

GENETISCH ONDERZOEK AAN ZANDHAGEDISSEN

door: Vincent Nijman

Nederland vormt de westelijke rand van het verspreidingsgebied van de zand- of duinhagedis (*Lacerta agilis*). Binnen Nederland zijn twee duidelijke verspreidingskernen te onderscheiden: één op de Veluwe en één in de Hollandse kustduinen. Deze kernen zijn al meer dan duizend jaar gescheiden door het lage land van Noord- en Zuid-Holland en de laatste vormt een genetisch gescheiden eenheid.

Ernstig bedreigd

Binnen Nederland wordt de soort als zeer ernstig bedreigd beschouwd en hoewel de soort sinds 1973 wettelijke bescherming geniet gaan het aantal nog steeds achteruit onder andere door het kleiner worden van leefgebieden. Om deze voor de duinen zeer karakteristieke soort te behouden zijn er verschillende plannen ontwikkeld die niet alleen de achteruitgang een halt toe moeten roepen maar bij voorkeur tot een herstel van de resterende populaties moeten leiden.

Genetische verarming

Habitatdestructie, versnippering van het nog beschikbare habitat en het steeds kleiner worden van de overgebleven populaties en het steeds meer geïsoleerd raken van deze populaties, kunnen leiden tot genetische verarming. Hiervoor zijn twee processen verantwoordelijk namelijk 1) toevallige veranderingen in de genetische samenstelling van een populatie wat leidt tot een afname in de variabiliteit en 2) inteelt, dit is het paren van verwante individuen, waardoor inteeltdepressie optreedt. Beide processen werken sterker door naarmate het aantal individuen dat zich voortplant kleiner is, en dus in de regel naarmate de populatie kleiner is. Genetische verarming leidt tot een verminderd aanpassingsvermogen aan abiotische of biotische milieuveranderingen. Om meer inzicht te krijgen in de oorzaken van de achteruitgang van de soort, om kennis te krijgen van de effecten van geografische barrières op de populatiestructuur en van de effecten van concrete ingrepen in het biotoop is het noodzakelijk inzicht te hebben in de genetische populatie structuur van de zandhagedis. Vragen die gesteld kunnen worden zijn: wat is de mate van uitwisseling tussen twee in de ruimte gescheiden populaties? welke mate van genetische variatie is aanwezig in populaties van een gegeven omvang? en indien een populatie geïsoleerd is wat is dan de afnamesnelheid van de genetische variatie bij bekende grootte? Indien twee gescheiden populaties opnieuw met elkaar in contact gebracht worden door

het aanleggen of het verbeteren van biotoop kunnen de verworven inzichten gebruikt worden bij het volgen van de twee voormalig gescheiden populaties en kan de effectiviteit van de ingreep kwantitatief bepaald worden.

Meten van genetische variatie

Als onderbouwing aan het herstelplan wordt sinds vorig jaar aan de Universiteit van Amsterdam onderzoek gedaan naar de genetische variatie van de zandhagedis in de duinen. Door de genetische variatie van afzonderlijke individuen te bepalen en meerdere individuen uit éénzelfde populatie te analyseren kan de genetische populatiestructuur afgeleid worden. Door vergelijking van meerdere populaties kan de mate van genetische variatie in kleinere populaties in verhouding tot grotere bepaald worden en genetisch geïsoleerde populaties kunnen op deze wijze ontdekt worden. Doordat het areaal van de zandhagedis opgesplitst is door barrières van bekende ouderdom, denk hierbij bijvoorbeeld aan de eerder genoemde scheiding tussen de Veluwe en de kustduinen maar ook aan het Noordzeekanaal, kan gekeken worden naar de mate van verandering die optreedt tussen populaties in de loop van de tijd.

Spierweefsel en bloed

Het onderzoek wordt op twee verschillende manieren uitgevoerd: door middel van enzymanalyse op eiwit-niveau en door middel van RAPD analyse op DNA-niveau. Het hiervoor benodigde materiaal wordt verkregen door het amputeren van ca één derde van de staartlengte en het opvangen van enkele druppels bloed gedurende deze amputatie. Het aldus verkregen weefsel wordt opgeslagen bij -70°C tot het moment van analyse. Als terzijde mag vermeld worden dat automie, zelfamputatie, van de staart in de natuur geregeld optreedt en dat dit zich lang niet altijd tot een derde staartlengte beperkt. Binnen tien weken na de amputatie is er geen verschil in lengte meer waar te nemen tussen de oude en de nieuwe staart.

Eiwitten

Uit het spierweefsel worden de in water oplosbare eiwitten geïsoleerd en op basis van verschillen in elektrische lading, grootte en vorm d.m.v. elektroforese van elkaar gescheiden. De eiwitten (enzymen) migreren onder invloed van een potentiaal verschil door een medium (bv. een zetmeelgel) en na afloop wordt met behulp van een specifieke kleuring de plaats op het medium zichtbaar gemaakt.

Daar een enzym een genproduct is zullen verschillende verschijningsvormen van een betreffend enzym van verschillende individuen duiden op genetische verschillen tussen deze individuen. Bij analyse van tientallen enzymen wordt aldus een beeld van genetische variatie op eiwitniveau verkregen.

DNA

Het bloed wordt gebruikt voor een complementaire methode: de RAPD-techniek (Random Amplified Polymorphic DNA). Uit het bloed wordt DNA geïsoleerd en met één primer (een stukje synthetisch verkregen DNA) wordt dit DNA geamplificeerd met een PCR reactie (Polymerase Chain Reaction). Deze RAPD methode kan beschouwd worden als een steekproef uit het totale DNA van de hagedis. Doordat individuen genetisch verschillen kan er bij het ene individu een

DNA-fragment wel geamplificeerd worden en bij het andere niet, op deze manier kunnen verschillen tussen individuen en daarmee tussen populaties zichtbaar gemaakt worden.

Optimisme

Momenteel wordt er gewerkt aan het uitbereiden van de dataset en het perfectioneren van deze methodiek. De tot op heden verkregen resultaten zijn overeenkomstig de eerder gevonden resultaten bij verwante hagedissen en geven reden tot optimisme. Over de gevonden resultaten zal ter zijner tijd bericht worden.

adres: Vincent Nijman
Instituut voor Systematiek en
Populatiebiologie, Universiteit van
Amsterdam, Postbus 94766, 1090 GT
Amsterdam.

figuur: vrouwtje zandhagedis na staartamputatie met op de achtergrond een RAPD-patroon.

