

Erfassung und Dokumentation der genetischen Vielfalt der Schleie (*Tinca tinca*) in Deutschland

Abschlussbericht

erstellt im Auftrag der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE)
&
finanziert durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft
(BMEL).



Projektnummer: 15BE004

Laufzeit: 14.12.2015 – 14.10.2019

Projektsteuerung:

GWT-TUD GmbH, Freiburger Str. 33
01067 Dresden, Deutschland

Projektbearbeitung

Prof. Dr. Thomas Berendonk

Technische Universität Dresden

01062 Dresden, Deutschland

Weitere Projektbearbeiter/in:

Dr. Dipl.-Biol. Sascha Krenek

M. Sc. Christoph Köbsch

Dipl.-Biol. Thomas Schiller

B. Sc. Thea Hose

TA Ulrike Mogck

Zitiervorschlag: Köbsch, C., Krenek, S., Schiller, T. & Berendonk, T.U. (2019): Erfassung und Dokumentation der genetischen Vielfalt der Schleie (*Tinca tinca*) in Deutschland. Abschlussbericht erstellt im Auftrag der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE), Institut für Hydrobiologie, Technische Universität Dresden, Dresden, Deutschland, 83 S.

Danksagung: Der Dank der Autoren gilt dem Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft für die Finanzierung und Unterstützung des Projektes. Weiterhin danken wir dem Fachausschuss Aquatische Genetische Ressourcen, den Forschungsstellen und Fischereibehörden in Bundesländern und Regierungspräsidien, den involvierten fischerei- und naturschutzrechtlichen Genehmigungsbehörden, den zahlreichen selbstständigen Fachkollegen, den involvierten Fischereibetrieben, den beteiligten Fischereiverbänden sowie allen involvierten Angelvereinen und sonstigen Fischereiausübungsberechtigten.

INHALTSVERZEICHNIS

Inhaltsverzeichnis	IV
1 Ziele und Aufgabenstellung des Projekts	6
2 Planung und Ablauf des Projekts	8
2.1 AP1 – Populationsauswahl	8
2.2 AP2 – Probenbeschaffung und Befischungen	10
2.3 AP3 Genetische Analysen	12
2.4 AP4 Auswertung und Bewertung	12
3 Wissenschaftlicher und technischer Stand an den angeknüpft wurde ..	14
3.1 Phylogeographie und Populationsgenetik der Schleie	14
3.2 Methoden zur molekulargenetischen Charakterisierung der Schleie	15
4 Material und Methoden	17
4.1 Auswahl geeigneter Herkünfte der Schleie.....	17
4.2 Aufbau eines Kooperationsnetzwerks.....	18
4.3 Untersuchte Herkünfte	20
4.3.1 Probenahme und Elektrobefischung.....	20
4.3.2 Status-Berichte zu den Herkünften.....	20
4.4 Molekulare Analysen	35
4.4.1 Methoden zur DNA-Gewinnung	35
4.4.2 mtDNA Analyse	36
4.4.3 Mikrosatellitenanalyse	36
4.5 Datenanalyse und Statistik.....	39
4.5.1 mtDNA Analyse	39
4.5.2 Mikrosatellitenanalyse	40
5 Ausführliche Darstellung der Ergebnisse	43
5.1 Populationsstruktur der Schleie in den erfassten Herkünften	43
5.2 Genetische Diversität der Schleie in den erfassten Herkünften.....	46
5.2.1 Forensische Abstriche zur DNA-Gewinnung.....	46

5.2.2	mtDNA Sequenzanalyse.....	46
5.2.3	Mikrosatellitenanalyse	51
6	Voraussichtliche Nutzung und Verwertbarkeit der Ergebnisse.....	60
6.1	Bewertung der untersuchten Populationen und Bestände der Schleie.....	60
6.2	Ableitung von Managementmaßnahmen	62
7	Zusammenfassung.....	65
7.1	Deutsche Kurzfassung.....	65
7.2	Abstract	65
8	Gegenüberstellung der geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen.	68
9	Literaturverzeichnis	70
10	Tabellenverzeichnis	75
11	Abbildungsverzeichnis	76
Appendix	77

1 ZIELE UND AUFGABENSTELLUNG DES PROJEKTS

Die Bundesrepublik Deutschland hat im Jahr 2007 die Nationale Strategie zur biologischen Vielfalt (BMU 2007) beschlossen und bekennt sich damit zu ihrer Verantwortung zum Schutz und Erhalt der Biodiversität. Nach der 1993 in Kraft getretenen Internationalen Biodiversitäts-Konvention (Convention on Biological Diversity, CBD) umfasst der Begriff der Biodiversität die Vielfalt der Ökosysteme, die Vielfalt zwischen und innerhalb von Arten sowie deren genetische Vielfalt (UN 1992). Genetische Variationen sind die Grundlage bei der Entstehung und Weiterentwicklung von Arten im Verlauf der Evolution. Die genetische Diversität kann dabei über das Aussterben oder Überleben von Populationen oder Arten bei sich ändernden Umweltbedingungen entscheiden.

Das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) hat mit der im Jahr 2007 beschlossenen Agrobiodiversitätsstrategie (BMELV 2007) den Rahmen für die Nationalen Fachprogramme zu pflanzen-, tier-, forst- und fischgenetischen Ressourcen geschaffen. Das Fachprogramm Aquatische Genetische Ressourcen (AGR, BMELV 2010) zielt darauf ab, die genetische Vielfalt aquatischer Organismen langfristig zu erhalten und deren nachhaltige Nutzung sicherzustellen.

Die Schleie (*Tinca tinca*) wird auf Europäischer Ebene aktuell nach der Roten Liste des IUCN als nicht gefährdet eingestuft („least concern“) (Freyhof & Brooks, 2011). In den Roten Listen der Bundesländer ist die Schleie als ungefährdet (Sachsen, Hessen, Nordrhein-Westfalen, Schleswig-Holstein, Mecklenburg-Vorpommern, Brandenburg, Sachsen-Anhalt, Thüringen, Bayern, Rheinland-Pfalz, Saarland) bzw. als Art der Vorwarnliste (Baden-Württemberg) eingestuft. Lokal leidet die Art aber unter dem Verlust oder der Degradierung von Auengewässern und dem Gewässerverbau (Kottelat & Freyhof, 2007).

Die Schleie stellt in der Angelfischerei eine beliebte Fischart dar. Darüber hinaus besitzt sie eine lange Tradition als (Neben-)Fischart in der Teichwirtschaft. Aus diesem Grund spielt auch der Besatz mit Schleien eine Rolle und der anthropogene Transport von Schleien zwischen Gewässern reicht (auch aufgrund ihrer Robustheit und dahingehenden Eignung) mutmaßlich mehrere hundert Jahre zurück. Insofern ist die heutige genetische Zusammensetzung von Wildpopulationen stets vor dem

Hintergrund dieser langen Translokationshistorie zu sehen (Kottelat & Freyhof, 2007; Lajbner, Linhart & Kotlík, 2011).

Grundsätzlich beinhalten Besatz bzw. bestandsstützende Maßnahmen immer die Gefahr der Beeinflussung bzw. Extinktion autochthoner, regional adaptierter Populationen, wenn auch der Erfolg von Fischbesatz für die Angelfischerei art-, größen- und gewässerspezifisch ist (Arlinghaus *et al.*, 2015). Viele Populationen genutzter bzw. bewirtschafteter Fischarten sind in der Vergangenheit durch Besatzmaßnahmen genetisch überprägt und zum großen Teil durch drastische Umweltveränderungen wie Gewässerverschmutzung und Gewässerverbau in ihrer Zusammensetzung und Funktion verändert worden. Natürliche Fischpopulationen wurden dabei z.T. durch Besatz überformt, die genetische Integrität und Diversität entspricht potenziell nicht mehr ihrem ursprünglichen Zustand.

Ziel der vorliegenden Studie war es, Wildpopulationen der Schleie (*Tinca tinca*) im Gesamtgebiet von Deutschland genetisch zu charakterisieren. Hierzu sollten 30 Schleienpopulationen aus mindestens fünf Flussgebietseinheiten (FGE) Deutschlands erfasst, molekulargenetisch analysiert und die genetische Variabilität sowie die verwandtschaftlichen Beziehungen innerhalb und zwischen den Populationen erfasst und bewertet werden.

Übergreifendes Ziel ist es, genetisch eigenständige Populationen der Schleie als „evolutionäre Einheiten“ mit ihren regionalen, genetischen und phänotypischen Eigenheiten zu erhalten und langfristig im Bestand zu sichern. Im Hinblick auf die fischereiliche Bewirtschaftung und gegebenenfalls erforderliche Besatzmaßnahmen steht hierbei eine praxisorientierte Bewertung der genetischen Distanzen bzw. Variabilitäten und Verwandtschaften im Vordergrund.

2 PLANUNG UND ABLAUF DES PROJEKTS

Die inhaltlichen Aufgaben des Projekts wurden in vier Arbeitspakete (AP1-AP4) unterteilt, deren ursprüngliche Planung und tatsächlicher zeitlicher Ablauf in Abb. 1 dargestellt sind. Im Folgenden wird hauptsächlich auf den inhaltlichen und zeitlichen Ablauf eingegangen, wohingegen die exakte Methodendarstellung der Arbeitspakete unter Kap. 4 erfolgt.

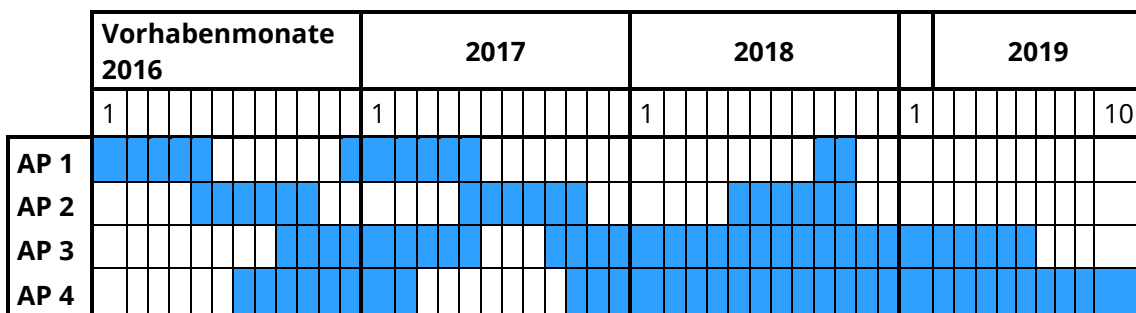


Abbildung 1: Arbeits- und Zeitplan aufgeschlüsselt nach Arbeitspaketen (AP 1-4) des Dienstleistungsangebots.

2.1 AP1 – Populationsauswahl

Die Auswahl geeigneter Gewässerabschnitte erfolgte in Absprache mit den Landesfischereibehörden, Wasserwirtschafts- und Naturschutzverwaltungen, den Landesfischereiverbänden und vor allem mit den die jeweiligen Zielgewässer betreuenden Anglervereinen. Vorrangig wurden vorhandene Informationen aus Fischartenkatastern und -atlanten und anderen bereits vorhandenen Datenbanken und Karteninformationen ausgewertet, wobei die Qualität und Verfügbarkeit in den einzelnen Bundesländern sehr unterschiedlich war. Auf Grundlage der hierbei gewonnenen Informationen und nach Rücksprache mit lokalen Akteuren wurden insgesamt ca. 60 Herkünfte aus 8 Flussgebietseinheiten für die Probenahmen ermittelt. Als maßgebliche Auswahlkriterien dienten dabei Populationsstärke, Autochthonie und Informationen zu Bewirtschaftung/Besatz.

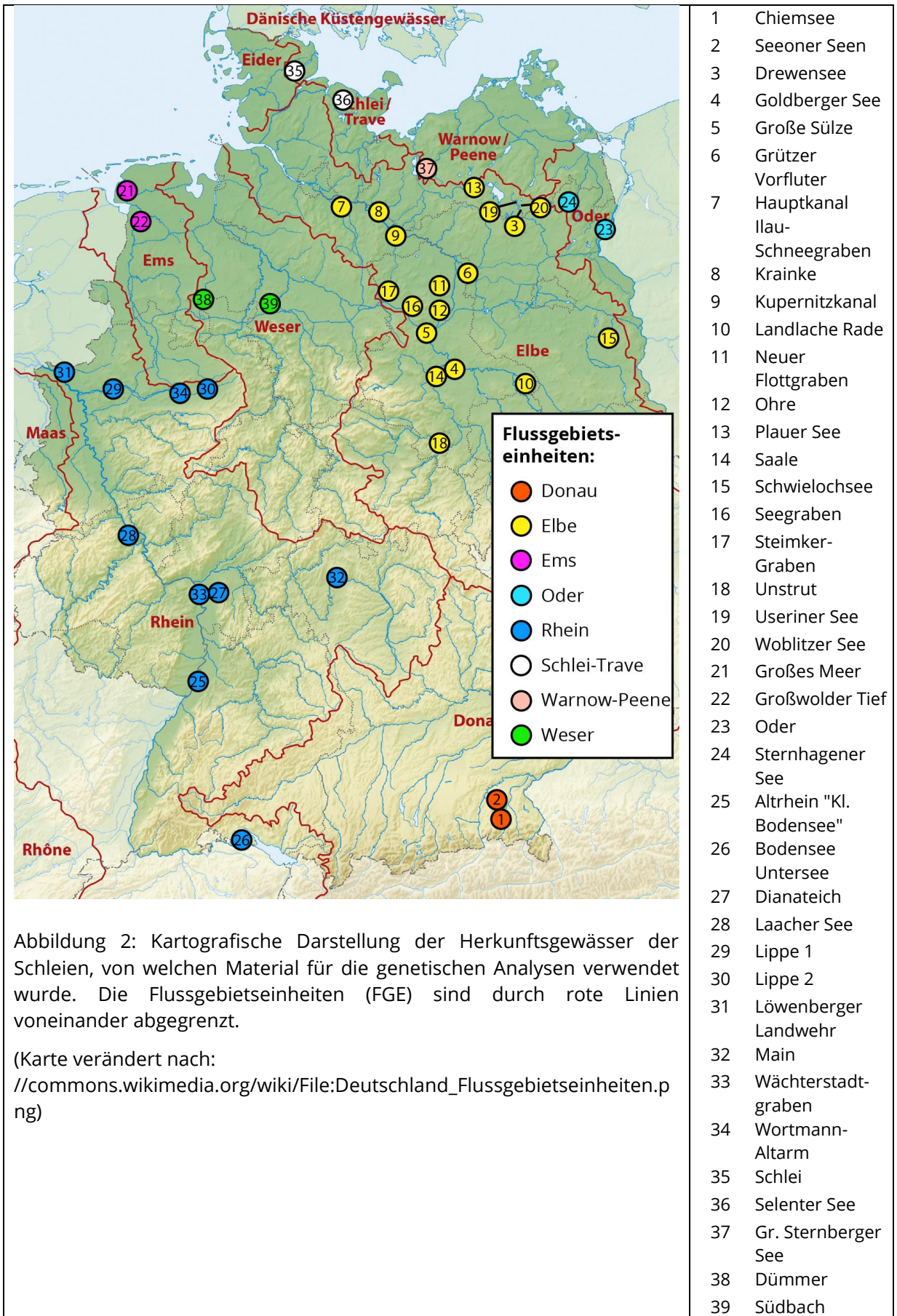


Abbildung 2: Kartografische Darstellung der Herkunftsgewässer der Schleien, von welchen Material für die genetischen Analysen verwendet wurde. Die Flussgebietseinheiten (FGE) sind durch rote Linien voneinander abgegrenzt.

(Karte verändert nach: [//commons.wikimedia.org/wiki/File:Deutschland_Flussgebietseinheiten.png](https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Deutschland_Flussgebietseinheiten.png))

2.2 AP2 – Probenbeschaffung und Befischungen

Im Vorfeld aller Befischungen wurden bei den zuständigen Fischerei- und Naturschutzbehörden die nötigen Genehmigungen eingeholt. Bei der Planung der Befischungen war auf Grund der räumlichen Trennung der Populationen von einem Zeitaufwand von ca. einem Tag pro Herkunft ausgegangen worden. Durch die bundesweiten Untersuchungen war außerdem mit langen An- und Abreisezeiten zu rechnen, weshalb während einer einwöchigen Beprobung maximal mit einer erfolgreichen Beprobung von 3-4 Herkünften zu rechnen war. Diese Annahmen erwiesen sich als zu optimistisch. Bei den Befischungen zeigte sich, dass die Abundanz der Schleie in vielen Gewässern eher gering ist und die Effizienz der Elektrobefischungen aufgrund von dichtem Makrophytenbewuchs oft stark eingeschränkt war. Trotz zum Teil mehrtägiger Befischungen konnte der Fang der angestrebten 30 Individuen pro Herkunft nicht immer erreicht werden. Weiterhin bezogen wir Gewebeproben von Fischereibetrieben, die Schleien im Rahmen der kommerziellen Fluss- und Seenfischerei fangen.

Der Aufwand für die Probenbeschaffung v.a. in der FGE Rhein war daher wesentlich größer als vermutet und die dafür benötigte Zeit nahm gegenüber dem ursprünglichen Zeitplan stark zu. Im Projektverlauf wurden insgesamt 45 Herkünfte beprobt, um die ursprünglich geplante Größenordnung von 900 zu analysierenden Individuen zu erreichen. Dabei konnten in 45 Herkünften aus den 8 Flussgebietseinheiten Donau, Elbe, Ems, Oder, Rhein, Schlei-Trave, Warnow-Peene und Weser insgesamt 1174 Schleien gefangen und genetisches Material gewonnen werden. Dabei wurden in 28 Herkünften ≥ 30 , in 9 Herkünften 10-29 und in 8 Herkünften < 10 Individuen gefangen. In Tabelle 1 sind die Herkünfte aufgeführt, die in die genetischen Analysen im Rahmen dieser Studie eingingen.

Tabelle 1: Herkunftsgewässer der Schleie, in denen Individuen für die Analyse der genetischen Variabilität gewonnen wurden. Aufgeführt sind die Flussgebietseinheiten (FGE), Landkreise, Bundesländer der Probestellen sowie die Anzahl der gefangenen Individuen (N) und deren durchschnittliche Längen (l), Massen (m) und Korpulenzfaktoren (K). Zu den gemittelten morphometrischen Daten ist jeweils der Standardfehler in Klammern angegeben. Weitere Details zu den Herkünften und Probenstellen können den Status-Berichten in Kapitel 4.3.2 entnommen werden.

AGR DEU- Nr	Gewässer	FGE	Landkreis	Land	Ind (N)	Ø l (mm)	Ø m (g)	Ø K
TIN-001	Chiemsee	Donau	Rosenheim	BY	36	430,3 (12,4)	1.392,4 (114,8)	1,63 (0,04)
TIN-002	Seeoner Seen	Donau	Traunstein	BY	24	351,3 (12,5)	-	-
TIN-003	Drewensee	Elbe	Meckl. Seenplatte	MV	30	403,7 (4,7)	1.152,7 (38,7)	1,75 (0,04)
TIN-004	Goldberger See	Elbe	Salzlandkreis	ST	36	95,8 (8,2)	24,2 (11,2)	1,27 (0,02)
TIN-005	Große Sülze	Elbe	Börde	ST	32	151,3 (6,1)	65,2 (7,3)	1,70 (0,05)
TIN-006	Grützer Vorfluter	Elbe	Stendal	ST	34	127,9 (12,0)	-	-
TIN-007	Hauptkanal Ilau- Schneeegraben	Elbe	Harburg	NI	34	108,6 (6,4)	30,9 (6,3)	1,60 (0,06)
TIN-008	Krainke	Elbe	Lüneburg	NI	34	102,1 (7,6)	22,7 (4,9)	1,26 (0,04)
TIN-009	Kupernitzkanal	Elbe	Lüchow- Dannenberg	NI	36	163,6 (14,4)	136,6 (38,3)	1,43 (0,03)
TIN-010	Landlache Rade	Elbe	Wittenberg	ST	32	134,4 (7,7)	-	-
TIN-011	Neuer Flottgraben	Elbe	Stendal	ST	32	125,1 (4,5)	-	-
TIN-012	Ohre	Elbe	Börde	ST	32	121,7 (6,7)	36,1 (6,9)	1,55 (0,11)
TIN-013	Plauer See	Elbe	Ludwigslust- Parchim	MV	35	351,9 (7,6)	826,6 (44,7)	1,86 (0,03)
TIN-014	Saale	Elbe	Saalekreis	ST	19	190,5 (11,2)	50,8 (1,8)	1,58 (0,03)
TIN-015	Schwielochsee	Elbe	Oder-Spree	BB	35	314,0 (7,2)	454,0 (21,9)	1,48 (0,05)
TIN-016	Seegraben (Ohre)	Elbe	Börde	ST	32	122,9 (6,9)	36,8 (6,3)	1,55 (0,07)
TIN-017	Steimker-Graben	Elbe	Börde	ST	33	109,5 (8,9)	36,1 (13,7)	1,41 (0,05)
TIN-018	Unstrut	Elbe	Burgenlandkreis	ST	24	161,8 (11,6)	-	-
TIN-019	Useriner See	Elbe	Meckl. Seenplatte	MV	30	392,7 (4,3)	1.037,0 (38,8)	1,70 (0,03)
TIN-020	Woblitzer See	Elbe	Meckl. Seenplatte	MV	30	393,3 (4,6)	1.044,2 (36,9)	1,71 (0,03)
TIN-021	Großes Meer	Ems	Aurich	NI	35	284,4 (9,9)	441,4 (42,4)	1,70 (0,04)
TIN-022	Großwolder Tief	Ems	Leer	NI	33	91,3 (6,2)	19,2 (8,1)	1,52 (0,04)
TIN-023	Oder	Oder	Uckermark	BB	35	474,3 (8,9)	1.737,1 (92,7)	1,59 (0,05)
TIN-024	Sternhagener See	Oder	Uckermark	BB	31	409,0 (6,0)	1.063,1 (57,8)	1,52 (0,03)
TIN-025	Altrhein "Kleiner Bodensee"	Rhein	Karlsruhe	BW	16	175,0 (9,1)	-	-
TIN-026	Bodensee Untersee	Rhein	Konstanz	BW	35	394,6 (10,7)	1.153,0 (94,2)	1,77 (0,05)
TIN-027	Dianateich	Rhein	Darmstadt- Dieburg	HE	30	114,7 (2,9)	19,5 (1,5)	1,23 (0,02)
TIN-028	Laacher See	Rhein	Ahrweiler	RP	9	265,8 (52,6)	581,7 (258,4)	1,53 (0,05)
TIN-029	Lippe 1	Rhein	Recklinghausen	NW	10	104,9 (17,8)	-	-
TIN-030	Lippe 2	Rhein	Soest	NW	21	97,0 (7,9)	-	-
TIN-031	Löwenberger Landwehr	Rhein	Kleve	NW	24	182,3 (27,5)	327,0 (144,9)	1,68 (0,03)
TIN-032	Main	Rhein	Schweinfurt	BY	30	380,8 (6,2)	977,5 (46,7)	1,74 (0,02)
TIN-033	Wächterstadtgraben	Rhein	Groß-Gerau	HE	30	107,5 (3,8)	20,7 (2,8)	1,49 (0,04)
TIN-034	Wortmann-Altarm (Lippe)	Rhein	Soest	NW	9	116,2 (22,8)	-	-
TIN-035	Schlei	Schlei/ Trave	Schleswig- Flensburg	SH	26	166,2 (9,4)	102,3 (24,7)	1,72 (0,13)
TIN-036	Selenter See	Schlei/ Trave	Plön	SH	32	223,4 (15,2)	-	-
TIN-037	Großer Sternberger See	Warnow/ Peene	Ludwigslust- Parchim	MV	16	365,6 (15,9)	776,6 (74,2)	1,52 (0,05)
TIN-038	Dümmer	Weser	Diepholz	NI	50	103,2 (7,7)	43,7 (7,1)	1,27 (0,03)
TIN-039	Südbach (Steinhuder Meer)	Weser	Nienburg /Weser	NI	30	94,9 (5,6)	15,7 (2,2)	1,36 (0,03)

In allen Herkunftstypen konnten die Individuen vermessen werden, jedoch war das Wiegen nicht immer möglich (siehe Tabelle 1). So war es einigen Probenehmern nicht möglich im Rahmen ihrer Probenahmen mobile Waagen zu verwenden bzw. war ein fehlerfreies exaktes Wiegen vor allem kleinerer Fische aufgrund von Motorvibrationen, schlechten Wetterbedingungen oder turbulenten Wasserbewegungen nicht möglich.

2.3 AP3 Genetische Analysen

Durch den großen zeitlichen Aufwand für die Probenbeschaffung konnte die Analyse des Hauptteils der Proben erst wesentlich später als geplant durchgeführt werden.

Für die Mikrosatelliten-Analyse wurde ein Gen-Analysator (ABI PRISM® 3100 Genetic Analyzer) angeschafft. Die Analyse der Mikrosatelliten-Marker mittels eigenen Gen-Analysators ermöglichte zum einen die unabhängige und somit effizientere Etablierung und Evaluierung zusätzlicher polymorpher Mikrosatelliten-Loci. Zum anderen war dadurch die optimale Etablierung und Testung der Multiplex-Sets zielgerichteter und weniger zeitintensiv, im Vergleich zur Analyse durch Unterauftragsnehmer. Dies war gerade im Hinblick auf die für die zu verwendenden Marker von besonderer Bedeutung. Diese bestehen vorwiegend aus Dinukleotid-Repeats, welche anfällig für sog. „Stutter-Peaks“ sind und somit zu fehlerhaften Fragmentlängen führen können. Durch die optimale Etablierung wurde die spätere Auswertung erleichtert und weniger fehleranfällig. Aufgrund erheblicher Verzögerungen bei der Beschaffung des Geräts und zeitaufwändigen Etablierungs- und Wartungsarbeiten wurde die Analyse der Mikrosatellitenmarker allerdings zusätzlich verzögert. Weiterhin kam es zu vielen Ausfällen der Fragmentlängenanalysen (siehe Kapitel 4.4.3.) bis Mitte 2019.

2.4 AP4 Auswertung und Bewertung

Die Auswertung der Ergebnisse konnte zwar teils schon vor Beendigung der Laborarbeiten begonnen werden, für den populationsgenetischen Vergleich war jedoch das Vorliegen aller erhobenen molekulargenetischen Daten notwendig, weshalb diese Analysen erst ab Mitte 2019 durchgeführt werden konnten.

Das technisch bedingte Auftreten von sogenannten „Stutter-Peaks“ (Amplifikationsfehler während der PCR) war eines der Hauptprobleme bei der Analyse der Daten (siehe Kapitel 4.5.2). Die Bestimmung der Fragmentlängen war hierbei nur schwer automatisierbar bzw. häufig fehlerbehaftet, weshalb die Rohdaten

der Fragmentlängenanalysen aller Individuen und Loci manuell kuratiert und ausgewertet werden mussten, was allein bei über 11.000 zu analysierenden MS-Fragmentlängen mehrere Wochen dauerte. Zusammen mit der schwierigen Probenbeschaffung und den zahlreichen Ausfällen bei der Mikrosatellitenamplifizierung ergab sich daraus eine zeitliche Verzögerungen von über 16 Monaten gegenüber dem ursprünglichen Zeitplan.

3 WISSENSCHAFTLICHER UND TECHNISCHER STAND AN DEN ANGEKNÜPFT WURDE

3.1 Phylogeographie und Populationsgenetik der Schleie

Die Schleie ist in Europa und Asien vor allem in Standgewässern und schwach strömenden Fließgewässern mit dichtem Makrophytenbestand verbreitet. Ihre geographische Verbreitung reicht dabei vom Jenissei in Russland bis nach Westeuropa. Über ihr natürliches Verbreitungsgebiet hinaus wurde sie in Europa sowie weltweit in vielen Regionen angesiedelt (Kottelat & Freyhof, 2007). Aufgrund der Verfügbarkeit geeigneter Habitats liegt der Verbreitungsschwerpunkt der Schleie in Deutschland im Gebiet des Norddeutschen Tieflands, wo sie flächendeckend in einer Vielzahl stehender und fließender Gewässer vorkommt. Im südlichen Teil Deutschlands finden sich geeignete Habitats v.a. in Seen und entlang der Unterläufe größerer Fließgewässer (v.a. Auenhabitats).

Wichtige Erkenntnisse zur populationsgenetischen Struktur und zur Phylogeographie der Schleie in Ihrem natürlichen Verbreitungsgebiet auf Basis mitochondrialer Marker finden sich in den Arbeiten von Lajbner, Linhart & Kotlík (2007), Lajbner *et al.* (2011), Lajbner & Kotlík (2011) und Lo Presti *et al.* (2012, 2014).

Die Existenz von zwei genetisch klar getrennten Phylogruppen der Schleie wurde zuerst von Lajbner *et al.*, (2007, zitiert in Lajbner *et al.* 2010) anhand von Sequenzanalysen nukleärer und mitochondrialer Marker beschrieben. Die westliche Phylogruppe tritt dabei in erster Linie in Mittel- und Westeuropa auf, während die östliche Phylogruppe in ganz Europa sowie im asiatischen Teil des Verbreitungsgebiets vorkommt (Lajbner *et al.*, 2011). Die Phylogruppen gehen dabei ähnlich der Situation bei anderen europäischen Fischarten (Durand, Persat & Bouvet, 1999; Nesbø *et al.*, 1999; Kotlík & Berrebi, 2001; Gum, Gross & Geist, 2009) vermutlich auf unterschiedliche eiszeitliche Refugien zurück, aus denen Mitteleuropa nach Ende der Vergletscherung wieder besiedelt wurde. Auch Lo Presti *et al.* (2012, 2014) konnten 2 genetische Hauptlinien der Schleie (Haplogruppen ‚A‘ und ‚B‘) auf Basis mitochondrialer Marker beschreiben, wobei diese den beiden Phylogruppen von Lajbner *et al.* (2007) entsprechen. Da sich diese Hauptlinien hinsichtlich nukleärer und mitochondrialer Marker auftrennen lassen, folgt die vorliegende Studie der Terminologie von Lajbner *et al.* (2007).

Die Verbreitungsgebiete beider Phylogruppen überlappen sich großflächig, sodass Schleienpopulationen in Zentraleuropa oft Individuen beider Phylogruppen beinhalten (Lajbner *et al.*, 2011). In diesem Gebiet ist die Vermischung beider Linien vermutlich auf natürliche, nacheiszeitliche Kontakte zurückzuführen, während das Auftreten der östlichen Phylogruppe in Spanien und Portugal vermutlich auf Initialbesatzmaßnahmen zurückzuführen ist (Lajbner *et al.*, 2011). Trotz der relativ großen genetischen Divergenz beider Phylogruppen (1,3% Sequenzunterschied in Bezug auf das mitochondriale Cytochrom b-Gen) konnte keine reproduktive Isolation zwischen Individuen beider Phylogruppen gefunden werden (Lajbner *et al.*, 2010).

Hinsichtlich der genetischen Variabilität auf Basis mitochondrialer Marker wurden in Schleienpopulationen Werte für die Haplotypendiversität zwischen 0,246 und 0,643 gefunden (Lo Presti *et al.*, 2012). Dabei zeigte vor allem die mitochondriale Kontrollregion eine im Vergleich zu anderen Fischarten besonders hohe Variabilität, die auch im Rahmen einer anderen Studie bestätigt wurde (Lo Presti *et al.*, 2014).

In einer Mikrosatelliten-basierten Studien von 21 Wildpopulationen und Zuchtstämmen der Schleie zeigten Kohlmann *et al.* (2010) eine im Vergleich zu anderen Süßwasser-Fischarten geringere genetische Diversität innerhalb von Wildpopulationen (DeWoody & Avise, 2000; Berendonk *et al.*, 2015; Schmidt *et al.*, 2015). Gleichzeitig wurde eine genetische Strukturierung zwischen Populationen gefunden (signifikante Differenzierung zwischen fast allen Populationen), wobei die auf Basis der mitochondrialen Marker definierten genetischen Linien auch auf Basis von Mikrosatellitenanalysen relativ voneinander abgegrenzt werden konnten (Kohlmann *et al.*, 2010).

3.2 Methoden zur molekulargenetischen Charakterisierung der Schleie

Größtenteils wurde im Rahmen der vorliegenden Studie DNA aus Gewebe getöteter Individuen extrahiert. Wo dies aufgrund geringer Bestandsgrößen nicht möglich oder vertretbar war, wurde, ähnlich dem Vorgehen in vorangegangenen Studien zur genetischen Diversität der Äsche und Barbe, DNA aus forensischen Schleimhautabstrichen extrahiert (Köbsch *et al.*, in Vorbereitung; Berendonk *et al.*, 2015).

Die Analyse mitochondrialer Marker eignet sich aufgrund geringerer Mutationsraten gegenüber Mikrosatelliten-Marker zur Erkennung großräumiger, phylogeograph-

ischer Muster und zur Beschreibung historischer Genflüsse. Durch den Auftraggeber vorgegeben war hierbei die Verwendung der mitochondrialen Kontrollregion (CR), die sich in der vergleichenden Untersuchung von Lo Presti *et al.* (2014) als die variabelste mitochondriale Region herausstellte.

Im Gegensatz zu den mitochondrialen Markern dienen nukleäre Mikrosatelliten-Marker zur Analyse der genetischen Diversität auf Populationsebene bzw. zwischen Populationen auf kleinerer geografischer Skala und zur Beurteilung rezenter Genflusses. Um eine Einordnung der Ergebnisse gegenüber Müller-Belecke (2008) zu ermöglichen, wurden folgende 10 Mikrosatelliten-Marker in der vorliegenden Studie verwendet: MFW1, MFW17, MTT-1, MTT-2, MTT-3, MTT-4, MTT-5, MTT-6, MTT-7, MTT-9. Zusätzlich wurden ohne weitere Kosten für den Auftraggeber zwei weitere Mikrosatelliten-Marker untersucht (CypG24, MTT-8).

4 MATERIAL UND METHODEN

4.1 Auswahl geeigneter Herkünfte der Schleie

Grundlage für die Auswahl der Populationen, welche analysiert werden sollten, war die ausgiebige Recherche zur aktuellen Verbreitung der Schleie in Deutschland. Hierzu wurden zunächst alle online verfügbaren Informationen geprüft. Auf Grundlage des Fischartenatlas „Fischfauna-online 2.0“ (Brunken & Winkler, 2015) zeigte sich, dass fast alle Flussgebietseinheiten (FGEs) aussichtsreiche Zielgebiete darstellen. Einzig die FGE Maas wurde auf Grund geringer Bestandsdichten in den dort in Frage kommenden Gewässern nach Rücksprache mit dem LANUV NRW (Frau N. Theißen) ausgeschlossen.

Im Weiteren wurden folgende Quellen zur Verbreitung der Schleie analysiert:

- 1) Fischkataster der Fischerei- bzw. Umweltbehörden der Bundesländer
 - nicht frei verfügbar, auf Anfrage jedoch oft nutzbar oder Informationen werden erteilt
 - die darin meist enthaltene Monitoring-Befischungen zur Umsetzung der EU-WRRL sind oft nur punktuell und nur bedingt repräsentativ für das ganze Gewässer
- 2) Fischatlantiken und Forschungsberichte
 - diese sind oft veraltet, jedoch für die Analyse von Bestandsveränderungen nutzbar
- 3) Anfragen bei Fischerei-, Gewässer- und Anglerverbänden
 - meist sehr aktuell, jedoch oft stark auf Zielfischarten der Angelfischerei fokussiert
- 4) Anfragen an Fischereisachverständige
 - oft Auftragnehmer für WRRL-Befischungen, Gutachter und Durchführende von Forschungsarbeiten
 - Informationen sehr aktuell und wissenschaftlich wertvoll
- 5) Anglerforen im Internet
 - ca. 1,6 Millionen Angler sind in Deutschland aktiv und viele nutzen das Internet zum Austausch von Erfahrungen und guten Fangplätzen
- 6) Fischereii Institute

- sind in der Regel sowohl im Bestandsmonitoring als auch in der Forschung aktiv

Auf Grundlage der hierbei gewonnenen Informationen wurde die Auswahl potentieller Herkünfte in den Flussgebietseinheiten (FGE) weiter eingeschränkt. Grundsätzlich geht man davon aus, dass die Populationen innerhalb einer FGE genetisch ähnlicher sind, da sich durch die räumliche Trennung zu Populationen anderer FGE genetische Unterschiede etabliert haben sollten. Innerhalb einer FGE besteht zwar meist ein langfristiger genetischer Austausch, Individuen einer Fischart können jedoch durch natürliche wie auch anthropogen verursachte räumliche Trennung ihrer Habitate isoliert sein und daher nicht oder nur eingeschränkt miteinander reproduzieren. Die natürliche Isolation von Reproduktionseinheiten der Schleie könnte innerhalb der FGE gegeben sein; wenn sich geeignete Schleienhabitate durch lange, von der Schleie nicht genutzte Gewässerabschnitte, voneinander abgrenzen lassen. Über das Migrationsverhalten der Schleie ist relativ wenig bekannt; es konnten jedoch Wanderung über mehrere km Länge beobachtet werden (Penczak, 2006; Pollux *et al.*, 2006).

Bei der praktischen Auswahl der zu beprobenden Schleien-Herkünfte wurde zunächst analysiert, welche Gewässer besonders reich an Individuen sind. Dabei zeigte sich, dass die Bestandsdichten der Schleie in weiten Teilen der FGEs Donau und Rhein aufgrund der o.g. naturräumlichen Gegebenheiten meist gering sind bzw. in vielen Fällen auf Besatzmaßnahmen zurückgehen (Baggerseen, Teichgebiete). Bei der Herkunftsauswahl wurde berücksichtigt, ob und inwieweit die Populationen aktuell bzw. in der Vergangenheit durch Besatz gestützt und gegebenenfalls genetisch verfremdet werden/wurden. Die Besatzsituation konnte allerdings in vielen Fällen nicht eindeutig geklärt werden.

4.2 Aufbau eines Kooperationsnetzwerks

Im Verlauf des Projekts wurde ein Netzwerk mit Fischerei-Akteuren aufgebaut. Dazu zählten Fischereibehörden, Forschungsinstitute, Fischereibetriebe, Fischerei- und Anglerverbände/-vereine sowie freiberufliche Biologen und fischereibiologisch arbeitende Büros. Die maßgeblichen Akteure sind nachfolgend für die jeweiligen Bundesländer aufgeführt.

Baden-Württemberg Fischereiforschungsstelle Baden-Württemberg, Dr. Roland Rösch

	Fischereibetrieb Dr. Kuhn GbR Fischereibetrieb Riebel
Bayern	Fischereifachberatung Oberbayern, Dr. Bernhard Gum Fischereifachberatung Niederbayern, Dr. Stephan Paintner Fischreibetrieb Stephan
Brandenburg	Fischereibetrieb Klemm Fischereibetrieb Trellert Fischereibetrieb Zahn
Hessen	Regierungspräsidium Darmstadt, Dr. C Köhler/P. Heinz Institut für Gewässer- und Auenökologie, Dr. Egbert Korte
Mecklenburg- Vorpommern	Landesanglerverband M-V e.V. Fischereibetrieb Siedschlag Fischereibetrieb Rettig
Niedersachsen	Nds. Landesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit, Dez. Binnenfischerei - Fischereikundlicher Dienst, Dr. Hans-Hermann Arzbach Anglerverband Niedersachsen e.V., Dr. Matthias Emmrich Fischereibetrieb Endjer Natur- und Umweltschutzvereinigung Dümmer e.V., Dr. M. Holy Ökologische Schutzstation Steinhuder Meer e.V., T. Brandt
Nordrhein-Westfalen	LANUV NRW, N. Theißen Bezirksregierung Düsseldorf, Dez. 51, Dr. Nicole Scheifhacken Fischereiverband Westfalen-Lippe e.V., S. Storm/C. Nolting
Rheinland-Pfalz	Fischereibetrieb Hehenkamp
Sachsen	Labor für Fisch- und Gewässer-Ökologie, Maik-Gert Werner
Sachsen-Anhalt	Landesverwaltungsamt Sachsen-Anhalt, Ref. Fischerei, Bernd Kammerad
Schleswig-Holstein	Landesamt für Landwirtschaft, Umwelt und ländliche Räume des Landes Schleswig-Holstein, Abteilung Fischerei, U. Hartmann Fischereibetrieb Reese Fischereibetrieb Nadler

Über diese Kontakte wurden einerseits Informationen zu den Beständen der Schleie in den jeweiligen Bundesländern generiert und andererseits versucht, Synergieeffekte mit ohnehin stattfindenden Befischungen bzw. der Erwerbsfischerei zu nutzen. So konnten beispielsweise im Rahmen von Monitoringbefischungen im Bereich der Lippe durch Dr. Svenja Storm (Landesfischereiverband Westfalen und

Lippe e.V.) Proben aus der Lippe und mehreren Altwässern gewonnen werden. In anderen Bundesländern wurden erfolgreich freie Büros und Biologen, die als Auftragnehmer für WRRL-Befischungen fungierten, für die Schleienbeprobung beauftragt bzw. Befischungen in Kooperation mit diesen durchgeführt (u.a. Labor für Fisch- und Gewässer-Ökologie, Maik-Gert Werner).

4.3 Untersuchte Herkünfte

4.3.1 Probenahme und Elektrobefischung

Die Beprobung erfolgte mittels Elektrofischerei (CEN Norm 14962 2004 Wasserqualität -Fischfang, CEN Norm 14011, 2003 Elektrofischen, FIBS) – in kleinen und flachen Fließgewässern als Watbefischung mit Hilfe eines Elektrofischfanggerätes (EFGI 650, Firma Bretschneider Spezialelektronik) durch mindestens zwei entsprechend ausgebildete Fachkräfte mit Elektrofischereischein und Fischereischein. Bei der Beprobung größerer Gewässer wurden die Befischungen je nach Wassertiefe und Strömung als Boots- oder Treidelbefischung mit leistungsstärkeren Elektrofischfanggeräten (EFGI 1300, EFGI 4000, Firma Bretschneider Spezialelektronik) auf einem Aluminiumboot (fungiert als Flächen-Kathode) durchgeführt. Die Elektrobefischung führt bei schonender und vor allem der Fischart und den Gewässerverhältnissen angepasster Durchführung zu keiner dauerhaften Schädigung der Fische (Rümmler, Schreckenbach & Pfeiffer, 1998). Die gefangenen Individuen wurden in einem Fischtransportbehälter gesammelt und anschließend schonend vermessen und gewogen. Die Berechnung des Korpulenzfaktors erfolgte nach Heincke (1908).

Im Falle einer Entnahme der Gewebeproben (Muskelfleisch, Flossenstücke) wurden die Schleien getötet und das entnommene Gewebe in 99%igem Ethanol fixiert. Im Fall geringer Bestandsgrößen wurden den Schleien während der Vermessung mit einem Abstrichtupfer (forensic swab, Sarstedt AG) insgesamt zwei oder drei Abstriche im Kopfbereich, an den Körperflanken und/oder aus der Maulhöhle (Bukkalprobe) entnommen. Insgesamt konnte von 1174 Schleien genetisches Material gewonnen werden.

4.3.2 Status-Berichte zu den Herkünften

In diesem Kapitel werden die Informationen zu den 39 Populationsherkünften, in welchen Schleien gefangen werden konnten, in Steckbriefen zusammengefasst. Alle

Populationen mit AGRDEU-Nummer gingen in genetische Analysen ein (vgl. Appendix 1). Bei den befischten Gewässern wurde der Gewässertyp angegeben, welcher im beprobten Gewässer bzw. Gewässerabschnitt vorlag. Sofern es sich nicht um natürlicherweise isolierte Gewässer handelte, lassen sich Informationen zur Einordnung des beprobten Gewässers in das Gesamtflusssystem über die Angabe ‚Abfluss in/über‘ sowie über die Angaben zur Gewässerlänge/-fläche und Einzugsgebietsgröße ermitteln. Vor allem für sehr kleine Gewässer konnten hinsichtlich einiger Kategorien keine Daten gefunden werden. Hier wurden entweder keine Angaben (k.A.) gemacht oder die entsprechenden Werte mithilfe von Online-Werkzeugen <http://acme.com/planimeter/> abgeschätzt (z.B. Online-Planimeter <http://acme.com/planimeter/>). Die Informationen zur fischereilichen Bewirtschaftung sowie zum Besatz mit Schleien wurden über die Fischerei- und Naturschutzbehörden sowie die ortsansässigen Anglervereine, Fischerei- und Gewässergenossenschaften erhoben. Für den Fall, dass Informationen zum Besatz mit Schleien vorlagen, sind diese unter ‚Besatz mit Schleien‘ vermerkt, wenn der Besatz durch die erfolgreich kontaktierten Akteure ausgeschlossen wurde ist dies mit ‚nein‘ vermerkt. Für die Fälle, in denen die lokalen Akteure keine genauen Angaben machen konnten, oder kein Kontakt mit den entsprechenden Verantwortlichen zustande kam, wurde der Besatz mit Schleien als ‚unbekannt‘ gekennzeichnet.

Herkunft – Gewässer	Chiemsee
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-001
Gewässertyp nach WRRL ²	Geschichteter Alpensee, LAWA Typ 4
Abfluss über/in ¹	Alz - Inn - Donau - Schwarzes Meer
Gewässerfläche (km ²) ²	79,9
Einzugsgebietsgröße (km ²) ²	606,34
Flussgebietseinheit	Donau
Gemeinde	Rimsting
Landkreis	Rosenheim
Bundesland	Bayern
GPS-Koordinaten (WGS84)	47°52'49.7 N 12°21'31.7 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	Berufsfischerei
Besatz mit Schleien	nein (pers. Mitt. E. Stephan)

Herkunft - Gewässer	Seeoner Seen (Klostersee)
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-002
Gewässertyp nach WRRL	k. A.
Abfluss über/in ¹	ohne, Seenverbund
Gewässerfläche (km ²) ¹¹	0,47
Einzugsgebietsgröße (km ²) ¹¹	4,5
Flussgebietseinheit	Donau
Gemeinde	Seeon
Landkreis	Traunstein
Bundesland	Bayern
GPS-Koordinaten (WGS84)	47°58'25.9 N 12°27'9 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	Berufsfischerei
Besatz mit Schleien	unbekannt

Herkunft - Gewässer	Drewensee
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-003
Gewässertyp nach WRRL ⁴	Geschichteter Tieflandsee mit relativ großem Einzugsgebiet, LAWA Typ 10
Abfluss über/in ⁴	Havel - Elbe - Nordsee
Gewässerfläche (km ²) ⁴	2,6
Einzugsgebietsgröße (km ²)	k. A.
Flussgebietseinheit	Elbe
Gemeinde	Wesenberg
Landkreis	Mecklenburgische Seenplatte
Bundesland	Mecklenburg-Vorpommern
GPS-Koordinaten (WGS84)	53°15'32.4 N 13°3'47.7 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	Berufsfischerei
Besatz mit Schleien	nein (pers. Mitt. M. Bork)

Herkunft - Gewässer	Goldberger See
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-004
Gewässertyp nach WRRL	k. A.
Abfluss über/in ¹	Seegraben - Elbe - Nordsee
Gewässerfläche (km ²) ¹²	ca. 0,1
Einzugsgebietsgröße (km ²)	k. A.
Flussgebietseinheit	Elbe
Gemeinde	Barby (Elbe)
Landkreis	Salzlandkreis
Bundesland	Sachsen-Anhalt
GPS-Koordinaten (WGS84)	51°53'44.6 N 11°58'35.9 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	keine
Besatz mit Schleien	nein (pers. Mitt. B. Kammerad)

Herkunft - Gewässer	Große Sülze
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-005
Gewässertyp nach WRRL ¹⁴	Löss-lehmgeprägte Tieflandbäche, LAWA Typ 18
Abfluss über/in ¹⁴	Schrote - Ohre - Elbe - Nordsee
Gewässerlänge (km) ¹⁴	17
Einzugsgebietsgröße (km ²) ¹⁴	70,5
Flussgebietseinheit	Elbe
Gemeinde	Barleben
Landkreis	Börde
Bundesland	Sachsen-Anhalt
GPS-Koordinaten (WGS84)	52°12'43.7 N 11°37'57.8 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	Angelfischerei
Besatz mit Schleien	unbekannt

Herkunft - Gewässer	Grützer Vorfluter
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-006
Gewässertyp nach WRRL ⁴	Sandgeprägte Ströme, LAWA Typ 20 , erheblich veränderte Fließgewässer
Abfluss über/in ¹	Havel - Elbe
Gewässerlänge (km) ⁴	17
Einzugsgebietsgröße (km ²)	k. A.
Flussgebietseinheit	Elbe
Gemeinde	Schollene (Havel)
Landkreis	Stendal
Bundesland	Sachsen-Anhalt
GPS-Koordinaten (WGS84)	52°40'45.4 N 12°13'19.1 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	Berufsfischerei
Besatz mit Schleien	unbekannt

Herkunft - Gewässer	Hauptkanal Ilau-Schneegraben
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-007
Gewässertyp nach WRRL ²¹	k. A., künstliches Gewässer
Abfluss über/in ¹	Ilmenau - Elbe - Nordsee
Gewässerlänge (km) ⁵	21
Einzugsgebietsgröße (km ²) ⁵	94,5
Flussgebietseinheit	Elbe
Gemeinde	Winsen (Luhe)
Landkreis	Harburg
Bundesland	Niedersachsen
GPS-Koordinaten (WGS84)	53°23'5.9 N 10°20'37.5 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	Angelfischerei
Besatz mit Schleien	nein (pers. Mitt. G. Krug)

Herkunft - Gewässer	Krainke
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-008
Gewässertyp nach WRRL ⁴	Kleine Niederungsfließgewässer in Fluss- und Stromtälern, LAWA Typ 19
Abfluss über/in ⁵	Sude - Elbe - Nordsee
Gewässerlänge (km) ⁵	34,6
Einzugsgebietsgröße (km ²) ⁵	125
Flussgebietseinheit	Elbe
Gemeinde	Amt Neuhaus
Landkreis	Lüneburg
Bundesland	Niedersachsen
GPS-Koordinaten (WGS84)	53°18'13.2 N 10°53'53.9 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	Angelfischerei
Besatz mit Schleien	nein (pers. Mitt. U. Wilken)

Herkunft - Gewässer	Kupernitzkanal
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-009
Gewässertyp nach WRRL ²¹	k. A., künstliches Gewässer
Abfluss über/in ¹	Jeetzel - Elbe - Nordsee
Gewässerlänge (km) ⁵	9,6
Einzugsgebietsgröße (km ²) ⁵	49,7
Flussgebietseinheit	Elbe
Gemeinde	Dannenberg (Elbe)
Landkreis	Lüchow-Dannenberg
Bundesland	Niedersachsen
GPS-Koordinaten (WGS84)	53°2'24.2 N 11°9'30.2 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	Angelfischerei
Besatz mit Schleien	nein, in der Vergangenheit einmaliges Einsetzen von Schleien aus Jeetzel (pers. Mitt. E. Eibach)

Herkunft - Gewässer	Landlache Rade
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-010
Gewässertyp nach WRRL ⁴	Kleine Niederungsfließgewässer in Fluss- und Stromtälern, LAWA Typ 19, erheblich verändert
Abfluss über/in ¹	Schwarze Elster - Elbe - Nordsee
Gewässerlänge (km) ⁶	39,5
Einzugsgebietsgröße (km ²)	k. A.
Flussgebietseinheit	Elbe
Gemeinde	Jessen (Elster)
Landkreis	Wittenberg
Bundesland	Sachsen-Anhalt
GPS-Koordinaten (WGS84)	51°45'49 N 12°52'52.9 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	Angelfischerei
Besatz mit Schleien	unbekannt

Herkunft - Gewässer	Neuer Flottgraben
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-011
Gewässertyp nach WRRL ²¹	k. A. , künstliches Gewässer
Abfluss über/in ¹	Uchte - Biese - Aland - Elbe - Nordsee
Gewässerlänge (km) ¹²	ca. 14,3
Einzugsgebietsgröße (km ²)	k. A.
Flussgebietseinheit	Elbe
Gemeinde	Stendal
Landkreis	Stendal
Bundesland	Sachsen-Anhalt
GPS-Koordinaten (WGS84)	52°36'56.1 N 11°53'1.2 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	keine
Besatz mit Schleien	unbekannt

Herkunft - Gewässer	Ohre
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-012
Gewässertyp nach WRRL ⁴	Kiesgeprägte Tieflandbäche, LAWA Typ 16
Abfluss über/in ¹	Elbe - Nordsee
Gewässerlänge (km) ⁵	110
Einzugsgebietsgröße (km ²) ⁵	1670
Flussgebietseinheit	Elbe
Gemeinde	Calvörde
Landkreis	Börde
Bundesland	Sachsen-Anhalt
GPS-Koordinaten (WGS84)	52°25'5 N 11°16'21.2 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	Angelfischerei
Besatz mit Schleien	unbekannt

Herkunft - Gewässer	Plauer See
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-013
Gewässertyp nach WRRL ⁴	Geschichteter Tieflandsee mit relativ großem Einzugsgebiet, LAWA Typ 10
Abfluss über/in ⁴	Müritz-Elde-Wasserstraße - Elbe - Nordsee
Gewässerfläche (km ²) ⁴	38,14
Einzugsgebietsgröße (km ²) ⁷	1.230 km ²
Flussgebietseinheit	Elbe
Gemeinde	Plau am See
Landkreis	Ludwigslust-Parchim
Bundesland	Mecklenburg-Vorpommern
GPS-Koordinaten (WGS84)	53°31'17.7 N 12°18'7.3 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	Berufsfischerei
Besatz mit Schleien	unbekannt

Herkunft - Gewässer	Saale
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-014
Gewässertyp nach WRRL ⁴	Große Flüsse des Mittelgebirges, LAWA Typ 9.2
Abfluss über/in ⁴	Elbe - Nordsee
Gewässerlänge (km) ⁵	413
Einzugsgebietsgröße (km ²) ⁵	24167
Flussgebietseinheit	Elbe
Gemeinde	Merseburg
Landkreis	Saalekreis
Bundesland	Sachsen-Anhalt
GPS-Koordinaten (WGS84)	51°20'42.6 N 11°59'59.2 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	Angelfischerei
Besatz mit Schleien	unbekannt

Herkunft - Gewässer	Schwielochsee
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-015
Gewässertyp nach WRRL ¹⁴	Flusssee im Tiefland, LAWA-Typ 12
Abfluss über/in ¹	Spree - Havel - Elbe - Nordsee
Gewässerfläche (km ²) ¹⁶	10,41
Einzugsgebietsgröße (km ²) ¹⁶	493
Flussgebietseinheit	Elbe
Gemeinde	Tauche
Landkreis	Oder-Spree
Bundesland	Brandenburg
GPS-Koordinaten (WGS84)	52°4'50.9 N 14°12'2.5 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	Berufsfischerei
Besatz mit Schleien	

Herkunft - Gewässer	Seegraben (Ohre)
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-016
Gewässertyp nach WRRL ²¹	Kleine Niederungsfließgewässer in Fluss- und Stromtälern, LAWA Typ 19
Abfluss über/in ¹⁴	Ohre - Elbe - Nordsee
Gewässerlänge (km) ¹⁴	12,6 km
Einzugsgebietsgröße (km ²) ¹⁴	34,6
Flussgebietseinheit	Elbe
Gemeinde	Zielitz
Landkreis	Börde
Bundesland	Sachsen-Anhalt
GPS-Koordinaten (WGS84)	52°17'9.1 N 11°40'44.3 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	unbekannt
Besatz mit Schleien	unbekannt

Herkunft - Gewässer	Steimker-Graben
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-017
Gewässertyp nach WRRL ²¹	Organisch geprägte Bäche, LAWA Typ 11
Abfluss über/in ¹	Ohre -Elbe - Nordsee
Gewässerlänge (km) ¹	ca. 10
Einzugsgebietsgröße (km ²)	k. A.
Flussgebietseinheit	Elbe
Gemeinde	Oebisfelde
Landkreis	Börde
Bundesland	Sachsen-Anhalt
GPS-Koordinaten (WGS84)	52°30'24.4 N 11°1'38.1 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	unbekannt
Besatz mit Schleien	unbekannt

Herkunft - Gewässer	Unstrut
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-018
Gewässertyp nach WRRL ²¹	Große Flüsse des Mittelgebirges, LAWA Typ 9.2
Abfluss über/in ¹	Elbe - Nordsee
Gewässerlänge (km) ^{10, 5}	192
Einzugsgebietsgröße (km ²) ⁹	6369
Flussgebietseinheit	Elbe
Gemeinde	Freyburg (Unstrut)
Landkreis	Burgenlandkreis
Bundesland	Sachsen-Anhalt
GPS-Koordinaten (WGS84)	51°12'23.1 N 11°46'20.3 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	Angelfischerei
Besatz mit Schleien	unbekannt

Herkunft - Gewässer	Useriner See
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-019
Gewässertyp nach WRRL ⁴	Polymiktischer Tieflandsee mit relativ großem Einzugsgebiet, LAWA Typ 11
Abfluss über/in ⁴	Havel - Elbe - Nordsee
Gewässerfläche (km ²) ⁴	3,765
Einzugsgebietsgröße (km ²)	k. A.
Flussgebietseinheit	Elbe
Gemeinde	Userin
Landkreis	Mecklenburgische Seenplatte
Bundesland	Mecklenburg-Vorpommern
GPS-Koordinaten (WGS84)	53°20'33.6 N 12°58'10 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	Berufsfischerei
Besatz mit Schleien	nein (pers. Mitt. M. Bork)

Herkunft - Gewässer	Woblitzer See
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-020
Gewässertyp nach WRRL ⁴	Polymiktischer Tieflandsee mit relativ großem Einzugsgebiet (LAWA-Typcode: 11)
Abfluss über/in ¹	Havel - Elbe - Nordsee
Gewässerfläche (km ²) ⁴	5
Einzugsgebietsgröße (km ²)	k. A.
Flussgebietseinheit	Elbe
Gemeinde	Wesenberg
Landkreis	Mecklenburgische Seenplatte
Bundesland	Mecklenburg-Vorpommern
GPS-Koordinaten (WGS84)	53°17'53.7 N 12°59'48.6 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	Berufsfischerei
Besatz mit Schleien	nein (pers. Mitt. M. Bork)

Herkunft - Gewässer	Großes Meer
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-021
Gewässertyp nach WRRL ²⁶	Polymiktischer Tieflandsee mit relativ großem Einzugsgebiet, LAWA Typ 11
Abfluss über/in ¹	Knockster Tief - Nordsee / Kurzes Tief - Trecktieftief - Ems-Jade-Kanal - Nordsee
Gewässerfläche (km ²) ²⁹	3,5
Einzugsgebietsgröße (km ²) ³⁰	kein Einzugsgebiet nach § 3 Nr. 14 WHG bestimmbar
Flussgebietseinheit	Ems
Gemeinde	Südbrookmerland
Landkreis	Aurich
Bundesland	Niedersachsen
GPS-Koordinaten (WGS84)	53°25'53.3 N 7°17'39.6 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	Berufsfischerei
Besatz mit Schleien	Besatz letztmalig ca. 2000, Besatzquelle unbekannt (pers. Mitt. R. Endjer)

Herkunft - Gewässer	Großwolder Tief
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-022
Gewässertyp nach WRRL ²¹	vermutlich Marschengewässer, LAWA Typ 22
Abfluss über/in ¹	Coldemüntjer Schöpfwerkstief - Ems - Nordsee
Gewässerlänge (km) ¹	ca. 4,3
Einzugsgebietsgröße (km ²)	k. A.
Flussgebietseinheit	Ems
Gemeinde	Westoverledingen
Landkreis	Leer
Bundesland	Niedersachsen
GPS-Koordinaten (WGS84)	53°9'11.7 N 7°25'52.3 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	keine
Besatz mit Schleien	nein

Herkunft - Gewässer	Oder/Alte Oder
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-023
Gewässertyp nach WRRL ²¹	Organisch geprägte Flüsse, LAWA Typ 12
Abfluss über/in ¹	Ostsee
Gewässerlänge (km) ²⁷	866 (Oder)
Einzugsgebietsgröße (km ²) ²⁷	118890 (Gesamteinzugsgebiet)
Flussgebietseinheit	Oder
Gemeinde	Schwedt/Oder
Landkreis	Uckermark
Bundesland	Brandenburg
GPS-Koordinaten (WGS84)	53°2'7.5 N 14°17'8.8 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	Berufsfischerei
Besatz mit Schleien	nein (pers. Mitt. H. Zahn)

Herkunft - Gewässer	Sternhagener See
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-024
Gewässertyp nach WRRL ²⁶	Geschichteter Tieflandsee mit relativ großem Einzugsgebiet, LAWA Typ 10
Abfluss über/in ¹	Seenverbund - Ucker/Uecker - Ostsee
Gewässerfläche (km ²) ²⁸	1,42
Einzugsgebietsgröße (km ²) ²⁸	18
Flussgebietseinheit	Oder
Gemeinde	Nordwestuckermark
Landkreis	Uckermark
Bundesland	Brandenburg
GPS-Koordinaten (WGS84)	53°14'33.5 N 13°47'1.4 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	Berufsfischerei
Besatz mit Schleien	nein (pers. Mitt. M. Trellert)

Herkunft - Gewässer	Altrhein "Kleiner Bodensee"
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-025
Gewässertyp nach WRRL ²⁶	Sondertyp natürlicher See, LAWA Typ 88
Abfluss über/in ¹	Alb - Pfingst-Entlastungskanal - Rhein - Nordsee
Gewässerfläche (km ²) ¹²	ca. 0,37
Einzugsgebietsgröße (km ²)	k. A.
Flussgebietseinheit	Rhein
Gemeinde	Karlsruhe
Landkreis	Karlsruhe
Bundesland	Baden-Württemberg
GPS-Koordinaten (WGS84)	49°4'14.2 N 8°21'24.3 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	Berufsfischerei
Besatz mit Schleien	unbekannt

Herkunft - Gewässer	Bodensee Untersee	
Population (AGRDEU-Nr.)		TIN-026
Gewässertyp nach WRRL ²⁵	Geschichteter Alpenvorlandsee mit relativ großem Einzugsgebiet, LAWA Typ 2	
Abfluss über/in ²⁴		Rhein - Nordsee
Gewässerfläche (km ²) ²⁵		6.290
Einzugsgebietsgröße (km ²) ²⁴	11500 (Obersee und Untersee)	
Flussgebietseinheit		Rhein
Gemeinde		Reichenau
Landkreis		Konstanz
Bundesland		Baden-Württemberg
GPS-Koordinaten (WGS84)	47°41'46.9 N 9°5'21.7 E	
Fischereiliche Bewirtschaftung		Berufsfischerei
Besatz mit Schleien		unbekannt

Herkunft - Gewässer	Dianateich	
Population (AGRDEU-Nr.)		TIN-027
Gewässertyp nach WRRL ²³	künstliches Gewässer (Sondertyp künstlicher See, LAWA Typ 99)	
Abfluss über/in ¹		ohne
Gewässerfläche (km ²) ²³		0,003
Einzugsgebietsgröße (km ²)		k. A.
Flussgebietseinheit		Rhein
Gemeinde		Darmstadt
Landkreis		Darmstadt-Dieburg
Bundesland		Hessen
GPS-Koordinaten (WGS84)	49°55'15.7 N 8°42'6.8 E	
Fischereiliche Bewirtschaftung		keine
Besatz mit Schleien		nein

Herkunft - Gewässer	Laacher See	
Population (AGRDEU-Nr.)		TIN-028
Gewässertyp nach WRRL ²	geschichteter, calciumreicher Mittelgebirgssee mit relativ kleinem Einzugsgebiet, LAWA Typ 7	
Abfluss über/in ^{1,3}	ohne natürlichen Abfluss / Delius-Stollen	
Gewässerfläche (km ²) ²		3,31
Einzugsgebietsgröße (km ²) ²		12,215
Flussgebietseinheit		Rhein
Gemeinde		Glees
Landkreis		Ahrweiler
Bundesland		Rheinland-Pfalz
GPS-Koordinaten (WGS84)	50°24'45 N 7°16'15.2 E	
Fischereiliche Bewirtschaftung		Berufsfischerei
Besatz mit Schleien	Nein, Besatz kann zumindest für die letzten 10-15 Jahre ausgeschlossen werden (pers. Mitt. A. Hehenkamp)	

Herkunft - Gewässer	Lippe 1
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-029
Gewässertyp nach WRRL ²¹	Sand- und lehmgeprägte Tieflandflüsse, LAWA Typ 15
Abfluss über/in ¹	Rhein → Nordsee
Gewässerlänge (km) ²²	220,1
Einzugsgebietsgröße (km ²) ²²	4890
Flussgebietseinheit	Rhein
Gemeinde	Marl
Landkreis	Recklinghausen
Bundesland	NRW
GPS-Koordinaten (WGS84)	51°42'41.8 N 7°7'35.8 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	Angelfischerei
Besatz mit Schleien	unbekannt

Herkunft - Gewässer	Lippe 2
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-030
Gewässertyp nach WRRL ²¹	Sand- und lehmgeprägte Tieflandflüsse, LAWA Typ 15
Abfluss über/in ¹	Rhein → Nordsee
Gewässerlänge (km) ²²	220,1
Einzugsgebietsgröße (km ²) ²²	4890
Flussgebietseinheit	Rhein
Gemeinde	Lippstadt
Landkreis	Soest
Bundesland	NRW
GPS-Koordinaten (WGS84)	51°40'11.6 N 8°16'50 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	Angelfischerei
Besatz mit Schleien	unbekannt

Herkunft - Gewässer	Löwenberger Landwehr
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-031
Gewässertyp nach WRRL ²¹	Kleine Niedrigungsgewässer in Fluss- und Stromtälern, LAWA Typ 19
Abfluss über/in ¹	Rhein -Nordsee
Gewässerlänge (km)	k. A.
Einzugsgebietsgröße (km ²)	k. A.
Flussgebietseinheit	Rhein
Gemeinde	Emmerich am Rhein
Landkreis	Kleve
Bundesland	NRW
GPS-Koordinaten (WGS84)	51°50'38.9 N 6°18'2.8 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	keine
Besatz mit Schleien	unbekannt

Herkunft - Gewässer	Main
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-032
Gewässertyp nach WRRL ²¹	Große Flüsse des Mittelgebirges, LAWA Typ 9.2
Abfluss über/in ¹	Rhein - Nordsee
Gewässerlänge (km) ³¹	527
Einzugsgebietsgröße (km ²) ³¹	27292
Flussgebietseinheit	Rhein
Gemeinde	Grettstadt
Landkreis	Schweinfurt
Bundesland	Bayern
GPS-Koordinaten (WGS84)	50°1'5.9 N 10°21'7.8 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	Berufsfischerei
Besatz mit Schleien	Ja, Quelle und Umfang der Besatzmaßnahmen unbekannt (pers. Mitteilung Hr. Dittmar)

Herkunft - Gewässer	Wächterstadtgraben
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-033
Gewässertyp nach WRRL ²¹	Kleine Niedrigungsgewässer in Fluss- und Stromtälern, LAWA Typ 19
Abfluss über/in ¹	Rhein - Nordsee
Gewässerlänge (km)	k. A.
Einzugsgebietsgröße (km ²)	k. A.
Flussgebietseinheit	Rhein
Gemeinde	Trebur
Landkreis	Groß-Gerau
Bundesland	Hessen
GPS-Koordinaten (WGS84)	49°51'53.3 N 8°22'51.3 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	Angelfischerei
Besatz mit Schleien	unbekannt

Herkunft - Gewässer	Wortmann-Altarm (Lippe)
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-034
Gewässertyp nach WRRL ³²	Sondertyp natürlicher See, LAWA Typ 88
Abfluss über/in	ohne
Gewässerfläche (km ²) ¹²	ca. 0,45
Einzugsgebietsgröße (km ²)	k. A.
Flussgebietseinheit	Rhein
Gemeinde	Lippetal
Landkreis	Soest
Bundesland	NRW
GPS-Koordinaten (WGS84)	51°39'23.5 N 8°3'40.2 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	Angelfischerei
Besatz mit Schleien	unbekannt

Herkunft - Gewässer	Schlei
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-035
Gewässertyp nach WRRL ²¹	Marschengewässer, LAWA Typ 22
Abfluss über/in ¹	Kieler Bucht - Ostsee
Gewässerlänge (km) ^{19, 20}	42 / 53,4 km ²
Einzugsgebietsgröße (km ²) ²⁰	667
Flussgebietseinheit	Schlei/Trave
Gemeinde	Schleswig
Landkreis	Schleswig-Flensburg
Bundesland	Schleswig-Holstein
GPS-Koordinaten (WGS84)	54°30'53.5 N 9°38'28.2 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	Berufsfischerei
Besatz mit Schleien	nein

Herkunft - Gewässer	Selenter See
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-036
Gewässertyp nach WRRL ²	geschichteter Tieflandsee mit relativ kleinem Einzugsgebiet, LAWA Typ 13
Abfluss über/in ¹	Salzau/Mühlenau - Ostsee
Gewässerlänge (km) ²	21,37
Einzugsgebietsgröße (km ²) ²	37,2
Flussgebietseinheit	Schlei/Trave
Gemeinde	Lammershagen
Landkreis	Plön
Bundesland	Schleswig-Holstein
GPS-Koordinaten (WGS84)	54°18'21.6 N 10°28'33.5 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	Berufsfischerei
Besatz mit Schleien	unbekannt

Herkunft - Gewässer	Großer Sternberger See
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-037
Gewässertyp nach WRRL ¹⁸	Flusssee im Tiefland, LAWA Typ 12
Abfluss über/in ¹	Mildenitz - Warnow - Ostsee
Gewässerlänge (km) ¹⁷	0,5
Einzugsgebietsgröße (km ²) ¹⁷	520
Flussgebietseinheit	Warnow/Peene
Gemeinde	Sternberg
Landkreis	Ludwigslust-Parchim
Bundesland	Mecklenburg-Vorpommern
GPS-Koordinaten (WGS84)	53°43'4.1 N 11°51'13.7 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	Berufsfischerei
Besatz mit Schleien	unbekannt

Herkunft - Gewässer	Dümmer
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-038
Gewässertyp nach WRRL ²⁶	Polymiktischer Tieflandsee mit relativ großem Einzugsgebiet, LAWA Typ 11
Abfluss über/in ⁴	Sude - Elbe - Nordsee
Gewässerlänge (km ²) ¹⁷	1,63
Einzugsgebietsgröße (km ²) ¹⁷	24,6
Flussgebietseinheit	Weser
Gemeinde	Hüde
Landkreis	Diepholz
Bundesland	Niedersachsen
GPS-Koordinaten (WGS84)	52°29'39.9 N 8°20'51.7 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	Berufsfischerei
Besatz mit Schleien	nein

Herkunft - Gewässer	Südbach (Steinhuder Meer)
Population (AGRDEU-Nr.)	TIN-039
Gewässertyp nach WRRL ²¹	Organisch geprägte Bäche, LAWA Typ 11
Abfluss über/in ¹	Steinhuder Meerbach - Weser - Nordsee
Gewässerlänge (km) ¹	ca. 22
Einzugsgebietsgröße (km ²)	k. A.
Flussgebietseinheit	Weser
Gemeinde	Winzlar
Landkreis	Nienburg/Weser
Bundesland	Niedersachsen
GPS-Koordinaten (WGS84)	52°27'7.7 N 9°16'31.8 E
Fischereiliche Bewirtschaftung	Angelfischerei
Besatz mit Schleien	nein

¹ <https://www.google.de/maps/>

² Kenndaten ausgewählter Seen Deutschlands https://www.umweltbundesamt.de/sites/default/files/medien/384/bilder/dateien/3_tab_kenndaten-ausgew-seen-d_2016-09-21.xlsx

³ https://de.wikipedia.org/wiki/Laacher_See, abgerufen 07.10.2019

⁴ <https://geoportal.bafg.de/mapsfggelbe/#>

⁵ Bergemann (2015)

⁶ http://gldweb.dhi-wasy.com/DHI.DE.Service.FeatureInfo.Web/InfoRoot/Ber_OW_09-13_OWK_Bewertung/FeatureInfo/MS_CD_WB/DEST_SE04OW03-00.pdf

⁷ Staatliches Amt für Landwirtschaft und Umwelt Westmecklenburg (2013): Managementplan für das FFH-Gebiet DE 2539-301. Plauer See und Umgebung. Seite 4. 221 S.

⁹ http://elise.bafg.de/servlet/is/4506/Endb_BfG_Kap11.pdf, abgerufen 07.10.2019

¹⁰ <https://de.wikipedia.org/wiki/Unstrut>, abgerufen 07.10.2019

¹¹ https://www.wwa-ts.bayern.de/fluesse_seen/gewaesserportraits/klostersee/index.htm, abgerufen 08.10.2019

¹² <http://acme.com/planimeter/>, abgerufen 08.10.2019, eigene Messung

¹³ https://geoportal.bafg.de/birt_viewer/frameset?_report=RW_WKSB.rptdesign&_navigationbar=false¶m_wasserkoerper=DE_RW_DEST_HAVOW20-00, abgerufen 08.10.2019

¹⁴ https://lhw.sachsen-anhalt.de/fileadmin/Bibliothek/Politik_und_Verwaltung/Landesbetriebe/LHW/DownloadBereich/Gew-bericht_OW_2005_2008/MEL03_text_web.pdf, abgerufen 08.10.2019

¹⁵ <http://www.blaues-band.de/baeche/ohre.php>, abgerufen 08.10.2019

- ¹⁶ https://lfu.brandenburg.de/media_fast/4055/fb_125_schwielloch.pdf, abgerufen 08.10.2019
- ¹⁷ https://www-docs.b-tu.de/fg-gewaesserschutz/public/projekte/uba_2/02_meck_pom.
abgerufen 08.10.2019
- ¹⁸ http://www.wrrl-mv.de/doku/2004/Sg_typ_karte.pdf, abgerufen 08.10.2019
- ¹⁹ <https://www.seen.de/s-5249996c9a6dd21987210829/schlei/fakten/>, abgerufen 08.10.2019
- ²⁰ http://www.schriften.uni-kiel.de/Band%2068/Gocke_et_al_%2068_%2031-62.pdf,
abgerufen 08.10.2019
- ²¹ www.fliessgewaesserbewertung.de/downloads/typ_typenkarte_dez_2003.pdf,
abgerufen 08.10.2019
- ²² Topographisches Informationsmanagement, Bezirksregierung Köln, Abteilung GEObasis NRW
- ²³ [https://de.wikipedia.org/wiki/Dianateich_\(Darmstadt\)](https://de.wikipedia.org/wiki/Dianateich_(Darmstadt)), abgerufen 08.10.2019
- ²⁴ <https://www.lubw.baden-wuerttemberg.de/wasser/bodensee>, abgerufen 08.10.2019
- ²⁵ [https://um.baden-wuerttemberg.de/fileadmin/redaktion/m-um/intern/Dateien/Dokumente/
3_Umwelt/Schutz_natuerlicher_Lebensgrundlagen/Wasser/Rechtsvorschriften/WRRL/
Zyklus-1/Hintergrund-1/LUBW/090715_see_dokumentation.pdf](https://um.baden-wuerttemberg.de/fileadmin/redaktion/m-um/intern/Dateien/Dokumente/3_Umwelt/Schutz_natuerlicher_Lebensgrundlagen/Wasser/Rechtsvorschriften/WRRL/Zyklus-1/Hintergrund-1/LUBW/090715_see_dokumentation.pdf), abgerufen 08.10.2019
- ²⁶ https://www.gewaesser-bewertung.de/files/typenkarte_seen_april2016.pdf,
abgerufen 08.10.2019
- ²⁷ <https://de.wikipedia.org/wiki/Oder>, abgerufen 08.10.2019
- ²⁸ <https://mlul.brandenburg.de/w/seen/8000196815219.pdf>, abgerufen 08.10.2019
- ²⁹ <http://www.projekt-grosses-meer.de/rahmen.php?nid=12&hid=1>, abgerufen 08.10.2019
- ³⁰ Niedersächsischer Landesbetrieb für Wasserwirtschaft, Küsten- und Naturschutz:
Großes Meer - Leitfaden Maßnahmenplanung Oberflächengewässer. Teil B: Stillgewässer.
Anhang II - Seeberichte. S. 5. 23 S. Jahr unbekannt, Download am 08.10.2019
- ³¹ <https://de.wikipedia.org/wiki/Main>, abgerufen 08.10.2019
- ³² [https://www.umweltbundesamt.de/sites/default/files/medien/377/dokumente/
00_begleittext_steckbriefe_deutscher_seetypen_internet.pdf](https://www.umweltbundesamt.de/sites/default/files/medien/377/dokumente/00_begleittext_steckbriefe_deutscher_seetypen_internet.pdf)

4.4 Molekulare Analysen

4.4.1 Methoden zur DNA-Gewinnung

Die nichtinvasive Gewinnung von DNA mittels Schleimhaut- bzw. Maulhöhlenabstrichen (Skin & Buccal swabbing) wurde bereits für verschiedene Fischarten erfolgreich getestet (Smalley & Campanella, 2005; Campanella & Smalley, 2006; Le Vin *et al.*, 2011; Reid, Kidd & Wilson, 2012; Breacker *et al.*, 2017; Colussi *et al.*, 2017). Auch bei den ebenfalls vom Institut für Hydrobiologie durchgeführten Studien zur genetischen Diversität der Äsche und Barbe in Deutschland (Köbsch *et al.*, in Vorbereitung; Berendonk *et al.*, 2015) wurden DNA-Proben mit Hilfe von forensischen Schleimhautabstrichen gewonnen. Die Entnahme, Lagerung und Extraktion der Abstrichtupfer in der vorliegenden Studie erfolgte wie in Köbsch *et al.* (in Vorbereitung) beschrieben. Für die DNA-Extraktion aus Muskel- oder Flossengewebe wurde das „QIAAMP®“ DNA MINI KIT (QUIAGEN) unter Anwendung des Standard-Protokoll des Herstellers genutzt.

4.4.2 mtDNA Analyse

Die mitochondriale Diversitätsanalyse erfolgte für den Locus Kontrollregion (CR, D-Loop). Die PCR-Reaktionen wurden in einem Gesamtvolumen von 25 µl durchgeführt. Der GoTaq® G2 Hot Start colorless Master Mix (Promega GmbH) wurde als PCR Reaktionspuffer verwendet, wobei Endkonzentrationen von 200 mM dNTPs, 1 mM MgCl₂, 200 nM jedes Primers und 20 ng DNA pro Reaktion angewendet wurden. Detaillierte Informationen zu den verwendeten Primern sind in Tabelle 2 dargestellt. Für die Amplifikation der Genfragmente wurde folgendes PCR-Programm verwendet: initiale Denaturierung von 5 min. bei 95°C, gefolgt von 35 Zyklen mit 30 sec. bei 95°C, 30 sec. bei 58°C und 60 sec. bei 72°C, und einem finalen Elongationsschritt von 7 min bei 72°C.

Tabelle 2: Verwendete Primer für die mitochondriale Kontrollregion in *Tinca tinca*, T_m = Schmelztemperatur

Primer	Primer Sequenz (5'-3')	T _m (°C)	GC-Gehalt (%)	Referenz
Tin_D-loop_for	CGCCCAGAAAAAGGAGATT	55,5	47,4	Lo Presti <i>et al.</i> (2010)
Tin_D-loop_rev	TTGACTTTTTAGCATTAAAGAAATTG	55,5	26,9	

Zur Visualisierung wurden die PCR-Produkte standardmäßig auf einem 1%-igen Agarosegel elektrophoretisch aufgetrennt und unter UV-Licht durch Färbung der DNA mittels GelRed™ (Biotium) analysiert. Die PCR-Produkte wurden mittels des Nucleospin Extract II Kits (Macherey-Nagel GmbH) aufgereinigt und anschließend beide DNA-Stränge („forward“ und „reverse“) durch die Firma GATC Biotec AG / Eurofins Genomics sequenziert. Hierbei wurde angestrebt, von jeweils 10 zufällig ausgewählten Individuen pro beprobter Herkunft die Kontrollregion zur Abschätzung der mitochondrialen Diversität zu analysieren. Insgesamt wurden somit 389 Individuen aus 39 Herkünften typisiert, wobei 26 Herkünfte mit einer Anzahl von ≥10 Individuen und 13 Herkünfte mit 8-9 Individuen in die Analysen gingen (vgl. Appendix 1).

4.4.3 Mikrosatellitenanalyse

Um die Vergleichbarkeit zu früheren Studien zu gewährleisten (Kohlmann & Kersten, 2006; Kohlmann, Kersten & Flajšhans, 2007; Kohlmann *et al.*, 2010) wurden folgende Mikrosatelliten Loci ausgewählt: MTT-1, MTT-2, MTT-3, MTT-4, MTT-5, MTT-6, MTT-7,

MTT-8, MTT-9, CypG24, MFW1 und MFW17 (Crooijmans *et al.*, 1997; Kohlmann & Kersten, 2006).

Diese ausgewählten 12 Primerpaare wurden in Abhängigkeit von ihren erwarteten Fragmentlängen und den Reaktionsbedingungen der Primer in vier Multiplex-Sets zusammengestellt. Jedes Set enthielt dabei 3 Primerpaare, wobei die jeweiligen ‚Forward-Primer‘ mit 3 unterschiedlichen Fluoreszenzfarbstoffen (6-FAM, ATTO 550, ATTO 565 und JOE) markiert wurden (siehe Tabelle 3 für Details). Dadurch konnten die PCR Fragmente nach kapillar-elektrophoretischer Auftrennung basierend auf ihren Farbmarkierungen den jeweiligen Mikrosatelliten-Loci zugeordnet werden. Die Reaktionsbedingungen wurden basierend auf einem Testset optimiert, um möglichst ähnliche Fluoreszenzsignale innerhalb und zwischen den Proben zu erhalten. Aus jeder beprobten Herkunft (mind. 30) wurde anschließend angestrebt 30 bis 50 Individuen mit dem finalen Primer-Set bestehend aus 12 Loci zu untersuchen.

Tabelle 3: Detailinformation zu den verwendeten Mikrosatellitenmarkersystemen

Multi-plex Set	Marker	Motiv	Allelbereich (bp)	Fluorophor	Referenz
1	MTT-3	(AGAC) ₃ (AG) ₁₂	150-167	A550	(Kohlmann & Kersten, 2006)
	MTT-7	(CAA) ₃ CA(CAA) ₁	212	JOE	(Kohlmann & Kersten, 2006)
	MTT-6	(CA) ₁₆	155-189	FAM	(Kohlmann & Kersten, 2006)
2	MTT-5	(GA) ₄ GG(GA) ₁₃	204-216	FAM	(Kohlmann & Kersten, 2006)
	MTT-2	(AC) ₈	238-242	A550	(Kohlmann & Kersten, 2006)
	MTT-1	(CA) ₁₁	166-178	A565	(Kohlmann & Kersten, 2006)
3	CypG24	(CAGA) ₁₉	151-175	FAM	(Dubut <i>et al.</i> , 2009)
	MTT-4	(CA) ₆	212	A550	(Kohlmann & Kersten, 2006)
	MTT-8	(CA) ₁₂ N ₆ (CA) ₃ (GACA) ₂ (CA) ₈	178-236	A565	(Kohlmann & Kersten, 2006)
4	MFW1	(GT) _n	169-171	JOE	(Crooijmans <i>et al.</i> , 1997)
	MFW17	(CA) _n	180-202	A550	(Crooijmans <i>et al.</i> , 1997)
	MTT-9	(AC) ₂₈	132-184	A565	(Kohlmann & Kersten, 2006)

Die PCR-Reaktionen wurden in einem Gesamtvolumen von 20 µl durchgeführt. Der GoTaq® G2 Hot Start colorless Master Mix (Promega GmbH) wurde als PCR Reaktionspuffer verwendet, wobei Endkonzentrationen von 200 mM dNTPs und 20 ng DNA pro Reaktion angewendet wurden. Die MgCl₂-, BSA- und Primer-Konzentration sowie die Annealing-Temperatur wurde für jedes Multiplex-Set optimiert (siehe Tabelle 4). Für die Multiplex-Sets 1-3 wurde die Amplifikation der Mikrosatelliten-

Fragmente mittels folgendem PCR-Programm durchgeführt: initiale Denaturierung für 5 min bei 95°C, 35 Zyklen mit 45 sec bei 95°C, 20 sec bei 53-59°C und 30 sec bei 72°C, und einem finalen Elongationsschritt von 45 min bei 72°C. Für das Multiplex-Set 4 wurde ein abweichendes PCR-Programm genutzt: initiale Denaturierung für 5 min bei 98°C, 5 Zyklen mit 60 sec bei 98°C, 60 sec bei 53°C und 60 sec bei 72°C, 35 Zyklen mit 3,5 min bei 90°C, 30 sec bei 53°C und 30 sec bei 72°C und einem finalen Elongationsschritt von 7 min bei 72°C.

Der Erfolg der Amplifikation wurde mittels Gelelektrophorese unter Verwendung eines 2%igen Agarosegels und Visualisierung mittels UV-Licht nach Färbung der DNA mit Clear G (SERVA) überprüft. Die Fragmentlängenanalyse positiver PCR-Proben wurde anschließend mit einem ABI PRISM® 3100 Genetic Analyzer durchgeführt.

Von den insgesamt 1174 gesammelten Abstrich- oder Gewebeproben wurde von 1052 Proben erfolgreich DNA gewonnen. Von diesen 1052 Proben, die aus 39 verschiedenen Populationen stammen, wurde eine Mikrosatellitenanalyse durchgeführt. Dabei zeigten 635 Proben nach einer ersten Analyse ein vollständiges Marker-Set. Die verbleibenden Proben zeigten Ausfälle sowohl einzelner jedoch nicht konsistent gleicher Mikrosatelliten-Loci, als auch kompletter Multiplex-Sets. Um für die Datenanalyse vollständige Mikrosatelliten-Marker-Sets zur Verfügung zu haben, wurden für die ausgefallenen Individuen entweder komplette Multiplex-Sets wiederholt analysiert oder in den vorwiegenden Einzel-Loci Ausfällen sog. Simplex-PCRs durchgeführt. Für diese Simplex-PCRs wurden die den Multiplex-Sets entsprechenden Bedingungen gewählt, wobei nur einzelne Primerpaare in die Reaktionen eingesetzt wurden. Durch diese Vorgehensweise und durch die teilweise Analyse von „B-Proben“ derselben Individuen (im Fall der Abstrichtupfer) konnte für insgesamt 978 Individuen aus 38 Populationen stammend ein vollständiges Markersset von 12 Loci erstellt werden. Für die statistische Analyse der Mikrosatelliten-Daten wurden allerdings nur 969 Individuen aus 37 Populationen berücksichtigt, da Populationen mit <10 beprobten und analysierten Individuen mit einem vollständigen Markersset von den Analysen ausgeschlossen wurden (Wortmann-Altarm, Laacher See).

Tabelle 4: Mikrosatelliten-PCR Bedingungen für die vier verwendeten Multiplex-Sets.

Multiplex Set	1	2	3	4
Hybridisierungstemp.	59 °C	59 °C	53 °C	53 °C
MgCl ₂ Zusatz	-	1,25 mM	-	-
BSA Konz.	0,5 µg/µl	-	0,5 µg/µl	0,25 µg/µl
Marker mit entsprechenden Konzentrationen der Primer	MTT3 250 nM MTT7 400 nM MTT6 1,5 µM	MTT5 500 nM MTT2 125 nM MTT1 500 nM	CypG24 500 nM MTT4 250 nM MTT8 500 nM	MFW1 75 nM MFW17 250 nM MTT9 125 nM

4.5 Datenanalyse und Statistik

4.5.1 mtDNA Analyse

Die amplifizierten PCR-Produkte der Kontrollregion (CR) wurden sowohl ‚Forward‘ als auch ‚Reverse‘ sequenziert. Mittels der Software *Geneious* 11.0.5 (BIOMATTER LTD.) wurden die beiden komplementären Sequenzen assembliert und sog. Konsensus-Sequenzen erstellt. Für die untersuchten Regionen (ND1, ND5/6, CR) wurden die für die weiteren Analysen benötigten Alignments ebenfalls in *Geneious* mit 65% similarity (5,0/-4,0) unter Verwendung des implementierten Geneious-Algorithmus erstellt.

Neben den ermittelten DNA-Sequenzen aus dieser Studie wurden weitere Sequenzen der Kontrollregion, welche in der Nucleotid-Datenbank der NCBI GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) hinterlegt sind, unter den Kriterien Sequenzlänge >950bp ausgewählt (siehe Appendix 4). Die Sequenzlänge lag nach Zuschneiden der Sequenzen auf gleiche Anfangs- und Endsequenzen bei 861-866bp.

Für die CR-Sequenzdaten erfolgte die Abschätzung der Variation innerhalb der Populationen bzw. Flussgebietseinheiten (FGE) durch die Berechnung der Haplotypen- und Nukleotid-Diversität mit der Software Arlequin Ver. 3.5.2.2 (Excoffier & Lischer, 2010). In Arlequin wurde weiterhin eine hierarchische Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) durchgeführt, wobei die Gruppeneinteilung mit den FGEs korrespondierte, zu welchen die jeweiligen Populationen gehören. Insgesamt wurden 10.000 Permutationen durchgeführt, um die Signifikanz der Resultate zu

bewerten. Für die notwendige Berechnung der genetischen Distanzen wurde das Tamura & Nei (TrN) Evolutionsmodell (Tamura & Nei, 1993) verwendet, welches das beste in Arlequin verfügbare Modell für die Daten darstellt. Dieses Modell der molekularen Evolution wurde mit der Software jModelTest 2.1.4 (Darriba *et al.*, 2012) basierend auf hierarchischen Likelihood-Ratio-Tests und dem Akaike Informationskriterium (AIC) ausgewählt. Zur Abschätzung der genetischen Differenzierung zwischen den Populationen bzw. FGEs wurden in Arlequin (Excoffier & Lischer, 2010) paarweise ϕ_{ST} -Werte (analog zu Wright's Allelfrequenz-basierter F-Statistik) berechnet und deren Signifikanz mit 10.000 Permutationen abgeschätzt.

Mit der Software POPART (Leigh & Bryant, 2015) wurden jeweils ein Median-Joining Haplotypen Netzwerk basierend auf den Sequenzdaten der Kontrollregion erstellt (Abbildung 5). Dabei gingen auch die Referenzhaplotypen aus der NCBI GenBank (Auflistung siehe Appendix 4) in die Analyse ein. Haplotypen, die nur in einer Population auftraten, wurden als private Haplotypen definiert. Dies umfasst also auch bereits bekannte Haplotypen, die in vorherigen Studien bereits in anderen Populationen gefunden wurden.

4.5.2 Mikrosatellitenanalyse

Aufgrund des technisch bedingten Auftretens von sog. „Stutter-Peaks“ (Amplifikationsfehler während der PCR) war die Bestimmung der Fragmentlängen nur schwer automatisierbar bzw. häufig fehlerbehaftet, wenn ausschließlich Computeralgorithmen angewendet wurden. Daher wurden die Rohdaten der Fragmentlängenanalysen aller Individuen und Loci manuell kuratiert und ausgewertet. Hierfür wurde das ‚Microsatellite Plugin‘ der Software Geneious® 11.0.5 (Kearse *et al.*, 2012) genutzt.

Für die Abschätzung der genetischen Variation innerhalb der Populationen bzw. Flusseinzugsgebiete (FGE) erfolgte die Berechnung der auf die Probengröße korrigierten, erwarteten Heterozygotie (H_{EC}) in Arlequin (Excoffier & Lischer, 2010). Die mittlere und maximale Anzahl an Allelen pro Locus, der mittlere Allelreichtum pro Population, die mittlere Anzahl privater Allele (Anzahl privater Allele pro Population / Anzahl an Mikrosatelliten-Loci) wurden in R (R Core Team, 2018) mit den Paketen „Poppr“ (Kamvar, Tabima & Grünwald, 2014) und „hierfstat“ (Goudet & Jombart, 2015) berechnet.

Die genetische Differenzierung zwischen den Populationen bzw. FGEs wurde analog zu den mitochondrialen Daten in Arlequin (Excoffier & Lischer, 2010) mit paarweisen F_{ST} -Werten abgeschätzt, und die Signifikanz der Werte mit 10.000 Permutationen bestimmt. Eine hierarchische AMOVA wurde ebenfalls in Arlequin (Excoffier & Lischer, 2010) durchgeführt, wobei die Gruppeneinteilung mit den FGEs korrespondierte, zu welchen die jeweiligen Populationen gehören. Die Berechnung der genetischen Distanzen erfolgte über paarweise Unterschiede und die Bewertung der Signifikanz der Resultate erfolgte mit 10.000 Permutationen.

Mit Hilfe einer Hauptkoordinaten-Analyse wurde die räumliche genetische Struktur der Populationen analysiert. Die Hauptkoordinaten-Analyse ist eine ‚Metrische Multidimensionale Skalierung‘, bei der die Distanzen zwischen den Individuen wie bei einer Hauptkomponenten-Analyse weitestgehend bewahrt werden, um eine räumliche Autokorrelation zu testen. Diese multivariate Methode erlaubt somit die Hauptmuster in einem multivariaten Datensatz über eine Distanz- oder Ähnlichkeitsmatrix zu finden und graphisch darzustellen indem die enthaltene Information der zahlreichen paarweisen Kombinationen auf wenige Dimensionen (i.d.R. 2 - 3) reduziert wird. Dabei werden sog. ‚Eigenwerte‘ und ‚Eigenvektoren‘ einer Matrix berechnet, welche die Distanzen zwischen allen Datenpunkten in der Matrix enthält. Die „wichtigsten“ Dimensionen werden durch die größten Eigenwerte repräsentiert und stellen die Hauptachsen der Variation des mehrdimensionalen Datensatzes dar. Jede aufeinanderfolgende Achse (mit geringer werdenden Eigenwerten) erklärt somit proportional weniger der Gesamtvariation im Datensatz. Die ersten 2 bis 3 Achsen legen somit typischerweise den größten Anteil der Trennung von Gruppen im Datensatz offen. Diese Trennung lässt sich dabei graphisch in Form von Punktwolken ähnlicher Eigenvektoren darstellen. Diese Analyse wurde in R (R Core Team, 2018) mit Hilfe des Pakets „ape“ (Paradis & Schliep, 2018) unter Verwendung der Binärdaten genutzt, um die Beziehungen aller einzelnen Individuen zueinander zu berechnen. Hierfür wurden die ermittelten Multilocus Allel-Daten in eine Binärmatrix (0=abwesend, 1=anwesend) transformiert. Für die Darstellung der Beziehungen der Populationen zueinander wurden die paarweisen genetischen Distanzen der Populationen nach Nei (Nei, 1972, 1978) verwendet, die in R (R Core Team, 2018) mit Hilfe des Pakets „adegenet“ (Jombart, 2008) auf Basis des Allel-Datensatzes berechnet wurden.

Mit Hilfe einer ‚Structure‘ Analyse wurden die genetischen Gruppierungen aller Individuen unabhängig ihrer Herkunft untersucht, um die Anzahl der Gruppen, die sich genetisch stark voneinander unterscheiden, zu bestimmen. Hierfür wurde das Programm STRUCTURE 2.3.4 (Pritchard, Stephens & Donnelly, 2000; Falush, Stephens & Pritchard, 2003, 2007; Hubisz *et al.*, 2009) genutzt, welches über ein Bayes'sches Clusterverfahren die Zuordnungswahrscheinlichkeiten eines Individuums zu jeder Gruppe in mehreren Wiederholungen berechnet und eine Gesamtwahrscheinlichkeit für jede vorgegebene Anzahl von Gruppen (K) ermittelt. Als Parametereinstellungen für die Markov Chain Monte Carlo (MCMC) Schätzungen wurde das ‚Admixture Model‘ (mit angenommenem genetischem Austausch zwischen den Populationen), und die Einstellung ‚Independent Allele Frequencies‘ gewählt. Alle Simulationen wurden mit einer ‚BurnIn‘ Phase von 25.000 Wiederholungen und 100.000 MCMC Wiederholungen nach der ‚Burnin‘ Phase durchgeführt. Das Ableiten der Anzahl der genetischen Gruppen (K), welche die Daten am besten beschreiben, wurde mit dem Programm STRUCTURE HARVESTER Web v0.6.94 (Earl & vonHoldt, 2012) mittels der Evanno-Methode (Evanno, Regnaut & Goudet, 2005) auf Basis von 5 Wiederholungen für K = 2-37 durchgeführt. Dabei stellte sich K=3 als die wahrscheinlichste Gruppenanzahl (K) heraus. Da Kohlmann *et al.* (2010) die Auftrennung der beiden Phylogruppen der Schleie mutmaßlich auch auf Basis von Mikrosatelliten-Markern nachweisen konnten, wurden zusätzlich die Simulationsergebnisse für K=2 mit in die weitere Analyse integriert. Die Ergebnisse aus den 5 STRUCTURE-Wiederholungen für diese Gruppenanzahlen (K=2, K=3) wurden mittels der Software CLUMPP (Jakobsson & Rosenberg, 2007) gemittelt und mit dem Programm DISTRUCT (Rosenberg, 2003) visualisiert.

5 AUSFÜHRLICHE DARSTELLUNG DER ERGEBNISSE

5.1 Populationsstruktur der Schleie in den erfassten Herkünften

In den 39 Herkünften (Abbildung 2) konnten insgesamt 1132 Schleien gefangen und Material für die molekularen Analysen gewonnen werden. Informationen zu den Herkünften, die Anzahl der Individuen sowie Daten zu durchschnittlichen Längen, Massen und Korpulenzfaktoren der Populationen sind in Tabelle 1 dargestellt.

In allen Herkünften konnten die Fische vermessen werden (Abbildung 3, Tabelle 1). Die Größenklassenverteilung zeigte eine hohe Heterogenität zwischen den Herkünften. In erster Linie auffällig sind die Unterschiede zwischen den Herkünften in Hinblick auf die jeweils verwendeten Fangmethoden. So fangen und entnehmen Berufsfischer gezielt große Fische, sodass die in diesen Gewässern vorhandenen kleineren Größenklassen nicht erfasst werden. In mittels Elektrofischerei beprobten Herkünften dominieren dagegen juvenile und subadulte Schleien (Abbildung 3). Das lag einerseits daran, dass sich die Habitate der Juvenilen und Adulten nicht oder nur bedingt überlappen bzw. dass in den so befischten Gewässern Jungfischhabitate überwogen. Andererseits sind für einige Gewässer auch Verbüttungserscheinungen wahrscheinlich, sodass größere Größenklassen der Schleie nicht zu erwarten sind (v.a. TIN-027 ‚Dianateich‘).

Große Unterschiede im Vergleich der Populationen hinsichtlich der Altersstruktur können potentiell Artefakte im Rahmen der genetischen Analysen verursachen, wenn bspw. alle gefangenen 0+ Fische einer beprobten Herkunft von einem Elternpaar stammen. Um einen solchen Effekt für den vorliegenden Datensatz auszuschließen, wurde der Anteil der 0+ Schleien an der Gesamtindividuenzahl der Herkunft berechnet (Daten nicht gezeigt) und Korrelationsanalysen zur Haplotypendiversität und Anzahl privater Allele durchgeführt. Dabei zeigt sich kein signifikanter Zusammenhang, so dass 0+ Fische mit in die genetischen Analysen aufgenommen wurden.

Die angestrebte Anzahl von mindestens 30 Individuen pro Herkunft konnte in 28 der 45 Herkünfte erreicht werden. In den übrigen Herkünften war dies unter den vor Ort gegebenen Umständen (Wasserstand, Witterung, Bestandssituation der Schleie) nicht möglich (siehe dazu auch Kap. 2 und 8).

Die Gesamtheit aller gefangenen Schleien zeigte eine bimodale Verteilung hinsichtlich der Größenklassen (Abbildung 4), wobei die oben erwähnte Selektivität der berufsfischereilichen Fangmethoden bzw. die Dominanz juveniler und subadulter Individuen in den mit Hilfe der Elektrofischerei beprobten Herkünften nochmals deutlich wird.

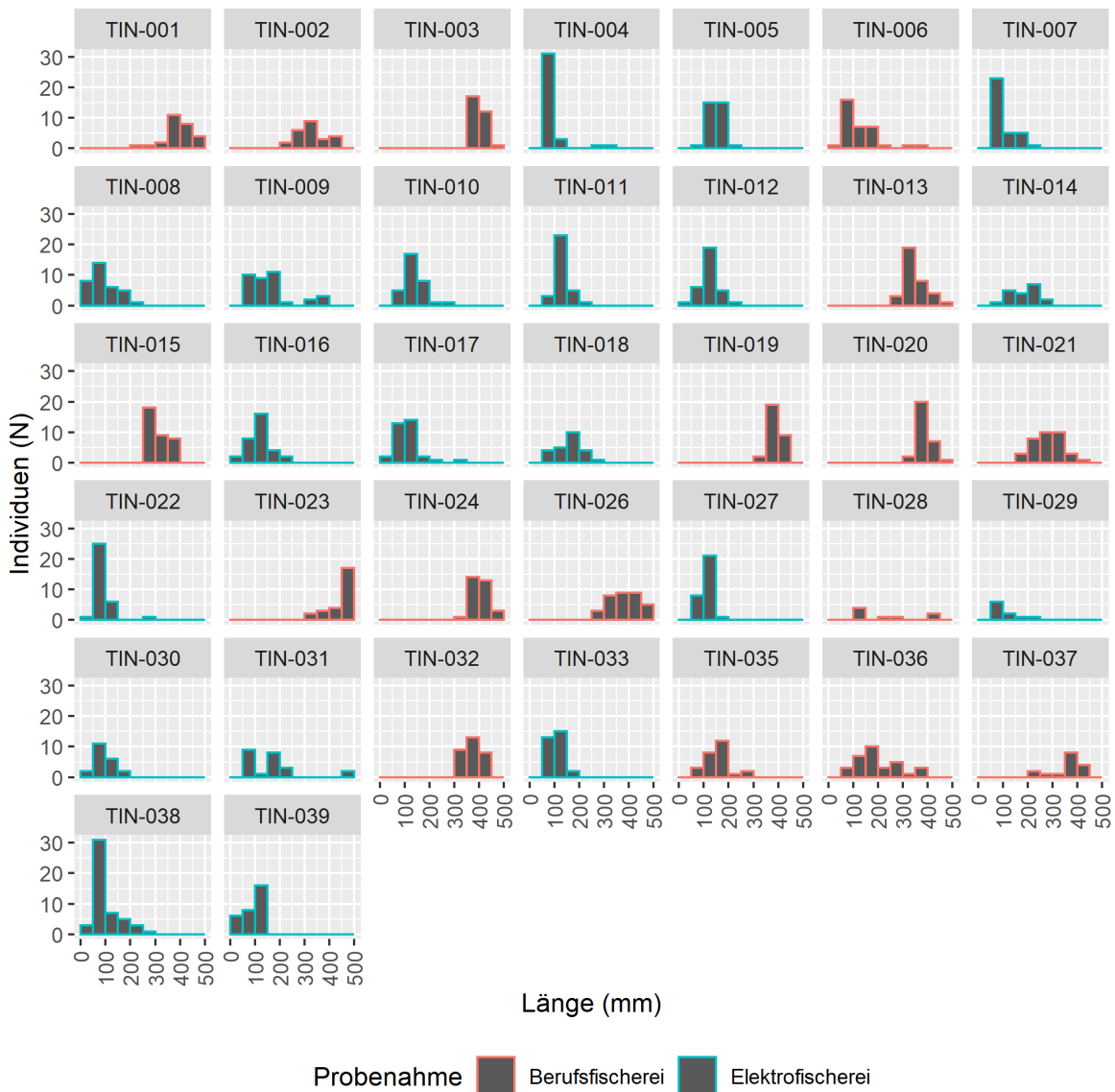


Abbildung 3: Anzahl der Individuen nach Größenklassen in den untersuchten Herkünften.

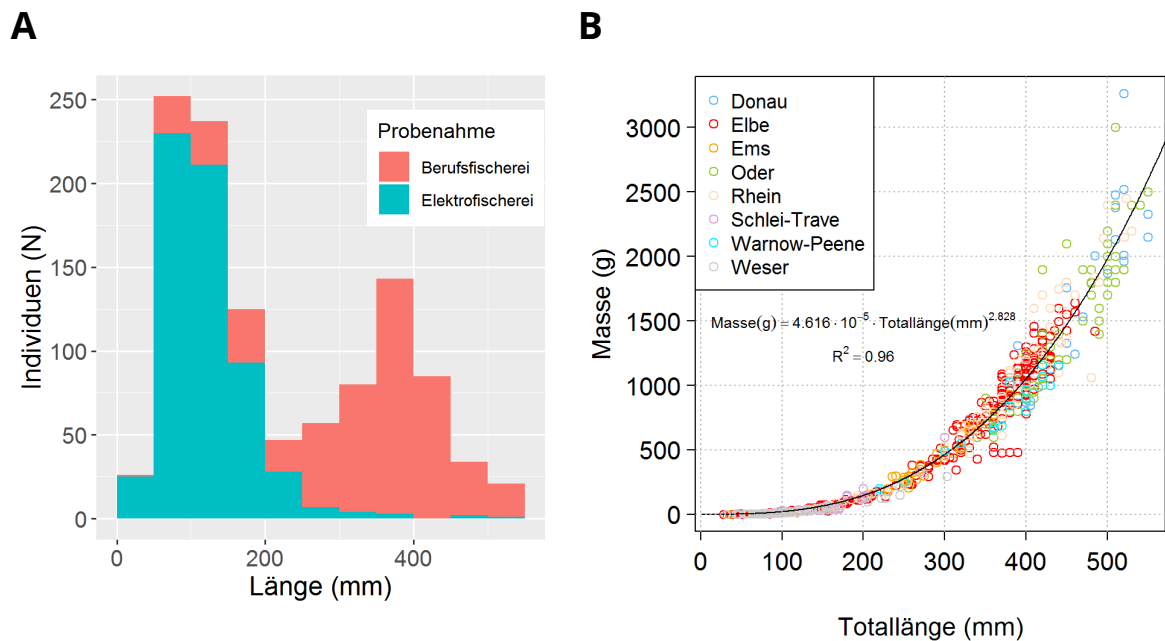


Abbildung 4: Anzahl von Individuen je Größenklasse die mit Elektrofischerei und berufsfischereilichen Methoden gefangen wurden (A) sowie Gewichts-Längen-Verhältnisse aller vermessenen Schleien (B).

Die Gewicht-Längenverhältnisse (Abbildung 4) lassen sich als signifikanter Zusammenhang darstellen. Dabei konnten deutliche Unterschiede der Korpulenz der vermessenen und gewogenen Schleien zwischen den analysierten Populationen festgestellt werden. Der mittlere Korpulenzfaktor der Populationen lag zwischen 1,23 („Dianateich“) und 1,77 („Bodensee Untersee“). Generell ist der Vergleich der Korpulenz bei der Analyse von strukturierten Wildpopulation schwierig, da sich diese in den unterschiedlichen Größenklassen a) mathematisch-physikalisch unterscheidet, b) Messfehler bei der Wiegung kleiner Individuen prozentual immer größer ist, und c) die Korpulenz jahreszeitlichen Schwankungen unterliegt – Fettvorräte werden z.B. über den Winter aufgebraucht, weshalb in den gemäßigten Breiten Mitteleuropas Fische aus Frühjahrsfängen weniger korpulent als Fische aus Herbstfängen sind. Für den Vergleich der Korpulenz aus Wildfängen unterschiedlicher Herkunft müssten daher gleiche Altersstadien/Größenklassen analysiert werden, die zu ähnlichen terminlichen Zeitpunkten erhoben wurden. Diese Daten waren für die Schleie im Rahmen dieser Studie nicht zu erheben.

5.2 Genetische Diversität der Schleie in den erfassten Herkünften

5.2.1 Forensische Abstriche zur DNA-Gewinnung

Die mit dem „QIAAMP®“ DNA MINI KIT (QUIAGEN) extrahierte DNA aus forensischen Schleimhautabstrichen wies bei korrekter Entnahme und Lagerung der Proben eine vergleichbar gute Qualität mit der aus Muskelgewebe gewonnenen DNA auf. Die ermittelten DNA Mengen lagen größtenteils bei 1-10µg Gesamt-DNA (Mittelwert \pm Standardabweichung = $7,1 \pm 5,0 \mu\text{g}$), was für die durchzuführenden PCR-Reaktionen innerhalb der vorliegenden Studie ausreichend war. Bei der Extraktion aus Flossen- oder Muskelgewebe wurden deutlich höhere DNA-Mengen ermittelt (Mittelwert \pm Standardabweichung = $276,3 \pm 229,0 \mu\text{g}$).

5.2.2 mtDNA Sequenzanalyse

Für 389 Individuen aus 39 Herkünften und 8 FGEs wurde eine Sequenzanalyse der mitochondrialen Kontrollregion (CR) durchgeführt, um die mitochondriale Diversität zwischen und innerhalb der Schleien-Populationen in Deutschland abzuschätzen. Insgesamt konnten in diesem mtDNA-Datensatz 46 Haplotypen identifiziert werden (siehe Abbildung 5), von denen 12 bereits beschrieben wurden (Saitoh *et al.*, 2006; Lo Presti *et al.*, 2014). Die Bezeichnung der 34 neu beschriebenen Haplotypen erfolgte mit Tin1-Tin34 (NCBI GenBank Accession Numbers MN558737 - MN558770).

Die Haplotypendiversität (H_d) ist in den FGEs Elbe (0,836) und Rhein (0,8033) am höchsten und in der FGE Weser (0,6614) am niedrigsten (vgl. Abbildung 5). Insgesamt ist die Haplotypendiversität pro FGE gesehen dabei ähnlich hoch wie bei anderen Fischarten im selben Untersuchungsgebiet (Barbe, Berendonk *et al.*, 2015; Bachforelle, Schmidt *et al.*, 2015; Quappe, Wetjen *et al.*, 2016). Die Haplotypendiversität in den untersuchten Populationen reichte von 0,0 („Dianateich“) bis 1,0 („Laacher See“), wobei der Interquartilbereich (1. & 3. Quartil) bei 0,64 – 0,85 liegt. Für die Schleie wurden auf der Basis von mitochondrialen RFLP-Analysen geringere Haplotypendiversitäten in europäischen Wild- und Zuchtpopulationen festgestellt (0-0,64; Lo Presti *et al.*, 2012).

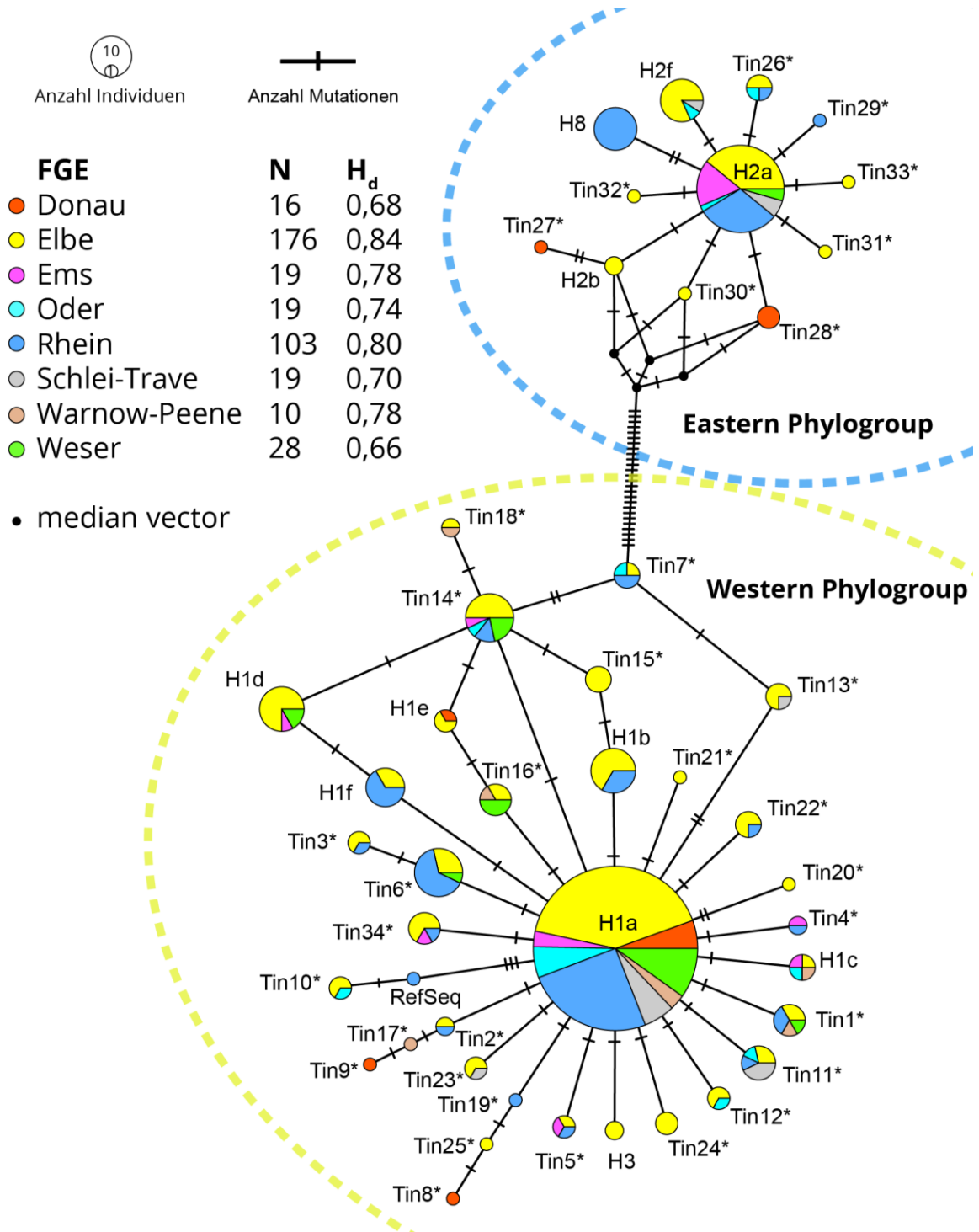


Abbildung 5: Median-Joining Haplotypen Netzwerk bestehend aus 46 Haplotypen der mitochondrialen Kontrollregion, welche in den 39 untersuchten Schleienpopulationen aus 8 verschiedenen Flussgebietseinheiten (FGE) detektiert wurden. Diese gruppieren sich in 2 genetische Hauptlinien (Phylogruppen) ein. Jeder Kreis repräsentiert einen individuellen Haplotyp, wobei die Größe des Kreises proportional zur Haplotyp-Frequenz ist. Die Farbe der Kreise ist nach der Zugehörigkeit zu einem FGE kodiert. Die Anzahl an Querlinien auf den Verbindungslinien zeigt die schrittweisen Mutationen zwischen den einzelnen Haplotypen an. In der Legende ist neben den FGEs die entsprechende Anzahl der Individuen (N), die in die Analyse mit eingegangen sind, auch die jeweilige Haplotypendiversität (H_d) für die entsprechenden FGEs angegeben. Die gegenüber Lo Presti *et al.* (2014) in dieser Studie neu beschriebenen 34 Haplotypen sind mit * gekennzeichnet.

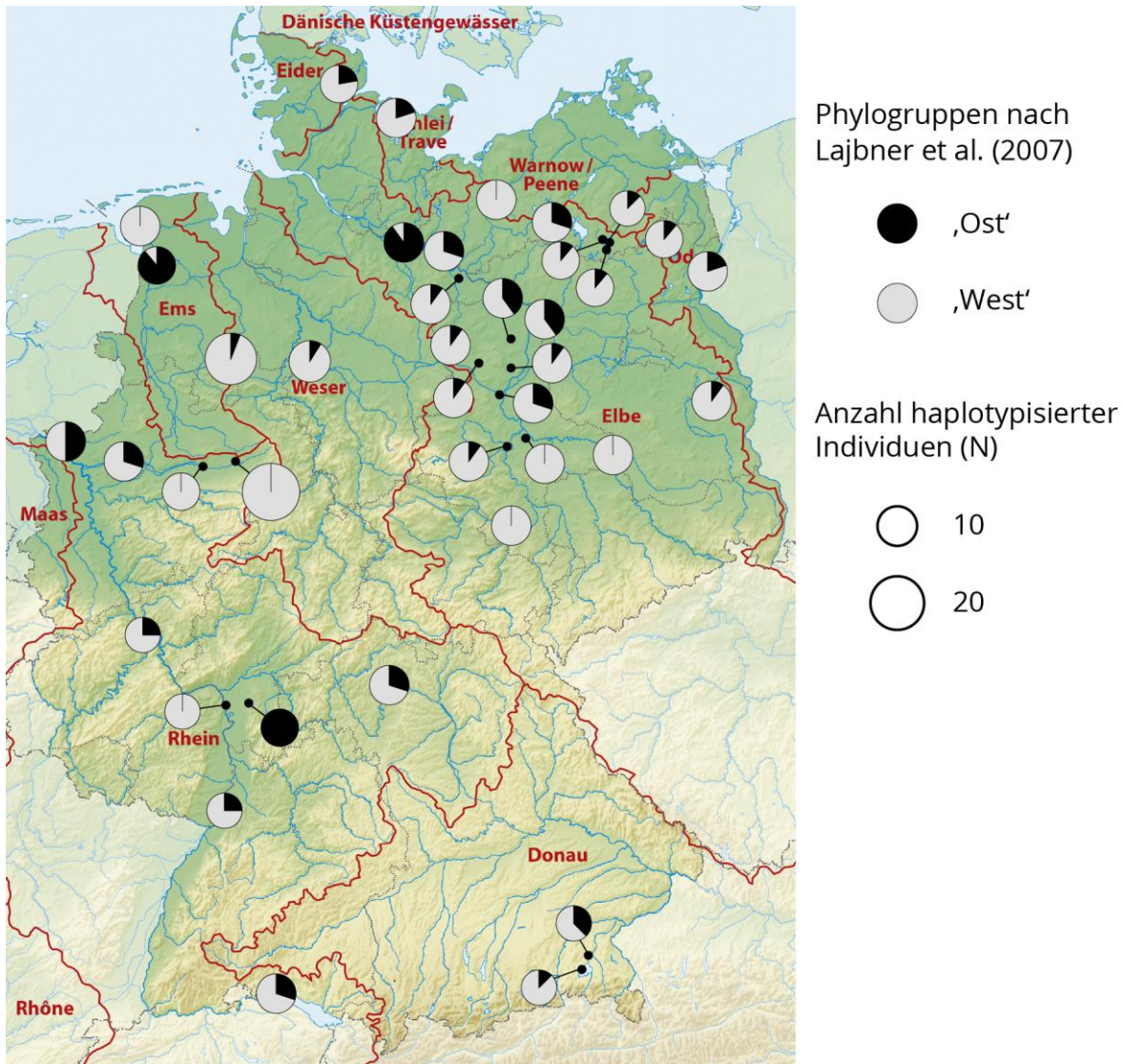


Abbildung 6: Phylogruppen der Schleie auf Basis der Sequenzanalyse der CR-Region in den untersuchten Herkünften. Dargestellt sind die prozentualen Zugehörigkeiten der haplotypisierten Individuen zu den Phylogruppen nach Lajbner *et al.* (2007).

(Karte verändert nach:

[//commons.wikimedia.org/wiki/File:Deutschland_Flussgebietseinheiten.png](https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Deutschland_Flussgebietseinheiten.png))

Die höchste Anzahl privater Haplotypen findet sich bezogen auf die FGEs in der Elbe (9) während in den FGEs Ems, Oder, Schlei und Weser (Appendix 1) keine privaten Haplotypen gefunden wurden. Im Verhältnis zur Anzahl der untersuchten Individuen konnten allerdings in der FGE Donau die meisten privaten Haplotypen gefunden werden (0,19). Andere Fischarten im selben Untersuchungsgebiet zeigen ähnliche (Bachforelle, Quappe; Schmidt *et al.*, 2015; Wetjen *et al.*, 2016) bzw. höhere Anzahlen an privaten Haplotypen (Barbe; Berendonk *et al.*, 2015). Ein geografischer Gradient der Haplotypendiversität, wie er beispielsweise für die Äsche gefunden wurde

(Köbsch *et al.*, in Vorbereitung), konnte auf Basis des vorliegenden Datensatzes weder in Bezug auf die Latitude noch auf die Longitude festgestellt werden (Rangkorrelationskoeffizienten geschätzt über den PEARSONSchen Korrelationskoeffizienten der Ränge, jeweils $p > 0,1$; vergleiche auch Abbildung 7).

Basierend auf dem in Abbildung 5 dargestellten Haplotypennetzwerk lässt sich eine deutliche phylogenetische Struktur in Form einer Aufspaltung von eindeutigen Linien erkennen. Die gefundenen Haplotypen gruppieren sich in die von Lajbner *et al.* (2007 zitiert in Lajbner *et al.* 2010) beschriebenen Phylogruppen ‚Ost‘ und ‚West‘ ein. Dabei ist allerdings keine Zuordnung der haplotypisierten Individuen gemäß ihrer FGE-Zugehörigkeit erkennbar, sondern Individuen beider Phylogruppen treten in fast allen FGEs auf (Ausnahme ‚Gr. Sternberger See‘ in FGE Warnow-Peene nur Individuen der westlichen Phylogruppe, siehe Abbildung 6).

Der häufigste Haplotyp H1a wurde 170-mal detektiert, trat in allen FGEs auf und lässt sich der westlichen Phylogruppe zuordnen. Der zweithäufigste Haplotyp H2a mit 46 Individuen gehört zur östlichen Phylogruppe, wobei dieser nur in Populationen der FGEs Warnow-Peene und Donau nicht gefunden wurde.

Diese fehlende Abgrenzung zwischen den FGEs zeigt sich auch in Hinblick auf die relativ geringe genetische Differenzierung zwischen den FGEs (paarweise ϕ_{ST} -Werte, Tabelle 6). Bezogen auf die FGEs ist die größte genetische Differenzierung zwischen den FGEs Ems, Warnow-Peene und Weser zu finden (siehe Tabelle 6).

Im Gegensatz zur Mischung aus Haplotypen der östlichen und westlichen Phylogruppe in den meisten Populationen, konnten in einigen Populationen nur Haplotypen einer Phylogruppe nachgewiesen werden. So ließen sich die haplotypisierten Individuen der Herkünfte ‚Goldberger See‘, ‚Landlache Rade‘, ‚Unstrut‘ (FGE Elbe), ‚Großes Meer‘ (FGE Ems), ‚Wächterstadtgraben‘, ‚Lippe 2‘, ‚Wortmann-Altarm‘ (FGE Rhein) und ‚Gr. Sternberger See‘ (FGE Warnow-Peene) ausschließlich Haplotypen der westlichen Phylogruppe zuordnen, während in der Herkunft ‚Dianateich‘ nur Haplotypen der östlichen Phylogruppe gefunden wurden (Abbildung 6). Dies wurde neben der oft auftretenden Vermischung der Phylogruppen innerhalb von Wildpopulationen der Schleie in Deutschland auch von anderen Autoren beobachtet (Lajbner *et al.*, 2011; Lo Presti *et al.*, 2014). Interessanterweise fanden Lajbner *et al.* (2011) in einem Rheinabschnitt in unmittelbarer Nähe der Herkunft ‚Wächterstadtgraben‘ auf Basis der

mitochondrialen Cytochrom b-Sequenz ebenfalls ausschließlich Haplotypen der westlichen Phylogruppe.

Im Vergleich von Herkunftsnennungen derselben Teileinzugsgebiete wurden ähnliche Anteile der beiden Phylogruppen an den haplotypisierten Individuen gefunden (Ohre-System mit ‚Ohre‘, ‚Steimker Graben‘, ‚Seegraben‘; obere Havelseen mit ‚Drewensee‘, ‚Woblitzer See‘, ‚Useriner See‘; siehe Abbildung 6), allerdings unterschieden sich diese Herkunftsnennungen trotzdem in Hinblick auf die detektierten Haplotypen.

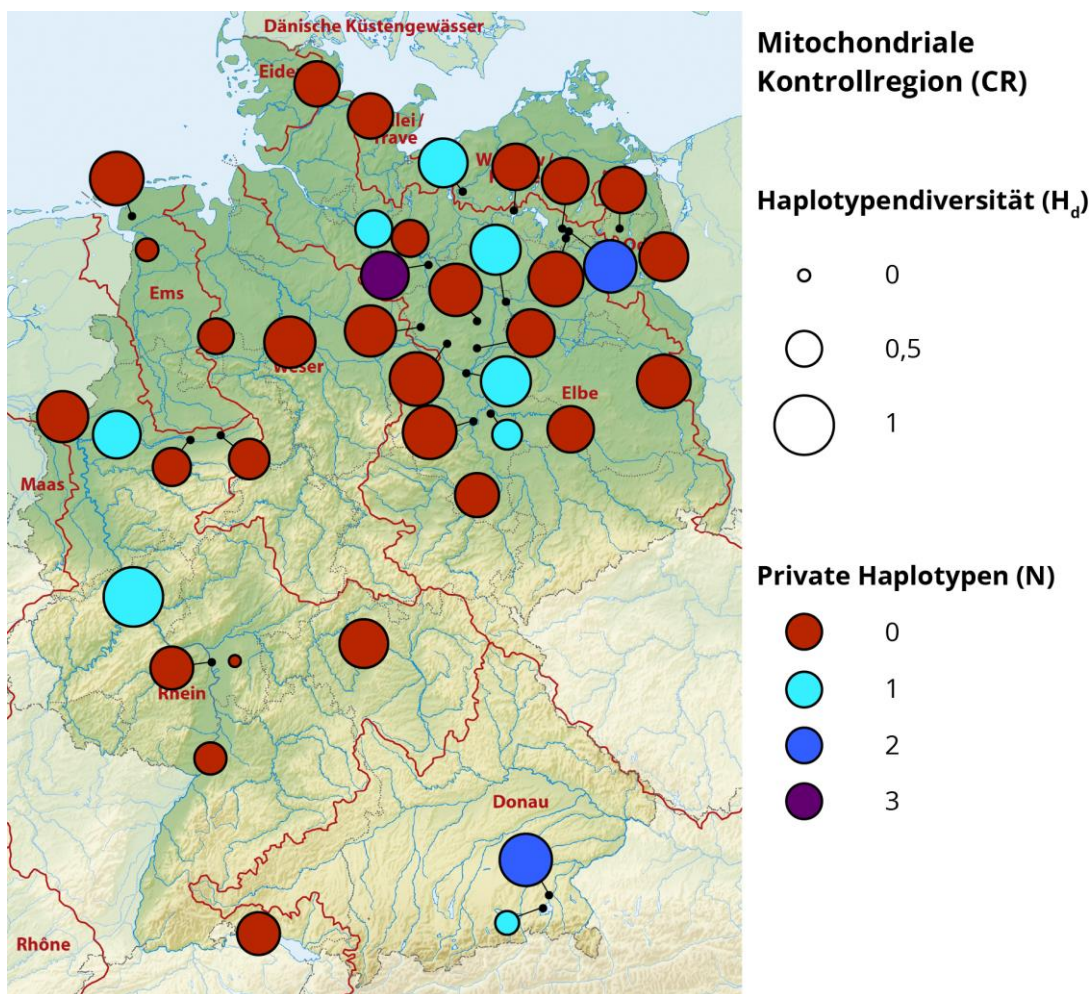


Abbildung 7: Kartografische Darstellung der Haplotyp-Diversität und der Anzahl der Privaten Haplotypen für die hinsichtlich der mitochondrialen Kontrollregion untersuchten Herkunftsnennungen. Die Flussgebietseinheiten sind durch rote Linien voneinander abgegrenzt.

(Karte verändert nach:

[//commons.wikimedia.org/wiki/File:Deutschland_Flussgebietseinheiten.png](https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Deutschland_Flussgebietseinheiten.png))

Zur Untersuchung der genetischen Varianz und Differenzierung innerhalb und zwischen den untersuchten Populationen und FGEs wurde eine Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) durchgeführt. Die Ergebnisse der AMOVA zeigten nur auf den hierarchischen Ebenen ‚zwischen Populationen innerhalb der FGEs‘ und ‚innerhalb der Populationen‘ eine signifikante genetische Differenzierung (Tabelle 5). Der Großteil der genetischen Variabilität wird danach durch die Varianz innerhalb der Populationen erklärt (74,2%) während für den Varianzanteil zwischen Flussgebietseinheiten sogar negative Werte ausgegeben werden (leicht negative Werte sind ein starker Hinweis für das Fehlen einer genetischen Struktur auf der jeweiligen hierarchischen Ebene und sind dabei als 0 zu interpretieren). Durch die Varianz zwischen den Populationen innerhalb der FGEs können 30,9% der Gesamtvarianz erklärt werden. Die untersuchten Schleienpopulationen in Deutschland zeigen somit eine relativ große genetische Variation auf Populationsebene mit einer eingeschränkten Diversität zwischen Populationen. Dieses Maß an Differenzierung auf Ebene der FGEs und Populationen ist wesentlich geringer als bei anderen Fischarten wie Äsche (Köbsch *et al.*, in Vorbereitung) oder Quappe (Wetjen *et al.*, 2016) und liegt eher im Bereich dessen was für die Bachforelle (Schmidt *et al.*, 2015) beobachtet wurde.

Tabelle 5: Ergebnisse der hierarchischen AMOVA (Analysis of Molecular Variance) für die mitochondrialen Sequenzdaten (Kontrollregion) gruppiert nach den untersuchten Schleienpopulationen und den entsprechenden acht Flussgebietseinheiten (FGEs). Dargestellt sind die Freiheitsgrade (df), Summe der Quadrate (SSD), Varianzkomponenten (CV), Prozentanteil der Gesamtvarianz (% total), die Fixationsindices (FI) und deren Signifikanz (***: $p < 0,001$).

Genetische Variationen	df	SSD	CV	% total	FI
Zwischen FGEs	7	72,945	-0,27268	-5,01	$\varphi_{CT} = -0,05014$
Zwischen Populationen innerhalb der FGEs	31	637,765	1,67139	30,73	$\varphi_{SC} = 0,29267^{***}$
Innerhalb der Populationen	351	1413,778	4,03936	74,28	$\varphi_{ST} = 0,25721^{***}$
Gesamt	388	2124,488	5,43807		

5.2.3 Mikrosatellitenanalyse

Die höchste maximale Allelzahl pro Population wurde für den Locus ‚MTT-9‘ mit 15 Allelen in der Herkunft ‚Selenter See‘ gefunden; die kleinste maximale Allelzahl pro

Population wurde für die Loci ‚MTT-1‘, ‚MTT-6‘, ‚MTT-8‘ und ‚MTT-9‘ mit jeweils 6 Allelen detektiert. Die mittleren Allelzahlen pro Locus schwankten damit zwischen 1 für Locus ‚MTT-4‘ und ‚MTT-7‘; und 8,59 für Locus ‚MTT-9‘. Die maximale Anzahl von nur 3 privaten Allelen in nur einer Herkunft (‚Schwielochsee‘) lässt auf eine relativ geringe genetische Differenzierung zwischen den einzelnen Beständen schließen. So konnten in ca. zwei Drittel aller untersuchten Populationen keine privaten Allele detektiert werden (Abbildung 8), wodurch die mittlere Anzahl privater Allele über alle Populationen hinweg mit 0,38 ebenfalls sehr gering ausfällt (Appendix 1). Ebenfalls für einen geringen Grad der Differenzierung sprechen die geringen F_{ST} -Werte zwischen den Populationen (Appendix 2), die allesamt bei $<0,2$ liegen. Interessanterweise treten die geringsten F_{ST} -Werte teilweise zwischen geografisch sehr weit entfernten Populationen auf (z.B. ‚Bodensee Untersee‘ - ‚Oder‘; ‚Seegraben (Ohre)‘ - ‚Großwolder Tief‘; siehe Appendix 2). Dieses Muster wurde auch von Kohlmann *et al.* (2010) gefunden und könnte ein Hinweis auf eine gemeinsame Besatzhistorie sein.

Auf Populationsebene liegt der erwartete Heterozygotiegrad zwischen 0,31 in der Herkunft ‚Chiemsee‘ und 0,48 für die Herkunft ‚Kupernitzkanal‘. Zwei von Kohlmann *et al.* (2007) untersuchte Wildpopulationen im Odereinzugsgebiet (Dölln- und Felchowsee) zeigten mit $H_{EC} = 0,39$ bzw. 0,41 ähnliche Werte. Der erwartete Heterozygotiegrad auf Ebene der Flussgebietseinheiten ist in der FGE Warnow-Peene mit $H_{EC} = 0,443$ am höchsten und in der Donau mit $H_{EC} = 0,334$ am niedrigsten.

Die in dieser Studie festgestellte genetische Diversität der Schleie innerhalb der Populationen ($\theta_A = 3,01$ / $\theta_{H_{EC}} = 0,39$) ist, verglichen mit anderen Fischarten im selben Untersuchungsgebiet, als gering einzuschätzen. So zeigen die Bachforelle ($\theta_A = 9,24$ / $\theta_{H_{EC}} = 0,70$), die Barbe ($\theta_A = 6,4$ / $\theta_{H_{EC}} = 0,66$) und die Quappe ($\theta_A = 9,27$ / $\theta_{H_{EC}} = 0,73$) einen wesentlich höheren Grad an Diversität innerhalb von Populationen (Berendonk *et al.*, 2015; Schmidt *et al.*, 2015; Wetjen *et al.*, 2016). Allerdings liegen die in dieser Studie gefundenen Heterozygotiewerte innerhalb der Population im Bereich des Mittelwerts, der für 13 Süßwasserfischarten ermittelt wurde (0,46; DeWoody & Avise, 2000).

Die beobachtete, relativ geringe genetische Diversität könnte ein Hinweis auf sowohl rezente als auch zurückliegende geringe effektive Populationsgrößen sein. In der Folge können genetische Drift (z.B. durch Flaschenhalseffekte) und Inzucht eine größere Auswirkung haben und zu einem Verlust der genetischen Variabilität führen.

Im vorliegenden Datensatz existieren nur wenige, stärker positive Inzuchtkoeffizienten (F_{IS}), was gegen generelle Inzuchteffekte spricht. Allerdings gibt es in den Herkünften ‚Kupernitzkanal‘, ‚Schwielochsee‘, ‚Oder‘, ‚Bodensee Untersee‘, ‚Main‘ und ‚Gr. Sternberger See‘ deutliche Anzeichen eines Inzuchteffekts (Appendix 1), wobei die hier auftretenden F_{IS} -Werte aber noch als gering einzustufen sind. Die Herkünfte mit negativen F_{IS} -Werten kleiner -0.1 zeigen dahingegen geringe Auszucht-Effekte. In Verbindung mit den relativ geringen Heterozygotie-Werten könnte dies entweder ein Hinweis auf Besatz mit (genetisch eingeschränktem) Fremdmaterial sein, bzw. auf rezente Migration aus benachbarten Populationen oder generell auf das Vermischen von zuvor getrennten Populationen hindeuten.

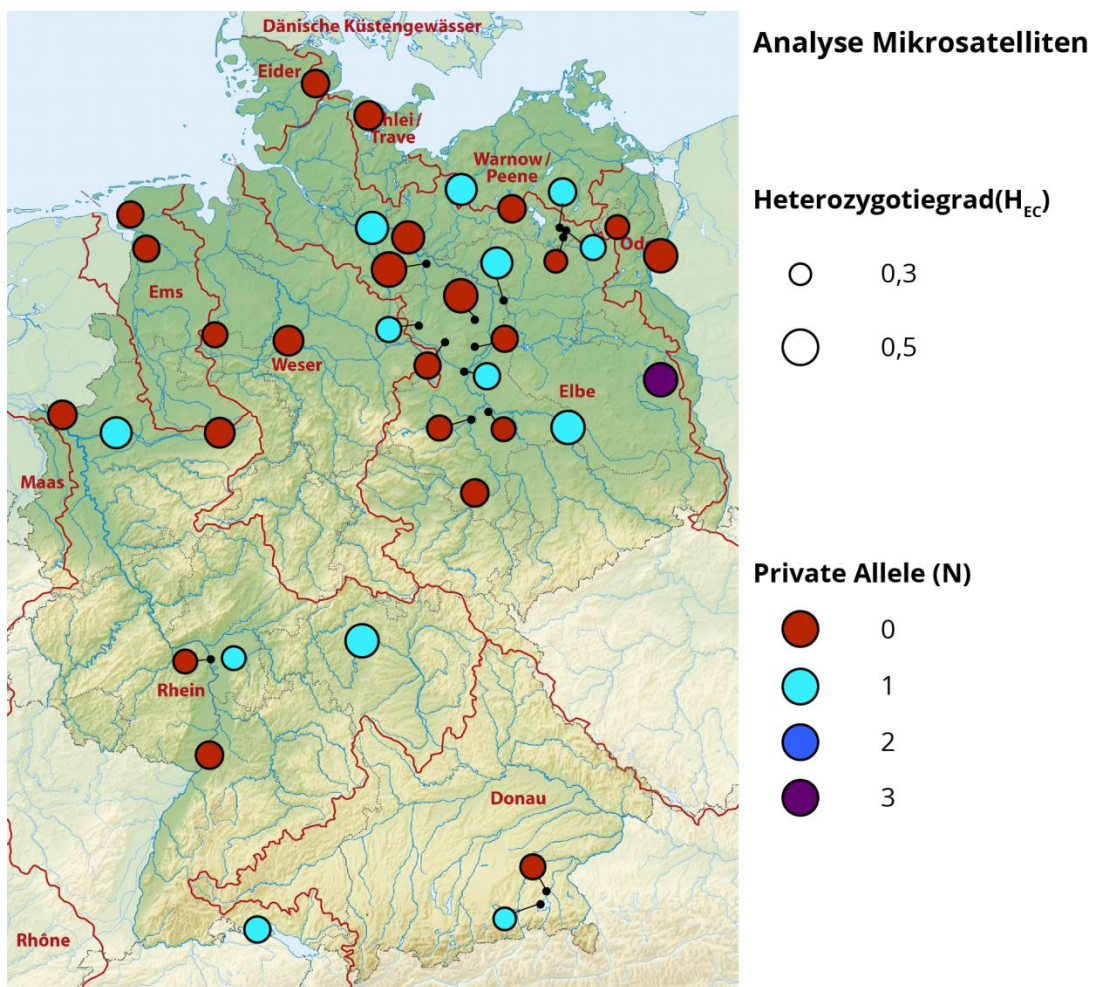


Abbildung 8: Kartografische Darstellung des Heterozygotiegrades sowie die Anzahl Privater Allele der Herkünfte. Dargestellt sind dabei nur Herkünfte für die nach der Analyse vollständige Mikrosatelliten-Datensätze für ≥ 10 Individuen zur Verfügung standen. Die Flussgebietseinheiten (FGE) sind durch rote Linien voneinander abgegrenzt.

(Karte verändert nach:

[//commons.wikimedia.org/wiki/File:Deutschland_Flussgebietseinheiten.png](https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Deutschland_Flussgebietseinheiten.png))

Tabelle 6: Paarweise F_{ST} -Werte basierend auf den Mikrosatelliten- (unterhalb der Diagonalen) und paarweise ϕ_{ST} -Werte basierend auf der Sequenzanalyse der mitochondrialen Kontrollregion (oberhalb der Diagonalen) zwischen den Flussgebietseinheiten. Signifikante Werte sind fett dargestellt ($p < 0,05$). Negative Werte wurden 0 gesetzt.

	Donau	Elbe	Ems	Oder	Rhein	Schlei-Trave	Warnow-Peene	Weser
Donau		0	0.0162	0	0	0	0.1241	0.0656
Elbe	0.0352		0.0924	0	0.0069	0	0.0741	0.0301
Ems	0.0495	0.0400		0.1050	0.0256	0.0525	0.2947	0.2586
Oder	0.0467	0.0037	0.0470		0.0044	0	0.0452	0
Rhein	0.0302	0.0067	0.0339	0.0143		0	0.1227	0.0765
Schlei-Trave	0.0491	0.0080	0.0435	0.0078	0.0166		0.0924	0.0335
Warnow-Peene	0.1445	0.0589	0.1377	0.0563	0.0750	0.0906		0
Weser	0.0661	0.0222	0.0596	0.0205	0.0359	0.0298	0.0974	

Tabelle 7: Ergebnisse der hierarchischen AMOVA (Analysis of Molecular Variance) für die Mikrosatelliten-Daten. Die Individuen wurden nach ihren Populationen und nach den fünf Flussgebietseinheiten (FGEs) gruppiert. Dargestellt sind die Freiheitsgrade (df), Summe der Quadrate (SSD), Varianzkomponenten (CV), Prozentanteil der Gesamtvarianz (% total), die Fixationsindices (FI) und deren Signifikanz (***: $p < 0,001$).

Genetische Variationen	df	SSD	CV	% total	FI
Zwischen FGEs	7	93,605	0,01935	0,77	$F_{CT} = 0,00770^{ns}$
Zwischen Populationen innerhalb der FGEs	29	277,600	0,13832	5,50	$F_{SC} = 0,06271^{***}$
Innerhalb der Populationen	1901	4479,938	2,35662	93,73	$F_{ST} = 0,05544^{***}$
Gesamt	1937	4851,143	2,51429		

Die Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) zeigte auf den hierarchischen Ebenen ‚zwischen Populationen innerhalb der FGEs‘ sowie ‚innerhalb der Populationen‘ eine höchst signifikante Differenzierung beruhend auf der Berechnung der F-Statistik (Tabelle 7). Mit Werten um 0,06 sind diese allerdings nur als geringe bis mittlere genetische Differenzierungen zu interpretieren (Wright, 1978; Hartl & Clark, 1989). Ähnlich wie im Falle der AMOVA auf Basis der mitochondrialen Marker (vgl. Tabelle 5), finden wir für die Mikrosatelliten-Marker einen Großteil der genetischen Variation innerhalb der Populationen (93,73%) und einen wesentlich geringeren Anteil zwischen Populationen innerhalb der FGEs (5,5%). Ähnliche Ergebnisse hinsichtlich der Varianzanteile der betrachteten hierarchischen Ebenen wurden auch bei anderen

Fischarten festgestellt (z.B. >90% bei Lachs und Bachforelle, King *et al.*, 2001; Schmidt *et al.*, 2015). Die mittels Mikrosatelliten-Daten ermittelte geringe Differenzierung zwischen FGEs und Populationen spiegelt somit die fehlende genetische Strukturierung auf Basis der mitochondrialen Daten in Hinblick auf die hier untersuchten Populationen wider.

Für die Analyse der räumlichen genetischen Struktur der untersuchten Schleienpopulationen wurde eine Hauptkoordinaten-Analyse durchgeführt. In Abbildung 9 ist die Beziehung der Populationen zueinander basierend auf ihren paarweisen genetischen Distanzen nach Nei (Nei, 1972, 1978) dargestellt, wobei die ersten drei Hauptachsen auf Basis der Eigenwerte zusammen 36,02% der Gesamtvariation im Datensatz darstellen, und 15,64% auf die erste Achse entfallen. Wie in Abbildung 9 ersichtlich wird, kann man keine eindeutige Trennung der Populationen nach ihrer Zugehörigkeit zu den entsprechenden FGEs erkennen. Die Populationen ‚Gr. Sternberger See‘, ‚Großwolder Tief‘, ‚Dianateich‘ und ‚Chiemsee‘ grenzen sich jedoch etwas ab. Passend dazu zeigen die übrigen Populationen auch auf Basis der paarweisen F_{ST} -Werte gegenüber diesen Populationen den höchsten Grad der Differenzierung (Appendix 2).

Die individuenbasierte Hauptkoordinatenanalyse zeigte ebenfalls keine klare Trennung der Individuen nach FGEs bzw. Populationen (Abbildung 10). Es lassen sich hier zwar zwei bzw. drei Cluster erkennen, in diesen finden sich jedoch jeweils Individuen aus mehreren FGEs. Diese Cluster könnten die mitochondrialen Hauptlinien der Schleie auch auf Basis der Mikrosatelliten-Daten repräsentieren, wie sie von Kohlmann *et al.* (2010) hypothetisiert wurden. Dies lässt sich in der vorliegenden Untersuchung jedoch mangels „reiner“ Referenz-Genotypen aus den beiden Phylogruppen nicht aufklären. Die Zugehörigkeit zu den Clustern der Hauptkoordinatenanalyse korrespondiert im vorliegenden Datensatz allerdings nicht mit der Zugehörigkeit zu den Phylogruppen auf mitochondrialer Basis, wie anhand der grafischen Verschneidung der Ergebnisse der Hauptkoordinaten- und mtDNA-Analyse zu erkennen ist (Appendix 5). Da keine reproduktiven Isolationsmechanismen zwischen Individuen der beiden Phylogruppen besteht (Lajbner *et al.*, 2010) ist eine solche klare Trennung aufgrund des bereits sehr lange andauernden Durchmischungsprozesses auch nicht zu erwarten.

Die ‚Structure‘ Analyse zur Abschätzung der Populationsstruktur und Ermittlung der Anzahl der sich genetisch unterscheidenden Gruppen (K) ergab basierend auf der

Evanno Methode (Evanno et al., 2005) eine Anzahl von drei Clustern, welche die genetischen Muster im untersuchten Datensatz für die Schleienpopulationen Deutschlands am besten erklären. Aufgrund der Existenz der zwei Phylogruppen wurde zusätzlich noch die Anzahl von zwei hypothetischen Genotypclustern untersucht.

Im Vergleich der beiden dargestellten Anzahlen von K zeigt sich, dass die bei $K=2$ dem Genotypcluster 1 (gelb) zugeordneten Individuen sich bei $K=3$ hinsichtlich ihrer Zugehörigkeit zu den Clustern 1 (gelb) und 3 (rot) aufteilen (Abbildung 11). Wie in Abbildung 11 zu sehen ist, gibt es basierend auf der ‚Structure‘-Analyse unter Verwendung des ‚Admixture Modells‘ (mit $K=2$ bzw. $K=3$) zum einen interindividuelle Unterschiede hinsichtlich des Grads der Vermischung zwischen den zwei bzw. drei unterschiedlichen Genotypgruppen. Zum anderen gibt es keine Population, die nur einer einzelnen Genotypgruppe zugeordnet werden kann. Insgesamt lassen sich analog zu den Ergebnissen der Hauptkoordinatenanalyse auch hier keine klaren Muster im Sinne einer Abgrenzung der FGEs voneinander erkennen, da die Genotypcluster 1 (gelb) und 2 (blau) in allen Populationen zu finden sind. Lediglich für Cluster 3 (rot) gibt es einige Populationen und FGEs (Donau, Ems, Schlei-Trave, Weser), die nur eine sehr geringe Frequenz zu dieser Genotypgruppenzugehörigkeit aufweisen. Des Weiteren zeigte sich für einige Herkünfte (siehe Abbildung 11) eine dominierende Zuordnung zu nur einem Genotypcluster. Dies betrifft teilweise dieselben Herkünfte, die sich auch im Rahmen der Hauptkoordinatenanalyse abgrenzen lassen (u.a. ‚Gr. Sternberger See‘, ‚Großwolder Tief‘). Im Rahmen der vorliegenden Untersuchung liegen diese Herkünfte daher entlang eines „Kontinuums der Durchmischung“ zwischen östlicher und westlicher Phylogruppe wahrscheinlich jeweils am nächsten an einer der beiden distinkten Phylogruppen.

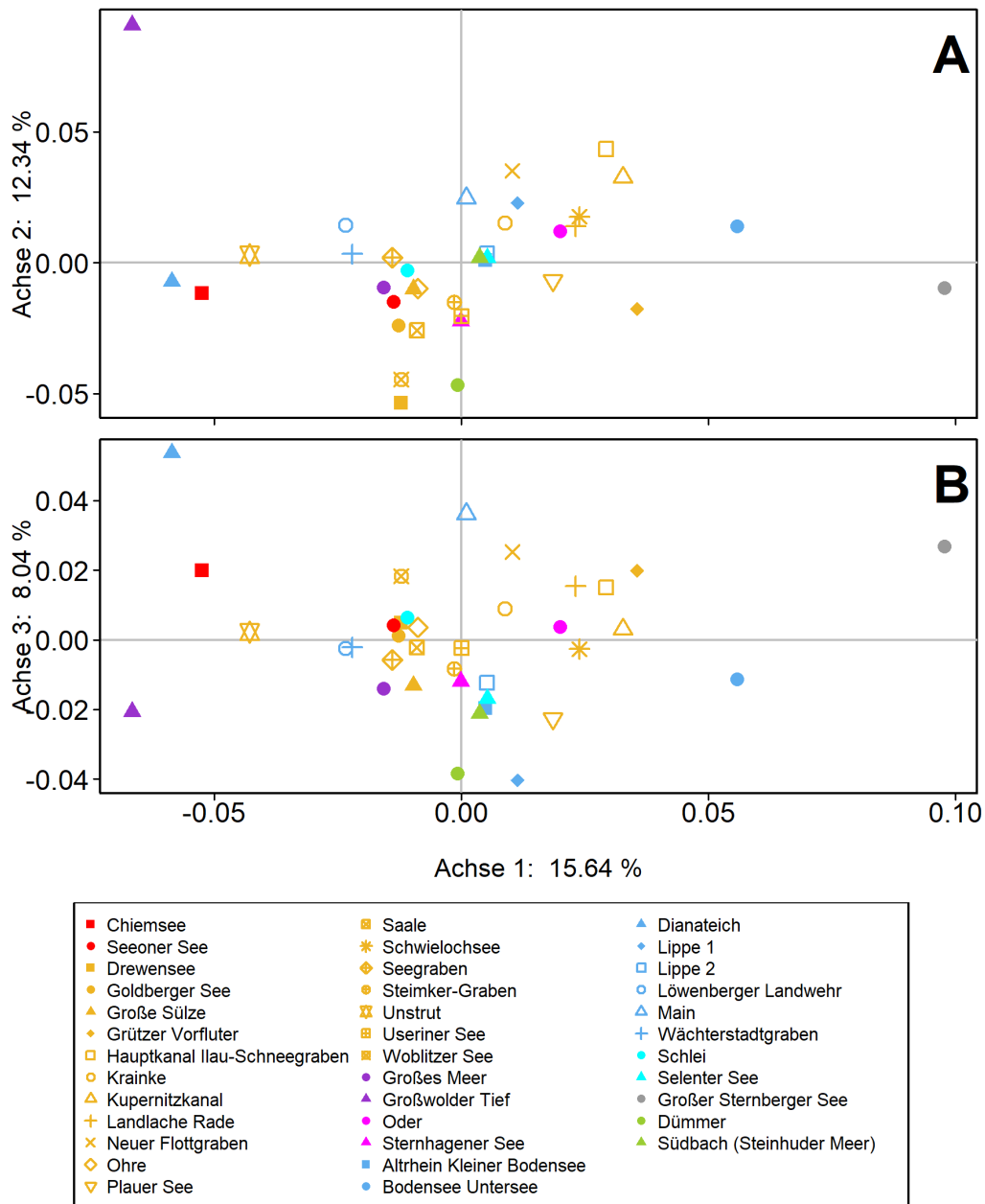


Abbildung 9: Hauptkoordinaten-Analyse von 37 Schleienpopulationen aus den Flussgebietseinheiten Donau (rot), Elbe (orange), Ems (lila), Oder (pink), Rhein (blau), Schlei-Trave (türkis), Warnow-Peene (grau) und Weser (grün) auf Basis ihrer Nei-Distanzen unter Verwendung des Mikrosatelliten-Datensatzes. (A) Hauptkoordinate 1 gegen Hauptkoordinate 2, (B) Hauptkoordinate 1 gegen Hauptkoordinate 3. Diese drei Achsen erklären zusammen 36,02 % der Gesamtvariation im Datensatz.

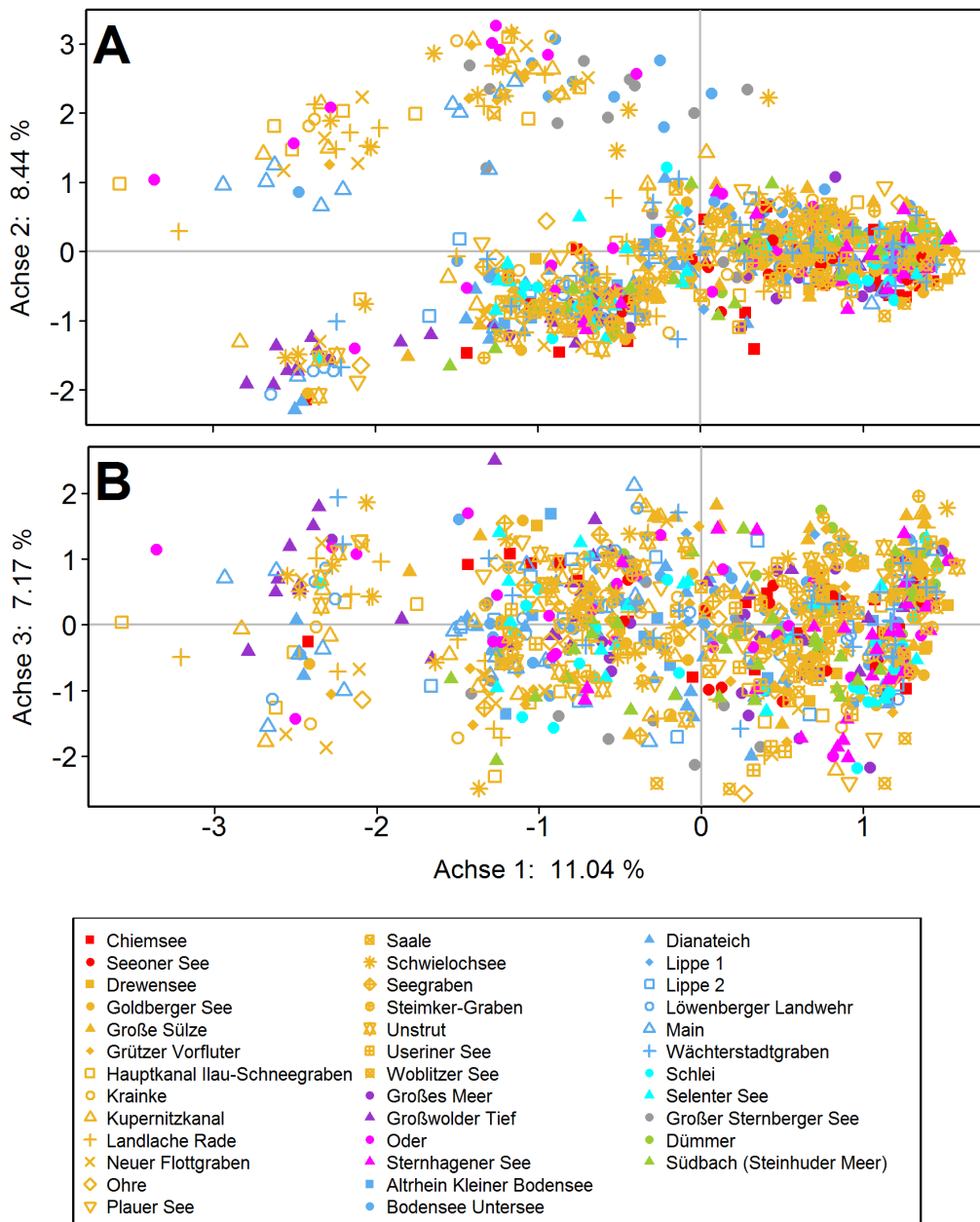


Abbildung 10: Individuenbasierte Hauptkoordinaten-Analyse von 37 Schleienpopulationen aus den Flussgebietseinheiten Donau (rot), Elbe (orange), Ems (lila), Oder (pink), Rhein (blau), Schlei-Trave (türkis), Warnow-Peene (grau) und Weser (grün) auf Basis ihrer binären Distanzen. (A) Hauptkoordinate 1 gegen Hauptkoordinate 2, (B) Hauptkoordinate 1 gegen Hauptkoordinate 3. Diese drei Achsen erklären zusammen 26,65% der Gesamtvariation im Datensatz.

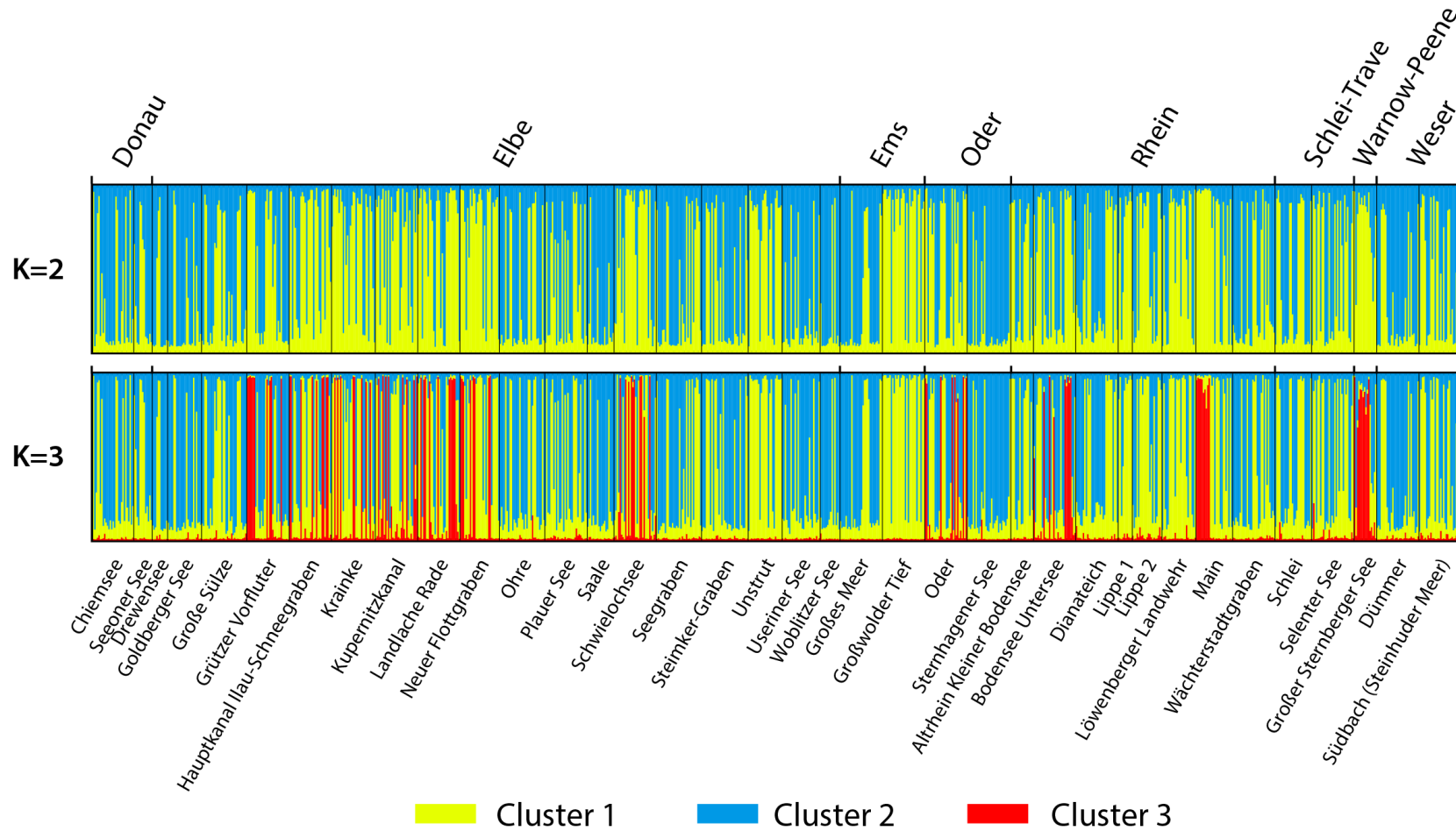


Abbildung 11: Graphische Darstellung der STRUCTURE-Analyse unter Annahme eines Admixture Modells und unabhängiger Allelfrequenzen. Die Zuordnung der 969 untersuchten Individuen der Schleie aus 37 Populationen erfolgte zu zwei bzw. drei hypothetischen Clustern (K) bzw. genetischen Linien (siehe Farbcodes). Jedes Individuum ist mit der entsprechenden Zuordnungswahrscheinlichkeit zu einer Gruppe als senkrechter Balken dargestellt. Die Individuen sind nach Herkunftspopulation (unterhalb der Abbildung) und Flussgebietseinheiten (oberhalb der Abbildung) geordnet.

6 VORAUSSICHTLICHE NUTZUNG UND VERWERTBARKEIT DER ERGEBNISSE

6.1 Bewertung der untersuchten Populationen und Bestände der Schleie

Die erhobenen Daten zeigen, dass die Mikrosatelliten und die mtDNA Informationen adäquat sind, um die genetische Diversität der Schleienbestände in Deutschland zu analysieren. Der Vergleich zwischen den mtDNA und Mikrosatelliten Daten ergab, dass die mitochondrialen Daten und die Mikrosatelliten bezüglich der genetischen Differenzierung (ϕ_{ST}/F_{ST} -Werte) relativ gut korrelieren (siehe Appendix 3). Das bedeutet, dass zumindest für die Schleie reduzierte Datensätze basierend nur auf mitochondrialer Information genutzt werden könnten, um auch die nukleäre Differenzierung zwischen Individuen oder Populationen (natürlich mit einem relativ großen Fehler) abzuschätzen. Die Korrelation basierend auf Haplotypendiversität vs. erwarteter Heterozygotie ist jedoch wesentlich schlechter (siehe Appendix 3) und entsprechend können mitochondriale Datensätze nur sehr eingeschränkt genutzt werden, um auch die nukleäre Diversität von Schleienpopulationen abzuschätzen.

Insgesamt kann festgestellt werden, dass die verwendeten Markersysteme eine ausreichende Auflösung gezeigt haben, um Populationen mit hoher bzw. niedriger genetischer Diversität zu identifizieren, bzw. die genetischen Differenzierungen der Populationen zu analysieren.

Genetische Diversität und Differenzierung

Insgesamt ist die Haplotypenvielfalt mit 46 identifizierten Haplotypen im Vergleich zu anderen Fischarten im Untersuchungsgebiet wie Äsche (22 Haplotypen, Köbsch *et al.* in Vorbereitung), Bachforelle (28 Haplotypen, Schmidt *et al.* 2015), Barbe (56 Haplotypen, Berendonk *et al.* 2015) oder Quappe (37 Haplotypen, Wetjen *et al.* 2016) vergleichsweise hoch. Allerdings besitzen nur wenige Populationen lediglich 1-3 und der Großteil der Populationen keine privaten Haplotypen. Die Haplotypendiversität (H_d) ist in den FGEs Elbe (0,836) und Rhein (0,8033) am höchsten und in der FGE Weser (0,6614) am niedrigsten (vgl. Abbildung 5). Die Herkünfte mit der geringsten mitochondrialen Diversität sind ‚Dianateich‘ ($H_d = 0$), ‚Großwolder Tief‘ ($H_d = 0,22$) und ‚Chiemsee‘ ($H_d = 0,25$), was auf einen Gründer- oder Flaschenhalseffekt in diesen

Populationen hinweist. Passend dazu handelt es sich beim Dianateich um ein sehr kleines, isoliertes Standgewässer, in dem aktuell keine anderen Fischarten außer der Schleie mehr vorkommen. Auch das Großwolder Tief ist ein sehr kleines Gewässer, das allerdings Teil eines größeren Grabensystems im Bereich Westoverledingen ist. Für die geringe Haplotypendiversität könnten hier wenige Laichtiere verantwortlich sein, auf welche die dort beprobten juvenilen Tiere zurückgehen. Diese Populationen besitzen auf mitochondrialer Ebene die niedrigste genetische Diversität im Vergleich aller untersuchten Populationen und weisen ebenfalls eine verminderte Diversität auf nukleärer Ebene auf. Durch diese festgestellte genetische Verarmung besteht prinzipiell ein erhöhtes Gefährdungspotential durch stochastische demographische, ökologische und genetische Ereignisse.

Die Herkünfte mit der höchsten mitochondrialen Diversität sind 'Laacher See' und 'Woblitzer See', wobei jeweils auch noch ein bzw. zwei private Haplotypen gefunden wurden. Nach Aussagen der dort tätigen Berufsfischer liegen keine Informationen zu Besatzmaßnahmen vor, so dass hier mutmaßlich von natürlicherweise sehr diversen Populationen ausgegangen werden kann. Insbesondere im natürlicherweise abflusslosen Laacher See stellt dies ein interessantes Ergebnis dar.

Die Populationen 'Chiemsee', 'Seeoner Seen', 'Goldberger See', 'Große Sülze', 'Grützer Vorfluter', 'Hauptkanal Ilau-Schneegraben', 'Kupernitzkanal', 'Woblitzer See', 'Laacher See', 'Lippe 1' und 'Großer Sternberger See' besitzen als einzige untersuchte Populationen private Haplotypen, d.h. dass diese Variante der analysierten mitochondrialen Marker nur in diesen Populationen detektiert wurde und in keiner der anderen untersuchten Populationen. Entsprechend wichtig ist nicht nur der Anteil dieser o.g. Populationen an der Gesamtvariation der Schleie, sondern auch deren Schutzwürdigkeit unter dem Aspekt einer nachhaltigen Bewirtschaftung zur Erhaltung des evolutionären Potentials der Schleien in Deutschland.

Auf der Basis des Haplotypennetzwerks (Abbildung 5) lassen sich die beiden Phylogruppen der Schleie (Lajbner *et al.* 2007 zitiert in Lajbner *et al.* 2011) in den untersuchten Populationen nachweisen. Diese treten jedoch über fast alle untersuchten Flussgebietseinheiten (FGEs) hinweg gemischt in Populationen auf, sodass sich im Untersuchungsgebiet dahingehend keine geografischen oder flussgebietsbezogenen Muster feststellen lassen.

Das hohe Maß an Durchmischung zwischen den Phylogruppen auf mitochondrialer Basis ist vermutlich in erster Linie auf den großen Einfluss natürlicher,

nacheiszeitlicher Sekundärkontakte zurückzuführen. Weiterhin ist jedoch eine Verstärkung dieser Vermischungsprozesse in Zentraleuropa durch Besatzmaßnahmen wahrscheinlich (Kohlmann *et al.*, 2010; Lajbner *et al.*, 2011). Dafür spricht die in diesen Studien festgestellte gemischte Zusammensetzung vieler Zuchtstämme, sodass Schleienbesatz aus diesen Quellen wahrscheinlich regelmäßig Haplotypen beider Phylogruppen verbreiten. Weiterhin ist davon auszugehen, dass neben solchem gezielten Besatz mit Schleien auch „ungewollte“ Translokationen im Rahmen von Besatzmaßnahmen mit Juvenilstadien anderer Fischarten mit ähnlichen Habitatansprüchen (z.B. Karpfen, Hecht) eine Rolle spielt.

Die insgesamt eher niedrige erwartete Heterozygotie (H_{EC} - korrigiert für die Stichprobenzahl) schwankt innerhalb der untersuchten Schleien-Populationen nur relativ wenig. Dabei liegt bezogen auf die AMOVA der Mikrosatelliten-Marker ein Großteil der genetischen Variation innerhalb der Populationen (93,73%), allerdings spricht der ebenfalls signifikante Fixationsindex der Ebene ‚zwischen Populationen innerhalb der FGEs‘ und die größtenteils signifikanten paarweisen F_{ST} -Werte auch auf eine gewisse Differenzierung zwischen Populationen. Mit Werten zwischen 0 und 0,1948 ist die genetische Divergenz allerdings vorwiegend als gering bis moderat-differenziert einzustufen. Dies wird auch in Hinblick auf die Hauptkoordinatenanalyse und die Structure-Analyse deutlich, die jeweils stark durchmischten Gruppen in Bezug auf die gefundenen Genotypcluster detektierten.

6.2 Ableitung von Managementmaßnahmen

Den Konzepten von Waples (1991) und Moritz (1994) folgend sind die beiden Phylogruppen in den Bereichen ihrer ausschließlichen Vorkommen als getrennte ‚ESUs‘ (evolutionarily significant unit) einzustufen und entsprechend zu bewirtschaften. In einer natürlichen Hybridisierungszone ist die Ableitung von Bewirtschaftungsempfehlungen deutlich komplizierter (Allendorf *et al.*, 2001). Gum, Gross & Geist (2009) argumentieren, dass die Existenz solcher Hybridzonen zusätzlich zu den separaten Vorkommen der einzelnen Linien die Gesamtvielfalt der jeweiligen Art erhöht und daher einen großen naturschutzfachlichen Wert besitzt.

Im Rahmen ihres Konzepts der ‚Genetischen Management-Einheiten‘ (GME) stuften Baer *et al.* (2007) die Schleie als Art der ‚**Evolutionären Großraumgruppe**‘ ein. Die mit dieser Einstufung einhergehenden Bewirtschaftungsgrundsätze sind allerdings ebenfalls nur auf die oben erwähnten Gebiete mit mehr oder weniger ausschließlichem Vorkommen einer der beiden Phylogruppen anwendbar, denn die

Voraussetzung der „getrennten Fortpflanzung“ (Baer *et al.*, 2007) ist in der Vermischungs- bzw. Hybridzone in Zentraleuropa nachweislich nicht gegeben.

Demzufolge konnte die vorliegende Studie gemäß den Genetischen Managementeinheiten (GME) nach Baer *et al.* (2007) zwar signifikante interindividuelle Unterschiede im Kerngenom und in der mitochondrialen DNA nachweisen, jedoch konnten auf dieser Basis keine arteigenen Populationen abgegrenzt werden. Möglicherweise stellen die Herkünfte ‚Großer Sternberger See‘ und ‚Großwolder Tief‘ relativ „reine“, nichtdurchmischte Populationen hinsichtlich der Zugehörigkeit zu den Großgruppen dar und zeigen daher auch eine relative starke Abgrenzung gegenüber anderen Populationen. Inwieweit dies dem Urzustand entspricht oder der gemischte Charakter der beiden Linien in diesen Herkünften aufgrund von Flaschenhals- oder Gründereffekten wieder verloren gegangen ist, kann auf Basis der vorliegenden Daten nicht rekonstruiert werden. Hierfür wären zusätzliche Daten von Populationen aus den genetisch getrennten Verbreitungsgebieten der östlichen und westlichen Phylogruppe notwendig. Für die Herkunft ‚Dianateich‘ erscheint ein solches Szenario aber wahrscheinlich. Eine Abgrenzung dieser Herkünfte als eigene GMEs erscheint auf Basis der vorliegenden Daten allerdings nicht gerechtfertigt. Vielmehr konnte gezeigt werden, dass der Grad der Durchmischung fließend ist.

Insgesamt ist auf Grundlage der Ergebnisse der vorliegenden Arbeit und unter Berücksichtigung der gesamteuropäischen Situation eine Einstufung der Schleie als Art der **‚Evolutionären Großraumgruppe‘** zu unterstützen. In Anlehnung an die Empfehlungen von Baer *et al.* (2007) für diese Arten und in Hinblick auf den Erhalt von lokal adaptierten Schleienpopulationen wird für die Schleie folgende Bewirtschaftungsempfehlung gegeben:

- i. Habitat-verbessernde Maßnahmen sind grundsätzlich gegenüber Besatzprogrammen zu präferieren.
- ii. Sollten Besatzmaßnahmen nötig sein, sind diese nach Möglichkeit mit Schleien aus dem zu stützenden Bestand selbst durchzuführen.
- iii. In begründeten Ausnahmefällen kann Besatzmaterial auch aus anderen Gewässern derselben Einzugsgebiete bzw. auch Flussgebiet-übergreifend bezogen werden. Dabei sollten nach Möglichkeit genetisch diverse und wenig domestizierte Populationen bzw. Nachzuchten verwendet werden. Sinnvoll

erscheint auch die Einbeziehung gewässermorphologischer und klimatischer Gesichtspunkte in die Auswahl der Besatzpopulation.

Aus ökologischer, wissenschaftlicher und wirtschaftlicher Sicht wäre die dauerhafte Erhaltung der genetischen Diversität der Schleienbestände wünschenswert. Dafür war eine überregionale umfängliche Analyse der genetischen Variabilität und Bewertung der Populationen unumgänglich. Dieses Ziel konnte mit den vorliegenden Daten erreicht und zudem Empfehlungen für das Bestandsmanagement der Schleie formuliert werden.

7 ZUSAMMENFASSUNG

7.1 Deutsche Kurzfassung

Um zukünftig geeignete Schutz- und Bewirtschaftungsmaßnahmen konzipieren zu können, wurde in dem vorliegenden Projekt die genetische Variabilität von Wildpopulationen der Schleie (*Tinca tinca*) in Deutschland erfasst. Insgesamt konnten in den Jahren 2016-2019 39 Herkünfte aus den acht Flussgebietseinheiten Donau, Elbe, Ems, Oder, Rhein, Schlei-Trave, Warnow-Peene und Weser analysiert werden. Zudem konnte ein nichtinvasives Verfahren mittels forensischer Abstriche zur DNA-Gewinnung für die Schleie etabliert werden. Die genetische Analyse der Populationen erfolgte über Sequenz-Analyse der mitochondrialen Kontrollregion und Mikrosatellitenmarker. Für 978 Individuen aus 39 Populationen konnten genetische Daten erfasst und in die AGRDEU-Fachdatenbank für Aquatische Genetische Ressourcen eingepflegt werden. Die Analyse der mitochondrialen DNA und der Mikrosatelliten ergab, dass der Großteil der beobachteten Varianz durch die genetische Variation innerhalb der Populationen erklärt wird. Die Resultate der Mikrosatelliten-Analysen zeigten eine moderate Diversität der Populationen bei gleichzeitig niedriger genetischer Differenzierung. Mit Hilfe der genutzten genetischen Marker können die Populationen zwischen den untersuchten Flussgebieten nicht deutlich voneinander abgegrenzt werden, da beide Phylogruppen auf dem Gebiet von Deutschland hochgradig vermischt sind. Daher ist für die Schleie innerhalb dieser Vermischungszone prinzipiell eine großräumige Bewirtschaftung auf Ebene der Flussgebietseinheiten oder auch darüber hinaus möglich. Zur Erhaltung lokal adaptierter Populationen sollten Besatzprogramme grundsätzlich mit möglichst vielen Individuen aus dem zu stützenden Bestand selbst aufgelegt werden. In begründeten Ausnahmefällen kann auch auf Besatzpopulationen aus gewässermorphologisch und klimatisch ähnlichen Gewässern desselben oder anderer Einzugsgebiete zurückgegriffen werden.

Danksagung: Diese Studie wurde vom Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft finanziert.

7.2 Abstract

Genetic variability of the tench (*Tinca tinca*) in the main river catchment areas of Germany

Christoph Köbsch, Sascha Krenek, Thomas Schiller and Thomas U. Berendonk

So far, information on the genetic diversity for the tench (*Tinca tinca*) in Germany has not been available for most of its natural range. Such information is essential for the future genetic management and stocking strategy of the tench and for the protection of its genetic diversity. Accordingly, this project endeavoured to close this gap of knowledge and has analysed several populations from different river catchments in Germany.

Throughout the years 2016-2018, a total of 39 origins from eight river catchments were analysed: Danube (n=2), Elbe (n=18), Ems (n=2), Oder (n=2), Rhine (n=10), Schlei-Trave (n=2), Warnow-Peene (n=1) and Weser (n=2). Additionally, it was possible to develop a non-invasive approach based on forensically sampled DNA of tench individuals. The genetic diversity of this species in German river catchments was assessed using mitochondrial and nuclear microsatellite markers. In total, 1174 individuals were sampled and 978 individuals from 38 populations were successfully genotyped by the use of 12 microsatellite loci. In addition, the mitochondrial control region (D-loop) was analysed for 389 individuals from 37 populations as mtDNA marker for phylogeographic and population genetic inference. The documented morphometric data and the results of the genetic analysis have been prepared such that they can be implemented into the AGRDEU Database for the Aquatic Genetic Resources of the "Federal Office for Agriculture and Food".

The analysis of the mtDNA has shown that the haplotype diversity was highest in the river catchments Elbe (0,836) and Rhine (0,8033), whereas in the river catchment Weser (0,6614) the lowest diversity was detected. The main part of the observed genetic variance (approx. 74%) was explained by the genetic variation between individuals within populations. The two already known, deeply diverged phylogroups of the tench formed several 'pure' populations, but often occurred together in most of the investigated populations.

For the analysed populations, the results of the microsatellite analysis revealed heterozygosity rates between 0.31 and 0.48. The genetic differentiation based on F_{ST} -values between the investigated populations showed generally low to moderate but

mostly significant differentiations between the populations according to pairwise comparisons. Most of the observed genetic variation was explained by differences between individuals within populations (approx. 94%). Thus, no significant genetic structure was detectable between river catchments.

In summary, the analysed tench populations show a comparatively high level of genetic variability with low levels of differentiation. If necessary, stocking management should therefore endeavour to use several individuals from the local population as parental generation for supportive breeding. In justified cases, stocking populations from morphologically and climatically similar waters of the same or other catchment areas may also be used.

Acknowledgements: The study was financed by the Federal Ministry of Food and Agriculture, Germany.

8 GEGENÜBERSTELLUNG DER GEPLANTEN ZU DEN TATSÄCHLICH ERREICHTEN ZIELEN

In der vorliegenden Studie sollten mindestens 30 Herkünfte der Schleie aus mindestens fünf Flussgebietseinheiten erfasst werden. Es konnte in insgesamt **45 Herkünften** aus den **acht FGEs Donau, Elbe, Ems, Oder, Rhein, Schlei-Trave, Warnow-Peene und Weser** genetisches Material von Schleien für molekulare genetische Analysen gewonnen werden. Die Zielgröße von mindestens 30 Individuen pro Herkunft konnte nicht für alle Herkünfte erreicht werden. In **28 Herkünften wurden ≥ 30** , in **9 Herkünften 10-29** und in **8 Herkünften < 10 Individuen** gefangen. In allen Herkünften wurden die Individuen vermessen, ebenso wurde versucht, alle Individuen zu wiegen. Dies war jedoch aus verschiedenen Gründen nicht immer möglich (siehe Kap. 2).

Wie ebenfalls in Kap. 2 dargestellt wurde, waren die in den Gewässern vorgefundenen Abundanzen der Schleie oft eher gering, sodass die angestrebten 30 Individuen pro Herkunft in einigen Fällen nicht erreicht werden konnten. Eine aufwändige mehrtägige Befischung einzelner Herkünfte wurde jedoch für besonders interessante Herkünfte trotzdem durchgeführt (z.B. Löwenberger Landwehr: 2 Tage - 24 Ind., Wächterstadtgraben: 2 Tage - 30 Ind., Südbach /Steinhuder Meer: 2 Tage - 37 Ind., Dümmer: 3 Tage - 50 Ind.).

Insgesamt spiegelt die Verteilung der erfassten Herkünfte (Abb. 2) recht gut die Verbreitung der Schleie in Deutschland wider (vergleiche Brunken und Winkler 2015). Die Ergebnisse basieren damit auf einer Datenlage, welche die wesentlichen genetischen Großgruppen der Schleie beinhaltet. Doch auch kleinskalige genetische Variabilitäten sollten in dieser Studie exemplarisch untersucht werden, um z.B. den Effekt von Fließgewässerbarrieren (Wehre, usw.) auf die Durchwanderbarkeit für die Schleie und somit die Vernetzung von Teilpopulationen zu beurteilen. Zu diesem Zweck wurden aus einigen Gewässern (Seen der oberen Havel, Ohre-System, Lippe-System) mehrere Herkünfte analysiert, die eine räumliche Trennung von 5-130 km Gewässerfließstrecke aufwiesen.

Von den insgesamt **1174 Gewebs- und Abstrichproben** konnte aus **1052 Proben** erfolgreich **DNA** gewonnen und für die weiteren genetischen Analysen verwendet werden. Damit wurde die Zielgröße von 900 genetisch zu analysierenden Individuen

sogar überschritten. Von 1052 Proben, die aus 39 verschiedenen Herkunftstypen stammen, konnten Mikrosatelliten analysiert werden, wobei nach der ersten Analyse nur 613 Proben ein vollständiges Marker-Set aufwiesen. Anschließend wurden für die ausgefallenen Individuen entweder komplette Multiplex-Sets wiederholt analysiert oder in den vorwiegenden Einzel-Loci Ausfällen sog. Simplex-PCRs durchgeführt. Dadurch konnte für insgesamt **978 Individuen aus 38 Herkunftstypen ein vollständiges Mikrosatelliten-Markerset** von 12 Loci erstellt werden. Dabei wurden in **21 Herkunftstypen ≥ 30 Individuen**, in **15 Herkunftstypen 10-29 Individuen** und in **2 Herkunftstypen < 10 Individuen** genotypisiert. Hinsichtlich der **Sequenzanalyse der mitochondrialen Kontrollregion** konnten in **26 Herkunftstypen ≥ 10 Individuen** und in **13 Herkunftstypen 8 oder 9 Individuen** haplotypisiert werden.

Die Aufklärung der Besatzsituation in den jeweiligen Herkunftstypen erwies sich als schwierig. Die Bewirtschafter und Fischereiberechtigten wurden im Zuge der Einholung der Befischungserlaubnis dazu befragt, doch bereits hier zeigte sich, dass zwar die aktuelle Besatzsituation dargestellt werden kann, jedoch die Informationen der vergangenen Jahre oder gar Jahrzehnte in vielen Fällen nicht genau bekannt sind. Oft sind die darin beteiligten Personen nicht mehr greifbar oder es existieren keine Aufzeichnungen über Besatzaktionen mehr. Außerdem ist die Aussagekraft einzelner Besatzaktionen für die in vielen Fällen weit verzweigten Gewässersysteme als kritisch zu betrachten, wenn man bedenkt, dass viele der Gewässer in wenige km lange fischereilich genutzte Abschnitte geteilt und verpachtet sind. Das hätte in den meisten Fällen die Befragung dutzender potentieller Besatz-Akteure im Einzugsgebiet einer Herkunft nötig gemacht, was im Rahmen dieser Studie nicht möglich war. Deshalb wurden Aussagen, die nachvollziehbar, glaubwürdig und repräsentativ für das jeweilige Gewässer waren, in die Herkunftsbeschreibung mit aufgenommen; wohingegen bei unklarer Datenlage (insbesondere in Bezug auf frühere Besatzmaßnahmen) die Besatzsituation als ‚unbekannt‘ eingestuft wurde.

9 LITERATURVERZEICHNIS

- Allendorf F.W., Leary R.F., Spruell P. & Wenburg J.K. (2001). The problems with hybrids: setting conservation guidelines. *Trends in Ecology & Evolution* **16**, 613–622. [https://doi.org/10.1016/S0169-5347\(01\)02290-X](https://doi.org/10.1016/S0169-5347(01)02290-X)
- Arlinghaus R., Cyrus E.-M., Eschbach E., Fujitani M., Hühn D., Johnston F., *et al.* (2015). Hand in Hand für eine nachhaltige Angelfischerei - Ergebnisse und Empfehlungen aus fünf Jahren praxisorientierter Forschung zu Fischbesatz und seinen Alternativen. *Berichte des IGB* **28**, 204
- Baer J., George V., Hanfland S., Lemcke R., Meyer L. & Zahn S. (2007). Gute fachliche Praxis fischereilicher Besatzmaßnahmen. *Schriftenreihe des Verbandes Deutscher Fischereiverwaltungsbeamter und Fischereiwissenschaftler e.V.* **14**, 1–151
- Berendonk T.U., Krenek S., Schiller T., Mogck U., Wehnert D. & Köbsch C. (2015). *Erfassung und Dokumentation der genetischen Variabilität von Wildpopulationen der Barbe (Barbus barbus) aus verschiedenen Flussgebietseinheiten in Deutschland. Abschlussbericht an die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung.* Institut für Hydrobiologie: TU Dresden, Dresden, Deutschland.
- Bergemann M. (2015). Fachbericht der Flussgebietsgemeinschaft Elbe - Gesamtliste der Fließgewässer im Elbeeinzugsgebiet
- Breacker C., Barber I., Norton W.H.J., McDearmid J.R. & Tilley C.A. (2017). A Low-Cost Method of Skin Swabbing for the Collection of DNA Samples from Small Laboratory Fish. *Zebrafish* **14**, 35–41. <https://doi.org/10.1089/zeb.2016.1348>
- Brunken H. & Winkler M. (2015). Fischfauna-online 2.0. Digitaler Fischartenatlas von Deutschland und Österreich. - Hrsg. Gesellschaft für Ichthyologie e.V. und Hochschule Bremen. World Wide Web electronic publication. www.fischfauna-online.de
- Campanella J.J. & Smalley J.V. (2006). A minimally invasive method of piscine tissue collection and an analysis of long-term field-storage conditions for samples. *BMC Genetics* **7**. <https://doi.org/10.1186/1471-2156-7-32>
- Colussi S., Campia V., Righetti M., Scanzio T., Riina M.V., Burioli E.A.V., *et al.* (2017). Buccal swab: A tissue sampling method for refinement of experimental procedures involving rainbow trout. *Journal of Applied Ichthyology* **33**, 515–519. <https://doi.org/10.1111/jai.13324>
- Crooijmans R.P.M.A., Bierbooms V.A.F., Komen J., Poel J.J.V. der & Groenen M.A.M. (1997). Microsatellite markers in common carp (*Cyprinus carpio* L.). *Animal Genetics* **28**, 129–134. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.1997.00097.x>
- Darriba D., Taboada G.L., Doallo R. & Posada D. (2012). jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. *Nature Methods* **9**, 772–772. <https://doi.org/10.1038/nmeth.2109>
- DeWoody J.A. & Avise J.C. (2000). Microsatellite variation in marine, freshwater and anadromous fishes compared with other animals. *Journal of Fish Biology* **56**, 461–473. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8649.2000.tb00748.x>
- Dubut V., Martin J.-F., Costedoat C., Chappaz R. & Gilles A. (2009). Isolation and characterization of polymorphic microsatellite loci in the freshwater fishes

- Telestes souffia and Telestes muticellus (Teleostei: Cyprinidae). *Molecular Ecology Resources* **9**, 1001–1005. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2009.02539.x>
- Durand J.D., Persat H. & Bouvet Y. (1999). Phylogeography and postglacial dispersion of the chub (*Leuciscus cephalus*) in Europe. *Molecular Ecology* **8**, 989–997. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294x.1999.00654.x>
- Earl D.A. & vonHoldt B.M. (2012). STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conservation Genetics Resources* **4**, 359–361. <https://doi.org/10.1007/s12686-011-9548-7>
- Evanno G., Regnaut S. & Goudet J. (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study. *Molecular Ecology* **14**, 2611–2620. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x>
- 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**, 564–567. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2010.02847.x>
- Falush D., Stephens M. & Pritchard J.K. (2007). Inference of population structure using multilocus genotype data: dominant markers and null alleles. *Molecular Ecology Notes* **7**, 574–578. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2007.01758.x>
- Falush D., Stephens M. & Pritchard J.K. (2003). Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data: Linked Loci and Correlated Allele Frequencies. *Genetics* **164**, 1567–1587
- Freyhof J. & Brooks E. (2011). *European red list of freshwater fishes*. Publications Office of the European Union ; IUCN, Luxembourg : [Gland, Switzerland].
- Goudet J. & Jombart T. (2015). *hierfstat: Estimation and Tests of Hierarchical F-Statistics*. R package version 0.04-22.
- Gum B., Gross R. & Geist J. (2009). Conservation genetics and management implications for European grayling, *Thymallus thymallus*: synthesis of phylogeography and population genetics. *Fisheries Management and Ecology* **16**, 37–51. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2400.2008.00641.x>
- Hartl D.L. & Clark A.G. (1989). *Principles of population genetics*, 2nd ed. Sinauer Associates, Sunderland, MA.
- Heincke F. (1908). Bericht über die Untersuchungen der Biologischen Anstalt auf Helgoland zur Naturgeschichte der Nutzfische. *Die Beteiligung Deutschlands an der Internationalen Meeresforschung*, 67–155
- Hubisz M.J., Falush D., Stephens M. & Pritchard J.K. (2009). Inferring weak population structure with the assistance of sample group information. *Molecular Ecology Resources* **9**, 1322–1332. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2009.02591.x>
- Jakobsson M. & Rosenberg N.A. (2007). CLUMPP: a cluster matching and permutation program for dealing with label switching and multimodality in analysis of population structure. *Bioinformatics* **23**, 1801–1806. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btm233>
- Jombart T. (2008). *adeigenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers*. R package version 2.1.1.

- Kamvar Z.N., Tabima J.F. & Grünwald N.J. (2014). *Poppr: an R package for genetic analysis of populations with clonal, partially clonal, and/or sexual reproduction. R package version 2.7.1.*
- Kearse M., Moir R., Wilson A., Stones-Havas S., Cheung M., Sturrock S., et al. (2012). Geneious Basic: An integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data. *Bioinformatics* **28**, 1647–1649. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts199>
- King T.L., Kalinowski S.T., Schill W.B., Spidle A.P. & Lubinski B.A. (2001). Population structure of Atlantic salmon (*Salmo salar* L.): a range-wide perspective from microsatellite DNA variation. *Molecular Ecology* **10**, 807–821. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.2001.01231.x>
- Köbsch C., Krensek S., Schiller T. & Berendonk T.U. (in Vorbereitung). *Erfassung und Dokumentation der genetischen Vielfalt der Äsche (Thymallus thymallus) in Deutschland. Abschlussbericht erstellt im Auftrag der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung.* Institut für Hydrobiologie: TU Dresden.
- Kohlmann K. & Kersten P. (2006). Microsatellite loci in tench: isolation and variability in a test population. *Aquaculture International* **14**, 3–7. <https://doi.org/10.1007/s10499-005-9009-y>
- Kohlmann K., Kersten P. & Flajšhans M. (2007). Comparison of microsatellite variability in wild and cultured tench (*Tinca tinca*). *Aquaculture* **272**, S147–S151. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2007.08.003>
- Kohlmann K., Kersten P., Panicz R., Memiş D. & Flajšhans M. (2010). Genetic variability and differentiation of wild and cultured tench populations inferred from microsatellite loci. *Reviews in Fish Biology and Fisheries* **20**, 279–288. <https://doi.org/10.1007/s11160-009-9138-x>
- Kotlík P. & Berrebi P. (2001). Phylogeography of the barbel (*Barbus barbus*) assessed by mitochondrial DNA variation. *Molecular Ecology* **10**, 2177–2185. <https://doi.org/10.1046/j.0962-1083.2001.01344.x>
- Kottelat M. & Freyhof J. (2007). *Handbook of European freshwater fishes.* Kottelat, Cornol, Switzerland and Freyhof, Berlin, Germany.
- Lajbner Z., Kohlmann K., Linhart O. & Kotlík P. (2010). Lack of reproductive isolation between the Western and Eastern phylogroups of the tench. *Reviews in Fish Biology and Fisheries* **20**, 289–300. <https://doi.org/10.1007/s11160-009-9137-y>
- Lajbner Z. & Kotlík P. (2011). PCR-RFLP assays to distinguish the Western and Eastern phylogroups in wild and cultured tench *Tinca tinca*. *Molecular Ecology Resources* **11**, 374–377. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2010.02914.x>
- Lajbner Z., Linhart O. & Kotlík P. (2011). Human-aided dispersal has altered but not erased the phylogeography of the tench. *Evolutionary Applications* **4**, 545–561. <https://doi.org/10.1111/j.1752-4571.2010.00174.x>
- Lajbner Z., Linhart O. & Kotlík P. (2007). Molecular phylogeography of the tench *Tinca tinca* (Linnaeus, 1758). In: Buj I, Zanella L, Mrakovcic M (Hrsg) The 12th European congress of ichthyology, book of abstracts, Cavtat, 2007, p 35.
- Le Vin A.L., Adam A., Tedder A., Arnold K.E. & Mable B.K. (2011). Validation of swabs as a non-destructive and relatively non-invasive DNA sampling method in fish. *Molecular Ecology Resources* **11**, 107–109. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2010.02909.x>

- Leigh J.W. & Bryant D. (2015). popart: full-feature software for haplotype network construction. *Methods in Ecology and Evolution* **6**, 1110–1116. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.12410>
- Lo Presti R., Gasco L., Lisa C., Zoccarato I. & Di Stasio L. (2010). PCR-RFLP analysis of mitochondrial DNA in tench *Tinca tinca*. *Journal of Fish Biology* **76**, 401–407. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8649.2009.02495.x>
- Lo Presti R., Kohlmann K., Kersten P., Gasco L., Lisa C. & Di Stasio L. (2012). Genetic variability in tench (*Tinca tinca* L.) as revealed by PCR-RFLP analysis of mitochondrial DNA. *Italian Journal of Animal Science* **11**, e19. <https://doi.org/10.4081/ijas.2012.e19>
- Lo Presti R., Kohlmann K., Kersten P., Lisa C. & Di Stasio L. (2014). Sequence variability at the mitochondrial ND1, ND6, cyt b and D-loop segments in tench (*Tinca tinca* L.). *Journal of Applied Ichthyology* **30**, 15–21. <https://doi.org/10.1111/jai.12423>
- Moritz C. (1994). Defining 'Evolutionarily Significant Units' for conservation. *Trends in Ecology & Evolution* **9**, 373–375. [https://doi.org/10.1016/0169-5347\(94\)90057-4](https://doi.org/10.1016/0169-5347(94)90057-4)
- Müller-Belecke A. (2008). *Erfassung und Dokumentation der genetischen Vielfalt von Zuchtkarpfen (Cyprinus carpio) sowie der Nebenfische der Karpfenteichwirtschaft in Deutschland*. Institut für Binnenfischerei e.V., Potsdam-Sacrow.
- Nei M. (1978). Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* **89**, 583–590
- Nei M. (1972). Genetic Distance between Populations. *The American Naturalist* **106**, 283–292
- Nesbø C.L., Fosshem T., Vøllestad L.A. & Jakobsen K.S. (1999). Genetic divergence and phylogeographic relationships among European perch (*Perca fluviatilis*) populations reflect glacial refugia and postglacial colonization. *Molecular Ecology* **8**, 1387–1404. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294x.1999.00699.x>
- Paradis E. & Schliep K. (2018). *ape 5.0: an environment for modern phylogenetics and evolutionary analyses in R. R package version 5.3*.
- Penczak T. (2006). Movement pattern and growth ratio of tagged fish in two lowland rivers of central Poland. *Polish Journal of Ecology* **54**, 267–282
- Pollux B.J.A., Korosi A., Verberk W.C.E.P., Pollux P.M.J. & van der Velde G. (2006). Reproduction, Growth, and Migration of Fishes in a Regulated Lowland Tributary: Potential Recruitment to the River Meuse. *Hydrobiologia* **565**, 105–120. <https://doi.org/10.1007/s10750-005-1908-4>
- Pritchard J.K., Stephens M. & Donnelly P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* **155**, 945–959
- R Core Team (2018). *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna.
- Reid S.M., Kidd A. & Wilson C.C. (2012). Validation of buccal swabs for noninvasive DNA sampling of small-bodied imperiled fishes: Noninvasive buccal swabs for DNA sampling of small-bodied fishes. *Journal of Applied Ichthyology* **28**, 290–292. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0426.2011.01889.x>
- Rosenberg N.A. (2003). distruct: a program for the graphical display of population structure. *Molecular Ecology Notes* **4**, 137–138. <https://doi.org/10.1046/j.1471-8286.2003.00566.x>

- Rümmler F., Schreckenbach K. & Pfeiffer M. (1998). Auswirkungen der Elektrofischerei auf Fische. *Fischer & Teichwirt*, 88–92
- Saitoh K., Sado T., Mayden R.L., Hanzawa N., Nakamura K., Nishida M., *et al.* (2006). Mitogenomic Evolution and Interrelationships of the Cypriniformes (Actinopterygii: Ostariophysi): The First Evidence Toward Resolution of Higher-Level Relationships of the World's Largest Freshwater Fish Clade Based on 59 Whole Mitogenome Sequences. *Journal of Molecular Evolution* **63**, 826–841. <https://doi.org/10.1007/s00239-005-0293-y>
- 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. Abschlussbericht an die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung.* Institut für Umweltwissenschaften: Universität Koblenz-Landau, Landau, Deutschland.
- Smalley J.V. & Campanella J.J. (2005). Buccal swabbing and extraction of high quality sunfish (*Lepomis*) DNA for use in PCR analysis. *BioTechniques* **38**, 189–190. <https://doi.org/10.2144/05382BM03>
- Tamura K. & Nei M. (1993). Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. *Molecular Biology and Evolution* **10**, 512–526. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a040023>
- Waples R.S. (1991). Pacific Salmon, *Oncorhynchus* spp., and the Definition of "Species" Under the Endangered Species Act. *Marine Fisheries Review*, 12
- Wetjen M., Schmidt T., Schrimpf A. & Schulz R. (2016). *Erfassung und Dokumentation der genetischen Variabilität von Wildpopulationen der Quappe (Lota lota) aus verschiedenen Flussgebietseinheiten in Deutschland. Abschlussbericht an die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung.* Institut für Umweltwissenschaften: Universität Koblenz-Landau, Landau, Deutschland.
- Wright S. (1978). *Evolution and the Genetics of Populations, Volume. 4: Variability within and among Natural Population.* University of Chicago Press, Chicago.

10 TABELLENVERZEICHNIS

Tabelle 1: Herkunftsgewässer der Schleie, in denen Individuen für die Analyse der genetischen Variabilität gewonnen wurden.	11
Tabelle 2: Verwendete Primer für die mitochondriale Kontrollregion in <i>Tinca tinca</i> , T _m = Schmelztemperatur	36
Tabelle 3: Detailinformation zu den verwendeten Mikrosatellitenmarkersystemen...	37
Tabelle 4: Mikrosatelliten-PCR Bedingungen für die vier verwendeten Multiplex-Sets.....	39
Tabelle 5: Ergebnisse der hierarchischen AMOVA (Analysis of Molecular Variance) für die mitochondrialen Sequenzdaten (Kontrollregion) gruppiert nach den untersuchten Schleienpopulationen und den entsprechenden acht Flussgebietseinheiten (FGEs).....	51
Tabelle 6: Paarweise F _{ST} -Werte basierend auf den Mikrosatelliten- (unterhalb der Diagonalen) und paarweise ϕ _{ST} -Werte basierend auf der Sequenzanalyse der mitochondrialen Kontrollregion (oberhalb der Diagonalen) zwischen den Flussgebietseinheiten.....	54
Tabelle 7: Ergebnisse der hierarchischen AMOVA (Analysis of Molecular Variance) für die Mikrosatelliten-Daten.	54

11 ABBILDUNGSVERZEICHNIS

Abbildung 1: Arbeits- und Zeitplan aufgeschlüsselt nach Arbeitspaketen (AP 1-4) des Dienstleistungsangebots.	8
Abbildung 2: Kartografische Darstellung der Herkunftsgewässer der Schleien, von welchen Material für die genetischen Analysen verwendet wurde.	9
Abbildung 3: Anzahl der Individuen nach Größenklassen in den untersuchten Herkünften.....	44
Abbildung 4: Anzahl von Individuen je Größenklasse die mit Elektrofischerei und berufsfischereilichen Methoden gefangen wurden (A) sowie Gewichts-Längen-Verhältnisse aller vermessenen Schleien (B).	45
Abbildung 5: Median-Joining Haplotypen Netzwerk bestehend aus 46 Haplotypen der mitochondrialen Kontrollregion, welche in den 39 untersuchten Schleienpopulationen aus 8 verschiedenen Flussgebietseinheiten (FGE) detektiert wurden.	47
Abbildung 6: Phylogruppen der Schleie auf Basis der Sequenzanalyse der CR-Region in den untersuchten Herkünften.....	48
Abbildung 7: Kartografische Darstellung der Haplotyp-Diversität und der Anzahl der Privaten Haplotypen für die hinsichtlich der mitochondrialen Kontrollregion untersuchten Herkünfte.	50
Abbildung 8: Kartografische Darstellung des Heterozygotiegrades sowie die Anzahl Privater Allele der Herkünfte.....	53
Abbildung 9: Hauptkoordinaten-Analyse von 37 Schleienpopulationen aus den Flussgebietseinheiten Donau (rot), Elbe (orange), Ems (lila), Oder (pink), Rhein (blau), Schlei-Trave (türkis), Warnow-Peene (grau) und Weser (grün) auf Basis ihrer Nei-Distanzen unter Verwendung des Mikrosatelliten-Datensatzes.....	57
Abbildung 10: Individuenbasierte Hauptkoordinaten-Analyse von 37 Schleienpopulationen aus den Flussgebietseinheiten Donau (rot), Elbe (orange), Ems (lila), Oder (pink), Rhein (blau), Schlei-Trave (türkis), Warnow-Peene (grau) und Weser (grün) auf Basis ihrer binären Distanzen.....	58
Abbildung 11: Graphische Darstellung der STRUCTURE-Analyse unter Annahme eines Admixture Models und unabhängiger Allelfrequenzen.....	59

APPENDIX

Appendix 1: Ergebnisse der genetischen Analysen auf Basis der mitochondrialen Kontrollregion und Mikrosatelliten. Dargestellt ist die Anzahl der haplotypisierten Individuen ($DNA_{mt}N$), die Haplotyp-Diversität (H_d), die Anzahl der Privaten Haplotypen (PH N), die Nukleotiddiversität (π), die Anzahl der Individuen mit erfolgreicher Mikrosatelliten-Analyse (MS N), die maximale Allelzahl pro Mikrosatellit (A_{max} pro MS), die durchschnittliche Allelzahl ($\bar{\theta}$ A), die Anzahl Privater Allele (PA N), der beobachtete (H_o) und erwartete Heterozygotiegrad (H_{EC}), der Inzuchtkoeffizient (F_{IS}), die niedrigste (F_{ST} min) und höchste genet. Differenzierung (F_{ST} max), der Populationscode in der AGRDEU-Datenbank sowie Informationen zum Besatz in der jeweiligen Population: A=aktueller Besatz, V=Besatz in Vergangenheit, N=kein Besatz, U=Besatzsituation konnte nicht eindeutig geklärt werden.

Population	$DNA_{mt}N$	H_d	π	PH N	MS N	A_{max} pro MS	$\bar{\theta}$ A	PA N	AR	H_o	H_{EC}	F_{IS}	F_{ST} min	F_{ST} max	AGRDEU Code	Besatz
Chiemsee	8	0,2500	0,0090	1	29	6	2,83	1	2,43	0,32	0,31	-0,027	0	0,1898	TIN-001	N
Seeoner Seen	8	0,8571	0,0195	2	13	8	3	0	2,84	0,39	0,35	-0,103	0,0111	0,1156	TIN-002	U
Drewensee	9	0,8889	0,0091	0	11	6	2,83	0	2,76	0,36	0,32	-0,138	0,0015	0,1268	TIN-003	N
Goldberger See	10	0,3778	0,0005	1	24	9	3,25	0	2,66	0,36	0,33	-0,095	0,0220	0,1371	TIN-004	N
Große Sülze	10	0,8000	0,0174	1	32	8	3,83	0	2,89	0,36	0,36	0,005	0,0018	0,0999	TIN-005	U
Grützer Vorfluter	10	0,8889	0,0185	1	30	11	4,17	0	3,32	0,41	0,43	0,065	0,0115	0,1280	TIN-006	U
Hauptkanal Ilau-Schneegeben	10	0,5333	0,0074	1	30	9	3,92	1	3,17	0,42	0,45	0,058	0,0125	0,1502	TIN-007	N
Krainke	10	0,7556	0,0173	0	31	12	4,17	0	3,27	0,41	0,45	0,091	0,0125	0,1526	TIN-008	N
Kupernitzkanal	10	0,8667	0,0078	3	30	9	4,08	0	3,49	0,4	0,48	0,165	0,0003	0,1296	TIN-009	V
Landlache Rade	10	0,7333	0,0006	0	30	13	4,67	1	3,67	0,44	0,47	0,075	0,0066	0,1087	TIN-010	U
Neuer Flottgraben	10	0,8444	0,0191	0	28	12	4,42	0	3,54	0,46	0,47	0,012	0,0066	0,1452	TIN-011	U
Ohre	10	0,7556	0,0075	0	32	8	3,5	0	2,82	0,43	0,37	-0,156	0,0003	0,1058	TIN-012	U
Plauer See	10	0,7333	0,0163	0	30	12	3,83	0	3,16	0,36	0,38	0,049	0,0070	0,1569	TIN-013	U
Saale	10	0,8667	0,0086	0	19	7	3	0	2,69	0,41	0,35	-0,174	0,0093	0,1459	TIN-014	U
Schwielochsee	10	0,8667	0,0085	0	30	13	5	3	3,68	0,39	0,47	0,159	0,0746	0,1948	TIN-015	U
Seegraben	10	0,8889	0,0080	0	32	7	3,5	0	2,81	0,43	0,37	-0,181	0,0111	0,1517	TIN-016	U
Steimker-Graben	10	0,8222	0,0088	0	33	8	3,5	1	2,79	0,39	0,35	-0,126	0,009	0,1063	TIN-017	U
Unstrut	10	0,6667	0,0009	0	24	6	3,33	0	2,81	0,43	0,39	-0,109	0,0125	0,1369	TIN-018	U
Useriner See	9	0,6944	0,0083	0	27	11	3,75	1	3,04	0,44	0,39	-0,128	0,0131	0,1995	TIN-019	N
Woblitzer See	8	0,9286	0,0107	2	14	6	3	1	2,8	0,36	0,35	-0,015	0,0146	0,1364	TIN-020	N
Großes Meer	10	0,8667	0,0016	0	30	6	2,83	0	2,54	0,41	0,36	-0,154	0,0009	0,1114	TIN-021	V
Großwolder Tief	9	0,2222	0,0077	0	30	6	2,92	0	2,48	0,39	0,36	-0,066	0,0118	0,1205	TIN-022	U
Oder	10	0,7778	0,0134	0	30	14	4,83	0	3,68	0,39	0,46	0,147	0,0521	0,1995	TIN-023	N

Fortsetzung Appendix 1

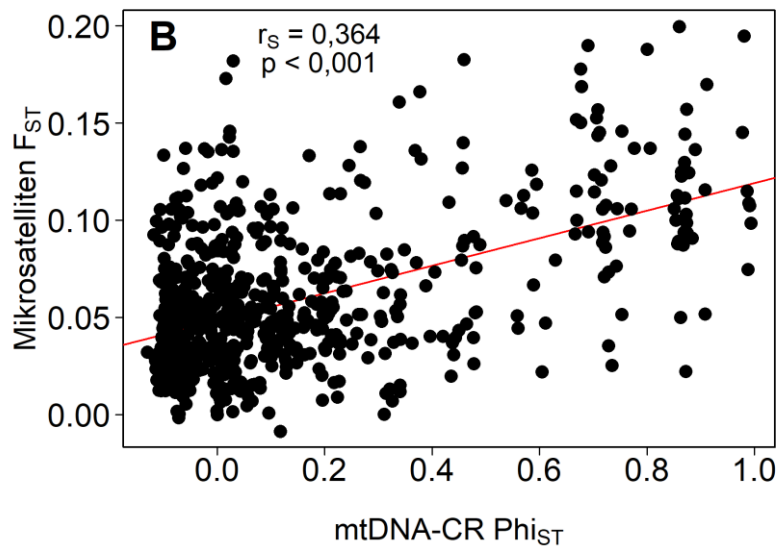
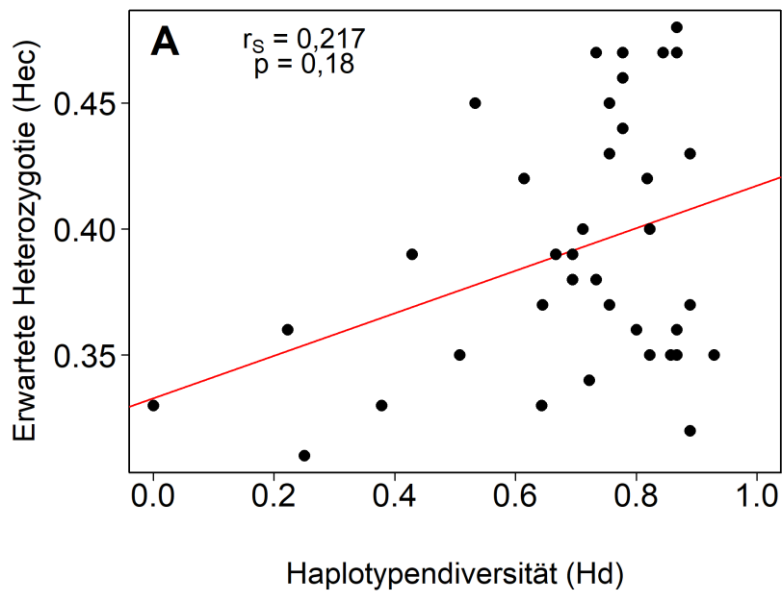
Population	DNA _{mt} N	H _d	π_{RFLP}	PH	N	MS	N	A _{max} pro MS	σ A	PA	N	AR	H _O	H _{EC}	F _{IS}	F _{ST} min	F _{ST} max	AGRDEU Code	Besatz
Sternhagener See	9	0,7222	0,0087	0	31	9	3,58	0	2,78	0,35	0,34	-0,029	0,0088	0,1371	TIN-024	N			
Altrhein Kleiner Bodensee	8	0,4286	0,0149	0	16	9	3,17	0	2,93	0,43	0,39	-0,084	0,0278	0,1820	TIN-025	U			
Bodensee Untersee	10	0,6444	0,0161	0	30	10	4,08	1	3,28	0,33	0,37	0,108	0,0002	0,1316	TIN-026	U			
Dianateich	9	0,0000	0,0000	0	30	7	3	1	2,47	0,31	0,33	0,049	0	0,1570	TIN-027	N			
Laacher See	8	1,0000	0,0165	1											TIN-028	N			
Lippe 1	10	0,7556	0,0169	1	10	8	3,17	1	3,17	0,41	0,43	0,051	0,0015	0,1452	TIN-029	U			
Lippe 2	20	0,5737	0,0008	0	21	12	3,92	0	3,36	0,44	0,42	-0,039	0,0199	0,1428	TIN-030	U			
Löwenberger Landwehr	10	0,8222	0,0194	0	24	6	3,08	0	2,76	0,44	0,4	-0,099	0,0046	0,1436	TIN-031	U			
Main	10	0,7778	0,0168	0	26	12	4,17	1	3,37	0,41	0,47	0,129	0	0,1778	TIN-032	A			
Wächterstadtgraben	8	0,6429	0,0009	0	30	7	3,33	0	2,7	0,32	0,33	0,028	0,0397	0,1879	TIN-033	U			
Wortmann-Altarm Lippe	9	0,5556	0,0006	0											TIN-034	U			
Schlei	9	0,6944	0,0138	0	26	6	3,17	0	2,69	0,41	0,38	-0,083	0,0372	0,1826	TIN-035	U			
Selenter See	10	0,7111	0,0131	0	30	15	4	0	3,25	0,44	0,4	-0,099	0,0170	0,1093	TIN-036	U			
Großer Sternberger See	10	0,7778	0,0014	1	16	7	3,33	1	3,15	0,35	0,44	0,213	0,0054	0,1335	TIN-037	U			
Dümmer	17	0,5074	0,0047	0	30	9	3,75	0	2,96	0,38	0,35	-0,079	0,0071	0,1608	TIN-038	N			
Südbach (Steinhuder Meer)	11	0,8182	0,0068	0	30	10	3,75	0	3,22	0,41	0,42	0,022	0,0139	0,1127	TIN-039	N			
Summe (N)	389			15	969			14											
Mittelwert		0,7005	0,0097	0,3846		9,03	3,61	0,38	3,01	0,39	0,39	-0,015	0,0131	0,1447					
CV%		29,8	65,1	182,6		28,5	15,8	166,6	11,6	9,7	12,5	-698	117,9	19,5					

Appendix 2: Auflistung der paarweisen F_{ST} -Werte zwischen 37 Schleienpopulationen basierend auf Mikrosatelliten-Daten. Negative Werte wurden auf Null gesetzt. Die minimalen F_{ST} -Werte sind rot markiert, die maximalen blau. Nicht-signifikante Werte sind fett dargestellt.

POP	TIN-001	TIN-002	TIN-003	TIN-004	TIN-005	TIN-006	TIN-007	TIN-008	TIN-009	TIN-010	TIN-011	TIN-012	TIN-013	TIN-014	TIN-015	TIN-016	TIN-017	TIN-018	TIN-019
TIN-001		0,0682	0,0573	0,0534	0,0750	0,1070	0,1208	0,0822	0,1335	0,1032	0,1057	0,0682	0,1191	0,0626	0,1055	0,0526	0,0742	0,0598	0,0894
TIN-002	0,0682		0,0141	0,0002	0,0260	0,0444	0,0733	0,0332	0,0698	0,0479	0,0624	0,0251	0,0289	0,0155	0,0552	0,0136	0,0164	0,0507	0,0046
TIN-003	0,0573	0,0141		0	0,0209	0,0508	0,1146	0,0680	0,1020	0,0644	0,0875	0,0322	0,0443	0,0139	0,0737	0,0314	0,0173	0,0496	0,0123
TIN-004	0,0534	0,0002	0		0,0165	0,0534	0,0933	0,0507	0,0872	0,0564	0,0848	0,0185	0,0369	0,0153	0,0591	0,0129	0,0120	0,0479	0,0093
TIN-005	0,0750	0,0260	0,0209	0,0165		0,0542	0,0915	0,0457	0,0579	0,0539	0,0791	0,0159	0,0283	0,0206	0,0438	0,0133	0,0015	0,0370	0,0290
TIN-006	0,1070	0,0444	0,0508	0,0534	0,0542		0,0368	0,0147	0,0282	0,0071	0,0400	0,0360	0,0364	0,0326	0,0213	0,0491	0,0392	0,0731	0,0301
TIN-007	0,1208	0,0733	0,1146	0,0933	0,0915	0,0368		0,0261	0,0253	0,0223	0,0388	0,0765	0,0524	0,0938	0,0354	0,0734	0,0861	0,0939	0,0709
TIN-008	0,0822	0,0332	0,0680	0,0507	0,0457	0,0147	0,0261		0,0248	0,0073	0,0168	0,0306	0,0338	0,0377	0,0076	0,0236	0,0437	0,0517	0,0304
TIN-009	0,1335	0,0698	0,1020	0,0872	0,0579	0,0282	0,0253	0,0248		0,0156	0,0344	0,0608	0,0524	0,0738	0,0141	0,0575	0,0667	0,0809	0,0601
TIN-010	0,1032	0,0479	0,0644	0,0564	0,0539	0,0071	0,0223	0,0073	0,0156		0,0118	0,0404	0,0370	0,0542	0,0019	0,0469	0,0504	0,0491	0,0400
TIN-011	0,1057	0,0624	0,0875	0,0848	0,0791	0,0400	0,0388	0,0168	0,0344	0,0118		0,0619	0,0585	0,0746	0,0266	0,0598	0,0880	0,0569	0,0660
TIN-012	0,0682	0,0251	0,0322	0,0185	0,0159	0,0360	0,0765	0,0306	0,0608	0,0404	0,0619		0,0343	0,0125	0,0461	0,0115	0,0133	0,0254	0,0173
TIN-013	0,1191	0,0289	0,0443	0,0369	0,0283	0,0364	0,0524	0,0338	0,0524	0,0370	0,0585	0,0343		0,0360	0,0357	0,0340	0,0235	0,0708	0,0216
TIN-014	0,0626	0,0155	0,0139	0,0153	0,0206	0,0326	0,0938	0,0377	0,0738	0,0542	0,0746	0,0125	0,0360		0,0532	0,0167	0,0147	0,0446	0,0130
TIN-015	0,1055	0,0552	0,0737	0,0591	0,0438	0,0213	0,0354	0,0076	0,0141	0,0019	0,0266	0,0461	0,0357	0,0532		0,0411	0,0483	0,0565	0,0544
TIN-016	0,0526	0,0136	0,0314	0,0129	0,0133	0,0491	0,0734	0,0236	0,0575	0,0469	0,0598	0,0115	0,0340	0,0167	0,0411		0,0176	0,0443	0,0161
TIN-017	0,0742	0,0164	0,0173	0,0120	0,0015	0,0392	0,0861	0,0437	0,0667	0,0504	0,0880	0,0133	0,0235	0,0147	0,0483	0,0176		0,0437	0,0195
TIN-018	0,0598	0,0507	0,0496	0,0479	0,0370	0,0731	0,0939	0,0517	0,0809	0,0491	0,0569	0,0254	0,0708	0,0446	0,0565	0,0443	0,0437		0,0514
TIN-019	0,0894	0,0046	0,0123	0,0093	0,0290	0,0301	0,0709	0,0304	0,0601	0,0400	0,0660	0,0173	0,0216	0,0130	0,0544	0,0161	0,0195	0,0514	
TIN-020	0,0692	0,0179	0	0,0122	0,0597	0,0480	0,0940	0,0556	0,0967	0,0659	0,0690	0,0354	0,0558	0,0293	0,0804	0,0420	0,0463	0,0650	0,0136
TIN-021	0,0683	0,0385	0,0428	0,0332	0,0496	0,0628	0,0892	0,0435	0,0901	0,0708	0,0747	0,0297	0,0505	0,0285	0,0696	0,0066	0,0474	0,0671	0,0224
TIN-022	0,1232	0,1316	0,1898	0,1570	0,1268	0,1608	0,0995	0,0868	0,1077	0,1114	0,0826	0,1280	0,1399	0,1526	0,1057	0,0885	0,1452	0,0873	0,1436
TIN-023	0,0980	0,0369	0,0626	0,0475	0,0299	0,0110	0,0220	0,0018	0,0054	0,0009	0,0296	0,0320	0,0249	0,0470	0,0003	0,0310	0,0285	0,0552	0,0311
TIN-024	0,0924	0,0070	0,0320	0,0134	0,0346	0,0546	0,0917	0,0431	0,0874	0,0717	0,0896	0,0246	0,0271	0,0203	0,0696	0,0147	0,0249	0,0885	0,0125
TIN-025	0,1110	0,0296	0,0567	0,0485	0,0395	0,0243	0,0508	0,0236	0,0508	0,0307	0,0526	0,0248	0,0177	0,0181	0,0452	0,0277	0,0229	0,0450	0,0093
TIN-026	0,1820	0,1116	0,1364	0,1194	0,1011	0,0706	0,0755	0,0707	0,0643	0,0516	0,0876	0,0959	0,0593	0,1355	0,0616	0,0958	0,0936	0,1378	0,0877
TIN-027	0,0937	0,0795	0,1112	0,0984	0,1150	0,1257	0,1358	0,0999	0,1245	0,1074	0,1061	0,0907	0,1502	0,1227	0,1296	0,1031	0,1248	0,0746	0,0986
TIN-029	0,1367	0,0428	0,0838	0,0700	0,0429	0,0592	0,0528	0,0345	0,0342	0,0344	0,0384	0,0650	0,0142	0,0618	0,0225	0,0490	0,0514	0,0700	0,0457
TIN-030	0,1031	0,0309	0,0579	0,0437	0,0372	0,0434	0,0516	0,0315	0,0417	0,0304	0,0467	0,0366	0,0151	0,0521	0,0267	0,0393	0,0334	0,0535	0,0309
TIN-031	0,0651	0,0352	0,0461	0,0395	0,0346	0,0644	0,0634	0,0295	0,0635	0,0370	0,0392	0,0363	0,0485	0,0553	0,0487	0,0170	0,0386	0,0199	0,0331
TIN-032	0,0728	0,0506	0,0725	0,0704	0,0671	0,0270	0,0396	0,0124	0,0318	0,0090	0,0126	0,0564	0,0751	0,0576	0,0219	0,0523	0,0648	0,0410	0,0595
TIN-033	0,0278	0,0417	0,0477	0,0265	0,0316	0,0786	0,0879	0,0500	0,0843	0,0650	0,0740	0,0283	0,0567	0,0392	0,0549	0,0088	0,0359	0,0516	0,0588
TIN-035	0,0760	0,0139	0,0386	0,0247	0,0321	0,0447	0,0667	0,0308	0,0603	0,0508	0,0543	0,0163	0,0366	0,0317	0,0521	0,0215	0,0183	0,0417	0,0248
TIN-036	0,1058	0,0318	0,0505	0,0318	0,0327	0,0381	0,0471	0,0309	0,0418	0,0299	0,0513	0,0346	0,0125	0,0411	0,0386	0,0287	0,0254	0,0602	0,0200
TIN-037	0,1729	0,1035	0,1133	0,1218	0,1137	0,0131	0,0500	0,0444	0,0457	0,0273	0,0505	0,1034	0,0780	0,1048	0,0382	0,1087	0,1052	0,1428	0,0912
TIN-038	0,1267	0,0778	0,0455	0,0578	0,0420	0,0814	0,1371	0,0733	0,1039	0,0868	0,1205	0,0676	0,0483	0,0448	0,0777	0,0607	0,0550	0,0842	0,0397
TIN-039	0,0965	0,0456	0,0648	0,0506	0,0425	0,0445	0,0515	0,0278	0,0450	0,0481	0,0525	0,0319	0,0168	0,0411	0,0396	0,0350	0,0395	0,0593	0,0287

Fortsetzung Appendix 2

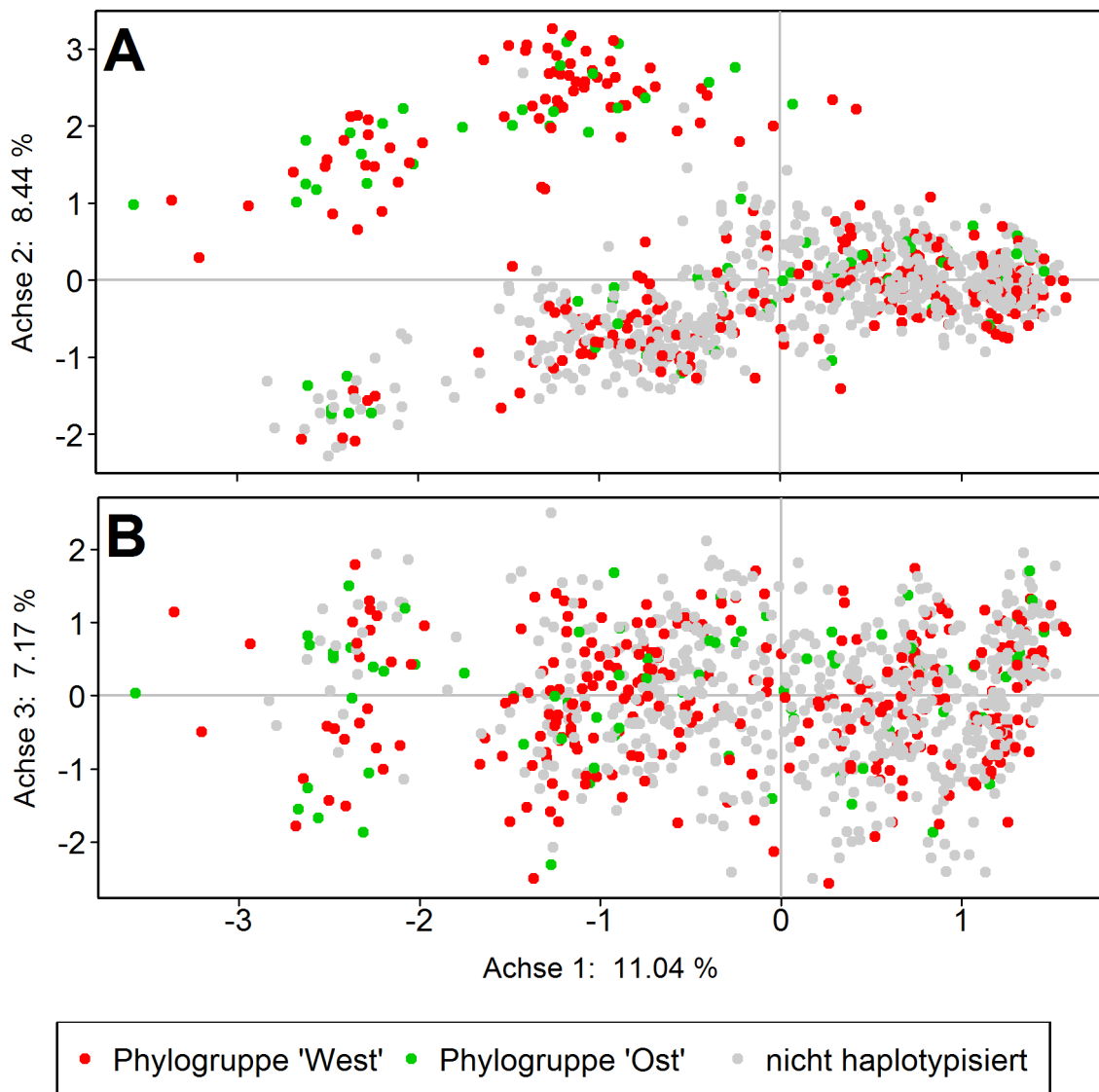
POP	TIN-020	TIN-021	TIN-022	TIN-023	TIN-024	TIN-025	TIN-026	TIN-027	TIN-029	TIN-030	TIN-031	TIN-032	TIN-033	TIN-035	TIN-036	TIN-037	TIN-038	TIN-039
TIN-001	0,0692	0,0683	0,1232	0,0980	0,0924	0,1110	0,1820	0,0937	0,1367	0,1031	0,0651	0,0728	0,0278	0,0760	0,1058	0,1729	0,1267	0,0965
TIN-002	0,0179	0,0385	0,1316	0,0369	0,0070	0,0296	0,1116	0,0795	0,0428	0,0309	0,0352	0,0506	0,0417	0,0139	0,0318	0,1035	0,0778	0,0456
TIN-003	0	0,0428	0,1898	0,0626	0,0320	0,0567	0,1364	0,1112	0,0838	0,0579	0,0461	0,0725	0,0477	0,0386	0,0505	0,1133	0,0455	0,0648
TIN-004	0,0122	0,0332	0,1570	0,0475	0,0134	0,0485	0,1194	0,0984	0,0700	0,0437	0,0395	0,0704	0,0265	0,0247	0,0318	0,1218	0,0578	0,0506
TIN-005	0,0597	0,0496	0,1268	0,0299	0,0346	0,0395	0,1011	0,1150	0,0429	0,0372	0,0346	0,0671	0,0316	0,0321	0,0327	0,1137	0,0420	0,0425
TIN-006	0,0480	0,0628	0,1608	0,0110	0,0546	0,0243	0,0706	0,1257	0,0592	0,0434	0,0644	0,0270	0,0786	0,0447	0,0381	0,0131	0,0814	0,0445
TIN-007	0,0940	0,0892	0,0995	0,0220	0,0917	0,0508	0,0755	0,1358	0,0528	0,0516	0,0634	0,0396	0,0879	0,0667	0,0471	0,0500	0,1371	0,0515
TIN-008	0,0556	0,0435	0,0868	0,0018	0,0431	0,0236	0,0707	0,0999	0,0345	0,0315	0,0295	0,0124	0,0500	0,0308	0,0309	0,0444	0,0733	0,0278
TIN-009	0,0967	0,0901	0,1077	0,0054	0,0874	0,0508	0,0643	0,1245	0,0342	0,0417	0,0635	0,0318	0,0843	0,0603	0,0418	0,0457	0,1039	0,0450
TIN-010	0,0659	0,0708	0,1114	0,0009	0,0717	0,0307	0,0516	0,1074	0,0344	0,0304	0,0370	0,0090	0,0650	0,0508	0,0299	0,0273	0,0868	0,0481
TIN-011	0,0690	0,0747	0,0826	0,0296	0,0896	0,0526	0,0876	0,1061	0,0384	0,0467	0,0392	0,0126	0,0740	0,0543	0,0513	0,0505	0,1205	0,0525
TIN-012	0,0354	0,0297	0,1280	0,0320	0,0246	0,0248	0,0959	0,0907	0,0650	0,0366	0,0363	0,0564	0,0283	0,0163	0,0346	0,1034	0,0676	0,0319
TIN-013	0,0558	0,0505	0,1399	0,0249	0,0271	0,0177	0,0593	0,1502	0,0142	0,0151	0,0485	0,0751	0,0567	0,0366	0,0125	0,0780	0,0483	0,0168
TIN-014	0,0293	0,0285	0,1526	0,0470	0,0203	0,0181	0,1355	0,1227	0,0618	0,0521	0,0553	0,0576	0,0392	0,0317	0,0411	0,1048	0,0448	0,0411
TIN-015	0,0804	0,0696	0,1057	0,0003	0,0696	0,0452	0,0616	0,1296	0,0225	0,0267	0,0487	0,0219	0,0549	0,0521	0,0386	0,0382	0,0777	0,0396
TIN-016	0,0420	0,0066	0,0885	0,0310	0,0147	0,0277	0,0958	0,1031	0,0490	0,0393	0,0170	0,0523	0,0088	0,0215	0,0287	0,1087	0,0607	0,0350
TIN-017	0,0463	0,0474	0,1452	0,0285	0,0249	0,0229	0,0936	0,1248	0,0514	0,0334	0,0386	0,0648	0,0359	0,0183	0,0254	0,1052	0,0550	0,0395
TIN-018	0,0650	0,0671	0,0873	0,0552	0,0885	0,0450	0,1378	0,0746	0,0700	0,0535	0,0199	0,0410	0,0516	0,0417	0,0602	0,1428	0,0842	0,0593
TIN-019	0,0136	0,0224	0,1436	0,0311	0,0125	0,0093	0,0877	0,0986	0,0457	0,0309	0,0331	0,0595	0,0588	0,0248	0,0200	0,0912	0,0397	0,0287
TIN-020		0,0290	0,1778	0,0662	0,0238	0,0521	0,1459	0,1060	0,0966	0,0558	0,0584	0,0689	0,0664	0,0208	0,0529	0,1050	0,0880	0,0408
TIN-021	0,0290		0,1127	0,0608	0,0163	0,0329	0,1282	0,1452	0,0795	0,0588	0,0404	0,0747	0,0377	0,0353	0,0454	0,1181	0,0757	0,0304
TIN-022	0,1778	0,1127		0,1038	0,1569	0,1101	0,1826	0,1661	0,0896	0,1156	0,0521	0,0794	0,1001	0,1127	0,1185	0,1995	0,1879	0,1060
TIN-023	0,0662	0,0608	0,1038		0,0496	0,0276	0,0372	0,1058	0,0201	0,0235	0,0341	0,0179	0,0552	0,0314	0,0254	0,0315	0,0698	0,0302
TIN-024	0,0238	0,0163	0,1569	0,0496		0,0396	0,1198	0,1443	0,0663	0,0541	0,0578	0,0840	0,0487	0,0196	0,0383	0,1070	0,0618	0,0338
TIN-025	0,0521	0,0329	0,1101	0,0276	0,0396		0,0919	0,1459	0,0304	0,0292	0,0292	0,0512	0,0689	0,0320	0,0195	0,0852	0,0699	0,0234
TIN-026	0,1459	0,1282	0,1826	0,0372	0,1198	0,0919		0,1687	0,0749	0,0662	0,0977	0,1055	0,1136	0,1125	0,0855	0,0830	0,1333	0,0890
TIN-027	0,1060	0,1452	0,1661	0,1058	0,1443	0,1459	0,1687		0,1517	0,1150	0,0875	0,0930	0,1087	0,0946	0,1369	0,1948	0,1699	0,1364
TIN-029	0,0966	0,0795	0,0896	0,0201	0,0663	0,0304	0,0749	0,1517		0,0111	0,0346	0,0502	0,0753	0,0549	0,0261	0,0836	0,0784	0,0326
TIN-030	0,0558	0,0588	0,1156	0,0235	0,0541	0,0292	0,0662	0,1150	0,0111		0,0444	0,0618	0,0487	0,0313	0,0203	0,0844	0,0827	0,0146
TIN-031	0,0584	0,0404	0,0521	0,0341	0,0578	0,0292	0,0977	0,0875	0,0346	0,0444		0,0309	0,0402	0,0276	0,0388	0,1093	0,0783	0,0515
TIN-032	0,0689	0,0747	0,0794	0,0179	0,0840	0,0512	0,1055	0,0930	0,0502	0,0618	0,0309		0,0702	0,0467	0,0587	0,0412	0,1063	0,0631
TIN-033	0,0664	0,0377	0,1001	0,0552	0,0487	0,0689	0,1136	0,1087	0,0753	0,0487	0,0402	0,0702		0,0416	0,0544	0,1371	0,0974	0,0578
TIN-035	0,0208	0,0353	0,1127	0,0314	0,0196	0,0320	0,1125	0,0946	0,0549	0,0313	0,0276	0,0467	0,0416		0,0330	0,0961	0,0938	0,0252
TIN-036	0,0529	0,0454	0,1185	0,0254	0,0383	0,0195	0,0855	0,1369	0,0261	0,0203	0,0388	0,0587	0,0544	0,0330		0,0966	0,0741	0,0235
TIN-037	0,1050	0,1181	0,1995	0,0315	0,1070	0,0852	0,0830	0,1948	0,0836	0,0844	0,1093	0,0412	0,1371	0,0961	0,0966		0,1352	0,0862
TIN-038	0,0880	0,0757	0,1879	0,0698	0,0618	0,0699	0,1333	0,1699	0,0784	0,0827	0,0783	0,1063	0,0974	0,0938	0,0741	0,1352		0,0610
TIN-039	0,0408	0,0304	0,1060	0,0302	0,0338	0,0234	0,0890	0,1364	0,0326	0,0146	0,0515	0,0631	0,0578	0,0252	0,0235	0,0862	0,0610	



Appendix 3: Korrelation zwischen den mtDNA und Mikrosatelliten Daten. (A) Haplotypendiversität vs. erwarteter Heterozygotie (B) Korrelation der genetischen Differenzierungen über F_{ST} bzw. ϕ_{ST} -Werte.

Appendix 4: Referenzsequenzen der mitochondrialen Kontrollregion (CR), welche in die Haplotypenanalyse eingingen.

Published in	GenBank Accession Number	Haplo-type	Sequence length (bp)	Haplogroup according to Lo Presti <i>et al.</i> (2014)
Unpublished	DQ296150	haplo15	991	'east'
Unpublished	DQ296149	haplo9	994	'east'
Unpublished	DQ296148	haplo7	994	'west'
Lo Presti <i>et al.</i> 2014	JX974537	H1g	996	'west'
Lo Presti <i>et al.</i> 2014	JX974531	H1a	998	'west'
Lo Presti <i>et al.</i> 2014	JX974532	H1b	998	'west'
Lo Presti <i>et al.</i> 2014	JX974533	H1c	998	'west'
Lo Presti <i>et al.</i> 2014	JX974534	H1d	998	'west'
Lo Presti <i>et al.</i> 2014	JX974536	H1f	998	'west'
Lo Presti <i>et al.</i> 2014	JX974538	H3	998	'west'
Lo Presti <i>et al.</i> 2014	JX974539	H5	998	'west'
Lo Presti <i>et al.</i> 2014	JX974535	H1e	999	'west'
Lo Presti <i>et al.</i> 2014	JX974540	H6	1000	'west'
Lo Presti <i>et al.</i> 2014	JX974546	H7	1000	'east'
Lo Presti <i>et al.</i> 2014	JX974541	H2a	1001	'east'
Lo Presti <i>et al.</i> 2014	JX974542	H2b	1001	'east'
Lo Presti <i>et al.</i> 2014	JX974543	H2d	1001	'east'
Lo Presti <i>et al.</i> 2014	JX974544	H2e	1001	'east'
Lo Presti <i>et al.</i> 2014	JX974545	H2f	1001	'east'
Lo Presti <i>et al.</i> 2014	JX974547	H8	1001	'east'
Gilles,A. & Leconte,G (1999)	AJ388411		1019	'west'
Saitoh <i>et al.</i> , (2006)	NC008648	"RefSeq"	16612	'west'



Appendix 5: Individuenbasierte Hauptkoordinaten-Analyse von 37 Schleienpopulationen auf Basis ihrer binären Distanzen. Die Individuen sind anders als in Abbildung 10 entsprechend ihrer Zugehörigkeit zu den beiden Phylogruppen der Schleie (auf Basis mitochondrialer Sequenzdaten) eingefärbt. (A) Hauptkoordinate 1 gegen Hauptkoordinate 2, (B) Hauptkoordinate 1 gegen Hauptkoordinate 3. Diese drei Achsen erklären zusammen 26,65% der Gesamtvariation im Datensatz.