

# Waterdraken en -salamanders op het droge

## Ontrafelen van de invloed van het landschap op genetische diversiteit en connectiviteit

Karen Cox & Jeroen Speybroeck

De meeste amfibiesoorten hebben zowel water- als landhabitat nodig. Hoewel we grotendeels weten waaraan een goede voortplantingspoel voor onze watersalamanders moet voldoen, is die kennis minder uitgebreid voor de terrestrische habitat. Nochtans brengen watersalamanders een belangrijk deel van hun leven op het land door. De kwaliteit en samenstelling van het landschap bepalen dan ook voor een groot deel of een soort er kan overleven. In twee studies probeerden we een beter begrip te krijgen van de invloed van het landschap op de genetische diversiteit van de kwetsbare Kamsalamander *Triturus cristatus* en op de verbondenheid tussen populaties van deze soort en de meer algemene Kleine watersalamander *Lissotriton vulgaris*.

### Kort en bondig

- Als individuele dieren gemakkelijk door het landschap kunnen bewegen, bevordert dit vlotte genenuitwisseling en dus de genetische diversiteit van amfibieën.
- Welke landschapskenmerken van de landhabitat zijn hierbij belangrijk?
- De genetische diversiteit van Kamsalamander wordt vooral bepaald door kenmerken van het landschap in de directe omgeving van de poel.
- Een kleinere afstand tussen voortplantingspoelen zorgt voor een grotere genetische diversiteit van Kamsalamander.
- Ook de aan- of afwezigheid van bos, wegen en akker- en weiland zijn van belang, al hangt de precieze invloed af van ruimtelijke schaal en gekozen genetische variabele.
- In een landschap gedomineerd door beheerd grasland binnen een gebied met veel landbouwactiviteit, gebouwen en wegen ondervinden Kamsalamander en Kleine watersalamander lagere genenuitwisseling.
- Poelen aanleggen in de buurt van bestaande poelen en creëren van een meer gevarieerd landschap is gunstig voor beide soorten.

Het verlies en de versnippering van leefgebied zijn belangrijke factoren die bijdragen aan de achteruitgang van vele soorten. Dat is zeker zo bij amfibieën (McCartney-Melstad & Shaffer 2015). Vanwege hun amfibische levenswijze, dus zowel in het water als op het land, is hun voortbestaan niet alleen afhankelijk van de kwaliteit van het aquatisch leefgebied, maar ook van het terrestrisch leefgebied. Het terrestrisch leefgebied laat foerageren en winter- of zomerslaap toe. Ook moeten amfibieën het landschap doorkruisen om van poel naar winter- of zomerverblijf en vice versa te trekken. Daarnaast is het belangrijk dat het landschap de verbinding tussen verschillende populaties mogelijk maakt om uitwisseling van genen toe te laten en daarmee de genetische diversiteit te behouden. Amfibieën komen immers vaak voor in ruimtelijk verspreide poelen. Zeker bij bedreigde soorten zoals de Kamsalamander speelt een voldoende hoge connectiviteit een belangrijke rol om verdere achteruitgang van de soort te voorkomen (Lewylle et al. 2018). Genenuitwisseling compenseert namelijk het verlies van genetische diversiteit dat sowieso optreedt door toeval (genetische drift, zie **Box 1**) (Whitlock et al. 2000). Genetische drift is sterker in kleinere populaties, waardoor daar meer genenuitwisseling nodig is.

Voor de terrestrische habitat van Kamsalamander zijn er momenteel twee criteria voor de beoordeling van de lokale staat van instandhouding (LSVI) (Lommaert et al. 2020). Om in goede staat te verkeren moet het landschap voldoende kleinschalig zijn met bossen, ruigtevegetaties, houtwallen enz. Ook mag het waterbiotoop maximaal 500 meter verwijderd zijn. Deze criteria steunen op de verworven kennis dat de soort graag gebruikmaakt van bossen en houtkanten als schuilplaatsen en overwinteringsplekken (Jehle 2000, Joly et al. 2001). Hoewel Kleine watersalamander mogelijk minder afhankelijk is van deze habitats, hebben beide soorten de neiging om in de

richting van bosranden en bomen te migreren (Jehle & Arntzen 2000, Malmgren 2002). Europese watersalamandersoorten worden over het algemeen beschouwd als weinig mobiele dieren die doorgaans enkele tientallen tot enkele honderden meters afleggen, waardoor land- en waterhabitat niet te ver van elkaar verwijderd mogen zijn (Baker & Halliday 1999). Toch is het niet altijd duidelijk of het vaak complexe landschap werkelijk geschikt is om deelpopulaties leefbaar te houden en te verbinden.

Door middel van twee genetische studies onderzochten we de invloed van het omringende landschap op de genetische diversiteit, effectieve populatiegrootte (zie **Box 1**) en connectiviteit van watersalamanderpopulaties (Cox et al. 2021a, 2023). In een eerste studie schetsten we een algemeen beeld van het effect van bepaalde landschapkenmerken rond de voortplantingspoelen op de aanwezige genetische diversiteit en effectieve populatiegrootte van de Kamsalamander (Cox et al. 2021a). Hiervoor verzamelden we genetische informatie van meerdere clusters van poelen en gegevens over het landschap waarin ze zich bevinden. Die poelen huisvesten elk een deelpopulatie. Samen vormen ze een zogenaamde ruimtelijk gestructureerde populatie, wat we hier eenvoudigweg een metapopulatie noemen. In een tweede studie onderzochten we binnen een studiegebied met een hoog percentage landbouw- en bebouwd

gebied de genenuitwisseling tussen de deelpopulaties van zowel de Kamsalamander als de Kleine watersalamander (Cox et al. 2023). Hoewel beide soorten vaak samen voorkomen, is de Kamsalamander heel wat kritischer in zijn habitatkeuze. De Kleine watersalamander komt algemener voor en in een breed scala aan leefgebieden, zelfs in greppels en grachten. We zochten uit hoe verschillen in landgebruik de verbreiding van deze twee soorten beïnvloeden. Door in deze tweede studie informatie van beide soorten te vergelijken, hoopten we een beter inzicht in soortspecifieke verschillen in mobiliteit te bekomen. Dit moet leiden tot nuttige informatie voor het opstellen van beheermaatregelen die het behoud van populaties van beide soorten kunnen bevorderen (maar zie ook **Box 2** hoe verzamelde genetische informatie verder benut wordt).

### Landschapseffecten bij Kamsalamander

In de eerste studie hebben we verspreid over Vlaanderen twaalf metapopulaties van de Kamsalamander onderzocht en één metapopulatie in Wallonië (Marche-en-Famenne) (**Figuur 1**). Hoewel deze populaties zich in verschillende landschappen bevinden, zijn de meeste gelegen in landelijke tot peri-urbane gebieden omringd door akkers en weilanden. In één tot zes poelen per metapopulatie werden in 2011-2012 of in 2018 volwassen Kamsalamanders en soms ook larven bemonsterd door



Kleine watersalamander (© Wikimadia/Kristian Peters)

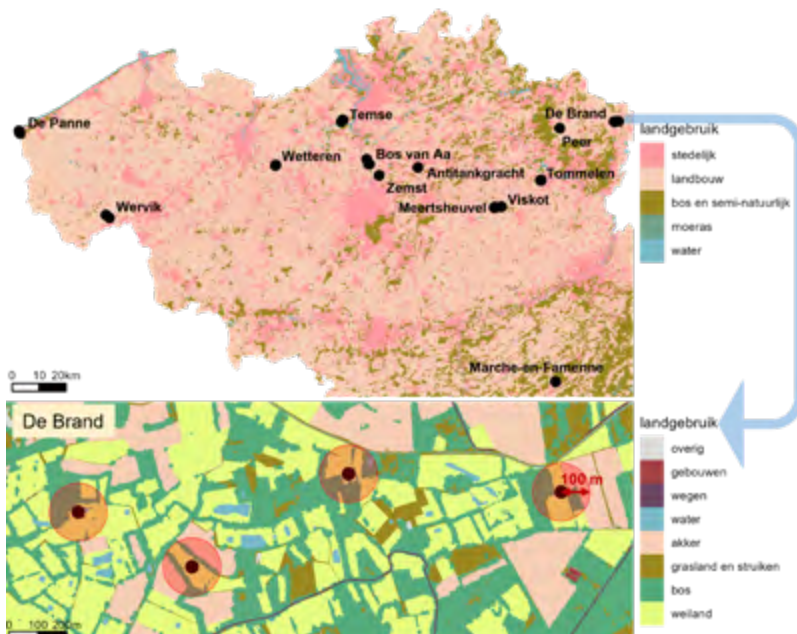
respectievelijk het nemen van cloacale uitstrijkjes en het knippen van staartpuntjes. Eerder werden in 2010 in Camp Roi Albert in Marche-en-Famenne teenmonsters verzameld. Uiteindelijk bekwamen we bruikbare gegevens van 1.009 volwassenen, 55 subadulten en 268 larven, afkomstig van 52 poelen.

Per poel berekenden we verschillende parameters voor genetische diversiteit en schatten we de effectieve populatiegrootte. De samenstelling van het landschap werd gekarakteriseerd door middel van verschillende kaartlagen en orthofoto's. Om te evalueren op welke ruimtelijke schaal de landschapkenmerken het meest een rol spelen, creëerden we cirkelvormige buffers met verschillende stralen (50, 100, 250 en 500 meter) rond elke bemonsterde poel (**Figuur 1**, 100 meter als voorbeeld). Deze bestrijken grotendeels de afstanden die de Kamsalamander kan afleggen. Vanwege de beperkte afstanden tussen de onderzochte poelen binnen metapopulaties waren nog grotere buffers niet mogelijk. Binnen elke buffer berekenden we telkens de proportie aan natuurlijk grasland (met struiken), beheerd grasland voor landbouwgebruik (met voornamelijk weiland), akkerland, bedekking met bomen en oppervlaktewater (exclusief grotere stilstaande en stromende waterlichamen, die we als ongeschikt beschouwen als waterhabitat), evenals de totale lengte van de wegen en het aantal poelen. Daarnaast hebben we ook voor elke poel de afstand tot de dichtstbijzijnde poel berekend.

### Effecten op kleine schaal

Het onderzoek onthulde een scala aan inzichten, die afhankelijk van de onderzochte schaal variërende patronen blootlegden. Vooral op de kleinste schalen, met een straal van 50 of 100 meter rondom de poelen, kwamen duidelijke verbanden tussen landschap en genetische diversiteit naar voren en bovenal met allelische rijkdom als genetische indicator (zie **Box 1**). Onafhankelijk van de onderzochte schaal had de nabijheid van andere poelen steeds een positief effect op verschillende genetische parameters. Kortere afstanden tot naburige poelen en grotere totale oppervlakten aan waterlichamen binnen een straal van 50 tot 100 meter resulteerden in een verhoogde genetische diversiteit. Deze bevinding benadrukte de waarde van een goed verbonden netwerk van waterlichamen voor het behoud van genetische diversiteit binnen kamsalamanderpopulaties.

Tegelijkertijd bleek de invloed van ander landgebruik genuanceerder. Op kleinere schaal waren er tegenstrijdige bevindingen omtrent de impact van weilanden en akkers op genetische diversiteit. De openheid van weilanden en akkers dichtbij de voortplantingspoelen suggereerde gunstige effecten, eventueel mede door de aanwezigheid van begeleidende hagen en grachten die voor extra habitat of corridors kunnen zorgen. Op grotere schaal leek een hoger percentage akkerland nochtans een negatieve



Figuur 1. Overzicht van de bemonsterde poelen (bovenaan) met als achtergrond de Corine landbedekkingsdata van 2018 (webref 1) ingedeeld volgens de vijf hoofdklassen. Onderaan werd ingezoomd op het gebied De Brand, waar vier poelen (zwarte punten) bemonsterd werden. De rode cirkels zijn als voorbeeld de buffers met een straal van 100 meter waarbinnen de proporties van de verschillende categorieën van landbedekking berekend werden, hier weergegeven met behulp van onder andere de Bodembedekkingskaart van 2012 (Agentschap Informatie Vlaanderen, webref 2).

### Box 1: Begrippen

**Genetische drift:** toevallige wijzigingen in de samenstelling van allelen in een populatie van generatie op generatie. Dit leidt op termijn tot verlies van genetische diversiteit.

**Effectieve populatiegrootte:** grootte van een theoretisch ideale populatie die even sterk onderhevig is aan genetische drift als de populatie in kwestie. De effectieve populatiegrootte is bijgevolg een maat voor de weerbaarheid van een populatie tegen drift en inteelt.

**Allelische rijkdom:** maat voor de genetische diversiteit. Het is het aantal verschillende allelen (varianten van een gen die zich bevinden op een specifieke locatie of locus op een chromosoom) aanwezig in een populatie, gecorrigeerd voor het aantal genomen stalen. Hoe lager de allelische rijkdom, hoe lager de genetische diversiteit.

**Verwachte heterozygositeit:** dit meet hoe waarschijnlijk het is dat individuen in een populatie verschillende versies van een gen (allel) hebben. Hoe lager de verwachte heterozygositeit, hoe lager de genetische diversiteit.

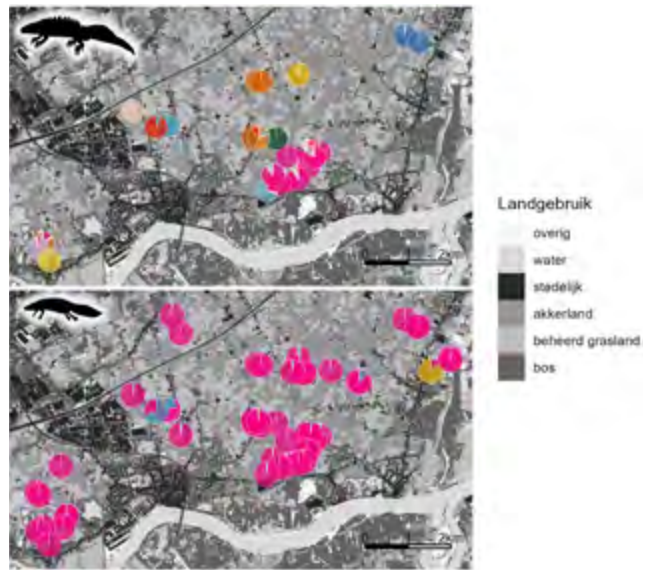
invloed te hebben, vermoedelijk door verhoogde input van voedingsstoffen en pesticiden.

Dat bossen en houtkanten van cruciaal belang zijn voor de landhabitat van de Kamsalamander werd bevestigd: een grotere aanwezigheid van bomen binnen een straal van 50 meter rondom de poelen werd over het algemeen geassocieerd met een grotere effectieve populatiegrootte. Maar op het niveau van individuele metapopulaties was er een negatieve relatie tussen genetische diversiteit en de aanwezigheid van bomen en bos binnen een afstand van 100 en 250 meter. Hoe meer bomen rond een poel, hoe meer schaduw en bladval. Overmatige schaduw op een poel leidt tot minder macrofyten in het water, verminderde fotosynthese met bijgevolg verminderde zuurstof en tot een lagere watertemperatuur, wat nadelig is voor de ontwikkeling van de larven (Maletzky et al. 2007, Oldham et al. 2000).

Ten slotte stelden we niet onverwacht vast dat wegen een negatieve invloed hadden op de effectieve populatiegrootte (250 meter). Volgens Gustafson et al. (2011) vermijden Kamsalamanders niet noodzakelijk wegen, maar leidt verkeer wel tot slachtoffers. Zelfs op de secundaire wegen, zoals deze aangetroffen in ons onderzoek, neemt het risico op aanrijdingen toe, vooral tijdens het migratieseizoen en bij dispersie (Matos et al. 2017).

### Connectiviteit voor Kamsalamander en Kleine watersalamander

Binnen het agrarisch gebied van Temse en Kruikebeke onderzochten we in een tweede studie de connectiviteit tussen de verschillende deelpopulaties van Kamsalamander en Kleine



Figuur 2. Kaarten met overzicht van de verschillende bemonsterde poelen met Kamsalamander (boven) en Kleine watersalamander (onder). De proporties van toewijzing aan verschillende genetische groepen wordt door de taartdiagrammen weergegeven per soort en met een verschillende kleur voor elke groep. Voor Kamsalamander werden veertien genetische groepen gevonden, voor Kleine watersalamander drie. Beide figuren tonen zes landbedekkingsklassen afgeleid uit de LifeWatch Wallonia-Brussels ecotope databank voor 2015 (Radoux et al. 2019).

watersalamander (Figuur 2). In het voorjaar van 2018 bezochten we 55 poelen, die vooraf werden geselecteerd met hulp van het Regionaal Landschap Schelde-Durme en op basis van informatie uit waarnemingen.be en de Hyla-databank. We bemonsterden de meeste poelen drie keer met behulp van Dewsbury salamandervallen of Vermandelfuiken (Figuur 3). Opnieuw namen we



Figuur 3. Staalname van salamanders in Temse en Kruikebeke, waarbij Dewsbury salamandervallen werden gebruikt. De witte zakken worden drijvend gehouden met luchttoevoer; de salamanders kruipen in de bakjes die op de bodem rusten en kunnen door het achter de opening aanwezige net niet meer ontsnappen. Mannelijke Kleine watersalamander (linksboven) en Kamsalamander (rechtsonder).

met cloacale uitstrijkjes stalen van volwassen Kamsalamanders, maar deze keer ook van Alpenwatersalamanders *Ichthyosaura alpestris* en Kleine watersalamanders. In juni 2018 bezochten we de poelen nogmaals om larven te vangen met schepnetten. Na het ter plekke knippen van staartpuntjes lieten we de larven terug vrij. Finaal bekwamen we zo genetische profielen van 667 Kamsalamanders (uit 29 poelen) en 2.096 Kleine watersalamanders (uit 52 poelen). Alpenwatersalamander was te beperkt aanwezig (slechts 8 poelen) voor verder onderzoek.

### Genetische verschillen en gelijkenissen

De genetische verschillen tussen poelen of deelpopulaties waren veel kleiner voor Kleine watersalamander dan voor Kamsalamander. Voor die laatste vormde bijna elke poel een aparte genetische groep (**Figuur 2**). Enkel zeer dicht bij elkaar gelegen poelen behoorden tot dezelfde groep. Dit suggereert dat de deelpopulaties van Kamsalamander veel sterker geïsoleerd zijn van elkaar dan deze van de Kleine watersalamander. Bovendien was de genetische diversiteit van de deelpopulaties van Kamsalamander aanzienlijk lager dan die van Kleine watersalamander. De resultaten wijzen op de kleine effectieve populatiegroottes van Kamsalamander. Daarentegen werden slechts drie genetische groepen gevonden onder de Kleine watersalamander deelpopulaties (**Figuur 2**), wat wijst op een hogere mate van verbinding. Dit komt overeen met onze verwachtingen bij het vergelijken van een eerder zeldzame met een meer algemene soort.

Bij beide soorten nam de genetische gelijkenis tussen de deelpopulaties af naarmate de afstand groter werd. Zo konden we onrechtstreeks de dispersieafstand inschatten (over meerdere generaties heen). Voor beide soorten bleek de genetische gelijkenis in het studiegebied nul te zijn bij een afstand van 1 kilometer, maar was deze voor Kamsalamander niet meer statistisch te onderscheiden bij een afstand van 500 meter. Ondanks het kleinere formaat van de Kleine watersalamander lijkt de soort dus in staat om gelijkaardige tot grotere afstanden te overbruggen. Wellicht heeft ze meer geschikte poelen ter beschikking waardoor ze via deze talrijkere stapstenen verder gelegen poelen kan bereiken. Toch vonden we onder de deelpopulaties van Kleine watersalamander een onderliggende ruimtelijke structuur die de eerder vermelde genetische groepen verder verdeelde en waren er zelfs indicaties van inteelt. Een recente afname in connectiviteit kan hiervoor een verklaring zijn.



Kamsalamander *Triturus cristatus* © Wikimedia/Kryp

Ondanks de verschillen tussen de twee soorten in genetische diversiteit en differentiatie tussen de deelpopulaties was er toch een ruimtelijke overeenkomst. Voor poelen waar beide soorten samen voorkwamen, was de trend in allelische rijkdom vergelijkbaar. Waar de genetische variatie hoger was voor Kamsalamander, was deze meestal ook hoger voor Kleine watersalamander en vice versa. Hieruit kunnen we afleiden dat de omgeving hun genetische variatie op een analoge manier heeft beïnvloed. Eerdere studies hebben aangetoond dat hun aanwezigheid gerelateerd is aan dezelfde habitatkenmerken (Denoël et al. 2013) en aan de aanwezigheid van meerdere soorten salamanders in de poelen (Cayuela et al. 2018). In ons studiegebied bevatten de deelpopulaties in tuinvijvers en andere kunstmatige poelen (met verharding) de laagste genetische variatie. Dit kan te maken hebben met een langdurig stichterseffect (na kolonisatie), verstoring, ondermaatse kwaliteit van de voortplantingspoel of van landhabitat of een gebrek aan genenuitwisseling. In enkele poelen kan ook frequente drooglegging tijdens de ontwikkeling van de larven een rol spelen. Het jaarlijks verlies van nakomelingen belemmert verdere populatiegroei en bevordert genetische drift, vooral wanneer er geen nieuwe genen binnenkomen via uitwisseling.

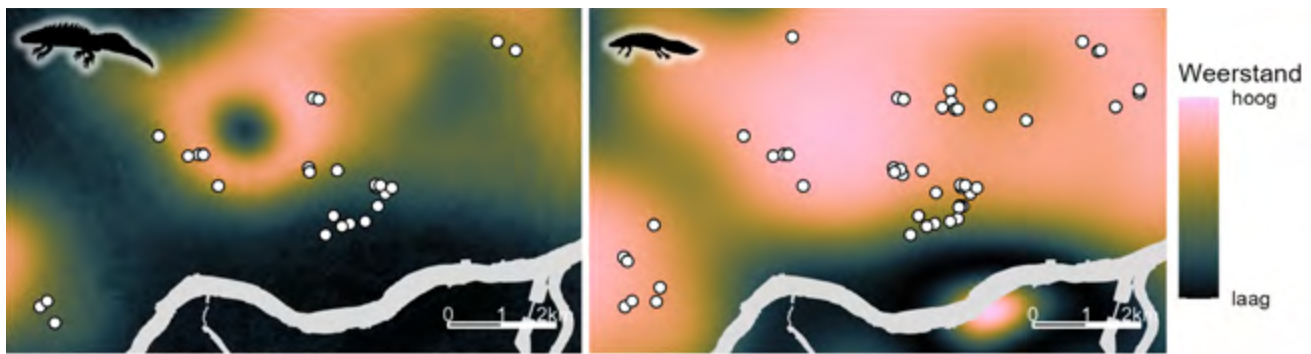
### Het landschap als een mozaïek van weerstanden

Net als in de eerste studie van de Kamsalamander hebben we eerst bepaald welke vormen van landgebruik en andere kenmerken mogelijk een invloed zouden kunnen hebben, in dit geval op de connectiviteit. Voor negen landschapkenmerken werden rasterkaarten (30 x 30 meter) aangemaakt op basis van bestaande kaartlagen.

Als proxy voor genenuitwisseling berekenden we een specifieke genetische afstand tussen de deelpopulaties. Vervolgens werden modellen gebouwd met de landschapkenmerken om zo goed mogelijk de genetische afstand tussen de deelpopulaties te verklaren. Op basis van de modellen werden telkens 'weerstandskarten' opgebouwd, waarmee effectieve afstanden tussen poelen werden berekend en vergeleken met de genetische afstanden. Deze effectieve afstanden kan je vergelijken met de afstanden die worden berekend op basis van de elektriciteitsleer, maar dan bekijk je het landschap als een netwerk van weerstanden (zie ook Cox et al. 2017). Elk stukje van het landschap heeft dan zijn eigen mate van weerstand tegen genenuitwisseling. Naast alle combinaties van de landschapkenmerken hebben we ook de geografische afstand getest als mogelijke verklaring voor de genetische afstanden. Dit model leverde echter een minder goede pasvorm op in vergelijking met vele andere modellen. Afstand alleen verklaart bijgevolg de mate of het gebrek aan connectiviteit minder goed.

### Gelijkaardige hindernissen voor beide soorten

Op basis van de weerstandskarten die het beste matchen met de genetische afstanden, bleek dat beheerd grasland een aanzienlijke hindernis vormt voor genenuitwisseling tussen zowel Kamsalamanders als Kleine watersalamanders. Vooral het doorkruisen van grote of aaneengesloten weiland(complex)en is



Figuur 4. Weergave van de weerstand tegen genenuitwisseling verdeeld over het landschap voor Kamsalamander (links) en Kleine watersalamander (rechts). De witte bollen zijn de locaties waar de soorten aangetroffen werden; de Schelde werd in grijs aangeduid.

moeilijk voor de watersalamanders. Ook in andere studies wordt intensief beheerd grasland beschouwd als een barrière voor de verspreiding van salamanders (Mulkeen et al. 2017, Oldham et al. 2000). Dit type grasland wordt gekenmerkt door begrazing, een maai- en bemestingsregime en niet zelden het gebruik van herbiciden. Structuurvariatie, die beschutting en foerageergebied kan bieden, ontbreekt. Deze uniforme open velden kunnen ook een groter risico op uitdroging met zich meebrengen, waar vele amfibieën gevoelig voor zijn.

Terwijl voor de Kleine watersalamander enkel beheerd grasland als belangrijke hindernis naar voren komt, speelden voor de Kamsalamander daarnaast ook andere types landgebruik mogelijk een rol in de uitwisseling. Gebieden waar bomen schaars zijn of waar akkers veelvuldig voorkomen zouden zo een hindernis kunnen vormen voor de Kamsalamander. De hoogste weerstand op basis van al deze elementen (en in kaart gebracht via een gewogen gemiddelde) kon teruggevonden worden in het noord-oostelijk deel het studiegebied (Figuur 4). Opvallend was dat we

## Box 2: Verder gebruik van genetische informatie

De genetische data die onder andere voor deze studies verzameld werden, geven ook informatie over de algemene toestand van de onderzochte populaties. Vooral voor kwetsbare en bedreigde soorten zoals Kamsalamander kunnen schattingen van de genetische diversiteit zicht geven op welke populaties het nog goed doen en welke in moeilijkheden verkeren. Dit is complementaire informatie die naast schattingen van aantallen, reproductiesucces en habitatkwaliteit gelegd kan worden om vervolgens tot een gericht herstel te komen via het vergroten van leefgebieden of opnieuw creëren van verbindingen tussen populaties. Voor de underdogs onder de populaties, waar bv. geen genenuitwisseling met andere populaties aanwezig is en dit in de nabije toekomst niet mogelijk is, kan bijplaatsing een oplossing bieden (Mergeay & Verbist 2021, bv. in Bos van Aa, Cox et al. 2021b). Cruciaal hierbij is echter dat de hoeveelheid en kwaliteit van de habitats voldoende hoog zijn (Speybroeck et al. 2022).

Schattingen van genetische diversiteit kunnen een hulp bieden bij de keuze van mogelijke bronpopulaties voor translocaties (bv. een bijplaatsing of herintroductie). Een voorbeeld van zo'n schatting is in de figuur hiernaast te zien, waar alle tot nog toe onderzochte Vlaamse populaties van Kamsalamander in voorkomen. Bronpopulaties leveren individuen aan die andere genen bevatten dan de populatie die je wil aanrijken of die samen genetisch voldoende divers zijn om een nieuwe populatie te stichten. Helaas is momenteel de genetische toestand maar voor een handvol populaties van Kamsalamander gekend. Hier is nood aan aanvullend onderzoek.

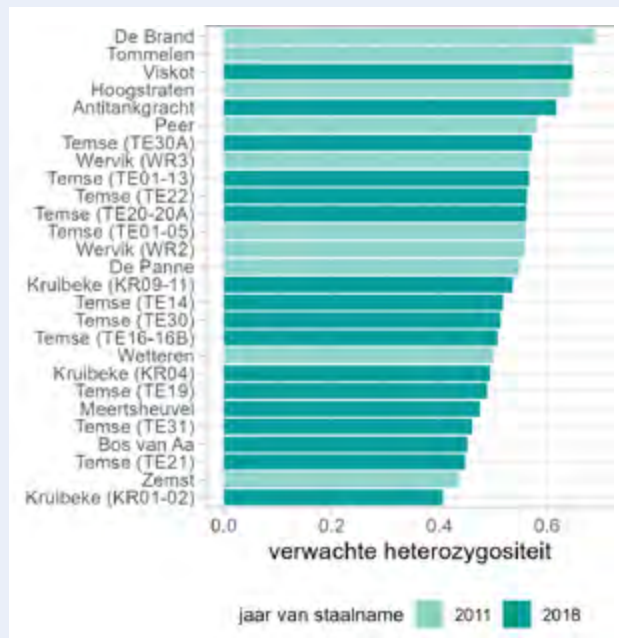


Diagram met de geschatte waarden voor verwachte heterozygositeit (zie Box 1), een van de meest gebruikte maten van genetische diversiteit, voor alle tot nog toe onderzochte populaties Kamsalamander in Vlaanderen. Hoe lager deze waarde, hoe lager de genetische diversiteit. De verschillende kleuren geven het verschil in staalnameperiode weer. De waarden werden per genetische groep gegeven. Wanneer dergelijke groep uit een specifieke set van poelen bestaat, werd deze tussen haakjes gegeven.

hetzelfde patroon van weerstand over het landschap zagen voor Kleine watersalamander, zij het met een algemeen hogere weerstand verspreid over het hele gebied (**Figuur 4**). Wanneer we de weerstandskarten vertalen naar kaarten van alle mogelijke routes die de salamanders kunnen nemen doorheen het landschap, dan blijkt dit voor beide soorten beperkt. Verplaatsingen lijken vooral haalbaar in de directe omgeving van de poelen en bijgevolg tussen nabijgelegen poelen. In de wat bosrijkere omgeving van de Schelde was nog enige mate van verbinding te vinden.

Door moderne landbouwpraktijken zijn akkers en velden groter en is het aandeel monoculturen toegenomen. Dit heeft niet alleen geleid tot een minder divers landschap, maar ook tot een afname van het aantal geschikte voortplantingspoelen. Hoewel het belang van de waterhabitat eerder is aangetoond, speelde dit in de resultaten met betrekking tot de invloed van het landschap op genenuitwisseling geen grote rol. Hetzelfde gold voor het urbaan landgebruik, waaronder bebouwing, wegen en andere verharde oppervlakken. Wat betreft waterhabitat was er wel geen informatie over de (water)kwaliteit van de poelen op de gebruikte kaartlaag. Dit betekent echter niet dat de aanwezigheid van poelen, dorpskernen, wegen of zelfs meer natuurlijk of extensief beheerd graslanden geen (positieve of negatieve) invloed kan hebben op connectiviteit. De aanwezigheid van intensief beheerd grasland had echter een zodanig grote invloed dat andere landschapsvariabelen relatief gezien weinig bijdroegen aan de verklaring van de genetische structuur.

### Een water- en structuurrijk landschap

De eerste studie op Kamsalamander heeft ons waardevolle inzichten opgeleverd over het belang van geschikt landhabitat in de directe omgeving van het voortplantingswater voor het behoud van genetische diversiteit. Het is niet verrassend dat de

aanwezigheid van andere poelen op wandelafstand een belangrijke rol speelt. Hoewel allelische rijkdom de sterkste associaties met het landschap vertoonde, boden andere parameters voor genetische diversiteit aanvullende informatie. Bovendien bleken associaties te veranderen wanneer we een andere ruimtelijke schaal in overweging namen. Deze bevindingen benadrukken de nood aan een evenwicht in het aandeel bomen of houtkanten rond voortplantingspoelen om overmatige beschaduwning van de poelen te voorkomen en toch voldoende ruimte te bieden voor overwintering en foerageren. Daarnaast hebben akkers en wegen binnen een ruimer kader een negatieve invloed op de aanwezige genetische diversiteit. Aangezien nagenoeg geen verschil in effect werd waargenomen binnen en tussen metapopulaties, zijn deze bevindingen algemeen van toepassing op alle kamsalamanderpopulaties.

Op basis van de resultaten van de connectiviteitsstudie in Temse en Kruikeke konden we besluiten dat structuurvariatie van groot belang is voor watersalamanders (Denoël 2012). Maar deze ontbreekt in intensief beheerd grasland. Momenteel zijn natuurbehoudsmaatregelen in het onderzoeksgebied gericht op het behoud van het aantal poelen en in mindere mate op het verhogen ervan. Hoewel deze mogelijk niet gemakkelijk gekoloniseerd worden via de huidige intensief beheerde, uniforme open velden, zijn ze toch cruciaal voor het ondersteunen van een duurzame metapopulatie. Daarnaast vertoonden tuinvijvers de laagste niveaus van genetische diversiteit, terwijl ze vaak als een nuttige aanvulling op de voortplantingshabitat van sommige amfibieën worden beschouwd (Baker et al. 2011). De geschiktheid van de aquatische habitat gaat hand in hand met die van de terrestrische habitat en beide verdienen gelijke aandacht. Het creëren van habitatdiversiteit door het toevoegen van poelen van verschillende grootte in de onmiddellijke buurt van bestaande poelen en het (opnieuw) creëren van een meer structuurrijk landschap zal beide soorten ten goede komen.

#### SUMMARY

**Cox K. & Speybroeck J. 2024. Water dragons and newts on land. Unravelling the influence of the landscape through genetic information. NATUURFOCUS 23(2) 48-55 [in Dutch].**

While we have some understanding of what makes a good breeding pond for newts, our knowledge is less comprehensive when it comes to the terrestrial habitat. Quality and composition of the landscape play a pivotal role in determining a species' potential to thrive. To gain a better understanding of how the landscape influences the genetic diversity and connectivity for newts, we conducted two studies. In both studies we considered the scale at which to assess the landscape, acknowledging that choosing only a single scale might miss certain landscape effects. The first study examined the influence of landscape features around breeding ponds on genetic diversity and effective population size of the Vulnerable (Flemish Red List) Great Crested Newt *Triturus cristatus*. We investigated twelve spatially structured populations of Great Crested Newt across Flanders and one in Wallonia. We collected genetic information from these populations as well as data on the landscapes they inhabit. The land cover types studied here appeared to

be mostly relevant on smaller spatial scales. Short distances between breeding ponds had a positive effect on genetic diversity, whereas the influence of other land cover types, such as woodland, arable land, pastures and roads varied depending on scale and measure of genetic diversity considered. In the second study, conducted in an area characterized by agriculture and urban development, we explored the connectivity between subpopulations of the Great Crested Newt and the more abundant and widespread Smooth Newt *Lissotriton vulgaris*. Genetic differences and similarities between these two species became evident, with Great Crested Newt subpopulations appearing more isolated than those of Smooth Newt. However both species faced similar challenges, with landscape features like managed grasslands, posing barriers to gene flow. The intensively managed grassland lacked the structural heterogeneity necessary for newts. In conclusion, our studies elucidated the intricate relationship between newts and their habitat, emphasizing the importance of landscape features like closely spaced ponds and spatial patchiness. These findings contribute to the development of effective conservation strategies for these species, ensuring their continued survival in the face of environmental challenges.

## DANKWOORD

Dank aan Matthieu Denoël, Hans Van Calster, Sam Van de Poel, Iwan Lewylle, Leen Verschaeve, An Van Breusegem, David Halfmaerten, Dries Adriaens en Gerald Louette, met wie de regionale studie werd uitgevoerd, en aan Robbert Schepers en opnieuw An Van Breusegem met wie de lokale studie in Temse en Kruikeke werd uitgevoerd. We bedanken graag de (voormalige) collega's en de vele vrijwilligers die geholpen hebben bij de staalname. De stalen in Marche-en-Famenne werden verkregen met steun van de Service Public de Wallonie (33.01.11/GF/2009-64). Daarnaast willen we graag de mileudiensten van Temse en Kruikeke bedanken voor hun hulp bij het informeren van eigenaars van de poelen over de staalnamecampagne. Tenslotte nog een grote dank aan alle diensten en eigenaars van de poelen om ons toegang te verlenen tot hun domein.

## AUTEURS

Karen Cox en Jeroen Speybroeck zijn wetenschappelijke medewerkers aan het INBO. Karen is werkzaam in het team 'Genetische diversiteit', waar ze genetisch onderzoek uitvoert op populaties van diverse soorten. Nadruk ligt vooral op het evalueren van de genetische toestand van populaties en de invloed van de omgeving. Jeroen is lid van het team 'Monitoring en herstel van aquatische fauna'. Zijn onderzoek richt zich vooral op amfibieën en reptielen en meer bepaald op het duurzaam behoud en beheer van de Europees en Vlaams beschermde en prioritaire soorten.

## CONTACT

Karen Cox, Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek, Team Genetische Diversiteit, Gaverstraat 4, 9500 Geraardsbergen

E-mail: karen.cox@inbo.be

## REFERENTIES

- Baker J., Beebee T., Buckley J., Gent T. & Orchard D. 2011. Amphibian habitat management handbook. Amphibian and reptile conservation, Bournemouth.
- Baker J.M.R. & Halliday T.R. 1999. Amphibian colonization of new ponds in an agricultural landscape. *Herpetological Journal* 9: 55-63.
- Cayuela H., Grollet O. & Joly P. 2018. Context-dependent dispersal, public information and heterospecific attraction in newts. *Oecologia* 188(4): 1069-1080.
- Cox K., Denoël M., Van Calster H., Speybroeck J., Van de Poel S., Lewylle I. et al. 2021a. Scale-dependent effects of terrestrial habitat on genetic variation in the Great Crested Newt *Triturus cristatus*. *Landscape Ecology* 36(10): 3029-3048.
- Cox K., Maes J., Van Calster H. & Mergey J. 2017. De Rugstreeppad als strandtoerist. *Landschapsgenetica* vertelt hoe het de Rugstreeppad vergaat aan de kust. *NATUURFOCUS* 16(4): 152-157.
- Cox K., Schepers R., Van Breusegem A. & Speybroeck J. 2023. The common ground in landscape effects on gene flow in two newt species in an agroecosystem. *Conservation Genetics* 24: 807-826.
- Cox K., Speybroeck J., Auwerx J., van Doorn L. & Mergey J. 2021b. Advies over het genetisch verrijken van de populatie Kamsalamanders in Bos van Aa in Zemst. Adviezen van het Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek Nr. INBO.A.4080.

- Denoël M. 2012. Newt decline in Western Europe: Highlights from relative distribution changes within guilds. *Biodiversity and Conservation* 21(11): 2887-2898.
- Denoël M., Perez A., Cornet Y. & Ficetola G.F. 2013. Similar local and landscape processes affect both a common and a rare newt species. *PLoS one* 8(5): e62727.
- Gustafson D.H., Malmgren J.C. & Mikusiński G. 2011. Terrestrial habitat predicts use of aquatic habitat for breeding purposes — a study on the Great Crested Newt *Triturus cristatus*. *Annales Zoologici Fennici* 48(5): 295-307.
- Jehle R. 2000. The terrestrial summer habitat of radio-tracked Great Crested Newts *Triturus cristatus* and Marbled Newts *T. marmoratus*. *Herpetological Journal* 10: 137-142.
- Jehle R. & Arntzen J.W. 2000. Post-breeding migrations of newts *Triturus cristatus* and *T. marmoratus* with contrasting ecological requirements. *Journal of Zoology* 251(3): 297-306.
- Joly P., Miaud C., Lehmann A. & Grollet O. 2001. Habitat matrix effects on pond occupancy in newts. *Conservation Biology* 15(1): 239-248.
- Lewylle I., Van de Poel S., De Smedt P. & Lambrechts K. 2018. Boomkikker en Kamsalamander in Vlaanderen. Eindelijk van de ondergang gered? *NATUURFOCUS* 17(3):109-116.
- Lommaert L., Adriaens D. & Pollet M. (eds.) 2020. Criteria voor de beoordeling van de lokale staat van instandhouding van de Habitatrichtlijnsoorten in Vlaanderen: Versie 2.0. Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek.
- Maletzky A., Kyek M. & Goldschmid A. 2007. Monitoring status, habitat features and amphibian species richness of Crested Newt *Triturus cristatus* ponds at the edge of the species range (Salzburg, Austria). *Annales De Limnologie-International Journal of Limnology* 43(2): 107-115.
- Malmgren J.C. 2002. How does a newt find its way from a pond? Migration patterns after breeding and metamorphosis in Great Crested Newts *Triturus cristatus* and Smooth Newts *T. vulgaris*. *Herpetological Journal* 12(1): 29-35.
- Matos C., Petrovan S.O., Ward A.I. & Wheeler P.M. 2017. Facilitating permeability of landscapes impacted by roads for protected amphibians: patterns of movement for the great crested newt. *PeerJ* 5: e2922.
- McCartney-Melstad E. & Shaffer H.B. 2015. Amphibian molecular ecology and how it has informed conservation. *Molecular Ecology* 24(20): 5084-5109.
- Mergey J. & Verbist V. 2021. Leidraad translocaties voor biodiversiteit in Vlaanderen. Rapporten van het Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek 2021 (13).
- Mulken C.J., Gibson-Brabazon S., Carlin C., Williams C.D., Healy M.G., Mackey P. et al. 2017. Habitat suitability assessment of constructed wetlands for the Smooth Newt *Lissotriton vulgaris*: A comparison with natural wetlands. *Ecological Engineering* 106: 532-540.
- Oldham R.S., Keeble J., Swan M.J.S. & Jeffcott M. 2000. Evaluating the suitability of habitat for the Great Crested Newt *Triturus cristatus*. *Herpetological Journal* 10: 143-155.
- Radoux J., Bourdouxhe A., Coos W., Dufrière M. & Defourny P. 2019. Improving ecotope segmentation by combining topographic and spectral data. *Remote Sensing* 11: 354.
- Speybroeck J., van Doorn L., Auwerx J. & Cox K. 2022. Advies over de criteria voor habitatgeschiktheid voor de Kamsalamander in het kader van bijplaatsing en introductie. Adviezen van het Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek nr. INBO.A.4332.
- Whitlock M.C., Ingvarsson P.K. & Hatfield T. 2000. Local drift load and the heterosis of interconnected populations. *Heredity* 84(4): 452-457.

## WEBREFERENTIES

Webref 1: [dataservice.eea.europa.eu](https://dataservice.eea.europa.eu)

Webref 2: [download.vlaanderen.be/product/1272-bodembedekkingskaart-\(bb-k\)-1m-resolutie-opname-2012](https://download.vlaanderen.be/product/1272-bodembedekkingskaart-(bb-k)-1m-resolutie-opname-2012)