



Zwischenbericht Dezember 2010

Rebecca Störmer

rebecca.stoermer@awi.de; 04725 819-3233

Dr. Gunnar Gerdts

gunnar.gerds@awi.de; 04725 819-3245

Alfred Wegener Institut für Polar- und Meeresforschung,
Biologische Anstalt Helgoland, 27483 Helgoland



Inhalt

Abbildungsverzeichnis	4
Übersicht Teilprojekte	5
Analyse funktioneller Gene in bakteriellen Sedimentgemeinschaften im Bereich der Einbringungsstelle, Tonne E3 (Teilprojekt 1)	5
Molekularbiologische Fingerprints bakterieller Sedimentgemeinschaften im Bereich der Einbringungsstelle, Tonne E3 (Teilprojekt 2)	5
Molekularbiologische Fingerprints bakterieller Gemeinschaften im Bereich der Einbringungsstelle, Tonne E3: Baggergut und Wasserproben (Teilprojekt 3)	5
Molekularbiologische Fingerprints bakterieller Sedimentgemeinschaften im Strandbereich Duhnen/Cuxhaven (Teilprojekt 4)	6
Zusammenfassung	7
Bisher geleistete Arbeiten	8
Probenahmen.....	8
I. Monitoring Umlagerungsstelle E3 (Teilprojekt 2).....	9
II. Beprobung Elbe (Teilprojekt 3).....	9
III. Beprobung Elbmündung bei Cuxhaven (Teilprojekt 4).....	9
IV. Zusätzliche Beprobung des Umlagerungsgebietes durch die BAH (Teilprojekt 2)...	10
V. Zusätzliche Beprobung der Deutschen Bucht (Teilprojekt 2)	10
Analyse der Bakteriengemeinschaften.....	11
Probenaufbereitung.....	11
I. Monitoring Umlagerungsstelle E3 (Teilprojekt 2).....	11
II. Beprobung Elbe (Teilprojekt 3).....	12
III. Beprobung Elbmündung bei Cuxhaven (Teilprojekt 4).....	12
IV. Zusätzliche Beprobung des Umlagerungsgebietes durch die BAH (Teilprojekt 2) ..	12
V. Zusätzliche Beprobung der Deutschen Bucht.....	12
Ergebnisse.....	13
I. Monitoring Umlagerungsstelle E3 (Teilprojekt 2).....	13
I. Monitoring Umlagerungsstelle E3 (Teilprojekt 2).....	19
III. Beprobung Elbmündung bei Cuxhaven (Teilprojekt 4)	20
IV. Zusätzliche Beprobung des Umlagerungsgebietes durch die BAH (Teilprojekt 2)...	21



Fazit	22
Ausblick	23
Teilprojekt 1 und 2	23
Teilprojekt 3	24
Teilprojekt 4	24

Anhang



Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Probennahme für mikrobiologische Untersuchungen.....	8
Abbildung 2: Übersicht verschiedener Bakteriengemeinschaften im Umlagerungsgebiet August 2009.....	13
Abbildung 3: nicht metrische Multidimensionale Skalierung der Bakteriengemeinschaftsprofile im Umlagerungsgebiet August 2009.....	14
Abbildung 4: Vergleich Korngrößenverteilung <20µm Fraktion (A) mit Auftreten der Bakteriengemeinschaften August 2009 (B).....	16
Abbildung 5: Redundanzanalyse der Bakteriengemeinschaftsprofile im Umlagerungsgebiet August 2009.....	17
Abbildung 6 nicht metrische Multidimensionale Skalierung der Bakteriengemeinschaftsprofile im Umlagerungsgebiet April 2010.....	19
Abbildung 7: Bakteriengemeinschaftsprofil der Elbwassergemeinschaften im Vergleich zu Profilen der Umlagerungsstelle 2010.....	20
Abbildung 8: nicht metrische Multidimensionale Skalierung der Bakteriengemeinschaftsprofile März 2010.....	21



Übersicht Teilprojekte

Analyse funktioneller Gene in bakteriellen Sedimentgemeinschaften im Bereich der Einbringungsstelle, Tonne E3 (Teilprojekt 1)

Hamburg Port Authority (HPA), Neuer Wandrahm 4, 20457 Hamburg

In Teilprojekt 1 wird untersucht, ob im Bereich der Baggergut-Einbringungsstelle gegenüber dem Außengebiet und dem Referenzgebiet (siehe Abbildung 2) unterschiedliche bakterielle Schadstoff-Abbau oder -Transformations-Gene (Quecksilber Reduktase, Cadmium-Transporter, verschiedene Oxygenasen und Dioxygenasen) nachweisbar sind.

Molekularbiologische Fingerprints bakterieller Sedimentgemeinschaften im Bereich der Einbringungsstelle, Tonne E3 (Teilprojekt 2)

Landesamt für Landwirtschaft, Umwelt und ländliche Räume des Landes Schleswig-Holstein (LLUR), Hamburger Chaussee 25, 24220 Flintbek

In Teilprojekt 2 wird untersucht, ob im Bereich der Baggergut-Einbringungsstelle gegenüber dem Außengebiet und dem Referenzgebiet (siehe Abbildung 2) unterschiedliche bakterielle Gemeinschaften nachweisbar sind. Ferner wird mittels multivariater statistischer Methoden geprüft, ob parallel erhobene physikalische und chemische Parameter Einfluss auf die Zusammensetzung der Bakteriengemeinschaft ausüben.

Molekularbiologische Fingerprints bakterieller Gemeinschaften im Bereich der Einbringungsstelle, Tonne E3: Baggergut und Wasserproben (Teilprojekt 3)

Bundesanstalt für Gewässerkunde, Am Mainzer Tor 1, 56068 Koblenz

In Teilprojekt 3 wird die bakterielle Gemeinschaft des jeweiligen Baggergutes bei einzelnen Verklappungs-Kampagnen analysiert. Ferner werden während der Kampagnen Wasserproben hinsichtlich ihrer Bakteriengemeinschaft analysiert.



Mittels multivariater statistischer Methoden geprüft, ob parallel erhobene physikalische und chemische Parameter Einfluss auf die Zusammensetzung der Bakteriengemeinschaft ausüben.

***Molekularbiologische Fingerprints bakterieller
Sedimentgemeinschaften im Strandbereich Duhnen/Cuxhaven
(Teilprojekt 4)***

Nds. Landesbetrieb für Wasserwirtschaft, Küsten- und Naturschutz (NLWKN-BSt
Norden-Norderney), An der Mühle 5, 26548 Norderney/Ostfriesland

In Teilprojekt 4 wird die bakterielle Gemeinschaft des verschlickenden Bereiches des Duhner Wattes sowie eines Sand- und Schlickwatt Referenzgebietes bei Cuxhaven analysiert. Mittels multivariater statistischer Methoden wird geprüft, ob Rückschlüsse auf die Herkunft des Schlickmaterials gezogen werden können.



Zusammenfassung

Im Zuge von Instandhaltungsmaßnahmen des Hamburger Hafens sind seit 2005 etwa 4,8 Mio m³ Baggergut in die Nordsee umgelagert worden. Diese Umlagerung von Elbsedimenten ist an die Einhaltung verschiedener Maßgaben gebunden, welche unter anderem ein regelmäßiges Monitoring der Umlagerungsstelle E3 vorschreiben. Das Monitoringprogramm umfasst Peilungen sowie Untersuchungen des Wasserkörpers, der Sedimente, der Schadstoffanreicherung in Organismen, des Makrozoobenthos und der Fischfauna.

Im August 2009 wurden erstmals Proben zur Untersuchung der benthischen Bakteriengemeinschaften in das Monitoring einbezogen. Diese sollen zeigen, ob und inwiefern sich die Gemeinschaften bedingt durch die Umlagerungsprozesse verändern. Die Analysen basieren auf einer molekularbiologischen Fingerprinttechnik, die ein Profil der bakteriellen Gemeinschaft generiert. In multivariaten Analysen wird das Profil einer Probe mit denen anderer Proben verglichen und ein Einfluss erhobener analytischer Daten auf die Bakteriengemeinschaften untersucht.

Auch 2010 wurden im Rahmen der von HPA organisierten Monitoring-Ausfahrten Proben für molekularbiologische Analysen im Umlagerungsgebiet entnommen. Erste Ergebnisse zeigen einen Einfluss der Umlagerungen auf die Bakteriengemeinschaften. Korngrößenverteilungen und Schadstoffbelastung prägen die Gemeinschaft der benthischen Bakterien im Umlagerungsgebiet. Eindeutige Aussagen darüber, welche Faktoren den größten Einfluss nehmen, können bislang nicht getroffen werden.

In weiterführenden Untersuchungen soll der Einfluss einzelner Faktoren bzw. Faktorengruppen (z.B. Korngrößenverteilung) detaillierter untersucht werden. Ergebnisse der Analyse funktioneller Gene und Sequenzierungen der DNA von ausgewählten Stationen sollen Informationen zu Funktion und Aufbau der Bakteriengemeinschaften liefern.



Bisher geleistete Arbeiten

Probenahmen

Flankierend zu den Probenahme-Kampagnen der HPA (siehe Jahresberichte HPA) werden zusätzlichen Probenahme-Kampagnen seitens der Biologischen Anstalt Helgoland (BAH) in der Deutschen Bucht realisiert.

Alle Sedimentproben werden mit einem Van Veen Greifer mit Klappen bzw. einem Kolbenlot (Elbbeprobung) entnommen. Anschließend wird das Sediment homogenisiert. An jeder Station werden vier Unterproben in sterile Plastikgefäße abgefüllt. Dies erfolgt parallel zur Beprobung durch HPA (Abb. 1). Die Proben werden sofort gefroren und nach der Ausfahrt bei -70°C bis zur weiteren Verarbeitung gelagert. Ab August 2010 wurden zusätzlich Proben zur Bestimmung der Bakterienzahl entnommen. Dazu werden $500\mu\text{l}$ Sediment in $1,5\text{ml}$ 3% Glutaraldehyd-(GDA) Lösung zur Fixierung gegeben. Diese Proben werden gekühlt transportiert und im Institut zur weiteren Lagerung aufgearbeitet.

Die Wasserproben aus dem Elbmündung (IV) werden mit einem Schlauch in zwei 12l Gefäße abgefüllt und im Labor weiter verarbeitet.

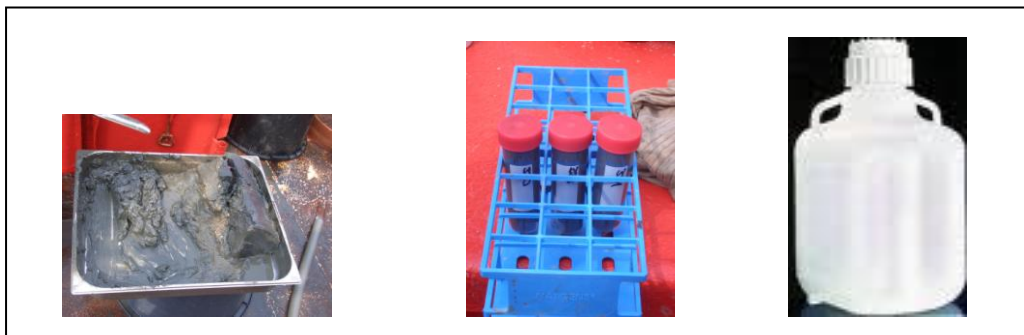


Abbildung 1: Probennahme für mikrobiologische Untersuchungen.

Links: Sediment vor der Probenentnahme; Mitte: Unterproben für mikrobiologische Untersuchungen; Rechts: Transportgefäße Wasserproben



I. Monitoring Umlagerungsstelle E3 (Teilprojekt 2)

In 2010 fanden die HPA Probenahme-Kampagnen im Umlagerungsgebiet in April und August statt. Bei beiden Kampagnen wurden Sedimentproben zur Analyse der Bakteriengemeinschaft und für CHN Messungen entnommen (van Veen Greifer 0,1dm³). Es handelte es sich bei jeder Ausfahrt um 125 Stationen. Seit August 2010 wurden auch Proben zur Zellzahlbestimmung der Bakterien genommen.

II. Beprobung Elbe (Teilprojekt 3)

Für die Interpretation der Ergebnisse an der Umlagerungsstelle ist eine Beprobung des Ursprungssediments im Hamburger Hafengebiet nötig. Diese Untersuchungen zeigen ggf., ob bei Umlagerungen Sedimentgemeinschaften aus der Elbe in die Nordsee überführt werden und diese sich dort eventuell etablieren können. Im September 2010 fand eine Beprobung des Sedimentes im Elbabschnitt Köhlbrand durch HPA statt (10 Stationen). Proben für bakterielle Gemeinschaftsanalysen wurden parallel zu den Proben der HPA entnommen.

III. Beprobung Elbmündung bei Cuxhaven (Teilprojekt 4)

Im Teilprojekt mit dem NLWKN sollen die Bakteriengemeinschaften am Duhner Watt mikrobiologisch analysiert werden. Dies steht im Zusammenhang mit der dort in den letzten Jahren vorkommenden zunehmenden Verschlickung. Bei einem Fachgespräch zum Thema „Verschlickung im Duhner Watt“ am 09.03.2010 wurde beschlossen, die Beprobung des Schlickes erst bei Neuauftreten desselbigen zu beginnen. Nach Aussage der Cuxhavener Behörden hatte sich allerdings kein neuer Schlick in 2010 abgelagert.

Die Beprobung der Elbmündung soll Aufschluss über die Seston-Bakteriengemeinschaften der Elbe geben. Seston, definiert als partikuläres Material der Wassersäule, sinkt nach einer gewissen Zeit ab. Es ist daher denkbar, dass das Elb-Seston mit der Strömung zum Duhner Watt transportiert wird und sich ablagert. Deshalb sollen die Seston-Proben mit Schlickproben aus Duhnen und denen des Umlagerungsgebietes E3 verglichen werden.

Ende Februar 2010 hat die BAH begonnen, Wasserproben (ca 20l) aus der Elbmündung bei Cuxhaven zu entnehmen (Standort Probenahme siehe Anhang).



IV. Zusätzliche Beprobung des Umlagerungsgebietes durch die BAH (Teilprojekt 2)

Die Auswertung der Profile von August 2009 deutet auf verschiedene benthische Bakteriengemeinschaften hin (Abb. 2). Um das gesamte Umlagerungsgebiet genauer zu untersuchen, wurde im März 2010 eine zusätzlich von der BAH organisierte Ausfahrt zur Umlagerungsstelle durchgeführt (Positionsübersicht siehe Anlage). Insgesamt wurden 75 Stationen beprobt wovon jeweils 10 Stationen des von der HPA als Referenz geführten Gebietes und der Einbringungsstelle am direkten Umlagerungszentrum und auf dem 3km Kreis einbezogen wurden. Zusätzlich wurde ein Gebiet zwischen Referenzgebiet und Umlagerungsstelle und ein weiteres Gebiet von der Umlagerungsstelle zur Elbemündung in die Kampagne eingeschlossen. Es wurde Material für bakterielle Gemeinschaftsanalysen, CHN- und Korngrößenanalysen mit einem van Veen Greifer (0,2dm³) entnommen.

V. Zusätzliche Beprobung der Deutschen Bucht (Teilprojekt 2)

Seit September 2010 werden Proben zur Analyse der benthischen Bakteriengemeinschaften der Deutschen Bucht im Hinblick auf ihre jahreszeitliche Sukzession genommen. Hierbei werden an 16 Stationen mit einem van Veen Greifer (0,2dm³) Sedimentproben genommen. Diese werden homogenisiert und in Unterproben sofort gefroren und bis zur weiteren Verarbeitung bei -70°C gelagert. (Karte siehe Anhang).



Analyse der Bakteriengemeinschaften

Zur Überprüfung, ob die natürlichen bakteriellen Benthosgemeinschaften der Deutschen Bucht im Umlagerungsgebiet bereits von der Einbringung der Elbsedimente beeinflusst sind, werden Profile der Bakteriengemeinschaften als Basis für umfangreichere Untersuchungen, z.B. Sequenzierungen, erstellt. Die Erstellung der Profile erfolgt mittels Fingerprintverfahren ARISA (*automated ribosomal intergenic spacer analysis*). Diese Methode nutzt das Vorkommen hoch variabler DNA-Sequenzen zwischen ribosomalen Genorten (*intergenic spacer*), deren Länge für jede Bakterienart spezifisch ist. Nachdem die DNA der im Sediment befindlichen Organismen extrahiert und aufgereinigt wurde, werden diese Sequenzen mittels Polymerase Kettenreaktion (PCR) vervielfältigt und anschließend in einem hochauflösenden Polyacrylamidgel separiert. Diese spezifischen Fingerabdrücke bzw. Profile der Bakteriengemeinschaften werden von allen Gebieten generiert und in statistischen Verfahren verglichen und auch in Zusammenhang gesetzt zu physikalischen und chemischen Parametern, die von der HPA aufgenommen werden.

Eine Übersicht über alle aufgearbeiteten Proben ist im Anhang ersichtlich.

Probenaufbereitung

I. Monitoring Umlagerungsstelle E3 (Teilprojekt 2)

Alle 750 Proben der Monitoring-Kampagnen 2010 wurden aufgearbeitet (DNA Extraktion, Amplifikation der bakteriellen DNA-Sequenzen und Erstellung der Profile der Kampagne aus April 2010). Die Erstellung der Profile aus August steht noch aus, wird aber bis Ende Januar 2011 abgeschlossen. Momentan erfolgt die Auswertung der Profile aus April 2010.

Die Proben zur CHN Analyse wurden für April 2010 ebenfalls verarbeitet.

Aufarbeitung der Proben zur CHN Analyse für August 2010 und Bakterienzahl erfolgt 2011.



II. Beprobung Elbe (Teilprojekt 3)

Die Proben werden 2011 aufbereitet.

III. Beprobung Elbmündung bei Cuxhaven (Teilprojekt 4)

Um partikuläres Material vom Rest der Wasserprobe zu trennen, wurden 12l des Elbwassers in einen Teflon Trichter (Zwischenbericht 2009) gefüllt. Innerhalb einer Stunde sedimentiert das partikuläre Material ab. Eine Wasserprobe wurde über einen 0,2µm Polycarbonat-Filter filtriert. Das Seston wurde mittels Zentrifugation aufkonzentriert.

Insgesamt wurden jeweils 8 Seston und 8 Wasserproben in 2010 genommen (Durchführung von DNA Extraktion, PCR, ARISA).

IV. Zusätzliche Beprobung des Umlagerungsgebietes durch die BAH (Teilprojekt 2)

Insgesamt wurden 225 Proben bearbeitet. Die Profile der Bakteriengemeinschaften wurden im Anschluss mittels multivariater Statistik ausgewertet.

Die Aufarbeitung der CHN Proben machte es notwendig ein geeignetes Verfahren zu etablieren. Alle 75 Proben wurden gemessen und sind in die statistischen Analysen eingeflossen (von Ahnen, 2010).

V. Zusätzliche Beprobung der Deutschen Bucht

Die Proben werden in 2011 aufgearbeitet.



Ergebnisse

I. Monitoring Umlagerungsstelle E3 (Teilprojekt 2)

August 2009

Die Aufarbeitung der Proben erfolgte bereits 2009 (siehe Zwischenbericht 2009). Die erste in Augenscheinnahme der Ergebnisse zeigt eine Gemeinschaft im Referenzgebiet und zwei Gemeinschaften im Umlagerungsgebiet (Abb. 2). Bereiche, die bis zu 1,5km entfernt vom Umlagerungszentrum sind und nördliche Bereiche des Umlagerungsgebietes (bis 3km) weisen ähnliche Bakteriengemeinschaften auf. Während im südlichen Teil des Umlagerungsgebietes eine andere bakterielle Gemeinschaft auftritt.

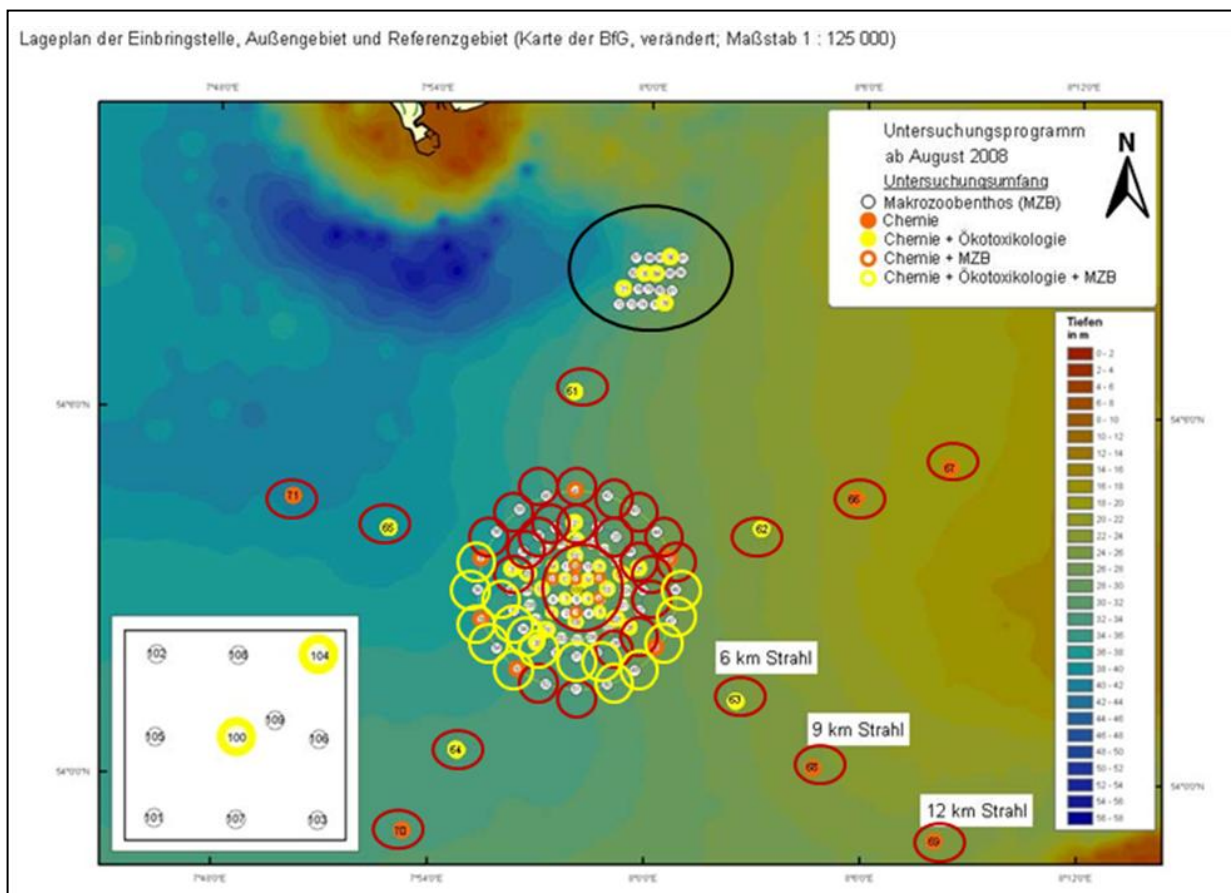


Abbildung 2: Übersicht verschiedener Bakteriengemeinschaften im Umlagerungsgebiet August 2009



Die folgenden Analysen beziehen sich auf jeweils eine Unterprobe der jeweiligen Kampagne. Da die Ergebnisse der anderen Unterproben sehr ähnlich sind, wird auf ihre Darstellung verzichtet. Die Profile wurden qualitativ (Jaccard Index) ausgewertet. Die Güte der nicht metrischen Multivariaten Analyse wird mit „Stress“ angegeben. Analysen deren Stresswerte zwischen 0,1-0,5 liegen gelten als zuverlässig (Backhaus et al 2003).

Teile der Ergebnisse wurden bereits auf einem internationalen Kongress präsentiert (siehe Poster im Anhang).

Paarweise Vergleiche der Gemeinschaften der verschiedenen Regionen zeigen, dass die des Umlagerungszentrums signifikant verschiedenen sind zu Gemeinschaften aus dem Referenzgebiet, 6km und 9km Strahl und ebenfalls zu denen des 1,5km Ringes (Abb. 3). Auf den 2km und 3km Ringen tritt eine „Spaltung“ der Bakteriengemeinschaft auf. Teile der Gemeinschaft sind ähnlich zu der des Referenzgebietes, die andere Teilpopulation ist ähnlich zu der des Umlagerungszentrums.

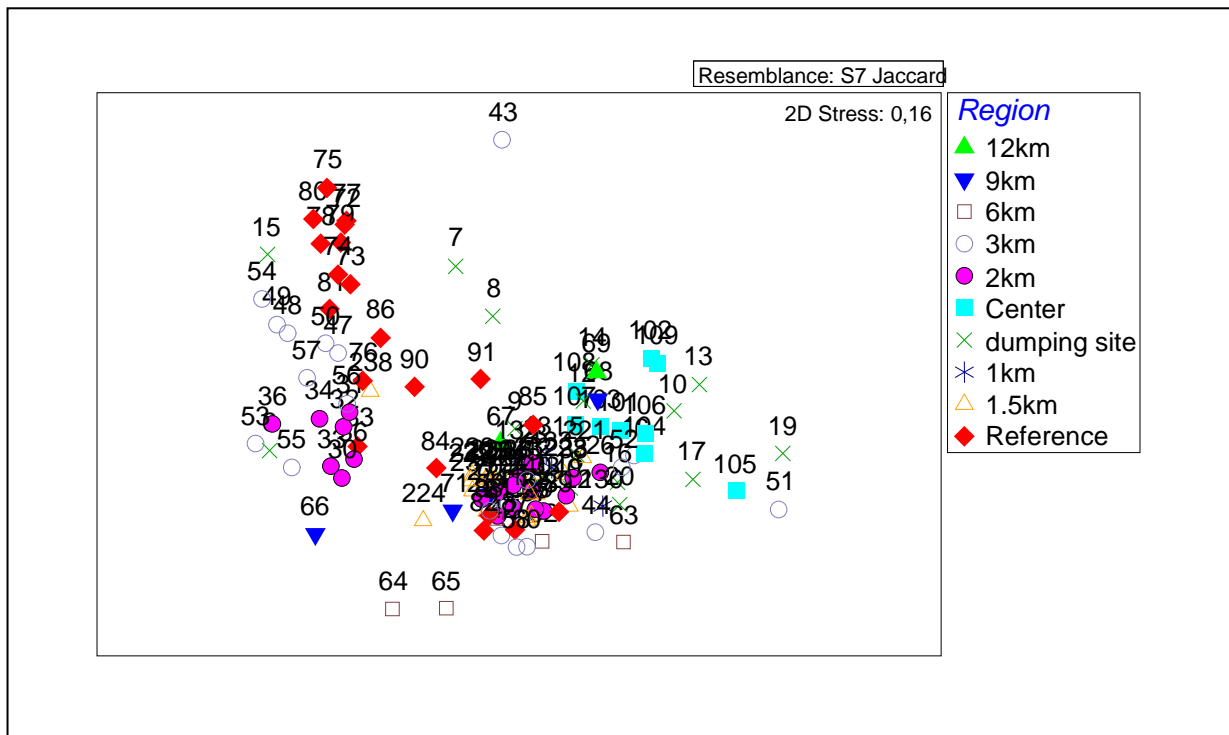


Abbildung 3: nicht metrische Multidimensionale Skalierung der Bakteriengemeinschaftsprofile im Umlagerungsgebiet August 2009



Die Struktur von bakteriellen Sedimentgemeinschaften ist sehr stark von sediment-geologischen Gegebenheiten abhängig. Vor allem Faktoren wie Korngrößenverteilungen und mit ihnen in Verbindung stehenden Faktoren wie Nährstoffe spielen eine entscheidende Rolle. Sandige Sedimente sind nährstoffärmer und bieten damit einen anderen Lebensraum als schlickige, nährstoffreichere Sedimente. Die beobachteten Unterschiede könnten daher durch unterschiedliche geologische Bedingungen des Gebietes zu erklären sein. Das Sediment im Zentrum der Umlagerungsstelle ist sehr sandig, wohingegen das Sediment des Referenzgebietes einen hohen Feinkornanteil aufweist. Die Korngrößenverteilung der <math><20\mu\text{m}</math> Fraktion im Umlagerungsgebiet bestätigt teilweise die Varianzen in den Bakteriengemeinschaften (Daten HPA, Darstellung BfG (A) Abb. 4). Auf dem 1,5km Ring zeigen Korngrößenverteilung und Bakteriengemeinschaften jedoch keine Übereinstimmung. Alle im 1,5km Ring auftretenden Gemeinschaften sind ähnlich zu denen des Umlagerungszentrums (Abb. 4). Hingegen kann im nördlichen Teil des 1,5km Ringes prozentual mehr Feinkornanteil im Sediment festgestellt werden, als im südlichen Bereich. Eine Erklärung der Varianzen in der bakteriellen Gemeinschaft allein durch Korngrößenverteilungen kann daher ausgeschlossen werden.

Nach Angaben von HPA sind bisher Auswirkungen der Umlagerung bis zur Entfernung von 1km zum Umlagerungszentrum nachgewiesen worden. Beispielsweise zeigten ADCP- Messungen, die aus dem Jahresbericht 2005 der HPA zu ersehen sind, dass 95-98% des Sedimentes innerhalb von Sekunden auf einer Fläche von 600m um das Umlagerungszentrum herum absinkt. Trübungsfahnen konnten allerdings bis maximal 8km Entfernung festgestellt werden. Die Auswirkungen der Umlagerung werden durch HPA umfangreich untersucht (HPA Jahresberichte). Daten aus u.a. chemischen und physikalischen Analysen sollen Aufschluss über den Verbleib von Sediment und Schadstoffen geben.

Mittels Korrespondenzanalysen können die Bakteriengemeinschaften auf diese Daten projiziert werden, sodass Zusammenhänge zwischen beiden Datensätzen untersucht werden können. Bereitstellung der Daten durch HPA.

Auswirkungen von Baggerguteinbringungen auf bakterielle Sedimentgemeinschaften der Deutschen Bucht

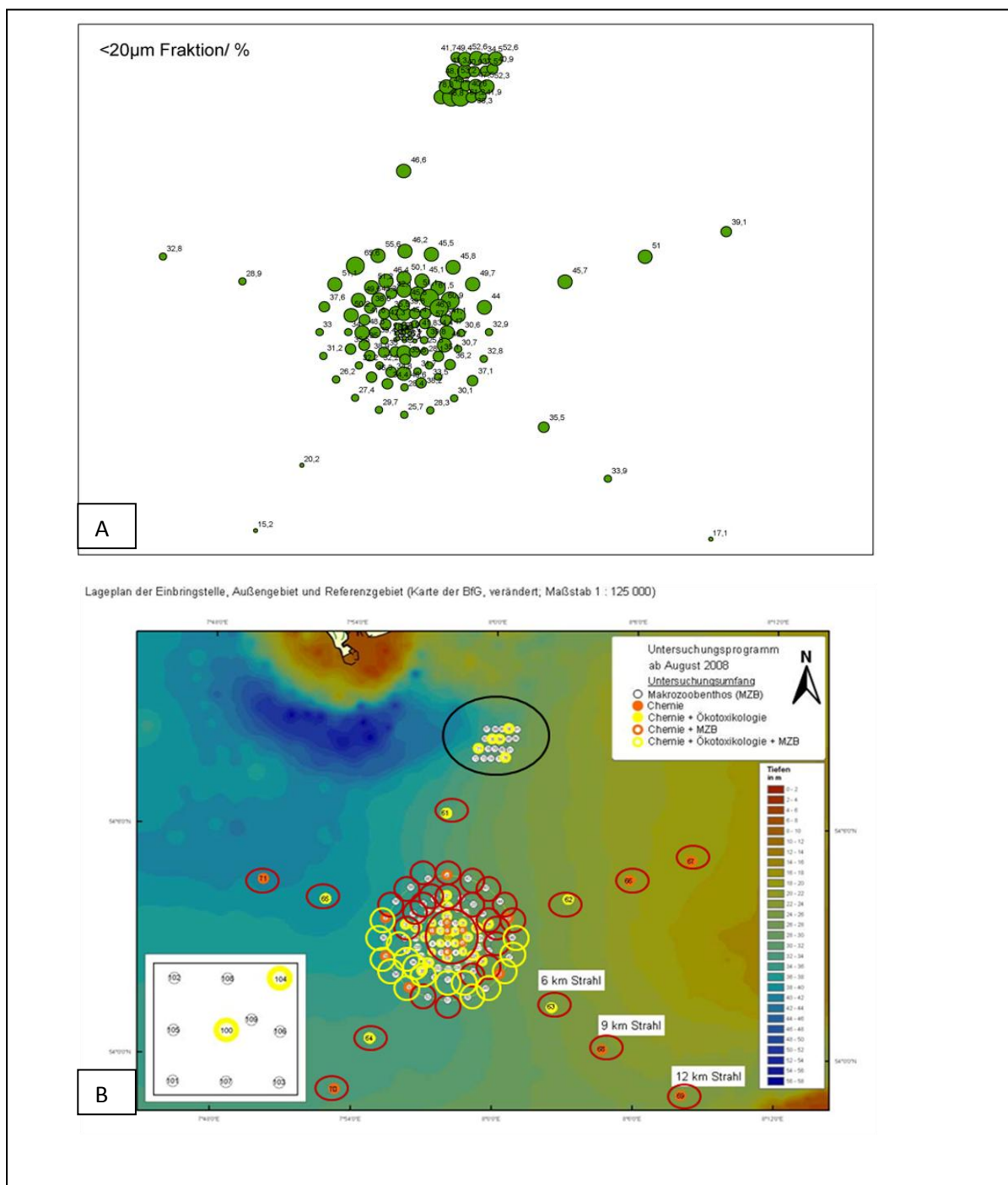


Abbildung 4: Vergleich Korngrößenverteilung <20µm Fraktion (A) mit Auftreten der Bakteriengemeinschaften August 2009 (B)



Viele der erhobenen Parameter sind miteinander autokorreliert. Diese Daten wurden aus der Analyse ausgeschlossen (u.a. <math><20\mu\text{m}</math> Fraktion, Blei, Cadmium). Desweiteren ist eine genaue Abschätzung der Einflüsse einzelner Parameter bzw. Faktoren schwierig, da für einige Gebiete, z.B. dem Umlagerungszentrum, nur zwei Datenpunkte vorliegen, an denen alle Parameter erhoben wurden. Für Korrespondenzanalysen können nur „vollständige“ Datenpunkte verwendet werden. Auch auftretende Messunsicherheiten bei der Feststellung einiger Schadstoffe machen eindeutige Interpretationen schwierig.

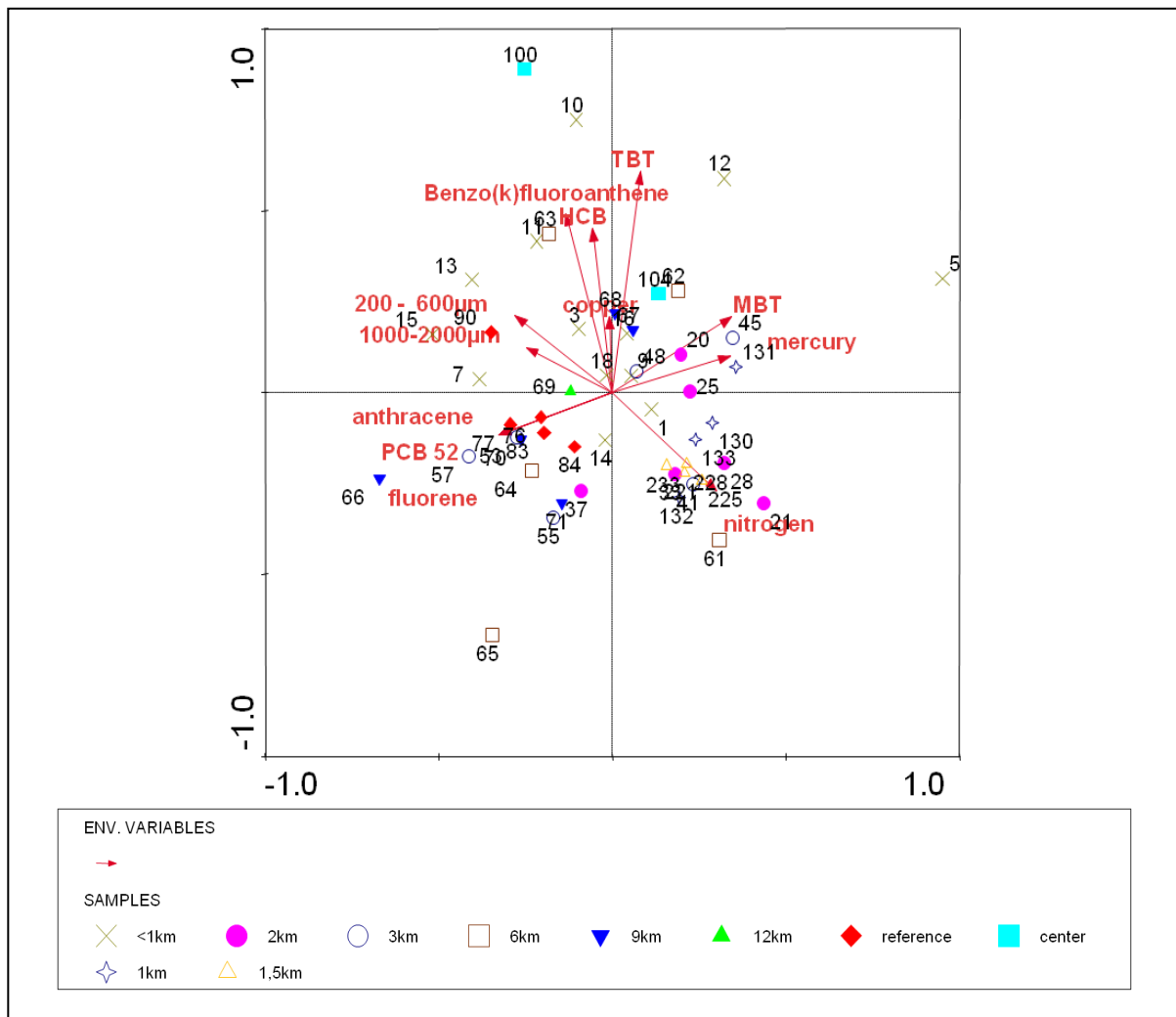


Abbildung 5: Redundanzanalyse der Bakteriengemeinschaftsprofile im Umlagerungsgebiet August 2009.



Die Redundanzanalyse (RDA) in Abbildung 5 zeigt die 10 Parameter, die die Varianzen in der Bakteriengemeinschaft am besten erklären. Die ersten zwei Achsen der Redundanzanalyse erklären etwa 15% der Gesamtvarianz in den Gemeinschaftsdaten. Die erste Achse hat einen Eigenwert von 8,1%, mit ihr korrelieren die Parameter Kupfer, TBT, HCB und benzo(k)fluoranthene. Die zweite Achse hat einen Eigenwert von 6,7%. Die Parameter MBT, Quecksilber, Fluorene, PCB 52 und Anthracene sowie die Korngrößen der Fraktionen 200-600µm und 1000-2000µm korrelieren mit dieser Achse. Einen signifikanten Einfluss auf die Bakteriengemeinschaften nehmen die Korngrößenfraktion 200-600µm, Stickstoffgehalt, TBT, Quecksilber und Fluoren bei einem Signifikanzlevel von $p < 0,05$.

Gemeinschaften aus Proben des Umlagerungszentrums korrelieren mit TBT und benzo-(k)-fluoranthen Daten, ebenso wie jene, die aus dem Bereich der Elbfahne stammen. Innerhalb des 1km Ringes sind Stickstoff, aber auch Quecksilber als Hauptfaktoren zu nennen. Bakteriengemeinschaften des 1,5km Ringes zeigen eine starke Korrelation mit Stickstoffgehalten. Auch die bereits in der nMDS Analyse beobachtete „Spaltung“ der Gemeinschaften aus den Proben des 2km und 3km Ringes (siehe Abb. 3), lässt sich in der Redundanzanalyse verfolgen. Die Population, die ähnlich zu der Gemeinschaft des Referenzgebietes ist, wird von gleichen Parametern beeinflusst. Vornehmlich sind hier Korngrößenverhältnisse in den Sedimenten und Fluoren zu nennen. Die andere Population korreliert mit Stickstoff-, und teilweise auch mit Quecksilberdaten.

Zusammenfassend lässt sich anhand dieser Ergebnisse feststellen, dass im Allgemeinen drei Gemeinschaften in den beprobten Gebieten gefunden wurden.

Die ersten Korrespondenzanalysen zeigen, dass es sich um ein sehr komplexes Gefüge der einzelnen Faktoren handelt (viele Autokorrelationen). Weiterführende Analysen sollen den Einfluss einzelner Faktoren oder Faktorengruppen (z.B. Korngrößenverteilung) präziser herausstellen. Aufgrund dieser ersten Analysen kann festgestellt werden, dass nicht nur Korngrößenverteilungen wie in Abb. 4 dargestellt, sondern auch andere natürliche Faktoren (z.B. Stickstoff) aber auch Schadstoffe (z.B. Quecksilber) die Ausbildung der bakteriellen Gemeinschaften beeinflussen.



I. Monitoring Umlagerungsstelle E3 (Teilprojekt 2)

2010

Die ersten Ergebnisse der Probenahme-Kampagne im April 2010 zeigen im Allgemeinen sehr ähnliche Gemeinschaften (Abb. 6). Mit Ausnahme der Gemeinschaft des Umlagerungszentrums, welche, im paarweisen Vergleich signifikant verschieden ist zu denen des gesamten umliegenden Gebietes. Da auch hier, wie bereits im März (Abb.8), die Menge der Amplifikate geringer war, könnte auch in diesem Fall die kältere Jahreszeit und die damit verbundenen eher reduzierten metabolischen Prozesse eine Erklärung sein. Die zu Anfang des Jahres 2010 stattgefundenene Umlagerung von Sedimenten, die erst Ende Februar beendet wurde führte zu einer Veränderung in der Sedimentstruktur, da erneut sandiges Material eingetragen wurde. Diese Tatsache übt wie erwähnt einen starken Einfluss auf die Ausbildung von Bakteriengemeinschaften.

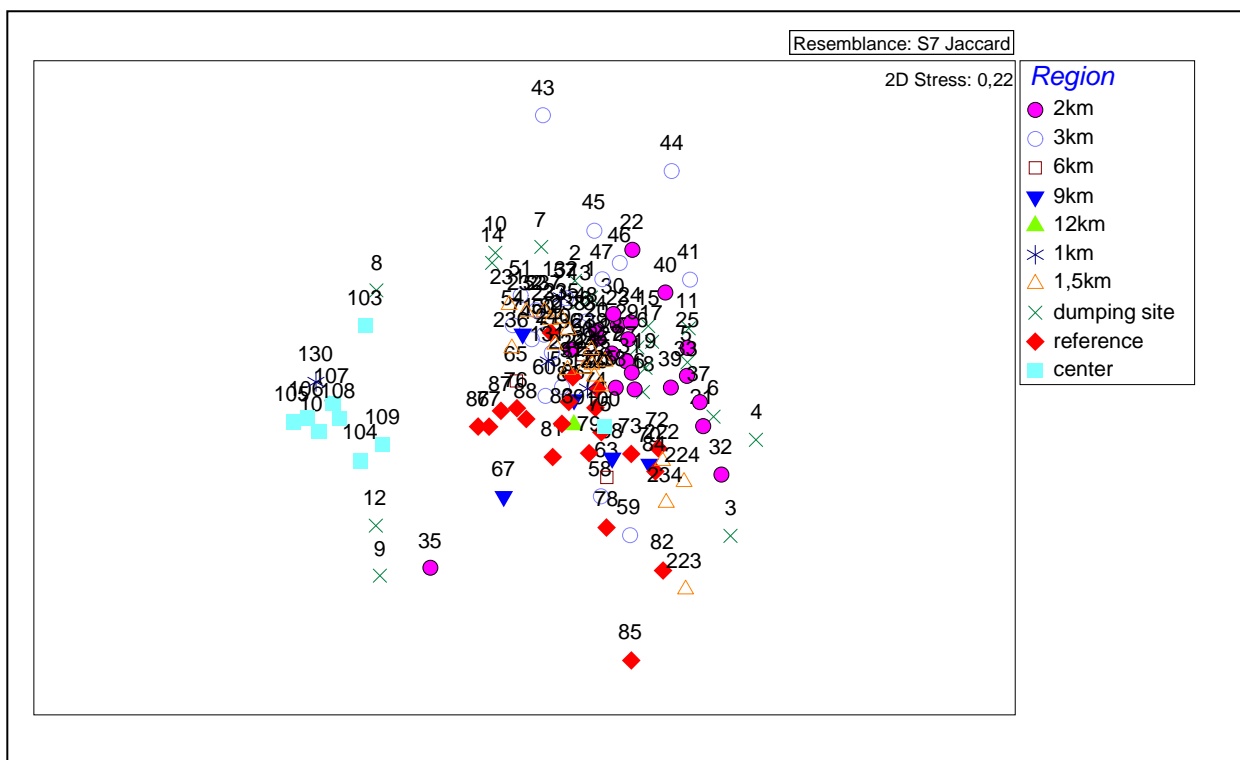


Abbildung 6 nicht metrische Multidimensionale Skalierung der Bakteriengemeinschaftsprofile im Umlagerungsgebiet April 2010



III. Beprobung Elbmündung bei Cuxhaven (Teilprojekt 4)

Die Profile der Bakteriengemeinschaften der Elbmündung weisen eine definitiv andere Struktur auf, als die Gemeinschaften der Umlagerungsstelle (Abb. 7). Allerdings schlug für einige Proben der Amplifikationsprozess fehl. Diese Proben werden vor der nächsten Amplifikation nochmals aufgereinigt. Für 2010 stehen keine Vergleichsproben aus dem Duhner Watt zur Verfügung. Eine detaillierte Analyse wird in 2011 folgen, wenn ebenfalls Material vom Duhner Watt zur Auswertung zur Verfügung steht.

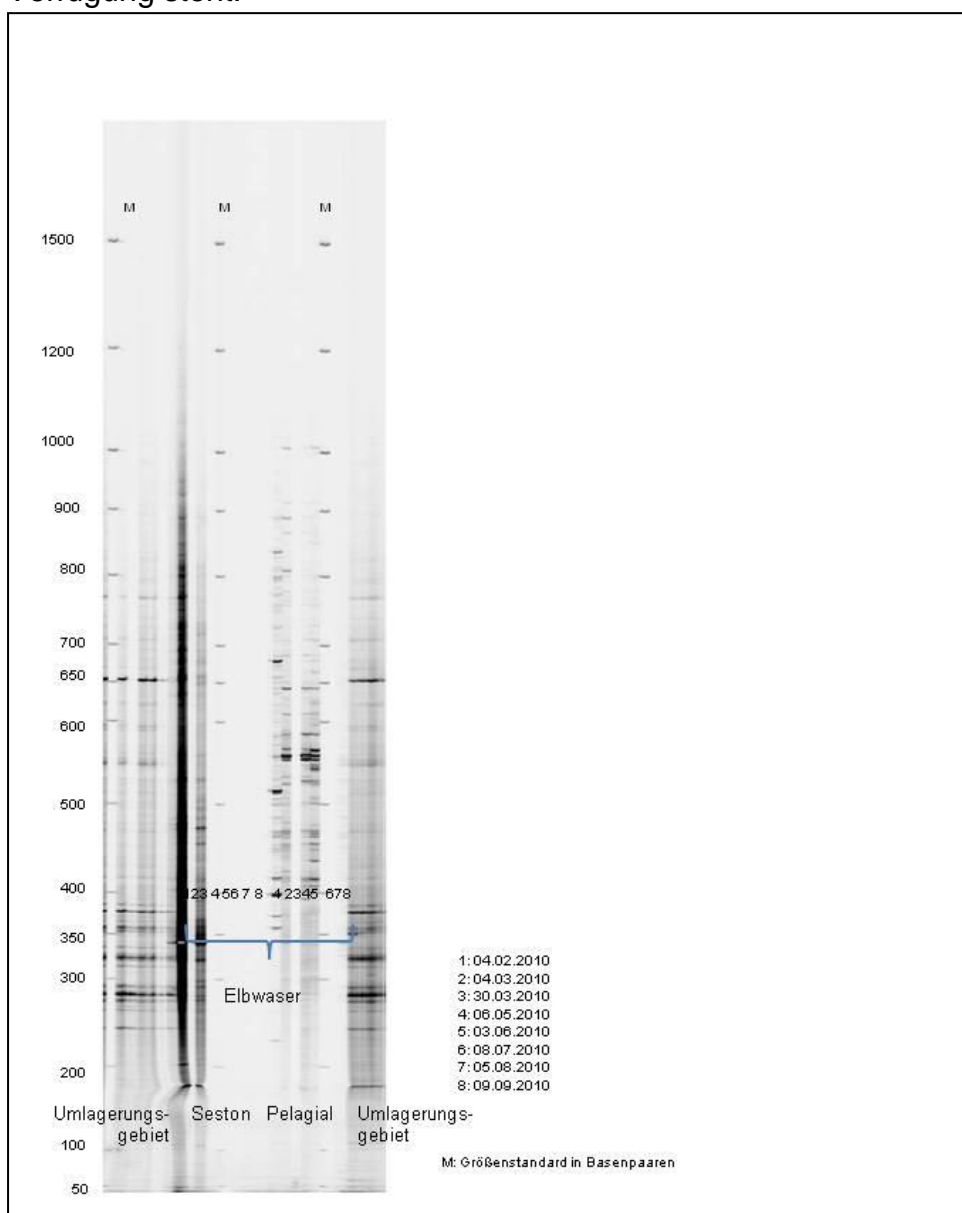


Abbildung 7: Bakteriengemeinschaftsprofil der Elbwassergemeinschaften im Vergleich zu Profilen der Umlagerungsstelle 2010



IV. Zusätzliche Beprobung des Umlagerungsgebietes durch die BAH (Teilprojekt 2)

2010

Abbildung 8 zeigt die nicht metrische Multidimensionale Skalierung der Profile der zusätzlichen Probenahme-Kampagne (siehe Anhang) im März 2010. Paarweise Vergleiche der Gemeinschaftsprofile ergeben keine signifikanten Unterschiede.

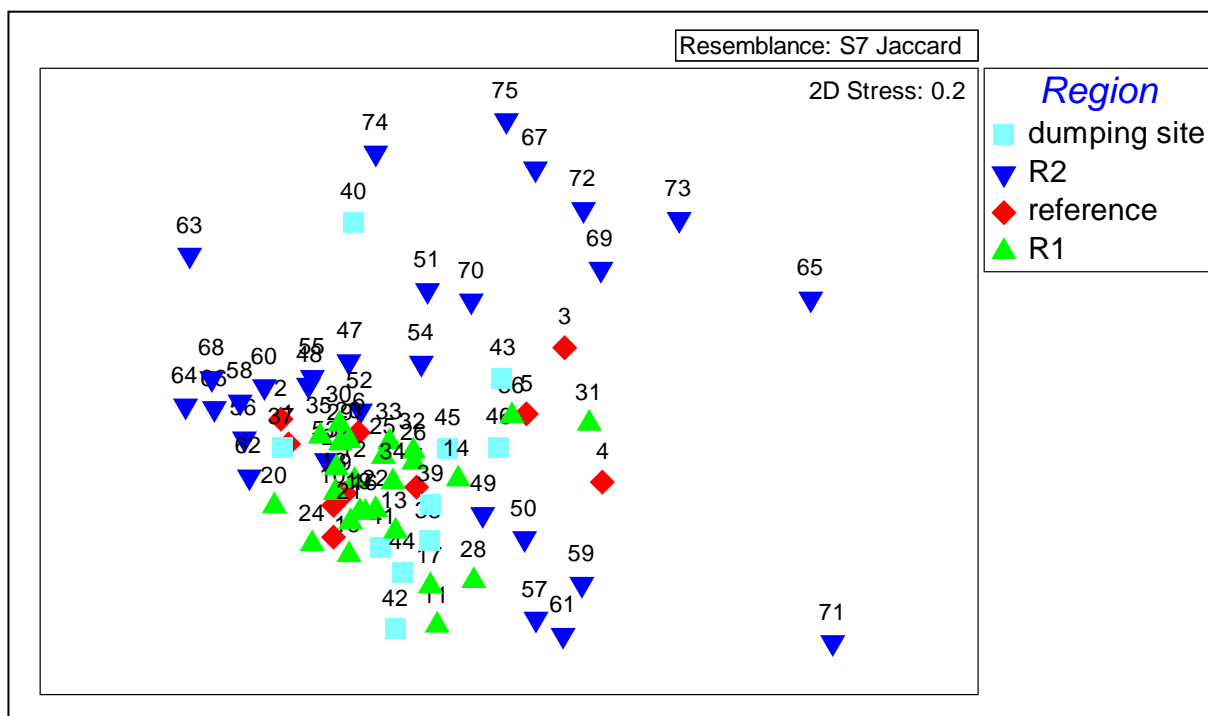


Abbildung 8: nicht metrische Multidimensionale Skalierung der Bakteriengemeinschaftsprofile März 2010.

Bei der Verarbeitung der Proben konnte festgestellt werden, dass für die Erstellung der Profile die sechsfache Menge der PCR-Produkte verwendet werden musste, was bedeutet, dass deutlich weniger Sequenzen und somit potentielle Bakterienarten vorhanden waren. Ein Erklärungsansatz stellt die natürliche jährliche Sukzession dar. Es ist bekannt, dass Bakteriengemeinschaften wie viele andere Organismen, jahreszeitlichen Schwankungen unterworfen sind. Man kann annehmen, dass es eine Winter- und eine Sommerpopulation gibt, was bereits für pelagische Bakterien in der Deutschen Bucht bekannt ist.



Fazit

Die bakteriellen Gemeinschaften im Umlagerungsgebiet stehen unter dem Einfluss der Umlagerung. Korngrößenverteilungen und Stickstoffgehalte der Sedimente sind zu nennen, aber auch die Einwirkung von Schadstoffen wie Quecksilber, TBT, etc. kann nach dieser ersten Analyse nicht ausgeschlossen werden. Die auftretenden Messunsicherheiten, die bei einigen Schadstoffen sehr hoch ist (z.B. 18,5% für Quecksilber) macht eine eindeutige Aussage schwierig. Um definitive Aussagen treffen zu können müssen zusätzliche molekularbiologische und statistische Analysen durchgeführt werden, die für 2011 geplant sind (Ausblick).

Desweiteren folgen die bakteriellen Sedimentgemeinschaften scheinbar jahreszeitlichen Trends. Im Sommer 2009 konnten verschiedene Gemeinschaften im Umlagerungsgebiet festgestellt werden. Im Frühjahr 2010 waren die bakteriellen Gemeinschaften mit Ausnahme der des Umlagerungszentrums eher ähnlich. Die Proben von April 2010 enthielten nach dem Amplifizierungsprozess der DNA deutlich weniger Sequenzen, was auf eine geringere Gesamtzahl der Bakterien hindeuten kann. Auch die im Februar 2010 beendete Umlagerung von Sedimenten hat unter anderem die Korngrößenverteilung des direkten Umlagerungsgebietes verändert und somit sicherlich einen Einfluss auf die Bakteriengemeinschaften. Dieser muss aber durch weitere Analysen genauer untersucht werden. Zum Zeitpunkt der Beprobung im August 2009 lag die letzte Umlagerung bereits ein Jahr zurück. Auch hier müssen die vorliegenden Datensätze eingehender analysiert werden (Ausblick).

Da in 2010 keine Proben aus dem Duhner Watt genommen werden konnten, kann bislang nur festgestellt werden, dass die Struktur der Seston- und Pelagial-Gemeinschaften der Elbe verschieden ist zu denen im Umlagerungsgebiet.



Ausblick

Teilprojekt 1 und 2

2011 werden die Analysen zu den Datensätzen des Monitorings von August 2009 und 2010 (April und August) abgeschlossen. Die Datensätze zu den einzelnen Beprobungen sollen miteinander verglichen werden um ggf. Veränderungen in den benthischen Bakteriengemeinschaften im Umlagerungsgebiet zu ermitteln. Weiterführend werden einzelne „Faktorengruppen“ (z.B. Korngrößen, Schadstoffgruppen) mittels „variance partitioning“ analysiert. Datensätze wie der vorliegende zeichnen sich durch eine immense Komplexität aus. Nicht alle Faktoren spielen eine essentielle Rolle zur Erklärung der im Datensatz auftretenden Varianzen. In einer „variance partitioning“ Analyse werden die Gemeinschaftsprofile auf einen geminderten Datensatz abgebildet werden, wobei die ausgeschlossenen Faktoren als Kovariablen fungieren. Der Einfluss einzelner „Faktorengruppen“ wird besser herausgestellt werden können.

Zusätzlich wird eine geostatistische Analyse der Daten stattfinden um auch den Faktor „Entfernung“ der einzelnen Datenpunkte zueinander zu berücksichtigen und damit verbundene Unterschiede in den Bakteriengemeinschaften näher zu untersuchen.

In 2010 wurden bei den Vertragspartnern HPA, BfG und LLUR weitere 15.000€ zum Zwecke einer hochauflösenden funktionellen Genanalyse der Bakteriengemeinschaften im Umlagerungsgebiet eingeworben. Die Auswahl dieser Proben wird zu Beginn des Jahres stattfinden. Darüber hinaus wird die bakterielle DNA ausgewählter Proben sequenziert werden um genauere Aussagen zu den Bakterienarten an bestimmten Standorten treffen zu können. Die Daten beider Analysen sollen Informationen zu Funktion und Aufbau der Bakteriengemeinschaften liefern. Beide Analysen sollen in 2011 abgeschlossen sein.

Auch im Jahr 2011 werden das Monitoringprogramm von uns begleitet werden.



Teilprojekt 3

Für 2011 ist ein experimenteller Teil zur Untersuchung der Auswirkung des Baggergutes auf die Sedimentgemeinschaften der Deutschen Bucht unter kontrollierten Bedingungen geplant. Hierbei soll der Einfluss aus eingebrachtem Elbsediment und natürlicher Bakteriengemeinschaften dieses Sediments im Vergleich zur Belastung mit Schadstoffen eingehender studiert werden.

Teilprojekt 4

Wie bereits eingangs erwähnt, fand in Duhnen in 2010 keine Beprobung des Schlickmaterials statt. Dies geht auf die Entscheidung beim Treffen am 09.03.2010 zurück (siehe S.9). Da auch für 2011 nicht vorausgesagt werden kann, ob eine neue Schlickauflage zu erwarten ist, wird eine andere Strategie verfolgt werden:

Ab Beginn des Jahres soll die Beprobung des Strandes in Duhnen kohärent zu unseren Wasserproben aus der Elbmündung an ausgewählten Stellen erfolgen. Damit soll ein Vergleich mit den Gemeinschaften aus der Elbmündung und auch zu Proben aus dem Umlagerungsgebiet möglich sein. Zum jetzigen Zeitpunkt kann nur herausgestellt werden, dass es sich bei den Gemeinschaften in der Elbmündung tatsächlich um andere handelt als im Sediment der Umlagerungsstelle.



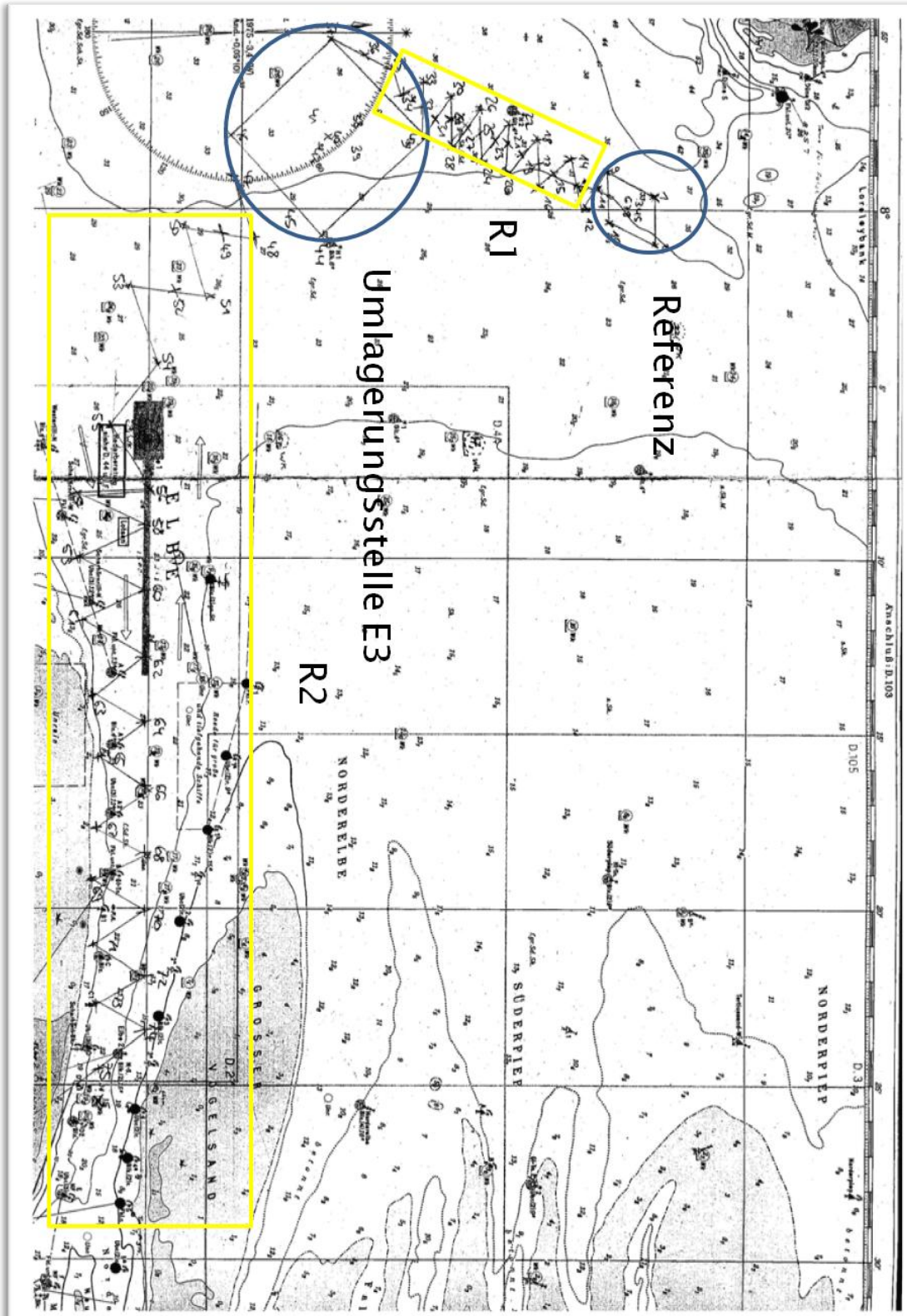
Gesamtübersicht bearbeitete Proben

Kampagne	HPA Kampagne August 2009	BAH Kampagne März 2010	HPA Kampagne April 2010
Anwendung			
DNA Extraktion	390 (2009)*	225	375
DNA Amplifikation	390 (2009)*	75	375
ARISA Profile	390 (2009)*	75	375
CHN Messungen	130	75	125
Kampagne	HPA Kampagne August 2010	Beprobung Elbmündung 2010	
Anwendung			
DNA Extraktion	375	16	
DNA Amplifikation	375	7	
ARISA Profile	256	7	
CHN Messungen			

*) Bearbeitung erfolgte bereits 2009



Übersicht Positionen zusätzliche BAH Kampagne März 2010





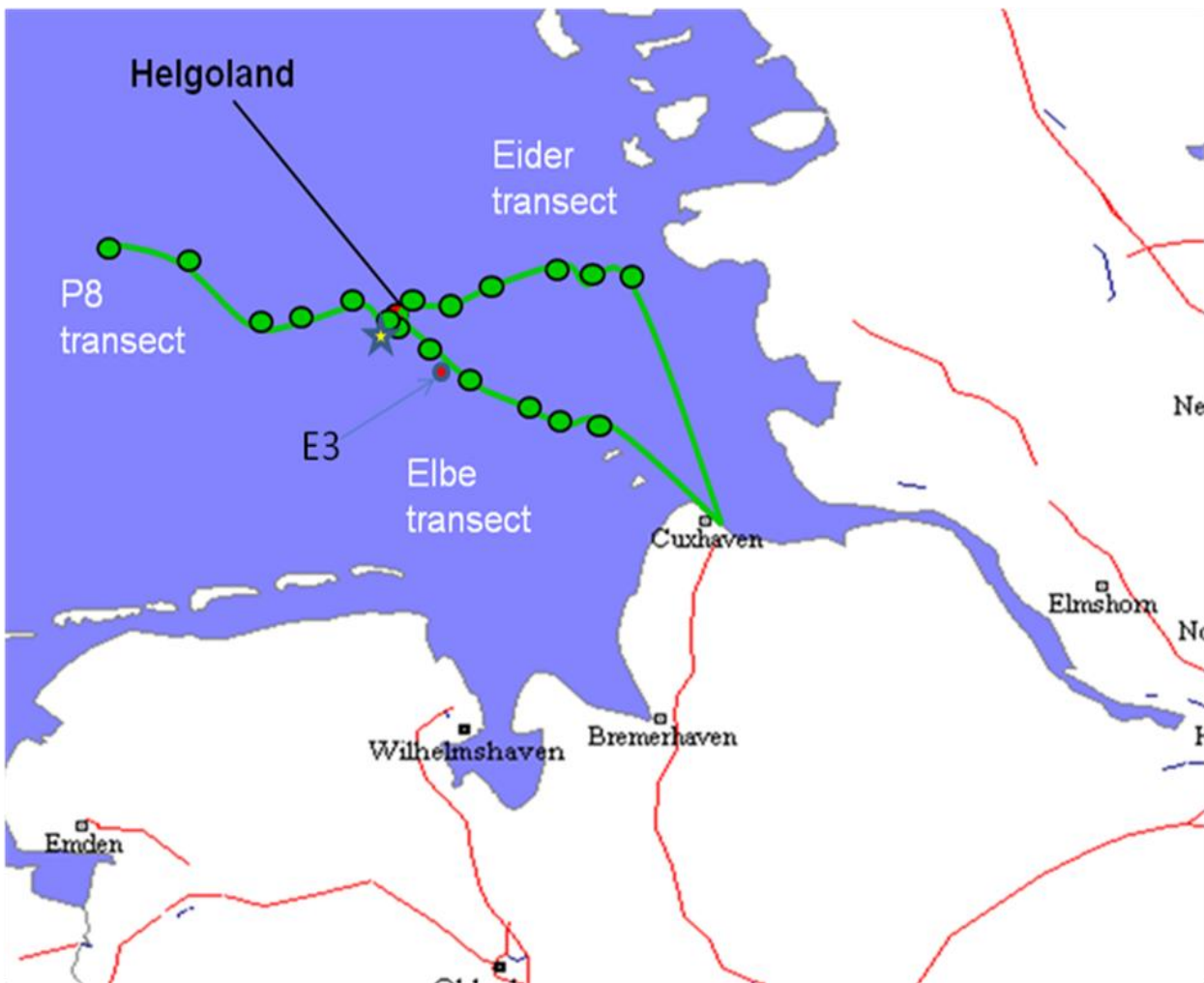
Standort Wasserprobe Elbmündung bei Cuxhaven und Teflontrichter





Übersicht Transekte der BAH Schnitffahrten

★ Stationen P8 I und Elbe I können nicht beprobt werden





Rebecca Störmer*, Antje Wichels*, Gunnar Gerdts*

*Alfred-Wegener Institute for Polar- and Marine Research, Helgoland, Germany



IMPACT OF DREDGED MATERIAL ON BENTHIC BACTERIAL COMMUNITIES IN THE GERMAN BIGHT



Introduction

Bacteria of marine sediments play a crucial role in carbon and nutrient cycles. Their community structure is highly affected by the geochemical composition of the sediments. Biotic and abiotic factors as well as feedback loops influence its structure and function. Environmental changes, as ocean dumping, lead most likely to an altered biogeochemistry and bacterial community. Ocean dumping is a common procedure to prevent sediments accumulation in rivers. The influence of these polluted sediments on the bacterial community of "pristine" coastal sediments is barely investigated. In this study we examined the impact of dumping at "sea mark E3" in the German Bight (North Sea, Germany) via ARISA fingerprints referring to analytical parameters.

Methods

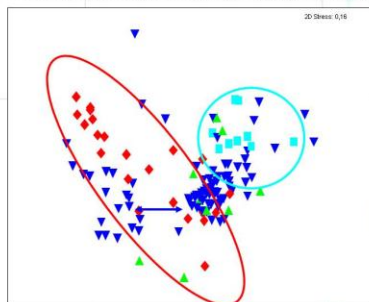


Fig. 1 nMDS Plot showing the bacterial community pattern at the dumping center (●); dumping surrounding (1-3km) (▲); streams (6-12km) (▲) and reference (▲) (Jaccard Index). The cyan circle groups bacterial profiles occurring at the dumping center. The red circle groups profiles at the reference region. The arrow marks the separation of samples at the dumping surrounding.

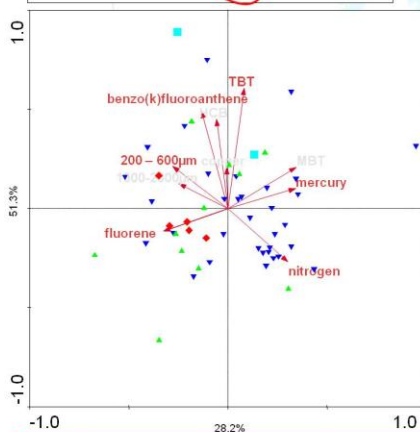


Fig. 2 Biplot showing intersample distances (RDA) of bacterial community fingerprints (ARISA*) using corresponding analytical parameters (BestK:10) (data given from HPA). Arrows pointing to increasing values and correlation. Community of dumping center (●); dumping surrounding(▲); streams (▲); reference (▲). Significant factors are red. Parameters VIF >15 were excluded.

Results

- Significant differences in the bacterial community structure of the dumping center, the reference site and the area in the vicinity of the dumping center were observed (according to nMDS and ANOSIM; Fig. 1)
- The Factors "grain size 200-600 µm", "TBT", "mercury", "nitrogen", "benzo(k)fluoroanthrene" and "fluorene" were determined to have significant conditional effects ($p < 0.05$) in redundancy analysis (RDA) (Fig. 2)
- Several autocorrelations of measured parameters were observed (high VIF) (Fig. 2)
- The dumping center displays the lowest "species" richness of all sampling sites (Fig. 3)

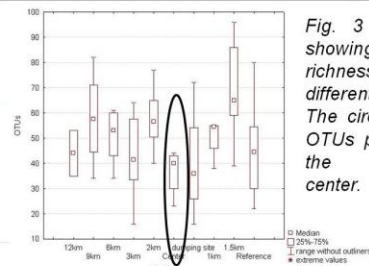


Fig. 3 Boxplots showing OTU richness of the different regions. The circle marks OTUs present at the dumping center.

*Primer according to Rajani L. Bröthner E. Nazari S. 2009a. Sequencing bands of Ribosomal Intergenic Spacer Analysis for Characterization and Microscale Distribution of Soil Bacterium Populations Responding to Mercury Spiking. Appl Environ Microbiol

Outlook

- DETAILED ANALYSES OF BACTERIAL COMMUNITY AT REPRESENTATIVE SITES:
 - COMPOSITION VIA 454 TAG-SEQUENCING
 - KEY FUNCTIONS VIA GEOCHIP APPROACH
 - INVESTIGATING THE INFLUENCE OF BIOTURBATION
 - PERFORMING VARIANCE PARTITIONING OF PARAMETER SETS