



SO-250 KuramBio II

3. Wochenbericht

(29.08. – 04.09.2016)



In der letzten Woche haben wir die Stationsarbeit im Gebiet A6 und A5 abgearbeitet. Am Ende der Station A5 haben wir dann noch ein extrem volles Agassiz Trawl an Deck geholt, das mit mehr als einer Tonne Tiefseesediment und vier dicken Steinen ein großes Sortierteam den ganzen Nachmittag beschäftigt hat. Aber es hat sich gelohnt, denn es war ein sehr reicher Fang aus 7200 m Tiefe. Danach haben wir mit der Probenahme in Gebiet A4 in 8700 m Tiefe begonnen. Am späten Abend des 31. August mussten wir jedoch aufgrund eines Krankheitsfalles eines Besatzungsmitgliedes die Stationsarbeiten unterbrechen, um ihn in Tomakomai in ein Krankenhaus zu bringen.

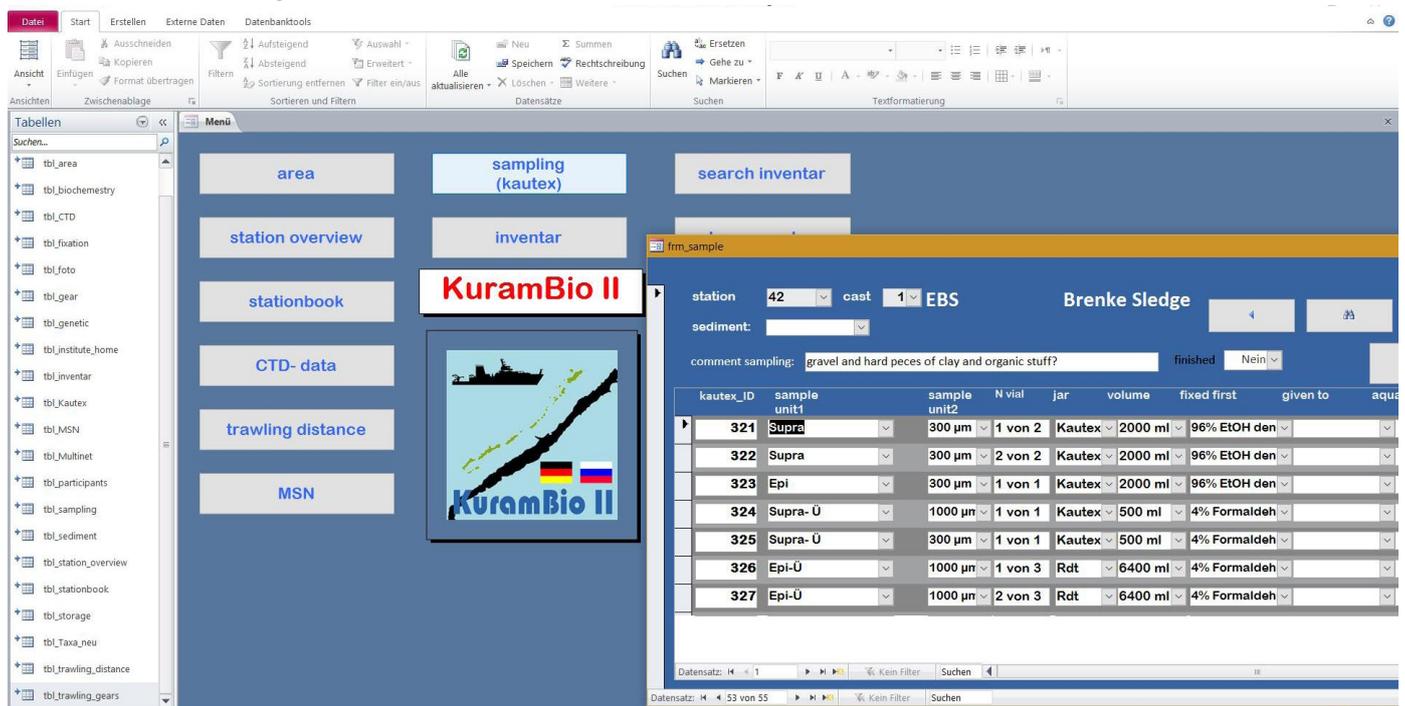


Abb.1: Benutzeroberfläche beim Öffnen der Borddatenbank und Eingabe der Epibenthoschleppnetzfänge (EBS).

Tabelle 1: Vereinfachte Zusammenfassung der bisher sortierten EBS-Fänge.

Taxa \ Area	Area A8 ca. 5100m	A6 ca. 6000m	A5 ca. 7200m	A1 ca. 8200m
Cnidaria	14	11	1	7
Mysida	11		15	27
Cumacea	40	16	11	27
Tanaidacea	105	3	11	6
Ostracoda	128	1		25
Copepoda Harpacticoida	232	43		86
Nematoda	180	89	1	211
Amphipoda	273	34	85	150
Echinodermata	138	59	14	356
Copepoda Calanoida	564	38	2	281
Isopoda	703	63	37	192
Mollusca	653	154	17	397
Polychaeta	1083	1261	224	978
Gesamtergebnis	4124	1772	418	2743

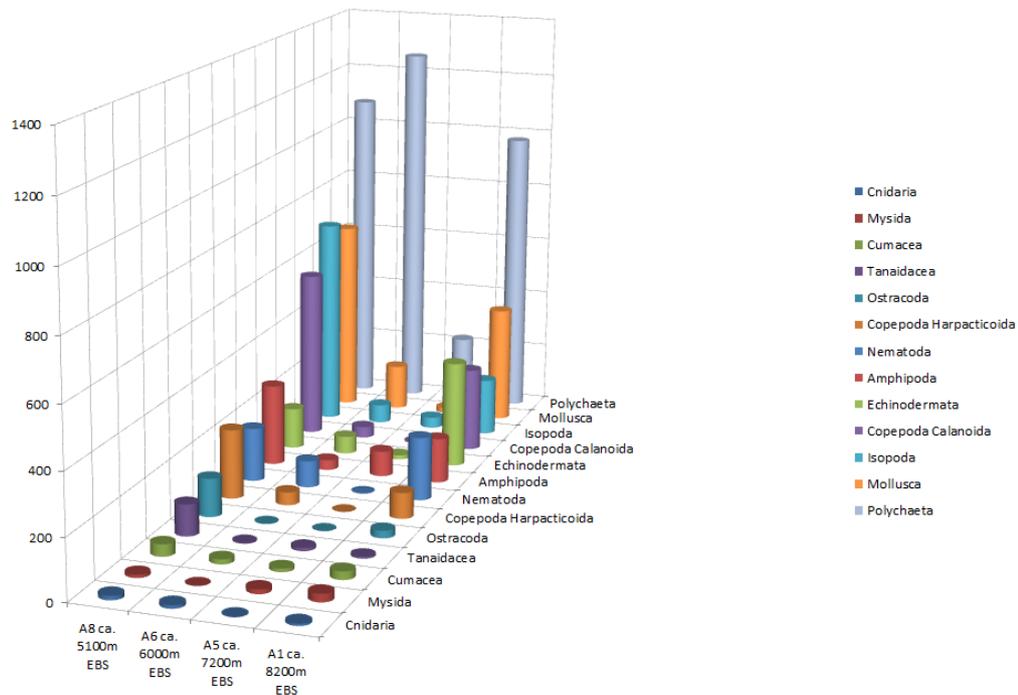


Abb. 2: Verteilung der bislang sortierten Proben nach Tiergruppen aus den EBS-Fängen.

Seit Sonntag gegen 4 Uhr sind wir zurück im Untersuchungsgebiet und kartieren den Tiefseeegraben auf dem Weg zurück zum Gebiet A4, um dann auch bereits bessere bathymetrische Informationen über die Meeresbodentopografie von der nächsten tiefen Station (Gebiet A7) in ca. 9500 m Tiefe zu bekommen. Aufgrund der Rückfahrt nach Tomakomai (ca. 3.5 Tage), sowie Windenproblemen beim Hieven der Geräte aus den großen Tiefen, verlieren wir Zeit für die Forschung und müssen darüber nachdenken in welchen Gebieten wir Abstriche machen.

Wir haben zunächst beschlossen das komplette Gebiet A2 in ca. 5000 m Tiefe zu streichen, da es am oberen südöstlichen Hang des Kurilen-Kamtschatka Grabens liegt, an dem wir während KuramBio I bereits einige Stationen gefahren haben. Durch den Verzicht auf Proben aus diesem Gebiet können wir ca. 2.5 Tage einsparen. Wir fahren derzeit unser Programm weiter und müssen dann in ca. 1.5 Wochen entscheiden wo wir weitere Abstriche machen müssen. Die Dampfzeit der letzten Tage wurde genutzt,



Abb. 3: Eines der Highlights der letzten Woche: *Giganocypris* ist die mit Abstand größte Muschelkrebseggattung und gehört zur Familie Cypridinidae. Dieses Exemplar wurde mit dem Multi-Schließnetz im Mesopelagial gefangen. Skala: 2 mm. (c) T. Riehl

um weitere Proben zu sortieren und an dem bereits gesammelten Material zu arbeiten.

In dem letzten Wochenbericht haben wir Ihnen berichtet welche Geräte wir einsetzen, um unsere wissenschaftlichen Fragestellungen zu klären. Heute wollen wir ein wenig mehr auf unsere bisherigen Ergebnisse und Proben eingehen, denn heute haben wir drei von sechs Arbeitswochen hinter uns. Unsere „Inventur“ der Arten in der Tiefsee zeigt uns nun, wo wir arbeitstechnisch stehen und, ob wir bisher mit unseren Ergebnissen zufrieden sein können. Zu diesem Zweck möchten wir noch einmal kurz auf unsere Datenbank eingehen und ihnen einen kleinen Einblick in die dort bisher gespeicherten KuramBio II Daten geben. Nach der dritten Woche auf See beinhaltet die Access KuramBio II



Abb. 4: *Mesocletodes* ist eine Gattung sehr typischer Tiefseevertreter der harpacticiden Copepoden. Diese Krebstiergruppe ist im Interstitial mariner Sedimente sehr häufig und divers anzutreffen. (c) P. Martínez Arbizu

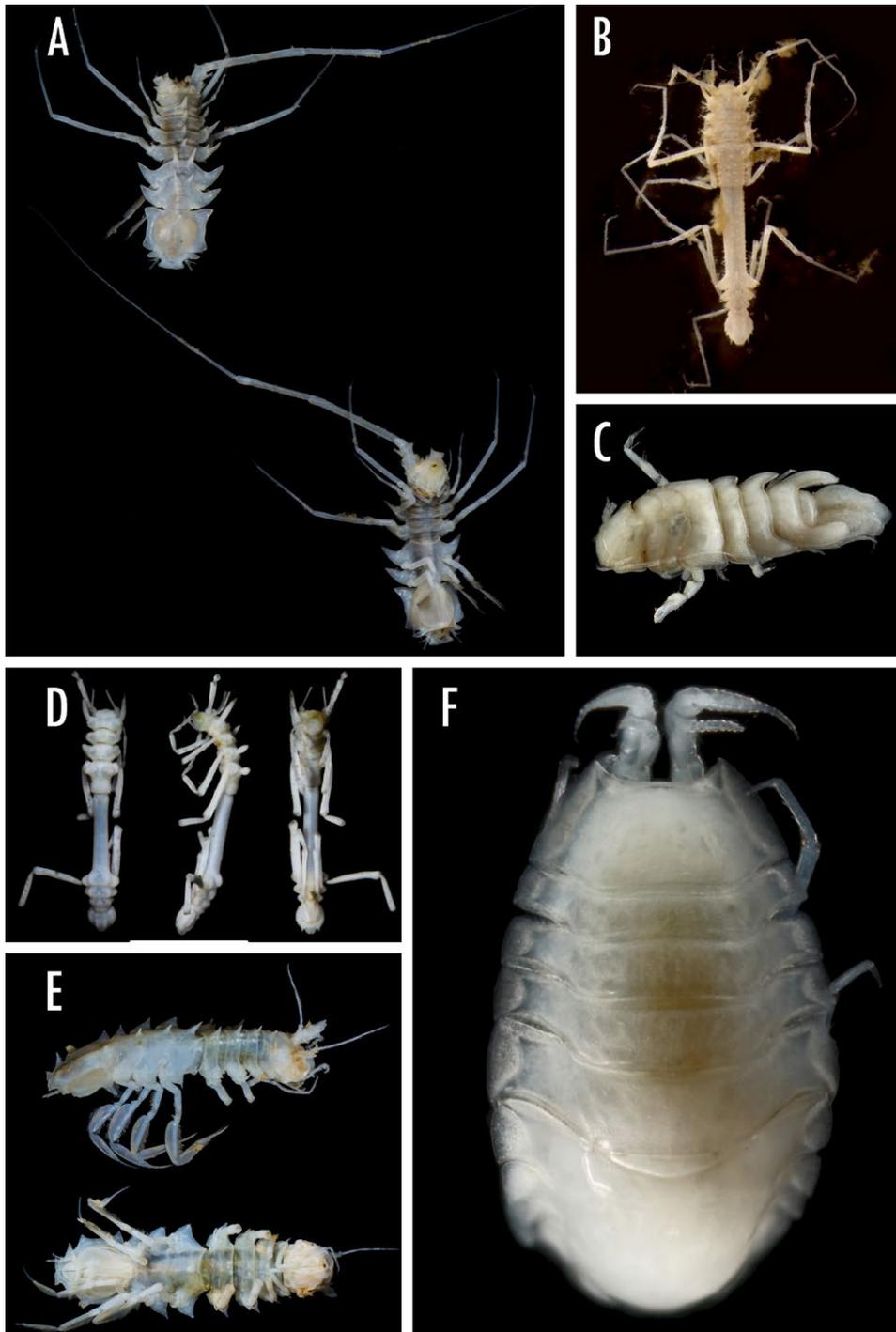


Abb. 5: Asseln aus abyssalen bis hadalen Tiefen des Kurilen-Kamtschatka Grabens. A, E: Munnopsidae; B, D: Ischnomesidae; C: Macrostylidae; F: Haploniscidae. Die Tiere sind nicht proportional abgebildet. (c) A.V. Lavrenteva (A, D, E), S. Brix (B), T. Riehl (C, F).

Projektdatenbank bereits 1180 Einträge, was derselben Anzahl Probengläschen entspricht. Das ist bereits eine stattliche Summe, wenn man bedenkt, dass erst vier Arbeitsgebiete beprobt und bei Weitem noch nicht alle Proben an Bord im Detail sortiert wurden. Über die Borddatenbank werden alle gesammelten Tiere katalogisiert und inventarisiert sowie dem einzelnen bearbeitenden Wissenschaftler zugeordnet. Dadurch wissen wir genau, wo sich welche Proben an Bord befinden und wer nach der Expedition welche Tiergruppen oder Proben bearbeitet. Über die Datenbank lassen sich Abfragen erstellen, die uns einen Überblick über die ersten Teilergebnisse geben. Am Ende bilden diese Abfragen die Grundlage zu unserem Fahrbericht und fassen die ersten Ergebnisse bildlich zusammen.

Bisher haben wir insgesamt 15.988 Wirbellose Tiere aus den verschiedenen Proben (GKG, EBS und AGT) sortiert, die meisten davon sind Meeresborstenwürmer (4551 Individuen). Sehr häufig sind aber auch Muscheln (1290 Ind.), Meeresasseln (1241 Ind.), oder auch andere Krebsgruppen. Des Weiteren wurden bisher an Bord DNA-

Extraktionen (COI Gen) von 61

Ruderfußkrebsen, 60 Schlangensterne, 40 Scherenasseln, 40 Flohkrebse sowie 20 Meeresasseln vorgenommen.

Es geht allen Teilnehmern gut und wir grüßen Sie und unsere Familien!

Angelika Brandt, Centrum für Naturkunde (CeNak), (Fahrleiterin SO250) und die Fahrtteilnehmer