

'Integratieve taxonomie' als fundamentele wetenschap op de Noord- en Zuidpool

Wereldwijde biodiversiteitscrisis

Soorten verdwijnen nu ongeveer duizend keer sneller dan toen de schattingen gebeurden op basis van fossiele gegevens. In de nabije toekomst kan die uitstervingsgraad nog met een factor tien toenemen. Elk verlies aan biodiversiteit heeft gevolgen voor de werking en de stabiliteit van ecosystemen, voor hun bestendigheid tegen veranderingen, voor de taken die ze kunnen vervullen en voor het welzijn van de mensheid in het algemeen.

Om het hoofd te kunnen bieden aan deze wereldwijde biodiversiteitscrisis en aan de bedreigingen die uitgaan van de klimaatverandering, moeten we absoluut onze kennis van de biodiversiteit verbeteren. Dit is bij uitstek een must voor de biodiversiteit op de Noord- en Zuidpool, gezien de meeste organismen daar uitermate kwetsbaar zijn omdat ze slechts kleine schommelingen in milieufactoren kunnen verdragen.

Integratieve taxonomie

De kennis van de biodiversiteit berust op de soort en dus op de taxonomie. Deze biologische discipline identificeert, beschrijft, benoemt en deelt soorten in. De categorie 'soort' is de basiseenheid, zowel om de spreiding als de structuur van de biodiversiteit in te schatten, om kaarten op te stellen van de waargenomen of voorspelde biodiversiteit, om 'hotspots' te lokaliseren van soortenrijkdom en endemie, of om te beschermen gebieden af te bakenen.

Vandaag beschouwen taxonomen een nieuwe soort niet langer als een nieuw natuurlijk gegeven. Ze benaderen de soort als een ware wetenschappelijke hypothese. Voor de afbakening steunen ze op gegevens afkomstig uit verschillende onderzoeksdomeinen. Bij deze zogenaamd 'integratieve' taxonomie spelen nieuwe methodes en gegevens – onder meer moleculaire gegevens (DNA) – een steeds grotere rol.

Door het gebruik van DNA-sequentieanalyse en vooral van moleculaire barcodes is de ontdekking van nieuwe soorten er de afgelopen jaren duidelijk op vooruit gegaan en kon een onverwacht grote hoeveelheid cryptische diversiteit aan het licht worden gebracht. Deze ontdekkingen hebben grote gevolgen voor de beoordeling en het behoud van de biodiversiteit en voor de nomenclatuur van de onderzochte groepen.

In combinatie met de klassieke morfologische benadering maakt de moleculaire aanpak het mogelijk om een aantal evolutieve en historische kwesties in verband met de biodiversiteit in de Zuidelijke IJszee en de diepzeeën in de buurt opnieuw onder de loep te nemen. We kunnen al deze aspecten illustreren aan de hand van amfipoden, een groep kreeftachtigen die al langer door het KBIN worden bestudeerd.



Orchomenopsis sp.



Abyssorchomene rossi.

Fig. 1 Voorbeelden van Antarctische amfipoden, superfamilie Lysianassoidea.
(foto's: Henri Robert, Cédric d'Udekem d'Acoz; KBIN).

Cryptische soorten en biodiversiteit

Binnen de Pericarida vormen de Amphipoda de groep met het grootste aantal soorten: in de Zuidelijke IJszee komen niet minder dan 919 soorten voor. 545 daarvan zijn zuiver Antarctisch (die komen met andere woorden alleen voor in het gebied tussen de continentale kusten en het Polair front) en 417 zijn endemisch, wat overeenkomt met een endemische graad van ongeveer 76%. Door DNA-barcodes te gebruiken, kunnen we het afbakenen van soorten binnen verschillende groepen Antarctische amfipoden verfijnen en onze kijk op hun biodiversiteit bijsturen. Zo konden we bijvoorbeeld achterhalen dat bepaalde soorten van de Antarctische superfamilie Lysianassoidea (fig. 1), waarvan werd vermoed dat ze in alle Antarctische wateren op alle diepten voorkwamen (eurybathische soorten), in feite groepen cryptische soorten met een beperkte verspreiding waren.

Een van deze soorten is *Eurythenes gryllus*, een enorme diepzeeamfipode die gewoonlijk wordt beschouwd als een soort met wereldwijde en eurybathische verspreiding. De soort is een interessant voorbeeld van bathymetrische of verticale scheiding (m.a.w. scheiding naargelang de diepte van de oceaan) (Havermans et al., 2013) (fig. 2). Een integratieve taxonomische benadering met een combinatie van genetische analyse, morfologie en fylogeografie toonde onlangs aan dat de

E. gryllus in feite een complex van verschillende soorten is met verschillende bathymetrische verspreidingen, wat onder meer wijst op het bestaan van een universele fylogeografische tolerantiegrens tegen barometrische druk. De meeste geïdentificeerde soorten binnen het *E. gryllus*-complex lijken in slechts één enkele zone van de oceaan voor te komen. Alleen de soort die het dichtst aanleunt bij het morfologische type waarop de beschrijving van de *E. gryllus* is gebaseerd, komt voor in de bathyale zone (van 1.000 m tot ongeveer 4.000 m diepte) van de Noordelijke en de Zuidelijke IJszee. De aanwezigheid in de beide poolgebieden werd voor het eerst aangetoond bij benthische diepzeemacro-invertebraten.

Deze initiële onderzoeken naar een specifieke groep amfipoden zijn intussen uitgebreid naar verschillende andere groepen, waaronder enkele iconische exemplaren van de Antarctische fauna (fig. 3). Ze bevestigen stuk voor stuk een fundamenteel gelijklopend scenario. Er is sprake van een mix van wijd verspreide soorten en soorten met een beperkte verspreiding, de meeste endemisch voor Antarctica of de Zuidelijke IJszee, soms met een grote fractie cryptische diversiteit; de soortenrijkdom werd in ieder geval sterk onderschat. De kennis van de verspreiding over de biogeografische gebieden, de bathymetrische zones, de habitats en de ecofunctionele groepen van deze soorten, blijft beperkt.



Fig. 2 *Eurythenes gryllus*, complex van enorme diepzeesoorten (foto: H. Robert, KBIN).

Distributiemodel van de biodiversiteit, de wereldwijde klimaatverandering en het behoud

Een belangrijk aspect van het huidige onderzoek in de poolgebieden – onder meer door het KBIN – is het ontwikkelen van distributiemodellen voor de biodiversiteit (fig.4). Deze modellen moeten een beter inzicht verschaffen in de structuur op grote schaal van de verspreiding van bentische fauna in de Zuidelijke IJszee en hoe die zich onder invloed van de wereldwijde klimaatverandering zal ontwikkelen. Hoewel deze evolutieve modellen heel flexibel zijn, blijven ze fundamenteel afhankelijk van de resultaten die de taxonomie oplevert.

Naast het feit dat sommige paradigma's over de verspreiding van soorten door de integratieve taxonomische benadering in vraag worden gesteld, heeft het identificeren van complexen van cryptische soorten een grote impact op het behoud. Hoewel complexen van cryptische soorten – voor ze als dusdanig werden erkend – een grote geografische verspreiding kenden, was de verspreiding van de biologische soorten die in deze complexen werden geïdentificeerd vaak veel kleiner en kwetsbaarder en werden ze met uitsterven bedreigd. De ontdekking van deze voorheen onbekende hotspots voor endemie en diversiteit heeft onvermijdelijk gevolgen voor het in kaart brengen van zones die beschermd moeten worden.

De recente ontwikkeling van nieuwe concepten en benaderingen maakte het mogelijk om met de hulp van de 'integratieve' taxonomie een beter inzicht in de biodiversiteit te krijgen en om die te beschermen. Omdat de taxonomie het uitgangspunt vormt van een hele reeks afgeleide disciplines – zoals de ecologie en de wetenschap voor het behoud van de biodiversiteit – blijft ze een fundamentele discipline die garant staat voor de geloofwaardigheid van het biologische onderzoek in de poolgebieden.

De auteur

Patrick Martin is onderzoeker aan het Koninklijk Belgisch Instituut voor Natuurwetenschappen.

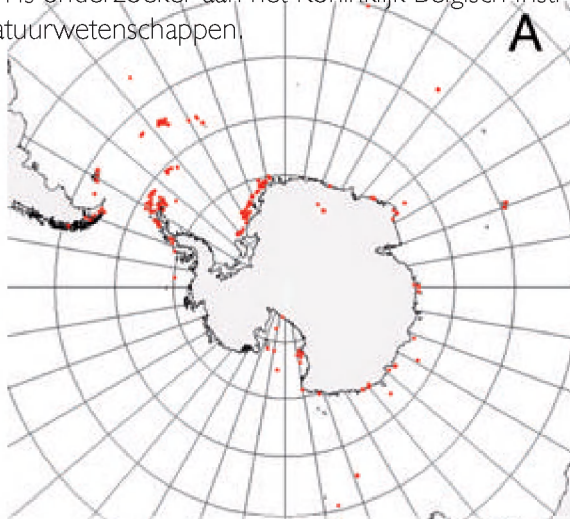


Fig. 4 A. Verspreiding van de zones waar amfipoden van het geslacht *Orchomene* voorkomen.

B. Meest geschikte verspreidingsgebieden voor amfipoden van het geslacht *Orchomene*, gegenereerd door een model volgens maximale entropie (MaxEnt methode); kleurgradiënt: rood = zeer geschikte gebieden, blauw = ongeschikte gebieden. (tekeningen: B. Pierrat, Université de Bourgogne, Frankrijk).



Echiniphimedia hogdsoni



Epimeria rubrieques



Eusirus giganteus



Liljeborgia sp.

Fig. 3 Afbeelding van verschillende groepen amfipoden die het KBIN onderzoekt. (foto's: H. Robert, KBIN).

