Haus des Meeres: Science Day 2023

Text und Bilder: Haus des Meeres

Die Organisatoren und PreisträgerInnen des Science Day 2023. V.l.n.r.: Walter Hödl, Oleg Simakov, Darrin Schultz, Christian Pruckner, Carina Leimhofer, Daniel Abed-Navandi.

Am 25 Jänner 2023 fand im vollbesetzten Saal lighthouse 10 über den Dächern Wiens die vom Verein „Haus des Meeres - Wissenschaft und Forschung" organisierte Veranstaltung zur Verleihung von zwei Forschungspreisen und einem Meeresschutzpreis statt. Mit jeweils 6.000,– € pro Preis und seit der Einführung des Science Day mit insgesamt 170.000,– € hat das Haus des Meeres JungforscherInnen und MeeresschutzaktivistInnen stets großzügig unterstützt.

Das heurige „Rupert-Riedl-Stipendium zur Förderung der Meeresforschung" wurde an Frau Dalila Destanovic für ihre genetische Masterarbeit „Vergleichende Strukturgenomik des Oktopus" an der Universität Wien vergeben. Die beeindruckende, in englischer Sprache abgehaltene Präsentation erfolgte per Videoaufzeichnung, da die Studentin zum Zeitpunkt der Preisverleihung an einer ausländischen Universität tätig war. Den Preis nahmen in Vertretung ihre beiden Betreuer Oleg Simakov und Darrin Schultz vom Department für Neurowissenschaften und Entwicklungsbiologie entgegen.

Das „Ferry-Starmühlner-Stipendium zur Förderung der Forschung an Süßwasserorganismen" erhielt Frau Carina Leimhofer vom Wassercluster Lunz. In ihrer Masterarbeit „Auswirkungen auf das Phytoplankton durch die Versalzung von Binnengewässern" untersucht sie die Auswirkungen von Streusalz auf das aquatische Phytoplankton.

Der „Hans-und-Lotte-Hass-Meeresschutzpreis" ging an Herrn Christian Pruckner vom Naturhistorischen Museum in Wien. Sein Projekt „Die Rettung der vernachlässigten Vettern der tropischen Korallen: Kaltwasserkorallen" widmet sich den durch die Schleppnetzfischerei bedrohten Kaltwasserkorallenriffen an der Schwedischen Küste. Dabei untersucht er die Bakteriengemeinschaften der zur Wiederansiedlung von Korallenlarven notwendigen Felsböden.

Durch den Abend führte der Stv. Direktor des Haus des Meeres Daniel Abed-Navandi, die Laudatio für die geehrten PreisträgerInnen hielt in bewährter Weise Prof. Jörg Ott. Für alle Besucher war vor allem das hohe wissenschaftliche Niveau der Projekte beeindruckend, das generell die hohen Anforderungen aufzeigte, die heute an junge WissenschafterInnen gestellt werden. Der Verein „Haus des Meeres - Wissenschaft und Forschung" gratuliert den PreisträgerInnen auf das herzlichste und hofft, dass die Preise eine unterstützende Hilfe bei der Durchführung ihrer Forschungsarbeiten sind.

Christian Pruckner

Mikrobielle Schlüsselarten in Kaltwasserkorallen und ihre Rolle in der Renaturierung

Christian Pruckner.

Die Koralle *D. pertusum*; eingesammelt von einem Tauchroboter der Göteburg Universität.

Kaltwasserkorallenriffe werden hauptsächlich von der riffbildenden Koralle *Desmophyllum pertusum* (früher *Lophelia pertusa*) gebildet. Sie kommen in jedem Ozean vor und bieten einen kritischen Lebensraum für Tausende von Meeresarten, die wiederum den Menschen in Küstenregionen Nahrungssicherheit bieten. Dennoch wurden viele dieser versteckten Riffe zerstört und sind sowohl durch den Klimawandel als auch durch andere anthropogene Faktoren stark belastet. Daher müssen aktive Renaturierungsmaßnahmen ergriffen werden, um die Erholung zu unterstützen und zu verbessern. Einer der Faktoren, die den Erfolg der Renaturierung verbessern könnten, ist die Etablierung gesunder Interaktionen zwischen der Koralle und ihrem Mikrobiom. Trotz der bekannten positiven Wirkung bleibt die Rolle des Mikrobioms von Kaltwasserkorallen bei der Ansiedlung und Rekrutierung von Korallenlarven unklar. Um diese Rolle zu untersuchen, werde ich Proben von Riffen des Meeresschutzgebietes Kosterfjorden-Väderöfjordens Natura 2000 in Schweden sammeln und Mikrobiomanalysen der mikrobiellen Taxonomie und potenzieller Stoffwechselwegprofile durchführen. Darüber hinaus werde ich Substrate, die Ionen freisetzen und erfolgreich in tropischen Korallen getestet wurden, für Siedlungsexperimente von Kaltwasserkorallenlarven verwenden.

Diese Experimente werden das Substrat und die mikrobielle Zusammensetzung aufdecken, die für die Ansiedlung dieser Larven erforderlich sind. Sobald dies gefunden ist, kann die Vermehrung und Aufzucht von sexuell gezüchteten Kolonien im größeren Maßstab eingeleitet werden. Um verlorene Riffstandorte wiederherzustellen, können dann künstliche Riffstrukturen mit den aufgezogenen Kolonien renaturiert werden. Der Zustand des künstlichen Riffs wird anschließend überwacht. Mit diesen Erkenntnissen kann eine erste Blaupause für die Renaturierung von Riffen erstellt werden. Da Kaltwasserkorallenriffe sehr ähnlich sind, könnte der Erfolg in Schweden auch für andere Gebiete umgesetzt werden.

Ich bin dankbar, dass ich den Hans und Lotte Hass Marine Conservation Award erhalten habe, der es mir ermöglicht, Reise-, Unterkunfts- und Laborgebühren zu decken sowie verschiedene Substrate zu testen, die bereits in tropischen Korallen verwendet werden. Darüber hinaus hilft es mir, die Kosten für die Sequenzierung mikrobieller DNA zu übernehmen.

Haus des Meeres AQUA TERRA ZOO
Science Day 2023

Carina Leimhofer

Auswirkungen der Süßwasserversalzung sowie der Invasion von *Pyrmnesium parvum* auf Phytoplankton

Carina Leimhofer.

Die Brackwasseralge *Prymnesium parvum* ist nur wenige Mikrometer groß, kann aber verheerende Auswirkungen auf das gesamte aquatische Ökosystem haben. (Quelle: https://norcca.scrol.net/strain/k-0081)

Mehrere hundert Tonnen Fisch mussten nach dem Vorfall in der Oder entfernt werden. Erhöhte Salzkonzentrationen hatten zur Folge, dass sich eine potentiell toxische Algenblüte entwickelte. (Quelle: https://www.bbc.com/news/world-europe-62536918)

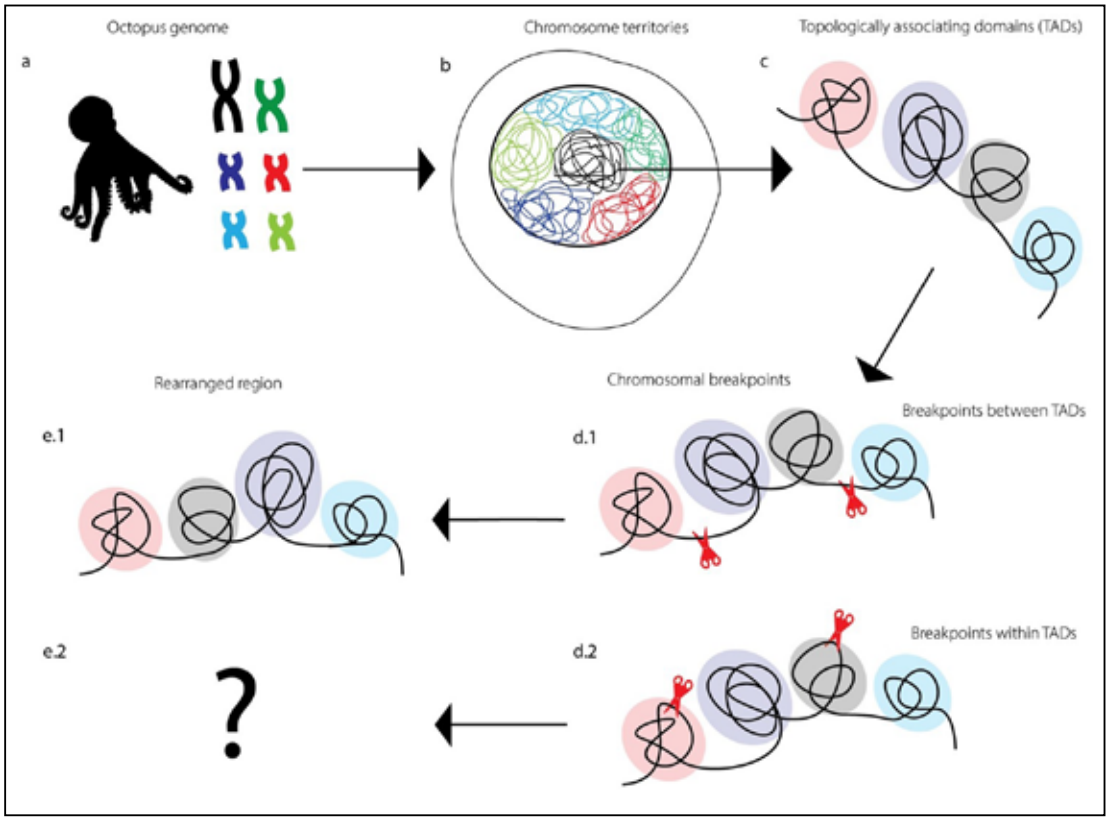
Süßwasserhabitate sind mittlerweile zahlreichen Bedrohungen ausgesetzt. Neben dem Klimawandel tragen anthropogene Eingriffe wie Übernutzung natürlicher Ressourcen oder Begradigung, Ausbau und Aufstauung von Gewässern zur Zerstörung natürlicher Lebensräume bei. Der Gefährdungsgrad ist aufgrund der Vulnerabilität erhöht, da Binnengewässer schneller und stärker auf Störfaktoren reagieren als marine oder terrestrische Ökosysteme. Dies zeigt sich vor allem im drastischen Rückgang der limnischen Artenvielfalt. Verschmutzungen durch z. B. Natriumchlorid, welche durch landwirtschaftliche oder industrielle Abwassererträge oder Streusalzapplikation im Winter zur Erhöhung der Salinität im Süßwasser führen, belasten den Wasserhaushalt zusätzlich. Die Versalzung von Binnengewässern nimmt auch durch die Wasserverknappung weltweit zu. Viele europäische Seen sind davon bedroht oder bereits betroffen. Die weitreichenden Folgen dieses Problems wurden letzten Sommer durch die Umweltkatastrophe im deutsch-polnischen Grenzfluss Oder deutlich. Begünstigt durch den erhöhten Salzgehalt im Fluss und dem Zusammenspiel anderer Faktoren wie erhöhter Wassertemperatur und seichtem Wasserstandpegel, konnte sich die einzellige Mikroalge *Prymnesium parvum* massiv vermehren. Dies führte zu einem großen Fischsterben, bei dem mindestens 360 Tonnen Fische verendeten. Diese invasive Brackwasseralge ist unempfindlich gegenüber einem breiten Spektrum von abiotischen Faktoren wie Licht, Temperatur und Salzgehalt. Sie ist nicht nur piscizid, sondern schädigt durch freigesetzte Toxine auch aquatische Organismen wie Vertebraten (Vögel, Amphibien), Mollusken oder die endemische Algenfauna. Die Auswirkungen der Algenblüte betreffen das gesamte Ökosystem und die Erholung verläuft nur langsam, wie man am Beispiel der Oder sieht. Die bevorstehende Arbeit wird an der Forschungsstation WasserCluster in Lunz am See durchgeführt. Das Ziel ist eine Risikoabschätzung über potenzielle Gefahren zu ermöglichen, welche durch erhöhte Salzkonzentrationen im Süßwasser und der schädlichen Algeninvasion entstehen können.

Comparative structural genomics of *Octopus*

Dalila Destanovic

Dalila Destanovic.

Emerging genomic techniques have enabled an unprecedented view into the evolution of marine animals. Among them, coleoid cephalopods (octopuses, squids, cuttlefish) stand out for many morphological innovations, yet genomes have only recently become available for species in this clade. Studies of cephalopod genomes have revealed that whole-genome rearrangements played a crucial role in their evolution. Rearrangements impact gene regulation, as changes in the gene order directly impact genome folding. The regulatory units are organized into structures called topologically associating domains (TADs). Changes within TADs are expected to be deleterious, and they are considered to be conserved throughout evolution. However, changes in TAD structure may also be a powerful mechanism of novelty evolution during speciation. Understanding if and how the genome-scale rearrangements relate to the emergence of unique cephalopod biology remains an open question. Exploring the evolutionary history of chromosomal "building blocks" of octopuses is possible now because of the recent availability of chromosomal-scale assemblies of four species (*Octopus vulgaris, O. sinensis, O. bimaculoides, Amphioctopus fangsiao*). We compared these genomes, and the preliminary data shows numerous chromosomal rearrangements within the lineage. In this research, we will test whether chromosomal breaks in octopus genomes are associated with changes in topological domain boundaries. We expect that TADs will be conserved as stable cephalopod evolutionary units in spite of numerous intra-chromosomal rearrangements. Through this project, we will shed light on the evolutionary history of cephalopods, contribute to a better understanding of TADs as structures, and create a tool that can be used to study the conservation of TADs on broader evolutionary scales.



The genome for most of the cell cycle is organized within chromosome territories and makes up a complex structure within the nucleus (a,b). To understand how this structure has been constrained throughout the evolution of octopuses, we are exploring the conservation of topologically associating domains (c, TADs-red/purple/grey/blue-circled regions) in relation to chromosomal rearrangement breakpoints (d.1, d.2). In this figure, two possible types of breaks are shown when an inversion happens. If the breaks happen between the TADs, they are preserved as structural and functional units, but their order is changed (d.1, e.1). This scenario is evolutionarily favorable and represents the hypothesis. If the breaks happen within the TADs, it leads to the disruption of TADs as functional units. In the case of such an event, the outcome cannot be predicted with certainty and it offers multiple alternative hypotheses as to how this might impact the evolution of a lineage (d.2, e.2).

The octopus silhouette was obtained from phylopic.org