

Besiedlung von Quellen im Val Ftur im Schweizerischen Nationalpark (GR) unter besonderer Berücksichtigung der Wassermilben



Bachelorarbeit

Autorin: Fabienne Geyer

BSc Geowissenschaften

Beurteilerin: Dr. Stefanie von Fumetti

Ort, Datum: Basel, 30.06.2023

Impressum

Titelbild:

Foto: Fabienne Geyer (2022)

Schlagwörter:

Artenzusammensetzungen, Langzeitdatenvergleich, Parasitierung, Quellen, Quelllebensgemeinschaften, Schweizerischer Nationalpark, Süsswassermilben, Umweltfaktoren

Zitiervorschlag:

Geyer F. (2023). Besiedlung von Quellen im Val Ftur im Schweizerischen Nationalpark (GR) unter besonderer Berücksichtigung der Wassermilben. Universität Basel. 51 S.

Autorin:

Fabienne Geyer

fabiennegeyer@bluewin.ch

Zusammenfassung

Die Quellen im Schweizerischen Nationalpark sind seit der Gründung des Parks im Jahr 1914 weitgehend frei von direkten anthropogenen Einflüssen geblieben. Die Beobachtung dieser unbeeinflussten alpinen Quellen ist deshalb von besonderem Interesse. Es liegen Untersuchungen zu Quellen und insbesondere zu Wassermilben von beispielsweise Nadig (1942), Bader (1975), Felder (2013), von Fumetti (2020) sowie von von Fumetti und Felder (2014) vor. Ziel dieser Arbeit ist es, vier Quellen im SNP auf Veränderungen in der Fauna hin sowie in ihren Umweltvariablen zu untersuchen. Durch besondere Berücksichtigung der Wassermilben soll ein Beitrag zur Erforschung von diesem sehr artenreichen und häufig ausser Acht gelassenen Taxon geleistet werden. Aufgrund ihrer besonderen Ansprüche an die Umwelt stellen die Wassermilben eine wichtige Indikatorart bei der Bioindikation dar.

Die Messung der Abiotik der in dieser Arbeit untersuchten Quellen sowie faunistische Aufnahmen erfolgten im Rahmen einer Masterarbeit (Felder, 2013) und dem Langzeitmonitoring im SNP (von Fumetti, 2020). In dieser Arbeit wurden die Daten von vier Quellen (VF1, VF2, VF3 und VF5) im Val Ftur der Jahre 2013 und 2019-2021, die bereits in den Arbeiten von Nadig (1942), Felder (2013), von Fumetti und Felder (2014) und von Fumetti (2020) beprobt wurden, miteinander verglichen. Zusätzlich wurden in zwei der vier Quellen (VF2 und VF3) im Rahmen dieser Arbeit im Sommer 2022 Emergenzfallen aufgestellt und dabei adulte Insekten auf ihre Parasitierung durch Wassermilben hin untersucht.

Die Ergebnisse der vorliegenden Arbeit zeigen, dass die Diptera, Trichoptera und Plecoptera die Ordnungen mit der höchsten Artenanzahl sowie Individuenabundanz sind. Im Speziellen zeigen auch die Hydrachnida hohe Artenvielfalt. Innerhalb dieser Ordnungen wurden kaltstenotherme und endemische Arten gefunden, die teilweise auf eine einzige Quelle als Lebensraum beschränkt sind. Diese werden in der Schweiz als potenziell gefährdet oder verletzlich eingestuft. Die Arbeiten zu den untersuchten Quellen zeigen ähnliche Ergebnisse wie die vorliegende Arbeit, was die Daten zur Quellforschung unterstützt.

Die Makroinvertebraten-Artengemeinschaften der Quellen weisen einen hohen Grad an Individualität auf. Bezüglich der Artengemeinschaften unterschieden sich die vier untersuchten Quellen im Jahr 2013 signifikant voneinander. In den Jahren 2019-2021 kann eine gewisse Homogenisierung der Artenzusammensetzung festgestellt werden. Es hat eine Veränderung der Artenzusammensetzung stattgefunden. Die Quellen zeigen untereinander im gleichen Jahr (2019-2021) eine höhere Übereinstimmung bezüglich ihrer Artenzusammensetzung als einzelne Quellen über die Jahre hinweg mit sich selbst. Ebenso lässt sich vom Jahr 2013 bis zu den Jahren 2019-2021 das Dazukommen neuer Arten feststellen.

Die abiotischen Parameter zeigen stabile Werte über die untersuchten Jahre. Einzig eine geringe Erhöhung in der Wassertemperatur und eine Reduzierung in der Schüttung des Quellabflusses wurde seit Messbeginn beobachtet.

Dadurch könnte eine Veränderung in der an kalte Wassertemperaturen angepassten Quellfauna stattfinden. Speziell werden alpine Quellen im Zuge des Klimawandels klimatische Veränderungen erleben, wodurch kaltstenotherme Arten gegenüber krenobionten Arten stärker betroffen sein werden. Ausserdem wurden in den Quellen seit 2019 weniger Taxa pro Quelle sowie eine geringere Abundanz an Individuen gefunden. Die statistische Auswertung hat aber ergeben, dass mit der momentanen Datenlage noch kein Trend vorausgesagt werden kann. Dennoch könnte dies ein Indiz für die Wichtigkeit von alpinen Quellen als Refugium für isolierte Arten sein, auch hier spielen die Wassermilben als Indikatortaxon eine entscheidende Rolle. Somit ist die Ausweisung von Schutzgebieten, wie es der SNP ist, von zentraler Bedeutung und die Ausweitung solcher Regionen für fragmentierte Lebensräume erstrebenswert.

Danksagung

Diese Bachelorarbeit ist unter der Betreuung von Dr. Stefanie von Fumetti entstanden. Ihr danke ich herzlich für die Ermöglichung meiner Arbeit, für die gemeinsamen Feldbegehungen und alle wertvollen Anregungen und Vorschläge. Auch für die Bestimmung und Verifizierung der gefundenen Tiere möchte ich ihr danken.

Sonja Wipf danke ich für die Bereitstellung von Unterlagen aus dem Datacenter des SNPs und generell für die Koordination meines Aufenthalts im SNP-Labor.

Ohne die Emergenzfallen der ZAHW wären die Aufnahmen der Parasitierung nicht möglich gewesen, ich bedanke mich bei Christa Gufler fürs Organisieren und Ausleihen der Fallen.

Horst Dresmann danke ich für die Hilfestellung bei Fragen zur Interpretation der geologischen und topographischen Karte.

Der Universität Basel danke ich für die Übernahme der Reisespesen.

Bei Marco von Fumetti möchte ich mich herzlich für die Hilfe bei der Installation der Emergenzfallen, für das Bereitstellen des Werkzeugs sowie für die schönen Fotos bedanken.

Meinen Freunden und meiner Familie danke ich herzlich für die Hilfe bei Problemen in Excel, die Geduld während des ganzen Prozesses meiner Bachelorarbeit sowie das Korrekturlesen.

Inhaltsverzeichnis

Impressum	II
Zusammenfassung	III
Danksagung.....	V
1 Einleitung.....	1
2 Material und Methoden.....	4
2.1 Untersuchungsgebiet.....	4
2.2 Aufnahmen 2022: Parasitierung.....	10
2.3 Aufnahmen 2013 und 2019-2021	12
2.3.1 Abiotik.....	12
2.3.2 Fauna.....	13
2.3.3 Statistische Auswertung.....	14
3 Ergebnisse.....	17
3.1 Aufnahmen 2022: Parasitierung.....	17
3.2 Aufnahmen 2013 und 2019-2021	21
3.2.1 Abiotik.....	21
3.2.2 Fauna.....	23
3.2.3 Statistische Auswertung.....	33
4 Diskussion	38
4.1 Methodendiskussion.....	38
4.1.1 Methodendiskussion zu den Aufnahmen 2022: Parasitierung.....	38
4.1.2 Methodendiskussion zu den Aufnahmen 2013 und 2019-2021.....	39
4.2 Ergebnisdiskussion.....	39
4.2.1 Ergebnisdiskussion zu den Aufnahmen 2022: Parasitierung	39
4.2.2 Ergebnisdiskussion zu den Aufnahmen 2013 und 2019-2021	40
4.3 Ergebnisse in Verbindung mit dem Klimawandel	43
4.4 Fazit und Ausblick	45
Literaturverzeichnis.....	46
Abbildungsverzeichnis	A

Tabellenverzeichnis	B
Abkürzungsverzeichnis	C
Anhang A	D
Anhang B	E
Ehrenwörtliche Erklärung.....	F

1 Einleitung

Quellen stellen den Grenzbereich zwischen Oberflächengewässern und dem Grundwasser dar (Gibert et al., 1997). Sie sind Orte, an denen Wasser aus dem Erdinnern an die Erdoberfläche tritt. Ihr Erscheinungsbild ist gekennzeichnet durch die Geologie im Untergrund, die Kapazität der unterirdischen Wasserspeicher sowie die Morphologie des Geländes (Küry, 2009). Gemäss Thienemann (1926) werden drei Haupttypen von Quellen unterschieden: Limnokrenen (Tümpelquellen), Helokrenen (Sumpf- und Sickerquellen) sowie Rheokrenen (Sturz- oder Fliessquellen). Quellen im Freiland lassen sich jedoch selten in eine dieser drei Kategorien einteilen, da fliessende Übergangsformen die Regel darstellen (Gerecke & Franz, 2006).

In dieser Arbeit werden Quellen in den Bündner Alpen beobachtet. Alpine Quellen stellen ein sehr spezielles Habitat für Organismen dar, da sich die Tiere an niedrigere Temperaturen und eine kurze Wachstumsphase im Sommer anpassen müssen (von Fumetti & Felder, 2014). Sie sind sensible Lebensräume, die meist eine geringe räumliche Ausdehnung haben (Cantonati & Ortler 1998) und von kleinen Einzugsgebieten gespeist werden (Cantonati et al. 2006). Als sensible Ökosysteme werden sie nur von speziell angepassten Lebewesen bewohnt (Wigger et al., 2015). Quellen, welche sich nicht in ausgewiesenen Schutzgebieten, wie zum Beispiel dem SNP, befinden, sind meistens gefasst und anthropogen genutzt (Haller et al., 2013). Viele Quellen sind beispielsweise durch Beweidung oder Viehtritt (Wigger & von Fumetti, 2013) sowie durch Veränderung in Umweltbedingungen und durch anthropogene Einflüsse bedroht (von Fumetti & Felder, 2014). Quellen können für ihre oft kleine Grösse eine unverhältnismässig grosse Artenanzahl enthalten und wurden trotz dieser Besonderheit lange ignoriert (Erman & Erman, 1995). Insbesondere gibt es unter den Wassermilben viele Arten, die an den Lebensraum Quelle gebunden sind (Blattner et al., 2019).

Die Acari (Wassermilben) gehören zu den Chelicerata (Kieferklauenträger) und bilden eine Gruppe innerhalb der Arthropoda (Gliederfüsser). Sie bilden eine Unterklasse der Klasse Arachnida (Spinnentiere) und haben es als einzige Gruppe geschafft, den limnischen Lebensraum zu besiedeln (Gerecke, 2007). Mit zirka 6000 beschriebenen Arten gehören die Acari zu einer der artenreichsten Gruppen des Süsswassers (Davids et al., 2007). Mit ihrer Körpergrösse von 2-3 mm befinden sie sich im Übergang von der Meio- zur Makrofauna (Martin, 2008). Trotz ihrer diversen morphologischen Erscheinung werden sie, wahrscheinlich aufgrund ihrer geringen Grösse, bei faunistischen Gewässeruntersuchungen praktisch immer ignoriert (Martin, 2008). Dennoch hat die eher geringe Datenlage zu Wassermilben gezeigt, dass die Süsswassermilben als Gruppe sensibel auf Veränderungen der Wasserqualität reagieren, was sich in der Variation ihrer Artenzusammensetzung widerspiegelt (Gerecke & Schwoerbel, 1991; Martin & Speth, 1996). Obwohl Wassermilben nahezu alle Arten von Süssgewässern besiedeln, sind die unterschiedlichen Arten in der Regel sehr stark an

spezifische Lebensräume gebunden (Blattner et al. 2022; Di Sabatino et al., 2000, 2022). Gemäss Smith und Oliver (1986) dient die oft von ihnen betriebene Parasitierung während des Larvenstadiums primär nicht der Nahrungsaufnahme, sondern soll die Verbreitung durch die oftmals sehr mobilen Wirte sichern. Die aquatischen Larven verbleiben zur Parasitierung im Wasser und parasitieren überwiegend Imagines holometaboler Insekten (Martin, 2008). Die Wirtssuche beginnt unmittelbar nach dem Schlüpfen der Larve. Es gibt Hinweise, dass die Larven sich in der Nähe der sich verpuppenden Imagines der Wirtsarten aufhalten, wobei der Aufenthaltsort rein taktil ermittelt wird. Die Milbenlarve wartet den Zeitpunkt der Verpuppung ab und heftet sich an das Integument des Insekts. Die Puppe wird dabei als vorübergehendes Transportmittel genutzt, um an die Wasseroberfläche zu gelangen. Dabei wird auch von Phoresie gesprochen (Böttger, 1977).

Die Süsswassermilben und ihre Wirtsinsekten haben sich koevolutiv entwickelt, wobei eine zunehmende Adaption an die Dipteren stattgefunden hat. Die Hydrachnidia weisen ein breites Wirtsspektrum auf. Unter den Wirten befinden sich fast alle Taxa der merolimnischen Insekten, deren Larven aquatisch leben. Darunter zeichnen sich die Dipteren als bedeutendstes Wirtstaxon ab. Unter den Nematoceren (Mücken) sind die Chironomiden (Zuckmücken) als oft einzige Wirtsfamilie für Wassermilben beobachtet worden. Neben den Chironomiden werden auch Wirte aus den Familien der Tipulidae, Simuliidae, Limniidae sowie Mycetophilidae, Dixidae und Psychodidae beobachtet. Süsswassermilben parasitieren aber auch Vertreter aus anderen Taxa wie beispielsweise die typischen Gruppen Trichoptera und Plecoptera. Individuen der Ephemeroptera hingegen dienen nicht als Wirte (Böttger, 1977; Davids et al., 2007; Martin, 2008; Smith et al., 2001; Smith & Oliver, 1986).

Trotz der komplexen Beziehung zwischen den einzelnen Wassermilbenarten und ihren Insektenwirten sind einige Trends im Parasitismus zu beobachten. Beispielsweise ist die Dauer der Parasitierung sehr verschieden (Smith et al., 2001). Es liegen nur wenige Daten bezüglich der Auswirkungen des Parasitismus auf den Wirt vor. Laborexperimente zeigen, dass die Wirkung direkt abhängig von der Intensität des Parasitismus ist, wobei die Auswirkungen von schwer wahrnehmbarer Beeinträchtigung über eine verkürzte Lebensdauer bis hin zu einem reduziertem Reproduktionserfolg reichen (Pflugfelder, 1970; Smith, 1988). Werden die Auswirkungen der Parasitierung auf die Populationen der Wirtsinsekten untersucht, so sind unterschiedliche Abundanzen von Süsswassermilben an Wirten zu beobachten. Die Intensität des Parasitismus variiert auch je nach Anheftungsstelle und kann hohe Intensitäten erreichen. Auch bei hohen Prävalenzen sind die Auswirkungen auf einzelne Wirte häufig nicht einschneidend (Smith & Oliver, 1986). Süsswassermilben zeigen oft eine Spezialisierung, was die Anhaftungsstelle am Wirt betrifft. Es wird vermehrt das Abdomen gegenüber dem Thorax parasitiert, wobei weiche, nicht sklerotisierte Abschnitte der Wirtskutikula als Saugort dienen. Die Frage, wie die Süsswassermilben postparasitär wieder den Weg ins Wasser finden, ist bei Weitem ungeklärt (Martin, 2008).

Die Quellen im Val Ftur sind faunistisch und abiotisch bestens untersucht (Nadig (1942), Felder (2013), von Fumetti (2020)). Vor allem Bader (1975) hat intensive Untersuchungen zu den Wassermilben gemacht. Es liegen Daten von den Jahren 2013 sowie 2019-2021 vor. In dieser Bachelorarbeit werden die Daten zu den physikochemischen Parametern sowie die faunistischen Aufnahmen aus den Quellen VF1, VF2, VF3 und VF5 miteinander verglichen. Dabei sind die vier Quellen Teil eines Langzeitmonitorings (LZM) im Schweizerischen Nationalpark (SNP). Dieses dient zur Dokumentation und Beobachtung von Veränderungen in Quellen hervorgerufen durch den Klimawandel (von Fumetti, 2020). Es wurden jeweils auch Wassermilben gesammelt und bestimmt. In den Quellen VF2 und VF3 wurden ausserdem Emergenzfallen aufgestellt, um adulte Insekten zu fangen und diese auf ihre Parasitierung mit Wassermilben hin zu untersuchen. Die Arbeit wird dadurch in zwei Teile gegliedert, welche sich aber immer auf die vier Quellen im Val Ftur beziehen. Zum einen wird die Abiotik sowie die Fauna über den Zeitraum der Jahre 2013 und 2019-2021 auf Veränderungen analysiert, wobei folgende Fragen beantwortet werden sollen:

- (1) Haben sich die abiotischen Rahmenbedingungen von 2013 bis 2019-2021 geändert?
- (2) Sind Veränderungen in der Quellfauna zu beobachten?

Zum anderem wird die Parasitierung durch Wassermilben an Insektenimagines beobachtet. Dabei wird versucht, eine mögliche Präferenz zwischen Parasit und Wirt zu erkennen. Es stehen dabei folgende Fragen im Vordergrund:

- (3) Welches Insekten-Taxon wird am häufigsten von Wassermilben parasitiert?
- (4) Wie hoch ist die Parasitierungsrate pro Taxon und Individuum?

2 Material und Methoden

2.1 Untersuchungsgebiet

Der Schweizerische Nationalpark

Die untersuchten Quellen befinden sich im SNP, welcher 1914 gegründet wurde. Er ist der älteste Nationalpark der Alpen (Schweizerischer Nationalpark, 2023) und besitzt eine Fläche von rund 170 km² (Haller et al., 2013). Gemäss der Internationalen Naturschutzunion IUCN unterliegt der SNP der Schutzkategorie Ia (streng geschütztes Wildnisgebiet) (Schweizerischer Nationalpark, 2023) und gehört zu den Pärken von nationaler Bedeutung (Bundesamt für Umwelt BAFU, 2023). Gemäss Haller et al. (2013) wird der SNP als «Oase der Ursprünglichkeit und der wiederkehrenden Wildnis» beschrieben. Der SNP befindet sich im Kanton Graubünden und wird durch die Dörfer Zernez, S-chanf und Scoul sowie durch den Ofenpass begrenzt. Er erstreckt sich über eine Höhenlage von 1400 bis 3174 m ü.M. und umfasst so die subalpine bis nivale Höhenzone (Schweizerischer Nationalpark, 2023).

Klima

Inneralpine Trockenheit bestimmt das Klima im SNP. Die umliegenden Berge wirken wie ein Schutzschild gegen den Niederschlag aus allen Richtungen, was zu rauem und trockenem Klima führt. Durch die geringen Jahresniederschlagssummen ist der SNP durch starke Sonneneinstrahlung sowie geringe Luftfeuchtigkeit geprägt (Haller et al., 2013). Dies kann durch die Messstation von MeteoSchweiz veranschaulicht werden. Die Messstation Buffalora befindet sich auf 1971 m ü.M. und liegt den untersuchten Quellen am nächsten. Im Zeitraum von 1991 bis 2020 wurde eine Jahresmitteltemperatur von 1.1 °C und ein Jahresmittelniederschlag von 936 mm gemessen. Das mittlere Temperaturminimum beträgt -5.3 °C und das mittlere Temperaturmaximum 7.6 °C. Dem Klimadiagramm von Buffalora (Abb. 1) ist ein starker Jahresgang des Niederschlags zu entnehmen. Der meiste Niederschlag fällt im Sommer, während den Monaten Juni, Juli und August. Das Niederschlagsminimum wird während der Wintermonate gemessen. Die Temperatur ist von April bis und mit Oktober oberhalb und von November bis März unterhalb des Gefrierpunkts (Bundesamt für Meteorologie und Klimatologie MeteoSchweiz, 2023; Haller et al., 2013).

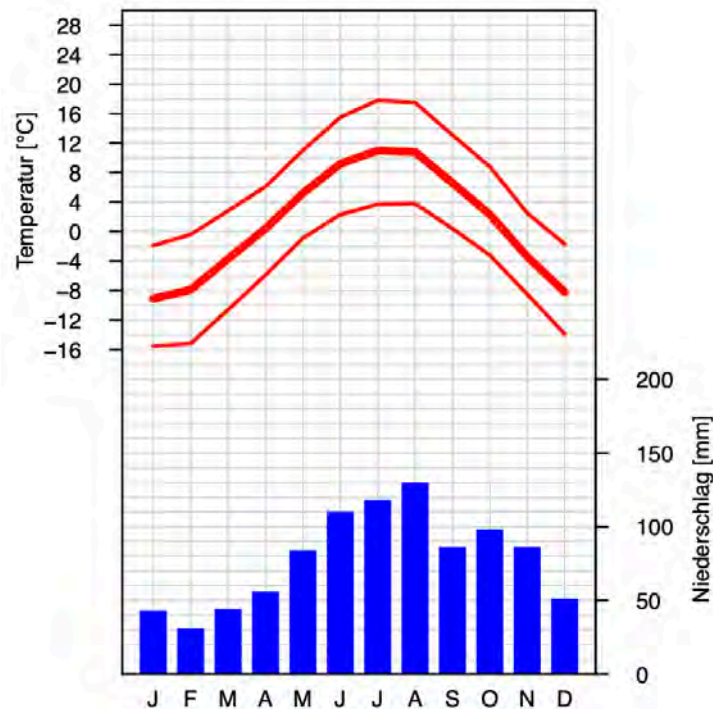


Abbildung 1 Klimadiagramm mit Klimanormwerten der Messstation Buffalora (GR) 1991-2020. Auf der linken y-Achse ist die Temperatur in Grad Celsius und auf der rechten y-Achse die Niederschlagssumme in Millimeter aufgetragen. Auf der horizontalen x-Achse sind die Monate Januar bis Dezember abgebildet. Die dicke rote Linie zeigt die mittlere Temperatur, die feineren die mittlere Minimum- und Maximumtemperatur. Die Sommermonate Juni, Juli und August sind die wärmsten und zugleich die niederschlagreichsten Monate im SNP.

Geologie und Geomorphologie

Der Schweizerische Nationalpark liegt inmitten der Alpen. Das vorwiegend dolomitische Gelände ist von Murgängen und Verwitterung geprägt. Die Verwitterung äussert sich in der Erscheinung von scharfkantigem, beweglichem Schutt. Neben der Verwitterung wirkt die Erosion, welche Täler und Berge des SNPs aus den Alpen herausarbeitet. Der Schweizerische Nationalpark gehört zum Oberostalpin, welches durch die oberostalpinen Decken aufgebaut ist. Diese Decken sind durch Kristallin- und Ablagerungsgesteine charakterisiert. Die untersuchten Quellen befinden sich im Mittel- und Oberostalpin und beinhalten die Scarl- und Umbrail-Decke. Der am häufigsten vorkommende Gesteinstyp im Bereich des Nationalparks ist der Hauptdolomit (Haller et al., 2013). Die Quellen liegen am ehesten im Carnien, den sogenannten Raiblerschichten. Die Raiblerschichten wurden während der Trias abgelagert und werden gemäss Boesch et al. (1953) als sehr weich beschrieben. Durch ihre geringe Widerstandsfähigkeit haben sie durch tektonische Prozesse schon viel mechanische Zerstörung erlebt, wodurch sie stratigraphisch teils schwer einzuteilen sind (Boesch et al., 1953).

Auswahl der Quellen

Die untersuchten Quellen sind Teil des Langzeitmonitorings im SNP (von Fumetti, 2020) und wurden nach den folgenden Kriterien ausgesucht:

- a) Die Quellen sind gut untersucht (beispielsweise (Felder, 2013; Nadig, 1942; Steiner, 2005; von Fumetti & Felder, 2014)).
- b) In den Quellen konnten viele Wassermilben nachgewiesen werden.
- c) Die Quellen befinden sich auf engem Raum im gleichen Tal.

Unter diesen Voraussetzungen kommen die vier Quellen aus dem Einzugsgebiet (EZG) der Ova dal Fuorn in Frage. Es sind dies:

Tabelle 1 Grundlageninformationen zu den Quellen

Quellname	Tal	Daten	Koordinaten	Höhe m ü.M.
VF2	Val Ftur	Felder (2013) und Steiner (2005)	810945/172490	1920
VF3	Val Ftur	Felder (2013)	810875/172555	1960
VF1	Val Ftur	Felder (2013) und Nadig (1942)	811545/171995	1832
VF5	Val Ftur	Felder (2013) und Nadig (FWQ1, 1942)	811720/171870	1780

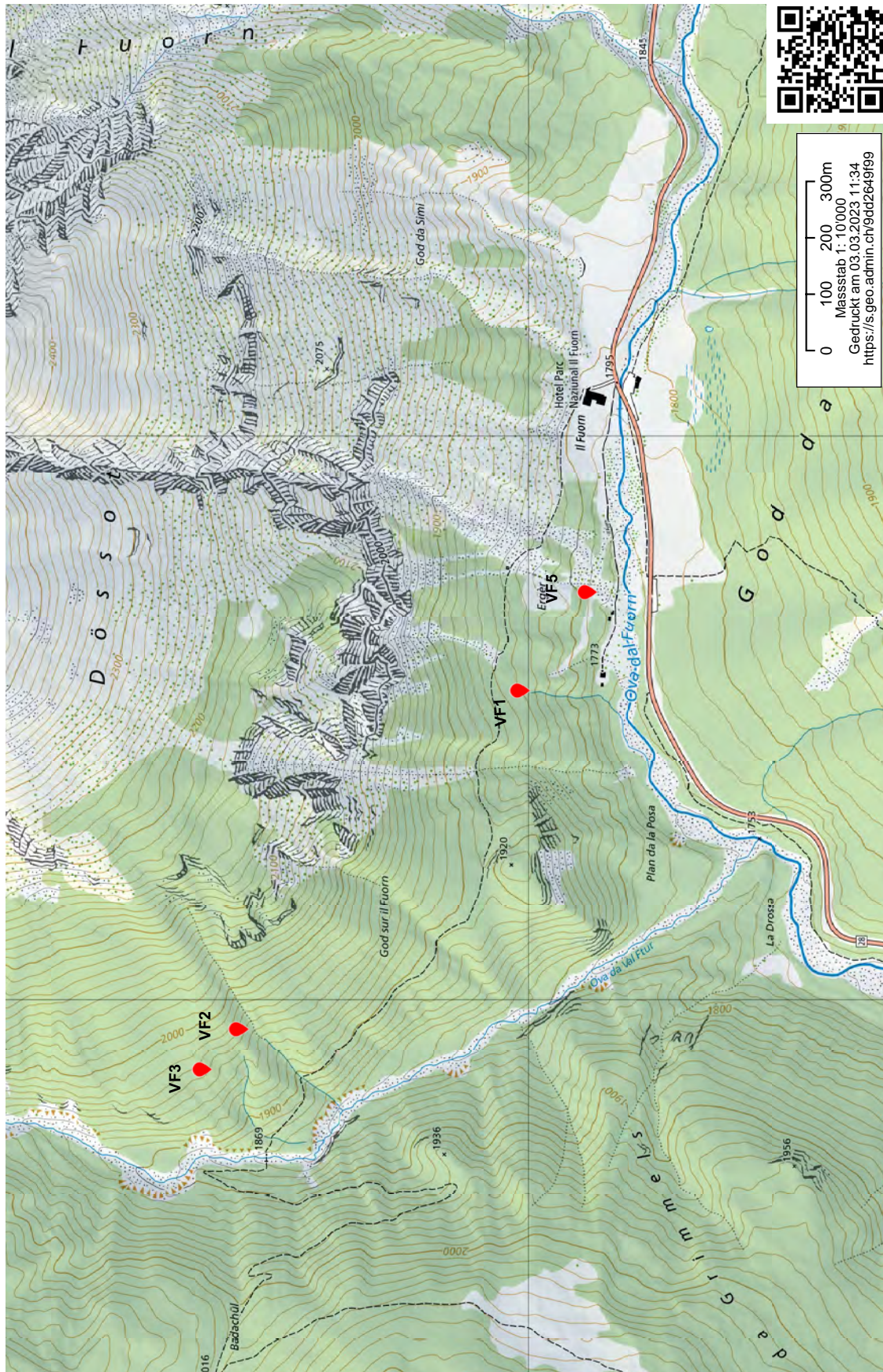


Abbildung 2 Topographische Karte im Massstab 1:10'000 mit den Quellstandorten im Val Fur des SNPs. Links in der Abbildung, nordwestlich vom Hang God sur Il Fuorn sind die beiden Quellstandorte VF2 und VF3. Die Quellen VF1 und VF5 sind näher am Nationalparkhotel Il Fuorn, nördlich des Ova dal Fuorn. Die Höhenlinien sind im Abstand von zehn Metern zu einander eingezeichnet (map.geo.admin).

Beschreibung der Quellen

Die untersuchten Quellen werden dem Typ Rheokrene zugeordnet und entspringen dem zirka 15 bis 20 ° nach Süden geneigten Hang God sur Il Fuorn (Nadig, 1942). Sie befinden sich im südlich bis südwestlich exponierten Val Ftur, welches nördlich vom Nationalparkhotel Il Fuorn liegt. Das Val Ftur wird durch den Piz dal Fuorn und den Muottas Champlönch begrenzt. Alle Quellbäche bis auf den Quellbach der Quelle VF5 entwässern in die Ova da Val Ftur, welche anschliessend in die südwestlich vom Il Fuorn fliessende Ova dal Fuorn mündet. Der Quellbach von VF5 fliesst direkt in die Ova dal Fuorn.

Die Beschreibung der Quellen VF1 und VF5 erfolgt mit Hilfe der Beschreibung durch Susanne Felder (2013), welche die Quellen im Rahmen ihrer Masterarbeit faunistisch sowie abiotisch untersucht hat.

VF1

Die Quelle befindet sich auf 1832 m ü.M. oberhalb des Feldlabors bei Il Fuorn. Sie ist im Wald und durch ein Rohr gefasst und ihr Quellwasser bricht rheokrenartig aus (Nadig, 1942). Dadurch muss das Wasser durch einen Überlauf einer alten Fassung hindurchlaufen. Das vorgefundene Substrat besteht hauptsächlich aus Steinen und Kies. Die Quelle ist durch die Fassung anthropogen beeinflusst (Felder, 2013).

VF2

Die Quelle VF2 liegt in einem steilen Mittelhang umgeben von vielen locker verteilten Bergföhren. Wird der Blick entlang der Fliessrichtung gerichtet, liegt der Wanderweg Il Fuorn Richtung Champlönch am Fusse des Hangs. Dieser Wanderweg wird nach gut 200 m vom Quellbach überquert. Die Quelle VF2 schüttet deutlich schwächer und weist eine geringere Substratkomplexität als VF3 auf. Dennoch wird sie als Rheokrene eingestuft und ähnelt aufgrund ihrer Eigenschaften der Quelle VF3. Sie liegt auf 1920 m ü.M. und zeigt hauptsächlich Kies, Steine und Totholz als Substrattypen. Während der Probenahme im Juli 2022 wurden Exkremente von Gämsen oder Rothirschen im Quellmund beobachtet.

VF3

Die Rheokrene VF3 liegt auf 1960 m ü.M. und schüttet stark. Sie weist als Hauptsubstrat Moospolster und Totholz auf. Entlang des Quellverlaufs wechselt das Substrat von Detritus, Kies, Sand und Steinen zu Moospolster und viel Vegetation. Die Quelle zeigt hohe Substratheterogenität.

VF5

Die Rheokrene liegt auf 1780 m ü.M. nahe des Nationalparkhotels Il Fuorn und ist in einen Schuttkegel eingebettet. Die Fliessgeschwindigkeit ist sehr hoch und die Substrattypen sind Kies, Steine, Felsen und Sand (Felder, 2013).



Abbildung 3 Quelle VF1, gefasst durch ein Rohr.
Foto: Stefanie von Fumetti (2023)



Abbildung 4 Quelle VF5 mit viel Substratdiversität.
Foto: Stefanie von Fumetti (2023)

2.2 Aufnahmen 2022: Parasitierung

Die Quellen VF2 und VF3 wurden faunistisch auf adulte Insekten untersucht. Ziel der Probenahme war es, möglichst viele Insekten, welche von Süßwassermilben parasitiert werden, zu fangen. Um die adulten Insekten zu fangen, wurden je vier Emergenzfallen für die zwei Quellen VF2 und VF3 verwendet. Die Emergenzfallen konnten von der ZHAW ausgeliehen werden. Dadurch sollen die beiden Arbeitsfragen (3) *Welches Insekten-Taxon wird am häufigsten von Wassermilben parasitiert?* und (4) *Wie hoch ist die Parasitierungsrate pro Taxon und Individuum?* beantwortet werden. Für die Beantwortung der Fragen ist es ausreichend, die gefangenen Imagines auf Ordnungs- beziehungsweise Familienniveau zu bestimmen. Da die einzelnen Larvenstadien der Wassermilbenarten nur sehr schwer morphologisch bestimmbar sind und für eine eindeutige Identifizierung häufig molekulargenetische Methoden nötig sind, wird eine Unterscheidung der Wassermilben nicht möglich sein.

Das Ziel ist es, Insekten, welche sich als Imagines fliegend fortbewegen, mit den Emergenzfallen zu fangen. Die Insekten fliegen in der Falle empor und fallen anschliessend in die Rechteckflasche. Bei der Platzierung der Fallen wurden möglichst heterogene Substrate ausgewählt. So wurden die Fallen über den Substraten Kies/Steine, Moos und beim Übergang vom aquatischen zum terrestrischen Milieu positioniert. Insbesondere wurden moosige Abschnitte der Quellen bevorzugt ausgewählt, um die Wahrscheinlichkeit zu erhöhen, Insekten, welche durch Süßwassermilben parasitiert werden, zu fangen. Das Vorhandensein von Moos hat einen positiven Einfluss auf die Vielfalt von Arten, da es als Nahrungsquelle und Lebensraum für verschiedene Tiere, vor allem für Wassermilben, dienen kann (Erman & Erman, 1995; Gerecke & Di Sabatino, 1996; Wigger et al., 2015). Die Emergenzfallen besitzen eine Kreisfläche von 0.025 m^2 (Wüthrich R., 2015), welche durch einen Metallring aufgespannt wird. Vom Ring aus führt das Netz zum Fallenkopf, an welchem jeweils eine Rechteckflasche (Firma Semadeni, Weithals-Flasche, 300 ml) befestigt ist. Die Rechteckflasche ist durchgängig mit dem Netzkörper verbunden, wobei das Zurückfliegen in den offenen Netzkörper durch eine Schikane erschwert wird. Am Fallenkopf ist die Rechteckflasche mit der Emergenzflüssigkeit befestigt. Die Emergenzflüssigkeit ist eine Lösung aus Isopropanol und Glycerin. Durch das Isopropanol können die Insekten konserviert werden. Das Glycerin verhindert ein schnelles Verdampfen des Alkohols und stellt zusätzlich einen Lockstoff für die Insekten dar, da es leicht süsslich riecht. Reines Ethanol eignet sich eher schlecht, da es bei Hitze im Sommer zu schnell verdampfen würde.

Die Emergenzfallen dienten während zwei Zeitfenstern im Sommer 2022 zur Probenahme. Die erste Beprobung der Quellen erfolgte während vier Tagen vom 16. bis 19. Juni 2022 und die zweite Probenahme vom 6. bis 10. Juli 2022. Dabei wurde die Hauptflugphase der EPT-Taxa (Ephemeroptera (Eintagesfliegen), Trichoptera (Köcherfliegen), Plecoptera (Steinfliegen)) vom früheren bis mittleren

Sommer berücksichtigt. Die Fallen wurden täglich zur gleichen Zeit jeweils morgens geleert. Bei der Leerung der Emergenzfallen wurde darauf geachtet, dass beim Quellaustritt begonnen und in Richtung Quellbach vorgearbeitet wird. So entstehen so wenig Beeinträchtigungen für die Quelle wie möglich. Die Tiere in den Rechteckflaschen wurden mit einer Pinzette herausgeholt und in beschriftete Plastikröhrchen gegeben. Die Plastikröhrchen sind mit absolutem Ethanol gefüllt, was zur Konservierung dient. Die Insekten wurden bereits im Feld erstmals von Auge auf Milben untersucht, so konnten Andockstellen der Süßwassermilben notiert werden, falls sie sich beim Transport ins Labor vom Individuum lösen würden. Die Bestimmung der Insekten erfolgte im Labor unter dem Binokular. Zur Bestimmung wurde die Bestimmungsliteratur von (Bärmann, 1995; Rozkošny & Kniepert, 2000) verwendet.



Abbildung 5 Vier Emergenzfallen in der Quelle VF2. Sie ist vor allem am Morgen noch beschattet, da sie im Wald steht. Die erste Emergenzfalle in der rechten unteren Ecke des Bildes befindet sich am Quellmund, der Blick ist hangabwärts gerichtet. Foto: Fabienne Geyer (2022)



Abbildung 6 Quelle VF3 mit Emergenzfallen. Es ist sehr viel Totholz innerhalb des Krenals zu erkennen. Foto: Fabienne Geyer (2022)

2.3 Aufnahmen 2013 und 2019-2021: Langzeitdatenvergleich

2.3.1 Abiotik

Damit die Quellen untereinander verglichen werden können, wird die Abiotik untersucht. Um die Frage (1) *Haben sich die abiotischen Rahmenbedingungen von 2013 bis 2019-2021 geändert?* zu beantworten, wurden Daten zur Abiotik aus der Masterarbeit von Susanne Felder (2013) mit den Daten aus dem LZM von Stefanie von Fumetti (2020) aus dem SNP miteinander verglichen. Durch den Vergleich der Abiotik kann eruiert werden, ob die Quellen durch denselben Aquifer (Grundwasserleiter) gespeist werden. Es kann auch beobachtet werden, ob die Quellen perennierend sind und wie sich die Wassertemperaturen im Tages- und Jahresverlauf (Amplituden) verändern.

Die abiotischen Parameter Wassertemperatur [°C], Sauerstoffkonzentration [mg/L] und -sättigung [%], pH-Wert sowie elektrische Leitfähigkeit [$\mu\text{S}/\text{cm}$] wurden im Rahmen der Masterarbeit von Susanne Felder (2013) gemessen. Die Aufnahme der Daten aus dem Jahr 2013 erfolgte mit Messgeräten, welche für Aufnahmen im Feld geeignet sind (WTW, Wissenschaftlich-Technische Werke, Weilheim, Deutschland), wobei die Feldgeräte täglich und das Sauerstoffmessgerät mehrmals täglich kalibriert wurden.

Die Daten zur Abiotik für die Jahre 2019-2021 liefert das LZM im SNP. In den Quellen werden seit den Jahren 2019-2021 drei Mal pro Jahr dieselben abiotischen Basisparameter wie diejenigen der Masterarbeit von 2013 gemessen. Die Aufzeichnungen erfolgen jeweils nach der Schneeschmelze im Frühling (Mai), im Sommer (Mitte Juli) und im Herbst (Oktober).

Die elektrische Leitfähigkeit wird in Mikrosiemens pro Zentimeter angegeben und dient als Indikator für den Anteil an gelösten Ionen (Kationen und Anionen) in einem Gewässer. Diese werden zur Hauptsache von gelösten Mineralien aus dem Einzugsgebiet beeinflusst (Schneider et al., 2003). Die Auflösung des Umgebungsgesteins und damit das Mineralisationsniveau des Wassers spielt eine grosse Rolle für das Vorhandensein von aquatischen Lebensgemeinschaften (Schneider et al., 2003). Die elektrische Leitfähigkeit wird neben der geologischen Verwitterung auch durch biologische Prozesse bestimmt und ist durch erhöhte biologische Aktivität im Sommer meist geringer als im Winter (Liechti, 2010).

Der pH ist ein Mass für die Acidität beziehungsweise für die Basizität eines Gewässers. Er wird unter anderem durch den Anteil an gelöstem Kohlenstoff und durch die Mineralien am Quellgrund beeinflusst (Schneider et al., 2003). Das bedeutet, dass der pH-Wert Auskunft über das Karbonat-Kohlensäure-Gleichgewicht sowie über die geochemischen Bedingungen im Einzugsgebiet gibt (Liechti, 2010). So haben Carbonate eine Pufferwirkung und erhöhen damit den pH-Wert. Das Intervall, wo

Leben für aquatische Lebewesen noch möglich ist, erstreckt sich von einem pH-Wert von 5.0 bis 9.0. (Schneider et al., 2003).

2.3.2 Fauna

Um die Beantwortung der zweiten Leitfrage der Arbeit (2) *Sind Veränderungen in der Quellfauna zu beobachten?* zu ermöglichen, wurden faunistische Daten der Masterarbeit von Susanne Felder (2013) mit den faunistischen Aufnahmen aus dem LZM der Jahre 2019-2021 verglichen.

Die faunistischen Proben aus dem Jahr 2013 erfolgten im Rahmen einer Masterarbeit von Susanne Felder (2013). Dafür wurden 20 Quellen im SNP beprobt, darunter die Quellen VF1, VF2, VF3 und VF5. Die Beprobung fand zu zwei Zeitpunkten statt, im Sommer (1. – 5. Juni 2012) und im Herbst (25. – 27. September 2012). Die Beprobung erfolgte im Lebensraum der ersten fünf Meter nach dem Quellaustritt, wobei die Proben von unten, nahe Quellbach, bis zum Quellmund entnommen wurden (von Fumetti et al., 2007). Die Proben wurden mithilfe eines Surber-Samplers mit 10*10 cm Kantenlänge und einer Fläche von 0.01 m² und einer Maschenweite von 500 µm entnommen. Dafür wurden in jeder Quelle vier quantitative Proben entnommen und es wurde jeweils auf die Häufigkeit der Substrattypen geachtet. Das Substrat wurde anschliessend in eine Weisssschale gekippt, sodass grössere Steine und Vegetation aussortiert werden konnten. Die Proben wurden danach mit Hilfe eines Siebs von 500 µm Maschenweite gesiebt und das gewonnene Material in 80 %-igem Ethanol konserviert. Zu den vier quantitativen Aufnahmen wurde eine fünfte qualitative Probe von Hand entnommen. Dabei wurden Steine, Laubblätter, Moos und Totholz abgesammelt. Die Tiere wurden anschliessend wieder in Ethanol fixiert. Vor der Aussortierung im Labor wurden die Proben gewaschen. Die Bestimmung erfolgt mit Hilfe eines Binokulars. Es wurde immer angestrebt, die Individuen bis auf das Artniveau zu bestimmen. Die verschiedenen bestimmten Taxa wurden anschliessend in Ethanol sortiert aufbewahrt. Verschiedene Taxa wurden dann Spezialistinnen und Spezialisten zur Überprüfung übergeben (Felder, 2013).

Im Rahmen des LZM im SNP werden neben der Abiotik auch faunistische Untersuchungen angestellt. Diese Untersuchungen liefern die faunistischen Daten der Jahre 2019-2021. Die Fauna wird jeweils während der Sommeraufnahme der Physikochemie beprobt. Für die Probenahme wird ein Handnetz mit einer Maschenweite von 200 µm verwendet. Zudem werden die Proben in Grob- und Feinfraktion aufgeteilt. Die Maschenweite wurde so gewählt, dass auch die Süsswassermilben mit grosser Wahrscheinlichkeit gefangen werden. Um sicherzustellen, dass alle Indikatortaxa

vollständig erfasst werden, erfolgt die Probenahme punktuell durch Graben. Gemäss Gerecke et al. (2007) belastet diese Methode die Quellen in der Fläche weniger. Bei der Auswahl und Anzahl der Probenahmestandorte werden Substratzusammensetzung und Strömungsdiversität (Lebensraumdiversität) berücksichtigt. Pro Quelle werden ähnlich dem Modul-Stufen-Konzept acht Teilproben genommen, die möglichst alle Substrattypen sowie allenfalls unterschiedliche Fliessgeschwindigkeiten umfassen. Es werden besonders auch Moospolster von den Proben in Ethanol konserviert, da sich Wassermilben darin gut festkrallen können (von Fumetti, 2020). Die Proben werden in Plastikbecher mit entsprechenden Etiketten transferiert. Zur Konservierung der Tiere wurde absolutes Ethanol als Lösungsmittel verwendet. Zur Identifizierung der Insekten wurde im Labor ein Binokular verwendet und die Bestimmungsliteratur von Bährmann (1995) herangezogen.

2.3.3 Statistische Auswertung

Daten zur Abiotik

Zu den Aufnahmen von 2013 liegen nicht ausreichend Daten zu den Substrattypen vor, daher kann im Rahmen dieser Arbeit keine sinnvolle statistische Analyse erfolgen.

Daten zur Fauna

Die statistische Auswertung der faunistischen Daten erfolgte mit dem Statistikprogramm PRIMER (Clarke & Gorley, 2015). PRIMER steht für Plymouth Routines In Multivariate Ecological Research und bezeichnet den Anwendungsbereich des Programmes. PRIMER führt multivariate Analysen durch und kann speziell gut mit biologischen Daten wie Daten zur Abundanz, Biomasse, prozentuale Fläche sowie die An- oder Abwesenheit eines Organismus umgehen.

Zu den faunistischen Daten wurden eine Ähnlichkeitsmatrix und eine dazugehörige graphische Veranschaulichung, ein nMDS-Plot (non-metric Multidimensional Scaling), erstellt. Dadurch können die Quellen untereinander bezüglich ihrer Ähnlichkeit in der faunistischen Zusammensetzung verglichen und analysiert werden. Die Daten zur Fauna wurden in einer species-site Matrix dargestellt, das heisst, die Darstellung erfolgt als Individuenanzahl pro Art und Probenahmestandort (VF1, VF2, VF3 und VF5). Mit den Daten wurde mit der Quadratwurzel in einem ersten Schritt eine Transformation durchgeführt. Durch die Transformation wird eine Gewichtung reduziert, sodass Arten, welche mit hohen Abundanzen gemessen wurden, weniger stark gewichtet werden. Mit den transformierten Daten wurde anschliessend eine Ähnlichkeitsmatrix erstellt. Die Ähnlichkeitsmatrix ist eine

sogenannte Dreiecksmatrix, in welcher die Ähnlichkeit der Quellen als Distanz dargestellt wird. Dafür wurde das Ähnlichkeitsmass Bray-Curtis-Similarity verwendet. Es ordnet den Daten einen Wert zwischen null und eins zu, wobei null (kein Unterschied, also hohe Ähnlichkeit) und eins (maximaler Unterschied, also keine Ähnlichkeit) bedeutet (Clarke & Gorley, 2015). Daraus konnte dann ein nMDS-Plot erstellt werden, welcher die Übereinstimmung der Quellen in der Artenzusammensetzung graphisch darstellt. Diese Ähnlichkeitsanalyse in PRIMER erfolgt vor dem Hintergrund, dass biologische Daten nicht normalverteilt sind. Da normalverteilte Daten also keine Voraussetzung für PRIMER sind, kann der nMDS-Plot als rangbasiertes Verfahren angewendet werden (Leyer & Wesche, 2008).

Um die Frage (2), *ob sich die Artenzusammensetzung in den Quellen VF1, VF2, VF3 und VF5 über die Jahre 2013 und 2019-2021 verändert hat*, zu beantworten, wurde ausserdem eine Ähnlichkeitsanalyse (ANOSIM, Analysis of Similarity) durchgeführt. Die ANOSIM verwendet dieselbe Annahme wie der nMDS-Plot, dass biologische Daten nicht normalverteilt sind, und prüft die Signifikanz der möglichen Differenz der einzelnen Quellen zueinander.

Um zu untersuchen, wie sich die verschiedenen Taxa in den Jahren 2013 und 2019-2021 auf die einzelnen Quellen verteilen, wurde eine PCA erstellt. Dafür wurde das Statistikprogramm Canoco 5 (Ter Braak & Smilauer, 2012) verwendet. Eigentlich dient Canoco 5 zur Prüfung, welche Umweltparameter für Veränderungen in der Fauna, also in deren Artenzusammensetzung, verantwortlich sind. Da in dieser Arbeit aber die abiotischen Daten bezüglich der Substrattypen unvollständig sind, konnten die abiotischen nicht mit den faunistischen Daten kombiniert werden. Es wurden die Standorte der Quellen VF1, VF2, VF3 und VF5 mit den faunistischen Aufnahmen von 2013 und 2019-2021 miteinander in einer Principle Components Analysis (PCA) analysiert.

Das Stressmass zeigt die Qualität der Analyse an, wobei Werte unter 0.2 als gut und Werte unter 0.1 als sehr gut abbildend eingestuft werden. Das Resultat einer PCA dient bei vielen ökologischen Daten zur Erklärung von Zusammenhängen. Viele aufgenommene Umweltdaten korrelieren aufgrund ihrer Ähnlichkeit miteinander und stehen in Wechselwirkung zueinander. Diese Interaktion hat oftmals zur Folge, dass es redundante Informationen gibt. Eine Lösung dafür liefert die Hauptkomponentenanalyse (PCA), welche nach Supervariablen sucht, die die überflüssigen Informationen auf effektive Weise ausschliessen sollen. Aufgrund der sich gegenseitig beeinflussenden Umweltparameter kann oftmals durch die Varianz eines Parameters die Varianz eines anderen Parameters erklärt werden. Um einen Einfluss der überflüssigen Informationen auf die Datenanalyse zu vermeiden, fasst die PCA viele Umweltvariablen in neue Achsen zusammen. Die ersten beiden Achsen werden in x- und y-Richtung dargestellt und stehen orthogonal zueinander. Jede Achse besitzt einen

Eigenwert und einen Eigenvektor, wobei der Eigenwert angibt, wie viel Varianz eine Achse erklärt und der Eigenvektor für alle untersuchten Umweltparameter steht. In dieser Arbeit wurden statt Umweltparameter faunistische Daten verwendet. Der Koeffizient jedes Umweltparameters (hier: Fauna) gibt an, wie stark er mit einer bestimmten Achse korreliert (Clarke & Gorley, 2015; Leyer & Wesche, 2008). Die PCA zeigt abschliessend, welche Arten nur in einem bestimmten Jahr vorkommen und welche Arten auf die einzelnen Quellen verteilt sind. So können mögliche Endemiten gefunden werden.

Des Weiteren wurde mit dem Programm PAST4 (Hammer, 2022) ein Mann-Kendall-Test durchgeführt. Damit soll analysiert werden, ob ein Trend in der Anzahl gefundener Taxa sowie in der Anzahl an gefundenen Individuen besteht. Damit soll die Frage (2), *ob eine Veränderung in der Fauna stattgefunden hat*, und ob in den nächsten Jahren des LZM in der Tendenz mehr oder weniger Taxa sowie Individuen in den Proben zu erwarten sind, beantwortet werden. Das berechnete Ergebnis beim Mann-Kendall-Test ist der p-Wert, ein statistisches Mass, welches die Wahrscheinlichkeit der Beobachtung prüft. Wenn der p-Wert 0.05 (5 %) oder weniger beträgt, wird er im Allgemeinen als statistisch signifikant angesehen. Wenn der Test einen p-Wert von 0.05 oder weniger liefert, liegt ein signifikanter Trend bezüglich der Artenanzahl oder Anzahl Individuen vor. Ist der p-Wert hingegen grösser als 0.05, ist kein Trend in der Veränderung der Fauna zu erkennen.

3 Ergebnisse

3.1 Aufnahmen 2022: Parasitierung

Es wurden während den beiden Probenahmezeiträumen vom 16. bis 19. Juni und vom 6. bis 10. Juli 2022 insgesamt zwölf Makrozoobenthos-Taxa (MZB) identifiziert. Dabei stellt die Ordnung der Diptera (Zweiflügler) das dominante Taxon dar. Es wurden hauptsächlich Individuen der zwei Unterordnungen der Diptera, die Nematocera und Brachycera gefunden. Die Nematocera konnten mit sechs und die Brachycera mit drei Taxa nachgewiesen werden. Unter den Nematocera stellen die Ceratopogonidae (Gnizen) das am häufigsten beprobte Taxon dar, gefolgt von den Mycetophylidae (Pilzmücken) sowie den Cecomyidae (Gallmücken). Des Weiteren konnten auch Individuen der Familien Chironomidae, Dixidae (Urstechmücken) und Ptychopteridae (Faltenmücken) nachgewiesen werden. Bei den Brachycera wurden die Stratiomyidae (Waffenfliegen) mit 40 Individuen in den beiden Quellen VF2 und VF3 am häufigsten gefunden. Die Larven der Stratiomyidae können aquatisch und terrestrisch vorkommen (Rozkošný & Kniepert, 2000). Neben den Stratiomyidae wurden auch Individuen der Familien Syrphidae (Schwebfliegen) sowie Dolichopodidae (Langbeinfliegen) gefunden.

Neben den Nematoceren und den Brachyceren wurde von den EPT-Taxa überraschenderweise nur eine Gattung der Plecoptera (*Leuctra* sp.) gefunden. Es wurden meistens Weibchen gefunden, welche im Vergleich zu männlichen Individuen einen gering sklerotisierten Thorax aufweisen. Die Unterscheidung verschiedener Arten variiert stark mit dem Anteil an sklerotisierten Abschnitten auf den abdominalen Segmenten. Da die Bestimmung der Weibchen schwierig ist, blieb die Bestimmung auf Gattungsniveau.

In der Quelle VF3 wurden Colembolen (Springschwänze), Limoniide (Stelzmücken) und Individuen der Nemouridae gefunden, welche in der VF2 nicht nachgewiesen werden konnten. Hingegen wurden in der Quelle VF2 Tabanidae (Bremsen) und Ptychoperidae gefunden. Die beprobte Individuenanzahl unterscheidet sich jedoch in den Quellen (VF2: 44 und VF3: 55).

Neben MZB wurden auch einige terrestrische Insekten gefangen und bestimmt, welche sich höchst wahrscheinlich im Netzkörper verirrt und in der Rechteckflasche gelandet sind. Keine der gefangenen terrestrischen Individuen weist eine Parasitierung durch Süßwassermilben auf, was die Thesen von Martin (2008) bestätigt.

In der Quelle VF3 wurden vier Plecopteren Imagines gefunden, wobei ein Individuum von drei und ein anderes von einer Süßwassermilbe parasitiert war. In der Quelle VF2 konnten insgesamt sechs

Individuen der Gattung *Leuctra* sp. nachgewiesen werden, zwei davon zeigen eine Parasitierung durch Wassermilben.

Neben den Plecopteren wurde in der Quelle VF3 eine Parasitierung durch Hydrachnida an einem Individuum der Sciaridae (Trauermücken) nachgewiesen. Die Süßwassermilbe hatte ihre Anheftungsstelle am Hals der Mücke. Neben den Namatoceren wurde von den Brachyceren die Dolichopodidae in der Quelle VF2 mit einem Individuum und zwei Süßwassermilben beprobt. Als letzte Vertreter der Dipteren wurden nur in der VF3 eine Parasitierung an Chironomiden beobachtet. Ein Individuum wurde durch eine Milbe, ein anderes durch drei Milben parasitiert.

Insgesamt wurden 15 Süßwassermilben als Parasiten identifiziert. Davon waren sieben an den Individuen der Gattung *Leuctra* sp. und vier davon an Chironomidae. Unglücklicherweise waren keine Vertreter der anderen EPT-Taxa dabei, wobei Ephemeroptera sowieso nicht als Wirt dienen würden (Di Sabatino et al., 2022; Martin, 2008).



Abbildung 7 Ein Individuum der Familie Dolichopodidae mit zwei Milben in orange an etwas atypischen Anheftungsstellen. Foto: Fabienne Geyer (2022)



Abbildung 8 Ein Individuum der Dipterenfamilie Sciaridae mit einer Milbe am Hals. Foto: Fabienne Geyer (2022)

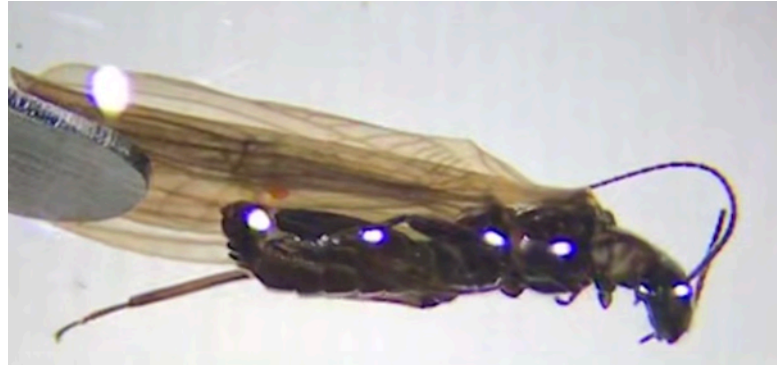


Abbildung 9 Ein Individuum der Gattung *Leuctra* mit einer Milbe zwischen den zwei Flügelpaaren, wahrscheinlich wurde die Milbe durch die Fixierung im Ethanol gelöst. Foto: Fabienne Geyer (2022)



Abbildung 10 Ein Individuum der Familie der Chironomidae mit einer Milbe. Foto: Fabienne Geyer (2022)



Abbildung 11 Ein Individuum der Gattung *Leuctra* mit zwei Milben am Thorax und einer am Abdomen. Foto: Fabienne Geyer (2022)

Tabelle 2 Artenliste der Parasitierungsaufnahmen 2022 in den Quellen VF2 und VF3 mit Anzahl an Hydrachnida, ohne deren Bestimmung.

	VF2 2022	VF3 2022
Collembola	0	1
Plecoptera		
<i>Leuctra</i> sp.	6	4
<i>Nemoura</i> sp.	0	1
Diptera		
Ceciomyidae	2	1
Cerapogonidae	4	2
Chironomidae	2	1
Dixidae	1	0
Dolichopodidae	3	4
Limoniidae	0	1
Mycetophyllidae	1	4
Ptychopteridae	1	0
Sciaridae	2	1
Stratiomyidae	17	31
Syrphidae	3	4
Tabanidae	2	0
Anzahl Individuen	44	55
Anzahl Taxa	12	12
Anzahl Hydrachnida	5	10

Tabelle 3 Artenliste der Parasitierungsaufnahmen 2022. Dargestellt sind nur die Taxa, bei welchen eine Parasitierung durch Hydrachnida nachgewiesen werden konnte.

Parasitierte Taxa	VF2 2022	VF3 2022	Anzahl Hydrachnida pro Taxon
Plecoptera			
<i>Leuctra</i> sp.	6	4	8
Diptera			
Chironomidae	2	1	4
Dolichopodidae	3	4	2
Sciaridae	2	1	1
Anzahl Individuen	13	10	15
Anzahl parasitierte Taxa	4	4	

3.2 Aufnahmen 2013 und 2019-2021: Langzeitdatenvergleich

3.2.1 Abiotik

In den vier Quellen konnten alle Substrattypen gemäss Lubini et. al (2016) erfasst werden. Es sind dies Moospolster, Wurzeln, Totholz, Detritus, Pflanzen, sowie Steine, Blöcke, Sand, Kies und Feinmaterial. In den Quellen VF2, VF3 und VF5 konnten elf und in der Quelle VF1 zehn verschiedene Substrattypen bestimmt werden (Tab. 4). In der Quelle VF1 ist der dominierende Substrattyp das Moospolster, verglichen mit den anderen Quellen wurde es dort mit dem höchsten Anteil gemessen. Auch die anderen Quellen weisen über 50 % Moos auf. Alle vier untersuchten Quellen werden ihrer Schüttung nach als Rheokrene eingestuft. Die Höhenlage der Quellen erstreckt sich von 1780 m ü.M. (VF5) bis 1960 m ü.M. (VF3).

Die Wassertemperatur der verschiedenen Quellen kann über die Jahre 2013 und 2019-2021 pro Standort als konstant betrachtet werden. Dennoch variiert sie leicht zwischen den vier Quellen. Die höchste mittlere Wassertemperatur wurde in der Quelle VF5 mit 7.3 °C, die niedrigste in der Quelle VF3 4.7 °C gemessen. Die niedrigste gemessene Wassertemperatur von 4.3 °C wurde während der Probenahme im Frühling 2020 nach der Schneeschmelze gemessen. Im Sommer 2021 zeigt die Quelle VF5 mit 9.4 °C die höchste Wassertemperatur aller Quellen auf.

Alle Quellen haben einen stabilen, mittleren pH-Wert von 7.8 (VF2) bis 8.3 (VF5), welcher im basischen Bereich liegt. Auch die Sauerstoffkonzentration und die -sättigung weisen konstante Werte während den Messungen auf, wobei die Tendenz an gelöstem Sauerstoff im Quellwasser zunehmend ist. Für die elektrische Leitfähigkeit wurden Werte von 250 µS/cm (VF1) bis 343 µS/cm (VF2) gemessen.

Die abiotischen Rahmenbedingungen sind demnach von 2013 und 2019-2021 zirka konstant geblieben, so wie es auch typisch für Habitats wie Quellen ist. Einzig die Wassertemperatur zeigt geringe Schwankungen, die anderen abiotischen Parameter weisen Konstanz auf (Tab. 4, Abb. 12).

Tabelle 4 Mittelwerte und Standardabweichungen (SD) zur Abiotik aus den Jahren 2013, 2019-2021

Quelle	Anzahl Substrattypen	Wassertemperatur [°C]	SD Wassertemperatur	pH	SD pH	Elektrische Leitfähigkeit [µS/cm]	SD elektrische Leitfähigkeit	O ₂ [mg/L]	O ₂ [%]	SD O ₂ Konzentration	SD O ₂ Sättigung
VF1	10	5.2	0.13	8	0.09	265	8.65	10.28	99.4	0.12	1.69
VF2	11	7.5	1.09	7.9	0.23	330	8.15	9.74	98	0.24	1.85
VF3	11	4.7	0.32	8.2	0.14	284	4.05	10.4	100.8	0.12	0.99
VF5	11	7.3	1.78	8.3	0.19	281	6.73	9.6	103	0.44	3.16

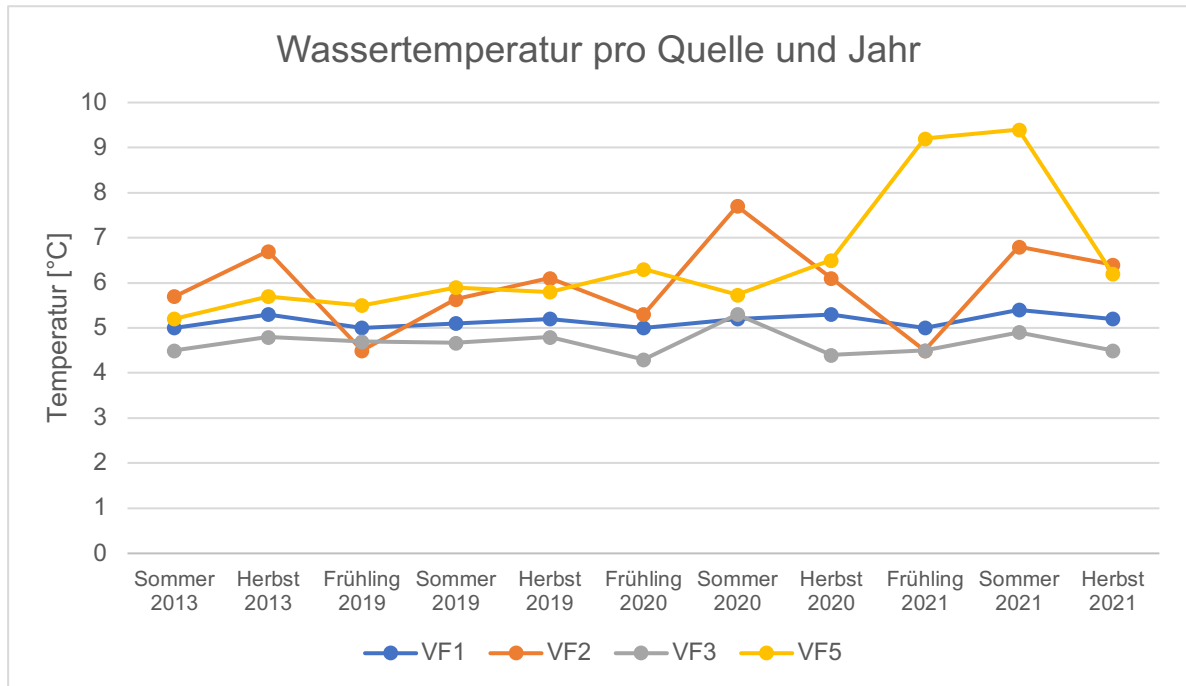


Abbildung 12 Wassertemperatur pro Quellstandort und Jahr 2013, 2019-2021. Jeweils drei Messungen pro Jahr: Frühling, Sommer und Herbst. VF1 zeigt sehr konstante Temperaturen über die Jahre, VF3 ähnelt dem Verlauf der VF1. VF2 und VF5 weisen stärkere Schwankungen auf. Insbesondere VF5 verzeichnete eine Zunahme der Wassertemperatur in den Frühlings- und Sommermessungen.

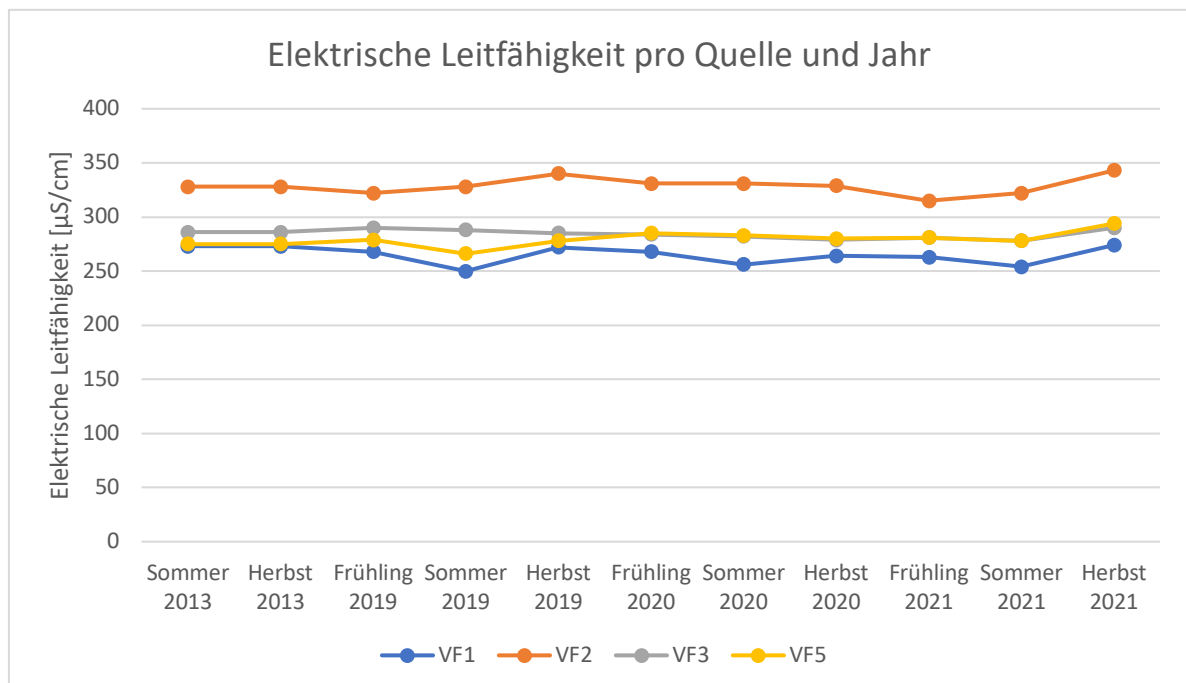


Abbildung 13 Elektrische Leitfähigkeit pro Quellstandort und Jahr 2013, 2019-2021. Jeweils drei Messungen pro Jahr: Frühling, Sommer, Herbst. Die elektrische Leitfähigkeit weist deutlich geringere Schwankungen auf als die Wassertemperatur. Alle Quellen zeigen für ihren Standort Konstanz. VF2 weist die höchsten Leitfähigkeiten auf, VF1 die geringsten. VF3 und VF5 zeigen seit Frühling 2020 sehr ähnliche Werte an.

3.2.2 Fauna

Gesamthhaft wurden 10'523 Tiere in den Jahren 2013 und 2019-2021 in den vier Quellen gefunden und bestimmt. Mit 927 wurden den Proben im Jahr 2013 am wenigsten Individuen entnommen, im Jahr 2019 mit 3837 Individuen die meisten. In der Quelle VF5 wurden über alle Jahre mit 3069 die meisten Individuen gefunden, in der Quelle VF2 mit 2682 am zweitmeisten, in der Quelle VF1 mit 2596 und in VF3 2176 die wenigsten.

Die Dipteren sind über die Jahre 2013 und 2019-2021 die dominante Ordnung, insgesamt wurden 5351 Tiere bestimmt. Es folgen die Plecopteren mit 2028 bestimmten Tieren. Neben den Ephemeroptera mit 498 Individuen wurden die Süsswassermilben mit 459 Tieren als viertindividuenreichstes Taxon bestimmt. 75 Arten und höhere Taxa wurden insgesamt identifiziert, davon konnten 44 auf Artniveau bestimmt werden.

Die Trichopteren stellen mit 19 bestimmten Taxa die artenreichste Ordnung dar, gefolgt von den Plecopteren mit 17 Taxa. Unter den Süsswassermilben und den Dipteren wurden jeweils 13 verschiedene Taxa bestimmt. Weniger artenreiche Ordnungen sind die Ephemeroptera (fünf Taxa), die Coleoptera (vier Taxa) und die Turbellaria (zwei Taxa).

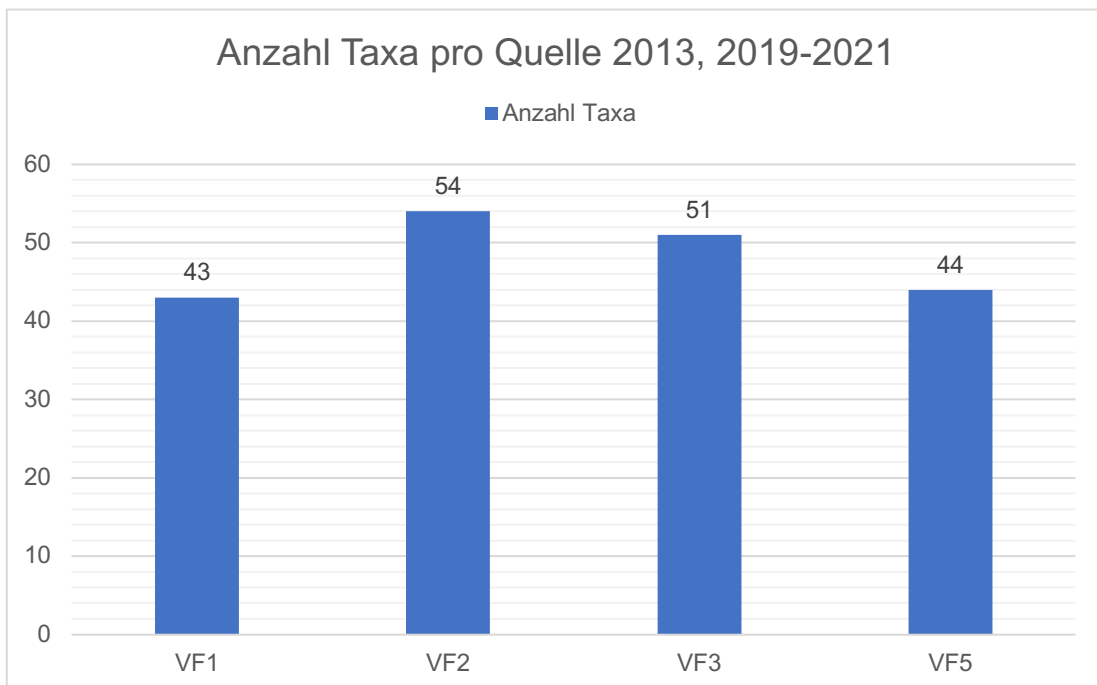


Abbildung 14 Anzahl total bestimmte Taxa pro Quellstandort über die Untersuchungsjahre 2013 und 2019-2021 zusammen. Die Quellen VF2 und VF3 zeigen sowie die Quellen VF1 und VF5 jeweils eine Ähnlichkeit zueinander. Die Quelle VF2 zeigt mit 54 bestimmten Taxa über alle Jahre die meiste Diversität auf.

Die Gesamtzahl der Taxa aus den verschiedenen Quellen VF1, VF2, VF3 und VF5 zeigt (Abb. 14), dass sich die vier Quellen aus dem Val Ftur in der Anzahl an Taxa ähneln. Die Quelle VF2 weist mit 54 Taxa die höchste Anzahl auf, in der Quelle VF3 wurden fast gleich viele Taxa (51) bestimmt. Die Quellen VF1 und VF5 weisen mit 43 und 44 jeweils die niedrigere Anzahl an Taxa auf.

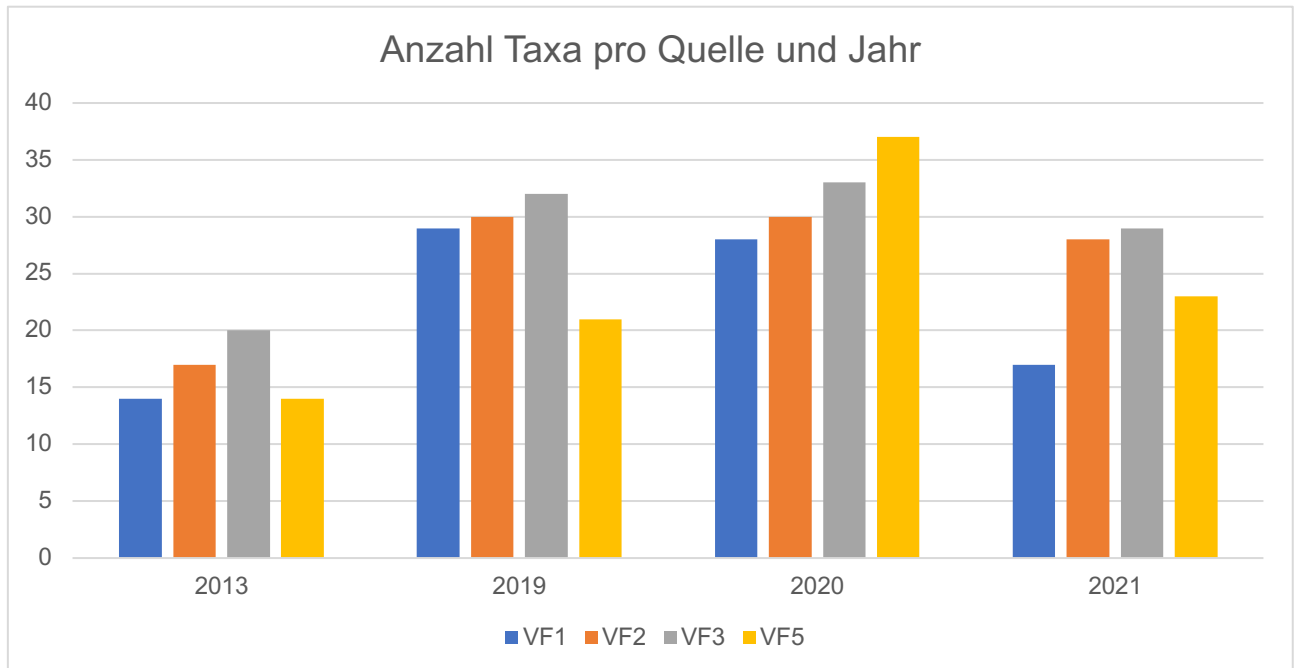


Abbildung 15 Anzahl Taxa pro Quelle und Jahr. Jeder Quellstandort zeigt vom Jahr 2013 zu 2019 eine Zunahme in der Anzahl an bestimmten Taxa. Vom Jahr 2019 zum Jahr 2021 ist bei allen Standorten eine Abnahme in der Taxaanzahl zu beobachten. Die Quelle VF5 (gelb) zeigt im Jahr 2020 die meisten bestimmten Taxa (37). Sie verzeichnet dann zum Jahr 2021 den stärksten Verlust. Einen ähnlich starken Rückgang zeigt die Quelle VF1 (blau) vom Jahr 2019 gegenüber dem Jahr 2021. Dass im Jahr 2013 sehr viel weniger Taxa bestimmt wurden, hat mit dem Artenshift und der unterschiedlichen Probenahmemethode im Vergleich zu den Jahren 2019-2021 zu tun.

Werden die gefundenen Taxa pro Quelle und pro Jahr betrachtet und verglichen, zeigt sich in jedem Fall vom Jahr 2013 zum Jahr 2019 eine Zunahme und vom Jahr 2019 zum Jahr 2021 eine Abnahme in der gefundenen Anzahl Taxa pro Quelle (Abb. 15) In der Quelle VF1 wurden im Jahr 2013 14, im 2019 29, im 2020 28 und im Jahr 2021 17 Taxa gefunden. Eine ähnlich starke Abnahme der Taxa wird in der Quelle VF5 beobachtet von 2013 mit 14, 2019 mit 21, 2020 mit 37 und 2021 mit noch 23 bestimmten Taxa. Die beiden Quellen VF2 und VF3 zeigen geringere Abnahmen. In der Quelle VF2 wurden 2013 17, 2019 30, 2020 auch 30 und 2021 28 Taxa und in der Quelle VF3 2013 20, 2019 32, 2020 33 und 2021 29 Taxa bestimmt.

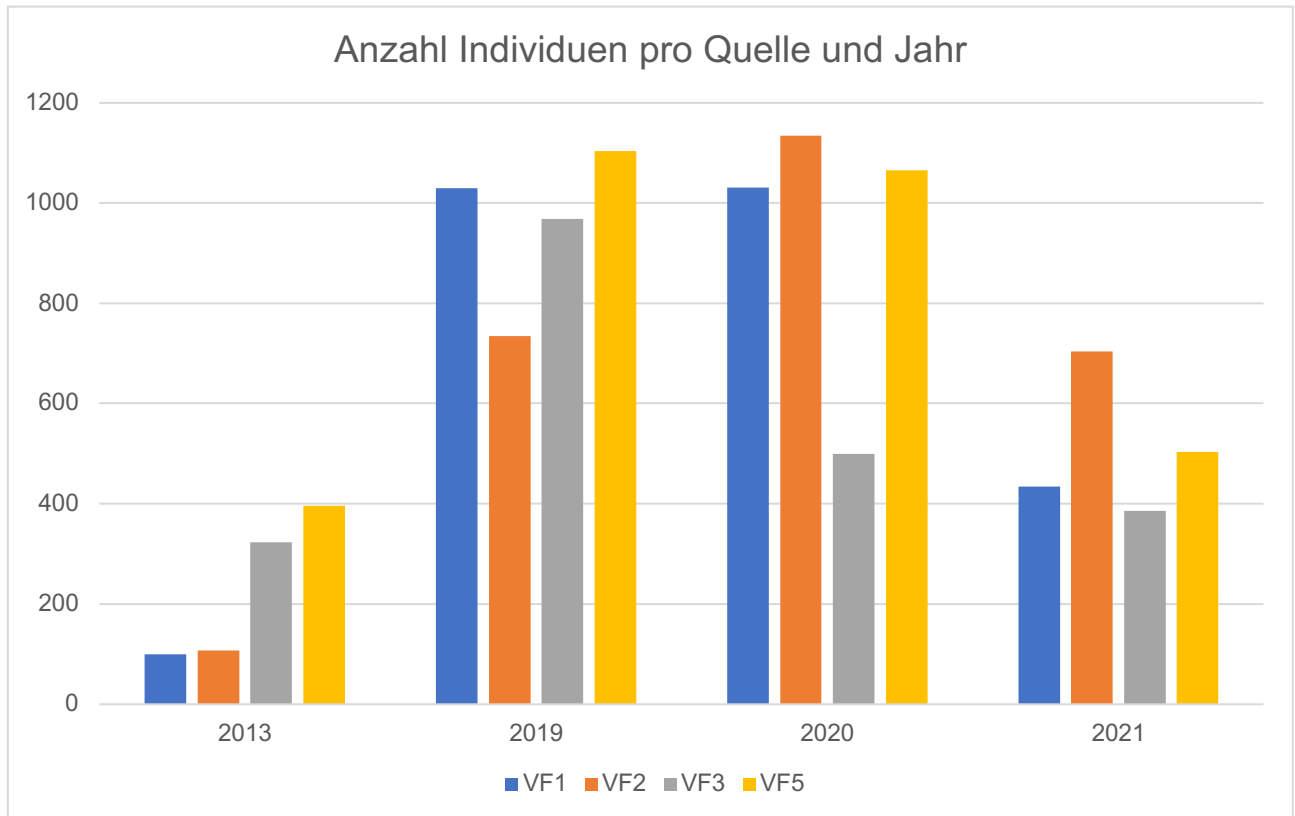


Abbildung 16 Anzahl gefundene Individuen pro Quelle und Jahr. Alle Quellstandorte zeigen vom Jahr 2013 zu 2019 eine Zunahme in der Anzahl an beprobten Individuenabundanz. Vom Jahr 2019 zum Jahr 2021 ist bei allen Standorten eine Abnahme in der Individuenanzahl zu beobachten. Die Quelle VF2 (orange) zeigt im Jahr 2020 die meisten gefundenen Individuen (1135). Die Quelle VF1 (blau) zeigt vom 2020 zum 2021 den stärksten Verlust (Differenz 596). Dass im Jahr 2013 sehr viel weniger Individuen gefunden worden sind, hat mit dem Artenshift und der unterschiedlichen Probenahmemethode im Vergleich zu den Jahren 2019-2021 zu tun.

Bei der Anzahl an Individuen wurden ähnliche Ergebnisse beobachtet wie bei der Anzahl verschiedener Taxa. Im Jahr 2013 und 2021 wurden in allen Jahren die niedrigsten Abundanz an Tieren gezählt. Hingegen weisen die Jahre 2019 und 2020 ähnlich hohe Häufigkeiten auf. In der Quelle VF1 wurden 2013 100, 2019 1030, 2020 1031 und 2021 noch 435 Individuen den Proben entnommen. Auch hier zeigt die Quelle VF5 eine ähnliche Abnahme wie die Quelle VF2 mit 396 Individuen im Jahr 2013, 1104 im Jahr 2019, 1065 im 2020 und 504 im Jahr 2021. In der Quelle VF2 wurden im Jahr 2013 108, 2019 735, 2020 1135 und 2021 noch 704 Individuen gefunden. In der Quelle VF3 waren es 2013 323, im 2019 968, 2020 499 und im Jahr 2021 386 Individuen (Abb. 16).

Unter den Dipteren wurde die Familie der Chironomidae in allen vier Quellen mit Abstand als individuenreichstes Taxon nachgewiesen. Des Weiteren wiesen *Crenobia alpina* und die Ordnung der Ostracoden bei allen Quellen hohe Abundanz auf.

Bei den EPT-Taxa stellen gemäss Roter Liste der Schweiz (2012) die Trichopteren die Ordnung dar, bei welcher am meisten Arten auf der Roten Liste sind. Unter den gefundenen Ephemeroptera-Taxa befindet sich kein Taxon, das sich schweizweit auf der Roten Liste befindet. Bei den Plecopteren werden die Arten *Amphinemura standfussi*, *Leuctra armata* und *Nemoura sinuata* als potenziell gefährdet (NT) eingestuft (Lubini et al., 2012). Unter den 19 bestimmten Taxa der Trichopteren konnten 13 davon auf Artniveau bestimmt werden. Von diesen 13 bestimmten Arten werden fünf als potenziell gefährdet und eine Art sogar als verletzlich (VU) eingestuft. Die potenziell gefährdeten Arten der Köcherfliegen sind *Conсорophylax consors*, *Drusus chrysotus*, *Drusus monticola* sowie *Plectrocnemia geniculata* und *Rhyacophila glareosa*. Die Art *Drusus nigrescens* wird als verletzlich eingestuft (Lubini et al., 2012).

In der Ordnung der Turbellaria wurde der Alpenstrudelwurm (*Crenobia alpina*), welcher als kaltsteno-therm und Bewohner von kalten, alpinen Quellen beschrieben wird (Ebner et al., 2022), in allen vier Quellen in hoher Individuendichte gefunden.

In der Quelle VF5 wurden insgesamt 180 Süsswassermilben gefunden, in den Quellen VF3 144, VF2 90 und in VF1 45. Die Art *Partnunia steinmanni* ist in Proben von allen vier Quellen gefunden worden. Die Art *Hydrovolzia placophora* hingegen konnte nur in den Quellen VF2 und VF5 nachgewiesen werden.

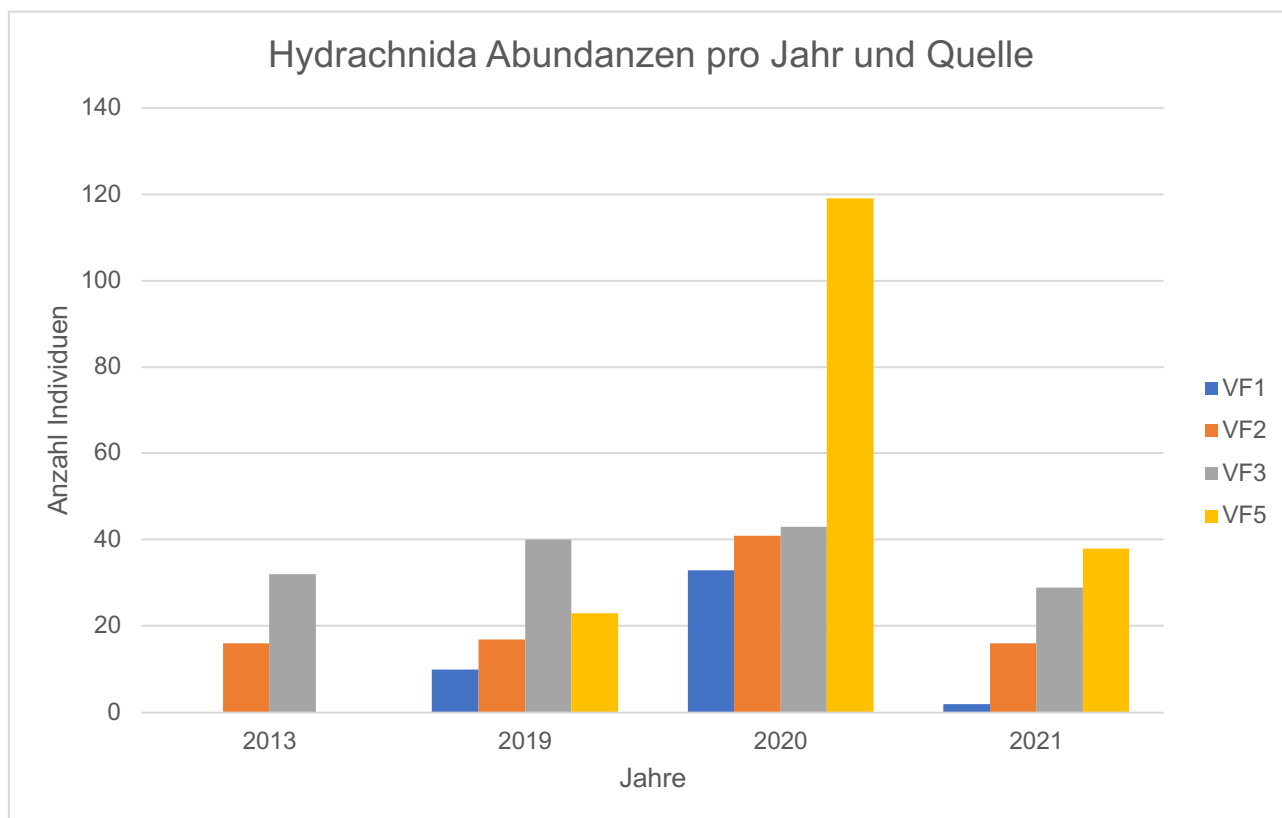


Abbildung 17 Anzahl Hydrachnida pro Quellstandort und Jahr. Im Jahr 2013 wurden auch alle vier Quellen beprobt, jedoch konnten nur in den Quellen VF2 und VF3 Wassermilben nachgewiesen werden. Auch hier sind die Ergebnisse ähnlich wie bei den Anzahl Taxa (Abb. 14) oder Anzahl Individuen (Abb. 15), vom Jahr 2019/2020 bis zum 2021 ist in allen Quellen eine Abnahme in der Anzahl Hydrachnida zu beobachten.

Da diese Arbeit besonders die Süßwassermilben berücksichtigt, werden sie auch bei der Analyse der faunistischen Daten aus dem LZM von 2013 und 2019-2021 näher betrachtet. Wie der Abbildung 17 zu entnehmen ist, wurden im Jahr 2020 am meisten Hydrachnida an allen vier Standorten gefangen und bestimmt. Mit 180 Individuen wurde in der Quelle VF5 die grösste Anzahl an Acari bestimmt, gefolgt von der Quelle VF3 mit 144 Süßwassermilben. Die Quelle VF3 zeigt ausserdem über alle untersuchten Jahre immer zirka gleich viele Wassermilben. In der Quelle VF2 (90) und VF1 (45) wurden deutlich weniger Individuen der Süßwassermilben beprobt. Aus der Abbildung 17 wird ausserdem ersichtlich, dass im Jahr 2013 nur in den Quellen VF2 und VF3 Süßwassermilben nachgewiesen werden konnten. Insbesondere hat der Quellstandort VF1 vom Jahr 2020 zum Jahr 2021 einen hohen Verlust erlebt.

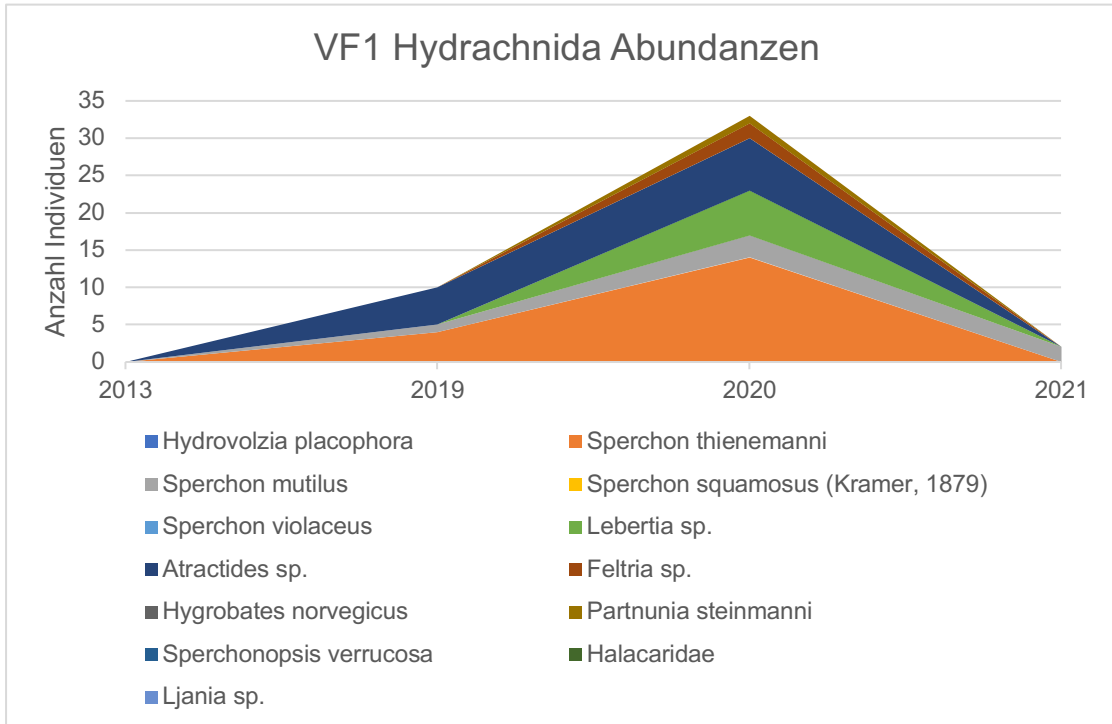


Abbildung 18 Gestapeltes Flächendiagramm der Hydrachnida Taxa und Abundanzen der Quelle VF1. Aus Abb. 16 wird ersichtlich, dass 2020 am meisten Süßwassermilben in allen Quellen gefunden wurden. Dies zeigt sich auch an jedem Standort (VF1, VF2, VF3 und VF5). *Sperchon mutilus* war fast die einzige Art, die 2021 noch nachgewiesen werden konnte. *Sperchon thienemanni* ist über alle Jahre eine dominant vorkommende Art, auch Vertreter der Gattung *Atractides* kommen in VF1 häufig vor.

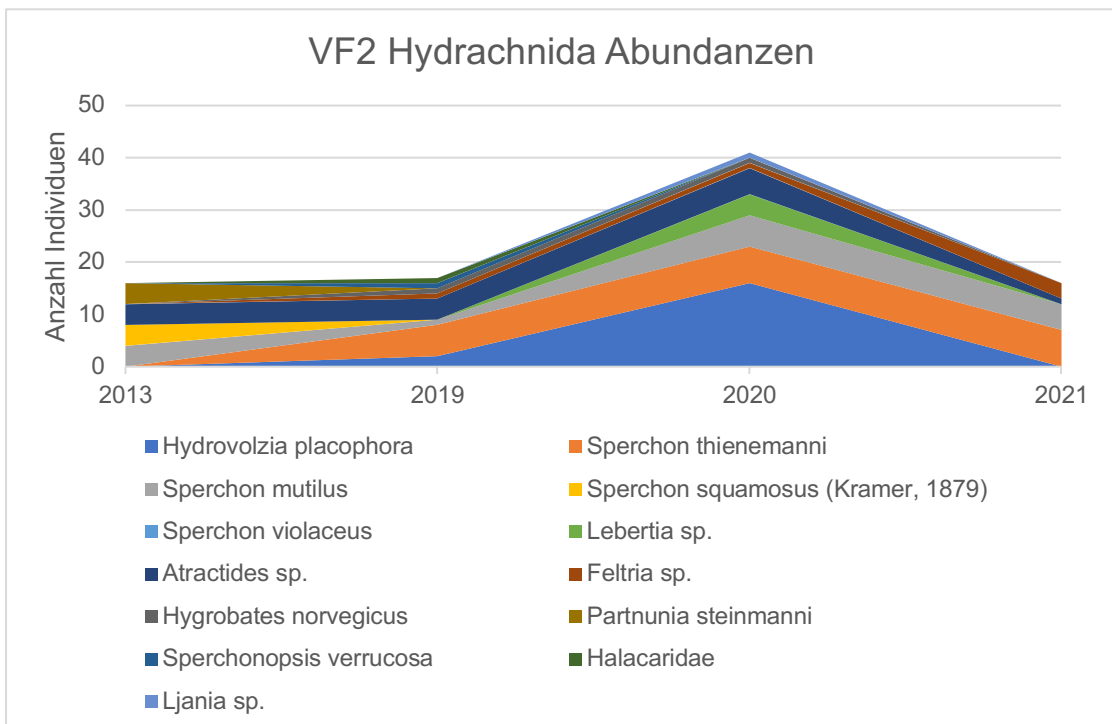


Abbildung 19 Gestapeltes Flächendiagramm der Hydrachnida Taxa und Abundanzen der Quelle VF2. Aus Abb. 16 wird ersichtlich, dass 2020 am meisten Süßwassermilben in allen Quellen gefunden wurden. Dies zeigt sich auch an jedem Standort (VF1, VF2, VF3 und VF5). *Sperchon thienemanni* ist wie in VF1 präsent. Neben *Sperchon mutilus* kommen Vertreter der Gattung *Ljana* an diesem Standort hinzu.

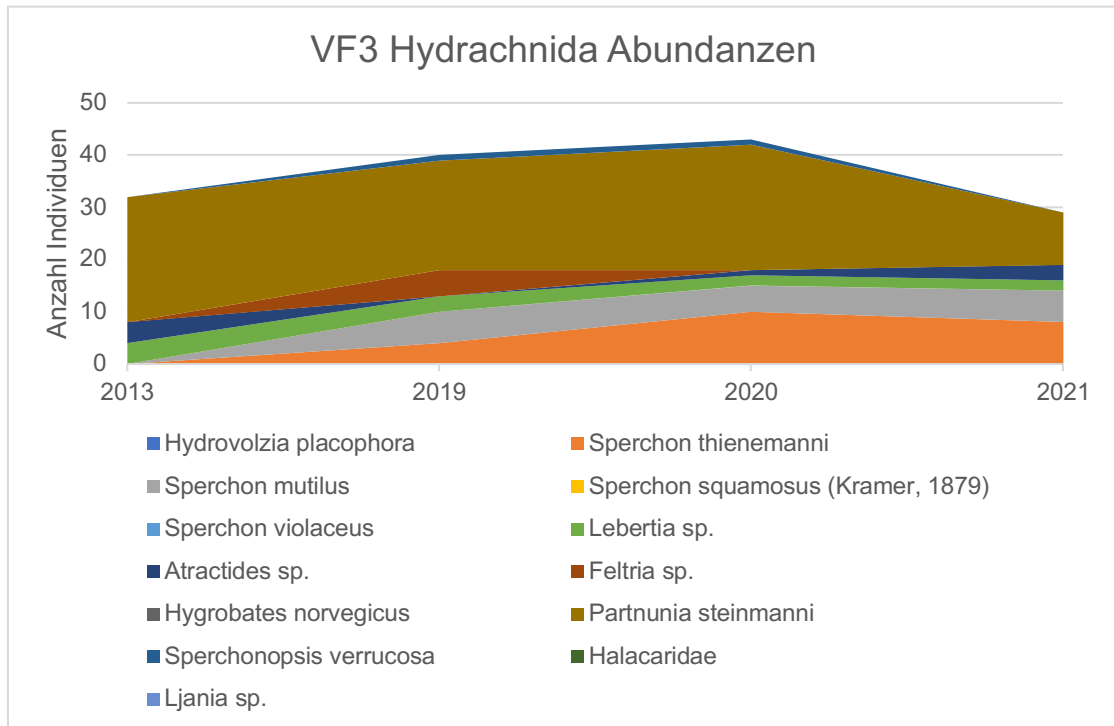


Abbildung 20 Gestapeltes Flächendiagramm der Hydrachnida Taxa und Abundanzen der Quelle VF3. Aus Abb. 16 wird ersichtlich, dass 2020 am meisten Süßwassermilben in allen Quellen gefunden wurden. Dies zeigt sich auch an jedem Standort (VF1, VF2, VF3 und VF5). Anders als in der Quelle VF1 und VF2 zeigt *Partnunia steinmanni* die grösste Abundanz über den gesamten Beobachtungszeitraum. Auch *Sperchon thienemanni* und *Sperchon mutilus* kommen häufig vor.

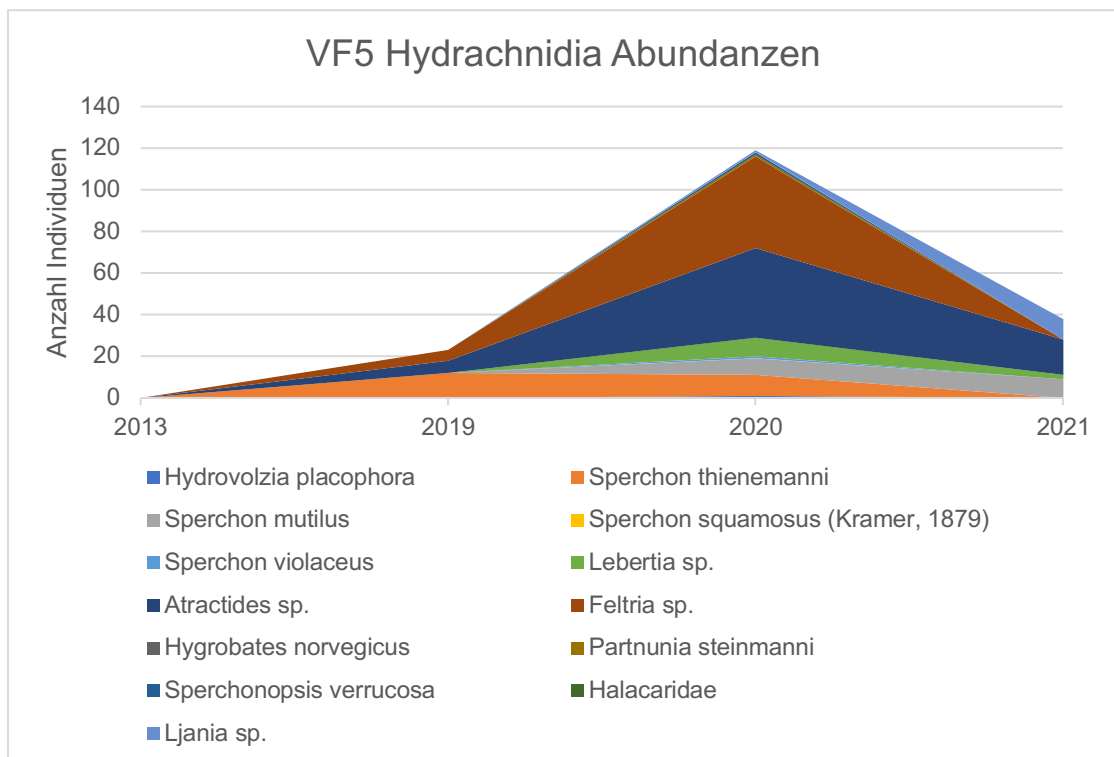


Abbildung 21 Gestapeltes Flächendiagramm der Hydrachnida Taxa und Abundanzen der Quelle VF5. Aus Abb. 16 wird ersichtlich, dass 2020 am meisten Süßwassermilben in allen Quellen gefunden wurden. Dies zeigt sich auch an jedem Standort (VF1, VF2, VF3 und VF5). *Sperchon mutilus* und *Sperchon thienemanni* sind in der Quelle VF5 nicht die dominanten Arten. Anders als an den anderen Standorten sind in VF5 Vertreter der Gattungen *Feltria* und *Atractides* am häufigsten gefunden worden. *Hydrovolzia placophora* erreicht in VF5 die höchsten Abundanzen.

Auch die Süsswassermilben zeigen das gleiche Bild wie die restlichen faunistischen Daten der aquatischen Individuen. Gemäss den Abbildungen 18, 19, 20 und 21 erfahren alle Süsswassermilben einen Einbruch in der Individuenanzahl vom Jahr 2019 zum Jahr 2021. Die Quelle VF2 stellt sich mit zwölf bestimmten Taxa innerhalb der Wassermilben als artenreichste Quelle im Val Ftur heraus. In der Quelle VF5 konnten zehn, in der Quelle VF3 sieben und in der Quelle VF1 fünf Taxa der Hydrachnida bestimmt werden.

In der Quelle VF1 ist die Art *Sperchon thienemanni* die dominante Art, neben ihr wurden auch Individuen der Gattung *Atractides* sp. als häufige Vertreter der Süsswassermilben gefangen. In der Quelle VF2 kommt die Art *Hydrovolzia placophora* am häufigsten vor, wobei *Partnunia steinmanni* nur während der ersten Probenahme im Jahr 2013 gefangen wurde, in den darauffolgenden Jahren wurde sie in der Quelle VF2 nicht mehr angetroffen. Verschiedene Arten der Gattung *Sperchon* kommen in der Quelle VF2 ebenfalls häufig vor.

Nur in der Quelle VF3 konnte die Art *Partnunia steinmanni* in so hoher Abundanz über die Jahre 2013 und 2019-2021 nachgewiesen werden. Auch Vertreter der Gattung *Lebertia* sp. weisen eine Konstanz in ihrem Erscheinen auf. Individuen der Gattung *Atractides* sp. konnten in den Jahren 2019 und 2020 zwischenzeitlich in der Quelle VF3 nicht mehr nachgewiesen werden, wobei im Jahr 2021 wieder Individuen dieser Gattung gefunden wurden.

Die Quelle VF5 zeigt die Gattungen *Atractides* sp. und *Feltria* sp. als häufigste Vertreter der Süsswassermilben. In der VF5 konnte beispielsweise *Partnunia steinmanni* kaum nachgewiesen werden. Hingegen wurde die Gattung *Ljana* sp. zunehmend häufiger angetroffen.

Tabelle 5 Artenliste mit allen Taxa aus den Quellen VF1, VF2, VF3 und VF5 der Jahre 2013, 2019-2021

	VF1 2013	VF1 2019	VF1 2020	VF1 2021	VF2 2013	VF2 2019	VF2 2020	VF2 2021	VF3 2013	VF3 2019	VF3 2020	VF3 2021	VF5 2013	VF5 2019	VF5 2020	VF5 2021
Turbellaria																
<i>Crenobia alpina</i> (Dana, 1766)	6	33	77	12	6	4	1	6	8	6	7	9	20	5	33	25
<i>Galba truncatula</i> (O.F. Müller, 1774)	0	0	0	0	10	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0
Acari																
<i>Atractides</i> sp.	0	5	7	0	4	4	5	1	4	0	1	3	0	6	43	17
<i>Feltria</i> sp.	0	0	2	0	0	1	1	3	0	5	0	0	0	5	44	0
Halacaridae																
<i>Hydrovolzia placophora</i> (Monti, 1905)	0	0	0	0	0	2	16	0	0	0	0	0	0	0	1	0
<i>Hygrobates norvegicus</i> (Thor, 1897)	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Lebertia</i> sp.	0	0	6	0	0	0	4	0	4	3	2	2	0	0	9	2
<i>Ljania</i> sp.	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	10
<i>Partnunia steinmanni</i> (Walter, 1906)	0	0	1	0	4	0	0	0	24	21	24	10	0	0	1	0
<i>Sperchon mutilus</i> (Koenike, 1895)	0	1	3	2	4	1	6	5	0	6	5	6	0	0	8	9
<i>Sperchon squamosus</i> (Kramer, 1879)	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Sperchon thienemanni</i> (Koenike, 1907)	0	4	14	0	0	6	7	7	0	4	10	8	0	12	10	0
<i>Sperchon violaceus</i> (Walter, 1944)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
<i>Sperchonopsis verrucosa</i> (Protz, 1869)	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0
Copepoda																
	0	124	7	0	0	150	520	56	0	51	51	103	0	26	91	10
Ostracoda																
	0	0	0	0	0	1	2	0	0	8	0	2	0	112	215	84
Ephemeroptera																
<i>Baetis</i> spp.	0	20	98	8	0	4	2	16	0	18	0	4	0	14	63	5
<i>Baetis alpinus</i> (Pictet, 1843)	12	11	36	12	0	0	0	10	0	8	11	20	0	37	24	9
<i>Baetis rhodani</i> (Pictet, 1843)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	11	0	0	0	0	0
<i>Rhithrogena</i> sp.	3	1	2	0	0	0	0	0	0	2	4	0	1	2	6	0
<i>Rhithrogena loyolea</i> (Navas, 1922)	0	0	0	5	1	0	0	0	0	0	0	1	12	0	0	5
Plecoptera																
<i>Amphinemura standfussi</i> (Ris, 1902)	0	0	0	0	0	5	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Dictyogenus alpinus</i> (Pictet, 1841)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Dictyogenus</i> spp.	0	1	0	0	2	0	0	0	3	4	0	4	5	5	5	3
<i>Isoperla rivulorum</i> (Pictet, 1841)	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	5	0	1	0
<i>Leuctra armata</i> (Kempny, 1899)	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
<i>Leuctra gr. braueri-muranyii</i>	0	2	2	0	13	8	97	122	0	2	20	8	0	1	6	0
<i>Leuctra rosinae</i> (Kempny, 1900)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
<i>Leuctra</i> sp.	3	9	1	5	4	80	24	23	0	11	43	20	0	0	33	7
<i>Nemoura mortoni</i> (Ris, 1902)	0	36	22	9	0	1	0	4	0	1	8	2	0	129	46	39
<i>Nemoura sinuata</i> (Ris, 1902)	0	2	16	4	0	1	3	20	0	0	12	4	0	0	10	2
<i>Nemoura</i> sp.	17	57	0	0	0	10	0	0	1	44	0	0	0	9	8	0
<i>Nemurella pictetii</i> (Klapalek, 1900)	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Perloidea																
	0	0	1	6	0	6	0	0	0	6	0	10	0	6	38	42
<i>Protonemura brevistyla</i> (Ris, 1902)	0	0	0	1	0	0	23	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Protonemura cf. auberti</i> (Kempny, 1898)	0	0	0	0	0	0	18	0	0	0	0	0	0	0	0	1
<i>Protonemura lateralis</i> (Ris, 1902)	4	36	31	32	0	8	0	28	0	46	30	50	4	20	30	25

Tabelle 6 Fortsetzung Artenliste mit allen Taxa aus den Quellen VF1, VF2, VF3 und VF5 der Jahre 2013, 2019-2021

	VF1 2013	VF1 2019	VF1 2020	VF1 2021	VF2 2013	VF2 2019	VF2 2020	VF2 2021	VF3 2013	VF3 2019	VF3 2020	VF3 2021	VF5 2013	VF5 2019	VF5 2020	VF5 2021
Dytiscidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
<i>Elmis</i> spp.	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Elodes</i> spp.	0	12	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0
<i>Hydroporus</i> sp.	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Trichoptera																
<i>Allogamus uncutus</i> (Brauer, 1857)	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
<i>Consorophylax consors</i> (McLachan, 1880)	0	0	0	0	0	0	0	0	2	1	0	0	0	0	0	0
Drusinae	0	0	8	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0
<i>Drusus biguttatus</i> (Stephens, 1837)	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0
<i>Drusus chrysotus</i> (Rambur, 1842)	0	0	0	0	1	1	1	0	0	1	5	0	0	0	0	0
<i>Drusus discolor</i> (Rambur, 1842)	0	0	0	0	0	0	0	3	0	4	0	14	0	6	3	20
<i>Drusus monticola</i> (McLachan, 1876)	2	2	0	0	0	0	0	0	0	1	2	0	1	0	0	0
<i>Drusus nigrescens</i> (Meyer-Dür, 1875)	0	0	0	8	1	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0
<i>Halesus rubricollis</i> (Pictet, 1834)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Limnephilidae	12	0	0	0	12	0	0	0	17	0	8	7	36	0	4	0
<i>Lithax niger</i> (Hagen, 1859)	0	0	2	0	18	0	0	0	16	1	4	3	0	0	3	0
<i>Melampophylax melampus</i> (McLachlan, 1876)	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Philopotamidae	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Philopotamus</i> sp.	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	4	1	0	0	0	0
<i>Plectrocnemia geniculata</i> (McLachan, 1871)	0	3	0	0	0	6	1	3	0	0	0	0	0	0	0	0
Polycentropodidae	0	0	0	0	0	0	0	9	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Rhyacophila glareosa</i> (McLachlan, 1867)	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0
<i>Rhyacophila</i> sp.	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
<i>Wormaldia occipitalis</i> (Pictet, 1834)	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Diptera																
Ceratopogonidae	0	15	0	0	0	9	7	9	0	0	4	0	0	10	5	1
Chironomidae	14	477	533	292	17	389	352	309	205	498	165	58	300	675	296	182
<i>Dixa</i> spp.	0	5	1	0	0	0	6	2	1	0	0	4	0	0	2	0
<i>Thaumalea</i> sp.	0	0	0	0	4	0	1	0	4	0	1	0	0	0	0	0
Empididae	0	8	2	0	0	2	3	3	5	3	0	1	1	1	1	0
<i>Dicranota</i> sp.	0	2	4	12	0	1	8	0	1	10	4	12	0	0	1	1
<i>Pedicia</i> sp.	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Limoniidae gen spec.	4	0	3	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
<i>Oxycera pardalina/pseudoamoena</i> (Dusek & Rozkosny, 1974)	15	86	108	20	3	7	13	13	22	45	13	6	5	0	10	4
<i>Oxycera</i> sp.	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Psychodidae	0	4	2	4	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
<i>Simulium</i> spp.	0	5	0	0	0	6	0	5	0	0	0	0	0	0	1	1
<i>Tipula</i> sp.	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Anzahl Individuen total	100	1030	1031	435	108	735	1135	704	323	968	499	386	396	1104	1065	504

3.2.3 Statistische Auswertung

Fauna

Durch die multivariate Analyse mit dem statistischen Programm PRIMER konnte anhand des nMDS-Plots gezeigt werden, dass sich die Quellen über die Jahre 2013 und 2019-2021 in ihrer Artenzusammensetzung verändert haben.

Gemäss dem nMDS-Plot, in welchem die Jahre dargestellt sind (Abb. 22), wird deutlich, dass eine Veränderung in der Artenzusammensetzung vom Jahr 2013 zu den Jahren 2019-2021 stattgefunden hat. Die weite Distanz zwischen den Standorten im Jahr 2013 deutet auf grosse Unterschiede in den Artengemeinschaften hin. Während den Jahren 2019-2021 liegen die Quellen hingegen näher beieinander. Das Clustern ist ein Hinweis auf eine gewisse Homogenisierung der Artenzusammensetzung der vier beprobten Quellen. Der Unterschied in der Artenzusammensetzung pro Quelle ist im Jahr 2013 am grössten und nimmt zu den Jahren 2019-2021 hin ab (Abb. 23). Die Quellen VF1 und VF5 sowie die Quellen VF2 und VF3 weisen eine Ähnlichkeit in der Artenzusammensetzung auf, dies zeigt die Gruppierung im nMDS-Plot (Abb. 23). Diese Ähnlichkeit von VF1 und VF5 sowie von VF2 und VF3 kann bereits im Jahr 2013 beobachtet werden (Abb. 22, Abb. 23).

Die Ähnlichkeitsanalyse (ANOSIM) zeigt, dass die Quellen untereinander (Abb. 23) nicht signifikant voneinander verschieden sind, da die Proben der Quellen vom Jahr 2013 einen zu grossen Unterschied zu den Proben aus den Jahren 2019-2021 aufweisen.

Hingegen kann zwischen dem Jahr 2013 und den Jahren 2019-2021 ein mittlerer signifikanter Unterschied ($R = 0.38$, $p = 0.001$) festgestellt werden. Das Jahr 2013 unterscheidet sich auch signifikant von den einzelnen Jahren (2013, 2019 $R = 0.84$, $p = 0.029$; 2013, 2020 $R = 0.80$, $p = 0.029$; 2013, 2021 $R = 0.74$, $p = 0.029$). Die Jahre 2019-2021 unterscheiden sich jedoch in ihrer Artenzusammensetzung nicht signifikant voneinander (2019, 2020 $R = 0$, $p = 0.429$; 2019, 2021 $R = 0.39$, $p = 0.086$; 2020, 2021 $R = -0.09$, $p = 0.743$).

Die Proben der Aufnahmen der Jahre 2019-2021 zeigen insgesamt eine höhere Übereinstimmung untereinander als die Proben einer Quelle über die Jahre (Abb. 22). Es kann also ein Cluster der Proben von allen Quellen der letzten Jahre (2019-2021) beobachtet werden. Auch wenn die Individuendichte/Abundanz nicht berücksichtigt wird, da sie sich aufgrund der Probenahmetechnik vom Jahr 2013 zu den Jahren 2019-2021 unterscheiden, gruppieren die Proben von 2019-2021 trotzdem stärker als im Jahr 2013. Mit ANOSIM konnte gezeigt werden, dass sich die Artenzusammensetzung verändert hat und vom Jahr 2013 bis 2019-2021 neue Arten dazugekommen sind.

Non-metric MDS

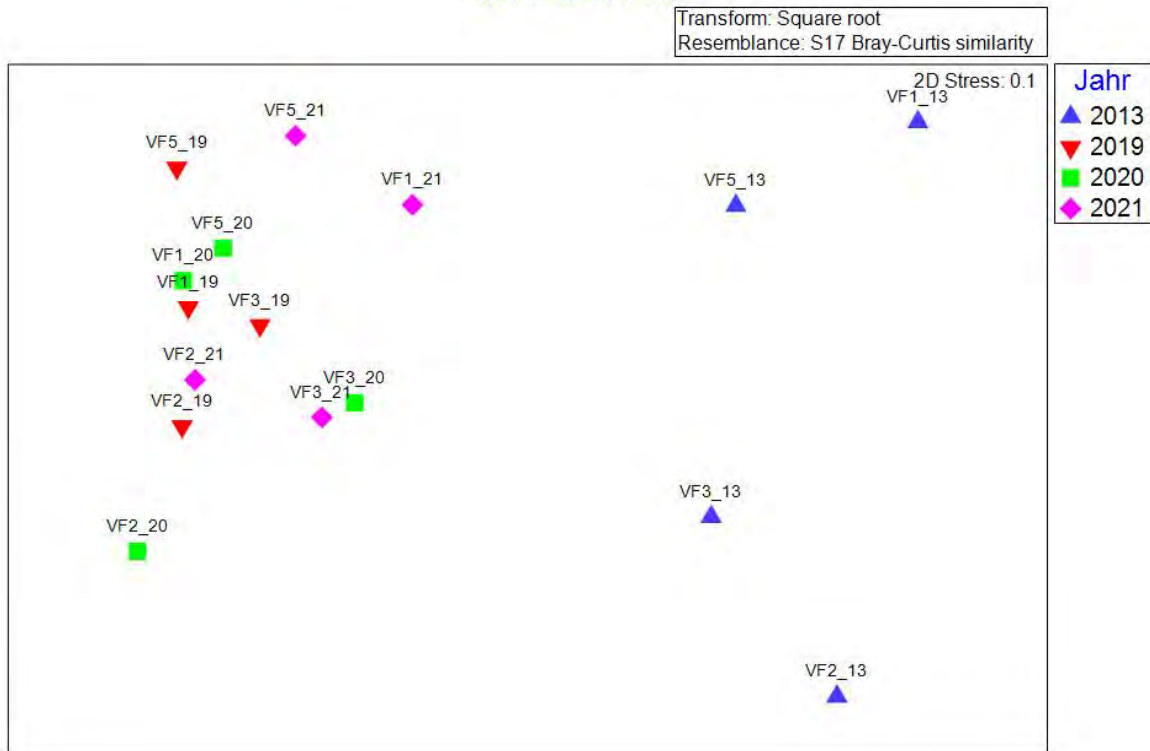


Abbildung 22 nMDS-Plot der Quellen VF1, VF2, VF3 und VF5 pro Jahr. Die untersuchten Jahre sind in verschiedenen Farben dargestellt. Die Daten wurden mit der Quadratwurzel transformiert. Das Ähnlichkeitsmass ist die Bray-Curtis-Similarity. Je weiter zwei Punkte voneinander entfernt sind, desto unterschiedlicher sind sie in der Artenzusammensetzung. Im Jahr 2013 unterschieden sich die vier Standorte sehr. Die Punkte der Jahre 2019 (rot), 2020 (grün) und 2021 (pink) liegen näher beieinander, sie weisen also höhere Übereinstimmung in der Artenzusammensetzung auf. Das Stressmass zeigt die Güte der 2D-Projektion des multidimensionalen Raums.

Non-metric MDS

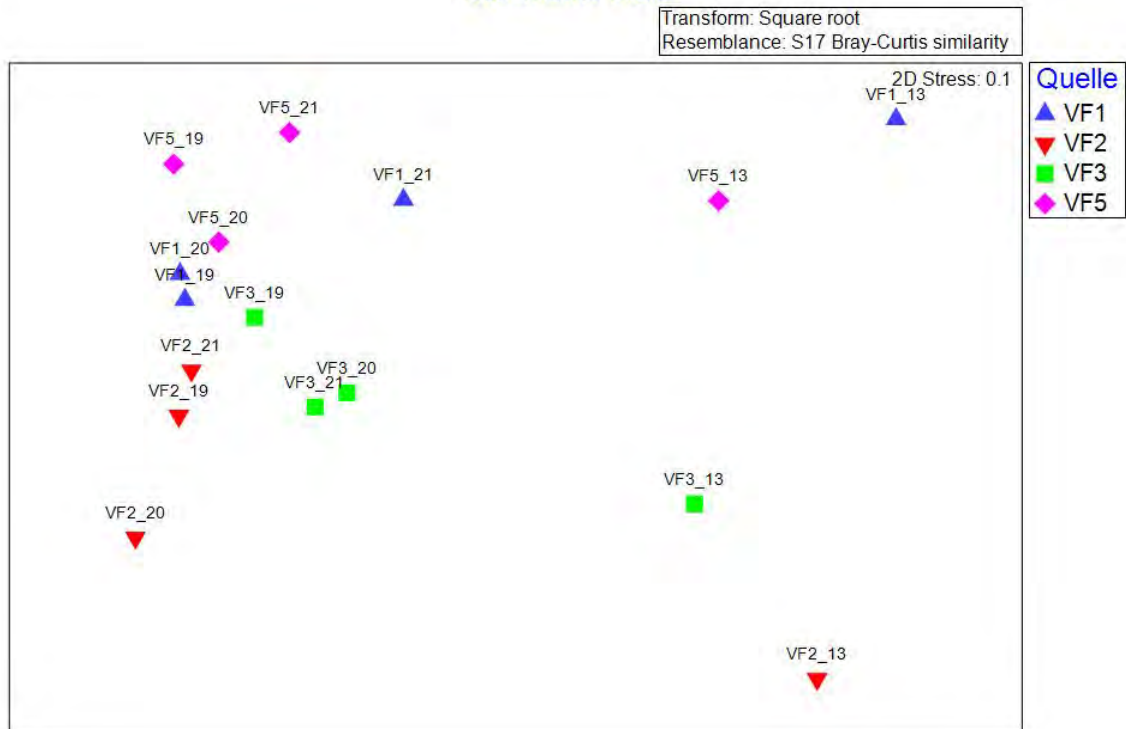


Abbildung 23 nMDS-Plot der Quellen VF1, VF2, VF3 und VF5 pro Standort. Die untersuchten Quellstandorte sind in verschiedenen Farben dargestellt. Die Daten wurden mit der Quadratwurzel transformiert. Das Ähnlichkeitsmass ist die Bray-Curtis-Similarity. Je weiter zwei Punkte voneinander entfernt sind, desto unterschiedlicher sind sie in der Artenzusammensetzung. Die untersuchten Standorte liegen im Jahr 2013 am weitesten auseinander. Die Punkte der Quellstandorte VF1 (blau), VF2 (rot), VF3 (grün) und VF5 (pink) liegen näher beieinander in den letzten Jahren (2019-2021), sie weisen also höhere Übereinstimmung in der Artenzusammensetzung auf. Das Stressmass zeigt die Güte der 2D-Projektion des multidimensionalen Raums.

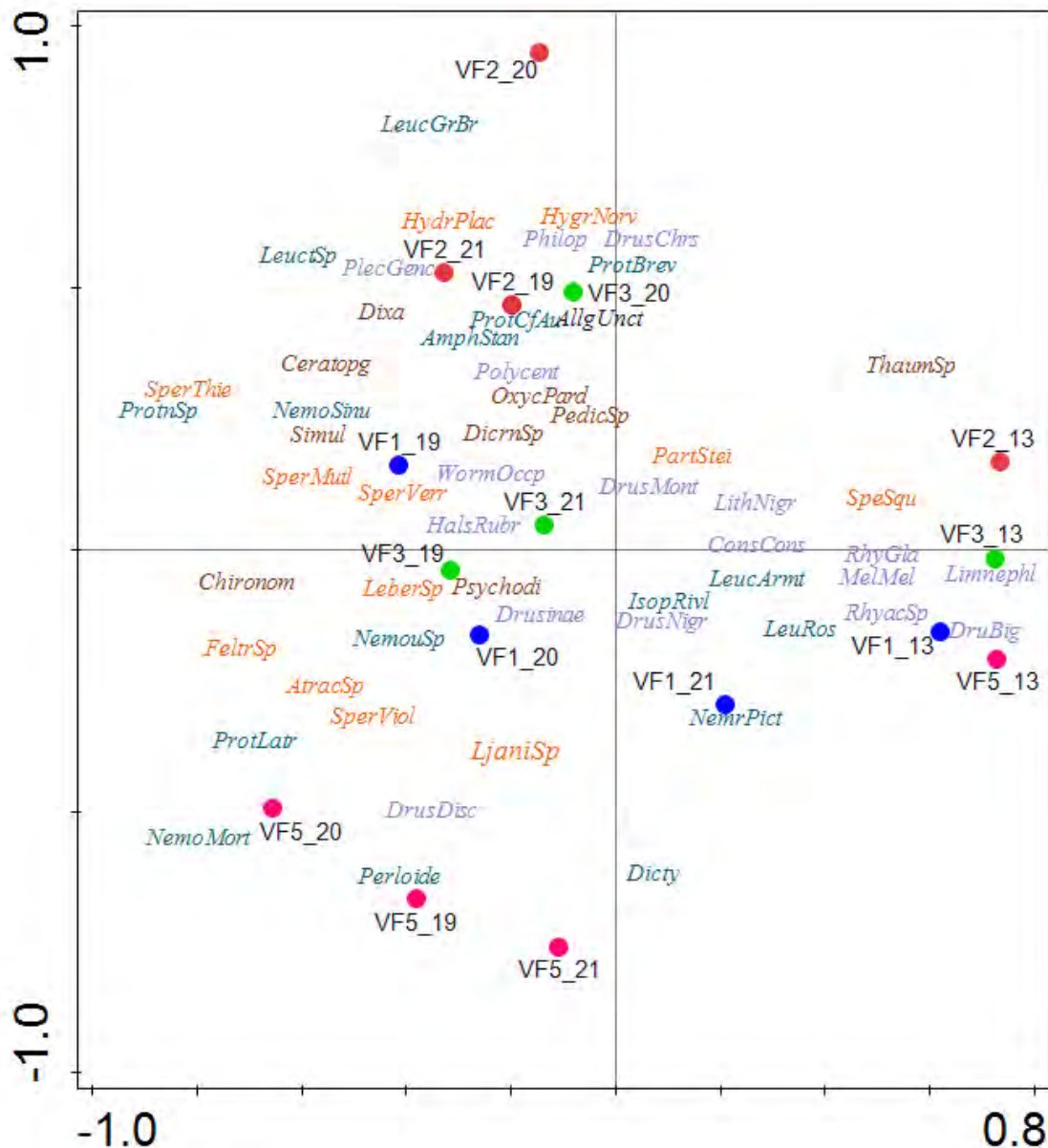


Abbildung 24 Die Hauptkomponentenanalyse (PCA) zeigt das Vorkommen aller bestimmten Taxa an den untersuchten Quellstandorten über die betrachteten Jahre. Die Hydrachnida sind orange, die Dipteren braun, die Trichopteren violett und die Plecopteren blau eingefärbt. Die Quellen sind pro Standort eingefärbt: VF1 blau, VF2 rot, VF3 grün und VF5 pink. Je näher ein Taxon bei einem Punkt der Quellen liegt, desto isolierter ist die Verbreitung. Achse 1 (PCA Axis 1) erklärt 30.52%, Achse 2 (PCA Axis 2) 47.08% der Varianz.

Die Abbildung 24 zeigt die PCA, mit welcher die Verteilung von Arten auf die einzelnen Quellen beobachtet werden kann. Beispielsweise sind Individuen der Gruppe *Leuctra gr brauerii* auf die Quelle VF2 beschränkt. Die orangeeingefärbten Milben sind vor allem auf die Quellen VF2 und VF3 beschränkt. Dass die Quelle VF3 reich an Milben ist, zeigen auch die Proben der Parasitierung und des Langzeitdatenvergleichs. So kommen die Süßwassermilbenart *Partnunia steinmanni* und Individuen der Gattung *Lebertia* am häufigsten in der Quelle VF3 vor. *Hygrobatas norvegicus* ist auf die

Quelle VF2 beschränkt. Die Quelle VF5 zeigt in den Ergebnissen die meisten Milbenarten, dies zeigt auch die PCA. Individuen der Gattung *Feltria* sp., *Atractides* sp. und *Ljania* sp. und die Art *Sperchon violaceus* kommen am häufigsten in der Quelle VF5 vor.

Das Vorkommen der Plecopterenart *Nemoura mortoni*, das der Gattung *Perloide* sowie das der Trichopterenart *Drusus discolor* beschränkt sich auf die Quelle VF5. Generell zeigen die Quellen VF1 und VF3 die höchsten Abundanzen an Dipterenarten auf.

Der PCA kann ausserdem entnommen werden, dass den Proben im Vergleich zum Jahr 2013 in den letzten Jahren (2019-2021) mehr Arten entnommen wurden.

Die Abbildung 14 zeigt die Anzahl gefundener Taxa pro Jahr und pro Quelle. Mit dem statistischen Mann-Kendall-Test wurde die Abnahme der gefundenen Taxa von allen Jahren, besonders vom Jahr 2019 bis zum Jahr 2021, auf einen Trend hin untersucht. Es kann nicht von einem Trend ausgegangen werden, da die p-Werte nicht signifikant sind (p-Wert = 0.625 (VF1), 0.375 (VF2), 0.375 (VF3), 0.167 (VF5)). Eine Veränderung in der Anzahl Taxa würde vorliegen, wären die p-Werte kleiner oder gleich 0.05.

Der Mann-Kandell-Test wurde auch für die Anzahl an gefundenen Individuen durchgeführt. In der Abbildung 15 ist eine Abnahme an gefundenen Individuen vom Jahr 2019-2021 in jeder Quelle zu beobachten. Der Mann-Kendall-Test liefert folgende p-Werte: 0.375 (VF1), 0.375 (VF2), 0.625 (VF3) und 0.625 (VF5). Auch hier sind keine signifikanten p-Werte erkennbar, es kann somit kein Trend angenommen werden.

Tabelle 7 Werte zum Mann-Kendall-Test. Der Test überprüfte die gefundenen Individuen pro Quelle und Jahr sowie die Anzahl bestimmter Taxa pro Quelle und Jahr auf einen statistischen Trend. Der Test ergab für beide untersuchten Variablen keinen Trend.

	Anzahl Taxa pro Quelle und Jahr				Anzahl Individuen pro Quelle und Jahr			
	VF1	VF2	VF3	VF5	VF1	VF2	VF3	VF5
2013	14	17	30	14	100	108	323	396
2019	29	30	32	21	1030	735	968	1104
2020	28	30	33	37	1031	1135	499	1065
2021	17	28	29	23	435	704	386	504
S	0	1	2	4	2	2	0	0
p-Wert	0.625	0.375	0.375	0.167	0.375	0.375	0.625	0.625
statistischer Trend	nein	nein	nein	nein	nein	nein	nein	nein

4 Diskussion

4.1 Methodendiskussion

4.1.1 *Methodendiskussion zu den Aufnahmen 2022: Parasitierung*

Da die Ausbeute der Parasitierungsbeobachtungen aus den zwei Probenahmezeitfenstern im Sommer 2022 relativ dünn war, sollten beim nächsten Beprobieren mit Hilfe von Emergenzfallen eventuell grössere Zeitfenster in Betracht gezogen werden. Die Beprobungen könnten allenfalls weiter in den Spätsommer verschoben werden, da für viele Insekten Mitte Juni möglicherweise noch zu früh zum Emergieren war (Lubini et al., 2016). Vor allem beeinflussen die Entwicklungsstadien sowie das Emergieren von Insekten den perfekten Probenahmezeitpunkt. Dieser wird für Feldbeprobungen in den Alpen als höhenabhängig beschrieben. Für Quellen mit einer Höhe von 1400-1800 m ü.M. (z.B. Quelle VF5 mit 1780 m ü.M.) sollte die erste Probenahme vom 16. bis 31. August und die zweite vom 1. bis 15. September erfolgen (Lubini et al., 2012; Lubini et al., 2016). Die drei anderen untersuchten Quellen VF1, VF2 und VF3 befinden sich in einer Lage höher als 1800 m ü.M. Für diese Quellen verschiebt sich der optimale Beprobungszeitraum weiter in den Herbst. Gemäss Lubini et al. (2016) sollte die erste Probenahme ab dem 1. September und die zweite vor dem 15. Oktober erfolgen, da der Probenahmezeitpunkt von der Schneeschmelze abhängig ist. Ausserdem empfehlen sich mindestens zwei Durchgänge, wenn die gesamte Artenvielfalt erfasst werden soll (Lubini et al., 2012; Lubini et al., 2016). Gemäss Martin und Stur (2006) weisen einige Wassermilbenarten unterschiedliche Phänologie und somit ein oder zwei Vorkommensgipfel auf, meistens im Frühjahr/Frühsummer und Spätsommer/Herbst. Dies deutet auch darauf hin, die Parastierungsuntersuchungen in den Spätsommer zu verschieben. Wenn die Emergenzfallen jedoch zu lange stehen gelassen werden, ohne dass sie geleert werden, könnte die Gefahr bestehen, dass die Milben durch die Fixierung im Ethanol das Integument des adulten Insekts loslassen. So könnte nicht nachvollzogen werden von welchem Taxon und welcher Anhaftungsstelle am Körper die Milbe stammt. Ausserdem könnten in folgenden Untersuchungen mehr als zwei Quellen in einem Tal oder verschiedene Quellen in verschiedenen Tälern miteinander verglichen werden. Dadurch würde eine Verbreitung oder mögliche Isolierung von Wassermilben erkennbar.

4.1.2 Methodendiskussion zu den Aufnahmen 2013, 2019-2021: Langzeitdatenvergleich

Fauna

Dass im Jahr 2013 im Vergleich zu den letzteren Jahren (2019-2021) weniger Tiere gefunden wurden, kann zu einem gewissen Grad mit der unterschiedlichen Probenahmemethode erklärt werden. 2013 wurde ein Handnetz mit 500 µm Maschenweite verwendet, in den Jahren 2019-2021 hingegen ein Handnetz mit 200 µm, wobei hierbei die Wahrscheinlichkeit auch die kleineren Invertebraten zu fangen, deutlich erhöht wird.

4.2 Ergebnisdiskussion

4.2.1 Ergebnisdiskussion zu den Aufnahmen 2022: Parasitierung

Aus den Ergebnissen der Probenahme vom Sommer 2022 geht hervor, dass die Familie der Plecoptera, besonders Individuen der Gattung *Leuctra* am meisten durch Hydrachnida parasitiert wurden. Auch Tiere der Ordnung der Dipteren und vor allem der Familie der Chironomidae stellen typische Wirte der Wassermilben dar. Die Ergebnisse der Untersuchung von 2022 gleichen dem Bekannten aus der Literatur. Neben den Plecopteren wurde auch je ein Individuum der Familie Dolichopodidae und Sciaridae parasitiert. Dies stützt die Ergebnisse der Literatur (Di Sabatino et al., 2022; Martin, 2008; Martin et al., 2010; Martin & Stur, 2006; Smith & Oliver, 1986). Bei vielen adulten Insekten sind einige Körperteile zu stark sklerotisiert, was das Anheften für die Milben erschwert. Deswegen krallen sich einige Wassermilbenlarven frühzeitig an weiche Stellen des Wirtsintegument (Martin, 2008). Das Taxon, welches in den Untersuchungen im Sommer 2022 am meisten parasitiert wurde, ist die Steinfliegengattung *Leuctra*. Es wurden hauptsächlich Weibchen identifiziert, da diese einen geringeren Anteil an Skleriten als Männchen aufweisen. Wie durch Martin (2008) beschrieben, wird das Anheften an weichen, nicht sklerotisierten Stellen bevorzugt, somit werden Weibchen eher als Männchen zum Anheften genutzt. Gemäss Mitchell (1959) gibt es einige Milbenarten, die bevorzugt Weibchen parasitieren. Die am weitesten verbreitete Variante den Wirt zu erreichen, ist das Festkrallen mit Hilfe der Fusskrallen und den Palpen an der Insektenpuppe. Dies erfolgt fast ausschliesslich an den Stellen, wo die Hülle als erstes aufreissen wird (Martin, 2008). Die Parasitierungsrate pro Individuum zeigt in den Probenahmen vom Sommer 2022 ein Maximum von drei Milben an einem adulten Insekt. Bei einer ähnlichen Untersuchung von Martin et al. (2010) wurden die Wirtstaxa von einer bis maximal neun Wassermilben parasitiert. Gemäss Martin und Stur (2006) kann nicht gesagt werden, dass spezifische Wirtstaxa in verschiedenen Intensitäten von unterschiedlichen Milbenarten parasitiert werden. Die Wassermilbenart *Hygrobatas norvegicus* zeigt in einer ähnlichen Untersuchung lediglich 1.2 Milbenlarven pro Wirt (Martin & Stur, 2006). Es gibt Wassermilbenarten, die hohe

Wirtsspezifität aufzeigen und andere Arten, wie beispielsweise *Sperchon thienemanni*, parasitieren mindestens zehn verschiedene Wirtstaxa (Martin & Stur, 2006). Auch *Partnunia steinmanni* zeigt keine Wirtspräferenz (Martin et al., 2010). In den meisten Untersuchungen kann kein Trend für eine Wirtspräferenz ausgemacht werden (beispielsweise (Martin & Stur, 2006)). Da die Süsswassermilben im Rahmen der Feldbeprobungen im Sommer 2022 weder morphologisch noch molekulargenetisch bestimmt wurden, ist es schwierig zu sagen, welche Milbenart am häufigsten welches Wirtstaxon parasitiert hat.

4.2.2 Ergebnisdiskussion zu den Aufnahmen 2013 und 2019-2021: Langzeitdatenvergleich

Abiotik

Werden die abiotischen Parameter betrachtet, fällt auf, dass sich die vier Quellen des Val Fturs nicht stark voneinander unterscheiden. Die gemessene Temperatur erstreckt sich von einem Minimum von 4.7 °C (VF3 2020) bis 9.4 °C (VF5 2021). Während der Aufnahmen für die Parasitierung im Sommer 2022 wurde auch die Abiotik im Rahmen des LZMs aufgenommen. Dort wurde ein neues Temperaturmaximum von 10.5 °C gemessen. Im Quellbereich weist die Temperatur oft minimale Schwankungen auf und gleicht der Umgebungstemperatur (Liechti, 2010). Durch die jährliche Schwankungsbreite im Quellwasser können Rückschlüsse auf die Lage der Grundwasserleiter gezogen werden. Eine grosse Schwankungsbreite zeugt von oberflächennahen Fließwegen, geringe Schwankungen deuten auf sehr tief gelegene Fließwege hin. Weist eine Quelle sehr konstante Temperaturen im Quellwasser auf, bedeutet dies, dass der oberflächennahe Einfluss der Umgebungstemperatur extrem gering ist und das Quellwasser abgeschirmt in der Tiefe zirkuliert (Haller et al., 2013). Da die vier untersuchten Quellen im Val Ftur eine geringe Schwankungsbreite in der Wassertemperatur aufzeigen, ist dies ein Indiz für geringen Einfluss aus der Umgebung. Laut Stefanie von Fumetti wurde im Sommer 2022 in den Quellen VF2 und VF3 erstmals deutlich weniger Wasser im Quellabfluss beobachtet. Wissenschaftliche Vorhersagen für die Schweiz deuten darauf hin, dass in den kommenden Jahrzehnten die Temperaturen im Sommer ansteigen werden, während gleichzeitig die Niederschlagsmenge im Sommer abnehmen wird. Es ist anzunehmen, dass dies auch für die beprobten Standorte gilt. Als Folge dessen besteht für die Quellen ein erhöhtes Risiko auszutrocknen (Guo et al., 2005; Wigger & von Fumetti, 2013). Weniger Wasser und somit weniger Abfluss führt zu Veränderungen in der Substratvielfalt (von Fumetti et al., 2006, 2017). Der dominierende Substrattyp der vier beobachteten Quellen sind Moospolster. Da bei Vorhandensein von Moos die höchsten Abundanzen von Individuen sowie die höchste Anzahl Taxa erwartet werden (Erman & Erman, 1995), sollte in zukünftigen Untersuchungen in jedem Fall Moospolster als Substrattyp berücksichtigt und aufgesucht werden. Wird also für die Quellen VF1, VF2, VF3 und VF5

weiterhin eine Abnahme im Abfluss und somit folglich eine Abnahme in der Substratdiversität erwartet, könnte dies auch zu einer Abnahme der Artenvielfalt führen. Als Ursache für die erhöhte Vielfalt wird die Schutzwirkung sowie die Nahrungsquelle aber auch die mosaikartige Struktur von Moos genannt, wobei aber nur gering anthropogen beeinträchtigte Quellen von Moos besiedelt werden (Ilmonen et al., 2009), so wie es die Quellen VF1, VF2, VF3 und VF5 im SNP sind.

Die gemessene elektrische Leitfähigkeit der einzelnen Quellen zeigt mit 264.7 $\mu\text{S}/\text{cm}$ als Mittelwert ein Minimum in der Quelle VF1 und ein Maximum mit dem Mittelwert von 329.7 $\mu\text{S}/\text{cm}$ in der Quelle VF2. Die anderen beiden Quellen befinden sich mit zirka 280 $\mu\text{S}/\text{cm}$ in einem sehr ähnlichen Wertebereich. Alle Quellen zeigen über die Jahre 2013 und 2019-2021 unauffällige mittlere pH-Werte zwischen 7.85 (VF2) bis 8.28 (VF5), welche gemäss Cantonati et al. (2006) als durchschnittliche Werte für alpine Quellen eingestuft werden können.

Fauna

In dieser Arbeit konnte aufgezeigt werden, dass sich die Artenzusammensetzung in vier Quellen des SNPs über die Jahre 2013 und 2019-2021 verändert hat und sich die Quellen am Anfang der Untersuchung (2013) in ihrer faunistischen Zusammensetzung untereinander signifikant unterschieden haben. Ausserdem konnte gezeigt werden, dass im Vergleich zum Jahr 2013 in den Jahren 2019-2021 eine gewisse Angleichung stattgefunden hat. Generell weisen die Quellen VF1 und VF5 und die Quellen VF2 und VF3 zueinander jeweils eine höhere Ähnlichkeit auf. Dies ist beispielsweise ersichtlich an der fast gleichen Anzahl an bestimmten Taxa pro Quelle (Abb. 14). In der Quelle VF2 wurden 54 und in der Quelle VF3 51 Taxa bestimmt. Auch in der Quelle VF1 mit 43 und in der Quelle VF5 mit 44 Taxa ist eine Ähnlichkeit erkennbar. Die beiden Quellen VF2 und VF3 zeigen auch ein ähnliches Muster bei der Parasitierung durch Süsswassermilben. So wurden beispielsweise im Sommer 2022 in beiden Quellen Individuen der Steinfliegen-Gattung *Leuctra* gefunden, welche durch Süsswassermilben parasitiert wurden.

Die vier Quellen beherbergen also seit 2019 ähnliche Arten. Dies zeigt beispielsweise die Trichopteren-Art *Drusus discolor*, welche 2019 nur in der Quelle VF5 nachgewiesen werden konnte. Seit 2020 und 2021 ist sie auch in den Quellen VF2 und VF3 gefunden worden, was ein Hinweis für eine Angleichung der Artenzusammensetzung ist. In der Quelle VF1 konnte bisher noch kein Individuum nachgewiesen werden.

Dass die Dipteren eine sehr dominant vorkommende und individuenreiche Ordnung in alpinen Quellen darstellen, wurde auch im Rahmen dieser Arbeit ersichtlich. Diese Tatsache wird unter anderem durch Studien von beispielsweise von Fumetti & Felder (2014) und Gerecke et. al (2011) gestützt. Auch in den Proben vom Sommer 2022 stellen die Dipteren die individuen- und artenreichste

Ordnung dar. Jedoch ist anders als in Studien beschrieben (beispielsweise (Gerecke et al., 2011)) die Familie der Chironomidae in den Proben vom Sommer 2022 nicht das Taxa mit den meisten Individuen.

Werden Taxa betrachtet, die bis auf Artniveau bestimmt wurden, weisen die Trichopteren gefolgt von den Plecopteren und den Hydrachnida grosse Artenvielfalt auf, auch wenn insbesondere die Hydrachnida geringere Abundanzen als beispielsweise die Dipteren aufweisen. Dieser Zusammenhang in den Alpen haben bereits Gerecke et al. (2011) beschrieben.

Unter den Plecopteren befinden sich die Arten *Amphinemura standfussi*, *Leuctra armata* und *Nemoura sinuata*, die auf der Roten Liste verzeichnet sind und als potenziell gefährdet eingestuft werden (Lubini et al., 2012). Bei den Trichoptera sind es sechs Arten, die auf der Roten Liste sind und als potentiell gefährdet eingestuft werden, drei davon gehören zu der Gattung *Drusus*: *Consorophylax consors*, *Drusus chrysotus*, *Drusus monticola*, *Plectrocnemia geniculate* und *Rhyacophila glareosa*. Die Art *Drusus nigrescens* wird sogar als verletzlich eingestuft (Lubini et al., 2012). Da die untersuchten Quellen gefährdete und teils endemische Arten beherbergen, bieten sie für faunistische Analysen ein wichtiges Untersuchungsobjekt. Im Speziellen stellen Quellen für einige Taxa einen isolierten Lebensraum dar (Gerecke & Di Sabatino, 1996). So wurde beispielsweise von der Süsswassermilbenart *Hydrovolzia placophora* nur in VF2 und einmalig in VF5 ein Individuum gefunden. Sie ist an bewaldete Standorte angepasst (Gerecke & Martin, 2006) und eigentlich in Zentraleuropa weit verbreitet. Sie wird ausserdem gemäss Gerecke et al. (2011) als strikt krenobiont und angewiesen auf perennierende Quellen beschrieben. In zukünftigen Untersuchungen sollte demnach *Hydrovolzia placophora* besondere Beachtung finden, denn aus der Ergebnisdiskussion der Abiotik ist zu entnehmen, dass der Abfluss der untersuchten Quellen im Val Ftur abgenommen hat. So könnte sie durch ihre isolierte Lage zusätzlich vom Aussterben bedroht sein. Von der Art *Sperchonopsis verrucosa* wurde in allen Quellen ausser der Quelle VF1 jeweils nur ein Individuum gefunden. Gemäss Gerecke und Martin (2006) deutet die niedrige Individuenzahl und gleichzeitig hohe Anzahl an Fundorten auf eine krenoxene Art hin. Das bedeutet, sie besiedelt typischerweise das Krenal (Lebensraum Quelle) kommt dort aber nur selten vor. *Sperchon mutilus* und *Sperchonsquamosus* werden als krenobiont und kaltstenotherm beschrieben und haben somit ihren Verbreitungsschwerpunkt in Quellen. *Sperchon violaceus* wird als Charakterart von Quellen mit hohem Moosanteil beschrieben (Gerecke & Martin, 2006). Obwohl alle untersuchten Quellen als dominierenden Substrattyp Moospolster aufweisen, wurde sie seit Untersuchungsbeginn nur einmal im Jahr 2020 in der Quelle VF5 nachgewiesen. Sollte die Substratvielfalt im Zuge der Verringerung des Abflusses abnehmen, könnte *Sperchon violaceus* künftig noch weniger in Proben gefunden werden. Der Abbildung 17 ist zu entnehmen, dass die Quelle VF3 über alle untersuchten Jahre eine immer

zirka gleich hohe Anzahl Wassermilben aufweist. Da Süsswassermilben oft stark isoliert und an einen Quelltyp gebunden sind (Gerecke & Di Sabatino, 1996), deutet das konstante Vorkommen der Milben auf stabile Bedingungen hin.

Im Allgemeinen sind in allen Taxa einschliesslich der Süsswassermilben über die Untersuchungsjahre 2013 bis 2019-2021 eine geringere Individuenabundanz in den Proben gefunden worden (Abb. 16 und 17). Der Mann-Kendall-Test zeigt (Tab. 7), dass weder für die geringere Abundanz an gefundenen Taxa noch für die rückläufige Anzahl Individuen pro Standort von einem Trend ausgegangen werden kann. Dass der Test keinen signifikanten Trend belegt, kann auch auf die kurze Beobachtungsdauer zurückzuführen sein, da nur zu vier Jahren Daten zu Individuenanzahl und Anzahl bestimmter Taxa vorliegen. Würde der Test in einigen Jahren wiederholt werden, könnte das Resultat anders aussehen.

4.3 Ergebnisse in Verbindung mit dem Klimawandel

Aufgrund ihrer Isolation und räumlichen Fragmentierung sind Quellen besonders anfällig für sich ändernde Umweltbedingungen (Wigger et al., 2015; Woodward et al., 2010). Arten, die in Quellgewässern leben, krenobionte Arten, könnten durch klimatische Veränderungen gefährdet sein, besonders wenn sie nur in einem kleinen Gebiet vorkommen (Hering et al., 2009; von Fumetti & Felder, 2014). Dies trifft beispielsweise auf die Süsswassermilbenart *Hygrobates norvegicus* oder Steinfliegenart *Amphinemura standfussi* zu, denn diese wurden nur in der Quelle VF2 gefunden. Insbesondere sind viele Arten der Hydrachnida auf den Quelllebensraum beschränkt und sogar an spezifische Quelltypen angepasst (Gerecke & Di Sabatino, 1996). Gemäss Gerecke und Martin (2006) ist die Milbenart *Partnunia steinmanni* eigentlich auf Höhen niedriger als 1400 m ü.M. beschränkt, konnte im Rahmen dieser Arbeit aber bis auf Höhen von 1960 m ü.M. nachgewiesen werden. Auch Arten der Trichopteren gattung *Drusus* konnte im Rahmen einer umfangreichen Untersuchung von Quellen im SNP nur in Quellen des Val Fturs nachgewiesen werden (von Fumetti & Felder, 2014). Speziell sind Arten, die nur auf eine oder wenige Quellen beschränkt sind, von erhöhtem Risiko betroffen auszusterben, vor allem wenn diese Quellen beschädigt oder verschmutzt werden (von Fumetti & Felder, 2014).

Im Zusammenhang mit dem Klimawandel verändern sich die abiotischen Umweltparameter speziell in den Alpen erheblich (Beniston, 2006). Gemäss verschiedener Studien werden höher gelegene Regionen, im Speziellen die montane Stufe, stärker vom Klimawandel betroffen sein als das Tiefland (Bush et al., 2012; Raible & CH2014-Impacts Initiative, 2014). Da sich die untersuchten Quellen meist über der montanen, mindestens aber in der subalpinen Stufe, befinden werden sie also auf

jeden Fall stark vom Klimawandel betroffen sein. Werden die Abiotik und die Quellfauna miteinander verglichen, sind Abhängigkeiten beobachtbar. Vor allem die Quellen der Alpen, wie die Quellen im SNP es sind, haben eine charakteristische Lebensgemeinschaft (Krenozönose), die Arten beherbergen, welche an dauerhaft niedrige Wassertemperaturen angepasst sind (von Fumetti et al., 2017; Wigger et al., 2015). Demnach könnte angenommen werden, dass eine weitere Veränderung der Wassertemperatur im Zuge des Klimawandels eine Veränderung in der Artenzusammensetzung alpiner Quellen verursachen könnte. In dieser Arbeit wurde beobachtet, dass die Wassertemperatur der untersuchten Quellen mit steigender Höhe sinkt, was in anderen Untersuchungen im SNP bereits durch beispielsweise Robinson et al. (2008) gezeigt wurde. Die Artenzusammensetzung in den Quellen kann zu einem Teil mit ihrer starken Abhängigkeit von der Wassertemperatur erklärt werden (von Fumetti et al., 2017; Wigger et al., 2015). Gemäss den faunistischen Aufnahmen der Jahre 2013 und 2019-2021 ist es aber schwierig zu sagen, ob die Veränderung in der Quellfauna und beobachtete Homogenisierung der Artengemeinschaften in den Quellen VF1, VF2, VF3 und VF5 die krenophilen und eher euryöken und eurythermen Arten begünstigt haben. Gemäss von Fumetti et al. (2017) ist die Krenobiose, das bedeutet das Vorkommen im Lebensraum Quelle, nicht alleine abhängig von der Anpassung an konstante Wassertemperaturen. Neben der Wassertemperatur spielen weitere abiotische Umweltfaktoren wie beispielsweise die Substratverfügbarkeit und -stabilität sowie die Lebensraumstabilität eine ebenso entscheidende Rolle (von Fumetti et al., 2006, 2007, 2017). Die untersuchten Quellen im SNP zeigen in der Analyse der Langzeitdaten Stabilität in der Abiotik. Diese Beständigkeit macht es also schwierig, sie für die beobachtete Veränderung in der Artenzusammensetzung der vier Quellen über die Jahre 2013 bis 2019-2021 verantwortlich zu machen. Durch eine Studie in der Nordwestschweiz konnte gezeigt werden, dass die physikochemischen Parameter nur einen geringen Einfluss auf die Quellfauna haben, während das Substrat die Zusammensetzung der Fauna erheblich beeinflusst. Wobei der Abfluss einer Quelle den Substrattyp bestimmt und somit die MZB-Lebensgemeinschaft (von Fumetti et al., 2006, 2017). In den Quellen VF1, VF2, VF3 und VF5 konnte aber gezeigt werden, dass sie Konstanz in den vorkommenden Substrattypen aufweisen. Da also die physikochemischen Parameter und der vorkommende Substrattyp über die untersuchten Jahre 2013 bis 2019-2021 grundsätzlich konstant waren, ist dies ein Indiz dafür, dass grössere, über die Quellen hinaus gehende Entwicklungen die Artenzusammensetzung in den Quellen beeinflussen. Von Fumetti et al. (2006, 2017) kommen zum Schluss, dass neben der Substratvielfalt auch Temperaturveränderungen die Quellfauna beeinflussen. Steigende Temperaturen und mehr Variabilität in Temperaturamplituden werden kaltstenotherme alpine Arten stärker beeinflussen als krenophile Arten. Das bedeutet, dass speziell krenophile Arten der Süsswassermilben wie *Sperchon squamosos*, *Sperchon thienemanni* und *Sperchon violaceus* mit erhöhter Wahrscheinlichkeit in faunistischen Untersuchungen der Alpen anzutreffen sein werden, da sie wie oben beschrieben durch den Klimawandel begünstigt werden. Ein Hinweis darauf gibt *Sperchon*

violaceus, da diese erstmals im Jahr 2020 aufgetaucht ist. Hingegen ist demnach eine Art wie *Sperchon mutilus*, welche als kaltstenotherm beschrieben wird (Gerecke & Martin, 2006), im Zuge des Klimawandels mit geringerer Abundanz zu erwarten. Dies wird jedoch in den Untersuchungen seit 2013 und 2019-2021 widerlegt, da sie insbesondere in den letzten Jahren mit erhöhter Abundanz nachgewiesen werden konnte. Dies könnte aber auch an der unterschiedlichen Probenahmetechnik vom 2013 zu 2019-2021 liegen.

Wie Süßwasserökosysteme wie zum Beispiel Quellen auf Veränderungen im Klima reagieren, ist derzeit noch unklar. Die momentane Forschung zeigt aber, dass der globale Klimawandel erhebliche Auswirkungen auf die Quellfauna haben wird (beispielsweise (Wigger et al., 2015)). Es sind in Zukunft Langzeituntersuchungen, wie sie beispielsweise im Rahmen dieser Arbeit erfolgen, zu Quellen als einzigartigen Ökosystemen notwendig, um die Folgen des Klimawandels besonders auf die Quellfauna zu verstehen und um Quellen richtig schützen zu können (Gerecke, Cantonati, et al., 2011).

4.4 Fazit und Ausblick

Obwohl sich die untersuchten Quellen im SNP in ihren abiotischen Umweltbedingungen wenig unterscheiden, wurden MZB-Gemeinschaften mit hoher Variabilität gefunden. Seltene und endemische Arten kommen in geringer Individuenzahl vor und zeigen bezüglich ihrer Verbreitung hohe Isolation, dies wird insbesondere bei den Süßwassermilben beobachtet (Blattner et al., 2022). Das bedeutet, dass sie vom Aussterben bedroht sind, sollten die Quellen gestört werden. Ein Beispiel für eine Art, die eine geringe Verbreitung und hohe Isolation aufweist, ist die Süßwassermilbenart *Hydrovolzia placophora*. Ihr Vorkommen beschränkt sich seit Untersuchungsbeginn 2013 nur auf die Quellen VF2 und VF5. Im Zusammenhang mit dem Klimawandel stellt der SNP ein wertvolles Refugium für die kalt-stenotherme Fauna in alpinen Quellen dar, dies wurde bereits durch von Fumetti und Felder (2014) bestätigt. Durch die statistische Auswertung der Daten wurde auch ersichtlich, dass im Rahmen des LZMs im SNP neue Arten entdeckt wurden. Deshalb sollten solche Untersuchungen unbedingt beibehalten und ausgeweitet werden. Insbesondere könnten mit Verfeinerung der Probenahmemethoden sowie mit der optimalen Auswahl des Probenahmezeitpunkts für alpine Quellen im Spätsommer/Herbst noch viel mehr Arten und deren Parasitierung durch Wassermilben beobachtet werden. Die Ergebnisse der Parasitierung im Sommer 2022 zeigen ähnliche Ergebnisse aus dem Langzeitdatenvergleich. Beispielsweise weist die Quelle VF3 einen sehr hohen Arten- und Individuenreichtum an Wassermilben auf. Daher sollte diese Quelle auf jeden Fall weiter beobachtet werden.

Literaturverzeichnis

- Bader, C. (1975). Die Wassermilben des Schweizerischen Nationalparks. *Ergebnisse der wissenschaftlichen Untersuchungen im Schweizerischen Nationalpark* 14.
- Bärmann, R. (Hrsg.). (1995). *Bestimmung wirbelloser Tiere: Bildtafeln für zoologische Bestimmungsübungen und Exkursionen* (3.). Gustav Fischer Verlag Jena -Stuttgart.
- Beniston, M. (2006). Mountain weather and climate: A general overview and a focus on climatic change in the Alps. *Hydrobiologia*, 562, 3–16. <https://doi.org/10.1007/s10750-005-1802-0>
- Blattner, L., Beck, N., Berner, D., von Fumetti, S., & Lucek, K. (2022). Intra-Alpine Islands: Population genomic inference reveals high degree of isolation between freshwater spring habitats. *Diversity and Distributions*, 28, 1–15. <https://doi.org/10.1111/ddi.13461>
- Blattner, L., Gerecke, R., & von Fumetti, S. (2019). Hidden biodiversity revealed by integrated morphology and genetic species delimitation of spring dwelling water mite species (Acari, Parasitengona: Hydrachnidia). *Parasites & Vectors*, 12(1), 492. <https://doi.org/10.1186/s13071-019-3750-y>
- Blattner, L., Lucek, K., Beck, N., Berner, D., & Fumetti, S. (2022). Intra-Alpine Islands: Population genomic inference reveals high degree of isolation between freshwater spring habitats. *Diversity and Distributions*, 28(2), 291–305. <https://doi.org/10.1111/ddi.13461>
- Boesch, H. H., Cadisch, J., & Wenk, E. (1953). *Erläuterungen zum Blatt 424 Zernez (Atlasblatt 20)* (S. 38). Schweizerische Geologische Kommission. <https://prod-swishop-s3.s3.eu-central-1.amazonaws.com/product-documents/GA25-ERL-20.pdf>
- Böttger, K. (1977). The general life cycle of fresh water mites (Hydrachnellae, Acari). *Acarologica* 18, 496–502.
- Bundesamt für Meteorologie und Klimatologie MeteoSchweiz. (2023, März 5). *Klimanormwerte Buffalora*. Klimadiagramme und Normwerte pro Station - MeteoSchweiz. <https://www.meteoschweiz.admin.ch/klima/klima-der-schweiz/klima-normwerte/klimadiagramme-und-normwerte-pro-station.html>
- Bundesamt für Umwelt BAFU. (2023, März 3). *Pärke von nationaler Bedeutung*. <https://www.bafu.admin.ch/bafu/de/home/themen/thema-landschaft/landschaft--fachinformationen/landschaftsqualitaet-erhalten-und-entwickeln/landschaften-von-nationaler-bedeutung/paerke-von-nationaler-bedeutung.html>
- Bush, A., Nipperess, D., Turak, E., & Hughes, L. (2012). Determining vulnerability of stream communities to climate change at the landscape scale: Climate change vulnerability in streams.

Freshwater Biology, 57(8), 1689–1701. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2427.2012.02835.x>

Cantonati, M., Gerecke, R., & Bertuzzi, E. (2006). Springs of the Alps – sensitive ecosystems to environmental change: From biodiversity assessments to long-term studies. *Hydrobiologia*, 562, 59–96. <https://doi.org/10.1007/s10750-005-1806-9>

Clarke, K. R., & Gorley, R. N. (2015). *PRIMER* (PRIMER-E; PRIMER v7: User Manual/Tutorial, S. 300). v7.

Davids, K., Di Sabatino, A., Gerecke, R., Gledhill, T., & Smit, H. (2007). *Süßwasserfauna von Mitteleuropa, Chelicerata: Araneae, Acari I: Bd. 7/2-1*. Springer Spektrum.

Di Sabatino, A., Gerecke, R., & Martin, P. (2000). *The biology and ecology of lotic water mites (Hydrachnidia)*. *Freshwater Biology* 44, 47–62. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2427.2000.00591.x>

Di Sabatino, A., Martin, P., Gerecke, R., & Cicolani, B. (2022). *Hydrachnidia (water mites)*. 105–135.

Ebner, J. N., Wyss, M. K., Ritz, D., & von Fumetti, S. (2022). Effects of thermal acclimation on the proteome of the planarian *Crenobia alpina* from an alpine freshwater spring. *Journal of Experimental Biology*, 225(15), jeb244218. <https://doi.org/10.1242/jeb.244218>

Erman, N. A., & Erman, D. C. (1995). Spring Permanence, Trichoptera Species Richness, and the Role of Drought. *JOURNAL OF THE KANSAS ENTOMOLOGICAL SOCIETY*, 68(2). https://www.jstor.org/stable/pdf/25085633.pdf?refreqid=excelsior%3A1465928cd57f891d0b8137976a8e9eee&ab_segments=&origin=&initiator=&acceptTC=1

Felder, S. (2013). *Faunistische Charakterisierung alpiner Quellen im Schweizerischen Nationalpark* [MSc Thesis]. Universität Basel.

Gerecke, R. (2007). *Süßwasserfauna von Mitteleuropa, Chelicerata: Araneae, Acari I: Bd. 7/2-1*. Springer Spektrum.

Gerecke, R., Cantonati, M., Spitale, D., Stur, E., & Wiedenburg, S. (2011). The challenges of long-term ecological research in springs in the northern and southern Alps: Indicator groups, habitat diversity, and medium-term change. *Journal of Limnology*, 70(Suppl. 1), 168–187. <https://doi.org/10.4081/jlimnol.2011.s1.168>

Gerecke, R., & Di Sabatino, A. (1996). Water mites (Acari, Hydrachnellae) and spring typology in Sicily. *Crunoecia*, 5, 35–42.

Gerecke, R., & Franz, H. (2006). *Quellen im Nationalpark Berchtesgaden. Lebensgemeinschaften als Indikatoren des Klimawandels* (Forschungsbericht 51). Nationalparkverwaltung Berchtesgaden (Hg.).

- Gerecke, R., Maiolini, B., & Cantonati, M. (2007). *Collecting meio- and macrozoobenthos in springs*. 265–274.
- Gerecke, R., & Martin, P. (2006). Spinnentiere: Milben (Chelicerata: Acari). *Quellen im Nationalpark Berchtesgaden, Lebensgemeinschaften als Indikatoren des Klimawandels, Nationalpark Berchtesgaden, Forschungsbericht 51*, 122–148.
- Gerecke, R., Pieri, V., Rosetti, G., Sambugar, B., & Stoch, F. (2011). Exploring species distribution of spring meiofauna (Annelida, Acari, Crustacea) in the south-eastern Alps. *Journal of Limnology*, 70, 65–76. <https://doi.org/10.4081/jlimnol.2011.s1.65>
- Gerecke, R., & Schwoerbel, J. (1991). *Water quality and water mites (Acari, Actinedida) in the upper Danube region, 1959–1984*. 483–491.
- Gibert, J., Mathieu, J., & Fournier, F. (1997). *Groundwater/surface ecotones: Biological and hydrological interactions and management options*.
- Guo, Q., Wang, Y., Ma, T., & Li, L. (2005). Variation of karst spring discharge in the recent five decades as an indicator of global climate change: A case study at Shanxi, northern China. *Science in China Series D Earth Sciences*. <https://doi.org/10.1360/04yd0113>
- Haller, H., Eisenhut, A., & Haller, R. (Hrsg.). (2013). *Atlas des Schweizerischen Nationalparks—Die ersten 100 Jahre: Bd. 99/I (2. Auflage)*. Haupt Verlag.
- Hammer, O. (2022). *PAST4—Reference Manual (S. 304)*.
- Hering, D., Schmidt-Kloiber, A., Murphy, J., Lücke, S., Zamora-Muñoz, C., López-Rodríguez, M. J., Huber, T., & Graf, W. (2009). Potential impact of climate change on aquatic insects: A sensitivity analysis for European caddisflies (Trichoptera) based on distribution patterns and ecological preferences. *Aquatic Sciences*, 71, 3–14. <https://doi.org/10.1007/s00027-009-9159-5>
- Ilmonen, J., Paasivirta, L., Virtanen, R., & Muotka, T. (2009). Regional and local drivers of macroinvertebrate assemblages in boreal springs. *Journal of Biogeography*, 36(5), 822–834. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2699.2008.02045.x>
- Küry, D. (2009). Quellen als Lebensräume. *Wasser lebendig, faszinierend, gefährlich, Baselbieter Heimatbuch Bd, 27*.
- Leyer, I., & Wesche, K. (2008). *Multivariate Statistik in der Ökologie: Eine Einführung (Korr. Nachdr)*. Springer.
- Liechti, P. (2010). Methoden zur Untersuchung und Beurteilung der Fließgewässer. Chemisch-physikalische Erhebungen, Nährstoffe. *Bundesamt für Umwelt (BAFU), Bern, Umwelt-Vollzug Nr. 1005*, 45.

- Lubini, V., Knispel, S., & Gilles, V. (2012). *Die Steinfliegen der Schweiz: Bestimmung und Verbreitung / Les Plécoptères de Suisse: Identification et distribution: Bd. Fauna Helvetica 27*. CSCF & SEG, Neuchâtel.
- Lubini, V., Knispel, S., Sartori, M., Vincentini, H., & Wagner, A. (2012). *Rote Listen Eintagsfliegen, Steinfliegen, Köcherfliegen. Gefährdete Arten der Schweiz, Stand 2010*. (S. 111). Bundesamt für Umwelt und Schweizer Zentrum für die Kartographie der Fauna.
- Lubini-Ferlin V., Stucki P., Vicentini H., & Küri D. (2016). *Ökologische Bewertung von Quell-Lebensräumen in der Schweiz. Entwurf für ein strukturelles faunistisches Verfahren. Bericht im Auftrag des Bundesamtes für Umwelt BAFU*. (S. 47).
- Martin, P. (2008). *Wassermilben (Hydrachnidia, Acari) und Insekten: Ein Überblick über eine selten betrachtete Beziehung*. 32.
- Martin, P., & Speth, S. (1996). Die substratspezifische Verteilung der Hydrachnidia (Acari) zweier Bäche in jungglazialen Sandergebieten Schleswig-Holsteins (Osterau und Rodenbek). *Zoologisches Institut der Universität Kiel*.
- Martin, P., & Stur, E. (2006). Parasite-host associations and life cycles of spring-living water mites (Hydrachnidia, Acari) from Luxembourg. *Hydrobiologia*, 573, 17–37. <https://doi.org/10.1007/s10750-006-0246-5>
- Martin, P., Stur, E., & Wiedenburg, S. (2010). Larval parasitism of spring-dwelling alpine water mites (Hydrachnidia, Acari): A study with particular reference to chironomid hosts. *Aquatic Ecology*, 44, 431–448. <https://doi.org/1007/s10452-009-9301-4>
- Mitchell, R. (1959). Journal of the New York Entomological Society. *Journal of the New York Entomological Society*, 67(1), 12.
- Nadig, A. (1942). *Hydrobiologische Untersuchungen in Quellen des Schweizerischen Nationalparks im Engadin. Unter besonderer Berücksichtigung der Insektenfauna. Ergebnisse der wissenschaftlichen Untersuchung im Schweizerischen Nationalpark* (Bd. 1). Verlag H. R. Sauerländer & Co.
- Pflugfelder, O. (1970). Schadwirkungen der Arrenurus-Larven (Acari, Hydrachnellae) am Flügel der Libelle *Sympetrum meridionale* Selys. *Zeitschrift für Parasitenkunde*, 34(2), 171–176. <https://doi.org/10.1007/BF00260388>
- Raible, C. C., & CH2014-Impacts Initiative (Hrsg.). (2014). *CH2014-Impacts: Toward quantitative scenarios of climate change impacts in Switzerland*. Universität Bern, Oeschger Centre for Climate Change Research (OCCR).

- Robinson, C. T., Schmid, D., Svoboda, M., & Bernasconi, S. M. (2008). Functional measures and food webs of high elevation springs in the Swiss alps. *Aquatic Sciences*, 70(4), 432–445. <https://doi.org/10.1007/s00027-008-8125-y>
- Rozkošný, & Kniepert, F.-W. (2000). *Süßwasserfauna von Mitteleuropa / begr. Von A. Brauer: Bd. Bde. 21: Insecta. Diptera. Stratiomyidae und Tabanidae 21/18 (Stratiomyidae), 21/19 (Tabanidae)* (J. Schwoerbel & P. Zwick, Hrsg.). Spektrum Akademischer Verlag.
- Schneider, P., Neitzel, P. L., Schaffrath, M., & Schlumprecht, H. (2003). *Leitbildorientierte physikalisch-chemische Gewässerbewertung—Referenzbedingungen und Qualitätsziele* (S. 195). Umweltbundesamt. <https://www.umweltbundesamt.de/sites/default/files/medien/publikation/long/2244.pdf>
- Schweizerischer Nationalpark. (2023, März 3). *Über uns, Zahlen und Fakten—Der Schweizerische Nationalpark im Engadin*. Der Schweizerische Nationalpark Im Engadin. <https://www.nationalpark.ch/de/about/ueber-uns/naturoase/zahlen-und-fakten/>
- Smith. (1988). Host-Parasite Interaction and Impact of Larval Water Mites on Insects. *Annual Review of Entomology*, 487–507.
- Smith, I. M., Cook, D. R., & Smith, B. P. (2001). Water mites (Hydrachnida) and other arachnids. In *Ecology and Classification of North American Freshwater Invertebrates* (S. 551–659). Academic Press.
- Smith, I. M., & Oliver, D. R. (1986). Review of parasitic associations of larval water mites (Acari: Parasitengona: Hydrachnidia) with insect hosts. *The Canadian Entomologist* 118, 407–472. <https://doi.org/10.4039/Ent118407-5>
- Steiner, B. (2005). *Hydrogeologie und -geochemie von ausgewählten Quellen im Schweizerischen Nationalpark* [Diplomarbeit]. Universität Bern.
- Ter Braak, C. J. F., & Smilauer, P. (2012). *Canoco reference manual and user's guide: Software for ordination (version 5.0)*. Microcomputer Power.
- Thienemann, A. (1926). *Die Binnengewässer Mitteleuropas*. Schweizerbart'sche Verlagsbuchhandlung GmbH. http://www.schweizerbart.de/publications/detail/artno/128000100/Binnengewasser_Bd_1__vergriffen
- von Fumetti, S. (2020). *Langzeitmonitoring ausgewählter Quellen im Schweizerischen Nationalpark*. 6.
- von Fumetti, S., Bieri-Wigger, F., & Nagel, P. (2017). *Temperature variability and its influence on macroinvertebrate assemblages of alpine springs*. 9. <https://doi.org/10.1002/eco.1878>
- von Fumetti, S., & Felder, S. (2014). Faunistic Characterization of Alpine springs in the Swiss

National Park. *eco.mont*, V6(2).

von Fumetti, S., Nagel, P., & Baltés, B. (2007). Where a springhead becomes a springbrook – a regional zonation of springs. *Fundamental and Applied Limnology Archiv für Hydrobiologie*, Vo. 169/1, 37–48.

von Fumetti, S., Nagel, P., Scheifhacker, N., & Baltés, B. (2006). Factors governing macrozoobenthic assemblages in perennial springs in north-western Switzerland. *Hydrobiologia*, 568(1), 467–475. <https://doi.org/10.1007/s10750-006-0227-8>

Wigger, F., Schmidlin, L., Nagel, P., & von Fumetti, S. (2015). Macroinvertebrate assemblages of natural springs along an altitudinal gradient in the Bernese Alps, Switzerland. *Annales de Limnologie - International Journal of Limnology*. <https://doi.org/10.1051/limn/2015018>

Wigger, F., & von Fumetti, S. (2013). Quellen und ihre Lebensgemeinschaften in den Berner Alpen. *Mitteilungen der Naturforschenden Gesellschaft in Bern*, 70, 117–131.

Woodward, G., Perkins, D. M., & Brown, L. E. (2010). Climate change and freshwater ecosystems: Impacts across multiple levels of organization. *Philosophical Transactions of The Royal Society B Biological Sciences*, 365, 2093–2106. <https://doi.org/10.1098/rstb.2010.0055>

Wüthrich R. (2015). *Faunistische Untersuchung der Quellflur Siebner Brünnen auf der Jeninser Alp, Graubünden* (S. 35). Zürcher Hochschule für Angewandte Wissenschaften ZHAW.

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1	Klimadiagramm mit Klimanormwerten der Messstation Buffalora (GR) 1991-2020.....	5
Abbildung 2	Topographische Karte im Massstab 1:10'000 mit den Quellstandorten im Val.	7
Abbildung 3	Quelle VF1, gefasst durch ein Rohr. Foto: Stefanie von Fumetti (2023)	9
Abbildung 4	Quelle VF5 mit viel Substratdiversität. Foto: Stefanie von Fumetti (2023).....	9
Abbildung 5	Vier Emergenzfallen in der Quelle VF2. Foto: Fabienne Geyer (2022)	11
Abbildung 6	Quelle VF3 mit Emergenzfallen. Foto: Fabienne Geyer (2022).....	11
Abbildung 7	Ein Individuum der Familie Dolichopodidae mit zwei Milben	18
Abbildung 8	Ein Individuum der Dipterenfamilie Sciaridae mit einer Milbe am Hals.....	18
Abbildung 9	Ein Individuum der Gattung Leuctra mit einer Milbe	19
Abbildung 10	Ein Individuum der Familie der Chironomidae mit einer Milbe.....	19
Abbildung 11	Ein Individuum der Gattung Leuctra mit drei Milben	19
Abbildung 12	Wassertemperatur pro Quellstandort und Jahr 2013, 2019-2021.....	22
Abbildung 13	Elektrische Leitfähigkeit pro Quellstandort und Jahr 2013, 2019-2021.	22
Abbildung 14	Anzahl total bestimmte Taxa pro Quellstandort	23
Abbildung 15	Anzahl Taxa pro Quelle und Jahr.....	24
Abbildung 16	Anzahl gefundene Individuen pro Quelle und Jahr	25
Abbildung 17	Anzahl Hydrachnida pro Quellstandort und Jahr.	27
Abbildung 18	Gestapeltes Flächendiagramm der Hydrachnida VF1	28
Abbildung 19	Gestapeltes Flächendiagramm der Hydrachnida VF2.	28
Abbildung 20	Gestapeltes Flächendiagramm der Hydrachnida VF3	29
Abbildung 21	Gestapeltes Flächendiagramm der Hydrachnida VF3.	29
Abbildung 22	nMDS-Plot der Quellen VF1, VF2, VF3 und VF5 pro Jahr.....	34
Abbildung 23	nMDS-Plot der Quellen VF1, VF2, VF3 und VF5 pro Standort.....	35
Abbildung 24	Hauptkomponentenanalyse (PCA).....	36

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1 Grundlageninformationen zu den Quellen.....	6
Tabelle 2 Artenliste der Parasitierungsaufnahmen 2022 in den Quellen VF2 und VF3.....	20
Tabelle 3 Artenliste der Parasitierungsaufnahmen 2022	20
Tabelle 4 Mittelwerte und Standardabweichungen (SD) zur Abiotik 2013, 2019-2021	21
Tabelle 5 Artenliste mit allen Taxa 2013, 2019-2021	31
Tabelle 6 Fortsetzung Artenliste mit allen Taxa 2013, 2019-2021	32
Tabelle 7 Werte zum Mann-Kendall-Test.....	37

Abkürzungsverzeichnis

ANOSIM	Analysis of Similarity
EPT	Ephemeroptera, Plecoptera, Trichoptera
EZG	Einzugsgebiet
LZM	Langzeitmonitoring
MZB	Makrozoobenthos
nMDS	non-metric Multidimensional Scaling
PCA	Principle Components Analysis
SNP	Schweizerischer Nationalpark
ZHAW	Zürcher Hochschule für Angewandte Wissenschaften

Anhang A

Abkürzungen Hauptkomponentenanalyse

Taxa (Gattung Art)

<i>AllgUnct</i>	<i>Allogamus uncatus</i>	<i>MelMel</i>	<i>Melampophylax melampus</i>
<i>AmphStan</i>	<i>Amphinemura standfussi</i>	<i>NemoMort</i>	<i>Nemoura mortoni</i>
<i>AtracSp</i>	<i>Atractides</i> sp.	<i>NemoSinu</i>	<i>Nemoura sinuata</i>
<i>Ceratopg</i>	Ceratopogonidae	<i>NemrPict</i>	<i>Nemurella pictetii</i>
<i>ConsCons</i>	<i>Consorophylax consors</i>	<i>OxycPard</i>	<i>Oxycera pardalina</i>
<i>DicrnSp</i>	<i>Dicranota</i> sp.	<i>PartStei</i>	<i>Partnunia steinmanni</i>
<i>Dixa</i>	<i>Dixa</i> spp.	<i>PedicSp</i>	<i>Pedicia</i> sp.
<i>Dicty</i>	<i>Dictyogenus</i> spp.	<i>Perloide</i>	Perloidea
<i>DruBig</i>	<i>Drusus biguttatus</i>	<i>Philop</i>	Philopotamidae
<i>DrusChrs</i>	<i>Drusus chrysotus</i>	<i>PlecGeno</i>	<i>Plectrocnemia geniculata</i>
<i>DrusDisc</i>	<i>Drusus discolor</i>	<i>Polycent</i>	<i>Polycentropodidae</i>
<i>Drusinae</i>	<i>Drusinae</i>	<i>ProtBrev</i>	<i>Protonemura brevistyla</i>
<i>DrusNigr</i>	<i>Drusus nigrescens</i>	<i>ProtCfAu</i>	<i>Protonemura cf. auberti</i>
<i>DrusMont</i>	<i>Drusus monticola</i>	<i>ProtLatr</i>	<i>Protonemura lateralis</i>
<i>FeltrSp</i>	<i>Feltria</i> sp.	<i>ProtnSp</i>	<i>Protonemura</i> sp.
<i>HalsRubr</i>	<i>Halesus rubricollis</i>	<i>Psychodi</i>	Psychodidae
<i>HygrNorv</i>	<i>Hygrobatas norvegicus</i>	<i>RhyGla</i>	<i>Rhyacophila glareosa</i>
<i>HydrPlac</i>	<i>Hydrovolzia placophora</i>	<i>RhyacSp</i>	<i>Rhyacophila</i> sp.
<i>IsopRivl</i>	<i>Isoperla rivulorum</i>	<i>Simul</i>	<i>Simulium</i> spp.
<i>LeuRos</i>	<i>Leuctra rosinae</i>	<i>SpeSqu</i>	<i>Sperchon squamosus</i>
<i>LeucArmt</i>	<i>Leuctra armata</i>	<i>SperMutl</i>	<i>Sperchon mutilus</i>
<i>LeucGrBr</i>	<i>Leuctra gr. braueri-muranyii</i>	<i>SperThie</i>	<i>Sperchon thienemanni</i>
<i>LeuctSp</i>	<i>Leuctra</i> sp.	<i>SperVerr</i>	<i>Sperchonopsis verrucosa</i>
<i>Limneph</i>	<i>Limnephilidae</i>	<i>SperViol</i>	<i>Sperchon violaceus</i>
<i>LithNigr</i>	<i>Lithax niger</i>	<i>WormOccp</i>	<i>Wormaldia occipitalis</i>
<i>LjaniSp</i>	<i>Ljania</i> sp.	<i>ThaumSp</i>	<i>Thaumalea</i> sp.

Anhang B

Rohdaten Abiotik aller Quellen 2013 und 2019-2021

date	Temp	pH	Cond	O2 %	O2 mg/L	moss	roots	wood	debris	vegetation	siliclay	sand	fine gravel	coarse grav/stones	blois
VF1 (FWQ)	03.06.13	5	7.7	273	96	8.1									
	26.09.13	5.3	8.1	273	96	8.1									
	22.5.19	5	8	268	102	10.4	4	1	2	1	0	0	2	1	2
	15.7.19	N/A	8.1	250	N/A	N/A	4	1	1	0	0	1	1	2	1
	21.10.19	5.2	8.2	272	98	10.2	4	1	1	1	0	0	1	1	2
	31.5.20	5	8.1	268	99	10.2	2	1	1	0	0	0	1	1	2
	12.7.20	5.2	8.1	256	102	10.5									
	10.10.20	5.3	7.9	264	N/A	N/A									
	30.5.21	5	8	263	98.5	10.2	4	0	1	1	0	0	0	1	2
	12.7.21	5.4	7.9	254	100	10.3	4	0	1	0	0	0	1	1	2
	8.10.21	5.2	8	274	99	10.3	4	0	1	0	0	0	1	1	2
	13.7.22	5.2	8.1	278	97	10.1	4	0	1	1	0	0	1	1	2
MW			8.04	264.7	99.4375	10.275	3.75	0.5	1.125	0.625	0	0.125	1	1.125	1.125
SD			0.091651514	8.649277426	1.685184	0.119895788									
VF2	03.06.13	5.7	7.2	328	93	7.5									
	26.09.13	6.7	7.7	328	93	7.5									
	20.5.19	4.5	7.9	322	N/A	N/A	4	1	3	1	1	0	1	1	3
	15.7.19	N/A	8	328	N/A	N/A	4	1	1	1	0	0	0	2	1
	21.10.19	6.1	7.7	340	94	9.4	3	2	2	1	0	1	1	2	2
	31.5.20	5.3	7.9	331	98	9.96	4	1	3	2	1	1	1	2	2
	12.7.20	7.7	7.8	331	98	9.5									
	10.10.20	6.1	7.8	329	N/A	N/A	3	1	2	1	1	0	1	2	1
	30.5.21	4.5	7.8	315	98	10.1	4	1	2	1	0	0	1	1	2
	12.7.21	6.8	7.5	322	98	9.6	4	1	2	1	1	0	1	1	1
	8.10.21	6.4	7.7	343	100	9.9	3	0	1	1	0	0	1	1	1
	13.7.22	7.5	8.4	336	100	9.7	2	1	2	1	1	0	1	2	2
MW			7.85	329.7	98	9.737142857	3.444444444	1	2	1.111111	0.555556	0.222222	0.8889	1.333333	1.777778
SD			0.224722051	8.148233093	1.85164	0.238430241									
VF3	03.06.13	4.5	7.7	286	96	8.1									
	26.09.13	4.8	8	286	96	8.1									
	20.5.19	4.7	8	290	N/A	N/A	3	1	3	1	1	0	1	1	2
	15.7.19	N/A	8	288	N/A	N/A	3	1	1	1	0	0	0	3	2
	21.10.19	4.8	8.4	285	99	10.2	2	2	3	1	0	1	2	2	1
	31.5.20	4.3	8.3	284	100	10.4	1	1	3	1	1	0	1	2	2
	12.7.20	5.3	8.2	282	101	10.3									
	10.10.20	4.4	8.1	279	N/A	N/A	1	1	3	1	0	0	1	1	2
	30.5.21	4.5	8.1	281	101	10.5	1	1	3	1	0	0	1	2	2
	12.7.21	4.9	8.2	278	102	10.4	2	1	3	1	0	0	1	2	2
	8.10.21	4.5	8.2	290	102	10.6	2	1	3	1	0	0	1	2	2
	13.7.22	5.1	8.4	283	101	10.4	2	1	2	1	0	0	1	2	2
MW			8.19	284	100.8571	10.4	1.888888889	1.111111	2.666667	1	0.222222	0.1111	1	1.555556	2
SD			0.137477271	4.049691346	0.989743	0.119522861									
VF5 (FWQ)	03.06.13	5.2	7.9	275	95	9.6									
	26.09.13	5.7	8.1	275	95	9.6									
	22.5.19	5.5	8.2	279	96	9.75	4	1	2	1	1	0	1	2	3
	16.7.19	5.9	8.3	266	102	10.3	4	1	1	1	0	1	2	1	1
	21.10.19	5.8	8.3	278	100	10.3	3	1	2	0	1	0	1	2	3
	30.5.20	6.3	8.2	285	102	10.2	3	1	2	2	1	1	1	2	2
	11.7.20	N/A	8.1	283	106	10.3									
	9.10.20	6.5	8.1	280	N/A	N/A	4	1	1	1	1	1	1	2	3
	30.5.21	9.2	8.3	281	106	9.1	3	1	2	1	0	1	1	2	2
	12.7.21	9.4	8.8	278	105	9.8	3	1	1	1	1	0	1	1	2
	8.10.21	6.2	8.2	294	105	10.6	3	0	1	1	1	0	1	2	1
	09.07.22	10.5	8.3	285	105	9.6	2	1	2	1	2	0	1	2	1
MW			8.28	280.9	103	9.994444444	3.222222222	0.888889	1.555556	1	0.3333	1	1.666667	2	1.889
SD			0.188679623	6.729784543	3.162278	0.433977553									

Ehrenwörtliche Erklärung



Universität
Basel

Philosophisch-Naturwissenschaftliche
Fakultät



Erklärung zur wissenschaftlichen Redlichkeit und Veröffentlichung der Arbeit (beinhaltet Erklärung zu Plagiat und Betrug)

Titel der Arbeit: Besiedlung von Quellen im Val Ftur im Schweizerischen Nationalpark (GR) unter besonderer Berücksichtigung der Wassermilben

Name Beurteiler*in: Dr. Stefanie von Fumetti

Name Student*in: Fabienne Geyer

Matrikelnummer: 20-060-075

Matrikelnummer: _____

Mit meiner Unterschrift erkläre ich, dass mir bei der Abfassung dieser Arbeit nur die darin angegebene Hilfe zuteil wurde und dass ich sie nur mit den in der Arbeit angegebenen Hilfsmitteln verfasst habe. Ich habe sämtliche verwendeten Quellen erwähnt und gemäss anerkannten wissenschaftlichen Regeln zitiert.

Basel, 30.06.2023

Ort, Datum: _____ Student*in: _____

Wird diese Arbeit oder Teile davon veröffentlicht?

Nein

Ja. Mit meiner Unterschrift bestätige ich, dass ich mit einer Veröffentlichung der Arbeit (print/digital) in der Bibliothek, auf der Forschungsdatenbank der Universität Basel und/oder auf dem Dokumentenserver des Departements / des Fachbereichs einverstanden bin. Ebenso bin ich mit dem bibliographischen Nachweis im Katalog SLSP (Swiss Library Service Platform) einverstanden. (nicht Zutreffendes streichen)

30.06.2023

Veröffentlichung ab: _____

Basel, 30.06.2023

Ort, Datum: _____ Student*in: _____

Ort, Datum: _____ Beurteiler*in: _____

Diese Erklärung ist in die Bachelor-, resp. Masterarbeit einzufügen.

März 2022