



Ostseeschnäpel aus regionaler Aquakultur

Wie kann Haltungstress aufgedeckt werden?

Der Ostseeschnäpel, auch Steinlachs oder Blau-nase genannt, wurde bereits in den 1920er und 30er Jahren als kulinarische Spezialität Norddeutschlands geschätzt. Die starke Nachfrage besiegelte jedoch sein Schicksal: Bis in die 1950er Jahre gingen die Bestände rapide zurück. Nur umfangreiche Besatzprogramme der letzten Jahre konnten ein Aussterben des Ostseeschnäpels verhindern. Seit fast zehn Jahren entwickeln ausgewählte Fischproduktionsbetriebe in Mecklenburg-Vorpommern erfolgreich ein Konzept für die Zucht des Ostseeschnäpels, um die steigende Nachfrage nach lokalen Fischereiprodukten befriedigen zu können. Forscher des Leibniz-Instituts für Nutztierbiologie (FBN) begleiten das Projekt.

Wie die Regenbogenforelle (*Oncorhynchus mykiss*) und der Atlantische Lachs (*Salmo salar*) zählt der Ostseeschnäpel (*Coregonus maraena*) zu den Lachsfischen. Er kommt aber im Gegensatz zu seinen „Schwesterarten“ nicht überall auf der Welt, sondern nur im Ostseeraum vor. Da der Bestand des Ostseeschnäpels trotz wiederholter Besatzmaßnahmen stark gefährdet ist, wird er auf der Roten Liste bedrohter Tierarten geführt. Ursache für die Bedrohung sind vor allem negative gewässerbauliche Maßnahmen. Hinzu kommt die starke regionale Nachfrage nach dieser schmackhaften Fischart. Einen Ausweg bieten deshalb die Schaffung einer robusten Zuchtlinie des Schnäpels und deren Haltung in der Aquakultur. In einem Pilotversuch nehmen die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler der Abteilung Fisch-

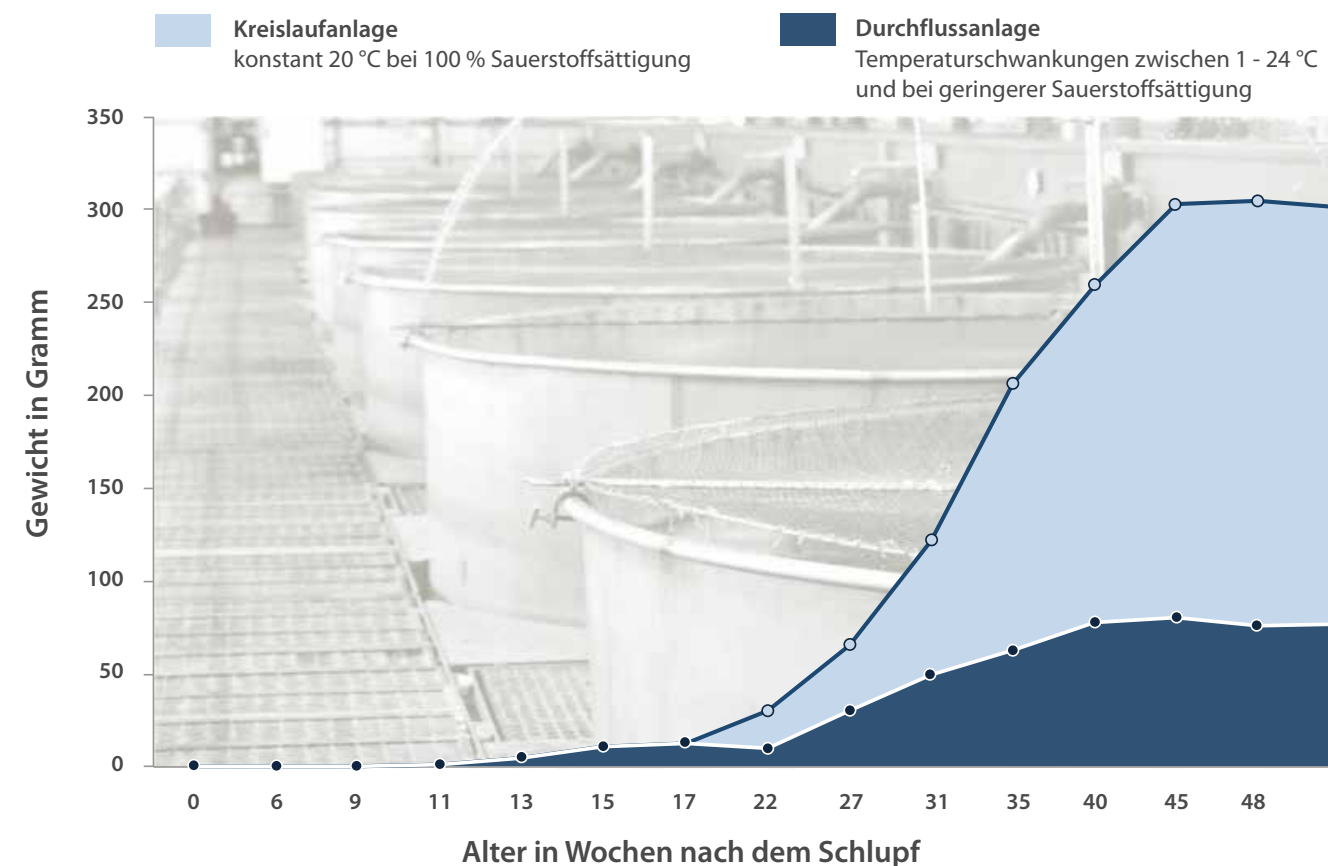


Abbildung 1: Wachstumsleistung von Schnäpeln in den unterschiedlichen Aquakultursystemen; im Hintergrund Durchflussanlage in Born

genetik am FBN in Dummerstorf zusammen mit ihren Kolleginnen und Kollegen der Landesforschungsanstalt Mecklenburg-Vorpommern (LFA-MV) eine erste Einschätzung geeigneter Haltungsbedingungen vor. In einem langfristigen Versuch wurde die Aufzucht von Ostseeschnäpeln in zwei Anlagen miteinander verglichen, indem produktionsrelevante Leistungsparameter der Fische bestimmt wurden. Parallel dazu simulierten die Forscher in mehrwöchigen Versuchen praxisnah Stress durch definierte Temperaturveränderungen oder veränderten Besatz, um dessen Auswirkungen auf molekularer Ebene zu bestimmen. Diese Analysen werden am Ende des Projekts zusammengeführt und liefern wesentliche Hinweise, um das Stressadaptationspotenzial des Schnäpels in Aquakultur bewerten zu können.

Am Standort Born in der Vorpommerschen Boddenlandschaft wurden fast ein Jahr lang Größe und Gewicht von Ostseeschnäpeln gemessen. Sie wurden bei gleichem Futteraufwand in zwei verschiedenen Systemen aufgezogen. Beide Systeme werden mit Brackwasser aus dem Bodden gespeist, es gibt jedoch entscheidende Unterschiede: Eines der Systeme ist eine Kreislaufanlage, in der definierte Wasserparameter vorherrschen; das andere ist eine Durchflussanlage, in der

Temperatur, pH-Wert und Sauerstoffgehalt des Wassers jahreszeitlichen Schwankungen unterliegen. Schnäpel, die in der Durchflussanlage aufgezogen wurden, erreichten zum Ende des Erfassungszeitraums etwa nur zwei Drittel der Länge und sogar nur ein Viertel des Gewichts ihrer Artgenossen aus der Kreislaufanlage (Abb. 1). Diese unterschiedlichen Zuwachseleistungen veranschaulichen, wie entscheidend optimale Haltungsbedingungen für eine ökonomische Produktion sind. Aus den Daten lässt sich ableiten, dass der Ostseeschnäpel empfindlich auf Umweltstress reagiert und viel Energie für dessen Verarbeitung aufwenden muss, was deutliche Wachstumsdefizite nach sich zieht. Bislang gibt es jedoch vergleichsweise wenige tieferegehende Analysen zur Stressphysiologie der Fische und insbesondere der Schnäpel. Beispielsweise fehlen molekulare Analysen zu Kandidatengenen, die bei Stress im Schnäpel aktiviert werden und Einfluss auf ökonomisch relevante Leistungsmerkmale haben. Im Hinblick auf eine wirtschaftliche Zucht von Ostseeschnäpeln könnte der Nachweis dieser Kandidatengene, die nur bei Stress auftreten, ungeeignete Haltungsbedingungen anzeigen und somit dazu beitragen, diese zu verbessern. Darum ist die Identifizierung solcher Gene ein wesentliches Ziel des Projektes.

„Gestresste“ Gene als Frühwarnsystem

Die FBN-Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler haben langjährige molekularbiologische und immunologische Erfahrungen mit Lachsfischen gesammelt. Welche Bedingungen in Aquakultursystemen physiologische Stressreaktionen hervorrufen, war eine zentrale Fragestellung der letzten Jahre (ForschungsReport spezial 2013). Simulierte Belastungssituationen, die typischerweise in der Aquakultur auftreten können, aktivierten charakteristische Gene, die auch als diagnostische „Biomarker“ bezeichnet werden. Sowohl in der Forelle als auch im Ostseeschnäpel wird z. B. bei hohen Wassertemperaturen hauptsächlich eine Reihe von Hitzeschock-Genen aktiviert.

Im Gegensatz dazu sind metabolische Marker wie der Blutzuckerspiegel einfacher zu bestimmen. Zahlreiche Untersuchungen an Nutztierarten und auch am Menschen konnten belegen, dass Stress den Blutzuckerspiegel erhöht. Die verfügbare Konzentration des Zuckermoleküls Glukose im Blutplasma wird aber nicht durch nur ein Gen, sondern durch eine Vielzahl von Genen gesteuert. Auch in Lachsfischen lässt sich unter Stressbedingungen – etwa bei hohen Besatzdichten – eine signifikant erhöhte Glukose-Konzentration im Blut messen. Um die Gene zu identifizieren, die an der Mobilisierung der Glukose im Fisch beteiligt sind, nutzen die Forscher eine als „Transkriptomanalyse“ bezeichnete Technik. Sie basiert auf Biochips, die annähernd alle Gene des Erbguts repräsentieren und ist eine sehr effiziente Methode, um mögliche Indikatorgene zu identifizieren. Während die humane Biomarker-Forschung seit Jahren verlässliche Indikatoren für Krankheiten oder Umweltbelastungen generiert, sind für Fische relativ wenige Biomarker bekannt. Dabei bieten sie die Möglichkeit, schnell und zuverlässig den Zustand eines Individuums abzuschätzen.

Biomarker für Besatzdichtestress

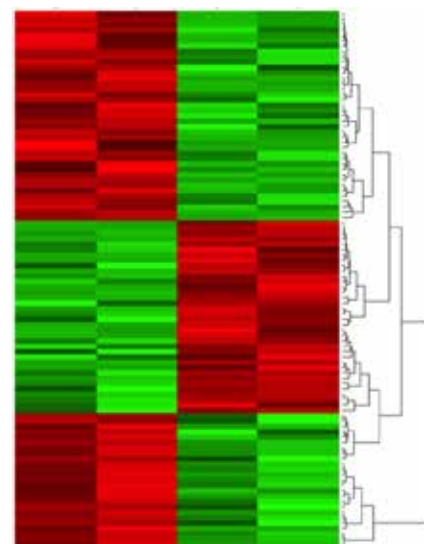
Wie die Forelle ist auch der Schnäpel ein Schwarmfisch. Zu geringe Besatzdichten bedeuten für die Tiere Stress, der sich durch aggressives Verhalten äußert. Zu hohe Besatzdichten ziehen hingegen unter anderem eine sich schnell verschlechternde Wasserqualität nach sich. Basierend auf Erfahrungen aus der Forellenzucht, wurden Ostseeschnäpel in Kreislaufsystemen in moderaten oder hohen Besatzdichten gehalten. Aus den Schnäpeln wurden Gewebeprobe entnommen und einer Transkriptomanalyse unterzogen (Abb. 2). In Fischen aus Aquarien mit hoher Besatzdichte war ein

Stressexperiment



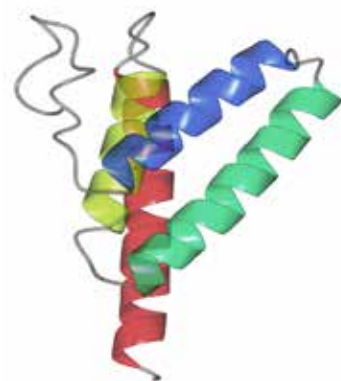
Aus Gewebeprobe gestresster Fische werden Nukleinsäuren isoliert und mit Hilfe eines Biochips untersucht

Transkriptomanalyse



Diese Transkriptomanalyse zeigt auf, welche Gene bei Stress an- (rot) oder ausgeschaltet (grün) werden

Serumamyloid A



Eines dieser angeschalteten Gene ist Serumamyloid A, dessen Struktur Rückschlüsse auf seine Funktion erlaubt

Abbildung 2: Übersicht der Etappen auf dem Weg zu einem potenziellen Biomarker

Gen stark aktiviert, das als Serumamyloid-A-Gen in einer ähnlichen Variante auch im Menschen bekannt ist. Es kodiert für ein Apolipoprotein, eine wichtige Komponente der sogenannten „Akute-Phase-Reaktion“. Diese begleitet primär die frühe Abwehr von Keimen, aber prinzipiell spielt sie dann eine Rolle, wenn physiologische Mechanismen aus dem Gleichgewicht geraten sind. Serumamyloid-A wird dementsprechend als diagnostischer Marker für Leberkarzinome, Lungensklerose, Blinddarmentzündung oder Adipositas in der Humanmedizin geschätzt.

Aufgrund dieser ersten Beobachtungen und der Bedeutung in der Humanmedizin ist Serumamyloid-A ein interessanter Kandidat, um Besatzdichtestress beim Ostseeschnäpel anzuzeigen. Tieferegehende Untersuchungen müssen dies aber erst noch bestätigen.

Eine wesentliche Voraussetzung für die Charakterisierung von potenziellen Biomarker-Genen ist zunächst die Entschlüsselung ihres genetischen Codes. Das Ostseeschnäpel-Erbgut wird aktuell am FBN analysiert. Dafür wurden sowohl Fischlarven als auch verschiedene Gewebe juveniler Schnäpel einem Verfahren unterzogen, das als „next generation sequencing“ (NGS) bezeichnet und im ForschungsReport 2/2014 („Ein Virus wird entdeckt“) detailliert erläutert wurde. Die resultierenden Datensätze enthalten eine Fülle an Informationen, unter anderem über die Baupläne aller Proteine, die im Schnäpel synthetisiert werden. Diese Baupläne unterscheiden sich mehr oder weniger in allen Organismen, auch zwischen Schnäpel, Forelle und Lachs. Die strukturellen Informationen, die die NGS-Technologie zum Serumamyloid-A-Gen des Schnäpels lieferte, wurden auf ein räumliches Modell des resultierenden Proteins übertragen (Abb. 2). Dieses Serumamyloid-A-Modell weist eine überzeugende Ähnlichkeit zu seinem Pendant im Menschen auf und erlaubt Rückschlüsse auf gemeinsame Funktionen. Vielfach haben die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler am FBN ähnliche Strukturdaten genutzt und interessante Gene in einem Zellmodell aktiviert, um Aspekte ihres Funktionsspektrums zu ergründen. Diese Studien auf zellulärer Ebene werden zukünftige Experimente zu Stressbewältigungsstrategien im Schnäpel begleiten und ergänzen, um die Belastbarkeit von Serumamyloid-A und anderen potenziellen Biomarkern im Schnäpel auszuloten. Die vielfältigen Möglichkeiten, die die Molekularbiologie bietet, sollen die Etablierung einer Ostseeschnäpel-Aquakultur beglei-



Abbildung 3: Dr. Alexander Rebl, Mareen Nipkow, PD Dr. Tom Goldammer

ten, um letztendlich einen stabilen, reproduzierbaren Produktionszyklus zu gewährleisten. Das Pilotprojekt bestätigte, dass der Ostseeschnäpel grundsätzlich in Aquakultursystemen gehalten werden kann, auch wenn – abhängig vom Aufbau einer solchen Anlage – signifikante Unterschiede hinsichtlich der Zuwachseleistung bestehen. Die Produktion neuer Besatzfische für die Aufstockung der Wildpopulation ist ein weiterer wichtiger Erfolg des Projekts zur Schnäpelzucht in Mecklenburg-Vorpommern.



LEIBNIZ-INSTITUT
FÜR NUTZTIERBIOLOGIE

Dr. Alexander Rebl¹, Mareen Nipkow¹,
PD Dr. Tom Goldammer¹, Carsten Kühn²

¹Leibniz-Institut für Nutztierbiologie (FBN),

²Landesforschungsanstalt für Landwirtschaft und Fischerei,
Mecklenburg-Vorpommern

E-Mail: rebl@fbn-dummerstorf.de