



Die Biodiversität von Flüssen vorhersagen

17. Juli 2020 | Andri Bryner

Themen: Biodiversität | Ökosysteme

Die Biodiversität und damit der Zustand von Flussökosystemen können vorhergesagt werden. Forschende der Universität Zürich und vom Wasserforschungsinstitut Eawag kombinieren dazu Umwelt-DNA-Analysen mit hydrologischen Methoden. Am Beispiel des Flusses Thur konnten sie so schützenswerte Gebiete identifizieren, um Schutzmassnahmen einzuleiten.

Die Artenvielfalt ist sowohl in der Schweiz als auch weltweit stark bedroht. Der Bestand zahlreicher Organismen geht massiv zurück, insbesondere in Süsswasser-Ökosystemen. Alle in Flüssen lebenden Arten – etwa Fische, Bakterien und zahlreiche wirbellose Wassertiere wie Eintags-, Stein- oder Köcherfliegen – sind entscheidend, damit diese Ökosysteme funktionieren. Verantwortlich für den Rückgang dieser Arten sind die Homogenisierung ihrer Lebensräume, die Verschmutzung durch Pestizide und Nährstoffe oder die Ausbreitung eingeschleppter Arten. Um Flussökosysteme zu verstehen und zu schützen, ist das Monitoring ihrer Biodiversität unerlässlich.



*Entnahme einer Wasserprobe zur anschliessenden Untersuchung der Umwelt-DNA
(Bild: Eawag, Elvira Mächler)*

Umwelt-DNA mit hydrologischen Modellen kombiniert

Alle Organismen geben ständig ihre DNA in die Umwelt ab. Durch Extrahieren und Sequenzieren dieser sogenannten Umwelt-DNA (eDNA) von Wasserproben kann die Artenvielfalt schneller, weniger invasiv und umfassender bestimmt werden als durch die Identifizierung der Organismen selbst. In einer neuen Studie entwickelte die Forschergruppe von Florian Altermatt, Professor am Institut für Evolutionsbiologie und Umweltforschung der Universität Zürich (UZH) und am Wasserforschungsinstitut Eawag, einen neuartigen Ansatz, um Biodiversitätsmuster in Flussökosystemen vorherzusagen. «Wir kombinierten erstmals den Einsatz von Umwelt-DNA mit hydrologischen Modellen, um Prognosen über den Zustand der Biodiversität mit einer sehr feinen Auflösung über ein Einzugsgebiet von Hunderten von Quadratkilometern zu treffen», sagt Altermatt.

Biodiversitätsprognosen mit hoher Genauigkeit

Da DNA in Flüssen über viele Kilometer flussabwärts transportiert wird, erhält man auch Informationen über das Artenvorkommen im stromaufwärts gelegenen Einzugsgebiet. Mit Hilfe von mathematischen Modellen, die auf hydrologischen Prinzipien basieren, konnten die Wissenschaftler Biodiversitätsmuster mit einer Auflösung von 1 Kilometer langen Flussabschnitten für das gesamte 740 Quadratkilometer grosse Einzugsgebiet der Thur in der Nordostschweiz rekonstruieren. «Unser Modell stimmt mit einer noch nie dagewesenen Genauigkeit von 57 bis 100 Prozent mit den lokal vorhandenen Wasserinsekten aus direkten Beobachtungen überein», sagt Luca Carraro, Erstautor der Studie.



Steinfliegen der Gattung Isoperla (im Bild Isoperla grammatica) sowie viele weitere Gewässerinsektenarten wurden in der Studie mit Hilfe der Umwelt-DNA erfasst (Bild: Eawag, Florian Altermatt).

Unsichtbare Biodiversitäts-Hotspots identifizieren

Das Einzugsgebiet der Thur mit Wald, Landwirtschaft und Siedlungen ist repräsentativ für viele Landnutzungstypen. Es dient somit als verallgemeinerbares Beispiel für viele Flussökosysteme. Die neue Methode ermöglicht zudem, mit nur minimalen Vorkenntnissen über das Flussökosystem den Zustand und die Veränderungen der Artenvielfalt grossräumig und hochauflösend zu ermitteln. «Konkret ermöglicht der Ansatz Biodiversitäts-Hotspots zu identifizieren, die sonst übersehen werden könnten, und gezielte Schutzstrategien umzusetzen», ergänzt Altermatt.

Rascher Transfer von Forschungsergebnissen in der Schweiz

Viele Länder führen aktuell ein auf eDNA basierendes Gewässer-Biomonitoring ein – und könnten von der neuen Methode profitieren. Gemäss Florian Altermatt nimmt die Schweiz auf diesem Gebiet eine führende Rolle ein: «Der Transfer von wissenschaftlichen Erkenntnissen in die praktische Anwendung verläuft sehr rasch. Wir befinden uns im Schlusspurt, um für das Bundesamt für Umwelt Richtlinien für den Einsatz von eDNA im Standard-Biodiversitätsmonitoring zu erstellen». Damit wird es möglich sein, die Artenvielfalt für das rund 65'000 Kilometer lange Netz der Schweizer Flüsse und Bäche besser zu beschreiben und zu überwachen.

Titelbild: Eawag

Originalpaper

```
.extbase-debugger-tree{position:relative}.extbase-debugger-tree input{position:absolute !important;float:none !important;top:0;left:0;height:14px;width:14px;margin:0 !important;cursor:pointer;opacity:0;z-index:2}.extbase-debugger-tree input~.extbase-debug-content{display:none}.extbase-debugger-tree .extbase-debug-header:before{position:relative;top:3px;content:"";padding:0;line-height:10px;height:12px;width:12px;text-align:center;margin:0 3px 0 0;background-image:url(
```


Mächler, E.; Wüthrich, R.; Altermatt, F.' (75 chars) title => protected'Environmental DNA allows upscaling spatial patterns of biodiversity in fresh water ecosystems' (92 chars) journal => protected'Nature Communications' (21 chars) year => protected2020 (integer) volume => protected11 (integer) issue => protected" (0 chars) startpage => protected'3585 (12 pp.)' (13 chars) otherpage => protected" (0 chars) categories => protected" (0 chars) description => protected'The alarming declines of freshwater biodiversity call for efficient biomonitoring at fine spatiotemporal scales, such that conservation measures be grounded upon accurate biodiversity data. Here, we show that combining environmental DNA (eDNA) extracted from stream water samples with models based on hydrological first principles allows upscaling biodiversity estimates for aquatic insects at very high spatial resolution. Our model decouples the diverse upstream contributions to the eDNA data, enabling the reconstruction of taxonomic distribution patterns. Across a 740-km² basin, we obtain a space-filling biodiversity prediction at a grain size resolution of 1-km long stream sections. The model's accuracy in matching direct observations of aquatic insects' local occurrence ranges between 57-100%. Our results demonstrate how eDNA can be used for high-resolution biodiversity assessments in rivers with minimal prior knowledge of the system. Our approach allows identification of biodiversity hotspots that could be otherwise overlooked, enabling implementation of focused conservation strategies.'

(1113 chars) serialnumber => protected" (0 chars) doi => protected'10.1038/s41467-020-17337-8' (26 chars) uid => protected21047 (integer) _localizedUid => protected21047 (integer)modified _languageUid => protectedNULL _versionedUid => protected21047 (integer)modified pid => protected124 (integer) Carraro, L.; Mächler, E.; Wüthrich, R.; Altermatt, F. (2020) Environmental DNA allows upscaling spatial patterns of biodiversity in freshwater ecosystems, *Nature Communications*, 11, 3585 (12 pp.), [doi:10.1038/s41467-020-17337-8](https://doi.org/10.1038/s41467-020-17337-8), [Institutional Repository](#)

Finanzierung

Das Projekt wurde vom Schweizerischen Nationalfonds (SNF) und dem Universitären Forschungsschwerpunkt «Globaler Wandel und Biodiversität» der UZH finanziert.



*In der Thur (im Bild im oberen Toggenburg) wurden an verschiedenen Stellen Umwelt-DNA Proben analysiert, um anschliessend Vorhersagen der Biodiversität der Gewässerinsekten zu machen
(Bild: Eawag, Elvira Mächler/Chelsea Little/Florian Altermatt).*

Media Relations Universität Zürich

Tel. +41 44 634 44 67
mediarelations@kommunikation.uzh.ch

Kontakt



Florian Altermatt

Tel. +41 58 765 5592
florian.altermatt@eawag.ch



Andri Bryner

Medienverantwortlicher
Tel. +41 58 765 5104
andri.bryner@eawag.ch

<https://www.eawag.ch/de/info/portal/aktuelles/newsarchiv/archiv-detail/die-biodiversitaet-von-fluessen-vorhersagen>