



Verbesserter Gesundheitscheck für Fließgewässer

2. Dezember 2019 | Bärbel Zierl

Themen: Biodiversität | Ökosysteme | Schadstoffe

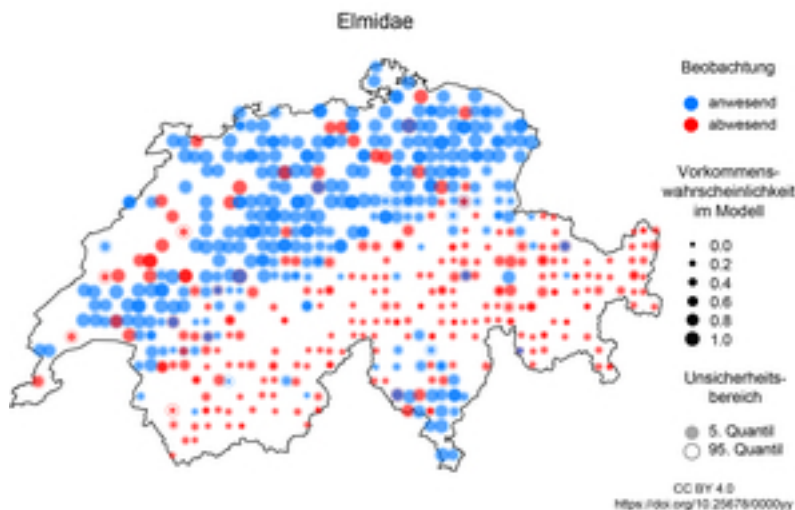
Wirbellose Tiere am Gewässerboden stehen unter genauer Beobachtung, denn sie dienen als Indikator für den ökologischen Zustand von Fließgewässern. Eine neue schweizweite Studie des Wasserforschungsinstituts Eawag zeigt auf, welche Arten besonders aussagekräftig sind und wie sich Monitoring und Gewässermanagement weiter verbessern lassen.

Dreht man in einem Fluss oder Bach einen Stein um, so wimmelt es von kleinen Tieren: Köcherfliegen, Wasserkäfer, Bachflohkrebse und Schnecken. Die mit blossen Auge sichtbaren wirbellosen Organismen am Gewässergrund, Makrozoobenthos genannt, sind eher unscheinbar, doch für die Wissenschaft und den Gewässerschutz von grosser Bedeutung. Einzelne Arten dieser Gemeinschaft reagieren sehr empfindlich gegenüber Veränderungen in ihrer Umwelt, zum Beispiel auf Schadstoffe oder Verbauungen entlang des Ufers oder im Einzugsgebiet des Gewässers. Andere wiederum sind tolerant. Die Diversität der kleinen Tiere lässt daher wichtige Rückschlüsse auf die Wasser- und Gewässerqualität zu. Teils lässt sich sogar auf die Ursachen einer Verschlechterung des ökologischen Zustands zurückschliessen.

Schweizweite modellgestützte Analyse der wirbellosen Kleinorganismen

Erstmals haben nun die Eawag-Forschenden Nele Schuwirth und Bogdan Caradima gemeinsam mit weiteren Kollegen der Abteilung Systemanalyse und Modellierung kantonale und bundesweite Daten über das Makrozoobenthos gesamthaft untersucht. Sie nutzten hierfür die Datenbank für Makrozoobenthos [MIDAT](#) des Schweizerischen Zentrums für die Kartografie der Fauna (SZKF). Darin enthalten sind die Daten des Biodiversitätsmonitoring [BDM](#), der Nationalen Beobachtung Oberflächengewässerqualität [NAWA](#) und von 14 kantonalen Monitoring-Programmen.

Da die Programme die wirbellosen Kleinlebewesen auf unterschiedlichen systematischen Niveaus – Familie, Gattung, Art – erfassen, mussten die Datensätze zuerst vereinheitlicht werden. Anschliessend haben die Forschenden sie mithilfe von statistischen Modellen analysiert und wichtige direkte und indirekte Einflussgrössen für das Auftreten einzelner Organismen identifiziert. Dies waren unter anderem Wassertemperatur, Insektizid-Anwendungen im Einzugsgebiet, Fliessgeschwindigkeit, Landwirtschaft und Bewaldung entlang des Ufers, Siedlungsfläche und Grossvieheinheiten im Einzugsgebiet. Einige dieser Einflussgrössen wie die Wassertemperatur beeinflussen die Organismen direkt. Andere dienen als Indikatoren für Einflussgrössen, die nicht direkt gemessen wurden. So kann zum Beispiel die Bewaldung des Uferbereichs zu erhöhtem Laubeintrag, Beschattung des Gewässers und vermindertem Eintrag von Nähr- und Schadstoffen aus dem Einzugsgebiet führen.



Vorkommen der Käferfamilie Elmidae in der Schweiz in den Biodiversitätsmonitoringdaten und im Modell, grosse blaue Punkte und kleine rote Punkte zeigen eine gute Übereinstimmung zwischen Beobachtung und Modell.

Aus den Ergebnissen haben die Forschenden Empfehlungen für das Design der Monitoring-Programme und das Gewässermanagement abgeleitet:

Identifikation von Ursachen durch Bestimmung der Arten

Seit 2010 werden Untersuchungen und Beurteilungen des Makrozoobenthos in Schweizer Fliessgewässern gemäss dem Bewertungsverfahren des [Modul-Stufen-Konzepts](#) durchgeführt. Vorgeschrieben ist dabei die Erfassung der Organismen auf dem Niveau der Familie. Die Modellanalyse bestätigt das Bewertungsverfahren weitgehend: Als sensitiv eingestufte Familien reagieren auch im Modell stärker auf Belastungen. Die Studie weist aber auch darauf hin, dass eine bessere taxonomische Auflösung, also die Bestimmung von Arten, wertvolle Zusatzaussagen ermöglichen würde. So liesse sich etwa besser identifizieren, welche spezifischen Ursachen die Wasser- oder Gewässerqualität beeinträchtigt haben könnten.

Mehr Daten, höhere Aussagekraft

Je mehr Daten für die Auswertung verfügbar sind, desto höher ist die Aussagekraft. Für zukünftige Analysen ist es daher essenziell, dass möglichst viele Monitoring-Programme ihre


```

0eWxIPSJlBmFibGUtYmFja2dyb3VuZDpuZXcgMCAwIDEyIDEyOylgeG1sOnNwYWNIPSJwcmVzZXJ2ZSI+PHN0eWxlIHR5cGU9InRleHQvY3Nzlj4uc3Qwe2ZpbGw6lZg4ODg4ODt9PC9zdHlsZT48cGF0aCBpZD0iQm9yZGVyYliBjBGFz0ic3QwliBkPSJNMTEsMTFIMFYwaDExVjExeiBNMTAsMUgxdjloOVYxeilvPjxnIGkPSJJbm5lci+PHJlY3QgeD0iMilgeT0iNSIyY2xhc3M9InN0MCIgd2lkdGg9ljciGhlaWdodD0iMSlvpjxyZWN0IHg9IjUiIHk9IjIiGNsYXNzPSJzdDAiIHdpZHRoPSlxiBoZWlnaHQ9IjciLz48L2c+PC9zdmc+);display:inline-block}.extbase-debugger-tree
input:checked~.extbase-debug-content{display:inline}.extbase-debugger-tree input:checked~.
extbase-debug-header:before{background-image:url(data:image/svg+xml;base64,PD94bWwgdmVyc2lvbjo0IAMS4wliBlbmNvZGluc3Qwe2ZpbGw6lZg4ODg4ODt9PC9zdHlsZT48cGF0aCBpZD0iQm9yZGVyYliBjBGFz0ic3QwliBkPSJNMTEsMTFIMFYwaDExVjExeiBNMTAsMUgxdjloOVYxeilvPjxnIGkPSJJbm5lci+PHJlY3QgeD0iMilgeT0iNSIyY2xhc3M9InN0MCIgd2lkdGg9ljciGhlaWdodD0iMSlvpjwvZz48L3N2Zz4=)}.extbase-
debugger{display:block;text-align:left;background:#2a2a2a;border:1px solid #2a2a2a;box-
shadow:0 3px 0 rgba(0,0,0,.5);color:#000;margin:20px;overflow:hidden;border-radius:4px}.ext
base-debugger-floating{position:relative;z-index:999}.extbase-debugger-
top{background:#444;font-size:12px;font-family:monospace;color:#f1f1f1;padding:6px
15px}.extbase-debugger-center{padding:0 15px;margin:15px 0;background-image:repeating-
linear-gradient(to bottom,transparent 0,transparent 20px,#252525 20px,#252525
40px)}.extbase-debugger-center,.extbase-debugger-center .extbase-debug-string,.extbase-
debugger-center a,.extbase-debugger-center p,.extbase-debugger-center pre,.extbase-
debugger-center strong{font-size:12px;font-weight:400;font-family:monospace;line-
height:20px;color:#f1f1f1}.extbase-debugger-center pre{background-color:transparent;margin:
0;padding:0;border:0;word-wrap:break-word;color:#999}.extbase-debugger-center .extbase-
debug-string{color:#ce9178;white-space:normal}.extbase-debugger-center .extbase-debug-
type{color:#569CD6;padding-right:4px}.extbase-debugger-center .extbase-debug-
unregistered{background-color:#dce1e8}.extbase-debugger-center .extbase-debug-
filtered,.extbase-debugger-center .extbase-debug-proxy,.extbase-debugger-center .extbase-
debug-ptype,.extbase-debugger-center .extbase-debug-visibility,.extbase-debugger-center
.extbase-debug-scope{color:#fff;font-size:10px;line-height:12px;padding:2px 4px;margin-
right:2px;position:relative;top:-1px}.extbase-debugger-center .extbase-debug-
scope{background-color:#497AA2}.extbase-debugger-center .extbase-debug-
ptype{background-color:#698747}.extbase-debugger-center .extbase-debug-
visibility{background-color:#698747}.extbase-debugger-center .extbase-debug-
dirty{background-color:#FFFFFFB6}.extbase-debugger-center .extbase-debug-
filtered{background-color:#4F4F4F}.extbase-debugger-center .extbase-debug-seeabove{text-
decoration:none;font-style:italic}.extbase-debugger-center .extbase-debug-
property{color:#f1f1f1}.extbase-debugger-center .extbase-debug-
closure{color:#9BA223;}Extbase Variable Dumparray(2 items) publications => '19054,20100'
(11 chars) libraryUrl => " (0 chars) Extbase Variable Dumparray(2 items) 0 =>
Snowflake\Publications\Domain\Model\Publicationprototypepersistent entity (uid=19054,
pid=124) originalId => protected19054 (integer) authors => protected'Caradima,&nbsp;B.;
Schuwirth,&nbsp;N.; Reichert,&nbsp;P.' (56 chars) title => protected'From individual to joint
species distribution models: a comparison of model
complexity and predictive performance' (114 chars) journal => protected'Journal of

```

Biogeography' (23 chars) year => protected2019 (integer) volume => protected46 (integer) issue => protected'10' (2 chars) startpage => protected'2260' (4 chars) otherpage => protected'2274' (4 chars) categories => protected'benthic macroinvertebrates; biodiversity; hierarchical multispecies models;

joint models; predictive modelling; richness; species distribution models; stacked individual models' (176 chars) description => protected'Aim: Species distribution models (SDMs) are widely used to study ge

ographic distributions of taxa in response to natural and anthropogenic environmental conditions. For a community, common approaches include fitting individual SDMs (iSDMs) to all taxa or directly modelling community properties such as richness. However, the parameters of iSDMs are difficult to identify for rare taxa, and community properties do not reveal taxon-specific responses. Individual models can be combined into a hierarchical multispecies distribution model (mSDM) that constrains taxon-specific parameters according to overarching community parameters, or a joint model (jSDM) in which interdependencies between taxa are jointly inferred. We compare how individual, hierarchical multispecies and joint SDMs differ in quality of fit, explanatory power and predictive performance, and analyse how these properties depend on the prevalence of taxa.
Taxa: Presence-absence observations of 245 benthic macroinvertebrate taxa identified at a mixed taxonomic resolution.
Location: Four hundred and ninety-two sites in rivers throughout Switzerland.
Methods: Individual, hierarchical and joint hierarchical generalized linear models (GLM) were developed for all taxa. Parameters were estimated using maximum likelihood estimation or Bayesian inference with Hamiltonian Markov chain Monte Carlo simulations. Predictive performance was assessed with cross-validation. In addition, the predicted family and species richness of the models was compared with a GLM for richness.
 Results: Individual models show a slightly higher quality of fit largely due to overfitting for rare taxa. The mSDM achieves a similar quality of fit and explanatory power, mitigates overfitting for rare taxa and considerably improves predictive performance over the whole community. The joint models further improve the quality of fit, but decrease predictive performance and increase p...

' (2371 chars) serialnumber => protected'0305-0270' (9 chars) doi => protected'10.1111/jbi.13668' (17 chars) uid => protected19054 (integer) _localizedUid => protected19054 (integer)modified _languageUid => protectedNULL _versionedUid => protected19054 (integer)modified pid => protected124 (integer) 1 => Snowflake\Publications\Domain\Model\Publicationprototypepersistent entity (uid=20100, pid=124) originalId => protected20100 (integer) authors => protected'Vermeiren, P.; Reichert, P.; Schuwirth, N.' (57 chars) title => protected'Integrating uncertain prior knowledge regarding ecological preferences into

multi-species distribution models: effects of model complexity on predictive performance' (164 chars) journal => protected'Ecological Modelling' (20 chars) year => protected2020 (integer) volume => protected420 (integer) issue => protected'' (0 chars) startpage => protected'108956 (15 pp.)' (15 chars) otherpage => protected'' (0 chars) categories => protected'Bayesian inference; ecological niches; hierarchical modelling; multiple stre

ssors; macroinvertebrates' (101 chars) description => protected'Species distribution models (SDMs) are often criticised for lacking explicit

linkage to ecological concepts. We aim to improve the ecological basis of SDMs by integrating prior knowledge about ecological preferences of organisms. Additionally, we aim to support a systematic, data-driven review of such prior knowledge by confronting it with independent monitoring data using Bayesian inference. We developed a series of multi-species distribution models (MSDMs) with increasing complexity to predict the probability of occurrence of taxa at sampling sites based on habitat suitability functions that are parameterized with prior ecological knowledge. We subsequently assessed the models' predictive performance with 3-fold cross-validation. So far, if ecological preferences or functional traits have been used in SDMs, they were mainly used as fixed inputs without considering their uncertainty. We take the additional step of considering uncertainty about preference parameters by including them as uncertain prior information that is subsequently updated with Bayesian inference. We apply the series of models in a case study on macroinvertebrates in Swiss streams. We analyse differences in the quality of fit, changes in predictive performance, and the potential to learn about the parameters from the data. We consider ecological preferences for natural and human modified environmental factors including temperature, flow velocity, organic matter concentration, insecticide pollution, and substratum. Results indicate that updating prior knowledge on ecological preferences with Bayesian inference, rather than using it as fixed input, improves model fit and predictive performance. For example, the predictive performance measured by the deviance for validation data improves by 17 % and the explanatory power increases 3.8 times from a model that treats ecological preferences as fixed scores to a model that treats them as uncertain parameters. The spatial distribution of many taxa, inclu...'

(2694 chars) serialnumber => protected'0304-3800' (9 chars)
 doi => protected'10.1016/j.ecolmodel.2020.108956' (31 chars) uid => protected20100 (integer)
 _localizedUid => protected20100 (integer)modified _languageUid => protectedNULL
 _versionedUid => protected20100 (integer)modified pid => protected124 (integer)

Caradima, B.; Schuwirth, N.; Reichert, P. (2019) From individual to joint species distribution models: a comparison of model complexity and predictive performance, *Journal of Biogeography*, 46(10), 2260-2274, [doi:10.1111/jbi.13668](https://doi.org/10.1111/jbi.13668), [Institutional Repository](#)

Vermeiren, P.; Reichert, P.; Schuwirth, N. (2020) Integrating uncertain prior knowledge regarding ecological preferences into multi-species distribution models: effects of model complexity on predictive performance, *Ecological Modelling*, 420, 108956 (15 pp.), [doi:10.1016/j.ecolmodel.2020.108956](https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2020.108956), [Institutional Repository](#)

Finanzierung

Die Modell-Studien wurden vom Bundesamt für Umwelt (BAFU) und dem EU Horizon 2020-Programme (Projekt Aquacross, Grant agreement No. 642317) mitfinanziert.

Links

BAFU-Publikation: «Methoden zur Untersuchung und Beurteilung der Fließgewässer: Makrozoobenthos»

Kontakt



Nele Schuwirth

Abteilungsleiterin und Gruppenleiterin

Tel. +41 58 765 5528

nele.schuwirth@eawag.ch



Bärbel Zierl

Wissenschaftsredaktorin

Tel. +41 58 765 6840

baerbel.zierl@eawag.ch

<https://www.eawag.ch/de/info/portal/aktuelles/newsarchiv/archiv-detail/verbesserter-gesundheitscheck-fuer-fliessgewaesser>