

Bronherkenning voor muskusratten op basis van ruimtelijke genetica

Een genetische kaart voor muskusratten in Noord-Nederland en een casestudie voor het detecteren van migratie in en naar Friesland

G. Arjen de Groot, Margreet Laar & Edgar A. van der Grift



Bronherkenning voor muskusratten op basis van ruimtelijke genetica

Een genetische kaart voor muskusratten in Noord-Nederland en een casestudie voor het detecteren van migratie in en naar Friesland

G. Arjen de Groot¹, Margreet Laar¹ & Edgar A. van der Grift¹

¹ Team Dierecologie, Wageningen Environmental Research

Dit onderzoek is uitgevoerd door Wageningen Environmental Research, in opdracht van de Unie van Waterschappen. Het onderzoek maakte onderdeel uit van EU LIFE-project MICA (Management of Invasive Coypu and Muskrat in Europe; LIFE18NAT/NL/001047).

Wageningen Environmental Research
Wageningen, november 2023

Gereviewd door:

Gilian van Duijvendijk, onderzoeker Dierecologie, Wageningen Environmental Research

Akkoord voor publicatie:

Marion Kluivers-Poodt, teamleider Dierecologie

Rapport 3294

ISSN 1566-7197

De Groot, G.A., M. Laar, E.A. van der Grift, 2023. *Bronherkenning voor muskusratten op basis van ruimtelijke genetica; Een genetische kaart voor muskusratten in Noord-Nederland en een casestudie voor het detecteren van migratie in en naar Friesland*. Wageningen, Wageningen Environmental Research, Rapport 3294. 42 blz.; 12 fig.; 0 tab.; 14 ref.

De laatste jaren neemt het aantal muskusratten in Nederland significant af. In sommige provincies van Nederland, zoals Friesland, zijn grote delen van het landelijk gebied inmiddels 'muskusrat-vrij'. Dit maakt het mogelijk om de manier van bestrijden aan te passen: van vlakdekkende bestrijding naar bestrijding op specifieke plekken, gericht op het uitroeien van 'laatste' populaties en het voorkomen van herkolonisatie. Dit maakt het relevant om te kunnen achterhalen waar individuen die nog wel worden gevangen vandaan komen, om hier vervolgens de vanginspanningen op aan te passen. Het in dit rapport beschreven onderzoek, uitgevoerd als onderdeel van het LIFE MICA-project, richt zich op de ontwikkeling van een methode en referentiedataset voor genetische bronherkenning voor muskusratten, met de beheerregio Wetterskip Fryslân als casestudie.

After years of intensive eradication, the number of muskrats in The Netherlands has significantly declined in recent years and in parts of the country, such as the Province of Friesland, large rural areas are considered 'muskrat-free'. This allows a change in management, from a full spatial coverage of trapping activities towards an approach aiming at eradication of remaining populations and prevention of recolonisation. For such an approach it is relevant to study the origins of any individuals that are still being caught, so that catching activities can be targeted at closing off migration routes. This report presents the development of a method and reference dataset for genetic source tracking of muskrats, using the management region Wetterskip Fryslân as a case study.

Trefwoorden: muskusrat, genetica, DNA map, verwantschap, bronherkenning, bestrijding, migratieroute

Dit rapport is gratis te downloaden van <https://doi.org/10.18174/640045> of op www.wur.nl/environmental-research (ga naar 'Wageningen Environmental Research' in de grijze balk onderaan). Wageningen Environmental Research verstrekt geen gedrukte exemplaren van rapporten.

© 2023 Wageningen Environmental Research (instituut binnen de rechtspersoon Stichting Wageningen Research), Postbus 47, 6700 AA Wageningen, T 0317 48 07 00, www.wur.nl/environmental-research. Wageningen Environmental Research is onderdeel van Wageningen University & Research.

- Overname, verveelvoudiging of openbaarmaking van deze uitgave is toegestaan mits met duidelijke bronvermelding.
- Overname, verveelvoudiging of openbaarmaking is niet toegestaan voor commerciële doeleinden en/of geldelijk gewin.
- Overname, verveelvoudiging of openbaarmaking is niet toegestaan voor die gedeelten van deze uitgave waarvan duidelijk is dat de auteursrechten liggen bij derden en/of zijn voorbehouden.

Wageningen Environmental Research aanvaardt geen aansprakelijkheid voor eventuele schade voortvloeiend uit het gebruik van de resultaten van dit onderzoek of de toepassing van de adviezen.



Wageningen Environmental Research werkt sinds 2003 met een ISO 9001 gecertificeerd kwaliteitsmanagementsysteem. In 2006 heeft Wageningen Environmental Research een milieuzorgsysteem geïmplementeerd, gecertificeerd volgens de norm ISO 14001.

Wageningen Environmental Research geeft via ISO 26000 invulling aan haar maatschappelijke verantwoordelijkheid.

Wageningen Environmental Research Rapport 3294 | ISSN 1566-7197

Foto omslag: Een zwemmende muskusrat (*Ondatra zibethicus*). © Shutterstock; DarkSide

Inhoud

Verantwoording	5
Woord vooraf	7
Samenvatting	9
Summary	11
1 Inleiding	13
1.1 Muskusrat in Nederland	13
1.2 Muskusrat: leefgebied en migratie	13
1.3 Aanleiding onderzoek	14
1.4 EU-project LIFE MICA	14
1.5 DNA-mapping en genetische bronherkenning	14
1.6 Doel van het onderzoek	15
1.7 Onderzoeksvragen	15
2 Methode	16
2.1 Algemene onderzoeksopzet	16
2.2 Monsterverzameling en -selectie	16
2.3 Genetische analyse	18
2.3.1 DNA-extractie	18
2.3.2 Genotypering	18
2.4 Data-analyse	19
3 Resultaten	20
3.1 Ruimtelijke genetische structuur van muskusratten	20
3.1.1 Genetische patronen in de totale dataset	20
3.1.2 Genetische verschillen tussen mogelijke brongebieden rondom Friesland	22
3.2 Bronnen van Friese vangsten in 2017	24
3.3 Bronnen van Friese vangsten in 2020-2021	24
3.4 Bronnen van Friese vangsten in 2022-2023	28
4 Discussie	29
4.1 Sterke genetische verschillen tussen regio's	29
4.2 Bronnen van muskusratten in Friesland	29
4.3 Stapsgewijze migratie en lokale reproductie	30
4.4 Effectiviteit van de methodiek	31
5 Conclusies en aanbevelingen	32
5.1 Genetische analyse als methode voor het vaststellen van brongebieden en migratieroutes	32
5.2 Prioritering van vangstlocaties	32
5.3 Huidige prioriteiten voor bestrijding in Friesland	33
Dankwoord	35
Literatuur	36
Bijlage 1 Gedetailleerde verwantschappen ten opzichte van twee belangrijke bronregio's	37
Bijlage 2 Vangsten in aanvullend geplaatste vangmiddelen 2022-2023	39



Verantwoording

Rapport: 3294

Projectnummer: 5200045866

Wageningen Environmental Research (WENR) hecht grote waarde aan de kwaliteit van zijn eindproducten. Een review van de rapporten op wetenschappelijke kwaliteit door een referent maakt standaard onderdeel uit van ons kwaliteitsbeleid.

Akkoord referent die het rapport heeft beoordeeld,

functie: onderzoeker Dierecologie

naam: Gilian van Duijvendijk

datum: 20 september 2023

Akkoord teamleider voor de inhoud,

naam: Marion Kluivers-Poodt

datum: 2 november 2023

Woord vooraf

In 2019 hebben de waterschappen besloten om de muskusrat terug te dringen tot de landsgrens. In het onderzoek 'Toekomst van het muskusrattenbeheer in Nederland – De mogelijkheden onderzocht' (Bos & Gronouwe, 2018) dat daaraan ten grondslag lag, worden kansrijke innovaties genoemd om muskusratten bij lagere dichtheden te ontdekken. In het LIFE MICA-project is een aantal innovaties op praktijkschaal getest.

Dit rapport gaat over genetische methoden om de herkomst van dieren te herleiden en daarmee migratieroutes te identificeren. Net als voor andere innovaties in het LIFE MICA-project is Wetterskip Fryslân voor dit onderzoek als 'proefgebied' gekozen. Door de in omvang beperkte muskusratpopulatie en daardoor lage vangsten is dit gebied bij uitstek geschikt om muskusratten bij lagere dichtheden te ontdekken.

Dolf Moerkens, Unie van Waterschappen

Samenvatting

De muskusrat (*Ondatra zibethicus*) is een semi-aquatisch knaagdier en in Nederland een invasieve exoot die die zich sinds 1970 in rap tempo over ons land heeft verspreid. Sinds die tijd wordt de soort actief bestreden, door muskusratten te vangen en vervolgens te doden. Na jaren van uitbreiding neemt, als gevolg van (extra) inspanningen en een actieve vangststrategie van de waterschappen, het aantal muskusratten in Nederland weer significant af. In sommige provincies, zoals Friesland, zijn grote delen van het landelijk gebied inmiddels 'muskusrat-vrij'. Dit maakt het mogelijk om de manier van bestrijden aan te passen van vlakdekkende bestrijding van een grote populatie naar bestrijding op specifieke plekken, gericht op het uitroeien van 'laatste' populaties en het voorkomen van herkolonisatie van de leeg gevangen gebieden. Voor dat doeleinde is het waardevol om te kunnen bepalen waar de individuen die nog wel worden gevangen vandaan kwamen.

Het onderzoek dat in dit rapport wordt gepresenteerd, richt zich op een methodiek voor deze bronherkenning, als een van meerdere methoden die zijn getest binnen het EU-project LIFE MICA om de bestrijding van muskusratten verder te optimaliseren. Gekozen is voor een aanpak op basis van genetische analyse. Daarbij worden allereerst de ruimtelijke genetische patronen in een breed gebied in kaart gebracht, om na te gaan of muskusratten in verschillende gebieden inderdaad een verschillende genetische samenstelling vertonen. Zo ja, dan kan deze genetische kaart worden benut als referentiecollectie voor het herleiden van de meest waarschijnlijke bron van nieuw gevangen individuen van onbekende oorsprong. Binnen LIFE MICA is een casestudie uitgevoerd met deze methode, met de beheerregio Wetterskip Fryslân (hier verder aangeduid als Friesland) als proefgebied. Hiervoor is gebruikgemaakt van een relatief nieuwe methode voor het vaststellen van genetische profielen op basis van vele duizenden zogenaamde 'single nucleotide polymorphisms' oftewel SNP's: posities verspreid over het muskusratgenoom waarvan bekend is dat één letter in de exacte DNA-code verschilt tussen individuen.

In de periode 2020-2021 zijn, met hulp van een groot aantal muskusrattenbestrijders in diverse beheerregio's, allereerst monsters verzameld uit diverse mogelijke brongebieden rondom Friesland. Dit betrof in totaal ruim 350 monsters uit de beheerregio's Noorderzijlvest, Drents-Overijsselse Delta, Zuiderzeeland en Noord-Holland-Noord. Daarnaast zijn enkele monsters verkregen uit verder weg gelegen gebieden in Nederland (Gelderse Poort en Tiengemetten) en gebieden in buurlanden (Vlaanderen en Nedersachsen) om de waargenomen variatie in Noord-Nederland in een bredere context te plaatsen. Voor elk monster is een genetisch profiel opgesteld en de verschillen tussen deze profielen zijn vervolgens vergeleken. Hieruit bleek dat de onderlinge verschillen inderdaad een ruimtelijk patroon laten zien: hoe verder de vangstlocaties van twee individuen van elkaar lagen, hoe groter hun genetische verschil. Op basis hiervan waren de verschillende mogelijke brongebieden (beheerregio's) in te delen in genetische clusters, die langzaam in elkaar overvloeiden voor individuen bemonsterd in het grensgebied tussen twee gebieden. Binnen de meeste gebieden was ook op zeer lokaal niveau een substructuur zichtbaar. Zo waren individuen uit de Wieden-Weerribben duidelijk te onderscheiden van individuen uit Noord-Drenthe. Binnen Noorderzijlvest was een dergelijke substructuur niet aanwezig, wat erop duidt dat hier meer genetische uitwisseling plaatsvindt tussen individuen uit verschillende deelgebieden. Al met al kon echter worden geconcludeerd dat de verkregen referentiecollectie zeer goed bruikbaar was voor genetische bronherkenning.

Vervolgens is een dergelijke bronherkenning uitgevoerd voor in totaal 247 monsters van muskusratten uit Friesland, verzameld in drie verschillende tijdsperioden: 2017 (23 monsters), 2020-2021 (124 monsters) en 2022-2023 (100 monsters). De resultaten bleken op hoofdlijnen voor alle drie perioden zeer vergelijkbaar: de meeste individuen kwamen genetisch het meest overeen met muskusratten uit Noorderzijlvest, waarmee deze beheerregio als voornaamste brongebied kon worden aangewezen. Een kleiner, maar toch nog aanzienlijk aantal individuen kon worden herleid tot de Wieden-Weerribben. Een enkeling bleek afkomstig uit de Noordoostpolder of Noord-Drenthe. Op basis van de huidige monsterset uit de periode 2017-2023 is geen bewijs gevonden voor immigratie naar Friesland vanuit Noord-Holland. Ook lijkt het onwaarschijnlijk dat nieuwe aanwas in de hier onderzochte tijdsperiode nog het gevolg was van reproductie vanuit de originele

muskusrattenpopulatie in Friesland. Deze lijkt volledig te wijten aan vrij recente immigratie uit de bovengenoemde aangrenzende beheerregio's. Dat wil echter niet zeggen dat alle in Friesland aangetroffen individuen rechtstreekse immigranten zijn. Deels leek sprake van stapsgewijze migratie richting Midden-Friesland over enkele generaties, waarbij in beperkte mate ook bewijs is gevonden voor nakomelingen van gemengde oorsprong, dus met voorouders afkomstig uit verschillende brongebieden buiten Friesland.

De genetische patronen duiden erop dat, hoewel muskusratten waar nodig een stukje afsnijden via het land, grotere waterwegen de voornaamste migratieroutes vormen. Op basis hiervan konden enkele waterwegen worden aangewezen in Noordoost-Friesland en Zuid-Friesland (meest urgent) en Zuidoost-Friesland (iets minder urgent) waarlangs zeer waarschijnlijk immigratie optreedt en extra vangtinstellingen dus gewenst zijn. Extra vangmiddelen in Noordoost-Friesland, geplaatst in 2022 op basis van een tussenrapportage van de genetische bronherkenning voor individuen bemonsterd in de eerste twee tijdsperiodes, leverden inderdaad vooral aanvullende vangsten op langs enkele grote waterwegen, zoals het Dokkumerdiep. Hoewel een vergelijking van vangsten per uurhok voor en na de gerichte plaatsing van extra vangmiddelen erop lijkt te wijzen dat het aantal vangsten in Midden- en Noord-Friesland is afgenomen, kon op basis van de huidige onderzoeksopzet niet volledig hard worden gemaakt dat dit te danken was aan de aanpassingen op basis van de genetische resultaten.



Foto 1 Een muskusrat langs de waterkant. © Shutterstock - Anton MirMar.

Summary

The muskrat (*Ondatra zibethicus*) is a semi-aquatic rodent occurring in the Netherlands as an invasive species. Since about 1970 the species rapidly spread across the country and since that time an eradication strategy has been implemented. After years of population expansion, the efforts of the waterboards to eradicate the species now seem to have a clear effect: the number of muskrats has significantly declined. In some parts of the country, such as the province of Friesland, large rural areas are now 'muskrat-free'. This allowed a shift in management strategy, from a spatially covering network of catching activities to focused intensive catching at hotspot locations, aiming at the removal of the last groups of individuals and prevention of recolonization of empty areas. To strengthen that new strategy, it is relevant to know where any individuals that are being caught originated.

The research described in this report aims to test a methodology for source tracking of muskrat individuals, as part of a suite of innovations developed in EU-project LIFE MICA. We aimed at an approach based on genetic analysis, in which first spatial genetic structure in a broader region is being investigated to check if muskrats living at different locations do indeed show differences in genetic composition. If so, this genetic baseline map can be used as a reference to match genetic profiles of newly caught individuals against, in order to decide on a most likely source area. In LIFE MICA, a pilot study was set up to test this method, using the muskrat management region "Wetterskip Fryslân" (here referred to as 'Friesland') as study area.

For that purpose, we implemented a relatively new genotyping method (i.e., a method to derive a unique genetic profile per individual) based on so-called 'single nucleotide polymorphisms (SNP's): positions across the muskrat genome of which we know that a single letter of the DNA code shows differences between individuals.

From February 1st 2020 to February 1st 2021, over 350 tissue samples were collected of muskrats from the following management regions surrounding Friesland: Noorderzijlvest, Drents-Overijsselse Delta, Zuiderzeeland and Noord-Holland Noord. Additionally, samples were obtained from areas further south in the Netherlands (Gelderse Poort, Tiengemeten) and neighboring countries (Flanders, Niedersachsen) to place the observed variation in the north of the Netherlands in a wider context. Per sample, a genetic profile was determined and profiles were then compared statistically to analyze spatial genetic structure. Such structure was clearly observed: larger geographic differences between pairs of individuals correlated with larger genetic differences. Potential source areas (the above mentioned management regions) could be recognized in the dataset as different genetic clusters. Substructure was, in most cases, also present within such areas, with individuals caught in a border area showing a relatively higher genetic relatedness to muskrats from the neighboring area, and in some cases clear genetic differences between individuals from different river catchments within a management area (e.g. the Wieden-Weerribben nature area in Overijssel versus canals in the north of Drenthe). No substructure could be detected within Noorderzijlvest, indicating a relatively high migration (and thus genetic exchange) between individuals from different parts of this region, likely due to the extensive network of waterways present here. Yet, in conclusion, the developed reference collection showed a high potential for genetic source tracking.

We then determined the most likely region of origin for a total of 247 samples of muskrats caught within Friesland, collected in three different time periods: 2017 (23 samples), 2020-2021 (124 samples) and 2022-2023 (100 samples). Overall results were similar for all three periods: most individuals showed a match with Noorderzijlvest, indicating this neighbouring region as the most important source of muskrats in Friesland. A smaller but substantial number of individuals was assigned to the Wieden-Weerribben. A few individuals were assigned to either the Noordoostpolder or northern Drenthe. Based on the current sample set from 2017-2023, we found no evidence for immigration from Noord-Holland. Furthermore, it seems unlikely that reproduction from a historical Frisian muskrat population is a relevant source of population extension. Newly caught individuals all could be linked to immigration from neighboring management regions. Yet, that doesn't mean that all these individuals were direct immigrants themselves. Genetic

patterns indicated a stepwise migration towards central Friesland over the course of a few generations, thus implying at least some local reproduction of muskrats within the province. In a few cases, we found evidence for offspring of mixed origin, i.e. resulting from breeding between muskrats from different source areas outside Friesland.

Our results indicate that, while muskrats may sometimes cross a land bridge, larger waterways must be seen as primary migration routes. Based on this assumption, a number of waterways in northeastern and southern Friesland were selected as priority for additional catching efforts and a number of waterways in southeastern Friesland as a secondary priority. Additional equipment placed in northeastern Friesland in 2022, based on genetic results shared for the first two time periods, indeed resulted in extra catches along some of these primary waterways, such as the Dokkumerdiep. While a comparison of catches per 5x5km before and after placement of this extra equipment indicates a reduction of catches in central and northern Friesland, the current study was not designed to conclusively attribute this to the management changes implemented. Nevertheless, source tracking proved of clear help for managers involved in muskrat eradication in Friesland.

1 Inleiding

1.1 Muskusrat in Nederland

De muskusrat (*Ondatra zibethicus*) is een middelgroot semi-aquatisch knaagdier afkomstig uit Noord-Amerika. De soort is in het begin van de 20^e eeuw in Europa geïntroduceerd (pelsdierhouderijen) en is al snel een invasieve soort geworden in Noordwest-Europa. Sinds 2017 staat de muskusrat op de lijst van invasieve uitheemse soorten die zorgwekkend zijn voor de Europese Unie (Unielijst). Dit impliceert dat deze soort niet in de Europese Unie mag worden geïmporteerd, gekweekt, getransporteerd, gecommercialiseerd of opzettelijk in het milieu mag worden vrijgelaten.

De muskusrat bereikte Nederland in het begin van de jaren veertig van de vorige eeuw, waarschijnlijk vanuit België (Barends, 2016). Eind jaren zestig bereikten muskusratten ook vanuit Duitsland ons land. In de periode 1970-2012 raakte de soort over het gehele land verspreid, met uitzondering van de duinen en enkele hoge, droge gebieden in het binnenland zoals de Veluwe (Barends, 2016). De aantallen namen snel toe, zoals ook blijkt uit het aantal dieren dat jaarlijks werd gevangen: bijna 300.000 dieren in 1987 en meer dan 400.000 dieren in 2003 (Anoniem, 2012). Sinds zijn komst wordt de soort in Nederland actief bestreden, omdat het dier oevers, dijken en andere waterkeringen beschadigt door het graven van holen en gangen en van negatieve invloed kan zijn op de lokale biodiversiteit. Deze bestrijding bestaat uit het vangen en doden van de dieren in een poging de populatie onder controle te houden.

1.2 Muskusrat: leefgebied en migratie

De muskusrat leeft in waterrijke gebieden met rivieren, beken, kanalen, sloten, meren, venen en/of moerassen. Hij verspreidt zich vooral via waterwegen. Het leefgebied is vaak langgerekt, gekoppeld aan het traject van waterwegen. Ahlers et al. (2010) stelden vast dat de dieren in agrarisch gebied vooral lineaire leefgebieden vormden – bestaande uit oevers – en gronden op enige afstand van watergangen, zoals landbouwpercelen, nauwelijks bezochten. Dit betekent niet dat muskusratten niet in staat zijn om zich over land te verspreiden, bijvoorbeeld om een ander stroomgebied te bereiken. Laurence et al. (2013) vonden in Ontario (Canada) geen genetisch verschil tussen populaties in drie verschillende stroomgebieden binnen een gebied van circa 25x25 km. Zij lieten zien dat open (niet-agrarische) landschappen, bossen en stedelijke gebieden de uitwisseling van genen wel beperken, maar niet zodanig sterk verminderen dat genetische differentiatie optreedt. Verkeerswegen leken daarnaast de genetische uitwisseling juist te bevorderen, mogelijk omdat de berm, bermsloten en duikers als corridors worden gebruikt. Morehouse (2022) vond juist wel genetische verschillen (en dus een aanwijzing voor erg beperkte uitwisseling) tussen populaties in vijf verschillende stroomgebieden verspreid over North Dakota (USA), een sterk door agrarisch landgebruik gedomineerd gebied. Bewegingen van muskusratten lijken dan ook (mede) afhankelijk van zowel de kenmerken van het landschap als het schaalniveau waarop wordt gekeken.

In Nederland is nauwelijks onderzoek uitgevoerd naar de dispersiecapaciteit van de muskusrat. Ook buiten Nederland is het aantal studies beperkt en zijn het vooral studies uit de jaren zestig van de vorige eeuw die hier enig licht op werpen. Zo stelde Artimo (1960) vast dat muskusratten in Finland afstanden aflegden van 4 tot 120 km per jaar. De meeste dieren bewogen zich echter niet verder dan 10-20 km. Errington (1963) vond dat de door muskusratten afgelegde afstanden in verschillende delen van Scandinavië varieerden van 30 m tot 5 km, maar het merendeel van de individuen zich niet verder verspreidde dan 100 m. Deze auteur stelt echter ook dat de soort wel het vermogen heeft om grote afstanden af te leggen – tot 34 km –, bijvoorbeeld als reactie op droogte of een (te) hoge populatiedichtheid. Uit deze studies wordt duidelijk dat de muskusrat meestal hoogstens enkele kilometers aflegt, maar een individu incidenteel veel grotere afstanden kan afleggen en als gevolg daarvan gebieden kan (her)koloniseren.

1.3 Aanleiding onderzoek

De laatste jaren neemt het aantal muskusratten in ons land significant af. Dit is een gevolg van (extra) inspanningen en een actieve vangststrategie van de waterschappen, die verantwoordelijk zijn voor de bestrijding. De daling in de populatie wordt weerspiegeld in het afnemende aantal gevangen dieren: circa 50.000, 48.000 en 45.000 in respectievelijk 2019, 2020 en 2021 (Anoniem, 2022). In sommige provincies, zoals Friesland, zijn grote delen van het landelijk gebied inmiddels 'muskusrat-vrij'. Dit maakt het mogelijk om de manier van bestrijden aan te passen van vlakdekkende bestrijding van een grote populatie naar bestrijding op specifieke plekken, gericht op het uitroeien van 'laatste' populaties en het voorkomen van herkolonisatie van de leeg gevangen gebieden. Voor dat doeleinde is het waardevol om te kunnen bepalen waar de individuen die nog wel worden gevangen vandaan kwamen. Het onderzoek dat in dit rapport wordt gepresenteerd, richt zich op een methodiek voor deze bronherkenning, als een van meerdere methoden om de bestrijding van muskusratten verder te optimaliseren.

1.4 EU-project LIFE MICA

In 2020 is het EU-project *LIFE MICA* gestart, dat zich richt op de optimalisatie van bestrijdingsmaatregelen voor twee invasieve soorten, de muskusrat en de beverrat (*Myocastor coypus*; ook wel coypu genoemd). De Nederlandse partners in het project zijn de Unie van Waterschappen, Waterschap Rivierenland en de Universiteit van Amsterdam. Daarnaast nemen partners uit Duitsland (Landwirtschaftskammer Niedersachsen, University of Veterinary Medicine Hannover) en België (Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek, De Vlaamse Milieumaatschappij (INBO)) deel aan het project (zie: <https://lifemica.nl>). Het LIFE MICA-project heeft als doel technieken te ontwikkelen waarmee de populatieomvang van genoemde soorten op een kostenefficiënte wijze tot een beheersbaar niveau kan worden teruggebracht of op dat niveau kan worden gehouden, waarbij schade aan waterwegen en ecosystemen wordt voorkomen. Onderdeel van het project zijn pilots met een vijftal innovatieve technieken: (1) vangkooien die zijn uitgerust met cameravallen die beeldherkenning mogelijk maken en daarmee het aantal bijvangsten kunnen terugdringen; detectie van de twee invasieve soorten in het landschap met behulp van (2) wildcamera's en (3) eDNA uit watermonsters, zodat relatief snel en eenvoudig kan worden vastgesteld of een soort in een gebied voorkomt en waar; (4) een registratie-dashboard dat alle waarnemingen en vangsten in Nederland, Duitsland en Vlaanderen overzichtelijk weergeeft en zo zorgt dat iedereen continu van de actueelste cijfers gebruik kan maken en (5) bronherkenning voor muskusratten op basis van ruimtelijke genetische patronen op basis van een nieuw te ontwikkelen genetische referentiekaart, in het project ook wel 'DNA-mapping' genoemd.

1.5 DNA-mapping en genetische bronherkenning

Als casestudie voor een genetische bronherkenning voor muskusratten is de beheerregio Friesland gekozen. In deze regio is de populatie muskusratten de afgelopen jaren sterk teruggedrongen en is de ambitie de muskusrat geheel uit te roeien. Dit vergt echter een zo gericht mogelijke inzet van de beschikbare vangmiddelen, waarvoor het belangrijk is om te weten waar de dieren die nu nog opduiken vandaan komen. Een belangrijke vraag daarbij is in welke mate sprake is van immigratie vanuit omliggende gebieden of van reproductie vanuit Friese individuen die over het hoofd zijn gezien. Dat bepaalt of primair moet worden ingezet op vangst langs de provinciegrens of dat de vangcapaciteit meer gelijkmatig moet worden verdeeld over de hele regio. Indien sprake is van immigratie is het relevant om te weten uit welke brongebieden (zoals een aangrenzende beheerregio) dieren de provincie binnenkomen en idealiter ook langs welke routes dit gebeurt. Indien een groot deel van de dieren langs een en dezelfde route binnenkomt, heeft deze locatie prioriteit voor vanginspanningen.

DNA-analyse kan helpen om de oorsprong van muskusratten te bepalen. Daartoe wordt een muskusrat genetisch gekarakteriseerd, oftewel er wordt een uniek individueel genetisch 'profiel' bepaald, dat vervolgens wordt vergeleken met een referentiecollectie van profielen van muskusratten uit diverse mogelijke brongebieden. Op die manier kan worden bepaald bij welke populatie het DNA van deze muskusrat het best aansluit. Deze populatie kan dan als de meest waarschijnlijke bron worden gezien, onder de aanname dat

alle mogelijke bronnen in de referentiecollectie waren opgenomen en dat zij genetisch gezien voldoende van elkaar verschillen. Kortom: er moeten voldoende ruimtelijke verschillen in genetische samenstelling aanwezig zijn. Toepassing van deze methode vereist dus een referentiecollectie met een goede ruimtelijke dekking in het hele gebied van waaruit muskusratten zouden kunnen zijn gekomen. Zo'n collectie wordt ook wel een genetische kaart genoemd.

Deze rapportage heeft betrekking op het onderdeel DNA-mapping, dat door LIFE MICA-partner Unie van Waterschappen (UvW) is uitbesteed aan het Laboratorium voor Ecologische Genetica van Wageningen Environmental Research (WENR).

1.6 Doel van het onderzoek

Het doel van dit onderzoek is tweeledig. Een eerste doel is het vervaardigen van een genetische kaart ('DNA map') voor de muskusrat in Noord-Nederland. Deze kaart moet inzicht geven in de ligging van diverse (deel)populaties in genoemd studiegebied op basis van verschillen in genetische samenstelling tussen de (deel)populaties. Een tweede doel is om vervolgens op basis van deze kaart 'bronpopulaties' te achterhalen voor muskusratten die in Friesland gevangen zijn – we noemen dit genetische bronherkenning – en daarmee, indien sprake is van een bron buiten Friesland, de immigratieroutes te herleiden. Inzicht in dergelijke migratieroutes maakt het mogelijk om vangmiddelen gericht in te zetten en zodoende vanginspanningen te beperken.

1.7 Onderzoeksvragen

Op basis van deze doelstellingen richtten we ons in dit onderzoek op de volgende vragen:

1. In welke mate is onder muskusratten in Noord-Nederland sprake van ruimtelijke verschillen in genetische samenstelling?
2. In hoeverre kan de meest waarschijnlijke herkomst van een individuele muskusrat in Friesland worden achterhaald op basis van diens DNA?
 - a. In hoeverre is sprake van immigratie van muskusratten uit aangrenzende beheerregio's, en welke regio's vormen hierbij de belangrijkste bronnen?
 - b. In hoeverre is sprake van lokale reproductie binnen Friesland?
 - c. In hoeverre verschillen deze bronnen tussen vangsten in verschillende delen van Friesland?

2 Methode

2.1 Algemene onderzoekopzet

Het onderzoek bestond uit een genoom-brede analyse van een groot aantal weefselmonsters van muskusratten uit Noord-Nederland en een vergelijking van hun onderlinge verschillen in genetische samenstelling. Globaal bestond het onderzoek uit twee stappen:

1. Allereerst is, op basis van monsters met een brede ruimtelijke spreiding in Noord-Nederland, een basiskaart ontwikkeld die de ruimtelijke genetische verschillen weergeeft tussen individuen uit verschillende gebieden. Een dergelijke basiskaart is onmisbaar als referentie om in een later stadium nieuwe individuen aan een bepaalde bronregio toe te wijzen. Tevens geeft het een eerste indruk van de haalbaarheid daarvan op verschillende schaalniveaus. Zo kan bijvoorbeeld worden gekeken of individuen uit verschillende beheerregio's van elkaar te onderscheiden zijn, maar ook in hoeverre op meer lokaal niveau individuen uit bijvoorbeeld verschillende stroomgebieden van elkaar verschillen.
2. De ontwikkelde kaart is vervolgens als basis gebruikt voor bronherkenning van muskusratten verzameld in Friesland gedurende drie verschillende tijdsperiodes. Bronherkenning op muskusratten uit de eerste twee tijdsperiodes vond plaats in een eerste analyseronde, waarvan de resultaten in een tussenrapportage zijn gedeeld met de bestrijders. Deze informatie is gebruikt voor aanpassing van de vangstinspanning. De derde tijdsperiode startte na deze aanpassing en monsters verzameld in deze periode zijn verwerkt in een tweede analyseronde.

2.2 Monsterverzameling en -selectie

Bemonstering van DNA vond uitsluitend plaats bij muskusratten die reeds dood waren aangetroffen in vangmiddelen, ingezet binnen de reguliere muskusrattenbestrijding. Onder leiding van de UvW zijn hiertoe per beheerregio afspraken gemaakt met de muskusrattenbestrijders. Zij zijn middels een vooraf afgestemd protocol en video geïnstrueerd hoe DNA moest worden afgenomen.

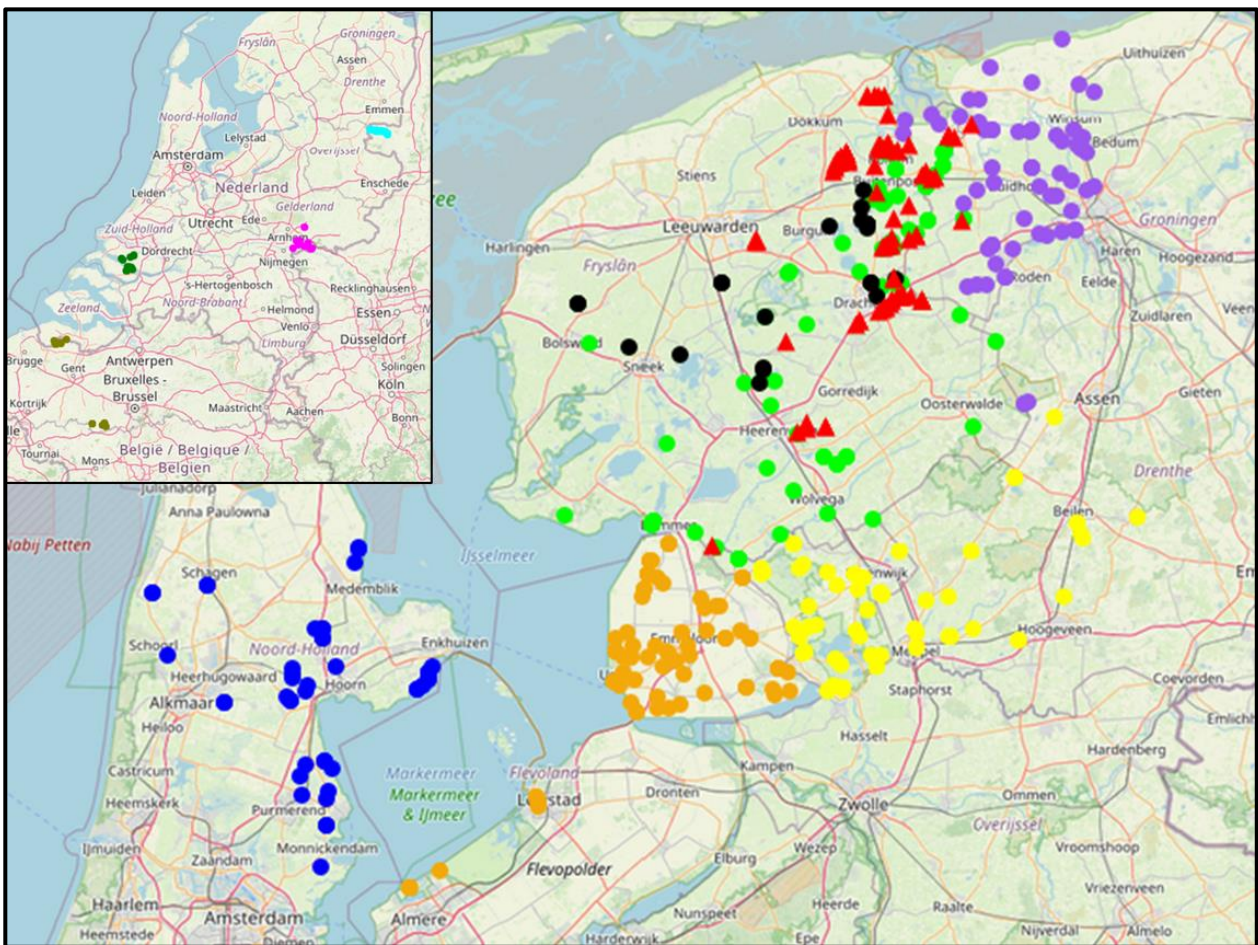
Afname van weefsel-DNA vond plaats door een klein stukje van het uiteinde van de staart af te knippen en in een monsterpotje met ethanol te stoppen. Hiertoe zijn door WENR vooraf monsterpotjes verstrekt, elk reeds voorzien van ethanol en een unieke monstercode. Verzamelde monsters zijn door de bestrijder in de vriezer opgeslagen en periodiek per batch naar WENR verzonden voor opslag in een vriezer (-20°C) tot aan de start van de genetische analyse. Door de UvW is voorzien in een aanpassing van het reeds bestaande digitale registratiesysteem voor muskusratvangsten (trAPP), waarbij een invulveld is toegevoegd voor het noteren van de monstercode. Op deze manier kon elk verzameld monster gemakkelijk worden gekoppeld aan relevante metadata, zoals gps-locatie, datum, geslacht en leeftijd.

Om monsters te vergaren met een zo goed mogelijke ruimtelijke dekking en de kans op eerstelijns verwantschap tussen bemonsterde individuen zo klein mogelijk te maken, zijn de volgende richtlijnen verstrekt:

- In Friesland is gestreefd naar bemonstering van individuen in alle bewoonde uurhokken (5x5 km).
- In de aangrenzende beheerregio's is gestreefd naar bemonstering van individuen in alle bewoonde uurhokken binnen 20 km van de grens met Friesland.
- Per uurhok zijn monsters verzameld, totdat 1 adulte man, 1 adulte vrouw en 1 juveniel (man of vrouw) was bemonsterd.
- Per uurhok waren deze individuen idealiter afkomstig van verschillende vangplekken. Bemonstering van zowel een juveniel als een adult of meerdere juvenielen op dezelfde vangplek, is zo veel mogelijk vermeden.

Een overzicht van de ruimtelijke verspreiding van alle bemonsterde individuen is weergegeven in Figuur 1. De in deze figuur gebruikte kleuren per deelgebied zijn in de rest van de rapportage gehanteerd.

In de periode februari 2020 tot februari 2021 zijn in totaal 366 monsters verzameld ten behoeve van een genetische basiskaart. De meerderheid van deze monsters kwam uit de mogelijke brongebieden rond Friesland. Aangeduid middels de naam van de beheerregio's betreft dit van noordoost naar zuidwest: Noorderzijlvest, Drents-Overijsselse Delta, Zuiderzeeland en Noord-Holland. Uiteindelijk is in Noord-Nederland een goede ruimtelijke dekking verkregen van de door muskusratten bewoonde gebieden (Figuur 1). Gaten in de dekking per regio zijn dus te verklaren doordat in deze deelgebieden überhaupt weinig tot geen muskusratten aanwezig zijn. Dit geldt bijvoorbeeld voor het noordwesten van Drenthe (Drents-Friese Wold). Daarnaast zijn in 2021 ook monsters verzameld in enkele regio's buiten Noord-Nederland, met als doel de totale variatie in de basiscollectie van brongebieden op waarde te kunnen schatten. Dit betrof monsters uit achtereenvolgens Rivierenland (Gelderse Poort), Tiengemeten, Vlaanderen (twee verschillende stroomgebieden: nabij de grens met Zeeuws-Vlaanderen en ten oosten van Geraardsbergen) en Niedersachsen (langs de Vechte, vanaf de Nederlandse grens (Laar) tot aan Hoogstede).



Figuur 1 Ruimtelijke spreiding van de verkregen monsters in het primaire studiegebied in Noord-Nederland (Friesland en mogelijke brongebieden) en in andere gebieden uit het Life MICA-project (inzet linksboven). Grenzen en namen van de onderscheiden brongebieden volgen de voor muskusratten gehanteerde beheerregio's. **Zwart** = Friesland 2017, **Groen** = Friesland 2020-2021, **Rood** = Friesland 2022-2023, **Paars** = Noorderzijlvest, **Geel** = Drents-Overijsselse Delta, **Oranje** = Zuiderzeeland, **Donkerblauw** = Noord-Holland, **Donkergroen** = Tiengemeten, **Roze** = Rivierenland (Gelderse Poort), **Bruin** = Vlaanderen (BE), **Mint** = Niedersachsen (DL).

Monsters uit de beheerregio 'Wetterskip Fryslân', in dit rapport verder aangeduid als 'Friesland', zijn verzameld in drie verschillende tijdsperioden. Ten eerste was reeds een kleine set van 23 monsters beschikbaar die al in 2017 waren verzameld ten behoeve van een pilotstudie naar genetische variatie bij muskusratten in Nederland (De Groot & Bos, 2018). Deze monsters waren afkomstig uit het midden en oosten van Friesland (Figuur 1). In de periode 2020-2021 zijn binnen Friesland in totaal 124 muskusratten bemonsterd. Deze monsters kwamen uit verschillende delen van de provincie, met uitzondering van het noordwesten en noorden (Figuur 1). Van februari 2022 tot februari 2023 zijn opnieuw 100 muskusratten bemonsterd in Friesland. In deze periode lag het accent van de vangsten in het noordoosten van de provincie, hoewel ook enkele individuen zijn bemonsterd in het midden van de provincie (tussen Leeuwarden en Heerenveen).

2.3 Genetische analyse

2.3.1 DNA-extractie

Van de 490 weefselmonsters die in 2021 zijn geanalyseerd, is DNA geëxtraheerd middels de commercieel verkrijgbare NucleoSpin 96 Tissue-extractiekit (Machery-Nagel BV), volgens het protocol zoals door de fabrikant aangeleverd. Middels deze kit kunnen 96 monsters gelijktijdig worden verwerkt. Voor DNA-extractie uit de kleinere set van 100 monsters geanalyseerd in 2023, is gebruikgemaakt van de DNeasy Blood & Tissue Kit (Qiagen). Middels deze kit zijn monsters verwerkt in series van 24 stuks, maar met een iets hogere opbrengst in hoeveelheid DNA. Beide methoden leveren valide DNA-extracten op voor toepassing in de hieronder beschreven vervolgstappen.

2.3.2 Genotypering

Vervolgens is per monster een genetisch profiel vastgesteld op basis van zogenaamde SNP genotypering. Hierbij is per monster gekeken naar duizenden posities verspreid over het muskusrat-genoom waarvan we weten dat de exacte DNA-code kan variëren tussen individuen. Bij SNP-genotypering betreft dit posities waar slechts een enkele letter in de code (een nucleotide) variatie vertoont (een zogenaamd 'Single Nucleotide Polymorphism', oftewel SNP).

Er bestaan diverse methoden voor het vinden van zulke SNP-posities en het vaststellen van de code per positie per individu. In het huidige onderzoek is gebruikgemaakt van de relatief nieuwe 'Mobiseq'-methode (Rey-Iglesia et al., 2018). Hierbij is eerst binnen het genoom van de doelsoort (de muskusrat) gezocht naar zogenaamde transposons: mobiele stukjes DNA die zich op een groot aantal locaties in het genoom herhalen. Het voordeel van deze stukjes is dat er relatief weinig mutaties optreden en ze dus onderling sterk op elkaar lijken. Daardoor kan een klein aantal merkers worden ontwikkeld dat op al deze transposons aangrijpt en daar als startpunt dienen om de code te bepalen van de (meer variabele) aangrenzende regio. Op deze manier is op een heel efficiënte manier de variatie te onderzoeken van een groot aantal posities verspreid over het hele muskusrat-genoom. Het voordeel van deze methode ten opzichte van andere SNP genotypering-methoden is dat de kans op resultaat per positie per monster groter is, waardoor er tussen monsters een betere overlap is in de posities waarvoor data zijn verkregen. Dit is vooral belangrijk bij analyses waarbij de genetische samenstelling tussen monsters uit verschillende gebieden en perioden wordt vergeleken, zoals in het huidige onderzoek het geval is. Daarnaast is de methode beter geschikt voor monsters met een wat lagere DNA-kwaliteit, wat het haalbaarder maakt om in de toekomst waar nodig dezelfde analyses ook toe te passen op andere monstertypen (zoals eDNA uit keutels of watermonsters) en de resultaten te vergelijken met de huidige analyses uit dit rapport. Ten slotte is de Mobiseq-methode goed toepasbaar voor onderzoeksoorten waarvoor nog maar weinig tot geen referentie-genomen beschikbaar zijn, zoals voor de muskusrat het geval bleek.

Binnen het huidige onderzoek is de Mobiseq-analyse uitgevoerd door AllGenetics (A Coruna, Spanje). WENR ontving vervolgens de ruwe resultaten (SNP-scores per positie per monster) voor verdere data-analyse.

2.4 Data-analyse

Hoewel in 2022 in een tussenrapportage (De Groot et al., 2022) al is gerapporteerd over de resultaten, verkregen voor monsters verzameld in 2020-2021, zijn ten behoeve van de huidige eindrapportage de ruwe data voor deze monsters samengevoegd met de ruwe data voor monsters uit 2022-2023, zodat de data voor alle monsters op uniforme wijze konden worden geanalyseerd. De in dit rapport gepresenteerde resultaten zijn gebaseerd op deze nieuwe totaalanalyse. Voor de monsters uit 2020-2021 leverde dit geen afwijkende resultaten op ten opzichte van genoemde tussenrapportage.

De data-analyse bestond allereerst uit een kwaliteitscheck en -filter via het softwarepakket PLINK (versie 1.9; Purcell et al., 2007), waarbij eerst alle SNP-posities zijn verwijderd die voor meer dan 10% van de monsters geen resultaat hadden opgeleverd en vervolgens alle monsters zijn verwijderd die voor meer dan 10% van de SNP-posities geen resultaat hadden opgeleverd. Op deze manier ontstaat een robuuste dataset met zo min mogelijk risico op artefacten in de ruimtelijke genetische patronen. Deze dataset omvatte uiteindelijk 537 monsters, met elk scores voor 7.680 SNP-posities. Deze 7.680 scores samen vormen per monster een genetisch profiel dat voor elke individuele muskusrat uniek is.

Deze dataset is vervolgens gebruikt voor analyse van de ruimtelijke, genetische patronen. Om meer inzicht te krijgen in de verschillen in genetische samenstelling tussen en binnen brongebieden, is allereerst gebruikgemaakt van een zogenaamde PCA-analyse. PCA (Principal Component Analysis) is een multivariate analysetechniek, die probeert om de verschillen tussen individuen in een groot aantal eigenschappen (de scores per SNP-positie) samen te vatten in enkele nieuwe variabelen. De variatie tussen individuen voor deze variabelen is dan te plotten in een assenstelsel waarbij elk individu middels een stip wordt aangegeven. Hoe groter de afstand in de grafiek tussen twee individuen, hoe minder ze op elkaar lijken. Door dieren die in verschillende gebieden zijn bemonsterd een verschillende kleur te geven, wordt snel duidelijk in de grafiek in hoeverre dieren uit verschillende gebieden genetisch van elkaar te onderscheiden zijn. Ook kan in meer detail worden gekeken of dieren die relatief dicht bij elkaar zijn bemonsterd, ook dicht bij elkaar staan in de PCA en dus genetisch inderdaad relatief sterk op elkaar lijken.

Hoewel een PCA goed inzicht geeft in patronen van verwantschap, is deze methode minder geschikt als formele toets voor de toewijzing van een individu aan een populatie van herkomst. Meer gebruikelijk daarvoor zijn zogenoemde 'assignment tests' op basis van Bayesiaanse clustering-algoritmes. Voor de in Friesland bemonsterde individuen is daarom een dergelijke test uitgevoerd via het programma ADMIXTURE (versie 1.3.0; Alexander et al., 2009). Deze methode vergelijkt allereerst de genetische samenstelling van een referentieset van genetische profielen van mogelijke bronpopulaties en gebruikt deze kennis vervolgens om voor een nieuw individu te berekenen met welke populatie(s) deze het meest overeenkomt. Dit resulteert per individu in een percentage toewijzing aan elke populatie in de referentieset, waarbij deze percentages optellen tot 100%. Deze toewijzingen zijn vervolgens per individu in een gestapeld staafdiagram weergegeven.

Zowel de PCA als de toewijzing via ADMIXTURE is voor drie subsets van de data uitgevoerd, waarbij telkens een andere set Friese individuen (bemonsterd in respectievelijk 2017, 2020-2021 en 2022-2023) is vergeleken met vier mogelijke brongebieden: Noord-Holland, Zuiderzeeland, Drents-Overijsselse Delta en Noorderzijlvest.

3 Resultaten

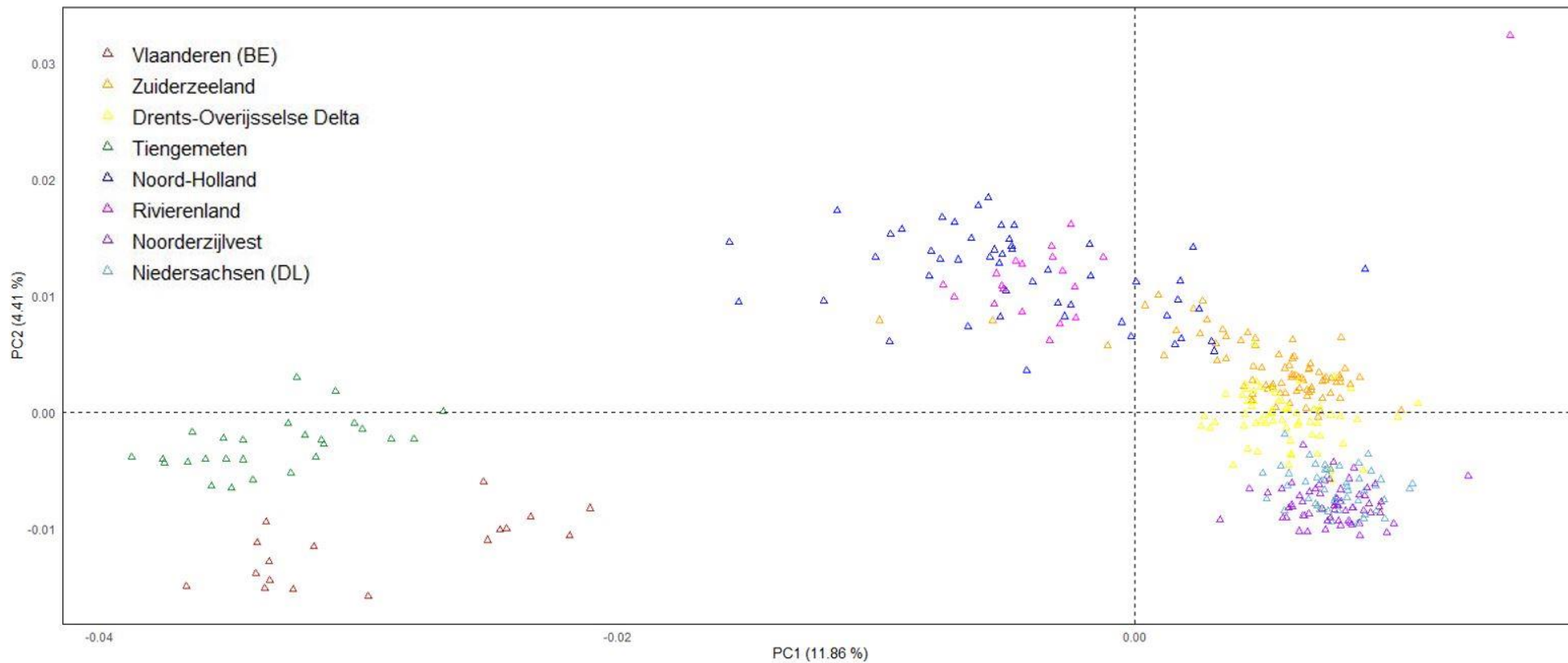
3.1 Ruimtelijke genetische structuur van muskusratten

3.1.1 Genetische patronen in de totale dataset

In Figuur 2 zijn de genetische verschillen van alle individuen uit de totale dataset vergeleken middels PCA-analyse. In de figuur is duidelijk zichtbaar dat de dataset uiteenvalt in twee clusters. Het eerste cluster bestaat uit de muskusratten uit Tiengemeten en Vlaanderen. Het tweede cluster omvat alle overige Nederlandse populaties en daarnaast de individuen uit Nedersachsen. Een waarschijnlijke verklaring voor deze patronen is dat muskusratten in Tiengemeten en Vlaanderen dezelfde genetische voorouders delen, terwijl de muskusratten in Midden- en Noord-Nederland waarschijnlijk een Duitse oorsprong kennen. Dit klopt met de twee veronderstelde bronnen voor de introductie van de soort in Nederland (zie paragraaf 1.1).

Kijken we in Figuur 2 in meer detail naar de groep met Nederlandse en Duitse monsters, dan is een substructuur zichtbaar, waarbij monsters met dezelfde kleur samen clusteren. Kortom, over het algemeen geldt dat monsters uit dezelfde beheerregio sterk op elkaar lijken. Elke regio heeft dus zijn eigen genetische samenstelling (vormt een herkenbaar genetisch cluster), waarbij tussen de clusters wel sprake is van meer of minder overlap. Zo grenzen de clusters van de Drents-Overijsselse Delta en Noorderzijvest aan elkaar zonder weinig overlap, maar overlapt het cluster Nedersachsen met beide. Dit suggereert een vrij sterke genetische overeenkomst van de Duitse individuen met individuen uit beide Nederlandse regio's. Dit is niet vreemd, aangezien de individuen in Nedersachsen zijn bemonsterd langs de rivier de Vechte (zie Figuur 1), die als de Vecht Nederland binnenkomt en daar in verbinding staat met zijrivieren naar Drenthe en Overijssel. De muskusrattenpopulatie in Nedersachsen is groot en omvat het stroomgebied van zowel de Vechte (in zuidelijke richting) als de Eems (in noordelijke richting). De muskusratten in de Eemsvallei zijn een logische bron van muskusratten in Noorderzijvest.

Opvallend is verder dat de individuen uit de Gelderse Poort (Rivierenland in Figuur 1 en 2) clusteren te midden van de individuen uit Noord-Holland. In Figuur 2 is zichtbaar dat de genetische samenstelling van deze populaties wat meer gelijkenis vertoont met Tiengemeten en Vlaanderen. Een mogelijke verklaring hiervoor is een verschil in historische immigratiepatronen, waarbij Drentse en Groningse muskusratten afstammen van populaties in Nedersachsen, terwijl zowel Noord-Holland als Rivierenland werd bevolkt als gevolg van immigratie vanuit België. Analyse van grotere monsteraantallen uit zowel tussengelegen gebieden in Midden-Nederland alsook uit meer gebieden in West-Duitsland zou nodig zijn om hier meer definitieve uitspraken over te doen.

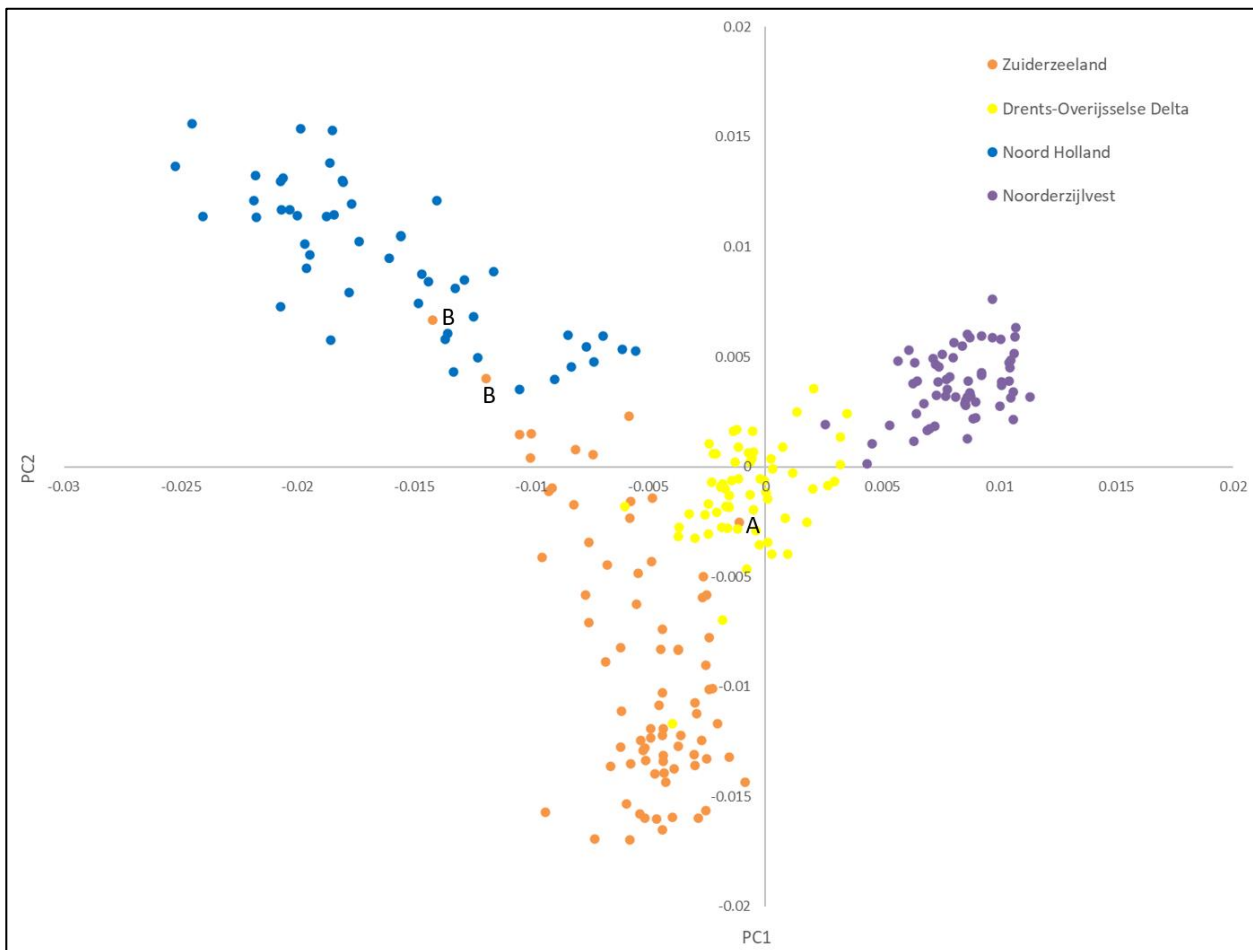


Figuur 2 Genetische verschillen tussen individuen uit alle bemonsterde populaties, weergegeven middels Principal Component Analysis (PCA). Kleuren komen overeen met Figuur 1.

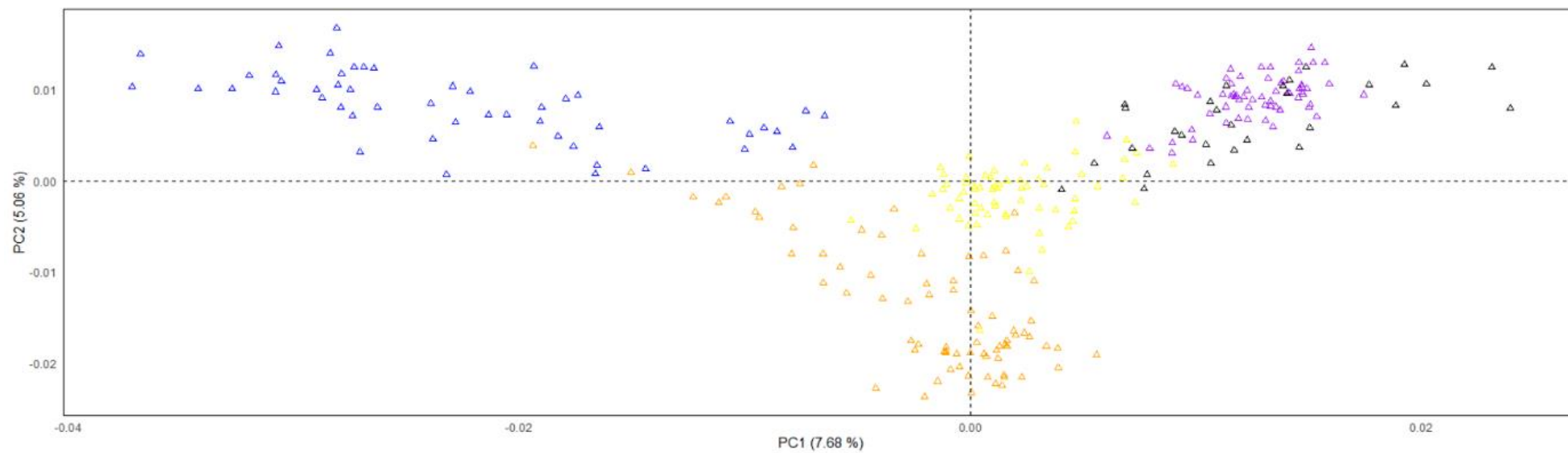
3.1.2 Genetische verschillen tussen mogelijke brongebieden rondom Friesland

Figuur 3 laat op vergelijkbare wijze de genetische verschillen tussen individuen zien, maar ditmaal alleen voor de vier mogelijke brongebieden in Noord-Nederland. Hier wordt nog duidelijker zichtbaar dat individuen uit hetzelfde brongebied samen clusteren, hoewel de spreiding binnen het cluster varieert tussen gebieden. Zo vormen de individuen uit Noorderzijlvest een compact cluster, wat duidt op een sterke onderlinge verwantschap, terwijl de individuen uit Noord-Holland meer onderling verschil laten zien. Verder is zichtbaar dat de clusters elkaar raken. Dit is een logisch gevolg van het feit dat het hier gaat om aan elkaar grenzende beheerregio's binnen het verspreidingsgebied van de muskusrat. Zo raakt het gele cluster van de Drents-Overijsselse Delta aan een kant aan het paarse cluster van Noorderzijlvest en aan de andere kant aan het oranje cluster van Zuiderzeeland. Kijken we in meer detail naar de geografische vindplaats per individu, dan wordt zichtbaar dat individuen die in de figuur worden geplot nabij de overgang naar een ander cluster, inderdaad afkomstig zijn uit het grensgebied tussen twee regio's.

In enkele gevallen is binnen een cluster een stip in een andere kleur zichtbaar, wat erop duidt dat een individu dat is bemonsterd in de ene regio genetisch sterker verwant lijkt met individuen uit een andere regio. Een voorbeeld is een individu uit Zuiderzeeland dat in Figuur 3 tussen de individuen uit de Drents-Overijsselse Delta valt (aangeduid met de letter A). Het betreft hier vermoedelijk een immigrant uit Overijssel, die uiteindelijk in het Kuinderbos (in de Noordoostpolder, vlak bij de grens met Overijssel) is gevangen. Een nog sprekender voorbeeld zijn twee individuen die zijn bemonsterd in Zuiderzeeland (nabij Lelystad), maar die clusteren te midden van de individuen uit Noord-Holland in Figuur 3 (letter B). Vermoedelijk gaat het hier om individuen van Noord-Hollandse origine die ofwel zwemmend, ofwel via de Houtribdijk overstaken naar de Flevopolder.



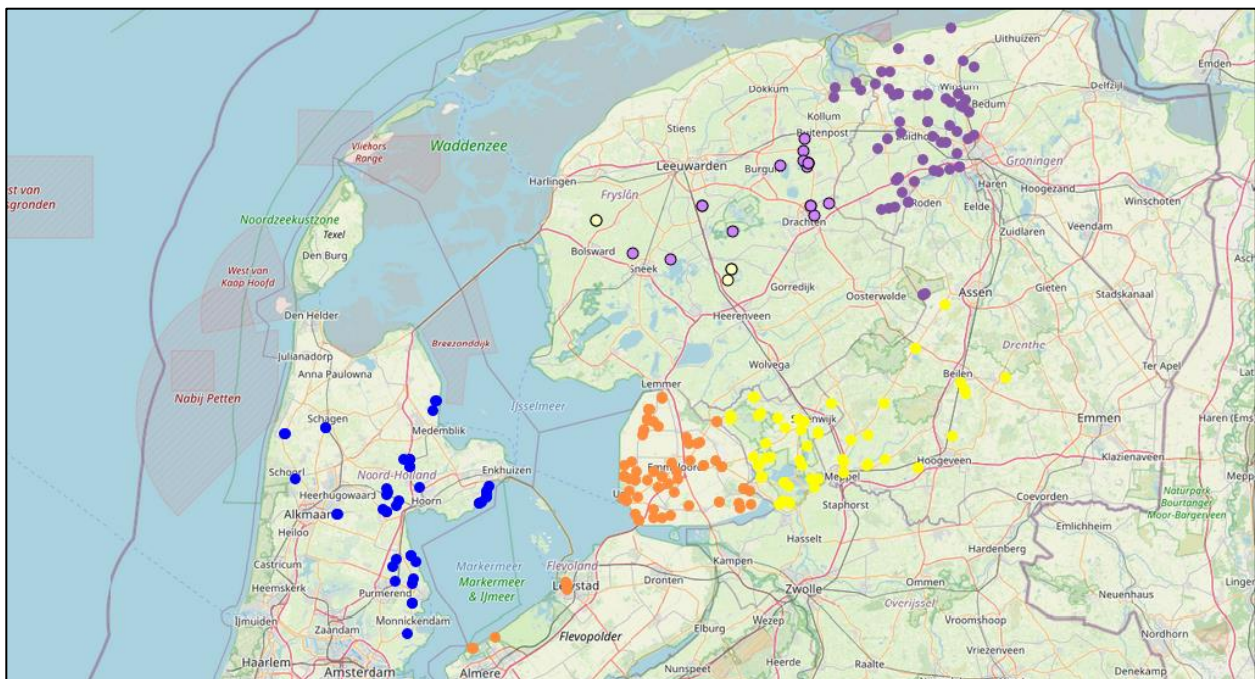
Figuur 3 Genetische verschillen tussen individuen uit de vier mogelijke brongebieden rondom Friesland, weergegeven middels Principal Component Analysis (PCA). De letters A en B verwijzen naar individuen die in de tekst worden besproken.



Figuur 4 Vergelijking van genetische samenstelling middels een PCA, tussen individuen bemonsterd in Friesland in 2017 (zwarte driehoeken) en referentieprofielen uit vier mogelijke brongebieden (kleuren komen overeen met Figuur 5).

3.2 Bronnen van Friese vangsten in 2017

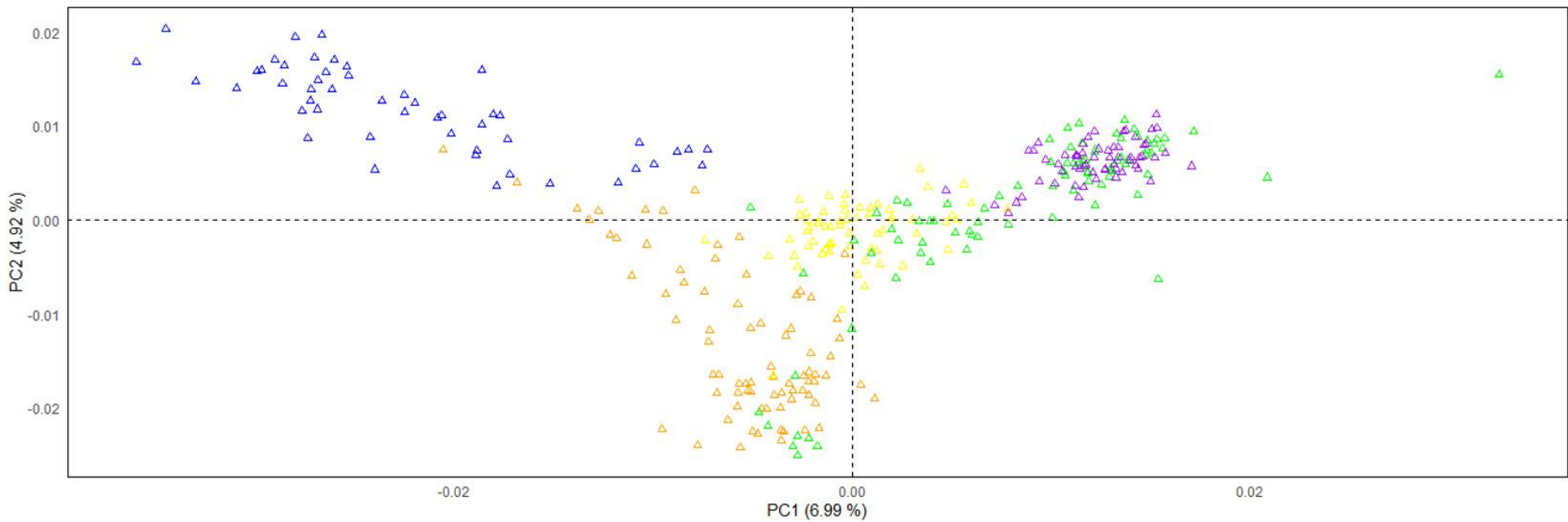
Een vergelijking van de genetische samenstelling van de in 2017 in Friesland bemonsterde muskusratten met muskusratten uit de mogelijke brongebieden (Figuur 4) laat voor de meeste Friese individuen een sterke overlap zien met Noorderzijlvest. Een toewijzing middels het programma ADMIXTURE bevestigde voor deze individuen inderdaad Noorderzijlvest als meest waarschijnlijke bronpopulatie. Het betrof hierbij alle individuen die waren gevangen in het oosten van de provincie Friesland en enkele individuen gevangen in het midden van de provincie (Figuur 5). Daarbij moet worden opgemerkt dat de individuen uit het midden van de provincie weliswaar het meest lijken op die uit Noorderzijlvest, maar daar wel iets van afwijken. In Figuur 4 zijn deze individuen zichtbaar in de rechterbovenhoek van de figuur. Hoewel niet geheel kan worden uitgesloten dat het gaat om individuen uit een ander brongebied waarvan geen referentiemonsters beschikbaar waren, is de meest waarschijnlijke verklaring dat het hier nakomelingen betreft van immigranten uit Noorderzijlvest. Een kleine groep van vijf individuen komt genetisch sterk overeen met individuen uit de Drents-Overijsselse Delta. Zij clusteren in de gele puntenwolk in Figuur 4 en werden door ADMIXTURE inderdaad toegewezen aan de populatie uit de Drents-Overijsselse Delta (Figuur 5).



Figuur 5 Vindplaatsen van in 2017 in Friesland bemonsterde muskusratten in relatie tot hun meest waarschijnlijke brongebied, zoals vastgesteld op basis van een assignment test in ADMIXTURE. Friese monsters zijn zwart omcirkeld en hun meest waarschijnlijke bron is weergegeven middels een lichtere variant van de kleur van de bronpopulatie. Een individu bij De Deelen en een individu nabij Grou zijn niet zichtbaar, omdat de vangstlocatie overlapt met een ander individu.

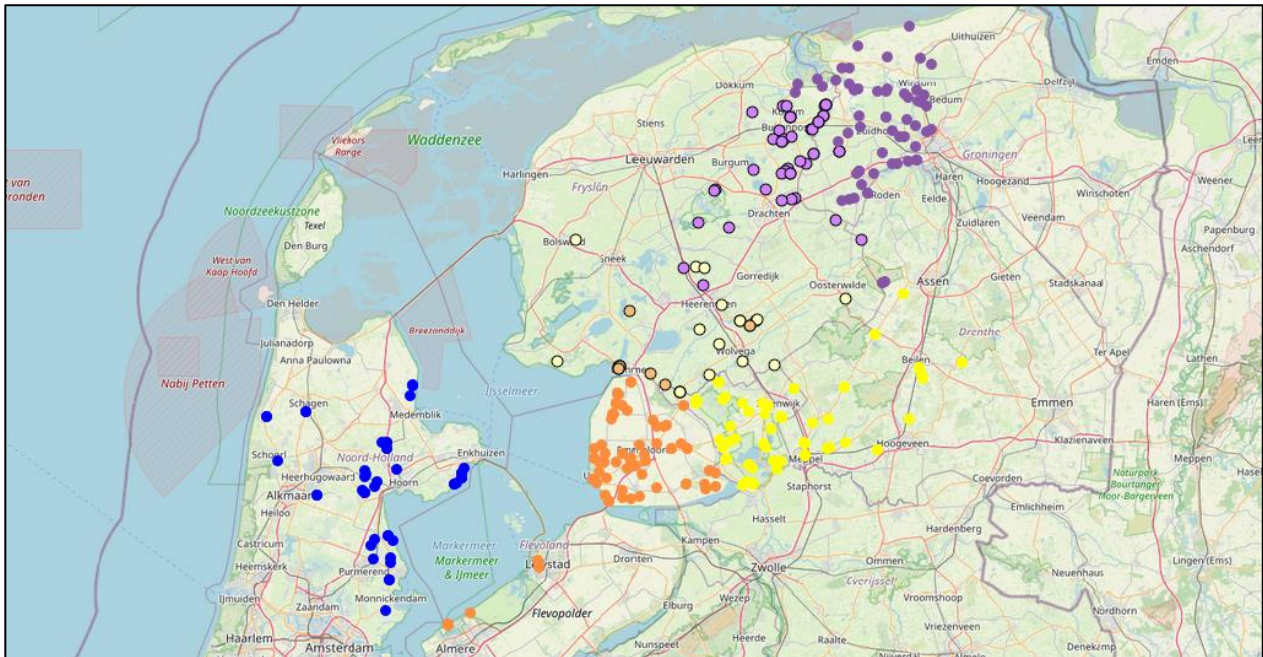
3.3 Bronnen van Friese vangsten in 2020-2021

Een vergelijking tussen de genetische samenstelling van de muskusratten bemonsterd in Friesland in 2020-2021 en de referentiemonsters uit mogelijke brongebieden (Figuur 6) laat zien dat de Friese individuen grofweg clusteren met die verschillende brongebieden: Noorderzijlvest (paars), Drents-Overijsselse Delta (geel) en Zuiderzeeland (oranje). Een toewijzing middels ADMIXTURE wees de individuen inderdaad toe aan een van deze drie populaties (Figuur 7), waarbij opvalt dat de meeste individuen worden toegewezen aan het meest dichtbij gelegen aangrenzende gebied. Zo werden de meeste individuen die waren toegewezen aan Zuiderzeeland gevangen nabij Lemmer en werden de meeste individuen die waren toegewezen aan Noorderzijlvest gevangen in het oosten van Friesland. In het midden van de provincie (driehoek Leeuwarden-Heerenveen-Drachten) is meer variatie in brontoewijzing zichtbaar, met individuen die genetisch lijken af te stammen van ofwel Noorderzijlvest, ofwel Drents-Overijsselse Delta.



Figuur 6 Vergelijking van genetische samenstelling middels een PCA, tussen individuen bemonsterd in Friesland in 2020-2021 (groene driehoeken) en referentieprofielen uit vier mogelijke brongebieden (kleuren komen overeen met Figuur 7).

Drie individuen uit deze regio die werden toegewezen aan Noorderzijlvest laten in de PCA een wat afwijkende samenstelling zien (de drie groene driehoeken aan de rechterzijde in Figuur 6). Ook hier is een waarschijnlijke verklaring weer dat dit geen rechtstreekse immigranten betreft, maar nakomelingen daarvan.

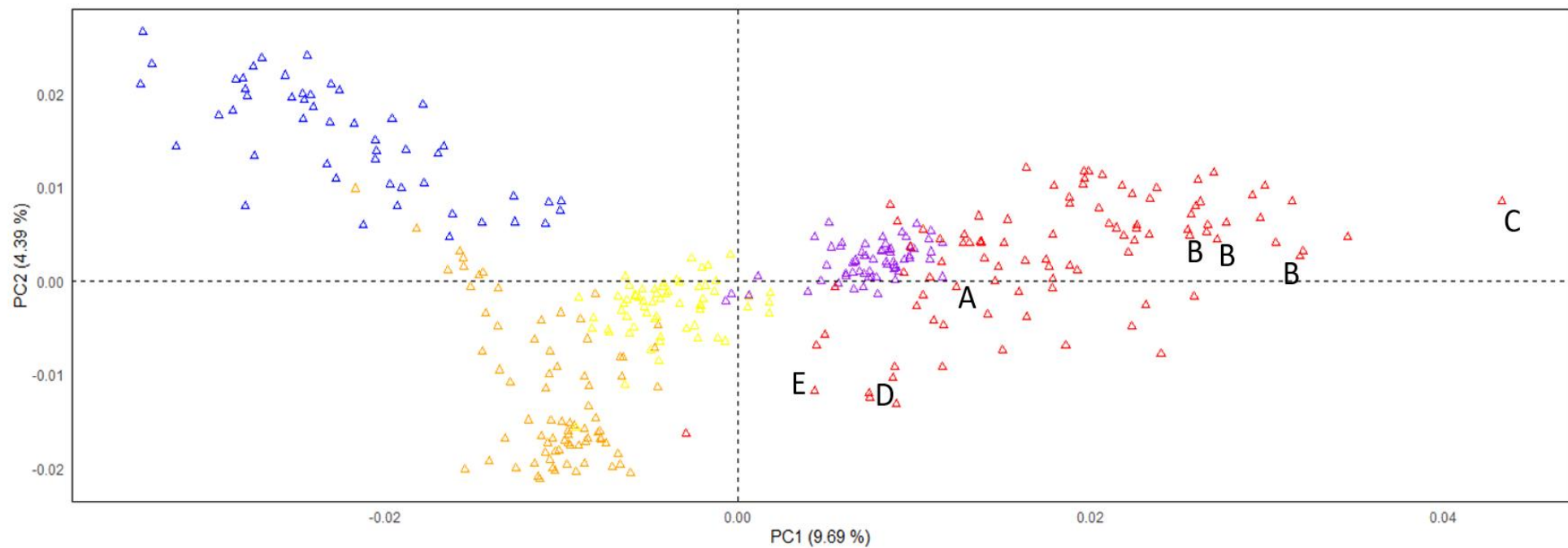


Figuur 7 Vindplaatsen van in 2020-2021 in Friesland bemonsterde muskusratten in relatie tot hun meest waarschijnlijke brongebied, zoals vastgesteld op basis van een assignment test in ADMIXTURE. Friese monsters zijn zwart omcirkeld en hun meest waarschijnlijke bron is weergegeven middels een lichtere variant van de kleur van de bronpopulatie.

In Figuur 6 is zichtbaar dat de Friese individuen die genetisch overeenkomen met Zuiderzeeland clusteren met een specifiek deel van de individuen uit dit brongebied (de onderste helft van de oranje puntenwolk). Dit betreft individuen bemonsterd in de Noordoostpolder. Op basis daarvan kan het brongebied van deze Friese individuen nader worden gespecificeerd tot de Noordoostpolder. Voor individuen toegewezen aan Noorderzijlvest of de Drents-Overijsselse Delta is een dergelijke gedetailleerdere toewijzing minder evident. Om hier meer zicht op te krijgen, zijn aanvullende PCA-analyses uitgevoerd waarbij deze brongebieden zijn opgesplitst in deelregio's. De resultaten hiervan zijn beschikbaar in Bijlage 1.

Binnen Noorderzijlvest zijn drie stroomgebieden onderscheiden. De genetische samenstelling van individuen uit deze gebieden overlapt echter sterk (zie Figuur S1, waarin geen duidelijk onderscheid in verschillende genetische clusters zichtbaar is). Dit patroon wijst op een relatief sterke genetische uitwisseling tussen muskusratten binnen Noorderzijlvest, wat het vermogen beperkt om Friese individuen nader te herleiden tot een specifiek deelgebied binnen deze beheerregio.

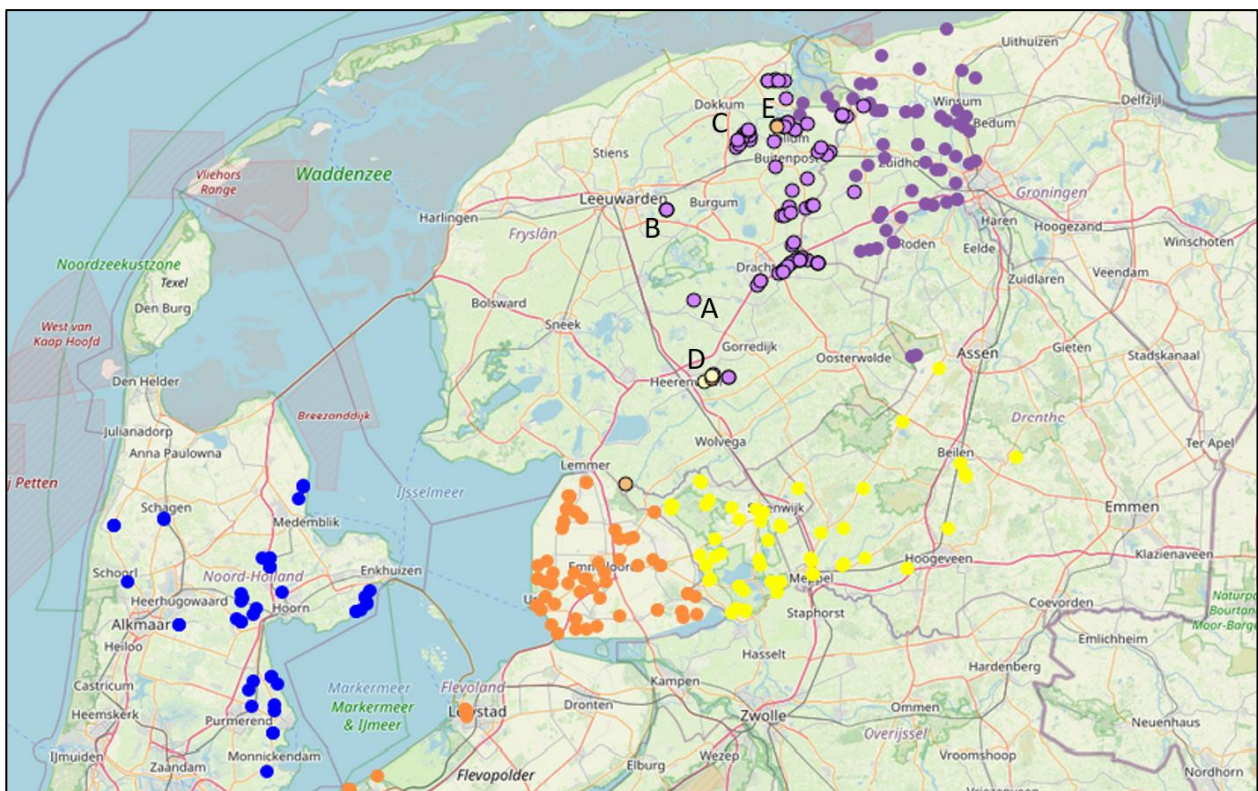
Binnen de Drents-Overijsselse Delta is een onderscheid gemaakt tussen individuen uit de provincie Drenthe en individuen uit de provincie Overijssel (voornamelijk Wieden-Weerribben). Daarbij werd wel een genetisch onderscheid zichtbaar dat bruikbaar is voor bronherkenning. Op basis daarvan kon worden vastgesteld dat de meeste individuen die waren toegewezen aan de Drents-Overijsselse Delta zeer waarschijnlijk afkomstig zijn uit de Wieden-Weerribben. Het betreft een groep van individuen die is gevangen ten noorden van dit gebied, op de grens tussen Friesland en Overijssel (Lindevallei) en nabij Wolvega en Heerenveen. Een enkel individu komt genetisch juist meer overeen met individuen uit Drenthe. Dit betrof een individu gevangen nabij Oosterwolde. Dit gebied is voor muskusratten uit Drenthe waarschijnlijk relatief eenvoudig bereikbaar via de Opsterlandse Compagnonsvaart.



Figuur 8 Vergelijking van genetische samenstelling middels een PCA, tussen individuen bemonsterd in Friesland in 2022-2023 (rode driehoeken) en referentieprofielen uit vier mogelijke brongebieden (kleuren komen overeen met Figuur 9).

3.4 Bronnen van Friese vangsten in 2022-2023

Figuur 8 toont een vergelijking middels PCA van de genetische samenstelling van een derde groep Friese muskusratten, bemonsterd in 2022-2023, ten opzichte van de referentiemonsters uit mogelijke brongebieden. Wederom komt een meerderheid van de individuen, op basis van de beschikbare referentiecollectie, het meest overeen met muskusratten uit Noorderzijlvest. Inderdaad wees ook de analyse in ADMIXTURE de meerderheid van de individuen toe aan dit brongebied (Figuur 9). In Figuur 8 valt op dat slechts een beperkt aantal individuen ook daadwerkelijk clustert te midden van de paarse puntenwolk van Noorderzijlvest. Dit betrof bijna uitsluitend individuen gevangen aan de oostkant van de provincie, nabij de grens met Groningen, maar ook een individu gevangen in het midden van de provincie (aangeduid met de letter A in Figuur 8 en 9). De overige individuen wijken genetisch in meer of mindere mate af van muskusratten uit Noorderzijlvest. Vergelijken we de positie van deze individuen in de PCA met hun vangstlocatie, dan wordt duidelijk dat de individuen die relatief sterk verschillen van Noorderzijlvest (meer naar rechts in Figuur 8) voornamelijk verder van de grens zijn gevangen (ter illustratie: zie de individuen aangeduid met de letter B in Figuur 8, aangetroffen nabij Leeuwarden). Het afwijkendste individu (letter C) is gevangen bij De Westereen (onder Dokkum). Een groep van vijf individuen gevangen nabij Heerenveen is door ADMIXTURE toegewezen aan het brongebied Drents-Overijsselse Delta (Figuur 9; aangeduid met de letter D). In de PCA-analyse vormen deze individuen echter een aparte groep op enige afstand van zowel Noorderzijlvest als Drents-Overijsselse Delta. Waarschijnlijk gaat het hier om nakomelingen van gemengde afkomst, voortkomend uit immigranten uit beide brongebieden. Een individu bemonsterd op de grens met de Noordoostpolder bleek genetisch inderdaad het meest overeen te komen met het brongebied Zuiderzeeland, en meer specifiek met muskusratten uit de Noordoostpolder. Opvallend is een individu gevangen nabij Kollum, in het noordoosten van de provincie, dat weliswaar de meeste gelijkenis vertoonde met Zuiderzeeland (en daarom door ADMIXTURE is toegewezen aan dit brongebied en in Figuur 9 een oranje kleur heeft), maar wel een gemengde samenstelling liet zien en vermoedelijk afstamt van immigranten uit zowel Zuiderzeeland als Noorderzijlvest. In Figuur 8 en 9 is dit individu aangeduid met de letter E.



Figuur 9 Vindplaatsen van in 2022-2023 in Friesland bemonsterde muskusratten in relatie tot hun meest waarschijnlijke brongebied, zoals vastgesteld op basis van een assignment test in ADMIXTURE. Friese monsters zijn zwart omcirkeld en hun meest waarschijnlijke bron is weergegeven middels een lichtere variant van de kleur van de bronpopulatie.

4 Discussie

4.1 Sterke genetische verschillen tussen regio's

De in dit onderzoek verkregen genoom-brede genetische profielen van muskusratten in Noord-Nederland lieten duidelijke verschillen zien tussen brongebieden. Sterker nog, ook binnen brongebieden bleken onderlinge genetische verschillen tussen individuen meestal heel duidelijk overeen te komen met de geografische afstand tussen hun vindplaatsen: individuen die in een andere hoek van een brongebied waren bemonsterd, vertoonden onderling een groter genetisch verschil dan individuen die dichtbij elkaar waren bemonsterd. Dit patroon, dat in de populatie-genetische theorie 'isolation by distance' wordt genoemd, bleek inderdaad statistisch significant aanwezig (Mantel-test voor paarsgewijze genetische afstanden versus geografische afstanden; $r=0,731$, $p<0,001$; zie Laar, 2022). Het komt bij veel dierlijke populaties voor en is een indicatie dat individuen zich niet ongeremd verspreiden binnen de regio, of tenminste daarbij geen genen uitwisselen. Het resultaat is een geleidelijke verandering van genetische samenstelling in het landschap, oftewel een duidelijke ruimtelijke genetische structuur. Illustratief hiervoor zijn de patronen voor individuen uit de Drents-Overijsselse Delta, waarbij individuen uit het westen van Overijssel (Wieden en Weerribben) sterk verwant bleken aan individuen uit de Noordoostpolder, terwijl Drentse individuen sterker verwant waren aan individuen uit Noorderzijlvest en individuen uit het tussengelegen gebied in genetisch opzicht verwant bleken aan beide groepen. Het bestaan van zo'n duidelijke ruimtelijke genetische structuur biedt goede aanknopingspunten voor genetische bronherkenning, zoals uitgevoerd in deze studie.

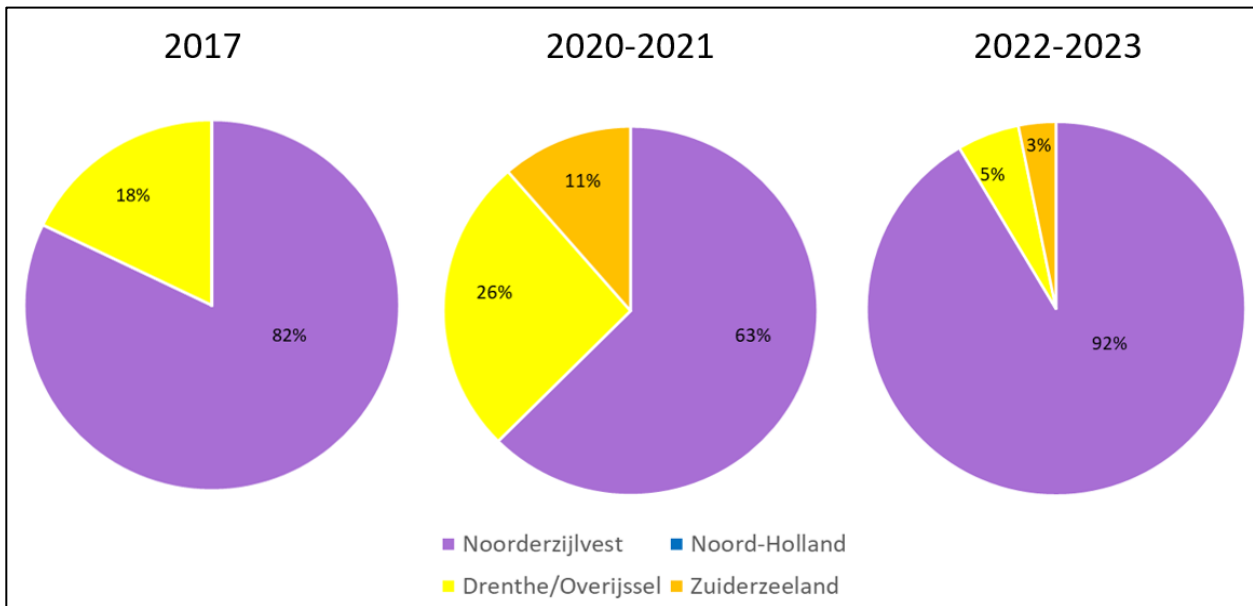
Het ontbreken van een dergelijke fijnschalige, genetische structuur in Noorderzijlvest duidt erop dat in deze regio meer genetische uitwisseling plaatsvindt tussen verschillende stroomgebieden, vermoedelijk door een sterker netwerk van waterwegen waarlangs muskusratten zich gemakkelijk over grotere afstanden kunnen verspreiden. Het resultaat is een verminderd vermogen om individuen afkomstig uit Noorderzijlvest met hoge nauwkeurigheid tot een specifiek deelgebied te herleiden. Dat neemt echter niet weg dat, op een groter schaalniveau, individuen uit Noorderzijlvest nog altijd zeer goed als zodanig herkenbaar zijn.

4.2 Bronnen van muskusratten in Friesland

De resultaten van de bronherkenning voor individuen uit 2017, 2020-2021 en 2022-2023 vertonen een aantal sterke overeenkomsten (Figuur 10). In alle drie perioden bleek een ruime meerderheid van de individuen te herleiden tot Noorderzijlvest. Het huidige onderzoek wijst daarmee Noorderzijlvest duidelijk aan als voornaamste brongebied van muskusratten in Friesland in de periode 2017-2023. Dit kan worden toegeschreven aan de vrij hoge populatiedichtheid in Noorderzijlvest in de afgelopen decennia, resulterend in een sterke migratiedruk richting Friesland. Tijdens de laatste vangperiode speelde daarnaast mee dat sprake was van een tijdelijke afname in de vangstcapaciteit in Oost-Friesland door uitleen van bestrijders aan een andere afdeling (persoonlijke mededeling Dolf Moerkens, UvW).

In mindere mate komen ook muskusratten Friesland binnen vanuit Overijssel en de Noordoostpolder. Het Overijsselse natuurgebied Wieden-Weerribben is het een na belangrijkste brongebied, hoewel het aandeel van deze bron onder de vangsten behoorlijk verschilde tussen de perioden. Ook hier hangt dit samen met een lager aantal vangsten in Zuid-Friesland in met name de derde periode. Een vergelijkbaar patroon is zichtbaar voor immigratie vanuit de Noordoostpolder: in de periode 2020-2021 zijn relatief veel muskusratten bemonsterd in de buurt van Lemmer, langs de grens met de Noordoostpolder, die inderdaad op basis van hun genetische samenstelling tot dit brongebied konden worden herleid. In de volgende periode (2022-2023) betrof dit echter slechts een enkeling. Opvallend is dat voor de huidige onderzoeksperiode geen enkele indicatie is gevonden voor immigratie van muskusratten vanuit Noord-Holland. Inderdaad zijn ook slechts weinig muskusratten bemonsterd in het westen en zuidwesten van de provincie. Het lijkt er dus op dat, tenminste in de afgelopen jaren, weinig muskusratten de oversteek waagden over het IJsselmeer en/of de Afsluitdijk.

Samenvattend lijken muskusratten in Friesland dus voornamelijk afkomstig uit de meest nabijgelegen populaties buiten de provinciegrens en vormen de verhoudingen tussen aangewezen brongebieden op provinciale schaal (zoals in Figuur 10) daarmee een reflectie van de verhoudingen tussen vangstaantallen in de verschillende grensgebieden.



Figuur 10 Het percentage individuen toegewezen aan verschillende brongebieden per bemonsteringsperiode.

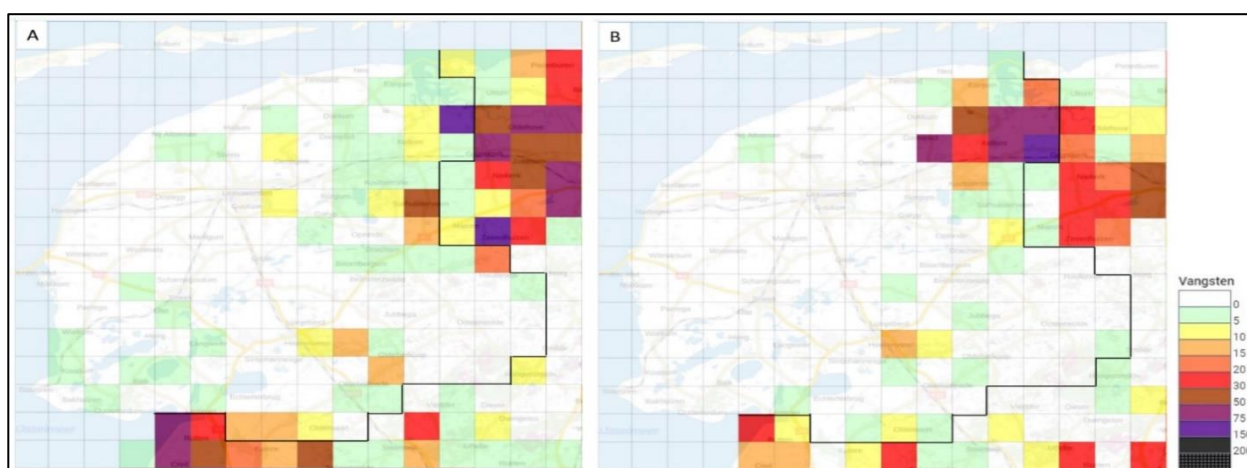
4.3 Stapsgewijze migratie en lokale reproductie

Een andere mogelijke bron van nieuwe aanwas, naast immigratie uit aangrenzende regio's, is reproductie van muskusratten binnen de provincie zelf die niet op tijd zijn weggevangen. Aanvankelijk wilden we de monsters van vangsten uit 2017 benutten als steekproef van de historische, Friese populatie. Echter, ook deze individuen bleken sterk verwant aan muskusratten in de aangrenzende regio's. De genetische resultaten suggereren dan ook dat de originele, Friese populatie zich niet heeft weten te handhaven onder de intensieve vangstinspanningen en dat muskusratten die in recente jaren in Friesland zijn aangetroffen, te herleiden zijn tot immigratie van buitenaf. Dat wil echter niet zeggen dat al deze individuen zelf de grens zijn overgestoken. In elke tijdperiode zijn individuen aangetroffen waarvan de genetische samenstelling suggereert dat ze weliswaar afstammen van muskusratten van buiten de provincie, maar dat hier wel enkele generaties overheen zijn gegaan. In beperkte mate vonden we ook indicaties voor nakomelingen van gemengde herkomst, waarschijnlijk het resultaat van paring in Friesland tussen immigranten uit verschillende, aangrenzende gebieden. Hierbij valt op dat individuen gevangen nabij de grens genetisch het sterkst overeenkomen met muskusratten uit nabijgelegen populaties over de grens, en dat bij individuen die verder van de provinciegrens zijn gevangen deze verwantschap minder wordt en meer vermenging met andere bronnen zichtbaar wordt. Al met al suggereren deze patronen dat soms sprake is van stapsgewijze migratie over de loop van enkele generaties en dus wel degelijk van enige reproductie van muskusratten binnen de provincie. Deze stapsgewijze migratie klopt tevens met het eerder besproken patroon van 'isolation by distance' en suggereert dat de meeste muskusratten migreren over een relatief korte afstand van enkele kilometers alvorens zich voort te planten. Voor enkele individuen gevangen in het midden en westen van Friesland leek wel degelijk sprake van een rechtstreekse immigrant. Dit patroon van regelmatige migratie over korte afstand, maar incidentele migratie over tientallen kilometers, komt overeen met de resultaten van eerder onderzoek naar verspreidingsgedrag bij muskusratten. Zo liet onderzoek naar Finse muskusratten in de jaren zestig (Artimo, 1960) al zien dat individuele muskusratten migreerden over afstanden tussen de 4 en 120 kilometer.

4.4 Effectiviteit van de methodiek

Het doel van het opzetten van de genetische bronherkenning was om de resultaten ervan te benutten voor het evalueren en (waar nodig) bijsturen van de bestrijdingsstrategie: waar moeten de accenten liggen in de vangstinspanningen om muskusratten zo effectief mogelijk buiten te houden? Een tussentijdse terugkoppeling van de resultaten van de genetische bronherkenning op monsters tot 1 februari 2021 (De Groot et al., 2022) was begin 2022 voor de muskusrattenbestrijders aanleiding tot het gericht plaatsen van aanvullende vangmiddelen op locaties in noordoostelijk en zuidelijk Friesland, om zo immigratie tegen te gaan vanuit de gebieden die als belangrijkste bron waren aangemerkt. Een overzicht van de plaatsing van deze aanvullende vangmiddelen en hun vangstopbrengst is beschikbaar in Bijlage 2. Vervolgens kan de vraag worden gesteld of deze aanpassingen ook effectief waren. Het feit dat muskusratten die in 2022-2023 zijn gevangen wederom uit dezelfde brongebieden bleken te komen, geeft aan dat gedurende die periode de immigratieroutes nog op hoofdlijnen gelijk waren. Dat geeft aan dat extra vangsten langs die routes nog steeds een logische keuze waren. Het geeft echter geen antwoord op de vraag wat het effect was van de aanpassingen in de bestrijding op de immigratie van muskusratten in Friesland. De huidige onderzoeksopzet was niet gericht op een formele toets hiervan. Een voorzichtige indruk kan echter worden verkregen door een vergelijking van de aantallen vangsten per uurhok in een periode voor de aanpassingen (T0; 1 januari-31 december 2021; zie Figuur 11A) en na de aanpassingen (T1; 1 augustus 2022-31 juli 2023; Figuur 11B).

In T1 bleek het aantal vangsten in een aantal uurhokken in Noordoost-Friesland beduidend hoger dan in T0. Het gaat daarbij vooral om vangsten in de extra vangmiddelen die in deze gebieden waren geplaatst, langs het Dokkumer Grutdijp ten noorden en de Lauwers ten oosten van Kollum. Het betreft hier twee voornamelijk waterwegen die als mogelijke migratieroutes waren vastgesteld (De Groot et al., 2022; zie ook de conclusies en aanbevelingen in paragraaf 5.3). Deze observatie, samen met het feit dat de betreffende vangsten genetisch konden worden herleid tot de populatie Noorderzijlvest, laat zien dat plaatsing van extra vangmiddelen een bijdrage leverde aan het verwijderen van immigranten uit Noorderzijlvest. Vergelijken we de vangsten in de verder westwaarts gelegen uurhokken, dan valt op dat het aantal uurhokken met vangsten in Noord-, Midden- en Noordwest-Friesland in T1 lager was dan in T0. Dit kan een indicatie zijn dat inderdaad minder muskusratten deze gebieden wisten te bereiken. Echter, Figuur 11A laat zien dat in Noorderzijlvest in periode T1 aanmerkelijk minder vangsten plaatsvonden, wat impliceert dat de dichtheden daar lager waren dan voorheen en daardoor wellicht de migratiedruk naar het westen ook lager lag. Hetzelfde geldt mogelijk voor de immigratiedruk vanuit de Wieden-Weerribben. Of de verschillen tussen Figuur 11A en 11B (uitsluitend) het gevolg waren van de aangepaste vangststrategie kan dan ook niet met zekerheid worden vastgesteld.



Figuur 11 Vergelijking van de aantallen vangsten per uurhok (5x5 km) in Friesland in 2021 (A) en in 2022-2023 (B; weergegeven zijn vangsten in de periode augustus 2022 t/m juli 2023). Kaart en brongegevens aangeleverd door UvW en Wetterskip Fryslân.

5 Conclusies en aanbevelingen

5.1 Genetische analyse als methode voor het vaststellen van brongebieden en migratieroutes

De in dit rapport beschreven resultaten laten zien dat bij muskusratten, tenminste in het hier onderzochte studiegebied (Noord-Nederland), een duidelijke ruimtelijke genetische structuur waarneembaar is. Dat wil zeggen: muskusratten uit verschillende gebieden kennen een duidelijk verschillende genetische samenstelling, waarbij in algemene zin geldt dat hoe verder individuen zich van elkaar bevonden op het moment van vangen, hoe sterker ze genetisch van elkaar verschilden. Hierbij wordt voldaan aan de belangrijkste voorwaarde voor het genetisch detecteren van immigranten en het vaststellen van hun meest waarschijnlijke bronnen.

De voor het huidige onderzoek gebruikte analysemethode (SNP genotyping), waarbij is gekeken naar een groot aantal variabele posities (SNP's) verspreid over het hele muskusratgenoom, bleek zeer geschikt om zulke ruimtelijke patronen in beeld te brengen. Door via deze methode honderden muskusratten uit Noord-Nederland te onderzoeken, kon een referentiecollectie worden opgebouwd van genetische profielen (hier ook wel 'basiskaart' genoemd), die ook de komende jaren in principe nog bruikbaar blijft als basis voor bronherkenning van nieuw gevangen muskusratten. Een dergelijke periodieke check van actuele bronnen van aanwas kan waardevol zijn om de bestrijding zo efficiënt mogelijk uit te voeren. Dit geldt met name als op basis van de vangstlocaties het vermoeden bestaat dat mogelijk een verschuiving in migratieroutes is opgetreden. Mocht dat het geval zijn, dan kan dat aanleiding vormen tot een herverdeling of uitbreiding van de vangstinspanningen. Een voorzichtige eerste vergelijking van vangsten vóór en na zo'n aanpassing, die werd doorgevoerd op basis van genetische resultaten gepresenteerd in 2022, suggereert dat bijsturen op basis van een bronnenanalyse inderdaad van meerwaarde kan zijn.

Het is wel aan te bevelen om bij analyse van een nieuwe set monsters ook een kleine set nieuw verzamelde monsters uit de referentiegebieden te verzamelen en mee te nemen in de analyse, om na te gaan of de genetische opmaak van de referentiegebieden nog voldoende gelijk is gebleven. De hier gebruikte methode (Mobiseq) maakt het mogelijk om voor een volgende set monsters via *high-throughput sequencing* dezelfde regionen van het genoom te bekijken en op die manier data te verzamelen voor een grotendeels overlappende set SNP-posities. Dit maakt het mogelijk om de genetische samenstelling van oude en nieuwe monsters rechtstreeks te vergelijken. Mocht het wenselijk zijn om dit type analyse periodiek te blijven herhalen in de komende jaren, dan kan het kostenefficiënt zijn om eenmalig te investeren in een set amplificatie-primers waarmee nog gericht kan worden ingezoomd op exact dezelfde set SNP-posities.

5.2 Prioritering van vangstlocaties

Gedurende het huidige onderzoek kon op basis van de resultaten voor de monsters uit 2020-2021 al een tussenbalans worden opgemaakt met betrekking tot de voornaamste bronnen van muskusratten in Friesland en kon een indicatie worden gegeven van waarschijnlijke immigratieroutes vanuit deze gebieden (De Groot et al., 2022). Daarbij werd de aanname gedaan dat muskusratten voornamelijk doorgaande waterwegen zullen benutten om over grotere afstanden te verspreiden. Hoewel een nauwkeurige landschap-genetische analyse van de totale dataset uit het huidige onderzoek indiceerde dat muskusratten zich waar nodig ook via het land verplaatsen (Laar, 2022), heeft dit vermoedelijk vooral betrekking op het oversteken van landbruggen en is het minder waarschijnlijk dat vele kilometers land worden doorkruist zonder in de buurt te blijven van een aquatische habitat. Een voorbeeld dat dit vermoeden ondersteunt, is het feit dat muskusratten in westelijk Drenthe vooral zijn gevangen langs de Drentse hoofdvaart en dat de enige muskusrat van Drentse origine in Zuidoost-Friesland is aangetoond langs een van de weinige doorgaande waterwegen die vanaf de Drentse Hoofdvaart Friesland inloopt (de Opsterlandse Compagnonsvaart, zie

paragraaf 3.3.2 en Figuur 7). Ook het feit dat de extra vangmiddelen in Noordoost-Friesland in de periode 2022-2023 met name vangsten opleverden langs twee grote doorgaande waterwegen vanuit Noorderzijvest naar Friesland (zie Bijlage 2) bevestigt dat zulke waterwegen een belangrijke rol spelen in de immigratie.

Het lijkt dan ook reëel om op basis van grensoverschrijdende waterwegen vanuit vastgestelde brongebieden aannames te doen over de voornaamste migratieroutes en hier gericht prioriteit aan te geven bij het verdelen van de beschikbare vangmiddelen. Een voorzichtige eerste analyse van de vangstpatronen zoals uitgevoerd in paragraaf 4.4 ondersteunt de effectiviteit van deze aanpak.

5.3 Huidige prioriteiten voor bestrijding in Friesland

Een dergelijke herverdeling van vangmiddelen is door de muskusrattenbestrijders in Friesland daadwerkelijk al uitgevoerd op basis van de tussenresultaten in 2022. Daarbij is sterk ingezet op locaties in het grensgebied met beheerregio Noorderzijvest en met Overijssel. De eindresultaten in het voorliggende rapport geven vooralsnog geen aanleiding tot wijzigingen in die prioritering. De voornaamste aanwas van muskusratten in Friesland lijkt te zijn veroorzaakt door muskusratten die vanuit het Groningse Noorderzijvest en de Overijsselse Wieden-Weerribben de provincie binnenkomen. Dit betreft tevens de aangrenzende regio's met vermoedelijk de hoogste aantallen muskusratten.

Gaan we uit van primaire waterwegen als belangrijke migratieroutes, dan is het aan te bevelen om sterk in te zetten op vangsten op de volgende locaties in het grensgebied van Friesland (Figuur 12):

- a. het Dokkumer Djip, Dokkumer Grutdjip en Aldjup ten noorden van Kollum, die een entree vormen vanuit het Lauwersmeer;
- b. het Prinses Margrietkanaal ter hoogte van Kootstertille – Gerkesklooster (evenals het daarop aansluitende Van Starckenborghkanaal in Noorderzijvest);
- c. de Lauwers (ten noorden van Gerkesklooster), die een 'bypass' vormt vanuit het Reitdiep en Van Starckenborghkanaal naar het Prinses Margrietkanaal, en de Stroobossertrekvaart vanaf het Prinses Margrietkanaal langs Kollum;
- d. de Ossenzijlersloot en de Lindevallei, die wateren in zuid-Friesland verbinden met de Wieden-Weerribben.

Daarnaast is het raadzaam om in Zuidoost-Friesland vangsten te clusteren langs een beperkt aantal doorgaande waterwegen, om zo immigratie vanuit (Noord-)Drenthe effectief te verhinderen. Dit betreft:

- e. het Alddjip ten noorden van Bakkeveen;
- f. het Veenhuizerkanaal (Kolonievaart) en Eenerschipsloot in Drenthe en de daar bijna op aansluitende Kuunder in Friesland;
- g. de Opsterlandse Compagnonsvaart (Smilde-Appelscha).

Mogelijk verklaart de grotere inzet van vangmiddelen in de grensregio's het feit dat in de volgende periode (2022-2023) de monsterset relatief veel meer individuen bevatte waarvan de genetische samenstelling deed vermoeden dat het geen rechtstreekse immigranten waren, maar de nakomelingen daarvan. Dit betrof met name de individuen gevangen op iets grotere afstand van de grens. Dit suggereert echter tevens dat het van belang blijft om de bestrijding niet uitsluitend te richten op het voorkomen van immigratie, maar ook verder van de grens te blijven vangen om zo reproductie van gemiste immigranten te beperken en stapsgewijze verspreiding naar andere delen van de provincie te voorkomen.



Figuur 12 Schematisch overzicht van waarschijnlijke migratieroutes vanuit de aan Friesland grenzende brongebieden (weergegeven middels pijlen). Routes met primaire urgentie voor bestrijding zijn aangegeven in donkerblauw, aanvullende routes met iets lagere urgentie zijn aangegeven in lichtblauw.

Dankwoord

De auteurs willen allereerst Dolf Moerkens, werkzaam bij de Unie van Waterschappen, bedanken voor het in ons gestelde vertrouwen en de prettige samenwerking tijdens de opzet en uitvoering van het onderzoek. Onze dank gaat ook uit naar de overige leden van de begeleidingsgroep – Siebe Dol, Niels Koetsier, Peter Bosma en Mirjam Boonstra (Wetterskip Fryslân), Linda Tiggelman en Ruud Kleinman (Waterschap Rivierenland) – voor hun inbreng bij de start van het project en/of feedback op de (eerste) bevindingen van het onderzoek.

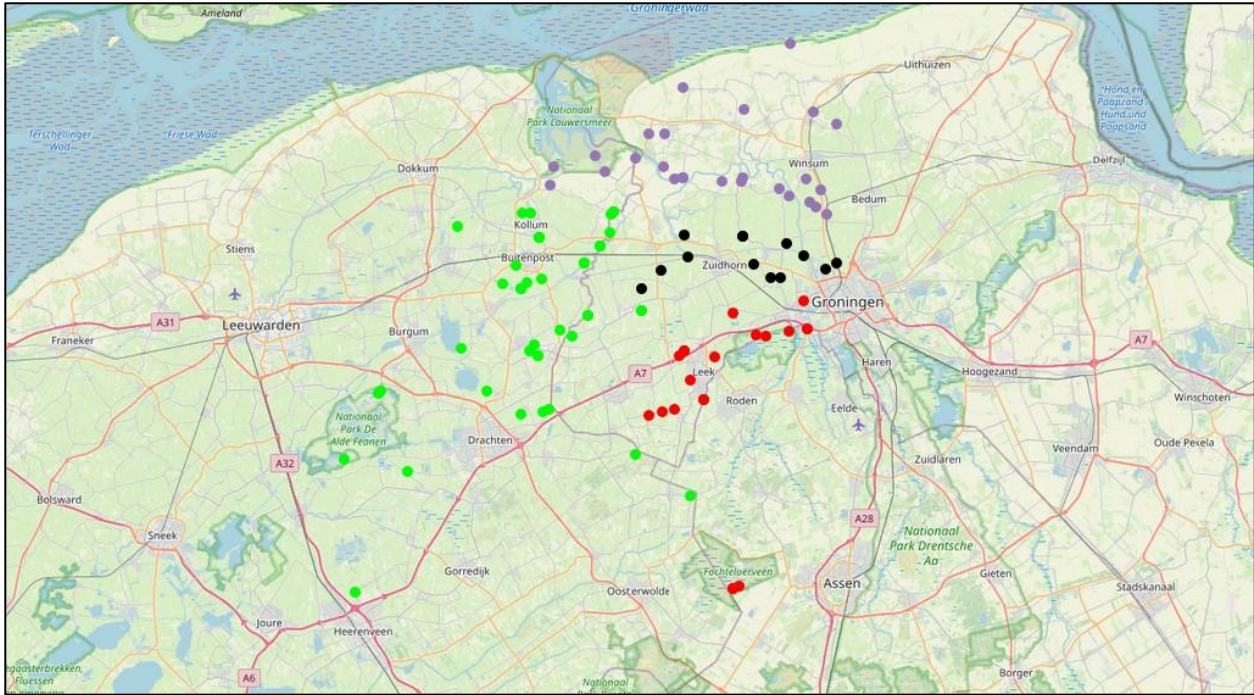
Dit onderzoek was alleen mogelijk met de hulp van vele muskusrattenbestrijders. De weefselmonsters die zij verzamelden, vormden de basis voor de in dit rapport gepresenteerde analyses. Wij willen hen allen danken voor hun inzet. Daarnaast willen wij ook de regiocoördinatoren bedanken voor het begeleiden van de monsternamen, het verzamelen van de monsters en het organiseren van het transport naar ons lab. Dit betreft Douwe Klompmaker en Henny Borst (Wetterskip Fryslân), Dave Wezeman (Waterschap Noorderzijlvest), Bart Rosenboom (Waterschap Drents Overijsselse Delta), Fenna Reekers (Waterschap Zuiderzeeland), Bart Konijn (Hoogheemraadschap De Stichtse Rijnlanden) en Jari Bremer (Waterschap Rivierenland).

Literatuur

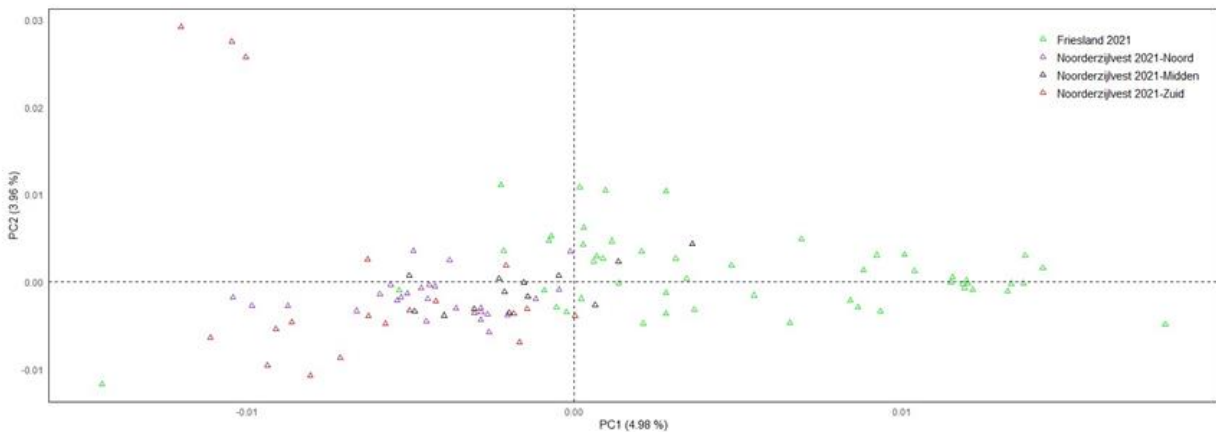
- Ahlers, A.A., E.J. Heske, R.L. Schooley & M.A. Mitchell. 2010. Home ranges and space use of muskrats *Ondatra zibethicus* in restricted linear habitats. *Wildlife Biology* 16:400-408. DOI: 10.2981/10-044.
- Alexander, D.H., J. Novembre en K. Lange. 2009. Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. *Genome Research* 19:1655-1664.
- Anoniem. 2012. Landelijk Jaarverslag 2012 - Muskus- en beverratten. Unie van Waterschappen, Den Haag.
- Artimo, A. 1960. The dispersal and acclimatization of the muskrat, *Ondatra zibethicus* (L.), in Finland. *Papers on game research* 21. Finnish Game Foundation, Helsinki, Finland.
- Barends, F. 2016. Muskusrat *Ondatra zibethicus*. In: Broekhuizen et al. (red.), *Atlas van de Nederlandse zoogdieren*: p. 133-134. *Natuur van Nederland* 12. Naturalis Biodiversity Centre & EIS Kenniscentrum Insecten en andere ongewervelden, Leiden.
- Bos, D. & J. Gronouwe. 2018. Toekomst van het muskusrattenbeheer in Nederland. De mogelijkheden onderzocht. A&W-rapport 2461. Altenburg & Wymenga ecologisch onderzoek / DosPisos, Feanwâlden.
- De Groot, G.A. & D. Bos. 2018. Pilot genetische analyse van verspreidingspatronen bij muskusratten. Notitie. Wageningen Environmental Research, Wageningen.
- De Groot, G.A., M. Laar & E. van der Grift. 2022. Bronherkenning voor Friese muskusratten op basis van ruimtelijke genetica; beknopte rapportage van een genetische kaart van muskusratten in Noord-Nederland en bronherkenning voor een eerste serie Friese monsters. Notitie. Wageningen Environmental Research, Wageningen.
- Errington, P.L. 1963. *Muskrat populations*. Iowa State University Press, Ames, USA.
- Laar, M. 2022. Dispersal patterns and spatial population structuring in a semi-aquatic rodent: a DNA-based case study of muskrat in The Netherlands. MSc-thesis. Wageningen University, Wageningen.
- Laurence, S., M.J. Smith & A.I. Schulte-Hostedde. 2013. Effects of structural connectivity on fine scale population genetic structure of muskrat, *Ondatra zibethicus*. *Ecology and Evolution* 3(10):3524-3535. DOI: 10.1002/ece3.741.
- Morehouse, A.A. 2022. Landscape ecology influence on population dynamics and gene flow: A muskrat's tale. MSc-thesis. University of North Dakota, Grand Forks, USA.
- Purcell, S., B. Neale, K. Todd-Brown, L. Thomas, M. Ferreira, et al. 2007. PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *The American Journal of Human Genetics* 81: 559-575.
- Rey-Iglesia, A., S. Gopalakrishnan, C. Caroe, D.E. Alquezar-Planas, A. Ahlmann Nielsen, et al. 2018. MobiSeq: De novo SNP discovery in model and non-model species through sequencing the flanking region of transposable elements. *Molecular Ecology Resources* 19:512-525.

Bijlage 1 Gedetailleerde verwantschappen ten opzichte van twee belangrijke bronregio's

a)

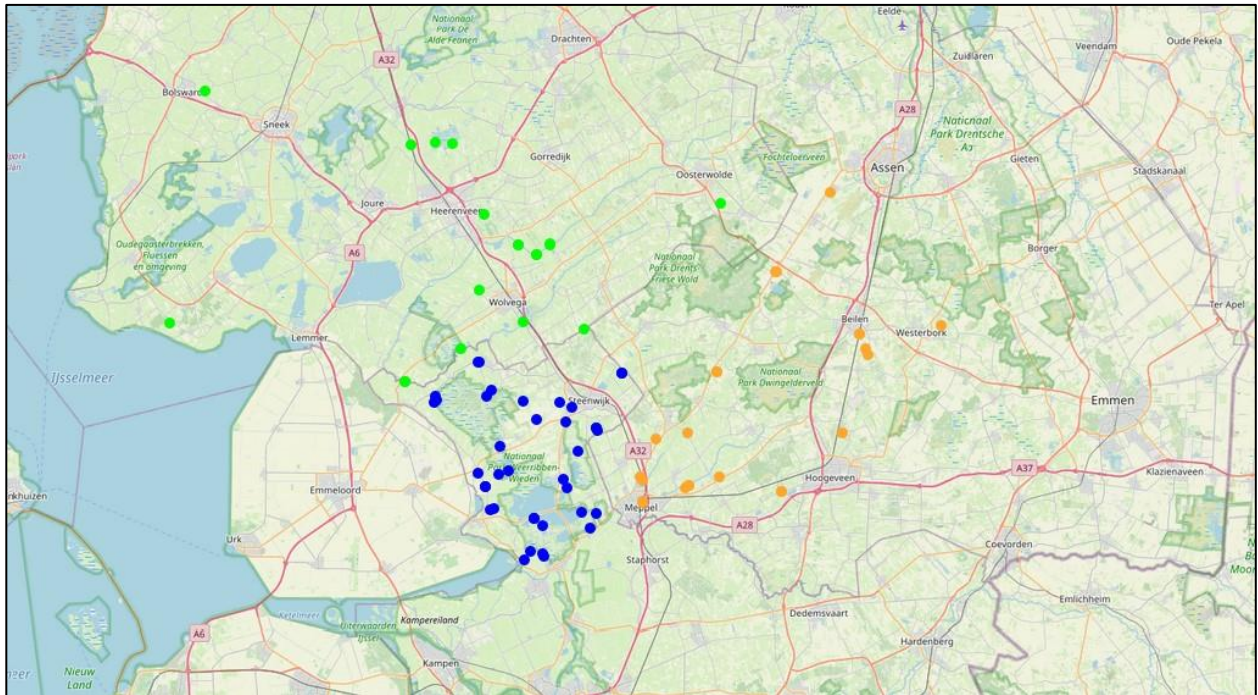


b)

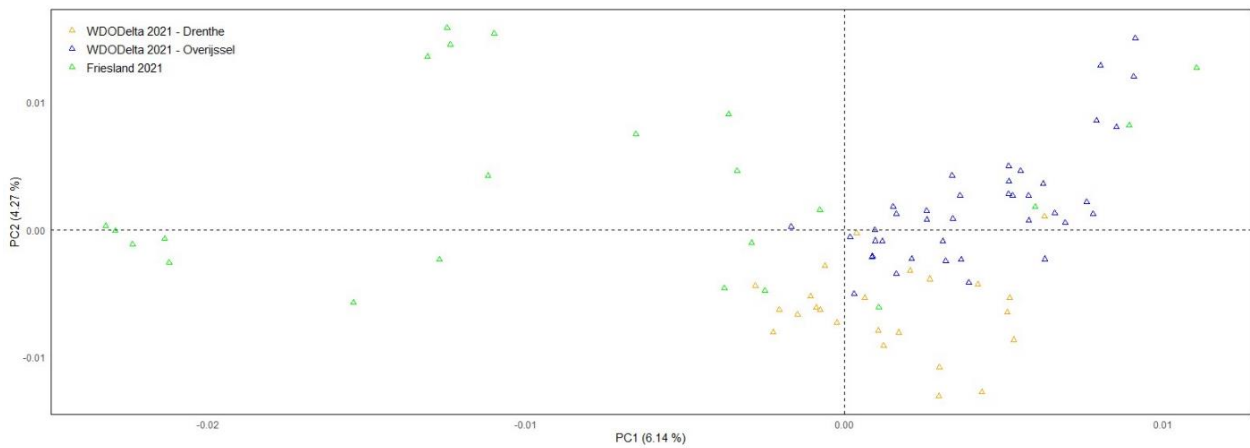


Figuur S1 Verdeling van individuen bemonsterd in Noorderzijlvest over drie deelregio's (Figuur a) en een gedetailleerde vergelijking van genetische verschillen tussen individuen uit deze deelregio's onderling en ten opzichte van individuen bemonsterd in Friesland in 2020-2021 (Figuur b). **Let op:** de kleuren in deze figuren wijken af van de kleuren in de rest van het rapport, om een goed onderscheid tussen de deelregio's zichtbaar te maken.

a)

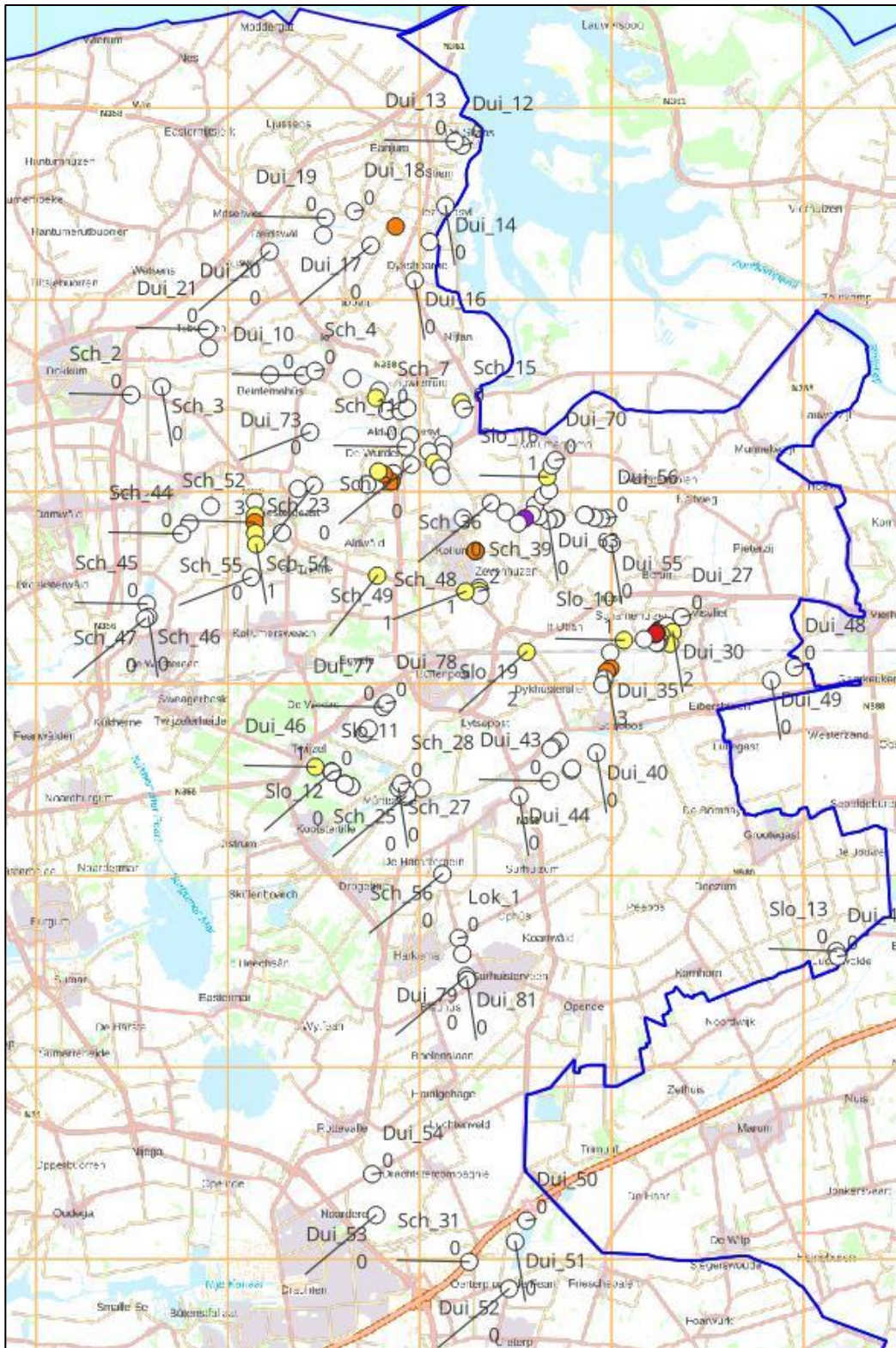


b)



Figuur S2 Verdeling van individuen bemonsterd in beheerregio Drents-Overrijsselse Delta over twee deelregio's (de provincies Drenthe en Overijssel; Figuur a) en een gedetailleerde vergelijking van genetische verschillen tussen individuen uit deze deelregio's onderling en ten opzichte van individuen bemonsterd in Friesland in 2020-2021 (Figuur b). **Let op:** de kleuren in deze figuren wijken af van de kleuren in de rest van het rapport, om een goed onderscheid tussen de deelregio's zichtbaar te maken.

Bijlage 2 Vangsten in aanvullend geplaatste vangmiddelen 2022-2023



Figuur S3 Vangmiddelen geplaatst in 2022-2023 in Noordoost-Friesland naar aanleiding van de resultaten van de tussenrapportage van de genetische bronherkenning (weergegeven middels cirkels) en de vangsten die dit opleverde (weergegeven middels inkleuring van de cirkel; wit = 0 vangsten, geel = 1 of 2 vangsten, oranje = 3 of 4 vangsten, rood = 5 of 6 vangsten). Kaart en brongegevens aangeleverd door UvW en Wetterskip Fryslân.



Figuur S4 Vangmiddelen geplaatst in 2022-2023 in het Friese grensgebied met Overijssel naar aanleiding van de resultaten van de tussenrapportage van de genetische bronherkenning (weergegeven middels cirkels) en de vangsten die dit opleverde (weergegeven middels inkleuring van de cirkel; wit = 0 vangsten, geel = 1 of 2 vangsten, oranje = 3 of 4 vangsten, rood = 5 of 6 vangsten). Kaart en brongegevens aangeleverd door UvW en Wetterskip Fryslân.




Wageningen Environmental Research
Postbus 47
6700 AA Wageningen
T 0317 48 07 00
wur.nl/environmental-research

Wageningen Environmental Research
Rapport 3294
ISSN 1566-7197



De missie van Wageningen University & Research is 'To explore the potential of nature to improve the quality of life'. Binnen Wageningen University & Research bundelen Wageningen University en gespecialiseerde onderzoeksinstituten van Stichting Wageningen Research hun krachten om bij te dragen aan de oplossing van belangrijke vragen in het domein van gezonde voeding en leefomgeving. Met ongeveer 30 vestigingen, 7.600 medewerkers (6.700 fte) en 13.100 studenten en ruim 150.000 Leven Lang Leren-deelnemers behoort Wageningen University & Research wereldwijd tot de aansprekende kennisinstellingen binnen haar domein. De integrale benadering van de vraagstukken en de samenwerking tussen verschillende disciplines vormen het hart van de unieke Wageningen aanpak.



To explore
the potential
of nature to
improve the
quality of life

Wageningen Environmental Research
Postbus 47
6700 AB Wageningen
T 0317 48 07 00
wur.nl/environmental-research

Rapport 3294
ISSN 1566-7197

De missie van Wageningen University & Research is 'To explore the potential of nature to improve the quality of life'. Binnen Wageningen University & Research bundelen Wageningen University en gespecialiseerde onderzoeksinstituten van Stichting Wageningen Research hun krachten om bij te dragen aan de oplossing van belangrijke vragen in het domein van gezonde voeding en leefomgeving. Met ongeveer 30 vestigingen, 7.600 medewerkers (6.700 fte) en 13.100 studenten en ruim 150.000 Leven Lang Leren-deelnemers behoort Wageningen University & Research wereldwijd tot de aansprekende kennisinstellingen binnen haar domein. De integrale benadering van de vraagstukken en de samenwerking tussen verschillende disciplines vormen het hart van de unieke Wageningen aanpak.

