



Universiteit
Leiden
The Netherlands

Exotische herpetofauna: een probleem van het eerste uur, nu genetisch scherp in beeld

Theodoropoulos, A.; Wielstra, B.M.

Citation

Theodoropoulos, A., & Wielstra, B. M. (2026). Exotische herpetofauna: een probleem van het eerste uur, nu genetisch scherp in beeld. *Ravon*, 28(1), 6-9. Retrieved from <https://hdl.handle.net/1887/4299397>

Version: Publisher's Version

License: [Leiden University Non-exclusive license](#)

Downloaded from: <https://hdl.handle.net/1887/4299397>

Note: To cite this publication please use the final published version (if applicable).

Exotische herpetofauna: een probleem van het eerste uur, nu genetisch scherp in beeld

Anagnostis Theodoropoulos & Ben Wielstra

Vanaf de eerste jaargang werden in het tijdschrift RAVON jaarlijks verspreidingskaartjes meegestuurd met de uurhokwaarnemingen van het jaar ervoor. Op de kaartjes van sommige soorten stonden ook toen al dubieuze stippen, buiten het gekende verspreidingsgebied. Waren dit uitgezette populaties? Misschien zelfs van uitheemse soorten? Dankzij DNA-data hebben we inmiddels veel duidelijkheid gekregen over het voorkomen van exotische herpetofauna.

Introductie

DNA-gegevens zijn in de afgelopen decennia essentieel geworden in de herpetologie, bijvoorbeeld in systematisch en taxonomisch onderzoek. Genetische studies hebben geleid tot talloze taxonomische revisies en de ontdekking van vele 'cryptische soorten' – soorten die genetisch verschillen, maar op het oog moeilijk uit elkaar te halen zijn. Verschillende DNA-technieken kunnen worden toegepast, afhankelijk van de vraagstelling. De eenvoudigste is mtDNA-barcoding, waarbij een klein fragment van het mitochondriale genoom wordt gesequenced voor snelle identificatie. Voor studies die een hogere resolutie vereisen, worden genoomschaalgegevens gebruikt, afkomstig van vele genen tegelijk, verspreid over het hele nucleaire genoom.

Het verzamelen van DNA-gegevens is ook cruciaal gebleken voor het bestuderen van invasieve soorten. Met mtDNA-barcoding kunnen snel en goedkoop de betrokken invasieve soort én de oorsprong bepaald worden (Robbemont *et al.*, 2023). Met genoomschaalgegevens kan worden vastgesteld of er hybridisatie tussen inheemse en invasieve soorten plaatsvindt en 'genetische vervuiling', waarbij uitheemse genen inheemse genen vervangen (Theodoropoulos *et al.*, 2025a). Het bemachtigen van DNA-monsters is eenvoudig en kan met relatief weinig impact op de dieren zelf. DNA van hoge kwaliteit wordt verkregen uit verkeersslachtoffers en vervelde huid, of uit wang- of huidslim (Robbemont *et al.*, 2023). Veel RAVON-vrijwilligers hebben hier al aan bijgedragen.

Salamanders

De Alpenwatersalamander (*Mesotriton alpestris*) komt van nature alleen voor in het zuiden van Nederland. Toen vroege meldingen van de Veluwe binnenkwamen was al duidelijk dat deze salamanders zich buiten hun natuurlijke verspreidingsgebied bevonden. De uitbreiding verliep vervolgens explosief en tegenwoordig is de soort in elke provincie aanwezig. DNA-onderzoek doet vermoeden dat de Alpenwatersalamander eigenlijk een complex van soorten betreft. Op basis van mtDNA-barcoding weten we dat drie van deze soorten, afkomstig uit West-Europa, de Balkan en Italië, in Nederland zijn

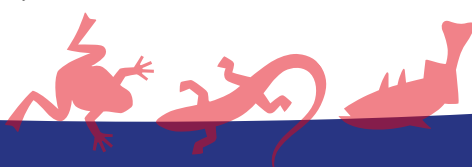


Italiaanse kamsalamander (*Triturus carnifex*) man in landfase, Veluwe, Gelderland. (Foto: Sergé Bogaerts)



Muurhagedis (*Podarcis muralis nigriventris*) uit Toscane, Italië. Deze exotische muurhagedissen hebben vaak een groenige rugkleur. (Foto: Sergé Bogaerts)

geïntroduceerd (Robbemont *et al.*, 2023). In sommige poelen komen meerdere soorten samen voor, waardoor genoomschaalgegevens essentieel zijn om hybridisatie te bestuderen. Kamsalamanders (*Triturus*) worden al sinds de jaren 70 gemeld op de Veluwe, inclusief in habitat dat niet heel typisch is voor onze inheemse kamsalamander (*T. cristatus*). Eind jaren 90 ontdekten RAVON-vrijwilligers dat het hier om de Italiaanse kamsalamander (*T. carnifex*) ging. Het risico op hybridisatie met omringende inheemse populaties werd al snel erkend. Genoomschaalgegevens tonen een spectrum aan genetische combinaties, van zuivere Italiaanse tot zuivere inheemse kamsalamanders, met een scala aan hybriden





Een hybride ringslang tussen *Natrix natrix moreotica* en *Natrix helvetica*. Brunsummerheide, Limburg. De genetische invloed van de eerstgenoemde domineert sterk. (Foto: Richard Struijk)

daartussenin (Meilink *et al.*, 2015). De oorsprong van de geïntroduceerde Italiaanse kamsalamanders kon herleid worden tot de Balkan, waar een vermoedelijke cryptische soort voorkomt, verschillend van de Italiaanse populaties.

In de duinen van Meijndel (ZH) zijn al ten minste sinds het begin van de jaren 70 kamsalamanders aanwezig, ver buiten het veronderstelde Nederlandse verspreidingsgebied. Met mtDNA-barcoding is bevestigd dat het hier de inheemse kamsalamander betreft en dat deze genetisch identiek is aan sommige Nederlandse populaties: geen hard bewijs voor een introductie dus (de Brouwer *et al.*, 2023).

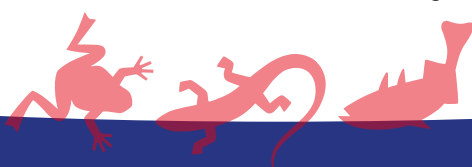
Kikkers en padden

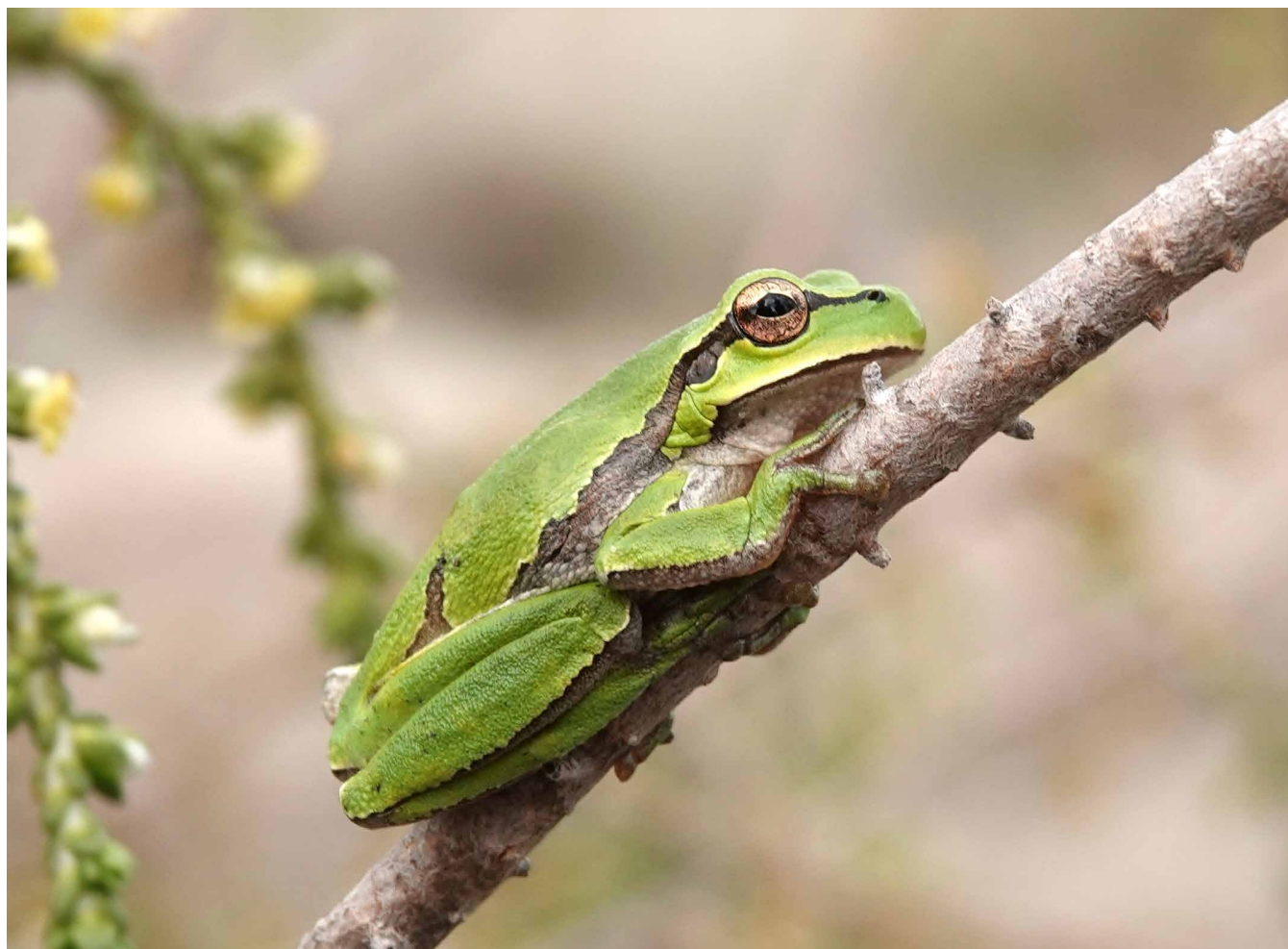
De vroedmeesterpad (*Alytes obstetricans*) komt van nature alleen voor in Zuid-Limburg, maar buiten dit gebied hebben zich vele populaties gevestigd, waarvan sommige al tientallen jaren bekend zijn. Dieren uit Den Haag en Meijndel behoren tot dezelfde genetische lijn die van nature in Nederland voorkomt, maar de aanwezigheid van genetische barcodes die nooit in Limburg zijn aangetroffen, duidt op introductie van buiten Nederland (Vliegenthart *et al.*, 2023). Zelfs in Limburg suggereren genoomschaalgegevens dat er niet-inheemse dieren zijn bijgeplaatst (Gilbert & Lemmers, 2022).

Boomkikkers (*Hyla*) zijn een ingewikkeld verhaal. Terwijl de inheemse populaties in het zuiden en oosten van ons land het moeilijk hadden in de vroege RAVON-jaren en er een actief soortbeschermingsplan werd uitgevoerd voor herstel, begonnen geïntroduceerde populaties in de kustduinen te floreren. De eerste bekende uitzetting vond in de jaren tachtig plaats op de Kop van Schouwen en sindsdien zijn er meer duinpopulaties verschenen. DNA-data onthulden een onverwachte wending: niet één, maar drie soorten bleken betrokken te zijn: onze inheemse boomkikker (*H. arborea*), maar ook de Italiaanse (*H. intermedia*) en oostelijke boomkikker (*H. orientalis*) (Kuijt *et al.*, 2023). Toen er in de jaren 1970 ontdekt werd dat we in Nederland eigenlijk drie groene kikker-taxa hadden, kostte het tijd om hun verspreiding te begrijpen. In de jaren negentig werden plots meerkikkers (*P. ridibundus*) gemeld vanuit het Limburgse Maasdal en deze breidden zich vervolgens snel uit. Hun buitenlandse oorsprong werd al lang vermoed. MtDNA-barcoding heeft recent bevestigd dat deze kikkers een 'cocktail' vormen van genetische lijnen uit vier uithoeken van hun natuurlijke verspreidingsgebied (Theodoropoulos *et al.*, 2025b).

Hagedissen en slangen

De muurhagedis (*Podarcis muralis*) heeft slechts een kleine inheemse





De oostelijke boomkikker (*Hyla orientalis*) is op het oog niet te onderscheiden van de inheemse boomkikker. Deze is gefotografeerd in Dalyan, Turkije. (Foto: Sergé Bogaerts)

populatie in Maastricht en was een zorgenkindje in de vroege RAVON-jaren. Sindsdien is de soort op meerdere plekken in Nederland geïntroduceerd. MtDNA-barcoding laat zien dat deze geïntroduceerde groepen afkomstig zijn uit verschillende delen van het natuurlijke verspreidingsgebied, en zelfs de inheemse Maastrichtse populatie bevat tegenwoordig buitenlandse individuen (Spikmans & Creemers, 2024).

Hazelwormen (*Anguis fragilis*) kennen een vergelijkbaar verhaal als de kamsalamander in de Hollandse duinen. Bij Bloemendaal bleek een hazelwormpopulatie, die al sinds het begin van de 20^e eeuw bekend was, na mtDNA-barcoding genetisch niet van inheems te onderscheiden (Driessen *et al.*, 2026).

De 'ringslang' (*Natrix* sp.) is pas recent opgesplitst in drie soorten. De inheemse soort in Nederland is de ringslang (*N. helvetica*), maar toch worden er al decennialang individuen met een gestreept uiterlijk, kenmerkend voor de oostelijke ringslang (*N. natrix*) gemeld op de Brunssummerheide in Limburg en in Zuid-Holland (Struijk *et al.*, 2020). Genetisch onderzoek heeft bevestigd dat hier twee afzonderlijke evolutionaire lijnen van *N. natrix* bij betrokken zijn: één uit Oost-Europa in Zuid-Holland en één uit Cyprus en Turkije in Limburg (Asztalos *et al.*, 2021). In beide gebieden komen inmiddels zowel genetisch zuivere *N. natrix*, als hybriden met *N. helvetica* voor.

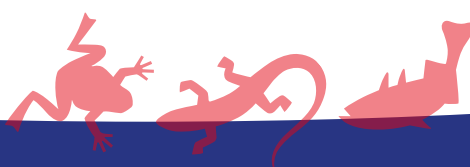
Conclusie

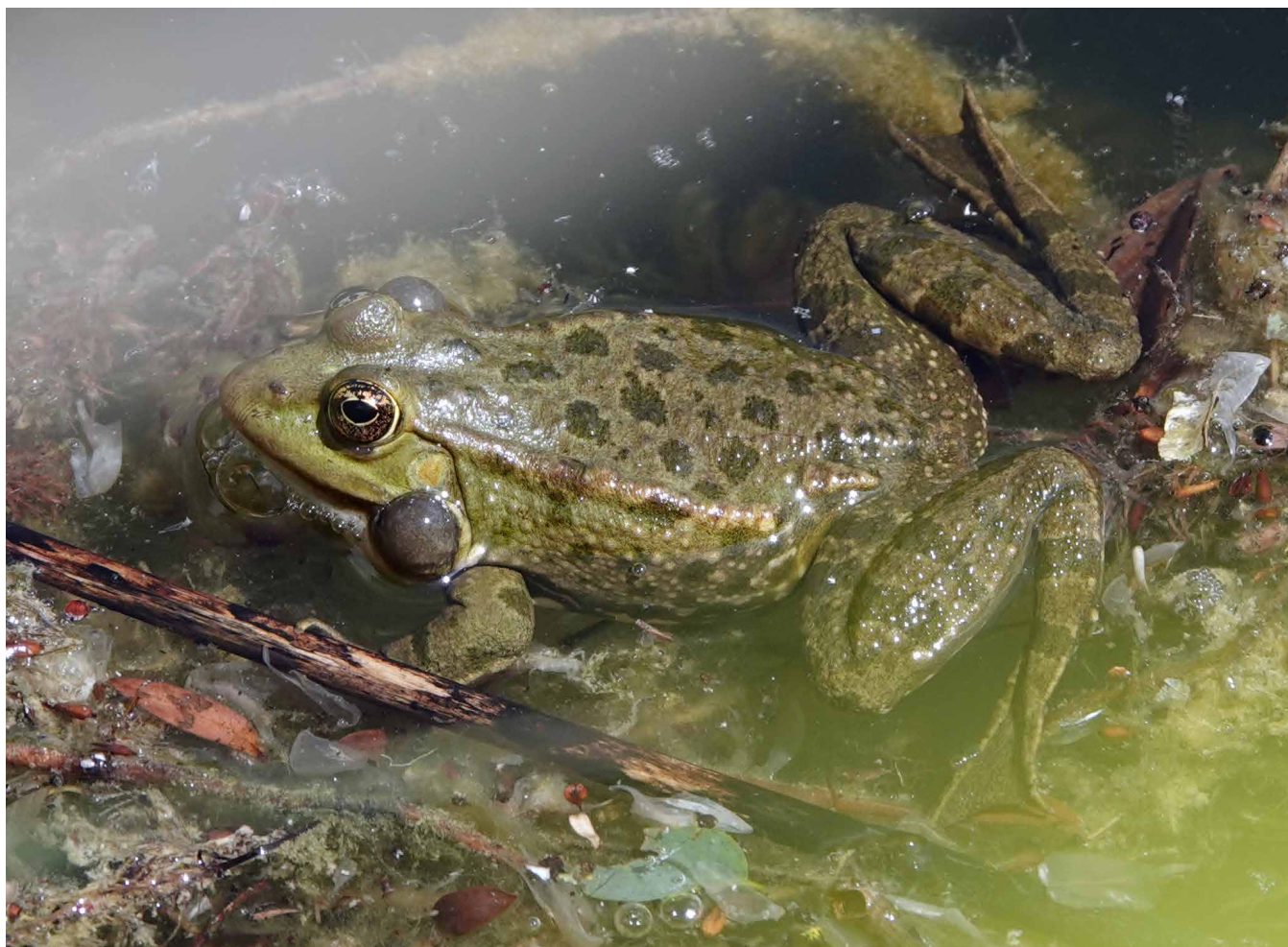
Hoewel Nederland een lange geschiedenis kent van introducties van amfibieën en reptielen, zijn de details pas in het afgelopen decennium duidelijk geworden op basis van DNA-gegevens. Dit overzicht van gevallen die al (enigszins) in beeld waren toen het RAVON-tijdschrift begon, illustreert hoeveel onthult kan worden met DNA-onderzoek. MtDNA-barcoding heeft populaties aan het licht gebracht van inheemse soorten met een buitenlandse herkomst (bijvoorbeeld muurhagedis), terwijl andere populaties totaal uitheemse soorten betreffen (bijvoorbeeld uitheemse boomkikkersoorten). Genoomschaalgegevens hebben bovendien laten zien dat introducties regelmatig gepaard gaan met hybridisatie en genetische vermenging tussen inheemse en uitheemse soorten. Wordt het, met dit genetische plaatje nu duidelijk in beeld, niet eens tijd om te beslissen hoe we met deze introducties willen omgaan?

Summary

Exotic herpetofauna: a long-standing problem, now brought into sharp genetic focus

Non-native herpetofauna has been present in the Netherlands since before the earliest days of the RAVON journal. Only in the past decade has genetic analysis been widely applied to study them. Here, we summarize what DNA data has revealed about introductions that were





Een meerkikker (*Pelophylax ridibundus*) van uitheemse oorsprong, Sint Pietersberg Limburg. (Sergé Bogaerts)

already known at the journal's start. MtDNA barcoding shows that some introduced populations closely resemble native ones, while others originate from foreign parts of the native species range or involve species not native to the Netherlands. Genome-wide data reveal another layer of complexity, showing that introductions of non-native populations or species can lead to hybridization and genetic admixture.

Literatuur

- Asztalos, M., B. Wielstra, R.P.J.H. Struijk, D. Ayaz, & U. Fritz, 2021. Aliens in the Netherlands: local genetic pollution of barred grass snakes. *Salamandra* 57(1): 174-179.
- Brouwer, J. de, B. Helder, J. France, M.C. de Visser, R.P.J.H. Struijk & B. Wielstra, 2023. An isolated crested newt population in Dutch coastal dunes: distribution relict or introduction? *Amphibia-Reptilia* 44(1): 19-26.
- Driessen, J., G. Cannavacciuolo, H. Breeuwer, D. Jablonski, X. van der Sar, R.P.J.H. Struijk, T. Stark, A. Theodoropoulos & B. Wielstra, 2026. MtDNA barcoding illuminates native diversity and introduction pathways of slow worms in the Netherlands. *Amphibia-Reptilia* (in press./TBA).
- Gilbert, M. & P. Lemmers, 2022. Genetisch onderzoek vitaliteit en authenticiteit vroedmeesterpad in Limburg. *RAVON* 86, jrg 24(3): 46-49.
- Kuijt, M., L. Oskam, I. den Boer, C. Dufresnes, J. France, M. Gilbert, M.C. de Visser, R.P.J.H. Struijk & B. Wielstra, 2023. The introduction of three cryptic tree frog species in the Dutch coastal dunes challenges conservation paradigms. *Amphibia-Reptilia* 44(1): 1-10.
- Meilink, W.R.M., J.W. Arntzen, J.J.C.W. van Delft & B. Wielstra, 2015. Genetic pollution of a threatened native crested newt species through hybridization with an invasive congener in the Netherlands. *Biological Conservation* 184: 145-153.
- Robbmont, J., S. van Veldhuijzen, S.J.R. Allain, J. Ambu., R. Boyle, D. Canestrelli, É. Ó Cathasaigh, C. Cathrine, A. Chiochio, D. Cogalniceanu, M. Cvijanović, C. Dufresnes, C. Ennis, R. Gandola,

- D. Jablonski, A. Julian, D. Kranželić, S. Lukanov, I. Martínez-Solano, R. Montgomery, B. Naumov, M. O'Neill, A. North, M. Pabijan, R. Pushendorf, D. Salvi, B. Schmidt, K. Sotiropoulos, F. Stanesco, D. Stanković, S. Stapelton, E. Šunje, M. Szabolcs, E. Vacheva, D. Willis, A. Zimić, J. France, W.R.M. Meilink, T. Stark, R.P.J.H. Struijk, A. Theodoropoulos, M.C. de Visser & B. Wielstra, 2023. An extended mtDNA phylogeography for the alpine newt illuminates the provenance of introduced populations. *Amphibia-Reptilia* 44(3): 347-361.

Spikmans, F. & R. Creemers, 2024. Explosie van muurhagedis-introducties. *RAVON* 95, jrg. 26(4): 72-75.

Struijk, R.P.J.H., I. van Riemsdijk, & B. Wielstra, 2020. 'Gestreepte' ringslangen in Nederland – Genetica, achtergrond en risico's. *RAVON* 78, jrg 22(3): 54-57.

Theodoropoulos, A., K.A. Stewart & B. Wielstra, 2025a. Scientists' warning on genetic pollution. *Discover Conservation* 2: 20.

Theodoropoulos, A., R. Barten, L. Bijlsma, T. Couweleers, A. van Eden, M. Gosselink, M. Martinali, S. Plomp, S. Twilt, S. Hop, Z. van der Maat, C. Dufresnes, J. France, R.P.J.H. Struijk, T. Stark & B. Wielstra, 2025b. The invasive marsh frogs advancing into the Netherlands carry a diverse mix of mtDNA. *Amphibia-Reptilia* 46(4): 477-485.

Vliegthart, C., M. van de Vrede, I. den Boer, M. Gilbert, P. Lemmers, J. France, M.C. de Visser, R.P.J.H. Struijk & B. Wielstra, 2023. The limits of mtDNA analysis for determining the provenance of invasive species: a midwife toad example. *Amphibia-Reptilia* 44(1): 27-33.

Anagnostis Theodoropoulos

Institute of Biology Leiden, Leiden University

Naturalis Biodiversity Center, a.theodoropoulos@biology.leidenuniv.nl

Ben Wielstra

Institute of Biology Leiden, Leiden University

Naturalis Biodiversity Center, ben.wielstra@naturalis.nl

