



Windpark Culturweg - Barghorn

DNA-Analytik (2019) - Fische und Libellen



Auftraggeber: Diekmann · Mosebach & Partner, Rastede

Auftragnehmer: AquaEcology GmbH & Co. KG, Oldenburg

Dr. Claus-Dieter Dürselen, Uwe Raschka

Januar 2020

Inhalt

1	Einleitung	3
2	Methodik und Ergebnisse der DNA-Analytik.....	4
3	Fazit.....	8

1 Einleitung

Nahe Barghorn im Bereich des Culturwegs ist die Errichtung eines Windparks mit neun Anlagen geplant. Aus dem Maßnahmen- und Konfliktplan geht hervor, dass es Eingriffe in eine Reihe von Gewässerabschnitten (Gräben) durch Verrohrungen und Verfüllungen sowohl im direkten Bereich der Anlagen als auch beim Bau der Versorgungswege geben wird. Um mögliche Auswirkungen auf die Fischfauna abschätzen und Vermeidungsmaßnahmen empfehlen zu können, wurden im Rahmen des Verfahrens bereits Untersuchungen mittels Elektrobefischung durchgeführt (AquaEcology 2019 ¹). Während dieser Beprobungen wurden im hauptsächlich betroffenen und ständig wasserführenden Graben 18.1 keinerlei Fische gefunden.

Um auszuschließen, dass durch die Elektrobefischung auf repräsentativen Strecken sehr geringe Populationsdichten oder im Schlamm lebende Exemplare möglicherweise nicht erfasst wurden, erfolgte eine Woche später eine zusätzliche Entnahme von Wasserproben, die mittels DNA-Analytik untersucht wurden. So können kleinste Organismen-Spuren (Ausscheidungen, Hautschuppen etc.), die sich im Wasser befinden nachgewiesen und den Arten zugeordnet werden.

Da auch einige Libellenarten artenschutzrechtlich relevant sind wurden während dieser Beprobung ebenfalls stichprobenartig Proben im Graben 18.1 zum möglichen Nachweis dieser Organismengruppe genommen. Diese wurden ebenfalls mittels DNA-Analytik untersucht. Die Libellen verbringen meist ein oder mehrere Jahre als Larvenstadium im aquatischen Lebensraum.

¹ AquaEcology (2019): Windpark Culturweg – Barghorn, Untersuchung der Qualitätskomponente Fische. 11 pp.

2 Methodik und Ergebnisse der DNA-Analytik

Die Beprobung möglicher Fischfauna im geplanten Windpark Culturweg-Barghorn mittels DNA-Analytik erfolgte am 10. Oktober 2019. Diese Untersuchung wurde zusätzlich durchgeführt, da bei der Elektrofischerei keine Individuen gefunden werden konnten.

Es wurde das sogenannte eDNA (environmental DNA) Metabarcoding angewendet. Über direkte Ausscheidungen, Verluste über die Körperoberfläche (z.B. Hautschuppen) oder andere Reste sind im aquatischen System immer kleinste Spuren der vorkommenden Arten zu finden. Die darin enthaltene DNA wird mit der angewendeten Methode nachgewiesen und den Arten zugeordnet. Es werden nur Wasserproben (mit den darin enthaltenen Resten) abgefüllt, die Organismen selbst müssen nicht entnommen werden.

Nach der Extraktion der vorhandenen DNA aus der Wasserprobe erfolgte eine Vervielfältigung spezifischer Sequenzen mit der sogenannten Polymerase Chain Reaktion (PCR). Dazu wurde im vorliegenden Fall ein COI-Primer benutzt, der an einen Teil des Gens der Untereinheit I der Cytochrom c Oxidase bindet, das sich auf der mitochondrialen DNA von Metazoen (Vielzeller) befindet. Der in diesem Fall benutzte Primer wurde dazu entwickelt eine möglichst große Bandbreite von Metazoen abzudecken. Diese vervielfältigten Sequenzen wurden anschließend sequenziert, mit Datenbanken abgeglichen und den Arten zugeordnet.

Für den Nachweis wurden im Kanal 18.1 16 Wasserproben mit jeweils 50 ml entnommen, die im Folgenden zu 4 Proben zusammengefasst wurden (Abbildung 1, Tabelle 1). Zusätzlich wurde das sich anschließende Grabensystem stichprobenartig untersucht, um herauszufinden, ob dort Individuen vorkommen, die möglicherweise in den Gräben 18.1 einwandern können. Dazu wurden im Barghorner Zuggraben sieben Wasserproben entnommen und zu zwei Proben vereinigt. Aus dem Barghorner Pumpgraben wurden vier Wasserproben entnommen und zu einer einzigen zusammengefasst. Außerdem wurden an der Oberströmischen Seite östlich und westlich des Dorfweges jeweils drei Wasserproben entnommen, die vereinigt wurden und somit zwei Analysen-Proben ergaben (Abbildung 1, Tabelle 1). Das Zusammenfassen der Wasserproben war möglich, da es sich hier lediglich um einen Positiv- oder Negativ-Nachweis im Gebiet handelt.

Zusätzlich zu den Wasserproben, in denen nach Fisch-DNA gesucht wurde, erfolgte im Graben 18.1 die Entnahme von zwei weiteren Proben zur Untersuchung möglicher Libellen-Vorkommen. In diesem Fall wurde das sogenannte DNA-Metabarcoding angewendet, bei dem Proben der Organismen selbst entnommen werden. Dies war notwendig, da Libellen zu den Arthropoden gehören und diese Organismengruppe bedingt durch den Chitin-Panzer über ihre Oberfläche weniger DNA an ihre Umgebung, in diesem Fall das Wasser, abgeben, als dass ein sicherer Nachweis über die eDNA-Analytik möglich wäre. Deswegen wurde in diesem Fall mit einem Netzzug über dem schlammigen Grund, ähnlich wie für Makrozoobenthos oder Zooplankton, eine Organismenprobe gewonnen, die anschließend mit Ethanol fixiert wurde. Nach Homogenisierung der Probe im Labor erfolgte die weitere Verarbeitung ähnlich, wie bereits oben beschrieben. Hier wurde ebenfalls ein COI-

Primer benutzt, der jedoch im Gegensatz zum oben erwähnten für Metazoen spezifischer für limnisches Makrozoobenthos entwickelt wurde, um bei möglichst allen Tiergruppen dieses Lebensraumes die besten Erfolgsquoten zu erzielen.

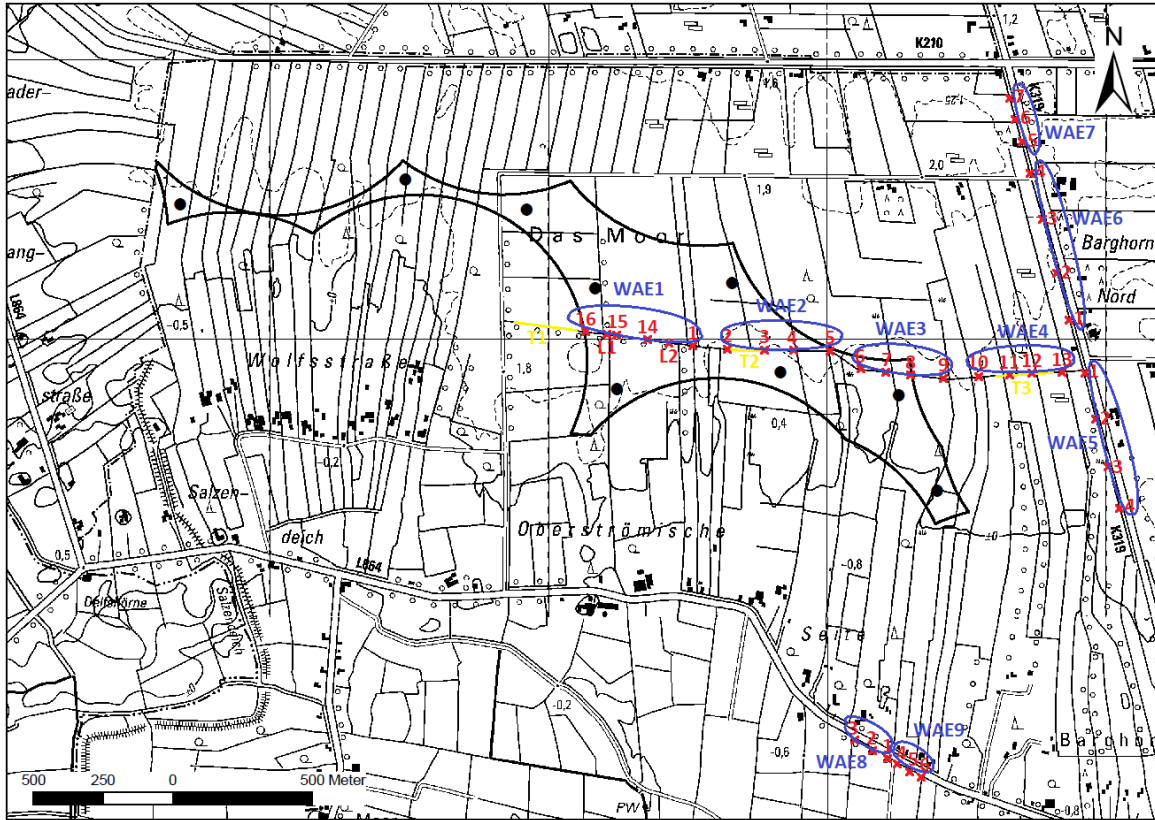


Abbildung 1: Karte des geplanten Windparks Culturweg-Barghorn. Die roten Kreuze markieren die Probenahmepunkte. Die blauen Kreise zeigen an, welche Proben vereinigt wurden. L1 und L2 bezeichnen die Probenstellen für die Libellen-Larven.

Tabelle 1: Probenahmestationen im Gebiet Windpark Culturweg-Barghorn und Probenkürzel nach dem Zusammenfassen der Stationen.

Station	Station	Probenkürzel
Graben 18.1	2	WAE02
	3	
	4	
	5	
	6	WAE03
	7	
	8	
	9	WAE04
	10	
	11	
	12	
	13	WAE01
	14	
	15	
	16	
		1

Station	Station	Probenkürzel
Barghorner Pumpgraben	nach Zufluss Graben 18.1 Nr. 1	WAE05
	nach Zufluss Graben 18.1 Nr. 2	
	nach Zufluss Graben 18.1 Nr. 3	
	nach Zufluss Graben 18.1 Nr. 4	
Barghorner Zuggraben	vor Zufluss Graben 18.1 Nr. 1	WAE06
	vor Zufluss Graben 18.1 Nr. 2	
	vor Zufluss Graben 18.1 Nr. 3	
	vor Zufluss Graben 18.1 Nr. 4	
	vor Zufluss Graben 18.1 Nr. 5	WAE07
	vor Zufluss Graben 18.1 Nr. 6	
	vor Zufluss Graben 18.1 Nr. 7	
Oberströmische Seite	Dorfweg 1	WAE08
	Dorfweg 2	
	Dorfweg 3	
	Dorfweg 4	WAE09
	Dorfweg 5	
	Dorfweg 6	
Graben 18.1	Libellen 1	L1
	Libellen 2	L2

Wie bei der Elektrofischung ergab auch die Untersuchung der eDNA-Proben im Graben 18.1 keinen positiven Nachweis einer Fischart. Gleiches galt hier auch für die im Umfeld untersuchten Gewässerabschnitte des Barghorner Pumpgrabens, des Barghorner Zuggrabens sowie im Bereich der Oberströmischen Seite.

DNA-Reste von Süßwassermuscheln (*Bivalvia*) konnten ebenfalls an allen Beprobungsstellen nicht nachgewiesen werden.

Es sei erwähnt, dass u.a. die DNA von Bisam, Wanderratte und Feldmaus gefunden wurde (Tabelle 2). Individuen des Bisam sowie Feldmäuse wurden während der Beprobung vor Ort beobachtet.

Tabelle 2: Auszug von Taxa, die durch molekularbiologische Untersuchungen mit Hilfe der eDNA-Analytik an den Stationen WAE1-WAE9 gefunden wurden.

Wissenschaftlicher Name	
<i>Ondatra zibethicus</i>	Bisam
<i>Rattus norvegicus</i>	Wanderratte
<i>Microtus arvalis</i>	Feldmaus

Bei der Untersuchung der beiden Netz-Proben aus dem Graben 18.1 konnten keine Überreste von Libellen-DNA gefunden werden. Allerdings wurde DNA von Käfern, wie dem gemeinen Rückenschwimmer und eines anderen Schwimmkäfers gefunden (Tabelle 3). Außerdem kam DNA von Zuckmücken, einer parasitischen Fliege, Wasserasseln und von Ruderfußkrebsen vor. Bemerkenswert ist der mehrfache Fund der DNA der amerikanischen Kirschfruchtfliege, die in Europa als Neobiot

eingordnet ist und in Niedersachsen zum ersten Mal 2008 in der Emsaue nachgewiesen wurde.

Tabelle 3: Auszug von häufigen Taxa aus dem Makrozoobenthos, die durch molekularbiologische Untersuchungen mit Hilfe des DNA-Metabarcoding an den Stationen L1 und L2 gefunden wurden.

Wissenschaftlicher Name	
<i>Notonecta glauca</i>	gemeiner Rückenschwimmer
<i>Chironomus</i> sp.	Zuckmücken
<i>Rhagoletis cingulata</i>	amerikanische Kirschfruchtfliege
<i>Chaetogaster diaphanus</i>	Borstenwurm
<i>Helophorus obscurus</i>	Schwimmkäfer
<i>Eucyclops serrulatus</i>	Cyclopoider Ruderfußkrebs
<i>Asellus aquaticus</i>	Wasserassel
<i>Hydrellia albilabris</i>	parasitische Fliege

3 Fazit

Wie bereits während der repräsentativen Elektrofischung konnten im Graben 18.1 auch mittels DNA-Analytik keinerlei Fische nachgewiesen werden. Der sehr niedrige und damit saure pH-Wert des Gewässers, bedingt durch die unmittelbare Entwässerung der direkt angrenzenden Torfgebiete, verhindert, dass Fische diese Bereiche als Lebensraum nutzen. Dieser pH-Wert liegt außerhalb des Toleranzbereichs der meisten Arten. Auch in den unmittelbar angrenzenden (abfließenden) Gewässern waren keine Spuren von Fisch-DNA zu finden.

Gleiches gilt für Vertreter der Süßwassermuscheln, die ebenfalls mittels DNA-Analytik nicht nachgewiesen werden konnten. Auch bei der stichprobenartigen Kontrolle während der E-Befischung wurden keine Exemplare gefunden.

Auch Libellen-Larven typischer Arten aus dem Lebensraum Moor, die mit extrem niedrigen pH-Werten zurechtkommen können, konnten im Graben 18.1 nicht nachgewiesen werden. Für Arten aus anderen Lebensräumen ist der im untersuchten Gewässer gemessene pH-Wert deutlich zu niedrig.

Der Graben 18.1 ist demnach weder für die Fischfauna noch für Libellen-Larven ein relevanter Lebensraum.