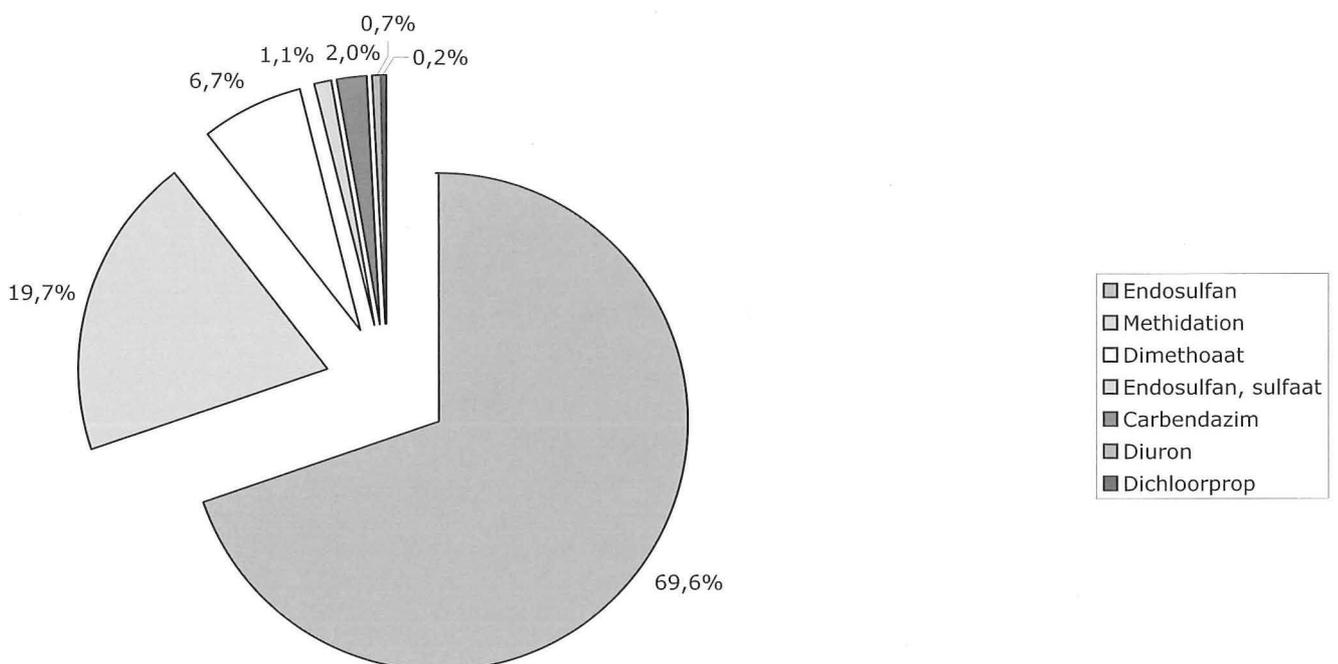
Evolutie van de toxiciteitsindex op meetplaats 449700 (Hoevenbeek) van 2000 t.e.m. 2003



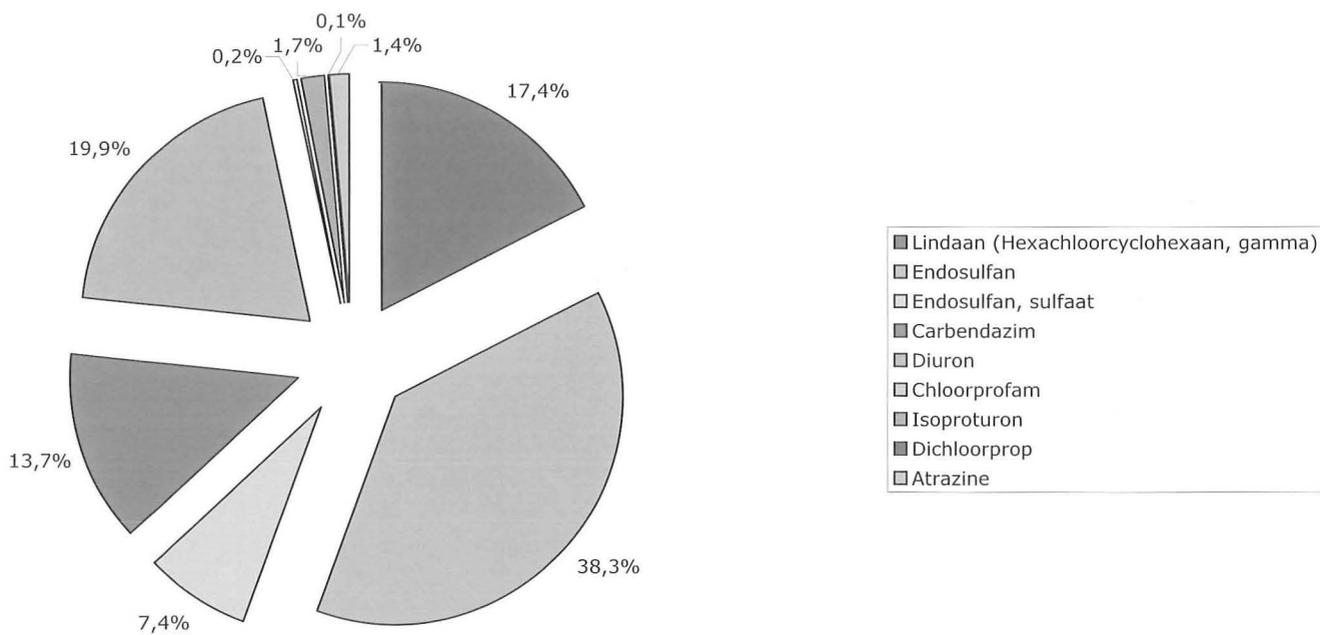
**Aandeel van enkele pesticiden in de toxiciteitsindex op meetplaats 449700 in 2003**



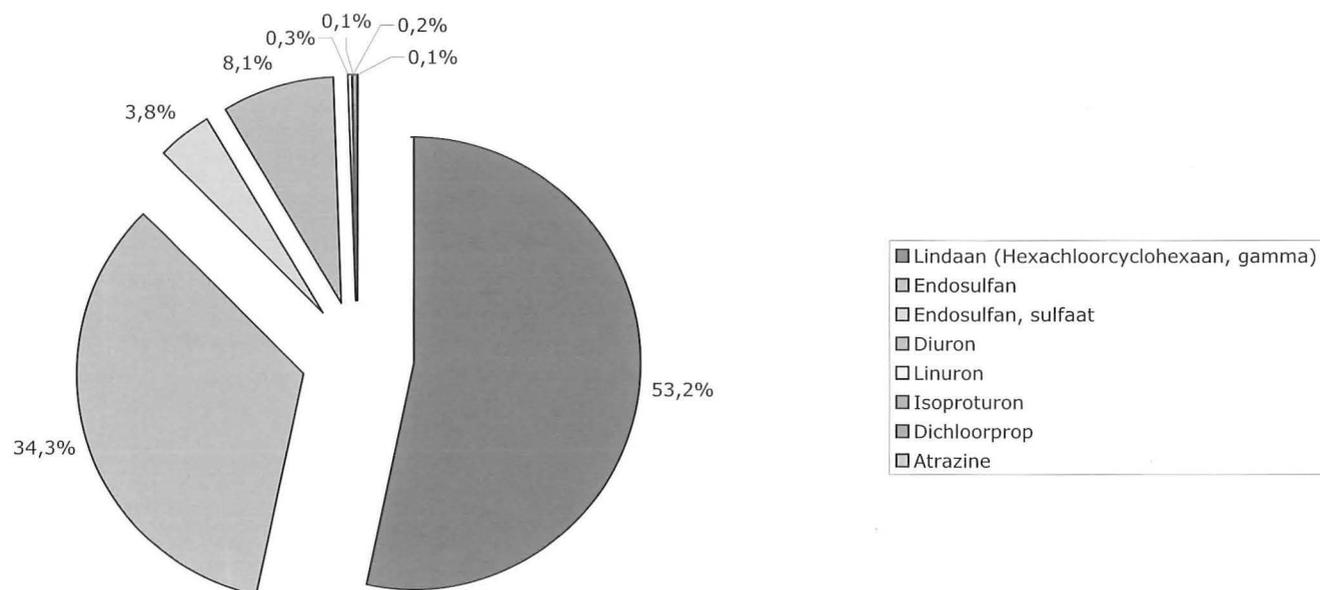
**Aandeel van enkele pesticiden in de toxiciteitsindex op meetplaats 450960 in 2003**



Aandeel van enkele pesticiden in de toxiciteitsindex op meetplaats 426630 in 2003



Aandeel van enkele pesticiden in de toxiciteitsindex op meetplaats 426600 in 2001



### Acute toxiciteit van de meest aangetroffen pesticiden

EC50- en LC50-waarden voor algen, Cladocera en macro-invertebraten, en toetsing aan de maximumconcentratie (alle concentraties in µg/L!)

Volledige naam	Gebruik	Ontwerp-MAC		Algen	Cladocera		Macro-invertebraten		Macro-invertebraten (Arthropoda)										Macro-invertebraten (niet-Arthropoda)			SYNTHESE									
		DVP Gevaarlijke Stoffen	Fraunhofer Instituut		EC50	EC50		LC50		Gemiddelde LC50										Gemiddelde LC50			Minimum LC50 invertebraten	Mediaan LC50 Arthropoda	Relatieve toxiciteit						
						DVP Gevaarlijke Stoffen of EPA - gemiddelde	Fraunhofer Instituut - minimum	DVP Gevaarlijke Stoffen of EPA - gemiddelde	Fraunhofer Instituut - minimum	Munn & Gilliom (2001) - mediaan	Munn & Gilliom (2001) - minimum, 96u	Munn & Gilliom (2001) - minimum, 96u	Fraunhofer Instituut - minimum	Gammarus (Crustacea)	Asellus (Crustacea)	Chironomus (Diptera)	Aedes (Diptera)	andere Diptera (Culex, Chaoborus)	Pteronarcys (Plecoptera)	andere Plecoptera (Protonemoura, Acroneuria, Claassenia)	Trichoptera Hydropsyche, Cheumatopsyche, Limnephilus	Ephemeroptera (Baetis, Cloeon, Jappa, Drunella)				Physa/Physella (Mollusca)	Lymnaea/Radix (Mollusca)	andere Mollusca (Planorbis, Indoplanorbis, Aplexa)	Oligochaeta (Tubifex, Lumbriculus)		
Dieldrin	Insecticide			0,01	55			425		240	24,0	0,5			640,0	5,0	280,0			19,8	0,6	8,0	2,000			3,400	6,710	0,50	8,0	1,00000	
Endosulfan, totaal (α+β)	Insecticide	0,004		15,58				584	150					0,04	7,5	10,0	76,5	9,0		10,6		1,1	1,4	3,250	3,543	1,000	8,000	0,04	8,3	0,96970	
Lindaan (γ-hexachloorocyclohexaan)	Insecticide	0,03		1,75	5,000	780	2,982	1,600	656	12,9	1,0	1,1	18,8	10,0	24,5	6,6	3,9	4,5	130,0	9,6	50,0			8,100	3,300	7,100	3,700	1,0	9,6	0,83333	
β-endosulfan	Insecticide	0,004		5,38			205								10	10								1,000	1,000	1,000	1,000	10	10	0,80000	
Methidatol	Insecticide	0,022		5,80			9																	15,000		7,400		16	16	0,50000	
Diazinon	Insecticide			2,40	6,700		0,4		1,2	25,0	0,03		74,5	21,0	5,4	47,6	14,5	25,0	16,0	2,1	34,0			3,650		20,000	6,160	0,03	19	0,43243	
Dimethoat	Insecticide	7,0		23,00	364,460		5,124						200		40	5,725		43		23	7			6,700		7,700	3,800	7	42	0,19231	
α-endosulfan	Insecticide	0,004		10,20			249								100	10								1,000	1,000	1,000	1,000	10	55	0,14545	
Endosulfan, sulfaat (insecticide)		0,5		0,89			619								100	100								100	1,000	1,000	1,000	100	100	0,80000	
Carbendazim	Fungicide	0,2		2,50	340		505																						505	505	0,01584
4,6-Dinitro-o-cresol	Herbi-/insecticide			0,60	300		4,400										649											5,800	320	649	0,01233
Diuron	Herbicide	0,2	1,1	52,00	12	24	4,900	1,400	2,000	950	160	160	160	15,500	3,300	1,200									15,300				160	1,200	0,00667
Linuron	Herbicide	1,0		12,00	42		1,033		240						3,600										70,000			16,000	3,600	3,600	0,00222
2,4-Dinitrofenol	Herbicide	55,0		1,90	25,450		9,270						3,760														6,490		3,760	3,760	0,00213
Chloorprofam	Herbicide	37,0		25,00			3,700																				3,800	3,800	3,700	0,00216	
Metolachloor	Herbicide	39,0		2,20			15,930								4,100														4,100	4,100	0,00195
2,4-Dichloorfenoxiazijnzuur	Herbicide	200,0		8,00	42,200		30,700		4,900	8,700	1,600		2,400		7,450												122,200	1,600	4,925	0,00162	
Isoproturon	Herbicide		1,3	18,00	80	78	5,300	560																					5,300	5,300	0,00151
2-tert-butyl-4,6-Dinitrofenol	Herbicide			0,86	3,240		6,100																						6,100	6,100	0,00131
Dichloorprop	Herbicide	20,0		10,00	220,000		6,250																						6,250	6,250	0,00128
Atrazine	Herbicide	0,4	2,0	27,00	137	21	52,960	5,290	41,500	9,000	94		18,675		720	21,000				6,700					>34,100		>37,100	94	6,700	0,00119	
Pirimicarb	Insecticide			0,23	18																								8,500	8,500	0,00094
Simazine	Herbicide	4,0	4,2	21,00	68	42	695	100,000	1,100	13,000	1,900		13,000	100,000	28,000				1,900						100,000	100,000		1,900	13,000	0,00062	
Glyfosaat	Herbicide	10,0		22,00	3,8		48,398								62,500		55,000												55,000	58,750	0,00014
Chlooroluron	Herbicide	0,2		14,00	24		67,000																						67,000	67,000	0,00012
Monolinuron	Herbicide	300,0		0,43			4,400										120,000	72,100							85,000		90,000	72,100	96,050	0,00008	
Chloridazon	Herbicide	10,0		2,30	348		148,000																						148,000	148,000	0,00005
MCPA	Herbicide	900,0		25,00	26		>40,000																						335,000	335,000	0,00002
MICPP (mecoprop)	Herbicide	4,0		22,00	220,000		425,000																						425,000	425,000	0,00002
Aminomethyl phosphonic acid	Herbicide			6,20	220,000		691,000																						691,000	691,000	0,00001

In de kolom "Maximale concentratie" zijn de waarden hoger dan één van de MAC-waarden in oranje achtergrond weergegeven.

In de overige kolommen zijn EC/LC50-waarden lager dan de maximale concentratie in oranje achtergrond weergegeven (deze EC/LC50-waarden worden in de fruitstreek dus overschreden)







