

Abb. 1: Multiple Stressfaktoren bedrohen die Gewässerbiodiversität. Mit dem ExStream-System können die Effekte genau untersucht werden.



Biodiversitätsforschung

Wie wirkt Umweltstress auf die Biodiversität in Fließgewässern?

Fließgewässer sind die Lebensadern unserer Zivilisation und gleichzeitig Hot Spots der Biodiversität. Verschiedenste Stressfaktoren dezimieren jedoch die Artenvielfalt derzeit massiv. Moderne genetische Methoden bieten neue Ansätze zur Diagnose und zum Verständnis der Wirkmechanismen.

VON FLORIAN LEESE

FLÜSSE UND BÄCHE SIND extrem artenreiche Lebensräume. Insbesondere in den letzten 100 Jahren wurden diese Fließwasserökosysteme jedoch durch den Eingriff des Menschen immens in ihrer Struktur degradiert, was zu einem dramatischen Artensterben geführt hat. Neben ethischen Bedenken und kulturellen Verlusten stellt diese Biodiversitätskrise auch ein sozio-ökonomisches Problem dar, denn nur intakte Gewässerökosysteme mit ihrer Artenvielfalt stellen gratis eine Vielzahl wichtiger Funktionen, so genannte „Ökosystem-Dienstleistungen“, für die menschliche Gesellschaft bereit (siehe dazu den Beitrag von Jürgen Geist in dieser Ausgabe, S. 10–15).

Vor dem Hintergrund der einzigartigen Bedeutung und gleichzeitig enormen Bedrohung von Fließwasserökosystemen mit ihrer Biodiversität wurden in vielen Ländern aufwändige Renaturierungsprojekte initiiert. Viele dieser Renaturierungsbemühungen blieben allerdings bislang erfolglos, da die typischen Leitarten intakter Gewässer nicht in die renaturierten Gewässer zurückkehren. Dies wiederum kann an einer Vielzahl von Faktoren liegen: an einer weiter andauernden, nicht erkannten Belastung der Gewässer durch Stressfaktoren, an fehlenden Habitaten für die Ansiedlung der Organismen, an der Fragmentierung der Gewässer oder dem Fehlen weiterer Schlüsselarten, auf deren Vorkommen die Art direkt angewiesen ist. Vielleicht dauert es auch viel länger, bis Gewässerökosysteme erfolgreich wiederhergestellt sind, da sich einige Organismen erheblich langsamer ausbreiten und etablieren können, als bisher angenommen.

Viele dieser Fragen können durch Beobachtungen und Laborexperimente alleine nicht beantwortet werden. Neue genetische Methoden eignen sich hervorragend dazu, die Biodiversität schnell und zuverlässig zu erfassen, den Einfluss verschiedener Stressfaktoren auf Arten zu untersuchen sowie das Ausbreitungs- und Etablierungspotential von Organismen zu bestimmen. Erkenntnisse in diesen Bereichen sind wichtig, um Schutzstrategien für die Biodiversität weiterzuentwickeln und die Wiederherstellung von Fließwasserökosystemen zu optimieren.

Genau an dieser Schnittstelle setzt die Arbeit der von der Kurt-Eberhard-Bode-Stiftung geförderten GeneStream-Nachwuchsforschungsgruppe an. Mit modernsten genetischen Methoden, kombiniert mit ökologischen Exper-

Abb. 2: In Bächen spielt der Bachflohkrebs (*Gammarus fossarum*) eine wichtige ökologische Rolle beim Abbau von organischem Material.

Abb. 3: Bäche und Flüsse sind Hot Spots der Biodiversität. Durch Verbau und Verschmutzung nimmt die Anzahl an Arten in den Gewässern weltweit dramatisch ab. Startpunkt für die Untersuchungen im GeneStream-Projekt war der Breitenbach in Hessen – eines der am besten untersuchten Ökosysteme der Welt.



Abb. 4: Biodiversität beschreibt die biologische Vielfalt der Arten und Ökosysteme, aber auch die genetische Vielfalt innerhalb von Populationen. Die menschliche Gesellschaft profitiert direkt von Ökosystem-Dienstleistungen, welche die Biodiversität gratis bereitstellt. Vom Menschen verursachte Stressfaktoren und der Klimawandel haben eine Biodiversitätskrise hervorgerufen, die daher eine unmittelbare Bedrohung für die menschliche Gesellschaft darstellt.

menten, untersuchen die Wissenschaftler die Wirkung einzelner und multipler Stressfaktoren von der Ebene der Gene bis zur Ebene der Ökosysteme (Abb. 4). Drei Aspekte stehen hierbei im Zentrum der Untersuchungen:

- 1) die umfassende und genaue Dokumentation der Artenvielfalt in Fließgewässern durch „DNA-Barcoding“;
- 2) die Analyse von Wirkmechanismen multipler Umweltstressfaktoren auf die Biodiversität vom Niveau einzelner Gene bis hin zu Ökosystemen,
- 3) die Entwicklung und Implementation neuer genetischer Verfahren, um bisherige ökologische Erhebungen zur Gewässerqualität umfassender, schneller und reproduzierbarer machen.

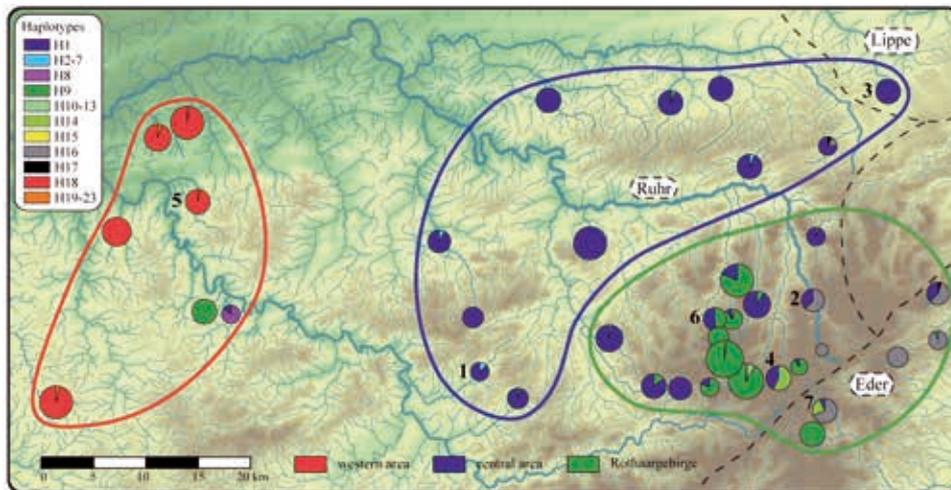
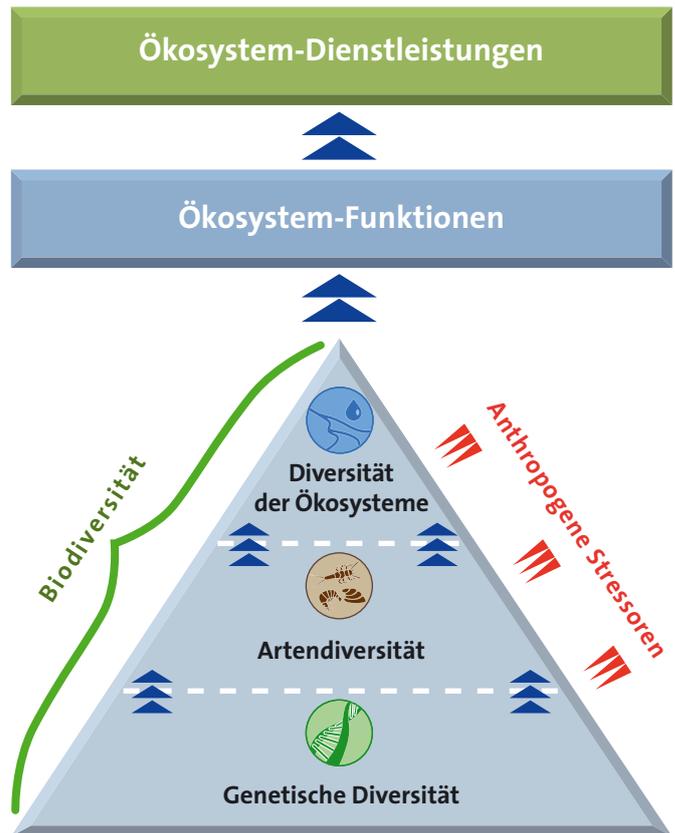


Abb. 5: Genetische Untersuchungen belegen, dass Populationen von Fließwasserorganismen oft extrem isoliert sind. Am Beispiel von über 1.200 untersuchten Individuen des Bachflohkrebses im Sauerland wird deutlich, dass genetischer Austausch zwischen vielen Populationen unmöglich ist. Unterschiedliche Farben symbolisieren unterschiedliche Genotypen für das mitochondriale Cytochrom C Oxidase I Gen.

Im Folgenden werden die drei Schwerpunkte näher ausgeführt.

Census der Artenvielfalt

Verschiedene Arten haben oft sehr verschiedene Ansprüche und Funktionen in einem Gewässer und werden entsprechend seit Jahrzehnten erfolgreich als Bioindikatoren bei der Bewertung von Ökosystemen eingesetzt. Das Vorkommen zahlreicher strömungsliebender, verschmut-

zungssensitiver Eintagsfliegen signalisiert zum Beispiel einen guten ökologischen Zustand in einem Flussoberlauf, während das Vorkommen lediglich verschmutzungstoleranter Zuckmückenlarven oder Fadenwürmer auf einen belasteten Zustand schließen lässt. Detaillierte Artenlisten sind daher das zentrale Instrument, um den ökologischen Zustand eines Gewässers zu bewerten. Erstellt werden Artenlisten durch den morphologischen Vergleich der gefundenen Tiere mit Bestimmungsliteratur.

Dieser Ansatz weist jedoch mehrere Nachteile auf: Erstens ist die tatsächliche Arten- und Funktionsvielfalt erheblich größer, als bislang in der Literatur bekannt. Ein Grund dafür ist, dass viele Arten morphologisch sehr ähnlich oder gar identisch aussehen, jedoch genetisch klar getrennt sind („kryptische Arten“). Zweitens kommt es häufig zu Fehlbestimmungen, da die Untersuchung der Artenvielfalt vor allem auf den schwer bestimmbarsten Juvenilstadien der Organismen basiert und zunehmend die taxonomische Expertise verlorengeht. Drittens ist neben dem reinen Vorkommen einer Art entscheidend, dass ihre Populationen genetisch möglichst vielfältig sind, um auf Umweltänderungen reagieren zu können.

Eine Lösung für diese Probleme bietet ein genetisches Fingerabdruck-Verfahren, das sogenannte DNA-Barcoding. Dabei wird ein Abschnitt eines Gens untersucht, der für die verschiedenen Arten eine charakteristische und einzigartige Basenabfolge hat. Bei Tieren ist dies in der Regel ein Abschnitt aus dem mitochondrialen Cytochrom C Oxidase I Gen. Mit Hilfe dieses Gen-Barcodes kann ein Individuum einer Art eindeutig zugewiesen werden – ähnlich wie eine Tafel Schokolade im Supermarkt an der Kasse über den Strich-Barcode erkannt wird. Da die Grundlage das in den Zellen enthaltene Erbgut ist, funktioniert diese Analyse selbst mit wenigen Zellen oder abgebrochenen Körperteilen. Die hohe Variabilität des Markers erlaubt es ferner abzuschätzen, wie groß die genetische Vielfalt in den Populationen ist (Abb. 5). Eine Hauptaufgabe der GeneStream-Forschergruppe ist es, im Zusammenhang mit nationalen und internationalen Konsortien (z. B. www.faanabavarica.de, www.bolgermany.de, www.barcodeoflife.org) die Fließgewässerarten genetisch zu charakterisieren und diese Informa-

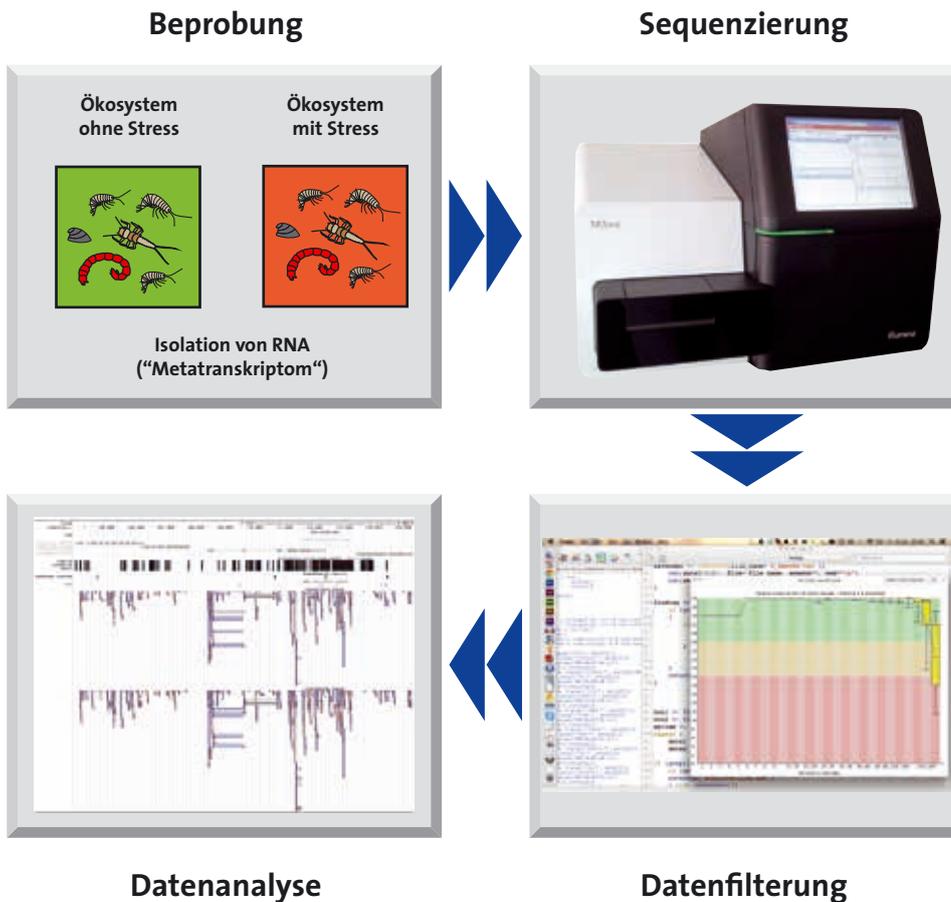
tionen in großen, öffentlichen Datenbanken zu hinterlegen. Hierzu ist die Zusammenarbeit mit den taxonomischen Experten insbesondere in den Museen im In- und Ausland essentiell. Diese Artenlisten stellen eine wichtige Grundlage dar, um Veränderungen der Artenvielfalt als auch der genetischen Diversität standardisiert zu beurteilen.

Einfluss multipler Stressfaktoren

Traditionell wird in der Ökotoxikologie der Einfluss einzelner Stressfaktoren auf Organismen getestet. Die Schwere des Einflusses wird zum Beispiel über die Expression von Stressproteinen oder durch die Sterblichkeitsrate nach definierten Zeitintervallen charakterisiert. Diese Untersuchungen sind unbestritten sehr wichtig. Neue Untersuchungen der ökologischen Genomik zeigen jedoch, dass viel geringer dosierte Stressfaktoren bereits einen großen Einfluss auf Populationen haben und mit der Zeit zu gravierenden Veränderungen auf genetischer Ebene führen können. Des

Abb. 6: Das ExStream-System im Einsatz am Breitenbach in Hessen. Mit dem System wird getestet, wie multiple Stressfaktoren wie Feinsediment, Nährstoffeintrag oder hydraulischer Stress in Kombination wirken.





Im GeneStream-Projekt nutzen wir hierfür naturnahe Mesokosmos-Experimente, also eine Mischung aus Labor- und Freilandexperimenten, mit denen gezielt die Wirkung von Stressfaktoren untersucht werden können. Mit dem System, das an der Universität von Otago (Neuseeland) von Kollegen entwickelt wurde, können unmittelbar am Gewässer bis zu 128 einzelne Untersuchungs-rinnen mit der natürlichen Bach-gemeinschaft besiedelt werden und auf die Effekte von Stressfaktoren auf die Biodiversität einzeln und in Kombination getestet werden. Die Tiere in den verschiedenen Versuchsbedingungen werden genetisch auf ihren Stresszustand hin untersucht und Änderungen in der Diversität werden quantifiziert (Abb. 7).

Neue genetische Methoden zur Bewertung

Neue technologische Revolutionen auf dem Gebiet der DNA-Sequenzierung eröffnen neben der detaillierten Zuordnung einzelner Arten auch vollkommen neue Wege bei der standardisierten

Abb. 7: Über moderne Hochdurchsatz-Sequenzierungen können viele Millionen Bereiche im Erbgut zuverlässig und schnell analysiert werden. Dies ermöglicht es, die Effekte von Stressfaktoren bis auf die Ebene der genetischen Diversität hin zu analysieren.

Weiteren können multiple Stressfaktoren, wie sie im Regelfall im Freiland wirken, komplex miteinander interagieren. Aus der pharmazeutischen Forschung sind Wechselwirkungen verschiedener Wirkstoffe hinreichend belegt. Neueste Untersuchungen zeigen, dass auch Umweltstressfaktoren wie Nährstoffanreicherung, Temperaturerhöhung oder Feinsedimenteintrag in komplizierter Weise miteinander wechselwirken. Dies kann dazu führen, dass die schädliche Wirkung zweier Stressfaktoren abgeschwächt wird oder aber, dass ihr negativer Einfluss noch verstärkt wird. Beide Faktoren führen dazu, dass die Reaktion einzelner Populationen, aber auch kompletter Arten und Ökosysteme, auf multiple Stressfaktoren in der Natur nur schwer vorherzusagen ist. Dies stellt das Management von Ökosystemen vor eine große Herausforderung.

Umso wichtiger ist es in der aktuellen Forschung, eben genau solche Interaktionen zwischen Stressfaktoren zu erkennen, damit diese in Managementmaßnahmen integriert werden können.

Bewertung von Umweltproben. Konnten bis vor wenigen Jahren nur wenige hundert Sequenzen pro Woche analysiert werden, so ermöglichen die modernen „Next-Generation-Sequencing“-Methoden das Entschlüsseln von vielen hundert Millionen Sequenzen in wenigen Tagen.

Das Potential dieser Technik für die Beurteilung und das Monitoring von Fließwasserökosystemen ist hierbei noch weitgehend ungenutzt. Bislang werden biologische Proben noch in Umweltbüros und kommunalen/regionalen Institutionen ausgewertet. Hierbei kommt es zu großen Abweichungen, da die Qualität der Auswertungen (insbesondere die Bestimmung) stark zwischen den Institutionen variiert. Im GeneStream-Projekt arbeiten wir neben der Erstellung einer Referenzdatenbank mit Hilfe von DNA-Barcoding an der Entwicklung von Techniken, die es ermöglichen, Proben einheitlich zu analysieren und objektiver zu bewerten. Hierzu wird das Probenmaterial (alle Organismen) künftig komplett homogenisiert und für die anschließend in Lösung befindliche DNA aller Organismen das DNA-Barcode-Fragment analysiert (Abb. 8). Damit kann die Zusammensetzung der Biodiversität von Bakterien und

einzelligen Algen bis hin zu hochentwickelten Gliederfüßern standardisiert charakterisiert werden („Community Barcoding“). Über die Analyse der aktiven Gene aller Organismen in einer Probe kann der physiologische Zustand der Organismen insgesamt analysiert werden („Metatranskriptomik“). Erste Pionierstudien sowohl unserer als auch internationaler Gruppen belegen eindrucksvoll das Potential des Next-Generation-Sequencings, um den Zustand und Veränderungen von Ökosystemen schnell und standardisiert zu beschreiben.

Neben Analysen ganzer Artgemeinschaften bietet das Next-Generation-Sequencing auch ideale Optionen, um den Einfluss von Barrieren wie Stauwehren oder Verrohrungen oder den

Effekt stofflicher Belastungen (Schwermetall, organische Verunreinigung) auf Populationen einer Art zu untersuchen.

Schlussbemerkung

Moderne genetische Methoden eröffnen neue Möglichkeiten bei der Analyse von Stressfaktoren auf Ökosysteme. Wundermittel sind sie jedoch nicht. Insbesondere die Kenntnis von Arten und ihrer Funktion in Ökosystemen kann durch reine Gen-Sequenzen nicht erbracht werden. Genetische Ansätze entfalten daher ihr maximales Kapital als wichtiger, neuer Teil innerhalb einer integrativen Ökosystemforschung, die das Antwortverhalten von Genen bis zu Ökosystemen betrachtet.

DER AUTOR

Dr. Florian Leese leitet seit 2013 die GeneStream-Juniorforschergruppe am Lehrstuhl für Evolutionsökologie und Biodiversität der Tiere der Ruhr-Universität Bochum. Er ist Mitglied des Jungen Kollegs der Nordrhein-Westfälischen Akademie der Wissenschaften und der Künste.

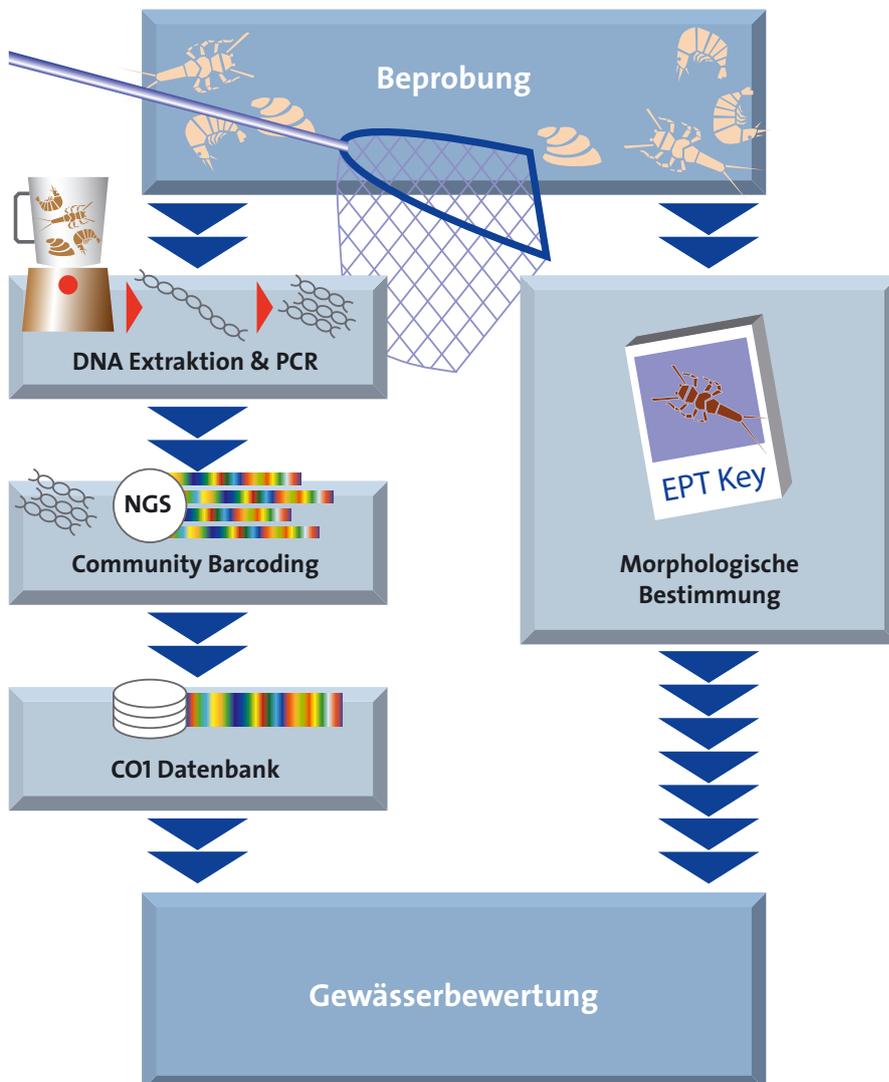


Abb. 8: Bei der Bewertung von Fließgewässern werden traditionell die Organismen mit dem Netz gesammelt, aussortiert und anschließend morphologisch bestimmt. Dies führt zu vielen Fehlern, da Tiere übersehen oder in unterschiedlichen Institutionen unterschiedlich bestimmt werden (rechter Weg). Über die im GeneStream-Projekt entwickelte Methode des „Community Barcodings“ (linker Weg) werden die Organismen homogenisiert und die komplette Biozönose über Hochdurchsatz-Sequenzierung analysiert. Dies ermöglicht in Zukunft eine schnelle und standardisierte Analyse.

WWW

<http://GeneStream.de>