
DAM Schutz und Nutzen – CREATE

Vorhaben Thünen-Institut Schlussbericht Teil I: Kurzfassung

**„Konzepte zur Reduzierung der Auswirkungen anthropogener Drücke
und Nutzungen auf marine Ökosysteme und die Artenvielfalt“**

Vorhaben:

Bewertung der Konnektivität zwischen Meeresschutzgebieten in der Nordsee

Teilprojektleitung:	Dr. Anne Sell
PIs:	Dr. Anne Sell, Dr. Anna Akimova
Projektmitarbeiter*innen:	Dr. Kingsly Chuo Beng, Dr. Alexey Androsov

Zuwendungsempfänger:	Thünen-Institut für Seefischerei
Förderkennzeichen:	03F0910M
Laufzeit des Vorhabens.	01.12.2021 – 30.11.2024

GEFÖRDERT VOM

Das diesem Bericht zugrundeliegende Vorhaben wurde mit Mitteln des Bundesministeriums für Bildung und Forschung unter dem Förderkennzeichen 03F0910M gefördert. Die Verantwortung für den Inhalt dieser Veröffentlichung liegt bei der Autorin / beim Autor.



**Bundesministerium
für Bildung
und Forschung**

I-1 Aufgabenstellung und wissenschaftlicher Stand, an den angeknüpft wurde

Meeresschutzgebiete (MPA) sollen eine entscheidende Rolle bei der Erhaltung der biologischen Vielfalt spielen, nicht nur durch den Schutz kritischer Lebensräume, sondern auch indem sie die Vernetzung von Populationen unterstützen. Diese Konnektivität zwischen MPAs ist ein Schlüsselfaktor für ihre Wirksamkeit, da sie die Ausbreitung mariner Arten bestimmt, was auch für benthische Organismen mit meroplanktischen Larvenstadien gilt (Cristiani et al., 2024). Bisher gab es für die MPAs in der deutschen AWZ jedoch keine Erfassung und Bewertung der funktionalen Konnektivität für einzelne Arten.

Im Vorhaben „Bewertung der Konnektivität zwischen Meeresschutzgebieten in der Nordsee“ sollte darum eine interdisziplinäre Methodik entwickelt werden, um die funktionale Konnektivität zwischen MPAs aufzuzeigen und zu quantifizieren. Diese galt es, auf die Europäische Auster (*Ostrea edulis*) als Fokusart anzuwenden. Seit 2020 sind im MPA „Borkum Riffgrund“ (BRG) Maßnahmen zur Wiederansiedlung der Auster umgesetzt worden (Pogoda et al., 2020; Pineda-Metz et al., 2023). Ob ausgehend von der dortigen Population jedoch bereits eine funktionale Verbindung zum entfernten MPA „Sylter Außenriff“ (SAR/ SOR) besteht und Austern sich dort neu ansiedeln können, war vor Beginn des Vorhabens unklar. Deshalb sollten Vorkommen der Europäischen Auster bzw. ihrer Larven durch molekulare Nachweismethoden erfasst werden, um anschließend durch Kombination mit biophysikalischer Modellierung die funktionale Konnektivität zwischen den Schutzgebieten zu bewerten.

- Cristiani, J., Rubidge, E.M., Thompson, P.L., Robb, C.K., Hessing-Lewis, M. & O’Connor, M.I. (2024) Quantifying marine larval dispersal to assess MPA network connectivity and inform future national and transboundary planning efforts. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 81: 670–686.
- Pineda-Metz, S. E., Colsoul, B., Niewöhner, M., Hausen, T., Peter, C., & Pogoda, B. (2023) Setting the stones to restore and monitor European flat oyster reefs in the German North Sea. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems* 33(7): 661-677.
- Pogoda, B., Merk, V., Colsoul, B., Hausen, T., Peter, C., Pesch, R., Kramer, M., Jaklin, S., Holler, P., Bartholomä, A., Michaelis, R. & Prinz, K. et al. (2020) Site selection for biogenic reef restoration in offshore environments: The Natura 2000 area Borkum Reef Ground as a case study for native oyster restoration. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems* 30(11): 2163-2179.

I-2 Ablauf des Vorhabens

Das Forschungsvorhaben umfasste folgende wesentliche Schritte:

1. Arbeiten auf See: Umwelt-DNA-Proben und Meroplanktonproben für die molekularen Analysen wurden in den Meeres-Schutzgebieten Borkum Riffgrund und Sylter Außenriff und im dazwischen liegenden Transitgebiet gewonnen. Die Probennahme fand im Sommer während der Hauptausbreitungszeit der Larven statt.
2. Laborarbeiten: Molekularer Nachweis der Europäischen Auster *O. edulis* über Metabarcoding, sowohl als Larvenstadien in Zooplankton-Mischproben als auch über Umwelt-DNA (eDNA) in Wasserproben.
3. Aufbau der biophysikalischen Modellierung und Simulationen der Larvenausbreitung: Entwicklung und Durchführung von Simulationen der Ausbreitung von Austern-Larven unter verschiedenen Umweltbedingungen. Bewertung der Konnektivität zwischen BRG und SOR. Parametrisierung des Larvenverhaltens und der Dauer der pelagischen Larvenphase. Simulation verschiedener Ausbreitungsszenarien, je nach Aufenthaltstiefe der Larven in der Wassersäule. Validierung der Modellergebnisse anhand von ozeanographischen Daten für 2022 und 2023.
4. Datenintegration und Bewertung der Konnektivität: Vergleich von modellierten Ausbreitungsmustern mit molekularen Nachweisen der Austern. Räumliche Analyse der

modellierten Ausbreitungspfade der Larven unter verschiedenen Umweltbedingungen. Statistische Bewertung der zwischenjährlichen Variabilität der Konnektivitätsmuster.

5. Interpretation und Empfehlungen: Aufzeigen effektiver bzw. potentieller Ausbreitungswege der Austern, um die Wirksamkeit der laufenden Wiederherstellungsmaßnahmen in Hinblick auf die Vernetzung der Schutzgebiete zu bewerten.

I-3 Wesentliche Ergebnisse

- Erfolgreiche Probennahme von Planktonproben und Umwelt-DNA (eDNA) Proben auf mehreren Seereisen in 2022 und 2023, sowohl für die Bewertung der Konnektivität, als auch zur Erfassung riffassoziierter Biodiversität.
- Molekulare Nachweise von Austernvorkommen konnten sowohl um das Wiederansiedlungsgebiet herum als auch an verschiedenen entfernten Positionen erbracht werden.
- Erfolgte Modellierung der Driftwege von Austernlarven mithilfe eines biophysikalischen Modells. Dieses baute auf der am AWI durchgeführten hydrodynamischen Modellierung auf (Sidorenko et al. 2025) und ergänzte diese mit den artspezifischen Funktionen der Austern (Fortpflanzungszeiten, Wachstumsraten, Dauer der Larvalphase).
- Berechnung von Konnektivitäts-Indizes und Erstellung von Konnektivitätskarten für die Europäische Auster.
- Es besteht eine starke zwischenjährliche Variabilität der Konnektivität, in Anhängigkeit von den vorherrschenden Windbedingungen. Zudem hängt das Ausmaß der Konnektivität entscheidend davon ab, ob die Larven sich nahe der Wasseroberfläche oder tiefer in der Wassersäule aufhalten. Die Oberflächendrift vergrößerte die Ausbreitungsdistanzen, während die Drift in der Tiefe die Fortbewegung einschränkte.
- Die Ergebnisse sind in Konnektivitätskarten und -indizes zusammengefasst, die als Richtschnur für eine wirksame Restaurierung und umgekehrt die Reduzierung anthropogener Einflüsse dienen sollen. Damit konnte die Frage adressiert werden, ob Austernlarven von einer Wiederansiedlungsfläche im Schutzgebiet BRG auf direktem Wege, also innerhalb einer einzigen Generation, bis in das SOR gelangen können.
- Synthese der Ergebnisse des am Thünen-Institut geleiteten Arbeitspakets zur funktionalen Konnektivität in zwei Publikationen:

(1) 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* 204: 102563.

(2) Beng et al. (in Begutachtung). Integrating molecular methods and biophysical modelling to assess functional connectivity between marine protected areas.

I-4 Zusammenarbeit mit anderen Forschungseinrichtungen

Das Vorhaben des Thünen-Instituts (TI⁽¹⁾) wurde in besonders enger Kooperation mit dem AWI⁽²⁾/HIFMB⁽³⁾ durchgeführt, indem die Stelle des Projektmitarbeiters Kingsly Chuo Beng gemeinsam zwischen HIFMB und TI besetzt wurde und nacheinander anteilig an den beiden Instituten verortet war. Alle größeren Arbeitsschritte wurden in regelmäßigen Besprechungen mit den PI's Laakmann (AWI/HIFMB) und Sell (TI) geplant. Die Entwicklung des biophysikalischen Modells und die Simulationen der Szenarien wurden in engem Austausch zwischen den PIs A. Akimova (TI) und V. Sidorenko (AWI) durchgeführt.

Die Elemente für das am TI geleiteten Arbeitspakets zur Konnektivität (AP2.3) wurden in Präsenz-Workshops und diversen online-Meetings mit allen Kooperationspartnern geplant und ausgetauscht.

1) TI: Thünen-Institut, hier Thünen-Institut für Seefischerei, Bremerhaven

2) AWI: Alfred-Wegener-Institut, Helmholtz-Zentrum für Polar- und Meeresforschung, Bremerhaven

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

DAM Schutz und Nutzen – CREATE

Vorhaben Thünen-Institut Schlussbericht Teil II: Eingehende Darstellung

**„Konzepte zur Reduzierung der Auswirkungen anthropogener Drücke
und Nutzungen auf marine Ökosysteme und die Artenvielfalt“**

Vorhaben:

Bewertung der Konnektivität zwischen Meeresschutzgebieten in der Nordsee

Teilprojektleitung:	Dr. Anne Sell
PIs:	Dr. Anne Sell, Dr. Anna Akimova
Projektmitarbeiter*innen:	Dr. Kingsly Chuo Beng, Dr. Alexey Androsov

Zuwendungsempfänger:	Thünen-Institut für Seefischerei
Förderkennzeichen:	03F0910M
Laufzeit des Vorhabens.	01.12.2021 – 30.11.2024

Das diesem Bericht zugrundeliegende Vorhaben wurde mit Mitteln des Bundesministeriums für Bildung und Forschung unter dem Förderkennzeichen 03F0910M gefördert. Die Verantwortung für den Inhalt dieser Veröffentlichung liegt bei der Autorin / beim Autor.



GEFÖRDERT VOM

**Bundesministerium
für Bildung
und Forschung**

INHALTSVERZEICHNIS

1. Aufzählung der wichtigsten wissenschaftlich-technischen Ergebnisse	2
1.1. Der interdisziplinäre CREATE Ansatz zur Bewertung funktionaler Konnektivität zwischen Meeresschutzgebieten	2
1.1.1. Molekularer Nachweis von Vorkommen der Fokusart: Europäische Auster	2
1.1.2. Biophysikalische Modellierung.....	4
1.1.3. Weiterentwicklung des hydrodynamischen Modells.....	6
1.2. Quantifizierung der funktionalen Konnektivität für die Europäische Auster (<i>Ostrea edulis</i>) – Beitrag Zur Evaluierung der Effizienz mariner Schutzgebiete	7
1.3. Erfassung Riffassoziierter Biodiversität – Beitrag zur Evaluierung der Effizienz mariner Schutzgebiete	9
1.3.1. Probengewinnung auf Forschungsseereisen	9
1.3.2. Auswertung zur erfassung der riffassozierten Biodiversität	10
1.3.3. Stand der Arbeiten und Fortsetzung in CREATE Phase II	11
2. Wichtige Positionen des zahlenmässigen Nachweises	13
2.1 Verwendung der Projektmittel.....	13
2.2 Teilnahme an Seereisen	13
2.3 Teilnahme an Konferenzen (Ausland)	14
2.4 Vorträge, Poster & Workshops	14
3. Notwendigkeit und Angemessenheit der geleisteten Projektarbeiten.....	16
4. Voraussichtlicher Nutzen, insbesondere Verwertbarkeit der Ergebnisse	16
5. Während des Vorhabens bekannt gewordener Fortschritt auf dem Gebiet des Vorhabens bei anderen Stellen	17
6. Erfolgte und geplante Veröffentlichungen.....	17
6.1 Erfolgte Veröffentlichungen.....	17
6.2 Geplante Veröffentlichungen.....	18
6.3 Datenverfügbarkeit	18
Referenzen	19

1. AUZFÄHLUNG DER WICHTIGSTEN WISSENSCHAFTLICH-TECHNISCHEN ERGEBNISSE

Das Ziel des Vorhabens „Synthese von Methoden zur Bewertung der Konnektivität in einem Netzwerk von Schutzgebieten“ bestand in der Ableitung von Empfehlungen für zukünftige Schutz- bzw. Restaurationsmaßnahmen aus einer disziplinübergreifenden Erfassung und Bewertung der funktionalen Vernetzung zwischen Meeresschutzgebieten (MPAs).

Dazu entwickelte das Team des Thünen-Instituts gemeinsam mit Projektpartnern eine interdisziplinäre Herangehensweise, mit der sich die bislang ungelöste Frage adressieren lässt, wie gut die deutschen Meeresschutzgebiete funktional verbunden sind. Die Arbeiten dieses Vorhabens stützten sich auf die Verknüpfung zweier methodischer Ansätze, die in dieser Form noch nicht miteinander verbunden wurden: genetische Vorkommensnachweise einer Zielart, hier der Europäischen Auster (*Ostrea edulis*) und biophysikalische Modellierung, mit der sich Ausbreitungswege der Austerlarven simulieren lassen.

Das methodische Konzept wurde auf die Fallstudie zur Wiederansiedlung der Europäischen Auster in der deutschen Ausschließlichen Wirtschaftszone (AWZ) der Nordsee angewendet. Diese Restaurationsmaßnahmen dort erfolgen nicht nur mit dem Zweck des Wiederaufbaus der Austernpopulation selbst, sondern auch unter der Erwartung, dass sich langfristig eine erhöhte Biodiversität um die Austernriffe einstellt. Um diese mögliche Wirkung zu dokumentieren, wurde die riffassoziierte Artendiversität über Umwelt-DNA (eDNA) und in Zooplanktonmischproben erfasst.

Im Zentrum dieser Studie standen die Natura 2000-Meeresschutzgebiete (MPAs) Borkum Riffgrund (BRG) und Sylter Außenriff (SAR /SOR). Zusätzlich zu diesen MPAs wurde auch die Transitregion - das Gebiet zwischen BRG und SOR - untersucht, um mögliche Wege für den Larventransport zu bewerten. Der Borkum Riffgrund ist eine große Sandbank mit eingestreuten Steinfeldern, welche etwa zur Hälfte im gleichnamigen Schutzgebiet liegt und sich nach Südosten in den Nationalpark „Niedersächsisches Wattenmeer“ sowie nach Osten fortsetzt (BfN 2017). Die primäre Versuchsregion für die Fallstudie lag im Reallabor BRG, weil hier 2020 die ersten Wiederherstellungsmaßnahmen für Austernriffe umgesetzt worden sind. Ausgehend von den dortigen Riffstrukturen wurden Konnektivitätsmatrizen und -karten im Umfeld und insbesondere zum Sylter Außenriff entwickelt, die als Handlungsempfehlung eine Richtschnur für die Reduzierung anthropogener Einflüsse und wirksame Restaurierung liefern sollen.

1.1. DER INTERDISZIPLINÄRE CREATE ANSATZ ZUR BEWERTUNG FUNKTIONALER KONNEKTIVITÄT ZWISCHEN MEERESSCHUTZGEBIETEN

1.1.1. MOLEKULARER NACHWEIS VON VORKOMMEN DER FOKUSART: EUROPÄISCHE AUSTER

In CREATE Phase I fanden in großem Umfang Beprobungen auf See und molekularbiologische Analysen im Labor statt, die der gemeinsam vom Thünen-Institut (PI Dr. Anne Sell) und vom AWI (PI Dr. Silke Laakmann) eingestellte Projektwissenschaftler Dr. Kingsly Chuo Beng durchführte bzw. anleitete. Alle diese Aufgaben wurden in enger Kooperation mit regelmäßigen Absprachen zwischen den Wissenschaftler*innen beider Institute durchgeführt. (Dies betrifft ebenfalls die in den Abschnitten 1.2 und 1.3 dargestellten Arbeiten.)

In CREATE Phase I konnten wir in deutlich höherem Umfang als geplant Proben auf See gewinnen, die nach der molekulargenetischen Analyse sowohl in die Konnektivitätsstudie als auch in die Bewertung riffassoziierter Biodiversität eingeflossen sind, bzw. zusätzlich anteilig in Phase II einfließen (Abb. 1).



Abbildung 1. Feldprobenahme an Bord des Forschungsschiffs *Senckenberg* in der Nordsee. Handhabung der einfachen Pumpen- und Siebkombination zur Gewinnung von Zooplanktonproben. Wasser wird dicht über dem Meeresgrund angesaugt und über eine Metallsieb-kaskade geleitet, um Planktonorganismen zurückzuhalten.

Erst im Sommer, 2024, konnten wir aufgrund der Einsatzplanungen für das Forschungsschiff ‚Heincke‘ die projektspezifische Seereise für CREATE durchführen, die ursprünglich für 2022 vorgesehen war. Damit haben wir zum Ende von Phase I zusätzliche wertvolle Proben gewinnen können, die helfen, unser Projektziel in Phase II zu erreichen. Zuvor hatten wir sowohl in 2022 als auch in 2023 durch Kooperationen an anderen Seereisen teilnehmen können, auf denen wir der für Phase I nötige Beprobung umsetzen und Probenmaterial erhalten konnten, das auf genetische Nachweise des Vorkommens von Austern in Wasserproben (eDNA; alle Lebensstadien) und im Meroplankton (Larvenstadium) untersucht wurde (Abb. 2).

Die Laboraufarbeitung, Sequenzierung und anschließende bioinformatische Auswertung der Proben konnte bereits im ersten Projektjahr den genetischen Nachweis für das Vorkommen und eine erfolgreiche Methode der Gewinnung von Austernlarven im BRG liefern. Dieses wiederum war Voraussetzung für die Bewertung eines potentiellen „Spill-Over“ Effekts aus den Auster-Restaurationsgebieten und für die dazu erforderliche Parametrisierung des biophysikalischen Modells.

Gleichzeitig wurden Proben zu Erfassung der riffassoziierten Biodiversität um die Wiederansiedlungsgebiete gewonnen (vergl. Abschnitt 1.3).

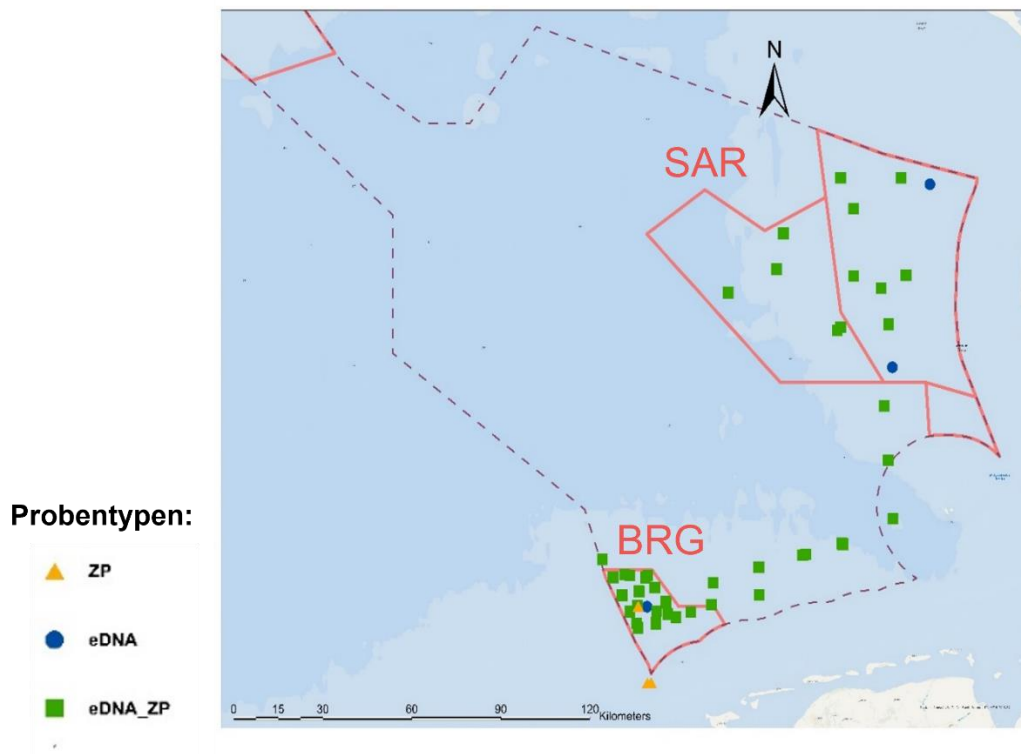


Abbildung 2. Karte der deutschen Ausschließlichen Wirtschaftszone (AWZ) in der Nordsee (gestrichelte Linie) mit den Probenahme-Positionen innerhalb und außerhalb der Natura 2000-Schutzgebiete (rot umrandet). Probenahmestellen: Zooplankton (ZP) - gelbe Dreiecke, eDNA - blaue Punkte, Zooplankton + eDNA (eDNA_ZP) - grüne Quadrate.

Mit der Gewinnung und Analyse von eDNA-Proben und Planktonmischproben, wurden Beiträge zu folgenden Aufgaben fristgemäß geleistet:

Aufgabe 2.1: Bewertung und Erweiterung bestehender Observatorien

Aufgabe 2.3: Integration neuer Methoden zur Evaluierung der Effizienz mariner Schutzgebiete

⇒ **[Meilensteine M_T11 – Ergebnisse Metabarcoding aus Feldbeprobung liegen vor.]**

1.1.2. BIOPHYSIKALISCHE MODELLIERUNG

Biophysikalische Modelle eignen sich, um die Ausbreitung pelagischer Larven von sessilen Organismen oder Fischen zu verstehen, sowie zur Bewertung der Konnektivität zwischen natürlichen und menschengemachten marinen Lebensräumen (Akimova et al., 2019; Mayorga-Adame et al., 2022; Pastor Rollan et al., 2023). Diese Modelle integrieren hydrodynamische Simulationen mit Lagrangescher Partikelverfolgung und physiologischen Modellen, um wichtige biologische Prozesse wie Larventransport, Wachstum und Überleben zu simulieren.

Um ein biophysikalisches Modell für Austernlarven zu entwickeln, haben wir die von unserem Projektpartner AWI bereitgestellten hydrodynamischen und Lagrange-Modelle mit wesentlichen biologischen Merkmalen von Austernlarven kombiniert. Das hydrodynamische Modell, FESOM-C, ist

eine Küstenerweiterung des globalen Meereis-Ozean-Modells FESOM (Androsov et al., 2019; Fofonova et al., 2021). Das angewandte 2D-Modell für die Deutsche Bucht simulierte tiefengemittelte horizontale Geschwindigkeiten unter Berücksichtigung von Wind, atmosphärischem Druck, Gezeitenkräften und tiefengemittelten baroklinen Druckgradienten. Die Oberflächengeschwindigkeiten wurden aus den tiefengemittelten Geschwindigkeiten mit Hilfe eines neuronalen Netzwerks rekonstruiert, das anhand von beobachteten Drifterpfaden an der Oberfläche im Untersuchungsgebiet trainiert wurde (Sidorenko et al., 2025). Die horizontale Auflösung des Modells reicht von 30-100 m in der Gezeitenzone bis zu etwa 1 km in der Nähe der nördlichen Grenze des BRG und bietet damit eine angemessene Auflösung der Gezeitendynamik in diesem komplexen Gebiet. Unter diesen Rahmenbedingungen simulierten wir die Ausbreitung von Austernlarven während zweier Larvalphasen (2022 und 2023) mit einem Lagrange-Partikelmodell, das offline mit FESOM-C gekoppelt ist. Es verwendete einen Drift-Integrationsschritt von 465 s.

Literaturangaben sowie unseren eigenen Beobachtungen zufolge werden die Larven von *O. edulis* in der Nordsee zwischen Mitte Juni und Mitte August von den weiblichen Austern freigesetzt. Daher wurden im Modell vom 15. Juni bis zum 15. August eines jeden Jahres stündlich Lagrange-Partikel freigesetzt, die Austernlarven darstellen: 500 Partikel pro Stunde in der gesamten BRG und zusätzlich 200 Partikel pro Stunde an jedem bekannten *O. edulis*-Wiederherstellungsort. Zu diesen Wiederherstellungsstandorten gehörten ein künstlich angelegtes deutsches Austernriff innerhalb des BRG (BRG-DE; 53,9166 °N, 6,2802 °E) und zwei niederländische Riffe: BRG-NL (53,7017 °N, 6,3490 °E) und Gemini-NL (54,0107 °N, 6,0777 °E).

Die Informationen über biologische Merkmale der Europäischen Auster, wie die Dauer des pelagischen Stadiums und die vertikale Position der Larven in der Wassersäule, wurden in einer Reihe von Workshops mit den Projektpartnern vom AWI und der Universität Rostock gesammelt. Die Dauer der Larvendrift wurde temperaturabhängig berechnet, in Anlehnung an De Mesel et al. (2018) und Stechele et al. (2023b):

$$PLD_{(days)} = 1025.315 * T^{-1.56}$$

wobei PLD die Dauer des pelagischen Larvenstadiums und T (°C) die durchschnittliche tägliche Wassertemperatur in der Deutschen Bucht ist. Die tägliche Wassertemperatur wurde aus der Reanalyse des nordwesteuropäischen Schelfs vom Copernicus Marine Service (<https://doi.org/10.48670/moi-00059>) entnommen und über die Deutsche Bucht (53-56°N und 3-9°E) gemittelt. Wir testeten zwei Szenarien für die Dauer der Larven-Drift: Im „strict PLD“-Szenario ließen sich die Larven sofort nach Beendigung ihres pelagischen Stadiums nieder, wie in Gleichung (1) festgelegt. Beim Szenario der „extended PLD“ berücksichtigten wir ihre Fähigkeit der Austernlarven, ihre Metamorphose bis zu 14 Tage lang hinauszuzögern, während sie auf geeignete Bedingungen für die Ansiedlung warten, wie in Rodriguez-Perez et al. (2021) gezeigt wurde.

Über die vertikale Verteilung von *O. edulis*-Larven in der Wassersäule liegen nur wenige Informationen aus Laborversuchen vor, so dass unklar ist, ob sich die Larven im Feld nahe der Oberfläche aufhalten oder tiefere Wasserschichten besetzen. Um mögliche Wirkung der vertikalen Verteilung der Larven während ihrer Drift aber dennoch zu berücksichtigen, testeten wir zwei Szenarien: eines, bei dem die Strömungsgeschwindigkeiten und die Wassertemperaturen der Oberfläche verwendet wurden, um die Drift der Larven an der Wasseroberfläche zu simulieren („surface drift“), und das andere, bei dem die über die Tiefe gemittelten durchschnittlichen Strömungsgeschwindigkeiten und Wassertemperaturen verwendet wurden, um die gleichmäßige

Verteilung der Larven in der Wassersäule darzustellen („depth-averaged drift“). Durch die Gegenüberstellung der vier Szenarien konnten wir erkennen, wie Variationen der vertikalen Positionierung der Larven und der Driftdauer die Ausbreitungswege und die Konnektivität zwischen den MPAs beeinflussen könnten. Der Vergleich der simulierten Ausbreitungswege von Austernlarven in zwei aufeinanderfolgenden Jahren ermöglichte eine Abschätzung der interannuellen Variabilität in der funktionalen Konnektivität.

1.1.3. WEITERENTWICKLUNG DES HYDRODYNAMISCHEN MODELLS

Die im Vorhaben eingesetzte hydrodynamische Modellierung erfolgte in enger Kooperation zwischen dem Thünen-Institut (PI Dr. Anna Akimova) und dem AWI (PI Dr. Vera Sidorenko), unterstützt durch eine gemeinsam besetzte Projektwissenschaftler-Stelle (Dr. Alexey Androssov).

Modellsimulationen, die mit dem zweidimensionalen Aufbau des FESOM-C-Modells durchgeführt wurden, zeigten einen deutlichen Unterschied in der Ausbreitung der Larven zwischen oberflächen- und tiefengemittelten Szenarien. Dies deutet darauf hin, dass die vertikale Position der Larven in der Wassersäule für den Larventransport sowie für die Vernetzung zwischen den MPAs und den Wiederherstellungsgebieten in der südlichen Nordsee entscheidend ist. Gleichzeitig ist die Aufenthaltstiefe der Austernlarven *in situ* noch nicht erfasst worden. Bei Laborexperimenten mit Larven der Europäischen Auster wurden unterschiedliche Ergebnisse erzielt: Rodriguez-Perez et al. (2020) beobachteten eine Vorliebe für den Aufenthalt in der Nähe des Meeresbodens, während Preston et al. (2020) höhere Konzentrationen von Larven in der Nähe der Oberfläche feststellten. Die Positionierung der Larven innerhalb der Wassersäule kann auch je nach Entwicklungsstadium oder abiotischen Faktoren wie der Wasserschichtung variieren.

Meeresorganismen setzen verschiedene Mechanismen ein, um den Larventransport über große Entfernungen zu erleichtern oder zu begrenzen. Einige Arten produzieren Larven mit neutralem Auftrieb, die passiv der vertikalen Bewegung und Durchmischung des Wassers folgen, während sie vertreiben. Andere Arten setzen Larven frei, die nahe der Oberfläche oder in Bodennähe bleiben. Darüber hinaus zeigen einige Larven tageszeitliche oder gezeitenabhängige vertikale Wanderungen, die ihre Ausbreitungswege erheblich verändern und die Konnektivität der Populationen beeinträchtigen können (Haslob et al., 2009; Romero et al., 2012; Peteiro und Shanks, 2015). Um solche alternativen Szenarien für Austernlarven und andere wichtige Arten in der zweiten Phase des Projekts zu testen, sind vollständig aufgelöste 3D-Simulationen der Strömungsgeschwindigkeiten erforderlich, mit einer hohen horizontalen Auflösung, die mit der des 2D-Modells vergleichbar ist.

In CREATE Phase II soll das bisher verwendete Driftmodell mit einem vollen 3-D-Modell ersetzt werden, das in den letzten Monaten von Phase I entwickelt wurde, um die als entscheidend erkannte vertikale Verteilung von Larven über die Wassersäule realistischer modellieren zu können. Zudem sollen damit in Phase II kleinräumige Strömungsmuster um die Pylone von Offshore Windenergieanlagen abgebildet und ihre Auswirkungen auf Larvendrift untersucht werden.

Im Driftmodell (FESOM-Cdrift) haben wir die Trajektorien passiver Partikel, die mit der Meeresströmung vertrieben werden, in der Lagrangeschen Darstellung verwendet. Von Vorteil ist dabei, dass die Partikelbewegung auf denselben unstrukturierten Gittern berechnet werden, mit denen das hydrodynamische Modul (FESOM-C) arbeitet. Zunächst werden dafür alle notwendigen Informationen über die horizontalen Geschwindigkeiten auf Punkte mit Partikelkoordinaten

interpoliert. Ihre neue Koordinate wird nach der Berechnung des auf das Partikel wirkenden Geschwindigkeitsvektors bestimmt. Danach wird der Prozess in einem neuen Zeitschritt wiederholt.

Da die Partikel nicht nur in horizontaler Richtung, sondern auch in vertikaler Richtung verfolgt werden müssen, wurde nun dem 2D-Modul eine vertikale 3D-Geschwindigkeitskomponente hinzugefügt. Diese Änderung des FESOM-Cdrift-Modells ermöglicht die Schätzung der Bewegung von Tracern in allen drei Richtungen. Diese Version des Modells wird in CREATE II zum Einsatz kommen. Zusätzlich zur Berechnung der 3D-Geschwindigkeit wurde dem Driftmodell eine Dispersionskomponente hinzugefügt. Darüber hinaus ist nun im FESOM-Cdrift-Modul die Fähigkeit zur Rückverfolgung in 2D- und 3D-Versionen integriert.

⇒ **[Meilenstein M_T12 – Ergebnisse aus biophysikalischem Konnektivitätsmodell verfügbar]**

1.2. QUANTIFIZIERUNG DER FUNKTIONALEN KONNEKTIVITÄT FÜR DIE EUROPÄISCHE AUSTER (*OSTREA EDULIS*) – BEITRAG ZUR EVALUIERUNG DER EFFIZIENZ MARINER SCHUTZGEBIETE

Die nachfolgenden Ausführungen im gesamten Abschnitt 1.2 sind Auszüge der in Begutachtung befindlichen Veröffentlichung Beng et al. (in Begutachtung).

Mit dem in CREATE Phase I entwickelten Ansatz ließ sich die funktionale Konnektivität zwischen MPAs in der deutschen AWZ der Nordsee untersuchen. Dabei ging es besonders um die Frage, Spillover-Effekte aus einem Wiederansiedlungsgebiet der Europäischen Auster auftreten, die zu einer Ausbreitung der Population und zu einer Konnektivität mit dem Sylter Außenriff (SAR) führen.

Positive Nachweise von Austern in eDNA-Proben im Wasser an den jeweiligen Stationen zeigen an, dass diese Art in diesen Regionen entweder als Larve, Jungtier oder Erwachsener vorkommt (die einzelnen Lebensstadien können durch eDNA nicht unterschieden werden). Ergänzend konnten wir jedoch durch DNA-Metabarcoding von Meroplankton-Mischproben die pelagischen Larvenstadien von *O. edulis* nachweisen, was die Anwesenheit der Larven in der Renaturierungsregion bestätigte und wichtige Erkenntnisse über ihre larvale Verbreitung lieferte.

Unsere Ergebnisse deuten darauf hin, dass der Verbleib, die Selbstrekrutierung und die Konnektivität zwischen verschiedenen Lebensräumen stark von der vertikalen Positionierung der Larven abhängen. Zusätzlich gab es erhebliche Unterschiede in den Ausbreitungsmustern der Larven zwischen 2022 und 2023.

Der Vergleich zwischen der beobachteten und der modellierten Verteilung der Austernlarven während der Feldkampagne im Sommer 2022 ergab, dass die beobachteten Ausbreitungsmuster besser erklärt werden konnten, wenn angenommen wurde, dass die Larven an der Oberfläche driften. Ein Szenario mit einer über die Wassersäule gemittelten Aufenthaltstiefe der Larven konnte hingegen nur die Vorkommensnachweise in der unmittelbaren Umgebung der bestehenden Wiederansiedlungsgebiete erklären, nicht aber die in der Transitregion oder im entfernten SOR.

Darüber hinaus deuteten unsere Simulationen darauf hin, dass die in BRG beobachteten Larven von mehreren nahegelegenen Renaturierungsstandorten stammen könnten, während die Larven in der Transitregion wahrscheinlich aus dem küstennäheren BRG-NL stammten. Die modellierte Drift konnte jedoch die genetischen Nachweise im SOR nicht erklären. Eine Rückverfolgung der Herkunft

der im SAR beobachteten Larven, wie sie von Sidorenko et al. (2025) durchgeführt wurde, deutet darauf hin, dass sie aus Gebieten in der Deutschen Bucht südlich und südwestlich des SAR und nicht aus der weiter entfernten BRG stammen könnten. Dies führt zu der Hypothese, dass es bereits Neuansiedlungen der Austern zwischen den beiden MPAs geben könnte.

Die biophysikalische Modellierung ergab eine erhebliche interannuelle Variabilität des Larventransports, wobei im Jahr 2022 aufgrund ungünstiger Windbedingungen ein Konnektivitätsindex von 3 % zwischen BRG und SAR auf der Grundlage des Oberflächenszenarios beobachtet wurde, während günstigere Bedingungen im Jahr 2023 22 % Konnektivität zwischen BRG und SAR ermöglichten. In den Jahren 2022 und 2023 gab es unter dem Szenario der tiefengemittelten Drift keine Verbindung zum SAR. Larven, die von an allen drei Wiederherstellungsstandorten in deutschen bzw. niederländischen Gewässern freigesetzt würden, erreichten im tiefengemittelten Driftszenario dem Modell zufolge das SAR weder im Rahmen des strengen noch des erweiterten PLD-Szenarios.

Unsere Ergebnisse zeigten, dass die Drift der Larven im Jahr 2022 durch relativ schwache Windgeschwindigkeiten und nördlichere Windrichtungen während der Larvalphase eingeschränkt wurde (Abb. 3, rechts oben). Im Gegensatz dazu erleichterten im Jahr 2023 stärkere West- und Südwestwinde eine weitreichendere Ausbreitung in Richtung SAR (Abb. 3, rechts unten). Dies führte zu ausgeprägten interannualen Unterschieden in den Konnektivitätsindizes zwischen BRG und SAR. Die Bedingungen im Jahr 2023 boten somit eine wesentlich größere Wahrscheinlichkeit, eine funktionale Konnektivität der beiden MPAs zu erreichen, als die Bedingungen im Jahr 2022 (Abb. 3).

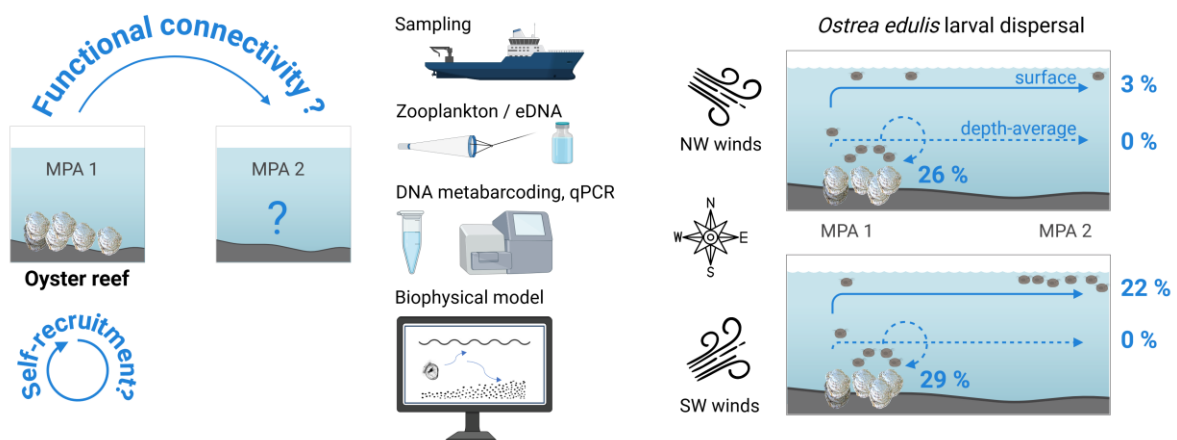


Abbildung 3. Schematische Zusammenfassung der wichtigsten Ergebnisse aus der CREATE-Konnektivitäts-Bewertung (aus Beng et al., in Begutachtung). © Thünen-Institut, Christoph Tebbe/ created with BioRender

Der starke Kontrast zwischen den untersuchten Jahren verdeutlicht die Variabilität der natürlichen Konnektivität und zeigt, dass Erhaltungsstrategien solche Umweltschwankungen bei der Planung der Wiederherstellung von benthischen Organismen mit meroplanktischen Larven berücksichtigen müssen. In Jahren mit hoher Ausbreitung können die Larven zur genetischen Vielfalt und zur Vernetzung zwischen weit entfernten Populationen beitragen und so die Wiederherstellungsbemühungen im weiteren Umfeld unterstützen. Umgekehrt können Larven in

Jahren, in denen die Rekrutierung auf lokaler Ebene dominiert, zur Stärkung und Stabilisierung von Populationen in bestimmten Wiederherstellungsgebieten beitragen und deren Fortbestand sichern.

Mit dieser Studie wurden **Konnektivitätsmatrizen und -karten als Richtschnur für die wirksame Restaurierung erstellt (Handlungsempfehlung)**. Diese lassen sich zur Verstärkung bzw. Ergänzung laufender Wiederherstellungsmaßnahmen für die Europäische Auster in der südlichen Nordsee nutzen.

Aufgabe 2.3: Integration neuer Methoden zur Evaluierung der Effizienz mariner Schutzgebiete

⇒ ***[Meilensteine M_T13 – Konnektivitätsmatrizen/-karten für Schlüsselart verfügbar + M_T14 – Entwurf Manuskript Konnektivität liegt vor.]***

Gemeinsam mit den Projektpartnern der CAU Kiel und des Senckenberg-Instituts wurde die morphologische Beschaffenheit und Variabilität des Meeresbodens berücksichtigt und in die erfolgten und geplanten Veröffentlichungen zur Konnektivität einbezogen.

[= Beitrag zu Aufgabe 2.2: Bewertung und Optimierung von flächenhaften Messprogrammen.]

Das Thünen-Institut hat die Ergebnisse aus AP2 in Stakeholder Workshops eingebracht, um die entwickelte Methodik zur Erfassung der funktionalen Konnektivität zwischen Schutzgebieten vorzustellen. Dabei wurde die Synthese aus Aufgabe 2.3 vorgestellt, mit der aus den erzeugten Konnektivitätskarten und -matrizen Handlungsempfehlungen für zukünftige Wiederansiedlungsmaßnahmen der Europäischen Auster abzuleiten sind. Gleichzeitig wurden Wege aufgezeigt, wie der Arbeitsansatz auf andere Anwendungsfälle und andere Zielarten übertragen werden kann. Dies soll in CREATE Phase II exemplarisch umgesetzt werden.

[= Beitrag zu Aufgaben 1.3 Co-Produktion von effektivem Management und dazu passenden Governance-Strukturen, sowie 1.4 Co-Evaluierung, Intervention und Dissemination.]

1.3. ERFASSUNG RIFFASSOZIIERTER BIODIVERSITÄT – BEITRAG ZUR EVALUIERUNG DER EFFIZIENZ MARINER SCHUTZGEBIETE

Die Erfassung der riffassozierten Biodiversität war eingebettet in ein größeres Beprobungsschema, das sowohl die Wiederansiedlungsgebiete der Europäischen Auster umfasste, als auch die Suche nach möglichen neuen Vorkommen der Art im entfernten Meeresschutzgebiet ‚Sylter Außenriff‘ (SAR/ SOR), bzw. in der Transitregion dazwischen (siehe Abb. 2). Die gesamte Beprobung fand in enger Abstimmung mit den Projektpartnern statt und diente dabei gleichzeitig dem Ziel der **Entwicklung einer integrierten Monitoringstrategie (Aufgabe 2.1)**.

1.3.1. PROBENGEWINNUNG AUF FORSCHUNGSSEEREISEN

Meroplankton- und Umwelt-DNA-Proben (eDNA) wurden in Meeresschutzgebieten (MPA) und in dazwischen liegenden Regionen („Transit“) während neun Forschungsfahrten in den Jahren 2022-2024 gewonnen (Tabelle 1). Die Zooplanktonproben wurden mit zwei verschiedenen Methoden gesammelt: mit einem Baby-Bongo-Netz und einem Pumpsystem. Insgesamt 126 Zooplanktonproben wurden mit dem Baby-Bongo-Netz in Schräghols gewonnen. Dabei wurde das Netz, ausgestattet mit einem 22 kg schweren Scherfuß, bis zu einer Tiefe von 1 m über dem Meeresboden ausgebracht und

mit kontrollierter Geschwindigkeit eingeholt. Die gesammelten Organismen wurden gesiebt und für spätere Analysen in Ethanol fixiert. Zusätzlich wurden 158 Zooplanktonproben mit Hilfe eines Pumpensystems gesammelt, das eine gezielte Probenahme in unmittelbarer Nähe der deutschen Wiederansiedlungsfläche für die Europäische Auster im BRG sowie an anderen ausgewählten Positionen ermöglichte. Der Einlass des beschwerten Schlauches, der an die Pumpe gekoppelt war, wurde in ca. 1 m Abstand über dem Meeresboden eingesetzt, um jeweils 200 l Meerwasser zu gewinnen und das Plankton durch eine Siebkaskade anzureichern, bevor es ebenfalls in Ethanol fixiert und bis zur Analyse gelagert wurde (vergl. Abb. 1).

Für die eDNA-Probenahme wurde das Meerwasser in jeweils zwei Tiefen pro Station mit einer CTD-Rosette und Niskin-Wasserschöpfern gesammelt: Je sechs Flaschen bodennah (5 m über Grund) und oberflächennah (in 5 m Wassertiefe) geschlossen. An Deck wurden die Proben jeder Tiefe vereint, um je 10 l Meerwasser aus den beiden Tiefenhorizonten in einer kontrollierten Laborumgebung möglichst kontaminationsfrei zu filtern. Die Filter wurden bis zur weiteren Verarbeitung bei -20 °C gelagert. Soweit möglich, wurden sowohl eDNA- als auch Meroplanktonproben parallel an denselben Stationen gesammelt.

1.3.2. AUSWERTUNG ZUR ERFASSUNG DER RIFFASSOZIIERTEN BIODIVERSITÄT

Vor der DNA-Extraktion wurden die mit dem Netz gesammelten Meroplanktonproben in Anlehnung an Ohnesorge et al. (2023) in zwei gleiche Portionen aufgeteilt, wobei eine Hälfte für das Metabarcoding verwendet wurde und die andere für eine mögliche morphologische Identifizierung der Planktonorganismen aufbewahrt wurde. Die Proben wurden mit einem Motoda-Planktonsplitter geteilt, der zwischen den Anwendungen für die einzelnen Proben sterilisiert wurde, um Kontaminationen zu vermeiden. Die DNA wurde sowohl aus den eDNA- als auch aus den Meroplanktonproben mit DNeasy Blood and Tissue Kits nach einem modifizierten Protokoll extrahiert. Insgesamt wurde die DNA aus 192 Zooplanktonproben (inklusive Duplikate; 75 Stationen für 2022, 21 Stationen für 2023) und aus 802 Filtern (Triplikate von 105 Stationen je zwei Tiefen für 2022 und 21 Stationen je 2 Tiefen für 2023) für eDNA-Proben extrahiert und bereits sequenziert, was 994 DNA-Proben ergab.

Die Vorbereitung der Sequenzbibliothek und die Sequenzierung erfolgten nach Ohnesorge et al. (2023) unter Verwendung universeller Primer, die auf eine 313 bp große Region des mitochondrialen COI-Gens abzielten. Die Sequenzierung wurde mit einem Illumina MiSeq durchgeführt, wobei jeder Lauf 90 biologische Proben und sechs Negativkontrollen umfasste. Die Rohsequenzdaten wurden im Europäischen Nukleotidarchiv (ENA) unter der Zugangsnummer PRJEB81252 hinterlegt.

Für die bioinformatische Analyse wurden die Rohsequenzen mit dem DADA2-Paket in R (Callahan et al., 2016; R Core Team, 2023) verarbeitet, wobei die Primerentfernung durch Cutadapt (Martin, 2011) erfolgte. Es wurde eine Qualitätsfilterung vorgenommen, und die taxonomische Zuordnung der Amplikon-Sequenzvarianten (ASVs) erfolgte sowohl mit der COI-MetaZooGene-Datenbank (Bucklin et al., 2021) als auch mit NCBI GenBank über Blast (Camacho et al., 2009). Potenzielle Verunreinigungen wurden mit dem R-Paket decontam (Davis et al., 2018) bewertet, um die Qualität und Zuverlässigkeit der Daten sicherzustellen.

1.3.3. STAND DER ARBEITEN UND FORTSETZUNG IN CREATE PHASE II

Im Rahmen der laufenden Bewertungen der biologischen Vielfalt wurden von 2022 bis 2024 auf mehreren Forschungsreisen insgesamt 1.203 eDNA-Proben gesammelt. Davon wurden 802 Proben bereits sequenziert. Alle Proben, die 2022 während der Ausfahrten HE601 (195), HE602 (174), WH457 (213) und HE604 (80) gesammelt wurden, sind bereits sequenziert. Im Jahr 2023 wurden zusätzliche Proben während SEN2318 (89) und SEN2319 (51) entnommen, die ebenfalls bereits sequenziert wurden. Die Sequenzierung weitere Proben aus 2024 von HE642 (63) und HE643 (338) steht noch aus.

Parallel dazu wurden 284 Zooplanktonproben gesammelt, von denen 192 erfolgreich sequenziert wurden. Im Zooplankton war die Zahl der nachgewiesenen Arten höher als in den eDNA-Proben, und neben den dort vertretenen Tierstämmen traten hier zusätzlich Nematoden auf (Abb. 5). Für das Jahr 2022 waren dies Proben aus HE601 (66), WH457 (60) und Krebs Helios (24). Im Jahr 2023 wurden zusätzliche Proben im Rahmen von SEN2318 (28) und SEN2319 (14) entnommen und inzwischen ebenfalls sequenziert. 2024 wurden im Rahmen von HE643 92 Proben gewonnen, deren Sequenzierung noch nicht abgeschlossen ist.

In den eDNA-Proben konnten durch die bisherigen Sequenzierungen 111 Arten aus 12 Phyla identifiziert werden. Zu den dominierenden Stämmen gehören Arthropoda (25,2 %), Mollusca (22,5 %), Annelida (14,4 %) und Cnidaria (13,5 %) (Abb. 4). Für weitere bereits sequenzierte 610 eDNA-Proben werden derzeit bioinformatische Analysen durchgeführt, um die Identifizierung der Arten und die Bewertung der Zusammensetzung der Gemeinschaft zu erweitern.

eDNA_COI

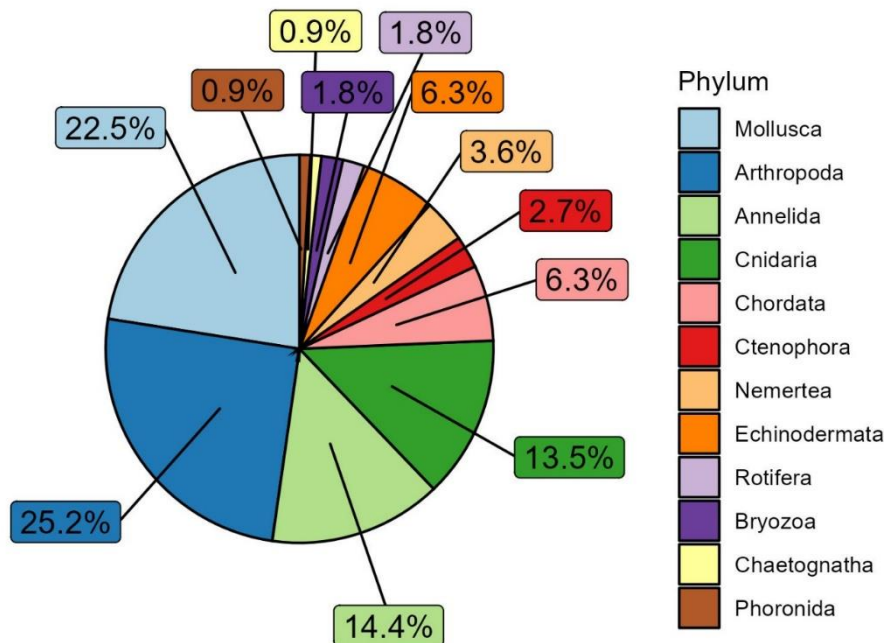


Abbildung 4. Proportionale Darstellung der Metazoenstämme, die durch Metabarcoding von Umwelt-DNA (eDNA) unter Verwendung des COI-Markers identifiziert wurden. Jedes Segment stellt

den relativen Anteil der Arten dar, die einem bestimmten Stamm zugeordnet sind, wobei die Farben der Legende auf der rechten Seite entsprechen.

Insgesamt ließ sich auf der Grundlage des COI-Metabarcoding eine erheblich höhere Artenvielfalt in den Zooplanktonproben nachweisen als in eDNA Proben. Die Sequenzierung von Zooplanktonproben ergab 218 Arten, stammend aus 13 Phyla (Abb. 5). Hier werden für zusätzliche 92 Zooplanktonproben derzeit bioinformatische Analysen durchgeführt. Zu den vorherrschenden Phyla in den Zooplanktonproben zählen ebenfalls Arthropoda (30,7 %), Mollusca (17,9 %), Annelida (13,3 %) und Cnidaria (12,8 %).

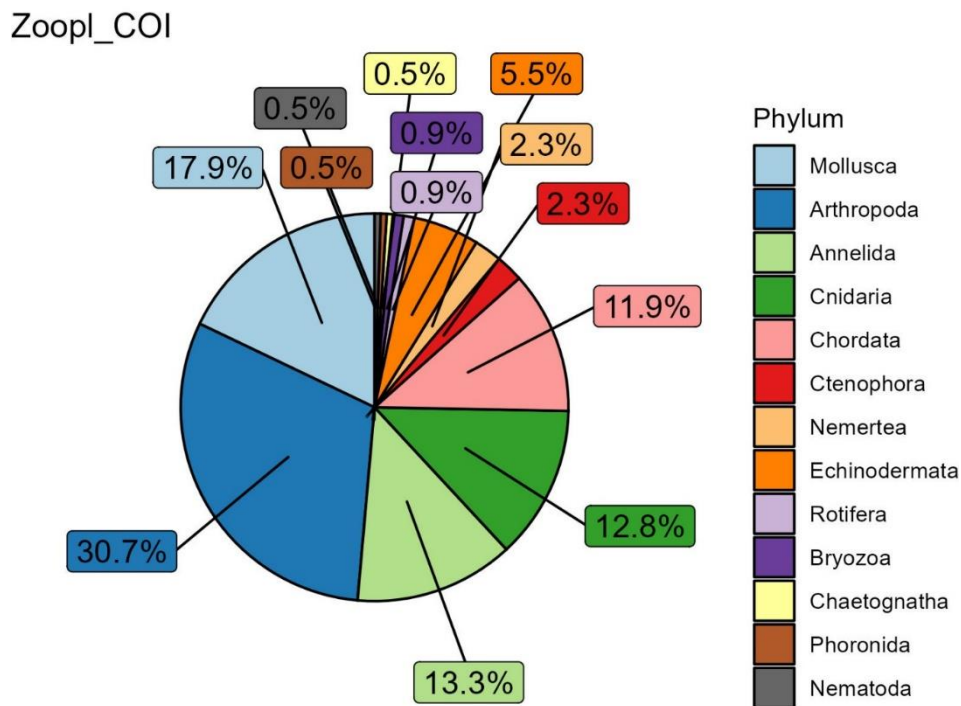


Abbildung 5. Proportionale Darstellung der metazoischen Stämme, die durch Metabarcoding von Zooplanktonproben mit Hilfe des COI-Markers identifiziert wurden. Jedes Segment stellt den relativen Anteil der Arten dar, die einem bestimmten Stamm zugeordnet sind, wobei die Farben der Legende auf der rechten Seite entsprechen.

Das Spektrum der nachgewiesenen Arten in den Zooplanktonmischproben überlappte zwischen den beiden Meeresschutzgebieten BRG und SAR, aber es gab auch Unterschiede, indem 44 Arten ausschließlich in Proben aus dem BRG vorkamen und 41 Arten nur im SAR (Abb. 6).

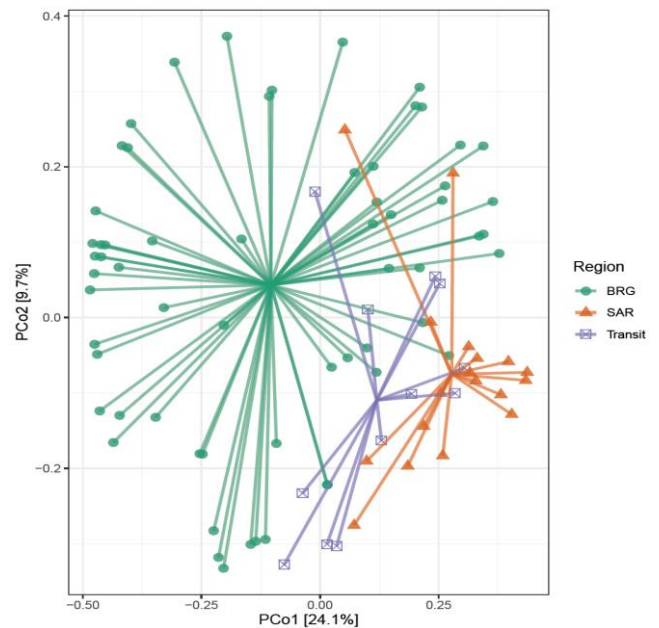
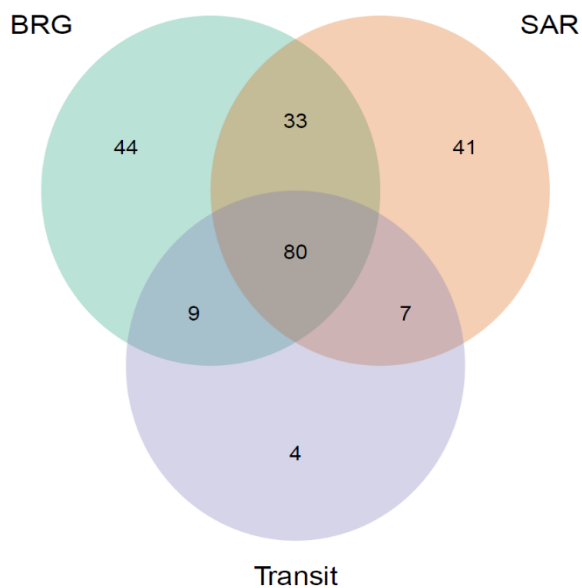


Abbildung 6. Venn Diagramm der Artnachweise (links) und Artenzusammensetzungen (rechts) in den Meeresschutzgebieten ‚Borkum Riffgrund‘ (BRG) und ‚Sylter Außenriff (SAR), sowie in der dazwischen liegenden Transitregion. Darstellung basiert auf Metabarcoding der COIs Gens und repräsentiert die Kombination aller Zooplankton-Proben von 2022 und 2023.

Beitrag zu Aufgabe 2.1 Bewertung und Erweiterung bestehender Observatorien

⇒ **[Meilenstein M_T11 – Ergebnisse Metabarcoding aus Feldbeprobung liegen vor]**

2. WICHTIGE POSITIONEN DES ZAHLENMÄSSIGEN NACHWEISES

2.1 VERWENDUNG DER PROJEKTMITTEL

Die wichtigsten Positionen aus den Bereichen Personal, Auslandsreisen und Verbrauchsmittel wurden der Bewilligung entsprechend verwendet. Leichte Anpassungen durch Verschiebungen zwischen den Posten erfolgten am Ende der Projektlaufzeit gemäß Antrag beim Projektträger. Die Details des zahlenmäßigen Nachweises (Finanzen) werden durch die Drittmittelverwaltung des Thünen-Instituts übermittelt.

Abschnitte 2.2 bis 2.4 fassen wichtige Komponenten im zahlenmäßigen Nachweis zusammen.

2.2 TEILNAHME AN SEEREISEN

Der Projektmitarbeiter des Thünen-Instituts nahm an diversen Seereisen teil, um Probenmaterial für die Biodiversitätsanalysen und für die Konnektivitätsstudie zu gewinnen.

Das Thünen-Institut trug dabei durch die Bereitstellung von Schiffszeit und Ausrüstung zum Erreichen der Verbund-Meilensteine bei, indem die Seereise WH457 gemeinsam mit den Wissenschaftlern des DAM Projekts MGF Nordsee plante und besetzte. (**=> Ziele 2.3.1 und 2.3.3 des Verbunds.**)

Tabelle 1: Übersicht über die während der gesamten Phase I von CREATE durchgeführten schiffsbasierten Beprobungen in den Reallaboren BRG, SAR und im Transitgebiet. Alle für die

molekulargenetischen Analysen gewonnen Proben sind gelistet. Die Kürzel (AWI) bzw. (TI) geben an, ob die Probenahme während der Phase der Anstellung des Projektmitarbeiters am AWI bzw. am TI stattfand. Ungeachtet davon fanden alle diese Arbeiten in enger Abstimmung zwischen den beiden Institutionen mit den PIs Dr. Silke Laakmann (AWI) und Dr. Anne Sell (TI) statt.

	Reisedauer	Teilnehmende	Probengewinnung
RV 'Heincke' cruise HE601 (AWI)	14.06.– 21.06.2022	Dr. Kingsly Chuo Beng Nora T. Bendig	eDNA (195 Proben) Zooplankton (66 Proben)
RV 'Heincke' Cruise HE602 (AWI)	23.06.– 10.07.2022	Clara Deleau	eDNA (174 Proben)
MS Krebs Helios (AWI)	28.06.– 05.07.2022	Dr. Santiago E. A. Pineda- Metz	Zooplankton (24 Proben)
FRV 'Walther Herwig' Cruise WH457 (AWI)	30.06.- 10.07.2022	Dr. Kingsly Chuo Beng	eDNA (213 Proben) Zooplankton (60 Proben)
RV 'Heincke' Cruise HE604 (AWI)	19.07.- 04.08.2022	Lisann Bierbaum	eDNA (80 Proben)
RV 'Senckenberg' Cruise SEN2318 (TI)	19.06.- 23.06.2023	Dr. Kingsly Chuo Beng	eDNA (89 Proben) Zooplankton (28 Proben)
RV 'Senckenberg' Cruise SEN2319 (TI)	27.06.- 30.06.2023	Dr. Kingsly Chuo Beng	eDNA (51 Proben) Zooplankton (14 Proben)
RV 'Heincke' Cruise HE642 (TI)	30.05.- 14.06.2024	Michelle Gwinner Victoria Eckerle	eDNA (63 Proben)
RV 'Heincke' Cruise HE643 (TI)	18.06.- 07.07.2024	Dr. Kingsly Chuo Beng Victor Escalon Marianna Gennaraki Francesco Vitelli	eDNA (338 Proben) Zooplankton (92 Proben)

2.3 TEILNAHME AN KONFERENZEN (AUSLAND)

ICES Annual Science Conference 2023, Bilbao, Spanien. Kingsly C. Beng, 6 Reisetage (10.-15.09.2023).

2.4 VORTRÄGE, POSTER & WORKSHOPS

Im Folgenden ist eine Auswahl der wichtigsten Präsentationen, Poster und Workshops dargestellt.

Vortrag – Internationale Konferenz

Integration of new methods for evaluating marine protected area connectivity, K. C. Beng, A. Sell, V. Fofonova, S. Rubinetti, A. Akimova, K. Klemm, S. Brand, D. C. Noetzel, S. Horn, B. Pogoda, L. Shama, M. Wegner, S. E. A. Pineda-Metz, I. Sokolova, J. L. B. Gimenez, A. Wrede, S. Laakmann. ICES Annual Science Conference 2023 11–14 September 2023 Bilbao, Spain.

Using meroplankton larvae to evaluate the connectivity of marine protected areas, Kingsly C. Beng, Silke Laakmann, Vera Sidorenko, Sara Rubinetti, Anna Akimova, Santiago E. A. Pineda-Metz, Bernadette Pogoda, Sarah C. Brand, Mathias Wegner, Lisa Shama, Anne F. Sell. ICES Annual Science Conference, 9–12 September 2024, Gateshead, UK.

sustainMare Ringvorlesung 2023

Online-Vorlesung „*Biodiversität in Meeresschutzgebieten*“, Silke Laakmann, Kingsly Chuo Beng & Anne Sell, 12.07.2023, Universität Hamburg.

Poster

A glimpse into non-invasive molecular monitoring of marine protected areas, K. C. Beng, K. Klemm, S. Taudien, A. Ohnesorge, J. Beermann, A. Sell, L. Gutow, M. Gusky & S. Laakmann. POF Symposium (Helmholtz Programme Symposium), Kiel, 16.06.2022

Standardization of eDNA bioarchiving & analysis to monitor marine biodiversity, K. Klemm, K. C. Beng, R. Amann, A. Heins, J. Beermann, L. Gutow, A. Sell, S. Laakmann. Helmholtz Institute for Functional Marine Biodiversity at the University of Oldenburg (HIFMB) Symposium, Oldenburg, 27-28.06.2023.

Exploring the Hidden Realm: Spatiotemporal dynamics of Zooplankton Biodiversity in North Sea Marine Protected Areas, K. C. Beng, A. Sell & S. Laakmann. Helmholtz Institute for Functional Marine Biodiversity at the University of Oldenburg (HIFMB) Symposium, Oldenburg, 27-28.06.2023.

Exploring the Hidden Realm: Spatiotemporal dynamics of Zooplankton Biodiversity in North Sea Marine Protected Areas. Kingsly C. Beng, Anne Sell, Silke Laakmann. SustainMare Mid Term Conference, 30.08 – 01.09.2023, Kiel Germany

What's inside the bottle? Marine metazoan biodiversity in and between North Sea MPAs (Talk), K. C. Beng, A. Ohnesorge, K. Klemm, S. Laakmann. CREATE WP2.1, 2.3 Meeting, Bremen, 19-20.09.2023

Exploring biodiversity refugia: patterns of meroplankton biodiversity in the vicinity of restored oyster reefs, Kingsly C. Beng, Kerstin Klemm, Anne F. Sell, Santiago E. A. Pineda Metz, Bernadette Pogoda, Silke Laakmann. SustainMare Meeting and Conference, 24-25.09.2024, Hamburg Germany

Ausrichtung Workshop, international

Konzeption und Ausrichtung des Workshops "Larval Transport and Habitat Connectivity" K.C. Beng & A. Sell. Teilnehmer: CREATE Partner und geladene Experten, Thünen-Institut für Seefischerei, Bremerhaven, 29.2.-1.3. 2024.

Workshops, national

Extension of observatories through eDNA bioarchiving and analysis (Talk), K. Klemm; K. C. Beng; A. Sell; S. Laakmann. CREATE WP2.1, 2.3 Meeting, Sylt, 8-9.03.2023

Integration of new methods for evaluating connectivity and efficiency of marine protected areas (Oral presentation on first steps), Kingsly C. Beng, Anne F. Sell, Vera Fofonova, Sara Rubinetti, Anna Akimova, Kerstin Klemm, Sarah Brand, Dominique C. Noetzel, Sabine Horn, Bernadette Pogoda, Lisa Shama, Mathias Wegner, Santiago E A Pineda-Metz, Inna Sokolova, Jose Luis Benjamin Gimenez, Alexa Wrede, Silke Laakmann. Thünen Institute of Sea Fisheries Symposium, Bremerhaven, 14.11.2023

Key Findings and Next Steps from Two SustainMare Projects (Oral presentation), Anna Akimova, Kingsly C. Beng, Dario Fiorentino, Ismael Nunez Riboni, Anne Sell. Thünen Institute of Sea Fisheries Symposium, Bremerhaven, 19.11.2024

Integration of new methods for evaluating connectivity and efficiency of marine protected areas (Oral presentation on the status of CREATE WP 2.3), A. Sell, A. Akimova, A. Androsov, K. C. Beng, S. Brand, S. Horn, K. Klemm, S. Laakmann, D. Noetzel, S. Pineda Metz, B. Pogoda, S. Rhode, P. Schupp, L. Shama, A. Singer, V. Fofonova, I. Sokolova, M. Wegner, J. Wollschläger. CREATE Status Meeting, Oldenburg, 5.-6.6.2024

3. NOTWENDIGKEIT UND ANGEMESSENHEIT DER GELEISTETEN PROJEKTARBEITEN

Die Projektarbeiten entsprachen dem Arbeitsplan und gingen an einigen Stellen sogar darüber hinaus. So konnten durch externe Kooperationen neben der im Projektantrag vorgesehenen CREATE Seereise insgesamt acht weitere Seereisen begleitet werden, um Proben für die molekulargenetischen Analysen von Umwelt-DNA und von Zooplanktonmischproben zu gewinnen.

Die wichtigsten Positionen aus den Bereichen Personal, Verbrauchsmittel und Auslandsreisen wurden der Bewilligung entsprechend verwendet. Leichte Anpassungen waren nötig, um eine Stellenbesetzung mit einem alternativen Kandidaten zu ermöglichen und um eine andere als die ursprünglich geplante Auslandskonferenz zu besuchen. Aufgrund der Möglichkeit, auf zusätzlichen Seereisen mehr Proben als die ursprünglich geplante Anzahl und damit auch Ausgangsmaterial für CREATE Phase II zu gewinnen, wurde zum Ende der ersten Förderphase ein Umwidmungsantrag gestellt. Hierdurch konnten Restmittel aus anderen Posten für Verbrauchsmittels zur molekulargenetischen Aufarbeitung des erweiterten Probenbestands eingesetzt werden.

4. VORAUSSICHTLICHER NUTZEN, INSBESONDERE VERWERTBARKEIT DER ERGEBNISSE

Das Vorhaben „Bewertung der Konnektivität zwischen Meeresschutzgebieten in der Nordsee“ innerhalb des Verbundprojekts CREATE hat die folgenden Ergebnisse und Verwertungsmöglichkeiten erzielt:

- Entwicklung und Bereitstellung eines ganzheitlichen Ansatzes zur Bewertung der Konnektivität von Schutzgebieten (Kombination aus Zooplanktonbeprobung, eDNA-Analysen und biophysikalischer Modellierung), der für die Anwendung auf eine größere Bandbreite bedrohter oder ökologisch wichtiger benthischer Arten in der Nordsee geeignet ist. (Erreicht => Anwendung in CREATE Phase II mit Transfer von Handlungswissen)
- Demonstration des Potentials digitaler Information aus Hochdurchsatzanalysen zur Biodiversität in Form genetischer Sequenzen für die Umweltüberwachung. (In Kooperation mit Verbundpartner AWI, Dr. Silke Laakmann) (Erreicht => Anwendung in CREATE Phase II zur Entwicklung einer integrierten Monitoringstrategie)
- Schaffung von Know-how durch Publikationen in referierten wissenschaftlichen Fachzeitschriften. (Meilenstein für Phase I erreicht => Weitere Publikationen derzeit in Vorbereitung bzw. eingereicht)
- Vorstellung der Projektergebnisse auf nationalen und internationalen Konferenzen, über Öffentlichkeitsarbeit inklusive den Internetauftritt des Instituts. (Für Phase I erreicht => Fortsetzung in Phase II)
- Hinterlegung der erzeugten molekularen Daten in einer frei zugänglichen Datenbank, sodass sie zur Weiterentwicklung von Produkten wie Bioinformatik-Tools, genetischen Analyseplattformen oder Lösungen zur Überwachung der biologischen Vielfalt verwendet werden können. Der offene Zugang zu diesen Ressourcen bietet anderen Forschenden die Möglichkeit, auf der Arbeit aufzubauen und fördert eine Kultur der Zusammenarbeit und des Wissensaustauschs. (Erreicht => Erweiterung in CREATE Phase II)

- Bereitstellung von Wissen (Daten, Modelle, Visualisierungen, Werkzeuge) über die funktionale Vernetzung von Schutzgebieten und riffsassoziierte Biodiversität, die von politischen Entscheidungsträgern für die marine Raumplanung und das Management von Schutzgebieten nutzbar sind. Dieses kann sich direkt auf Entscheidungen darüber auswirken, wo MPAs eingerichtet werden sollen und wie ihre Wirksamkeit zu bewerten ist. (Erreicht => Erweiterung für zusätzliche Fokusart und den Einfluss von OWFs in CREATE Phase II).
- Weiterqualifizierung von PostDocs in den Themen: Funktionale Konnektivität; Schiffsgestützte Probengewinnung und Monitoring; Genetische Methoden – Metabarcoding inklusive Bioinformatik; Organisation von Workshops und Kommunikation mit Stakeholdern; Biophysikalische Modellierung. (Erreicht).

Wie im Verwertungsplan des Projektantrages zu Phase I bzw. im Antrag für Projektphase II dargestellt, wird das erworbene Handlungswissen gemeinsam mit Partnern in der DAM Mission ‚Schutz und nachhaltige Nutzung mariner Räume‘ angewendet, um die Wirksamkeit der Meeresschutzgebiete in der Nordsee zu erhöhen und dabei auch mögliche Effekte des intensiven Ausbaus von Offshore Windenergie-Anlagen zu berücksichtigen. Ein besonders enger Austausch findet dabei mit den Projekten MGF Nordsee, iSeal und Coastal Futures statt.

5. WÄHREND DES VORHABENS BEKANNT GEWORDENER FORTSCHRITT AUF DEM GEBIET DES VORHABENS BEI ANDEREN STELLEN

Uns sind während der Projektlaufzeit keine Ergebnisse von dritter Seite bekannt geworden, die die Durchführung des Vorhabens beeinträchtigt hätten. Neue wissenschaftliche Veröffentlichungen wurden fortlaufend recherchiert und sind in die Auswertungen wie auch in die Publikationen eingeflossen.

6. ERFOLGTE UND GEPLANTE VERÖFFENTLICHUNGEN

6.1 ERFOLGTE VERÖFFENTLICHUNGEN

Sidorenko, V., Rubinetti, S., Akimova, A., Pogoda, B., Androsov, A., Beng, K.C., Sell, A.F., Pineda-Metz, S.E.A., Wegner, K.M., Brand, S.C., Shama, L.N.S., Wollschläger, J., Klemm, K., Rahdarian, A., Winter, C., Badewien, T., Kuznetsov, I., Herrling, G., Laakmann, S. & Wiltshire, K.H. (2025) Connectivity and larval drift across marine protected areas in the German Bight, North Sea: Necessity of stepping stones. *Journal of Sea Research* 204, 102563.
<https://doi.org/10.1016/j.seares.2025.102563>

Rubinetti, S., Sidorenko, V., Arnone, E., Androsov, A., Beng, K.C., Klemm, K., Sell, A.F., Akimova, A., Pineda-Metz, S.E.A., Pogoda, B., Brand, S., Wegner, M., Shama, L., Laakmann, S., Horn, S., & Wiltshire, K.H. (2024) A catalogue of wind events for assessing the connectivity among Marine Protected Areas in the German Bight (North Sea). EGU General Assembly 2024, Vienna, Austria & Online, 14-19 April 2024. EGU24-15234, <https://doi.org/10.5194/egusphere-egu24-15234>

6.2 GEPLANTE VERÖFFENTLICHUNGEN

Beng, K. C., Akimova, A., Laakmann, S., Sidorenko, V., Rubinetti, S., Pineda-Metz, S. E. A., Pogoda, B., Brand, S. C., Klemm, K., Wegner, K. M., Shama, L. N. S., Schmittmann, L., Gimenez, L., Alter, K., Stechele, B., Rahdarian, A., Winter, C., Androsov, A., Sokolova, I., & Sell, A. F. (in Begutachtung) Integrating molecular methods and biophysical modelling to assess functional connectivity between marine protected areas. *Ecological Applications*.

Sell et al. (inkl. Beng, Akimova, Laakmann - in Vorbereitung) Towards a network of MPAs: A concept for assessing connectivity to advise marine conservation measures.

Beng et al. (inkl. Laakmann, Sell - in Vorbereitung) Biodiversity around reef restoration sites in MPAs of the German North Sea, as assessed through eDNA and zooplankton metabarcoding.

6.3 DATENVERFÜGBARKEIT

Die o.g. bereits erschienene Veröffentlichung (Sidorenko et al. 2025) sowie auch das in Begutachtung befindliche Manuskript (Beng et al.) sind als Open Access-Publikationen angelegt und damit kostenlos öffentlich verfügbar.

Die Rohsequenzdaten aus der Biodiversitätsstudie wurden im Europäischen Nukleotidarchiv (ENA) unter der Zugangsnummer PRJEB81252 hinterlegt, mit einem Embargo bis die entsprechende Veröffentlichung publiziert ist. (<https://www.ebi.ac.uk/ena/data/view/PRJEB81252>)

REFERENZEN

- Akimova A., Hufnagl M., Peck M. (2019) Spatiotemporal dynamics of predators and survival of marine fish early life stages: Atlantic cod (*Gadus morhua*) in the North Sea. *Progr Oceanogr* 176:102121, <https://doi.org/10.1016/j.pocean.2019.102121>
- Androsov, A., Fofonova, V., Kuznetsov, I., Danilov, S., Rakowsky, N., Harig, S., Brix, H., Wiltshire, K.H. (2019). FESOM-C v.2: coastal dynamics on hybrid unstructured meshes. *Geosci. Model Dev.* 12: 1009–1028. <https://doi.org/10.5194/gmd-12-1009-2019>
- BfN, Bundesamt für Naturschutz (2017). Die Meeresschutzgebiete in der deutschen ausschließlichen Wirtschaftszone der Nordsee – Beschreibung und Zustandsbewertung. BfN-Skripten 477. www.bfn.de
- Bucklin, A., Peijnenburg, K. T. C. A., Kosobokova, K. N., O'Brien, T. D., Blanco-Bercial, L., Cornils, A., Falkenhaus, T., Hopcroft, R. R., Hoshia, A., Laakmann, S., Li, C., Martell, L., Questel, J. M., Wall-Palmer, D., Wang, M., Wiebe, P. H., Weydmann-Zwolicka, A. (2021). Toward a global reference database of COI barcodes for marine zooplankton. *Marine Biology*, 168(6): 78. <https://doi.org/10.1007/s00227-021-03887-y>
- Callahan, B. J., McMurdie, P. J., Rosen, M. J., Han, A. W., Johnson, A. J. A., Holmes, S. P. (2016). DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data. *Nat. Methods*, 13(7): 581–583. <https://doi.org/10.1038/nmeth.3869>
- Davis, N. M., Proctor, D. M., Holmes, S. P., Relman, D. A., Callahan, B. J. (2018). Simple statistical identification and removal of contaminant sequences in marker-gene and metagenomics data. *Microbiome*, 6(1): 226. <https://doi.org/10.1186/s40168-018-0605-2>
- De Mesel I., Kapasakali D., Kerckhof F., Vigin L., Lacroix G., Barbut L. (2018). *Ostrea edulis* restoration in the Belgian part of the North Sea: Feasibility study. Royal Belgian Institute of Natural Sciences, Operational Directorate Natural Environment, Marine Ecology and Management. 89 pp.
- Fofonova, V., Kärnä, T., Klingbeil, K., Androsov, A., Kuznetsov, I., Sidorenko, D., ... Wiltshire, K. H. (2021). Plume spreading test case for coastal ocean models. *Geoscientific Model Development*, 14(11): 6945-6975. <https://doi.org/10.5194/gmd-14-6945-2021>
- Haslob, H., Rohlf, N., Schnack, D. (2009). Small scale distribution patterns and vertical migration of North Sea herring larvae (*Clupea harengus*, Teleostei: Clupeidea) in relation to abiotic and biotic factors. *Scientia Marina*. 73: 13-22. <https://doi.org/10.3989/scimar.2009.73s1013>
- Martin, M., 2011. Cutadapt removes adapter sequences from high-throughput sequencing reads. *EMBnet.Journal*; Vol 17, No 1: Next Generation Sequencing Data Analysis. <https://doi.org/10.14806/ej.17.1.200>
- Mayorga-Adame, C.G., Polton, J.A., Fox, A.D., Henry, L.A. (2022) Spatiotemporal scales of larval dispersal and connectivity among oil and gas structures in the North Sea. *Mar. Ecol. Prog. Ser.* 685: 49–67. <https://doi.org/10.3354/meps13970>
- Ohnesorge, A., John, U., Taudien, S., Neuhaus, S., Kuczynski, L., Laakmann, S. (2023) Capturing drifting species and molecules—Lessons learned from integrated approaches to assess marine metazoan diversity in highly dynamic waters. *Environ. DNA* 5: 1541–1556. <https://doi.org/10.1002/edn3.478>
- Pastor Rollan, A., Ospina-Álvarez, A., Larsen, J., Thorbjørn Hansen, F., Schourup-Kristensen, V., Maar, M. (2023). A sensitivity analysis of mussel larvae dispersal in a Danish estuary based on a biophysical model. *Reg. Stud. Mar. Sci.* 68, 103260. <https://doi.org/10.1016/j.rsma.2023.103260>

- Peteiro LG, Shanks AL (2015) Up and down or how to stay in the bay: Retentive strategies of Olympia oyster larvae in a shallow estuary. *Mar. Ecol. Prog. Ser.* 530: 103-117.
<https://doi.org/10.3354/meps11283>
- Preston J, Fabra M, Helmer L, Johnson E, Harris-Scott E, Hendy IW. (2020) Interactions of larval dynamics and substrate preference have ecological significance for benthic biodiversity and *Ostrea edulis* Linnaeus, 1758 in the presence of *Crepidula fornicata*. *Aquatic Conserv.: Mar. Freshw. Ecosyst.* 30: 2133–2149. <https://doi.org/10.1002/aqc.3446>
- R Core Team, 2023. *R: A Language and Environment for Statistical Computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. www.R-project.org
- Rodriguez-Perez, A., Sanderson, W. G., Møller, L. F., Henry, T. B., & James, M. (2020). Return to sender: The influence of larval behaviour on the distribution and settlement of the European oyster *Ostrea edulis*. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems*, 30(11): 2116–2132. <https://doi.org/10.1002/aqc.3429>
- Rodriguez-Perez A, James MA, Sanderson WG (2021) A small step or a giant leap: Accounting for settlement delay and dispersal in restoration planning. *PLoS ONE* 16(8): e0256369.
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0256369>
- Romero, Melissa R., Walker, Kimberly M., Cortez, Carmen J., Sanchez, Yareli, Nelson, Kimberly J., Ortega, Daisha C., Smick, Serra L., Hoese, William J., Zacherl, Danielle C. (2012) Larval Diel Vertical Migration of the Marine Gastropod *Kelletia kelletii* (Forbes, 1850), *Journal of Marine Sciences* 386575, 9 pp. <https://doi.org/10.1155/2012/386575>
- Sidorenko, V., Rubinetti, S., Akimova, A., Pogoda, B., Androsov, A., Beng, K.C., Sell, A.F., Pineda-Metz, S.E.A., Wegner, K.M., Brand, S.C., Shama, L.N.S., Wollschläger, J., Klemm, K., Rahdarian, A., Winter, C., Badewien, T.H., Kuznetsov, I., Herrling, G., Laakmann, S., Wiltshire, K.H. (2025) Connectivity and larval drift across marine protected areas in the German bight, North Sea: Necessity of stepping stones. *J Sea Res* 204: 102563.
<https://doi.org/10.1016/j.seares.2025.102563>
- Stechele, B., Barbut, L., Lacroix, G., van Duren, L.A., Van Lancker, V., Degraer, S., Gavazzi, G.M., Bossier, P., Declercq, A.M., Nevejan, N. (2023). Northern Europe's suitability for offshore European flat oyster (*Ostrea edulis*) habitat restoration based on population dynamics. *Frontiers in Marine Science*. <https://doi.org/10.3389/fmars.2023.1224346>