

Coldfish

Abschlussbericht

Eingehende Darstellung



Zuwendungsempfänger: Alfred Wegener Institut, Helmholtz-Zentrum für Polar- und Meeresforschung
Förderkennzeichen: 03V01454
Vorhabenbezeichnung: Coldfish
Laufzeit des Vorhabens: 01.07.2018 – 31.12.2021

i. Vorhabenbeschreibung

Mit zunehmender Ozeanerwärmung und dem Rückgang der Meereisbedeckung breiten sich subarktische ('boreale') Fischarten immer weiter nach Norden in den arktischen Ozean aus (Fosshem et al. 2015). Durch die sog. Borealisation erweitert sich einerseits das Verbreitungsgebiet kommerziell bedeutsamer Arten wie des Kabeljaus, und damit auch das Potenzial für die Fischerei. Andererseits werden ursprünglich vorkommende arktische Arten zurückgedrängt, wie z.B. der ökologisch bedeutsame Polardorsch (Steiner et al. 2019). Zusätzlich verlieren durch den Rückgang des Meereises Eisalgen als Kohlenstoffproduzenten für Polardorsche und andere Organismen an Bedeutung. Dies hat Auswirkungen auf potenzielle Naturschutzziele und traditionelle Jagdkulturen (Steiner et al. 2021). Es wird erwartet, dass durch Borealisation Generalisten an Bedeutung zunehmen und Spezialisten, die an die arktischen Bedingungen angepasst sind, abnehmen. Dies führt zu einer größeren Überschneidung trophischer Nischen und damit zu neuen Nahrungskonkurrenzen. Eine detaillierte Kenntnis der nahrungsökologischen Wechselwirkungen im Lichte der spezifischen Anpassungen borealer und arktischer Fischarten ist ein Grundbaustein eines nachhaltigen Fischereimanagements in der sich schnell verändernden Arktis. Coldfish hat es sich zum Ziel gesetzt, die Wechselwirkungen zwischen zunehmender Borealisation der arktischen Fischgemeinschaften, der Nahrungsnetzstruktur und der Überlebensfähigkeit arktischer Fischarten in der Barentssee zu untersuchen. Um dieses zu erreichen, haben wir es uns zur Aufgabe gemacht,

- a) die trophische Struktur der Fischgemeinschaft anhand von Isotopendaten zu analysieren;
- b) die trophischen Nischen von Schlüsselarten mithilfe von Modellstudien zu identifizieren und Faktoren zu untersuchen, die Veränderung befördern;
- c) beispielhaft die Abhängigkeit von Eisalgen, metabolische Parameter und Migrationsmuster des Kabeljaus und des Polardorsches während der Individualentwicklung mithilfe neuartiger Methoden zu analysieren.

ii. Arbeitsplan

Das Verbundprojekt Coldfish war in drei Arbeitspakete (AP) gegliedert:

1. Räumlich-zeitliche Variabilität von bentho-pelagischer Kopplung und Isotopensignatur von Schlüsselarten;
2. Isotopische Nischen von Schlüsselarten und Faktoren, die Veränderung befördern;
3. Physiologische und verhaltensbiologische Eigenheiten des heimischen Polardorsches und des einwandernden Kabeljau.

Der Schwerpunkt der Arbeiten am AWI lag auf AP3. Mithilfe herkömmlicher Isotopenanalyse und komponentenspezifischer Isotopenanalyse von essentiellen Aminosäuren (eAA-CSIA) wurden die trophischen Nischen verschiedener arktischer und borealer Fischarten bestimmt und deren relative Abhängigkeit von Eisalgen quantifiziert, sowie die Migrationsmuster von Polardorsch und die Einwanderung des Kabeljaus aus Otolithenproben untersucht. Das Probenmaterial wurde während zwei Expeditionen in der Barentssee gewonnen, sowie durch Proben von Polardorschen aus drei vorhergehenden *Polarstern*-Expeditionen ergänzt (PS80, PS92, PS106). **Tabelle 1** zeigt eine Aufstellung der Projektziele und Methoden, sowie die Rolle des AWI für das Erreichen der einzelnen Projektziele.

Tabelle. 1 Projektziele, Methoden, und die jeweilige Rolle des AWI innerhalb des Projektes

Projektziele	Methoden	Beitrag des AWI
AP1		
<ul style="list-style-type: none"> • Erstellen von kontinuierlichen Isotopen-Isoscapes • Identifizierung möglicher Treiber räumlicher Variabilität • Räumliche Muster in der Stärke der benthopelagischen Kopplung • Vergleich empirischer <i>Isoscapes</i> mit den Ergebnissen eines isotopengetriebenen Ökosystemmodells 	<p>Isotopenanalyse von Gewebeproben von Fischen und Wirbellosen aus der Barentssee; statistische Analysen der räumlichen Verteilung von Isotopendaten in Bezug auf Umweltparameter, benthopelagische Kopplung und Ökosystemmodelle</p>	<p>Probensammlung in der Barentssee; wissenschaftliche Begleitung (Auswertung, Publikationen)</p>
AP2		
<ul style="list-style-type: none"> • Beschreibung trophischer Nischen dominanter demersaler und pelagischer Fischarten • Identifizierung von statistischen Beziehungen zwischen Eigenschaften trophischer Nischen, trophischer Redundanz und Umwelteigenschaften • Unterscheidung von Fischarten mit flexiblen Nahrungsanforderungen von jenen, die ihre Nahrung nicht an Veränderungen anpassen können 	<p>Isotopenanalyse und statistische Auswertung von Isotopendaten; statistische Analysen von trophischen Nischen in Bezug auf Umweltparameter;</p>	<p>Probensammlung in der Barentssee, Wissenschaftliche Begleitung (Auswertung, Publikationen)</p>
AP3		
<ul style="list-style-type: none"> • Quantifizierung von Umwelteinflüssen auf Metabolismus und Wachstum bei Polardorsch und Kabeljau • Identifizierung von für eine Nordausbreitung borealer Fischarten geeigneten Gebieten, bzw. solchen die als Refugium arktischer Fischarten geeignet wären • Beschreibung der Nordausbreitung des Kabeljaus und der damit verbundenen metabolischen Kosten • Abschätzung des potenziellen Risikos einer abreißenden Transpolardrift für junge Polardorsche • Bestimmung des relativen Anteils von Eisalgen zur Biomassenproduktion 	<p>Isotopenanalyse von Gewebe- und Otolithenproben; Temperaturrekonstruktionen zur Migratonsanalyse; Bestimmung der ‚field metabolic rate‘ bei Polardorsch und Kabeljau; komponentenspezifische Isotopenanalyse essentieller Aminosäuren; Bestimmung des relativen Beitrags von Eisalgen, Phytoplankton und anderen Kohlenstoffquellen zum Kohlenstoffbudget arktischer Schlüsselarten</p>	<p>Probensammlung in der Barentssee, Probenmaterial von <i>Polarstern</i>-Expeditionen; Durchführung der Laboranalysen; wissenschaftliche Auswertung und Publikation</p>

iii. Ergebnisverwertung

1. Verwendung der Zuwendung und Projektergebnisse

Auswirkungen der COVID-19-Pandemie auf Coldfish

Coldfish war besonders von den Auswirkungen der COVID-19-Pandemie betroffen. Die Pandemie brach während der Hauptphase der Datenerhebung aus. Die schwerpunktmäßig von der Coldfish-Wissenschaftlerin Dr. Kim Vane (AWI) durchgeführten komponentenspezifischen Isotopenanalysen an essenziellen Aminosäuren bei unseren Projektpartnern in Southampton wurden 2019 begonnen, mussten aber im März 2020 pandemiebedingt eingestellt werden. Zu dieser Zeit wurden Labors für stabile-Isotopen-Messungen in ganz Europa (und weltweit) für mindestens fünf Monate geschlossen. Das Labor in Southampton wurde im September 2021 wieder geöffnet, allerdings hatte Frau Vane keinen Zutritt. Des Weiteren traten technische Probleme im Zusammenhang mit der Abschaltung und Wiederinbetriebnahme auf. Infolgedessen konnten bis zum Ende des Projektes keine komponentenspezifischen Isotopenanalysen mehr durchgeführt werden. Erhebliche pandemiebedingte Verzögerungen traten auch bei den von den britischen Partnern durchgeführten Isotopenanalysen auf, so dass auch diese Arbeiten um mehr als 15 Monate verzögert wurden. Dr. Vane erstellte einen alternativen Arbeitsplan, um zumindest einen Teil der Ziele von AP3 zu erreichen. Dieser Plan zielt darauf ab, die Migrationswege des Polardorsches und des atlantischen Kabeljaus mittels Temperaturrekonstruktionen zu analysieren. Die $\delta^{18}\text{O}$ -Messungen an Otolithenproben zur Erstellung der Temperaturrekonstruktionen wurden am MARUM (Bremen, Deutschland) und an der Universität Southampton durchgeführt und bis Ende 2021 abgeschlossen. Die Ziele dieses alternativen Arbeitsplans konnten dank einer Projektverlängerung und -Aufstockung des BMBF und des Corona-Hilfsfonds des AWI erreicht werden. Die erheblichen Verzögerungen bei den Analysen aller Projektpartner führten dazu, dass noch nicht alle Messergebnisse ausgewertet werden konnten und in Publikationen eingeflossen sind. Dennoch haben wir trotz der erschwerten Bedingungen einen einzigartigen und sehr umfangreichen Datensatz gewinnen können, aus dem wir Publikationen erstellen werden, die eine neue Perspektive auf die physiologischen und ökologischen Hintergründe der Borealisation von Fischgemeinschaften in der Arktis eröffnen.

AP1

Räumlich-zeitliche Variabilität von bentho-pelagischer Kopplung und Isotopensignatur von Schlüsselarten

Isotopenbasierte Studien zur trophischen Ökologie beruhen auf der Kenntnis der räumlichen Variabilität der Isotopenzusammensetzung, die auf Variationen an der Basis des Nahrungsnetzes (‘isotopic baseline’) beruht. Die räumliche Variation der stabilen Isotopenzusammensetzung lässt sich am besten durch räumliche statistische Modelle mit kontinuierlichen Oberflächen analysieren, die als ‘Isoscapes’ bezeichnet werden. Diese flächendeckenden Isotopenmodelle verbinden gemessene Isotopenwerte mit Umweltdaten (z.B. Wassertiefe, Salzgehalt, Nährstoffkonzentration). Mit ihnen können potenzielle biogeochemische Mechanismen identifiziert werden, die den beobachteten räumlichen Mustern zugrunde liegen.

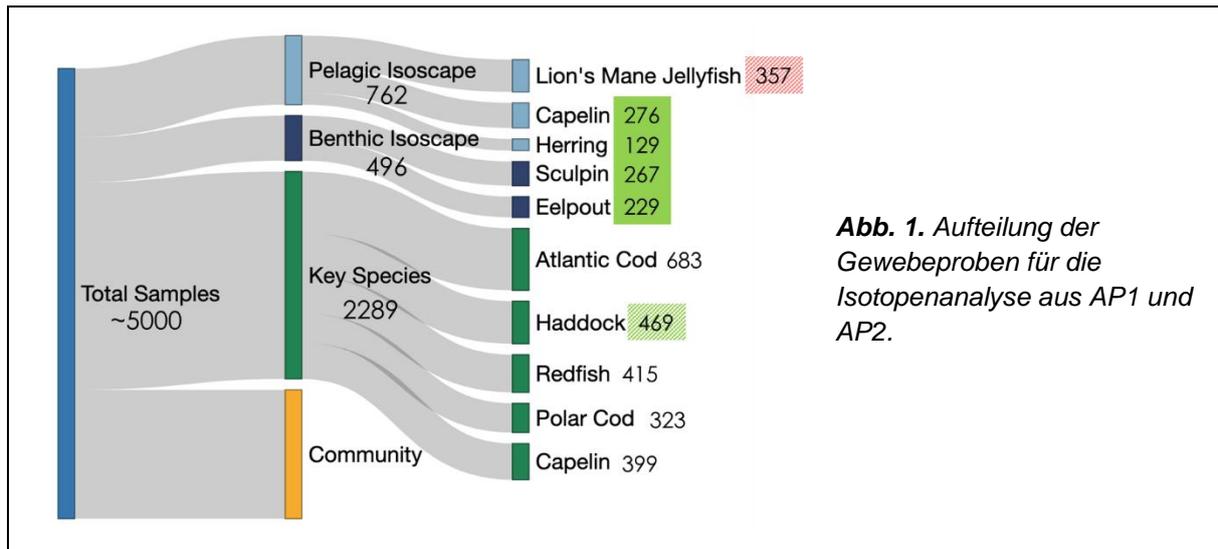


Abb. 1. Aufteilung der Gewebeprobe für die Isotopenanalyse aus AP1 und AP2.

Das Projekt Coldfish hat etwa 5.000 Gewebeprobe verschiedener Schlüsselfischarten und aus pelagischen und benthischen Lebensgemeinschaften aus der Barentssee gesammelt und im Isotopenlabor analysiert. Die Proben wurden 2019 auf vier Fahrtabschnitten des Surveys Barents Sea Ecosystem Survey (BESS) des Norwegian Institute for Marine Research (IMR) gewonnen (**Abb. 1**).

Durch die große Probenzahl war das Untersuchungsgebiet räumlich sehr gut repräsentiert. Dies ermöglichte es, die räumliche Variabilität der Isotopenzusammensetzung sowohl benthischer also auch pelagischer Fischgemeinschaften zu analysieren (**Abb. 2**). Mit statistischen Modellen wurden Isoscapes erstellt, die auf der räumlichen Variabilität der

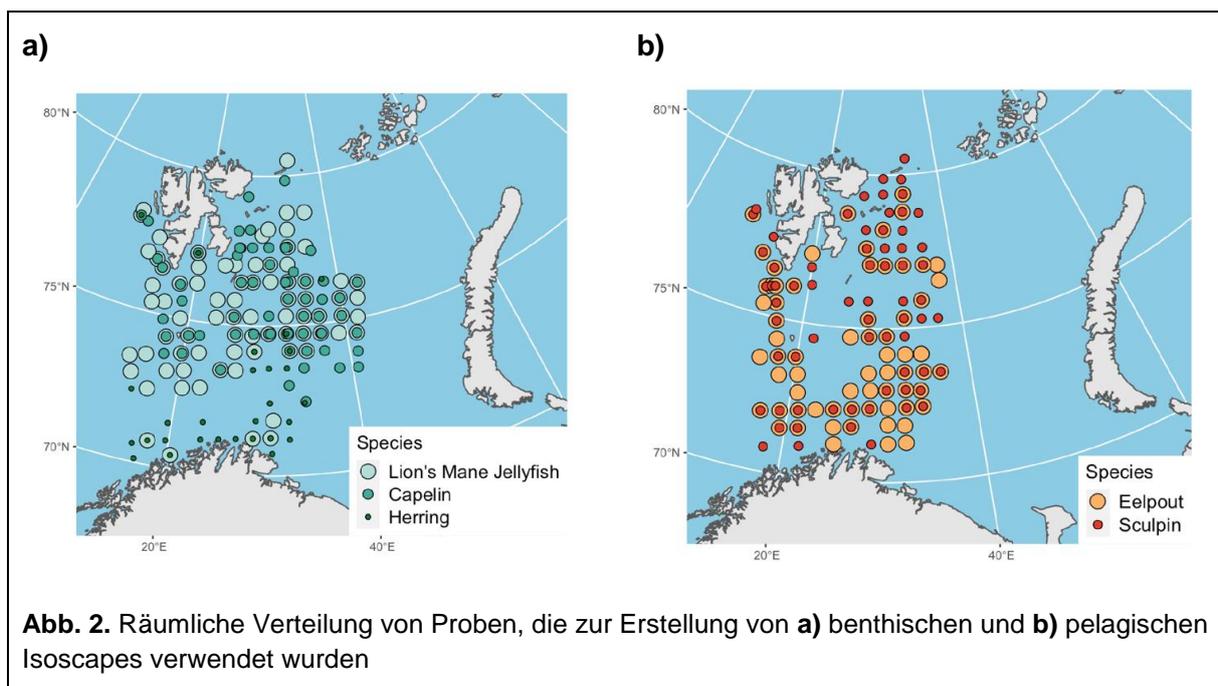


Abb. 2. Räumliche Verteilung von Proben, die zur Erstellung von **a)** benthischen und **b)** pelagischen Isoscapes verwendet wurden

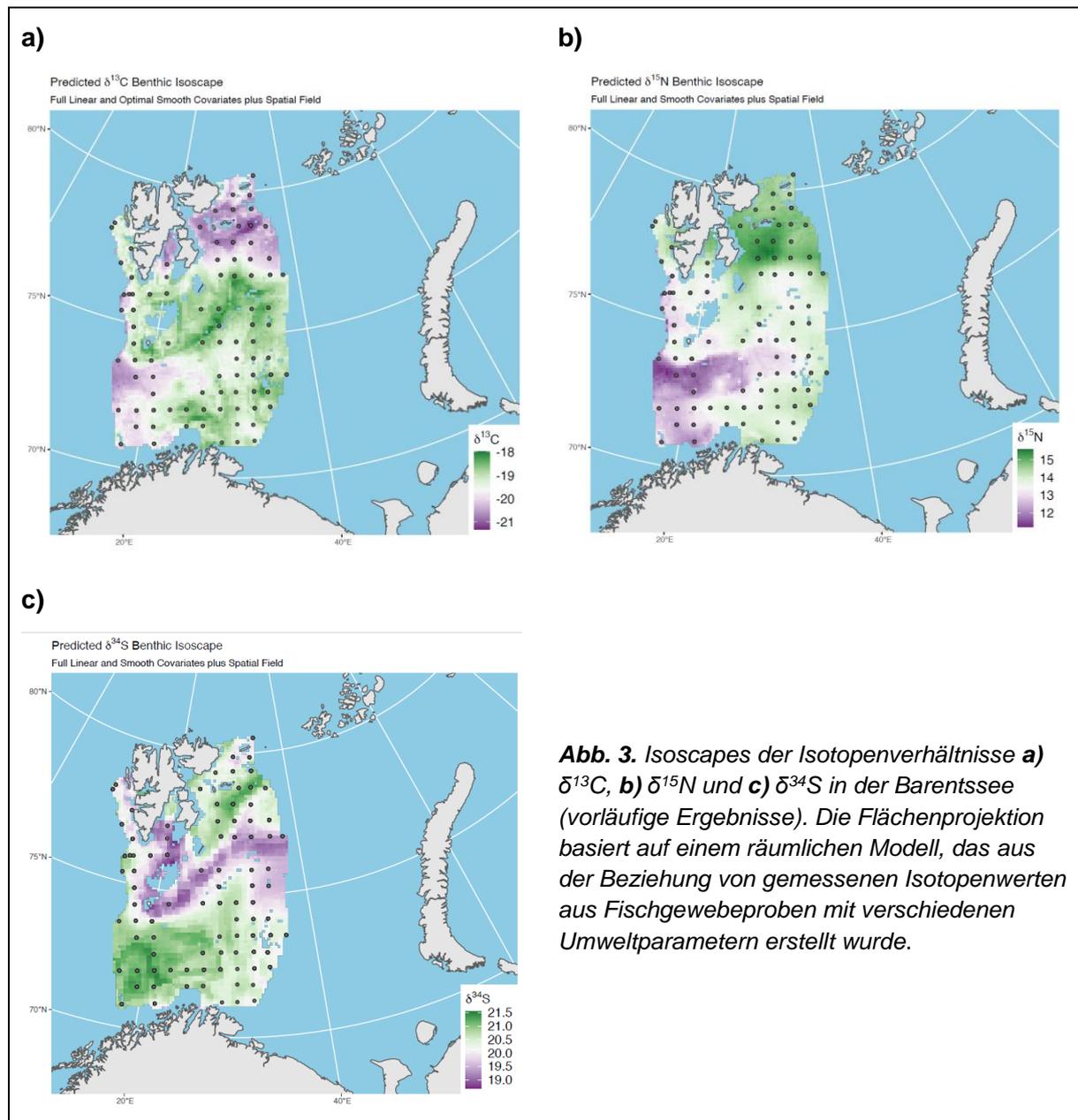


Abb. 3. Isoscapes der Isotopenverhältnisse **a)** $\delta^{13}\text{C}$, **b)** $\delta^{15}\text{N}$ und **c)** $\delta^{34}\text{S}$ in der Barentssee (vorläufige Ergebnisse). Die Flächenprojektion basiert auf einem räumlichen Modell, das aus der Beziehung von gemessenen Isotopenwerten aus Fischgewebeprobe mit verschiedenen Umweltparametern erstellt wurde.

Isotopenverhältnisse $\delta^{13}\text{C}$, $\delta^{15}\text{N}$ und $\delta^{34}\text{S}$ basieren. Die vorläufigen Ergebnisse zeigen, dass es in der Barentssee deutliche Signale atlantischer und arktischer Einflüsse gibt, die sich in allen drei untersuchten Isotopenverhältnissen widerspiegeln. So zeigten sich im arktisch beeinflussten Norden und im vom Atlantik beeinflussten Südosten deutlich niedrigere $\delta^{13}\text{C}$ -Signaturen als in anderen Teilen der Barentssee (**Abb. 3a**). Diese Muster könnten auf einen unterschiedlichen Lipidgehalt der Nahrungsquellen in den verschiedenen Regionen zurückzuführen sein. Im $\delta^{15}\text{N}$ -Isotopenverhältnis zeigte sich ein starker Gradient von niedrigen $\delta^{15}\text{N}$ -Werten im Einflussgebiet des Atlantik zu hohen Werten im arktischen Norden, der vermutlich mit dem Wassermassensignal des Atlantik zusammenhängt (**Abb. 3b**). Das $\delta^{34}\text{S}$ -Isotopenverhältnis war in der zentralen Barentssee, in der die Polarfront liegt, verarmt und spiegelt möglicherweise eine erhöhte biologische Aktivität im Benthos durch hohe Produktivität an der Oberfläche wider. (**Abb. 3c**).

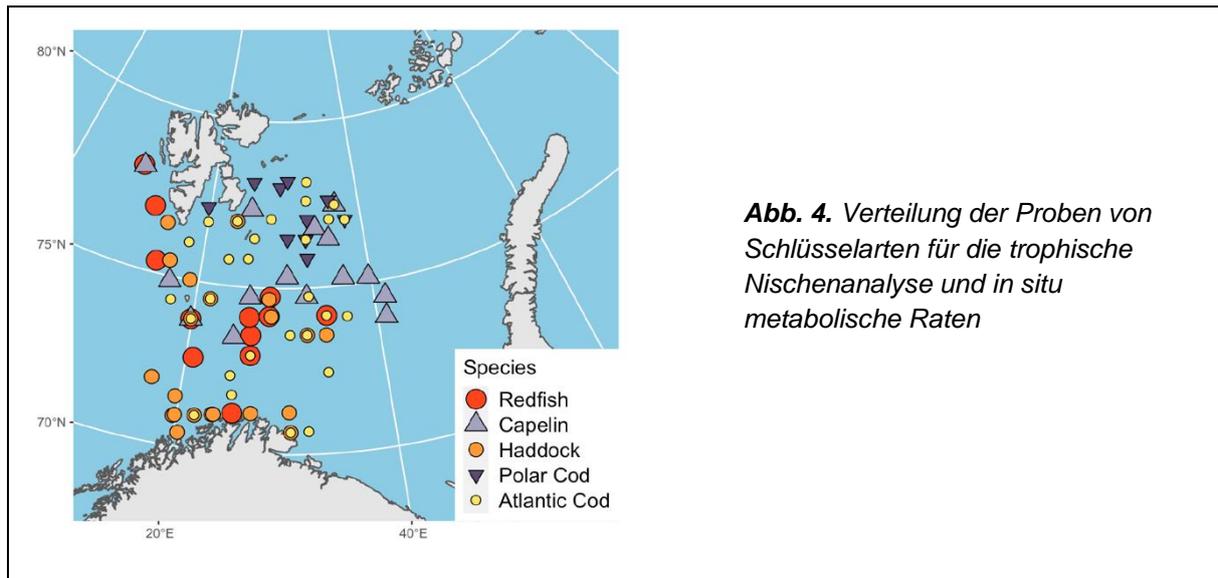
Während die Umsetzung von Nährstoffen durch pelagische und/oder mikrobielle Nahrungsnetze vergrößern sich die Isotopenabstände zwischen pelagischen und benthischen Konsumenten. Die in AP1 gewonnenen Daten ermöglichen es, die räumliche Variabilität der

benthisch-pelagischen Kopplung anhand der Abstände zwischen den Isoscapes der beiden Habitats zu analysieren. Mit dieser Analyse lässt sich ermitteln, wie die Stärke der benthisch-pelagischen Kopplung durch Faktoren wie die Dauer der Meereisbedeckung und den Anteil borealer Generalisten in der Fischgemeinschaft beeinflusst wird. Vorläufige Ergebnisse deuten darauf hin, dass sich Gebiete mit starker Kopplung in der südwestlichen Barentssee befinden, wo atlantisches Wasser und norwegische Küstenströmungen auf den Schelf der Barentssee treffen, sowie in flachen Gebieten mit Meereiseinfluss südöstlich von Svalbard. In einem nächsten Schritt werden wir die Isoscapes mit Simulationen aus kürzlich entwickelten Isotopenerweiterungen globaler biogeochemischer Modelle (NEMOMEDUSA17, PISCES27 und VIC28) vergleichen. Diskrepanzen zwischen Modell und gemessener Isotopenvariabilität können zur Optimierung der Modelle genutzt werden.

AP2

Isotopische Nischen von Schlüsselarten und Faktoren, die Veränderung befördern

Es wird erwartet, dass im marinen Ökosystem der zukünftigen Arktis die trophische Spezialisierung abnimmt. Arktische Spezialisten (z.B. Polardorsch) werden durch boreale Generalisten wie Kabeljau und Schellfisch verdrängt. Die trophischen Nischen benthischer und pelagischer Nahrungsnetze werden zunehmend überlappen. Stabile Isotope stellen ein zuverlässiges Werkzeug für die Quantifizierung der Ausdehnung trophischer Nischen dar, da die Isotopenzusammensetzung des Gewebes die gewichtete mittlere Zusammensetzung der aufgenommenen Nährstoffe widerspiegelt. In AP2 werden wir die trophischen Nischen borealer Fische (z.B. Kabeljau, Rotbarsch, Hering, Lodde) und arktischer Fische (z.B. Schwarzer Heilbutt und Polardorsch) unter Verwendung von Stickstoff- ($\delta^{15}\text{N}$), Kohlenstoff- ($\delta^{13}\text{C}$) und Schwefel- ($\delta^{34}\text{S}$) Isotopenzusammensetzungen des weißen Muskels ermitteln. Auf den BESS-Surveys wurden etwa 2.300 Gewebeproben von fünf Schlüsselarten gesammelt, die die Biomasse der Fischgemeinschaft in der Barentssee dominieren (**Abb. 1, 4**), sowie etwa 1300 Proben anderer Arten, um die Gemeinschaft vollständig zu erfassen. Durch Corona-bedingte Zugangsbeschränkungen zu den Laboren in den Jahren 2020 und 2021 kam es zu erheblichen Verzögerungen bei der Aufarbeitung und Analyse des Materials. Die letzten Proben werden z.Z. an der Universität Southampton analysiert. In einem nächsten Schritt werden wir mit diesen Daten die Beziehung von trophischer Nische und trophischer Redundanz mit Umweltparametern analysieren, die Plastizität der Nahrungsquellen verschiedener Fischarten untersuchen und die Unterschiede in den trophischen Energieflüssen bei wechselnder Zusammensetzung der Fischgemeinschaften in atlantischen, intermediären und arktischen Gebieten quantifizieren.



AP3

Physiologische und verhaltensbiologische Eigenheiten des heimischen Polardorsch und des einwandernden Kabeljau

Die Stoffwechselrate bestimmt den täglichen Energiebedarf von Individuen und hat eine große Bedeutung für das Verständnis von Verbreitungsmustern auf der Ebene von Populationen, Gemeinschaften und Ökosystemen. Die Kohlenstoff-Isotopenzusammensetzung des Otolithen-Aragonits variiert mit dem Anteil des gelösten Kohlenstoffs im Blut, der aus der Oxidation von organischem Kohlenstoff aus der Nahrung stammt, und damit mit der Geschwindigkeit des Sauerstoffverbrauchs in den Atemwegen. Sie lässt sich daher als Proxy für die *in situ*-Stoffwechselrate (‘field metabolic rate’, FMR) verwenden.

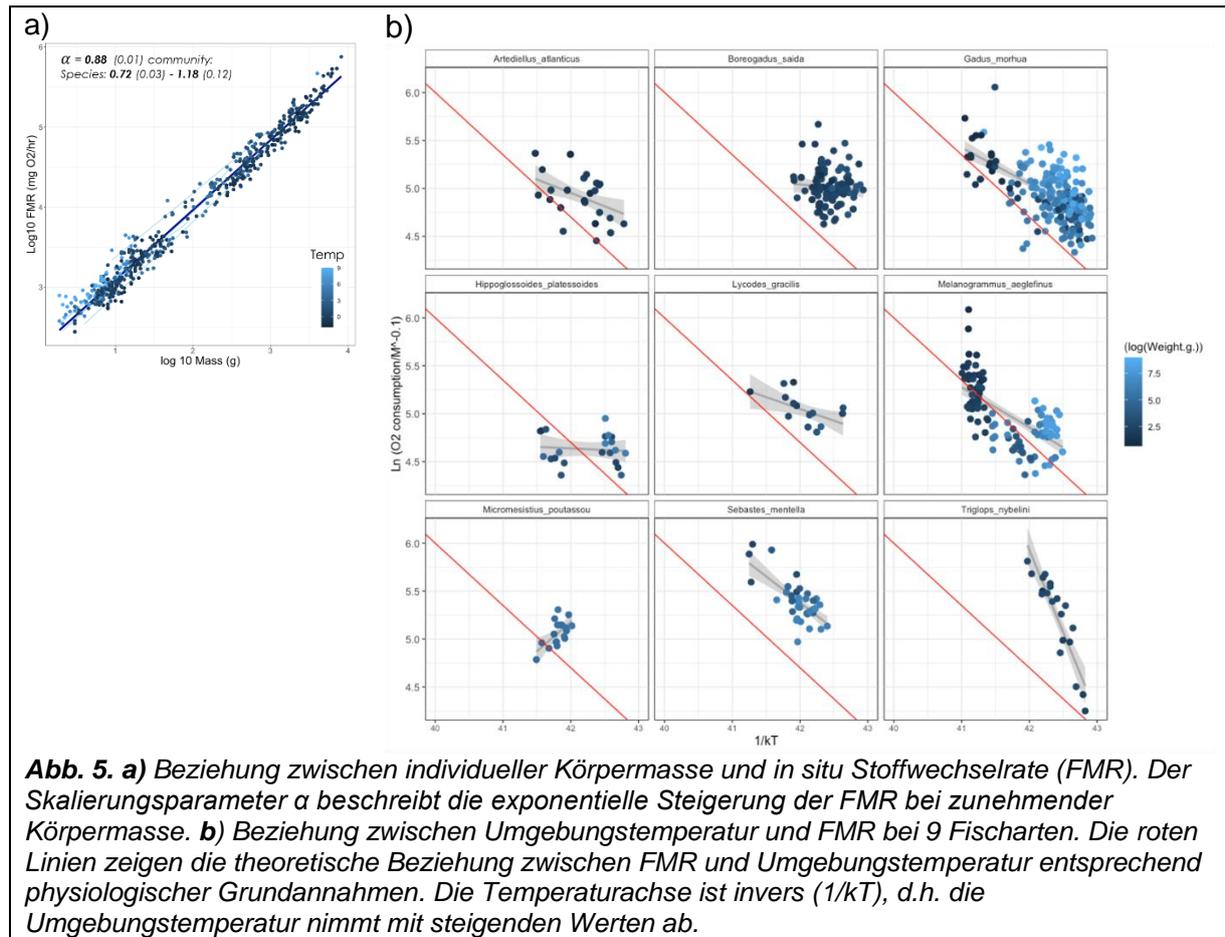
Wir haben diese neu entwickelte Methode angewandt, um die Stoffwechselrate und die erfahrene Temperatur anhand der stabilen Isotopenzusammensetzung ($\delta^{13}\text{C}$) und $\delta^{18}\text{O}$) der Otolithen von 300 einzelnen Fischen aus 9 Arten in der Barentssee zu ermitteln. Ökosystemmodelle ermitteln die Biomasse von Fischbeständen als Funktion der Abhängigkeit der Stoffwechselrate von sowohl der Körpermasse als auch der Umgebungstemperatur:

$$B = B_0 M^\alpha e^{\frac{-E_a}{kT}}$$

[B =Biomasse; B_0 =Ursprungsbiomasse; M =individuelle Körpermasse; α =Massenskalierung; $\frac{-E_a}{kT}$ =Temperaturskalierung]

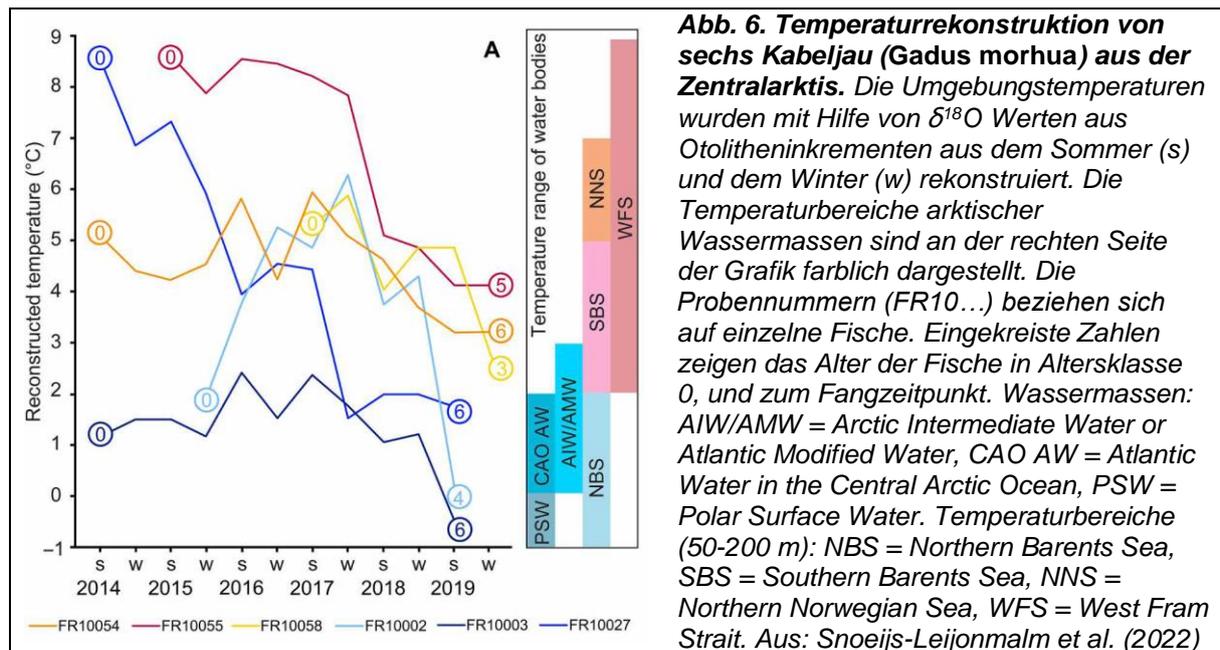
Erste Ergebnisse zeigen, dass sich die Stoffwechselrate bei den untersuchten Arten in weitgehend gleicher Rate mit der Körpermasse erhöht. Allerdings zeigt sich, dass der artübergreifende Massenskalierungsparameter $\alpha=0.88$ deutlich über dem in den meisten Modellen benutzten Wert von 0.66-0.75 liegt (**Abb. 5a**).

Die vorläufigen Ergebnisse zeigen eine gewisse interspezifische Variabilität in der Temperaturabhängigkeit der FMR. Bei einigen Arten (z.B. Polardorsch, Heilbutt) ändert sich die FMR nur wenig mit sinkender Temperatur, bei anderen (z.B. Triglops nybelini, Kabeljau) sinkt sie deutlich ab (**Abb. 5b**). Auffällig ist, dass der kaltangepasste Polardorsch auch bei niedrigen Temperaturen noch hohe FMR-Werte aufweist. Nur beim Kabeljau sind sie im



unteren Temperaturbereich ähnlich hoch, während sie zum Beispiel beim Schellfisch deutlich darunter liegen (**Abb. 5b**). Dies könnte darauf hindeuten, dass sich die Ozeanerwärmung unterschiedlich auf den Energiebedarf der einzelnen Fischarten auswirkt, und so auch zukünftige Verbreitungsmuster beeinflusst. So scheint der Kabeljau physiologisch gut in der Lage zu sein, das heutige Habitat des Polardorsches zu nutzen, während kältere Temperaturen der Nordausbreitung des Schellfisches eine physiologische Grenze setzen.

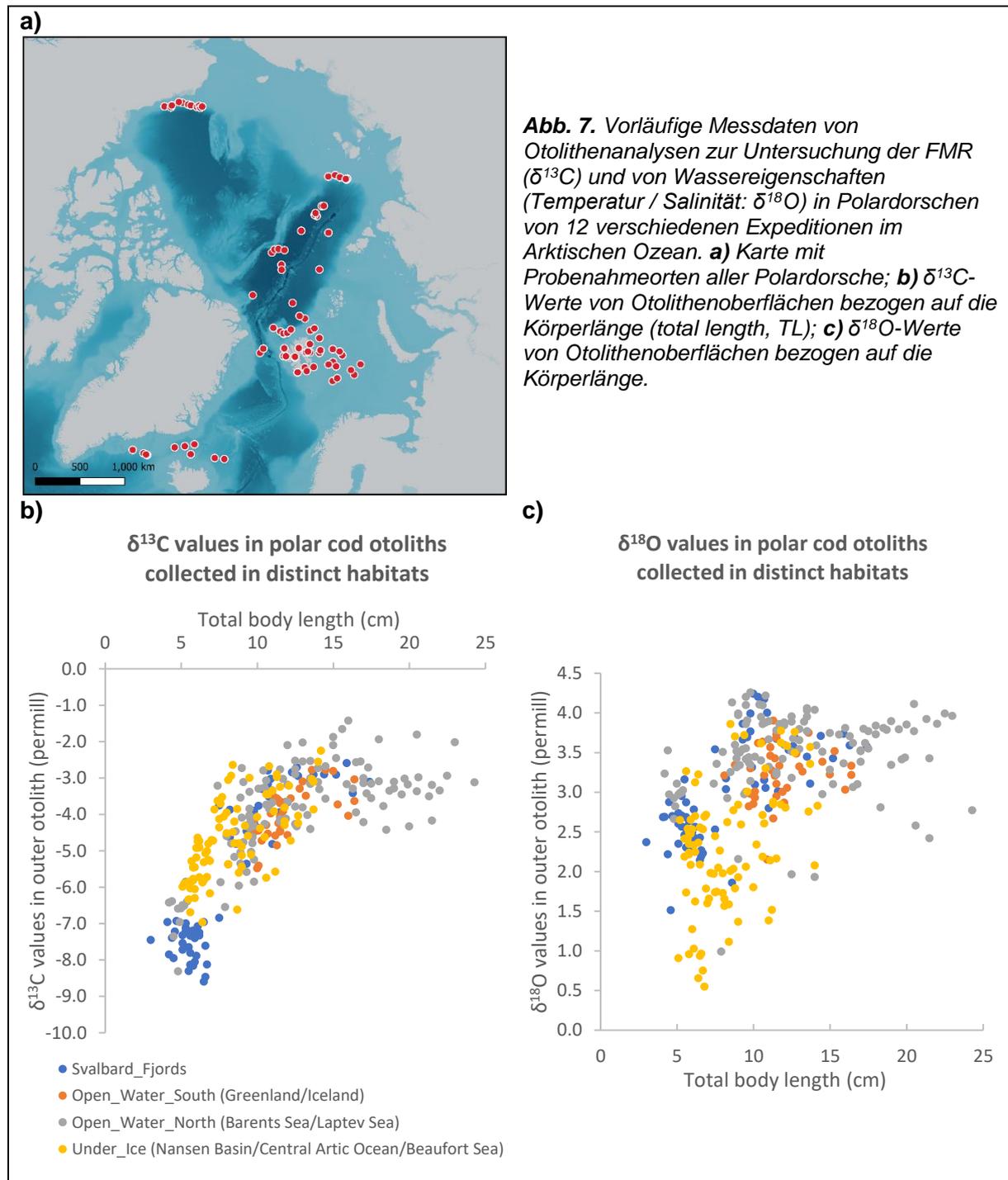
Zu dieser Schlussfolgerung passen die Ergebnisse einer Studie mit Daten der MOSAiC Expedition, an der Coldfish maßgeblich beteiligt war (Snoeijs-Leijonmalm et al. 2022). In dieser Arbeit weisen wir erstmalig nach, dass der atlantische Kabeljau, aber auch der Kalmar *Gonatus fabricii* deutlich weiter in das Arktische Becken vordringen als bisher angenommen. Wir konnten mit Temperaturrekonstruktionen die möglichen Migrationswege des Kabeljaus in die Zentralarktis aufzeigen (**Abb. 6**). Schellfische wurden nur im wärmeren atlantischen Einstromgebiet des arktischen Ozeans angetroffen (Snoeijs-Leijonmalm et al. 2022). Unsere Temperaturrekonstruktionen zeigen, dass sie nicht in kälteres arktisches Wasser vordringen (K. Vane, unveröff. Daten). Mit der ersten Bestimmung relativer Stoffwechselraten von gemeinsam vorkommenden Fischarten in der Arktis bringen wir neue Daten in laufende Debatten über den Einfluss von Temperaturveränderungen auf die Verbreitung und Resilienz von Fischen ein. Die ersten Ergebnisse haben die Erwartungen des ursprünglichen Coldfish-Konzepts übertroffen. Wir haben die Zusammenarbeit mit den IMR-Partnern vertieft, um die Auswirkungen unserer Ergebnisse im Hinblick auf Fischereiprojektionen und Ökosystemmodellierung zu untersuchen. Die erzielten Ergebnisse und methodischen Fortschritte werden in weitere Publikationen aus der MOSAiC-Expedition und aus anderen Projekten wie dem European Fish Inventory of the Central Arctic Ocean (EFICA) einfließen.



Die Nutzung des Lebensraums unter dem Eis durch junge Polardorsche ist ein einzigartiges Verhaltensmerkmal, das den Polardorsch von potenziellen neuen Konkurrenten unterscheidet (David et al. 2016). Die Meereisdrift könnte als Vektor fungieren, der den genetischen Austausch zwischen den Küstenpopulationen ermöglicht und zu ihrer Rekrutierung beiträgt. Ein weiterer Rückgang der Ausdehnung und Dauer des Meereises kann daher den genetischen Austausch, das Überleben von Jungfischen und die Rekrutierung von Schelfpopulationen beeinträchtigen. Ein besseres Verständnis der Bedeutung des Meereishabitats für den Polardorsch ist eine entscheidende Voraussetzung für realistische Prognosen über die Auswirkungen des Meereisrückgangs auf die zukünftige Bestandsentwicklung. Coldfish hat es sich zum Ziel gesetzt, die Bedeutung der Meereisdrift und eine damit zusammenhängende Nutzung eisassoziierter Nahrungsquellen durch Polardorsche anhand von Proxys aus Otolithen zu untersuchen.

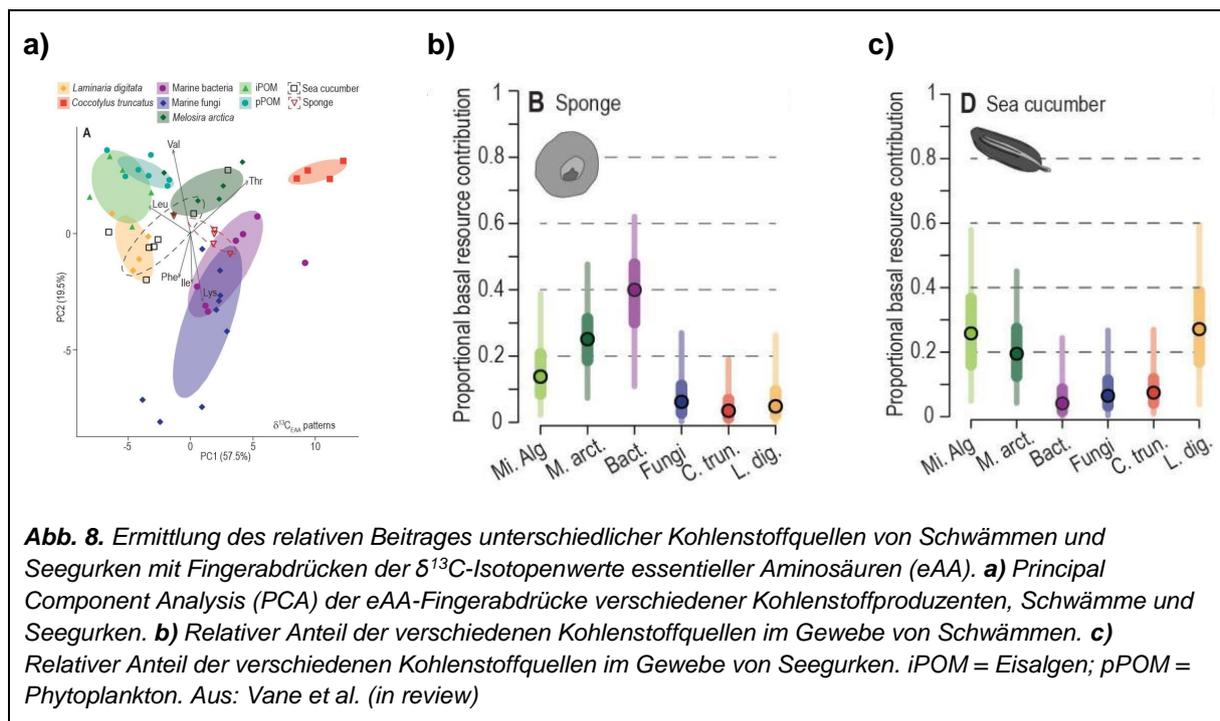
Wir haben Messungen des Temperatur- und Salinitätsproxys $\delta^{18}\text{O}$ sowie die *in situ* Stoffwechselrate (FMR) anhand von $\delta^{13}\text{C}$ -Werten durchgeführt. Um die räumliche und zeitliche Variabilität der beiden Proxys abzubilden, haben wir Polardorsch-Otolithenoberflächen von 12 Expeditionen zwischen 2012 und 2021 analysiert, die aus der Zentralarktis, dem nordamerikanischen, europäischen und dem sibirischen Schelfgebiet stammten (**Abb. 7a**). Die ersten Ergebnisse (Rohdaten) zeigen eine einheitliche Größenabhängigkeit des FMR-Proxys $\delta^{13}\text{C}$ (**Abb. 7b**). Dies ist ein erster Hinweis, dass die FMR im Verhältnis zur Körpergröße bei allen Polardorschen ähnlich verhält und unabhängig ist von dem Habitat oder der biogeographischen Region. Beim Temperatur- und Salinitätsproxy $\delta^{18}\text{O}$ liegen die Werte der meisten im Untereis-Habitat gefangenen Polardorsche deutlich unterhalb von im offenen Wasser gefangenen Tieren (**Abb. 7c**). Diese ersten Daten legen nahe, dass sich der $\delta^{18}\text{O}$ -Wert hervorragend als Proxy für das Untereis-Habitat anwenden lassen könnte. Mit dem $\delta^{18}\text{O}$ -Proxy können wir die Nutzung des Untereishabitats über den Lebenszyklus von Polardorschen anhand von Analysen aus Otolithen-Inkrementen quantifizieren, und so eine Wissenslücke schließen, die kritisch ist für die Abschätzung der Resilienz des Polardorschbestandes gegen den Meereisrückgang. In einem Kooperationsprojekt mit der katholischen Universität Leuven (Belgien) konnten wir die Populationsgenetik sämtlicher Polardorsche, aus denen die hier analysierten Otolithen stammen, analysieren (Maes et al. 2021; Maes 2022). Die daraus abgeleitete geographische Verteilung von Unterpulationen wird in Kombination mit unseren

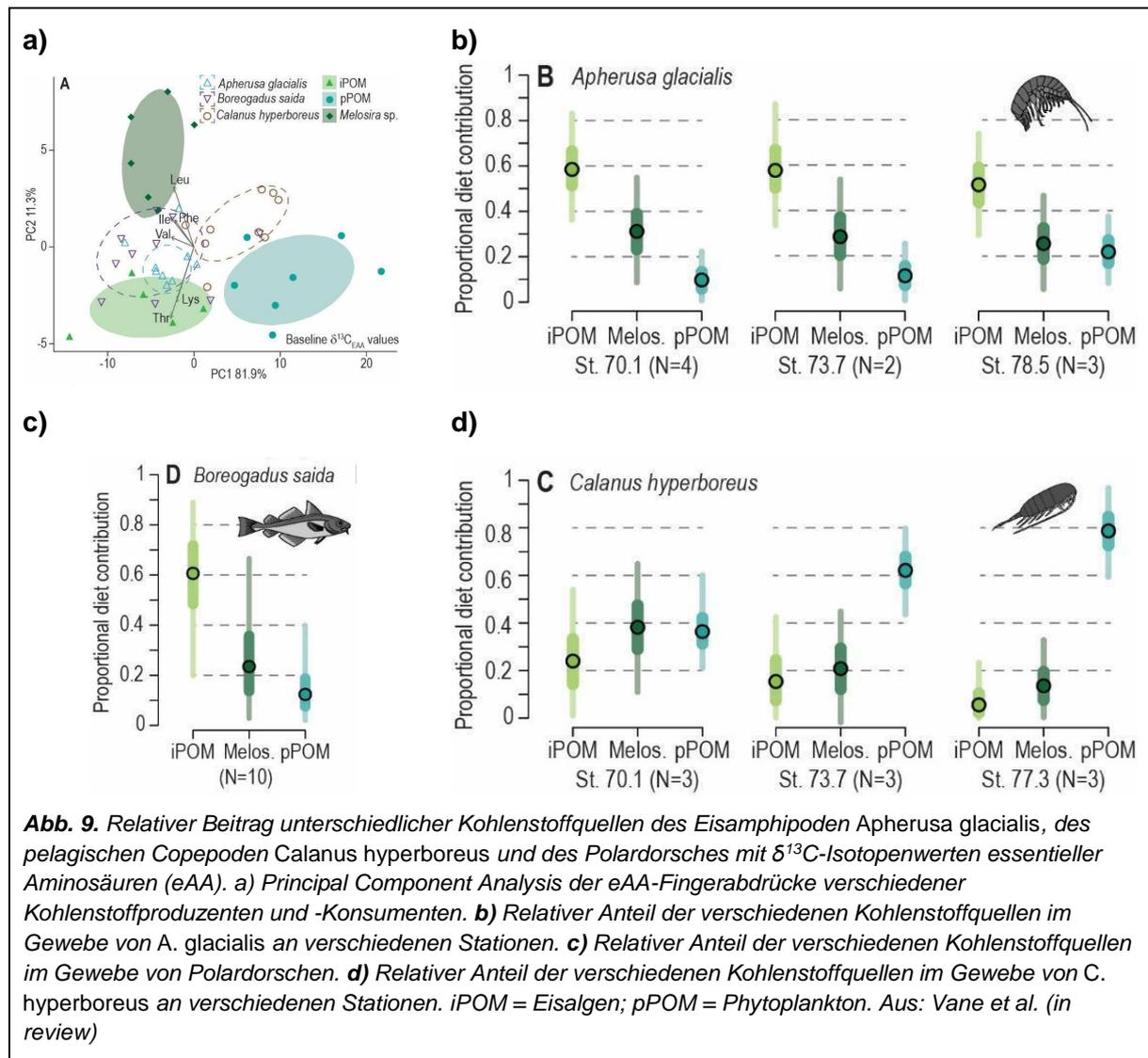
Temperaturrekonstruktionen, hydrographischen Daten und Eisdriftmodellen die Ermittlung von Migrationswegen durch den arktischen Ozean ermöglichen. Polardorsche decken während des Aufenthalts im Untereis-Habitat einen Großteil ihres Kohlenstoffbedarfs aus eisassoziierten Nahrungsquellen (Kohlbach et al. 2017). Coldfish hat eine neue Methode zur Unterscheidung eisassoziiertes und pelagischer Kohlenstoffquellen auf der Grundlage von $\delta^{13}\text{C}$ -Messungen essentieller Aminosäuren entwickelt (eAA-CSIA). Aminosäuren bilden Proteine, die im Otolithen sequenziell abgelagert werden und über lange Zeiträume erhalten bleiben. So bilden sie einen exzellenten Proxy, mit dem sich die relative Nutzung unterschiedlicher Kohlenstoffquellen während des Lebenszyklus von Polardorschen sowie über lange Zeiträume quantifizieren lässt.



Wir haben das Potenzial von $\delta^{13}\text{C}$ -Werten essenzieller Aminosäuren (eAA- $\delta^{13}\text{C}$) zur Quantifizierung der relativen Nutzung verschiedener Kohlenstoffquellen durch Polardorsche sowie Organismen aus dem Untereis-Habitat (*Apherusa glacialis*), dem pelagischen (*Calanus hyperboreus*) und dem benthischen Lebensraum (Schwämme, Seegurken) untersucht. Es wurden zwei Ansätze verwendet: eAA- $\delta^{13}\text{C}$ -Basiswerte, d. h. die direkt gemessenen ressourcenspezifischen eAA- $\delta^{13}\text{C}$ -Werte, und eAA- $\delta^{13}\text{C}$ -Fingerabdrücke oder mittelwertzentrierte eAA- $\delta^{13}\text{C}$ -Basiswerte. Für die Ermittlung der relativen Beiträge unterschiedlicher Kohlenstoffquellen im Gewebe von Konsumenten wurden neueste Bayesianische Isotopenmodelle weiterentwickelt. Die Untereisalge *Melosira arctica* war bei allen untersuchten Organismen eine wichtige Kohlenstoffquelle (**Abb. 8, 9**). Dies deutet darauf hin, dass ihre Rolle in den arktischen Nahrungsnetzen größer ist als bisher angenommen.

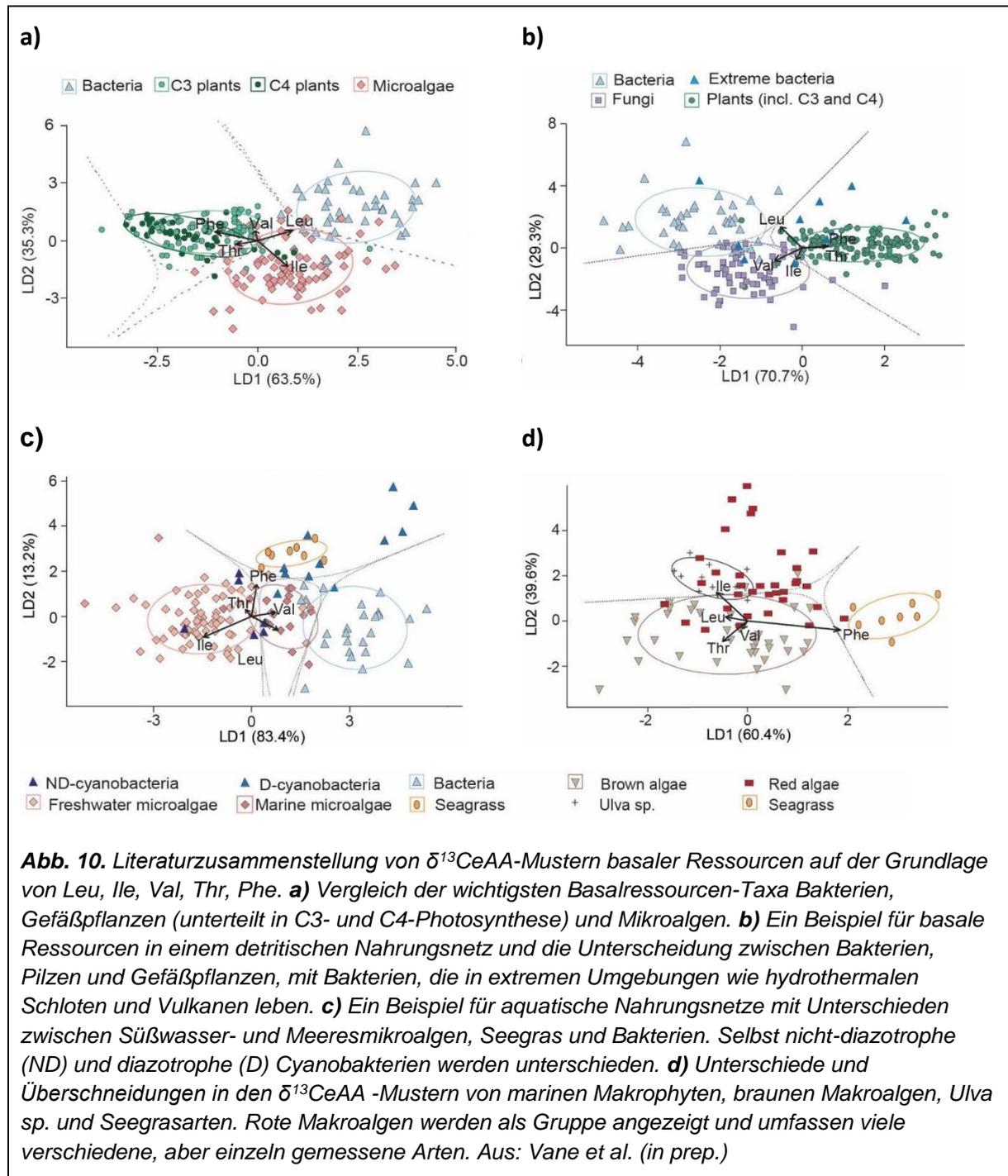
Darüber hinaus konnten eAA- $\delta^{13}\text{C}$ -Fingerabdrücke aus Schwämmen eindeutig zu algenassoziierten Bakterien zurückverfolgt werden (**Abb. 8b**). Makroalgen waren eine wichtige Kohlenstoffquelle für Seegurken (**Abb. 8c**). Die relative Bedeutung von Eisalgen und Phytoplankton bei *A. glacialis*, *C. hyperboreus* und Polardorsch konnte nur anhand der eAA- $\delta^{13}\text{C}$ -Basiswerte quantifiziert werden (**Abb. 9**). Dabei zeigte sich, dass der Eisamphipode *A. glacialis* und Polardorsche zu einem hohen Maß von Eisalgen-produziertem Kohlenstoff abhängen (**Abb. 9b, c**), während der pelagische Copepode *C. hyperboreus* überwiegend pelagisch produzierten Kohlenstoff aufnimmt (**Abb. 9d**). Diese Arbeit befindet sich z.Z. in der Begutachtung bei *Limnology and Oceanography*.





Coldfish demonstriert mit dieser Studie zum ersten Mal die Anwendbarkeit der Analyse von Isotopenwerten essentieller Aminosäuren für Nahrungsnetzstudien in der Arktis. Die Methode kann nicht nur den Kohlenstoff im Nahrungsnetz zu den beiden Produzentengemeinschaften Eisalgen und Phytoplankton zurückverfolgen, sondern erlaubt auch zum ersten Mal die Unterscheidung zwischen der Untereisalge *Melosira arctica* und anderen Kohlenstoffquellen wie Bakterien. Dies war bisher mit keiner anderen Methode möglich.

Die Anwendung der $\delta^{13}C$ -Isotopenanalyse essentieller Aminosäuren befindet sich z.Z. in einer dynamischen Entwicklung. Diese Methode erlaubt erstmals auch die Analyse des Beitrages verschiedener Kohlenstoffquellen in Ökosystemen anhand biologischer Zeitarchive wie Knochen, Federn und Otolithen. Um die verschiedenen methodischen Ansätze vergleichen zu können und kritisch zu beurteilen, hat Frau Vane eine Übersichtsarbeit zur Anwendung der stabilen Isotopenanalyse essenzieller Aminosäuren in verschiedenen Fachdisziplinen wie Archäologie, Ernährungswissenschaften und Ökologie initiiert (**Abb. 10**). Sie legt die theoretische Grundlage für die Ergebnisse der Aminosäureanalysen aus AP2 und AP3.



2. Wichtigste Positionen des zahlenmässigen Nachweises

Der größte Teil des Geldes wurde für Personalkosten für die Stelle von Dr. Kim Vane verwendet. Die Reisekosten wurden für die Teilnahme an den BESS Surveys in der Barentssee (2019), für eAA-CSIA Messkampagnen an der Universität Southampton (2019, 2020), sowie für diverse Workshops, Projekttreffen und internationale Konferenzen verwendet (z.B. Changing Arctic Ocean, Potsdam 2020; 12th International Conference on the Applications of Stable Isotopes to Ecological Studies, Österreich 2022).

3. Notwendigkeit und Angemessenheit der geleisteten Arbeit

Alle in diesem Teilvorhaben geleisteten Arbeiten war notwendig um das Vorhaben zum Erfolg zu führen. Die aufgewandte Arbeitsleistung war dabei dem Ziel angemessen.

4. Voraussichtlicher Nutzen, insbesondere Verwertbarkeit der Ergebnisse im Sinne des fortgeschriebenen Verwertungsplans

Die Ergebnisse des Projektes wurden durch Dr. Flores in internationale Gremien (ICES, CBMP-Marine, PSCG) eingebracht. Die Erkenntnisse zu Migrationen von Kabeljau und Polardorsch im arktischen Ozean sowie zu deren Kohlenstoffquellen sind bedeutsam für die Entwicklung von Monitoring und Management-Plänen im Rahmen des Agreement to Prevent Unregulated High Seas Fisheries in the Central Arctic Ocean sowie für die ICES-Working Group for an Integrated Ecosystem Assessment of the Central Arctic Ocean (WG-ICA). Die durch Coldfish entwickelte Methodik zu Analyse arktischer Fischotolithen konnte direkt durch das im Auftrag der Europäischen Kommission durchgeführte Projekt EFICA (European Fish Inventory of the Central Arctic Ocean) genutzt werden, und hat zu einer ersten gemeinsamen Publikation geführt (Snoeijs-Leijonmalm et al. 2022). Mit der Entwicklung der komponentenspezifischen Isotopenanalyse von essenziellen Aminosäuren wird eine Methode etabliert, die potenziell weitreichende Anwendungen in Ökosystemstudien in polaren Ökosystemen und darüber hinaus eröffnet. Anders als vergleichbare herkömmliche Methoden wie Highly Branched Isoprenoids (z.B. IP25) und komponentenspezifischer Isotopenanalyse von Fettsäuren, kann die in Coldfish entwickelte Methode auch benutzt werden um Zeitreihenanalysen durchzuführen. In einem möglichen Anschlussprojekt ließe sich diese Methode konsolidieren und ihre Anwendbarkeit deutlich ausweiten, insbesondere auf historisches Probenmaterial. So wurden z.B. im Rahmen des EU-Projektes EFICA erstmalig Otolithen aus arktischen Sedimentkernen gesammelt, die eine solche historische Analyse bis zurück in die letzte Eiszeit ermöglichen. Unsere Studien zu Migrationsbewegungen von Kabeljau und Polardorsch in der Barentssee und bis in die Zentralarktis bilden einen wichtigen Baustein zur dringend erforderlichen Erforschung der Fischbestände im arktischen Ozean. In Kombination mit anderen Neuentwicklungen aus dem Changing Arctic Ocean Programm, wie z.B. der autonomen Zooplankton- und Fisch-Boje aus dem Projekt EcoLight, ließe sich in einem Folgeprojekt ein intelligentes Konzept zum Monitoring arktischer Fischbestände in unzugänglichen Gebieten entwickeln. Ein solches Konzept würde direkt auf Anforderungen aus internationalen Abkommen einspielen, wie dem Agreement to Prevent Unregulated High Seas Fisheries in the Central Arctic Ocean, das die EU unterzeichnet hat.

5. Während der Durchführung des Vorhabens dem ZE bekannt gewordene Fortschritte auf dem Gebiet des Vorhabens bei anderen Stellen

Es sind keine Fortschritte auf dem Gebiet des Vorhabens bei anderen Stellen während der Durchführung bekannt geworden.

6. Erfolgte oder geplante Veröffentlichungen des Ergebnisses nach Nr. 5 der NKBF

Das Projekt Coldfish hat zu folgenden Präsentationen auf Konferenzen/Workshops beigetragen:

* Vortragende Person, Autorenschaften von Coldfish-Forschenden **fett** hervorgehoben

- Trueman, C.*** Alewijnse, S. **Vane, K., Cobain, M.R.D., Flores, H., Polunin, N.V.C.** (2022) *Body size scaling of field metabolic rates in marine fishes*. SEB, France, July 2022
- Trueman, C.***, Alewijnse, S., Jones, J., Cooper, N., Crimmen, O. (2022) *Variation in field metabolic rates of wild marine fishes: thermal, ontogenetic, phylogenetic and macroecological drivers*. SEB, France, July 2022
- Trueman, C.***, Alewijnse, S., Cooper, N., Crimmen, O., Chung, M-T., Jones, J. (2022) *Field metabolic rates of wild marine fishes: reviewing old questions with new data*. SEB, France, July 2022
- Vane, K.***, **Cobain, M.R.D., Trueman, C.**, Vonnahme, T., Rokitta, S., **Polunin, N.V.C., Flores, H.** (2022) *Tracing basal resource use across sea-ice, pelagic, and benthic habitats in the early Arctic spring food web with essential amino acid carbon isotopes*. The 12th International Conference on the Applications of Stable Isotopes to Ecological Studies, Gaming, Austria, 6 June 2022 - 11 June 2022
- Cobain, M.R.D.***, **Vane, K.**; Maes, S., Assmann, K.M., Magozzi, S. MacKenzie, K.M., Jackson, A.L., **Flores, H., Polunin, N.V.C., Trueman, C.N.** (2022) *Using dual isoscapes to determine the spatial variability in benthic-pelagic coupling across the Barents Sea ecosystem*. The 12th International Conference on the Applications of Stable Isotopes to Ecological Studies, Gaming, Austria, 6 June 2022 - 11 June 2022
- Trueman, C.***, Chung, M.-T., Jones, J., Alewijnse, S. Gronkjaer, P. Vane, K., Godiksen, J., **Cobain, M.R.D., Flores, H., Polunin, N.V.C.**, Faile, I., Rooker, J., van Denderen, D., Andersen, K., Sivankutty, R. (2022) *Thermal sensitivities of field metabolic rates in aquatic ectotherms: implications for fish and fisheries in future oceans*. The 12th International Conference on the Applications of Stable Isotopes to Ecological Studies, Gaming, Austria, 6 June 2022 - 11 June 2022
- Polunin, N.V.C., Trueman, C., Flores, H., Vane, K.***, **Cobain, M.R.D.*** (2021) *Coldfish*. Changing Arctic Ocean final conference, London, 2 December 2021
- Flores, H.***, Ashijan, C., Campbell, R. G., Castellani, G., Fong, A., Gardner, J., Gelfman, C., Graeve, M., Havermans, C., Hildebrandt, N., Murray, A., Niehoff, B., Pantiukhin, D., Schaafsma, F., Schmidt, K., Snoeijs-Leijonmalm, P., Shoemaker, K., Sakinan, S., Svenson, A. (2021) *New findings on zooplankton and fish in the Central Arctic Ocean*. ArcticNet, Ottawa, 2021
- Polunin, N.V.C.***, **Trueman, C.***, **Flores, H.***, **Cobain, M.R.D.***, **Vane, K.*** (2020) *Coldfish overview, objectives and first results* (5 mini talks). Coldfish Virtual Annual Meeting, 18-19 November 2020
- Vane, K.** (2020) Identifying Arctic resource utilization across time and space with $\delta^{13}\text{C}$ values of essential amino acids. Sea-Ice Seminar. AWI, Bremerhaven, 17 November 2020
- Cobain, M.R.D.***, **Vane, K., Polunin, N.V.C. , Trueman, C. , Flores, H.** (2019) *Changing Arctic Ocean - The Coldfish Project*. CryoNE Science Meeting, Newcastle, 10 December 2019
- Cobain, M.R.D.***, **Vane, K., Polunin, N.V.C. , Trueman, C., Flores, H.** (2019) *The Coldfish Project: Why were there strange people on the BESS this year?* Institute of Marine Research invited seminar, Bergen, Norway, 13 November 2019
- Cobain, M.R.D.*** (2019) *Changing Arctic Ocean: Coldfish*. ARCTIS research presentation, Kola Science Centre, Apatity, Russia, 17-23 February 2019
- Flores, H.***, Snoeijs-Leijonmalm, P., EFICA consortium (2020) *Gap analysis of knowledge on ecosystem, fish populations and fisheries in the CAO*. 1st meeting of the Provisional Scientific Coordinating Group (PSCG) of the Agreement to Prevent Unregulated High Seas Fisheries in the Central Arctic Ocean, Ispra, Italy, 11 February 2020 - 13 February 2020

- Polunin, N.V.C., Trueman, C., Flores, H., Cobain, M.R.D.*, Vane, K.*** (2020) *Coldfish Project Update*. Changing Arctic Ocean Annual Science Meeting, Potsdam, 14-16 January 2020
- Vane, K., Flores, H.** (2020) *Identifying primary resource utilization by Arctic marine organisms with amino acid isotopes*. Changing Arctic Ocean Annual Science Meeting, Potsdam, 14-16 January 2020
- Trueman, C.*, Polunin, N.V.C., Flores, H.** (2019) *Coldfish Aims and Objectives*. Changing Arctic Ocean Annual Science Meeting, Birmingham, 15-17 January 2019
- Trueman, C.*, Polunin, N.V.C., Flores, H.** (2018) *Coldfish Aims and Objectives*. Institute for Marine Research, Tromsø, December 2018
- Flores, H.***, Castellani, G., Schaafsma, F., Lange, B., Ehrlich, J., **Vane, K.**, Fey, B., Kühn, S., Bravo-Rebolledo, E., van Dorssen, M., Meijboom, A., van Franeker, J. A., Kunisch, E., Knüppel, N., Nicolaus, M., Katlein, C., Krumpfen, T., Peeken, I., Koschnick, N., Steffen, J., Lucassen, M., Sulanke, E., Niehoff, B., Hildebrandt, N., Doble, M., Wollenburg, J. (2018) *Where was all the fish? Sea-ice fauna, polar cod and all the rest during PS 106*. SynArc workshop, Delmenhorst, Germany, 2018
- Polunin, N.V.C.*, Trueman, C.***, Waite, A., **Flores, H.** (2018) *Coldfish - potential benefits and risks of borealisation for fish stocks and ecosystems in a changing Arctic Ocean*. Changing Arctic Ocean Integration Meeting, London, 17 April 2018

Das Projekt Coldfish hat zu folgenden Veröffentlichungen beigetragen:

Veröffentlicht bzw. eingereicht

- Vane, K., Cobain, M.R.D., Trueman, C.N.**, Vonnahme, T.R., Rokitta, S., **Polunin, N.V.C., Flores, H.** (in review) *Tracing basal resource use across sea-ice, pelagic, and benthic habitats in the early Arctic spring food web with essential amino acid carbon isotopes*. Limnology & Oceanography (subm. 19.03.2022)
- Maes, S.M. (2022) Population genomics and trophic ecology of polar cod (*Boreogadus saida*) in a changing Arctic Ocean. PhD thesis. Catholic University of Leuven, Leuven
- Snoeijs-Leijonmalm, P., **Flores, H.**, Sakinan, S., Hildebrandt, N., Svenson, A., Castellani, G., **Vane, K.**, Mark, F. C., Heuzé, C., Tippenhauer, S., Niehoff, B., Hjelm, J., Sundberg, J. H., Schaafsma, F., Engelman, R., EFICA-MOSAIC Team (2022) *Unexpected fish and squid in the central Arctic deep scattering layer*. Science Advances, 8 (7) doi:10.1126/sciadv.abj7536
- Steiner, N. S., Bowman, J., Campbell, K., Chierici, M., Eronen-Rasimus, E., Falardeau, M., **Flores, H.**, Fransson, A., Herr, H., Insley, S. J., Kauko, H. M., Lannuzel, D., Loseto, L., Lynnes, A., Majewski, A., Meiners, K. M., Miller, L. A., Michel, L. N., Moreau, S., Nacke, M., Nomura, D., Tedesco, L., van Franeker, J. A., van Leeuwe, M. A., Wongpan, P. (2021) *Climate change impacts on sea-ice ecosystems and associated ecosystem services*. Elementa: Science of the Anthropocene, 9 (1) doi:10.1525/elementa.2021.00007
- Maes, S., Christiansen, H., Mark, F. C., Lucassen, M., Van de Putte, A. P., Volckaert, F., **Flores, H.** (2021) *High gene flow in polar cod (Boreogadus saida) from West-Svalbard and the Eurasian Basin*. Journal of Fish Biology. doi:10.1111/jfb.14697
- Priou, P., Nikolopoulos, A., **Flores, H.**, Gradinger, R., Kunisch, E., Katlein, C., Castellani, G., Linders, T., Berge, J., Fisher, J., Geoffroy, M. (2021) *Dense mesopelagic sound scattering layer and vertical segregation of pelagic organisms at the Arctic-Atlantic gateway during the midnight sun*. Progress in Oceanography, p. 102611 . doi:10.1016/j.pocean.2021.102611

Publikationen in Vorbereitung (vollständiges Manuskript liegt vor)

Vane K., Cobain M.R.D., Larsen T. (in prep.) *Reconstructing spatiotemporal basal resource use by metazoans with carbon isotopes of amino acids*. Review to Ecological Monographs. (Einreichung 09/2022, 70pp)

Geoffroy, M., Bouchard, C., **Flores, H.**, Robert, D., Gjørseter, H., Hoover, C., Hop, H., Hussey, N.E., Nahrang, J., Steiner, N., et al. (in prep.) *Review of the circumpolar impacts of climate change and anthropogenic stressors on Arctic cod (*Boreogadus saida*) and its ecosystem*. Elementa: Science of the Anthropocene. Special Feature - Four Decades of Arctic Climate Change: A Tribute to Louis Fortier (Einreichung 07/2022, 55pp)

Geplante Publikationen (Coldfish-Daten liegen vor)

Vane, K., Trueman, C., Cobain, M.R.D., Flores, H., Stransky, C., Maes, S., **Polunin, N.V.C.:** *Under-ice habitation and FMR in Polar cod*

Cobain, M.R.D., Vane, K., Maes, S., Assmann, K.M., Magozzi, S., MacKenzie, K.M., Jackson, A.L., **Flores, H., Polunin, N.V.C., Trueman, C.:** *Using dual isoscapes to determine the spatial variability in benthic-pelagic coupling across the Barents Sea ecosystem*

Cobain, M.R.D., Trueman, C., Vane, K., Polunin, N.V.C., et al.: *Quantifying the spatial consistency of trophic behaviours of key fish species across the Barents Sea*

Trueman, Cobain, M.R.D., C., Vane, K., Flores, H., Stransky, C., Maes, S., **Polunin, N.V.C.,** Ershova, E., Godikse, J., Fosheim, M., et al.: *Field metabolic rates of fishes in the Barents Sea ecosystem*

Externe Literatur

David C, Lange B, Krumpen T, Schaafsma F, van Franeker JA, Flores H (2016) Under-ice distribution of polar cod *Boreogadus saida* in the central Arctic Ocean and their association with sea-ice habitat properties. Polar Biol 39: 981-994 doi 10.1007/s00300-015-1774-0

Fosheim M, Primicerio R, Johannesen E, Ingvaldsen RB, Aschan MM, Dolgov AV (2015) Recent warming leads to a rapid borealization of fish communities in the Arctic. Nat Clim Change 5: 673-+ doi 10.1038/Nclimate2647

Kohlbach D, Schaafsma FL, Graeve M, Lebreton B, Lange BA, David C, Vortkamp M, Flores H (2017) Strong linkage of polar cod (*Boreogadus saida*) to sea ice algae-produced carbon: Evidence from stomach content, fatty acid and stable isotope analyses. Progress in Oceanography 152: 62-74 doi 10.1016/j.pocean.2017.02.003

Steiner NS, Cheung WWL, Cisneros-Montemayor AM, Drost H, Hayashida H, Hoover C, Lam J, Sou T, Sumaila UR, Suprenand P, Tai TC, VanderZwaag DL (2019) Impacts of the changing ocean-sea ice system on the key forage fish arctic cod (*Boreogadus saida*) and subsistence fisheries in the Western Canadian arctic-evaluating linked climate, ecosystem and economic (CEE) models. Frontiers in Marine Science 6 doi 10.3389/fmars.2019.00179

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Schlussbericht
3. Titel COLD FISH	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Flores, Hauke; Vane, Kim; Trueman, Clive; Polunini, Nicholas; Cobain, Mathew	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 30.06.2022
	7. Form der Publikation Bericht
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Alfred-Wegener-Institut Helmholtz-Institut für Polar- und Meeresforschung Am Handelshafen 12 27570 Bremerhaven	9. Ber. Nr. Durchführende Institution
	10. Förderkennzeichen 03V01454
	11. Seitenzahl 18
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 4
	14. Tabellen 1
	15. Abbildungen 10
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung <p>Mit dem voranschreitenden Klimawandel breiten sich boreale Fischarten immer weiter in den arktischen Ozean aus. Somit erweitert sich einerseits das Verbreitungsgebiet kommerziell bedeutsamer Arten wie des Kabeljau. Andererseits werden ursprünglich vorkommende arktische Arten zurückgedrängt, wie z.B. der ökologisch bedeutsame Polardorsch. Coldfish untersucht die Wechselwirkungen zwischen zunehmender Borealisation der arktischen Fischgemeinschaften, der Nahrungsnetzstruktur und der Verbreitung arktischer Fischarten. In Arbeitspaket (AP)1 haben wir die räumlich-zeitliche Variabilität von benthopelagischer Kopplung und die Isotopensignatur von Schlüsselarten untersucht. Mit statistischen Modellen wurden <i>Isoscapes</i> erstellt, die auf der räumlichen Variabilität der Isotopenverhältnisse $\delta^{13}\text{C}$, $\delta^{15}\text{N}$ und $\delta^{34}\text{S}$ basieren. Die vorläufigen Ergebnisse zeigen, dass es in der Barentssee eine deutliche räumliche Isotopen-Struktur atlantischer und arktischer Einflüsse gibt. Mit diesen Daten können wir analysieren, wie die Stärke der benthisch-pelagischen Kopplung durch Faktoren wie die Dauer der Meereisbedeckung oder den Anteil borealer Arten beeinflusst wird. In AP2 haben wir isotopische Nischen von Schlüsselarten und Faktoren, die Veränderung befördern, analysiert. Durch pandemiebedingte Laborschließungen in den Jahren 2020 und 2021 konnten noch nicht alle Proben ausgewertet werden. Sobald alle Ergebnisse vorliegen, werden wir mit diesen Daten die Beziehung von trophischer Nische und trophischer Redundanz mit Umweltparametern analysieren. In AP3 haben wir die potenzielle Habitatnutzung von heimischem Polardorsch, einwanderndem Kabeljau und anderen Fischarten anhand von, auf $\delta^{18}\text{O}$-Messungen in Otolithen basierten, Temperaturrekonstruktionen und ihrer auf $\delta^{13}\text{C}$-Messungen basierten <i>in situ</i> Stoffwechselrate (field metabolic rate, FMR) verglichen. Der Kabeljau hatte als einzige der untersuchten Fischarten auch bei sehr niedrigen Temperaturen eine hohe, dem Polardorsch vergleichbare FMR. Dies könnte bedeuten, dass Kabeljau besonders leicht in den heutigen Lebensraum des Polardorsches vordringen kann. Zu dieser Sichtweise passen jüngste Ergebnisse einer Studie, zu der Coldfish wesentlich beigetragen hat, und die den Kabeljau erstmalig in unmittelbarer Nähe zum Nordpol nachgewiesen hat¹. Eine Analyse von Polardorsch-Otolithen aus dem gesamten arktischen Ozean deutet darauf hin, dass sich der Temperaturproxy $\delta^{18}\text{O}$ hervorragend dazu eignet, die Untereis-Habitatnutzung über den Lebenszyklus nachzuverfolgen. Damit lässt sich die Resilienz des Polardorschbestandes gegen den Meereisrückgang zukünftig genauer abschätzen. Mit komponentenspezifischer Isotopenanalyse essentieller Aminosäuren konnten wir den relativen Beitrag unterschiedlicher Kohlenstoffquellen wie Phytoplankton, Eisalgen und Bakterien zum Kohlenstofffluss im arktischen Nahrungsnetz bis hin zum Polardorsch quantifizieren. Erstmals konnte dabei auch ein wesentlicher Beitrag der Untereis-Alge <i>Melosira arctica</i> zum Kohlenstofffluss im arktischen Nahrungsnetz nachgewiesen werden. Die Ergebnisse von Coldfish zeigen auf, wie sich die Auswirkungen der Borealisation auf arktische Fischgemeinschaften messen lässt, welche nahrungsökologischen Wechselwirkungen wichtig sind, und wie ökologische Schlüsselarten wie der Polardorsch betroffen sind. Coldfish trägt mit diesen Erkenntnissen zu einem nachhaltigen Fischereimanagement in der sich schnell verändernden Arktis bei.</p> <p><small>¹Snoeijs-Leijonmalm P, Flores H, et al. (2022) Unexpected fish and squid in the central Arctic deep scattering layer. <i>Sci Adv</i> 8: eab7536 doi:10.1126/sciadv.abj7536</small></p>	
O19. Schlagwörter Borealisation – Arktischer Ozean - Isotopenanalyse – Aminosäuren – Polardorsch – Kabeljau – Nahrungsökologie - Meereis	
20. Verlag	21. Preis

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN	2. type of document (e.g. report, publication) final report
3. title Coldfish	
4. author(s) (family name, first name(s)) Flores, Hauke; Vane, Kim; Trueman, Clive; Polunini, Nicholas; Cobain, Mathew	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 30.06.2022
	7. form of publication
8. performing organization(s) (name, address) Alfred-Wegener-Institut Helmholtz-Institut für Polar- und Meeresforschung Am Handelshafen 12 27570 Bremerhaven	9. originator's report no.
	10. reference no. 03V01454
	11. no. of pages 18
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 4
	14. no. of tables 1
	15. no. of figures 10
16. supplementary notes	
17. presented at (title, place, date)	
18. abstract <p>As climate change progresses, boreal fish species are spreading further and further into the Arctic Ocean. Thus, on the one hand, the range of commercially important species such as cod is expanding. On the other hand, originally occurring Arctic species are being pushed back, such as the ecologically important polar cod. Coldfish investigates the interactions between increasing borealization of Arctic fish communities, food web structure, and the distribution of Arctic fish species. In work package (WP)1, we investigated the spatiotemporal variability of benthic-pelagic coupling and the isotopic signature of key species. Statistical models were used to create isoscapes based on the spatial variability of the $\delta^{13}\text{C}$, $\delta^{15}\text{N}$, and $\delta^{34}\text{S}$ isotope ratios. Preliminary results show that there is a distinct spatial isotopic structure of Atlantic and Arctic influences in the Barents Sea. These data allow us to analyze how the strength of the benthic-pelagic coupling is influenced by factors such as the duration of sea ice cover, or the proportion of boreal species. In WP2, we analyzed isotopic niches of key species and factors that promote change. Due to pandemic-related lab closures in 2020 and 2021, not all results could be analyzed yet. Once results are available, we will use these data to analyze the relationship of trophic niche and trophic redundancy with environmental parameters. In WP3, we compared the potential habitat use of native polar cod, immigrating cod, and other fish species using temperature reconstructions based on $\delta^{18}\text{O}$ measurements in otoliths and their field metabolic rate (FMR) based on $\delta^{13}\text{C}$ measurements. Cod was the only fish species studied that had a high FMR comparable to polar cod, even at very low temperatures. This could mean that cod are particularly able to use the current habitat of polar cod. This view is matched by a recent study to which Coldfish contributed significantly. In this study, we found cod in close proximity to the North Pole for the first time¹. Analysis of polar cod otoliths from across the Arctic Ocean suggests that the $\delta^{18}\text{O}$ temperature proxy is excellent for tracking the under-ice habitat use over the life cycle. This will allow for a more accurate assessment of the resilience of the polar cod stock to sea ice retreat in the future. Using component-specific stable-isotope analysis of essential amino acids, we were able to quantify the relative contribution of different carbon sources such as phytoplankton, ice algae and bacteria to the carbon flux in the Arctic food web. For the first time, we could also demonstrate a significant contribution of the sub-ice alga <i>Melosira arctica</i> to the Arctic food web. Coldfish's results highlight how to measure the effects of borealization on Arctic fish communities, the importance of food-ecological interactions, and how key ecological species such as polar cod are affected. Coldfish aims to contribute with these findings to sustainable resource management in the rapidly changing Arctic Ocean.</p> <small>¹Snoeijs-Leijonmalm P, Flores H, et al. (2022) Unexpected fish and squid in the central Arctic deep scattering layer. <i>Sci Adv</i> 8: eabj7536 doi:10.1126/sciadv.abj7536</small>	
19. keywords Borealization - Arctic Ocean – stable isotope analysis - Amino acids - Polar cod – Atlantic Cod - Trophic ecology - Sea ice	
20. publisher	21. price