

# **Erfassung und Dokumentation der genetischen Variabilität von Wildpopulationen des Edelkrebs (*Astacus astacus*) aus verschiedenen Flussgebietseinheiten in Deutschland**

## **Abschlussbericht**

erstellt im Auftrag des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft  
über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung



Thomas Schmidt, Anne Schrimpf, Kathrin Theissing, Ralf Schulz

**Institut für Umweltwissenschaften**

**Universität Koblenz-Landau**

**Fortstrasse 7, 76829 Landau/Pfalz**

Projektnummer: 12BE-004

Projektlaufzeit: 28.09.2012 – 27.06.2015

Berichtszeitraum: 28.09.2012 – 27.06.2015

Zusammenarbeit mit anderen Stellen: Fachausschuss Aquatische Genetische Ressourcen, Fischereibehörden und Forschungsstellen der Bundesländer und Regierungspräsidien, fischerei-, naturschutz- und tierschutzrechtliche Genehmigungsbehörden, Fischereiverbände, externe Fachkollegen, Inhaber von Fischereirechten





Zitiervorschlag:

Schmidt, T., Schrimpf, A., Theissingner, K. & Schulz, R. (2015) Erfassung und Dokumentation der genetischen Variabilität von Wildpopulationen des Edelkrebse (*Astacus astacus*) aus verschiedenen Flussgebietseinheiten in Deutschland. Abschlussbericht an die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung, Institut für Umweltwissenschaften, Universität Koblenz-Landau, Landau, Deutschland, 80 S.

Planung: Thomas Schmidt, Anne Schrimpf, Ralf Schulz

Bearbeitung: Anne Schrimpf, Thomas Schmidt, Ralf Schulz, Kathrin Theissingner, Britta Wahl-Ermel, Kathrin Metzner, Sylke Müller, Christian Löb, Anna Hundt, David Elsaesser

Bericht: Thomas Schmidt, Anne Schrimpf, Kathrin Theissingner, Ralf Schulz

Titelbild: Anne Schrimpf

Die Autoren bedanken sich bei dem Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft für die Finanzierung des Projektes.

## **Vorwort**

Dieser Bericht beschreibt die Arbeiten im Rahmen der Untersuchung "Erfassung und Dokumentation der genetischen Variabilität von Wildpopulationen des Edelkrebse (*Astacus astacus*) aus verschiedenen Flussgebietseinheiten in Deutschland" für den Zeitraum von Oktober 2012 bis Juni 2015. Die Ergebnisse der Studie werden dargestellt. Separate Berichte erschienen, bzw. erscheinen zu den weiteren von der Universität Koblenz-Landau im Rahmen dieses Projektes untersuchten Arten Bachforelle (*Salmo trutta fario*) und Quappe (*Lota lota*).

Gegenstand der Untersuchung ist die populationsgenetische Charakterisierung wilder Edelkrebsbestände aus verschiedenen Flussgebietseinheiten Deutschlands. Mittels dieser Charakterisierungen sollen geeignete, evolutionär eigenständige Einheiten des Edelkrebse für praxisnahe Maßnahmen des Bestandsmanagements im Bezug auf Fischereiwirtschaft und Artenschutz identifiziert werden. Die Grundlagen für den Erhalt der Vielfalt dieser aquatischen genetischen Ressource und ihre nachhaltige Nutzung sollen damit wissenschaftlich fundiert werden. Die erhobenen Daten sollen in die AGRDEU-Datenbank der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) eingestellt werden.

## Gliederung

1	Ziele und Aufgabenstellung des Projekts.....	9
2	Planung und Ablauf des Projekts.....	11
2.1	Angepasster Arbeitsplan.....	11
2.2	Ablauf des Projekts.....	11
2.2.1	Kommunikation mit Kooperationspartnern.....	11
2.2.2	Auswahl der Probestandorte.....	12
2.2.3	Genehmigungsverfahren.....	15
2.2.4	Probenahmen.....	17
2.2.5	Laborarbeiten.....	17
2.2.6	Datenanalysen.....	17
3	Wissenschaftlicher und technischer Stand, an den angeknüpft wurde.....	18
3.1	Übersicht über relevante populationsgenetische und phylogenetische Studien der Art.....	18
3.2	Verwendete Methoden.....	20
4	Material und Methoden.....	22
4.1	Probenahmen.....	22
4.1.1	Räumliche Verteilung der untersuchten Populationen.....	22
4.1.2	Steckbriefe Populationen.....	23
4.2	Laborarbeit.....	49
4.2.1	Sequenzanalysen.....	49
4.2.2	Mikrosatellitenanalysen.....	49
4.3	Datenanalysen.....	50
4.3.1	Sequenzanalyse.....	50
4.3.2	Mikrosatellitenanalyse.....	50
5	Ergebnisse.....	52
5.1	Sequenzanalyse.....	52
5.2	Mikrosatellitenanalyse.....	56
6	Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse.....	61
6.1	Bewertung der untersuchten Populationen.....	61
6.2	Empfehlung von Managementeinheiten.....	65
7	Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen und Hinweise auf weiterführende Fragestellungen.....	69
8	Zusammenfassung.....	72
8.1	Zusammenfassung.....	72
8.2	Abstract.....	73
9	AGRDEU Datenstruktur.....	73
10	Zitierte Literatur.....	76
Anhang	.....	81

## Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Arbeitsplan. Änderungen am ursprünglichen Zeitplan sind hellblau markiert. ....	11
Abbildung 2: Übersichtskarte der Standorte der 32 untersuchten Populationen.. ....	14
Abbildung 3: Verbreitung des Edelkrebsses ( <i>Astacus astacus</i> ) in Deutschland. ....	23
Abbildung 4: Graphische Darstellung der Haplotypendiversität basierend auf den Sequenzdaten und des erwarteten Heterozygotiegrades basierend auf den Mikrosatellitendaten aller 31 untersuchten Edelkrebspopulationen. ....	53
Abbildung 5: Median-Joining-Netzwerk bestehend aus den Haplotypen der 350 bp langen COI der untersuchten Edelkrebspopulationen. ....	54
Abbildung 6: Graphische Darstellung (Histogramm) der Verteilung der sieben identifizierten Haplotypen mit absoluten Abundanzen pro Population gruppiert nach Flussgebietseinheit.....	54
Abbildung 7: Faktorielle Korrespondenzanalyse mit Edelkrebsen von 31 Populationen aus den untersuchten Flusseinzugsgebieten: Populationen.....	57
Abbildung 8: Faktorielle Korrespondenzanalyse mit Edelkrebsen von 31 Populationen aus den untersuchten Flusseinzugsgebieten: Individuen .....	58
Abbildung 9: Bayesische Clusteranalyse für acht Flusseinzugsgebiete.. ....	58
Abbildung 10: Bayesische Clusteranalyse für die 31 untersuchten Populationen.. ....	59
Abbildung 11: Admixture-Analyse von 1090 Individuen der 31 untersuchten Populationen. ....	60

## Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Untersuchte Populationen des Edelkrebse ( <i>Astacus astacus</i> ) in Deutschland.....	15
Tabelle 2: Population A001 .....	24
Tabelle 3: Population A002 .....	25
Tabelle 4: Population A005 .....	26
Tabelle 5: Population A007 .....	26
Tabelle 6: Population A008 .....	28
Tabelle 7: Population A009 .....	28
Tabelle 8: Population A013 .....	29
Tabelle 9: Population A014 .....	30
Tabelle 10: Population A017 .....	31
Tabelle 11: Population A026 .....	32
Tabelle 12: Population A031.6 .....	32
Tabelle 13: Population A034.2 .....	33
Tabelle 14: Population A042 .....	34
Tabelle 15: Population A046 .....	34
Tabelle 16: Population A053 .....	35
Tabelle 17: Population A067 .....	36
Tabelle 18: Population A068 .....	37
Tabelle 19: Population A069 .....	38
Tabelle 20: Population A072 .....	38
Tabelle 21: Population A073 .....	39
Tabelle 22: Population A076 .....	40
Tabelle 23: Population A077 .....	40
Tabelle 24: Population A078 .....	41
Tabelle 25: Population A080 .....	42
Tabelle 26: Population A081 .....	43
Tabelle 27: Population A082 .....	44
Tabelle 28: Population A083 .....	44
Tabelle 29: Population A085 .....	45
Tabelle 30: Population A087 .....	46
Tabelle 31: Population A088 .....	46
Tabelle 32: Population A089 .....	47
Tabelle 33: Population A090 .....	48
Tabelle 34: Ergebnisse der Sequenz- und Mikrosatellitenanalyse pro Flusseinzugsgebiet. ....	52
Tabelle 35: Auflistung der paarweisen $F_{ST}$ -Werte basierend auf Mikrosatellitendaten zwischen den Flusseinzugsgebieten .....	56
Tabelle 36 Ergebnisse der Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) der Mikrosatellitendaten.....	57
Tabelle 37: Datenstruktur pro untersuchter Population am Beispiel der Population „Warme Bode“ aus dem Flusseinzugsgebiet der Elbe.....	74
Tabelle 38: Datenstruktur für Durchschnittswerte aller untersuchten Populationen der betreffenden Art <i>Astacus astacus</i> .....	75
Tabelle A1: Ergebnisse der Sequenzanalyse und der Mikrosatellitenanalyse für jede Population.. ....	81
Tabelle A2: Auflistung der paarweisen $F_{ST}$ -Werte.....	82
Tabelle A3: Allelfrequenzen an den 12 untersuchten Mikrosatellitenloci .....	83



## 1 Ziele und Aufgabenstellung des Projekts

Die biologische Vielfalt ist ein wichtiges, international anerkanntes Schutzgut. Die nachhaltige Nutzung ihrer Bestandteile (genetische Ressourcen) wurde z.B. 1993 in dem von Deutschland ratifizierten Übereinkommen über die biologische Vielfalt (CBD) als Ziel formuliert. Das Prinzip „Schutz durch Nutzung“ wird auch im nationalen Fachprogramm „Aquatische Genetische Ressourcen“ des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft umgesetzt. Dieses Prinzip setzt die angemessene Berücksichtigung von evolutionsbiologisch als eigenständig zu betrachtenden Populationen innerhalb einzelner Arten voraus. Auf dieser Grundlage kann das wesentliche Ziel des Projekts realisiert werden: Die Identifizierung und Bewertung geeigneter Einheiten [„Evolutionary Significant Units“ (ESUs)] für praxisnahe Maßnahmen des Bestandsmanagements mit Bezug auf Fischereiwirtschaft und Artenschutz.

Für wichtige fischereilich relevante Arten lagen für das Gebiet der Bundesrepublik Deutschland bisher nur unzureichende molekulargenetische Informationen vor. Das trifft insbesondere auf Wildpopulationen des Edelkrebs (*Astacus astacus*), der Barbe (*Barbus barbus*), der Quappe (*Lota lota*) und der Bachforelle (*Salmo trutta*) zu.

Gegenstand dieser Untersuchung ist die populationsgenetische Charakterisierung wilder Edelkrebsbestände aus verschiedenen Flussgebietseinheiten Deutschlands. Molekulargenetische und phänotypische Informationen über diese Arten waren zu erfassen und zu dokumentieren und ausgewählte Bestände/Populationen zu charakterisieren. Natürliche Ursachen für die Ausprägung unterschiedlicher Typen innerhalb von Arten können Unterschiede in der Besiedlungsgeschichte von Flusseinzugsgebieten (Whitehead et al. 2003) und evolutionäre Anpassungen an verschiedenartige regionale Umweltbedingungen (z.B. Klimabedingungen, physikalisch-chemische Wasserparameter) sein. Auch diese Prozesse waren bei der Auswahl der zu untersuchenden Bestände und der Bewertung der genetischen Differenzierung der Populationen zu berücksichtigen. Als zu untersuchende Population wird daher in dieser Studie eine Gruppe von Individuen einer Art definiert, die in einem räumlich abgegrenzten geographischen Gebiet leben und sich potenziell miteinander verpaaren können. Bei der Bewertung der erhobenen Daten ist besonders zu berücksichtigen, dass der genetische Zustand (v.a. Integrität und Diversität) vieler wild lebender Fisch- und Krebspopulationen in der Vergangenheit

durch Eingriffe des Menschen stark überprägt wurde (Albrecht 1983; Schiemer 1988; Schrimpf et al. 2011; Souty-Grosset and Reynolds 2009).

Mittels der genetischen Charakterisierung sollen geeignete, evolutionär eigenständige Einheiten des Edelkrebse für praxisnahe Maßnahmen des Bestandsmanagements in Bezug auf Fischereiwirtschaft und Artenschutz identifiziert werden. Die Grundlagen für den Erhalt der Vielfalt dieser aquatischen genetischen Ressource und ihre nachhaltige Nutzung sollen damit wissenschaftlich fundiert werden. Die erhobenen Daten sollen in die AGRDEU-Datenbank der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) eingestellt werden.

## 2 Planung und Ablauf des Projekts

### 2.1 Angepasster Arbeitsplan

Für das Projekt vom 28. September 2012 bis zum 27. Juni 2015 waren zehn, sich überschneidende Arbeitsphasen (AP I – AP X) vorgesehen.

Aufgrund von Verzögerungen in der Beschaffung der notwendigen Genehmigungen und von Probenmaterial musste der ursprüngliche Zeitplan an die Erfordernisse angepasst werden (Abb. 1).

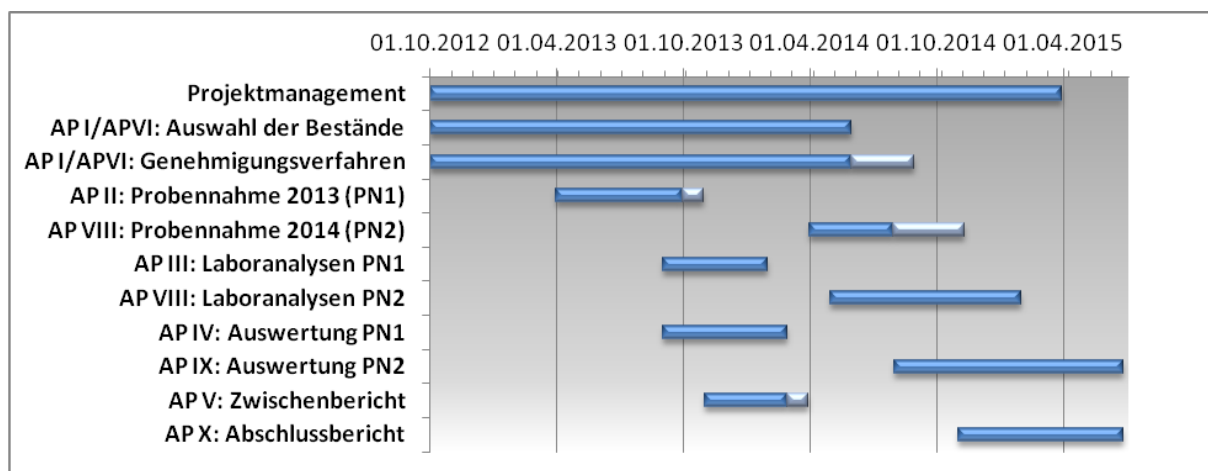


Abbildung 1: Arbeitsplan. Änderungen am ursprünglichen Zeitplan sind hellblau markiert. (AP = Arbeitsphase; PN = Probennahme)

### 2.2 Ablauf des Projekts

#### 2.2.1 Kommunikation mit Kooperationspartnern

Die einschlägigen Behörden und Einrichtungen des Bundes und der Länder wurden kontaktiert, um Informationen über potentiell relevante Bestände des Edelkrebsses und deren Bewirtschaftung zu erhalten. Ferner wurden Informationen zu Maßnahmen, in deren Zuge Probenahmen erfolgen könnten, abgefragt. Im Besonderen wurde hier auch der Fachausschuss „Aquatiscche Genetische Ressourcen“ der BLE u.a. im Hinblick auf die „GAK-Liste förderfähiger Wildpopulationen“ eingebunden. Nach der Auswahl der zu untersuchenden Bestände sollten die notwendigen Genehmigungsverfahren für die Probenahmen durchgeführt werden.

Einerseits wurden einschlägige Personen und Institutionen direkt kontaktiert. Andererseits wurde über Publikationen in verschiedenen relevanten Medien eine breitere Öffentlichkeit angesprochen, wobei in Abstimmung mit den Kollegen aus

Dresden, welche die Barbe bearbeitet haben, jeweils alle vier im Projekt insgesamt zu bearbeitenden Arten einbezogen wurden. Dieses Vorgehen diente neben der Informationsrecherche der Bekanntmachung der Studie und damit verbunden der Schaffung von Akzeptanz, insbesondere bei den Fischereirechtsinhabern.

Im ersten Schritt wurde der gesamte Fachausschuss Aquatische Genetische Ressourcen (FA AGR) mit der Bitte um Informationen zu einzelnen, potentiell relevanten Beständen angeschrieben, auch im Hinblick auf die Liste förderfähiger Stämme und Wildpopulationen von Fischarten gemäß des GAK-Rahmenplans 2008 - 2011. Gleichzeitig wurden etwa 30 persönliche Kontakte mit relevanter Expertise direkt angesprochen. Des Weiteren wurde ein Brief mit der Bitte um Informationen verfasst. Dieser wurde an alle oberen und obersten Fischereibehörden und die fischereilichen Forschungseinrichtungen der Länder sowie an alle Fischerei-, Angler-, und einschlägige Berufsverbände versendet. Insgesamt wurden so ca. 180 Einzelpersonen und Institutionen angesprochen.

Artikel zur Bekanntmachung der Untersuchungen, ebenfalls mit der Bitte um Informationen zu möglicherweise relevanten Beständen des Edelkrebsses verbunden, konnten in den Medien „Fischer und Teichwirt“ (Schmidt et al. 2013a), „forum flusskrebse“ (Schmidt et al. 2013b), „Fischerei und Fischmarkt in Mecklenburg-Vorpommern“ (Schmidt et al. 2013c), „Fischwaid“ (Schmidt et al. 2013d) und „Fischerei und Gewässer in RLP“ (Schmidt et al. 2013e) platziert werden.

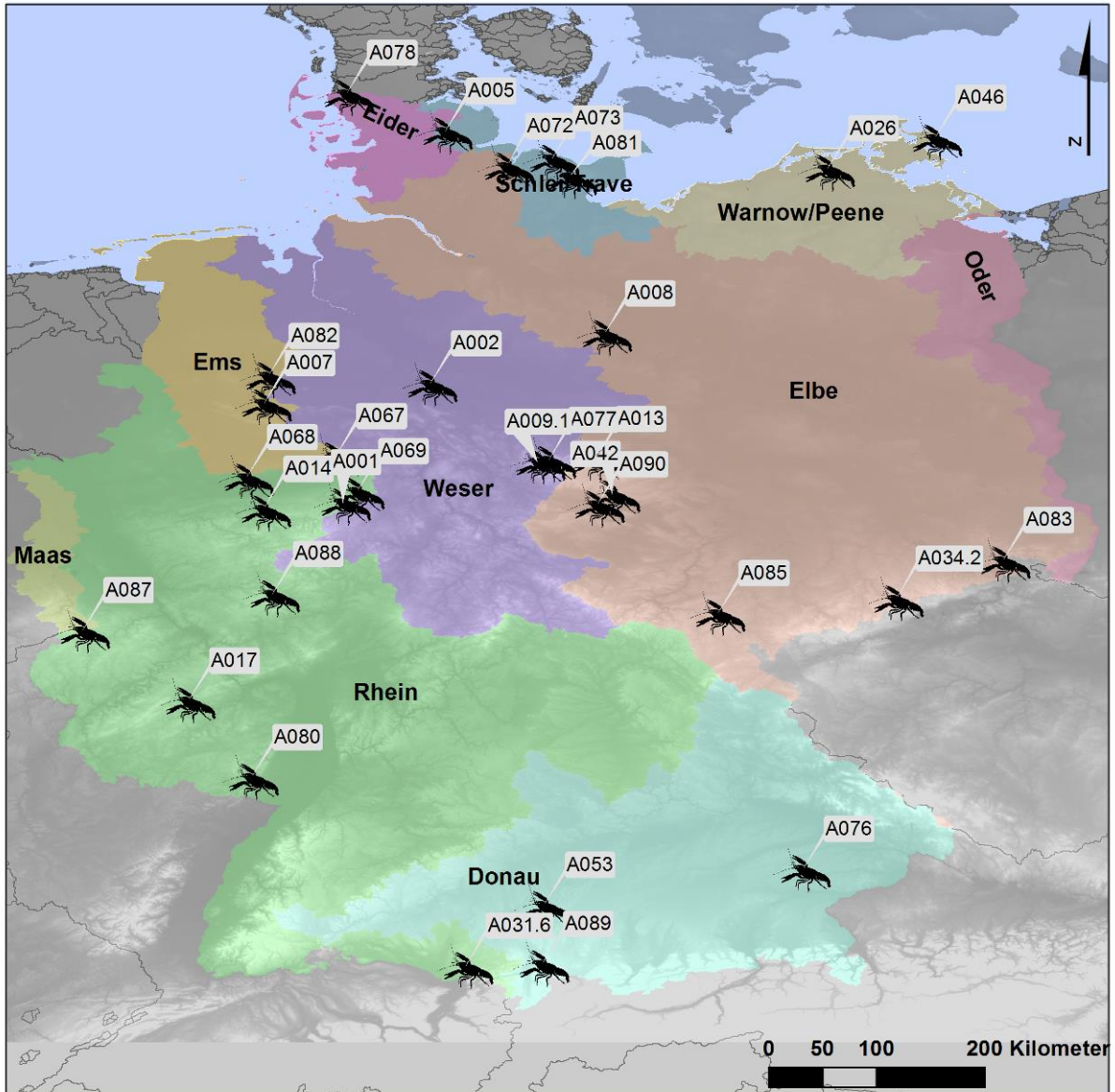
### **2.2.2 Auswahl der Probestandorte**

Die Auswahl der zu untersuchenden Bestände ist in dieser Studie von besonderer Bedeutung. Die Orte der Probenahmen sollten das gesamte Gebiet Deutschlands repräsentieren und verschiedene Flussgebietseinheiten umfassen. Der Fokus lag hierbei auf autochthonen Beständen. Beim Edelkrebs ist davon auszugehen, dass die natürlichen populationsgenetischen Strukturen dieser Art in weiten Bereichen des Untersuchungsgebietes anthropogen überformt sind. Informationen über das historische und aktuelle Management konkreter Bestände waren bei der Festlegung der zu untersuchenden Populationen daher unbedingt zu berücksichtigen. Derartige Informationen sind aber in der Regel nicht öffentlich verfügbar und, sofern vorhanden, nur schwer zugänglich. Um trotzdem eine möglichst repräsentative Auswahl an Edelkrebsbeständen identifizieren zu können, wurde hier versucht, neben den üblichen Literatur- und Datenbankrecherchen, bereits in einer frühen

Projektphase die Expertise verschiedener Interessengruppen einzuholen.

In unmittelbarer Reaktion auf Kommunikation mit den Kooperationspartnern ergaben sich insgesamt ca. 50 positive Rückmeldungen. Aus diesen Rückmeldungen und daran anschließenden weiteren Recherchen konnten letztlich Informationen zu etwa 75 Edelkrebsbeständen in Deutschland zusammengestellt werden. Die räumliche Auflösung dieser Informationen reicht dabei von konkreten Gewässerabschnitten bis zu Regionen (z.B. "Westtharzer Hüttenteiche"), die weiter konkretisiert werden mussten. Einzelne Gebiete, wie z.B. das südliche Sachsen oder das Einzugsgebiet des Mains, sind bisher noch unterrepräsentiert und im weiteren Untersuchungsverlauf besonders zu berücksichtigen. Es zeigte sich, dass einige Vorkommen des Edelkrebses, zu denen Vorabinformationen vorlagen, inzwischen als erloschen gelten müssen. Die wahrscheinliche Ursache hierfür ist die Krebspest. Weitere Gebiete, z.B. die hessische Rhön oder Unterfranken, wurden nicht untersucht, da hier ausschließlich Bestände aus Besatzmaßnahmen bekannt sind.

Zur Überprüfung der räumlichen Kriterien der Autochthonie und der Verteilung der Probenstandorte wurde eine GIS-Analyse durchgeführt. Die Standorte wurden mit Informationen zu Gewässern (BfG 2011), Landschaften (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), Flusseinzugsgebieten (BfG 2011; Lehner et al. 2008), räumlicher Lage der Wildpopulationen von Fischarten gemäß des GAK-Rahmenplans 2008 – 2011 (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), Geländehöhe (Jarvis et al. 2008), administrativen Einheiten (Eugster and Schlesinger 2012), Verbreitungsdaten (Kouba et al. 2014) und Schutzgebieten (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012) verschnitten und somit 32 als repräsentativ eingestufte Populationen ausgewählt (Abb. 2).



**Abbildung 2:** Übersichtskarte der Standorte der 32 untersuchten Populationen. Die Flussgebietseinheiten sind für das Gebiet der Bundesrepublik Deutschland dargestellt.

**Tabelle 1: Untersuchte Populationen des Edelkrebse (*Astacus astacus*) in Deutschland**

Population	Gewässer	Flusseinzugsgebiet	Bundesland	Geographische Lage
A001	Aabachsee	Rhein	NW	51° 29' N, 8° 44' E
A002	Teichanlagen Poggenhagen	Weser	NI	52° 28' N, 9° 27' E
A005	Langsee	Schlei/Trave	SH	54° 34' N, 9° 34' E
A007	Ruller Flut	Ems	NI	52° 18' N, 8° 4' E
A008	Schnegaer Mühlenbach	Elbe	NI	52° 53' N, 10° 54' E
A009.1	Schröterbacher Teich	Weser	NI	51° 49' N, 10° 21' E
A013	Teich bei Wernigerode	Elbe	ST	51° 51' N, 10° 49' E
A014	Wanne	Rhein	NW	51° 26' N, 8° 4' E
A017	Waldweiher im Soonwald	Rhein	RP	49° 50' N, 7° 26' E
A026	Barthe	Warnow/Peene	MV	54° 15' N, 12° 45' E
A031.6	Weiher bei Neuravensburg	Rhein	BW	47° 37' N 9° 45' E
A034.2	Bielabach	Elbe	SN	50° 41' N, 13° 19' E
A042	Butterberger Teich	Elbe	ST	51° 33' N, 10° 58' E
A046	Verschiedene Gewässer Rügens	Warnow/Peene	MV	54° 31' N, 13° 39' E
A053	Dorfteich Breitenbrunn	Donau	BY	48° 8' N, 10° 24' E
A067	Sennese	Ems	NW	51° 52' N, 8° 40' E
A068	Hamm-Haarener Baggersee Nr. 4	Rhein	NW	51° 41' N, 7° 55' E
A069	HRB Husen-Dalheim	Rhein	NW	51° 34' N, 8° 50' E
A072	Schulensee	Elbe	SH	54° 17' N, 10° 5' E
A073	Hohenfelder Mühlenau	Schlei/Trave	SH	54° 20' N, 10° 28' E
A076	Bina	Donau	BY	48° 26' N, 12° 33' E
A077	Okertalsperre	Weser	NI	51° 50' N, 10° 26' E
A078	Ruttenbühler See	Eider	SH	54° 53' N, 8° 45' E
A080	Schwanenweiher	Rhein	RP	49° 12' N, 7° 58' E
A081	Großer Benzer See	Schlei/Trave	SH	54° 12' N, 10° 37' E
A082	Kronlager Mühlenteich	Ems	NI	52° 32' N, 8° 6' E
A083	Schluckenbach	Elbe	SN	51° 0' N, 14° 13' E
A085	Speicher Oberböhmisdorf	Elbe	TH	50° 33' N, 11° 51' E
A087	Zuchtteich Eifel	Rhein	NW	50° 23' N, 6° 38' E
A088	Teich am Wetterbach	Rhein	NW	50° 43' N, 8° 8' E
A089	Rottachspeicher	Donau	BY	47° 38' N 10° 23' E
A090	Möwensee	Elbe	TH	51° 28' N, 10° 50' E

### 2.2.3 Genehmigungsverfahren

Die fischereirechtlichen Genehmigungsverfahren für die Durchführung der Befischungen zum Zweck der Probenentnahme konnten problemlos und schnell durchgeführt werden. Erhebliche Verzögerungen traten jedoch bei den tierschutzrechtlichen Genehmigungsverfahren für die Probeentnahme an sich auf. Grundsätzlich ist die Entnahme einer Gewebeprobe von Wirbeltieren ein „genehmigungspflichtiger Tierversuch“. Die Entnahme einer Gewebeprobe von Dekapoden ist dagegen ein „anzeigepflichtiger Tierversuch“. Die ersten Probenahmen wurden nach vorheriger Absprache mit der zuständigen Veterinärbehörde in Rheinland-Pfalz und dem Tierschutzbeauftragten der Universität

Koblenz-Landau zusammen mit der Probenahme von Quappen- und Forellenproben als Tierversuch angezeigt und somit als „anzeigepflichtige Tierversuche“ behandelt. Die dargelegten Gründe für eine Befreiung von der Genehmigungspflicht der Fischarten zu Gunsten einer Anzeigepflicht wurden anerkannt. Tierschutzrechtliche Anzeige- bzw. Genehmigungsverfahren sind Ländersache. Daher mussten die weiteren Probenahmen in anderen Bundesländern separat angezeigt werden. Bei diesen Anzeigen wurde zu den erforderlichen Unterlagen zusätzlich die Entscheidung der rheinland-pfälzischen Behörde, sowie ein Begleitschreiben von Frau Dr. U. Monnerjahn vom BMEL (damals BMELV) beigefügt. Die Entscheidung aus Rheinland-Pfalz sollte den Veterinärbehörden der anderen Bundesländer die Arbeit erleichtern, weil damit deutlich wird, dass das Versuchsvorhaben und die Dokumente bereits geprüft wurden. In den Bundesländern Sachsen-Anhalt, Schleswig-Holstein, Nordrhein-Westfalen und Niedersachsen konnten die Verfahren mit diesem Vorgehen zügig durchgeführt werden. Daher wurde auch in den Bundesländern Hessen und Bayern für die Probenahme ein Tierversuch angezeigt. Überraschenderweise wurden die eingereichten Unterlagen hier jedoch nicht als ausreichend erachtet, und die Probenahme wurde zunächst für alle drei Arten nicht erlaubt. Daher konnten die Untersuchungen an vier Edelkrebspopulationen nicht wie vorgesehen im Jahr 2013 durchgeführt werden. In Hessen wurde die Anzeige der Tierversuche als nicht angemessen angesehen, und die Entscheidung aus den anderen Bundesländern wurde nicht akzeptiert. Es musste daher ein Antrag auf die Erteilung einer Genehmigung gestellt werden. Dieser Antrag wurde am 3. März 2014 in Hessen gestellt und am 6. Mai, also 2 Monate später, genehmigt. So konnten die entsprechenden Probenahmen im Jahr 2014 nachgeholt werden. Wenn eine Probenahme nicht erfolgreich war und eine weitere Beprobung als Alternative in einem Nachbargewässer stattfinden sollte, konnte dies nicht spontan geschehen, da diese Probenahme (Bsp. Lützebach, Hessen) neu beantragt werden musste. Die Änderung einer Genehmigung ist anzeigepflichtig. Daher musste ein komplett neues Formular (Anzeige von Tierversuchen) ausgefüllt werden. In Bayern wurden mehrere inhaltliche Angaben, wie Nachweise über die Qualifikationen der beteiligten Personen, nicht akzeptiert. Weitere Nachweise mussten nachgereicht werden. Zum Beispiel wurde ein allgemeiner Kurs in Versuchstierkunde, an dem Frau Dr. Schrimpf erfolgreich teilgenommen hat, nicht anerkannt, da hier keine „praktischen Übungen an Fischen“ durchgeführt worden sind. Hierzu hat es mehrere Gespräche gegeben,



ein neuer Antrag wurde eingereicht, und dieser wurde schließlich auch genehmigt.

Wir möchten uns an dieser Stelle ausdrücklich für die sehr konstruktive Unterstützung von Herrn Dr. Hamm, Herrn Dr. Wedekind, Herrn Fieseler und Herrn Dr. Geldhauser bedanken. Herr Schmidt und Frau Dr. Schrimpf haben zwischenzeitlich beide an einem FELASA Kurs, Kategorie B, teilgenommen und bestanden.

#### **2.2.4 Probenahmen**

2013 konnte die Probenahme für 12 Populationen abgeschlossen werden. Bei vier dieser Populationen konnte die erforderliche Anzahl von 30 zu untersuchenden Individuen in 2013 noch nicht erreicht werden. Weitere 20 Populationen wurden 2014 untersucht. Insgesamt 29 Edelkrebspopulationen wurden mit jeweils mindestens 30 Individuen beprobt und analysiert, bei zwei weiteren wurden 20 bzw. 25 Individuen beprobt und analysiert, und bei einer weiteren Population konnte nur die mitochondriale DNA erfolgreich analysiert werden (Population A046).

#### **2.2.5 Laborarbeiten**

Die Laborarbeiten konnten wie geplant durchgeführt werden. Da für den Edelkrebs bereits vorab die notwendigen Methoden etabliert waren, wurde unmittelbar nach Eintreffen der ersten Gewebeproben im Labor mit der DNA-Extraktion und den Untersuchungen von zehn Mikrosatelliten-Loci und der Cytochrom-Oxidase Untereinheit I (COI) der mitochondrialen DNA begonnen.

#### **2.2.6 Datenanalysen**

Die Auswertung der erhobenen Daten konnte wie geplant durchgeführt werden. Morphometrische Kenngrößen, genetische Werte und Indizes wurden für die einzelnen Populationen und als Durchschnittswerte aller Populationen für die Art insgesamt berechnet.

Die notwendigen Literaturrecherchen wurden durchgeführt. Alle recherchierten, artbezogenen Informationen wurden mit geographischen und ökologischen Daten, wie Flussgebietseinheiten, Ökoregionen und Gewässertypen in einem Geographischen Informationssystem (GIS) zusammengeführt.

### **3 Wissenschaftlicher und technischer Stand, an den angeknüpft wurde**

#### **3.1 Übersicht über relevante populationsgenetische und phylogenetische Studien der Art**

Für die ersten genetischen Studien an Edelkrebsen (*Astacus astacus*) wurden zwei Methoden verwendet, die heute jedoch kaum noch Anwendung finden. Mit der RAPD-Methode (Random Amplified Polymorphic DNA) konnten genetische Unterschiede zwischen Edelkrebspopulationen in Brandenburg, Bayern und Schleswig-Holstein durchgeführt werden, wobei sich die Populationen zwischen den verschiedenen Regionen mehr voneinander unterschieden als die Populationen innerhalb der Region (R. Schulz 2000). Mit der ISSRs-Methode (Inter-Simple Sequence Repeats) konnten genetische Differenzierungen zwischen Edelkrebspopulationen in Süd- und Westdeutschland auf der einen Seite und zwischen Nordostdeutschland und Polen auf der anderen Seite festgestellt werden (H. Schulz et al. 2004).

Bei der ersten großräumigen genetischen Analyse des Edelkrebses wurde die nacheiszeitliche Besiedlung Zentraleuropas durch die Art rekonstruiert (Schrimpf et al. 2011). Dabei wurden 416 Edelkrebse von 92 Standorten zwischen Belgien im Westen, Deutschland (Schleswig-Holstein) im Norden, Polen und Bulgarien im Osten und Kroatien im Süden mit Hilfe des mitochondriale protein-kodierenden Gens Cytochrom-Oxidase Untereinheit I (COI) untersucht. Die größte genetische Diversität wurde in Südosteuropa lokalisiert, was auf ein eiszeitliches Refugium der Art in diesem Gebiet hindeutet. Die genetische Diversität in Zentraleuropa ist demgegenüber relativ gering. Dies kann durch einen genetischen Flaschenhals im Zuge der nacheiszeitlichen Wiederbesiedlung Zentraleuropas durch wenige Gründerpopulationen begründet werden. Die „verstreute“ Verteilung mancher Haplotypen deutet auf einen künstlichen Besatz mit Edelkrebsen hin (Schrimpf et al. 2011), wodurch die natürliche genetische Struktur der Art überprägt wird. Beispielsweise wurde ein stark differenzierter Haplotyp aus Kroatien im Einzugsgebiet der Elbe gefunden. Dennoch wurde eine Differenzierung zwischen den europäischen Flusseinzugsgebieten festgestellt.

In einer erweiterten Studie (Schrimpf et al. 2014) wurden zwei mitochondriale DNA-Abschnitte von 540 Edelkrebsen von 156 Standorten untersucht. Dabei handelt es sich teilweise um die gleichen Proben wie in Schrimpf et al. (2011) und teilweise um

neue Proben von neuen Standorten. Neben COI wurde auch ein Abschnitt der mitochondrialen 16S rRNA sequenziert. Zusätzlich wurde an einer Auswahl von Populationen eine Mikrosatellitenanalyse an sechs Loci durchgeführt. Dafür wurden nach Absprache mit Kuldar Koiv sechs von 20 von ihm entwickelte Primerpaare (Köiv et al. 2008, 2009) ausgewählt. Durch eine erhöhte Anzahl von Proben aus Südosteuropa konnte ermittelt werden, dass Edelkrebse im westlichen Balkan sehr differenziert sind, und die letzten Eiszeiten in mindestens zwei separaten Refugialgebieten in Südosteuropa überdauert haben.

Die Ergebnisse einer Studie von 563 Individuen aus 30 Edelkrebspopulationen in Westeuropa (Belgien, Frankreich, Niederlande, Westdeutschland), in der mit den gleichen Methoden gearbeitet wurden wie in Schrimpf et al. (2014), deutet auf ein weiteres Refugialgebiet in Westeuropa hin. Die Edelkrebse in Frankreich sind genetisch sehr divers und von fast allen anderen Referenzdaten aus Schrimpf et al. (2011 und 2014) differenziert. Sie ähneln genetisch nur den Edelkrebsen aus Südwestdeutschland (Rheinland-Pfalz). Dies deutet darauf hin, dass Edelkrebse, die heute in Südwestdeutschland und Frankreich verbreitet sind, in einem gemeinsamen westlichen Refugialgebiet überdauert haben (A. Schrimpf et al. in prep). Auch in Westeuropa wurde der Einfluss des Menschen auf die Verbreitung der Edelkrebse durch das Vorkommen von u.a. sehr differenzierten „Donau-Haplotypen“ deutlich. Vor allem in Belgien ist der jahrhundertelange Besatz mit Edelkrebsen in der Literatur gut belegt. Literaturdaten und genetische Ergebnisse stimmen zum größten Teil überein.

In einer Studie an 633 Edelkrebsen von 18 Standorten in Nordeuropa (Estland, Finnland, Schweden), die auf der Analyse von 10 Mikrosatellitenloci basiert, konnten Gross et al. (2013) eine klare genetische Struktur der Edelkrebsbestände ermitteln. Die Ergebnisse deuten darauf hin, dass bis auf wenige Ausnahmen kein Besatz über große geographische Distanzen hinweg stattgefunden hat. Nur bei wenigen Ausnahmen konnte eine große genetische Ähnlichkeit zwischen Populationen verschiedener Länder festgestellt werden, was auf einen Besatz über die Grenze hinweg hindeutet.

Die Autoren der oben genannten Studien plädieren dafür, auf einen Besatz zwischen Flusseinzugsgebieten zu verzichten (Gross et al. 2013, Schrimpf et al. 2011, 2014) und für einen Besatz auf lokale und möglichst diverse Populationen zurückzugreifen

(Schulz et al. 2004). Durch die Gründung von lokalen Zuchten können Alternativen für einen Besatz mit allochthonen Edelkrebsen bereitgestellt werden, und Besatzmaterial, das an die jeweiligen lokalen Umweltbedingungen angepasst ist, wird gefördert (Baer et al. 2007; R. Schulz 2000). Auf diese Weise kann nach derzeitigem Wissensstand die heute noch vorhandene, teils natürliche und teils durch den Menschen überprägte, genetische Struktur und die genetische Diversität der Edelkrebses in Deutschland am besten erhalten bleiben.

### **3.2 Verwendete Methoden**

An erster Stelle der genetischen Untersuchungen steht die DNA-Extraktion aus dem Gewebe der Tiere. Kostengünstige und zuverlässige Methoden zur Extraktion der DNA aus einem Stück von einem Schreitbein werden in unserem Labor seit vielen Jahren regelmäßig angewendet. Nach der erfolgreichen DNA-Extraktion werden verschiedene genetische Analyseverfahren durchgeführt. Sequenzanalysen mitochondrieller DNA (mtDNA) eignen sich besonders gut für die Darstellung des historischen Genflusses und von großräumigen Differenzierungen innerhalb der Arten. Die Analyse nuklearer Mikrosatelliten-Loci eignet sich vor allem für die Abschätzung des rezenter Genflusses und der genetischen Diversität zwischen Populationen auf kleinräumigeren geographischen Skalen. Zur Identifizierung von ESUs (Moritz 1994) ist daher eine Kombination aus der Sequenzanalyse von mtDNA und der Analyse von Mikrosatelliten-Loci geeignet. So wird gewährleistet, dass alle für die Differenzierung von ESUs relevanten Prozesse (z.B. Besiedlungsgeschichte, regionale Anpassung) angemessen berücksichtigt werden. Für Sequenzanalysen des Edelkrebses stehen mehrere etablierte und zuverlässige mitochondrielle Marker zur Verfügung (z.B. Bernatchez et al. 1992; Hubert et al. 2008). Nach der Eignung der Marker zur Abbildung der taxonomischen Differenzierung der jeweiligen Art ist die Verfügbarkeit von Vergleichsdaten aus der wissenschaftlichen Literatur, frei zugänglichen Datenbanken (z.B. GenBank) und eigenen Forschungsergebnissen das wichtigste Kriterium bei der Auswahl. Insbesondere kommen hier die Abschnitte Cytochrom-Oxidase Untereinheit I (COI) und D-loop (auch: „Kontrollregion“) der mtDNA in Betracht. Von jedem der 32 Probenahmeorte werden in dieser Studie zehn zufällig ausgewählte Tiere mit einem mitochondriellen Marker untersucht. Die Sequenzanalysen umfassen die Vervielfältigung (PCR-Verfahren) und Aufreinigung, sowie schließlich die Bestimmung der Basenabfolgen der entsprechenden DNA-Abschnitte. Der Stand der Verfügbarkeit von etablierten Primern, den spezifischen

Nukleotidabfolgen, die zur Vervielfältigung bestimmter DNA-Loci notwendig sind, für geeignete Mikrosatelliten-Loci der zu untersuchenden Arten ist gut. Für den Edelkrebs wurde bereits eine ausreichend große Anzahl geeigneter Mikrosatelliten-Loci im molekulargenetischen Labor in Landau etabliert. Bei der Auswahl der Primer ist darauf zu achten, dass der Polymorphiegrad, also die Anzahl der zu erwartenden unterschiedlichen Allele, der jeweiligen Mikrosatelliten-Loci divers genug ist, um einerseits Divergenzen zwischen Populationen zu detektieren. Andererseits müssen einige der Loci jedoch weniger variabel sein, um Ähnlichkeiten innerhalb von Populationen festzustellen. Ferner wird auch hier die Verfügbarkeit von Vergleichsdaten berücksichtigt. Für die zu untersuchenden Arten werden nach dieser Vorgehensweise Zusammenstellungen von jeweils mindestens zehn, den beschriebenen Anforderungen genügenden Primern vorgenommen. Insgesamt 29 Edelkrebspopulationen wurden mit jeweils 30 bis 49 Individuen mit dem kompletten Primer-Set für die jeweilige Art untersucht, bei zwei weiteren wurden 20 bzw. 25 Individuen beprobt, und bei einer weiteren Population wurde nur die mitochondriale DNA analysiert. Zur Qualitätssicherung wurden 10% der Proben wiederholt gemessen, um den Fehlerquotienten in den Ergebnissen zu ermitteln (nach Bonin et al. 2004). Die Analyse der Mikrosatelliten-Loci umfasst die Vervielfältigung der jeweiligen DNA-Abschnitte (PCR) mittels Farbstoff-markierten Primern und die Bestimmung ihrer Allellängen (Basenanzahl).

## **4 Material und Methoden**

### **4.1 Probenahmen**

#### **4.1.1 Räumliche Verteilung der untersuchten Populationen**

Anhand einer räumlichen Analyse wurden Probestellen definiert. Probenahmen wurden von 32 Beständen des Edelkrebsses durchgeführt (Abb. 1). Bei der Auswahl der zu untersuchenden Populationen wurde versucht, möglichst anthropogen unbeeinflusste Bestände auszuwählen.

Neben Elbe (n = 8) und Weser (n = 3) wurden die Flussgebietseinheiten Rhein (n = 8), Donau (n = 3), Eider (n = 1) Ems (n = 3), Schlei/Trave (n = 3) und Warnow/Peene (n = 2) untersucht. Die Untersuchungsstrecken lagen in den zehn verschiedenen Bundesländern Baden-Württemberg (n = 1), Bayern (n = 3), Mecklenburg-Vorpommern (n = 2), Niedersachsen (n = 6), Nordrhein-Westfalen (n = 7), Rheinland-Pfalz (n = 2), Schleswig-Holstein (n = 5), Sachsen (n = 2), Sachsen-Anhalt (n = 2) und Thüringen (n = 2). Die Populationen bilden auch hinsichtlich der räumlichen Verbreitung des Edelkrebsses in Deutschland (Kouba et al. 2014) eine repräsentative Stichprobe (Abb. 3).

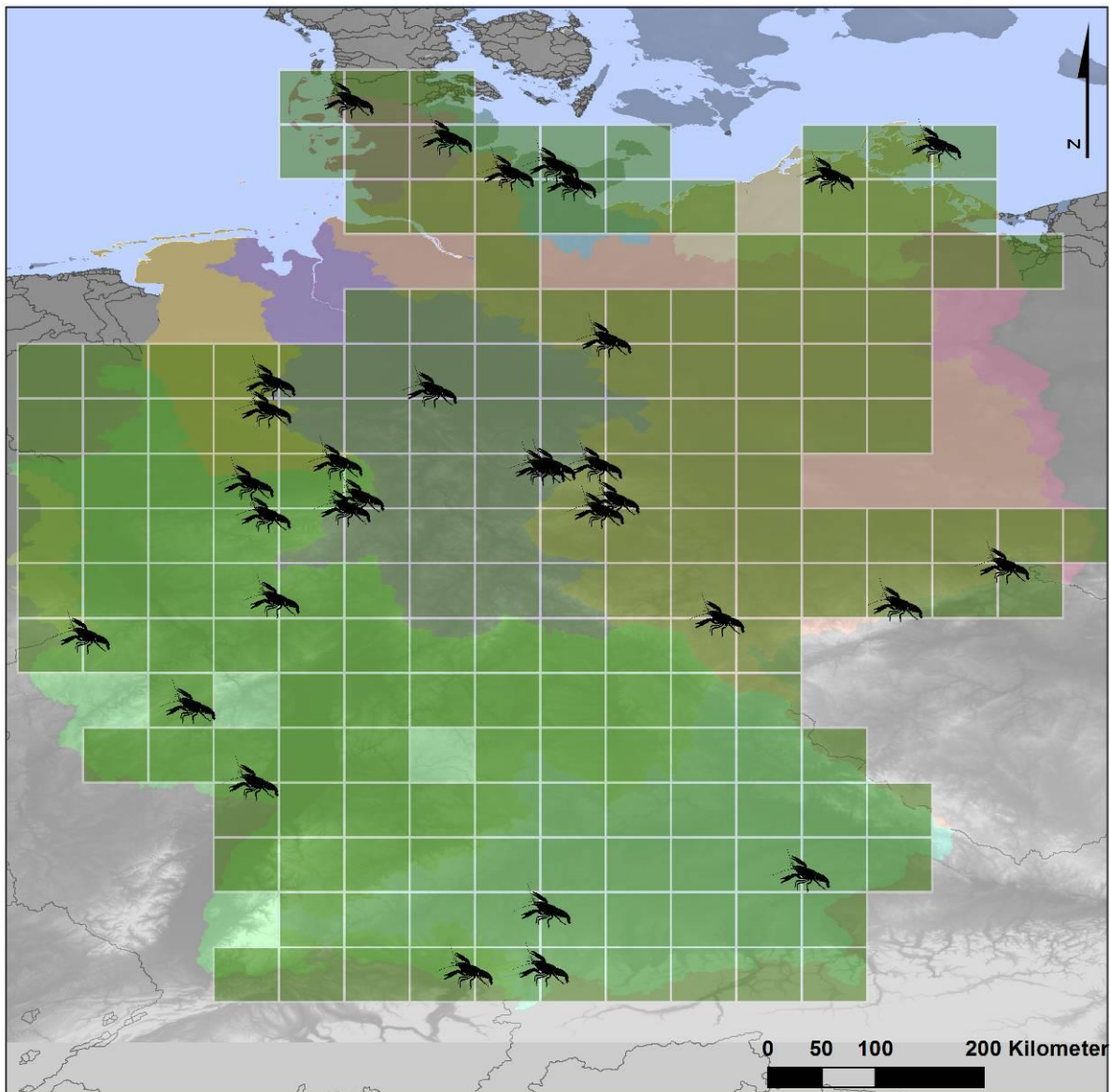


Abbildung 3: Verbreitung des Edelkrebse (*Astacus astacus*) in Deutschland (Kouba et al. 2014). In grün ist die Verbreitung dargestellt. Probestellen der Untersuchung sind schwarz markiert.

#### 4.1.2 Steckbriefe Populationen

Im Folgenden sind Informationen zu allen untersuchten Populationen in Steckbriefen zusammengefasst. Insgesamt wurden 32 Populationen beprobt, bei denen es im Vorfeld der Probenahme keine Hinweise auf aktuellen oder regelmäßigen Besatz gab. Als Gewässertyp ist jeweils der Typ der nächstgelegenen Fließ- und Stehgewässer der Wasserblick Datenbank (BfG 2011) angegeben.

**A001 Aabachsee**

Tabelle 2: Population A001

Population	A001
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Aabachsee
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	grobmaterialreiche, silikatische Mittelgebirgsbäche
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Rhein
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Bad Wünnenberg
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Kreis Paderborn
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	NW
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	Landschaftsschutzgebiet
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Sunderner Wälder, Plackwald, Obermöhne- und Almwälder
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	51° 29' N, 8° 44' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	336
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	nein
<b>Besatz</b>	Keine Hinweise
<b>Bewirtschaftung</b>	Z. T. angelfischereiliche Bewirtschaftung
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Kouba et al. 2014)

Der Aabachsee ist ein im Jahre 1983 in Betrieb genommener Stausee. Der entwässernde Aabach fließt über Afte, Alme und Lippe in den Rhein. Die Angelfischerei wird in einigen Bereichen des Sees ausgeübt. Der Edelkrebsbestand des Sees gilt auch der sehr hohen Abundanz (Burk 2004) als besonders bedeutend. Besatzmaßnahmen sind nicht bekannt und gelten als unwahrscheinlich. Es kann angenommen werden, dass die Population auf Reliktvorkommen in den kleineren Bächen des Einzugsgebietes des heutigen Sees gründet (Pers. Mitt. R. Menne). Der Bestand wurde als Quelle für regionale Wiederansiedlungsprogramme genutzt (Pers. Mitt. B. Branke, Pers. Mitt. R. Menne, Pers. Mitt. C. Burk).

Gewebeproben wurden von Tieren am Hauptdamm, am Vordamm und im Bereich des über einen Stollen zufließenden Karpke-Bachs entnommen.



## A002 Teichanlagen Poggenhagen

Tabelle 3: Population A002

Population	A002
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Teichanlagen Poggenhagen
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Sand- und lehmgeprägte Tieflandflüsse
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Weser
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Neustadt am Rübenberge
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Region Hannover
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	NI
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	Landschaftsschutzgebiet
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Hannoversche Moorgeest
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	52° 28' N, 9° 27' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	44
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	Poggenhagen/Leine
<b>Besatz</b>	lokaler Besatz
<b>Bewirtschaftung</b>	
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Kouba et al. 2014)

Die Probenahmen wurden in einer Teichanlage bei Poggenhagen durchgeführt. Bei den Tieren handelt es sich um Nachkommen von Edelkrebsen aus der Bever (→ Ilme → Leine → Aller → Weser) im Solling. In der Bever gilt der Edelkrebs, wie im gesamten Gebiet des Solling, heute als ausgestorben. Es kann angenommen werden, dass die untersuchten Tiere bestmöglich die ursprüngliche genetische Situation des Solling repräsentieren (Pers. Mitt. H.-H. Arzbach, Pers. Mitt. S. Göckemeyer). Es gibt konkrete Bestrebungen, den Edelkrebs im Solling bei Vorliegen entsprechender Umweltbedingungen wieder anzusiedeln. Sollten Besatzmaßnahmen durchgeführt werden, sollen Nachkommen von Tieren aus der untersuchten Teichanlage verwendet werden (Pers. Mitt. E. Büscher-Wenst).

**A005 Langsee**

Tabelle 4: Population A005

Population	A005
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Langsee
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Kalkreicher, ungeschichteter Flachlandsee mit relativ großem Einzugsgebiet und einer Verweilzeit >30d
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Schlei/Trave
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Süderfahrenstedt
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Kreis Schleswig-Flensburg
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	SH
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	FFH-Gebiet, Landschaftsschutzgebiet, Naturpark
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Angeln, Schwansen und Dänischer Wohld
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	54° 34' N, 9° 34' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	20
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	Schleizuflüsse
<b>Besatz</b>	Keine Hinweise
<b>Bewirtschaftung</b>	Angelfischereiliche Bewirtschaftung
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Kouba et al. 2014)

Der Langsee entwässert über die Wellspanger Au, Boholzer Au und Loiter Au in die Schlei. Der Langsee wird angelfischereilich bewirtschaftet. Einige Individuen aus dem Langsee wurden bereits von Schrimpf et al. (2014) untersucht. In dieser phylogeographischen Studie wird die Population als Beispiel für ein autochthones, mitteleuropäisches Edelkrebsvorkommen genannt. Es liegen keine Hinweise auf Besatzmaßnahmen vor (Pers. Mitt. K. Lehmann).

**A007 Ruller Flut**

Tabelle 5: Population A007

Population	A007
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Ruller Flut
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Feinmaterialreiche, karbonatische Mittelgebirgsbäche
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Ems
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Osnabrück, Stadt
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	NI
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	Landschaftsschutzgebiet, Naturpark
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Osnabrück
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	52° 18' N, 8° 4' E

---

<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	71
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	-
<b>Besatz</b>	Keine Hinweise
<b>Bewirtschaftung</b>	Angelfischereiliche Bewirtschaftung
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

---

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Kouba et al. 2014)

Die Ruller Flut mündet als Nette in die Hase. Die Hase mündet in die Ems. Das Gewässer wird auf Salmoniden beangelt. Für den untersuchten Gewässerabschnitt sind keine Besatzmaßnahmen bekannt. In der Hase gibt es jedoch einen Bestand von Kamberkrebse (*Orconectes limosus*), in einem angebundenen Kanal durchmischt mit Signalkrebse (*Pacifastacus leniusculus*). Ein Aufstieg in die Nette scheint über Querbauwerke an der Haster Mühle nicht möglich zu sein. Im anschließenden Unterlauf der Nette bis zur Knollmeyer Mühle finden sich Edelkrebse und Galizische Sumpfkrebse (*Astacus leptodactylus*). Hier hat vor ca. 25 Jahren ein Besatz mit Edelkrebse, wahrscheinlich mit Tieren aus dem oberen Donaauraum, stattgefunden. Oberhalb der Knollmeyer Mühle, die wahrscheinlich ein massives Wanderhindernis darstellt, finden sich ausschließlich Edelkrebse. Hier ist die Population sehr individuenreich. Dieser Edelkrebsebestand gilt als eines der wenigen sicheren Vorkommen von Bedeutung in Niedersachsen (Pers. Mitt. W. Rötter, Pers. Mitt. F. Möllers, Pers. Mitt. H.-H. Arzbach). Da die gebietsfremden Krebsarten oberhalb der Knollmeyer Mühle nicht nachgewiesen werden konnten, kann angenommen werden, dass auch die möglicherweise im Unterlauf besetzten Edelkrebse nicht in den Untersuchungsbereich aufsteigen konnten. Weber (1976) nennt in einer Übersicht über die Krebsvorkommen in der Hase unter anderem die Nette als eines der Gewässer, in denen der Edelkrebse, trotz Ausbrüchen der Krebspest in der Hase, überdauert hat. Hier finden sich auch Hinweise auf den Import von Galizischen Sumpfkrebse aus Polen in den Osnabrücker Raum.

Im Juni 2013 kam es im Untersuchungsabschnitt zu einem Ausbruch der Krebspest und der ursprüngliche Bestand gilt heute als erloschen (Pers. Mitt. F. Möllers, eigene Untersuchungen).

**A008 Schnegaer Mühlenbach**

Tabelle 6: Population A008

Population	A008
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Schnegaer Mühlenbach
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Kiesgeprägte Tieflandbäche
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Elbe
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Lüchow-Dannenberg
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	NI
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	Landschaftsschutzgebiet, Naturpark
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Jeetze-Dumme-Lehmplatte und Arendseer Platte
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	52° 53' N, 10° 54' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	37
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	Dumme und Nebengewässer
<b>Besatz</b>	Keine Hinweise
<b>Bewirtschaftung</b>	
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Kouba et al. 2014)

Der Schnegaer Mühlenbach entwässert über Wustrower Dumme und Jeetzel in die Elbe. Edelkrebse aus dem Schnegaer Mühlenbach werden lokal für regionale Besatzmaßnahmen zwischenvermehrt. Auf Besatzmaßnahmen mit Tieren fremder Herkunft in dem Gewässer liegen keine Hinweise vor (Pers. Mitt H.-H. Arzbach, Pers. Mitt. U. Meyer).

**A009 Schröterbacher Teich**

Tabelle 7: Population A009

Population	A009.1
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Schröterbacher Teich
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Grobmaterialreiche, silikatische Mittelgebirgsbäche
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Weser
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Clausthal-Zellerfeld
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Goslar
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	NI
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	Landschaftsschutzgebiet, Naturpark
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Oberharz
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	51° 49' N, 10° 21' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	574

<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	Teiche und Bäche im Harz
<b>Besatz</b>	eventuell lokaler Besatz
<b>Bewirtschaftung</b>	Angelfischereiliche Bewirtschaftung
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Kouba et al. 2014)

Der Schröterbacher Teich ist ein 1652 angelegter Stauteich und Bestandteil des Oberharzer Wasserregals, einem Umleitungs- und Speichersystem des Bergbaus. Über den Zellerfelder Kunstgraben und weitere Kunstgräben entwässert er in die Innerste, die über Leine und Aller der Weser zufließt. Der Teich wird angelfischereilich genutzt. Hinweise auf Krebsbesatz in diesem Teich liegen keine vor (Pers. Mitt. A. Mehling). Es ist bekannt, dass in jüngerer Zeit in einigen Oberharzer Teichen Besatz mit Edelkrebsen durchgeführt wurde. Hierbei handelt es sich aber um Besatz aus lokalen Vorkommen. Die Tiere wurden von Teich zu Teich weitergetragen (Pers. Mitt. H.-H. Arzbach, Pers. Mitt. A. Mehling). In der Region treten jedoch auch amerikanische Flusskrebsarten auf.

### A013 Teich bei Wernigerode

Tabelle 8: Population A013

Population	A013
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Teich bei Wernigerode
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Grobmaterialreiche, karbonatische Mittelgebirgsbäche
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Elbe
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Wernigerode
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Harz (Sachsen-Anhalt)
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	ST
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	Naturpark
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Harzrandmulde
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	51° 51' N, 10° 49' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	207
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	Teiche und Bäche im Harz
<b>Besatz</b>	regionaler Besatz
<b>Bewirtschaftung</b>	
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Kouba et al. 2014)

Der untersuchte Teich bei Wernigerode entwässert über den Silstedterbach in die Holtemme, die über Bode und Saale in die Elbe fließt. Die Edelkrebse in diesem Teich stammen jedoch nicht ursprünglich aus dem Gewässer selbst. Sie wurden vor über 20 Jahren aus dem Schäfersteich bei Benzingerode in das Gewässer geholt. Der Bestand im Schäfersteich wiederum resultiert aus einer Entnahme aus einem nicht näher bezeichneten Bach im Ostharz (Pers. Mitt. O. Wüstemann). Heute ist der Edelkrebs höchstwahrscheinlich aus allen Bächen des Ostharz verschwunden, so dass es sich bei dem untersuchten Bestand möglicherweise um ein letztes Relikt dieser Region handelt. Der untersuchte Bestand soll als Ausgangsmaterial für mögliche regionale Wiederansiedlungsmaßnahmen dienen (Pers. Mitt. O. Wüstemann).

## A014 Wanne

Tabelle 9: Population A014

<b>Population</b>	A014
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Wanne
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	grobmaterialreiche, silikatische Mittelgebirgsbäche
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Rhein
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Arnsberg
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Hochsauerlandkreis
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	NW
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	FFH-Gebiet, Naturschutzgebiet, Naturpark
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Arnsberger Wald
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	51° 26' N, 8° 4' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	228
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	
<b>Besatz</b>	Kein Besatz
<b>Bewirtschaftung</b>	
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Kouba et al. 2014)

Der Wannebach mündet in die Ruhr (→ Rhein). Der untersuchte Gewässerabschnitt wird nicht bewirtschaftet. Der Edelkrebsbestand in dem Gewässer ist eher individuenschwach. Vermutlich ging ein Großteil der Population bei einem extremen Hochwasserereignis vor wenigen Jahren verloren. Das Gewässer ist in privater Pacht und Besatzmaßnahmen haben seit über 20 Jahren nicht stattgefunden. Hinweise auf frühere Besatzaktivitäten liegen nicht vor. Der Bach ist vom Vorfluter

her für einwandernde Krebse erreichbar (Pers. Mitt. B. Stemmer).

## A017 Waldweiher im Soonwald

Tabelle 10: Population A017

Population	A017
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Waldweiher im Soonwald
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Waldweiher
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Rhein
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Henneweiler
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Bad Kreuznach
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	RP
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	Landschaftsschutzgebiet, Naturpark
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Soonwald
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	49° 50' N, 7° 26' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	442
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	-
<b>Besatz</b>	Keine Hinweise
<b>Bewirtschaftung</b>	
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Kouba et al. 2014)

Der untersuchte Waldweiher befindet sich im Soonwald im Hunsrück. Die Region wird über die Nahe in den Rhein entwässert. Dieses Krebsvorkommen ist seit mindestens 20 Jahren bekannt und zumindest für diesen Zeitraum liegen keine Hinweise auf Besatzaktivitäten vor (Pers Mitt. S. Idelberger). Die räumliche Lage des Gewässers ist sehr isoliert.

**A026 Barthe**

Tabelle 11: Population A026

Population	A026
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Barthe
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Sand- und lehmgeprägte Tieflandflüsse (k)
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Warnow/Peene
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Velgast
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Nordvorpommern
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	MV
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	Landschaftsschutzgebiet, Vogelschutzgebiet
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Vorpommern
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	54° 15' N, 12° 45' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	4
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	Barthe
<b>Besatz</b>	Keine Hinweise
<b>Bewirtschaftung</b>	
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Kouba et al. 2014)

Die Barthe liegt in der Flussgebietseinheit Warnow/Peene. Sie mündet im Barther Bodden in die Ostsee. Der Edelkrebsbestand ist individuenstark und gilt als das bedeutendste Edelkrebsvorkommen Mecklenburg-Vorpommerns. Hinweise auf Flusskrebsbesatz in der Barthe liegen nicht vor (Pers. Mitt. I. Martin).

**A031.6 Weiher bei Neuravensburg**

Tabelle 12: Population A031.6

Population	A031.6
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Weiher bei Neuravensburg
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Fließgewässer der Jungmoräne des Alpenvorlandes
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Rhein
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Wangen im Allgäu
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Ravensburg
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	BW
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Westallgäuer Hügelland
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	47° 37' N 9° 45' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	541
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	-
<b>Besatz</b>	



## Bewirtschaftung

**Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup>** ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Kouba et al. 2014)

Der untersuchte Weiher ist ein künstliches Kleingewässer. Der Abfluss erfolgt über einen Wiesenbach, die Obere Argen und die Argen in den Bodensee und damit letztlich in den Rhein. Vermutlich handelt es bei dem Population um einen Bestand, der auf eine ältere regionale Herkunft, einen See bei Kißlegg, gründet. Der Initalbesatz erfolgt vor über 30 Jahren, und seitdem wurde der Bestand nicht mehr bewirtschaftet. Die Ursprungspopulation lag im Zentrum der oberschwäbischen Krebswirtschaft, ist inzwischen aber erloschen. Möglicherweise repräsentiert die untersuchte Population somit bestmöglich die ursprüngliche genetische Situation der Region Oberschwaben (Pers. Mitt. C. Chucholl).

## A034.2 Bielabach

Tabelle 13: Population A034.2

Population	A034.2
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Bielabach
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Silikatische Mittelgebirgsbäche (s)
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Elbe
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Pfaffroda
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Erzgebirgskreis
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	SN
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	FFH-Gebiet, Landschaftsschutzgebiet, Naturpark
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Obere Lagen des Osterzgebirges
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	50° 41' N, 13° 19' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	500
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	-
<b>Besatz</b>	Keine Hinweise (unsicher)
<b>Bewirtschaftung</b>	Angelfischereiliche Bewirtschaftung
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Kouba et al. 2014)

Der Bielabach im Erzgebirge fließt über Flöha, Zschopau, Freiburger Mulde und Mulde der Elbe zu. Das Gewässer wird angelfischereilich bewirtschaftet. Hinweise auf Besatzmaßnahmen liegen nicht vor, die Informationslage ist eher unsicher (Pers. Mitt. F. Völker).

**A042 Butterberger Teich**

Tabelle 14: Population A042

Population	A042
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Butterberger Teich
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Grobmaterialreiche, silikatische Mittelgebirgsbäche
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Elbe
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Stolberg (Harz)
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Mansfeld-Südharz
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	ST
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	FFH-Gebiet, Vogelschutzgebiet, Biosphärenreservat, Landschaftsschutzgebiet, Naturpark,
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Unterharz
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	ja
<b>Geographische Lage</b>	51° 33' N, 10° 58' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	363
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	-
<b>Besatz</b>	Keine Hinweise
<b>Bewirtschaftung</b>	Keine Bewirtschaftung
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Kouba et al. 2014)

Der Vorfluter des Butterberger Teichs mündet in den Krummschlachbach, der in die Thyra fließt. Der Abfluss der Thyra erfolgt über Helme, Unstrut und Saale in die Elbe. Das Gewässer liegt relativ isoliert in einem Privatwald. Der Teich wird nicht bewirtschaftet. Konkrete Hinweise zu Besatz liegen, zumindest für die letzten ca. 25 Jahre, nicht vor. Ein früherer Besatz kann als unwahrscheinlich gelten (Pers. Mitt. O. Wüstemann).

**A046 Verschiedene Gewässer Rügens**

Tabelle 15: Population A046

Population	A046
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Verschiedene Gewässer Rügens
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Stehende Gewässer Rügens
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Warnow/Peene
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Sassnitz
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Rügen
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	MV
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Jasmunder Bodden und Nordostrügen
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	ja

<b>Geographische Lage</b>	54° 31' N, 13° 39' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	41
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	Insel Rügen
<b>Besatz</b>	unwahrscheinlich
<b>Bewirtschaftung</b>	
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Kouba et al. 2014)

Bei dem untersuchten Material handelt es sich um ältere Gewebeproben, die aus verschiedensten, ganz überwiegend stehenden Gewässern Rügens stammen. Für die letzten Dekaden sind zwei Besatzmaßnahmen auf Rügen bekannt. Tiere aus den besetzten Gewässern sind in dem Probenmaterial nicht enthalten. Zu weiteren Besatzaktivitäten mit Tieren von außerhalb Rügens in diesem Zeitraum liegen keine Informationen vor. Sie können als unwahrscheinlich gelten. Es kann aber angenommen werden, dass Krebsbestände aktiv auf umliegende Gewässer verteilt wurden. Es gibt Hinweise, dass Rügen Ende des 19. Jahrhunderts krebsfrei war. Entsprechende Dokumente scheinen aber verloren. Informationen zur Herkunft eines möglichen Initialbesatzes der Insel liegen nicht vor (Pers. Mitt. F. Schröder).

## A053 Dorfteich Breitenbrunn

Tabelle 16: Population A053

Population	A053
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Dorfteich Breitenbrunn
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Bäche des Alpenvorlandes
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Donau
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Breitenbrunn
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Unterallgäu
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	BY
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Untere Iller-Lech-Schotterplatten
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	48° 8' N, 10° 24' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	553
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	-
<b>Besatz</b>	
<b>Bewirtschaftung</b>	
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Kouba et al. 2014)

Die Probenahmen wurden am Dorfteich in Breitenbrunn durchgeführt. Dieser Bestand geht auf den ursprünglichen und sehr wahrscheinlich autochthonen Krebsbestand der Kammel (→ Mindel → Donau) zurück. Dort wurden vor ca. 30 Jahren Krebse entnommen und in dem damals krebsfreien Teich erfolgreich etabliert. Der Krebsbestand in der Kammel selbst ist zwischenzeitlich auf Grund der Krebspest erloschen. Krebse aus der Kammel wurden gemeinsam mit Tieren anderer Herkünfte in einer kommerziellen Krebszucht vermehrt (Pers. Mitt. M. Keller). Es kann also angenommen werden, dass die untersuchten Tiere bestmöglich die ursprüngliche genetische Situation der Kammel repräsentieren.

## A067 Sennese

Tabelle 17: Population A067

Population	A067
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Sennese
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	sandgeprägte Tieflandbäche
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Ems
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Schloß Holte-Stukenbrock
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Kreis Gütersloh
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	NW
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	Landschaftsschutzgebiet
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Senne
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	ja
<b>Geographische Lage</b>	51° 52' N, 8° 40' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	120
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	-
<b>Besatz</b>	
<b>Bewirtschaftung</b>	
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Kouba et al. 2014)

Der Sennese ist ein künstliches Gewässer. Es entstand in Folge des Abbaus von Sanden und ist grundwassergespeist. Zum naheliegenden Furlbach (→ Ems) besteht keine Oberflächenverbindung. Wahrscheinlich handelt es sich bei dem untersuchten Bestand um eine der wenigen Populationen für die noch eine ursprüngliche Herkunft aus der Flussgebietseinheit Ems vermutet werden kann (Pers. Mitt. C. Burk).

## A068 Hamm-Haarener Baggersee Nr. 4

Tabelle 18: Population A068

Population	A068
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Hamm-Haarener Baggersee Nr. 4
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Große sand- und lehmgeprägte Tieflandflüsse
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Rhein
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Hamm
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	NW
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	Naturschutzgebiet
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Lippetal
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	51° 41' N, 7° 55' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	64
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	-
<b>Besatz</b>	Besatz mit Tieren der Herkunft Tenge-Rietberg (Ems)
<b>Bewirtschaftung</b>	
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Kouba et al. 2014)

Die Hamm-Haarener Baggerseen liegen zwischen dem Datteln-Hamm-Kanal und der Lippe (→ Rhein). In diesem See wurden wahrscheinlich Tiere aus einer Herkunft der unmittelbar angrenzenden Flussgebietseinheit Ems im Rahmen eines Artenschutzprogramms besetzt. Die Ursprungspopulation gilt als ausgestorben (Pers. Mitt C. Burk).

**A069 HRB Husen-Dalheim**

Tabelle 19: Population A069

Population	A069
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	HRB Husen-Dalheim
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	grobmaterialreiche, karbonatische Mittelgebirgsbäche
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Rhein
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Lichtenau
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Kreis Paderborn
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	NW
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	Landschaftsschutzgebiet, Vogelschutzgebiet
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Paderborner Hochfläche
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	51° 34' N, 8° 50' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	240
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	-
<b>Besatz</b>	Besatzmaßnahme kann nicht ausgeschlossen werden
<b>Bewirtschaftung</b>	Angelfischereiliche Bewirtschaftung
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Kouba et al. 2014)

Das Hochwasserrückhaltebecken Husen wurde 1986 in Betrieb genommen. Es wird von der Altenau durchflossen, die über Alme und Lippe in den Rhein entwässert. Das Gewässer wird angelfischereilich bewirtschaftet. Die Herkunft der Edelkrebse im HRB Husen-Dalheim ist unklar. Entstanden ist der Bestand wahrscheinlich in den letzten zehn Jahren. Sollten die Tiere aus umliegenden Gewässern eingewandert sein, so gehen diese Bestände letztlich auf Tiere aus dem Bestand des Aabachsystems (Rhein, vgl. A001) zurück. Eine undokumentierte Besatzmaßnahme kann jedoch nicht ausgeschlossen werden (Pers. Mitt. C. Burk).

**A072 Schulensee**

Tabelle 20: Population A072

Population	A072
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Schulensee
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	kleine Niederungsfließgewässer in Fluss- und Stromtälern
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Elbe
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Molfsee
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Kreis Rendsburg-Eckernförde
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	SH
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	FFH-Gebiet, Naturschutzgebiet

<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Kiel
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	54° 17' N, 10° 5' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	12
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	-
<b>Besatz</b>	Keine Hinweise (unsicher)
<b>Bewirtschaftung</b>	
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Kouba et al. 2014)

Der Schulensee wird von der oberen Eider durchflossen, die in den Nord-Ostsee-Kanal mündet. Der See liegt in der Flussgebietseinheit Elbe. Hinweise auf Besatzmaßnahmen liegen nicht vor, die Informationslage ist eher unsicher (Pers. Mitt. K. Lehmann).

### A073 Hohenfelder Mühlenau

Tabelle 21: Population A073

Population	A073
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Hohenfelder Mühlenau
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Kiesgeprägte Tieflandbäche
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Schlei/Trave
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Köhn
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Kreis Plön
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	SH
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	Landschaftsschutzgebiet
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Probstei
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	54° 20' N, 10° 28' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	32
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	(vier km westlich der Kossau)
<b>Besatz</b>	Keine Hinweise (unsicher)
<b>Bewirtschaftung</b>	
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Kouba et al. 2014)

Die Hohenfelder Mühlenau ist ein etwa zehn Kilometer langer Bach, der seinen Ursprung im Selenter See hat und diesen in die Kieler Bucht entwässert. Hinweise auf Besatzmaßnahmen liegen nicht vor, die Informationslage ist eher unsicher (Pers. Mitt. K. Lehmann).

**A076 Bina**

Tabelle 22: Population A076

Population	A076
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Bina
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Bäche des Alpenvorlandes
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Donau
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Gangkofen
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Rottal-Inn
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	BY
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Nördliches Isar-Inn-Hügelland
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	48° 26' N, 12° 33' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	440
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	-
<b>Besatz</b>	Keine Hinweise
<b>Bewirtschaftung</b>	Angelfischereiliche Bewirtschaftung
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Kouba et al. 2014)

Die Bina fließt über Rott und Inn in die Donau. Der untersuchte Gewässerabschnitt wird angelfischereilich bewirtschaftet. Für die Untersuchungsstrecke und die angrenzenden Gewässerabschnitte liegen keine Hinweise auf Besatzmaßnahmen mit Edelkrebsen vor. In einem kleinen Zufluss im Oberlauf der Bina gab es vor ca. 15 Jahren eine einzelne Besatzmaßnahme mit Edelkrebsen, die aber augenscheinlich erfolglos blieb (Pers. Mitt. S. Hoch). Seit mindestens etwa drei Jahren breiten sich in der Untersuchungsstrecke nordamerikanische Signalkrebse unbekannter Herkunft aus (Pers. Mitt. S. Hoch).

**A077 Okertalsperre**

Tabelle 23: Population A077

Population	A077
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Okertalsperre
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Kalkarmer, geschichteter Mittelgebirgssee mit relativ großem Einzugsgebiet
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Weser
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Goslar
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	NI



<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	Landschaftsschutzgebiet, Naturpark
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Oberharz
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	51° 50' N, 10° 26' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	425
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	-
<b>Besatz</b>	
<b>Bewirtschaftung</b>	Angelfischereiliche Bewirtschaftung
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Kouba et al. 2014)

Die Okertalsperre wurde 1956 fertiggestellt. Der namensgebende Hauptzufluss, die Oker, fließt über die Aller in die Weser ab. Das Gewässer wird angelfischereilich bewirtschaftet. Die Herkunft der Edelkrebse in der Okertalsperre ist unbekannt. Das Vorkommen wurde erst vor wenigen Jahren entdeckt und scheint bisher auf einen Seitenarm des Sees beschränkt zu sein. In diesen Seitenarm münden die beiden Bäche Aeke und Große Bramke ein. Dokumente über die mögliche Verbreitung von Edelkrebsen in diesen Fließgewässern liegen nicht vor. Dies gilt auch für die anderen Zuflüsse des Sees. Es erscheint jedoch möglich, dass sich der derzeitige Krebsbestand aus einem ursprünglichen Vorkommen in einem der Zuflüsse etabliert hat (Pers. Mitt. A. Mehling). In anderen Bereichen des Stausees kommen jedoch in geringeren Abundanzen Kamberkrebse vor, deren Herkunft ebenso unbekannt ist (Pers. Mitt. A. Mehling, eigene Beobachtungen).

## A078 Ruttenbühler See

Tabelle 24: Population A078

Population	A078
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Ruttenbühler See
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Gewässer der Marschen
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Eider
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Aventoft
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Kreis Nordfriesland
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	SH
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	Vogelschutzgebiet
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Nordfriesische Marsch
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	54° 53' N, 8° 45' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	1
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	-

<b>Besatz</b>	Keine Hinweise (unsicher)
<b>Bewirtschaftung</b>	Angelfischerliche Nutzung
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Kouba et al. 2014)

Der Ruttenbühler See (Rudbøl Sø) liegt auf der Grenze zwischen Deutschland und Dänemark. Er wird von der Wiedau (Vidå) durchflossen, die in die Nordsee mündet. Das Gewässer gehört der internationalen Flussgebietseinheit Vidå-Kruså (DK4) an und wird hier der Eider zugerechnet. An dem Gewässer wird die Angelfischerei ausgeübt. Hinweise auf Besatzmaßnahmen liegen nicht vor, die Informationslage ist eher unsicher (Pers. Mitt. K. Lehmann).

### A080 Schwanenweiher

Tabelle 25: Population A080

Population	A080
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Schwanenweiher
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Feinmaterialreiche, silikatische Mittelgebirgsbäche (s)
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Rhein
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Annweiler am Trifels
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Südliche Weinstraße
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	RP
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	Biosphärenreservat, Naturpark
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Dahner Felsenland
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	ja
<b>Geographische Lage</b>	49° 12' N, 7° 58' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	200
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	-
<b>Besatz</b>	Besatzmaßnahme kann nicht ausgeschlossen werden
<b>Bewirtschaftung</b>	keine Bewirtschaftung
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Kouba et al. 2014)

Der Schwanenweiher in Annweiler am Trifels ist ein künstliches Gewässer in einem Kurpark. Er wird vom Bindersbach als einzigem Zufluss gespeist. Der Abfluss erfolgt im Stadtgebiet über Verrohrungen in die Queich, die in den Rhein mündet. Das Vorkommen wurde vor zwei Jahren im Rahmen von Flusskrebskartierungen dokumentiert. Den langjährigen Pächtern des nicht bewirtschafteten Gewässers war der Bestand unbekannt. Dementsprechend liegen auch keine Hinweise auf Besatzmaßnahmen vor. Auf Grund der Fundsituation kann ein undokumentierter

Besatz jedoch nicht ausgeschlossen werden. Informationen zu (historischen) Vorkommen von Krebsen im Bindersbach liegen nicht vor (Pers. Mitt. S. Schleich, Pers. Mitt. R. Braun).

## A081 Großer Benzer See

Tabelle 26: Population A081

Population	A081
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Großer Benzer See
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	kleine Niederungsfließgewässer in Fluss- und Stromtälern
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Schlei/Trave
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Ostholstein
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	SH
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	FFH-Gebiet, Landschaftsschutzgebiet, Naturpark
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Holsteinische Schweiz
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	54° 12' N, 10° 37' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	32
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	-
<b>Besatz</b>	Keine Hinweise (unsicher)
<b>Bewirtschaftung</b>	
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Kouba et al. 2014)

Der Große Benzer See entwässert über die Malenter Au in den Kellersee. Der Kellersee wird über die Schwentine in die Kieler Förde entwässert. Hinweise auf Besatzmaßnahmen liegen nicht vor, die Informationslage ist eher unsicher (Pers. Mitt. K. Lehmann).

**A082 Kronlager Mühlenteich**

Tabelle 27: Population A082

Population	A082
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Kronlager Mühlenteich
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Sandgeprägte Tieflandbäche
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Ems
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Neuenkirchen-Vörden
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Vechta, Landkreis
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	NI
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	Landschaftsschutzgebiet, Naturpark
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Bersenbrücker Land
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	52° 32' N, 8° 6' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	69
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	-
<b>Besatz</b>	
<b>Bewirtschaftung</b>	
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Kouba et al. 2014)

Der Kronlager Mühlenteich ist ein künstliches, abgeschlossenes Gewässer. Er liegt in Nähe des Kronlager Mühlenbach. Der Mühlenbach mündet in den Heller Binnenbach, der über die Hase der Ems zufließt. Die ursprüngliche Herkunft der Tiere konnte letztlich nicht eindeutig bestimmt werden.

**A083 Schluckenbach**

Tabelle 28: Population A083

Population	A083
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Schluckenbach
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Silikatische Mittelgebirgsbäche (s)
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Elbe
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Neustadt
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Sächsische Schweiz-Osterzgebirge
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	SN
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	FFH-Gebiet, Landschaftsschutzgebiet, Naturpark
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Oberlausitzer Bergland
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	51° 0' N, 14° 13' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	368
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	-

---

<b>Besatz</b>	Keine Hinweise
<b>Bewirtschaftung</b>	Angelfischereiliche Bewirtschaftung
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

---

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Kouba et al. 2014)

Die untersuchten Tiere wurden den bewirtschafteten Teichen der Forellen- und Lachszucht Ermisch am Schluckenbach entnommen. Der Schluckenbach mündet in die Polenz, die über den Lachsbach der Elbe zufließt.

Edelkrebse wurden in der Teichanlage durch die Eigentümer nicht besetzt. Das Edelkrebsvorkommen erstreckt sich auf mehrere die Teichanlage speisende Bäche. Es kann angenommen werden, dass die Krebse von diesen Gewässern ausgehend die Teiche der Fischzucht selbständig besiedelt haben (Pers. Mitt. F. Völker).

## A085 Speicher Oberböhmisdorf

Tabelle 29: Population A085

---

<b>Population</b>	A085
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Speicher Oberböhmisdorf
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Grobmaterialreiche, silikatische Mittelgebirgsbäche
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Elbe
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Schleiz
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Saale-Orla-Kreis
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	TH
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Hochlagen des thüringisch-sächsischen Vogtlandes
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	50° 33' N, 11° 51' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	469
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	-
<b>Besatz</b>	
<b>Bewirtschaftung</b>	
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

---

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Kouba et al. 2014)

Der Speicher Oberböhmisdorf ist ein künstlich angelegtes Staugewässer. Der Abfluss erfolgt über einen kleinen Bach in Wisenta, Saale und Elbe. Die ursprüngliche Herkunft der Tiere konnte nicht abschließend geklärt werden (Pers. Mitt. W. Schmalz).

**A087 Zuchtteich Eifel**

Tabelle 30: Population A087

Population	A087
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Zuchtteich Eifel
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	grobmaterialreiche, silikatische Mittelgebirgsbäche
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Rhein
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Blankenheim
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Kreis Euskirchen
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	NW
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	Naturpark, Naturschutzgebiet
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Nördliche Kalkeifel
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	50° 23' N, 6° 38' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	442
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	-
<b>Besatz</b>	Besatz, Zuchtteich
<b>Bewirtschaftung</b>	
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Kouba et al. 2014)

Bei dem untersuchten Bestand handelt es sich um eine Nachzucht, die im wesentlichen auf einem wahrscheinlich autochthonen Bestand aus der Eifel gründet. Der ursprüngliche Bestand ist heute zusammengebrochen. Möglicherweise ist er ausgestorben. Letzte Nachsuchen im Jahr 2014 blieben erfolglos (Pers. Mitt. H. Gross). Die untersuchte Population wurde daher etwa im Bereich des Ursprungsgewässers, in dem die Probennahmen erfolglos blieben, georeferenziert. Dieser Bach entwässert über die Ahr in den Rhein. In die Zucht wurden jedoch auch Krebse aus einem Bach in Aachener Raum, sowie aus einer norddeutschen und aus einer süddeutschen Zucht aufgenommen (Pers. Mitt. H. Gross).

**A088 Teich am Wetterbach**

Tabelle 31: Population A088

Population	A088
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Teich am Wetterbach
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Grobmaterialreiche, silikatische Mittelgebirgsbäche
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Rhein
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Burbach
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Kreis Siegen-Wittgenstein

<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	NW
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	Landschaftsschutzgebiet
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Dilltal
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	50° 43' N, 8° 8' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	327
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	-
<b>Besatz</b>	Herkunft nicht geklärt
<b>Bewirtschaftung</b>	
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Kouba et al. 2014)

Die untersuchten Krebse stammen aus einem Teich am Wetterbach, der als Haigerbach in die Dill fließt. Der Abfluss der Dill erfolgt über die Lahn in den Rhein.

Die ursprüngliche Herkunft der Tiere konnte nicht abschließend geklärt werden.

## A089 Rottachspeicher

Tabelle 32: Population A089

Population	A089
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Rottachspeicher
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Kalkreicher, geschichteter Voralpensee mit relativ kleinem Einzugsgebiet
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Donau
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Sulzberg
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Oberallgäu
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	BY
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Iller-Vorberge
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	47° 38' N 10° 23' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	847
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	-
<b>Besatz</b>	
<b>Bewirtschaftung</b>	Fischereiliche Bewirtschaftung (auch Krebse)
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Kouba et al. 2014)

Der Rottachspeicher ist ein 1992 in Betrieb genommener Stausee. Die aufgestaute Rottach fließt über die Iller in die Donau. Das Gewässer wird, inklusive des Krebsbestandes, (angel-) fischereilich bewirtschaftet.

Die ursprüngliche Herkunft der Tiere konnte nicht abschließend geklärt werden.

## A090 Möwensee

Tabelle 33: Population A090

Population	A090
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Möwensee
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Karbonatische, fein- bis grobmaterialreiche Mittelgebirgsflüsse
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Elbe
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Heringen/Helme
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Nordhausen
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	TH
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Gera-Unstrut-Helme-Niederung
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	51° 28' N, 10° 50' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	166
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	-
<b>Besatz</b>	
<b>Bewirtschaftung</b>	
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Kouba et al. 2014)

Der Möwensee ist ein durch Kiesabbau geschaffenes Gewässer. Es liegt unmittelbar an der Zorge. Die Zorge fließt über Helme, Unstrut und Saale in die Elbe. Die ursprüngliche Herkunft der Tiere konnte nicht abschließend geklärt werden (Pers. Mitt. W. Schmalz).



## **4.2 Laborarbeit**

### **4.2.1 Sequenzanalysen**

Insgesamt standen 1280 Gewebeproben, die aus einem Schreitbein des Edelkrebsses entnommen wurden, zur Verfügung. Nach der Entnahme wurde das Gewebe sofort in 99%igem Ethanol konserviert. Für die DNA-Extraktion aus einem Stück von einem Schreitbein wurde ein in unserem Labor bereits gut etabliertes Protokoll benutzt („Rapid isolation of Mammalian DNA“, Sambrook und Russel 2001).

Für die Sequenzanalyse mitochondrialer DNA von jeweils 10 Individuen aus allen untersuchten 32 Populationen (Tab. A1, Anhang) wurde ein DNA-Abschnitt des protein-kodierenden Gens Cytochrome-Oxidase Untereinheit I (COI) ausgewählt (siehe Schrimpf et al. 2011). Die Sequenzierung erfolgte mit den bereits publizierten Primern „ASTCOI forward“ und „ASTCOI reverse“ (Schrimpf et al. 2011). Durch die Sequenzierung dieses Genabschnitts in „forward-“ und „reverse-“ Richtung erhält man einen 395 Basenpaare (bp) langen DNA-Abschnitt.

### **4.2.2 Mikrosatellitenanalysen**

Von allen 1090 Gewebeproben aus 32 Populationen wurde eine Mikrosatellitenanalyse durchgeführt. Für die Mikrosatellitenanalyse wurden sechs bereits etablierte Loci, die in vorherigen Studien verwendet wurden, ausgewählt (Aas2, Aas6, Aas8, Aas11, Aas766 und Aas1198 (Koiv et al. 2008, 2009). Die Mikrosatellitenanalyse mit vier weiteren Primerpaaren (Aas7, Aas3950, Aas3040, Aas3666), die wir auf Grund ihres Polymorphiegrades ausgewählt haben, wurde im Labor etabliert, so dass insgesamt zehn Loci zur Anwendung kamen. Bei der Auswahl wurde darauf geachtet, dass die Marker nicht zu sehr und nicht zu wenig polymorph sind.

Die PCR erfolgte für die Primer Aas2, Aas6, Aas766 und Aas1198 nach folgendem Programm: Nach einer initialen Denaturierung bei 95°C für 5 min folgten 30 Zyklen bei 94°C für 0,5 min, 60°C für 1,5 min (Annealing) und 72°C für 1 min, gefolgt von einem finalen Elongationsschritt bei 60°C für 30 min. Für die Primer Aas7, Aas8 und Aas3666 wurde die Annealingtemperatur auf 57°C reduziert, für Primer Aas3040 und Aas3950 auf 55,5°C und für Primer Aas11 auf 63°C erhöht. Ca. 10% aller Proben wurde zufällig für eine Wiederholung ausgewählt, um den Fehlerindex zu berechnen. Ein Fehlerindex von 1,7% wurde ermittelt und sollte die Ergebnisse der Studie nicht beeinflussen.

## 4.3 Datenanalysen

### 4.3.1 Sequenzanalyse

Mit der Software DNAsp v 5.10.1 (Librado & Rozas 2009) wurde die Haplotypen-Diversität und die Nukleotid-Diversität berechnet. Mit der Software Network 4.6.1.3. (www.Fluxus-Engineering.com, 2009) wurde ein Median-Joining-Netzwerk erstellt. Für die Zuordnung der Haplotypen wurde mit den Sequenzen dieser Studie und mit den Haplotypen von Schrimpf et al. (2011) ein Alignment erstellt. Diese Referenzdaten stammen von 1104 Edelkrebsen aus 186 Populationen aus Zentral- und Südosteuropa.

### 4.3.2 Mikrosatellitenanalyse

Der Allelreichtum, maximale Allelzahl, mittlere Allelzahl, erwarteter Heterozygotiegrad, beobachteter Heterozygotiegrad, paarweise  $F_{ST}$ -Werte und der genetische Inzuchtkoeffizient wurden mit dem Programm FSTAT 2.9.3.2 (Goudet 1995) ermittelt. Mit der Software Arlequin v 3.11 (Excoffier and Lischer 2010) wurde die Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) zwischen den Flusseinzugsgebieten (N=8) berechnet. Mit dem Programm FSTAT wurde die Anzahl privater Allele pro Population ermittelt. Diese wurde durch die Anzahl an Loci (10) geteilt, um die mittlere Anzahl privater Allele zu erhalten.

Mit Hilfe der Faktoriellen Korrespondenzanalyse (FKA) wurden aus den Mikrosatellitendaten die Allelfrequenzen berechnet, mit denen sich die einzelnen Populationen aufgrund ihrer Variabilität zueinander einordnen lassen. Diese Beziehung lässt sich dabei graphisch in Form von Punktwolken ähnlicher Allelfrequenzen darstellen. Die Analyse erfolgte mit dem Programm GENETIX Version 4.05 (Belkhir et al. 1996). Bei dieser Analyse wurden die Beziehung aller einzelnen Individuen und anschließend die Beziehung der Populationen zueinander berechnet.

Zur Untersuchung der Gruppierungen einzelner Individuen bzw. Gruppe (Bayesische Clusteranalyse) wurde das Programm BAPS v 5.4 (Corander et al. 2007) verwendet. Es wurden vordefinierte Gruppen verwendet, wobei zuerst alle Individuen aus einem Flusseinzugsgebiet als Gruppe definiert und als maximale Anzahl möglicher Cluster 8 angegeben wurden. Anschließend wurden alle Individuen jeder Population als eine Gruppe behandelt und als maximale Anzahl an Cluster 32 definiert. Die Analyse wurde jeweils fünfmal wiederholt, um so die wahrscheinlichste Anzahl an K (Anzahl der Cluster) festlegen zu können. Auf der Basis der Clusteranalyse wurde weiterhin

eine Admixture-Analyse durchgeführt, die für jedes Individuum den Anteil der genetischen Abstammung von den gefundenen Clustern bestimmt.

## 5 Ergebnisse

### 5.1 Sequenzanalyse

In den 31 Populationen konnten sieben verschiedene Haplotypen identifiziert werden. Die Haplotypen- und Nukleotitdiversität ist in de Flusseinzugsgebiet Schlei/Trave (0,270 bzw. 0,001) am höchsten und in den Flusseinzugsgebieten Eider, Donau, Ems und Warnow/Peene (0,000 bzw. 0,000) am niedrigsten (Tab. 34).

**Tabelle 34: Ergebnisse der Sequenz- und Mikrosatellitenanalyse pro Flusseinzugsgebiet. Gezeigt sind die Anzahl an Sequenz- (N Seq) und Mikrosatellitendaten (N Msat), Haplotypdiversität (Haplo Div), Nukleotitdiversität (Nuk Div), mittlere Anzahl an Allelen und erwartete Heterozygotie ( $H_E$ ).**

	Sequenz-Daten			Mikrosatelliten-Daten		
	N Seq	Haplo Div	Nuk Div	N Msat	mittlere Allelzahl	$H_E$
Rhein	90	0,119	0,001	333	32,8	0,386
Weser	30	0,178	0,001	106	11,1	0,372
Donau	30	0,000	0,000	96	16,4	0,595
Elbe	80	0,083	0,000	256	30,1	0,398
Ems	30	0,000	0,000	123	15,8	0,529
Warnow/Peene	20	0,000	0,000	34	4,7	0,228
Eider	10	0,00	0,000	37	4,6	0,471
Schlei/Trave	30	0,270	0,001	105	3,1	0,301

Die Haplotypdiversität pro Population liegt zwischen 0,000 in 24 Populationen mit nur einem Haplotyp und 0,533 in Population A002 (Tab. A1 im Anhang).

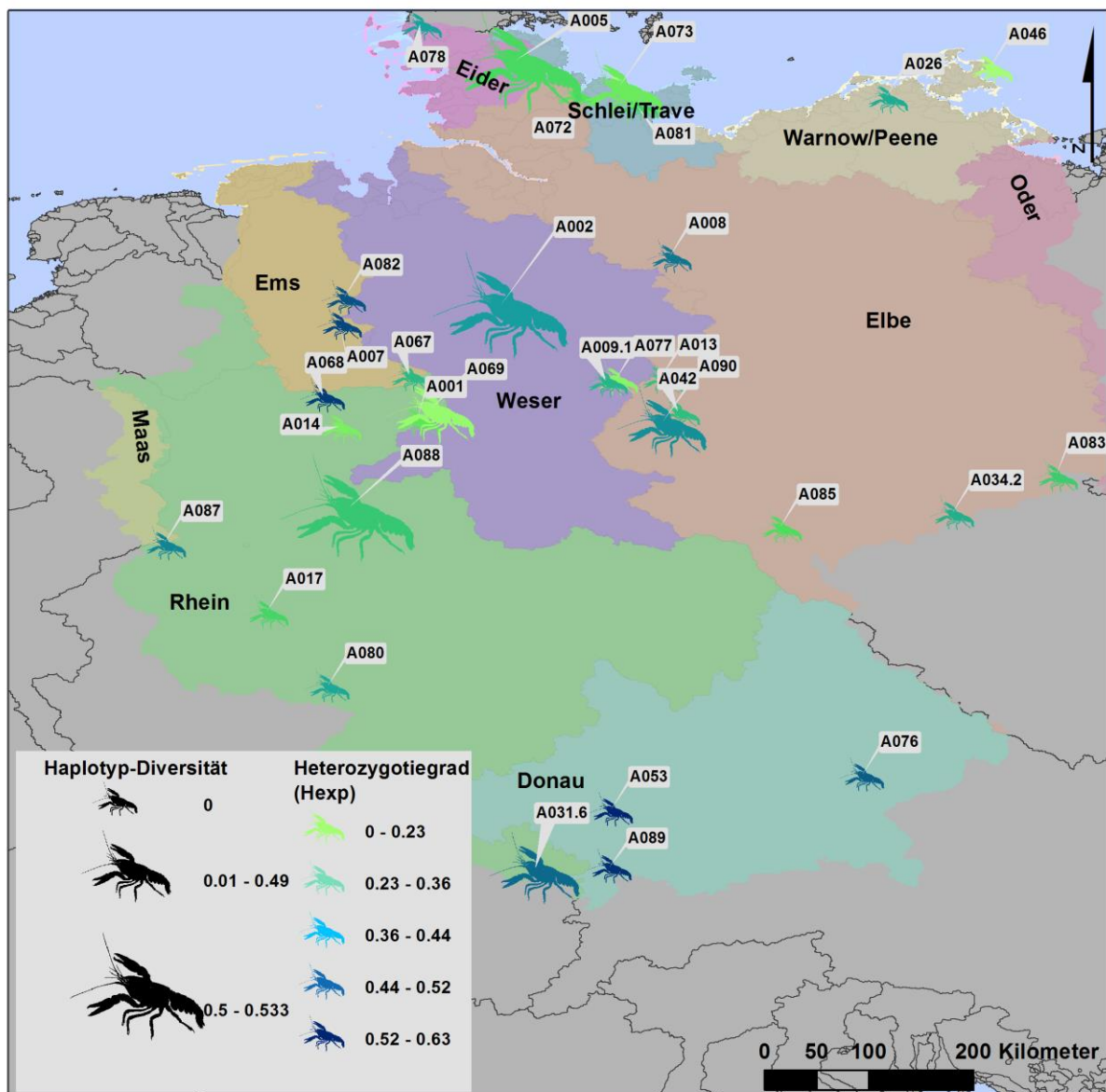
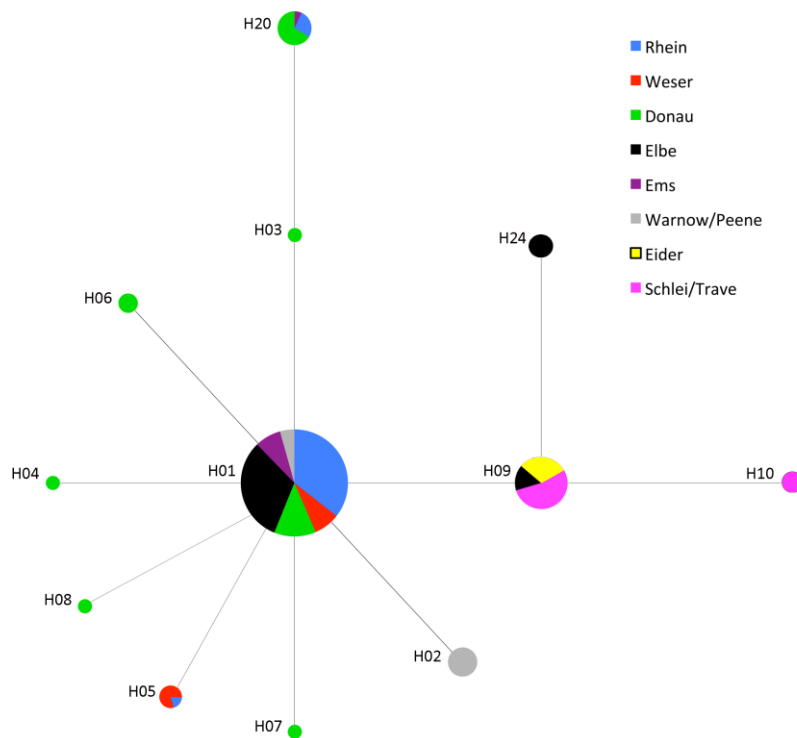


Abbildung 4: Graphische Darstellung der Haplotypendiversität basierend auf den Sequenzdaten und des erwarteten Heterozygotiegrades basierend auf den Mikrosatellitendaten aller 31 untersuchten Edelkrebspopulationen.

Jeweils ein Haplotyp kommt nur im Flusseinzugsgebiet der Elbe, Schlei/Trave und Warnow/Peene (Abb. 5) vor. Der häufigste Haplotyp (H01) wurde in allen Flusseinzugsgebieten außer Schlei/Trave identifiziert. Ein Haplotyp war aus vorherigen Veröffentlichungen und der Genbank unbekannt und wurde in dieser Studie in der Flusseinzugsgebieten Schlei/Trave das erste Mal entdeckt (H024). In Abb. 6 sind die einzelnen Populationen mit der jeweiligen Haplotypenzusammensetzung dargestellt.



**Abbildung 5: Median-Joining-Netzwerk bestehend aus den Haplotypen der 350 bp langen COI der untersuchten Edelkrebspopulationen. Jeder Kreis symbolisiert einen Haplotyp. Die Größe des Kreises deutet an, wie viele Individuen diesen Haplotyp tragen. Der Abstand der Kreise durch Linien kennzeichnet, wie viele Mutationsschritte zwischen den einzelnen Haplotypen liegen. Die rumänischen Referenzhaplotypen der danubischen Linie sind schraffiert dargestellt.**

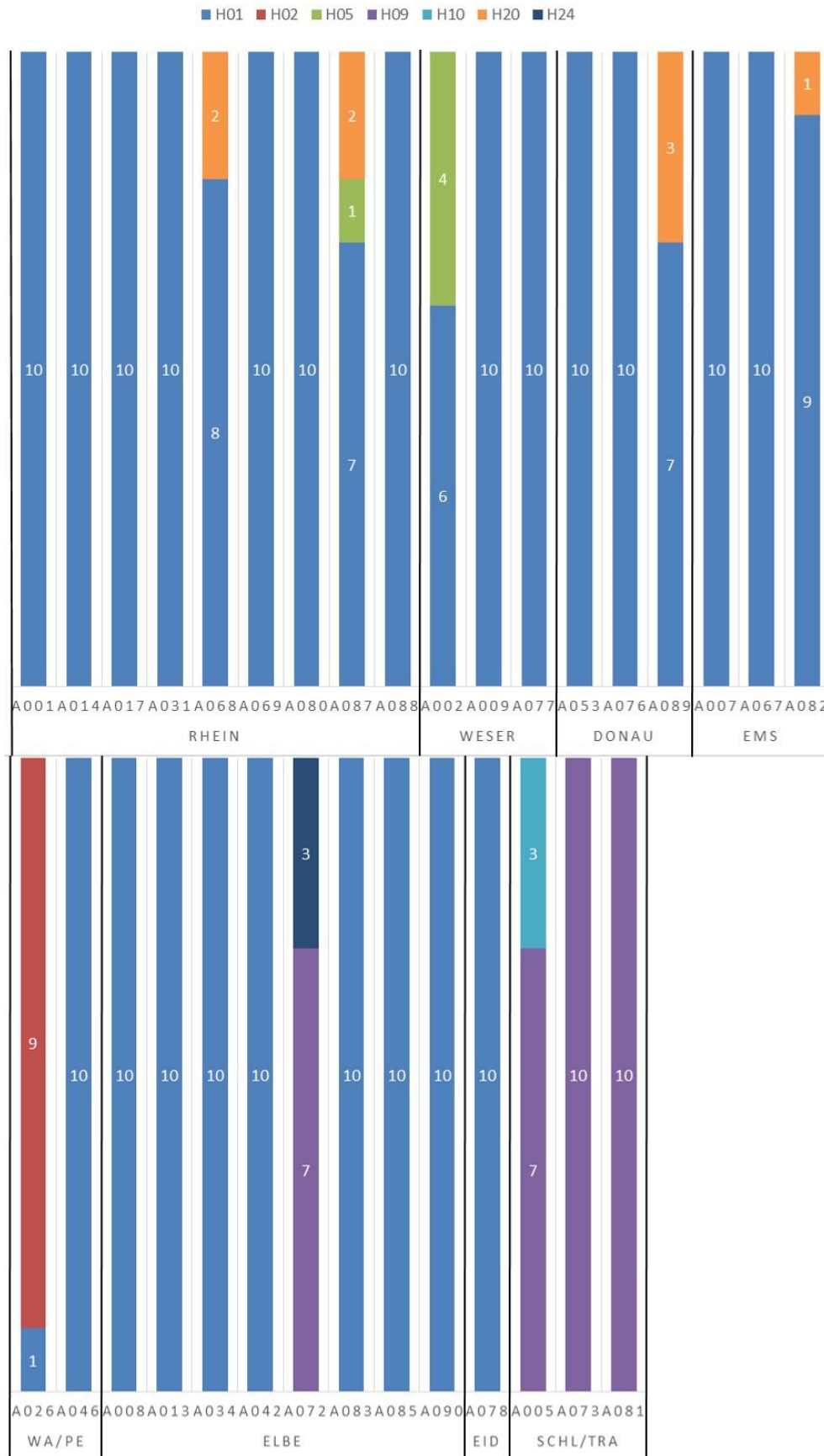


Abbildung 6: Graphische Darstellung (Histogramm) der Verteilung der sieben identifizierten Haplotypen mit absoluten Abundanzen pro Population gruppiert nach Flussgebietseinheit.

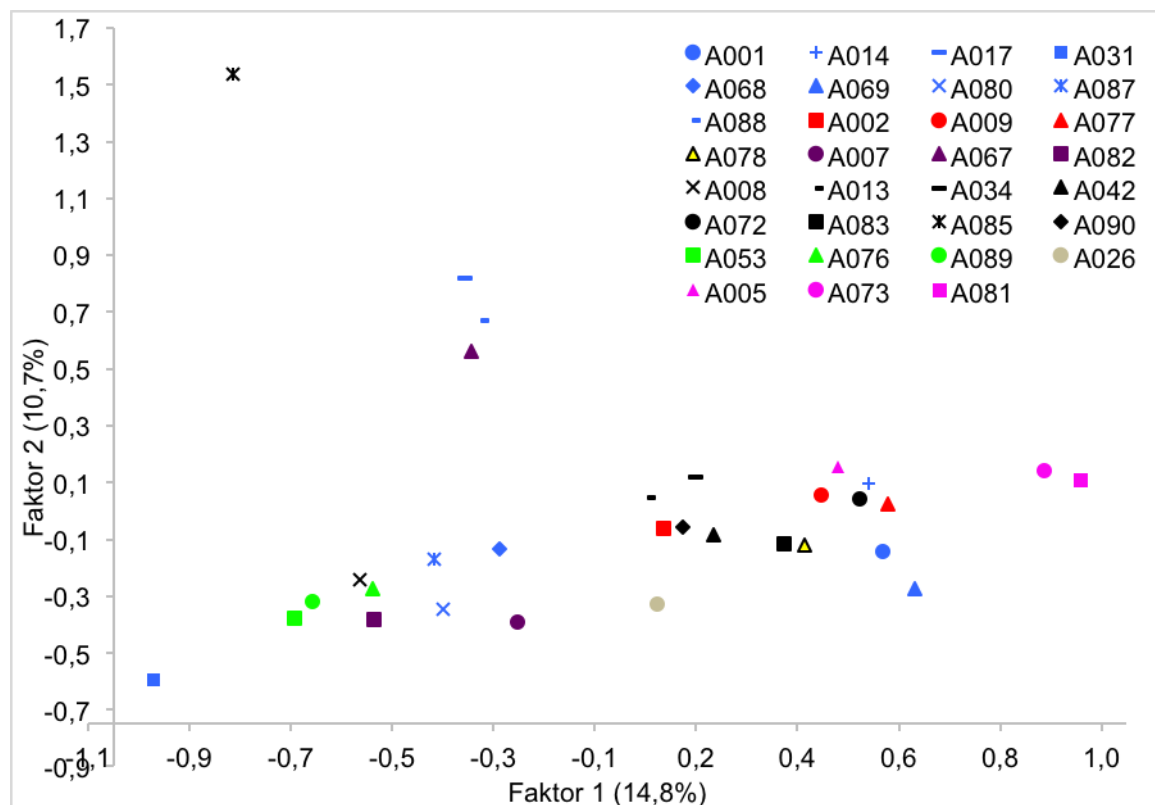




**Tabelle 36 Ergebnisse der Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) der Mikrosatellitendaten. Dargestellt sind die Freiheitsgrade (d.f.), der Anteil der Varianz (%Var), der Fixationsindices (F) und deren Signifikanz (\*\*\*:  $p < 0,001$ ; \*:  $p < 0,05$ ).**

Varianzkomponenten	Mikrosatelliten-Daten		
	d.f.	% Var	F-Statistik
Zwischen Flusseinzugsgebieten	7	2,72	$F_{CT}=0,03$
Zwischen Populationen innerhalb der Flusseinzugsgebiete	23	27,78	$F_{SC}=0,29^{***}$
Innerhalb der Populationen	2153	69,50	$F_{ST}=0,31^{***}$

In Abb. 7 sind die ersten beiden Faktoren der Faktoriellen Korrespondenzanalyse dargestellt. Der erste Faktor erklärt 14,8% der Varianz und der zweite Faktor 10,7%. In der Graphik eine klare Gruppierung der Populationen der Flusseinzugsgebiete Donau und Schlei/Trave ersichtlich. Auffällig ist die breite Verteilung der Populationen aus dem Flusseinzugsgebiet der Elbe.



**Abbildung 7: Faktorielle Korrespondenzanalyse mit Edelkrebsen von 31 Populationen aus dem Rhein (blau), der Weser (rot), der Eider (Gelb), der Ems (violett), der Elbe (schwarz), der Donau (grün), der Warnow/Peene (grau) und der Schlei/Trave (magenta). Jedes Symbol repräsentiert eine Population. Je größer der Abstand zwischen den Symbolen, desto unähnlicher sind die Populationen zueinander.**

Bei der Faktoriellen Korrespondenzanalyse, bei der jedes Individuum einzeln

betrachtet wurde, werden 5,67% (Faktor 1) bzw. 3,58% (Faktor 2) der Varianz erklärt. Bei den Punktwolken ist eine Vermischung der Edelkrebse unterschiedlicher Populationen sichtbar (Abb. 8). Die Individuen der Schlei/Trave Populationen A073 und A081 und die Individuen der Elbepopulation A085 gruppieren etwas getrennt. Keine Population gruppiert mit ihren Individuen isoliert.

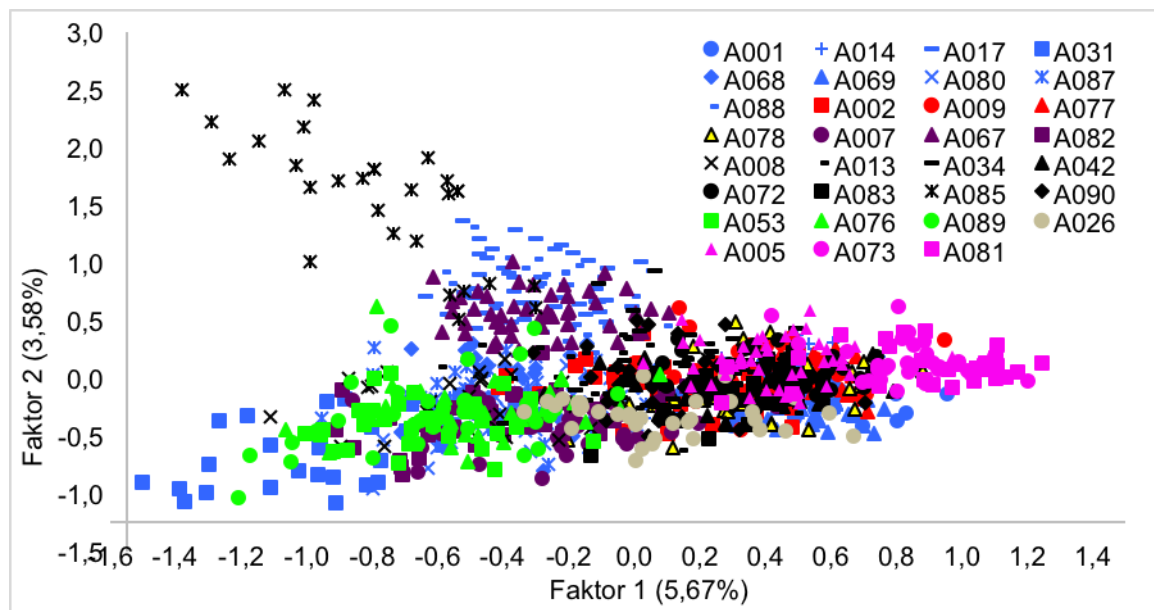


Abbildung 8: Faktorielle Korrespondenzanalyse mit Edelkrebsen von 31 Populationen aus dem Rhein (blau), der Weser (rot), der Eider (Gelb), der Ems (violett), der Elbe (schwarz), der Donau (grün), der Warnow/Peene (grau) und der Schlei/Trave (magenta). Jedes Symbol repräsentiert ein Individuum. Individuen mit gleichen Symbolen gehören zur gleichen Population. Je weiter eine Gruppe von Individuen streut (Punktwolke), desto genetisch diverser ist diese Gruppe.

Bei der Bayesischen Clusteranalyse basierend auf Flusseinzugsgebieten bilden alle acht Flusseinzugsgebiete jeweils ein eigenes Cluster (Abb. 9).

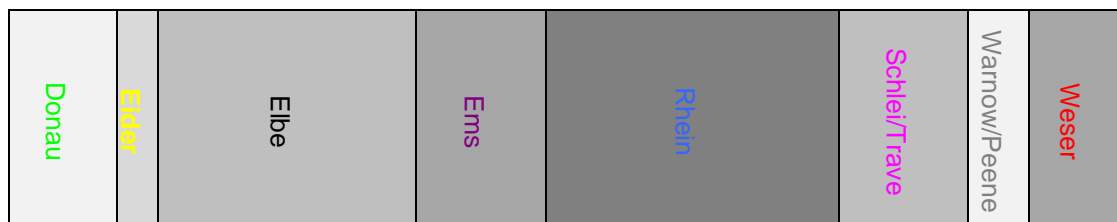


Abbildung 9: Bayesische Clusteranalyse für acht Flusseinzugsgebiete. Die Rechtecke stehen jeweils für ein Flusseinzugsgebiet. Die Breite der Rechtecke ist proportional zu der Anzahl der Individuen in der Gruppe. Jede Farbe steht für ein Cluster. Rechtecke in gleicher Farbe gehören zu dem gleichen Cluster, wie mit dem Programm BABS v. 5.4 berechnet wurde.

Bei der Bayesischen Clusteranalyse basierend auf den 31 Populationen wurden 22

Cluster mit einer Wahrscheinlichkeit von 1 als am wahrscheinlichsten erachtet (Abb. 10). Insgesamt 16 Populationen bilden ein eigenes Cluster. Jeweils zwei Rheinpopulationen (A088, A017 sowie A69, A001), zwei Schlei/Trave Populationen (A081, A073) und zwei Elbepopulationen (A042, A013) bilden ein gemeinsames Cluster. Eine Elbe- mit einer Rheinpopulation (A014, A072) bilden ein weiteres Cluster.



**Abbildung 10: Bayesische Clusteranalyse für die 31 untersuchten Populationen. Die oberen Rechtecke benennen die Populationen, die unteren Rechtecke die dazugehörigen Flusseinzugsgebiete. Jede Farbe der oberen Rechtecke steht für ein Cluster. Rechtecke in gleicher Farbe gehören zu dem gleichen Cluster, wie mit dem Programm BABS v. 5.4 berechnet wurde. Die Schriftfarbe der unteren Rechtecke korrespondiert mit der Farbgebung der Flusseinzugsgebiete aus Abbildung 5-8: Rhein (blau), Weser (rot), Eider (Gelb), Ems (violett), Elbe (schwarz), Donau (grün), Warnow/Peene (grau) und Schlei/Trave (magenta).**

Bei der Admixture-Analyse (Abb. 11) wurden in zwei Populationen aus dem Rheineinzugsgebiet (A088, A080), zwei Populationen aus dem Schlei/Trave Einzugsgebiet (A005 und A073), einer Population aus dem Weser Einzugsgebiet (A077), einer Population aus dem Donaueinzugsgebiet (S054) und einer Population aus dem Elbe Einzugsgebiet (A008) alle Individuen jeweils nur einem Cluster zugeordnet. Die Individuen aller anderen Populationen wurden hingegen mehreren Clustern zugeordnet. Bei vielen Populationen sind es nur einzelne Tiere je Population, die auf einen Genfluss zwischen den Clustern hindeuten. Dies trifft beispielsweise auf die Populationen A017, A081, A053, A013, A013, A009, A034, A069, A35 und A031 zu. Demgegenüber stehen die Bestände im großen magentafarbenen Cluster mit Populationen aus dem Donau, Ems und Rheineinzugsgebiet (A053, A068, A082, A089 und A007), die einen sehr hohen Grad an Durchmischung aufweisen.

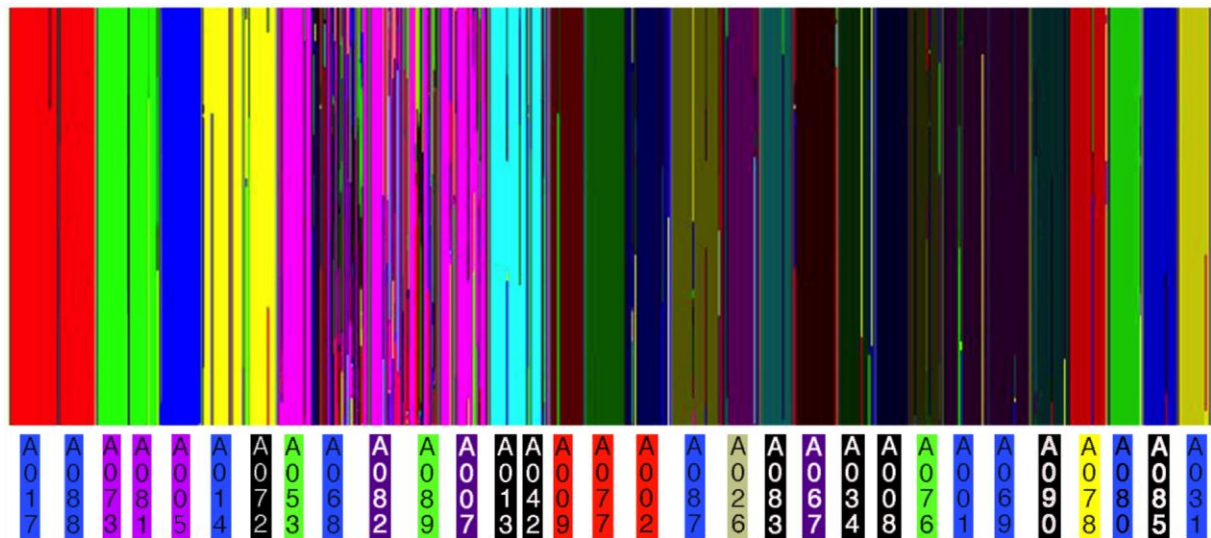


Abbildung 11: Admixture-Analyse von 1090 Individuen der 31 untersuchten Populationen berechnet mit BAPS v. 5.4. Jedes Individuum ist durch eine senkrechte Linie repräsentiert. Die Farben geben die prozentuale Zugehörigkeitswahrscheinlichkeit der Individuen zu verschiedenen Clustern an (vergleiche auch Abb. 10). Die Farben der Beschriftung geben die Flusseinzugsgebiete an.

## **6 Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse**

### **6.1 Bewertung der untersuchten Populationen**

Insgesamt ist die genetische Diversität des Edelkrebse im Untersuchungsgebiet vergleichsweise gering. Die maximale Anzahl an Allelen je Mikrosatelliten-Locus in einer Population ist 10 (A036.1 und A068). Die höchste mittlere Allelzahl je Population ist 6,1 (A068), und die mittlere Allelzahl über alle Populationen ist 3,9. Der höchste Allelreichtum in einer Population ist 2,45 (A053), und der mittlere Allelreichtum über die 32 Populationen ist 1,87. Über das vollständige natürliche Verbreitungsgebiet des Edelkrebse betrachtet ist die gesamte genetische Diversität der Art deutlich höher (Schrimpf et al. 2011, 2014). Das Gebiet Deutschlands stellt nur einen Ausschnitt der Gesamtdiversität dar. Dies zeigt sich auch in der vorliegenden Studie deutlich an der augenfällig höheren Haplotypendiversität in den Vergleichsproben aus dem rumänischen Donauebiet im Vergleich zum oberen Donauebiet in Deutschland.

Die verhältnismäßig geringe genetische Vielfalt des Edelkrebse im Untersuchungsgebiet hat wahrscheinlich zunächst einen natürlichen Hintergrund. Die Art hat das letzte Glazial vermutlich im Wesentlichen auf der Balkanhalbinsel überdauert (Albrecht 1983). In den vielfältigen Landschaften dieses südosteuropäischen Refugiums konnte sich in den Populationen über den Verlauf mehrerer Glaziale eine größere genetische Vielfalt erhalten oder herausbilden. Während der Interglaziale erfolgten wiederholt Ausdehnungen der Verbreitungsgebiete nach Norden (Hewitt 1999). Mitteleuropa, und damit auch das Untersuchungsgebiet, wurden von vielen aquatischen Organismen über große Flüsse wie Donau und Dnieper besiedelt (Durand et al. 1999; Weiss et al. 2002). Der Edelkrebs erreichte die untersuchten Flussgebietseinheiten wahrscheinlich vor allem über die Donau (Schrimpf et al. 2014; H. K. Schulz and Grandjean 2005). Demnach kann angenommen werden, dass die deutschen Flussgebietseinheiten eher spät besiedelt wurden und somit relativ wenig Zeit für eine genetische Differenzierung zur Verfügung stand. Es ist davon auszugehen, dass im Zuge der Wiederbesiedlung nur ein bestimmter Anteil der gesamten Diversität der Art die neu besiedelten Gebiete erreicht.

Ein weiterer wesentlicher Faktor der wahrscheinlich zu einer Reduktion der

genetischen Diversität des Edelkrebsees in Mitteleuropa geführt hat, ist das Auftreten des aus Nordamerika stammenden, auf Flusskrebse spezialisierten Parasiten *Aphanomyces astaci* (Oomycetes). Es liegt nahe anzunehmen, dass die durch den Parasiten verursachte 'Krebspest', welche in sehr weiten Teilen Europas bereits seit den 1860er Jahren zu extrem starken Einbrüchen von Beständen und dem Verschwinden autochthoner Bestände geführt hat (Alderman 1996; Holdich 2003), eine entscheidende Ursache für eine vergleichsweise geringe genetische Diversität darstellt. Dennoch zeigen sich auch im Untersuchungsgebiet genetische Spezifika. Am deutlichsten sticht hier der Nachweis eines in der einschlägigen Literatur bisher noch nicht beschriebenen Haplotyps hervor. Dieser Haplotyp H24 wurde ausschließlich im Schulensee (A072) in der Flussgebietseinheit Elbe gefunden. Vor dem Hintergrund, dass die genetische Diversität des Edelkrebsees im Untersuchungsgebiet generell verarmt erscheint, sind derartige genetische Eigenheiten besonders schutzwürdig.

Die Analysen der Sequenzdaten weisen zunächst darauf hin, dass die küstennahen Flussgebietseinheiten Schlei/Trave und Warnow/Peene gegenüber den weiteren Flussgebietseinheiten einige genetische Spezifika aufweisen. Der Flussgebietseinheit Elbe kommt hier eine Zwischenposition zu. Private Haplotypen wurden in den Flussgebietseinheiten Elbe (H24), Schlei/Trave (H10) und Warnow/Peene (H02) festgestellt. Dem gegenüber kommt der deutlich häufigste und weit verbreitete Haplotyp H01 in sechs der acht untersuchten Flussgebietseinheiten vor. Er fehlt allerdings in der Flussgebietseinheit Schlei/Trave.

Eine genetische Differenzierung der Edelkrebse des norddeutschen Raums gegenüber anderen mitteleuropäischen Populationen stellten auch Schrimpf et al. (2014) fest. Dort werden zwei Erklärungsmöglichkeiten vorgeschlagen. Zum einen kann die postglaziale Wiederbesiedlung Mitteleuropas über zwei unterschiedliche Routen erfolgt sein. Möglich erscheint aber auch ein Refugium während des letzten glazialen Maximums, etwa in den nördlichen Einzugsgebieten von Weichsel und Elbe.

Anhand der Sequenzdaten sind die Flussgebietseinheiten Ems, Rhein und Weser kaum differenzierbar (Abb. 6). Auch mit der Flussgebietseinheit der Donau besteht eine große Übereinstimmung der festgestellten Haplotypen (Abb. 6). Dies kann auf die Besiedlung dieser Gewässersysteme aus einem einzigen glazialen

Refugialgebiet zurück zu führen sein (Schrimpf et al. 2011, 2014). Hier kann sich jedoch auch der Einfluss der Bewirtschaftung und damit verbundener weitreichender Besatzmaßnahmen des Edelkrebse zeigen. Edelkrebse werden seit über 2000 Jahren gehandelt (Skurdal and Taugbøl 2002) und wurden dementsprechend häufig transportiert (Albrecht 1983). Kommerzielle Krebszuchten zu Zwecken der Nahrungserzeugung, für private Teichhaltung, aber auch der Arterhaltung, werden heute insbesondere in Nord- und Mitteleuropa betrieben (Jussila and Mannonen 2004; Paaver and Hurt 2010). Für das Untersuchungsgebiet ist bekannt, dass in den vergangenen Dekaden viele Besatzkrebse aus dem Donaauraum in andere Regionen verkauft wurden.

Für einen deutlichen Einfluss von Besatzaktivitäten sprechen hier auch die Analysen der Mikrosatellitendaten. Die Bayesische Clusteranalyse zeigt ein großes Cluster, dem zwei Donaupopulationen, zwei Ems- und eine Rheinpopulation zugeordnet werden (Abb. 10). Dieses Cluster zeigt in der Admixture-Analyse einen besonders starken Genfluss bzw. eine Durchmischung von Populationen an. Die Mehrzahl der Individuen dieses Clusters kann nicht zu 100% einem bestimmten Cluster zugeordnet werden (Abb. 11).

Auch die Mikrosatellitendaten zeigen, dass die genetische Variabilität über alle untersuchten Bestände hinweg sehr niedrig ist. Auffällig sind die relativ hohen  $F_{IS}$ -Werte (0,145 – 0,639), die zusammen mit den von den erwarteten Heterozygotiewerten ( $H_e$ ) nach unten abweichenden beobachteten Heterozygotiewerten ( $H_o$ ) einen Hinweis darauf geben, dass die Individuen innerhalb der Population sehr nahe miteinander verwandt sind und sich genetisch kaum unterscheiden. Auch private Mikrosatellitallele treten innerhalb der Populationen eher selten auf. Zwar gibt es in fast allen Flussgebietseinheiten (außer Warnow/Peene) mindestens eine Population mit privaten Allelen; die mittlere Anzahl privater Allele liegt allerdings nur zwischen 0,1 und 0,5 ( $\emptyset$ : 0,19).

Bei der Clusteranalyse basierend auf Flussgebietseinheiten bilden alle acht Flussgebietseinheiten jeweils ein eigenes Cluster (Abb. 9). Die Differenzierung der Flussgebietseinheiten Schlei/Trave und Warnow/Peene wird auch in der Clusteranalyse nach Populationen deutlich und kann somit als stabiles Muster eingeordnet werden (s. Abb. 9). Die Population aus der Flussgebietseinheit

Warnow/Peene (A026) und die Schlei/Trave-Populationen (A005, A073, A081) bilden jeweils ein eigenes Cluster. Weitere Populationen, die innerhalb einer Flussgebietseinheit ein eigenes Cluster bilden, finden sich in Rhein (A088, A017 sowie A69, A001) und Elbe (A042, A013). Auch die Schlei/Trave-Populationen (A005, A073, A081) werden zu einem eigenen Clustern zusammengefasst. Diese Clusterbildungen deuten eine Differenzierung zwischen den Einzugsgebieten an, wie sie natürlicher Weise zu erwarten wäre. Bei der Interpretation der Clusteranalyse muss jedoch beachtet werden, dass die Anzahl an Allelen im gesamten Datensatz vergleichsweise gering ist. Daher führen schon geringe Unterschiede in der Verteilung der Allelhäufigkeiten in den Populationen zur Differenzierung von Clustern. Gleiches gilt für Cluster zwischen Populationen unterschiedlicher Flussgebietseinheiten, wie z.B. das Cluster einer Elbe- mit einer Rheinpopulation (A014, A072), und das bereits genannte, große Cluster, dem zwei Donaupopulationen (A053, A089), zwei Emspopulationen (A007, A082) und eine Rheinpopulation (A068) zugeordnet werden. Auch hier kann die geringe Anzahl an Allelen im Gesamtdatensatz dazu führen, dass Populationen aufgrund mangelnder privater Allele einem gemeinsamen Cluster zugeordnet werden. Darüber hinaus war die Zahl der aus verschiedenen Flusseinzugsgebieten untersuchten Populationen stark unterschiedlich, was ebenfalls die Ergebnisse der Clusteranalyse beeinflussen kann.

Die Schlei/Trave-Populationen erscheinen auch in der Faktoriellen Korrespondenzanalyse eigenständig (Abb. 7, 8). Dies trifft auf die Populationen aus der Flussgebietseinheit Warnow/Peene nicht voll zu. In Abb. 7 ist aber zu erkennen, dass die Unterschiede zwischen den Populationen eines Fußzeinzugsgebiets meist genauso groß sind, wie die Unterschiede zwischen Populationen aus verschiedenen Einzugsgebieten. Auffällig ist dennoch die sehr weite Streuung der Rheinpopulationen. Während zum Beispiel die Flussgebietseinheiten Donau und Weser für sich betrachtet deutlich getrennt erscheinen, liegen sie gleichermaßen in einem Bereich, über den sich die Rheinpopulationen erstrecken. Die Flussgebietseinheit Rhein erscheint also besonders heterogen. Dieser Befund könnte auf Besatzaktivitäten zurückgeführt werden und/oder auf die größere Zahl an untersuchten Populationen in der Flussgebietseinheit Rhein. Es erscheint aber denkbar, dass hier tatsächlich vorhandene genetische, räumliche Strukturen, wie eine Abgrenzung zwischen den Flussgebietseinheiten Ems, Weser und Rhein



überlagert werden.

Augenfällig ist zudem die starke Differenzierung der Elbepopulation A085 gegenüber allen weiteren Populationen, sowohl berechnet auf Grundlage der Populationen als auch auf Grundlage der Individuen (Abb. 7). Ein ähnliches Bild zeigt sich auch für die Rheinpopulation A031. Bei beiden Populationen treten zwar keine privaten Allele auf; allerdings besitzen sie, wie in Abb.7 dargestellt, eine besondere Zusammensetzung von Allelen, die in dieser Kombination für das Untersuchungsgebiet jeweils einzigartig ist. Population A031 repräsentiert zudem möglicherweise die ursprüngliche genetische Situation der Region Oberschwaben (Vergl. S. 33). Insgesamt deuten die vorliegenden Ergebnisse (Sequenz- und Mikrosatellitendaten) des Edelkrebsses für das Gebiet der Bundesrepublik Deutschland auf eine geringere räumlich aufgegliederte genetische Diversität hin, als dies kürzlich beispielsweise in einer vergleichbar räumlich aufgelösten Studie an der Bachforelle gezeigt werden konnte (Schmidt et al. 2015). Gleichwohl sind die Bestände aus Schlei/Trave in vollem Umfang sowie diejenigen aus Warnow/Peene und Elbe mit Einschränkungen aus in genetischer Hinsicht besonders herauszustellen (s. 6.2: Empfehlung von Managementeinheiten).

## **6.2 Empfehlung von Managementeinheiten**

Die minimalen Anforderungen an Genetischen Managementeinheiten (GME, sensu Baer et al. 2007) sollten insbesondere vor dem Hintergrund der insgesamt geringen genetischen Vielfalt des Edelkrebsses in Deutschland vornehmlich die genetischen Spezifika der zwei küstennahen Flussgebietseinheiten Schlei/Trave und Warnow/Peene berücksichtigen. In der ebenfalls küstennahen Flussgebietseinheit Eider wurden keine genetischen Besonderheiten gefunden. Allerdings wurde hier nur eine Population untersucht, weswegen man keine sichere Aussage über den genetischen Pool der Eider treffen kann. Daher empfehlen wir nach dem Vorsorgeprinzip, Besatz innerhalb dieser Flussgebietseinheit nur mit genetischen Begleituntersuchungen durchzuführen. Aufgrund der geographischen Nähe zu den beiden anderen küstennahen Flussgebietseinheiten empfehlen wir die Eider in eine GME mit Schlei/Trave und Warnow/Peene zu gruppieren. In diese Gebiete sollten keine Edelkrebse aus den weiteren Flussgebietseinheiten eingebracht werden. Diese Forderung sollte auch für die Flussgebietseinheit Elbe gelten, deren genetischer Gesamtbefund Ambivalenzen aufweist (vergl. Population A072). Hier sollte auch

zunächst das Vorsorgeprinzip zum Tragen kommen. Aufgrund der besonderen Allelezusammensetzung sind die beiden Populationen A031 (Rhein) und A085 (Elbe) ebenfalls hervorzuheben. Population A031 repräsentiert zudem möglicherweise die ursprüngliche genetische Situation der Region Oberschwaben (Vergl. S. 33). Bei Population A085 ist allerdings der historische Hintergrund zweifelhaft (s. S. 45), weshalb keine konkrete Schutzempfehlung für diese Population ausgesprochen werden kann.

Auf der Grundlage der Sequenz- und Mikrosatellitenergebnisse erscheinen somit die drei Schlei/Trave Populationen A005, A073 und A081 sowie die Elbe Population A072 und die Rhein Population A031 als besonders schützenswert; ein Einbringen von allochthonem Material sollte hier unter allen Umständen vermieden werden.

Es liegen Hinweise auf möglicherweise weitere relevante Populationen von Edelkrebsen im Bereich der küstennahen Flussgebietseinheiten vor, beispielsweise in der Uckermark. Weitere Untersuchungen an diesen Populationen könnten wertvolle Hinweise zur Abgrenzung der drei küstennahen Gebiete insgesamt gegenüber der Elbe, insbesondere aber zur Differenzierung zwischen diesen drei Gebieten liefern. Hier wird allerdings auf die Ausführungen in Kap. 7 zu Möglichkeiten der Beschaffung von Probenmaterial verwiesen.

Die Differenzierung zwischen den Flussgebietseinheiten Ems, Rhein und Weser ist in der Gesamtschau der Ergebnisse mäßig ausgeprägt. Trotz eines offensichtlichen Beitrags von Besatzaktivitäten, der wahrscheinlich eine genetische Homogenisierung innerhalb dieser Gebiete gefördert hat, zeigen sich Unterschiede zwischen Ems, Rhein und Weser. Dies sollte im genetischen Management berücksichtigt werden. Ein Einfluss des von Schrimpf et al. (2014, in prep) vorgeschlagenen Glazialrefugiums in Westeuropa zeigt sich in den hier untersuchten Beständen nicht. Hier wären weitere Untersuchungen der wenigen verbliebenen südwestdeutschen Krebspopulationen, zum Beispiel im Saarland (Blies-System), aufschlussreich. Auch hier kann die Anwendung des Vorsorgeprinzips begründet werden.

Die Flussgebietseinheit Donau erscheint in der vorliegenden Studie weniger deutlich von den weiteren Flussgebietseinheiten differenziert, als dies aus der postglazialen Besiedlungsgeschichte hätte erwartet werden können. Da dieser Befund offensichtlich in einem bestimmten Ausmaß aus Besatzaktivitäten, im besonderen

wahrscheinlich dem Export von Tieren aus dem Donaugebiet unter anderem in das Rheingebiet resultiert, sollte im genetischen Management versucht werden, hier einer weiteren Homogenisierung entgegen zu wirken.

Genetische Managementeinheiten können demnach als Minimalempfehlung folgende Gruppen von Flussgebietseinheiten darstellen:

- 1) Schlei/Trave, Warnow/Peene und Eider
- 2) Elbe
- 3) Ems, Rhein, Weser
- 4) Donau

Trotz der nun vorliegenden guten Datengrundlage für den Edelkrebs bleiben gewisse Unsicherheiten bei der Ausweisung von Managementeinheiten bestehen. Für bestimmte relevante Regionen (zum Beispiel Südwestdeutschland, Uckermark, Flussgebietseinheit Oder) könnte die Untersuchung weiterer Populationen mehr Handlungssicherheit verschaffen. Zudem scheinen Transport und in der Regel undokumentierter Besatz für die heute vorzufindenden genetischen Strukturen des Edelkrebses in der Bundesrepublik Deutschland eine bedeutende Rolle zu spielen. Hier sollte eine Verschlechterung der Situation vermieden werden. Schließlich trägt die relative genetische Verarmung auf Grund von Faktoren wie der Krebspest zu diesen Unsicherheiten bei.

Daher wird, über die genannte Minimalempfehlung hinausgehend, vorgeschlagen, dem Vorsorgeprinzip folgend die acht untersuchten Flussgebietseinheiten jeweils als einzelne Genetische Managementeinheit (GME) zu behandeln.

Dem Konzept der Genetischen Management-Einheiten von Baer et al. (2007) folgend, sollten entsprechend die Handlungsempfehlungen für die Kategorie der „Evolutionären Großraumgruppe“ umgesetzt werden. Für eine gute fischereiliche Planung von Besatzmaßnahmen mit Edelkrebsen sind somit folgende Handlungsempfehlungen abzuleiten:

- 1) Besatzmaterial (Elterntiere oder Eier und Sperma) soll aus dem Besatzgewässer selbst entnommen werden ('supportive breeding').

2) Besatzmaterial kann aus angrenzenden Gewässerabschnitten entnommen werden.

3) Besatzmaterial kann in gut begründeten Fällen ausnahmsweise aus einem anderen Untereinzugsgebiet innerhalb der jeweiligen GME entnommen werden.

Diese Empfehlungen sind in der angegebenen Reihenfolge zu priorisieren, grundsätzlich gilt:

4) Besatzmaterial soll nicht aus einer anderen GME eingebracht werden.

## **7 Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen und Hinweise auf weiterführende Fragestellungen**

Die Ziele des Projektes hinsichtlich der Probenahme und genetischen Analyse wurden weitestgehend erreicht. Es sollten mindestens 30 Populationen des Edelkrebsses beprobt werden. Dabei sollten mindestens 30 Individuen pro Population vermessen werden und eine Gewebeprobe für eine DNA-Analyse genommen werden. Eine Mikrosatellitenanalyse sollte von mindestens 30 Proben durchgeführt werden und von zehn Individuen eine Sequenzanalyse. Es war geplant, bei der Auswahl der zu beprobenden Populationen auf die geographische Verteilung zu achten, dabei sollten mindestens vier Flusseinzugsgebiete beprobt werden, und das gesamte Gebiet Deutschlands sollte abgedeckt sein. Zusätzlich war geplant, relevante Bestände aus der Liste förderfähiger Stämme und Wildpopulationen von Fischarten gemäß des GAK-Rahmenplans 2008 – 2011 des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) besonders zu beachten.

Bei der Auswahl der Populationen planten wir auch die Lage der Untersuchungsgebiete in Bezug auf die Ökoregionen und relevanten Gewässertypen nach WRRL mit einzubeziehen. Ausschlaggebend für die tatsächlich durchgeführte Beprobung war letztendlich die Information über das historische und aktuelle Management konkreter Bestände. Der Fokus lag auf autochthonen und weitestgehend unbeeinflussten Populationen. Insgesamt wurden 32 Edelkrebspopulationen in acht Flussgebietseinheiten Deutschlands beprobt, wobei verschiedenste Gewässertypen berücksichtigt wurden. Die Probestellen sind über ganz Deutschland verteilt. In Ostdeutschland (Teile Brandenburgs) besteht eine Lücke, da bis dato kein Zugang zu dort vorhandenen ggf. interessanten Populationen möglich war. Im Maingebiet und im Odereinzugsgebiet sind nach dem Stand der Recherchen keine aktuellen Vorkommen mehr vorhanden. Bemerkenswert ist in diesem Zusammenhang auch, dass diverse Bestände, für die zunächst konkrete Bestandshinweise vorlagen, sich bei tatsächlicher Beprobung als mittlerweile erloschen erwiesen bzw. durch gebietsfremde Flusskrebsarten ersetzt worden waren. Weitere Bestände sind während der Projektlaufzeit zusammengebrochen und erbrachten letztlich nur so wenige Individuen, dass sie für das vorliegende Projekt nicht verwendet werden konnten. Die Gefahr einer Einschleppung der Krebspest wird

auch als Grund gewertet, warum in manchen Regionen kein Zugriff auf Bestände möglich war. Dieser kann lediglich erfolgen, wenn die vor Ort verantwortlichen Personen im Zuge von Kontrollerfassungen selber ihre Bestände beproben. Dies geschieht aber unter Umständen nur alle fünf Jahre oder seltener, was wiederum an den als sehr sensibel und wertvoll eingestuften Beständen liegt. Somit haben die für das vorliegende Projekt relevanten Zeitskalen eine Erfassung manchen Bestandes ausgeschlossen. Insgesamt wurden sieben Bestände beprobt, die Populationen bzw. Gewässersysteme der GAK-Liste abdecken. Bei 29 Populationen wurde in der Mikrosatellitenanalyse die volle Anzahl an untersuchten Individuen erreicht, bei je einer weiteren 25 bzw. 20 Individuen. Bei insgesamt 32 Populationen wurde an je zehn Individuen eine Sequenzanalyse vorgenommen. Damit wurden mehr Populationen bzw. Proben untersucht als geplant.

Ziel war es weiterhin, ESUs als Basis für ein zukünftiges Management des Edelkrebsses zu definieren. Die Einteilung von ESUs innerhalb Deutschlands stellte sich als schwerer heraus als angenommen. Durch beide Marker konnte keine klare Differenzierung der Populationen zwischen den Flusseinzugsgebieten ermittelt werden. Die küstennahen Einzugsgebiete im Nordosten (Schlei/Trave und Warnow/Peene) stechen durch private und differenzierte Haplotypen heraus. Andere Populationen, die oftmals aus isolierten und nicht durch Besatz beeinflussten Gewässern stammen, fallen durch ihre hohe Diversität und/oder die hohe genetische Differenzierung zu anderen Populationen auf. Diese Populationen sollten speziell geschützt werden, da sie für die Erhaltung der Diversität des Edelkrebsses eine besondere Bedeutung haben. Das Management des Edelkrebsses kann also nach den bisher vorliegenden Daten nicht auf der Basis weniger, große räumliche Einheiten umfassenden ESUs erfolgen. Dies ist vor dem Hintergrund des starken Einflusses der Krebspest bei dieser Art nachvollziehbar. Vielmehr hat die vorliegende Studie die Erkenntnis geliefert, dass es Einzelstandorte mit besonderen und als schützenswert einzustufenden Edelkrebspopulation gibt, von denen einige sicher auch die Grundlage für einen regionalen Erhalt und die Verbreitung spezifischer Haplotypen, z.B. durch Nachzucht, darstellen können.

Die Ergebnisse dieser Studie sind für das Management des Edelkrebsses von großer Bedeutung, auch oder gerade weil sie gezeigt haben, dass eine Einteilung der ESU in Deutschland nicht so einfach möglich ist wie bei vielen anderen Arten. In einigen

Regionen Deutschlands fehlen jedoch weiterhin die Informationen über die genetische Struktur des Edelkrebsses (z.B. Uckermark oder Saarland) oder die durch diese Studie erhaltene Information ist nicht ausreichend. Auf Grund des festgestellten großen Beitrags einzelner Regionen zur genetischen Diversität des Edelkrebsses erscheint die Anzahl von 30 Probestellen nicht geeignet, um gleichermaßen das gesamte Untersuchungsgebiet abzudecken, wie alle potentiell wichtigen Regionen angemessen zu berücksichtigen. Die genetische Diversität in Nordostdeutschland bleibt, insbesondere aufgrund der hier extrem schwierigen Zugriffsmöglichkeit auf noch vorhandene Bestände (s.o.), zum Teil nicht erfassbar. Gleiches gilt z.B. für vermutete Vorkommen im Saarland. Vor dem Hintergrund der vermuteten nacheiszeitlichen Wiederbesiedlung sind allerdings gerade Nordostdeutschland und Südwestdeutschland als mögliche Refugialräume (Schrimpf et al. 2014; Schrimpf et al. in prep) von großem Interesse und möglicherweise noch höherer Bedeutung für den Schutz und das Management des Edelkrebsses, als dies bisher belegt werden konnte.

In diesem Zusammenhang könnten möglicherweise auch hochauflösendere genetische Marker wie Einzelnukleotidpolymorphismen (SNPs) erfolgversprechend sein (Chiesa et al. 2011).

## 8 Zusammenfassung

### 8.1 Zusammenfassung

Gegenstand der Untersuchung ist die populationsgenetische Charakterisierung wilder Edelkrebsbestände (*Astacus astacus*) aus verschiedenen Flussgebietseinheiten Deutschlands und die Identifikation geeigneter, evolutionär eigenständiger Einheiten (ESU) des Edelkrebsses für praxisnahe Maßnahmen des Bestandsmanagements. Probenahmen wurden in 32 möglichst unbeeinflussten autochthonen Beständen des Edelkrebsses durchgeführt. Neben Elbe (n = 8) und Weser (n = 3) wurden die Flussgebietseinheiten Rhein (n = 8), Donau (n = 3), Eider (n = 1) Ems (n = 3), Schlei/Trave (n = 3) und Warnow/Peene (n = 2) untersucht. Von 1090 Gewebeproben aus 31 Populationen wurden jeweils zehn Mikrosatelliten-Loci und zusätzlich von zehn Individuen pro Population die Cytochrom-Oxidase Untereinheit I (COI) der mitochondrialen DNA untersucht. Morphometrische Parameter, genetische Werte und Indizes wurden ermittelt. Die Ergebnisse wurden für eine Eintragung in die AGRDEU-Datenbank der BLE aufbereitet. Die küstennahen Einzugsgebiete im Nordosten Deutschlands (Schlei/Trave und Warnow/Peene) stechen durch private und differenzierte Haplotypen heraus. Andere Populationen, die oftmals aus isolierten und vermeintlich nicht durch Besatz beeinflussten Gewässern stammen, fallen durch ihre höhere Diversität und/oder die höhere genetische Differenzierung zu anderen Populationen auf. Diese Populationen sollten speziell geschützt werden, da sie für die Erhaltung der Diversität des Edelkrebsses eine besondere Bedeutung haben. Das Management des Edelkrebsses kann also nach den bisher vorliegenden Daten auf der Basis weniger, große räumliche Einheiten umfassenden ESU erfolgen. Die vorliegende Studie liefert die Erkenntnis, dass es Einzelstandorte mit besonderen und als schützenswert einzustufenden Edelkrebspopulationen gibt, die Grundlage für einen regionalen Erhalt und die Verbreitung spezifischer Haplotypen, z.B. durch Nachzucht, darstellen können. Die Daten aus dieser Studie bilden eine wichtige Grundlage für den Schutz der genetischen Ressourcen der Edelkrebse und deren Management.



## 8.2 Abstract

Aim of this study is the genetic characterization of wild noble crayfish (*Astacus astacus*) populations from different river catchment areas in Germany and the identification of suitable evolutionary significant units (ESUs) of the species as a basis for practical measures for stock management.

Sampling was conducted in 32 largely uninfluenced autochthonous noble crayfish populations from the river catchments of the Elbe (n = 8), Weser (n = 3), Rhine (n = 8), Danube (n = 3), Eider (n = 1), Ems (n = 3), Schlei/Trave (n = 3) and Warnow/Peene (n = 2). From 1090 tissue samples of 31 populations a microsatellite analysis on ten loci was conducted as well as a sequence analysis of the mitochondrial COI gene of ten individuals per population. Morphometric parameters, genetic values and indices were determined and have been prepared for the registration in the AGRDEU-database.

The haplotype- and nucleotide diversity was highest in the river catchment of Schlei/Trave (0.270 and 0.001) and lowest in the Danube, Ems and Warnow/Peene (0.000 and 0.000). The two small northern catchments (Schlei/Trave and Warnow/Peene) stand out due to private and differentiated haplotypes that partly may have another phylogenetic origin than the remaining studied German populations of noble crayfish. In several other populations from isolated und anthropogenically unimpacted (i.e. no stocking) surface waters show high genetic diversity and differentiation. These populations should receive special protection because they are of significant importance for the conservation of genetic diversity of the species noble crayfish. Results of this study suggest that the concept of management strategies on a large spatial scale of ESU is applicable for the noble crayfish, albeit human influence on genetic structures is apparent. Small isolated populations could provide genetic resources for re-stocking on regional scale. The data of this study form an important basis for the protection of the genetic resources of the noble crayfish and for their management.

## AGRDEU Datenstruktur

In den folgenden Tabellen wird die AGRDEU Datenbankstruktur dargestellt. In Tabelle 37 sind die morphometrischen und genetischen Daten am Beispiel einer zufällig ausgewählten Population aufgelistet. In Tab. 38 sind die Durchschnittswerte und der Varianzkoeffizient aller Populationen der betreffenden Art dargestellt.

**Tabelle 37: Datenstruktur pro untersuchter Population am Beispiel der Population „Warme Bode“ aus dem Flusseinzugsgebiet der Elbe.**

<b>Merkmal</b>	<b>Bemerkung</b>
Datensatznummer	A026
Fischart, Deutscher Name	Edelkrebs
Wissenschaftliche Artbezeichnung, Lateinischer Name	<i>Astacus astacus</i>
Erhebungsdatum, Jahr	17.09.13
Population, Name des Herkunftsgewässers	Barthe
Haupteinzugsgebiet	Warnow/Peene
Bundesland	MV
Landkreis	Nordvorpommern
Gemeinde	Velgast
Geographische Lage, Breiten- und Längengrad	54° 15' N, 12° 45' E
Bewirtschaftung	keine Fischerei
Findet Besatz mit der zu untersuchenden Art statt?	keine Hinweise
Anzahl vermessener Individuen	48
Durchschnittliche Gesamtlänge in mm	101
Durchschnittliche Masse in g	37
Anzahl Individuen von denen mitochondriale DNA analysiert wurde	10
Haplotyp-Diversität	0
Nukleotid-Diversität	0
GenBank Akzessionsnummern	JN254659 (n = 9) JN254663 (n = 1)
Anzahl Individuen von denen Mikrosatelliten (MS) analysiert wurde	34
max Allelzahl pro MS	8
mittlere Allelzahl	4,7
Tags	2 081
Private Allele	
H <sub>E</sub>	0,4566
H <sub>O</sub>	0,2506
F <sub>IS</sub>	0,466
F <sub>ST</sub> min	0,1029
F <sub>ST</sub> max	0,4359

**Tabelle 38: Datenstruktur für Durchschnittswerte aller untersuchten Populationen der betreffenden Art *Astacus astacus*. Für die Allele der untersuchten Mikrosatellitenloci siehe Tabelle A3 im Anhang.**

<b>Merkmal</b>	<b>Mittelwert:</b>	<b>Varianzkoeffizient CV (%):</b>
Untersuchte Bestände mit morphometrischen Daten: Totallänge [cm]	32,00	-
Untersuchte Bestände mit morphometrischen Daten: Lebendgewicht [g]	31,00	-
Untersuchte Bestände mit genetischer Analytik	31+1*	-
Masse (g)	36,81	46,7
Gesamtlänge (mm)	3,57	156,9
Korpulenzfaktor	10,00	0,0
Haplotyp-Diversität	0,101	187,4
Nukleotid-Diversität	0,000	194,4
max. beobachtete Allelzahl	7,031	30,1
mittlere Allelzahl	3,903	32,5
Allelreichtum	1,87	24,9
Private Allele	0,100	121,8
H <sub>e</sub>	0,405	35,1
H <sub>o</sub>	0,261	40,1
F <sub>IS</sub>	0,368	35,2
F <sub>ST</sub> min	0,0975	73,6
F <sub>ST</sub> max	0,4582	24,4
mittlere F <sub>ST</sub>	0,0881	66,5

\*Für Population A046 liegen nur Sequenzdaten vor

## 9 Zitierte Literatur

- Albrecht, H. (1983). Besiedlungsgeschichte und ursprünglich holozane verbreitung der europäischen Flusskrebse. *Spixiana*, (61), 61–77.
- Alderman, D. J. (1996). Geographical spread of bacterial and fungal diseases of crustaceans. *Revue scientifique et technique (International Office of Epizootics)*, 15(2), 603–632.
- Baer, J., George, V., Hanfland, S., Lemcke, R., Meyer, L., & Zahn, S. (2007). *Gute fachliche Praxis fischereilicher Besatzmaßnahmen* (Schriftenr.). Verband deutscher Fischereiverwaltungsbeamter und Fischereiwissenschaftler.
- Belkhir, K., Borsa, P., Chikhi, L., Raufaste, N., & Bonhomme, F. (1996). GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. *Laboratoire génome, populations, interactions, CNRS UMR, 5000*, 1996–2004.
- Bernatchez, L., Guyomard, R., & Bonhomme, F. (1992). DNA sequence variation of the mitochondrial control region among geographically and morphologically remote European brown trout *Salmo trutta* populations. *Molecular ecology*, 1(3), 161–173.
- BfG. (2011). Rwsseg. Bundesanstalt für Gewässerkunde. <http://www.wasserblick.net/servlet/is/145666/?highlight=rwsseg>
- Bonin, A., Bellemain, E., Eidesen, P. B., Pompanon, F., Brochmann, C., & Taberlet, P. (2004). How to track and assess genotyping errors in population genetics studies. *Molecular Ecology*. doi:10.1111/j.1365-294X.2004.02346.x
- Bundesamt für Naturschutz (BfN). (2011). Schutzwürdige Landschaften. Bundesamt für Naturschutz (BfN). [https://www.bfn.de/0311\\_schutzw\\_landsch.html](https://www.bfn.de/0311_schutzw_landsch.html)
- Bundesamt für Naturschutz (BfN). (2012). Schutzgebiete in Deutschland. Bundesamt für Naturschutz (BfN). <http://www.geodienste.bfn.de/schutzgebiete>
- Burk, C. (2004). *Populationsbiologische Untersuchung des Edelkrebsbestandes in der Aabach-Talsperre und dem Vorstau zur Ermittlung von Individuenzahl und Gesamtbiomasse*.
- Chiesa, S., Scalici, M., Negrini, R., Gibertini, G., & Nonnis Marzano, F. (2011). Fine-scale genetic structure, phylogeny and systematics of threatened crayfish species complex. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 61(1), 1–11. doi:10.1016/j.ympev.2011.03.031
- Corander, J., Sirén, J., & Arjas, E. (2007). Bayesian spatial modeling of genetic population structure. *Computational Statistics*, 23, 111–129. doi:10.1007/s00180-007-0072-x
- Curran, K., Crumlish, J., & Fisher, G. (2012). OpenStreetMap. *International Journal of Interactive Communication Systems and Technologies*, 2(1), 69–78. doi:10.4018/ijicst.2012010105

Durand, J. D., Persat, H., & Bouvet, Y. (1999). Phylogeography and postglacial dispersion of the chub (*Leuciscus cephalus*) in Europe. *Molecular Ecology*, 8(6), 989–997. doi:10.1046/j.1365-294X.1999.00654.x

Eugster, M. J. A., & Schlesinger, T. (2012). osmar : OpenStreetMap and R. *The R Journal*, 5(1), 53–64.

Excoffier, L., & Lischer, H. E. L. (2010). Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*, 10(3), 564–567. doi:10.1111/j.1755-0998.2010.02847.x

GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen. (2009). *Liste förderfähiger Stämme und Wildpopulationen von Fischarten gemäß des GAK Rahmenplans 2008 - 2011*.  
[http://www.genres.de/fileadmin/SITE\\_GENRES/content/Dokumente/Downloads/Listen/GAK\\_Liste\\_Fischarten.pdf](http://www.genres.de/fileadmin/SITE_GENRES/content/Dokumente/Downloads/Listen/GAK_Liste_Fischarten.pdf)

Goudet, J. (1995). FSTAT (Version 1.2): A Computer Program to Calculate F-Statistics. *Journal of Heredity*, 86(6), 485–486.  
doi:10.1371/journal.pone.0026694

Gross, R., Palm, S., Kõiv, K., Presteggaard, T., Jussila, J., Paaver, T., et al. (2013). Microsatellite markers reveal clear geographic structuring among threatened noble crayfish (*Astacus astacus*) populations in Northern and Central Europe. *Conservation Genetics*, 14(4), 809–821. doi:10.1007/s10592-013-0476-9

Hewitt, G. M. (1999). Post-glacial re-colonization of European biota. *Biological Journal of the Linnean Society*, 68(1-2), 87–112. doi:10.1111/j.1095-8312.1999.tb01160.x

Holdich, D. M. (2003). Crayfish in Europe: an overview of taxonomy, legislation, distribution, and crayfish plague outbreaks. In D. Holdich & P. Sibley (Eds.), *Proceedings of the conference Management & conservation of crayfish* (pp. 15–34). Nottingham: Bristol: Environment Agency.  
[http://iz.carnegiemnh.org/crayfish/IAA/docs/2003\\_Management\\_and\\_Conservation\\_of\\_Crayfish.pdf#page=29](http://iz.carnegiemnh.org/crayfish/IAA/docs/2003_Management_and_Conservation_of_Crayfish.pdf#page=29)

Hubert, N., Hanner, R., Holm, E., Mandrak, N. E., Taylor, E., Burrige, M., et al. (2008). Identifying Canadian freshwater fishes through DNA barcodes. *PLoS ONE*, 3(6). doi:10.1371/journal.pone.0002490

Jarvis, A., Reuter, H. I., Nelson, A., & Guevara, E. (2008). Hole-filled seamless SRTM data V4. *International Centre for Tropical Agriculture (CIAT)*, available from <http://srtm.csi.cgiar.org>.

Jussila, J., & Mannonen, A. (2004). Crayfisheries in Finland, a short overview. *Bulletin Français de la Pêche et de la Pisciculture*. doi:10.1051/kmae:2004001

Kõiv, K., Gross, R., Paaver, T., Hurt, M., & Kuehn, R. (2009). Isolation and

- characterization of 11 novel microsatellite DNA markers in the noble crayfish, *Astacus astacus*. *Animal Genetics*, 40(1), 124.
- Kõiv, K., Gross, R., Paaver, T., & Kuehn, R. (2008). Isolation and characterization of first microsatellite markers for the noble crayfish, *Astacus astacus*. *Conservation Genetics*, 9(6), 1703–1706. doi:10.1007/s10592-008-9539-8
- Kouba, A., Petrusek, A., & Kozak, P. (2014). Continental-wide distribution of crayfish species in Europe: update and maps. *Knowledge and Management of Aquatic Ecosystems*, (413), 1 – 31.
- Lehner, B., Verdin, K., & Jarvis, A. (2008). New global hydrography derived from spaceborne elevation data. *Eos*, 89(10), 93–94. doi:10.1029/2008EO100001
- Librado, P., & Rozas, J. (2009). DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25(11), 1451–1452. doi:10.1093/bioinformatics/btp187
- Moritz, C. (1994). Defining Evolutionarily-Significant-Units for Conservation. *Trends in Ecology & Evolution*, 9(10), 373–375. doi:10.1016/0169-5347(94)90057-4
- Paaver, T., & Hurt, M. (2010). Status and management of noble crayfish *Astacus astacus* in Estonia. *Knowledge and Management of Aquatic Ecosystems*, (394-95), 18. doi:10.1051/kmae/2010012
- Sambrook, J., & Russell, D.W. (2001). *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York.
- Schiemer, F. (1988). Gefährdete Cypriniden - Indikatoren für die ökologische Intaktheit von Flußsystemen. *Natur und Landschaft*, 63, 370–373.
- Schmidt, T., Schrimpf, A., & Schulz, R. (2013a). Aktuelle Forschung zur Genetik von Edelkrebs, Bachforelle, Quappe und Barbe. *Fischer und Teichwirt*, 64(6), 214.
- Schmidt, T., Schrimpf, A., & Schulz, R. (2013b). Eine neue deutschlandweite Untersuchung zur Genetik des Edelkrebses. *forum flusskrebse*, 19, 24–33.
- Schmidt, T., Schrimpf, A., & Schulz, R. (2013c). Zur Genetik von Edelkrebs, Bachforelle, Quappe und Barbe in Deutschland. *Fischerei und Fischmarkt in Mecklenburg-Vorpommern*, 2013(2), 44–45.
- Schmidt, T., Schrimpf, A., & Schulz, R. (2013d). Edelkrebs, Bachforelle, Quappe und Barbe im Focus der Wissenschaft. *Allgemeine Fischerei Zeitung - Fischwaid*, 3, 15–17.
- Schmidt, T., Schrimpf, A., & Schulz, R. (2013e). Edelkrebs, Bachforelle, Quappe und Barbe deutschlandweit. *Fischerei und Gewässer in Rheinland-Pfalz*, 2, 20–22.
- Schmidt, T., Schrimpf, A., Wetjen, M., & Schulz, R. (2015). Erfassung und Dokumentation der genetischen Variabilität von Wildpopulationen der Bachforelle (*Salmo trutta fario*) aus verschiedenen Flussgebietseinheiten in

Deutschland. Landau: Universität Koblenz-Landau.

- Schrimpf, A., Piscione, M., Cammaerts, R., Collas, M., Herman, D., Jung, A., et al. (n.d.). Genetic characterization of Western European noble crayfish populations (*Astacus astacus*) for conservation management. *in prep.*
- Schrimpf, A., Schulz, H. K., Theissing, K., Pârvulescu, L., & Schulz, R. (2011). The first large-scale genetic analysis of the vulnerable noble crayfish *Astacus astacus* reveals low haplotype diversity in central European populations. *Knowledge and Management of Aquatic Ecosystems*, (401), 35. doi:10.1051/kmae/2011065
- Schrimpf, A., Theissing, K., Dahlem, J., Maguire, I., Pârvulescu, L., Schulz, H. K., & Schulz, R. (2014). Phylogeography of noble crayfish (*Astacus astacus*) reveals multiple refugia. *Freshwater Biology*, 59(4), 761–776. doi:10.1111/fwb.12302
- Schulz, H. K., & Grandjean, F. (2005). Phylogeny of European crayfish – improving the taxonomy of European crayfish for a better conservation. *Bulletin Français de la Pêche et de la Pisciculture*, 829–883.
- Schulz, H., Šmietana, P., & Schulz, R. (2004). Assessment of dna variations of the noble crayfish (*Astacus astacus* L.) in Germany and Poland using inter-simple sequence repeats (ISSRS). *Bulletin Français de la Pêche et de la Pisciculture*. doi:10.1051/kmae:2004012
- Schulz, R. (2000). Status of the noble crayfish *Astacus astacus* (L.) in Germany: monitoring protocol and the use of RAPD markers to assess the genetic structure of populations. *Bulletin Français de la Pêche et de la Pisciculture*, (356), 123–138.
- Skurdal, J., & Taugbøl, T. (2002). *Astacus*. In E. Holdich (Ed.), *Biology of Freshwater Crayfish* (Blackwell ). Oxford.
- Souty-Grosset, C., & Reynolds, J. D. (2009). Current ideas on methodological approaches in European crayfish conservation and restocking procedures. In *Knowledge and Management of Aquatic Ecosystems* (Vol. 01, pp. 394–395).
- Weber, H. E. (1976). Die Fische und Großkrebse der oberen und mittleren Hase. *Osnabrücker naturwissenschaftliche Mitteilungen*, 4, 293 – 318.
- Weiss, S., Persat, H., Eppe, R., Schlötterer, C., & Uiblein, F. (2002). Complex patterns of colonization and refugia revealed for European grayling *Thymallus thymallus*, based on complete sequencing of the mitochondrial DNA control region. *Molecular Ecology*, 11(8), 1393–1407. doi:10.1046/j.1365-294X.2002.01544.x
- Whitehead, A., Anderson, S. L., Kuivila, K. M., Roach, J. L., & May, B. (2003). Genetic variation among interconnected populations of *Catostomus occidentalis*: Implications for distinguishing impacts of contaminants from biogeographical structuring. *Molecular Ecology*, 12(10), 2817–2833. doi:10.1046/j.1365-

294X.2003.01933.x



## Anhang

**Tabelle A1: Ergebnisse der Sequenzanalyse und der Mikrosatellitenanalyse für jede Population. Gezeigt sind die Anzahl an Individuen, von denen eine Sequenzanalyse durchgeführt wurde (N mtDNA), die Haplotypdiversität, Nukleotiddiversität, die Anzahl an Individuen, von denen eine Mikrosatellitenanalyse durchgeführt wurde (N MS), die maximale Anzahl an Mikrosatelliten pro Locus, die mittlere Anzahl an Mikrosatelliten pro Locus, der Allelreichtum, die mittlere Anzahl privater Allele, die erwartete Heterozygotie ( $H_e$ ), die beobachtete Heterozygotie ( $H_o$ ),  $F_{IS}$ , die minimale ( $F_{ST}$  min) und maximale ( $F_{ST}$  max) paarweisen  $F_{ST}$ -Werte der jeweiligen Population zu anderen Populationen.**

Datensatz-nummer	N mtDNA	Haplotyp-Diversität	Nukleotid-Diversität	N MS	max Allelzahl pro MS	Ø Allelzahl	Allelreichtum	Private Allele	$H_e$	$H_o$	$F_{IS}$	$F_{ST}$ min	$F_{ST}$ max
A001	10	0	0	42	6	2,8	1,6197	0	0,2934	0,1619	0,467	0,042	0,5172
A002	10	0,53333	0,00135	36	9	4,6	2,0742	0,1	0,4758	0,3383	0,321	0,0393	0,3405
A005	10	0,5	0,00127	45	7	3,8	1,7556	0	0,3268	0,2634	0,207	0,1191	0,5144
A007	10	0	0	45	9	6	2,3788	0,2	0,5875	0,4101	0,313	0,0388	0,3422
A008	10	0	0	30	8	4,4	2,2280	0,5	0,5095	0,3227	0,391	0,0479	0,4901
A009,1	10	0	0	30	8	3,8	1,8187	0,1	0,4189	0,2487	0,428	0,0906	0,4165
A013	10	0	0	36	8	4,1	1,8679	0	0,3754	0,266	0,313	0,0947	0,4814
A014	10	0	0	25	5	2,7	1,4541	0	0,2335	0,1664	0,31	0,227	0,576
A017	10	0	0	44	8	3,2	1,7843	0,2	0,3349	0,226	0,338	0,0511	0,5629
A026	10	0	0	34	8	4,7	2,0810	0	0,4566	0,2506	0,466	0,1029	0,4359
A031,6	10	0,2	0,00051	30	10	4,2	2,1007	0,2	0,5197	0,3166	0,407	0,1346	0,5052
A034	10	0	0	33	8	3,7	1,9616	0	0,4416	0,2168	0,528	0,1048	0,3946
A042	10	0	0	20	5	3,5	1,9518	0	0,4017	0,2413	0,431	0,0947	0,4599
A046	10	0	0	0	0	0	0,0000	0	0	0	0	0	0
A053	10	0	0	32	7	5,1	2,4527	0	0,629	0,4829	0,248	0,0461	0,428
A067	10	0	0	48	8	4,2	1,8818	0,2	0,418	0,3467	0,183	0,0909	0,5074
A068	10	0	0	39	10	6,1	2,3541	0,2	0,5887	0,471	0,22	0,0252	0,3405
A069	10	0,35556	0,0018	38	5	2,1	1,3773	0	0,1728	0,1503	0,145	0,3042	0,606
A072	10	0	0	40	5	3,9	1,5726	0	0,3017	0,2059	0,334	0,1191	0,5255
A073	10	0,46667	0,00118	30	5	2,4	1,4612	0,1	0,2371	0,1319	0,483	0,0703	0,5587
A076	10	0	0	30	10	5,8	2,3718	0	0,5512	0,3428	0,398	0,0758	0,4474
A077	10	0	0	40	5	2,7	1,4362	0	0,2212	0,1235	0,465	0,2083	0,559
A078	10	0	0	37	8	4,6	2,1518	0,1	0,4712	0,3331	0,31	0,1229	0,4331
A080	10	0	0	31	6	3,7	2,0793	0,3	0,463	0,3022	0,373	0,1132	0,5413
A081	10	0	0	30	5	3,2	1,6647	0,1	0,3402	0,2067	0,436	0,0703	0,5096
A082	10	0	0	30	8	5,6	2,3963	0,2	0,5803	0,3718	0,376	0,0252	0,4353
A083	10	0,2	0,00101	30	8	3,3	1,6697	0,3	0,3494	0,1709	0,534	0,0906	0,4045
A085	10	0	0	30	5	3,3	1,6213	0,1	0,312	0,1189	0,639	0,2907	0,606
A087	10	0	0	49	7	4,8	2,1497	0	0,4996	0,2874	0,436	0,0627	0,3955
A088	10	0,51111	0,00231	35	8	3,2	1,7762	0	0,3651	0,2571	0,313	0,0511	0,4886
A089	10	0	0	34	10	5,5	2,4041	0,1	0,6053	0,3185	0,528	0,0359	0,4204
A090	10	0,46667	0,00236	37	6	3,9	2,0133	0,2	0,4888	0,295	0,423	0,1314	0,419

**Tabelle A2: Auflistung der paarweisen F<sub>ST</sub>-Werte. Alle Werte sind hoch signifikant. Die minimalen F<sub>ST</sub>-Werte sind rot markiert und die maximalen blau.**

	A001	A002	A005	A008	A009,1	A013	A014	A017	A026	A031,6	A034,2	A042	A053	A067	A068	A069	A072	A073	A076	A077	A078	A080	A081	A082	A083	A085	A087	A088	A089	A090	A007
A001		0,2214	0,4131	0,3844	0,2650	0,3685	0,3061	0,4727	0,3058	0,4269	0,2350	0,3018	0,3705	0,4312	0,2468	0,0420	0,4061	0,4115	0,3515	0,2364	0,3439	0,4401	0,3678	0,3400	0,2600	0,5172	0,3159	0,4052	0,3320	0,2607	0,2566
A002	0,2214		0,1371	0,0857	0,1439	0,1505	0,2554	0,3140	0,1270	0,2510	0,1112	0,1136	0,1294	0,2259	0,0393	0,3132	0,1905	0,2864	0,1331	0,2807	0,1636	0,1878	0,2386	0,0784	0,1156	0,3405	0,0820	0,2391	0,0751	0,1442	0,0555
A005	0,4131	0,1371		0,2528	0,2612	0,3214	0,3329	0,4330	0,2130	0,3823	0,1997	0,2878	0,2323	0,3635	0,1481	0,5144	0,1191	0,2931	0,2417	0,4461	0,1705	0,2851	0,2514	0,1757	0,2589	0,4878	0,2362	0,3832	0,1909	0,2871	0,1300
A008	0,3844	0,0857	0,2528		0,2532	0,1536	0,4213	0,2955	0,1514	0,1905	0,1892	0,1669	0,0994	0,1865	0,0479	0,4901	0,3277	0,4438	0,1266	0,4242	0,2279	0,1900	0,3593	0,0783	0,2203	0,3059	0,1205	0,2456	0,0635	0,2014	0,1252
A009,1	0,2650	0,1439	0,2612	0,2532		0,2301	0,2270	0,3240	0,2480	0,3556	0,1440	0,2372	0,2492	0,2766	0,1570	0,3582	0,2078	0,2659	0,2958	0,2083	0,2295	0,2995	0,2105	0,2317	0,0906	0,4165	0,2475	0,2756	0,2007	0,2313	0,1865
A013	0,3685	0,1505	0,3214	0,1536	0,2301		0,4255	0,3727	0,2109	0,2823	0,2388	0,0947	0,2236	0,2662	0,1840	0,4814	0,3386	0,4376	0,2288	0,3772	0,2428	0,3017	0,3515	0,1776	0,2265	0,3702	0,1597	0,3093	0,1776	0,2736	0,1985
A014	0,3061	0,2554	0,3329	0,4213	0,2270	0,4255		0,4399	0,3784	0,4656	0,2612	0,4352	0,3368	0,4218	0,2767	0,3644	0,2291	0,2573	0,3453	0,4127	0,2978	0,4566	0,3087	0,3504	0,2514	0,5760	0,3438	0,3765	0,3339	0,3488	0,2390
A017	0,4727	0,3140	0,4330	0,2955	0,3240	0,3727	0,4399		0,4210	0,3927	0,2628	0,4250	0,2703	0,1346	0,1935	0,5629	0,4323	0,4787	0,3153	0,5001	0,4061	0,4249	0,4752	0,2967	0,3765	0,3804	0,2773	0,0511	0,2265	0,3746	0,3063
A026	0,3058	0,1270	0,2130	0,1514	0,2480	0,2109	0,3784	0,4210		0,2302	0,1721	0,1582	0,1968	0,3384	0,1132	0,4145	0,2980	0,4063	0,1925	0,3640	0,1432	0,2393	0,3242	0,1349	0,2068	0,4359	0,1927	0,3558	0,1617	0,1804	0,1029
A031,6	0,4269	0,2510	0,3823	0,1905	0,3556	0,2823	0,4656	0,3927	0,2302		0,2901	0,2647	0,1870	0,3234	0,2053	0,5052	0,4403	0,4950	0,2245	0,4662	0,2864	0,3598	0,4342	0,1539	0,3580	0,3790	0,2267	0,3506	0,1346	0,2809	0,1912
A034,2	0,2350	0,1112	0,1997	0,1892	0,1440	0,2388	0,2612	0,2628	0,1721	0,2901		0,2119	0,1767	0,2189	0,1048	0,3456	0,1919	0,3025	0,1851	0,2620	0,1847	0,2294	0,2751	0,1384	0,1383	0,3946	0,1932	0,1902	0,1639	0,1864	0,1363
A042	0,3018	0,1136	0,2878	0,1669	0,2372	0,0947	0,4352	0,4250	0,1582	0,2647	0,2119		0,1788	0,3191	0,1175	0,4284	0,3300	0,4599	0,1762	0,3339	0,2115	0,2854	0,3620	0,1328	0,2836	0,4223	0,1387	0,3534	0,1594	0,1752	0,1325
A053	0,3705	0,1294	0,2323	0,0994	0,2492	0,2236	0,3368	0,2703	0,1968	0,1870	0,1767	0,1788		0,2000	0,0538	0,4280	0,2495	0,3606	0,0758	0,4140	0,2111	0,1610	0,3230	0,0461	0,2523	0,3320	0,1110	0,2172	0,0495	0,1780	0,0822
A067	0,4312	0,2259	0,3635	0,1865	0,2766	0,2662	0,4218	0,1346	0,3384	0,3234	0,2189	0,3191	0,2000		0,1501	0,5074	0,3878	0,4521	0,2683	0,4317	0,3488	0,3133	0,4061	0,2292	0,3030	0,3216	0,2002	0,0909	0,2036	0,3087	0,2595
A068	0,2468	0,0393	0,1481	0,0479	0,1570	0,1840	0,2767	0,1935	0,1132	0,2053	0,1048	0,1175	0,0538	0,1501		0,3405	0,2159	0,2968	0,0839	0,2736	0,1634	0,1132	0,2580	0,0252	0,1325	0,2907	0,0811	0,1774	0,0539	0,1497	0,0388
A069	0,0420	0,3132	0,5144	0,4901	0,3582	0,4814	0,3644	0,5629	0,4145	0,5052	0,3456	0,4284	0,4280	0,5074	0,3405		0,4840	0,4994	0,4223	0,3708	0,4331	0,5413	0,4563	0,4353	0,3966	0,6060	0,3955	0,4886	0,4204	0,3042	0,3125
A072	0,4061	0,1905	0,1191	0,3277	0,2078	0,3386	0,2291	0,4323	0,2980	0,4403	0,1919	0,3300	0,2495	0,3878	0,2159	0,4840		0,1952	0,2685	0,4203	0,1852	0,3279	0,1966	0,2333	0,2294	0,5255	0,2891	0,3850	0,2645	0,3130	0,1603
A073	0,4115	0,2864	0,2931	0,4438	0,2659	0,4376	0,2573	0,4787	0,4063	0,4950	0,3025	0,4599	0,3606	0,4521	0,2968	0,4994	0,1952		0,3860	0,4444	0,2902	0,4553	0,0703	0,3456	0,2863	0,5587	0,3633	0,4488	0,3538	0,4094	0,2399
A076	0,3515	0,1331	0,2417	0,1266	0,2958	0,2288	0,3453	0,3153	0,1925	0,2245	0,1851	0,1762	0,0758	0,2683	0,0839	0,4223	0,2685	0,3860		0,4474	0,1739	0,2194	0,3323	0,0883	0,3056	0,3938	0,0882	0,2461	0,1211	0,1513	0,0976
A077	0,2364	0,2807	0,4461	0,4242	0,2083	0,3772	0,4127	0,5001	0,3640	0,4662	0,2620	0,3339	0,4140	0,4317	0,2736	0,3708	0,4203	0,4444	0,4474		0,3635	0,4736	0,3787	0,3735	0,2348	0,5590	0,3738	0,4452	0,3990	0,3792	0,3038
A078	0,3439	0,1636	0,1705	0,2279	0,2295	0,2428	0,2978	0,4061	0,1432	0,2864	0,1847	0,2115	0,2111	0,3488	0,1634	0,4331	0,1852	0,2902	0,1739	0,3635		0,2837	0,2293	0,1761	0,2296	0,4270	0,2149	0,3544	0,2024	0,2182	0,1229
A080	0,4401	0,1878	0,2851	0,1900	0,2995	0,3017	0,4566	0,4249	0,2393	0,3598	0,2294	0,2854	0,1610	0,3133	0,1132	0,5413	0,3279	0,4553	0,2194	0,4736	0,2837		0,3847	0,1562	0,2417	0,4558	0,2213	0,3642	0,1740	0,3134	0,1841
A081	0,3678	0,2386	0,2514	0,3593	0,2105	0,3515	0,3087	0,4752	0,3242	0,4342	0,2751	0,3620	0,3230	0,4061	0,2580	0,4563	0,1966	0,0703	0,3323	0,3787	0,2293	0,3847		0,2981	0,2236	0,5096	0,3101	0,4323	0,3002	0,3301	0,2094
A082	0,3400	0,0784	0,1757	0,0783	0,2317	0,1776	0,3504	0,2967	0,1349	0,1539	0,1384	0,1328	0,0461	0,2292	0,0252	0,4353	0,2333	0,3456	0,0883	0,3735	0,1761	0,1562	0,2981		0,2221	0,3291	0,0858	0,2499	0,0359	0,1885	0,0476
A083	0,2600	0,1156	0,2589	0,2203	0,0906	0,2265	0,2514	0,3765	0,2068	0,3580	0,1383	0,2836	0,2523	0,3030	0,1325	0,3966	0,2294	0,2863	0,3056	0,2348	0,2296	0,2417	0,2236	0,2221		0,4045	0,2690	0,3171	0,2095	0,2798	0,1888
A085	0,5172	0,3405	0,4878	0,3059	0,4165	0,3702	0,5760	0,3804	0,4359	0,3790	0,3946	0,4223	0,3320	0,3216	0,2907	0,6060	0,5255	0,5587	0,3938	0,5590	0,4270	0,4558	0,5096	0,3291	0,4045		0,3615	0,3883	0,3301	0,4190	0,3422
A087	0,3159	0,0820	0,2362	0,1205	0,2475	0,1597	0,3438	0,2773	0,1927	0,2267	0,1932	0,1387	0,1110	0,2002	0,0811	0,3955	0,2891	0,3633	0,0882	0,3738	0,2149	0,2213	0,3101	0,0858	0,2690	0,3615		0,2058	0,0627	0,1791	0,0874
A088	0,4052	0,2391	0,3832	0,2456	0,2756	0,3093	0,3765	0,0511	0,3558	0,3506	0,1902	0,3534	0,2172	0,0909	0,1774	0,4886	0,3850	0,4488	0,2461	0,4452	0,3544	0,3642	0,4323	0,2499	0,3171	0,3883	0,2058		0,1974	0,3023	0,2566
A089	0,3320	0,0751	0,1909	0,0635	0,2007	0,1776	0,3339	0,2265	0,1617	0,1346	0,1639	0,1594	0,0495	0,2036	0,0539	0,4204	0,2645	0,3538	0,1211	0,3990	0,2024	0,1740	0,3002	0,0359	0,2095	0,3301	0,0627	0,1974		0,1682	0,0628
A090	0,2607	0,1442	0,2871	0,2014	0,2313	0,2736	0,3488	0,3746	0,1804	0,2809	0,1864	0,1752	0,1780	0,3087	0,1497	0,3042	0,3130	0,4094	0,1513	0,3792	0,2182	0,3134	0,3301	0,1885	0,2798	0,4190	0,1791	0,3023	0,1682		0,1314
A007	0,2566	0,0555	0,1300	0,1252	0,1865	0,1985	0,2390	0,3063	0,1029	0,1912	0,1363	0,1325	0,0822	0,2595	0,0388	0,3125	0,1603	0,2399	0,0976	0,3038	0,1229	0,1841	0,2094	0,0476	0,1888	0,3422	0,0874	0,2566	0,0628	0,1314	
F <sub>ST</sub> MAX	0,5172	0,3405	0,5144	0,4901	0,4165	0,4814	0,5760	0,5629	0,4359	0,5052</																					

**Tabelle A3: Allelfrequenzen an den 12 untersuchten Mikrosatellitenloci**

MS-Locus	Allel	Allelfrequenz (%)
Locus: 11	173	0,001
	187	0,008
	189	0,334
	191	0,027
	193	0,623
	195	0,003
	197	0,001
	199	0,001
	209	0,002
	213	0,001
Locus: 2	159	0,060
	165	0,030
	169	0,010
	171	0,862
	173	0,011
	175	0,018
	177	0,002
	185	0,005
	193	0,001
	195	0,001
Locus: 8	185	0,059
	189	0,005
	191	0,001
	193	0,024
	195	0,034
	197	0,015
	199	0,846
	201	0,007
	203	0,006
	205	0,003
Locus: 6	154	0,004
	156	0,001
	158	0,008
	160	0,070
	162	0,045
	164	0,474
	166	0,033
	176	0,001
	178	0,042
	180	0,313
182	0,009	
Locus: 766	231	0,004
	289	0,012
	291	0,002
	295	0,015
	297	0,004
	299	0,019
	301	0,075
	303	0,101
	305	0,667
	307	0,067
	309	0,032
	311	0,001
	313	0,003
315	0,000	
Locus: 1198	163	0,004
	165	0,026
	167	0,001
	171	0,003
	175	0,001
	181	0,005
	183	0,013
	185	0,001
	187	0,004
	189	0,009
	191	0,005
	193	0,006
	Locus: 7	195
197		0,081
199		0,438
201		0,186
203		0,028
205		0,072
207		0,003
256		0,016
262		0,002
264		0,007
266	0,008	
268	0,067	
270	0,415	
272	0,319	
274	0,116	
276	0,018	
278	0,003	
280	0,024	
282	0,002	
304	0,001	
306	0,002	
Locus: 3950	165	0,002
	169	0,005
	185	0,005
	187	0,009
	189	0,001
	191	0,003
	195	0,040
	197	0,064
	199	0,126
	201	0,254
203	0,258	
205	0,091	
207	0,045	
209	0,044	
210	0,001	
211	0,030	
213	0,011	
215	0,006	
303	0,002	
305	0,004	
Locus: 3040	240	0,009
	242	0,002
	243	0,002
	248	0,003
	250	0,012
	252	0,005
	254	0,059
256	0,518	
258	0,263	
260	0,072	
262	0,049	
264	0,004	
270	0,001	
Locus: 3666	237	0,021
	241	0,031
	243	0,165
	245	0,009
	247	0,004
	249	0,357
	251	0,242
	253	0,101
255	0,003	
257	0,066	
261	0,000	
271	0,000	
279	0,000	