



ZÜRCHER HOCHSCHULE FÜR ANGEWANDTE WISSENSCHAFTEN

DEPARTMENT LIFE SCIENCES UND FACILITY MANAGEMENT

INSTITUT UNR

Experimentelle Überflutungen (eFlows) zur Gewässerrevitalisierung - Einfluss  
auf die Mikrobiologie und abiotische Parameter

Bachelorarbeit

von

Alexia Roschi

Bachelorstudiengang Umweltingenieurwesen

26. Oktober 2017

Fachkorrektoren :

Dr. Fabio Rezzonico, Zürcher Hochschule für Angewandte Wissenschaften ZHAW,  
Institut für Umwelt und natürliche Ressourcen, Einsiedlerstrasse 31, 8820 Wädenswil

Dr. Michael Döring, Zürcher Hochschule für Angewandte Wissenschaften ZHAW,  
Institut für Umwelt und natürliche Ressourcen, Schloss, 8820 Wädenswil

## **Impressum**

### **Schlagworte**

Experimentelle Überflutungen, eFlows, Auenlandschaften, Biodiversität, Drift, Gewässerrevitalisierung

### **Zitiervorschlag**

Roschi A. (2017). Experimentelle Überflutungen (eFlows) zur Gewässerrevitalisierung - Einfluss auf die Mikrobiologie und abiotische Parameter. Bachelorarbeit. Zürcher Hochschule für angewandte Wissenschaften ZHAW, Wädenswil.

### **Adresse des Instituts**

Zürcher Hochschule für angewandte Wissenschaften ZHAW  
Life Sciences und Facility Management  
Grüntal, Postfach  
CH-8820 Wädenswil

## **Danksagung**

Ich möchte mich bei folgenden Personen für die Hilfe und Unterstützung meiner Bachelorarbeit bedanken:

Nadine Antenen für die grosse Hilfsbereitschaft, die Betreuung durch die ganze Arbeit und die Einführungen in die Labor- und Statistikanalysen.

Dr. Fabio Rezzonico für die Betreuung bei T-RFLP Analysen im Labor und die Betreuung und Unterstützung der ganzen Arbeit.

Dr. Michael Döring für die Unterstützung und Betreuung während der Arbeit.

Dr. Olivier Merlo und Dr. Ivo Kälin für die Hilfe bei den statistischen Auswertungen im R

Rahel Wanner für die Hilfe und Unterstützung der CHN-Analysen

Der EAWAG zur Bereitstellung der Laboratorien und Gerätschaften für die Korngrössenanalyse der Sedimentproben

Meiner Familie, Freunden und Mitstudierenden für die Unterstützung, Tipps und die motivierenden Worte

## **Zusammenfassung**

Natürliche Auenlandschaften gehören, durch die Diversität ihrer Lebensräume, zu den Ökosystemen mit der höchsten Biodiversität. Die menschliche Nutzung der Gewässer, unter anderem für die Erzeugung von Energie, beeinflusst die vorhandene Wassermenge und wirkt sich somit auf die Ökologie des Gewässers und die angrenzenden Auenlandschaften aus, was negative Einflüsse auf die Diversität der Lebensräume und somit auf die Biodiversität der Auenlandschaften hat.

Das Erreichen eines natürlichen Abflussregimes ist ein wichtiger Faktor in der Revitalisierung von regulierten Flüssen. Da Fluten wichtige Eigenschaften eines natürlichen Abflussregimes von unbeeinträchtigten Fliessgewässern darstellen, werden vermehrt experimentelle Fluten zur Minimierung der negativen Auswirkungen von Fluss- und Speicherkraftwerken eingesetzt, da durch diese das natürliche Abwasserregime simuliert werden kann.

Im Rahmen des Nationalen Forschungsprogramms „Energiewende“ (NFP70) wurde am 14. und 15. September 2016 eine experimentelle Überflutung (eFlow) beim Rossens Stausee an der Saane durchgeführt. Anhand dieser eFlow wurde in dieser Bachelorarbeit der Einfluss auf die Mikrobiologie und abiotische Parameter in verschiedenen Habitaten der Flussaue untersucht.

Um den Einfluss der eFlow auf die Mikrobiologie zu untersuchen wurde die Fingerprintmethode T-RFLP angewendet. Dafür wurden in drei verschiedenen Regimen (Restwasser, Schwall-Sunk und natürliche Referenz) fünf verschiedene Habitats zu unterschiedlichen Zeitpunkten vor und nach der eFlow beprobt. Zudem wurde das Driftmuster von Mikroorganismen während der eFlow untersucht. Den Einfluss auf die abiotischen Parameter wurde anhand sechs abiotischer Faktoren (Temperatur, Wassergehalt organische Masse, total Stickstoff, total Kohlenstoff und Korngrößenverteilung) zu den gleichen Zeitpunkten und in den gleichen Habitats wie zur Analyse der Mikrobiologie untersucht.

Die Untersuchung des Driftverhaltens der Mikroorganismen zeigte zu Beginn der eFlow eine Verdünnung mit anschliessendem kontinuierlichem Anstieg der Anzahl Taxa. Nach der Flut wurde die gleiche Anzahl Taxa wie vor der Flut detektiert.

Die Analysen zeigten, dass die eFlow einen Einfluss auf die Zusammensetzung der mikrobiellen Gesellschaft, jedoch keinen erkennbaren Einfluss auf die Anzahl Taxa und die abiotischen Parameter im Sediment der Flussaue hatte.

## **Abstract**

Natural floodplains belong to ecosystems with the highest biodiversity. Human use of water, for instance to produce energy, affects the amount of water which is present in the river. This, affects the ecology of the water body and the adjacent floodplains. Therefore, there are negative effects on the diversity of habitats and on the biodiversity of the floodplains.

Achieving a natural regime is an important factor in the revitalisation of regulated rivers. Since floods are an important characteristic of a natural regime of a river, experimental floods are being increasingly used to minimise the negative effects of river and storage power plants.

As part of the National Research Program "energy revolution" (NFP70), on the 14. and the 15. of September 2016 an experimental flood (eFlow) was released at the Rossens dam into the Sarine river., The impacts on microbiology and abiotic parameters in different habitats of the floodplain that were studied for this thesis are based on the aforementioned eFlow.

To investigate the influence of the eFlow on microbiology the sediment samples were analysed in the lab by using the T-RFLP method. Therefore, three different regimes (residual flow, hydropeaking and a natural reference), five different habitats at different times before and after the eFlow were tested. In addition, the drift patterns of microorganisms during the eFlow were analysed. The influence of the eFlow on the abiotic parameters was investigated with six abiotic factors (temperature, water content, organic matter, total nitrogen, total carbon and grain size distribution of the sediment) at the same times and in the same habitats as the analysis of microbiology.

The investigation of the drift pattern of microorganisms showed a dilution at the beginning of the eFlow, followed by a continuous increase in the number of taxa. After the flood, the same number of taxa was detected as before the flood.

The analysis showed that the eFlow had an impact on the composition of the microbial society, but no discernible impact on the number of taxa or the abiotic parameters in the sediment of the floodplain.

# Inhaltsverzeichnis

<b>1. Einleitung</b>	<b>1</b>
<b>2. Methoden</b>	<b>5</b>
2.1 Untersuchungsgewässer	5
2.1.1 Restwasserstrecke (SaR)	5
2.1.2 Schwall-Sunk-Regime (SaH)	6
2.1.3 Natürliche Referenzstrecke (SeN)	7
2.2 Experimentelle Überflutung	7
2.3 Probenahmedesign	8
2.4 Datenanalyse	12
2.4.1 Drift und Mikrobiologie	12
2.4.2 Abiotische Parameter	14
2.4.4 Statistische Analysen	14
<b>3. Resultate</b>	<b>16</b>
3.1 Drift	16
3.2 Mikrobiologie	17
3.2.1 Mikrobielle Diversität	17
3.2.2 Mikrobielle Gesellschaften	19
3.3 Abiotische Parameter	22
<b>4. Diskussion</b>	<b>28</b>
4.1 Drift	28
4.2 Mikrobiologie	29
4.2.1 Mikrobielle Diversität	29
4.2.2 Mikrobielle Gesellschaften	31
4.3 Abiotische Parameter	32
4.4 Einfluss der abiotischen Parameter auf die Mikrobiologie	33
<b>5. Schlussfolgerung</b>	<b>33</b>
<b>6. Literaturverzeichnis</b>	<b>35</b>

## 1. Einleitung

Natürliche Gewässer bilden durch das Mosaik aus schnell fließenden Strecken, Kiesbänken, ruhigen, sandigen Buchten und stehenden Altarmen dynamische und vielseitige Lebensräume (Ward et al., 2002). Durch die uneingeschränkte Bewegung der Gewässer in der Landschaft entstehen Auenlandschaften, die sich natürlicherweise über den gesamten Talboden erstrecken (Geissbühler, 2007).

Naturnahe Auenökosysteme sind hochdynamisch: Störungen wie periodische Überflutungen, kreieren eine grosse Vielzahl von verschiedenen aquatischen (Haupt- und Seitenkanäle, Pools, Seitengewässer) und terrestrischen (Auenwälder, Inseln, Kiesbänke) Habitaten, was zu einer hohen Biodiversität beiträgt (Naimen et al., 1993; Ward et al., 2002).

Überschwemmungen sind somit eine der wichtigsten ökologischen Faktoren in Fluss- und Auenlandschaften, weil durch die zerstörerische Kraft dieser natürlichen Störung neue Lebens- und Wachstumsräume gebildet und der Bestand an Pflanzen- und Tierarten reguliert werden (Geissbühler, 2007).

Die vielfältige Diversität und der hohe Wert an ökologischen Funktionen der Auen werden durch die grosse Heterogenität und die räumliche Vernetzung unterstützt (Capon et al., 2013). Die räumliche Vernetzung setzt sich aus der lateralen- (zwischen terrestrischen und aquatischen Ökosystemen), der longitudinalen- (zwischen Abschnitten am Hauptfluss und zwischen Hauptfluss und Zuflüssen) und der vertikalen (zwischen Oberflächengewässer und Interstitial) Vernetzung zusammen (Ballinger & Lake, 2006).

Mit Vegetation bedeckte Inseln und Auenwälder liefern grosse Mengen an biologisch verfügbaren Nährstoffen in die aquatischen Habitate, die von Mikroorganismen abgebaut oder umgesetzt werden (Junk et al., 1989). Mikroorganismen spielen eine bedeutende Rolle für die Umwandlung und Dekomposition von organischem Material und der Selbstreinigung eines Flusses (Besemer et al., 2004).

Durch die Heterogenität der Flussaue entsteht ein räumliches Mosaik aus Habitaten, die sich in ihrer sukzessionellen Entwicklung unterscheiden. Die unterschiedlichen physikalisch-chemischen Eigenschaften des Sediments und des Bodens dieser Habitate unterscheiden sich räumlich und zeitlich mit den natürlichen Veränderungen der Hydrologie. Dadurch wird auch die Dynamik und die Zusammensetzung der mikrobiellen Gemeinschaften beeinflusst (Bodmer et al., 2015). Mikrobiologische Gemeinschaften sind extrem sensibel auf Änderungen der physikochemischen Eigenschaften im Frischwassersediment, weshalb Störungen im System einen direkten Einfluss auf die mikrobielle Aktivität haben (Gibbons et al., 2014).

Die mikrobiologischen Gesellschaften spielen eine wichtige Rolle in Fliessgewässer, da zum Beispiel die Umwandlung von partikulären und gelösten Nährstoffen durch Mikroorganismen

einen Einfluss auf die Ausbreitung der aquatischen Flora und Fauna haben kann und somit die Produktivität der Auen beeinflusst (Barlocher & Murdoch, 1989; Pusch et al., 1998).

In Fliessgewässern kommt die grösste Menge der mikrobiellen Biomasse in Form von Biofilmen im wassergesättigten Sediment des Benthals und der hyporheischen Zone vor (Fischer & Pusch, 2001). In terrestrischen Böden besiedeln Mikroorganismen hauptsächlich die luft- und wassergefüllten Hohlräume des streu- und humusreichen Oberbodens (Schaefer, 1996). Verschiedene hydromorphologische Eigenschaften wie die ausgeprägte, heterogene Korngrössenverteilung eines Fluss- oder Bachbettes, das frequentierten Vorkommen von Pool- und Riffle-Sequenzen und die Tiefe von Niederwassersequenzen beeinflussen die Bildung eines Biofilms und somit die mikrobiologischen Aktivitäten im offenen Wasser (Battin, 2000; Savage et al., 2003, gefunden in Liu et al., 2013). Im Sediment von terrestrischen Lebensräumen wird die Aktivität der Mikroorganismen durch Bodeneigenschaften wie Feuchtigkeit, Temperatur und Porenvolumen beeinflusst (Schaefer, 1996).

Die menschliche Nutzung der Gewässer für die Erzeugung von Energie beeinflusst die vorhandene Wassermenge und wirkt sich somit auf die Ökologie des Gewässers und dessen Uferraum aus. Die hydromorphologischen Eigenschaften des Flussbetts und die laterale Vernetzung werden durch die Nutzung der Gewässer verändert, was sich auf die Aktivität der Mikroorganismen und somit auf die Selbstreinigungskraft des Flusses und der Aue auswirkt (Ameziane et al., 2002). Die Flusswasser- und Speicherkraftwerke erzeugen Abflussregime wie Schwall-Sunk- und Restwasserstrecken, welche die natürliche Dynamik der Fliessgewässer beeinträchtigen. Laut BAFU ist eine Restwasserstrecke als Fließstrecke definiert, die durch eine oder mehrere Wasserentnahmen wesentlich beeinflusst wird. Der Speichersee bzw. die Wasserfassung bildet bei Speicher- und Pumpkraftwerken die obere Begrenzung und erstreckt sich unterhalb soweit wie das Fliessgewässer wesentlich beeinflusst wird (BAFU, 2000). Das Schwall-Sunk-Regime ist durch regelmässig auftretende Abflussschwankungen in Fliessgewässern aufgrund des bedarfsorientierten Betriebs von Wasserkraftwerken gekennzeichnet (Pfaundler & Keusen, 2012).

Zudem verändern menschliche Eingriffe in das Abflussregime die natürlich etablierten saisonalen Fließmuster, wodurch sich die Habitatsdynamik ändert und neue Konditionen geschaffen werden, an welche die einheimische Biota meist schlecht angepasst ist (Poff et al. 1997).

Vor allem Staudämme haben grosse ökologische Konsequenzen auf den angrenzenden Flussabschnitt. Sie führen zur Fragmentierung des Flusses (Ward & Stanford 1979) und dadurch zur Isolation der aquatischen Flora und Fauna (Müller 1995), zu physikalischen Veränderungen verschiedener Habitate und Änderungen der biotischen Interaktionen im aquatischen Nahrungsnetz (Power et al. 1996, Cardinale et al. 2006, Cross et al. 2011).



Zudem wird durch Staudämme verhindert, dass grösseres Geschiebe, wie Grobkies, Felsen oder Totholz, in den unteren Abschnitt des Flusses gelangt.

Eine Massnahme zur Verminderung der negativen Auswirkungen der Wassernutzung ist die Anwendung sogenannter experimenteller Überflutungen (eFlows).

Innerhalb des Nationalen Forschungsprogramms "Energiewende" (NFP70) werden Lösungen gesucht um die Nutzung der Wasserkraft in der Saane umweltfreundlicher zu gestalten. Im Rahmen des NFP70 wurde am 14. September 2017 eine experimentelle Überflutung (eFlow) durchgeführt, welche als grundlegenden Event zur Bearbeitung der Fragestellung und der Hypothesen dieser Bachelorarbeit dient.

Fluten sind wichtige Eigenschaften eines natürlichen Abflussregimes von unregulierten Fließgewässern (Junk et al., 1989) und das Erreichen eines natürlichen Abflussregimes hat sich als wichtiger Faktor in der Revitalisierung von regulierten Flüssen abgezeichnet (Arthington et al., 2006). Experimentelle Überflutungen können den negativen Auswirkungen der Flusswasser- und Speicherkraftwerken entgegenwirken, indem sie das natürliche Abwasserregime simulieren. Besonders bei Restwasserstrecken werden positive Effekte auf die Ökologie des Flusses erwartet, da dort die Dynamik, durch die immer etwa gleich grosse Menge an eingespiesenem Restwasser, im Normalfall gänzlich fehlt.

Es ist denkbar, dass Überflutungen zur Gewässerrevitalisierung von Flüssen mit einem Restwasserregime in Zukunft vermehrt angewendet werden, die genauen Auswirkungen sind allerdings noch unzureichend untersucht und werden kontrovers diskutiert.

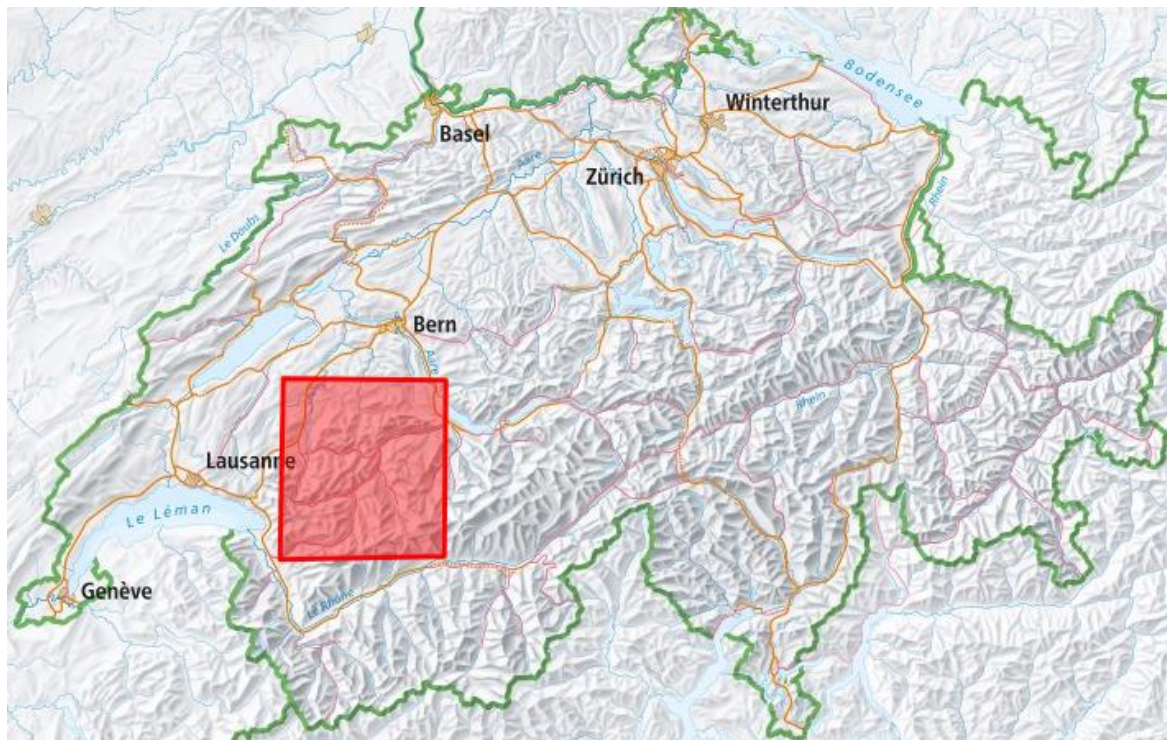
Während einer experimentellen Überflutung wird die Drift, also der flussabwärts gerichtete Transport von aquatischen Organismen, verstärkt (Brittain & Eikeland 1988). Es wird angenommen, dass dabei auch die Mikroorganismen passiv mitgespült werden. Die Drift kann in drei Phasen eingeteilt werden: dem Ablösen vom Substrat, dem passiven Transport im Wasser und das wiederbesiedeln des Substrats (Ciborowski, 1987). In dieser Bachelorarbeit soll das Driftmuster von Mikroorganismen genauer untersucht und der Einfluss einer experimentellen Flut auf die Mikrobiologie im Gewässer selbst und in verschiedenen Habitaten der Flussaue analysiert werden. Dafür wurde folgende Fragestellung bearbeitet: *Welchen Einfluss haben experimentelle Überflutungen auf die mikrobielle Diversität im Sediment von durch Wasserkraft beeinflussten Auen?* Folgende Hypothesen wurden aufgestellt:

- i) Die mikrobiellen Gesellschaften im Sediment unterscheiden sich vor und nach der Drift, die durch die experimentelle Überflutung ausgelöst wurde.
- ii) Die Entwicklung einer neuen mikrobiellen Gesellschaft kann anhand eines zeitlichen Gradienten eingeordnet werden.
- iii) Die Drift der Mikroorganismen verläuft zeitlich ähnlich wie die Drift von Makroinvertebraten

## 2. Methoden

### 2.1 Untersuchungsgewässer

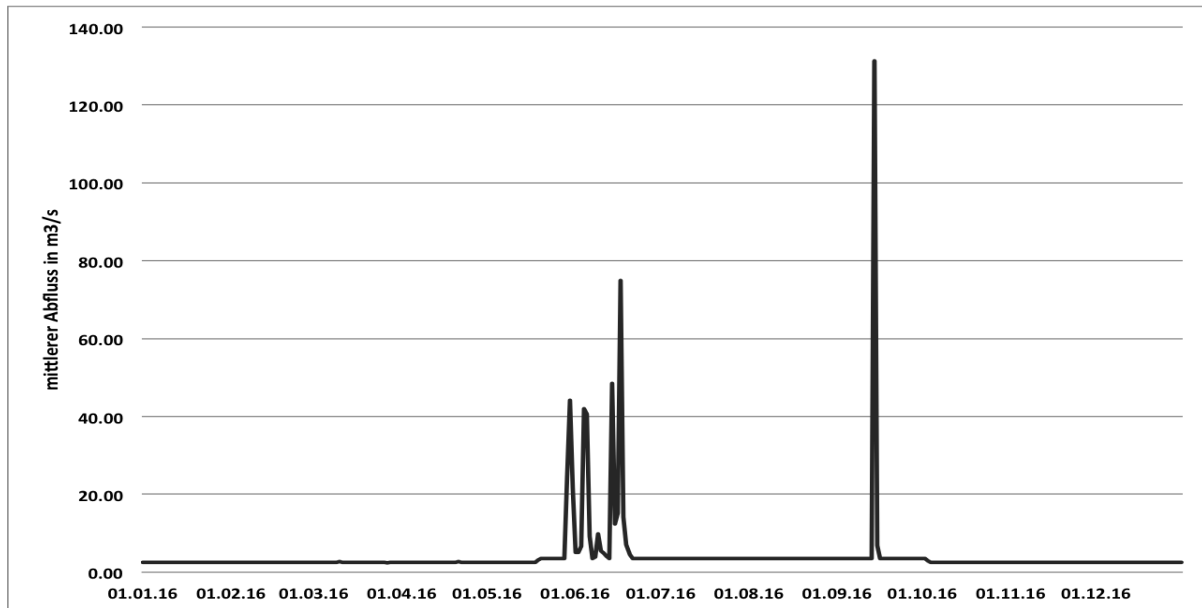
Um die Auswirkung der experimentellen Überflutung auf die Mikrobiologie zu untersuchen, wurden zu verschiedenen Zeitpunkten (Sommer vor der Flut und Herbst nach der Flut) im Jahr 2016 zwei verschiedene, durch die Wasserkraft beeinflusste Fließgewässerabschnitte der Saane (Restwasser- und Schwall-Sunk-Regime) und eine Referenzstrecke mit natürlichem, unbeeinflusstem Abflussregime der Sense beprobt (Abbildung 1)t.



**Abbildung 1:** Lokalisierung des Untersuchungsgebiets in welchem sich die zwei untersuchten Fließgewässer Saane (N 46° 46.515 E 7° 7.284) und Sense (46°43'45.0"N 7°17'44.7"E) befinden. Quelle: map.geo.admin.ch

#### 2.1.1 Restwasserstrecke (SaR)

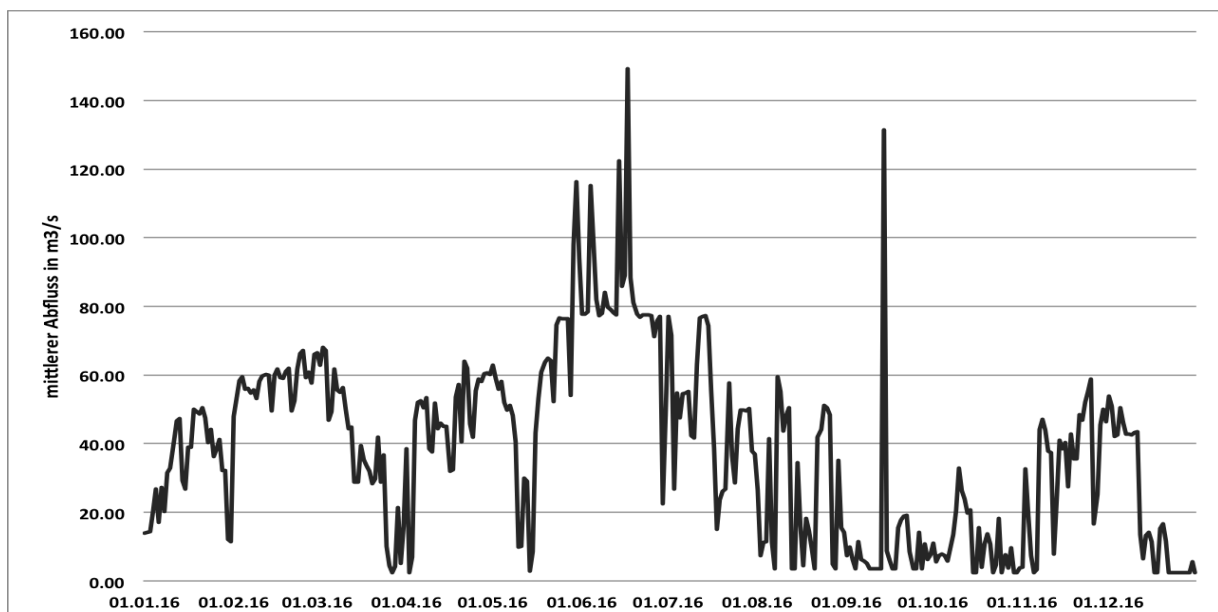
Als Restwasserstrecke wurde der Abschnitt der Saane unterhalb des Rossens-Stausees auf rund 600 m.ü.M. beprobt. Wie in Abbildung 2 ersichtlich, beträgt der Abfluss dieses Abschnitts aufgrund des Grundablasses des Sees eine mehr oder weniger konstante Restwassermenge von 2.5 m<sup>3</sup>/s bzw. 3.5 m<sup>3</sup>/s. Die Ausreisser des mittleren Abflusses um die Monate Juni und Juli werden durch Dammüberläufe, aufgrund erhöhtem Wasseraufkommen durch starke Niederschläge und Schneeschmelze erklärt. Der mittlere Abfluss von mehr als 120 m<sup>3</sup>/s zwischen September und Oktober wurde durch die experimentelle Überflutung vom 14.-15. September ausgelöst. Die Restwasserstrecke ist die Strecke, bezüglich Geschiebetransport am direktesten von der eFlow betroffen ist.



**Abbildung 2:** mittlerer Tagesabfluss in  $\text{m}^3/\text{s}$  der Restwasserstrecke der Saane vom 1. Januar 2016 bis zum 31. Dezember 2016, erstellt mit Daten von Groupe-e (2016).

### 2.1.2 Schwall-Sunk-Regime (SaH)

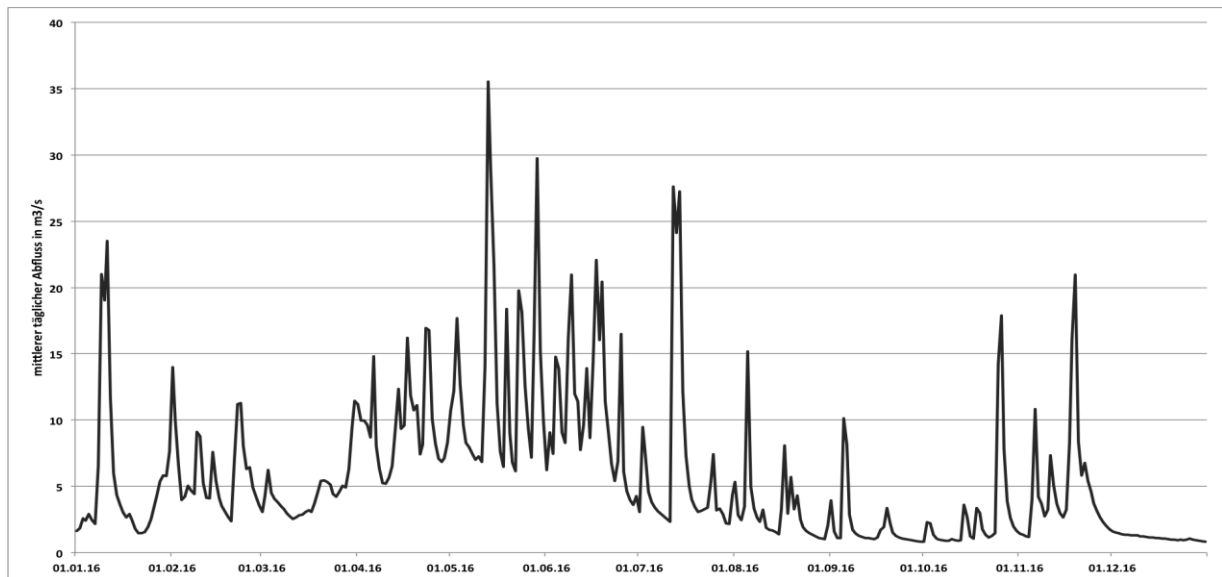
Als Schwall-Sunk-Strecke wurde der Abschnitt unterhalb des Kraftwerks Hauterive (Kanton FR) beprobt, wo das Wasser turbinieren und zurück in die Saane geleitet wird (Abbildung 3). Diese Strecke liegt unterhalb der Restwasser-Strecke auf circa 550-580 m. ü. M. Bei Schwall wird eine Wassermenge von rund  $70 \text{ m}^3/\text{s}$  zugeführt, bei Sunk reduziert sich diese Menge meist auf  $0 \text{ m}^3/\text{s}$  (Groupe-e, 2016). Dabei entsteht, wie in Abbildung 3 ersichtlich, einen künstlich erzeugten Unterschied der Abflussmenge des untersuchten Flussabschnitts. Solche Änderungen in der Abflussmenge können mehrmals täglich bei Bedarf an Strom auftreten.



**Abbildung 3:** mittlerer Tagesabfluss in  $\text{m}^3/\text{s}$  der Schwall-Sunk-Strecke der Saane vom 1. Januar bis zum 31. Dezember 2016

### 2.1.3 Natürliche Referenzstrecke (SeN)

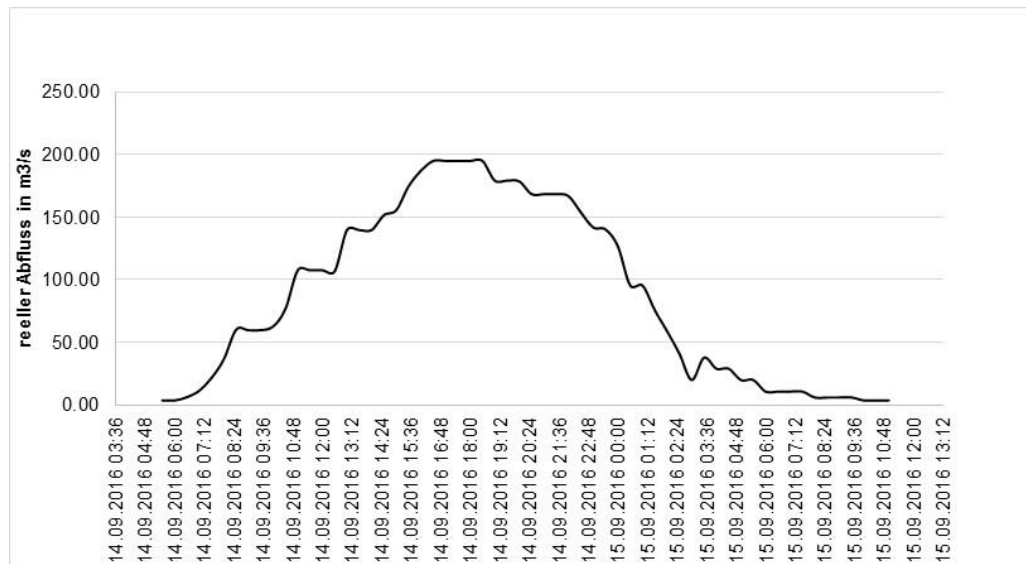
Im Gegensatz zu den Abschnitten an der Sarine weist die Sense einen vom Menschen weitgehend unbeeinflussten Abfluss auf und gilt gemäss einer Studie des WWF als natürlichster Fluss im nördlichen Alpenraum (Hettrich & Ruff, 2011). Die untersuchte Strecke befindet sich auf circa 800 m. ü. M. in der Nähe der Ortschaft Plaffeien (FR). Der Fluss ist in diesem Abschnitt stark verzweigt und durchfließt ein über 100 m breites Kiesbett. Das Abflussregime ist, wie in Abbildung 4 ersichtlich, durch hohe Abflüsse zur Zeit der Schneeschmelze in den Monaten April und Mai gekennzeichnet (Geisser et al., 2014). Für die Jahre 2014 und 2015 wurde ein mittlerer jährlicher Abfluss von 3.4 m<sup>3</sup>/s berechnet (Kipfer und Schneeberger, 2016).



**Abbildung 4:** mittlerer Tagesabfluss in m<sup>3</sup>/s der natürlichen Referenzstrecke der Sense vom 1. Januar 2016 bis zum 31. Dezember 2016, erstellt mit Daten von Groupe-e (2016).

## 2.2 Experimentelle Überflutung

Am 14. und 15. September wurde die experimentelle Überflutung an der Saane unterhalb des Rossens-Staudammes durchgeführt. Der reelle Abfluss wurde dabei von der Restwassermenge von 3.5m<sup>3</sup>/s auf maximal 194.96m<sup>3</sup>/s erhöht (Abbildung 5).



**Abbildung 5:** Hydrograph der experimentellen Überflutung vom 14. und 15. September 2016

### 2.3 Probenahmedesign

Pro Abflussregime (SaH, SaR und SeN) wurden drei Abschnitte (R1-R3) beprobt (Abbildung 6 und 7). Die Abschnitte wurden anhand des Vorhandenseins und der Qualität der verschiedenen Auenhabitats ausgewählt. Innerhalb der drei definierten Abschnitten wurden in folgenden Habitats Sedimentproben gesammelt: Insel, Auenwald, Kiesbank, Haupt- und Seitenkanal (Tabelle 1). Mit fünf beprobten Habitats pro Abschnitt, drei Abschnitten pro Regime und drei Regimen, wurden pro Probenahme insgesamt 45 Samples gesammelt. Eine der Probenahme wurde vor der experimentellen Flut entnommen (S16), eine während der Flut (DF) und drei nach der Flut (AF1, AF2 und H16).

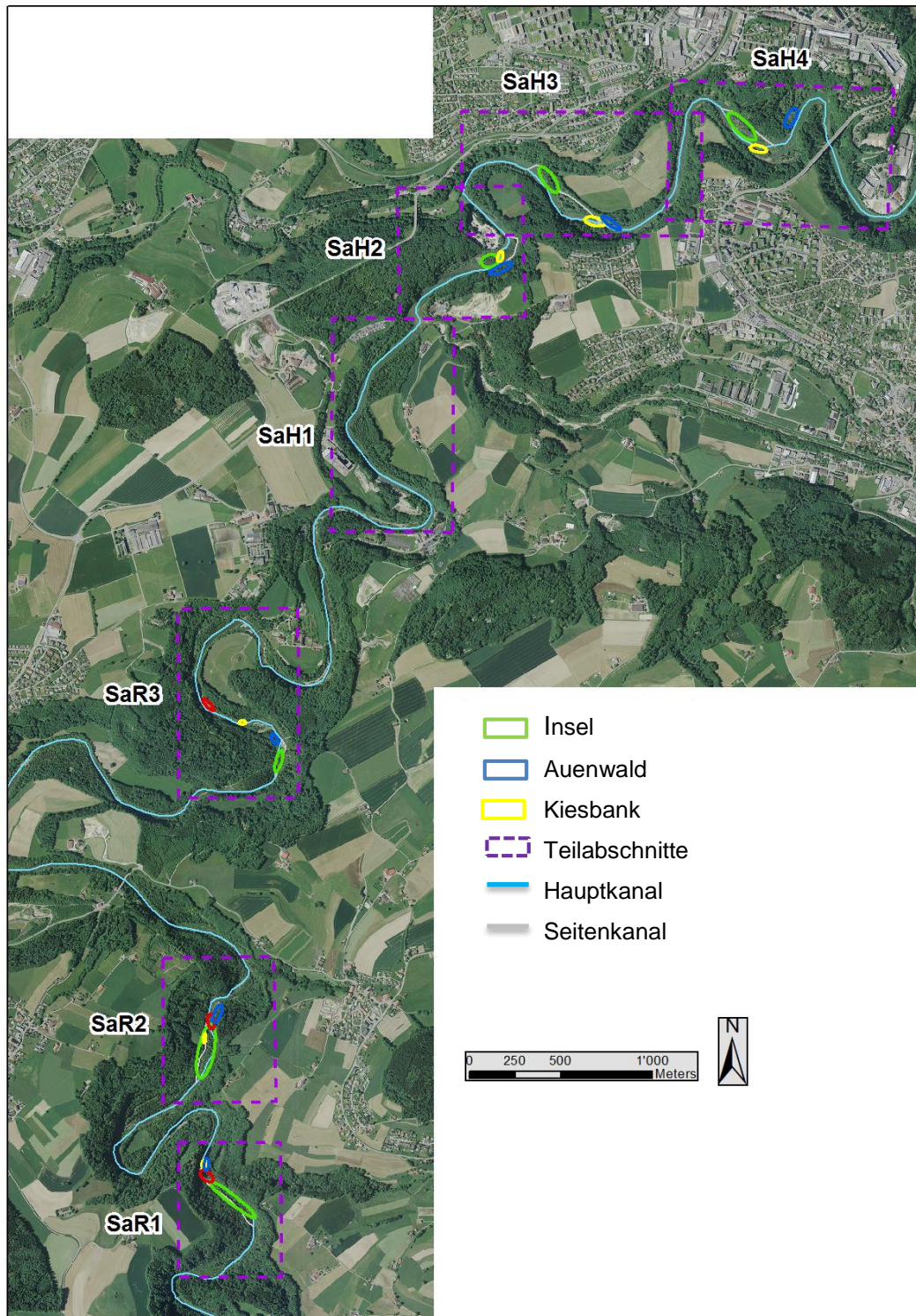
Pro Habitat wurden drei, über die Längserstreckung des Habitats gleichmässig verteilte, Proben entnommen. Bei jedem Probestandort wurden die obersten 10 cm des Bodens entfernt, bevor 500-600 ml Sediment entnommen wurden. Die drei Proben pro Habitat wurden gepoolt, vermengt und auf <8mm gesiebt

Die auf <8mm gesiebten Proben wurden für die DNA-Extraktion, die CHN-Analyse (<2mm gesiebt, je in ein 50 ml Falcon Tube) und die Analyse des Wassergehalts (<8mm gesiebt, in durchsichtigen 100 ml Plastikbeutel) aufgeteilt. Der Rest der gepoolten Proben (ca. 1000g) wurde ohne zusätzliche Bearbeitung für die Bestimmung der organischen Substanz in einen 1500 ml-PE-Plastikbeutel gegeben.

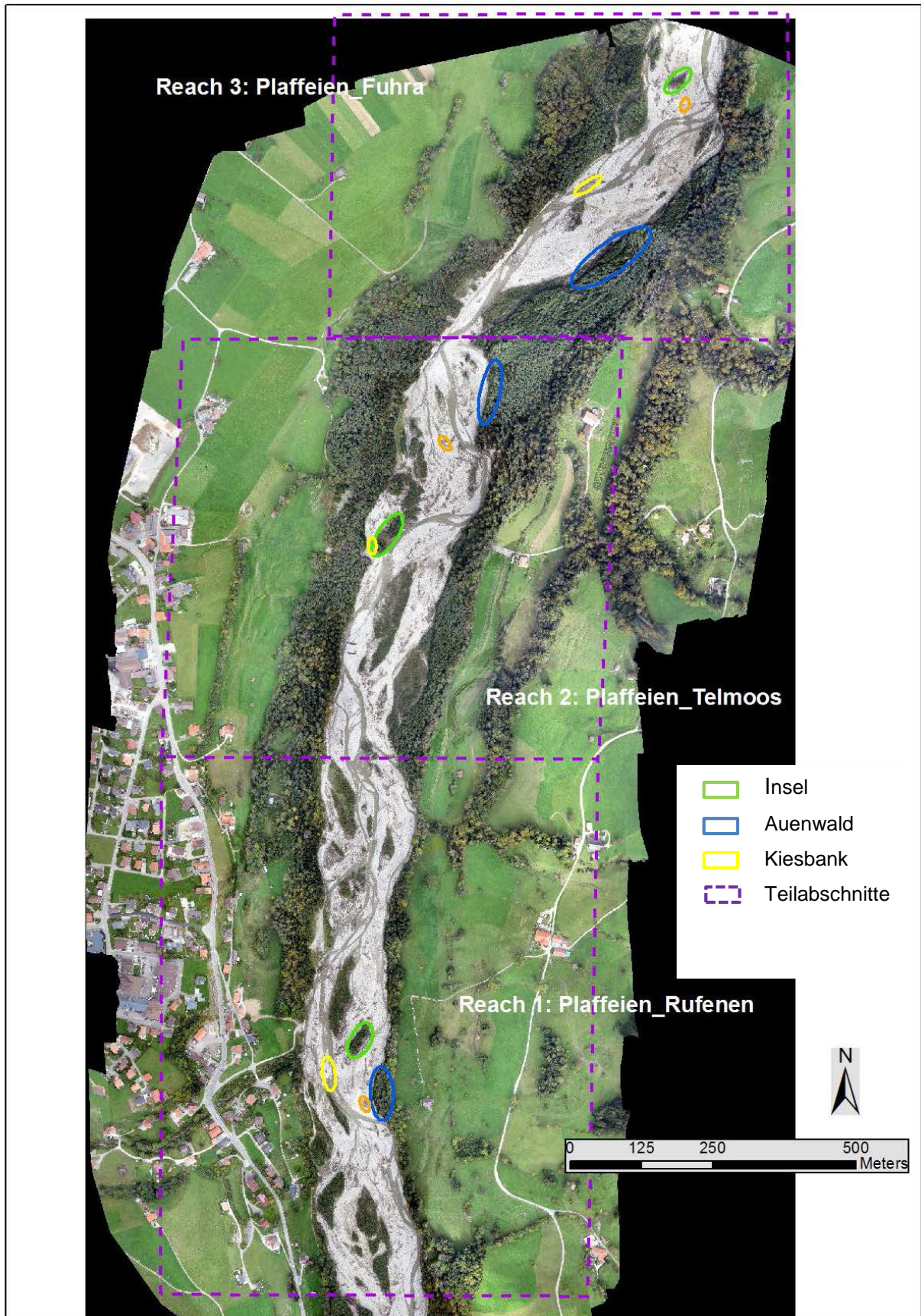
Für die Untersuchung des Driftmusters der Mikroorganismen wurden während der experimentellen Überflutung vom 14. und 15. September 2016 von 9:30 Uhr alle 30 min bis 7h Proben entnommen, was 28 Proben im Total ergab Die Proben für die DNA-Extraktion und späterer T-RFLP Analyse wurden bei -20 °C, alle anderen Samples bei -4°C oder ebenfalls -20°C bis zu ihrer Verarbeitung gelagert.

**Tabelle 1:** Beschreibung der beprobten Auenhabitats

<b>Habitat</b>	<b>Beschreibung</b>
Auenwald	bewaldetes, terrestrisches Habitat, welches das Auengebiet umsäumt. Das Sediment ist durch gut entwickelten Boden charakterisiert
Insel	terrestrisches Habitat. Das Sediment ist durch Sand und entwickelten Boden charakterisiert
Kiesbank	terrestrisches Habitat. Kahl oder vereinzelt bewachsene Kies-Aufschüttungen
Kanal	aquatische Haupt- und Seitenkanäle aus grobem Kies



**Abbildung 6** Probenahmestandorte des Restwasser- und Schwall-Sunk-Regimes an der Saane. Die Restwasserstrecke (SaR) liegt unmittelbar unterhalb des Rossens-Staudamms (FR), die Schwall-Sunk-Strecke (SaH) weiter flussabwärts Richtung Freiburg (FR). Beide Strecken sind in drei Teilabschnitte (R1-R3) unterteilt, welche je die Habitate Insel, Auenwald, Kiesbank, Haupt- und Seitenkanal beinhalten.



**Abbildung 7:** Probenahmestandorte der natürlichen Referenzstrecke an der Sense bei Plaffeien (FR), unterteilt in drei Teilabschnitte. Jeder Teilabschnitt beinhaltet die Habitate Insel, Auenwald, Kiesbank, Haupt- und Seitenkanal.



## 2.4 Datenanalyse

### 2.4.1 Drift und Mikrobiologie

Die Diversität der mikrobiellen Gemeinschaften im Sediment der untersuchten Habitate und der Wasserproben der Drift, wurde mittels Restriktionsfragmentlängenpolymorphismus (T-RFLP) ermittelt. T-RFLP ist eine PCR (Polymerase Chain Reaction) basierende Methode zur Ermittlung des genetischen Fingerabdrucks (Rudner et al., 1994). Bei dem T-RFLP werden die, durch die PCR vervielfältigten fluoreszierenden DNA-Fragmente, durch bestimmte Restriktionsenzyme geschnitten und mittels Elektrophorese zur Detektion ihrer Länge nach geordnet. Durch die unterschiedliche Anzahl und Platzierung der Schnittstellen können die Proben miteinander verglichen und die bakterielle Diversität bestimmt werden (Osborne et al., 2000).

Für die Vorbereitung wurde aus den Sedimentproben mittels PowerSoil Isolation Kit (MO BIO Laboratories, Inc., Carlsbad, CA, USA) in drei Hauptschritten die DNA extrahiert. Pro Sedimentprobe wurden 0.25 g (mittels MP FastPrep®, 24,4m/s, MP:2x24 für 45 Sekunden) homogenisiert. Bei diesem Schritt wurden, nebst der Homogenisierung der Proben, die Zellen durch mechanische und chemische Interaktion lysiert. Anschliessend wurde die DNA an einer Silikat Membran aufgefangen und schlussendlich mittels Ethanol haltiger Flüssigkeit von der Membran eluiert.

Von der extrahierten DNA wurde ein Teil der 16S rRNA Region mittels PCR amplifiziert. Dafür wurden zwei 5'-fluoreszenzmarkierte Primer verwendet (Tabelle 2). Als Polymerase wurde die DyNAzyme™ II DNA Polymerase von Thermo Scientific™ gebraucht. Für eine Reaktion wurde der in Tabelle 3 ersichtliche Mastermix verwendet. Das PCR wurde mit dem in Tabelle 4 beschriebenen Programm mit 35 Zyklen im Thermocycler T100 (Bio-Rad Laboratories, Inc., Hercules, CA, USA) prozessiert.

**Tabelle 2:** Für T-RFLP verwendete 5'-fluoreszenzmarkierte Primer (Microsynth, Balgach, CH). Fluorophore ATTO565 (Absorption 563 nm, Emission: 592 nm) und ATTO532 (Absorption 532 nm, Emission: 553 nm).

Primer	Sequenz
Vorwärtsprimer 8F_Red	5'-ATTO565-AGA GTT TGA TCC TGG CTC AG-3'
Rückwärtsprimer 534R_Green	5'-ATTO532-ATT ACC GCG GCT GCT GGC-3'

**Tabelle 3:** RAD Thermocycler-Amplifikationsprogramm optimiert für die Dynazyme Polymerase

Amplifikationsschritt	Temperatur (C°)	Zeit (min)	Zyklen
Initiale Denaturierung	94	2	1x
Denaturierung	94	0.3	
Annealing	55	0.3	35x
Extension	72	0.5	
Finale Extension	72	5	1x

**Tabelle 4:** PCR-Reaktion

Komponenten	Volumen pro Reaktion (µl)
Vorwärts-Primer „8F_Red“ (10 µM)	2.5 (0.5 µM)
Rückwärts-Primer „534R_Green“ (10 µM)	2.5 (0.5 µM)
Puffer ohne MgCl <sub>2</sub> (10x)	5 (1x)
BSA (100x)	2.5 (5x)
MgCl <sub>2</sub> (50 mM)	2.5 (2.5 mM)
dNTPs (2 mM)	5 (0.2 mM)
DyNazyme II DNA Polymerase (2U/µl)	0.5 (0.2 U/µl)
ddH <sub>2</sub> O	25.5
Gereinigte PCR Probe	4
Volumen Total	50

Zur Überprüfung der Amplifikation wurden die PCR-Produkte auf ein 1.25% Agarosegel geladen und mittels Gelelektrophorese aufgetrennt. Dabei wurde ersichtlich ob die PCR funktioniert hat oder nicht.

Um die überhängenden 5'- und 3'-Enden der PCR Produkte aufzufüllen bzw. zu entfernen, wurde jede PCR-Reaktion mit 2.34 µl Klenow-Mix (Tabelle 5) versetzt, während 2h bei Raumtemperatur inkubiert und im Thermocycler für 10 min bei 75°C inaktiviert. Um die Primer und die Resten anderer Enzyme loszuwerden, wurden die Proben über eine Millipore MultiScreen PCRµ96 Filterplate (Merck, Darmstadt, Germany) mit Hilfe einer Vakuum Pumpe gereinigt.

**Tabelle 5:** Klenow-Mix mit Klenow Fragment von Thermofisher Scientific™, MA, USA

Komponenten	Volumen pro Reaktion (µl)
10x Polymerase-Puffer	2.2 (9.4x)
dNTP's (10 µM)	0.1 (0.427 µM)
Klenow Fragment (2 U/µl)	0.04 (0.3 U/µl)
Volumen Total	2.34

Die aufgereinigten PCR-Produkte wurden mit dem Restriktionsenzym *Alu I* im Thermocycler bei 37°C während 2.5 h verdaut (Tabelle 6). Nach dem Verdau wurden die Enzyme für 20 min bei 80°C hitzeinaktiviert.

**Tabelle 6:** Restriktions-Verdau mit dem Enzym *Alu I*

Komponenten	Volumen pro Reaktion (µl)
Buffer R (10x)	1 (1.67x)
<i>Alu I</i> (10 U/µl)	0.5 (0.83 U/µl)
H <sub>2</sub> O	4.5
aufgereinigtes PCR-Produkt	4
Volumen Total	10

Vom Verdau wurden 1 µl mit 18.65 µl Formamid und 0.35 µl GS LIZ 600 Size Standard vermischt, 10 min bei 95°C im Thermocycler denaturiert, 5 min auf Eis inkubiert und anschliessend mit dem ABI 3500 DNA Sequenziergerät von Applied Biosystems analysiert.

#### **2.4.2 Abiotische Parameter**

Der Anteil organischer Substanz im Sediment wurde mittels aschefreier Trockenmasse (g AFDM kg<sup>-1</sup>) der Proben bestimmt. Dafür wurden zwischen 500 g und 800 g Sediment für 24 h bei 105°C getrocknet, das Trockengewicht bestimmt und die Probe während 3 h bei 500°C verascht. Anschliessend wurden die veraschten Sedimentproben zur Bestimmung der Kiesgrössenverteilung gesiebt (<0.063 mm, 0.063 - 2 mm, 2 – 4 mm, 4 - 8 mm).

Der Stickstoff- und Kohlenstoffgehalt der Proben wurde mittels Carbon-Hydrogen-Nitrogen-Analyzer (TrueSpec CHN Makro Analyser, Leco, USA) bestimmt. Die Temperatur der Sedimente der jeweiligen Habitate wurde bei der Probenahme der Sedimentproben im Feld mittels Multi-Thermometer DT-300 (VOLT CRAFT, Schweiz) gemessen

#### **2.4.4 Statistische Analysen**

##### **Mikrobiologie**

Die Rohdaten des T-RFLP wurden über die GeneMapper® Software 5 (Applied Biosystems) in eine Excel Datei exportiert. Es wurden nur T-RFs (Terminal Restriction Fragments), grösser als 40 bp berücksichtigt, um unechte Signale zu vermeiden. Zur weiteren Verarbeitung der Daten wurde T-REX (<http://trex.biohpc.org/index.aspx>) verwendet. T-REX ist eine online Software zur Bearbeitung und Analyse der T-RFLP Daten. Mit T-REX können die Hintergrundsignalen von den echten Signalen herausfiltriert, die einzelnen Signale Sampleübergreifend verbunden (aligned) und eine Matrix der T-RFs aus den Rohdaten erstellt werden. Zudem erstellt die online Software anhand des Datensets eine entsprechende multivariate Analyse. (Culman et al., 2009)

Echte Signale werden als solche identifiziert, wenn deren Höhe (oder Fläche) die über alle Peaks berechnete Standardabweichung überschreitet (Abdo et al., 2006). Für das Alignment der Signale (Peaks) wurde der modellierte Ansatz des Softwareprogramms T-Align (Smith et al., 2005) verwendet. Bei dieser Methode wird der kleinste Peak über alle Samples identifiziert und markiert. Peaks innerhalb des durch die Clustering-Schwelle angegebenen Bereichs, werden identifiziert und gruppiert. Anschliessend wird der nächstkleinste Peak identifiziert, markiert, die Peaks innerhalb der angegebenen Clustering-Schwelle identifiziert und mit dem zweiten T-RF gruppiert. Dieser Vorgang wird fortgesetzt, bis alle Peaks in T-RFs gruppiert sind.

Nach dem Filtern und Alignment der Proben konnten folgende Daten extrahiert und übernommen werden: i) T-RF-Häufigkeitsdatenmatrizen, auf der Grundlage der relativierten

Peakflächen der vorliegenden T-RFs pro Probe und ii) Gesamt-T-RF-Nummern pro Probe, was derer Anzahl Taxa entspricht.

Die Anzahl Taxa in den Sedimentproben wurden mittels Boxplots pro Habitat und Regime dargestellt. Mit dem Kruskal-Wallis Test (Kruskal & Wallis, 1954) wurden die Signifikanz der Unterschiede der Anzahl Taxa zwischen den Proben untersucht. Mit der online Software T-TEX wurde eine zweidimensionale Datenmatrix (T-RFs\*Samples) erstellt. Diese wurde heruntergeladen und diente als Grundlage für die PCA, welche im R erstellt wurde.

Mit einer PCA aus den Daten des T-REX wurde geschaut nach welchem Muster sich die mikrobiellen Gesellschaften gruppieren und ob Unterschiede zwischen den Entnahmezeitpunkten vor und nach der experimentellen Flut festgestellt werden können. Die Darstellungen und Statistischen Auswertungen wurden in R durchgeführt.

### **Drift**

Die Resultate des T-RFLP der Driftproben wurden, wie die Sedimentproben vom Sommer 2016 bis Herbst 2016, mit der Onlinesoftware T-REX vorbearbeitet. Die totalen T-RFs, also die Anzahl Taxa in der jeweiligen Driftprobe wurde im Excel gegen die Zeit über den Abfluss der eFlow geplottet. Mit den Plots konnte ersichtlich gemacht werden, zu welcher Zeit wie viele Taxa sich in der Flut mitbewegen.

### **Abiotische Parameter**

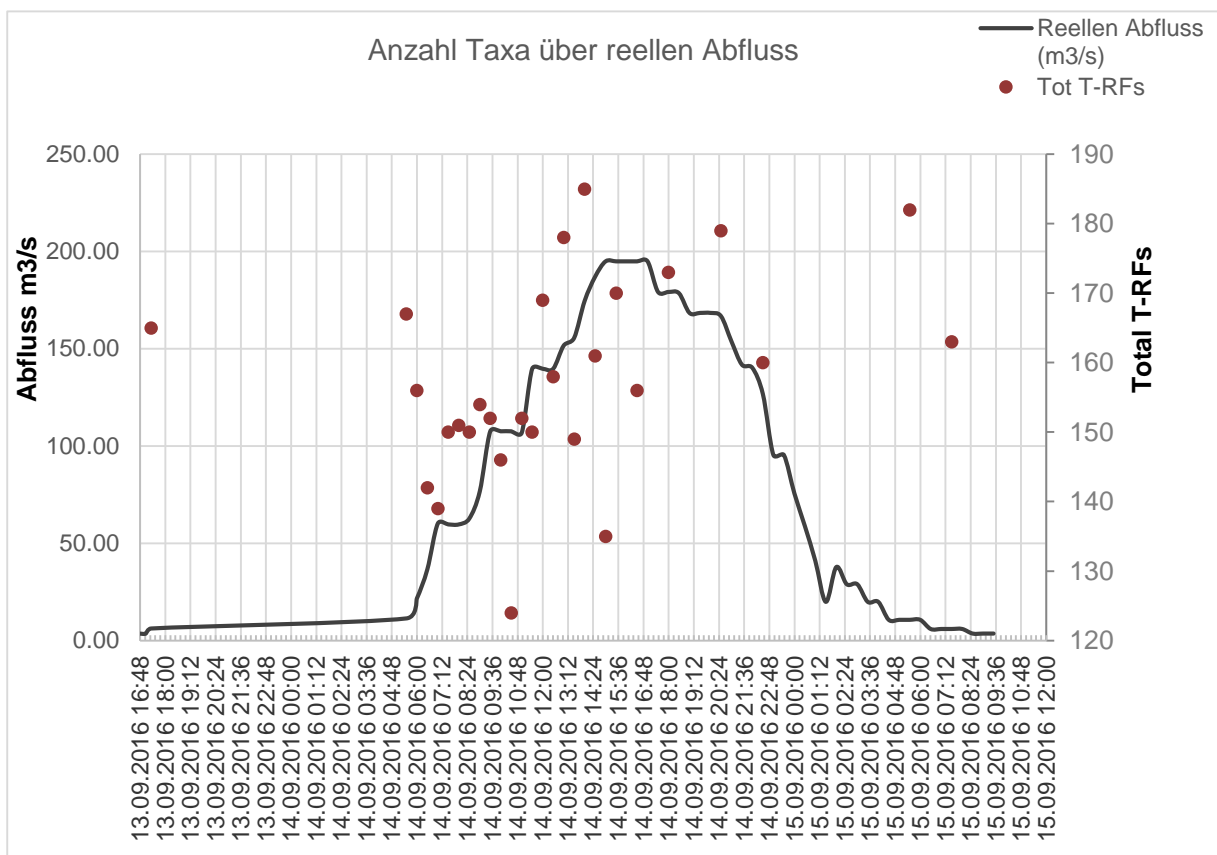
Die abiotischen Faktoren wurden im R mit einer Hauptkomponentenanalyse (PCA) für jedes Regime dargestellt. Mit der PCA wurde die Bedeutung der einzelnen abiotischen Parameter für allfällige Unterschiede der Probenahmestandorte sichtbar. Zudem konnte anhand der PCA festgestellt werden, ob durch die experimentelle Überflutung Veränderungen in den abiotischen Faktoren der verschiedenen Habitate in den betroffenen Regimen aufgetreten sind.

Die abiotischen Parameter wurden zudem in einer Tabelle pro Regime und Habitat aber über alle Entnahmezeitpunkte mit Mittelwert und Standardabweichung zusammengefasst. Die Daten wurden mittels Kruskal-Wallis Test auf ihre Signifikanz getestet und in einer Tabelle dargestellt. Alle Auswertungen, Analysen und Darstellungen wurden mit R gemacht.

### 3. Resultate

#### 3.1 Drift

Vor der experimentellen Überflutung ergab die Analyse der Wasserprobe eine totale Anzahl von leicht über 160 Taxa (Abbildung 8). Zu Beginn der Flut sank die Anzahl Taxa in den jeweiligen Proben auf 120 bis 150 Taxa, stieg dann im weiteren Verlauf der Flut auf über 180 Taxa an. Nach der eFlow wurden wieder leicht über 160 Taxa detektiert. Abgesehen von ein paar Ausreißern kann ein Muster der Verdünnung im ersten Drittel der eFlow und ein kontinuierlicher Anstieg der Anzahl Taxa im weiteren Verlauf der eFlow erkannt werden. Nach der eFlow am 15.09.17 um 7:30 Uhr ist die Anzahl Taxa im Wasser wieder etwa gleich hoch wie vor der eFlow am 13.09.17.

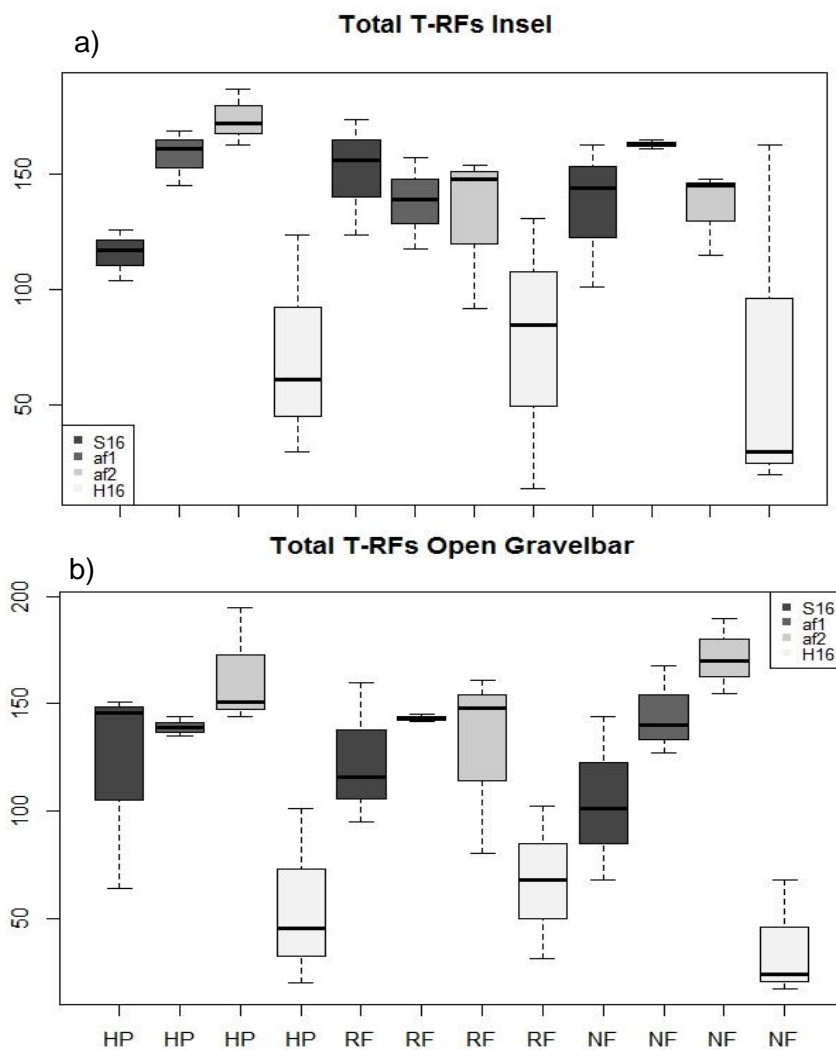


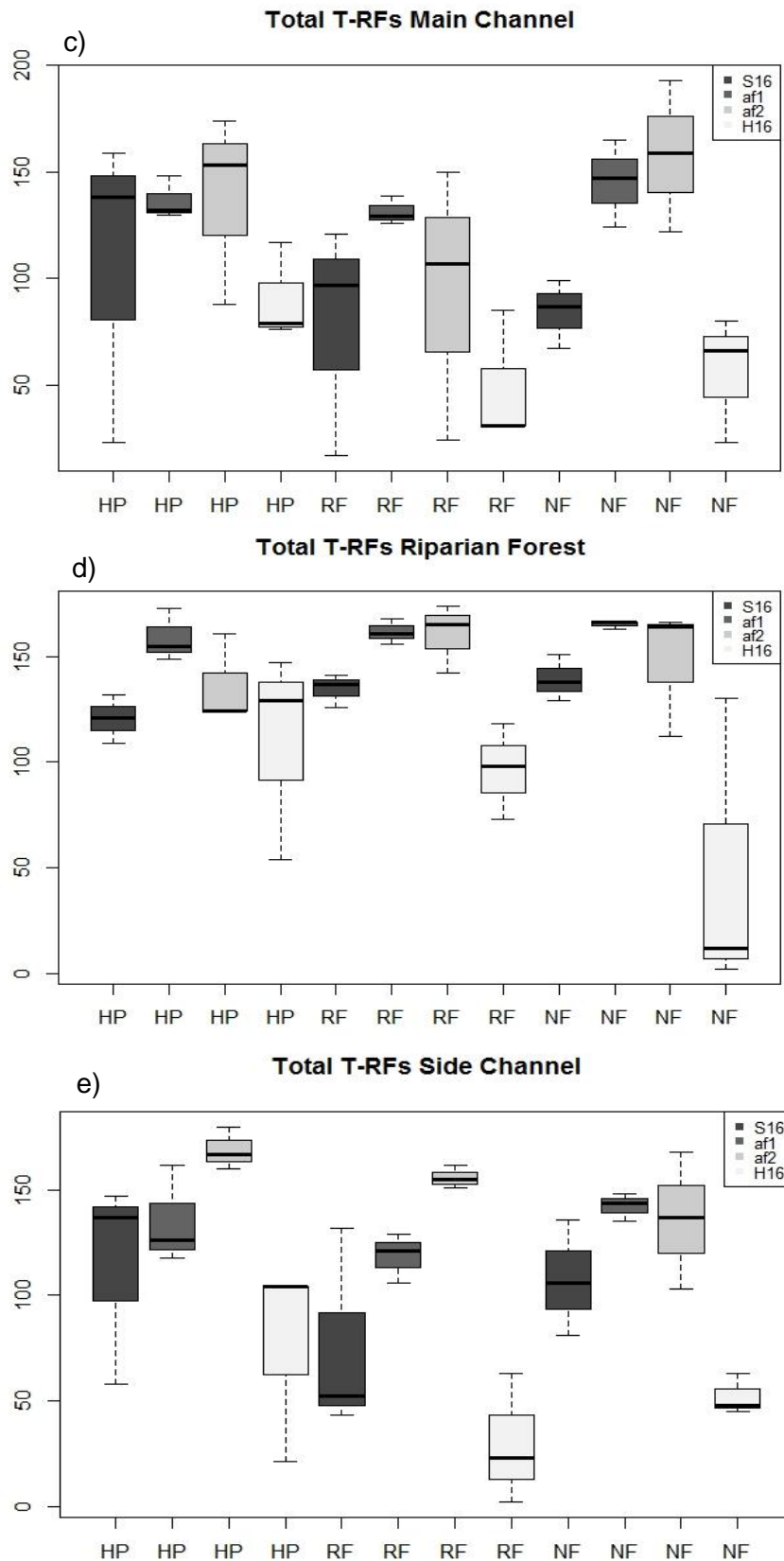
**Abbildung 8:** Anzahl Taxa (Total T-RFs) gegenüber dem reellen Abfluss der experimentellen Überflutung über die Zeit. Jede halbe Stunde wurden Drift-Proben entnommen und die Anzahl Taxa bestimmt.

## 3.2 Mikrobiologie

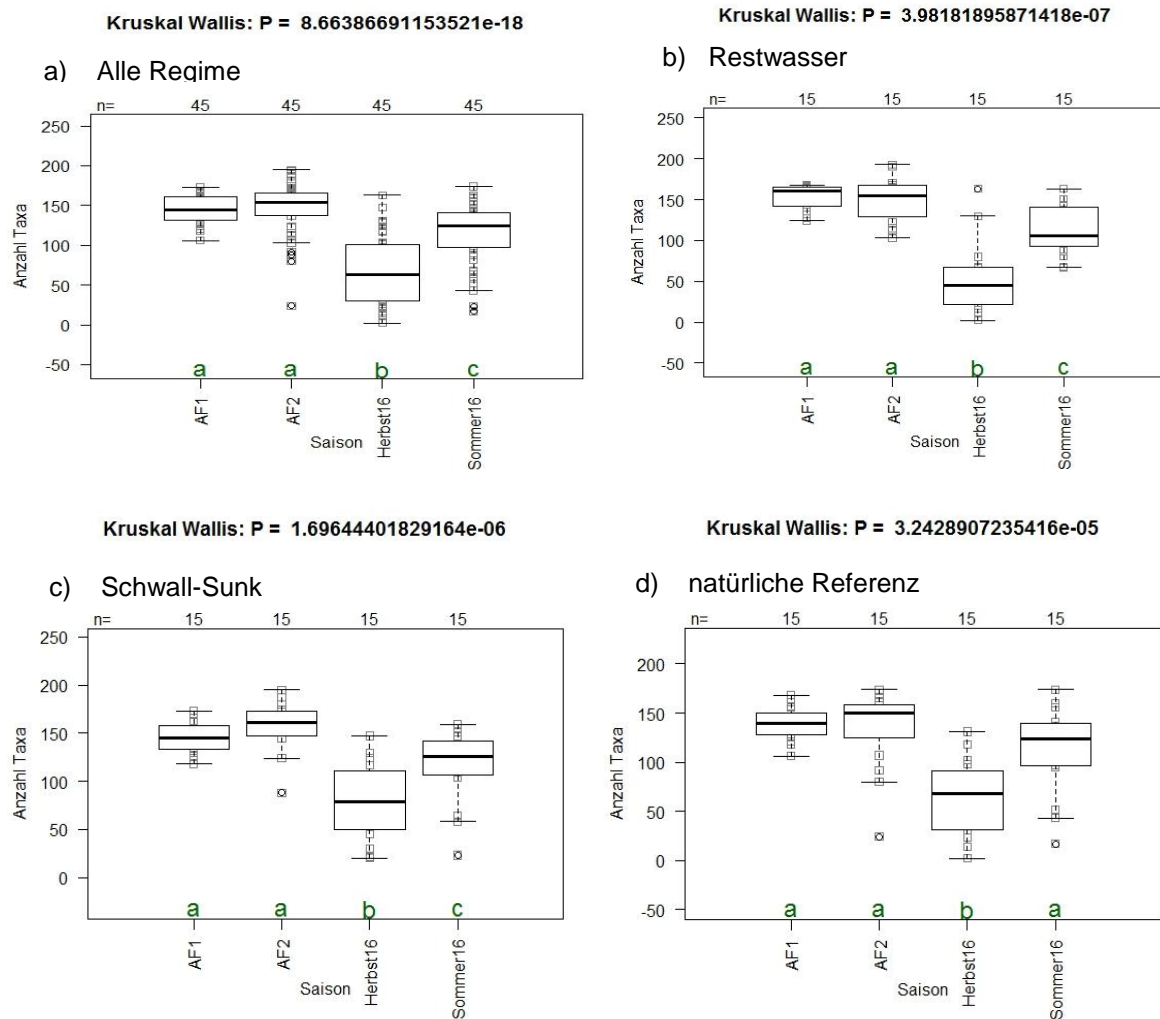
### 3.2.1 Mikrobielle Diversität

Wie in Abbildung 9 a) – e) ersichtlich, sind ausser im Habitat „Insel“ bei den Zeitpunkten „After Flood 1 und 2 tendenziell eine höhere Anzahl Taxa vorhanden als bei den Entnahmezeitpunkten Sommer und Herbst 2016. Regime- und habitatübergreifend sind in den Herbstproben 2016 die geringste Anzahl, in den After Flood 2 Proben die höchste Anzahl Taxa nachzuweisen. Der Kruskal-Wallis Test (Abbildung 10 a-c) ) zeigte, dass es keine signifikanten Unterschiede in der Anzahl Taxa zwischen den drei verschiedenen Regimen gibt. Auch zwischen den Habitaten ist der Unterschied in der Anzahl Taxa nicht signifikant. Wie in Abbildung 9 ersichtlich, kann zwischen den einzelnen Entnahmezeitpunkten jedoch über alle Habitats und Regime gesehen ein signifikanter Unterschied beobachtet werden ( $p = 8.66e^{-18}$ ).





**Abbildung 9 a)–e):** Boxplots der Anzahl Taxa in den Habitaten Insel, Auenwald (Riparian Forest), Main- und side channel (Haupt- und Seitenkanal) und Open gravelbar (offene Kiesbank) in den drei Abflussregimen Schwall-Sunk (HP), Restwasser (RF) und dem natürlichen Abflussregime (NF) pro Entnahmezeitpunkte Sommer 2016 (S16), After Flood 1 (af1), After Flood 2 (af2) und Herbst 2016 (H16). Der Boxplot zum jeweiligen Regime und dem jeweiligen Entnahmezeitpunkt ergibt sich aus 3 Proben (eine Probe pro Teilabschnitt). Der Interquartilsabstand beträgt 50 % (25 %, 75 %). Der untere Whisker beschreibt das 0.05 Quantil, der obere Whisker das 0.95 Quantil. Punkte ausserhalb der Whisker stellen Ausreisser dar. Die Linie in der Box zeigt den Median.



**Abbildung 10 a)-d):** Darstellung des Kruskal-Wallis Test mittels Boxplots der Anzahl Taxa nach Entnahmezeitpunkten zusammengefasst. a) alle Daten von allen Regimen über die Saison, b) gepoolte Daten im Restwasser-Regime, c) gepoolte Daten im Schwall-Sunk-Regime, d) gepoolte Daten in der natürlichen Referenzstrecke. Die Buchstaben zeigen die signifikanten Unterschiede zwischen den einzelnen Entnahmezeitpunkten

### 3.2.2 Mikrobielle Gesellschaften

Beim Entnahmezeitpunkt Sommer 2016 vor der Flut kann eine Gruppierung der Gesellschaften nach den Regimen beobachtet werden (Abbildung 11). Die Habitate sind relativ gut durchmischt.

Bei der ersten Entnahme nach der eFlow („After flood 1“) kann eine Gruppierung der Gesellschaften nach aquatischen und nach terrestrischen Habitaten erkannt werden (Abbildung 11 b). Zudem ist bei den aquatischen Habitaten (Haupt- und Seitenkanal) ein Clustering der mikrobiellen Gesellschaften nach den Regimen zu sehen. Die Gesellschaften der Restwasser-Strecke und die natürliche Referenzstrecke sind sich ähnlicher, die Schwall-Sunk-Strecke hebt sich ein wenig ab.

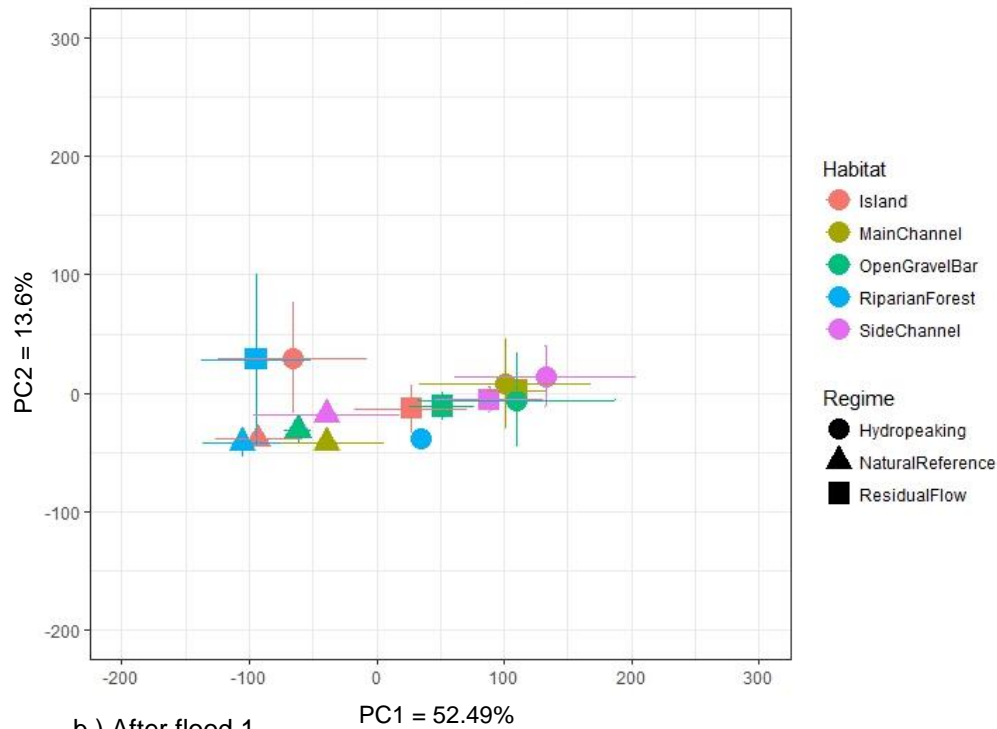
Zum zweiten Entnahmezeitpunkt nach der experimentellen Überflutung („After flood 2“) gruppieren sich die mikrobiellen Gesellschaften eher wieder nach Regime (Abbildung 11 c).



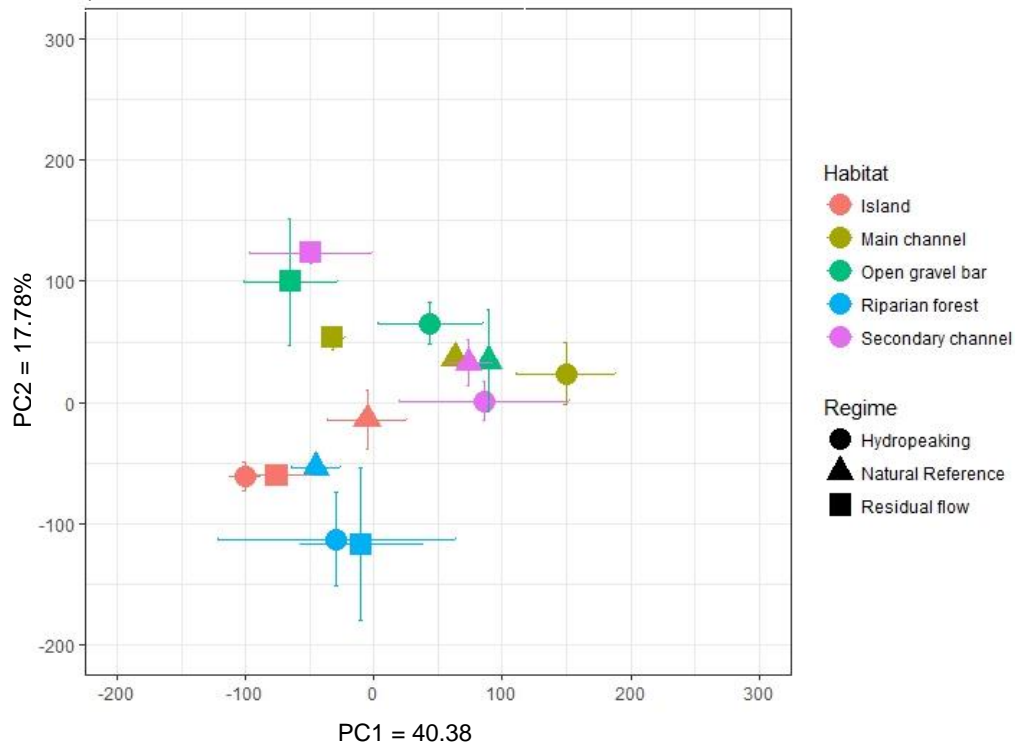
Die Gesellschaften der Restwasser-Strecke heben sich von den Gesellschaften der anderen beiden Regime ab.

In den Herbst 2016 Proben clustern die mikrobiellen Gesellschaften tendenziell wieder nach Habitat (Abbildung 11 d). Die Gesellschaften der Habitate Auenwald, Insel und Kiesbank sind in allen drei Regimen relativ ähnlich. Die Gesellschaften der aquatischen Habitate Haupt- und Seitenkanal gleichen sich in der Restwasser-Strecke und in der natürlichen Referenzstrecke.

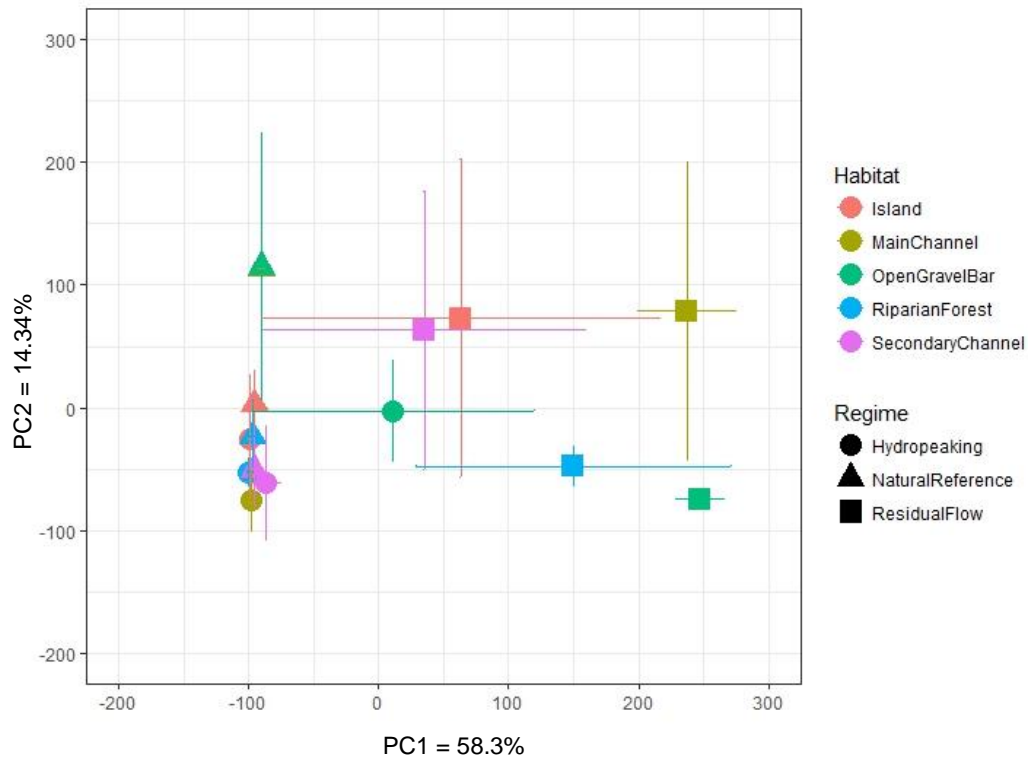
a) Sommer 2016



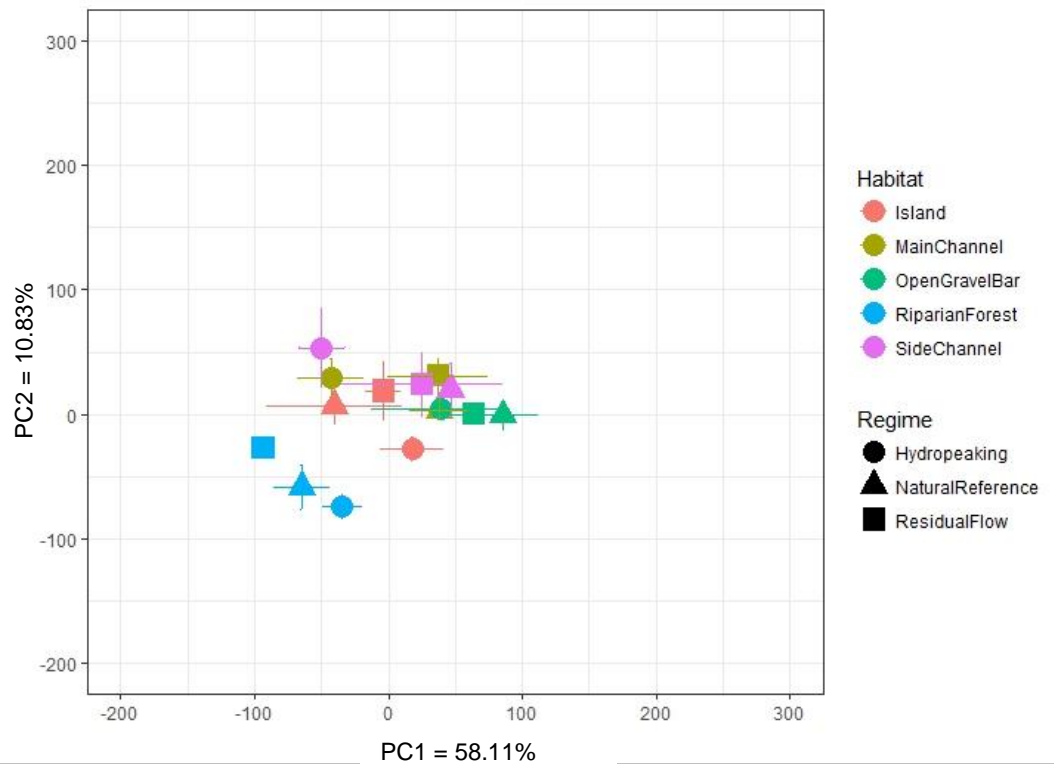
b) After flood 1



c) After flood 2



d) Herbst 2016



**Abbildung 11 a)- d):** Biplot der Hauptkomponentenanalyse (PCA) aus der Datenmatrix der online Software T-REX. Die Daten wurden für jeden Entnahmezeitpunkt (Saison) analysiert und nach Habitat in den jeweiligen Regimen mit Mittelwert und Standardabweichung zusammengefasst.

### 3.3 Abiotische Parameter

Alle erhobenen abiotischen Parameter wurden in Tabelle 7 zusammengefasst. Dafür wurden der Mittelwert und die Standardabweichung für die jeweils gleichen Habitats der drei Teilabschnitte pro Regime berechnet. Dabei wurden alle Entnahmezeitpunkte zusammengefasst. Die Resultate des Kruskal-Wallis Tests wurden in Tabelle 8 zusammengefasst und sind im Anhang 2 detailliert aufgeführt.

Die durchschnittlichen Sedimenttemperaturen der einzelnen Habitats lagen zwischen 10°C im Hauptkanal der natürlichen Referenzstrecke und 14.6°C der Kiesbänke im Schwall-Sunk-Regime. Innerhalb der Schwall-Sunk-Strecke waren die Temperaturen gegenüber den anderen Regimen signifikant höher ( $p = <0.05$ ).

Die erhobenen Werte des gesamten organischen Kohlenstoffs (C<sub>tot</sub>) waren mit durchschnittlich 5.2% und 5.3% im Restwasser-Regime und der natürlichen Referenzstrecke sehr ähnlich, im Schwall-Sunk-Regime mit durchschnittlich 4.2% signifikant tiefer. Zwischen den C<sub>tot</sub>-Werten der Habitats gab es signifikante Unterschiede, mit signifikant höheren Werten im Auenwald und signifikant tieferen Werten im Seitenkanal. Die Stickstoff-Werte (N<sub>tot</sub>) waren mit 0.23% in der Restwasser-Strecke und 0.26% in der Schwall-Sunk-Strecke im Habitat Auenwald und in der natürlichen Referenzstrecke mit 0.19% im Habitat Kiesbank am höchsten. Über alle Regime und Entnahmezeitpunkte gesehen sind die N<sub>tot</sub>-Werte in den Habitats Insel und Auenwald signifikant höher als die Werte der anderen Habitats. Über die Saison betrachtet sind die N-Werte zum Zeitpunkt „After flood 1“ signifikant tiefer. Zudem unterscheiden sich alle Regime bezüglich des N<sub>tot</sub> signifikant, mit den höchsten Werten im Restwasser-Regime und den tiefsten Werten im Schwall-Sunk-Regime.

Die organische Masse (OM) variiert relativ stark zwischen den Habitats der einzelnen Regimen und liegt in der Schwall-Sunk-Strecke zwischen 8.3% im Seitenkanal und 19.5% im Auenwald. Über alle drei Regime ist die OM in den terrestrischen Habitats Insel und Auenwald am höchsten, im Sediment der Kiesbank am tiefsten. Innerhalb der Schwall-Sunk-Strecke sind die OM- und N<sub>tot</sub>-Werte der aquatischen Habitats tiefer als in den terrestrischen Habitats. Über die Regime und die Saison gesehen können keine signifikanten Unterschiede gesehen werden, zwischen den Habitats sind die Unterschiede zwischen allen Lebensräumen ausser dem Haupt- und dem Seitenkanal signifikant.

Der gravimetrische Wassergehalt (WC) lag zwischen 7.5% und 19% mit signifikant tieferen Werten im Sediment der Kiesbank-Habitats von allen drei Regimen. Zwischen den einzelnen Regimen und Entnahmezeitpunkten konnten keine signifikanten Unterschiede beobachtet werden.

Die aschenfreie Trockenmasse (AFDM) lag zwischen 15 g/kg Trockenmasse im Seitenkanal der Schwall-Sunk-Strecke und 49 g/kg Trockenmasse im Auenwald der Restwasser-Strecke. Über alle Regime war die AFDM in den terrestrischen Habitats Insel und Auenwald am

höchsten. Zwischen den Habitaten können signifikante Unterschiede in der AFDM erkannt werden.

Die Analyse der Korngrößenverteilung (KGV) zeigte über alle Kategorien keine signifikanten Unterschiede zwischen den Regimen und der Saison. Zwischen den Einzelnen Habitaten konnten in allen Grössenkategorien signifikante Unterschiede beobachtet werden. Am stärksten unterscheiden sich die terrestrischen Habitate Insel und Auenwald, die eine ähnliche KGV haben, von den restlichen aquatischen Habitaten.

Über alle Habitate und Regime gibt einen sehr geringen Anteil an Sediment mit einem Durchmesser von >8 mm. Der grösste Anteil des Sediments ist zwischen 0.036 mm und 8 mm gross, mit dem grössten Anteil zwischen 0.063-2 mm und 4-8 mm.

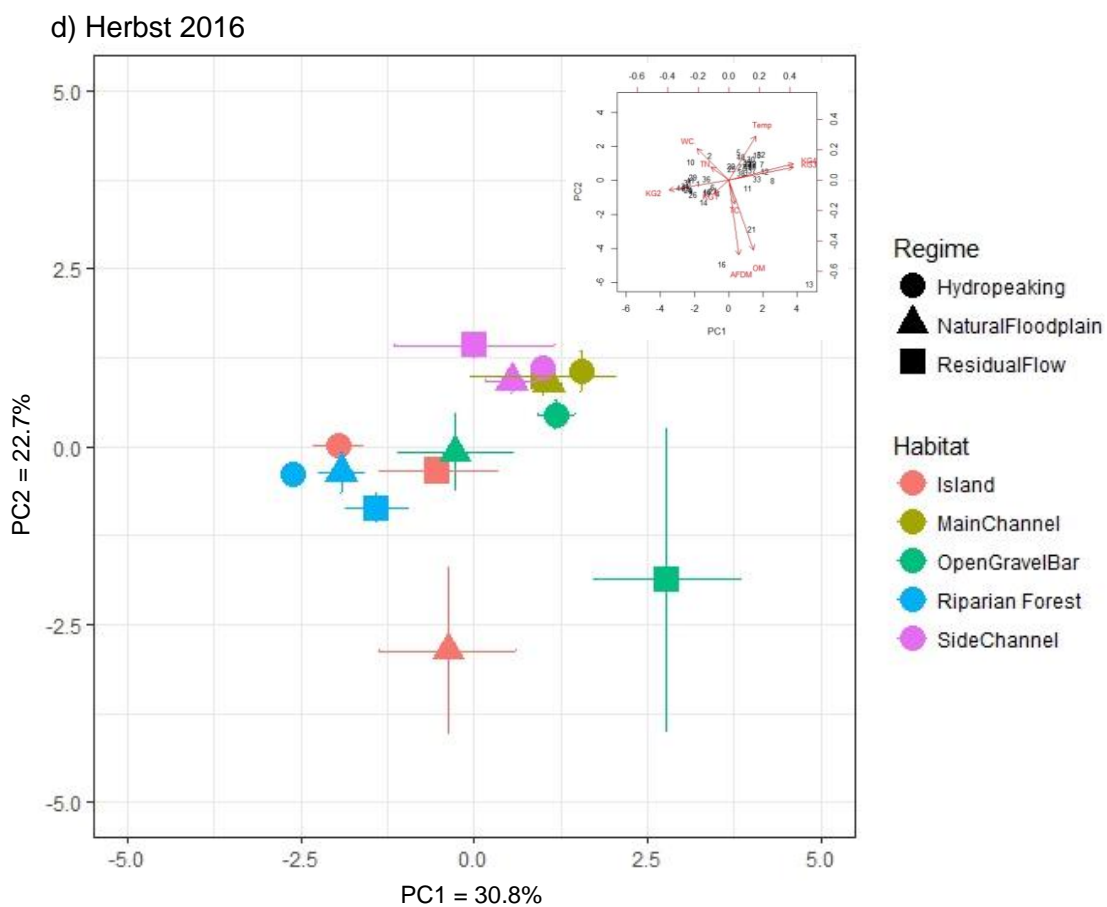
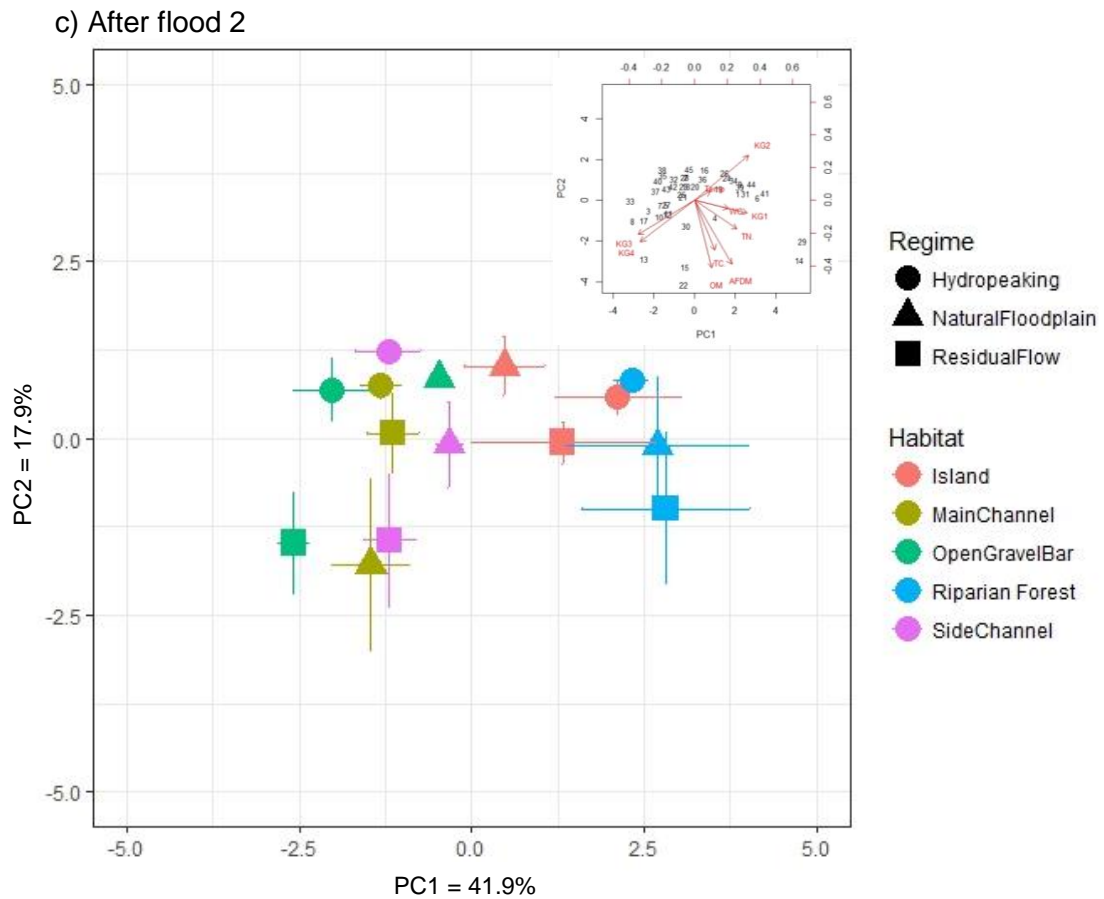
							Korngrößenverteilung (KGV) in %				
	Temp (°C)	Ctot (%)	Ntot (%)	OM (g)	WC (%)	g AFDM kg-1	<0.063mm	0.063 - 2mm	2 - 4mm	4 - 8 mm	> 8mm
<b>Restwasserstr.</b>											
Insel	11.88 ± 4.5	5.67 ± 1	0.19 ± 0.1	19.2 ± 7.5	17.33 ± 4.9	38.25 ± 12.5	2.74 ± 1.8	71.07 ± 21.9	8.42 ± 6.3	17.62 ± 16.7	0.14 ± 0.5
Hauptkanal	11.35 ± 2.8	4.99 ± 0.9	0.17 ± 0.1	10.83 ± 10	19.02 ± 5.1	21.25 ± 13	1.65 ± 1.2	55.77 ± 25.8	10.65 ± 6.7	31.9 ± 20.5	0 ± 0
Seitenkanal	11.85 ± 2.9	5.46 ± 1.4	0.19 ± 0.1	10.39 ± 8.2	18.95 ± 6.8	34.6 ± 45.8	1.83 ± 2.3	53.35 ± 27.7	11.22 ± 6.7	33.58 ± 24.5	0 ± 0
Kiesbank	11.72 ± 5	5.35 ± 2.1	0.15 ± 0.1	10.19 ± 8.6	7.67 ± 6.6	15.57 ± 13.9	0.31 ± 0.27	28.3 ± 16.6	18.63 ± 3.5	52.75 ± 15.7	0 ± 0
Auenwald	11.42 ± 5.1	4.6 ± 2.7	0.23 ± 0.2	18.03 ± 9.6	14.52 ± 8.6	49.17 ± 34	10.99 ± 28.1	70.28 ± 30.9	5.9 ± 7.7	12.81 ± 15.6	0 ± 0
<b>Schwall-Sunk</b>											
Insel	12.59 ± 4.2	4.47 ± 0.6	0.17 ± 0	17.35 ± 8.8	19.03 ± 5.7	44.74 ± 18.4	3.88 ± 2.7	85.8 ± 10.3	2.65 ± 2.7	7.64 ± 8.2	0 ± 0
Hauptkanal	13.7 ± 3.3	4.28 ± 0.6	0.07 ± 0	10.61 ± 9.9	16.33 ± 4.1	15.75 ± 13.3	0.23 ± 0.19	37.56 ± 9.8	16.63 ± 3.4	45.33 ± 7.6	0.23 ± 0.8
Seitenkanal	12.59 ± 3	3.26 ± 0.8	0.09 ± 0	8.3 ± 9	16.37 ± 5.3	15.02 ± 9.7	0.99 ± 0.74	52.46 ± 10.9	11.56 ± 3.3	34.57 ± 8.5	0.41 ± 1
Kiesbank	14.61 ± 6.3	3.66 ± 0.9	0.09 ± 0	9.54 ± 7.4	7.53 ± 4.7	15.67 ± 11.9	0.38 ± 0.2	48.4 ± 10.1	16.07 ± 3.5	35.15 ± 7	0 ± 0
Auenwald	12.84 ± 4.1	5.64 ± 0.7	0.26 ± 0.1	19.85 ± 4.9	17.52 ± 9.8	61.44 ± 18.8	4.34 ± 2	95.12 ± 2.3	0.22 ± 0.3	0.31 ± 0.6	0 ± 0
<b>Nat. Referenz</b>											
Insel	10.18 ± 3.4	4.9 ± 0.6	0.15 ± 0	14.54 ± 8.2	11.99 ± 6,1	32.34 ± 23.8	2.28 ± 0.9	78.73 ± 17.8	6.6 ± 5.9	12.38 ± 12.1	0 ± 0
Hauptkanal	10.03 ± 2.9	5.42 ± 0.8	0.17 ± 0.1	6.96 ± 1.5	17.18 ± 3.1	16.8 ± 15.9	0.26 ± 0.1	34.13 ± 12.8	18.75 ± 3.5	46.84 ± 12.6	0 ± 0
Seitenkanal	12.19 ± 3	5.32 ± 0.4	0.12 ± 0	17.36 ± 17.1	18.41 ± 4	30.73 ± 27.4	1.67 ± 1.6	61.41 ± 12.9	14.12 ± 4.6	22.79 ± 9.4	0 ± 0
Kiesbank	11.57 ± 5.1	5.4 ± 0.7	0.19 ± 0.1	9.44 ± 8.5	8.49 ± 5.5	22.95 ± 22.8	1.99 ± 1	72.18 ± 13.7	8.49 ± 4.5	17.32 ± 10.2	0 ± 0
Auenwald	10.94 ± 3.4	5.34 ± 1.1	0.18 ± 0.1	13.47 ± 6.5	17.27 ± 10.1	42.28 ± 26.5	4.39 ± 3.7	81.77 ± 16.2	7.55 ± 11	6.27 ± 10.5	0 ± 0

**Tabelle 7:** Mittelwert ± Standardabweichung der sieben gemessenen abiotischen Faktoren über alle vier Saisons (Sommer 2016, after flood 1 und 2, Herbst 2016) zusammengefasst nach Habitat für die drei Regime.

Faktor									Korngrößenverteilung (%)				
		Temp.	Ctot	Ntot	OM	WC	AFDM	<0.063mm	0.063 - 2mm	2 - 4mm	4 - 8 mm	> 8mm	
Regime	p - Wert	0.001086	3.68E-08	3.68E-08	0.7818	0.744	0.9062	0.4628	0.1104	0.3758	0.1164	0.1673	
	df	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	
Regime HP * Habitat	p - Wert	0.7949	5.87E-07	2.93E-06	6.03E-05	0.001718	2.10E-07	6.72E-09	1.35E-09	1.27E-09	8.20E-10	0.2383	
	df	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	
Refime RF * Habitat	p - Wert	0.9424	0.445	0.3953	0.01566	0.003116	0.005139	4.43E-05	0.001537	0.0009618	0.0002742	-	
	df	4	4	4	4	4	4	4	4	4	5	-	
Regime NF * Habitat	p - Wert	0.3211	0.4117	0.5456	0.001064	0.003417	0.0003615	3.30E-06	2.16E-06	2.58E-05	1.09E-06	0.406	
	df	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	6	
Saison	p - Wert	2.20E-16	0.3022	2.39E-06	0.1195	0.04616	0.5516	0.771	0.5188	0.8446	0.677	0.1036	
	df	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	

**Tabelle 8** :p-Werte und Freiheitsgrad (df) der Kruskal-Wallis Analyse für die sieben erhobenen abiotischen Parameter über die Regime, die Habitate in den drei verschiedenen Regime und über die Saison. HP= Schwall-Sunk, RF= Restwasser, NF= natürliche Referenzstrecke. Die grau markierten Werte zeigen die signifikanten Unterschiede an.





**Abbildung 12 a) - d):** Hauptkomponentenanalyse (PCA) aller abiotischen Parameter, pro Zeitpunkt nach Habitat und Regime zusammengefasst. a) PC1= 51.9 %, PC2=14.7%, b) PC1=51.7%, PC2= 13.9%, c) PC1= 41.9%, PC2= 17.9%, d) PC1= 30.8%, PC2= 22.7% der Variation der Daten



Die Hauptkomponentenanalysen (Abbildung 12) der abiotischen Parameter zeigen bei den Zeitpunkten „After flood 1“, „After flood 2“ und „Herbst 2016“ eine Gruppierung nach aquatischen (Haupt- und Seitenkanal) und terrestrischen (Insel, Auenwald, Kiesbank) Habitaten. Bei der PCA der „Sommer 2016“ Proben zeichnet sich keine Gruppierung nach den Habitaten ab. Tendenziell sind sich die Proben der Restwasser- und der natürlichen Referenzstrecke ähnlicher als die Schwall-Sunk-Strecke. Die Varianzanteile von PC1 und PC2 zusammen liegen bei allen Zeitpunkten zwischen 53.5% (Herbst 2016) und 66.6% (Sommer 2016)

## 4. Diskussion

### 4.1 Drift

Wie in den Resultaten beschrieben, ist bei den Driftproben zu Beginn der eFlow eine Abnahme der Anzahl Taxa zu beobachten (Abbildung 13). Die Abnahme der Anzahl Taxa könnte durch einen Verdünnungseffekt durch das ablaufende Seewasser erklärt werden:

Im Sediment eines Stausees kann mit zunehmender Tiefe eine Abnahme der Lebendbakterien beobachtet werden (Preuss & Nehr Korn, 1995). Da es sich beim abgelassenen Wasser zu Beginn der eFlow um Tiefenwasser des Stausees handelt und die Anzahl Mikroorganismen im Fluss tendenziell höher sind (aufgrund höheren Temperaturen, Lichteinstrahlung und grösseren Nährstoffmengen) wäre eine Verdünnung der Anzahl Taxa zu Beginn der eFlow plausibel. Jedoch erfasst die T-RFLP Analyse, mit der die Driftproben analysiert wurden, nicht nur Lebendbakterien, sondern auch das genetische Material von toten Organismen. Das Material der abgestorbenen Mikroorganismen setzt sich jedoch im Sediment des Sees ab, weshalb angenommen wird, dass nur wenig von diesem Material über die Schleusen in die Restwasserstrecke gelangt.

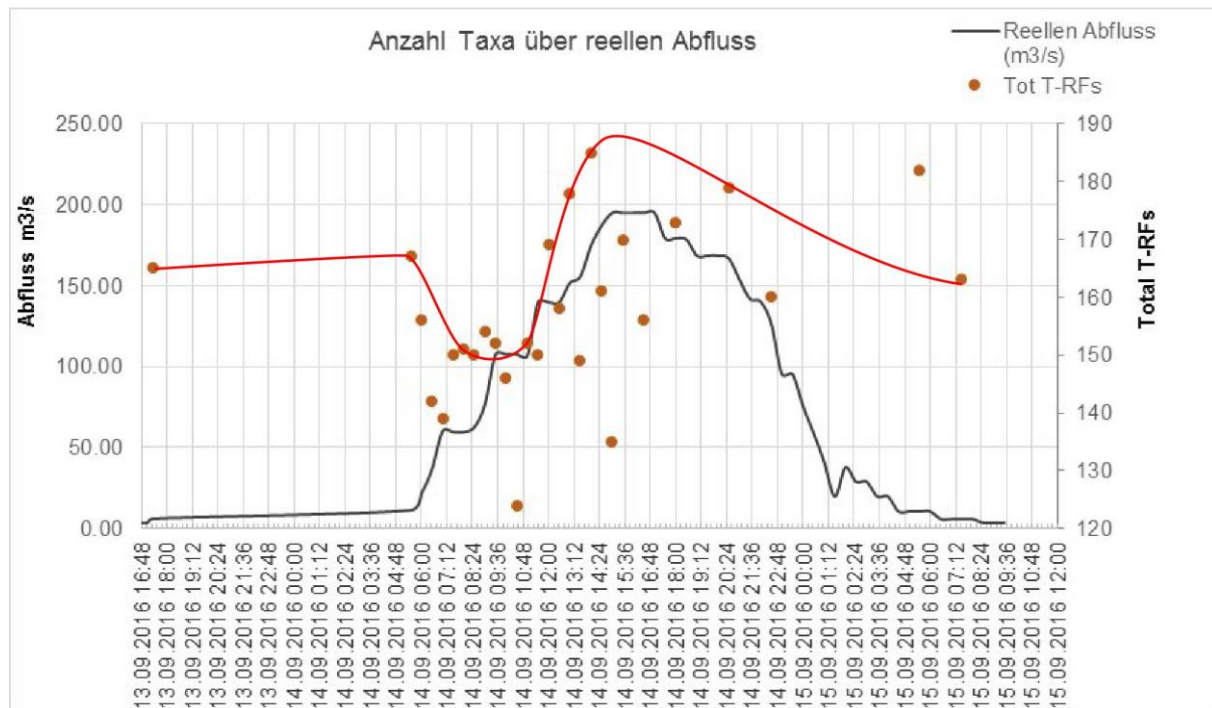
Nach dem Verdünnungseffekt steigt die Anzahl Taxa bei einem realen Abfluss von circa 100 m<sup>3</sup>/s wieder an.

Bei Invertebraten beginnt die Drift bereits 5-10 min nach dem Einsetzen der Flut und sinkt danach kontinuierlich (Gibbins et al., 2010; Bruno et al., 2016). Dieser Wert kann als Richtwert angesehen werden, ist aber vom System und von der Höhe der jeweiligen Flut abhängig. Bei den, bezüglich der Mikrobiologie analysierten Driftproben, konnte erst 6h nach dem Einsetzen der experimentellen Flut einen Anstieg der Anzahl Taxa und somit eine vermeintliche Mobilisierung festgestellt werden.

Robinson et al. (2004) beschrieb, dass die AFDM des Seston bei einer Flut zeitlich etwa gleich mobilisiert wird wie Makroinvertebraten. Da die grösste Menge an Biomasse im wassergesättigten Sediment der Fliessgewässer und dessen Habitaten vorkommt (Fischer &

Pusch, 2001), kann angenommen werden, dass die Mikroorganismen während einer Flut mit der Mobilisierung des Sediments zu driften beginnen.

Nach einer Modellierung der Gruppe Ökohydrologie der ZHAW kommt es bei der Restwasserstrecke der Saane bei einer Abflussmenge von etwa 100 m<sup>3</sup>/s zum Geschiebetransport. Da Böden und Sedimente, der im Überschwemmungsbereich liegenden Auen, als erhebliche Senken für v.a. partikelgebundene Nährstoffe dienen (Friese et al., 2000), kann angenommen werden, dass die Mobilisierung der organischen Substanz im Zusammenhang mit der Mobilisierung des Sediments und somit mit der Drift von Mikroorganismen steht.



**Abbildung 13:** Anzahl Taxa (Total T-RFs) über den reellen Abfluss der eFlow. Die Rote Linie zeigt den Trend der Verdünnung, der anschliessenden Zunahme der Anzahl Taxa und der Normalisierung.

## 4.2 Mikrobiologie

### 4.2.1 Mikrobielle Diversität

Es wurde erwartet, dass in der Sommer 2016 Probe vor der Flut die höchste Anzahl Taxa vorhanden ist, die Anzahl Taxa aufgrund der, durch die eFlow entstandene Drift, in den beiden „After Flood“ Proben deutlich sinkt, und sich in der Herbst 2016 Probe mit der Entwicklung einer neuen mikrobiellen Gesellschaft wieder erhöht. Zu den Entnahmezeitpunkten „After Flood“ 1 und 2 war jedoch eine höhere Anzahl Taxa im Sediment vorhanden als bei den Sommer 2016- und Herbst 2016 Proben.

Eine Erklärung für die höheren Taxa-Werte nach der Flut könnte sein, dass Mikroorganismen durch die experimentelle Überflutung vom umliegenden Land in das Sediment der verschiedenen Auenhabitate eingespült wurden. Jedoch kann mit dieser Aussage nicht erklärt

werden weshalb auch in der natürlichen Referenzstrecke die Anzahl Taxa nach dem Flut-Event gestiegen sind, obwohl die Strecke nicht von der eFlow betroffen war.

Eine zweite Erwartung war, dass in der Restwasserstrecke, die direkt vom Staudamm und deshalb am direktesten von der eFlow betroffen war, einen grösseren Einfluss der Störung zu sehen ist, als in der Schwall-Sunk-Strecke unterhalb der Restwasser-Strecke.

Die „Intermediate Disturbance Hypothesis“ (IDH), besagt, dass die Diversität der Arten tief ist, wenn der Stör-Level klein ist und mit der Frequenz oder der Heftigkeit der Störung steigt, bei anhaltender Störung aber wieder sinkt (Connell, 1978). Nach dieser Hypothese sollte in der natürlichen Referenzstrecke die höchste Diversität, also die höchste Anzahl Taxa vorhanden sein, da über das ganze Jahr moderate Störungen durch Niederschläge und Schmelzwasser stattfinden. Bei der Schwall-Sunk Strecke könnten die täglichen Schwankungen im Abflussregime als anhaltende Störung betrachtet werden, was nach IDH in einer kleineren Diversität resultieren würde. Es konnten aber keine signifikanten Unterschiede (Anhang 1) in der Anzahl Taxa zwischen den verschiedenen Regimen festgestellt werden. Grund dafür könnte sein, dass die Sense allgemein weniger nährstoffreich als die Saane ist und deshalb die Diversität nicht grösser als in den anderen Regimen ist, die kleineren Nährstoffmengen die positiven Auswirkungen der moderaten Störungen verringern. Auch die Temperatur, die einen grossen Einfluss auf die Zusammensetzung der mikrobiellen Gesellschaften hat (Kaevska et al., 2016) kann einen Einfluss auf die Diversität der natürlichen Referenzstrecke der Sense haben, da die Temperatur in diesem Abschnitt leicht tiefer liegt als in den anderen beiden Strecken.

Die höhere Diversität in den beiden Proben direkt nach der Flut könnte durch die „Es ist jedoch unwahrscheinlich, dass der Anstieg der Anzahl Taxa auf die IDH zurückgeführt werden kann, da auch in der natürlichen Referenzstrecke, in der die eFlow keinen Einfluss hatte, die gleichen Muster zu sehen sind wie in den beiden anderen Strecken, die von der eFlow mehr (Restwasser-Strecke) oder weniger (Schwall-Sunk-Strecke) betroffen waren.

Über alle Regime und Habitate wurden in den Herbst 2016 Proben signifikant weniger Taxa detektiert. Dies kann durch die saisonbedingten wechselnden Umweltbedingungen (u.a. niedrigere Temperaturen, organische Akkumulation) erklärt werden, da die Temperatur, wie schon oben beschrieben, einen grossen Einfluss auf die mikrobielle Gesellschaft hat (Kaevska et al., 2016). Mikrobiologische Gesellschaften reagieren stark auf Änderungen der abiotischen Eigenschaften, wie z.B. der Temperatur (Gibbons et al., 2014), was einen Einfluss auf die Anzahl Taxa im Sediment der verschiedenen Habitate hat.

Mikrobiologische Gesellschaften reagieren unterschiedlich auf Störungen, wobei die Intensität und Frequenz der Störung und die Fähigkeit der verschiedenen Spezies die Störung zu tolerieren eine Rolle spielt (Sousa, 1984).

Die Resultate hängen auch mit der gewählten Analyse-Methode zusammen: Mit der T-RFPL wird nur ein kleiner Teil der effektiven Diversität detektiert (Blackwood et al., 2002). Auch labortechnisch bedingte Unterschiede in der Bearbeitung der Proben könnten einen gewissen Einfluss auf die Qualität der T-RFLP- Resultate haben.

Aufgrund der erhaltenen Resultate muss trotz allem angenommen werden, dass die eFlow keinen direkten Einfluss auf die mikrobielle Diversität in den verschiedenen Auenhabitaten hatte und die mikrobiellen Gesellschaften die Störung tolerierten oder die Veränderungen innerhalb der mikrobiellen Gesellschaften durch die gewählte Methode nicht sichtbar gemacht werden konnten.

#### **4.2.2 Mikrobielle Gesellschaften**

Die mikrobiellen Gesellschaften verändern sich über die vier Entnahmezeitpunkte vom Sommer 2016 bis zum Herbst 2016. Zu jedem Zeitpunkt ist ein Trend der Gruppierung nach Habitaten oder Regimen zu sehen. Je näher die verschiedenen Punkte der PCA sind, desto ähnlicher sind sie einander.

Wird der Fokus auf die Gruppierungen nach Regimen gelegt, kann erkannt werden, dass sich vor der Flut (Sommer 2016) die Proben relativ deutlich nach Regime gruppieren. Die mikrobiellen Gesellschaften in den verschiedenen Regimen sind also ähnlich und unterscheiden sich von den anderen Regimen. Nach der Flut (After Flood 1) sind keine Gruppierungen nach Regime mehr zu erkennen. Dies könnte dadurch erklärt werden, dass durch die experimentelle Flut die bestehenden Gesellschaften teilweise in die Restwasserstrecke gespült und Mikroorganismen vom Stausee in die Restwasserstrecke eingetragen wurden. Zum zweiten Messzeitpunkt nach der Flut (After flood 2) konnte eine Gruppierung Gesellschaften der Restwasserstrecke erkannt werden. Zwischen den mikrobiellen Gemeinschaften der anderen beiden Regime konnte keine klare Unterscheidung gesehen werden. Die klare Abtrennung des Restwasser-Regimes könnte dadurch entstanden sein, dass sich nach der eFlow eine neue Gesellschaft bildete, die sich von den anderen beiden Regimen unterscheidet. In den Herbstproben clustern die Gesellschaften eher wieder nach Habitat, was durch den Einfluss des Klimas, zum Beispiel durch das saisonale Absinken der Temperatur, erklärt werden könnte.

Im Allgemeinen sind sich die mikrobiellen Gesellschaften in den Proben Sommer- und Herbst 2016 über alle Regime und Habitate gesehen ähnlicher als die beiden Proben nach der Flut (After flood 1 und -2).

In verschiedenen Studien (Gilbert et al. 2012; Zhang et al. 2012, 2014; Kaevska et al., 2016) wurde beschrieben, dass die bakterielle Zusammensetzung eher charakteristisch für eine bestimmte Saison als einen bestimmten Ort ist, was die signifikanten Unterschiede zwischen den verschiedenen Entnahmezeitpunkte erklären könnte. Die Temperatur spielt bei der

saisonalen Variation in der Zusammensetzung der mikrobiellen Gesellschaft eine grosse Rolle (Liu et al., 2013). Wie sich mikrobielle Gesellschaften bilden und wie divers sie sind, hängt also stark von den physikalischen Bedingungen ab.

Die eFlow hatte einen Einfluss auf die Struktur der mikrobiellen Gesellschaften, was durch die unterschiedlichen Gruppierungen der Gesellschaften zu den unterschiedlichen Entnahmezeitpunkten zu sehen ist. Aufgrund der Methodenwahl kann jedoch keine Aussage darüber gemacht werden, ob für den jeweiligen Standort wichtige Spezies mit der Drift weggespült wurden, welche Spezies sich neu ansiedelten, ob die Zusammensetzung der Community gleich blieb oder sich durch die eFlow veränderte. Vielleicht fanden Veränderungen statt, welche mittels T-RFLP jedoch nicht sichtbar gemacht werden konnten.

## 4.2 Abiotische Parameter

Die grössten Unterschiede in den abiotischen Faktoren konnten zwischen den verschiedenen Habitaten beobachtet werden.

In den terrestrischen Habitaten (Insel und Auenwald) waren die Nährstoffgehalte von Stickstoff und Kohlenstoff und die organische Masse am höchsten. Dies kann dadurch erklärt werden, dass Auenwälder meistens sehr produktiv sind (Naiman und Décamps, 1997), was zu einem grossen Eintrag an Laub und somit organischer Masse und Nährstoffe in den Auenwald und die angrenzenden Habitaten der Auenlandschaft führt (Chauvet und Jean-Louis, 1988). Der Austausch des organischen Materials zwischen den verschiedenen Habitaten wird durch das Abflussregime reguliert und durch Hochwasser begünstigt (Tockner et al., 2000), weshalb nach der eFlow eine Zunahme des organischen Materials in den aquatischen Habitaten (Haupt- und Seitenkanal) und eine Abnahme in den terrestrischen Habitaten der Restwasserstrecke erwartet würde. Zwischen den Probenahmezeitpunkten vor und nach der Flut und zwischen den Regimen konnten jedoch keine signifikanten Unterschiede bezüglich der organischer Masse und den erhobenen Nährstoffen festgestellt werden. Zwischen den verschiedenen Entnahmezeitpunkten konnten nur bei der Temperatur signifikante Unterschiede festgestellt werden.

Ohne Hochwasser wird das organische Material im Sediment der Auenhabitate angereichert, temporär gespeichert und von Mikroorganismen abgebaut (Merritt und Lawson, 1992).

Der totale Kohlenstoff war in der Schwall-Sunk-Strecke über alle Entnahmezeitpunkte verglichen mit den anderen beiden Regimen signifikant tiefer. Dies kann mit den starken täglichen Schwankungen des Abflusses begründet werden, da der Kohlenstoff durch diese Störungen weggespült wird und somit nicht im Sediment akkumuliert werden kann.

Die im Sediment gemessene Temperatur war in der Schwall-Sunk-Strecke signifikant höher als in den anderen Regimen. Durch die Turbinierung des Wassers wird Wärme frei, welche an das Wasser abgegeben werden kann (Bobat, 2015), wodurch die höheren Temperaturen in den aquatischen Habitaten der Schwall-Sunk-Strecke erklärt werden können.

Die abiotischen Parameter unterscheiden sich am stärksten zwischen den aquatischen und terrestrischen Habitaten. Die aquatischen Habitate haben ähnliche abiotische Eigenschaften und die terrestrischen Habitate haben ähnliche Eigenschaften.

### **4.3 Einfluss der abiotischen Parameter auf die Mikrobiologie**

Die mikrobiellen Gesellschaften gruppieren sich wie die abiotischen Parameter am klarsten in den aquatischen bzw. in den terrestrischen Habitaten. Die Parameter organische Masse, AFDM, total Stickstoff und –Kohlenstoff zeigten signifikant höhere Werte in den terrestrischen Habitaten (Insel und Auenwald). Auch bei der Anzahl Taxa konnte eine leicht, jedoch nicht signifikant höhere Anzahl Taxa in den terrestrischen Habitaten Insel und Auenwald festgestellt werden. Höhere Anteile an mineralischem und organischem Material erhöhen die mikrobiologische Biomasse (Neumann et al., 2014), was die höhere Anzahl Taxa in den terrestrischen Habitaten erklärt.

Das Regime scheint einen weniger grossen Einfluss auf die Zusammensetzung der mikrobiellen Gesellschaften zu haben, da sich auch die abiotischen Parameter zwischen den Regimen nicht stark unterscheiden.

## **5. Schlussfolgerung**

Die eFlow hatte einen Einfluss auf die Zusammensetzung der mikrobiellen Gesellschaft, jedoch keinen erkennbaren Einfluss auf die Anzahl Taxa im Sediment der Flussaue. Die Hypothese i), dass sich die mikrobiellen Gesellschaften im Sediment vor und nach der Drift, die durch die experimentelle Überflutung ausgelöst wurde unterscheiden, kann somit bestätigt werden. Grund für die Unterschiede in den mikrobiellen Gesellschaften könnten jedoch auch saisonbedingte Unterschiede der Temperatur sein. Die anderen abiotischen Parameter können als Einflussfaktor ausgeschlossen werden, da sie sich zwischen den einzelnen Entnahmezeitpunkten nicht signifikant unterscheiden.

Die Hypothese ii) besagt, dass die Entwicklung einer neuen mikrobiellen Gesellschaft anhand eines zeitlichen Gradienten eingeordnet werden kann. Diese Hypothese kann nur teilweise bestätigt werden. Die Gesellschaften unterscheiden sich zwischen den verschiedenen Entnahmezeitpunkten, was eine Veränderung in den mikrobiellen Gesellschaften zeigt. Diese Veränderung zeigt aber nicht die Entwicklung einer neuen mikrobiellen Gesellschaft, da sonst die Anzahl Taxa nach der Flut deutlich tiefer wäre und mit der Entwicklung einer neuen mikrobiellen Gesellschaft wieder steigen würde. Die geringere Anzahl Taxa in den Herbst 2016 Proben könnte durch die geringeren Temperaturen erklärt werden.

Die Drift der Mikroorganismen ist, wie die Drift von Makroinvertebraten, abhängig von der Höhe der Flut und des Systems in dem die Drift stattfindet. Tendenziell driften Makroinvertebraten

aber früher in der Flut als Mikroorganismen, da für die Drift der Mikroorganismen das Sediment mobilisiert werden muss. Die Hypothese iii), dass die Drift der Mikroorganismen zeitlich ähnlich verläuft wie die Drift der Makroinvertebraten kann somit nicht bestätigt werden.

Um einen vertieften Einblick auf den Einfluss von experimentellen Überflutungen auf die Mikrobiologie zu bekommen wäre es sinnvoll, das System über einen längeren Zeitraum hinweg mit mehreren eFlows zu untersuchen. Zudem könnte in Erwägung gezogen werden, statt der T-RFLP Analyse eine „Next generation sequencing“ Methode zur Untersuchung der Sedimentproben zu verwenden, da diese einen tieferen Einblick auf die Zusammensetzung der mikrobiologischen Gesellschaften versprechen.

## 6. Literaturverzeichnis

Abdo Z., Schüette U.M., Bent S.J., Williams C.J., Forney L.J., and Joyce P. (2006). Statistical methods for characterizing diversity of microbial communities by analysis of terminal restriction fragment length polymorphisms of 16S rRNA genes. *Environmental Microbiology*, 8, 929 – 938.

Arthington, A. H., S. E. Bunn, N. L. Poff, and R. J. Naiman. 2006. The challenge of providing environmental flow rules to sustain river ecosystems. *Ecological Applications* 16:1311 – 1318.

Bundesamt für Umwelt BAFU (2000). Angemessene Restwassermengen : Wie können sie bestimmt werden? *Wegleitung* 2000, 140S.

Barlocher, F., and J. H. Murdoch (1989). Hyporheic biofilms: a potential food source for interstitial animals. *Hydrobiologia* 1, 84, 61 – 67.

Ballinger A., Lake P.S. (2006). Energy and nutrient fluxes from rivers and streams into terrestrial food webs. *Marine and Freshwater Research*, 57, 15 - 28.

Besemer K., Moeseneder M.M., Arrieta J.M., Herndl G.J., Peduzzi P. (2004). Complexity of Bacterial Communities in a River-Floodplain System (Danube, Austria). *Applied and Environmental Microbiology*, 71(2), 609 - 620.

Blackwood C.B., Marsh T., Kim S.H., Paul E.A. (2002). Terminal Restriction Fragment Length Polymorphism Data Analysis for Quantitative Comparison of Microbial Communities. *Applied and Environmental Microbiology*, 69(2), 926 – 932.

Bobbat Alaeddin (2015). Thermal pollution caused by hydropower plants. *Energy Systems and Management*, DOI 10.1007/978-3-319-16024-5\_2.

Bodmer P., Freimann R., von Fumetti S., Robinson C.T., Doering M. (2015). Spatio-temporal relationships between habitat types and microbial functions of an upland floodplain. *Aquatic Sciences*. DOI 10.1007/s00027-015-0420-9.

Brittain J.E. und Eikeland T.J. (1988). Invertebrate drift - A review. *Hydrobiologia*, 166(1), 77 – 93.

Capon S.J., Chambers L.E., Nally R.M., Naiman R.J., Davies P., Marshall N., Pittock J., Reid M., Capon T., Douglas M., Catford J., Baldwin D.S., Stewardson M., Roberts J., Parsons M., Williams S.E. (2013). Riparian Ecosystems in the 21st Century: Hotspots for Climate Change Adaptation? *Ecosystems*, 16c, 359 - 381.

Cardinale B.J., Srivastava D.S., Duffy J.E., Wright J.P., Downing A.L., Sankaran M., Jouseau C. (2006). Effects of biodiversity in the functioning of trophic groups and ecosystems. *Nature* 443, doi:10.1038/nature05202.



- Chauveb E., und Jean-Louis A.M. (1988). Litter production in the Garonne riparian forest and allochthonous input to the river. *Acta oecologica, Oecologica generalis*, 9, 265 - 279.
- Ciborowski J.J.H. (1987). Dynamics of drift and microdistribution of two mayfly populations: a predictive model. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 44, 832 - 845.
- Connell J. H. (1978). Diversity in tropical rain forests and coral reefs. *Science*, 199, 1302 – 1310.
- Culman S.W., Bukowski R., Gauch R., and Cadillo-Quiroz H. (2009). T-REX: Software for the Processing and Analysis of T-RFLP data. *BMC Bioinformatics*, 10, 171.
- Doyle W.M., Stanley H.E., Strayer L.D., Jacobson R.B., Schmidt C.J. (2005). Effective discharge analysis of ecological processes in streams. *Water resources research*, 41, W11411.
- Fischer H., Pusch M. (2001). Comparison of bacterial production in sediments, epiphyton and the pelagic zone of a lowland river. *Freshwater Biology*, 46, 1335 - 1348.
- Geissbühler U. (2007). Selbstreinigung urbaner Flusslandschaften bei Basel. Inwertsetzung revitalisierter und naturnaher Auen- und Feuchtgebiete in den Flussebenen von Wiede, Birs und Rhein. Inauguraldissertation, Philosophisch-Naturwissenschaftlichen Fakultät der Universität Basel.
- Gibbons S.M., Jones E., Bearquiver A., Blackwolf F., Roundstone W., Scott N., Hooker J., Madsen R., Coleman M.L., Gilbert J.A. (2014). Human and Environmental Impacts on River Sediment Microbial Communities. *PLoS One*, 9(5), e97435.
- Gilbert J.A., Steele J.A., Caporaso J.G., Steinbrueck L., Reeder J., Temperton B., Huse S., McHardy A.C., Knight R., Joint I., Somerfield P., Fuhrman J.A., Field D. (2012) Defining seasonal marine microbial community dynamics. *The ISME Journal*, 6(2), 298 – 308.
- Groupe-e (2016). Abflussdaten Sarine.
- Junk W.J., Bayley P.B., Sparks R.E. (1989). The Flood Pulse Concept in River-Floodplain Systems. *Canadian Special Publications for Fisheries and Aquatic Science*, 106, 110 – 126.
- Kaevska M., Videnska P., Sedlar K., Slana I. (2016). Seasonal changes in microbial community composition in river water studied using 454-pyrosequencing. *SpringerPlus*, 5, 409.
- Kipfer T.M., Schneeberger R.D. (2016). Einfluss verschiedener hydrologischer Regime der Wasserkraft auf die Makroinvertebratenfauna in Auenlandschaften. Bachelorarbeit. Zürcher Hochschule für Angewandte Wissenschaften ZHAW, Wädenswil.
- Kruskal W.H., and Wallis W.A. (1952). Use of Ranks in One-Criterion Variance Analysis. *Journal of the American Statistical Association*, 47, 583 – 621.

- Liu L.M., Yang J., Yu X.Q., Chen G.J., Yu Z. (2013) Patterns in the composition of microbial communities from a subtropical river: effects of environmental, spatial and temporal factors. *PLoS One*, 8(11), e81232. doi:10.1371.
- Merritt R.W. and Lawson D.W. (1992). The role of leaf litter macroinvertebrates in stream floodplain dynamics. *Hydrobiologia*, 248, 65 – 77.
- Naiman R.J., Décamps H., Pollock M. (1993). The Role of Riparian Corridors in Maintaining Regional Biodiversity. *Ecological Applications* 3(2), 209 - 212.
- Naiman R.J. and Décamps H. (1997). The ecology of interfaces: riparian zones. *Annu. Rev. Ecol. Syst*, 28, 621 – 658.
- Neumann D., Heuer A., Hemkemeyer M., Martens R., Tebbe C.C. (2014). Importance of soil organic matter for the diversity of microorganisms involved in the degradation of organic pollutants. *The ISME Journal*, 8, 1289 – 1300.
- Osborn A.M., Moore E.R.B., and Timmis K.N. (2000). An evaluation of terminal-restriction fragment length polymorphism (T-RFLP) analysis for the study of microbial community structure and dynamics. *Environmental Microbiology*, 2, 39 – 50.
- Pfaundler M., & Keusen M. (2012). Veränderungen von Schwall-Sunk. Hydrologische Datenanalyse zur Charakterisierung von Schwall-Sunk Phänomenen in der Schweiz. . Bundesamt für Umwelt, Umwelt-Wissen Nr. 071 , Bern.
- Poff N.L., Allan J.D., Bain M.B., Karr J.R., Prestegard K.L., Richter B.D., Sparks R.E., Stromberg J.C. (1997). The natural flow regime. *Bioscience*, 47, 769 – 784.
- Power M.E., Parker M.S., Wootton J.T. (1996). Disturbance and food chain length in rivers. In *Food webs: integration of patterns and dynamics*. Edited by G.A. Polis and K.O. Winemiller. Chapman and Hall, Inc. New York, 286 - 297.
- Preuss G., und Nehr Korn A. (1995). Mikrobielle Sukzession bei Infiltration von Oberflächenwasser. *Deutsche Forschungsgemeinschaft*, 87 – 122
- Pusch, M., D. Fiebig, I. Brettar, H. Eisenmann, B. K. Ellis, L. A. Kaplan, M. A. Lock, M. W. Naegeli, and W. Traunspurger (1998). The role of microorganisms in the ecological connectivity of running waters. *Freshwater Biology*, 40, 453 – 495.
- R Core Team (2014). *R: A language and environment for statistical computing*. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing; 2014.
- Schaefer M. (1996). Die Bodenfauna von Wäldern: Biodiversität in einem ökologischen System. *Akademie der Wissenschaften und der Literatur, Mainz - Abhandlungen der mathematisch-naturwissenschaftlichen Klasse*, Jahrgang 1996, 2, 86

Smith C.J., Danilowicz B.S., Clear A.K., Costello F.J., Wilson B., and Meijer W.G. (2005). T-Align, a webbased tool for comparison of multiple terminal restriction fragment length polymorphism profiles. *FEMS Microbiology Ecology*, 54, 375 – 380.

Sousa W.P. (1984). The role of disturbance in natural communities. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 15, 353 – 391.

Tockner K., Malard F and Ward J.V. (2000). An extension of the flood pulse concept. *Hydrol. Process*, 14, 2861 – 2883.

Ward J. und Stanford J. (1979). *The ecology of regulated streams*. New York und London: Plenum Press.

Ward J.V., Tockner K., Arscott D.B., Claret C. (2002). Riverine landscape diversity. *Freshwater Biology*, 47, 517 – 539.

Zhang M.L., Yu N., Chen L.Q., Jiang C.H., Tao Y.J., Zhang T., Chen J., Xue D. (2012). Structure and seasonal dynamics of bacterial communities in three urban rivers in China. *Aquatic Sciences*, 74(1), 113–120.

## Abbildungsverzeichnis

- Abbildung 1: Lokalisierung des Untersuchungsgebiets in welchem sich die zwei untersuchten Fließgewässer Saane (N 46° 46.515 E 7° 7.284) und Sense (46°43'45.0"N 7°17'44.7"E) befinden. .... 4
- Abbildung 2: mittlerer Tagesabfluss in m<sup>3</sup>/s der Restwasserstrecke der Saane vom 1. Januar 2016 bis zum 31. Dezember 2016, erstellt mit Daten von Groupe-e (2016)..... 5
- Abbildung 3: mittlerer Tagesabfluss in m<sup>3</sup>/s der Schwall-Sunk-Strecke der Saane vom 1. Januar bis zum 31. Dezember 2016 ..... 5
- Abbildung 4: mittlerer Tagesabfluss in m<sup>3</sup>/s der natürlichen Referenzstrecke der Sense vom 1. Januar 2016 bis zum 31. Dezember 2016, erstellt mit Daten von Groupe-e (2016). .... 6
- Abbildung 5: Hydrograph der experimentellen Überflutung vom 14. und 15. September 2016  
7
- Abbildung 6: Probenahmestandorte des Restwasser- und Schwall-Sunk-Regimes an der Saane. Die Restwasserstrecke (SaR) liegt unmittelbar unterhalb des Rossens-Staudamms (FR), die Schwall-Sunk-Strecke (SaH) weiter flussabwärts Richtung Freiburg (FR). Beide Strecken sind in drei Teilabschnitte (R1-R3) unterteilt, welche je die Habitate Insel, Auenwald, Kiesbank, Haupt- und Seitenkanal beinhalten. .... 9
- Abbildung 7: Probenahmestandorte der natürlichen Referenzstrecke an der Sense bei Plafeien (FR), unterteilt in drei Teilabschnitte. Jeder Teilabschnitt beinhaltet die Habitate Insel, Auenwald, Kiesbank, Haupt- und Seitenkanal. .... 10
- Abbildung 8: Anzahl Taxa (Total T-RFs) gegenüber dem reellen Abfluss der experimentellen Überflutung über die Zeit. Jede halbe Stunde wurden Drift-Proben entnommen und die Anzahl Taxa bestimmt..... 15
- Abbildung 9 a) – e): Boxplots der Anzahl Taxa in den Habitaten Insel, Auenwald (Riparian Forest), Main- und side channel (Haupt- und Seitenkanal) und Open gravelbar (offene Kiesbank) in den drei Abflussregimen Schwall-Sunk (HP), Restwasser (RF) und dem natürlichen Abflussregime (NF) pro Entnahmezeitpunkte Sommer 2016 (S16), After Flood 1 (af1), After Flood 2 (af2) und Herbst 2016 (H16). Der Boxplot zum jeweiligen Regime und dem

jeweiligen Entnahmezeitpunkt ergibt sich aus 3 Proben (eine Probe pro Teilabschnitt). Der Interquartilsabstand beträgt 50 % (25 %, 75 %). Der untere Whisker beschreibt das 0.05 Quantil, der obere Whisker das 0.95 Quantil. Punkte ausserhalb der Whisker stellen Ausreisser dar. Die Linie in der Box zeigt den Median..... 17

Abbildung 10 a) – d): Boxplots der Anzahl Taxa nach Entnahmezeitpunkten (Saisons) zusammengefasst. a) alle Daten von allen Regimen über die Saison, b) gepoolte Daten im Restwasser-Regime, c) gepoolte Daten im Schwall-Sunk-Regime, d) gepoolte Daten in der natürlichen Referenzstrecke. Die Buchstaben zeigen die signifikanten Unterschiede zwischen den einzelnen Saisons ..... 18

Abbildung 11 a)- d): Biplot der Hauptkomponentenanalyse (PCA) der T-REX software. Die Daten wurden für jeden Entnahmezeitpunkt (Saison) analysiert und nach Habitat in den jeweiligen Regimes mit Mittelwert und Standardabweichung zusammengefasst. .... 20

Abbildung 12 a) - d): Hauptkomponentenanalyse (PCA) aller abiotischen Parameter. pro Zeitpunkt nach Habitat und Regime zusammengefasst. a) PC1= 51.9 %, PC2=14.7%, b) PC1= 51.7%, PC2= 13.9%, c) PC1= 41.9%, PC2= 17.9%, d) PC1= 30.8%, PC2= 22.7% der Variation der Daten ..... 26

Abbildung 13: Anzahl Taxa (Total T-RFs) über den reellen Abfluss der eFlow. Die Rote Linie zeigt den Trend der Verdünnung, der anschliessenden Zunahme der Anzahl Taxa und der Normalisierung. .... 28

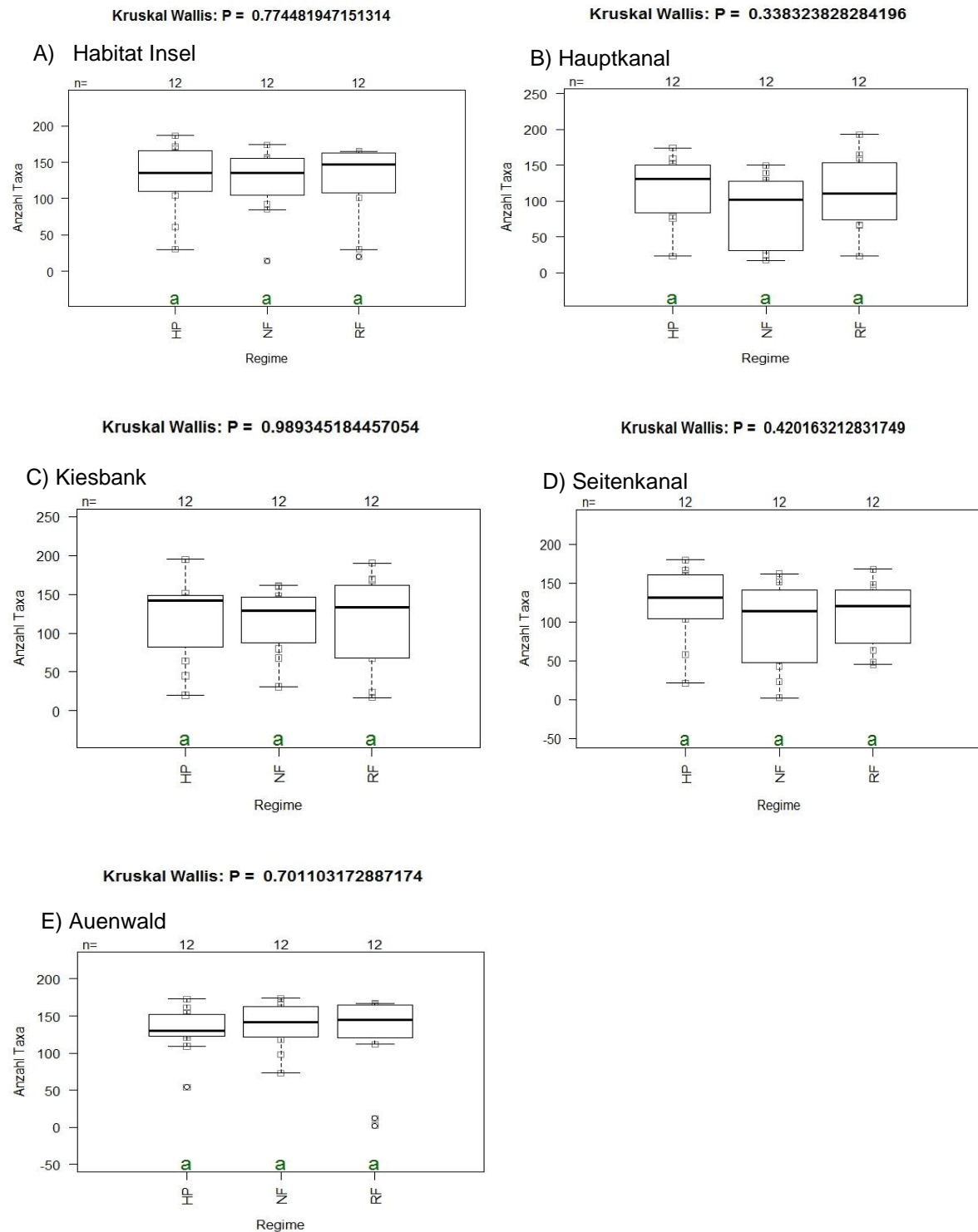
## Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Beschreibung der beprobten Auenhabitats ..... 8	8
Tabelle 2: Für T-RFLP verwendete 5'-fluoreszenzmarkierte Primer (Microsynth, Balgach, CH). Fluorophore ATTO565 (Absorption 563 nm, Emission: 592 nm) und ATTO532 (Absorption 532 nm, Emission: 553 nm)..... 11	11
Tabelle 3: RAD Thermocycler-Amplifikationsprogramm optimiert für die Dynazyme Polymerase ..... 11	11
Tabelle 4: PCR-Reaktion..... 12	12
Tabelle 5: Klenow-Mix mit Klenow Fragment von Thermofisher Scientific™, MA, USA ..... 12	12
Tabelle 6: Restriktions-Verdau mit dem Enzym <i>AluI</i> ..... 12	12
Tabelle 7: Mittelwert $\pm$ Standardabweichung der sieben gemessenen abiotischen Faktoren über alle vier Saisons (Sommer 2016, after flood 1 und 2, Herbst 2016) zusammengefasst nach Habitat für die drei Regime. .... 23	23
Tabelle 8 :p-Werte und Freiheitsgrad (df) der Kruskal-Wallis Analyse für die sieben erhobenen abiotischen Parameter über die Regime, die Habitats in den drei verschiedenen Regime und über die Saison. HP= Schwall-Sunk, RF= Restwasser, NF= natürliche Referenzstrecke .... 24	24

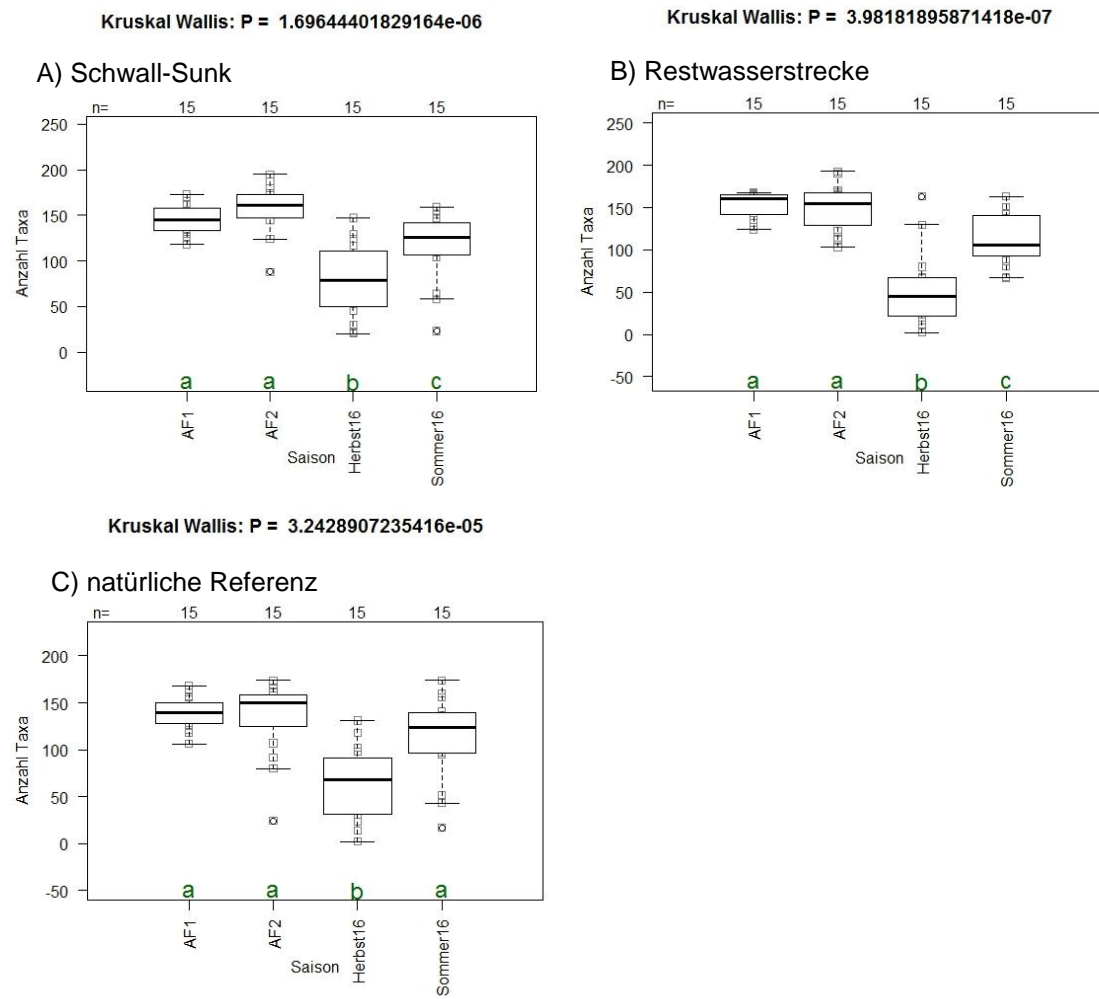
## Angang 1: Mikrobiologie

Darstellung des Kruskal-Wallis Tests mittels Boxplots. Die unterschiedlichen Buchstaben zeigen die signifikanten Unterschiede.

Alle Entnahmezeitpunkte zusammengefasst nach Regime für jedes Habitat



Alle Habitate zusammengefasst nach Entnahmezeitpunkten für jedes Regime





## Anhang 2 : Ergebnisse abiotische Parameter

Statistische Tests aller gemessener abiotischen Parameter. Die grauen Felder zeigen einen signifikanten Unterschied

### Regime und alle Habitats

<b>Temp</b>	Restwasser	Schwall-Sunk	NatürlicheRef
NatürlicheRef.	0.27483	0.000825	-
Schwall-Sunk	0.02925	-	-

<b>Ctot</b>	Restwasser	Schwall-Sunk	NatürlicheRef
NatürlicheRef.	3.59E-01	1.15E-07	-
Schwall-Sunk	8.88E-06	-	-

<b>Ntot</b>	Restwasser	Schwall-Sunk	NatürlicheRef
NatürlicheRef.	0.22747	0.08434	-
Schwall-Sunk	0.01416	-	-

### Habitats in Schwall-Sunk-Regime

<b>Ctot</b>	Hauptkanal	Seitenkanal	Insel	Kiesbank
Seitenkanal	0.01614	-	-	-
Insel	0.51372	0.01097	-	-
Kiesbank	0.08526	0.17746	0.03743	-
Auenwald	8.20E-04	2.66E-05	0.0078	1.48E-05

<b>Ntot</b>	Hauptkanal	Seitenkanal	Insel	Kiesbank
Seitenkanal	1	-	-	-
Insel	9.63E-04	0.00379	-	-
Kiesbank	1	1	0.00814	-
Auenwald	0.00343	0.00509	0.08995	0.00808

<b>Organische Masse</b>	Hauptkanal	Seitenkanal	Insel	Kiesbank
Seitenkanal	0.72457	-	-	-
Insel	0.02707	0.00686	-	-
Kiesbank	0.72457	0.72457	0.05022	-
Auenwald	0.00274	0.00274	0.51075	0.01281

<b>Wassergehalt</b>	Hauptkanal	Seitenkanal	Insel	Kiesbank
Seitenkanal	1	-	-	-
Insel	1	1	-	-
Kiesbank	0.016	0.00772	7.17E-04	-
Auenwald	1	1	1	0.08389

<b>AFDM</b>	Hauptkanal	Seitenkanal	Insel	Kiesbank
Seitenkanal	1	-	-	-
Insel	0.00172	2.32E-04	-	-
Kiesbank	1	1	4.30E-04	-
Auenwald	7.10E-05	2.96E-05	0.09673	4.66E-05

<b>KG &lt;0.063mm (%)</b>	Hauptkanal	Seitenkanal	Insel	Kiesbank
Seitenkanal	1	-	-	-
Insel	0.00137	2.33E-04	-	-
Kiesbank	1	1	4.30E-04	-
Auenwald	7.10E-05	2.96E-05	0.09673	4.66E-05

<b>KG 0.063-2mm(%)</b>	Hauptkanal	Seitenkanal	Insel	Kiesbank
Seitenkanal	0.00446	-	-	-
Insel	7.39E-06	7.39E-06	-	-
Kiesbank	0.04867	0.75528	7.39E-06	-
Auenwald	7.39E-06	7.39E-06	0.01354	7.39E-06

<b>KG 2-4mm(%)</b>	Hauptkanal	Seitenkanal	Insel	Kiesbank
Seitenkanal	0.00926	-	-	-
Insel	7.39E-06	7.10E-05	-	-
Kiesbank	0.62972	0.01658	7.39E-06	-
Auenwald	2.22E-04	2.22E-04	0.00947	2.22E-04

<b>KG 4-8mm(%)</b>	Hauptkanal	Seitenkanal	Insel	Kiesbank
Seitenkanal	0.00549	-	-	-
Insel	7.39E-06	1.18E-05	-	-
Kiesbank	0.01111	0.9774	7.39E-06	-
Auenwald	2.05E-04	2.04E-04	0.0032	2.04E-04

#### Habitate im Restwasser-Regime

<b>Organische Masse</b>	Hauptkanal	Seitenkanal	Insel	Kiesbank
Seitenkanal	1	-	-	-
Insel	0.02914	0.16391	-	-
Kiesbank	1	1	0.10884	-
Auenwald	0.47854	0.47853	1	0.47853

<b>Wassergehalt</b>	Hauptkanal	Seitenkanal	Insel	Kiesbank
Seitenkanal	1	-	-	-
Insel	1	1	-	-
Kiesbank	0.0099	0.00656	0.01853	-
Auenwald	1	1	1	0.28221

<b>AFDM</b>	Hauptkanal	Seitenkanal	Insel	Kiesbank
Seitenkanal	1	-	-	-
Insel	0.02316	0.23232	-	-
Kiesbank	0.79123	1	0.03272	-
Auenwald	0.16928	0.39012	1	0.08035

<b>KG &lt;0.063mm (%)</b>	Hauptkanal	Seitenkanal	Insel	Kiesbank
Seitenkanal	0.81902	-	-	-
Insel	0.50265	2.32E-01	-	-
Kiesbank	6.46E-04	0.03159	8.87E-01	-
Auenwald	5.03E-01	5.03E-01	0.88738	1.15E-03

<b>KG 0.063-2mm(%)</b>	Hauptkanal	Seitenkanal	Insel	Kiesbank
Seitenkanal	1	-	-	-
Insel	8.00E-01	8.00E-01	-	-
Kiesbank	0.06634	0.12089	1.44E-03	-
Auenwald	8.00E-01	0.041016	1	1.29E-02

<b>KG 2-4mm(%)</b>	Hauptkanal	Seitenkanal	Insel	Kiesbank
Seitenkanal	1	-	-	-
Insel	1	0.797	-	-
Kiesbank	0.14342	0.0361	0.00772	-
Auenwald	0.3418	0.34016	0.57267	0.00201

<b>KG 4-8mm(%)</b>	Hauptkanal	Seitenkanal	Insel	Kiesbank
Seitenkanal	0.95394	-	-	-
Insel	5.73E-01	5.73E-01	-	-
Kiesbank	0.14342	0.3418	1.29E-03	-
Auenwald	1.67E-01	1.41E-01	0.57267	1.21E-03

#### **Habitate in der natürlichen Referenz-Strecke**

<b>Organische Masse</b>	Hauptkanal	Seitenkanal	Insel	Kiesbank
Seitenkanal	0.05587	-	-	-
Insel	0.00857	1	-	-
Kiesbank	1	0.0902	0.02084	-
Auenwald	0.11276	1	1	0.11276

<b>Wassergehalt</b>	Hauptkanal	Seitenkanal	Insel	Kiesbank
Seitenkanal	1	-	-	-
Insel	0.46814	0.19449	-	-
Kiesbank	0.00527	0.02084	0.46814	-
Auenwald	1	1	0.96609	0.22784

<b>AFDM</b>	Hauptkanal	Seitenkanal	Insel	Kiesbank
Seitenkanal	0.04447	-	-	-
Insel	0.00274	0.44366	-	-
Kiesbank	0.44366	0.452	0.04447	-
Auenwald	0.00882	0.48529	0.88011	0.11276

<b>KG &lt;0.063mm (%)</b>	Hauptkanal	Seitenkanal	Insel	Kiesbank
Seitenkanal	3.64E-04	-	-	-
Insel	3.64E-04	0.06026	-	-
Kiesbank	0.00245	0.2662	0.51372	-
Auenwald	0.00245	0.1662	0.2662	0.20745

<b>KG 0.063-2mm(%)</b>	Hauptkanal	Seitenkanal	Insel	Kiesbank
Seitenkanal	3.47E-04	-	-	-
Insel	4.65E-05	0.12092	-	-
Kiesbank	1.48E-05	0.15488	1	-
Auenwald	7.10E-05	0.03335	1	0.53454

<b>KG 2-4mm(%)</b>	Hauptkanal	Seitenkanal	Insel	Kiesbank
Seitenkanal	6.03E-02	-	-	-
Insel	1.26E-04	0.03159	-	-
Kiesbank	2.95E-05	0.06026	1	-
Auenwald	0.02909	0.06026	1	0.61177

<b>KG 4-8mm(%)</b>	Hauptkanal	Seitenkanal	Insel	Kiesbank
Seitenkanal	1.00E-04	-	-	-
Insel	1.70E-06	0.1796	-	-
Kiesbank	5.34E-04	0.51892	0.51892	-

Auenwald	3.61E-04	0.02509	0.51892	0.14564
----------	----------	---------	---------	---------

**Season über alle Habitate und Regime**


---

<b>Temperatur</b>	S16	af1	af2
af1	0.16862	-	-
af2	1.39E-07	1.32E-07	-
H16	1.86E-15	1.86E-15	2.61E-12

<b>Ntot</b>	S16	af1	af2
af1	6.52E-05	-	-
af2	0.34851	0.00572	-
H16	0.71295	1.39E-05	0.15663

<b>Wassergehalt</b>	S16	af1	af2
af1	0.90924	-	-
af2	0.90924	0.91323	-
H16	0.90924	0.0959	0.06481