

Project *brief*

Thünen-Institut für Seefischerei

2026/09

Funktionieren unsere Meeresschutzgebiete als Netzwerk? – Eine interdisziplinäre Bewertung

Anne Sell¹, Kingsly Chuo Beng^{1,2,3}, Silke Laakmann^{2,3}, Alexey Androsov^{1,3}, Anna Akimova¹

- Die europäische Gesetzgebung fordert, dass Meeresschutzgebiete in einem Netzwerk so angelegt werden, dass sich ihre Wirkung gegenseitig verstärkt
- Wir haben eine interdisziplinäre Methode zur Bewertung solch einer funktionellen Vernetzung (Konnektivität) entwickelt und am Beispiel der Europäischen Auster *Ostrea edulis* in der Nordsee getestet
- Durch die Kombination genetischer Präsenznachweise mit biophysikalischer Modellierung wurde deutlich: Austernlarven aus dem Borkum Riffgrund erreichen das Sylter Außenriff nur unter extrem günstigen Windbedingungen

Hintergrund und Zielsetzung

Meeresschutzgebiete (MPAs) sollen eine entscheidende Rolle bei der Erhaltung der biologischen Vielfalt spielen, nicht nur durch den Schutz kritischer Lebensräume, sondern auch indem sie die funktionelle Vernetzung (Konnektivität) von Populationen unterstützen. Bisher gab es für die MPAs in deutschen Gewässern jedoch keine Erfassung und Bewertung einer solchen Netzwerkfunktion für einzelne Arten. In unserem Projekt CREATE haben wir einen interdisziplinären Ansatz entwickelt und am Beispiel der heimischen Europäischen Auster *Ostrea edulis* angewendet, um die funktionale Konnektivität zwischen MPAs der Nordsee zu erfassen und zu quantifizieren. Die Europäische Auster ist eine hiesige Art, die quasi als ausgestorben galt und erst 2020 im MPA „Borkum Riffgrund“ (BRG) wieder künstlich angesiedelt wurde. Im Fokus des Projektes stand die Frage, ob sich diese Auster von dort über ihre planktischen Larven bis in das MPA „Sylter Außenriff“ (SAR) ausbreiten und dort potenziell ein neues Riff etablieren kann.

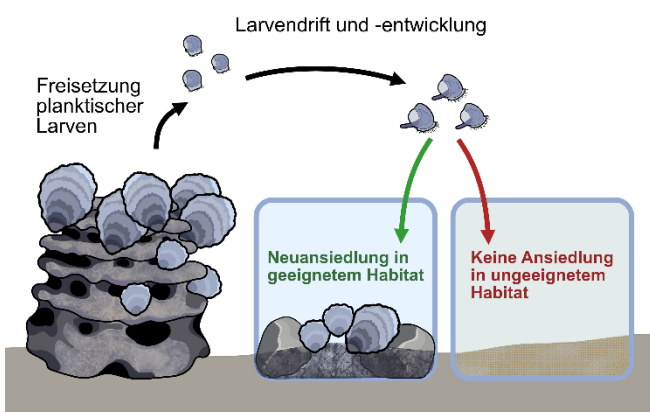


Abbildung 1: Von einem bestehenden Austernriff (hier einer Wiederansiedlung mit künstlicher Unterlage) verbreiten sich die planktischen Larvenstadien. Nur in geeignetem Habitat können sie ein neues Riff bilden (Quelle: Pauline Wagner/Thünen-Institut).

Vorgehensweise

Um die Konnektivität abzuschätzen, die von den restaurierten Riffen der Europäischen Auster ausgeht, sind wir in folgenden Schritten vorgegangen:

1. Auf Forschungsreisen haben wir an strategisch ausgewählten Stationen Umwelt-DNA (eDNA) im Wasser und im Plankton beprobt, um lokale Vorkommen der Auster bzw. ihrer Larven genetisch nachzuweisen.
2. In Laboranalysen am HIFMB konnten wir die Austern und/oder ihre Larven über das sogenannte Metabarcoding auf einem Teil der Stationen genetisch nachweisen.
3. Ein neu entwickeltes artspezifisches biophysikalisches Modell simulierte die Ausbreitungspfade der Larven. Es berücksichtigte Umweltbedingungen und das Schwimmverhalten der Larven und glich die Ergebnisse mit den molekularen Nachweisen ab.
4. Da bisher nur wenig über das Schwimmverhalten der Larven bekannt ist, simulierten wir mögliche Verbreitungswege über alternatives Schwimmverhalten. So konnten wir für einzelne Jahre die Konnektivität zwischen BRG und SAR quantifizieren und kartieren. Dabei wurden die jeweils vorherrschenden Wind- und Strömungsverhältnisse berücksichtigt.
5. Die zusammengefasste Analyse machte die Ausbreitungswege der Austernlarven und die Bedingungen für eine Konnektivität sichtbar. Dadurch ließen sich die aktuellen Wiederherstellungsmaßnahmen im BRG in Hinblick auf die Vernetzung der Schutzgebiete bewerten.

Ergebnisse

Nachweise des Vorkommens der Europäischen Auster *Ostrea edulis* konnten sowohl um das Wiederansiedlungsgebiet im BRG als auch an verschiedenen entfernten Positionen erbracht werden.

Dabei lieferten die beiden Arten von Proben, die auf mehreren Seereisen genommen wurden, unterschiedliche Aussagen: Mit den Wasserproben, die für die eDNA-Analyse genommen wurden, ließen sich Austernvorkommen im Jahr 2022 an vier Stationen bestätigen. Diese Methode gibt einen Hinweis auf die Anwesenheit der Art in der nahen Umgebung der

Probenahme. Das ermittelte genetische Signal erlaubt hier aber keinen Aufschluss darüber, ob es sich um ausgewachsene Austern am Meeresboden oder um ihre Larven handelt, die als Plankton im Freiwasser leben. Letztere sind für die Konnektivität entscheidend, weil nur sie durch Verdriftung die Ausbreitung der Population ermöglichen (Abb. 1). Über die DNA aus den Planktonproben hingegen konnten wir an 18 Stationen spezifisch Larven von *O. edulis* nachweisen. Wir haben ein biophysikalisches Modell für Austernlarven entwickelt, für das wir vom Projektpartner am Alfred-Wegener-Institut bereitgestellte hydrodynamische und Partikeldrift-Modelle mit entscheidenden biologischen Merkmalen von Larven dieser Art kombiniert haben. Dazu zählen die temperaturabhängigen Wachstumsraten, die Dauer des Larvenstadiums sowie eine mögliche Regulierung der Aufenthaltstiefe. Das verwendete Modell simulierte oberflächennahe bzw. tiefengemittelte horizontale Driftgeschwindigkeiten unter Berücksichtigung von Wind, atmosphärischem Druck, Gezeitenkräften und [baroklinen Druckgradienten](#).

Zwei Modellszenarien zeigten die Effekte alternativer vertikaler Verteilungen der Larven auf: Eine Larvendrift an der Wasseroberfläche wurde einer gleichmäßigen Verteilung über alle Tiefenschichten gegenübergestellt. Der Vergleich mit genetischen Nachweisen während der Feldkampagne im Sommer 2022 legt nahe, dass zumindest ein Teil der Larven an der Oberfläche driftet. Würden sich die Larven nur in tieferen oder bodennahen Wasserschichten fortbewegen, ließen sich

hingegen nur die Vorkommen in der unmittelbaren Umgebung der Wiederansiedlungsgebiete erklären.

Die Integration der genetischen Nachweise von Austernlarven mit der biophysikalischen Modellierung ihrer potentiellen Driftwege zeigt, dass die Bedingungen für eine Konnektivität der MPAs in der Nordsee sehr stark schwanken. In Jahren wie 2022 wird die Drift der Larven durch relativ schwache Windgeschwindigkeiten und Winde aus nordwestlichen Richtungen während der relevanten Phase stark eingeschränkt (Abb. 2, rechts oben). In Jahren wie 2023 hingegen sorgen stärkere West- und Südwestwinde für eine weitreichende Ausbreitung in Richtung des SAR (Abb. 2, rechts unten). Solche Bedingungen bieten eine wesentlich größere Wahrscheinlichkeit, eine funktionale Konnektivität der beiden MPAs zu erreichen, als die in 2022. Die als Konnektivitätsindizes berechneten Prozentsätze der modellierten Larven, die das zweite Schutzgebiet (MPA 2) erreichten, stiegen dabei von 3 % auf 22 % (Abb. 2).

Fazit

Die vorliegende Fallstudie demonstriert, wie mithilfe von Konnektivitätsindizes und daraus abgeleiteten Konnektivitätskarten Netzwerkfunktionen zwischen Meeresschutzgebieten quantifiziert und bewertet werden können. Im Nachfolgeprojekt [CREATE II](#) überführen wir diese Ansätze in nutzerfreundliche Werkzeuge. Diese erproben wir mit verschiedenen Akteuren in der Praxis, um sie bestmöglich an den Bedarf der Nutzer anzupassen.

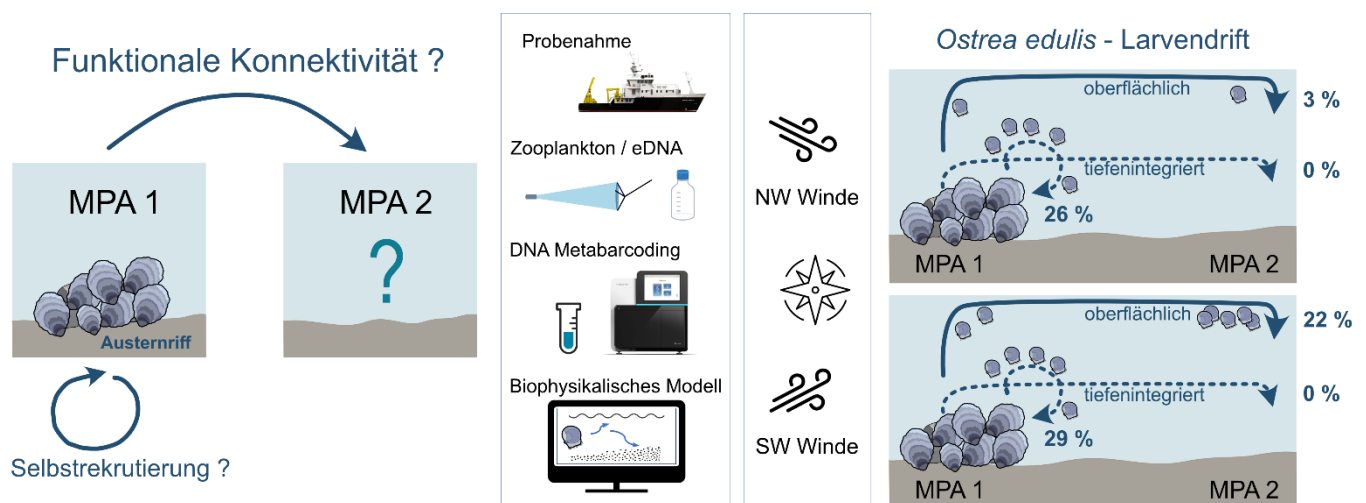


Abbildung 2: Schematische Zusammenfassung der wichtigsten Ergebnisse der CREATE-Konnektivitäts-Bewertung (Quelle: Eigene Darstellung).

Weitere Informationen

Kontakt

¹ Thünen-Institut für Seefischerei

anne.sell@thuenen.de

www.thuenen.de/sf

<https://uol.de/create>

Laufzeit

12.2021-11.2024

Projekt-ID

2485

DOI:10.3220/253-2026-26

Partner

² Helmholtz-Institut für Funktionelle Marine Biodiversität an der Universität Oldenburg (HIFMB)

³ Alfred-Wegener-Institut Helmholtz-Zentrum für Polar- und Meeresforschung (AWI), Bremerhaven

Carl von Ossietzky Universität Oldenburg

Christian-Albrechts-Universität zu Kiel
Universität Rostock

Veröffentlichungen

Beng et al. (2025). Integrating molecular methods and biophysical modelling to assess functional connectivity between marine protected areas. Ecological Applications.
<https://doi.org/10.1002/eap.70150>

Sidorenko et al. (2025). Connectivity and larval drift across marine protected areas in the German Bight, North Sea: Necessity of stepping stones. Journal

of Sea Research.

<https://doi.org/10.1016/j.seares.2025.102563>

Gefördert durch



FKZ: 03F0910M