

Institut für Terrestrische und Aquatische Wildtierforschung (ITAW)
der Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover (TiHo)

Kurzbericht

zum Vorhaben

Entwicklung von Indikatorpathogenen bei Meeressäugern zur
Weiterentwicklung der Bewertung anthropogener Einflüsse

Development of indicator pathogens in marine mammals to a further
development of assessment of anthropogenic effects.

im Rahmen des Projektes

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

Concepts for Reducing the Effects of Anthropogenic pressures and
uses on marine Ecosystems and on Biodiversity

[CREATE]

von

Dr. Stephanie Gross, PhD

Dr. Andreas Ruser

Prof. Prof. h. c. Dr. Ursula Siebert

Büsum, Mai 2025

GEFÖRDERT VOM



Bundesministerium
für Bildung
und Forschung



Das diesem Bericht zugrundeliegende Vorhaben wurde mit Mitteln des Bundesministeriums für Bildung und Forschung unter dem Förderkennzeichen 03F0910N gefördert. Die Verantwortung für den Inhalt dieser Veröffentlichung liegt bei den Autoren.

Übergeordnetes Ziel des Vorhabens der TiHo in CREATE war die Untersuchung, ob das Vorkommen von Meeressäugerpathogenen als Indikatoren für zunehmende anthropogene Drücke auf diese Tiere dienen und in Monitoringstrategien aufgenommen werden kann. Hierzu wurden die seit 1990 gesammelten und im Projektzeitraum neu erhobenen Daten zum Vorkommen von bakteriellen und viralen Erregern bei heimischen Meeressäugern zusammengestellt und ausgewertet. Zusätzlich wurden Wasserproben im Bereich von zwei Beprobungsstationen (Real-Laboren) genommen und auf ausgewählte Meeressäugererreger hin untersucht. Hier sollte festgestellt werden, ob die in den Tieren nachgewiesenen Keime auch in der Meeresumwelt vorkommen. Abschließend wurde evaluiert, ob einzelne Erreger als Indikatoren für die Gesundheit von Meeressäugern fungieren und somit in eine langfristige Monitoringstrategie an den Reallabore integriert werden können. Letztlich sollen die gewonnenen Ergebnisse dabei helfen, Veränderungen der Lebensräume und Effekte anthropogener Aktivitäten auf Meeressäuger frühzeitig zu erkennen und somit der Entwicklung von Managementempfehlungen sowie politischen und gesellschaftlichen Entscheidungsprozessen im Hinblick auf den Schutz und die nachhaltige Nutzung von Küsten- und Meeresgebieten zu dienen.

Die am Institut vorhandene Meeressäugerdatenbanken wurde zunächst auf Daten zu bakteriellen und viralen Pathogenen gesichtet. Die vorhandenen Daten setzen sich aus Befunden von Organproben verstorbener Meeressäuger, sowie Tupferproben von lebenden Meeressäugern zusammen. Die benötigten Daten wurden aus der Datenbank extrahiert und harmonisiert. Zusätzlich wurden durch das Niedersächsische Landesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (LAVES) Daten aus Niedersachsen ergänzt. Während der Projektlaufzeit wurden zudem neue Proben von Meeressäugern genommen und analysiert. Die Untersuchung auf bakterielle Erreger erfolgte für die Proben aus Schleswig-Holstein durch das Institut für Hygiene und Infektionskrankheiten der Tiere, der Justus-Liebig-Universität Gießen, und die Untersuchung auf virale Erreger durch das Institut für Virologie, der TiHo.

Die Listen der insgesamt nachgewiesenen Erreger wurde eingehend geprüft, insbesondere in Bezug auf Pathogenität der Keime, Häufigkeit des Nachweises, Verteilung in den verschiedenen Gebieten und Meeressäugerspezies, sowie dem Auftreten über die Zeit. Dabei wurde auch eine umfassende Literaturrecherche durchgeführt. Letztlich wurden 12 bakterielle Erreger und eine Virusfamilie für die jeweils ein Indikator-Potential gesehen wurde, für weiterführende Analysen ausgewählt: *Brucella* sp., *Clostridium perfringens*, *Enterococcus faecalis*, *Erysipelothrix rhusiopathiae*, *Escherichia coli*, *Escherichia coli* var. *haemolytica*, *Rahnella aquatilis*, *Salmonellen* sp., *Staphylococcus epidermidis*, *Streptococcus phocae* und Herpesviren.

Die Häufigkeit des Auftretens der ausgewählten Erreger wurde für die drei heimischen Meeressäugerspezies sowohl gemeinsam als auch getrennt betrachtet. Ferner wurde untersucht, ob einzelne Erreger unterschiedliche Häufigkeiten über die Zeit zeigen und ob Unterschiede zwischen den Geschlechtern oder Altersklassen bestehen. Auch wurden die Daten getrennt für die beiden Gebiete Nordsee und Ostsee betrachtet, bzw. inwieweit es Unterschiede zwischen Proben von Tieren aus Niedersachsen und Schleswig-Holstein, sowie zwischen Lebend- und Totfundbeprobungen gibt. Ein Datenvergleich war aufgrund stark unterschiedlicher Probenzahlen allerdings nicht immer möglich. Insgesamt fallen Unterschiede zwischen den Ergebnissen aus Schleswig-Holstein und Niedersachsen, sowie zwischen den bakteriellen Häufigkeiten von lebenden und toten Tieren auf, während zwischen

Nord- und Ostsee, Geschlechtern und Altersklassen keine Unterschiede in der Häufigkeit des Bakterienvorkommens festgestellt wurden. Am auffälligsten war eine im zeitlichen Verlauf schwankende Häufigkeit für Brucellen bei Seehunden in der Nordsee, wobei die Ursache hierfür unklar ist.

In einem weiterführenden Auswertungsansatz der ITAW-Daten wurden bei den Totfunden die diagnostizierten Erkrankungen mit einbezogen. Hier fallen interessante Unterschiede in dem Pathogenvorkommen zwischen den Spezies auf, z.B. für *Streptococcus phocae* (Seehund 43,9%, Kegelrobbe 32,1%, Schweinswal 7,2%) und *Escherichia coli* var. *haemolytica* (Seehund 22,2%, Kegelrobbe 18,2%, Schweinswal 5,6%) bei mit Pneumonie diagnostizierten Tieren. Dieser Zusammenhang soll in Phase 2 weiter untersucht werden.

Zusätzlich zu den von Tieren genommen Proben wurden Meerwasserproben aus dem Bereich Sylter Außenriff und Eckernförder Bucht mit unterschiedlichen Methoden auf im Wasser vorhandene Meeressäugerpathogene untersucht. Hierfür wurden durch den Projektpartner Helmholtz-Institut für Funktionelle Marine Biodiversität an der Universität Oldenburg (HIFMB), Silke Laakmann und Kerstin Klemm, Meerwasserproben mittels qPCR auf das Vorkommen von 10 ausgewählten bakteriellen Erregern getestet. Da durch diese Methode keiner der Erreger nachgewiesen werden konnte, wurden zusätzlich zwei der Proben mittels Metabarcoding untersucht, allerdings ebenfalls ohne Nachweis der ausgewählten Erreger. Daraufhin wurde ein neuer Ansatz versucht. Hierzu wurden an der Schleswig-Holsteinischen Ostseeküste fünf Wasserproben von Land aus genommen, filtriert und an das Institut für Hygiene und Infektionskrankheiten der Tiere, der Justus-Liebig-Universität Gießen geschickt. Dort wurden die Filter auf Nährböden verbracht, inkubiert und die gewachsenen Keime mittels 16S rRNA-Sequenzanalyse oder MALDI-TOF MS identifiziert. Mit dieser Methode konnten von den ausgewählten Bakterien *Clostridium perfringens* (2x), *Escherichia coli* (2x) und *Rahnella aquatilis* (1x) in den Proben nachgewiesen werden. Des Weiteren wurden durch den Projektpartner Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie, Bremen (MPI-MM), Rudolf Amann und Anneke Heins, im Juni 2024 Wasserproben während der Ausfahrt HE643 mit der RV Heincke genommen, filtriert und tiefgekühlt. Diese Proben wurden anschließend an der TiHo auf Herpesviren mittels einer pan-Herpesvirus PCR und Sanger Sequenzierung getestet. In 12 der 15 Proben konnten Herpesviren nachgewiesen werden. Bei der anschließenden Sanger Sequenzierung konnten aber leider die Herpesvirentypen nicht identifiziert werden. Dies scheint mit zusätzlichen finanziellen und zeitlichen Ressourcen aber lösbar und könnte in einem weiteren Projekt weiterverfolgt werden.

Im Rahmen des Projektes wurden somit umfangreiche Daten von bakteriellen und viralen Erregern, die bei heimischen Meeressäugern in Nord- und Ostsee über ca. drei Jahrzehnte nachgewiesen wurden, ausgewertet. Auch wenn im Rahmen des Projektes noch kein Indikator identifiziert werden konnte, haben sich doch vielversprechende Muster im Pathogenaufkommen gezeigt. Daher sollen diese Auswertung in Phase 2 des Projektes ausgeweitet werden, insbesondere unter Einbeziehung komplexerer Zusammenhänge, wie beispielsweise der Auswirkungen von Ko-Infektionen oder Todesursachen auf das bakterielle Mikrobiom.

Institut für Terrestrische und Aquatische Wildtierforschung (ITAW)
der Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover (TiHo)

Schlussbericht Teil II: Eingehende Darstellung

zum Vorhaben

Entwicklung von Indikatorpathogenen bei Meeressäugern zur
Weiterentwicklung der Bewertung anthropogener Einflüsse

Development of indicator pathogens in marine mammals to a further
development of assessment of anthropogenic effects.

im Rahmen des Projektes

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

Concepts for **R**educing the **E**ffects of **A**nthropogenic pressures and
uses on marine **E**cosystems and on Biodiversity

[CREATE]

von

Dr. Stephanie Gross, PhD

Dr. Andreas Ruser

Prof. Prof. h. c. Dr. Ursula Siebert

Büsum, Mai 2025

GEFÖRDERT VOM



Bundesministerium
für Bildung
und Forschung



Das diesem Bericht zugrundeliegende Vorhaben wurde mit Mitteln des Bundesministeriums für Bildung und Forschung unter dem Förderkennzeichen 03F0910N gefördert. Die Verantwortung für den Inhalt dieser Veröffentlichung liegt bei den Autoren.

Inhalt

1. Zusammenfassung Zielsetzung laut Einzelantrag	3
2. Durchgeführte Arbeiten und Ergebnisse	3
Erfassung und Zusammenstellung vorhandener Daten zu Meeressäugermikroorganismen	4
Zusätzliche Probennahme und Analyse der Proben auf Pathogene	14
Statistische Auswertung vorhandener und neuer Daten	16
Auswertung des Pathogenvorkommens bei Meeressäugern	16
Pathogennachweise im Meerwasser.....	18
Identifikation von Indikatoren	19
Allgemeine und übergreifende Beiträge im Rahmen des Projektes	20
3. Verwendung der Zuwendungen	20
4. Verwertbarkeit des Ergebnisses	20
5. Literaturverzeichnis	22
6. Danksagung.....	22

1. Zusammenfassung Zielsetzung laut Einzelantrag

Als Topprädatoren sind unsere heimischen Meeressäuger, Seehund, Kegelrobbe und Schweinswal, stark durch die Zunahme anthropogener Aktivitäten in dem Lebensraum Meer bedroht. Effekte auf die Tiere gehen insbesondere von der Fischerei (Beifang, Verstrickung, Überfischung, Habitatdegradierung), den Schadstoffbelastungen, dem Schiffsverkehr (Lärm, Kollisionen, Verschmutzung), der Offshore-Windenergie (Lärm, Habitatverlust, zunehmender Schiffsverkehr), der Rohstoffgewinnung (Sand- und Kiesabbau) und dem Tourismus aus (Siebert et al. 2012). Hierbei ist es bisher schwierig den Belastungsgrad der Tiere zu bestimmen. Daher wird auf internationaler Ebene (z.B. HELCOM, OSPAR) untersucht, welche Daten genutzt werden können, um den Gesundheitszustand der Meeressäugerpopulationen zu beurteilen.

Die Hauptarbeit der Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover (TiHo) erfolgte unter der Aufgabe 2.1: Bewertung und Erweiterung bestehender Observatorien. Übergeordnetes Ziel des Vorhabens der TiHo in CREATE war die Untersuchung, ob das Vorkommen von Meeressäugerpathogenen als Indikatoren für zunehmende anthropogene Drücke auf diese Tiere dienen und in Monitoringstrategien aufgenommen werden kann. Hierzu wurden die seit 1990 gesammelten und im Projektzeitraum neu erhobenen Daten zum Vorkommen von bakteriellen und viralen Erregern bei heimischen Meeressäugern zusammengestellt und ausgewertet. Zusätzlich wurden Wasserproben im Bereich von zwei Observatorien/Beprobungsstationen (Real-Laboren) genommen und auf ausgewählte Meeressäugerpathogene hin untersucht. Hier sollte festgestellt werden, ob entsprechende Keime in der Meeresumwelt nachweisbar sind. Abschließend wurde evaluiert, ob einzelne Pathogene als Indikatoren für die Gesundheit von Meeressäugern fungieren und somit deren gezielte Untersuchung in eine langfristige Monitoringstrategie an den Reallabore integriert werden können. Letztlich sollen die gewonnenen Ergebnisse dabei helfen, Veränderungen der Lebensräume und Effekte anthropogener Aktivitäten auf Meeressäuger frühzeitig zu erkennen und somit der Entwicklung von Managementempfehlungen sowie politischen und gesellschaftlichen Entscheidungsprozessen im Hinblick auf den Schutz und die nachhaltige Nutzung von Küsten- und Meeresgebieten zu dienen.

2. Durchgeführte Arbeiten und Ergebnisse

Die durchgeführten Arbeiten lassen sich in verschiedene, sich zeitlich teilweise überlappende Abschnitte einteilen. Der zentrale erste Arbeitsschritt war die Sichtung der umfassenden, institutseigenen Datenbank, die Gesundheitsdaten von heimischen Meeressäugern, Schweinswal, Seehund und Kegelrobbe, über knapp 30 Jahre enthält. Hierbei wurden potentielle Indikatorkeime identifiziert. Zeitgleich wurden im Projektzeitraum neue Gesundheitsdaten an Meeressäugern erhoben, sowie Meerwasserproben genommen und analysiert, um zu untersuchen, ob sich die nachgewiesenen tierischen Pathogene in der Umwelt wiederfinden lassen. In unterschiedlichen Teilschritten erfolgte eine umfassende

statische Untersuchung der vorhandenen und neuen Daten. Abschließend wurden die gewonnenen Erkenntnisse in Hinblick auf die Erfüllung der gesetzten Ziele bewertet.

Erfassung und Zusammenstellung vorhandener Daten zu Meeressäuger- mikroorganismen

Die am Institut vorhandene Meeressäugerdatenbanken wurde auf Daten zu bakteriellen und viralen Pathogenen gesichtet. Die vorhandenen Daten setzen sich aus Befunden von Organproben verstorbener Meeressäuger, sowie Tupferproben von lebenden Meeressäugern zusammen. Die benötigten Daten wurden aus der Datenbank extrahiert und harmonisiert. Dies war insbesondere nötig, da die Daten für Robben und Schweinswale in verschiedenen Tabellen abgespeichert waren. Für die Auswertung im Rahmen dieses Projektes wurden jeweils 18 Spalten ausgewählt, aneinander angepasst und in einer Tabelle vereint. Auffällige Daten wurden mit den originalen Befundblättern abgeglichen und gegebenenfalls korrigiert. Tabelle 1 stellt die Anzahl gestrandeter Meeressäuger und bakteriologisch untersuchter Meeressäuger über den Betrachtungszeitraum gegenüber. Abbildung 1 zeigt die schleswig-holsteinischen Strandungsorte der in die Auswertung eingeschlossenen Meeressäuger. Anhand der Tabelle und der Abbildung wird deutlich, dass nur für die Schweinswale eine gute Datenlage sowohl von der Nordsee als auch von der Ostsee vorhanden ist. Aus der Nordsee gibt es zudem eine sehr gute Datenlage von den Seehunden, während generell weniger Daten von Kegelrobben vorhanden sind. Die kleinste Datenmenge liegt für Seehunde aus der Ostsee vor.

Tabelle 1: Übersicht zu der Anzahl an Totfunden an der Schleswig-Holsteinischen Nord- und Ostsee-Küste sowie der Anzahl bakteriologisch untersuchter Tiere in den Jahren von 1990 bis 2023.

Art	Ozean	Totfunde	Untersuchte		
			Tiere	von	bis
Schweinswal	Nordsee	2757	329	1990	2023
Schweinswal	Ostsee	2077	322	1991	2023
Kegelrobbe	Nordsee	226	113	1998	2023
Kegelrobbe	Ostsee	121	51	2002	2023
Seehund	Nordsee	3587	1196	1995	2023
Seehund	Ostsee	235	40	1996	2022

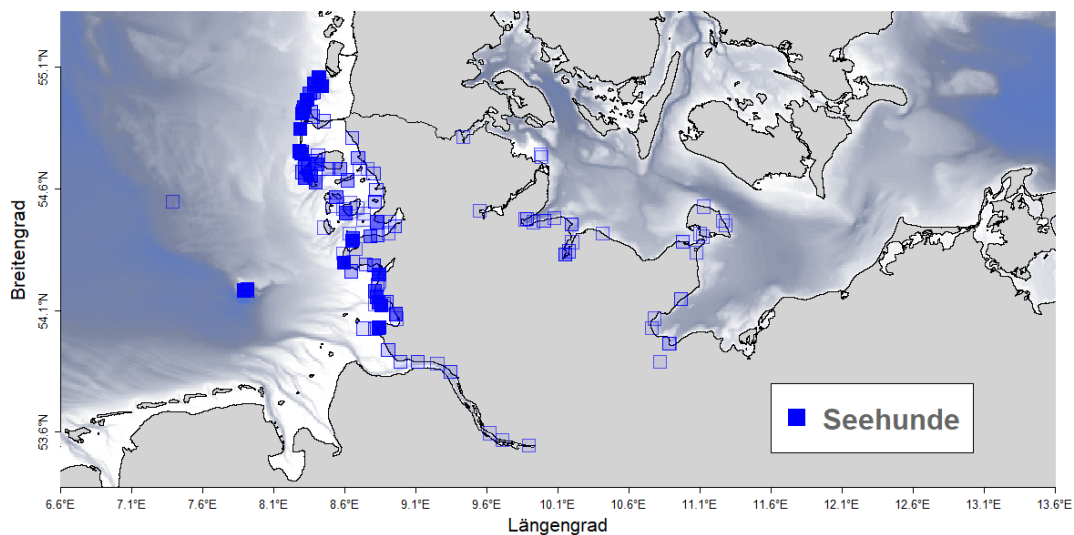
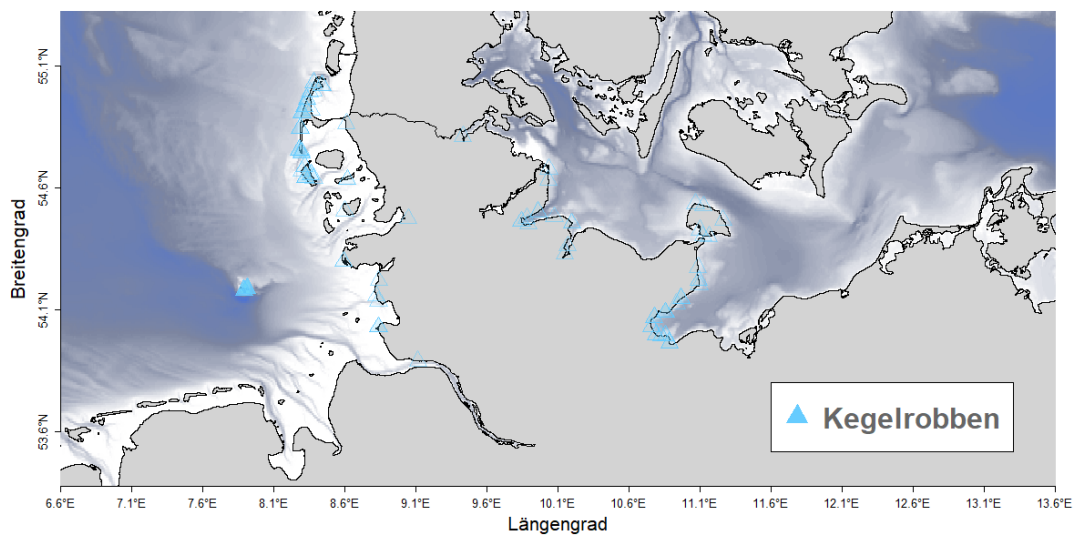
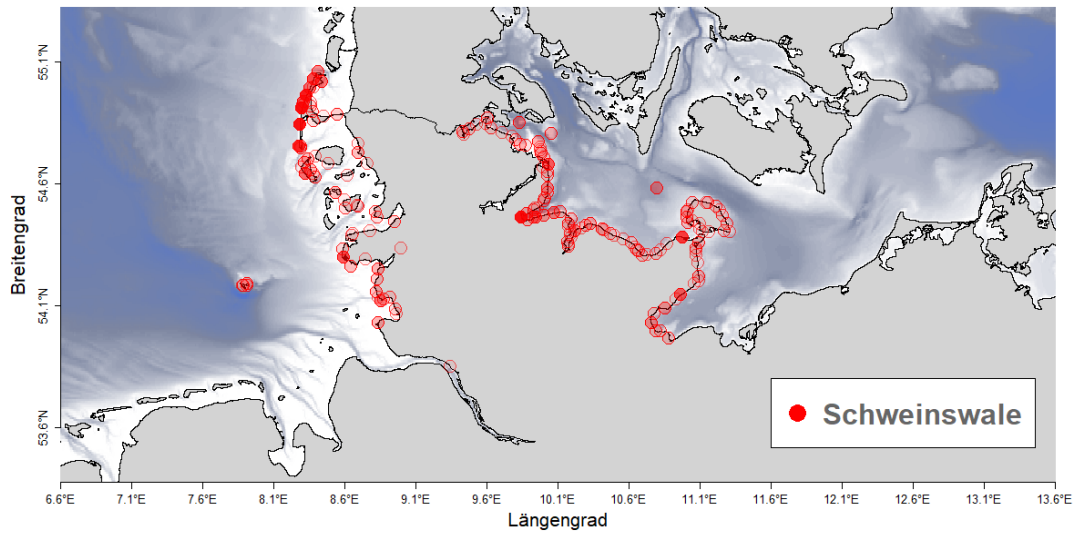


Abbildung 1: Die Abbildung zeigt die Strandungsorte der durch das ITAW beprobten Schweinswale (rote Punkte), Kegelrobben (hellblaue Dreiecke) und Seehunde (blaue Quadrate) aus Schleswig-Holstein. Das Maß der Transparenz der Füllfarbe spiegelt die relative Häufigkeit der Funde an den Positionen wider.

Zusätzlich zu der institutseigenen Datenbank wurden durch das Niedersächsische Landesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (LAVES) Daten aus Niedersachsen aus den Jahren 2020 bis 2023 zur Verfügung gestellt (Tabelle 2). Hierbei handelt es sich um bakterielle Befunde von am LAVES seziierten Meeressäugern aus Niedersachsen. Die Daten wurden mit den ITAW eigenen Daten verglichen und in die Analysen mit eingebunden.

Tabelle 2: Übersicht der in Niedersachsen bakteriologisch untersuchten heimischen Meeressäuger von 2020 bis 2023

Tierart	Anzahl	von	bis
Schweinswale	12	2021	2023
Kegelrobben	2	2022	2022
Seehunde	134	2020	2023

Insgesamt wurden 398 Bakterien-Spezies bzw. Genera in den ITAW-Proben und 98 in den Proben aus Niedersachsen bei heimischen Meeressäugern nachgewiesen. Abbildung 2 listet die 25 häufigsten Bakterien, die bei den am ITAW seziierten Meeressäugern gefundenen wurden, auf, während Abbildung 3 die bis zu 25 häufigsten Bakterien auflistet, die in Meeressäugern aus Niedersachsen gefunden wurden. Zusätzlich wurden die bakteriologischen Daten aus den an der schleswig-holsteinischen Nordseeküste durchgeführten Lebendfängen von Robben in Abbildung 4 visualisiert. Bei den seziierten Meeressäugern in Schleswig-Holstein wurden am häufigsten *Escherichia coli*, alpha-Streptokokken und *Pseudomonas* sp. gefunden. In Niedersachsen wurden am häufigsten *Streptococcus phocae*, *Escherichia coli* und *Clostridium perfringens* gefunden. Hier ist zu beachten, dass sich die Befunde aus 126 Proben von Seehunden und nur 2 bzw. 12 Proben von Kegelrobben und Schweinswalen zusammensetzten, wodurch die Betrachtung über alle Tiere von den Seehund-Erregern dominiert wird. Bei den lebendgefangenen Robben in Schleswig-Holstein wurden am häufigsten alpha-Streptokokken, *Escherichia coli* und *Pseudomonas* sp. nachgewiesen.

Bakterien-Analysen des ITAW der Totfunde in Schleswig-Holstein

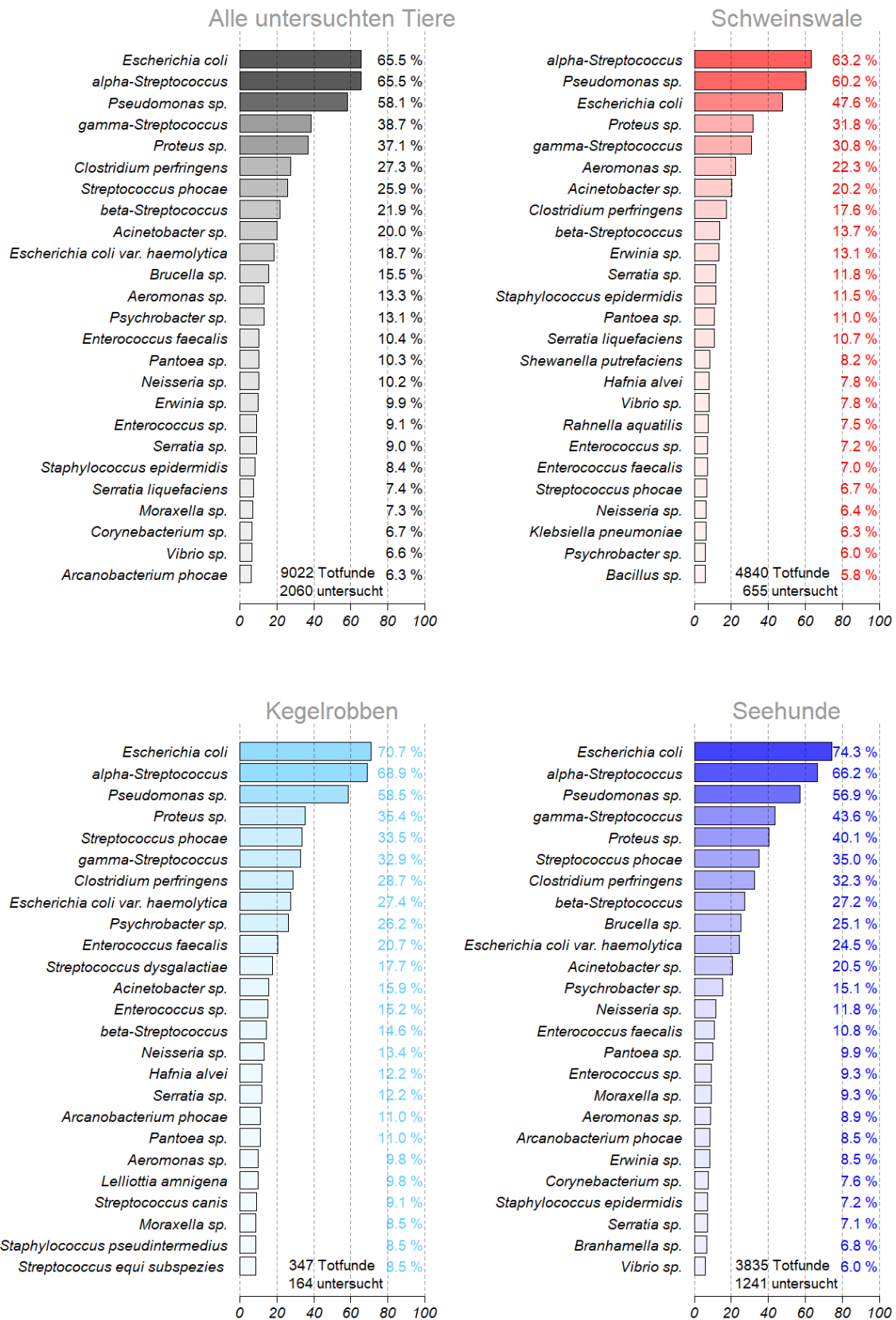


Abbildung 2: Verteilung der bei den sezierten Meeressäugern der Nord- und Ostseeküste Schleswig-Holsteins gefundenen Bakterien durch das ITAW. Die 25 häufigsten vorkommenden Bakterienspezies sind hier abgebildet.

Bakterien-Analysen des LAVES der Totfunde in Niedersachsen

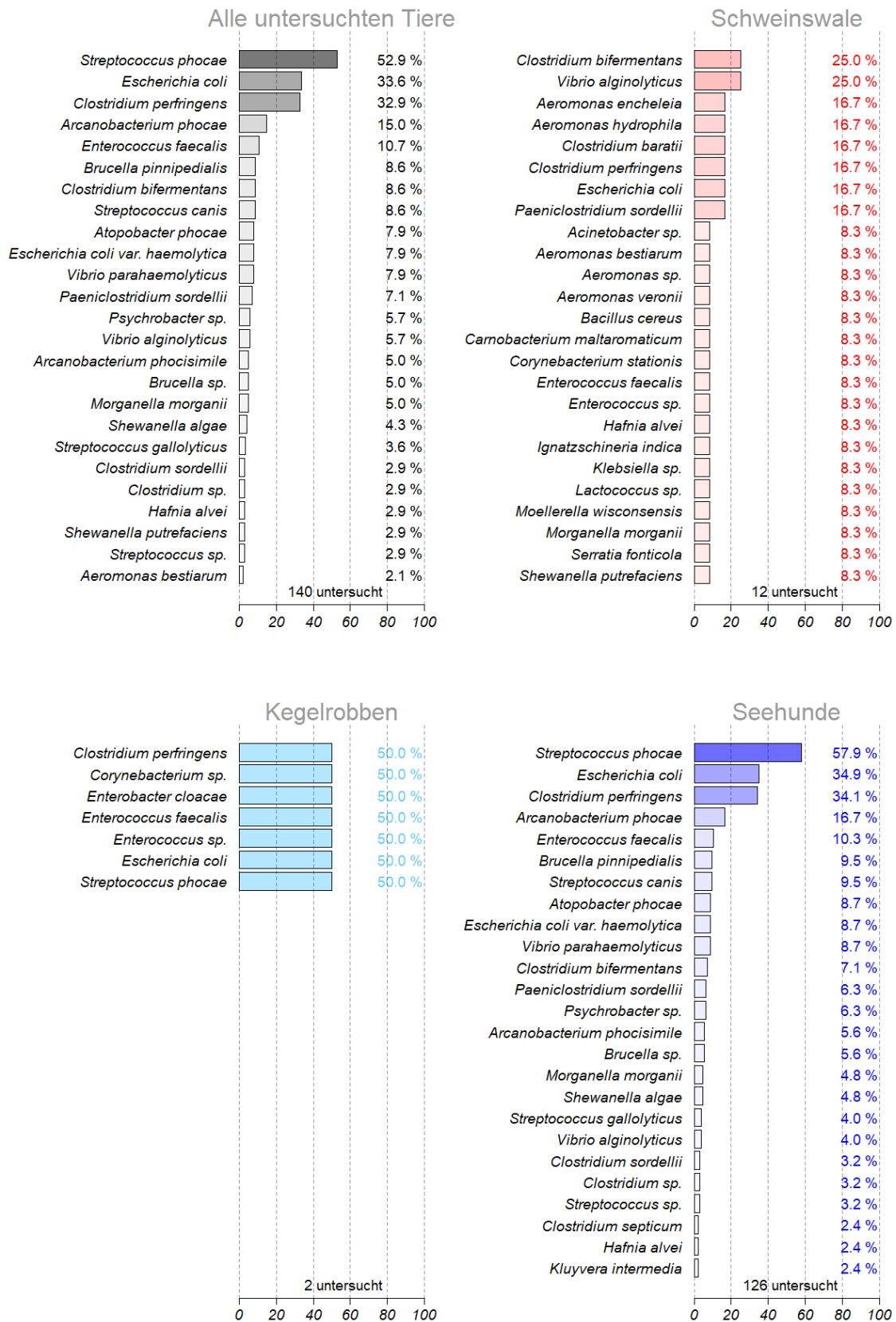


Abbildung 3: Verteilung der bei den sezierten Meeressäugern der niedersächsischen Nordseeküste gefundenen Bakterien. Die 25 häufigsten vorkommenden Bakterien-spezies sind hier abgebildet.

Bakterien-Analysen des ITAW der Wildfänge in Schleswig-Holstein

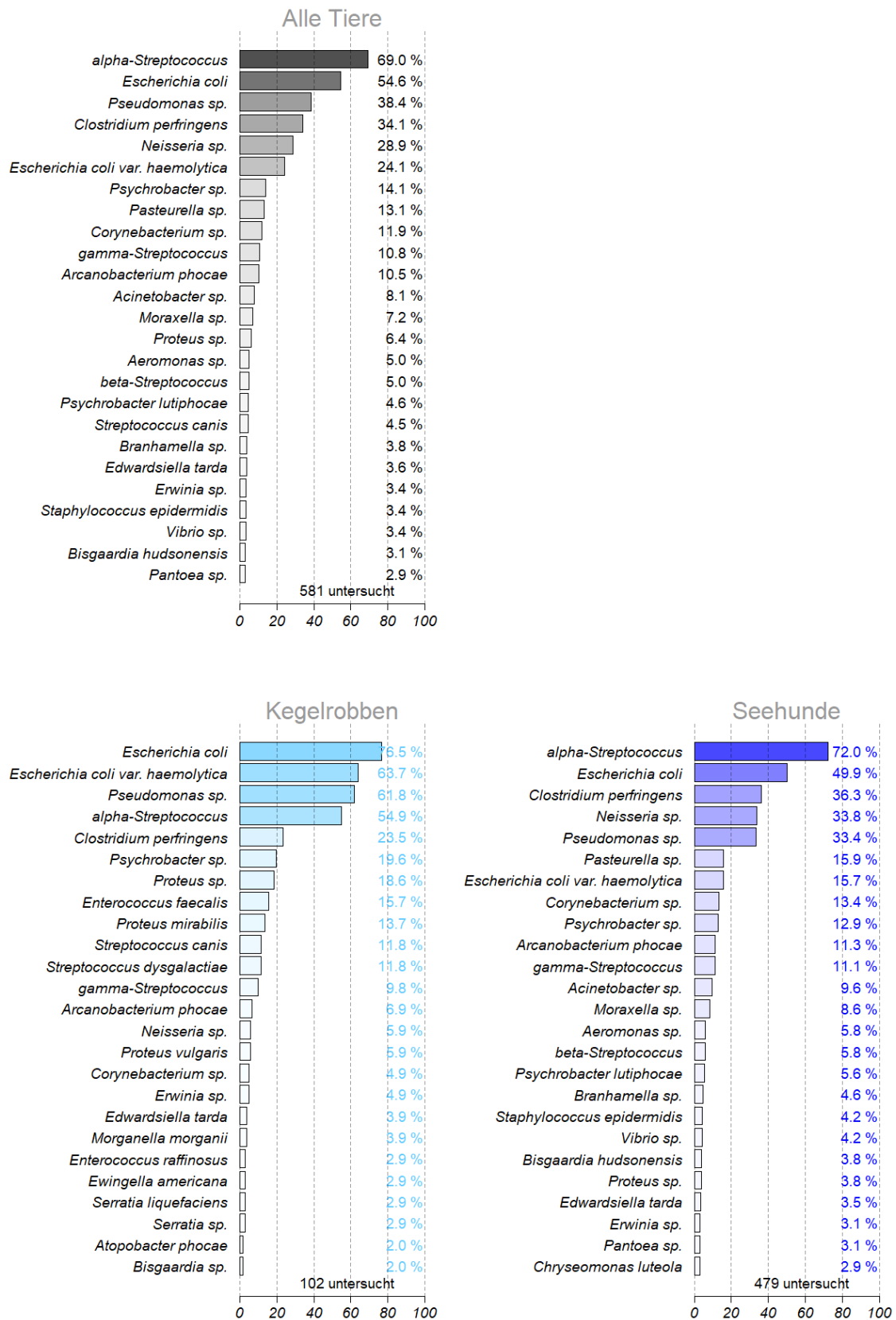


Abbildung 4: Verteilung der 25 häufigsten bei den Robben-Lebendbeprobungen des ITAW an der Nordseeküste Schleswig-Holsteins gefundenen Bakterien.

Bei dem Vergleich zwischen den bakteriologischen Befunden von toten und lebenden Seehunden in Schleswig-Holstein (Abbildung 5), fallen mehrere Keime auf, die bei den verstorbenen Tieren gehäuft auftreten. Dazu gehören *Acinetobacter* sp., *Escherichia coli*, *Proteus* sp., *Pseudomonas* sp., β -*Streptococcus*, inkl. *Streptococcus phocae*, und γ -*Streptococcus*. Anders als bei den seziierten Tieren (Organproben), basieren die bakteriologischen Befunde bei den Lebendfängen der Robben auf rektalen und vaginalen Tupfern. Neben den unterschiedlichen Probenmaterialien ist hier ein weiterer Unterschied, dass bei den lebendgefangenen Seehunden von gesunden Tieren ausgegangen werden kann, wohingegen die seziierten Tiere zum Großteil erkrankt waren. Hierzu passt insbesondere das gehäufte Auftreten des Pathogens *Streptococcus phocae* bei den seziierten Seehunden.

Auch zwischen Schleswig-Holstein und Niedersachsen zeigen sich Unterschiede in der Häufigkeit der nachgewiesenen Erreger (Abbildung 6). Dadurch, dass die Datenlage zu Schweinswalen und Kegelrobben aus Niedersachsen mit zwölf und zwei Tieren sehr niedrig ist, wurden auch hier nur die Befunde von den Seehunden verglichen. In Niedersachsen wurden im Vergleich mehr *Streptococcus phocae* nachgewiesen, während in Schleswig-Holstein mehr *Acinetobacter* sp., *Escherichia coli*, *Pseudomonas* sp. und *Proteus* sp. gefunden wurden.

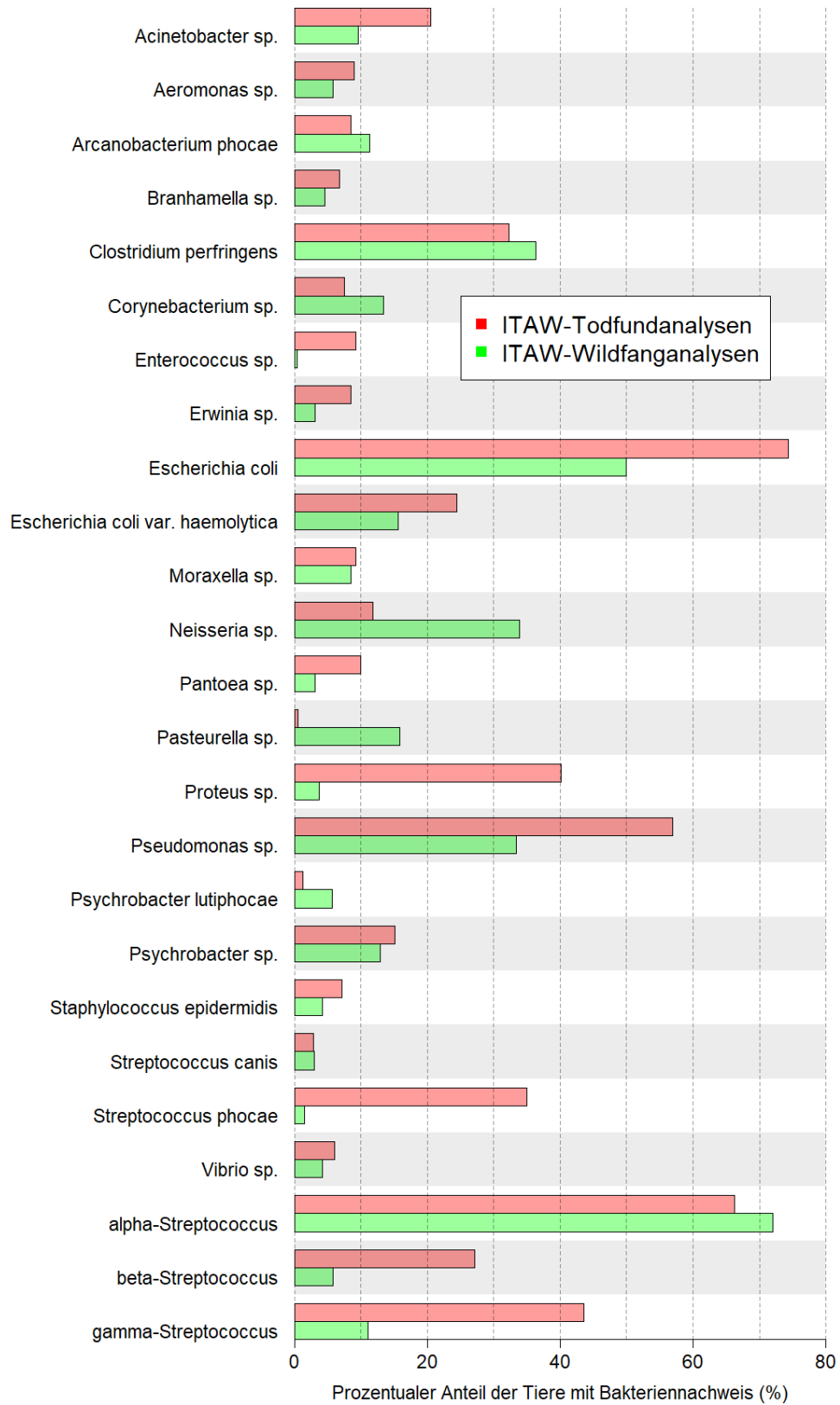


Abbildung 5: Prozentualer Vergleich der Anzahl von Tieren in denen Bakterien nachgewiesen wurden zu der Gesamtzahl von untersuchten Totfunden (rot) und Lebendfängen (hellgrün) bei Seehunden in Schleswig-Holstein.

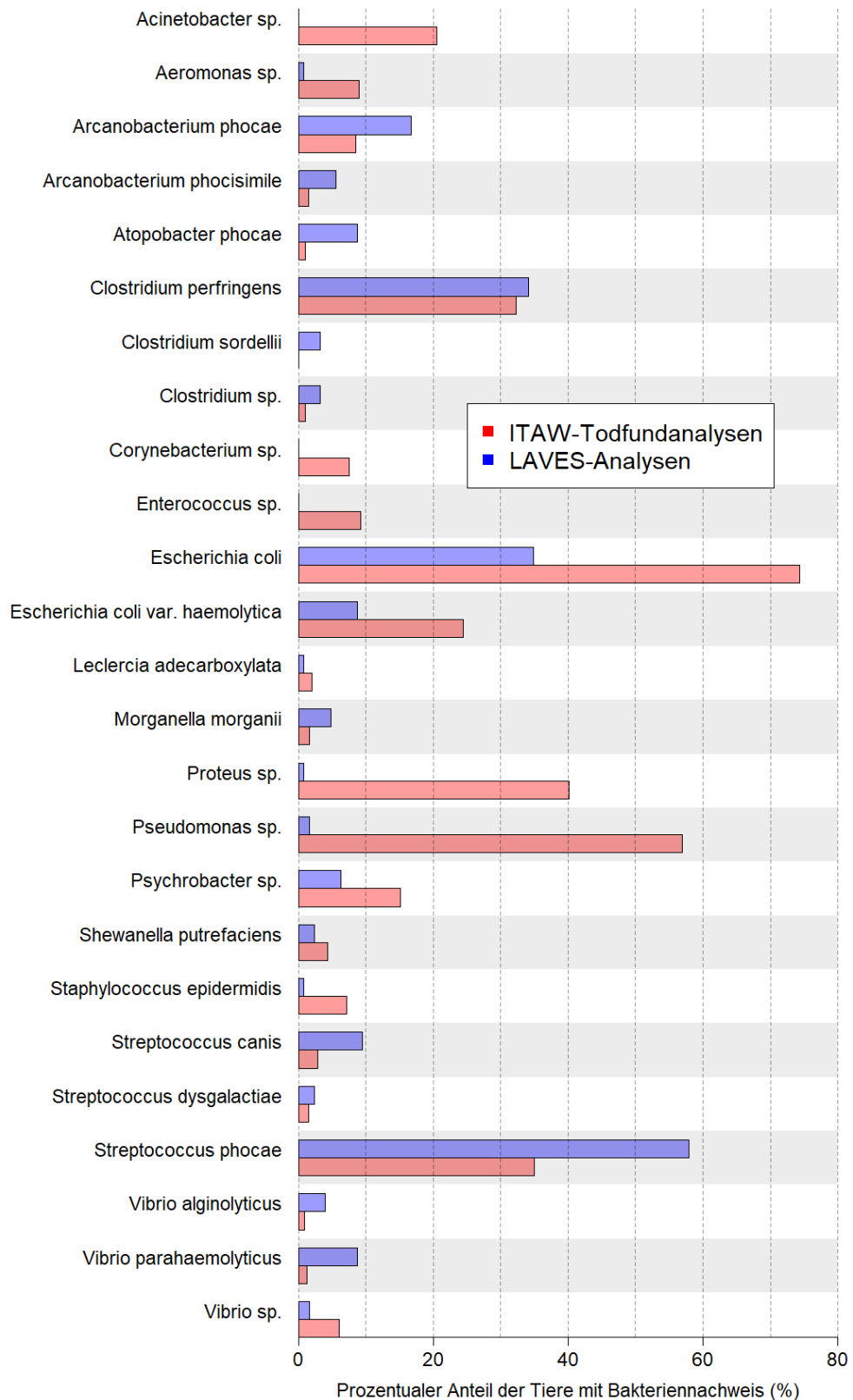


Abbildung 6: Prozentualer Vergleich der Anzahl von Tieren in denen Bakterien nachgewiesen wurden zu der Gesamtzahl von untersuchten Totfunden (rot) von Seehunden in Schleswig-Holstein sowie den Totfunden aus Niedersachsen.

Bei den heimischen Meeressäugern gibt es drei wichtige Virusfamilien, bzw. -gattungen: Orthoherpesviridae, Influenza-A-Viren und Morbilliviren. Herpesviren erscheinen für die weitere Auswertung besonders geeignet, da sie häufig bei Meeressäugern auftreten und eine gewisse Zeit im Meerwasser überleben können (Hick et al., 2015; Curry et al., 2000; Evans et al., 2017). Von den drei wichtigen Virusfamilien, bzw. -gattungen, die bei heimischen Meeressäugern auftreten, waren Herpesviren, insbesondere bei den beiden Robbenspezies, der häufigste Befund (Tabelle 4 und Abbildung 7). Das Virus selbst wurde bei knapp 20 % der Kegelrobben und gut 14 % der Seehunde nachgewiesen. Bei den Lebendfangproben hatten bis zu 98% der Kegelrobben und 90 % der Seehunde Antikörper im Blut, während bei bis zu 56% der Tiere Herpesviren selbst in Nasen-, Augen- oder Maultupfern nachgewiesen wurden.

Tabelle 3: Nachweis von Herpesviren in den Totfunden von Nord- und Ostsee

Art	Virus	positiv getestet	negatives Ergebnis	untersuchte Tiere	Prozent
Schweinswale	Herpesvirus (PHV)	8	187	197	4,1
Kegelrobben	Herpesvirus (PHV)	16	65	81	19,8
Seehunde	Herpesvirus (PHV)	24	138	170	14,1

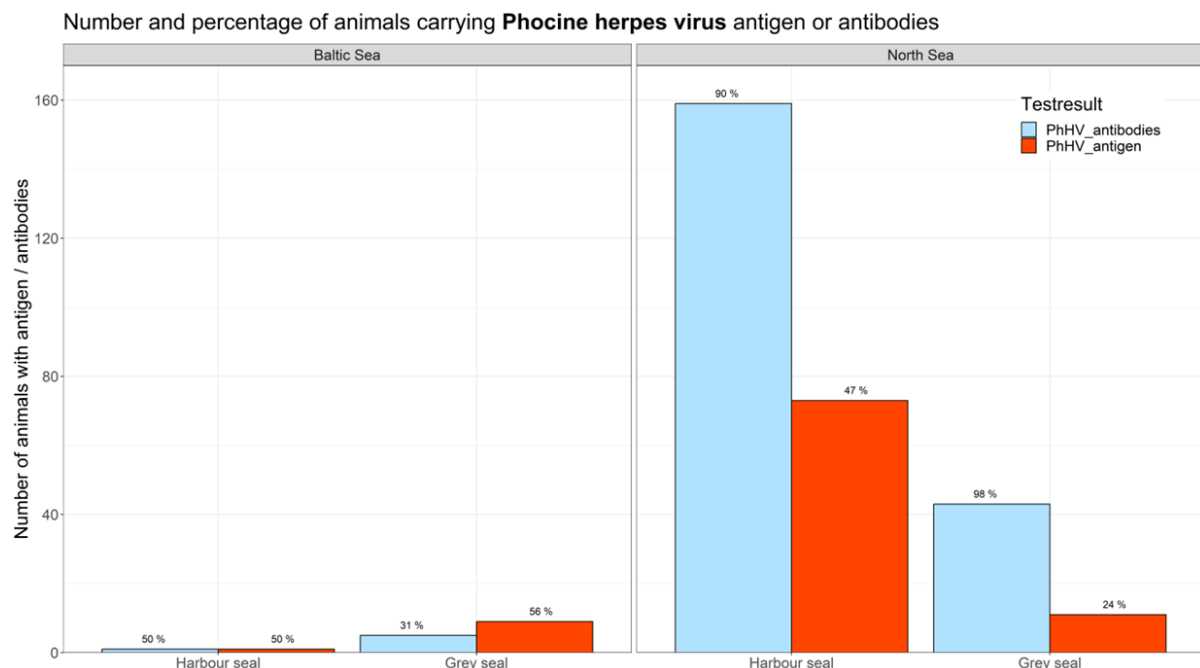


Abbildung 7: Nachweis von Herpesviren und Herpes-Antikörpern bei wild-gefangenen Robben in Schleswig-Holstein für die Ostsee und die Nordsee. Auf Antikörper wurden 230 Tiere zwischen 2015 und 2023 untersucht. Auf Viren wurden 219 Robben zwischen 2016 und 2023 untersucht.

Die Listen nachgewiesener Erreger wurde eingehend geprüft, insbesondere in Bezug auf Pathogenität der Keime, Häufigkeit des Nachweises, Verteilung in den verschiedenen Gebieten und Meeressäugerspezies, sowie dem Auftreten über die Zeit. Dabei wurde auch eine umfassende Literaturrecherche durchgeführt. Letztlich wurden 12 bakterielle Erreger und eine Virusfamilie, für die jeweils ein Indikator-Potential gesehen wurde, ausgewählt (Tabelle 4).

Tabelle 4: Ausgewählte Erreger, die weitergehend auf ihre Eignung als Indikatoren untersucht wurden.

Nr.	Erreger
1	<i>Brucella</i> sp.
2	<i>Clostridium perfringens</i>
3	<i>Enterococcus faecalis</i>
4	<i>Erysipelothrix rhusiopathiae</i>
5	<i>Escherichia coli</i>
6	<i>Escherichia coli</i> var. <i>haemolytica</i>
7	<i>Rahnella aquatilis</i>
8	<i>Salmonella</i> sp.
9	Staphylococcus aureus
10	Staphylococcus epidermidis
11	β -Streptokokken / <i>Streptococcus phocae</i>
12	<i>Vibrio anguillarum</i>
13	Herpesviridae

Die Literaturrecherche, Erfassung und Zusammenstellung vorhandener Daten zu Meeressäuger Mikroorganismen ist abgeschlossen (**Meilenstein M1**). Diese Arbeiten wurden von Dr. Groß im Rahmen von 3,5 VZÄ erfüllt.

Zusätzliche Probennahme und Analyse der Proben auf Pathogene

In den Jahren 2022 und 2023 wurden neue Proben von gestrandeten Meeressäugern genommen. Hierfür wurden im Rahmen des Projektes auch Fahrten durchgeführt, um gestrandete Tiere abzuholen und zum Institut zu verbringen. Insgesamt wurden während der Projektlaufzeit 200 Meeressäuger seziert, beprobt und in weiterführenden Untersuchungen auf bakterielle (38 Schweinswale, 130 Seehunde und 32 Kegelrobben) und virale Erreger (32 Schweinswale, 59 Seehunde und 11 Kegelrobben) hin untersucht. Zusätzlich wurden 43 Robben (42 Seehunde und 1 Kegelrobben) lebend gefangen und mittels Tupfer aus Auge, Nase, Maul, Anus und Vagina beprobt. Die Untersuchung auf bakterielle Erreger erfolgte durch das Institut für Hygiene und Infektionskrankheiten der Tiere, der Justus-Liebig-Universität Gießen, und die Untersuchung auf virale Erreger durch das Institut für Virologie, der TiHo. Für die bakteriologische Untersuchung wurden die Proben zunächst auf Nährböden ausgestrichen und angezüchtet. Die Erregerbestimmung erfolgte mittels MALDI-TOF MS oder 16S rRNA-Sequenzanalyse. Die Untersuchung auf virale Erreger erfolgte mittels real time bzw. nested-PCR. Die neu erhobenen Befunde wurden zu den bereits vorhandenen Daten hinzugefügt.

Zusätzlich zu den am Tier genommen Proben wurden Meerwasserproben aus dem Bereich Sylter Außenriff und Eckernförder Bucht mit unterschiedlichen Methoden auf im Wasser vorhandene Meeressäugerpathogene untersucht. Da die Erregerdaten von Meeressäugern aus Niedersachsen erst zu einem relativ späten Zeitpunkt zur Verfügung gestellt werden konnten und nicht klar war, ob diese Daten noch in die Auswertung mit einfließen können, wurden im Bereich Borkum Riffgrund keine Umweltproben genommen. Alternativ wurden mehr Umweltproben aus dem Bereich Sylter Außenriff untersucht. Dies ist aus wissenschaftlicher Sicht nicht nachteilig, da aus der Schleswig-Holsteinischen Nordsee auch der größte Datensatz zum Vorkommen von Pathogenen bei Meeressäugern vorliegt und somit für dieses Gebiet eine gute Datengrundlage sowohl für Tier- als auch Umweltdaten gegeben ist. Hierfür wurden durch den Projektpartner Helmholtz-Institut für Funktionelle Marine Biodiversität an der Universität Oldenburg (HIFMB), Silke Laakmann und Kerstin Klemm, 36 eDNA-Proben untersucht, die im September 2020 auf der Ausfahrt HE562 mit der RV Heincke genommen, gefiltert und tiefgekühlt aufbewahrt wurden. Diese Proben wurden im Rahmen von CREATE mittels qPCR auf das Vorkommen von 10 ausgewählten bakteriellen Erregern getestet. Zu den getesteten Bakterien gehören *Brucella* sp., *Clostridium perfringens*, *Enterococcus faecalis*, *Erysipelothrix rhusiopathiae*, *Escherichia coli*, *Escherichia coli* var. *haemolytica*, *Rahnella aquatilis*, *Salmonellen* sp., *Staphylococcus epidermidis* und *Streptococcus phocae*. Zusätzlich wurden zwei der Proben mittels Metabarcoding untersucht. Die Proben aus 2020, also von vor Beginn des Projektes, wurden für diese Untersuchung ausgewählt, da bei diesen zum Zeitpunkt der Untersuchung bereits die Ergebnisse der eDNA-Analyse vorlagen und Schweinswal-DNA nachgewiesen werden konnte. Hier wurde die größte Wahrscheinlichkeit gesehen, auch Meeressäugerpathogene, von denen einige eine begrenzte Überlebenszeit in der Umwelt haben, nachweisen zu können. Für die im Rahmen von CREATE filtrierte Wasserproben vom Sylter Außenriff lagen die Ergebnisse zu den Meeressäugern zum Zeitpunkt der Untersuchung noch nicht vor.

Aufgrund des fehlenden Nachweises der ausgewählten Pathogene mittels der ursprünglich geplanten PCR-Methode, wurde abweichend vom Antrag ein zusätzlicher Ansatz versucht. Hierzu wurden an der Schleswig-Holsteinischen Ostseeküste von Dr. Groß fünf Wasserproben von Land aus genommen, filtriert und an das Institut für Hygiene und Infektionskrankheiten der Tiere, der Justus-Liebig-Universität Gießen geschickt. Dort wurden die Filter auf Nährböden verbracht und inkubiert und die gewachsenen Keime mittels 16S rRNA-Sequenzanalyse oder MALDI-TOF MS identifiziert.

Des Weiteren wurden durch den Projektpartner Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie, Bremen (MPI-MM), Rudolf Amann und Anneke Heins, im Juni 2024 15 Wasserproben während der Ausfahrt HE643 mit der RV Heincke genommen, filtriert und tiefgekühlt. Diese Proben wurden anschließend an der TiHo auf Herpesviren mittels einer pan-Herpesvirus PCR und Sanger Sequenzierung getestet.

Die Probennahme und Analyse neuer Proben auf Pathogene (**Meilenstein M3**) und Zusammenstellung der Ergebnisse wurden von Dr. Groß im Rahmen von 9,5 VZÄ erfüllt.

Statistische Auswertung vorhandener und neuer Daten

Um einen Vergleich der Bakteriennachweise von den Totfunden und Lebendbeprobungen in Schleswig-Holstein durch das ITAW sowie den Analysen der niedersächsischen Proben durch das LAVES wurden die Datenbank- bzw. Exceltabellen in eine angepasste Struktur überführt und ein Abgleich der Bezeichnungen vorgenommen (siehe Abbildung 2 bis Abbildung 5).

Weitergehende Analysen der Totfund-Daten des ITAW wurden mit dem Programm „RStudio 2023.12.1+401 ‘Ocean Storm Release’ “ durchgeführt. Dazu wurden Graphiken erstellt, die für alle ausgewählten Erreger (siehe Tabelle 4) die Anzahl an Tieren, bei denen das entsprechende Bakterium nachgewiesen wurde, der Gesamtzahl an untersuchten Totfunden in Schleswig-Holstein über die Untersuchungsjahre gegenübergestellt (siehe Abbildung 8). In einem weiteren Schritt wurden die Daten bezüglich des Geschlechts, der Jahresquartale und der Meere getrennt und auf Auffälligkeiten untersucht. In einem weiteren Auswertungsansatz wurden bei den Totfund-Analysen die diagnostizierten Erkrankungen mit einbezogen (siehe Abbildung 9).

Die statistische Auswertung der vorhandenen Daten zu Meeressäuger Mikroorganismen (**Meilenstein M2**) und neu gewonnener Daten (**Meilenstein M4**) ist abgeschlossen. Diese Arbeiten wurden von Dr. Ruser im Rahmen von 5,5 VZÄ erfüllt.

Auswertung des Pathogenvorkommens bei Meeressäugern

Die gewonnenen Ergebnisse wurden zusammengefügt und im Hinblick auf die gesetzten Ziele ausgewertet. Hier wurde das Vorkommen der ausgewählten Erreger in Hinblick auf die Häufigkeit des Auftretens für die drei heimischen Meeressäugerspezies getrennt betrachtet. Ferner wurde untersucht, ob einzelne der ausgewählten Erreger unterschiedliche Häufigkeiten über die Zeit zeigen und ob Unterschiede zwischen den Geschlechtern oder Altersklassen bestehen. Auch wurden die Daten getrennt für die beiden Gebiete Nordsee und Ostsee betrachtet, bzw. inwieweit es Unterschiede zwischen Proben von Tieren aus Niedersachsen und Schleswig-Holstein gibt. Ein statistischer Datenvergleich war aufgrund stark unterschiedlicher Probenzahlen nicht immer möglich.

Zwischen Nord- und Ostsee, Geschlechtern und Altersklassen wurden keine Unterschiede in der Häufigkeit des Vorkommens festgestellt. Im zeitlichen Verlauf zeigt sich eine schwankende Häufigkeit für Brucellen bei Seehunden in der Nordsee (Abbildung 8), die überwiegend, aber nicht vollständig mit der Probenanzahl korreliert. Die Ursache hierfür konnte anhand der zur Verfügung stehenden Daten allerdings nicht ermittelt werden.

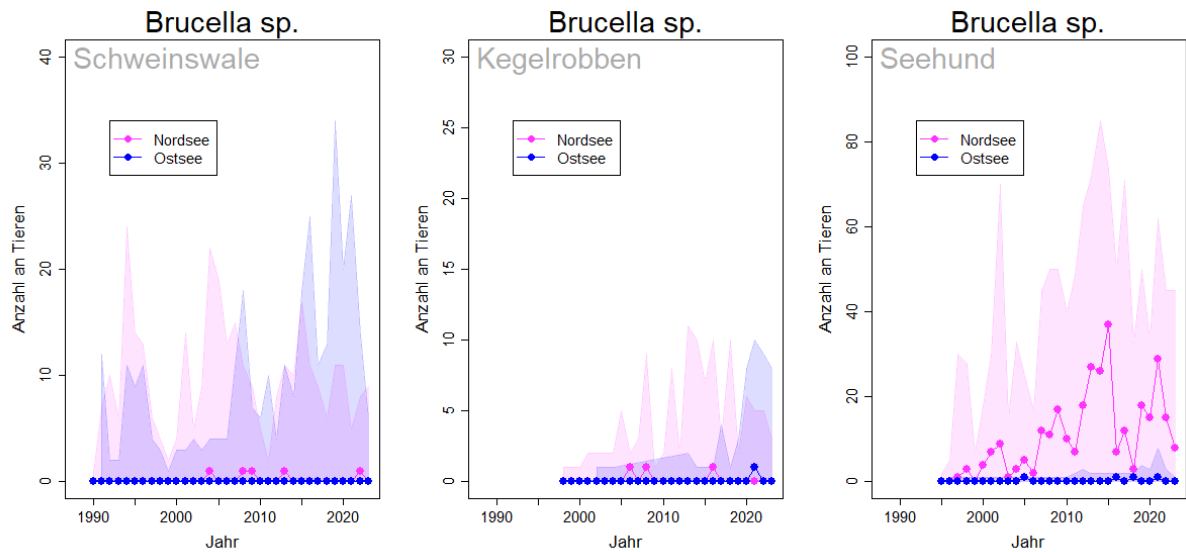


Abbildung 8: Auftreten von *Brucella* sp. und *Salmonella* sp. bei den drei Meeressäugerspezies über die Zeit und getrennt für Nord- und Ostsee. Die Gesamtzahl der untersuchten Tiere wird durch die farblichen Flächen (Nordsee = pink, Ostsee = blau) angezeigt.

Da die geplanten Auswertungen keine markanten Auffälligkeiten gezeigt haben, wurde in einem weiteren Auswertungsansatz bei den Totfunden die diagnostizierten Erkrankungen mit einbezogen (Abbildung 9). Hier fallen beispielsweise interessante Unterschiede in dem Pathogenvorkommen zwischen den Spezies auf, z.B. für *Streptococcus phocae* (Seehund 47,9%, Kegelrobbe 42,4%, Schweinswal 7,6%) und *Escherichia coli* var. *haemolytica* (Seehund 22,2%, Kegelrobbe 18,2%, Schweinswal 5,6%) bei mit Pneumonie diagnostizierten Tieren. Dieser Ansatz konnte im Rahmen des Projektes nicht weiterverfolgt werden, wird aber in Phase 2 genauer untersucht.

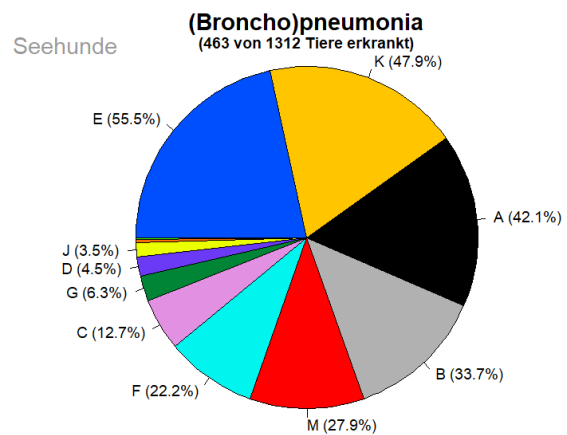
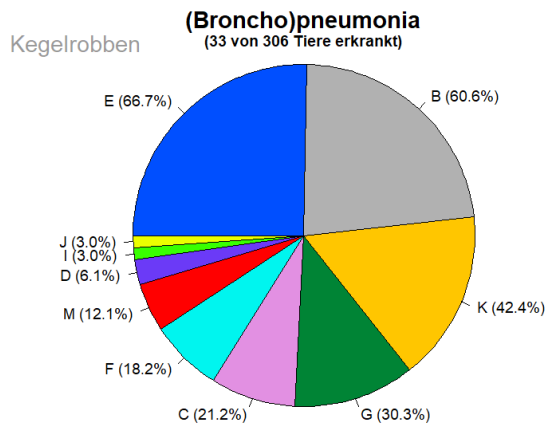
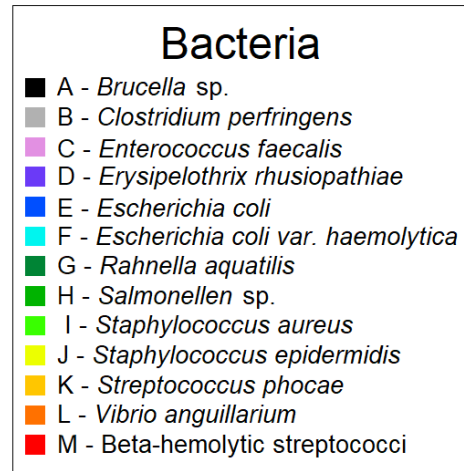
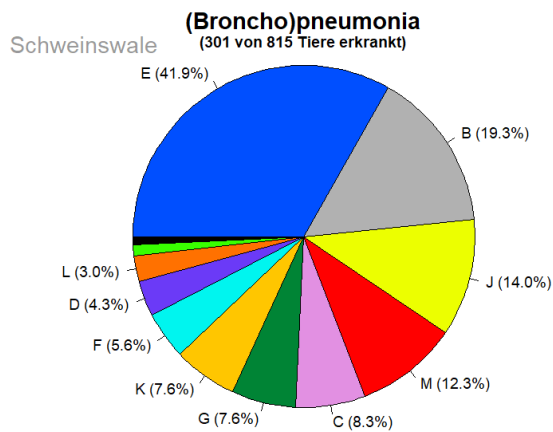


Abbildung 9: Vergleich nicht-ursächlicher bakterielle Befunde bei Seehunden, Kegelrobben und Schweinswalen, aufgeführt für Tiere mit diagnostizierter (Broncho)Pneumonie.

Pathogennachweise im Meerwasser

Es konnte keins der ausgewählten Bakterien mittels PCR in keiner der Proben aus dem Sylter-Außenriff nachgewiesen werden. Auch in den beiden zusätzlich mittels Metabarcoding untersuchten Proben, wurden keine der ausgewählten Bakterien nachgewiesen. Da zumindest der Nachweis von *E. coli* erwartet worden wäre, wurden zusätzlich Filter auf Nährböden inkubiert. Mit dieser Methode konnten von den ausgewählten Bakterien *Clostridium perfringens* (2x), *Escherichia coli* (2x) und *Rahnella aquatilis* (1x) in den fünf Proben nachgewiesen werden. Kein Nachweis erfolgte für *Brucella sp.*, *Enterococcus faecalis*, *Erysipelothrix rhusiopathiae*, *Escherichia coli var. haemolytica*, *Salmonella sp.*, *Staphylococcus epidermidis*, *Streptococcus phocae*, *Staphylococcus aureus* und *Vibrio anguillarum*.

Aufgrund des häufigen Auftretens bei Meeressäugern und einer längeren Haltbarkeit der Herpesviren im Meerwasser (Dayram et al., 2017), wurden die Herpesviren für eine weitergehende Untersuchung ausgewählt. In 12 der 15 Proben konnten Herpesviren nachgewiesen werden. Bei der anschließenden Sanger Sequenzierung konnten aber leider keine spezifischen Herpesviren identifiziert werden. Dies lag zum Teil daran, dass es sich um Herpesviren primitiver Organismen und nicht um Herpesviren von Meeressäugern handelte. Zum anderen waren häufig mehrere Herpesviren in einer Probe vorhanden, wobei eine nötige aufwendige Auftrennung der einzelnen Viren im Rahmen dieses Projektes leider nicht möglich war. Zudem wurden bisher unbekannte Herpesviren identifiziert. Dabei zeigte ein Virus eine 71% Homologie zu einem Rentier-Herpesvirus. Bedenkt man die evolutionäre Abstammung der Wale von den Wiederkäuern, könnte es sich hierbei um einen unbekanntes Herpesvirus eines Schweinswals handeln. Leider konnte auch hier keine weiterführende Untersuchung im Rahmen des Projektes erfolgen.

Zusammenfassend war der gezielte Erregernachweis im Meerwasser schwierig. Für die Bakterien war der kulturelle Ansatz am erfolgreichsten. Bei den Herpesviren stellt die Identifikation der Art eine Herausforderung dar, die aber mit weiteren finanziellen und zeitlichen Ressourcen lösbar scheint und interessante Ergebnisse verspricht. Insgesamt haben sich die Herpesviren als die vielversprechendste Erregergruppe zum Nachweis im Meerwasser herausgestellt.

Während des Projektes wurde eine vielversprechende Schnittstelle mit dem MPI-MM in Bremen identifiziert. In der zweiten Phase des CREATE Projektes sollen nun die vom MPI erhobenen Daten zur mikrobiellen/eDNA in Meerwasser mit den bei Meeressäugern gefundenen Erregern verglichen werden.

Die Probennahme und Zusammenstellung der Ergebnisse wurden von Dr. Groß im Rahmen von 3 VZÄ erfüllt.

Identifikation von Indikatoren

Im Rahmen des Projektes wurden Daten von bakteriellen und viralen Erregern, die bei heimischen Meeressäugern in Nord- und Ostsee über ca. 3 Jahrzehnte nachgewiesen wurden, ausgewertet. Auch wenn im Rahmen des Projektes kein Indikator identifiziert werden konnte, haben sich doch vielversprechende Muster im Pathogenaufkommen gezeigt. Daher soll die Auswertung in Phase 2 des Projektes unter Einbeziehung komplexerer Zusammenhänge ausgeweitet werden. Hier sollen insbesondere die Auswirkungen von Ko-Infektionen und Erkrankungs- bzw. Todesursachen auf das nachgewiesene Mikrobiom analysiert werden.

Die Ergebnisse der im Meerwasser vorkommenden Pathogene wurden für die Bakterien aus Reinkulturen gewonnen und erfüllen damit nicht die Vorgaben für die Aufnahme in das eDNA-Bioarchiv des Projektes. Die nachgewiesenen Herpesviren konnten nicht ausreichend aufgeschlüsselt werden, um in die Datenbank aufgenommen zu werden. Die jeweiligen Ergebnisse sind aber als Rohdaten am ITAW abfragbar (**Meilenstein M5**).

Der Endbericht wurde termingerecht fertiggestellt (**Meilenstein M6**).

Allgemeine und übergreifende Beiträge im Rahmen des Projektes

Zusätzlich zu den aufgeführten Arbeiten haben die über das Projekt angestellten Wissenschaftler an diversen online und Präsenzmeetings, wie den monatlichen jour fixes, den CREATE Projekt-Treffen, einzelnen Projekt-Workshops, der Mission Working Group Monitoring & Assessment und den Missions-Meetings teilgenommen.

Dr. Groß hat im Rahmen der sustainMare Ringvorlesung „Schutz und Nachhaltige Nutzung unserer Meere und Küstenregionen“ zwei Beiträge geleistet. Im Jahr 2023 hat sie zusammen mit Anita Gilles (CoastalFutures) zu dem Thema „Eingriffe des Menschen im Lebensraum von Seehund, Kegelrobbe und Schweinswal: Bedrohung und Gefährdungen für marine Säugetiere in Nord- und Ostsee“ referiert. Zusammen mit Wiebke Holms (CREATE) wurde im Jahr 2024 zu dem Thema „Schweinswale in der Nordsee: Gefährdungen und Schutzbemühungen“ vorgetragen.

Im November 2024 konnte Dr. Groß auf der internationalen Konferenz der Society for Marine Mammalogy in Perth, Australien, die im Rahmen von CREATE erarbeiteten Ergebnisse zu dem Vorkommen bakterieller Erreger bei heimischen Meeressäugern in Form eines Posters präsentieren.

Für den Projektpartner Helmholtz-Institut für Funktionelle Marine Biodiversität an der Universität Oldenburg (HIFMB), Silke Laakmann, wurden Gewebeproben verschiedener Meeressäuger aus dem ITAW-Probenarchiv rausgesucht und übergeben. Diese Gewebeproben wurden als Referenzmaterial für die Untersuchung von Umweltproben auf das Vorhandensein von Meeressäuger DNA im Bereich der drei Beprobungsstationen genutzt.

Diese Arbeiten wurden von Dr. Ruser im Rahmen von 0,5 VZÄ und von Dr. Groß im Rahmen von 2 VZÄ erfüllt.

3. Verwendung der Zuwendungen

Die wichtigsten Positionen des zahlenmäßigen Nachweises sind wie folgt.

Die bewilligte Summe beträgt 197.600,00€, die auf drei Positionen verteilt ist.

Insgesamt wurden 186.808,43€ ausgegeben. Der Großteil der Zuwendungen ist in die Beschäftigung (insgesamt 24 VZÄ) der beiden im Projekt arbeitenden Wissenschaftler geflossen (169.472,16€). Zusätzlich wurden Gelder für Materialien (12.516,53€) und Dienstreisen (4.819,74€) ausgegeben.

4. Verwertbarkeit des Ergebnisses

Auch wenn im Rahmen des Projektes keine Indikatoren für die Meeressäugergesundheit identifiziert werden konnten, liefern die Ergebnisse der Auswertung der ITAW-Datenbank, insbesondere zum Vorkommen von bakteriellen Meeressäugerpathogenen, wichtige Informationen zu dem Gesundheitsstatus der Populationen heimischer Meeressäuger.

Die Forschungsgruppe zur Ökologie der marinen Säugetiere an der TiHo konnte durch das Projekt ausgebaut werden. Durch den intensiven Austausch konnten mit anderen am Projekt teilnehmenden Forschungseinrichtungen neue Kontakte geknüpft bzw. bestehende intensiviert werden. Dies erleichtert zukünftige Kooperationen und einen Ausbau transdisziplinärer Forschung.

Die Analysen aus dem Teilvorhaben haben unmittelbaren Nutzen bei der Erarbeitung und Weiterentwicklung von Indikatoren für marine Säugetiere und wurden von Wissenschaftlern des ITAW in internationalen Arbeits- und Expertengruppen im Rahmen von HELCOM EG MAMA, OSPAR OMMEG und der Trilateralen Robben-Expertengruppe (TSEG) des Gemeinsamen Wattenmeersekretariats (CWSS) diskutiert. Außerdem wurden die Projekterkenntnisse in der Lehre, u.a. bei Vorlesungen der TiHo Hannover, integriert.

Die Ergebnisse zum Vorkommen von Bakterien und Viren bei heimischen Meeressäugern sollen in Sachstandsberichten zusammengefasst werden.

Eine Monitoringstrategie für anthropogene Drücke auf Meeressäuger durch Nutzung von Indikatorkeimen konnte in Phase 1 des Projektes nicht entwickelt werden, da im Rahmen des bisherigen Umfangs der Datenauswertung keine Indikatorpathogene bestimmt werden konnten. In Phase 2 werden weitere Faktoren in die Auswertung mit einbezogen. Können hier Indikatoren bestimmt werden, ist eine Einbettung in Monitoringstrategien geplant.

Die Ergebnisse der durchgeführten Analyse des Pathogenvorkommens in der Umwelt (hier im Meerwasser) haben nicht die gewünschte Aussagekraft erzielt. Mit der im Antrag geplanten Methode ist es nicht gelungen, die ausgewählten Bakterien im Meerwasser nachzuweisen. Mit einem kleinem Probenumfang wurde eine weitere Methode getestet. Hier konnten einige der ausgewählten Bakterien nachgewiesen werden. Es wäre weitere Forschung nötig, um insbesondere eine verlässliche Quantitative Aussage zum Pathogenvorkommen treffen zu können. Die ausgewählten Familien der Herpesviren konnte zwar in den Wasserproben nachgewiesen werden. Allerdings war eine Bestimmung der einzelnen Herpesviren mit den vorgesehenen finanziellen und personellen Mitteln nicht möglich. Daher konnten hier keine Aussagen zu meeressäugerspezifischen Herpesviren getroffen werden. Allerdings erscheinen die Herpesviren als vielversprechende Pathogengruppe für den Nachweis im Meerwasser. Dieser Ansatz könnte in einem neuen Projekt weiterverfolgt werden.

Die Ergebnisse des Vorhabens der TiHo wurden auf der 25th Biennial Conference on the Biology of Marine Mammals vom 11.-15.11.2024 in Perth, Australien, in Form eines Posters mit dem Titel „Post-mortem findings of pathogenic bacteria in resident marine mammals of the German North and Baltic Seas over three decades and their potential as indicators for marine mammal health“ vorgestellt.

Eine Publikation zu der Auswertung zum Vorkommen von bakteriellen Erregern bei Meeressäugern in der Deutschen Nord- und Ostsee ist unter dem Arbeitstitel „Spatial and temporal changes in the microbiom of marine mammals – an indicator for a changing ecosystem“ in Vorbereitung.

5. Literaturverzeichnis

Curry, S. S., Brown, D. R., Gaskin, J. M., Jacobson, E. R., Ehrhart, L. M., Blahak, S., ... & Klein, P. A. (2000). *Persistent infectivity of a disease-associated herpesvirus in green turtles after exposure to seawater*. *Journal of Wildlife Diseases*, 36(4), 792-797.

Dayaram, A., Seeber, P. A., & Greenwood, A. D. (2021). *Environmental detection and potential transmission of equine herpesviruses*. *Pathogens*, 10(4), 423.

Evans, O., Hick, P., Alford, B., & Whittington, R. J. (2017). *Transmission of Ostreid herpesvirus-1 microvariant in seawater: Detection of viral DNA in seawater, filter retentates, filter membranes and sentinel Crassostrea gigas spat in upwellers*. *Aquaculture*, 473, 456-467.

Hick, P., Evans, O., Looi, C.Y., English, C., 2015. *Stability of Ostreid herpesvirus-1 (OsHV-1) and assessment of disinfection of seawater and oyster tissues using a bioassay*. *Aquaculture* 450, 412–421.

Siebert, U., Müller, S., Gilles, A., Sundermeyer, J., Narberhaus, I. (2012). Chapter VII Species Profiles Marine Mammals. In: Narberhaus, I., Krause, J., Bernitt, U. (eds). *Threatened Biodiversity in the German North and Baltic Seas - Sensitivities towards Human Activities and the Effects of Climate Change*. *Naturschutz und Biologische Vielfalt*, Heft 117, Bonn-Bad Godesberg, p 447-495.

6. Danksagung

Die Autoren möchten sich bei allen engagierten Mitgliedern des Meeressäuger-Strandungsnetzwerkes bedanken, sowie bei allen Kollegen vom ITAW, die an der Durchführung von Sektionen und der Probennahme über drei Jahrzehnte beteiligt waren. Unser Dank gilt ebenfalls den Mitarbeitern des Niedersächsische Landesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (LAVES) für die Möglichkeit Niedersächsische Daten mit in das Projekt aufzunehmen. Wir sind ebenfalls dankbar für die Unterstützung durch das Ministerium für Energiewende, Klimaschutz, Umwelt und Natur von Schleswig-Holstein (MEKUN SH) für die Finanzierung des Strandungsnetzwerkes und des Gesundheitmonitorings von Meeressäugern.