

Verslag NWG Wageningen-lezing 'De interne bibliotheek – hoe verhalen in het DNA bijdragen aan het behoud van bedreigde dieren' door Mirte Bosse (genoombioloog, Vrije Universiteit Amsterdam / Wageningen Universiteit)

- dinsdag 7 oktober 2025, Forum, Wageningen Campus

- door Gert van Maanen

'Of je nu naar varkens, olifanten of koolmezen kijkt, het DNA en de genetische patronen zijn niet veel anders. In Wageningen ontwikkelen genetici heel veel methoden die toepasbaar zijn in landbouw en veehouderij en ik probeer die gereedschappen juist in te zetten voor bedreigde soorten. Want DNA kun je lezen als een geschiedenisboek, met verhalen over voorouders en wat een populatie allemaal heeft meegemaakt. Dat heeft consequenties voor de genetische diversiteit en biedt informatie over hoe we het behoud van soorten het beste kunnen vormgeven', zegt Mirte Bosse in haar inleiding.

Vervolgens introduceert ze een quiz over dna-patronen, afkomstig van sequentie-onderzoek aan dieren. Die bieden in een oogopslag inzicht hoe een chromosoom of compleet genoom verschillen in heterozygotie en homozygotie, een maatstaf voor inteelt, historische populatiegrootte en genetische diversiteit. Zo wijst een lage diversiteit erop dat een populatie in het verleden door een flessenhals is gegaan en wijst veel homozygotie op een recente periode van inteelt. 'Zelf vind ik het heel fascinerend dat je zoiets als populatiegrootte kunt terugzien in het genoom van één individu', zegt Bosse. Blokken met veel diversiteit wijzen volgens haar op hybridisatie of genetische uitwisseling en de lengte van die blokken zegt weer iets over hoeveel generaties geleden dat plaatsvond. In een levendige quiz passeren dna-patronen de revue: van de Noordse woelmuis ('veel inteelt'), de dwergzwijn of *pygmee hog* ('al heel lang een kleine populatie aan de voet van de Himalaya'), Rüppells gier uit Afrika ('zo snel in aantallen afgenomen dat inteelt nog geen tijd heeft gehad: die klap moet nog komen') tot de kantjil of Java's muishertje ('een klassieker, met blokken van hoge diversiteit').

'Bij in het wild levende dieren hebben we vaak maar weinig genomische informatie van hoge kwaliteit, maar dat kunnen we met genomische informatie van dieren uit dierentuinen versterken', legt Bosse uit. De rest van haar lezing gaat vooral over haar werk aan de Aziatische olifant, waarbij ze samenwerkt met Diergaarde Blijdorp, die als stamboekhouder verantwoordelijk is voor het internationale fokprogramma van Aziatische olifanten in dierentuinen. 'Het leefgebied van Aziatische olifanten is versnipperd geraakt en nu zijn er zeker drie ondersoorten: op Sri Lanka, op het vasteland van Azië en op Sumatra. Maar er is ook een, pas erkende vierde ondersoort die leeft in het oostelijk puntje van Borneo', vertelt Bosse. 'Het gaat niet goed met de Aziatische olifant. In drie generatie zijn we de helft van de populatie kwijtgeraakt en die bezet nog maar 15 procent van het oorspronkelijke leefgebied. De populaties zijn dus zwaar gefragmenteerd, van sommige populaties leeft meer dan 70 procent in gevangenschap, er is sprake van illegale handel en van sommige dieren is daardoor de oorsprong onduidelijk.'



Dit compliceert enerzijds de inzet van genetische informatie en fokprogramma's, maar laat ook het belang ervan zien, vertelt Bosse. Hiervoor beschikken dierentuinen over 130 complete genomen van dieren, die als eerste of tweede generatie uit het wild komen. Met deze informatie is het mogelijk om aan de hand van DNA-monsters van dieren uit het wild vast te stellen hoe lang populaties gescheiden zijn geraakt en hoe lang geleden ze een gemeenschappelijke voorouder hadden. Van de vier nu onderscheiden ondersoorten toont Bosse een stamboom, waarbij zichtbaar is dat de gemeenschappelijke voorouder van olifanten van Borneo en Sumatra 160 duizend jaar geleden leefde, die tussen Sri Lanka en het vasteland 60 duizend jaar geleden en die tussen Borneo-Sumatra versus vasteland-Sri Lanka 170 duizend jaar geleden. Vooral de genetische diversiteit van de olifanten op Borneo is zorgelijk en volgens Bosse vergelijkbaar met die van de (inmiddels) uitgestorven wolharige mammoet.

Omdat er geen betrouwbare fossielen van olifanten op Borneo bekend zijn en de populatie geïsoleerd in het noordoosten leeft, bestaat er volgens Bosse de mogelijkheid dat ze een gift waren van de Sultan van Sulu. Dan zijn het eigenlijk nakomelingen van de – nu uitgestorven – olifant van Java en zijn ze 25 generaties geleden door een flinke flessenhals gegaan. 'Dit plaatst ons voor een dilemma. Want je wilt het liefst genetische uitwisseling tussen dieren die zijn aangepast aan lokale omstandigheden. Maar in hoeverre geldt dit voor de olifanten op Borneo, want je kunt ook stellen dat die vooral waren aangepast aan de omstandigheden op Java', schetst Bosse.

Op het Indische continent wordt vooral gewerkt aan het herstel van verbindingen tussen geïsoleerd geraakte populaties. Hiervoor zijn in India kilometers lange ecoducten aangelegd waarbij de verkeerswegen op palen boven het landschap liggen en de olifanten vrije doorgang hebben. Om beslissingen rond uitwisselingen van olifanten te ondersteunen wordt in samenwerking met lokale organisaties gebruik gemaakt van het screenen van mestmonsters op dna. Dat is goedkoper en makkelijker te realiseren dan het isoleren van dna uit bloedmonsters. Bosse: 'Ons streven is om op een laagdrempelige en goedkope manier met behulp van dna antwoorden te vinden op vragen rond genetische verwantschap en kwetsbare populaties in het wild'.



Foto: Drashokk, WikimediaCommons, Creative Commons Attribution-Share Alike 4.0 International license