

Press release**Leibniz-Institut für Gewässerökologie und Binnenfischerei (IGB)****Nadja Neumann**

07/09/2024

<http://idw-online.de/en/news836716>Research results, Scientific Publications
Biology, Environment / ecology, Oceanology / climate, Traffic / transport, Zoology / agricultural and forest sciences
transregional, national**Komplettes Erbgut und Gift-Gene der Mikroalge der Oder-Katastrophe entschlüsselt**

Im Sommer 2022 verendeten in der Oder rund 1.000 Tonnen Fische, Muscheln und Schnecken. Die Katastrophe war zwar vom Menschen verursacht, doch die unmittelbare Todesursache war das Gift einer Mikroalge mit dem wissenschaftlichen Sammelnamen *Prymnesium parvum*, oft auch ‚Goldalge‘ genannt. Seitdem haben sich diese Einzeller dauerhaft in der Oder angesiedelt. Forscherinnen und Forscher unter Leitung des Leibniz-Instituts für Gewässerökologie und Binnenfischerei (IGB) jetzt das Erbgut der Mikroalge sequenziert. Dabei konnten sie die Gensequenzen ausmachen, die für die Giftbildung verantwortlich sind. Die Studie wurde in der Fachzeitschrift *Current Biology* veröffentlicht.

Prymnesium parvum s.l. (sensu lato), umgangssprachlich Goldalge genannt, steht für eine ganze Gruppe von Mikroalgen, die mit einer Größe von 5 bis 10 Mikrometern zwar winzig sind, aber verheerende Schäden anrichten können. Denn diese Algen können Zellgifte bilden, so genannte Prymnesine. Diese zerstören die Kiemen von Fischen und Filterern wie Muscheln und Schnecken im Wasser und greifen auch andere Körpergewebe an. Die Folge: Tod durch Sauerstoffmangel oder Kreislaufversagen.

Mikroalge ist nicht gleich Mikroalge:

Bisherige Untersuchungen zur Morphologie, Abstammung und Genetik haben gezeigt, dass *Prymnesium parvum* s.l. eine große Diversität aufweist: Mindestens 40 genetisch unterscheidbare Stämme mit unterschiedlichem Erbgut sind bekannt. Je nach Toxinproduktion werden drei Typen unterschieden: A, B und C. Bisher gab es nur ein Referenzgenom – eine vollständige „Abschrift“ des gesamten Erbguts – für den Typ A.

Nahe Verwandtschaft der Mikroalge ODER₁ mit Brackwasserstämmen aus Dänemark und Norwegen:

Ein internationales Team um die IGB-Forscher Dr. Heiner Kuhl, Dr. Jürgen Strassert, Prof. Dr. Michael Monaghan und PD Dr. Matthias Stöck hat nun im Rahmen des vom Bundesamt für Naturschutz mit Mitteln des Bundesumweltministeriums geförderten Projekts ODER₁SO das gesamte Erbgut (Genom) des Algenstamms aus der Oderkatastrophe sequenziert. Dabei identifizierten sie auch Gensequenzen, die für die chemische Struktur der Toxine und damit für deren Eigenschaften verantwortlich sind. Der sequenzierte Stamm erhielt die Bezeichnung ‚ODER₁‘ und wurde dem Typ B zugeordnet.

Die Forschenden erstellten zudem einen genetischen Stammbaum verschiedener *Prymnesium parvum*-Stämme. Dieser zeigt, dass der ODER₁-Stamm am engsten mit einem Typ B-Stamm, K-0081, der bereits 1985 aus Brackwasser im Nordwesten Dänemarks isoliert wurde, sowie mit weiteren Typ B-Stämmen aus Norwegen (RCC3426, KAC-39 und K-0374) verwandt ist. Diese Ähnlichkeit ist auf die geographische Nähe zurückzuführen, gibt aber keinen direkten Aufschluss darüber, wie die Alge in die Oder gelangte.

Referenzgenom für Überwachung von Algenblüten:

Nach der Entschlüsselung eines Typ-A-Referenzgenoms und nun des Typ-B-Referenzgenoms sind somit zwei sehr unterschiedliche Mikroalgen der Gruppe abgedeckt, die Entschlüsselung des Typ-C-Referenzgenoms steht noch aus. „Die Entschlüsselung des zweiten Referenzgenoms von *Prymnesium parvum* s.l. ermöglicht wichtige Einblicke in die genetische Basis und die strukturelle Variabilität der Toxine der verschiedenen *Prymnesium*-Typen. Kürzlich wurde gezeigt, dass der Gift-Typ die Toxizität beeinflusst. Nun können wir also die potenzielle Giftigkeit zukünftiger Algenblüten besser abschätzen“, sagt IGB-Forscher Dr. Jürgen Strassert, Koautor der Studie.

Nächster Forschungsschritt: Molekulare Methoden zur Toxinanalyse entwickeln und Einflussfaktoren untersuchen:

Derzeit kann die Toxinbildung nicht direkt überwacht werden. Das Toxin verdünnt sich im Wasser zu stark, außerdem gibt es bisher keine Standardmethoden, auch nicht für Typ A. „Einer der nächsten Forschungsschritte des IGB-Teams wird nun sein, über den Nachweis der Expression bestimmter Toxinsynthese-Gene eine Giftbildung auf molekularer Ebene analysieren zu können“, ergänzt IGB-Forscher Dr. Heiner Kuhl, Erstautor der Studie.

Die Umweltbedingungen spielen sowohl für die Vermehrung der Algen als auch für die Bildung von Toxinen und damit für das Auftreten von toxischen Algenblüten eine wichtige Rolle. „Die Entschlüsselung der Gene für die Toxinbildung ist daher entscheidend, um nun die Umweltbedingungen zu analysieren, unter denen die Algen zu diesen Blüten neigen und möglicherweise spezifische Toxine in unterschiedlichen Mengen produzieren“, sagt IGB-Forscher Matthias Stöck, der die Studie geleitet hat.

Außerdem lesenswert das IGB Fact Sheet > Oder-Katastrophe: Was wissen wir über die Goldalge *Prymnesium parvum*? <https://www.igb-berlin.de/news/oder-katastrophe-was-wissen-wir-ueber-die-goldalge-prymnesium-parvum>

Die Studie wurde im Rahmen des Projekts ODER~SO durchgeführt. ODER~SO ist ein vom Leibniz-Institut für Gewässerökologie und Binnenfischerei (IGB) koordiniertes Verbundprojekt mit drei weiteren Forschungseinrichtungen: dem Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung (UFZ), der Brandenburgischen Technischen Universität Cottbus-Senftenberg (BTU) und der Universität Duisburg-Essen. Weiterer wissenschaftlicher Partner ist das Institut für Binnenfischerei e.V. Potsdam-Sacrow. ODER~SO wird vom Bundesamt für Naturschutz (BfN) mit Mitteln des Bundesministeriums für Umwelt, Naturschutz, Reaktorsicherheit und Verbraucherschutz (BMUV) gefördert. Zur Projektwebseite: <https://www.oder-so.info/>

contact for scientific information:

PD Dr. Matthias Stöck, IGB: <https://www.igb-berlin.de/profile/matthias-stoeck>

Dr. Heiner Kuhl, IGB: <https://www.igb-berlin.de/profile/heiner-kuhl>

Original publication:

Heiner Kuhl, Jürgen F.H. Strassert, Dora Čertnerová, Elisabeth Varga, Eva Kreuz, Dunja K. Lamatsch, Sven Wuertz, Jan Köhler, Michael T. Monaghan, Matthias Stöck: The haplotype-resolved *Prymnesium parvum* (type B) microalga genome reveals the genetic basis of its fish-killing toxins, *Current Biology*, 2024, ISSN 0960-9822,

<https://doi.org/10.1016/j.cub.2024.06.033>. (<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0960982224008170>)

URL for press release: <https://www.igb-berlin.de/news/komplettes-erbgut-und-gift-gene-der-mikroalge-der-oder-katastrophe-entschluesselt>



Ein Schwarm von Prymnesien (aus einer Zellkultur des IGB) befällt eine zugegebene Kieselalge. Die Mikroalgen lysieren diese, um den aufgelösten Zellinhalt aufzunehmen.

Karla Münzner, IGB

Karla Münzner, IGB