



Spannende Winzlinge in Alpenrandseen

14. Mai 2019 | Christine Arnold

Themen: Biodiversität | Ökosysteme

Sie waren mit die ersten, die Sauerstoff produzierten und bildeten damit einen Meilenstein in der Evolution von Pflanzen und Tieren: Cyanobakterien. Noch heute besiedeln die unzähligen Arten fast alle Lebensräume der Erde. Marie-Eve Monchamp hat im Rahmen ihrer Doktorarbeit an der Eawag Bohrkerne aus dem Sediment von zehn Alpenrandseen in Europa analysiert und konnte so einen Blick auf die Lebensgemeinschaften der Cyanobakterien während der letzten 100 Jahre werfen.

Die Alpenrandseen Europas beherbergen eine charakteristische Gemeinschaft von Cyanobakterien. Im Rahmen ihrer Doktorarbeit an der Eawag hat Marie-Eve Monchamp diese untersucht. «Aus zehn Seen in der Schweiz, in Italien und in Frankreich haben wir Sedimentbohrkerne entnommen und die darin abgelagerte DNA von Cyanobakterien analysiert», erklärt sie. So rekonstruierten Monchamp und ihr Team, wann und wo welche Bakteriengemeinschaften gelebt hatten. Sie stellten fest, dass die Anzahl verschiedener Arten in den Seen während der vergangenen 100 Jahre zwar nicht wesentlich abgenommen hat, die Lebensgemeinschaften der verschiedenen Seen sich aber immer mehr angeglichen haben. Von den veränderten Lebensbedingungen im See profitieren vor allem Arten, die sich schnell an sich ändernde Umstände anpassen können. Das kann zum Problem werden, denn: «Gerade diese Arten sind oft toxisch», erklärt Monchamp.

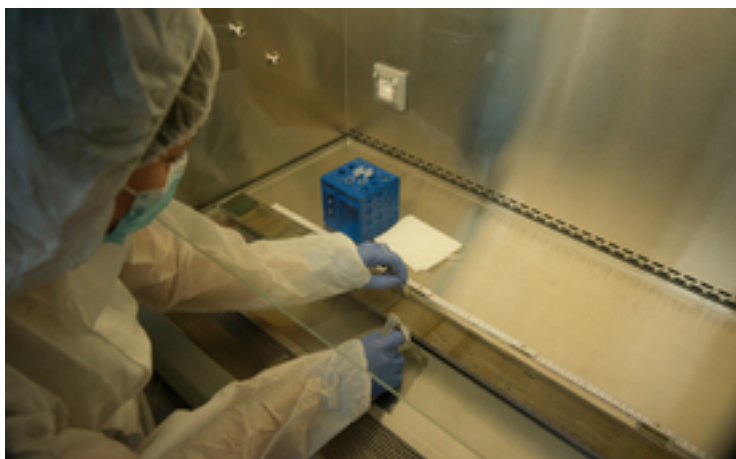
Temperatur beeinflusst Artzusammensetzung

Die Forschenden haben die nun Daten vertieft ausgewertet, um herauszufinden, ob und wie die Aktivität des Menschen auf die Artzusammensetzungen wirken. Beeinflussen Dünge- und Waschmittel die Cyanobakteriengemeinschaft? Wie reagieren die Bakterien auf die steigenden Temperaturen?

Die Forschenden stellten alle in den Sedimentbohrkernen gefundenen Lebensgemeinschaften in

Stammbäumen dar. Monchamp erklärt: «Sind die Arten zufällig über die Äste des Stammbaumes verteilt und ist kein Muster erkennbar, scheint nichts ihre Vielfalt zu beeinflussen. Sind sie gruppiert oder extrem gleichmässig verteilt, deutet dies darauf hin, dass sie durch externe Faktoren geprägt werden.»

Die photosynthetisch aktiven Cyanobakterien in den zehn Seen scheinen von den äusseren Bedingungen mässig beeindruckt: Mit 44 von 76 waren etwas mehr als die Hälfte der untersuchten Stammbäume gruppiert, die restlichen waren zufällig verteilt. Der Vergleich mit Daten zur Wasserqualität und -temperatur liess die Forschenden zum Schluss kommen, dass vor allem die Temperatur einige Arten bevorzugt und andere verschwinden liess. «Schon bei früheren Analysen sahen wir, dass auch wichtig ist, wie stabil das Wasser geschichtet ist», ergänzt Monchamp. Nährstoffe wie Phosphor oder Stickstoff hingegen scheinen die Vielfalt der Cyanobakterien-Gemeinschaft nicht zu beeinflussen.



Im Labor analysieren die Forschenden DNA photosynthetisch aktiver Cyanobakterien aus dem Sediment der Seen. (Foto: Eawag)

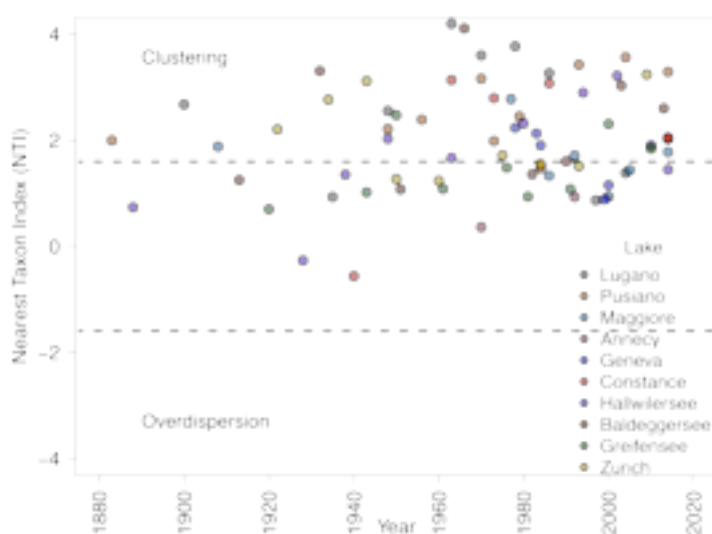
Daten, mit denen niemand gerechnet hatte

Als Monchamp bei der Analyse der Sedimentbohrkerne auf Gene von Cyanobakterien stiess, die keine Photosynthese betreiben, schenkte sie diesen zunächst nicht gross Beachtung. Doch als die Bakterien in grosser Zahl in den Bohrungen aller Seen und zu allen repräsentierten Zeiten auftauchten, wurde sie neugierig: «Die Daten waren zu schön, um sie nicht auszuwerten.» Gemeinsam mit ihrem Team fand sie 63 taxonomische Einheiten nicht photosynthetisch aktiver Cyanobakterien der beiden Stämme Melainabacteria und Sericytochromatia.

Auch weil sie sich im Labor kaum kultivieren lassen, sind die nicht photosynthetisch aktiven Cyanobakterien erst wenig untersucht. Die gefundenen Bakterien sind zwar verwandt mit den photosynthetisch aktiven Arten, haben aber einen völlig anderen Metabolismus und sind äusserst variabel: Sie kommen in Ökosystemen mit und ohne Sauerstoff vor, mit und ohne Licht und egal, wie viele Nährstoffe vorhanden sind. Auch in den Verdauungssystemen von Tieren leben nicht photosynthetisch aktive Cyanobakterien.

Ähnliche Fragen, andere Antworten

Die Forschenden begannen nach Mustern zu suchen, die sie bei den photosynthetisch aktiven Bakterien gefunden hatten. «Was wir fanden passte zu dem Wenigen, das in der Literatur dokumentiert ist», erzählt Monchamp. Die Analyse der Stammbäume ergab, dass Melainabacteria und Sericytochromatia nicht auf Umwelteinflüsse wie Temperatur oder Nährstoffangebot zu reagieren scheinen. Von den zehn untersuchten Seen hat sich ihre Artzusammensetzung über die letzten 100 Jahre nur im Lac d'Annecy verändert. Für Monchamp einerseits ein überraschendes Resultat, denn der Lac d'Annecy ist im Vergleich zu den anderen Seen relativ unberührt. «Bei diesen konstanten Umweltbedingungen hätten wir entsprechend auch die stabilste Population erwartet», erklärt sie. Andererseits erstaunt es sie wenig, dass der Artenreichtum der nicht photosynthetisch aktiven Cyanobakterien im Gegensatz zu den photosynthetisch aktiven über die Zeit nicht zugenommen hat: «Sie haben einen völlig anderen Stoffwechsel. Da wundert es nicht, dass sie sich auch anders verhalten.»



*Für jede analysierte Lebensgemeinschaft photosynthetisch aktiver Cyanobakterien zeigt ein Datenpunkt, ob sie zufällig zusammengesetzt (mittlerer Abschnitt) oder von Umwelteinflüssen beeinflusst ist (ober- bzw. unterhalb der gestrichelten Linien).
(Quelle: Monchamp et al., 2019)*

Interesse in Forschergemeinschaft geweckt

In der Forschergemeinschaft lösten die Ergebnisse grosses Echo aus. «Ich verbreitete erste Ergebnisse über Twitter und weckte damit viel Interesse», erzählt Monchamp. Denn: auch wenn die Präsenz nicht photosynthetisch aktiver Cyanobakterien in anderen aquatischen Ökosystemen bereits dokumentiert worden war, hat sie noch niemand innerhalb ihres Lebensraumes studiert. «Unsere Daten über einen längeren Zeitraum und über ein grosses Gebiet ermöglichen einen interessanten Einblick in ihre Lebensweise», sagt Monchamp. «Auf dieser Grundlage können weitere Studien aufbauen, um die Ökologie der nicht photosynthetisch aktiven Cyanobakterien zu erforschen.»

visibility{background-color:#698747}.extbase-debugger-center .extbase-debug-dirty{background-color:#FFFFB6}.extbase-debugger-center .extbase-debug-filtered{background-color:#4F4F4F}.extbase-debugger-center .extbase-debug-seeabove{text-decoration:none;font-style:italic}.extbase-debugger-center .extbase-debug-property{color:#1f1f1f}.extbase-debugger-center .extbase-debug-closure{color:#9BA223;}Extbase Variable Dumparray(2 items) publications => '18744,16026,18412' (17 chars) libraryUrl => " (0 chars) Extbase Variable Dumparray(3 items) 0 => Snowflake\Publications\Domain\Model\Publicationprototypepersistent entity (uid=18744, pid=124) originalId => protected18744 (integer) authors => protected'Monchamp, M.-E.; Spaak, P.; Pomati, F.' (53 chars) title => protected'High dispersal levels and lake warming are emergent drivers of cyanobacteria

I community assembly in peri-Alpine lakes' (117 chars) journal => protected'Scientific Reports' (18 chars) year => protected2019 (integer) volume => protected9 (integer) issue => protected" (0 chars) startpage => protected'7366 (8 pp.)' (12 chars) otherpage => protected" (0 chars) categories => protected" (0 chars) description => protected'Disentangling the relative importance of deterministic and stochastic proces

ses in shaping natural communities is central to ecology. Studies about community assembly over broad temporal and spatial scales in aquatic microorganisms are scarce. Here, we used 16S rDNA sequence data from lake sediments to test for community assembly patterns in cyanobacterial phylogenies across ten European peri-Alpine lakes and over a century of eutrophication and climate warming. We studied phylogenetic similarity in cyanobacterial assemblages over spatial and temporal distance, and over environmental gradients, comparing detected patterns with theoretical expectations from deterministic and stochastic processes. We found limited evidence for deviation of lake communities from a random assembly model and no significant effects of geographic distance on phylogenetic similarity, suggesting no dispersal limitation and high levels of stochastic assembly. We detected a weak influence of phosphorus, but no significant effect of nitrogen levels on deviation of community phylogenies from random. We found however a significant decay of phylogenetic similarity for non-random communities over a gradient of air temperature and water column stability. We show how phylogenetic data from sedimentary archives can improve our understanding of microbial community assembly processes, and support previous evidence that climate warming has been the strongest environmental driver of cyanobacterial community assembly over the past century.' (1524 chars) serialnumber => protected'2045-2322' (9 chars) doi =>

protected'10.1038/s41598-019-43814-2' (26 chars) uid => protected18744 (integer) _localizedUid => protected18744 (integer)modified _languageUid => protectedNULL _versionedUid => protected18744 (integer)modified pid => protected124 (integer) 1 => Snowflake\Publications\Domain\Model\Publicationprototypepersistent entity (uid=16026, pid=124) originalId => protected16026 (integer) authors => protected'Monchamp, M.-E.; Spaak, P.; Domaizon, I.; Dubois, N.; Bo

uffard, D.; Pomati, F.' (108 chars) title => protected'Homogenization of lake cyanobacterial communities over a century of climate

change and eutrophication' (101 chars) journal => protected'Nature Ecology & Evolution' (26 chars) year => protected2018 (integer) volume => protected2 (integer) issue => protected" (0 chars) startpage => protected'317' (3 chars) otherpage => protected'324' (3 chars) categories => protected" (0 chars) description => protected'Human impacts on biodiversity are

well recognized, but uncertainties remain

regarding patterns of diversity change at different spatial and temporal scales. Changes in microbial assemblages are, in particular, not well understood, partly due to the lack of community composition data over relevant scales of space and time. Here, we investigate biodiversity patterns in cyanobacterial assemblages over one century of eutrophication and climate change by sequencing DNA preserved in the sediments of ten European peri-Alpine lakes. We found species losses and gains at the lake scale, while species richness increased at the regional scale over approximately the past 100 years. Our data show a clear signal for beta diversity loss, with the composition and phylogenetic structure of assemblages becoming more similar across sites in the most recent decades, as have the general environmental conditions in and around the lakes. We attribute patterns of change in community composition to raised temperatures affecting the strength of the thermal stratification and, as a consequence, nutrient fluctuations, which favoured cyanobacterial taxa able to regulate buoyancy. Our results reinforce previous reports of human-induced homogenization of natural communities and reveal how potentially toxic and bloom-forming cyanobacteria have widened their geographic distribution in the European temperate region.' (1404 chars) serialnumber => protected" (0 chars) doi => protected'10.1038/s41559-017-0407-0' (25 chars) uid => protected16026 (integer) _localizedUid => protected16026 (integer)modified _languageUid => protectedNULL _versionedUid => protected16026 (integer)modified pid => protected124 (integer) 2 => Snowflake\Publications\Domain\Model\Publicationprototypepersistent entity (uid=18412, pid=124) originalId => protected18412 (integer) authors => protected'Monchamp, M.-E.; Spaak, P.; Pomati, F.' (53 chars) title => protected'Long term diversity and distribution of non-photosynthetic cyanobacteria in peri-Alpine lakes' (93 chars) journal => protected'Frontiers in Microbiology' (25 chars) year => protected2019 (integer) volume => protected9 (integer) issue => protected" (0 chars) startpage => protected'3344 (11 pp.)' (13 chars) otherpage => protected" (0 chars) categories => protected'Melainabacteria; ML635J-21; Sericytochromatia; metabarcoding; sedimentary DN

A; distance-decay relationship; meta-community; anthropocene' (136 chars) description => protected'The phylum Cyanobacteria comprises a non-photosynthetic lineage. The diversity and distribution of non-photosynthetic cyanobacteria (NCY) across aquatic environments are currently unknown, including their ecology. Here, we report about composition and phylogenetic diversity of two clades of NCY in ten lakes of the European peri-Alpine region, over the past ~100 years. Using 16S rDNA sequences obtained from dated sediment cores, we found almost equal proportion of taxa assigned to Melainabacteria and the deepest-branching group Sericytochromatia (ML635J-21) (63 total detected taxa). The topology of our reconstructed phylogenies reflected evolutionary relationships expected from previous work, that is, a clear separation between the deepest branching Sericytochromatia, the Melainabacteria, and the photosynthetic cyanobacteria clades. While different lakes harbored distinct NCY communities, the diversity of NCY assemblages within and between lakes (alpha and beta diversity) did not significantly change over the last century. This is in contrast with what was previously reported for photosynthetic cyanobacteria. Unchanged community phylogenetic similarity over geographic distance indicated no dispersa

I limitation of NCY at the regional scale. Our results solicit studies linki

-scale anthropogenic environmental changes. This is the first attempt to study the diversity and distribution of NCY taxa across temperate lakes. It provides a first step towards understanding their distribution and ecological function in pelagic aquatic habitats, where these organisms seem to be prevalent.' (1752 chars) serialnumber => protected" (0 chars) doi =>

protected'10.3389/fmicb.2018.03344' (24 chars) uid => protected18412 (integer) _localizedUid => protected18412 (integer)modified _languageUid => protectedNULL _versionedUid => protected18412 (integer)modified pid => protected124 (integer) Monchamp, M.-E.; Spaak, P.; Pomati, F. (2019) High dispersal levels and lake warming are emergent drivers of cyanobacterial community assembly in peri-Alpine lakes, *Scientific Reports*, 9, 7366 (8 pp.), doi:10.1038/s41598-019-43814-2, [Institutional Repository](#)
Monchamp, M.-E.; Spaak, P.; Domaizon, I.; Dubois, N.; Bouffard, D.; Pomati, F. (2018) Homogenization of lake cyanobacterial communities over a century of climate change and eutrophication, *Nature Ecology & Evolution*, 2, 317-324, doi:10.1038/s41559-017-0407-0, [Institutional Repository](#)
Monchamp, M.-E.; Spaak, P.; Pomati, F. (2019) Long term diversity and distribution of non-photosynthetic cyanobacteria in peri-Alpine lakes, *Frontiers in Microbiology*, 9, 3344 (11 pp.), doi:10.3389/fmicb.2018.03344, [Institutional Repository](#)

Cyanobakterien

Cyanobakterien spielen eine der Hauptrollen in den globalen Kreisläufen von Kohlenstoff und Stickstoff. Umgangssprachlich werden die Einzeller oft als Blaualgen bezeichnet, aufgrund ihrer Biologie gehören sie aber zu den Bakterien. Als eines der ersten Lebewesen waren die Vorläufer der heutigen Cyanobakterien vor über zwei Milliarden Jahren in der Lage, Wasser zu spalten und Sauerstoff zu produzieren: Sie betrieben Photosynthese und reicherten damit die Atmosphäre mit Sauerstoff an. Unterdessen sind etwa 2000 Arten bekannt, als Teil der untersten Stufe der Nahrungskette sind sie Lebensgrundlage für viele Tiere. Cyanobakterien haben sie sich an extreme Bedingungen angepasst: Sie besiedeln Wüsten, Süß- und Salzwasser, leben in heißen Quellen oder auf salzhaltigen Steinen und sind von den Tropen bis zu den Polen zu finden.

[Marie-Eve Monchamp](#)

Kontakt



Francesco Pomati

Tel. +41 58 765 5410

francesco.pomati@eawag.ch

<https://www.eawag.ch/de/info/portal/aktuelles/newsarchiv/archiv-detail/spannende-winzlinge-in-alpenrandseen>