

SAMENVATTING

Context

Vele Antarctische organismen komen uitsluitend voor in koude milieus en hebben speciale aanpassingen aan deze systemen, waardoor ze zijn zeer kwetsbaar voor de stijgende klimaatsveranderingen. Gezien de huidige snelle opwarming en het verlies van ijskappen op Antarctica is de bescherming van de unieke Antarctische biodiversiteit een zeer dringende kwestie. De afbakening van Marine Protected Areas (MPA's) is een van de belangrijkste richtlijnen voor deze gebieden. CCAMLR heeft 6 MPA's voorgesteld in de Zuidelijke Oceaan (ZO), maar tot nu toe zijn er slechts twee gerealiseerd. Het COPE project levert gegevens over de genetische connectiviteit van endemische *Charcotia* vlokreeften (amfipoden) en *Trematomus* vissoorten om de afbakening van MPA's in de Zuidelijke Oceaan te optimaliseren en gebieden van bijzonder belang te identificeren.

Doelstellingen

Het COPE project heeft vijf belangrijke doelstellingen:

1. Het afbakenen van genetische soorten van geselecteerde morfologische soorten van amfipoden en vissen voor de identificatie van mogelijke cryptische diversiteit en daaropvolgende populatie genetische analyses.
2. Genomische gegevens verkrijgen over neutrale genetische variabiliteit, connectiviteit en populatiestructuur van twee belangrijke taxa van de ZO, de aasetende *Charcotia* amfipoden en *Trematomus* vissen op een circum-Antarctische schaal.
3. Uitschieter-analyses van genomische gegevens gebruiken om te testen op lokale aanpassingen aan abiotische factoren die het zeelandschap karakteriseren.
4. Patronen van genetische connectiviteit in beide taxongroepen vergelijken met hun levensgeschiedenis, inclusief dispersiecapaciteit.
5. De verspreiding van *Charcotia*- en *Trematomus*-soorten in de ZO modelleren op basis van bestaande gegevens over de verspreiding en datalagen van milieugegevens.

Conclusies

Het COPE-project bereikte met succes zijn doelstellingen. De meeste analyses waren gebaseerd op bestaande collecties in de twee partnerinstellingen vanwege de moeilijkheden om extra stalen te verkrijgen tijdens de COVID-19 restricties. We raden aan om databases en datasets in de nabije toekomst uit te breiden met zowel abiotische als biodiversiteitsgegevens, met specifiek ook op de huidige soortendistributiemodellen en toekomstige veranderingen door hydrodynamische modellen. We hebben verschillende belangrijke bijdragen geleverd aan het vakgebied: we hebben extra cryptische diversiteit ontdekt in beide doeltaxa, wat bijdraagt aan realistische schattingen van endemische diversiteit in Antarctische mariene ecosystemen. Reconstructies van de gerealiseerde ecologische niche in nauwverwante amfipoden onthulden uitgesproken inter- en intraspecifieke verschillen die de trofische plasticiteit van aasetende Antarctische amfipoden illustreerden. Het project leverde de eerste schattingen van genoomgroottes op voor 16 Antarctische vlokreeft soorten, wat grote verschillen en het bestaan van gigantische genomen in amfipoden bevestigde. Deze database vormt een belangrijke basis voor toekomstig genoomonderzoek. De meest relevante en nieuwe resultaten van het project zijn de schattingen van genetische populatiedifferentiatie en -structurering.

in twee *Charcotia* soorten en zes *Trematomus* soorten op verschillende geografische schalen in de Zuidelijke Oceaan. Deze aanpak, gebaseerd op genomische RAD-sequencing data, onthulde verschillende patronen, zelfs tussen nauw verwante soorten. We vonden bewijs voor de afwezigheid van populatiestructuur in drie *Trematomus* vissoorten. Daarentegen zagen we patronen van geografische isolatie bij twee andere *Trematomus* soorten en ook bij de amfipode *Charcotia obesa*. Er was ook bewijs voor populatiedifferentiatie op kleine schaal, bijvoorbeeld langs het West-Antarctisch Schiereiland. Waargenomen patronen van vermeende adaptieve genetische variatie, suggereren dat chromosomale herschikkingen een sleutelrol zouden spelen in adaptatie in *Trematomus* vissen. Vermoedelijk adaptieve patronen die werden waargenomen in *Charcotia obesa* waren van twee geografisch dicht bij elkaar gelegen locaties rond het West-Antarctisch Schiereiland. Deze locaties vallen binnen dezelfde bioregio, wat betekent dat deze aanpassing waarschijnlijk wordt gedreven door lokale omstandigheden op zeer kleine schaal. Sommige patronen van genetische connectiviteit zijn nieuw en verrassend, zoals bijvoorbeeld de verbinding tussen de west kant van de Filchnertrug en delen van de Weddellzee, die waarschijnlijk verklaard kan worden door oceaanstromingen. Deze resultaten met betrekking tot de connectiviteit van populaties zijn zeer relevant voor de afbakening van MPA's in de Zuidelijke Oceaan; ze identificeren de Filchnertrug als potentieel stapsteen-gebied, dat speciale bescherming nodig heeft. Onze resultaten benadrukken ook de noodzaak van netwerken van onderling verbonden MPA's om grootschalige verschillen op te vangen, maar ook de opname van aangrenzende bioregio's in MPA's om lokale genetische differentiatie te beschermen. We zijn van plan om een wetenschapscommunicatiedocument op te stellen voor de volgende bijeenkomst van de Working Group on Ecosystem Monitoring and Management (WG-EMM) ter voorbereiding op de CCAMLR-bijeenkomst van 2025 om er zeker van te zijn dat onze resultaten worden gevaloriseerd voor het wetenschapsbeleid en het behoud van de Zuidelijke Oceaan.