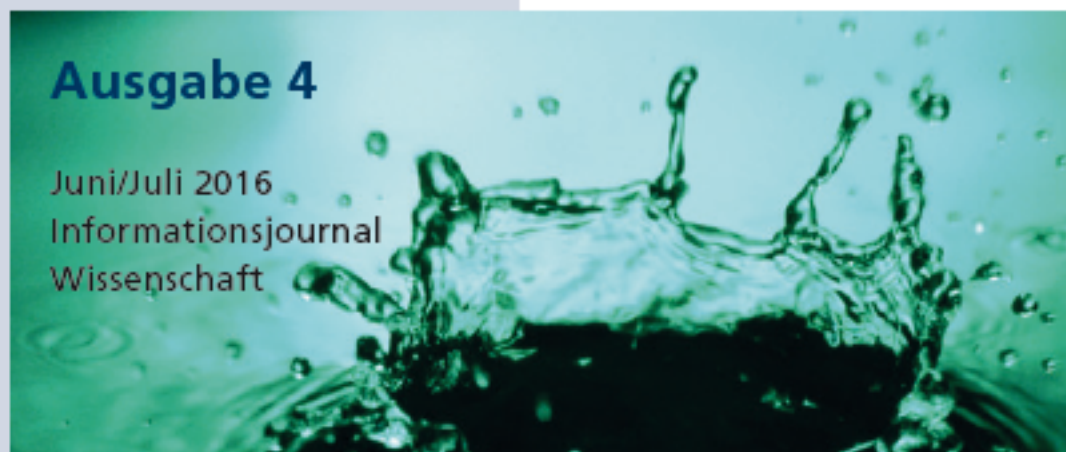


Ausgabe 4

Juni/Juli 2016
Informationsjournal
Wissenschaft



Umweltbewusste Forschung

Im Zuge des Umbaus wurde am Dach des Forschungsinstituts für Limnologie in Mondsee eine Photovoltaikanlage installiert, die am Dach des zugehörigen Bootshauses erweitert werden soll. Damit kann ein wesentlicher Teil des Energieaufwandes mit Solarenergie gedeckt werden. Außerdem wurde das gesamte Gebäude mit effizienter LED-Beleuchtung ausgestattet.



Klimawandel in unseren Seen - Konsequenzen für die Fischerei

Kontinuierlich steigende Wassertemperaturen im Zuge des Klimawandels beeinträchtigen die Fischpopulationen in Seen. Laut einer Studie hat die durchschnittliche Wassertemperatur von Oberflächen- bzw. Tiefenschichten der Alpinen Seen in Mitteleuropa in den letzten 40 Jahren um 0,5°C bis 1 °C zugenommen, eine weitere Erhöhung wird erwartet. Durch diese Temperaturveränderungen ist ein Einfluss auf die Fischpopulationen und damit die Sport- und Berufsfischerei wahrscheinlich.

Im Rahmen seiner Doktorarbeit erstellte Harald Ficker ein Modell für Coregonen (Reinanken), in dem er versuchte den Fischbesatz so anzupassen, dass die Konsequenzen des Klimawandels entschärft werden. Für sein Populationsmodell verwendete der Wissenschaftler den, unter Natur-

schutz stehenden, Irrsee im oberösterreichischen Salzkammergut. Der Irrsee wird von Angelfischern stark genutzt und regelmäßig nachbesetzt.

Das wichtigste Ergebnis seiner Simulation war, dass bei steigender Wassertemperatur im See künftig weniger Fang zu erwarten ist. Die Prognose ist, dass die Jungfische zwar schneller wachsen, aber nicht mehr so groß werden. Die Anzahl der Fische im See sinkt aufgrund von geringeren Überlebensraten. Damit wird die Gesamtbiomasse der Fischpopulation abnehmen. In diesem Modell wurden andere, für die Population negative Einflussfaktoren, wie zum Beispiel der Räuberdruck, noch gar nicht berücksichtigt.

Als mögliche Lösungsansätze durch das Fischereimanagement empfiehlt Harald Ficker entweder

den Status der Population zu erhalten, dann ist der Besatz mit Fischlarven (ca. 1cm) die richtige Wahl. Soll die Fischerei gestärkt werden, dann führt der Besatz mit größeren, vorgestreckten Fischen (ca. 10cm) zum Erfolg. Jedoch kann der negative Einfluss von steigenden Wassertemperaturen auf Kaltwasserfischarten wie die Reinanke nicht komplett durch eine Umstellung der Besatzstrategie verhindert werden.

In den letzten 15 Jahren hat sich die Fischgesamtbiomasse im Irrsee verdoppelt. Die Ursachen dafür könnten einerseits gute Fortpflanzungsbedingungen für die Fischarten im Irrsee sein oder andererseits der intensive Fischbesatz.

Ficker, H. et al. (2016). Stocking strategies for a pre-alpine whitefish population under temperature stress.

Ecological Modelling 320: 170-176

Kurz berichtet...

> Auch 2016 findet wieder unsere Veranstaltungsreihe für die Bevölkerung und Gäste des Mondseelandes statt. Es werden für alle Altersklassen Aktivitäten und interessante Informationsveranstaltungen vom Forschungsinstitut in Kooperation mit dem Tourismusverband MondSeeLand angeboten. Details und Infos zur Anmeldung: <http://www.uibk.ac.at/limno/research/events/>

> Als Standort der Universität Innsbruck bietet das Forschungsinstitut für Limnologie in Mondsee Lehrveranstaltungen für Studierende in Innsbruck und in Mondsee an. Unter fachlicher Betreuung werden Bakkalaureats-, Master- und Doktoratsstudenten der Universität Innsbruck in Mondsee bis zum akademischen Abschluss betreut. In der eigenen Fachbibliothek des Forschungsinstituts, die vollständig in die Universitäts- und Landesbibliothek Tirol integriert ist, sind die Abschlussarbeiten -neben anderer Fachliteratur- verfügbar. Informationen zur Fachbibliothek unter <http://www.uibk.ac.at/limno/library/>

Hallo Kinder, ich bin Rita Rädertier!

Wir Rädertierchen sind mikroskopisch kleine Mehrzeller. Das heißt, wir bestehen aus etwa 1000 Zellen, was für so winzige Plankton-tierchen ungewöhnlich ist. Wir haben keine Räder, dafür aber einen Wimpernkranz am Kopfende, mit dem wir unsere Nahrung herbei strudeln, wenn sich die Wimpern bewegen, sieht das wie ein Rad aus. Wir leben im Süßwasser aber auch außerhalb des Wassers auf Moosen oder Flechten.

Es gibt etwa 1500 verschiedene Arten von uns. Viele von uns können langsames Austrocknen über viele Monate, oder sogar Jahre, gut überleben. Wir bilden dafür eigene Trockenstadien aus, sogenannte Dauereier. Kommen wir in nasse Umgebung fühlen wir uns wieder in unserem Element und es geht munter weiter. Und noch etwas: Bei uns sind die Männchen kleiner als die Weibchen.



RÄDERTIERE - winzige Mehrzeller mit cleverer Fortpflanzungsstrategie



Zuchtanlage für Rädertiere

Rädertiere (Rotatorien) sind mikroskopisch kleine Tiere, die in nahezu allen aquatischen Lebensräumen vorkommen - von großen Seen und Flüssen bis zu Mikro-Lebensräumen, wie dem Wasserfilm auf Moospflanzen.

Welche Rolle spielen Rädertiere im See?

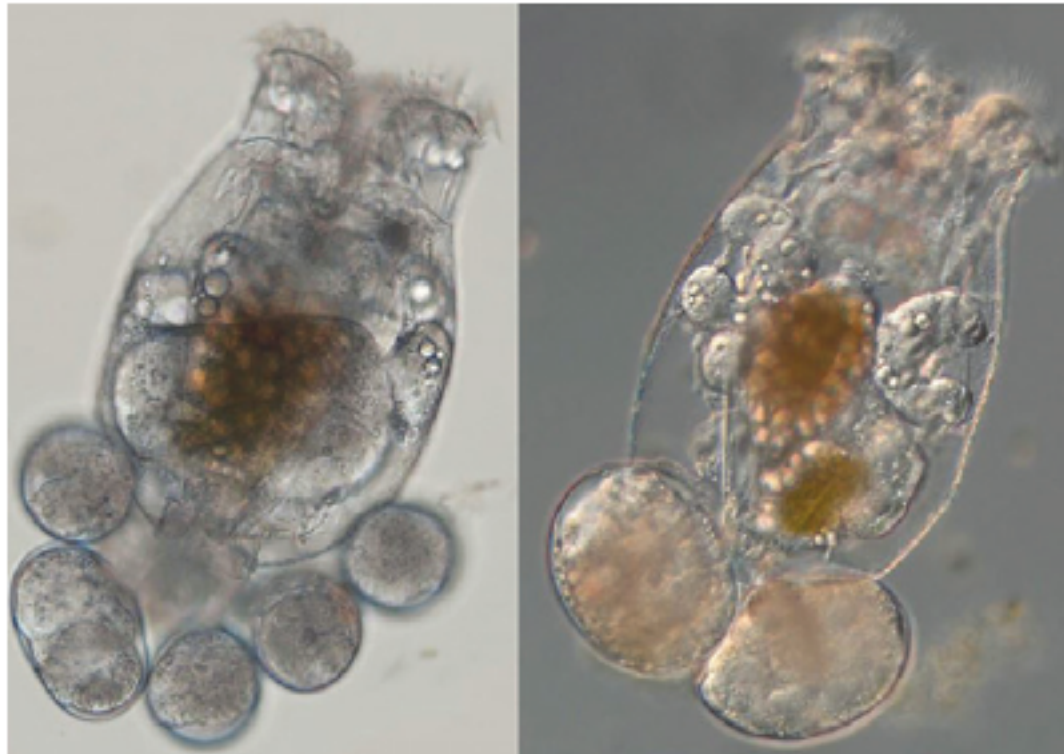
Rädertiere spielen eine wichtige Rolle im Nahrungsnetz von Seen. Sie ernähren sich von Mikroalgen und können dadurch Algenblüten eindämmen oder verhindern. Rädertiere sind ihrerseits ein wichtiges Futter für verschiedene andere im Wasser lebende Organismen, z.B. Kleinkrebse, Insekten und Fischlarven. Insgesamt gibt es auf der Erde mindestens 1500 verschiedene Rädertierarten, die sich an die verschiedensten Umweltbedingungen angepasst haben. In einem See sind bestimmte Rädertierarten ausschließlich im Frühjahr oder Sommer anzutreffen, andere hingegen nur im Winter. Mittels einer besonderen Strategie können sie ihre Überlebenschancen verbessern.

Der Lebenszyklus der Rädertiere

Im Gegensatz zu vielen anderen Tieren können sich Rädertiere nämlich nicht nur geschlechtlich (sexuell) sondern auch ungeschlechtlich (asexuell) fortpflanzen. Die asexuelle Fortpflanzung bei Rädertieren ist ein Beispiel für die natürliche Klonierung, bei der die Nachkommen exakte Kopien des Muttertiers darstellen. Dieser Vorteil ermöglicht es diesen Tieren sehr schnell neue Lebensräume zu besiedeln.

Überdauern von ungünstigen Umwelteinflüssen

Rädertiere bilden bei hohen Populationsdichten mehr sexuelle Nachkommen, Männchen sowie Weibchen gleichermaßen. Wird ein sexuelles Weibchen von einem Männchen befruchtet, dann bildet es Dauereier aus. Diese sind besonders resistent gegen Austrocknung und andere Umwelteinflüsse. Aus den Dauereiern schlüpfen asexuelle Weibchen. Die Ausbildung der Dauereier kann auch zur Verbreitung von Rädertieren in



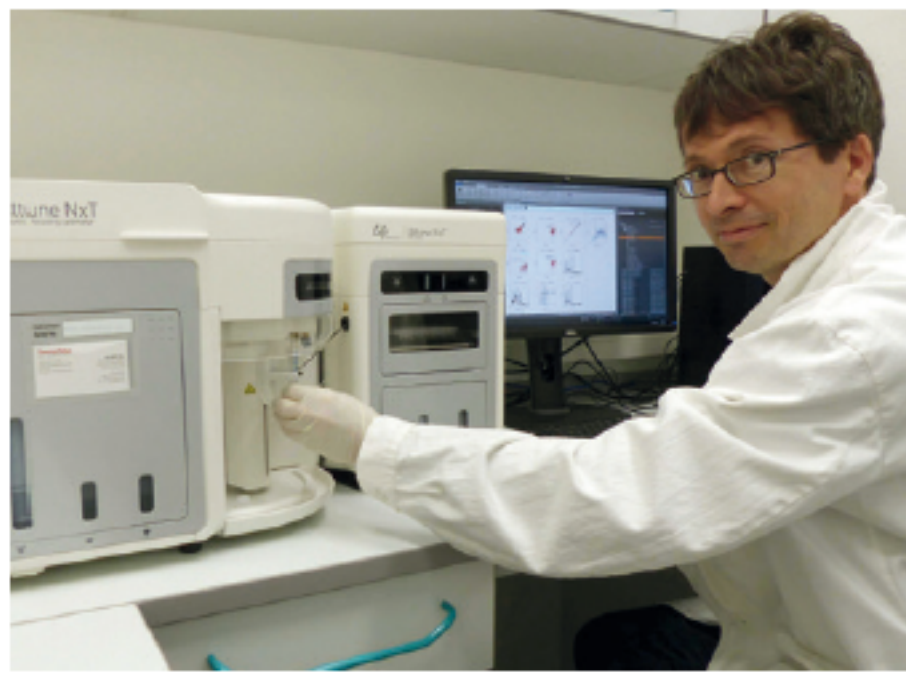
Rädertierweibchen mit sexuellen (li.) und asexuellen (re.) Eiern

andere Gewässer dienen. Über das Gefieder von Wasservögeln können die Dauereier in andere, oft weiter entfernte Gewässer, transportiert werden und die geschlüpften Rotatorien so neue Lebensräume erschließen.

Modellorganismus Rädertier

Claus-Peter Stelzer arbeitet am Forschungsinstitut für Limnologie, Mondsee, seit 2006 an diesen winzigen Mehrzellern. „In meiner Forschung interessiert mich die Schnittmenge zwischen Ökologie und Evolution am meisten. Die

Rädertiere stellen dafür den idealen Modellorganismus dar, weil ihre Haltung relativ einfach und ihr kurzer Lebenszyklus ideal für die experimentellen Populationsuntersuchungen ist. Innerhalb kurzer Zeit ist es möglich Dutzende von Populationen zu untersuchen und individuelle Muster herauszufinden.“ Aktuell forscht er an der Genomgrößenevolution der Rädertiere.



Claus-Peter Stelzer am Durchfluss-cytometer zur Ermittlung der Genomgröße

Wofür werden Rädertiere genutzt?

In der industriellen Aquakultur züchtet man große Mengen an Rädertieren, die für die Aufzucht von Fischen verwendet werden.

In der Toxikologie sind Rädertiere ein wichtiger Testorganismus um kritische Konzentrationen von Umweltgiften (z.B. Schwermetalle oder Pestizide) zu bestimmen.

In der Evolutionsforschung und in der Ökologie sind Rädertiere beliebte Modellorganismen. Da sie Mehrzeller sind, dienen sie als Modell für höhere bzw. komplexere Tiere. Rädertiere sind klein und haben nur eine Lebensdauer von 8-10 Tagen. Das ermöglicht den Wissenschaftlern Untersuchungen, die bei anderen Tieren nicht möglich wären.

Impressum: Medieninhaber und Herausgeber: Universität Innsbruck (UIBK), Innrain 52, 6020 Innsbruck. Für den Inhalt verantwortlich: S. Wanzenböck, Forschungsinstitut für Limnologie, Mondsee. Fotos: S.1: SK. Wanzenböck (1), S. Wanzenböck (2) S.2: M. Pichler (2), S. Wanzenböck (2), Grafik: S. Riss/S. Wanzenböck, S.3: Grafik: C.-P. Stelzer S.4: Knochenhecht: Rufus46 (Eigenes Werk) [CC BY-SA 3.0 (http://creativecommons.org/licenses/by-sa/3.0)], via Wikimedia Commons (1), R. Symonová (3), Grafik: Tiktaalik by Z. Deretsky, National Science Foundation (Courtesy: National Science Foundation) (National Science Foundation) [Public domain], via Wikimedia Commons.

Genomgrößenforschung bei Rädertieren

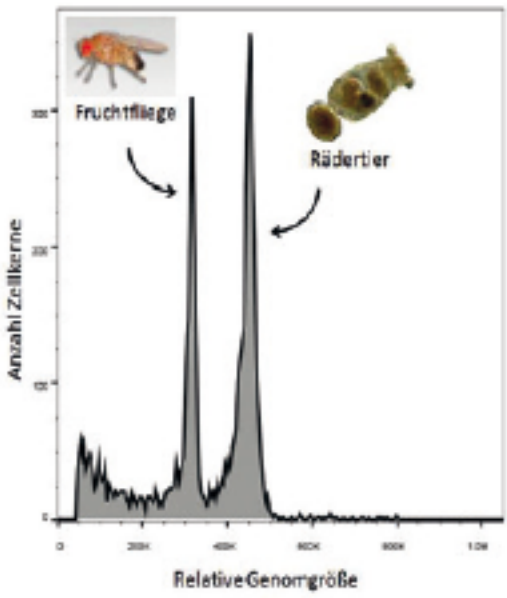
Was ist ein Genom?

Das Genom jedes Lebewesens besteht aus DNA (Desoxyribonukleinsäure). Das ist ein sehr langes, fadenartiges Molekül, das die gesamte genetische Information (den „genetischen Code“) enthält. Die in der DNA enthaltene Information (Gene) bestimmt, wie sich aus einer befruchteten Eizelle ein fertiges Lebewesen entwickelt. Jede Zelle unseres Körpers besitzt einen Zellkern mit einem Gemisch von zwei Genomen (DNA Strängen), die einst von der Mutter bzw. vom Vater vererbt wurden.

Früher hat man angenommen, dass komplexe Lebewesen wie der Mensch oder andere Säugetiere größere Genome besitzen als einfach gebaute Tiere oder Pflanzen. Tatsächlich gibt es aber nur einen schwachen Zusammenhang zwischen der

Komplexität eines Lebewesens und seiner Genomgröße. So hat der äthiopische Lungenfisch das größte bekannte Genom überhaupt (135 picogramm DNA, 47-mal größer als der Mensch!). Auch das Genom der gewöhnlichen Gebirgsschrecke, einer Heuschreckenart, ist mit 18,5 picogramm mehr als 6-mal größer als das menschliche Genom (2,9 picogramm).

Aus Genomsequenzierungsprojekten weiß man, dass der Anteil an „Information“ in den Genomen vieler Tiere verschwindend gering ist. So beträgt der Anteil der proteincodierenden DNA-Sequenzen im menschlichen Genom nur 1,5%. Der Großteil besteht aus DNA-Sequenzen die scheinbar keine Funktion mehr erfüllen und eher einen „Ballast“ aus der früheren Evolutionsgeschichte darstellen. Die Funktion dieses



Genomgrößenvergleich zwischen Fruchtliege und Rädertier

„Ballastes“ ist aber noch unklar. Trotz der höheren Entwicklung der Fruchtliege (*Drosophila* sp.) ist das Genom beim Rädertier größer. Manche Algen und Pilze weisen sogar eine höhere Genomgröße als Säugetiere auf.

LIMNOlogisch - WUSSTEN SIE...?

- a) ... wie der Ausfluss des Mondsees heißt?
- b) ... aufgrund welcher beiden Fischarten der Mond- und Attersee zum Europaschutzgebiet (NATURA 2000 Gebiet) ernannt worden sind?
- c) ... für welche beiden Bundesländer das Südufer des Mondsees die Grenze bildet?

> Können sich Individuen mit kleinen Genomen schneller entwickeln bzw. fortpflanzen?
> Akkumulieren Individuen mit großen Genomen mehr schädliche Mutationen?
Wir nutzen dabei die Besonderheit, dass in manchen Rädertierarten Genomgrößenunterschiede zwischen Individuen beobachtet wurden (bei den meisten Tieren ist die Genomgröße innerhalb der Art konstant).



Forschung im Scheinwerfer:

Dr. Radka Symonová



„Die Untersuchung der Genom-Organisation bei archaischen Fischen ermöglicht es uns in Echtzeit zu beobachten, was bei den Wirbeltieren in den letzten 400 Millionen Jahren der Genomevolution passiert ist!“



Knochenhecht (*Lepisosteus platostomus*),
ein „Urfisch der vergaß auszusterben“

Radka Symonová wurde in Tschechien geboren und absolvierte ihr Biologiestudium an der Karls - Universität in Prag und der Ludwig-Maximilians- Universität München. In ihrer Doktorarbeit beschäftigte sie sich mit der Genetik sich ungeschlechtlich fortpflanzender Muschelkrebse. Seit 2015 ist sie Forschungsgruppenleiterin in Mondsee. Durch ihr aktuelles Forschungsgebiet ist sie mit Wissenschaftlergruppen in Kanada, den USA, Mexiko Deutschland und Japan eng vernetzt.

Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter des Forschungsinstituts für Limnologie stellen sich vor:

Nach zehnjähriger Suche fanden Paläontologen in der kanadischen Arktis die Fossilien des „Tiktaalik“, aus der Sprache der Inuit nach einem im Süßwasser lebenden Verwandten des Dorsches. Tiktaalik stellt ein sogenanntes „missing link“ dar. Das ist ein Organismus, der eine bestehende Lücke in der bisher bekannten Evolutionsgeschichte schließt, da er sowohl Merkmale von primitiveren als auch von höher entwickelten Lebewesen besitzt. Durch diesen Fund konnte die Verwandtschaft von Fischen (mit Kiemen und Flossen) und ersten landbewohnenden



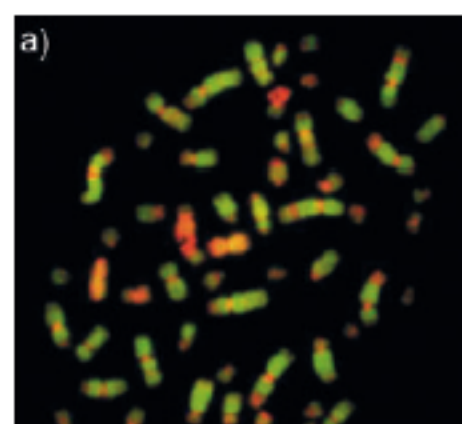
Tiktaalik (mögliches Aussehen)

Wirbeltieren (mit Lungen und Extremitäten) sicher nachgewiesen werden.

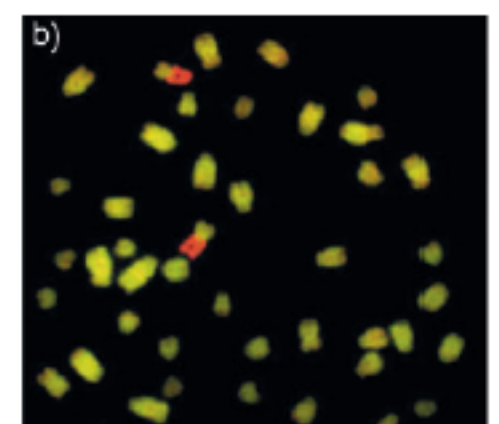
Aufbauend auf diese Forschung beschäftigt sich Radka Symonová mit anderen archaischen Fischen, dem Knochenhecht (*Lepisosteidae*) und dem Kahlhecht (*Amiidae*) aus Nord- und Mittelamerika die sowohl Kiemen als auch Lungen ausgebildet haben. Trotz ihres erdgeschichtlichen Alters stellen diese Fische eine sehr spezialisierte und hoch entwickelte Linie in der Evolution dar.

Zusätzlich sind für die Wissenschaftlerin auch die einstmals auch in Österreich häufiger vorkommenden Störe (*Acipenseridae*) im Mittelpunkt ihrer Forschung. Die Erbsubstanz (das Genom) der Störe besitzt archaische Eigenschaften. Dadurch hat sich das hochkomplexe Genom der Säugetiere durch wiederholte Genomverdopplun-

der Chromosomen sichtbar. In den roten Bereichen befinden sich die meisten Gene und die Basenpaare mit den stabileren Wasserstoffbrücken. Diese Regionen sind nicht so stark verdichtet wie die grünen Bereiche. Daher haben Enzyme für die Ablesung der genetischen Information bei der Verdopplung der DNS – Doppelhelix (Ort des



a) Knochenhecht



b) Kahlhecht

gen entwickelt, was allerdings einen massiven und gefährlichen Eingriff in die Genomintegrität darstellen könnte. Im Gegensatz zum Menschen, der 46 Chromosomen in seinen Zellen besitzt die die Erbsubstanz beinhalten, können Störe in ihren Zellen bis zu 400 Chromosomen ohne negative Konsequenzen bilden. Man spricht dann von Polyploidie.

Radka Symonová bemerkte erstmals, dass sich die Chromosomen bei Knochen- und Kahlhecht deutlich unterscheiden (siehe Abbildungen oben). Im Fluoreszenzmikroskop wird die Bänderung nach einer speziellen Färbung

genetischen Codes) besseren Zugang. Die rote Bänderung auf den Chromosomen ist bei den Knochenhechten (a) überraschender Weise häufiger zu sehen, als beim Kahlhecht (b) und allen anderen Fischen, bei denen die grüne Bänderung deutlich vorherrschend ist. Die Genomorganisation der Knochenhechte ähnelt deshalb den Säugetieren wesentlich mehr als allen anderen Fischen. Wieso der nächste Verwandte der Knochenhechte, der Kahlhecht, die „normale Fisch – Genomorganisation“ besitzt ist noch unbekannt und hängt mit der Verteilung der Bausteine in der Erbsubstanz zusammen.

Forschungsinstitut für Limnologie, Mondsee
Mondseestraße 9, 5310 Mondsee
Tel. +43 (0)512507 50201
www.uibk.ac.at/limno

