

## Abschlussbericht

<p>Auftragnehmer: Institut für Binnenfischerei e.V. Potsdam-Sacrow</p>	<p>Förderkennzeichen: 314-06.01-2816BE005</p>
<p>Thema: <b>„Statusanalyse der genetischen Vielfalt von Zuchtsalmoniden in Deutschland“</b></p>	
<p>Laufzeit: 12.04.2017 – 31.01.2021</p>	
<p>Berichtszeitraum: <b>12.04.2017 – 31.01.2021</b></p>	
<p>Zusammenarbeit mit anderen Stellen:</p> <ul style="list-style-type: none"><li>– Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Fischerei, Starnberg</li><li>– Landwirtschaftliches Zentrum Baden-Württemberg (LAZBW) Fischereiforschungsstelle, Langenargen</li><li>– Landesamt für Natur, Umwelt und Verbraucherschutz Nordrhein-Westfalen Fachbereich 26 – Fischereiökologie, Kirchhundem-Albaum</li><li>– Sächsisches Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie Abteilung Landwirtschaft/Referat Fischerei, Königswartha</li><li>– Leibniz-Institut für Gewässerökologie und Binnenfischerei, Abt. 5 „Ökophysiologie und Aquakultur“, Berlin (IGB)</li></ul>	



# Inhaltsverzeichnis

1. Ziele und Aufgabenstellung des Projektes .....	5
2. Planung und Ablauf des Projektes .....	5
3. Wissenschaftlicher und technischer Stand, an den angeknüpft wurde .....	6
4. Material und Methoden.....	10
5. Ausführliche Darstellung der Ergebnisse .....	17
AP 1: Recherche nach aktuell in Deutschland existierenden Laichfischbeständen von Salmonidenarten	17
<i>Recherche nach selbsterhaltenden Wildbeständen der Regenbogenforelle .....</i>	<i>24</i>
AP 2: Vor-Ort-Erfassungen zur Gewinnung von Bestandsdaten und von Gewebeproben zur genetischen Analyse von Salmonidenzuchtbeständen .....	24
<i>Betriebe / Zuchtbestandszahlen .....</i>	<i>24</i>
<i>Zuchtbestände auf Betrieben / Bestandsgrößen .....</i>	<i>26</i>
<i>Einverständnis Datenveröffentlichung .....</i>	<i>27</i>
<i>Nutzungsrichtungen .....</i>	<i>27</i>
<i>Haltungsumwelt .....</i>	<i>28</i>
<i>Züchterische Bearbeitung.....</i>	<i>30</i>
<i>Prognoseabfrage .....</i>	<i>36</i>
<i>Vor-Ort-Erfassungen zur Gewinnung von Gewebeproben zur genetischen Analyse von selbstreproduzierenden Wildbeständen der Regenbogenforelle.....</i>	<i>38</i>
AP 3: Genmarkerstudien .....	39
<i>Schwerpunkt 1: Mikrosatelliten-Analysen zur Charakterisierung der Variabilität innerhalb und zwischen den Beständen der Salmonidenarten.....</i>	<i>39</i>
<i>Genetische Diversität innerhalb der Bestände .....</i>	<i>40</i>
<i>Vergleich der genetischen Diversität der Bestände Erhebungsstudie 2005-2008 vs. vorliegende Erhebung.....</i>	<i>44</i>
<i>Genetische Differenzierung zwischen den Beständen .....</i>	<i>46</i>
<i>Schwerpunkt 2: Vergleich der Zuchtbestände mit wildlebenden Verwandten anhand mitochondrialer DNA-Sequenzen.....</i>	<i>59</i>
<i>Einheimische Arten: .....</i>	<i>59</i>
<i>Eingeführte Arten: .....</i>	<i>74</i>
<i>Schwerpunkt 3: genetischer Vergleich der deutschen Zucht- und wildlebenden Bestände der Regenbogenforelle .....</i>	<i>81</i>
6. Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse.....	85
<i>Schwerpunkt 1: .....</i>	<i>85</i>
<i>Entscheidungsgrundlage für weitere Planungen .....</i>	<i>85</i>
<i>Empfehlungen zur züchterischen Bearbeitung.....</i>	<i>85</i>
<i>Auf Ebene der Arten.....</i>	<i>85</i>
<i>Auf Ebene der Bestände .....</i>	<i>87</i>
<i>Schwerpunkt 2: .....</i>	<i>88</i>
<i>Beitrag zum fischereilichen Bestandsmanagement.....</i>	<i>88</i>
<i>Schwerpunkt 3: .....</i>	<i>92</i>

<i>Nachweis und Charakterisierung selbsterhaltender Wildbestände der Regenbogenforelle .....</i>	<i>92</i>
7. Zusammenfassung.....	94
8. Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen .....	96
9. Literaturverzeichnis .....	98
<i>Anhang.....</i>	<i>104</i>

# 1. Ziele und Aufgabenstellung des Projektes

Die Salmonidenzucht ist der bedeutendste Produktionszweig der Aquakultur in Deutschland. Die dabei genutzten Zuchttiere bilden die Produktionsbasis und eine wichtige genetische Ressource im Bereich der Produktion von Speise- und Satzsalmoniden. Zur Umsetzung des Nationalen Fachprogramms zu aquatischen genetischen Ressourcen benötigt das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) Daten zum Status der Laichfischbestände in der Salmonidenzucht. Bereits zwischen 2005 und 2008 wurde vor diesem Hintergrund das Erhebungsprojekt „Erfassung und Dokumentation der genetischen Vielfalt der Zuchtsalmoniden sowie der Nebenfische der Salmonidenhaltung und der weiteren in Aquakultur gehaltenen Arten in Deutschland“ (Az. 514-73.02/05BE006/2) beauftragt und bearbeitet.

Zielstellungen der vorliegenden Statusanalyse sind:

- Die Erfassung der Anzahlen und genetischer Charakteristika bei Salmonidenzuchtbeständen im Laufe von etwa zehn Jahren Züchtungsarbeit.
- Die Einbeziehung von Genmarkeruntersuchungen an allen noch in Deutschland vorhandenen Zuchtsalmonidenbeständen.
- Die Aufweitung der durchzuführenden Genmarkeranalysen neben Mikrosatellitenmarkern auf mitochondriale DNA-Marker.

Weiterhin verfolgt die vorliegende Statusanalyse die Verknüpfung zwischen Ergebnissen zu genetischen Charakteristika von Salmonidenwildbeständen aus bereits abgeschlossenen Erfassungsstudien mit denen der vorhandenen Salmonidenzuchtbestände.

Schließlich soll durch Beprobung von zehn selbstreproduzierenden Wildbeständen der Regenbogenforelle die hier unzureichende (genetische) Datenbasis verbessert werden.

# 2. Planung und Ablauf des Projektes

Für die bundesweite Erfassung von Haupterwerbsbetrieben der Salmonidenerzeugung mit eigener Laichfischhaltung und die Kontaktaufnahme mit diesen Betrieben, sowie die bundesweite Recherche nach selbst reproduzierenden natürlichen Beständen der Regenbogenforelle wird, vom Institut für Binnenfischerei e.V. Potsdam-Sacrow (IfB) koordiniert, mit Partnerinstitutionen und Kollegen zusammengearbeitet, die enge Kontakte zum Fischereisektor in den entsprechenden Bundesländern und angrenzenden Bundesländern pflegen:

- Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Fischerei, Starnberg, (Dr. H. Wedekind)
- Landwirtschaftliches Zentrum Baden-Württemberg (LAZBW) Fischereiforschungsstelle, Langenargen (Dr. R. Rösch)
- Landesamt für Natur, Umwelt und Verbraucherschutz Nordrhein-Westfalen Fachbereich 26 – Fischereiökologie, Kirchhudem-Albaum (D. Fey)
- Sächsisches Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie, Abteilung Landwirtschaft/Referat Fischerei, Königswartha (Dr. G. Füllner)

Die aufgeführten Kooperationspartner waren bereits im Erhebungsprojekt „Erfassung und Dokumentation der genetischen Vielfalt von Zuchtsalmoniden“ (Az. 514-73.02/05BE006/2) eingebunden, das zwischen 2005 und 2008 vom Institut für Binnenfischerei e.V. Potsdam-Sacrow durchgeführt wurde.

Zur Analyse und Auswertung genetischer Bestandsparameter, anhand der im Rahmen von Bestandsuntersuchungen gewonnenen Gewebeprobe, wird mit Herrn Dr. Klaus Kohlmann, Abt. 5 „Ökophysiologie und Aquakultur“, Leibniz-Institut für Gewässerökologie und Binnenfischerei, Berlin kooperiert.

Die gesammelten Daten werden beim IfB als Hauptauftragnehmer zusammengeführt und unter Einhaltung des Bundesdatenschutzgesetzes abgelegt.

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

Schutz, Erhaltung und nachhaltige Nutzung genetischer Ressourcen sind zentrales Ziel einer Reihe internationaler und nationaler Regelungen. Neben allgemeinen internationalen Vorgaben (Übereinkommen über die biologische Vielfalt (CDB), FAO-Verhaltenskodex für verantwortungsvolle Fischerei, Nagoya-Protokoll, u.a.) stehen Verordnungen auf EU-Ebene, etwa über die Erhaltung und nachhaltige Nutzung der Fischereiresourcen im Rahmen der gemeinsamen Fischereipolitik, die FFH-Richtlinie oder die EU-Wasserrahmenrichtlinie sowie nationale Regelungen wie Naturschutzgesetze oder Landesfischereigesetze.

Die Salmoniden-Aquakultur ist der bedeutendste Wirtschaftszweig der deutschen Binnenfischerei. Den kultivierten Zuchtbeständen kommen im o.g. Zusammenhang wichtige Funktionen zu:

- Sie bilden die genetische Basis für die derzeitige Aquakulturerzeugung.
- Durch ihre züchterische Bearbeitung ist, wie an allen wichtigen landwirtschaftlichen Nutztieren und inzwischen auch einigen Nutzfischarten darstellbar, eine deutlich verbesserte Ausnutzung von gegebenen Produktionsfaktoren möglich (ein Beitrag zum Nachhaltigkeitsprinzip).
- In ihrer Vielfalt können die existierenden Zuchtbestände langfristig wichtige genetische Ressourcen für eine Adaptation an besondere Haltungsumwelten und/oder die Verfolgung neuer Zuchtziele darstellen.
- Zuchtbestände der autochthonen Salmonidenarten Äsche (*Thymallus thymallus*), Bachforelle (*Salmo trutta fario*), Seeforelle (*Salmo trutta lacustris*) und Seesaibling (*Salvelinus alpinus*) werden häufig für die Bereitstellung von Besatzfischen für den Besatz natürlicher Gewässer genutzt.

Im Auftrag des BMEL wurde vom IfB zwischen 2005 und 2008 das Erhebungsprojekt „Erfassung und Dokumentation der genetischen Vielfalt von Zuchtsalmoniden“ (Az. 514-73.02/05BE006/2) durchgeführt. Im Rahmen der Studie konnten 98 von damals 190 deutschlandweit nachgewiesenen Zuchtbeständen von Salmonidenarten genetisch untersucht und hinsichtlich der Art und Weise ihrer züchterischen Bearbeitung evaluiert werden.

Anders als bei vielen anderen landwirtschaftlichen Nutztieren fehlen in Deutschland Informationen zur Entwicklung der Zuchtbestände von Salmonidenarten infolge ihrer züchterischen Bearbeitung. Zudem wurde während der Durchführung der Erhebungsstudie 2005-2008 beobachtet, dass eine Gefahr des Verlustes der Wettbewerbsfähigkeit deutscher Salmonidenzüchter gegenüber Züchtern aus den USA, Skandinavien und Frankreich, wo differenzierte Zuchtprogramme auf der Basis von Verwandtenleistungen (Familienselektion) betrieben werden, mittelfristig gegeben ist (Müller-Belecke et al. 2009). Insbesondere bei der Regenbogenforelle, auf die sich die Zuchtprogramme bislang konzentrieren, war somit auf Dauer mit dem Verlust von Zuchtbeständen und damit von wertvollen genetischen Ressourcen in der deutschen Salmonidenhaltung zu rechnen.

Vor diesem Hintergrund wurde, etwa 10 Jahre bzw. drei Generationen züchterischer Bearbeitung nach der 2005-2008 erfolgten Erhebungsstudie, vom BMEL die wiederholte Erfassung und Dokumentation der in Deutschland aktuell vorhandenen Zuchtbestände von Salmonidenarten beauftragt. Im Rahmen der aktuellen Erhebungsstudie wurde die Gewebeprobenentnahme und genetische Analyse auf mtDNA-Ebene aller erfassten Zuchtbestände ermöglicht. Von ausgewählten Beständen, welche bereits zwischen 2005 und 2008 erfasst und über Mikrosatellitenmarker analysiert wurden, konnten zur Gewinnung neuer Erkenntnisse zur Beeinflussung von Allelfrequenzen durch züchterische Bearbeitung wiederum entsprechende Studien mittels Mikrosatellitenmarkern durchgeführt werden.

Entsprechende molekulargenetische Analyseverfahren erlauben eine detaillierte Beschreibung der genetischen Struktur von Fischbeständen. Zur Charakterisierung nah verwandter Bestände sind insbesondere die in Eukaryoten-Genomen sehr zahlreich vorhandenen hochpolymorphen Tandem Repeats ("Mikrosatelliten") geeignet. Je nach Variabilität eines Mikrosatelliten-Locus (Genorts) ergibt sich ein Anwendungsspektrum von der Individual- und Elternschafterkennung bis zur Beschreibung genetischer Variation innerhalb und zwischen Populationen. Aufbauend auf der Mikrosatelliten-Analyse lassen sich anhand der Allel-Konfigurationen der untersuchten Populationen durch Anwendung moderner biostatistischer Verfahren Ableitungen zu folgenden Komplexen treffen:

- *Genetische Charakterisierung von Populationen:* Für jede Population wird der kennzeichnende Allelbestand über die Mikrosatellitenanalyse ermittelt.
- *Beschreibung der genetischen Variabilität innerhalb der Populationen:* Eventuelle genetische Verarmung durch Inzucht innerhalb von Beständen wird durch Messung zentraler populationsgenetischer Parameter, namentlich Fixationsindex (genetischer Inzuchtkoeffizient) ( $F_{IS}$ ), erwartete ( $H_E$ ) vs. beobachtete ( $H_O$ ) Heterozygotie, mittlere Allelzahl und Allel-Reichtum ("allelic richness") detektiert (Nei 1977, Hedrick, 2000).
- *Genetische Verwandtschaft von Populationen:* Die mittels Mikrosatellitenanalyse ermittelten Allelbestände und –frequenzen in den Populationen werden quantitativ zur Bestimmung der genetischen Verwandtschaft zwischen ihnen herangezogen. Hierzu werden populationsgenetische Divergenz- ( $F_{ST}$ ) und Abstandsmaße (z.B.  $D_A$ ) paarweise bestimmt und unter Verwendung moderner bioinformatischer Verfahren (Neighbour-Joining-Clusterverfahren) zur Erstellung von Verwandtschaftsbäumen verrechnet (Nei 1977, Nei 1972).
- *Genetischer Vergleich zwischen Wildpopulationen und Zuchtbeständen:* Liegen Mikrosatellitenanalysen identischer Markersysteme von Wildpopulationen und von Laichfischbeständen in Fischzuchten vor, können durch diesen Vergleich genetisch möglichst nahestehende Zuchtfische für Besatzzwecke ausgewählt werden.

Neben der Nutzung hochauflösender Mikrosatellitenmarker, die insbesondere geringe genetische Unterschiede zwischen untersuchten Populationen deutlich abbilden können, werden für die Gruppierung und Abgrenzung zwischen genetisch (und zumeist auch geographisch) weiter voneinander entfernten Populationen (Phylogenetik, Phylogeographie) bevorzugt Genmarker mit einer geringeren Auflösung eingesetzt. Hier eignet sich insbesondere der Vergleich mitochondrialer DNA (mtDNA) Markersysteme zwischen den zu untersuchenden Populationen. mtDNA wird nur über die mütterliche Seite vererbt. Die Rekombinationsrate ist im Vergleich zur Kern-DNA extrem gering. Variabilität in der mtDNA resultiert daher lediglich aus Mutationen, vergleichsweise seltenen Ereignissen, die nur über lange Zeiträume eine

Differenzierung herbeiführen (Liu 2007, Overturf 2009). Markante genetische Unterschiede zwischen Populationen in mtDNA-Markern manifestieren sich somit nur über Jahrhunderte der räumlich voneinander getrennten Entwicklung. Hieraus ergibt sich ihr hohes Potenzial für phylogenetische Studien (Moritz 1994).

Genmarkerstudien mit dem Ziel entsprechende phylogeographische Informationen beizusteuern, sind bereits vor über zehn Jahren erfolgreich an der Äsche (*Thymallus thymallus*) durchgeführt worden. Gum et al. (2005) und Gum et al. (2009) konnten aus ihren Untersuchungen mithilfe mitochondrialer DNA-Marker und hochauflösender Mikrosatellitenmarker für eine Reihe von Äschenbeständen in Zentraleuropa, und insbesondere in Deutschland wichtige Informationen zum zukünftigen fischereilichen Bestandsmanagement ableiten.

Initiiert durch das BMEL wurden in den vergangenen Jahren eine Reihe von Studien zur Charakterisierung von in Deutschland existierenden wildlebenden Salmonidenbeständen durchgeführt (Tab. 1). Die in den Studien erhobenen Informationen wurden/werden in die vom „Nationalen Inventar aquatischer genetischer Ressourcen in Deutschland“ (AGRDEU) geführte Referenzdatenbank <https://agrdeu.genres.de/nationales-inventar-aqgr/> eingestellt.

Tab. 1: BMEL-finanzierte Erhebungsstudien und Modell- und Demonstrationsvorhaben (MuD) zur Charakterisierung von in Deutschland existierenden wildlebenden Salmonidenbeständen

Bearbeitung	Titel	Link
2008-2010	Angewandte Genomics: Dokumentation, Analyse und Aquakulturpotential natürlicher aquatischer genetischer Ressourcen: Seesaiblings-Populationen ( <i>Salvelinus cf. umbla</i> ) in Deutschland	<a href="https://service.ble.de/ptdb/index2.php?detail_id=13136&amp;site_key=141&amp;stichw=seesaibling&amp;zeilenzahl_zaeher=4#newContent">https://service.ble.de/ptdb/index2.php?detail_id=13136&amp;site_key=141&amp;stichw=seesaibling&amp;zeilenzahl_zaeher=4#newContent</a>
2012-2015	Erfassung und Dokumentation der genetischen Variabilität von Wildpopulationen der Bachforelle ( <i>Salmo trutta fario</i> ) aus verschiedenen Flussgebietseinheiten in Deutschland	<a href="https://service.ble.de/ptdb/index2.php?detail_id=29298&amp;site_key=141&amp;stichw=bachforelle&amp;zeilenzahl_zaeher=8#newContent">https://service.ble.de/ptdb/index2.php?detail_id=29298&amp;site_key=141&amp;stichw=bachforelle&amp;zeilenzahl_zaeher=8#newContent</a>
2015-2018	Erfassung und Dokumentation der genetischen Vielfalt der Seeforelle ( <i>Salmo trutta lacustris</i> ) in Deutschland	<a href="https://service.ble.de/ptdb/index2.php?detail_id=512350&amp;site_key=141&amp;stichw=bachforelle&amp;zeilenzahl_zaeher=8#newContent">https://service.ble.de/ptdb/index2.php?detail_id=512350&amp;site_key=141&amp;stichw=bachforelle&amp;zeilenzahl_zaeher=8#newContent</a>
2015-2019	Erfassung und Dokumentation der genetischen Vielfalt der Äsche ( <i>Thymallus thymallus</i> ) in Deutschland	<a href="https://service.ble.de/ptdb/index2.php?detail_id=54465&amp;site_key=141&amp;stichw=%C3%A4sche&amp;zeilenzahl_zaeher=89#newContent">https://service.ble.de/ptdb/index2.php?detail_id=54465&amp;site_key=141&amp;stichw=%C3%A4sche&amp;zeilenzahl_zaeher=89#newContent</a>

Die in der vorliegenden Erhebungsstudie vorgesehenen Untersuchungen, unter Einbeziehung von mtDNA-Markern, können zum Vergleich genetischer Charakteristika von Salmonidenzucht- und -wildbeständen eingesetzt werden. Das fischereiliche Bestandsmanagement unter

Berücksichtigung des Konzeptes der Einhaltung genetischer Management-Einheiten (GMU) (Baer et al. 2007, Trautner und Müller-Belecke 2007) wird dadurch zukünftig erleichtert.

Obgleich bislang nicht wissenschaftlich fundiert belegbar, wird unter Anglern und Fischereiwissenschaftlern das Vorkommen selbsterhaltender Wildbestände der Regenbogenforelle in natürlichen Gewässern in Deutschland diskutiert (Kammerad und Scharf 2012, HMUKLV und Hessen-Forst 2014, Dußling et al. 2018). Im Rahmen der vorliegenden Erhebungsstudie ist daher nach entsprechender Recherche die Beprobung von selbsterhaltenden Wildbeständen der Regenbogenforelle in natürlichen Gewässern Deutschlands vorzunehmen. Mittels molekulargenetischer Untersuchung über Mikrosatellitenmarker und mtDNA-Marker soll ihre genetische Charakterisierung und der Vergleich zu den ebenfalls erfassten Zuchtbeständen durchgeführt werden.

#### **4. Material und Methoden**

Die Bearbeitung der Erhebungsstudie erfolgte im Rahmen von vier Arbeitspaketen:

##### **Arbeitspaket (AP) 1: Recherche nach aktuell in Deutschland existierenden Laichfischbeständen von Salmonidenarten sowie von reproduzierenden Wildbeständen der Regenbogenforelle**

Basierend auf den bereits aus dem Erhebungsprojekt Az. 514-73.02/05BE006/2 bestehenden Informationen, Kontakten und Datenstrukturen erfolgte die Zusammenstellung der aktuell in Deutschland existierenden Zuchtbestände von Salmonidenarten.

Den Kooperationspartnern standen aus eigenen Datenbanken, den Fischartenkatastern der Länder und durch enge Kontakte zu anderen Fischereifachstellen der Länder, deutschlandweit flächendeckend Informationen zur Abundanz von Wildpopulationen der Regenbogenforelle mit Hinweisen auf natürliche Reproduktion in Fließgewässerabschnitten („Wildfischbestände“) zur Verfügung. Als Hinweise auf natürliche Reproduktion wurden eigene oder gemeldete Beobachtungen von juvenilen Stadien, ohne dass diese besetzt wurden, bzw. von Ablichverhalten interpretiert. Zehn geographisch über das Bundesgebiet verteilte, mit hoher Wahrscheinlichkeit selbst erhaltende Wildbestände der Regenbogenforelle wurden zur Einbeziehung in die Statusanalyse (Themenschwerpunkt 3) zur Beprobung durch die Kooperationspartner ausgewählt.

Die zuständigen Landesfischereibehörden und Landesfischereiforschungsanstalten wurden über das Vorhaben informiert, und die von ihnen zur Verfügung gestellten Informationen in die Bearbeitung eingebunden. Die Fischereiberechtigten wurden über das Vorhaben informiert. Genehmigungen zur Befischung und Entnahme für Beprobungen wurden eingeholt.

## **AP 2: Vor-Ort-Erfassungen zur Gewinnung von Bestandsdaten und von Gewebeproben zur genetischen Analyse**

Die über Salmonidenzuchtbestände verfügenden Betriebsleiter wurden mit einem Schreiben über das Vorhaben informiert. Es erfolgte die Planung und Vereinbarung von Betriebsbesuchen. Im Rahmen der Vor-Ort-Besuche erfolgte die Erfassung von Details zur züchterischen Bearbeitung (Historie, eingesetzte Populationsgrößen, Zuchtziele, Züchtungsansätze) sowie zur eingesetzten Haltungsumwelt (Haltungsformen, Intensität). Es erfolgte die Befragung zur zukünftig erwarteten Entwicklung der Zuchtbestände (Prognoseabfrage) sowie zur Einstellung zur Datenveröffentlichung und zum Informationsaustausch. Die strukturierte Datenerfassung erfolgte einheitlich anhand eines, nach Vorgabe der zu generierenden Datenstruktur, vorbereiteten Fragebogens (vergl. Anlage 1). Die Führung der Daten zu den Zuchtbeständen erfolgt codiert.

Von 25-30 tierschutzkonform getöteten Individuen der auch für die Mikrosatellitenanalyse ausgewählten Zuchtbestände wurden Gewebeproben (ca. 20-30 mm<sup>2</sup> große Flossensaumstücke, Eier, Embryonen) entnommen und in Probengefäßen (1,5 ml) mit unvergälltem Ethanol (96%) bis zur Analyse im Labor gelagert. Zur Verringerung der Wahrscheinlichkeit der Beprobung von Vollgeschwistern wurden nach Möglichkeit unterschiedlich alte Fische beprobt. Von allen weiteren Zuchtbeständen erfolgte zur Erfassung der Variabilität mitochondrialer Gene entsprechend die Entnahme von Gewebeproben von 10 Individuen.

Befischungsteams der Kooperationspartner führten Elektrobefischungen auf die ausgewählten potenziell selbsterhaltenden Wildbestände der Regenbogenforelle (Themenschwerpunkt 3) durch. Sofern von den Fangzahlen her möglich, wurde die Gewinnung von Gewebeproben von 25-30 tierschutzkonform getöteten und vermessenen Regenbogenforellen pro Bestand für Mikrosatelliten- und Mitochondrien-DNA-Analysen gewonnen.

Verfügbare Informationen zur Population (Ort, Ausdehnung, Populationshistorie, derzeitiger Zustand) wurden vom Fischereiberechtigten erfragt und erfasst. Der verwendete Erfassungsbogen zur Dokumentation und Untersuchung von selbstreproduzierenden Wildbeständen der Regenbogenforelle ist in Anhang 2 einzusehen.

Die Datenerfassung und Dokumentation erfolgten in der vom Auftraggeber vorgegebenen Form. Zur sicheren Unterbindung einer potenziellen Keim- und Parasitenübertragung zwischen Beständen wurde nach jeder Vor-Ort-Erfassung eine gründliche Reinigung und Desinfektion des eingesetzten Equipments vorgenommen.

### AP 3: Genetische Analysen

Im Rahmen der genetischen Charakterisierung der erfassten Bestände und ihrer Verwandtschaftsverhältnisse wurden durch den Projektpartner Dr. Klaus Kohlmann, IGB Berlin, folgende Teilleistungen erbracht:

#### **Genotypisierung von Mikrosatelliten-Loci zur Charakterisierung der genetischen Diversität innerhalb und zwischen den Beständen**

Die zu untersuchenden Mikrosatelliten-Loci waren durch die Leistungsbeschreibung vorgegeben bzw. wurden anhand der Ergebnisse des vor ca. zehn Jahren durchgeführten Erhebungsprojektes „Erfassung und Dokumentation der genetischen Vielfalt von Zuchtsalmoniden“ (Aktenzeichen 514-73.02/05BE006/2) ausgewählt, um die Vergleichbarkeit beider Studien zu gewährleisten.

Anhand der aus dem Erhebungsprojekt Az. 514-73.02/05BE006/2 vorliegenden Informationen erfolgte von den Kooperationspartnern die Auswahl von noch existenten Zuchtbeständen der Regenbogenforelle (*Oncorhynchus mykiss*) (n=15), der Bachforelle (*Salmo trutta fario*) (n=15), der Seeforelle (*Salmo trutta lacustris*) (n=10), der Äsche (*Thymallus thymallus*) (n=5), des Bachsaiblings (*Salvelinus fontinalis*) (n=8) und des Seesaiblings (*Salvelinus alpinus*) (n=3), an denen in Abfolge von etwa zehn Jahren züchterischer Bearbeitung eine wiederholte Mikrosatellitenanalyse erfolgen sollte.

Die Bezeichnung und Anzahl der je Salmonidenart genotypisierten, Loci einschließlich der Referenzen für die zugehörigen PCR-Primer sind in Tab. 2 gelistet. Die zu amplifizierenden Mikrosatelliten wurden mittels Software MultiPLX, Version 2.1 (Kaplinski et al. 2005) in PCR-Multiplexen zusammengefasst und die PCR-Protokolle für die routinemäßige Genotypisierung auf dem Kapillar-Sequenzierer CEQ 8000 (Beckman Coulter) optimiert.

Die Mikrosatelliten-Genotypen wurden mit dem GenomeLab™ GeXP Genetic Analysis System (Beckman Coulter), Modul Fragment Analysis bestimmt und tabellarisch in MS Excel gespeichert. Das Excel Add-in GenAIEx 6.5 (Peakall und Smouse 2006, 2012) wurde benutzt für:

- die Berechnung der Variabilität innerhalb der Bestände: Anzahl und Größe der Allele, Allelfrequenzen, Allelmuster, private Allele, Heterozygotie und Fixationsindex  $F_{IS}$ ,
- die Berechnung der Differenzierung zwischen den Beständen: minimale, maximale und mittlere  $F_{ST}$ -Werte sowie genetische Abstände (unbiased genetic distance; Nei 1972, 1978),
- den Export formatierter Daten über GENEPOP (Rousset 2008) nach FSTAT V2.9.3 (Goudet 1995) zur Berechnung des Allelreichtums und nach STRUCTURE, Version 2.3.4 (Pritchard et al. 2000; Falush et al. 2003) zur Ermittlung der Populationsstrukturen.

In STRUCTURE wurden K=1 bis K=10 genetische Cluster mit je 10 Wiederholungen/Simulationen getestet. In den vorangegangenen Studien an Salmonidenzuchtbeständen wurden stets weniger als 10 genetische Cluster identifiziert. Eine obere Grenze von K=10 erschien

daher sinnvoll und wurde durch die Ergebnisse auch bestätigt. Aus den resultierenden 100 Durchläufen wurde anschließend die wahrscheinlichste Anzahl genetischer Cluster K mit Hilfe des  $\Delta K$ -Wertes und dem Online-tool STRUCTURE HARVESTER (Earl und vonHoldt 2012; <http://taylor0.biology.ucla.edu/structureHarvester/>) ermittelt. Danach wurden für die wahrscheinlichste Clusteranzahl die jeweiligen 10 Simulationen mit Hilfe der Software CLUMPP, Version 1.1.2 (Jakobsson und Rosenberg 2007) zusammengeführt und mittels DISTRICT (Rosenberg 2004) grafisch dargestellt. Für die grafische Darstellung der Ergebnisse wurden dabei alle Varianten verwendet, für die STRUCTURE HARVESTER für  $\Delta K$  „peaks“ lieferte. Die in GenAIEx berechnete Matrix der paarweisen genetischen Abstände wurde zur Konstruktion von Neighbour-Joining-Dendrogrammen mittels MEGA 6.06 (Tamura et al. 2013) verwendet. Externe Bezugspunkte bzw. Referenzdatensätze standen dafür nicht zur Verfügung.

### ***mtDNA Sequenzierung***

Die zu sequenzierenden mtDNA Regionen waren in der Leistungsbeschreibung vorgegeben bzw. wurden in Absprache mit dem Auftraggeber festgelegt. Sie sind für die einzelnen Salmonidenarten einschließlich der Referenzen für die zugehörigen PCR- und Sequenzier-Primer in Tab. 3 gelistet. Für die Sequenzierung der NADH-5 Dehydrogenase bei der Äsche wurden mittels Online-tool Primer3web, Version 4.1.0 (Untergasser et al. 2012; <https://primer3.ut.ee/>) PCR- und Sequenzier-Primer neu designt, um den Vergleich mit den 529 bp langen Haplotypen von Gum et al. (2005) zu ermöglichen. Die Amplifizierung der mtDNA-Regionen mit den PCR-Primern erfolgte am IGB; die Reinigung und Sequenzierung der PCR-Produkte unter Verwendung der Sequenzier-Primer wurde von der LGC Genomics GmbH, Berlin durchgeführt.

Die Chromatogramme der erhaltenen Sequenzen wurden in das GenomeLab™ GeXP Genetic Analysis System (Beckman Coulter), Modul Sequencing importiert und anschließend im Modul Sequence Investigator unter Zuhilfenahme von Referenzsequenzen analysiert. Nach dem Alignment wurde mittels BLAST (= **B**asic **L**ocal **A**lignment **S**earch **T**ool; <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) in der NCBI GenBank nach identischen Sequenzen gesucht.

Für alle Haplotypen, die in der vorliegenden Studie nur einmal gefunden wurden, erfolgte eine unabhängige Reamplifizierung und Resequenzierung der entsprechenden DNA-Proben. Dies betraf insgesamt nur 6 Haplotypen (1 x Bachforelle, 1 x Seesaibling, 4 x Äsche), die alle durch die Wiederholung bestätigt werden konnten.

Mit der Software HapStar (Teacher und Griffiths 2011) wurde ein Haplotypen-Netzwerk aller gefundenen Haplotypen erstellt. Die Haplotypen- und Nukleotid-Diversitäten wurden auf Bestandesebene mittels DnaSP, Version 6.12 (Rozas et al. 2017) berechnet.

In die genetische Datenanalyse wurden in vorangegangenen Erhebungsprojekten an Beständen von Salmoniden gewonnene genetischen Daten sowie Literaturdaten mit einbezogen.

Tab. 2: Genotypisierte Mikrosatelliten-Loci der einzelnen Salmonidenarten (inclusive Wildbestände)

Mikrosatelliten-Locus	Regenbogenforelle	Bachforelle	Seeforelle	Bachsaibling	Seesaibling	Äsche	Referenz
<i>BFRO004</i>				x		x	Snoj et al. (1999)
<i>BFRO005</i>						x	Susnik et al. (1999a)
<i>BFRO006</i>						x	Susnik et al. (1999a)
<i>BFRO014</i>						x	Susnik et al. (1999b)
<i>BFRO015</i>						x	Susnik et al. (1999b)
<i>BFRO016</i>						x	Susnik et al. (1999b)
<i>BFRO018</i>	x			x	x	x	Susnik et al. (1999b)
<i>MST-15</i>		x	x	x	x		Estoup et al. (1993)
<i>MST-60</i>		x	x				Estoup et al. (1993)
<i>MST-73</i>	x	x	x	x	x		Estoup et al. (1993)
<i>OMM1310</i>		x	x				Palti et al. (2002)
<i>OMM1323</i>	x	x	x				Palti et al. (2002)
<i>Sco204</i>	x	x	x	x	x		DeHaan und Ardren (2005)
<i>Sco216</i>	x	x	x	x	x		DeHaan und Ardren (2005)
<i>Sfo233Lav</i>	x			x	x		Perry et al. (2005)
<i>Sfo269Lav</i>	x						Perry et al. (2005)
<i>Sfo305Lav</i>	x			x	x		Perry et al. (2005)
<i>Sfo308Lav</i>				x	x		Perry et al. (2005)
<i>Ssa_410UOS</i>	x	x	x				Cairney et al. (2000)
<i>Ssa_417UOS</i>		x	x				Cairney et al. (2000)
<i>Ssa85</i>		x	x	x			O'Reilly et al. (1996)
<i>Ssa_A86</i>	x	x	x	x		x	King et al. (2005)
<i>SSOSL85</i>	x	x	x				Slettan et al. (1995)
<b>Anzahl Loci</b>	<b>11</b>	<b>12</b>	<b>12</b>	<b>11</b>	<b>8</b>	<b>8</b>	
<b>Anzahl Bestände</b>	<b>34</b>	<b>16</b>	<b>8</b>	<b>10</b>	<b>3</b>	<b>4</b>	
<b>Anzahl Individuen</b>	<b>847</b>	<b>419</b>	<b>206</b>	<b>250</b>	<b>60</b>	<b>90</b>	

Tab. 3: Sequenzierte mtDNA Regionen der einzelnen Salmonidenarten

<b>Spezies</b>	<b>mtDNA-Region</b>	<b>PCR-Primer</b>	<b>Sequenzierprimer</b>	<b>Referenz</b>
<b>Regenbogenforelle</b>	D-Loop, partiell	F: CCA CTC TTT ACG CCG GTA G R: ACT CTT ATT GAT GGT CAG GGG CAG	ACC GGC CCT CTT AAC CTT A	Brunelli et al. (2010)
<b>Bachforelle</b>	D-Loop, komplett	L19: CCA CTA GCT CCC AAA GCT A H17: ACT TTC TAG GGT CCA TC	wie PCR-Primer	Bernatchez et al. (1992)
<b>Seeforelle</b>	D-Loop, komplett	L19: CCA CTA GCT CCC AAA GCT A H17: ACT TTC TAG GGT CCA TC	wie PCR-Primer	Bernatchez et al. (1992)
<b>Bachsaibling</b>	D-Loop, partiell	LN20: ACC ACT AGC ACC CAA AGC TA HN20: GTG TTA TGC TTT AGT TAA GC	H2: CGT TGG TCG GTT CTT AC	Bernatchez und Danzmann (1993)
<b>Seesaibling</b>	D-Loop, partiell	L19: CCA CTA GCT CCC AAA GCT A H17: ACT TTC TAG GGT CCA TC	H17	Bernatchez et al. (1992)
<b>Äsche</b>	NADH-5 Dehydrogenase, partiell	TH1F: ACA GCT CAT CCG TTG GTC TT TH1R: AGG TCT TTT GAG GAG GCG AA	wie PCR-Primer	neu designt für diese Studie

Die gesammelten Daten wurden am Institut für Binnenfischerei e.V. Potsdam-Sacrow zusammengeführt und unter Einhaltung des Bundesdatenschutzgesetzes abgelegt. Nach den Anforderungen der entsprechenden Themenschwerpunkte erfolgten die Datenauswertung und die Ableitung von Empfehlungen:

*Schwerpunkt 1, Laichfischbestände von Fischzüchtern: Mikrosatelliten-Analysen zur Charakterisierung der Variabilität innerhalb und zwischen den Beständen der Salmonidenarten*

Anhand des Vergleichs der im Rahmen des Erhebungsprojektes Az. 514-73.02/05BE006/2 und in der vorliegenden Erhebung gesammelten Informationen wurde die Entwicklung des Bestandes an Salmonidenzuchtbeständen und ihrer züchterischen Bearbeitung in Deutschland dargestellt. Anhand der für die Mikrosatellitenanalyse ausgewählten Laichfischbestände wurde der Einfluss der erfolgten züchterischen Bearbeitung auf ihren genetischen Status abgeleitet.

*Schwerpunkt 2, Salmonidenstämme aus Aquakultur: Vergleich der Zuchtbestände mit wildlebenden Verwandten anhand mitochondrialer DNA-Sequenzen*

Anhand der im Vorhaben erfolgten Sequenzanalyse der mitochondrialen DNA wurde, durch den Vergleich zu in vorangegangenen Erhebungsprojekten an Wildfischbeständen von Salmoniden gewonnenen Daten sowie Literaturdaten, die Ableitung von Besatzempfehlungen für die in Deutschland existenten genetischen Managementeinheiten möglich. Salmonidenerzeugern und Bewirtschaftern von Wildfischbeständen wird damit ein Werkzeug zur Verfügung gestellt, welches die Beurteilung der Eignung von Besatzfischen für bestimmte Regionen und Gewässer ermöglicht. Informationen für ein nachhaltiges fischereiliches Management wurden in dieser Form erarbeitet.

*Schwerpunkt 3, Regenbogenforelle: Genetischer Vergleich der deutschen Zucht- und wildlebenden Bestände der Regenbogenforelle*

Wildfischbestände der Regenbogenforelle mit Hinweisen auf Selbsterhalt in natürlichen Gewässern in Deutschland wurden ermittelt. Anhand von neun ausgewählten Wildfischbeständen der Regenbogenforelle wurden Parameter zu ihrer genetischen Diversität erfasst und mit denen von Zuchtbeständen in der Regenbogenforellenzucht verglichen und bewertet. Es wurde nach genetischen Besonderheiten, welche ihre Bedeutung als genetische Ressource charakterisieren, recherchiert.

#### **AP 4: Koordination, Datenhaltung, Auswertung, Berichtstellung und Datenübergabe**

Der Hauptauftragnehmer Institut für Binnenfischerei e.V. Potsdam-Sacrow koordinierte die erforderlichen Arbeiten der Kooperationspartner. Gemäß der erforderlichen Berichtspflichten, Ausführungsfristen und Gliederungsvorgaben erfolgte die Abfassung von Zwischenberichten

und die Abfassung eines Abschlussberichtes zum Projektende. Die erfassten Rohdaten wurden dem Auftraggeber zur Verfügung gestellt.

## **5. Ausführliche Darstellung der Ergebnisse**

### **AP 1: Recherche nach aktuell in Deutschland existierenden Laichfischbeständen von Salmonidenarten**

Basierend auf den bereits aus dem Erhebungsprojekt Az. 514-73.02/05BE006/2 bestehenden Informationen, Kontakten und Datenstrukturen erfolgte die Zusammenstellung der aktuell in Deutschland existierenden Zuchtbestände von Salmonidenarten.

Tab. 4a/b listet die von den zuständigen Landesfischereibehörden und Landesfischereiforschungsanstalten genannten und recherchierten Haupterwerbsbetriebe und Institutionen mit eigenen Salmonidenzuchtbeständen.

In drei Bundesländern stieg die Zahl von Betrieben und Institutionen mit eigenen Salmonidenzuchtbeständen leicht an. In drei Bundesländern blieb die Zahl stabil, in fünf Bundesländern verringerte sich die Anzahl von Betrieben/Institutionen mit Salmonidenzuchtbeständen. Über das gesamte Bundesgebiet betrachtet verringerte sich die Zahl von Betrieben / Institutionen mit eigenen Salmonidenzuchtbeständen von 77 auf 71 um rund 8 %.

Nach geographischer Aufteilung der Bundesländer mit Betrieben in Nord (BB, MV, NI, NW, SH) und Süd (BW, BY, RP, SN, TH) ergibt sich eine Verteilung von gut einem Drittel Salmoniden haltender Betriebe (n=25), die im Norden der Bundesrepublik liegen. Mit 46 Betrieben liegen knapp zwei Drittel der Salmonidenzuchten in südlichen Bundesländern. 10 Betriebe (14 %) liegen in östlichen Bundesländern (BB, MV, SN, TH), 61 Zuchtbestände haltende Salmonidenbetriebe (86 %) sind in westlichen Bundesländern (BW, BY, NI, NW, RP, SH) zu finden. In der Erhebung 2005-2008 lag der Anteil von Betrieben mit Salmonidenzuchtbeständen aus den östlichen Bundesländern mit n=14 noch bei 18 %. Bayern weist, gefolgt von Baden-Württemberg und Niedersachsen, nach wie vor die meisten Salmonidenbetriebe mit Zuchtbeständen auf.

Tab. 4a/b: Listung von Haupterwerbsbetrieben / Institutionen mit eigenen Salmonidenzuchtbeständen nach Bundesländern

a) Erhebungszeitraum 2005-2008:

Bundesland											
BB	BW	BY	HE	MV	NI	NW	RP	SN	SH	TH	<b>Gesamt</b>
2	15	21	2	1	13	9	1	5	2	6	77

b) Aktuelle Erhebung 2017-2019:

Bundesland											
BB	BW	BY	HE	MV	NI	NW	RP	SN	SH	TH	<b>Gesamt</b>
2	16	18	4	1	14	7	1	3	1	4	71

**Rot:** Verringerung gegenüber Erhebung 2005 – 2008

**Blau:** Erhöhung gegenüber Erhebung 2005 - 2008

In Tab. 5a/b sind die nach Art und Bundesland aufgeschlüsselten Salmonidenzuchtbestände während des Erhebungszeitraums 2005-2008 im Vergleich zu den während des aktuellen Erhebungszeitraums ermittelten Beständen aufgeführt.

Tab. 5a/b: Salmonidenzuchtbestände nach Art und Bundesländern

a) Erhebungszeitraum 2005-2008:

Fischart	Bundesland											Gesamt
	BB	BW	BY	HE	MV	NI	NW	RP	SN	SH	TH	
Regenbogenforelle	3	11	17	1	1	20	8	3	3		8	<b>75</b>
Bachforelle		11	17	2		10	9	1	3	2	6	<b>61</b>
Seeforelle		2	7			1	1		1			<b>12</b>
Bachsaibling		2	14	1		3	1	1	1		2	<b>25</b>
Seesaibling		1	5			1		1	2			<b>10</b>
Äsche		1	4	1		1						<b>7</b>
<b>Gesamt</b>	<b>3</b>	<b>28</b>	<b>64</b>	<b>5</b>	<b>1</b>	<b>36</b>	<b>19</b>	<b>6</b>	<b>10</b>	<b>2</b>	<b>16</b>	<b>190</b>

b) Aktuelle Erhebung 2017-2019:

Fischart	Bundesland											Gesamt
	BB	BW	BY	HE	MV	NI	NW	RP	SN	SH	TH	
Regenbogenforelle	3	10	16	3	2	20	7	3	0	1	4	<b>69</b>
Bachforelle	1	8	17	3		7	6	3	2	1	4	<b>52</b>
Seeforelle		1	9			0	1		0			<b>11</b>
Bachsaibling	1	3	10	1		3	4	0	0		2	24
Seesaibling		0	5			0	0	0	0			<b>5</b>
Äsche		1	4	1		1						<b>7</b>
<b>Gesamt</b>	<b>5</b>	<b>23</b>	<b>61</b>	<b>8</b>	<b>2</b>	<b>31</b>	<b>18</b>	<b>6</b>	<b>2</b>	<b>2</b>	<b>10</b>	<b>168</b>

**Rot:** Verringerung gegenüber Erhebung 2005 – 2008

**Blau:** Erhöhung gegenüber Erhebung 2005 - 2008

Tab. 6a/b stellt die prozentualen Veränderungen der Anzahlen von Salmonidenzuchtbeständen, gegliedert nach Arten bzw. Bundesländern, zwischen den Erfassungszeiträumen 2005 – 2008 und 2017 – 2019 dar.

Tab. 6a/b: Prozentuale Veränderungen der Anzahlen an Salmonidenzuchtbeständen zwischen den Erfassungszeiträumen 2005 – 2008 und 2017 – 2019

a) gegliedert nach Fischarten

Regenbogenforelle	-8 %
Bachforelle	-15 %
Seeforelle	-8 %
Bachsaibling	-4 %
Seesaibling	-50 %
Äsche	keine Änderung
<b>Über alle Arten</b>	<b>-12 %</b>

b) gegliedert nach Bundesländern

Brandenburg	+67 %
Baden-Württemberg	-18 %
Bayern	-5 %
Hessen	+60 %
Mecklenburg-Vorpommern	+100 %
Niedersachsen	-14 %
Nordrhein-Westfalen	-5 %
Rheinland-Pfalz	keine Veränderung
Sachsen	-80 %
Schleswig-Holstein	keine Veränderung
Thüringen	-38 %

Über alle Salmonidenarten betrachtet reduzierte sich die Anzahl der deutschlandweit gehaltenen Zuchtbestände von 190 auf 168 Bestände um rund 12 %. Sowohl bei den Zuchtbeständen, welche in erster Linie zur Speisefischerzeugung eingesetzt werden (Regenbogenforelle, Bachsaiibling) als auch bei den primär für die Satzfisherzeugung verwendeten Arten (Äsche, Bachforelle, Seeforelle, Seesaibling) sind zum Teil erhebliche Rückgänge an Bestandszahlen zu beobachten.

Zwischen der Ersterfassung 2005 – 2008 und der aktuellen Erfassung 2017 - 2019 kam es zu einer Umstellung der Erhebung von Produktionsmengen in der Salmonidenproduktion in Deutschland. Der als Datengrundlage für die Salmonidenerzeugung in der deutschen Aquakultur verwendete „Jahresbericht zur deutschen Binnenfischerei und Binnenaquakultur“ basierte vor dem Berichtsjahr 2012 stets auf Angaben der Fischereibehörden der Bundesländer, fischereilicher Landesinstitutionen, des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz, der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung sowie, speziell bei Angaben zu Gewässerflächen und im Bereich Fischhandel, auch des Statistischen Bundesamtes. Ab dem Berichtsjahr 2012 wurde nach Vorgaben der europäischen Aquakulturstatistikverordnung (EG 762/2008) und des geänderten deutschen Agrarstatistikgesetzes von den Statistischen Landesbehörden und dem Statistischen Bundesamt eine Erhebung über die Erzeugung in Aquakulturbetrieben durchgeführt, veröffentlicht und im Jahresbericht zur deutschen Binnenfischerei und Binnenaquakultur verwendet (Brämick 2014).

Die Umstellung führte zu einer sprunghaften Verringerung der statistisch erfassten Produktionsmengen zwischen den Jahren 2011 und 2012. Insofern ist eine Korrelation von Produktionsmengen und Anzahlen an Salmonidenzuchtbeständen kein zielführender Ansatz zur Untersuchung eines direkten Zusammenhanges zwischen Produktionsmengen und der Entwicklung von Anzahlen an Salmonidenzuchtbeständen. Werden die Produktionsmengen bis 2011 und ab 2012 betrachtet, verbleibt die Salmonidenproduktion in Deutschland (bei steigenden Importen) auf einem eher einheitlichen Niveau (Brämick 2018; Abb. 1). Ein unmittelbarer Zusammenhang von Produktionsmenge und Anzahlen an Laichfischbeständen scheint somit nicht gegeben.

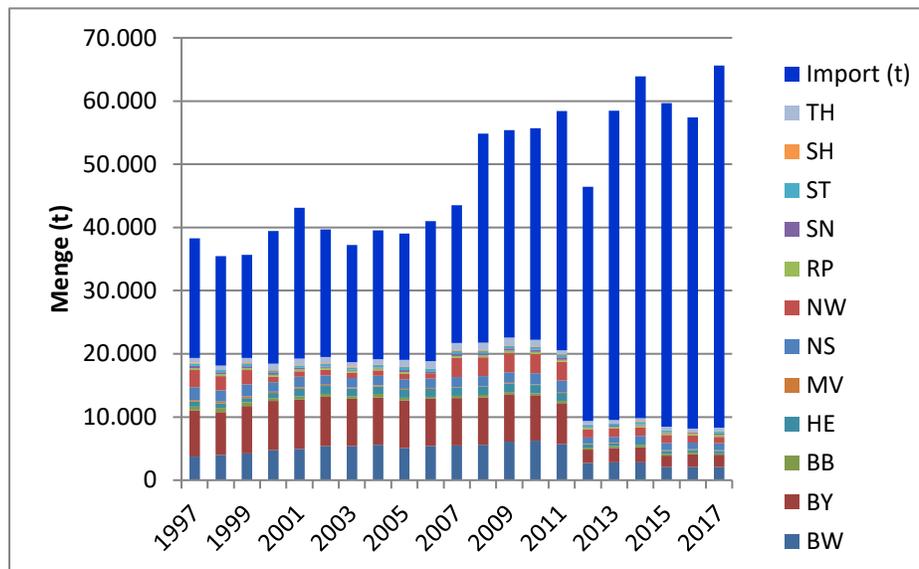


Abb. 1: Entwicklung der Salmonidenproduktion in Deutschland vor und nach Umstellung der Erfassungsstatistik im Jahr 2012 (aus Brämick, 2018).

Im Falle von Zuchtbeständen der Regenbogenforelle ist sicherlich eher die Gefahr des Verlustes der Wettbewerbsfähigkeit heimischer Regenbogenforellenzüchter mit eigenen Zuchtbeständen gegenüber Züchtern aus den USA, Skandinavien und Frankreich, wo differenzierte Zuchtprogramme auf der Basis von Verwandtenleistungen (Familienselektion) betrieben werden, gegeben. Das international gehandelte Besatzmaterial (Eier, Setzlinge) aus züchterisch intensiv bearbeiteten Regenbogenforellenzuchtbeständen führt zumeist zu, während der Ausmast bevorzugten, rein weiblichen Haltungsguppen. Vielfach erweisen sich diese Bestände den Nachkommenschaften der heimischen, züchterisch weniger intensiv bearbeiteten Regenbogenforellenzuchtbeständen bei Wachstumsleistung und Futterausnutzung als überlegen. Ohne Aufnahme international konkurrenzfähiger Zuchtprogramme und Züchtungstechniken für Salmonidenzuchtbestände in Deutschland ist zukünftig mit der Einstellung weiterer Zuchtbestände der Regenbogenforelle in Deutschland zu rechnen.

Die deutschen Salmonidenzüchter und damit die aquatischen genetischen Ressourcen in Form von Zuchtbeständen entsprechender Arten, profitierten viele Jahre vom Satzfishmarkt. Aktuell vermehren jedoch insbesondere bayerische Satzfisherzeuger eine zurückgehende Nachfrage nach Satzfishen. Die Zunahme an Fischprädatoren (insbesondere an Fischottern) scheint potenzielle Satzfishkunden wie Anglervereine und Kleinstproduzenten von Besatzmaßnahmen abzuhalten. Dieser Hintergrund erklärt ggf. die sinkende Anzahl von Zuchtbeständen von Salmonidenarten mit Potenzial für den Besatz natürlicher Gewässer.

Lediglich in Bundesländern, in denen die Haltung von Salmonidenzuchtbeständen bereits während des Erfassungszeitraums 2005 - 2008 eine untergeordnete Rolle spielte (BB, MV, HE), sind in den vergangenen zehn Jahren einige Zuchtbestände hinzugekommen. Aufgrund der hier kleinen Ausgangsbasis wirken sich die geringen, hinzugekommenen Bestandszahlen prozentual recht deutlich aus.

Anhand der aus dem Erhebungsprojekt Az. 514-73.02/05BE006/2 vorliegenden Informationen erfolgte von den Kooperationspartnern die Auswahl von noch existenten Zuchtbeständen der Regenbogenforelle (n=15), der Bachforelle (n=15), der Seeforelle (n=10), der Äsche (n=5), des Bachsaiblings (n=8) und des Seesaiblings (n=3), an denen in Abfolge von etwa zehn Jahren züchterischer Bearbeitung eine wiederholte Mikrosatellitenanalyse erfolgte.

Alle aktuell beprobten Salmonidenzuchtbestände von Äschen, Bachsaiblings, Seesaiblings und Seeforellen wurden der Mikrosatellitenanalyse zugeführt. Unter den Regenbogenforellen- und Bachforellenbeständen wurden regional verteilt diejenigen für eine wiederholte Mikrosatellitenanalyse ausgewählt, die bei der Ersterfassung zwischen 2005 und 2008 einen hohen Grad an züchterischer Bearbeitung (eine hohe Zuchtstufe) aufwiesen. Die Zuchtstufen wurden für die Auswahl wie folgt definiert:

*Zuchtstufe 0:*

Der Zuchtbestand besteht aus einer Gruppe adulter Tiere, die einem permanenten Austausch durch andere Fische (aus eigenen Nachkommenschaften, zugekauften Beständen, Wildfängen, etc.) unterliegt. Die Vermehrung erfolgt nach rein zufälliger Auswahl der Paarungspartner.

*Zuchtstufe 1:*

Der Zuchtbestand besteht aus einer Gruppe adulter Tiere, die über mehrere Reproduktionszyklen speziell für die Vermehrung gehalten wird. Die Vermehrung erfolgt nach rein zufälliger Auswahl der Paarungspartner. Zur Blutauffrischung können gelegentlich Tiere von außen in den Bestand hereingenommen werden.

*Zuchtstufe 2:*

Der Zuchtbestand besteht aus einer Gruppe adulter Tiere, die über mehrere Reproduktionszyklen speziell für die Vermehrung gehalten wird. Die Vermehrung erfolgt nach gerichteter Selektion der Paarungspartner. Zur Blutauffrischung können gelegentlich Tiere von außen in den Bestand hereingenommen werden.

### *Zuchtstufe 3:*

Der Zuchtbestand besteht aus einer Gruppe adulter Tiere, die über mehrere Reproduktionszyklen speziell für die Vermehrung gehalten werden. Die Vermehrung erfolgt nach gerichteter Selektion der Paarungspartner. Der Bestand wird geschlossen geführt. Die Remontierung der Laichfische erfolgt lediglich aus ihren eigenen, selektierten Nachkommenschaften. Eine Blutauffrischung durch Tiere von außen ist ausgeschlossen.

## **Recherche nach selbsterhaltenden Wildbeständen der Regenbogenforelle**

Den Kooperationspartnern standen aus eigenen Datenbanken, den Fischartenkatastern der Länder und durch enge Kontakte zu anderen Fischereifachstellen der Länder deutschlandweit Informationen zur Abundanz von potenziell selbsterhaltenden Wildbeständen der Regenbogenforelle zur Verfügung.

## **AP 2: Vor-Ort-Erfassungen zur Gewinnung von Bestandsdaten und von Gewebeproben zur genetischen Analyse von Salmonidenzuchtbeständen**

Die eingebundenen Betriebsleiter kooperierten zumeist nach besten Möglichkeiten und zeigten sich interessiert an den Ergebnissen der Erhebungsstudie. Eine zunehmend enge Personaldecke und die damit einhergehende hohe Arbeitsbelastung erschwerte den Betriebsleitern jedoch häufig die Terminfindung für die notwendigen Vor-Ort-Beprobungen.

Anfang 2018 kam es in Nordrhein-Westfalen zu einem Ausbruch der meldepflichtigen, insbesondere für die Regenbogenforelle, hoch ansteckenden Viruserkrankung VHS. Die Beprobung niedersächsischer, geographisch nah an NRW verorteter Bestände wurde durch das potenzielle Risiko einer Seuchenübertragung durch die erfassende/beprobende Person zeitlich verzögert oder verhindert.

Einige Betriebsleiter verweigerten die Kontaktaufnahme gänzlich oder verwiesen auf die akute Einstellung der Haltung ihrer ehemaligen Zuchtbestände.

### ***Betriebe / Zuchtbestandszahlen***

Von den 71 nachgewiesenen Betrieben mit Salmonidenzuchtbeständen (vergl. Tab. 4b) ermöglichten schließlich 56 Betriebe Vor-Ort-Besuche für Befragungen und Probenahmen.

Sicherlich mitbedingt durch nicht immer aktuelle Statistiken, ergaben sich während der Vor-Ort-Befragungen mehrfach Diskrepanzen zwischen den von Fischereibehörden gemeldeten Zahlen zu gehaltenen Beständen und Arten (vergl. Tab. 5b) und den auf den Betrieben schließlich vorgefundenen Beständen. Von den 168 nach behördlicher Datenführung in Deutschland nachgewiesenen Salmonidenzuchtbeständen konnten im Rahmen der vorliegenden Erhebungsstudie schließlich 136 Bestände beprobt werden (Tab. 7).

Tab. 7: Beprobte Salmonidenzuchtbestände nach Art und Bundesland

Fischart	Bundesland											Gesamt
	BB	BW	BY	HE	MV	NI	NW	RP	SN	SH	TH	
Regenbogenforelle	3	9	14	2	2	17	5	3		1	3	59
Bachforelle	1	6	15	3		7	5	3	2	1	2	45
Seeforelle		1	7 <sup>1</sup>				1					9
Bachsaibling	1	0	8	1		3	1				1	15
Seesaibling			3									3
Äsche		0	4	1 <sup>1</sup>		0						5
<b>Gesamt</b>	<b>5</b>	<b>16</b>	<b>51</b>	<b>7</b>	<b>2</b>	<b>27</b>	<b>12</b>	<b>6</b>	<b>2</b>	<b>2</b>	<b>6</b>	<b>136</b>

**Rot:** Verringerung gegenüber nachgewiesenen Beständen (Tab. 3b)

<sup>1</sup>: keine Probennahme möglich

Die vorliegende Erhebungsstudie offenbarte eine deutliche Fluktuation unter den in Deutschland gehaltenen Salmonidenzuchtbeständen. Diverse 2005 bis 2008 noch existente Zuchtbestände sind erloschen bzw. aus ursprünglich separat geführten Zuchtbeständen zusammengeführt worden. Vielfach sind jedoch auch Zuchtbestände von für die Satzfisherzeugung interessanten Arten (insb. Bachforelle) bzw. gelb/goldgefärbte Regenbogenforellenbestände und Bachsaiblingsbestände zur Erhöhung der Produktvielfalt bei der Speisefischerzeugung hinzugekommen.

Tab. 8 stellt die seit der vorangegangenen Erhebungsstudie (2005 – 2008) in den Betrieben hinzugekommenen Salmonidenzuchtbestände gegliedert nach Arten und Bundesländern, dar.

Tab. 8: Seit der Erhebungsstudie 2005 – 2008 hinzugekommene Salmonidenzuchtbestände nach Art und Bundesland

Fischart	Bundesland										Gesamt	
	BB	BW	BY	HE	MV	NI	NW	RP	SN	SH		TH
Regenbogenforelle		1	2	2	1	2	2					10
Bachforelle	1	1	1	1		3	1		1	1		10
Seeforelle							1					1
Bachsaibling				1		2						3
Seesaibling			1									1
Äsche			1									1
<b>Gesamt</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>5</b>	<b>4</b>	<b>1</b>	<b>7</b>	<b>4</b>		<b>1</b>	<b>1</b>		<b>26</b>

Unter den 136 im Detail untersuchten Salmonidenzuchtbeständen liegt der Anteil der innerhalb von zehn Jahren neu hinzugekommenen Beständen bei rund 19 %. Bei im Vergleich zur vorangegangenen Erhebung 2005-2008 insgesamt zurückgehenden Anzahlen an Salmonidenzuchtbeständen in einer Größenordnung von 12 % (vergl. Tab. 6a) ist von einer Rate an erloschenen bzw. bestenfalls an einen neuen Standort versetzen Salmonidenzuchtbeständen von mindestens einem Viertel der in Deutschland geführten Bestände innerhalb von ca. zehn Jahren auszugehen. Von Kontinuität bei der Führung und züchterischen Entwicklung der Salmonidenzuchtbestände in Deutschland ist somit vielfach nicht auszugehen.

Bei den neu hinzugekommenen Salmonidenzuchtbeständen handelte es sich in acht Fällen um von anderen Züchtern bezogene Tiere. Ein Bestand wurde durch züchterische Bearbeitung aus einem am Standort bereits existierenden Zuchtbestand entwickelt. In sechs Fällen bestand die Basispopulation aus (Bachforellen/Seesaiblings-) Wildfängen spezifizierter Herkunft. In 11 Fällen wurden keine Angaben zur Herkunft der Basispopulation des neu aufgebauten Zuchtbestandes gemacht.

### ***Zuchtbestände auf Betrieben / Bestandsgrößen***

Auf einzelnen Betrieben werden sechs und mehr verschiedene Zuchtbestände von bis zu fünf Salmonidenarten gehalten. Die Bestände existieren zum Teil seit mehr als 100 Jahren in den Betrieben. Pro Geschlecht werden Bestandsgrößen an adulten Laichfischen von bis zu 3.000 Tieren gehalten.

## ***Einverständnis Datenveröffentlichung***

Die im Rahmen der vorliegenden Erhebungsstudie auf den Betrieben erfassten Daten wurden in anonymisierter Form an den Hauptauftragnehmer weitergeleitet und dort entsprechend geführt. Aufgrund der in der Gesellschaft zunehmenden Sensibilität gegenüber der Verwendung und Weitergabe von Daten erfolgte im Rahmen der vorliegenden Erhebungsstudie die Befragung der Betriebsleiter hinsichtlich ihrer Bereitschaft:

- a) Anfragen zu den bei ihnen erhobenen Daten an sie weiterzuleiten,
- b) zum Austausch der erfassten Daten mit anderen befragten und entsprechend kooperierenden Kollegen,
- c) die erfassten Daten für die Öffentlichkeit zugänglich zu machen.

Tab. 9 gibt Auskunft über die von den befragten Betriebsleitern hierzu erhaltenen Antworten.

Tab. 9: Beantwortung von Fragen zur Bereitschaft zum Datenaustausch / zur Datenveröffentlichung

	<b>Ja</b> (n)	<b>Anonym</b> (n)	<b>Nein</b> (n)
Weiterleitung Anfragen	48		8
Austausch mit teilnehmenden Kollegen	18	35	3
Zugänglichkeit für die Öffentlichkeit	17	36	3

Die überwiegende Zahl der Betriebsleiter erklärte sich bereit, die erhobenen Daten zumindest in anonymisierter Form mit kooperierenden Kollegen auszutauschen bzw. der Öffentlichkeit zugänglich zu machen. Drei Betriebsleiter bevorzugten keine Datenherausgabe. Die von ihren Zuchtbeständen erhobenen Daten konnten dem Auftraggeber entsprechend nicht zum Einpflegen in die AGRDEU-Datenbank zur Verfügung gestellt werden.

Acht befragte Betriebsleiter verwehrten sich gegen die Weiterleitung von Anfragen zu den bei ihnen geführten Zuchtbeständen. Hier spiegelt sich vermutlich die hohe Arbeitsauslastung auf den Betrieben wider, die offenbar keinen zusätzlichen Aufwand für eine Fragenbeantwortung zuzulassen scheint.

## ***Nutzungsrichtungen***

Abgabewege für die kommerzielle Nutzung der erfassten Salmonidenzuchtbestände in Deutschland sind in Tab. 10 aufgeführt. Insgesamt wurden unter den 136 untersuchten Salmonidenzuchtbeständen 92 über Eiverkauf, 125 über Setzlingsverkauf und 96 über Speisefischverkauf vermarktet.

Tab. 10: Abgabewege für Salmonidenzuchtbestände nach Arten

Nutzungs- richtung	Klassifizierung	Zutreffend für n Zuchtbestände der Arten					Ä n=5
		Rf n=59	Bf n=45	Sf n=9	Bs n=15	Ss n=3	
Abgabeweg	Eiverkauf	39	34	8	9	2	
	Setzlingsverkauf	52	45	8	12	2	5
	Speisefischverkauf	45	33	4	13	1	

Rf: Regenbogenforelle; Bf: Bachforelle; Sf: Seeforelle; Bs: Bachsaibling; Ss: Seesaibling; Ä: Äsche

Ein Großteil der Betriebe vermarktet die vorhandenen Zuchtbestände über den Verkauf aller drei Entwicklungsstadien (Eier, Setzlinge, Speisefische). Lediglich bei der Äsche werden ausschließlich Setzlinge abgegeben. Unter den Regenbogenforellenbeständen fällt auf, dass die Vermarktung über den Setzlingsverkauf häufiger genannt wurde als die Vermarktung über Speisefischverkauf. Das kann bei dieser Speisefischart als Hinweis auf eine gewisse Spezialisierung auf die Reproduktion und Setzlingserzeugung gedeutet werden. Die Abgabe von Setzlingen (und Eiern) wird primär an Kollegen erfolgen, die sich auf die Speisefischerzeugung fokussiert haben. Obgleich diese Fischart produktionstechnologisch aufwändiger ist als die Regenbogenforelle werden unter den Bachforellenbeständen überraschend viele (auch) als Speisefisch vermarktet.

### ***Haltungsumwelt***

Die untersuchten Salmonidenzuchtbestände wurden während der Brutphase erwartungsgemäß überwiegend in Brutschränken (99 Nennungen) und Rinnen (100 Nennungen) gehalten. Lediglich bei zwei Bachforellen- und drei Regenbogenforellenbeständen erfolgte bereits die Haltung von Brut in Teichen. In drei Fällen erfolgte die Brutaufzucht in Einrichtungen mit Kreislaufführung des Haltungswassers. Während der Setzlingsaufzucht verlagerte sich die Haltungsform in Teichen (98 Nennungen), Becken (80 Nennungen) und Rinnen (42 Nennungen). Im Kreislauf erfolgte die Setzlingshaltung lediglich in drei Beständen. Die Speisefischhaltung wurde vornehmlich in Teichen (110 Nennungen) durchgeführt. In Rinnen oder Becken wurden Speisefische lediglich in 41 Beständen gehalten. Kreislaufanlagen kamen bei der Speisefischhaltung nicht zum Einsatz. Die Laichfischhaltung erfolgte ebenfalls überwiegend in Teichen (114 Nennungen) und nur zu einem kleinen Anteil in Becken oder Rinnen (31 Nennungen). Bei keinem der untersuchten Salmonidenzuchtbestände erfolgte die Haltung in Netzgehegen.

Werden auch die Brutstadien in aller Regel unter Dach in Bruthäusern aufgezogen, so erfolgt die Setzlingshaltung und Ausmast in Salmonidenzuchtbeständen in Deutschland in aller Regel unter

freiem Himmel (128 Nennungen). Lediglich im Falle von 12 Beständen wurde auch die Haltung unter Dach benannt.

Tab. 11 stellt für die Fischarten Äsche, Bachforelle, Bachsaibling, Regenbogenforelle, Seeforelle und Seesaibling die zu weiteren Fragenbereichen zur Haltungsumwelt gebildeten Klassen und die Anzahl der jeweils zugeordneten Zuchtbestände dar.

Tab. 11: Klassifizierung der untersuchten Salmonidenzuchtbestände zum Fragenkomplex „Haltungsumwelt“ gegliedert nach Arten

Haltungsumwelt	Klassifizierung	Zutreffend für n Zuchtbestände der Arten					
		Rf n=59	Bf n=45	Sf n=9	Bs n=15	Ss n=3	Ä n=5
Futtergrundlage	Zufütterung	1	1	1			1
	Alleinfuttermittel	48	37	7	13	3	3
Besatzdichte bei Brut	gering (bis 10 kg/m <sup>3</sup> )	20	9	1	2		2
	mittel (10-40 kg/m <sup>3</sup> )	22	23	6	10	3	
	hoch (über 40 kg/m <sup>3</sup> )	1	1				
Besatzdichte bei Setzlingen	gering (bis 10 kg/m <sup>3</sup> )	8	11	1			2
	mittel (10-40 kg/m <sup>3</sup> )	33	23	6	12	3	
	hoch (über 40 kg/m <sup>3</sup> )	9	4		2		
Besatzdichte bei Speisefischen	gering (bis 10 kg/m <sup>3</sup> )	5	7	1			
	mittel (10-40 kg/m <sup>3</sup> )	33	26	5	9	2	
	hoch (über 40 kg/m <sup>3</sup> )	12	4		5	1	
Besatzdichte bei Laichfischen	gering (bis 10 kg/m <sup>3</sup> )	9	12	2			2
	mittel (10-40 kg/m <sup>3</sup> )	37	24	4	12	3	
	hoch (über 40 kg/m <sup>3</sup> )	4	2		1		
Bestandsgröße	bis 100 adulte Tiere	10	4	2	2		
	100-1000 adulte Tiere	42	36	6	8	2	3
	über 1000 adulte Tiere	5	2	1	3		1

Rf: Regenbogenforelle; Bf: Bachforelle; Sf: Seeforelle; Bs: Bachsaibling; Ss: Seesaibling; Ä: Äsche

Die Salmonidenzuchtbestände wurden, bis auf vier Ausnahmen, unter Einsatz von Alleinfuttermitteln gehalten. Bei vier Beständen wurde aufgrund der geringen Besatzdichte angenommen, dass das Naturfutteraufkommen eine nennenswerte Ergänzung der Alleinfuttermittelgrundlage darstellt.

Die von den Betriebsleitern eingestellten Besatzdichten nehmen bei der Haltung von Salmonidenzuchtbeständen in Deutschland erwartungsgemäß von der Brutaufzucht bis zur Speisefischhaltung zu. Die Haltung von Brut erfolgt in zwei Beständen bei recht hohen Besatzdichten oberhalb 40 kg/m<sup>3</sup>, bei der Setzlingsaufzucht im Falle von 15 Beständen und im Rahmen der Speisefischhaltung bei 22 Beständen. Die Laichfischhaltung erfolgt wiederum bei eher reduzierter Haltungsintensität. Hier wurden Haltungsdichten von oberhalb 40 kg/m<sup>3</sup> nur für sieben Bestände genannt.

Mit lediglich rund 16 % der Salmonidenzuchtbestände, die während der Speisefischhaltung bei Besatzdichten von oberhalb 40 kg/m<sup>3</sup> gehalten werden, ist das in Deutschland vorgefundene Intensitätsniveau in der Regel eher gering bis mäßig. Tendenziell erfolgt die Haltung der vornehmlich für die Speisefischerzeugung genutzten Salmonidenarten (Regenbogenforelle und Bachsaibling) unter höheren Haltungsintensitäten als die Haltung von Zuchtbeständen der Arten Äsche, Bachforelle, Seeforelle und Seesaibling, die zu einem größeren Anteil für Besatzzwecke eingesetzt werden. So liegt der Anteil der bei Besatzdichten oberhalb von 40 kg/m<sup>3</sup> gehaltenen Regenbogenforellen- und Bachsaiblingsbestände bei rund 23 %, bei den anderen Arten hingegen bei knapp 8 %.

Die Populationsgröße der gehaltenen Salmonidenzuchtbestände lag im Regelfall bei Stückzahlen von 100 bis 1000 adulten Tieren, nur im Falle von 11 Beständen oberhalb von 1000 Tieren. Bei 18 Beständen war die Bestandsgröße mit weniger als 100 adulten Tieren im Laichfischbestand eher gering.

Salmonidenzuchtbestände werden damit in Deutschland üblicherweise, wie bereits während der vorangegangenen, von 2005 bis 2008 durchgeführten Erhebungsstudie beobachtet, bei geringer bis mittlerer Intensität (Alleinfuttermittel, geringe bis mittlere Besatzdichten) vornehmlich in Teichanlagen gehalten. Der Einsatz von Kreislauftechnologie spielt in der Haltung von Salmonidenzuchtbeständen bislang eine untergeordnete Rolle.

Wie aus Tab. 9 abzuleiten, wurden von den Betriebsleitern nicht immer zu allen Fragen zu den bei ihnen zum Einsatz kommenden Haltungsbedingungen vollständige Angaben erteilt.

### **Züchterische Bearbeitung**

Die Erhebungsergebnisse zu den erfassten Salmonidenzuchtbeständen im Fragenkomplex „züchterische Bearbeitung“ sind, gegliedert nach Arten, Tab. 12 zu entnehmen.

Zur Beurteilung eines möglichen genetischen Flaschenhalses bereits zu Beginn des Aufbaus von Zuchtbeständen sind Informationen über die Anzahl der als Basispopulation zur Verfügung stehenden Tiere hilfreich. Für lediglich 50 der 136 näher untersuchten Salmonidenzuchtbestände konnten von den Betriebsleitern Angaben zur ungefähren Größe der Basispopulation gemacht werden. Während des Bestandsaufbaus, häufig vor über 20 Jahren

(s.u.), wurden entsprechende Informationen in vielen Fällen nicht dokumentiert oder sind im Laufe der Zeit (Generationswechsel; Betriebsübernahmen) verloren gegangen. Genannt wurden Basispopulationsgrößen von zwei bis zu rund 100.000 Tieren. Die am häufigsten genannte Basispopulationsgröße betrug über 50 Tiere. In knapp zwei Dritteln der 135 Nennungen bestand die Basispopulation aus Fischen einer Herkunft. Mindestens zwei Herkünfte wurden für die Zusammenstellung der Basispopulationen von 57 Laichfischbeständen herangezogen. Im Falle von 66 Salmonidenzuchtbeständen konnten die Betriebsleiter weitere Informationen zur Herkunft der Basispopulation geben.

Tab. 12: Klassifizierung der untersuchten Salmonidenzuchtbestände zum Fragenkomplex „züchterische Bearbeitung“ gegliedert nach Arten

Züchterische Bearbeitung	Klassifizierung	Zutreffend für n Zuchtbestände der Arten					
		Rf n=59	Bf n=45	Sf n=9	Bs n=15	Ss n=3	Ä n=5
Größe der Basispopulation	bis 20 Tiere	3	2				
	20-50 Tiere	1	1				
	über 50 Tiere	17	14	3	7	1	1
Zusammensetzung d. Basispopulation	aus einer Herkunft	35	26	8	6	2	1
	aus mehreren Herkünften	28	20	1	5		3
Bestandsalter	bis zu 10 Jahre im Betrieb	8	6	1	2	1	1
	10-20 Jahre	17	8	3	4		1
	20-40 Jahre	15	17	3	5	2	3
	40-60 Jahre	19	10	1	2		
	über 60 Jahre		5		1		
Bestandsführung	Nutzung von Blutauffrischung	13	13	4	4		1
	geschlossen	46	33	5	10	3	4
Selektionsschema	keine Selektion		3		2		
	auf Basis von Eigenleistung	59	43	9	12	3	5
	auf Verwandtenbasis	9	1				
Maximale effektive Populationsgröße	bis zu 20 Tiere	1				1	
	20-50 Tiere	18	3	2	2		
	50-100 Tiere	16	10	2	2		
	über 100 Tiere	23	29	5	8	1	3
Geschlechterverhältnis Anpaarung	♂/♀ < 0,66	31	27	5	10	1	2
	♂/♀ 0,66 – 1,5	16	7	2	1	1	3
	♂/♀ > 1,5	11	10	1	2	1	

Fortsetzung Tab. 12		<b>Rf</b>	<b>Bf</b>	<b>Sf</b>	<b>Bs</b>	<b>Ss</b>	<b>Ä</b>
		n=59	n=45	n=9	n=15	n=3	n=5
Selektionsintensität	gering (über 50 % selektiert)	12	9	2	3	1	3
	mittel (10-50 %)	11	20	2	4	1	1
	hoch (bis 10 %)	32	12	5	6	1	
Nutzungsdauer	kurz (bis 2 Jahre)	29	17		2		1
	mittel (3-5 Jahre)	25	22	8	8	2	2
	lang (über 5 Jahre)	5	7	1	4	1	2
Vornehmliche	Fitness, genetische Vielfalt	53	43	9	12	3	5
Zuchtausrichtung (4 Nennungen möglich)	Morphologische Merkmale	27	31	5	4	1	2
	Haltungstechnolog. Eignung	34	22	1	7	2	
	Mastleistung	36	20	2	9	1	1
Nennung züchterischer Besonderheiten		17	15	3	5	3	
Nennung Besonderheiten Zuchtbestand		29	25	5	10	1	5

Rf: Regenbogenforelle; Bf: Bachforelle; Sf: Seeforelle; Bs: Bachsaibling; Ss: Seesaibling; Ä: Äsche

Ein recht hoher Anteil der Salmonidenzuchtbestände wird bereits seit mehreren Jahrzehnten in den Betrieben gehalten. Somit bestand über mehrere Generationen die Möglichkeit der Adaptation und der Ausbildung spezifischer genotypischer und phänotypischer Eigenschaften. Der Großteil der Zuchtbestände haltenden Betriebe verfügt über ein über viele Jahre angesammeltes Know-how zur Bewirtschaftung der von ihnen gehaltenen Arten. Ein gewisser Anteil an jüngeren Zuchtbeständen deutet auf Interesse an der Reproduktion hin, verweist aber wiederum auf einen hohen Turnover beim Bestandsauf- (und -abbau) und damit auf nicht allzu große Beständigkeit bei der Führung von Salmonidenzuchtbeständen in Deutschland.

Obgleich die Mehrzahl der Fischzüchter ihre Bestände geschlossen führen (n=101), werden in 35 Zuchtbeständen zur Blutauffrischung in Abständen Fische, bzw. deren Gonadenprodukte von außerhalb in den Bestand hereingenommen. So wird Blutauffrischung bei vier der neun Seeforellenbestände betrieben. Hierdurch verringert sich die Gefahr der Anpaarung von Verwandten und somit der Ausprägung von Inzucht. Für die Erstellung von Besatzfischen für natürliche Gewässer stellt die Blutauffrischung mit Wildfischen aus dem entsprechenden Besatzgewässer eine ideale Möglichkeit der Schaffung und Erhaltung der gewünschten genetischen Diversität dar (Baer et al. 2007). Für die Bedienung dieses Marktes ist eine entsprechende Züchtungsstrategie angebracht. Der Anteil an Salmonidenbeständen mit Potenzial für den Besatz natürlicher Gewässer (Äsche, Bachforelle, Seeforelle, Seesaibling), in denen Blutauffrischung betrieben wird, ist im Vergleich zur zwischen 2005 und 2008 durchgeführten Erhebung rückläufig (29 % vs. 43 %). Möglicherweise kann der zusätzliche Aufwand für die Einbindung von Elterntieren/Gonadenprodukten außerhalb der Zuchtbestände nicht mehr im ehemaligen Umfang erbracht werden.

Durch Blutauffrischung geht ggf. ein Teil des im eigenen Bestand erzielten Zuchtfortschritts verloren. Im Rahmen von Zuchtprogrammen zur Leistungssteigerung bei vornehmlich für die Speisefischerzeugung eingesetzten Laichfischbeständen (Regenbogenforelle, Bachsaibling) empfiehlt es sich, eine Blutauffrischung lediglich über die Einbeziehung von Tieren mit den gewünschten genetischen Eigenschaften vorzunehmen. Der Anteil an Regenbogenforellen- und Bachsaiblingszuchtbeständen, in denen Blutauffrischung erfolgt, ging gegenüber der Erhebungsstudie vor zehn Jahren marginal zurück (23 % vs. 25 %).

Die züchterische Bearbeitung der Salmonidenzuchtbestände in Deutschland erfolgt in erster Linie auf Basis der Eigenleistungen (positive Massenauslese). Dieses Selektionsschema ist in der Fischzucht aufgrund der hohen Tierzahlen recht einfach und effektiv einzusetzen (Gjedrem 2005), bietet aber keine Chance zur Verbesserung von Zuchtmerkmalen, die, wie etwa die Mehrzahl der Parameter zur Produktqualität, nicht am lebenden Tier gemessen werden können. Für zehn Zuchtbestände wird angegeben, dass Verwandtenleistungen als Kriterium für die Zuchtauswahl eingeschlossen werden (Familienselektion) und somit auch Zuchtziele bearbeitet werden könnten, die nicht am lebenden Tier erfasst werden können. Allerdings erfolgt bei drei dieser zehn aufgeführten Bestände keine Markierung, wodurch eine Zuordnung von Verwandtenleistungen nur schwerlich möglich ist.

Die in der Karpfenteichwirtschaft gegebene Problematik geringer effektiver Populationsgrößen aufgrund hoher Nachkommenzahlen und der damit verbundenen Möglichkeit der Erzielung wirtschaftlich ausreichender Nachkommenzahlen aus wenigen Elterntieren ist in Salmonidenzuchtbeständen aufgrund deutlich geringerer Eizahlen nicht in dem Maße gegeben. Die meisten Salmonidenzüchter sind zur Bereitstellung ausreichender Setzlingszahlen auf den Einsatz von mehr Rognern angewiesen als für die Einhaltung der im Minimum empfohlenen effektiven Populationsgrößen von 50 Tieren (FAO 1981; Hallermann 2003) notwendig sind. Bei der überwiegenden Mehrzahl der Salmonidenzuchtbestände (69 von 126 Nennungen) werden effektive Populationsgrößen von mehr als 100 Tieren eingesetzt. Dennoch gibt es bei fast allen Arten Bestände, in denen die genannten effektiven Populationsgrößen unter 50 Tieren liegen ( $n=27$ ). Hier wirkt sich häufig die Verwendung unausgeglichener Geschlechterverhältnisse während der Reproduktion aus. Entsprechend unausgeglichene Geschlechterverhältnisse beeinflussen die effektive Populationsgröße grundsätzlich negativ (Allendorf und Luikart 2007). Die Gefahr von Inzuchtsteigerungsraten von mehr als 1 % pro Generation (Falconer 1984) ist somit innerhalb der betroffenen Zuchtbestände gegeben. Hohe Inzuchtsteigerungsraten können neben verringerter genetischer Diversität auf Dauer Inzuchtdepressionen nach sich ziehen, die sich wirtschaftlich negativ auswirken können. Die betroffenen Salmonidenzüchter sollten dazu angehalten werden, durch Steigerung der Anzahl reproduzierender Laichtiere im Rahmen der Erstellung der jeweils nächsten Laichfischgeneration sowie durch die Nutzung ausgeglichener Geschlechterverhältnisse die effektive Populationsgröße auf dem nötigen Mindestmaß zu halten. Obgleich im Anschluss an die zwischen 2005 und 2008 durchgeführte Erhebung Empfehlungen zur Aufrechterhaltung hinreichender effektiver Populationsgrößen an die Halter der Salmonidenzuchtbestände weitergegeben wurden, stieg der Anteil an Zuchtbeständen mit

effektiven Populationsgrößen unterhalb von 50 Individuen in den vergangenen zehn Jahren leicht von 18 % auf 22 % an.

Den im Vergleich zu anderen Nutztieren bei Fischen hohen Nachkommenzahlen entsprechend, ist die Selektionsintensität bei vielen Salmonidenzuchtbeständen hoch. Bei der überwiegenden Mehrheit der Zuchtbestände werden hohe Selektionsintensitäten mit weniger als 10 % für die Zucht ausgewählter Fische eingesetzt (n=56). Da in der Regel viele tausend Nachkommen für die Zuchtauswahl zur Verfügung stehen, ist auch bei entsprechend hohen Selektionsintensitäten die Einhaltung der genannten Empfehlungen zur effektiven Populationsgröße problemlos möglich. Die in 30 Fällen genannte geringe Selektionsintensität von über 50 % für die Reproduktion selektierter Individuen ist ggf. für die Bereitstellung genetisch möglichst vielfältiger Besatzfische (Äsche, Bachforelle, Seeforelle, Seesaibling) ein probates Mittel. Der bei 39 Beständen vorgefundene Einsatz von Selektionsintensitäten zwischen 10 bis 50 % spricht in der Fischzucht eher für die Unkenntnis der Möglichkeiten, die sich über effiziente Massenselektionsprogramme bieten. Dies gilt insbesondere für die vielen Bachsaiblings- und Regenbogenforellenbestände, in denen eine geringe Selektionsintensität zum Einsatz kommt. Für eine kaum höhere Chance auf Beibehaltung einer größeren genetischen Diversität bleibt ein hohes Potenzial an möglichem Zuchtfortschritt ungenutzt (Gjedrem 2005).

In vielen der untersuchten Salmonidenzuchtbestände werden die Laichfische für mehr als zwei Jahre zur Reproduktion eingesetzt, bevor sie durch die folgende Generation an Nachwuchslaichern abgelöst werden. Durch mittlere und lange Nutzungsdauern verlängert sich das Generationsintervall. Bei steigendem Generationsintervall verringert sich die Gefahr der Inzuchtsteigerung pro Zeiteinheit. Andererseits sinkt aber auch der pro Zeiteinheit erreichbare Zuchtfortschritt (Falconer 1984). Viele Fischzüchter entschieden sich aus praktischen Gründen für mittlere Nutzungsdauern der Laichtiere von drei bis fünf Jahren. In diesem Altersabschnitt ist in der Regel bereits mit guter Qualität der Gonadenprodukte zu rechnen. Die Laichfische bleiben nach Angaben einiger Züchter so in ihrer Größe noch recht gut handhabbar, die Anzahl an Laichtieren, nach bei Salmoniden in unterschiedlichem Maße aber regelmäßig auftretendem Verlustgeschehen nach den Laichperioden, ist noch ausreichend. Milchne werden aufgrund der früher eintretenden Geschlechtsreife häufig bereits ein Jahr vor den Rognern zur Zucht eingesetzt. Aufgrund höherer nachlaichzeitlicher Verlustraten bei Milchnern ist ihre Nutzungsdauer gegenüber den Rognern häufig verkürzt.

Zur Beurteilung der vornehmlichen Zuchtausrichtung wurden die im Erfassungsbogen (vergl. Anhang) abgefragten Zuchtziele vier verschiedenen Zuchtausrichtungen zugeordnet:

- Fitness, genetische Vielfalt: Hier gingen Zuchtziele ein, die primär auf die Eignung als Besatz für natürliche Gewässer ausgerichtet sind (Fitness / Freiheit von Deformationen, erhöhte Fruchtbarkeit, Erhaltung der genetischen Vielfalt)
- Morphologische Merkmale: (Körperproportionen, Färbung)

- Haltungstechnologische Eignung: In dieser Zuchtausrichtung sind Zuchtziele zusammengefasst, welche für die Haltung am jeweiligen Standort zu Vorteilen führen könnten (Angepasstheit an besondere Umweltverhältnisse, Laichzeitverlegung, Veränderung von Geschlechterverhältnissen in Nachkommen, Veränderung von Verhaltenseigenschaften, Erhöhung der Krankheitsresistenz)
- Mastleistung: Hier gingen Zuchtziele zur Steigerung der Wachstumsleistung, Futtermittelverwertung und Produktqualität ein (Wachstumsleistung, Futtermittelverwertung, Schlachtausbeute, Schlachtkörperqualität, Geschmack)

Über alle untersuchten Salmonidenzuchtbestände wurden die Beibehaltung von Fitness und genetischer Vielfalt am häufigsten benannt (n=125). Danach folgten die Nennung von morphologischen Merkmalen (n=70), Mastleistung (n=69) und haltungstechnologischer Eignung (n=66) etwa gleichauf als weitere Zuchtausrichtungen.

Unterschiede in den Zuchtausrichtungen zwischen Salmonidenarten, die vornehmlich als Speisefische vermarktet werden (Regenbogenforelle, Bachsaibling) und den Arten, die häufig für die Bereitstellung von Besatzfischen für natürliche Gewässer genutzt werden (Äsche, Bachforelle, Seeforelle, Seesaibling), fielen nicht so deutlich aus, wie erwartet.

Auch hinsichtlich der züchterischen Bearbeitung wurden, wie bei der Analyse von Tab. 10 ersichtlich, von den Betriebsleitern nicht immer zu allen Fragen vollständige Angaben gemacht.

Für 43 Salmonidenzuchtbestände wurden von den Betriebsleitern züchterische Besonderheiten, wie die Einbeziehung von Verwandtenleistungen, individueller Markierungen, Polyploidisierung, Erstellung von Monosexpopulationen, die Nutzung von Lichtprogrammen u.a., aufgeführt. Für die verschiedenen Arten erfolgte die Nennung folgender züchterischer Besonderheiten:

Regenbogenforelle	Gruppenmarkierungen, individuelle Markierungen, Einbeziehung von Verwandtenleistungen, Haltung von Laichfischen in Untergruppen, Umkehrung des funktionellen Geschlechts, Triploidisierung, Gynogenese, Einsatz des „rotational line crossings“, Kreuzung von Zuchtstämmen
Bachforelle	Artkreuzungen, separate Aufzucht, Gruppenmarkierungen, Einbeziehung von Verwandtenleistungen, Haltung von Laichfischen in Untergruppen, Einsatz des „rotational line crossings“, Kreuzung von Zuchtstämmen
Seeforelle	Einsatz des „rotational line crossings“, separate Aufzucht
Bachsaibling	Artkreuzungen, Triploidisierung, separate Erbrütung
Seesaibling	Artkreuzungen, Einsatz von Lichtprogrammen

Eine Aufführung von Besonderheiten zum Bestand erfolgte von den Betriebsleitern für 75 Salmonidenzuchtbestände. Neben morphologischen Besonderheiten („ausgeprägte Färbung“, „viele rote Punkte“, „Torpedoform“, u.a.), wurden auch Angaben zu Laichzeit und Laichreifealter („spätreif“, „November bis März“, u.a.), zur Herkunft („Mischherkunft Donau- und Rheineinzugsgebiet“, „lokale Herkunft“, u.a.), zur Haltungseignung („robust“, „Brackwassereignung“, „Akzeptanz hoher Temperaturen“, „erhöhte Toleranz ggü. Gasblasenkrankheit“, u.a.) und zum Leistungspotenzial („breiter Rücken“, „frohwüchsig“, u.a.) gemacht. Entsprechende Angaben zu Morphologie, Haltungseignung und Leistungsfähigkeit sind ggf. subjektiv behaftet und müssten über objektive Vergleiche, etwa im Rahmen von gemeinsamen Leistungsprüfungen der Salmonidenzuchtbestände quantifiziert werden.

Die züchterische Bearbeitung in den Salmonidenzuchtbeständen in Deutschland ist nicht in allen Fällen optimal auf ein bestimmtes Zuchtziel ausgerichtet. So werden in verschiedenen Zuchtbeständen für die Speisefischerzeugung keine hohen Selektionsintensitäten genutzt. Möglicher Zuchtfortschritt wird durch Blutauffrischung verwässert. Einige getroffene Angaben können als Hinweis darauf gedeutet werden, dass nicht alle Züchter die Möglichkeiten und Limitationen der züchterischen Bearbeitung ihrer Bestände vollständig durchdrungen haben. Wie bereits erwähnt, wird in einigen Beständen die ohne Markierung kaum mögliche Einbeziehung von Verwandtenleistungen genannt. Der Selektionsentscheid erfolgt zumeist, aber nicht immer, unter gleichalten und in der gleichen Haltungsumwelt aufgezogenen Individuen. In 15 Salmonidenzuchtbeständen werden hohe Selektionsintensitäten mit einer Blutauffrischung kombiniert. Zunehmend an Bedeutung gewinnende Zuchtmerkmale wie Schlachtkörperanteile oder Parameter zur Fleischbeschaffenheit, werden und können mit den derzeitigen Zuchtstrategien nicht bearbeitet werden.

Eine tiefergehende Information der LaichfischhalterInnen zu züchterischen Zusammenhängen könnte zukünftig einerseits dem Verlust an genetischer Diversität vorbeugen und andererseits zur Erzielung eines schnelleren Zuchtfortschritts führen. Beide Aspekte können sich langfristig sowohl ökologisch als auch ökonomisch positiv auswirken. Viele Salmonidenzüchter sind jedoch offenbar zu einem Spagat zwischen einer Zuchtausrichtung für die Satzfishbereitstellung und der Zuchtausrichtung für die Speisefischerzeugung gezwungen, um den Anforderungen ihres Marktes gerecht zu werden. Für eine, in diesem Fall aus züchterischer Sicht sinnvolle, Auffächerung in separat geführte Zuchtbestände sind vielfach die notwendigen betrieblichen Voraussetzungen (ausreichende Anzahlen an Haltungseinheiten, Markierungstechnik, zusätzliche Arbeitskapazität) nicht gegeben.

### ***Prognoseabfrage***

Tab. 13 stellt, gruppiert nach Arten, die durch die Betriebsleiter prognostizierte Entwicklung der Zuchtbestände während der kommenden zehn Jahre dar.

Tab. 13: Prognose zur Entwicklung der Salmonidenzuchtbestände während der kommenden zehn

Jahre, gegliedert nach Arten

Prognose		Zutreffend für n Zuchtbestände der Arten					
		Rf n=59	Bf n=45	Sf n=9	Bs n=15	Ss n=3	Ä n=5
Bestands- entwicklung	Erhaltung	42	31	6	6		3
	Reduzierung	1	2	1	1		
	Auflösung	6	2		1		
	Auflösung, Abgabe	1					
	Ausbau	9	11	2	6	3	1
Einsatz neuer Zuchtziele / -Zuchtmethoden		19	8		1		
Investitionen in Züchtungsarbeit		14	7		2	2	1

Rf: Regenbogenforelle; Bf: Bachforelle; Sf: Seeforelle; Bs: Bachsaibling; Ss: Seesaibling; Ä: Äsche

Von den 136 näher erfassten Salmonidenzuchtbeständen ist nach Angaben der Betriebsleiter für 88 Bestände von der Erhaltung in der derzeitigen Größenordnung auszugehen. Im Falle von fünf Beständen ist mit einer Reduzierung zu rechnen. Bei zehn Beständen wird von einer Auflösung der Bestände ausgegangen, wobei jedoch für einen Bestand mit der Weiterführung durch die Möglichkeit der Abgabe an einen anderen Betrieb gerechnet wird. Die Prognoseabfrage deutet somit darauf hin, dass sich der im vergangenen Jahrzehnt beobachtete Trend zurückgehender Salmonidenzuchtbestände zukünftig fortsetzen könnte. Im Falle von 32 Salmonidenzuchtbeständen rechnen die Betriebsleiter mit einem Ausbau der bisher vorhandenen Bestandsgröße und der Nutzungsintensität. Vielfach wird davon ausgegangen, dass zukünftig neue Zuchtziele und/oder Zuchtmethoden zum Einsatz kommen werden und in die Züchtungsarbeit investiert wird. Der hierdurch indizierte Innovationsgeist vieler Betriebsleiter lässt vermuten, dass auch zukünftig Zuchtbestände neu etabliert und ausgerichtet werden, was voraussichtlich weiterhin zur bereits in Tab. 6 dargestellten Fluktuation unter den in Deutschland gehaltenen Salmonidenzuchtbeständen beitragen wird.

Sieben Zuchtbestände der Regenbogenforelle (rund 12 % der existenten Zuchtbestände dieser Art) droht die Auflösung und lediglich neun Bestände (rund 15 %) sind im Aufbau begriffen. Unter den Saiblingsarten (Bach- und Seesaibling) ist ein umgekehrtes Bild zu erkennen: Hier sind mit einem Bestand lediglich 6 % der existenten Zuchtbestände dieser Arten von der Auflösung bedroht und im Falle von neun Beständen (rund 53 %) kann mit einem Ausbau gerechnet werden.

Die Marktanteile von Speisesaiblings nehmen in der Salmoniden-Aquakultur in Deutschland in den letzten Jahren kontinuierlich zu. Gegenüber der Regenbogenforelle weist insbesondere der „Elsässer Saibling“ (Bachsaibling x Seesaibling) unter bestimmten Umweltbedingungen haltungstechnologische Vorteile auf. Offenbar nutzen einige Salmonidenzüchter diesen Trend

und fokussieren sich zukünftig mehr auf die Setzlingserzeugung der Saiblingsarten und ihrer Kreuzung.

### **Vor-Ort-Erfassungen zur Gewinnung von Gewebeproben zur genetischen Analyse von selbstreproduzierenden Wildbeständen der Regenbogenforelle**

Acht geographisch über das Bundesgebiet verteilte, potenziell selbsterhaltende Wildbestände der Regenbogenforelle konnten zur Entnahme von Gewebeproben durch die Kooperationspartner erfolgreich befischt werden (Tab. 14).

Tab. 14: Anzahl der zur Probennahme erfolgreich befischten potenziell selbsterhaltenden Wildbestände der Regenbogenforelle nach Bundesländern

BW	BY	NW	ST	<b>Gesamt</b>
<b>3</b>	<b>1</b>	<b>3</b>	<b>1</b>	<b>8</b>

Tab. 15 listet die Gewässerstandorte aus denen Gewebeproben potenziell selbsterhaltender Wildbestände der Regenbogenforelle gewonnen werden konnten.

Weiterhin konnten für Vergleichszwecke Gewebeproben eines weiteren potenziell selbsterhaltenden Wildbestandes der Regenbogenforelle aus Liechtenstein gewonnen und herangezogen werden. Dieser Bestand wurde dem Liechtensteiner Binnenkanal, in der Nähe der Gemeinde Triesen, Liechtenstein (GPS-Koordinaten 47.093734 N, 9.522915 E) entnommen.

Gewebeproben konnten von Regenbogenforellen der Altersklassen 0+ und 1+ gewonnen werden. Aufgrund der Befischungsmöglichkeiten vor Ort gelang es bei der Mehrzahl der Gewässerstandorte nicht, die angestrebte Anzahl von 30 Gewebeproben zu gewinnen.

Tab. 15: Gewässer in Deutschland aus denen Gewebeproben potenziell selbsterhaltender Wildbestände der Regenbogenforellen gewonnen werden konnten

Gewässer- name	Bestands- management	Proben (n)	Probestelle			GPS (Dezimalgrad, WGS84)	
			Gemeinde	Landkreis	Land	N:	E:
Fils	angel- fischereilich	30	Kuchen	Göppingen	BW	48.638949	9.797873
Kinzig	angel- fischereilich	6	Schiltach	Rottweil	BW	48.291788	8.349824
Rottum	angel- fischereilich	30	Ochsen- hausen	Biberach	BW	48.069104	9.948549
Loisach	angel- fischereilich	24	Garmisch	Garmisch- Partenkirch.	BY	47.494328	11.084304
Glasebach	unbewirt- schaftet	30	Mansfeld	Südharz	ST	51.494557	11.079369
Soestbach	unbewirt- schaftet	15	Soest	Soest	NRW	51.578536	8.094435
Orke	angel- fischereilich	28	Meldebach	Hochsauer- landkreis	NRW	51.176545	8.707352
Ruhmbach	unbewirt- schaftet	4	Mühlheim a.d. Ruhr	Mühlheim a.d. Ruhr	NRW	51.425089	6.904242
Liechten- steiner Binnen- kanal	unbewirt- schaftet	38	Triesen	Liechtenstein		47.093734	9.522915

### AP 3: Genmarkerstudien

#### ***Schwerpunkt 1: Mikrosatelliten-Analysen zur Charakterisierung der Variabilität innerhalb und zwischen den Beständen der Salmonidenarten***

Die Genotypen der untersuchten Mikrosatelliten-Loci und die Ergebnisse ihrer Analysen in den untersuchten Beständen der sechs Salmonidenarten wurden dem Auftraggeber als MS-Excel-Dateien übergeben:

Regenbogenforelle_Statistik_Mikrosatelliten.xlsx	Bachforelle_Statistik_Mikrosatelliten.xlsx
Seeforelle_Statistik_Mikrosatelliten.xlsx	Bachsaibling_Statistik_Mikrosatelliten.xlsx
Seesaibling_Statistik_Mikrosatelliten.xlsx	Äsche_Statistik_Mikrosatelliten.xlsx

Tab. 16 zeigt Mittelwerte und Variationskoeffizienten für die erfassten genetischen Parameter innerhalb der Salmonidenarten.

In Informationsblättern zu den einzelnen Salmonidenbeständen sind, neben diesen zusammenfassenden genetischen Parametern zur Charakterisierung der genetischen Variabilität, zusätzlich die beobachteten Allelfrequenzen an allen untersuchten Mikrosatelliten-Loci aufgeführt: (als MS-Excel-Dateien an Auftraggeber übergeben)

Regenbogenforelle\_Infoblatt\_Bestände.xlsx  
Seeforelle\_Infoblatt\_Bestände.xlsx  
Seesaibling\_Infoblatt\_Bestände.xlsx

Bachforelle\_Infoblatt\_Bestände.xlsx  
Bachsaibling\_Infoblatt\_Bestände.xlsx  
Äsche\_Infoblatt\_Bestände.xlsx

### ***Genetische Diversität innerhalb der Bestände***

In einzelnen Beständen der Regenbogenforelle wurden bis zu 13, der Bachforelle bis zu 19, der Seeforelle bis zu 11, des Bachsaiblings bis zu 8, des Seesaiblings bis zu 12 und der Äsche bis zu 12 Allele je Mikrosatelliten-Locus gefunden. Die mittleren Allelzahlen je Zuchtbestand schwankten zwischen 2,36 und 7,18 bei der Regenbogenforelle, 3,58 und 7,58 bei der Bachforelle, 2,17 und 5,58 bei der Seeforelle, 2,18 und 4,09 beim Bachsaibling, 3,38 und 4,75 beim Seesaibling sowie zwischen 3,75 und 6,00 bei der Äsche.

Die mittleren erwarteten und beobachteten Heterozygotieraten (Tab. 16) lagen in der Regel um 50 % oder darüber und wiesen somit Werte auf, die auch bei anderen Mikrosatellitenmarkerstudien an Zucht- und Wildbeständen verschiedener Salmonidenarten beobachtet wurden (DeHaan und Ardren 2005; Lulla et al. 2005). Ausnahmen bildeten die beiden Saiblingsarten, die mit mittleren Werten von 34,8 % bzw. 36,4 % (Bachsaibling) und 36,3 % bzw. 36,9 % (Seesaibling) vergleichsweise geringe Heterozygotieraten aufwiesen. Parallel dazu wurden bei beiden Arten die niedrigsten mittleren Allelzahlen (3,11 beim Bachsaibling und 4,21 beim Seesaibling) der vorliegenden Studie beobachtet. Stark reduzierte Heterozygotieraten wurden darüber hinaus bei einem einzelnen Seeforellenbestand (BY55C) mit Werten von 29,6 % bzw. 26,7 % festgestellt.

Unterschiede zwischen den untersuchten Arten ergaben sich bei den mittleren  $F_{IS}$ -Werten (Tab. 17). Bei der Äsche lag dieser Wert nahe Null. Negative Mittelwerte, d.h. einen leichten Überschuss an Heterozygoten, wiesen Regenbogenforelle, Bachsaibling und Seesaibling auf. Demgegenüber verwiesen positive Mittelwerte bei Bachforelle und Seeforelle auf einen leichten Verlust an Heterozygoten. Dabei ist jedoch zu beachten, dass bei allen Arten eine z.T. extreme Variation der  $F_{IS}$ -Werte zwischen den Beständen vorhanden war: Der Variationskoeffizient CV schwankte zwischen 155,4 % bei der Regenbogenforelle und 2400,0 % bei der Äsche (Tab. 16).

### ***Vergleich der genetischen Diversität der Zuchtbestände mit Wildpopulationen der heimischen Arten***

Für die heimischen Salmonidenarten Bach- und Seeforelle, Seesaibling und Äsche liegen Mikrosatelliten-basierte Daten zur genetischen Diversität von Wildpopulationen aus anderen Erhebungsstudien vor. Auch wenn die Art und Anzahl der untersuchten Mikrosatelliten-Loci nicht völlig übereinstimmen, kann ein grober Vergleich zwischen Zuchtbeständen und Wildpopulationen vorgenommen werden.

Bei 35 Wildpopulationen der Bachforelle stellten Schmidt et al. (2015, Anhang A1) basierend auf 12 Loci mittlere Allelzahlen von 4,73 bis 12,64 fest. Die erwarteten und beobachteten Heterozygotieraten variierten von 0,569 bis 0,793 bzw. 0,523 bis 0,790. Die mittleren  $F_{IS}$ -Werte schwankten zwischen -0,062 und 0,145. Die entsprechenden Mittelwerte der 16 Zuchtbestände

(Tab. 16) lagen innerhalb dieser Variationsbreite, für die mittlere Allelzahl aber eher am unteren Ende, was auf eine genetische Verarmung zumindest einiger Zuchtbestände hinweist.

Bei 8 Wildpopulationen mit ausschließlich Seeforelle-Phänotypen ermittelten Wetjen et al. (2018) basierend auf 22 Loci mittlere Allelzahlen von 5,73 bis 13,59. Die erwarteten und beobachteten Heterozygotieraten variierten von 0,662 bis 0,758 bzw. 0,520 bis 0,703. Die mittleren  $F_{IS}$ -Werte schwankten zwischen 0,080 und 0,267. Die entsprechenden Mittelwerte der 8 Zuchtbestände (Tab. 16) lagen mit Ausnahme der beobachteten Heterozygotie unterhalb dieser Variationsbreite, was auf eine genetische Verarmung der Zuchtbestände hinweist.

Beim Seesaibling wurden an 16 Wildpopulationen (7 historisch, 9 rezent) basierend auf 6 Loci mittlere Allelzahlen von 4,67 bis 14,50 festgestellt (Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Fischerei Starnberg, 2010). Daten zu Heterozygotieraten und  $F_{IS}$ -Werten wurden nicht mitgeteilt. Der Mittelwert der Allelzahl der drei Zuchtbestände (Tab. 16) ist mit 4,208 geringer als die Variationsbreite der Wildpopulationen, was auf eine genetische Verarmung der Zuchtbestände hinweist.

Bei 34 Wildpopulationen der Äsche fanden Köbsch et al. (2019, Appendix 1) basierend auf 12 Loci mittlere Allelzahlen von 1,67 bis 5,58. Die erwarteten und beobachteten Heterozygotieraten variierten von 0,200 bis 0,500 bzw. 0,240 bis 0,530. Die mittleren  $F_{IS}$ -Werte schwankten zwischen -0,273 und 0,237. Die entsprechenden Mittelwerte der vier Zuchtbestände (Tab. 16) lagen innerhalb (mittlere Allelzahl,  $F_{IS}$ -Wert) bzw. oberhalb (Heterozygotieraten) dieser Variationsbreite, was auf einen insgesamt guten genetischen Zustand der Zuchtbestände im Vergleich zu den Wildpopulationen hinweist.

Allerdings ist auch festzustellen, dass die Äsche insgesamt eine geringere genetische Diversität im Vergleich zu den drei anderen heimischen Salmonidenarten aufweist. Köbsch et al. (2019) erklären dieses Phänomen mit einem geringen Genfluss zwischen Populationen desselben Flusseinzugsgebiets u.a. hervorgerufen durch die Lebensweise der Äsche (standorttreue, gesellige Fischart mit ausgeprägtem Homing-Verhalten), der Fragmentierung der Fließgewässer und einer schwächeren Leistung der Äsche bei der Überwindung von Hindernissen.

Tab. 16: Mittelwerte und Variationskoeffizienten (CV in %) für verschiedene genetische Parameter nach Salmonidenarten

Parameter	Regenbogenforelle (34 Bestände)		Bachforelle (16 Bestände)		Seeforelle (8 Bestände)		Bachsaibling (10 Bestände)		Seesaibling (3 Bestände)		Äsche (4 Bestände)	
	Mittelwert	CV	Mittelwert	CV	Mittelwert	CV	Mittelwert	CV	Mittelwert	CV	Mittelwert	CV
<b>max. beobachtete Allelzahl</b>	9,059	26,8	11,625	35,0	8,750	30,4	6,400	24,7	10,333	20,1	9,500	30,4
<b>mittlere Allelzahl</b>	4,928	20,8	5,802	23,2	4,563	25,8	3,109	19,7	4,208	17,4	5,000	21,2
<b>Allelreichtum</b>	3,111	11,2	5,031	19,4	4,381	25,2	3,039	19,4	3,559	8,1	4,268	13,0
<b>Private Allele</b>	1,059	103,8	1,750	105,4	4,250	75,2	2,400	206,2	9,667	99,4	7,250	45,6
<b>H<sub>E</sub></b>	0,569	11,4	0,612	7,7	0,553	21,2	0,348	22,1	0,363	6,6	0,551	10,9
<b>H<sub>O</sub></b>	0,597	11,1	0,593	7,6	0,525	26,3	0,364	21,7	0,369	6,0	0,552	8,5
<b>F<sub>IS</sub></b>	-0,056	155,4	0,021	400,0	0,041	204,9	-0,029	293,1	-0,019	473,7	-0,001	2400,0
<b>F<sub>ST</sub> min.</b>	0,041	48,8	0,040	55,0	0,076	56,6	0,067	43,3	0,092	147,8	0,066	54,5
<b>F<sub>ST</sub> max.</b>	0,185	23,2	0,136	23,5	0,247	18,2	0,239	26,4	0,256	2,3	0,141	20,6
<b>mittlere F<sub>ST</sub></b>	0,081	33,3	0,079	29,1	0,138	29,7	0,140	25,7	0,174	39,7	0,101	25,7

Tab. 17: Beobachtete Bestandsmittelwerte, Minima und Maxima für F<sub>IS</sub>-Werte, gegliedert nach Salmonidenarten

Art	F <sub>IS</sub> -Werte innerhalb Arten		
	Mittelwert	Minimum	Maximum
Regenbogenforelle (34 Bestände)	-0,056	-0,318	0,083
Bachforelle (16 Bestände)	0,021	-0,165	0,114
Seeforelle (8 Bestände)	0,041	-0,060	0,220
Bachsaibling (10 Bestände)	-0,029	-0,191	0,100
Seesaibling (3 Bestände)	-0,019	-0,123	0,039
Äsche (4 Bestände)	-0,001	-0,036	0,019

Tab. 18: Vergleich der genetischen Variabilität von Regenbogenforellen-Beständen Erhebungsstudie 2005 – 2008 (alt) vs. vorliegende Erhebungsstudie (neu)

		BB1A	BB1B	BW2(B)	BW15(A)	BW18(B)	BY41B	BY47B	BY51A	MV3A	NDS6B	NDS20A	NRW2C	TH7C(D)
<b>mittlere Allelzahl</b>	<b>alt</b>	5,182	6,273	5,182	3,182	6,818	6,909	5,636	4,901	3,727	5,636	5,909	5,364	6,091
	<b>neu</b>	4,273	6,364	5,545	5,727	5,091	5,273	6,182	5,182	3,909	5,091	4,273	4,727	5,273
		☑	≈	↗	↗	☑	☑	↗	≈	≈	☑	☑	☑	☑
<b>beobachtete Heterozygotie</b>	<b>alt</b>	0,512	0,595	0,536	0,392	0,645	0,566	0,595	0,526	0,607	0,595	0,555	0,555	0,541
	<b>neu</b>	0,582	0,596	0,614	0,636	0,585	0,668	0,538	0,742	0,573	0,698	0,719	0,601	0,620
<b>Fixationsindex</b>	<b>alt</b>	0,114	0,024	0,049	0,039	-0,004	0,078	0,030	-0,033	-0,096	0,024	0,062	0,062	0,133
	<b>neu</b>	0,027	0,006	-0,042	0,005	-0,062	-0,082	0,072	-0,114	-0,125	-0,142	-0,244	-0,034	-0,009

Tab. 19: Vergleich der genetischen Variabilität von Bachforellen-Beständen Erhebungsstudie 2005 – 2008 (alt) vs. vorliegende Erhebungsstudie (neu)

		BW6(A)	BW11(A)	BY41A	BY47A	BY54A	BY55A	BY57F	BY59B	HE2(A)	TH7A
<b>mittlere Allelzahl</b>	<b>alt</b>	6,833	6,333	6,750	6,500	5,083	5,917	5,917	7,583	7,750	6,167
	<b>neu</b>	6,833	7,000	3,917	6,417	3,750	3,583	4,667	6,833	7,583	5,417
		≈	↗	☑	≈	☑	☑	☑	☑	≈	☑
<b>beobachtete Heterozygotie</b>	<b>alt</b>	0,673	0,643	0,693	0,696	0,488	0,658	0,634	0,649	0,617	0,643
	<b>neu</b>	0,610	0,590	0,627	0,580	0,543	0,508	0,591	0,625	0,557	0,613
<b>Fixationsindex</b>	<b>alt</b>	-0,023	0,018	-0,056	-0,087	-0,104	-0,072	-0,046	0,049	0,043	0,053
	<b>neu</b>	0,054	0,071	-0,161	0,060	-0,020	0,023	0,002	0,048	0,098	-0,011

### ***Vergleich der genetischen Diversität der Bestände Erhebungsstudie 2005-2008 vs. vorliegende Erhebung***

Die im Rahmen von AP 2 dargestellte Fluktuation unter den in Deutschland gehaltenen Salmonidenzuchtbeständen führte dazu, dass 2005-2008 noch existente Laichfischbestände erloschen sind bzw. aus ursprünglich separat geführten Zuchtbeständen zusammengeführt wurden. Die Recherche nach noch existenten, züchterisch mit möglichst hoher Intensität bearbeiteten Beständen (hohe Zuchtstufe), wurde hierdurch erschwert. So sind lediglich ein Äschenbestand, vier Bachsaiblingsbestände, 16 Bachforellenbestände, 15 Regenbogenforellenbestände und zwei Seesaiblingsbestände, zu welchen während der Ersterhebung 2005-2008 bereits Mikrosatelliten-Markerstudien vorliegen, auch heute noch in ihrer ursprünglichen Form vorhanden. Auch einige Zuchtbestände, die einer weniger intensiven züchterischen Bearbeitung unterlagen, wurden somit in die Untersuchung der Einwirkung der züchterischen Bearbeitung auf die aus Mikrosatelliten-Markerstudien ableitbaren genetischen Parameter einbezogen. Die Verwendung identischer Mikrosatelliten-Loci ermöglichte den Vergleich beider Erhebungsstudien mit Ausnahme der Seeforelle, die in der Erhebungsstudie 2005-2008 nicht untersucht wurde. Als aussagekräftige Variabilitätsparameter wurden die mittlere Allelzahl, die beobachtete Heterozygotie und der Fixationsindex ausgewählt.

Bei der Regenbogenforelle konnten 13 in beiden Erhebungsstudien untersuchte Bestände zur Beurteilung der Entwicklung der genetischen Diversität im Zeitverlauf verglichen werden. Markante Unterschiede gab es vor allem in der mittleren Allelzahl, die in sieben Beständen abnahm, in drei Beständen zunahm und in den restlichen drei Beständen praktisch gleichblieb (Tab. 18).

Bei der Bachforelle konnten 10 Bestände verglichen werden. Auch hier beschränkten sich die wesentlichen Unterschiede auf die mittlere Allelzahl, die in sechs Beständen abnahm, in einem Bestand zunahm und in den restlichen drei Beständen praktisch gleichblieb (Tab. 19).

Beim Bachsaibling waren für einen Vergleich vier Bestände verfügbar. Während drei Bestände nahezu identische Werte für die mittlere Allelzahl und die beobachtete Heterozygotie aufwiesen, war bei einem Bestand (NDS8A) eine Reduktion in beiden Parametern feststellbar (Tab. 20).

Beim Seesaibling konnten lediglich zwei Bestände verglichen werden. Beide wiesen bei nahezu identischen Allelzahlen einen Rückgang der beobachteten Heterozygotie bei gleichzeitigem Anstieg des Fixationsindex auf (Tab. 21). Hier sollte in Zukunft gegengesteuert werden, um einen weiteren Verlust an genetischer Variabilität zu verhindern.

Bei der Äsche wurde nur ein Bestand in beiden Studien untersucht. Dieser zeigte jedoch eine erfreuliche Entwicklung, da in allen drei Parametern eine Verbesserung zu verzeichnen war (Tab. 22).

Tab. 20: Vergleich der genetischen Variabilität von Bachsaiblings-Beständen Erhebungsstudie 2005 – 2008 (alt) vs. vorliegende Erhebungsstudie (neu)

		BY41C	BY54C	NDS8A	TH7B
<b>mittlere Allelzahl</b>	<b>alt</b>	3,364	3,818	3,818	3,636
	<b>neu</b>	3,455	4,091	2,455	3,545
		≈	≈	☑	≈
<b>beobachtete Heterozygotie</b>	<b>alt</b>	0,333	0,429	0,364	0,468
	<b>neu</b>	0,333	0,436	0,227	0,503
				☑	
<b>Fixationsindex</b>	<b>alt</b>	0,002	0,003	0,001	0,061
	<b>neu</b>	0,013	0,072	0,001	-0,098

Tab. 21: Vergleich der genetischen Variabilität von Seesaiblings-Beständen Erhebungsstudie 2005 – 2008 (alt) vs. vorliegende Erhebungsstudie (neu)

		BY54D	BY56C
<b>mittlere Allelzahl</b>	<b>alt</b>	4,625	4,875
	<b>neu</b>	4,500	4,750
		≈	≈
<b>beobachtete Heterozygotie</b>	<b>alt</b>	0,417	0,567
	<b>neu</b>	0,344	0,375
		☑	☑
<b>Fixationsindex</b>	<b>alt</b>	-0,019	-0,019
	<b>neu</b>	0,027	0,039
		↗	↗

Tab. 22: Vergleich der genetischen Variabilität eines Äschen-Bestandes Erhebungsstudie 2005 – 2008 (alt) vs. vorliegende Erhebungsstudie (neu)

		BY57B
<b>mittlere Allelzahl</b>	<b>alt</b>	5,000
	<b>neu</b>	5,750
		↗
<b>beobachtete Heterozygotie</b>	<b>alt</b>	0,471
	<b>neu</b>	0,579
		↗
<b>Fixationsindex</b>	<b>alt</b>	0,087
	<b>neu</b>	0,004
		☑

Die züchterische Bearbeitung der vergangenen 10 Jahre führte über alle wiederholt untersuchten Zuchtbestände zu einer durchschnittlich eher moderaten Beeinflussung mittlerer Allelzahlen (Abnahme um 0,444 Allele), Heterozygotieraten (Zunahme um 0,005) und Fixationsindices (Abnahme um 0,030). Somit scheinen auch die HalterInnen, welche ihre Zuchtbestände einer intensiveren Züchtungsarbeit unterziehen, durch hinreichende effektive Populationsgrößen und nicht überzogene Selektionsintensitäten um die Aufrechterhaltung der genetischen Diversität in ihren Beständen bemüht.

Berechnungen von Korrelationskoeffizienten zwischen effektiver Populationsgröße bzw. Selektionsintensität und Veränderungen in mittleren Allelzahlen, Heterozygotieraten und Fixationsindices  $F_{IS}$  zwischen Alt- und Neuerhebung verwiesen nicht auf die hier nach der Tierzuchtungslehre zu erwartenden Zusammenhänge. Gründe hierfür werden einerseits in der recht geringen Zahl an vergleichbaren Wertepaaren innerhalb der Arten aber auch über alle untersuchten Salmonidenarten gesehen. Weiterhin unterlagen die für eine Zweiterhebung einbezogenen Zuchtbestände der Vorauswahl einer züchterischen Bearbeitung mit erhöhter Intensität.

Vorangegangene Studien konnten zeigen, dass die in Genmarkern beobachtete Heterozygotie und daraus errechnete Werte häufig keine idealen Schätzer für Inzucht und Fitness in realen Populationen darstellen (Hanson und Westerberg 2002; Balloux et al. 2004; De Woody und De Woody 2005): Insbesondere bei geringen effektiven Populationsgrößen, wie sie teilweise auch in der Salmonidenhaltung zu beobachten sind, stimmen jedoch Schätzer aus Genmarkerstudien und Schätzungen für Inzuchtkoeffizienten aus bekannten Verwandtschaftsbeziehungen noch vergleichsweise gut überein (Balloux et al. 2004). Die Züchter von Laichfischbeständen, die über deutlich geringere mittlere Allelzahlen als der Artendurchschnitt verfügen und hohe  $F_{IS}$ -Werte aufweisen, sollten somit über die in ihren Beständen möglicherweise auftretende Inzuchtproblematik aufgeklärt werden.

### ***Genetische Differenzierung zwischen den Beständen***

Einen ersten Hinweis auf das Vorhandensein deutlicher genetischer Unterschiede zwischen einzelnen Beständen der untersuchten Salmonidenarten gab das Auftreten von Privatallelen: Bis zu 4 bei der Regenbogenforelle, bis zu 6 bei der Bachforelle, bis zu 9 bei der Seeforelle, bis zu 16 beim Bachsaibling, bis zu 20 beim Seesaibling und bis zu 11 bei der Äsche. Recht hohe Variationskoeffizienten in diesem Parameter verwiesen dabei auf deutliche Unterschiede zwischen den Beständen innerhalb der Arten (Tab. 16). Ein direkter Vergleich der in der Erhebungsstudie 2005-2008 und in der vorliegenden Erhebung ermittelten Privatallele konnte nicht erfolgen. Einerseits lassen sich die Allele beider Studien nicht eindeutig einander zuordnen. Zudem ist das Auftreten von Privatallelen auch immer von den einbezogenen Beständen abhängig, die in beiden Studien nicht vollständig übereinstimmen.

Nach Wright (1978) werden  $F_{ST}$ -Werte zwischen 0,050 und 0,150 als mäßige, oberhalb davon als hohe und unterhalb als geringe genetische Differenzierung zwischen Populationen bewertet. Zusammenfassende Daten zu minimalen, maximalen und mittleren  $F_{ST}$ -Werten zwischen den

Beständen der untersuchten Salmonidenarten finden sich in Tab. 16. Mit mittleren  $F_{ST}$ -Werten von 0,081, 0,079, 0,138, 0,140 bzw. 0,101 sind demnach die Regenbogenforellen-, Bachforellen-, Seeforellen-, Bachsaibling- und Äschenbestände als mäßig differenziert zu charakterisieren. Lediglich die Seesaiblingsbestände wiesen mit einem mittleren  $F_{ST}$ -Wert von 0,174 einen hohen Grad an genetischer Differenzierung auf.

Die Populationsstrukturen und Verwandtschaftsverhältnisse der Salmonidenbestände werden im Folgenden getrennt nach Arten betrachtet.

### ***Regenbogenforellenbestände***

Die Analyse der Populationsstruktur auf Individuenbasis mittels STRUCTURE und STRUCTURE HARVESTER erfolgte hier nur für die 25 Zuchtbestände und lieferte  $K = 4$  und  $8$  als mögliche Anzahl genetischer Cluster. Eine Gegenüberstellung der beiden Varianten zeigt Abb. 2. Dabei wird deutlich, dass  $K = 8$  die bessere Differenzierung liefert. Bestände, deren Individuen vorwiegend einem einzelnen Cluster zugeordnet werden konnten, sind:

- Cluster 1 (dunkelgrün in Abb. 2): BB1A, BY51A
- Cluster 2 (rosa in Abb. 2): BW4, BW5
- Cluster 3 (hellblau in Abb. 2): BW18, NDS5B, NDS6B
- Cluster 4 (rot in Abb. 2): MV3A
- Cluster 5 (magenta in Abb. 2): NDS20A, NRW2C
- Cluster 6 (orange in Abb. 2): NRW1A
- Cluster 7 (hellgrün in Abb. 2): NRW15A
- Cluster 8 (gelb in Abb. 2): BW2

Die Individuen der restlichen Bestände lassen sich überwiegend keinem speziellen Cluster zuordnen.

Die Ergebnisse der Clusteranalyse spiegeln sich nur z.T. im Neighbour-Joining-Dendrogramm der 25 Zuchtbestände wider (Abb. 3): Während die Bestände aus Cluster 1 (BB1A und BY51A) und Cluster 5 (NDS20A und NRW2C) auch im Dendrogramm jeweils zusammen gruppieren, liegen die Bestände aus Cluster 2 (BW4 und BW5) weit auseinander. Auffällig ist auch die relativ separate Position des Bestands NRW1A, der als einziger zum Cluster 6 gehört. Insgesamt ist darüber hinaus festzustellen, dass sich keine klare Gruppierung nach geografischer Herkunft (Bundesland) ergibt.

### ***Bachforellenbestände***

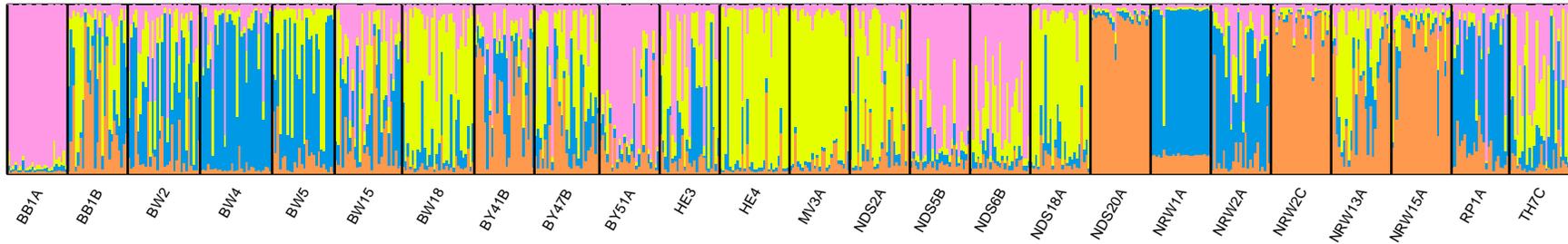
Die Analyse der Populationsstruktur auf Individuenbasis mittels STRUCTURE und STRUCTURE HARVESTER lieferte hier  $K = 2$ ,  $6$  und  $8$  als mögliche Anzahl genetischer Cluster der 16 Bachforellenbestände. Eine Gegenüberstellung der drei Varianten zeigt Abb. 4. Dabei wird deutlich, dass  $K = 8$  die beste Auflösung liefert. Bestände, deren Individuen vorwiegend einem einzelnen Cluster zugeordnet werden konnten, sind:

- Cluster 1 (magenta in Abb. 4): BY41A
- Cluster 2 (gelb in Abb. 4): BY47A
- Cluster 3 (hellgrün in Abb. 4): BY54A
- Cluster 4 (dunkelgrün in Abb. 4): BY55A, BY57F
- Cluster 5 (rot in Abb. 4): BY57G
- Cluster 6 (orange in Abb. 4): HE2, HE4, NDS25B
- Cluster 7 (rosa in Abb. 4): NDS5A
- Cluster 8 (hellblau in Abb. 4): TH7A

Die Individuen der restlichen Bestände lassen sich überwiegend keinem speziellen Cluster zuordnen.

Die Ergebnisse der Clusteranalyse spiegeln sich bei der Bachforelle besser im Neighbour-Joining-Dendrogramm der Bestände wider (Abb. 5): Die Bestände aus Cluster 4 (BY55A und BY57F) gruppieren zusammen, ebenso wie die Bestände aus Cluster 6 (HE2, HE4, NDS25B).

K=4



K=8

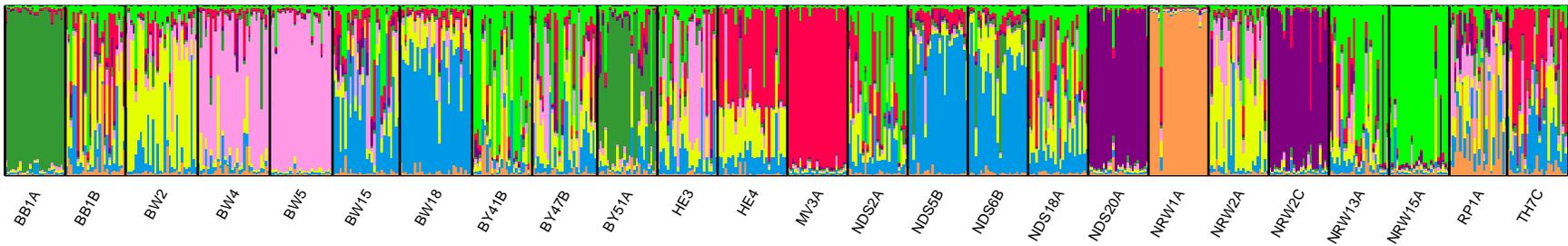


Abb. 2: Grafische Darstellung der Ergebnisse der Clusteranalyse der 25 Regenbogenforellenzuchtbestände

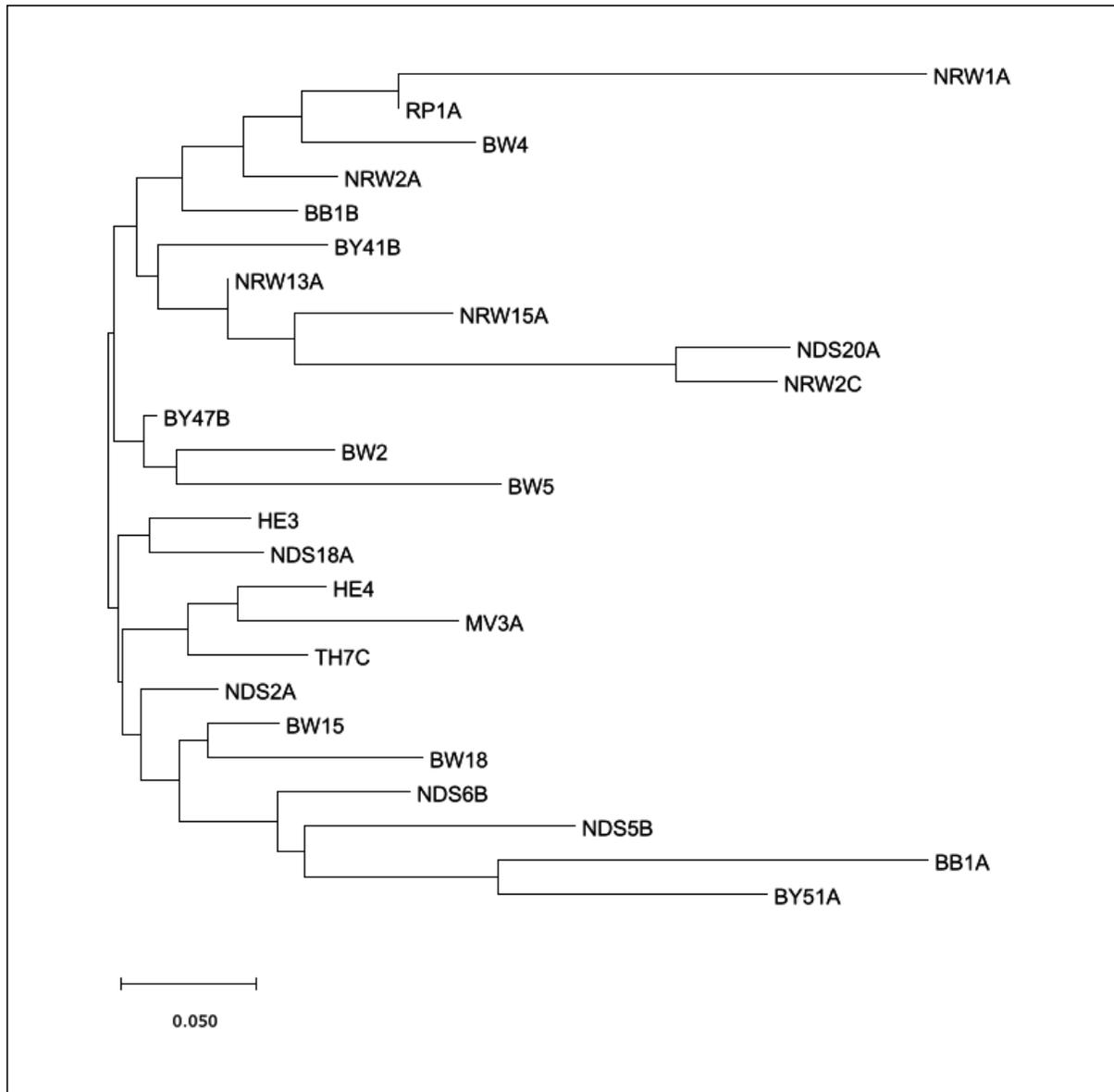


Abb. 3: Neighbour-Joining-Dendrogramm der 25 Regenbogenforellenzuchtbestände basierend auf Nei's unbiased genetic distance (Nei 1972,1978)

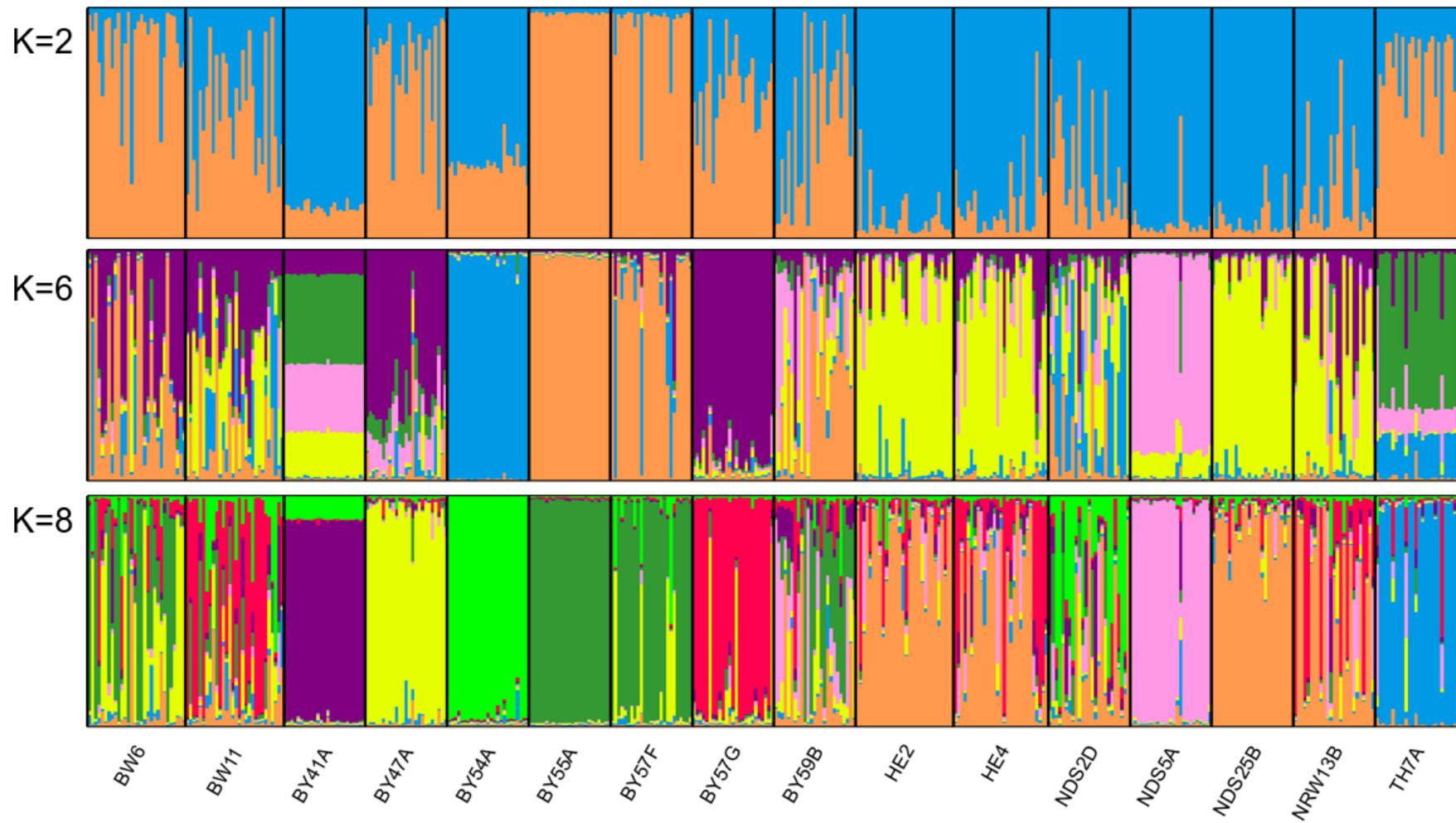


Abb. 4: Grafische Darstellung der Ergebnisse der Clusteranalyse der Bachforellenbestände

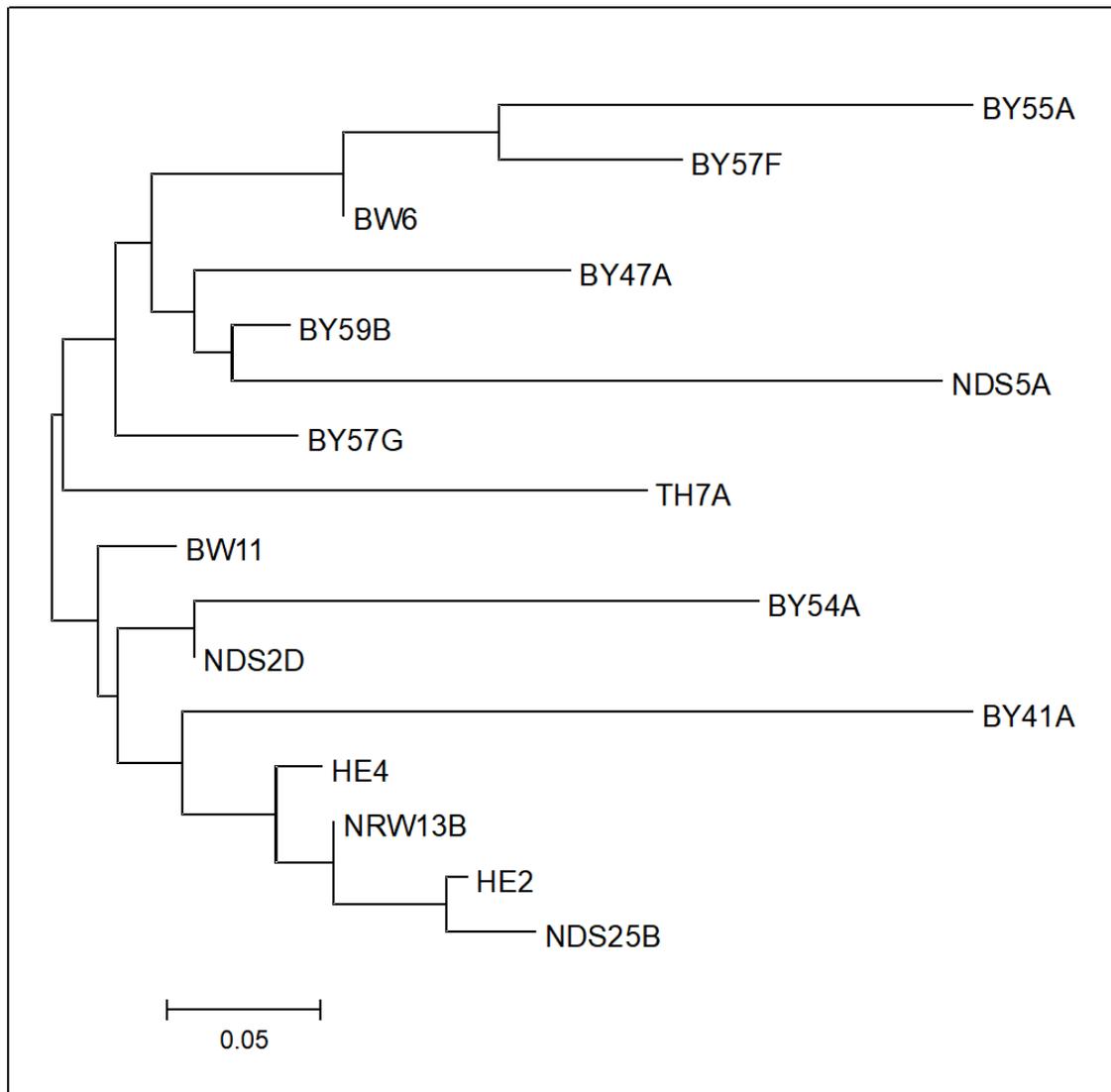


Abb. 5: Neighbour-Joining-Dendrogramm der Bachforellenbestände basierend auf Nei's unbiased genetic distance (Nei 1972,1978)

### **Seeforellenbestände**

Die Analyse der Populationsstruktur auf Individuenbasis mittels STRUCTURE und STRUCTURE HARVESTER lieferte nur  $K = 2$  als mögliche Anzahl genetischer Cluster der acht Seeforellenbestände. Es gibt nur wenige Individuen, die sich nicht dem Cluster ihres jeweiligen Bestandes zuordnen lassen. Die Bestände selbst verteilen sich wie folgt auf die beiden Cluster (Abb. 6).

- Cluster 1 (hellblau in Abb. 6): BW6, BY53A, BY56F, BY57E, NRW12B
- Cluster 2 (orange in Abb. 6): BY51B, BY52F, BY55C

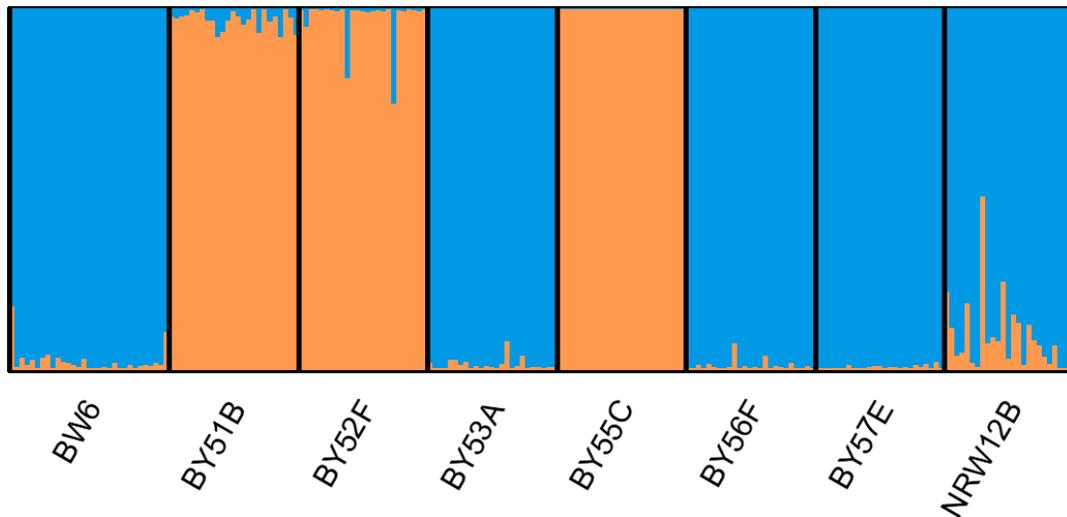


Abb. 6: Grafische Darstellung der Ergebnisse der Clusteranalyse der Seeforellenbestände

Verfügbare Informationen zu einigen, den Beständen zugrundeliegenden Basispopulationen legen für die Bestände aus Baden-Württemberg und Bayern eine Clusterung in Herkünfte aus dem Bodenseegebiet (hellblau) sowie aus dem Königssee und dem Walchensee (orange) nahe.

Die Ergebnisse der Clusteranalyse decken sich bei der Seeforelle nahezu völlig mit dem Neighbour-Joining-Dendrogramm der Bestände (Abb. 7). Das gesamte Cluster 1 gruppiert zusammen, ebenso wie zwei Bestände (BY52F und BY55C) des Clusters 2. Lediglich der Bestand BY51B nimmt eine separate Position ein.

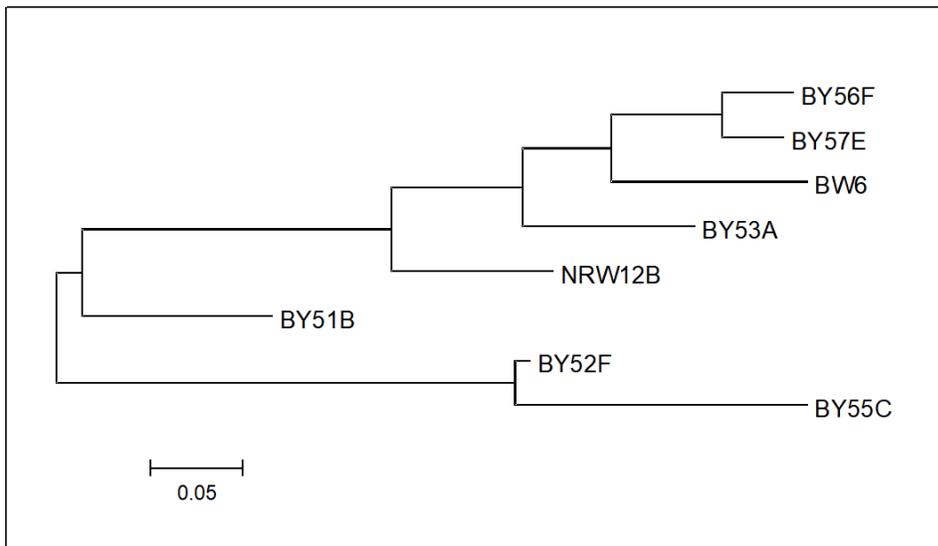


Abb. 7: Neighbour-Joining-Dendrogramm der Seeforellenbestände basierend auf Nei's unbiased genetic distance (Nei 1972,1978)

### ***Bachsaiblingsbestände***

Die Analyse der Populationsstruktur auf Individuenbasis mittels STRUCTURE und STRUCTURE HARVESTER lieferte wie bei den Bachforellen wieder  $K = 2, 6$  und  $8$  als mögliche Anzahl genetischer Cluster der 10 Bachsaiblingsbestände. Eine Gegenüberstellung der drei Varianten zeigt Abb. 8. Dabei wird deutlich, dass  $K = 8$  die beste Auflösung liefert. Allerdings wird ein Cluster nur von einem Individuum gebildet, so dass farblich nur 7 Cluster in der Darstellung der Bestände unterscheidbar sind. Bestände, deren Individuen vorwiegend einem einzelnen Cluster zugeordnet werden konnten, sind:

- Cluster 1 (rosa in Abb. 8): BY41C, NDS8A
- Cluster 2 (hellgrün in Abb. 8): BY47C, BY51D, NDS22D
- Cluster 3 (hellblau in Abb. 8): BY54C
- Cluster 4 (orange in Abb. 8): HE3
- Cluster 5 (gelb in Abb. 8): NDS2E
- Cluster 6 (dunkelgrün in Abb. 8): NRW1C
- Cluster 7 (rot in Abb. 8): TH7B

Die Ergebnisse der Clusteranalyse stimmen beim Bachsaibling nur z.T. mit dem Neighbour-Joining-Dendrogramm der Bestände (Abb. 9) überein. Die zwei Bestände des Clusters 1 (BY41C und NDS8A) gruppieren zusammen, ebenso wie die drei Bestände des Clusters 2

(BY47C, BY51D und NDS22D). Insgesamt lässt sich aber auch beim Bachsaibling kein klares geografisches Muster nach Bundesland erkennen.

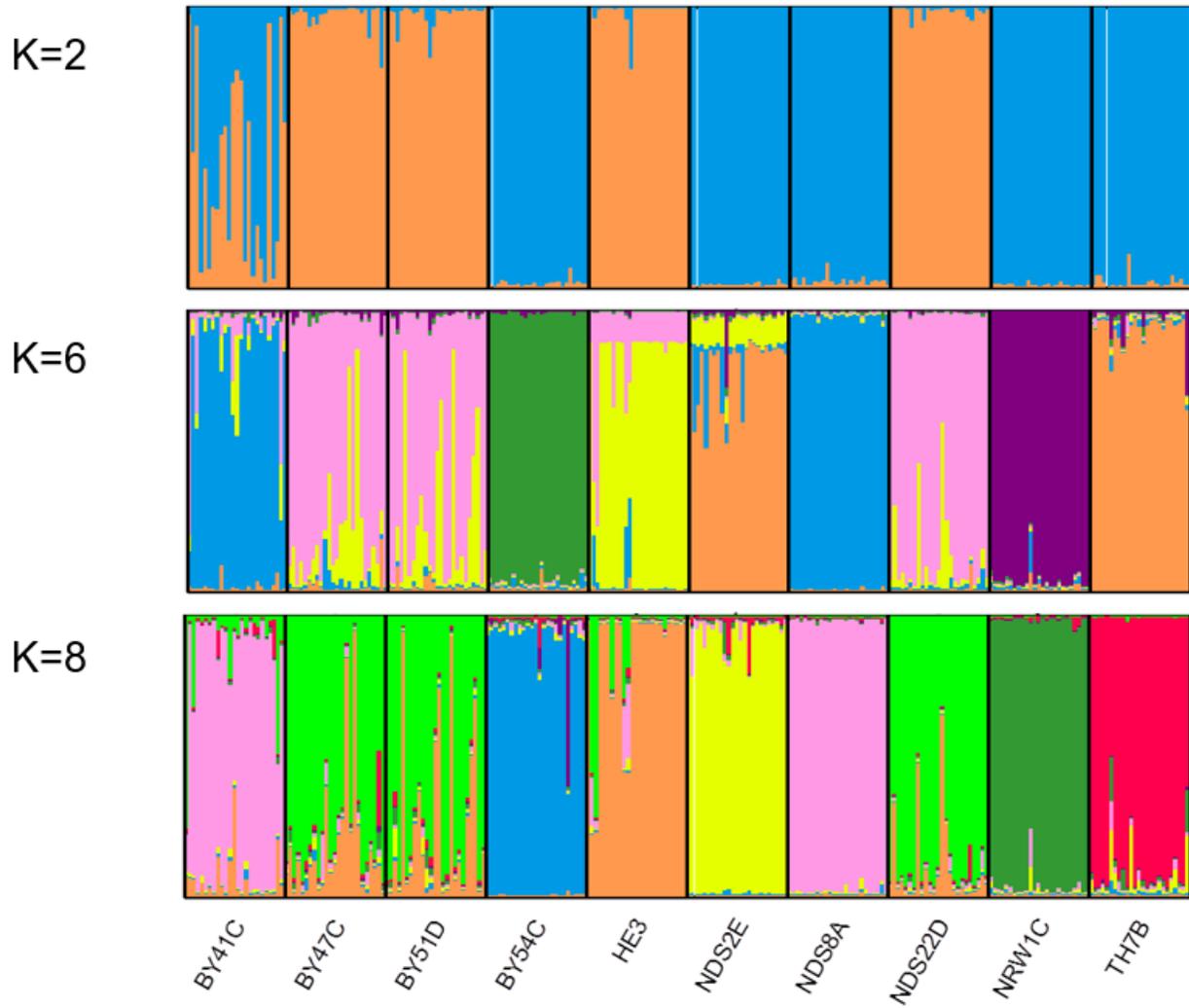


Abb. 8: Grafische Darstellung der Ergebnisse der Clusteranalyse der Bachsaiblingsbestände

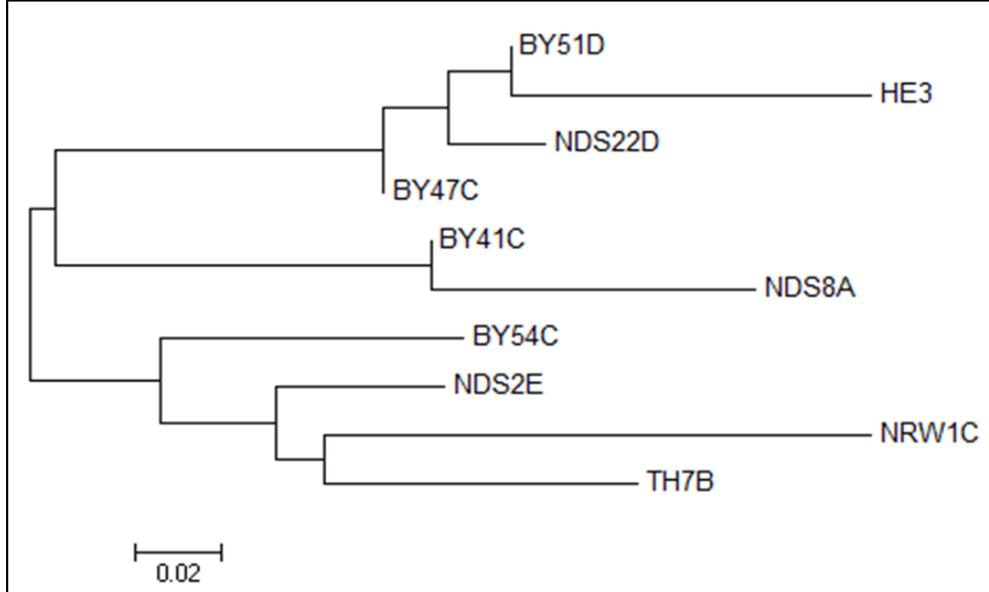


Abb. 9: Neighbour-Joining-Dendrogramm der Bachsaiblingsbestände basierend auf Nei's unbiased genetic distance (Nei 1972,1978)

### **Seesaiblingsbestände**

Die Analyse der Populationsstruktur auf Individuenbasis mittels STRUCTURE und STRUCTURE HARVESTER lieferte wie bei der Seeforelle nur  $K = 2$  als mögliche Anzahl genetischer Cluster der drei Seesaiblingsbestände. Alle Individuen konnten eindeutig dem Cluster ihres jeweiligen Bestandes zugeordnet werden. Die Bestände selbst verteilen sich wie folgt auf die beiden Cluster (Abb. 10):

- Cluster 1 (orange in Abb. 10): BY48H, BY54D
- Cluster 2 (hellblau in Abb. 10): BY56C

Als Basispopulation zum Aufbau des Bestandes BY56C wurde der Hintersee benannt.

Ein identisches Bild zeigt das Neighbour-Joining-Dendrogramm der Bestände (Abb. 11). Die zwei Bestände des Clusters 1 (BY48H und BY54D) bilden auch hier eine Gruppe mit relativ großem Abstand zum Bestand des Clusters 2 (BY56C).

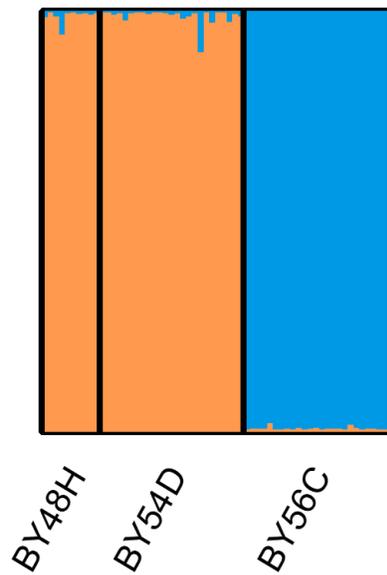


Abb. 10: Grafische Darstellung der Ergebnisse der Clusteranalyse der Seesaiblingsbestände

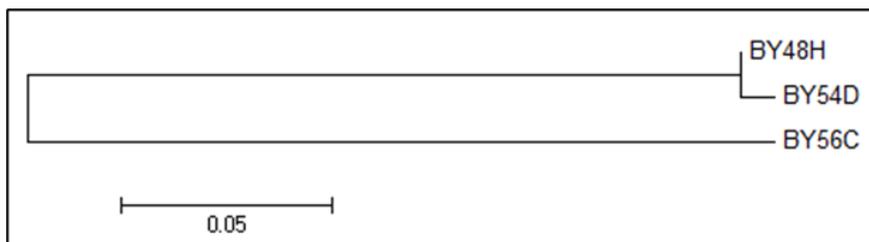


Abb. 11: Neighbour-Joining-Dendrogramm der Seesaiblingsbestände basierend auf Nei's unbiased genetic distance (Nei 1972,1978)

### **Äschenbestände**

Die Analyse der Populationsstruktur auf Individuenbasis mittels STRUCTURE und STRUCTURE HARVESTER lieferte nur  $K = 3$  als mögliche Anzahl genetischer Cluster der vier Äschenbestände. Die Mehrzahl aller Individuen konnte eindeutig dem Cluster ihres jeweiligen Bestandes zugeordnet werden. Die Bestände selbst verteilen sich wie folgt auf die drei Cluster (Abb. 12):

- Cluster 1 (orange in Abb. 12): BY49C, BY57B
- Cluster 2 (gelb in Abb. 12): BY54F
- Cluster 3 (hellblau in Abb. 12): BY56E

Die Ergebnisse der Clusteranalyse stimmen bei der Äsche relativ gut mit dem Neighbour-Joining-Dendrogramm der Bestände (Abb. 13) überein: Die Bestände der Cluster 1 (BY49C und BY57B) und Cluster 2 (BY54F) gruppieren zusammen. Das lässt sich dadurch erklären, dass in allen drei Beständen einzelne Individuen mit geringen genetischen Anteilen des jeweils anderen Clusters vorkamen. Der Bestand BY56E (Cluster 3) nimmt dagegen mit relativ großem genetischen Abstand eine separate Position ein. Anhand der Befragungen der Laichfischhalter war keine dezidierte Zuordnung der für den Aufbau der Bestände verwendeten Basispopulationen möglich.

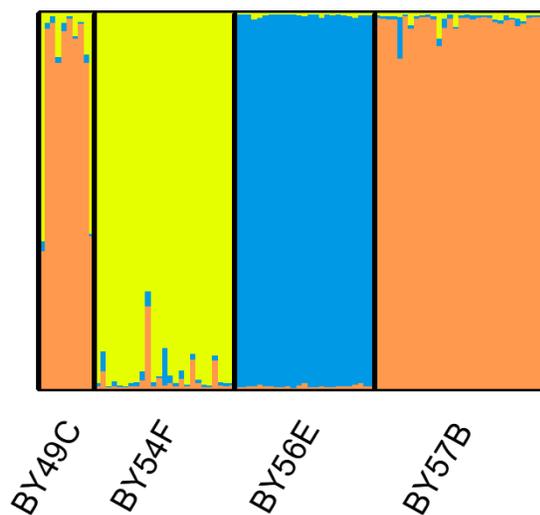


Abb. 12: Grafische Darstellung der Ergebnisse der Clusteranalyse der Äschenbestände

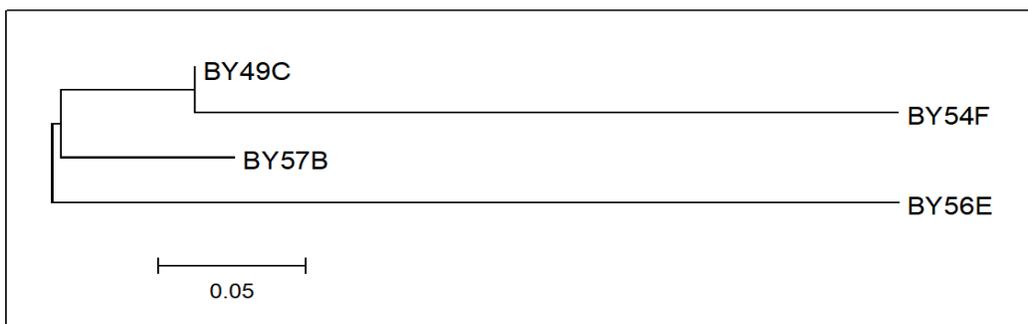


Abb. 13: Neighbour-Joining-Dendrogramm der Äschenbestände basierend auf Nei's unbiased genetic distance (Nei 1972,1978)

## **Schwerpunkt 2: Vergleich der Zuchtbestände mit wildlebenden Verwandten anhand mitochondrialer DNA-Sequenzen**

Die Sequenzen der untersuchten mtDNA-Regionen und die Ergebnisse ihrer Analysen (Haplotypenverteilung) in den untersuchten Beständen der sechs Salmonidenarten sind in den dem Auftraggeber übergebenen MS-Excel-Dateien (Regenbogenforelle\_Statistik\_D-Loop.xlsx; Bachforelle\_Statistik\_D-Loop.xlsx; Seeforelle\_Statistik\_D-Loop.xlsx; Bachsaibling\_Statistik\_D-Loop.xlsx; Seesaibling\_Statistik\_D-Loop.xlsx und Äsche\_Statistik\_ND-5.xlsx) dargestellt. Die zusammenfassende Betrachtung der Ergebnisse erfolgt getrennt nach einheimischen und für die Aquakultur/Angelfischerei eingeführten Arten.

### **Einheimische Arten:**

#### **Bachforelle**

Für die Sequenzanalyse der D-Loop-Region wurden von den 43 Bachforellenbeständen je 10 Individuen ausgewählt. Bedingt durch Ausfälle in mehreren Beständen konnten insgesamt jedoch nur 356 auswertbare, vollständige D-Loop-Sequenzen von 1012 bp Länge gewonnen werden. Als Referenzsequenz diente der Haplotyp H1 aus Cortey und Garcia-Marin (2002). Die Sequenzen wiesen 18 variable Nukleotid-Positionen auf (Tab. 23). Dabei handelte es sich um 16 Substitutionen und zwei benachbarte Deletionen im Vergleich zur Referenzsequenz. Die 18 variablen Nukleotid-Positionen ergaben 10 verschiedene Haplotypen. Die Nukleotid-Diversität  $\pi$  der 10 Haplotypen betrug 0,00406.

Die BLAST-Suche in der NCBI GenBank ergab, dass vier der 10 gefundenen Haplotypen identisch mit Haplotypen aus Cortey und Garcia-Marin (2002) waren; deren Bezeichnungen (H1 bis H4) wurden daher für die vorliegende Studie übernommen. Fünf der sechs neu gefundenen Haplotypen können als Varianten der Typen H1 bis H4 betrachtet werden: 4 wiesen Identitäten von jeweils 99,9 % (1011 von 1012 Nukleotiden) zu ihnen auf und wurden deshalb als H2a, H3a, H3b und H4a bezeichnet; der fünfte Haplotyp unterschied sich in den zwei Deletionen (= 99,8 % Identität) vom Haplotyp H1 und wurde dementsprechend als H1a bezeichnet. Der letzte der neuen Haplotypen wies eine Identität von 99,9 % mit *Salmo trutta caspius*, Haplotyp Iran3 (Vera et al. 2011; GenBank: HM237339) auf und wurde als Iran3a bezeichnet.

Tab. 23: Variable Nukleotid-Positionen der 10 gefundenen D-Loop Haplotypen der Bachforelle

Variable Nukleotid-Positionen																		Beispiel für Probe aus aktueller Studie	bekannter Haplotyp
2	26	235	388	389	529	541	542	547	678	838	899	906	935	968	973	974	980	Referenz	H1 <sup>a</sup>
T	T	T	C	T	C	G	G	C	C	A	A	C	C	C	C	T	T		
*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	BW4-1	H1 <sup>a</sup>
*	*	*	*	*	T	*	*	*	*	*	*	*	A	*	*	*	*	BW6-8	H2 <sup>b</sup>
*	*	*	*	*	T	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	BW6-1	H3 <sup>c</sup>
*	*	*	*	*	T	*	*	*	*	*	*	A	A	*	*	*	*	BW6-5	H4 <sup>d</sup>
*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	Del	Del	*	BY56A6	H1a (neu)
*	*	*	*	*	T	*	*	*	T	*	*	*	A	*	*	*	*	BW11-13	H2a (neu)
*	*	*	*	*	T	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	A	BB11A6	H3a (neu)
*	*	*	*	*	T	*	*	*	*	G	*	*	*	*	*	*	*	NDS2D9	H3b (neu)
*	*	*	*	*	T	*	*	*	T	*	*	A	A	*	*	*	*	BW11-17	H4a (neu)
C	A	G	T	C	*	A	C	T	*	*	G	*	*	T	*	*	*	BW5-8	Iran3a (neu)

<sup>a</sup> Cortey und Garcia-Marin (2002): GenBank AF273086

<sup>b</sup> Cortey und Garcia-Marin (2002): GenBank AF273087

<sup>c</sup> Cortey und Garcia-Marin (2002): GenBank AF274574

<sup>d</sup> Cortey und Garcia-Marin (2002): GenBank AF274575

Im Haplotypen-Netzwerk (Abb. 14) nahm der Haplotyp H3 eine zentrale Stellung ein. Von ihm ausgehend waren die Haplotypen H1, H2, H4 und deren neu gefundenen Varianten maximal vier Substitutionen/Mutationsschritte entfernt, was ihre enge genetische Verwandtschaft unterstreicht. Im Gegensatz dazu war der neue Haplotyp Iran3a 11 Substitutionen/Mutationsschritte von H3 entfernt, unterschied sich aber nur in einer Substitution vom Haplotyp Iran3, der im Netzwerk zu Vergleichszwecken mit einbezogen wurde.

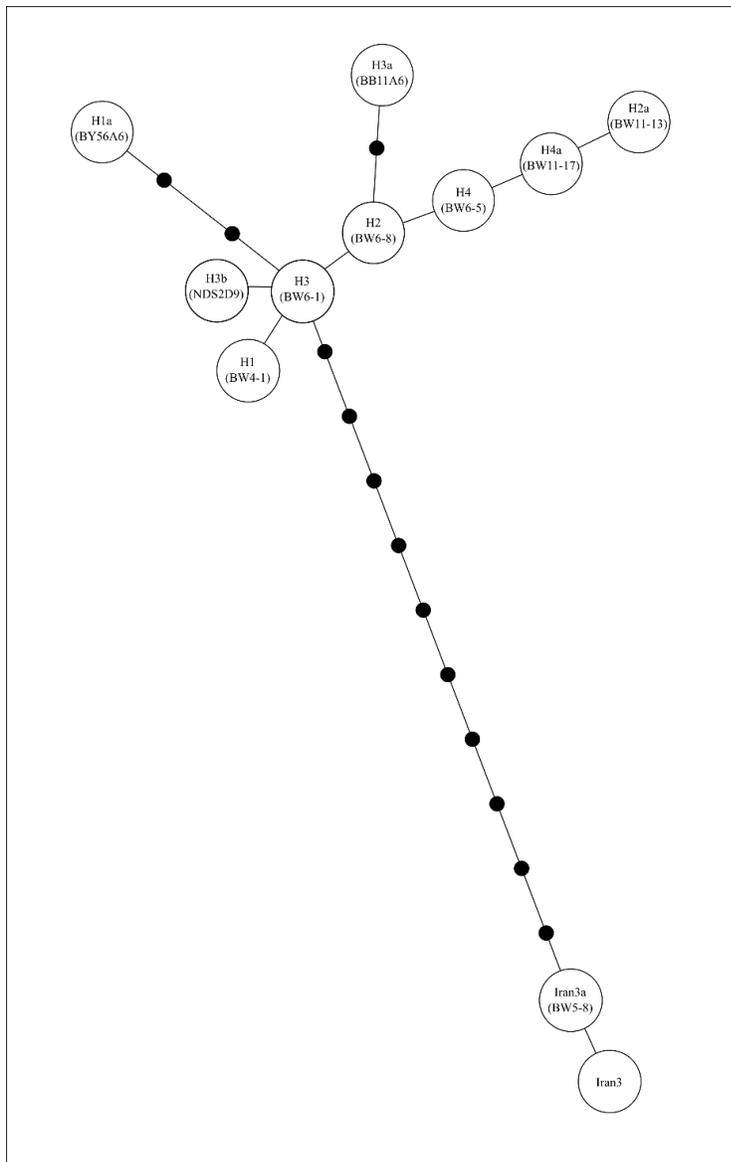


Abb. 14: Netzwerk der 10 gefundenen D-Loop-Haplotypen der Bachforelle (+ Iran3 als Vergleich). Die schwarzen Punkte symbolisieren „fehlende Haplotypen“, die nicht in den untersuchten Proben vorkamen, aber notwendige Mutationsschritte für die Verbindung zu den benachbarten Haplotypen darstellen. In Klammern: Proben-IDs, deren Sequenzen für die BLAST-Suche verwendet wurden

Die Verteilung der 10 gefundenen Haplotypen in den untersuchten Bachforellenbeständen ist in Tab. 24 dargestellt. Die Anzahl der Haplotypen je Bestand variierte stark von der Fixierung auf einen einzigen Haplotyp (BW15, BY44A, BY57F, NRW2B, SN32A und SWH3B) bis zu fünf Haplotypen (BW11 und NDS2D).

Tab. 24: Verteilung der 10 gefundenen D-Loop-Haplotypen in den 43 untersuchten Bachforellenbeständen

Bestand	Haplotyp									
	H1	H2	H3	H4	H1a	H2a	H3a	H3b	H4a	Iran3a
BB11A		1	8				1			
BW4	3	3	2	1						
BW5				9						1
BW6		2	5	3						
BW11		1	3	1		1			1	
BW15			10							
BW21		6				1			1	
BY8A	2		4	4						
BY41A		2		5						
BY44A			5							
BY49A	2	6		1						
BY50A		7		1						
BY51C		7		2						
BY52A	4		1				5			
BY54A		3		6						
BY55A		1	9							
BY56A	2	1		3	1					
BY57F		10								
BY57G		5		5						
BY58A			6	4						
BY59B		1	7	1						
HE2	4	1		2	1					
HE3	2		1	7						
HE4		3		4			1			
NDS2C		5	2	3						
NDS2D	2	1	2	3				1		
NDS5A	5		5							
NDS8C	1	3		4			2			
NDS22C		5	2	3						
NDS25B	6	1					2			

Fortsetzung Tab. 24

Bestand	Haplotyp									
	H1	H2	H3	H4	H1a	H2a	H3a	H3b	H4a	Iran3a
NRW1B			1							9
NRW2B		10								
NRW13B	4						1			
NRW14B		4		5						
NRW16B			4	2						
RP1B				1						2
RP1E	2			5						1
RP1F			2	5						1
SN32A			3							
SN33A		1	2	3						
SWH3B				5						
TH7A			8	2						
TH10A			1	1						
<b>Summe</b>	<b>39</b>	<b>90</b>	<b>93</b>	<b>101</b>	<b>2</b>	<b>2</b>	<b>12</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>14</b>

Im Abschlussbericht zum Projekt „Erfassung und Dokumentation der genetischen Variabilität von Wildpopulationen der Bachforelle (*Salmo trutta fario*) aus verschiedenen Flussgebietseinheiten in Deutschland“ (Schmidt et al. 2015, Tab. A2) sind die Cortey und Garcia-Marin (2002) Haplotypen H1 als At1a, H2 als At1b, H4 als At1c und H3 als At1d codiert. Sie waren die häufigsten Haplotypen der Wildbestände und kamen in allen fünf beprobten Flussgebietseinheiten (Donau, Elbe, Oder, Rhein und Weser) vor. Mit 323 von 356 D-Loop-Sequenzen bzw. 91,0 % waren diese vier Haplotypen auch in den Zuchtbeständen der vorliegenden Studie am häufigsten. Sie und ihre fünf neu beschriebenen Varianten können der atlantischen Linie von *Salmo trutta* zugeordnet werden (Duftner et al. 2003). Die meisten der untersuchten Zuchtbestände wiesen nur Haplotypen dieser Linie auf. Demgegenüber ist der neu gefundene Haplotyp Iran3a aufgrund seiner Ähnlichkeit zum Typ Iran3 der danubischen Linie zuzuordnen (Vera et al. 2011). Dieser Haplotyp wurde nur in fünf Zuchtbeständen gefunden: BW5, NRW1B, RP1B, RP1E und RP1F, allerdings stets zusammen mit mindestens einem Haplotypen der atlantischen Linie.

### **Seeforelle**

Für die Sequenzanalyse der D-Loop-Region wurden von den acht Seeforellenbeständen je 10 Individuen ausgewählt. Bedingt durch drei Ausfälle im Bestand BY53A konnten insgesamt nur 77 auswertbare, vollständige D-Loop Sequenzen von 1012 bp Länge gewonnen werden. Als Referenzsequenz diente der Haplotyp H1 aus Cortey und Garcia-Marin (2002). Die Sequenzen wiesen 16 variable Nukleotid-Positionen auf (Tab. 25). Dabei handelte es sich ausschließlich um

Substitutionen, Indels wurden nicht gefunden. Die 16 variablen Nukleotid-Positionen ergaben acht verschiedene Haplotypen. Die Nukleotid-Diversität  $\pi$  der acht Haplotypen betrug 0,00674.

Die BLAST-Suche in der NCBI GenBank ergab, dass vier der gefundenen Haplotypen identisch mit Haplotypen aus Cortey und Garcia-Marin (2002) waren; deren Bezeichnungen (H1 bis H4) wurden daher für die vorliegende Studie übernommen. Zwei weitere Haplotypen waren die schon bei den Bachforellen neu gefundenen Haplotypen H2a und Iran3a. Für die restlichen zwei Haplotypen wurden keine 100 %igen Übereinstimmungen gefunden. Einer von ihnen lieferte die beste Übereinstimmung (99,8 %) zu *Salmo trutta oxianus* Isolat AFA2 (Griffiths et al. 2009; GenBank: EU329720) und wurde daher als AFA2a bezeichnet. Schließlich ergab sich für den letzten Haplotyp eine Übereinstimmung von 99,7 % mit *Salmo trutta* Haplotyp ATcs49 (Cortey et al. 2009; GenBank: EF530509), der demzufolge als ATcs49a bezeichnet wurde.

Im Haplotypen-Netzwerk (Abb. 15) nahm der Haplotyp H3 eine zentrale Stellung ein. Von ihm ausgehend waren die Haplotypen H1, H2, H2a, H4 und ATcs49a maximal drei Substitutionen/Mutationsschritte entfernt, was ihre enge genetische Verwandtschaft unterstreicht. Im Gegensatz dazu war der neue Haplotyp AFA2a 13 Substitutionen/Mutationsschritte von H3 und zwei Substitutionen/Mutationsschritte von Iran3a entfernt, was wiederum deren enge genetische Verwandtschaft unterstreicht.

Die Verteilung der gefundenen Haplotypen in den untersuchten Seeforellenbeständen ist in Tab. 26 dargestellt. Die Anzahl der Haplotypen je Bestand variierte stark von zwei (BW6, BY52F, BY53A und BY55C) bis sechs (BY51B).

Im Abschlussbericht zum Projekt „Erfassung und Dokumentation der genetischen Vielfalt der Seeforelle (*Salmo trutta lacustris*) in Deutschland“ (Wetjen et al. 2018, Tab. 14-A2) sind die Cortey und Garcia-Marin (2002) Haplotypen H1 als At1a, H2 als At1b, H4 als At1c und H3 als At1d codiert. Diese vier Haplotypen und H2a können der atlantischen Linie von *Salmo trutta* zugeordnet werden (Duftner et al. 2003) ebenso wie ATcs49a aufgrund seiner Ähnlichkeit zum atlantischen Haplotypen ATcs49 (Cortey et al. 2009). Demgegenüber gehören die Haplotypen Iran3a und die neu beschriebene Variante AFA2a des Haplotyps AFA2 zur danubischen Linie (Griffiths et al. 2009, Vera et al. 2011).

Daraus folgt, dass nur einer der untersuchten Bestände (BW6) auf der mtDNA-Ebene rein atlantischen Ursprungs ist. Alle anderen Bestände sind „admixed“, d.h. weisen sowohl atlantische als auch danubische Haplotypen auf. Darüber hinaus gibt es keinen Bestand mit rein danubischen Haplotypen.

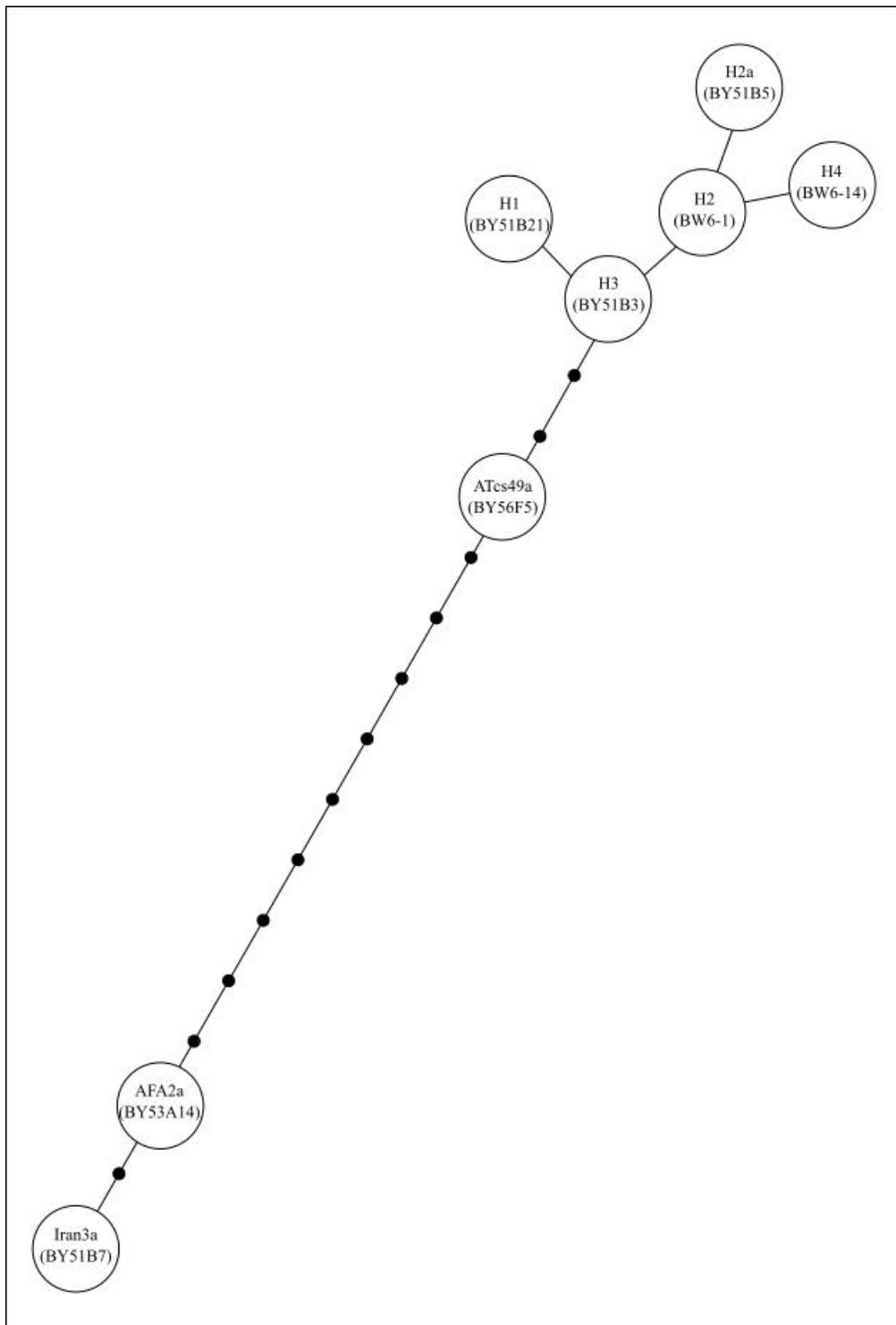


Abb. 15: Netzwerk der acht gefundenen D-Loop-Haplotypen der Seeforelle. Die schwarzen Punkte symbolisieren „fehlende Haplotypen“, die nicht in den untersuchten Proben vorkamen, aber notwendige Mutationsschritte für die Verbindung zu den benachbarten Haplotypen darstellen. In Klammern: Proben-IDs, deren Sequenzen für die BLAST-Suche verwendet wurden

Tab. 25: Variable Nukleotid-Positionen der acht gefundenen D-Loop-Haplotypen der Seeforelle

Variable Nukleotid-Positionen																Beispiel für Probe aus aktueller Studie	bekannter Haplotyp
2	26	233	234	235	388	389	529	541	542	547	678	899	906	935	968	Referenz	H 1 <sup>a</sup>
*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	BY51B-21	H 1 <sup>a</sup>
*	*	*	*	*	*	*	T	*	*	*	*	*	*	A	*	BW6-1	H 2 <sup>b</sup>
*	*	*	*	*	*	*	T	*	*	*	*	*	*	*	*	BY51B-3	H 3 <sup>c</sup>
*	*	*	*	*	*	*	T	*	*	*	*	*	A	A	*	BW6-14	H 4 <sup>d</sup>
*	*	*	*	*	*	*	T	*	*	*	T	*	*	A	*	BY51B-5	H 2a (neu)
C	A	*	*	G	T	C	*	A	C	T	*	G	*	*	T	BY51B-7	Iran 3a (neu)
C	A	A	G	G	T	C	*	A	C	T	*	G	*	*	T	BY53A-14	AFA2a (neu)
*	*	A	G	G	*	*	T	*	*	*	*	*	*	*	*	BY56F-5	ATcs49a (neu)

<sup>a</sup> Cortey und Garcia-Marin (2002): GenBank AF273086

<sup>b</sup> Cortey und Garcia-Marin (2002): GenBank AF273087

<sup>c</sup> Cortey und Garcia-Marin (2002): GenBank AF274574

<sup>d</sup> Cortey und Garcia-Marin (2002): GenBank AF274575

Tab. 26: Verteilung der acht gefundenen D-Loop Haplotypen in den acht untersuchten Seeforellenbeständen

Bestand	Haplotyp							
	H1	H2	H3	H4	H2a	Iran3a	AFA2a	ATcs49a
BW 6		7		3				
BY 51B	1	1	3	1	3	1		
BY 52F	6					4		
BY 53A	3						4	
BY 55C			2			8		
BY 56F		2	6			1		1
BY 57E			7			1		2
NRW 12B			6	3		1		
<b>Summe</b>	<b>10</b>	<b>10</b>	<b>24</b>	<b>7</b>	<b>3</b>	<b>16</b>	<b>4</b>	<b>3</b>

## Seesaibling

Für die Sequenzanalyse der D-Loop-Region wurden von den drei Seesaiblingsbeständen je 10 Individuen ausgewählt. Bedingt durch einen Ausfall im Bestand BY54D konnten insgesamt nur 29 auswertbare partielle D-Loop-Sequenzen von 419 bp Länge gewonnen werden. Diese konnten zwei Haplotypen zugeordnet werden, die sich an vier Nukleotid-Positionen unterscheiden (Tab. 27): Zwei Substitutionen und zwei Deletionen. Die Nukleotid-Diversität  $\pi$  der zwei Haplotypen betrug 0,00480.

Tab. 27: Variable Nukleotid-Positionen der zwei gefundenen D-Loop Haplotypen des Seesaiblings

Variable Nukleotid-Positionen				Beispiel für	Identisch mit	GenBank
				Probe aus	Englbrecht et	Accession
				aktueller	al. (2002)	Nummer
				Studie	Haplotyp	
<b>80</b>	<b>300</b>	<b>357</b>	<b>417</b>			
G	A	A	C	BY48H1	H1	KU877556
T	Deletion	G	Deletion	BY56C10	H6	KU877561

Die BLAST-Suche in der NCBI GenBank ergab, dass der Haplotyp 1 zu 100 % mit dem Isolat *Salvelinus alpinus alpinus* ARLS04\_004 (KY122249, Oleinik et al. unveröffentlicht sowie MN957796, Oleinik et al. 2020) und der Haplotyp 2 zu 99 % mit dem Isolat *Salvelinus alpinus alpinus* ARLS04\_014 (KY122251, Oleinik et al. unveröffentlicht sowie MN957797, Oleinik et al. 2020) identisch waren. Beide Isolate stammten aus dem See Sitasjaure an der Grenze zwischen Schweden und Norwegen.

Alle Individuen der Bestände BY48H und BY54D waren für den Haplotyp 1 fixiert, der auch im Bestand BY56C mit 9 von 10 Individuen dominierte (Tab. 28). Die Haplotypenverteilung stimmt gut mit den Ergebnissen der Mikrosatelliten-Analysen überein. Dort gehörten die Bestände BY48H und BY54D zum selben genetischen Cluster (Abb. 10) bzw. gruppierten zusammen im Neighbour-Joining Dendrogramm (Abb. 11), während der Bestand BY56C zu einem separaten Cluster gehörte und auch im Dendrogramm eine relativ separate Stellung einnahm.

Tab. 28: Verteilung der zwei gefundenen D-Loop-Haplotypen in den drei untersuchten Seesaiblingsbeständen

Bestand	Haplotyp	
	1 (= H1 nach Englbrecht et al. 2002)	2 (= H6 nach Englbrecht et al. 2002)
BY48H	10	
BY54D	9	
BY56C	9	1
<b>Summe</b>	<b>28</b>	<b>1</b>

Eine methodisch vergleichbare Studie zu deutschen Seesaiblingsbeständen liegt von Englbrecht et al. (2002) vor. Sie sequenzierten einen 225 bp langen Abschnitt des D-Loop 3'-Endes von 157 Individuen aus 10 Seen in Süddeutschland und dem nördlichen Österreich und fanden 17 Haplotypen, die sich an 14 Positionen, einschließlich Indels, unterschieden. Die entsprechenden Sequenzen sind in der NCBI GenBank unter den Zugangsnummern KU877556 bis KU877572 zu finden. Ein Vergleich der mit unseren Sequenzen überlappenden Bereiche (von 205 bis 419 bp für Haplotyp 1 bzw. von 205 bis 417 bp für Haplotyp 2) zeigte 100 % Identität zu Haplotyp H1 (unser Haplotyp 1) bzw. 100 % Identität zu Haplotyp H6 (unser Haplotyp 2) aus der Studie von Englbrecht et al. (2002). Haplotyp H1 dominierte auch in der damaligen Studie mit 44,6 % aller beobachteten Haplotypen, wurde in 9 der 10 Populationen gefunden und fehlte nur im Ammersee. Demgegenüber war Haplotyp H6 relativ selten. In Deutschland kam er nur bei einem von 13 Individuen aus dem Bodensee vor (Tab. 5 in Englbrecht et al. 2002). Die restlichen Individuen mit Haplotyp H6 stammten aus dem Fuschlsee (3 von 15 Individuen) und Grundlsee (4 von 15 Individuen) in Österreich.

### Äsche

Für die Sequenzierung des 529 bp langen Abschnitts der NADH-5 Dehydrogenase (ND-5) und den Vergleich mit den Haplotypen aus Gum et al. (2005) sollten jeweils 10 Individuen der vier beprobten Bestände verwendet werden. Trotz des Einsatzes von Ersatzindividuen und mehrfacher Wiederholungen und Modifizierungen der PCR-Protokolle gelang es jedoch nicht, eine Probe des Bestandes BY56E und neun Proben des Bestandes BY57B für die anschließende Sequenzierung zu amplifizieren. Somit standen statt 40 nur 30 Sequenzen für die Auswertung zur Verfügung. Als Referenzsequenz diente der Haplotyp CW05 aus Gum et al. (2005).

Die 30 auswertbaren Sequenzen wiesen eine hohe Diversität auf. Von den insgesamt 529 Nukleotiden waren 23 Positionen bzw. 4,35 % variabel (Tab. 29). Dabei handelte es sich ausschließlich um Substitutionen, Indels wurden nicht gefunden. Die 23 variablen Nukleotid-Positionen ergaben 10 verschiedene Haplotypen. Entsprechend der hohen Anzahl variabler Positionen betrug die Nukleotid-Diversität  $\pi$  der 10 Haplotypen 0,01613.

Die BLAST-Suche in der NCBI GenBank ergab erwartungsgemäß eine 100 %ige Übereinstimmungen mit je vier Haplotypen aus Gum et al. (2005) (CE03, CW01, CW05, CW06) aber auch mit zwei Haplotypen aus Koskinen et al. (2000) (H16 und H17). Die vier neuen Haplotypen standen den bereits bekannten sehr nahe. Zwei wiesen Identitäten von 99,8 % zu H16 bzw. H17 auf und wurden dementsprechend als H16a bzw. H17a bezeichnet. Die beiden anderen wiesen Identitäten von 99,6 % bzw. 98,9 % zu CE03 auf und wurden daher als CE03a bzw. CE03b bezeichnet.

Im Haplotypen-Netzwerk (Abb. 16) lässt sich eine Gliederung in zwei Cluster erkennen: Zum größeren Cluster im oberen Teil gehörten acht Haplotypen (CW01, CW05, CW06, H17, H17a, CE03, CE03a und CE03b), die sich um den zentralen Typ H17 gruppieren. Dem steht ein kleines Cluster aus zwei Haplotypen (H16 und H16a) gegenüber. Der Abstand von H17 zu H16 beträgt 15 Substitutionen/Mutationsschritte.

Die Verteilung der 10 Haplotypen in den untersuchten Äschenbeständen ist in Tab. 30 dargestellt. Auch hier zeigte sich eine z.T. hohe Diversität innerhalb der Bestände, insbesondere BY54F mit sechs Haplotypen und BY49C mit drei Haplotypen.

Drei der vier Haplotypen aus Gum et al. (2005) gehören der Linie IIa an und wurden von den Autoren im Einzugsgebiet von Donau (CW01: Fichtelnaab, Waldnaab; CW05: Sempt, Tittmoninger Ache), Rhein/Main (CW01: Erf, Sinn; CW05: Bodensee; CW06: Leinleiter) bzw. Weser (CW06: Lutter) gefunden. Im Gegensatz dazu gehörte der Haplotyp CE03 zur Linie IIb und kam im Ostseeraum vor (Dunajec, Vistula in Polen, Akmena in Litauen und Rätan in Zentralschweden). Der Haplotyp H16 wurde von Koskinen et al. (2000) in der Ramsach (Donau-Einzugsgebiet) und der Haplotyp H17 u.a. in der Eger (Elbe-Einzugsgebiet) gefunden.

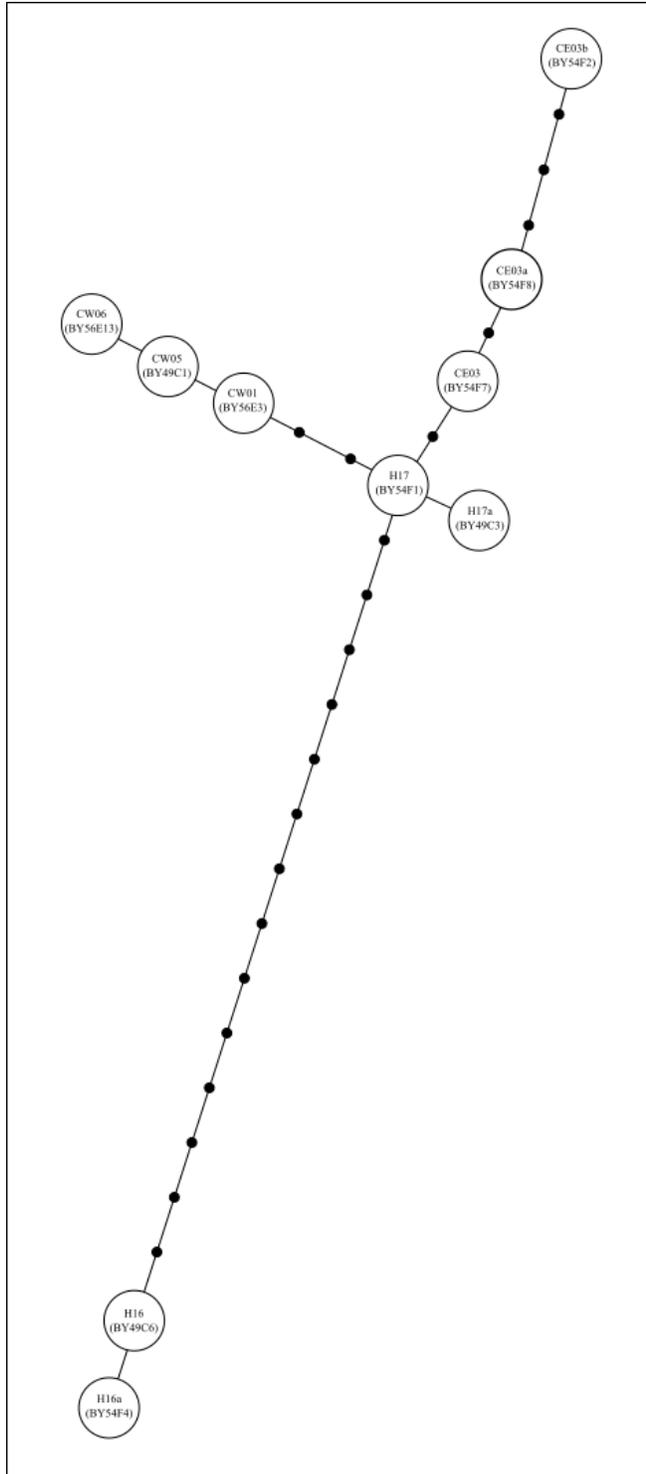


Abb. 16: Netzwerk der 10 gefundenen ND-5 Haplotypen der Äsche. Die schwarzen Punkte symbolisieren „fehlende Haplotypen“, die nicht in den untersuchten Proben vorkamen, aber notwendige Mutationsschritte für die Verbindung zu den benachbarten Haplotypen darstellen. In Klammern: Proben-IDs, deren Sequenzen für die BLAST-Suche verwendet wurden

Im Projekt „Erfassung und Dokumentation der genetischen Vielfalt der Äsche (*Thymallus thymallus*) in Deutschland“ (Köbsch et al. 2019) wurden u.a. auch die mitochondrialen ND1- und ND5/6-Regionen untersucht, allerdings mittels RFLP-Analysen. Auch wenn dadurch ein direkter Sequenz-Vergleich nicht möglich ist, kann über die von Gum et al. (2005) beschriebenen Hauptlinien I, IIa, IIb und III eine Einordnung der Ergebnisse vorgenommen werden. Köbsch et al. (2019) stellten eine deutliche Zuordnung der haplotypisierten Individuen zu den Hauptlinien gemäß ihrer Zugehörigkeit zu den Flussgebietseinheiten (FGE) fest. Demnach gehörten Individuen der FGEs Rhein und Maas größtenteils zu Haplotypen der Linie IIa (außer der Lahn-Population), Individuen der FGEs Elbe und Weser größtenteils zu Haplotypen der Linie IIb und Individuen aus der FGE Donau größtenteils zu Haplotypen der Linie III an.

Tab. 29: Variable Nukleotid-Positionen der 10 gefundenen ND-5 Haplotypen der Äsche

Variable Nukleotid Positionen																						Beispiel für Probe aus aktueller Studie	bekannter Haplotyp	GenBank Accession Nummer	
	27	63	64	70	85	89	97	136	139	161	184	203	292	349	352	394	397	409	442	448	475				478
G	A	T	A	C	G	C	A	A	G	T	A	T	C	C	A	C	G	C	A	A	C	C	BY49C1	CW05 <sup>a</sup>	AY527290
*	*	*	*	*	*	*	C	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	BY56E3	CW01 <sup>a</sup>	AY527278
*	*	*	*	T	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	BY56E13	CW06 <sup>a</sup>	AY527284
*	*	*	T	T	*	*	C	*	A	*	*	*	T	*	C	*	*	*	*	*	*	*	BY54F7	CE03 <sup>a</sup>	AY527291
*	T	C	T	*	*	T	*	G	A	C	G	C	*	T	*	T	*	T	G	*	T	T	BY49C6	H16 <sup>b</sup>	AF270852
*	*	*	T	T	*	*	C	*	A	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	BY54F1	H17 <sup>b</sup>	AF270853
*	*	*	T	T	T	*	C	*	A	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	BY49C3	H17a (neu)	-
*	*	*	T	*	A	*	C	*	A	*	*	*	T	*	*	*	A	*	*	G	*	T	BY54F2	CE03b (neu)	-
A	T	C	T	*	*	T	*	G	A	C	G	C	*	T	*	T	*	T	G	*	T	T	BY54F4	H16a (neu)	-
*	*	*	T	T	A	*	C	*	A	*	*	*	T	*	*	*	*	*	*	*	*	*	BY54F8	CE03a (neu)	-

<sup>a</sup> Bezeichnung nach Gum et al. (2005)

<sup>b</sup> Bezeichnung nach Koskinen et al. (2000)

Tab. 30: Verteilung der 10 gefundenen ND-5 Haplotypen in den vier untersuchten Äschebeständen

Bestand	Haplotyp									
	CW01	CW05	CW06	CE03	H16	H17	H17a	CE03b	H16a	CE03a
BY 49C		7			1		2			
BY 54F				2		1	2	1	3	1
BY 56E	6		3							
BY 57B							1			
<b>Summe</b>	<b>6</b>	<b>7</b>	<b>3</b>	<b>2</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>5</b>	<b>1</b>	<b>3</b>	<b>1</b>

## **Eingeführte Arten:**

### **Regenbogenforelle**

Für die Sequenzanalyse der D-Loop Region sollten jeweils 10 Individuen pro Bestand untersucht werden. Insgesamt standen 68 Regenbogenforellenbestände zur Verfügung: 59 Zucht- und neun Wildbestände. Die geforderte Individuenzahl konnte jedoch bei zwei Wildbeständen nicht erreicht werden. Vom Bestand BWF2 waren nur sechs und vom Bestand NRW Ruhmbach lediglich vier Individuen vorhanden. Somit ergab sich eine Gesamtzahl von 670 zu sequenzierenden Individuen. Von diesen konnten 664 auswertbare partielle D-Loop Sequenzen gewonnen werden. Als Referenzsequenz diente der Haplotyp MYS01A aus Brunelli et al. (2010). Für das Alignment wurden die Sequenzen auf die Länge der Referenz (603 bp) gekürzt.

Die 664 Sequenzen konnten 10 verschiedenen Haplotypen zugeordnet werden. Diese wiesen insgesamt 10 variable Nukleotid-Positionen im Vergleich zur Referenzsequenz MYS01A, untereinander aber nur neun variable Nukleotid-Positionen auf (Tab. 31). Insertionen oder Deletionen wurden nicht gefunden. Die Nukleotid-Diversität  $\pi$  der 10 Haplotypen betrug 0,00464.

Die BLAST-Suche ergab, dass neun Haplotypen zu 100 % mit bereits in der NCBI GenBank deponierten identisch waren; deren Bezeichnungen wurden daher übernommen. Acht dieser Haplotypen (MYS...) stammten aus der Studie von Brunelli et al. (2010) und ein Haplotyp (RTDL04) aus der Arbeit von Bagley und Gall (1998). Alle wurden ursprünglich in nordamerikanischen Wild- bzw. Zuchtbeständen nachgewiesen. Der erstmalig identifizierte Haplotyp MYS01Ka unterschied sich vom bekannten Haplotyp MYS01K durch lediglich eine Substitution (C zu T) an Position 537. Außer im Wildbestand aus Liechtenstein (vier Individuen) kam er noch im bayerischen Goldforellenbestand BY47D (ein Individuum) und im niedersächsischen Zuchtbestand NDS21P (zwei Individuen) vor.

Im Haplotypen-Netzwerk nahm der Haplotyp MYS01H eine zentrale Stellung ein (Abb. 17). Von ihm ausgehend waren alle anderen Haplotypen maximal drei Substitutionen/Mutationsschritte entfernt, was ihre enge genetische Verwandtschaft unterstreicht.

Die Anzahl der 10 Haplotypen über alle 68 Bestände hinweg variierte von drei (MYS12C und RTDL04) bis zu 337 (MYS03B). Interessant war, dass der Haplotyp MYS12C nur im Bestand NDS6B (Frühaicher) und der Haplotyp RTDL04 nur im Bestand NDS6C (Spätaicher) vorkam. Drei Haplotypen waren über alle Proben hinweg am häufigsten: MYS03B (n=337; 50,8 %), MYS01H (n=102; 15,4 %) und MYS01K (n=88; 13,2 %).

Die einzelnen Bestände wiesen unterschiedliche Haplotypenhäufigkeiten auf (Tab. 32): von der Fixierung für einen Haplotyp bis zu maximal fünf Haplotypen je Bestand. Zu den Beständen mit der höchsten Anzahl von vier bis fünf verschiedenen Haplotypen zählten sowohl Zucht- (BB1B, BY47D, NDS18A, NDS22A, NRW13A) als auch Wildbestände (BWF3, NRW Orke, LIF).

Tab. 31: Variable Nukleotid-Positionen der 10 gefundenen D-Loop Haplotypen der Regenbogenforelle.

MYS - Haplotypen nach Brunelli et al. (2010); RTDL04 – Haplotyp nach Bagley und Gall (1998)

Variable Nukleotid-Positionen										Beispiel für Probe aus aktueller Studie	bekannter Haplotyp	GenBank Accession Nummer
54	139	340	374	394	397	435	511	537	587			
C	A	T	T	A	G	G	G	C	G	Referenz	MYS01A	HM229293
*	*	*	*	*	*	*	*	*	A	BY47D3	MYS01K	HM229303
*	*	*	*	*	*	*	*	T	A	LIF2	MYS01Ka (neu)	-
T	*	*	*	*	*	*	*	*	A	NDS6B3	MYS01H	HM229300
T	*	*	*	*	*	*	A	*	A	BY61A5	MYS01G	HM229299
T	*	*	*	*	A	*	*	*	A	NDS2A4	MYS03B	HM229305
T	G	*	*	*	A	*	*	*	A	NDS6B1	MYS03A	HM229304
T	*	C	*	*	A	*	*	*	A	NDS6B5	MYS10	HM229310
*	*	*	C	C	*	*	*	*	A	NDS6B2	MYS12C	HM229313
T	*	*	C	C	*	A	*	*	A	BY54B7	MYS08	HM229308
T	*	*	*	*	*	A	*	*	A	NDS6C2	RTDL04	AF044133

Die drei häufigsten Haplotypen MYS03B, MYS01H und MYS01K dominierten auch in einer Studie an Regenbogenforellen aus 36 offenen Gewässern (besetzte oder selbsterhaltende Bestände) und fünf Zuchtbetrieben, vorwiegend aus Südosteuropa (Stanković et al. 2016). Im Gegensatz dazu waren die Haplotypen MYS03B mit 2,8 % und MYS01H mit 0,6 % in den nativen nordamerikanischen Beständen unter den insgesamt 38 gefundenen Haplotypen sehr selten; dort war MYS01K mit ca. 45 % der häufigste Haplotyp, mit etwa gleicher Häufigkeit in den Binnen- und Küsten-Fundorten (Brunelli et al. 2010).

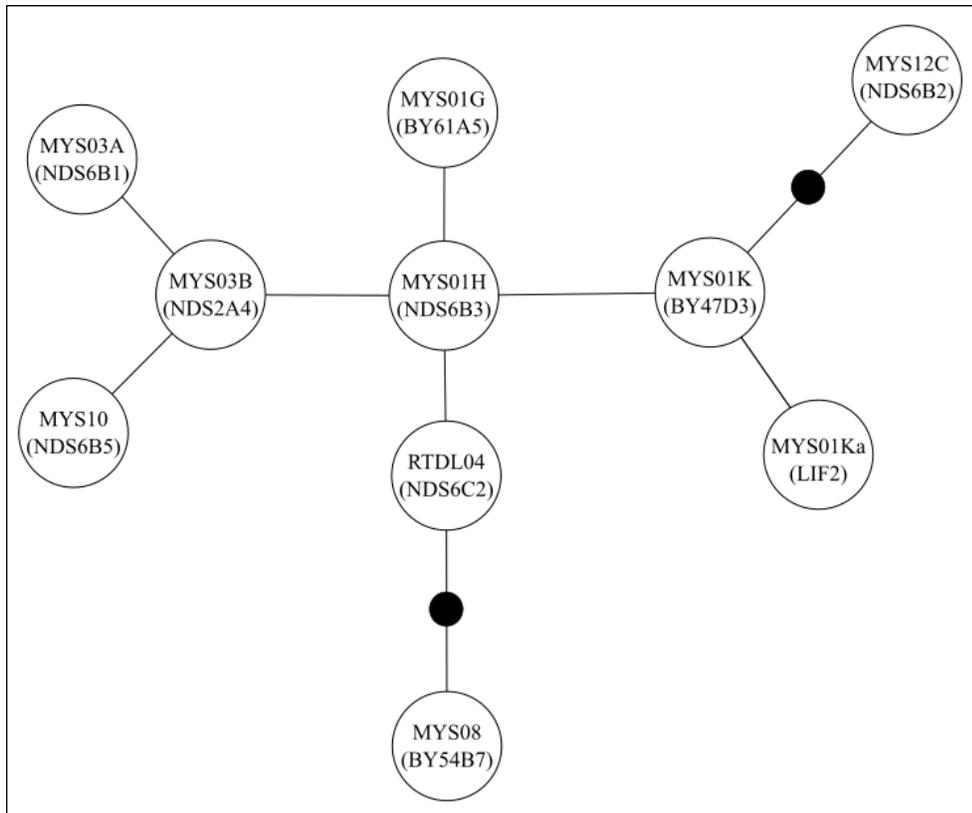


Abb. 17: Netzwerk der 10 gefundenen D-Loop-Haplotypen der Regenbogenforelle. Die beiden schwarzen Punkte symbolisieren „fehlende Haplotypen“, die nicht in den untersuchten Proben vorkamen, aber notwendige Mutationsschritte für die Verbindung zu den benachbarten Haplotypen darstellen. In Klammern: Proben-IDs, deren Sequenzen für die BLAST-Suche verwendet wurden

Tab. 32: Verteilung der 10 gefundenen D-Loop-Haplotypen in den 68 untersuchten Regenbogenforellenbeständen

Bestand	Haplotyp									
	MYS01K	MYS01Ka	MYS01H	MYS01G	MYS03B	MYS03A	MYS10	MYS12C	MYS08	RTDL04
BB 1A			10							
BB 1B	2		4		3	1				
BB 11C			10							
BW 2			4		4		2			
BW 4					10					
BW 5					10					
BW 15					10					
BW 16					10					
BW 18					9		1			
BW 20					10					
BW 21					10					
BW 21GF	1				9					
BW F1	2								8	
BW F2					5				1	
BW F3			3	1	4	1	1			
BY 8B			1		3		6			
BY 41B					10					
BY 47B	1			1	7		1			
BY 47D	2	1	2		2		3			
BY 48F	9			1						
BY 49B				4	6					
BY 51A			8		2					
BY 52B			2		8					
BY 52C					10					
BY 54B	2				4				4	
BY 55B	3				7					
BY 58E			10							
BY 58F					3		7			
BY 59D	7		2		1					
BY 61A			2	1	5		2			
HE 3				1	6				3	
HE 4					8		2			
LIF 1	1	4	1		3		1			
MV 3A	10									
MV 3B	4				6					
NDS 2A					10					
NDS 5B	3		3		4					
NDS 5C					10					

Fortsetzung Tab. 32

Bestand	Haplotyp									
	MYS01K	MYS01Ka	MYS01H	MYS01G	MYS03B	MYS03A	MYS10	MYS12C	MYS08	RTDL04
NDS 6B			3			2	2	3		
NDS 6C					2	1	4			3
NDS 18A	1		1		6	1	1			
NDS 20A					10					
NDS 21L	5					1	4			
NDS 21M			9			1				
NDS 21N						10				
NDS 21O					10					
NDS 21P	4	2					4			
NDS 21Q	3				6	1				
NDS 21R						5	5			
NDS 22A	2		2	1	4		1			
NDS 25A	8			2						
NDS 26B					10					
NRW 1A			1		9					
NRW 2A	5			3	2					
NRW 2C					10					
NRW 13A			5	2	2	1				
NRW 15A			1		7		2			
NRW Orke NRW Ruhmbach NRW Soestbach	1		5		3		1			
RP 1A	2		1		6		1			
RP 1C			1		4					
RP 1D			1		8					
ST					7				3	
SWH 3A	3			1	6					
TH 7C	7			1	2					
TH 7D					9	1				
TH 10B			10							
<b>Summe</b>	<b>88</b>	<b>7</b>	<b>102</b>	<b>19</b>	<b>337</b>	<b>26</b>	<b>51</b>	<b>3</b>	<b>28</b>	<b>3</b>

	Goldforelle
	Wildbestand

## **Bachsaibling**

Für die Sequenzanalyse der D-Loop-Region wurden von den 15 Bachsaiblingsbeständen je 10 Individuen ausgewählt. Bedingt durch Ausfälle in mehreren Beständen konnten insgesamt jedoch nur 132 auswertbare, partielle D-Loop Sequenzen von 301 bp Länge gewonnen werden. Als Referenzsequenz diente der Haplotyp H1, ein GenBank-Eintrag mit der Zugangsnummer AF 545048 (Coombs et al. 2002, unveröffentlicht). Die 132 Sequenzen wiesen fünf variable Nukleotid-Positionen auf (Tab. 33). Dabei handelte es sich ausschließlich um Substitutionen, Indels wurden nicht gefunden. Die fünf variablen Nukleotid-Positionen ergaben fünf verschiedene Haplotypen. Die Nukleotid-Diversität  $\pi$  der fünf Haplotypen betrug 0,00664.

Tab. 33: Variable Nukleotid-Positionen der fünf gefundenen D-Loop Haplotypen des Bachsaiblings

<b>Variable Nukleotid-Positionen</b>					<b>Beispiel für</b>	<b>bekannter</b>	<b>GenBank</b>
					<b>Probe aus</b>	<b>Haplotyp</b>	<b>Accession</b>
					<b>aktueller</b>		<b>Nummer</b>
					<b>Studie</b>		
<b>52</b>	<b>144</b>	<b>175</b>	<b>220</b>	<b>237</b>			
A	T	A	G	C	BB11B1	H1 <sup>a</sup>	AF545048
*	C	*	*	*	BY54C1	H1a	neu
*	*	*	A	*	BY51D4	H1b	neu
G	*	*	*	T	NDS22D6	H1c	neu
*	*	T	*	*	BY41C7	H4 <sup>a</sup>	AF545051

<sup>a</sup> Coombs et al. (2002, unveröffentlicht)

Einer der fünf Haplotypen (H1) war mit der Referenzsequenz identisch. Die BLAST-Suche in der NCBI GenBank ergab, dass ein weiterer Haplotyp identisch war mit dem Haplotyp H4, einem Eintrag mit der Zugangsnummer AF 545051 (ebenfalls von Coombs et al. 2002, unveröffentlicht). Deren Bezeichnungen (H1 und H4) wurden daher für die vorliegende Studie übernommen. Die drei neu gefundenen Haplotypen können als Varianten des Typs H1 betrachtet werden: Zwei wiesen Identitäten von jeweils 99,7 % (300 von 301 Nukleotiden) zu H1 auf und wurden deshalb als H1a und H1b bezeichnet; der dritte Haplotyp unterschied sich in zwei Positionen (= 99,3 % Identität) vom Haplotyp H1 und wurde dementsprechend als H1c bezeichnet.

Die enge genetische Verwandtschaft der fünf Haplotypen ist auch im Haplotypen-Netzwerk ersichtlich, in dem Haplotyp H1 eine zentrale Stellung einnahm (Abb. 18).

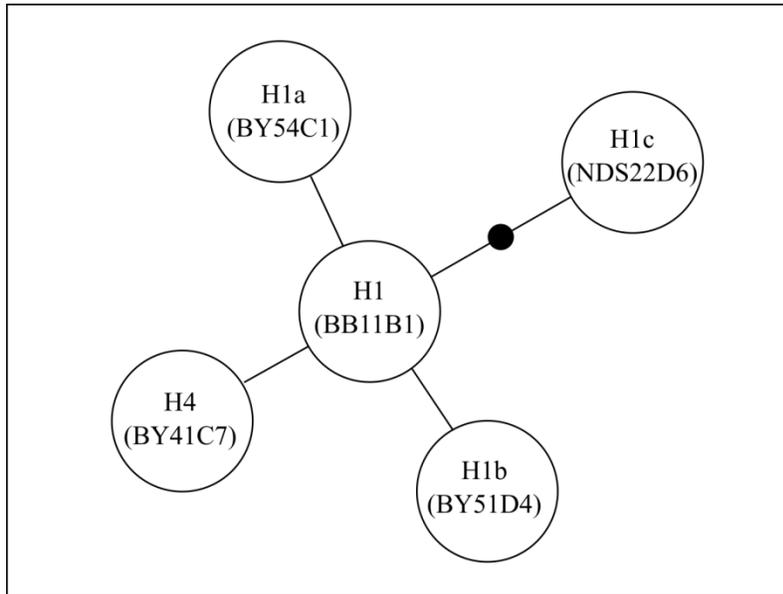


Abb. 18: Netzwerk der fünf gefundenen D-Loop-Haplotypen des Bachsaiblings. Der schwarze Punkt symbolisiert einen „fehlenden Haplotypen“, der nicht in den untersuchten Proben vorkam, aber einen notwendigen Mutationsschritt für die Verbindung zu den benachbarten Haplotypen darstellt. In Klammern: Proben-IDs, deren Sequenzen für die BLAST-Suche verwendet wurden

Die Verteilung der fünf Haplotypen in den untersuchten Bachsaiblingsbeständen ist in Tab. 34 dargestellt. Die Anzahl der Haplotypen je Bestand variierte stark von der Fixierung auf einen einzigen Haplotyp bis zu drei Haplotypen.

Tab. 34: Verteilung der fünf gefundenen D-Loop-Haplotypen in den 15 untersuchten Bachsaiblingsbeständen

Bestand	Haplotyp				
	H1	H1a	H1b	H1c	H4
BB11B	10				
BY41C	6				3
BY44C	9				
BY47C			3		4
BY48I	7				
BY51D	4		5		1
BY52E	9				1
BY54C		9			
BY56B	6				3
HE3	2				2
NDS2E	9				
NDS8A	10				
NDS22D	3			3	4
NRW14C	9				
TH7B	10				
<b>Summe</b>	<b>94</b>	<b>9</b>	<b>8</b>	<b>3</b>	<b>18</b>

Leider wurden in den GenBank-Einträgen der Haplotypen H1 und H4 keine geografischen Angaben zu den Sammelorten der Proben gemacht, so dass eine nähere Eingrenzung ihrer Herkunft in Nordamerika nicht möglich ist.

Die im Vergleich zur Regenbogenforelle geringere Anzahl an Haplotypen sowie die Fixierung von sieben der 15 Bestände für den gleichen Haplotyp H1 und einem weiteren Bestand für H1a deuten jedoch auf genetische Flaschenhals-Effekte schon bei der Einfuhr der Art und/oder während ihrer weiteren Verbreitung in Deutschland hin.

### ***Schwerpunkt 3: genetischer Vergleich der deutschen Zucht- und wildlebenden Bestände der Regenbogenforelle***

Dieser Vergleich wurde anhand der Mikrosatelliten-Daten von 25 Zucht- und 9 Wildbeständen zur genetischen Diversität innerhalb der Bestände und genetischen Differenzierung zwischen den Beständen vorgenommen.

In den Variabilitätsparametern mittlere Allelzahl, beobachtete Heterozygotie und Fixationsindex konnten nur vernachlässigbar geringe Unterschiede zwischen beiden Gruppen festgestellt werden (Tab.35).

Tab. 35: Vergleich wichtiger Variabilitätsparameter zwischen Zucht- und Wildbeständen der Regenbogenforelle

Parameter	Zuchtbestände N = 25	Wildbestände N = 9
mittlere Allelzahl	5,00	4,73
beobachtete Heterozygotie	0,599	0,591
Fixationsindex	-0,047	-0,079

Die Analyse der Populationsstruktur auf Individuenbasis mittels STRUCTURE und STRUCTURE HARVESTER lieferte  $K = 2, 6$  und  $8$  als mögliche Anzahl genetischer Cluster aller 34 Regenbogenforellenbestände. Da bei alleiniger Betrachtung der 25 Zuchtbestände ebenfalls  $K=8$  als eine wahrscheinliche Anzahl genetischer Cluster gefunden worden war, wurde für den Vergleich von Zucht- mit Wildbeständen auch nur diese Clusteranzahl herangezogen. Die Ergebnisse zeigten, dass die Individuen der meisten Wildbestände keinem der acht Cluster eindeutig zugeordnet werden konnten (Abb. 19).

Eine bemerkenswerte Ausnahme bildete der Wildbestand ST aus Sachsen-Anhalt, dessen Individuen alle einem eigenständigen, mit keinem anderen Bestand geteilten Cluster angehörten. Darüber hinaus nimmt der Bestand auch im Neighbour-Joining-Dendrogramm eine relativ isolierte Position ein (Abb. 20).

Obwohl der Bestand ST mit einer mittleren Allelzahl von 3,54, einer beobachteten Heterozygotie von 0,469 und einem Fixationsindex von 0,039 schlechtere Werte als das Mittel der Wildbestände aufweist (Tab. 35), stellt er in Verbindung mit seiner hohen Differenziertheit von allen anderen Wildbeständen (mittlerer  $F_{ST}$ -Wert von 0,172) eine Besonderheit dar.

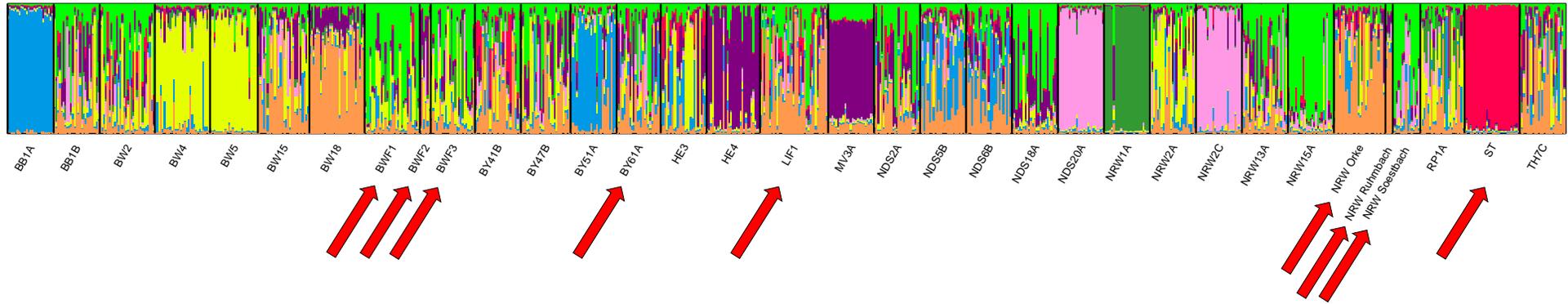


Abb. 19: Grafische Darstellung der Ergebnisse der Clusteranalyse für  $K = 8$ ; die neun Wildbestände der Regenbogenforelle sind mit roten Pfeilen markiert

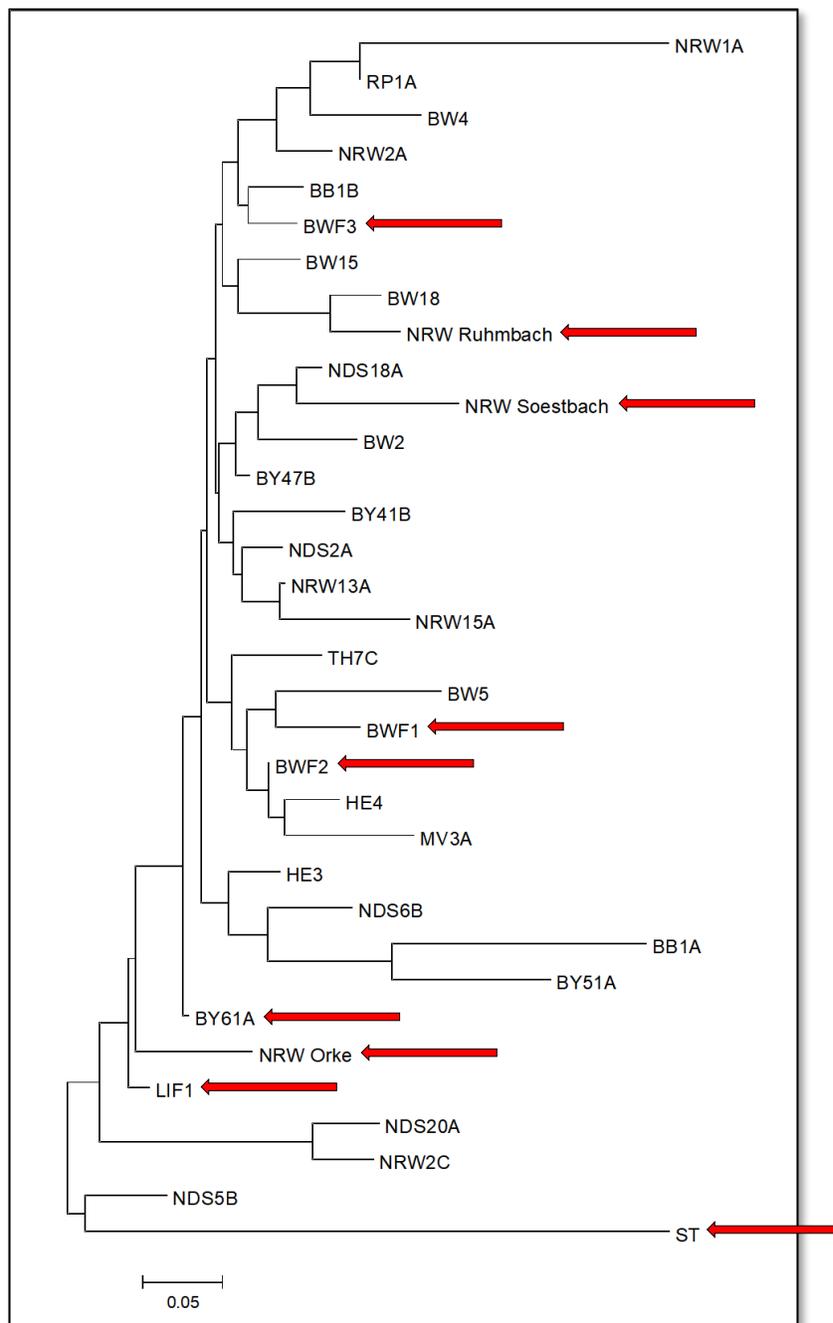


Abb. 20: Neighbour-Joining-Dendrogramm aller 34 untersuchten Regenbogenforellenbestände basierend auf Nei's unbiased genetic distance (Nei 1972,1978); die neun Wildbestände sind mit roten Pfeilen markiert

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

### **Schwerpunkt 1:**

#### **Entscheidungsgrundlage für weitere Planungen**

Im Rahmen der vorliegenden Studie konnte gezeigt werden, dass in der Salmonidenhaltung in Deutschland nach wie vor eine bedeutende Anzahl an Zuchtbeständen vorhanden, die Bestandszahl gegenüber der Ersterhebung vor etwa zehn Jahren jedoch rückläufig ist. Eine hohe Rate an zwischen den Erhebungen erloschenen aber auch neu etablierten Beständen verweist auf die hohe Fluktuation unter den in der Salmonidenhaltung in Deutschland als Zuchtbestände gehaltenen genetischen Ressourcen. Durch die vorliegende Erfassung der noch vorhandenen Zuchtbestände in der Salmonidenhaltung in Deutschland können Maßnahmen zum Schutz und zur Aufrechterhaltung dieser genetischen Ressourcen fachlich abgeleitet werden.

Anhand der nach Verlauf von etwa zehn Jahren wiederholt über Mikrosatellitenmarker analysierten Zuchtbestände zeigte sich, dass die HalterInnen ihre Zuchtbestände auch bei intensiverer züchterischer Bearbeitung durch Einsatz hinreichender effektiver Populationsgrößen und nicht überzogener Selektionsintensitäten in ihrer genetischen Diversität im Durchschnitt nur wenig beeinträchtigen.

#### **Empfehlungen zur züchterischen Bearbeitung**

##### **Auf Ebene der Arten**

Die aktuell in der Salmonidenhaltung in Deutschland vorgenommene züchterische Bearbeitung basiert allein auf dem Einsatz der positiven Massenauslese. Mit in der Regel mittleren bis hohen Intensitäten wird zumeist auf morphologische Merkmale und/oder Wachstumsleistung selektiert. Somit erfolgt die Züchtung in den meisten Beständen nicht so systematisch und effektiv wie es die bekannten Methoden zulassen würden. Das Potenzial der Züchtung zur Steigerung der Leistungsfähigkeit bleibt im Gegenzug weitgehend ungenutzt. Insbesondere zunehmend an Bedeutung gewinnende Fleischbeschaffens- und Qualitätsmerkmale, die nur durch Züchtungsverfahren unter Nutzung von Verwandtenleistungen zu bearbeiten sind, können derzeit nicht verbessert werden. Die Gefahr des Verlustes der Wettbewerbsfähigkeit gegenüber Salmonidenzüchtern aus den USA, Skandinavien und Frankreich, wo differenzierte Zuchtprogramme auf der Basis von Verwandtenleistungen (Familienselektion) betrieben werden, besteht weiterhin. Insbesondere bei der Regenbogenforelle, auf die sich die Zuchtprogramme bislang konzentrieren, könnte dies den Verlust weiterer Bestände / genetischer Ressourcen

bedeuten. Es wird deshalb empfohlen, LaichfischhalterInnen in der Regenbogenforellen- und Bachsaiblingshaltung, ihre Verbände und verantwortliche Institutionen zu einer intensivierten und effektiven Züchtungsarbeit zu ermuntern. In entsprechend angelegten Zuchtprogrammen ist die Verbesserung von Wachstum, Ressourcenausnutzung und Produktqualität zur Steigerung von Vermarktungschancen und Wettbewerbsfähigkeit ohne Verlust genetischer Diversität möglich. Pro Generation kann bei Fischen in den bearbeiteten Merkmalen ein Zuchtfortschritt von durchschnittlich rund 14 % erreicht werden (Gjedrem 2005). Aufwendige und kostenintensive Zuchtprogramme können allerdings von den meist kleinstrukturierten Familienbetrieben in Deutschland ohne Unterstützung kaum umgesetzt werden. Die Anwendung moderner Züchtungsverfahren in der Salmoniden-Aquakultur (z.B. kombinierte Individual- und Familienselektion, Kreuzungs- bzw. Kombinationszucht) sollte deshalb auf EU-, Bundes und Länderebene nach Kräften gefördert werden, um die Möglichkeiten für eine nachhaltige und wettbewerbsfähige heimische Aquakultur aufrechtzuerhalten und auszubauen. So könnte z.B. ein Salmoniden-Zuchtzentrum, welches den Salmonidenproduzenten optimiertes Satzmaterial für die Speisefischproduktion bereitstellt, die aufwendige Zuchtarbeit übernehmen und die in Deutschland bestehenden genetischen Ressourcen in neue Zuchtstämme einfließen lassen.

Bei Zuchtbeständen von Äschen, Bachforellen, Seeforellen und Seesaiblings, die häufig für die Bereitstellung von Besatzfischen für natürliche Gewässer gehalten und vermehrt werden, ist neben einer Züchtung auf Produktqualitäts- und Wachstumsmerkmale insbesondere eine gezielte Aufrechterhaltung der in den entsprechenden Gewässersystemen vorhandenen genetischen Variabilität wünschenswert. Anstelle der gerichteten Selektion treten hier die forcierte Aufrechterhaltung sehr umfangreicher effektiver Populationsgrößen und regelmäßige Blutauffrischung mit Gonadenprodukten von Wildfischen aus den entsprechenden Gewässersystemen in den Vordergrund. Eine Reihe von Züchtern haben das Potenzial einer entsprechenden züchterischen Herangehensweise bereits erkannt und setzen auf hohe effektive Populationsgrößen, bewussten Verzicht auf Selektion und eher lange Nutzungsdauern.

Mit noch 52 in Deutschland nachgewiesenen Zuchtbeständen der Bachforelle ist eine ex-situ-Abdeckung eines Teils der genetischen Diversität innerhalb dieser Salmonidenart durch die Aquakultur vorhanden. Weit weniger umfassend ist derzeit die Anzahl an Zuchtbeständen der Äsche (n=7), der Seeforelle (n=11) und des Seesaiblings (n=5) (Tab. 5b). Hier sollten Anreize zum Aufbau weiterer Zuchtbestände auf Basis von Wildbeständen geschaffen werden. Für den (Wieder)Besatz von natürlichen Gewässern ist somit eine gewisse Chance auf genetisch geeignete Satzfiische aus der Aquakultur gegeben. Die im Rahmen der vorliegenden Erhebungsstudie vielfach nachgewiesenen, nicht eindeutigen phylogenetischen Strukturen in Zuchtbeständen legen jedoch stets eine Einzelfallprüfung der genetischen Besatzeignung von Zuchtbeständen nahe.

Von primärer Bedeutung bei jeglicher Züchtungsarbeit ist die dauerhafte Aufrechterhaltung effektiver Populationsgrößen von mindestens 50 möglichst unverwandten Tieren (FAO 1981,

Hallermann 2003). Aufgrund der geringeren Eizahlen pro Rogner ist die Gefahr, aus praktischen Gründen zu kleine effektive Populationsgrößen einzusetzen, in Salmonidenbeständen nicht in dem Maße vorhanden wie in Zuchtbeständen anderer Wirtschaftsfischarten wie Karpfen, Wels und Zander.

Strukturen zur Information und fachlichen Begleitung von Fischzüchtern bei der Entwicklung ihrer Züchtungsstrategien sowie für die Dokumentation der geleisteten Züchtungsarbeit sollten zukünftig weiter optimiert werden.

### **Auf Ebene der Bestände**

Empfehlungen zur zukünftigen züchterischen Bearbeitung auf Ebene der Zuchtbestände können auf Basis der erfolgten Genmarkeranalysen abgeleitet werden.

Die erwarteten und beobachteten Heterozygotieraten in den Salmonidenbeständen wiesen Werte auf, die auch bei anderen Mikrosatellitenmarkerstudien an Zucht- und Wildbeständen verschiedener Salmonidenarten beobachtet wurden (DeHaan und Ardren 2005; Lulla et al. 2005). Insbesondere bei den ermittelten Fixationsindices  $F_{IS}$ , mit Variationskoeffizienten zwischen 155 % bei der Regenbogenforelle und 2400 % bei der Äsche, wurden erhebliche Unterschiede innerhalb der Arten festgestellt. In Abhängigkeit von der im jeweiligen Bestand in Form der nachgewiesenen mittleren Allelzahl im Vergleich zum Durchschnitt der innerhalb der Art vorgefundenen genetischen Variabilität, der beobachteten  $F_{IS}$ -Werte und der genutzten effektiven Populationsgröße, können den SalmonidenzüchterInnen Hinweise und Empfehlungen für die zukünftige züchterische Bearbeitung ihrer Bestände gegeben werden (Wright 1978; Allendorf und Luikart 2007; Müller-Belecke et al. 2009).

Die ausschließlich den Speisefischsektor bedienenden LaichfischhalterInnen, deren Bestände 30 % höhere mittlere Allelzahlen als der Artendurchschnitt aufweisen, deren Bestände  $F_{IS}$ -Werte von maximal 0,010 betragen und die eine effektive Populationsgröße von mindestens 50 Tieren nutzen, können zu einer Intensivierung ihrer Züchtungsarbeit ermuntert werden. Hier könnte etwa eine Steigerung der Selektionsintensität, die Verkürzung der Nutzungsdauer und/oder die Reduzierung der Blutauffrischung dazu führen, dass die angestrebten Charakteristika im Bestand schneller erreicht werden.

ZüchterInnen, deren Bestände 30 % geringere mittlere Allelzahlen als der Artendurchschnitt aufweisen oder in deren Beständen  $F_{IS}$ -Werte von mehr als 0,100 ermittelt wurden, werden dazu angehalten, die eingesetzte effektive Populationsgröße zu erhöhen und ggf. die Züchtungsarbeit weniger intensiv auszurichten. Im Einzelfall können möglicherweise Empfehlungen zu Zuchtbeständen abgeleitet werden, die genetisch ähnlich sind und von KollegInnen für eine Blutauffrischung zur Verfügung gestellt werden könnten.

Dienen Zuchtbestände zur Bereitstellung von Besatzmaterial für natürliche Gewässer, sollte die Züchtungsarbeit ausschließlich darauf ausgerichtet sein, möglichst umfangreich autochthone

Elterntiere und eine maximale effektive Populationsgröße zu nutzen. Hierdurch kann dem Verlust von Heterozygotie und damit verbunden von Fitness und Anpassungsfähigkeit an die Umwelt vorgebeugt werden. Auf eine Zuchtauswahl sollte zur Minderung einer Einengung der genetischen Vielfalt in diesen Zuchtbeständen verzichtet werden.

Für eine Reihe von Zuchtbeständen liegen nun genetische Kennzahlen aus der zwischen 2005 und 2008 durchgeführten Erfassungsstudie sowie der vorliegenden Studie vor. Für diese Zuchtbestände zeigen Veränderungen bei mittleren Allelzahlen, beobachteter Heterozygotie und Fixationsindex die Einflussnahme der zwischenzeitlich geleisteten Züchtungsarbeit.

Führte die züchterische Bearbeitung der vergangenen Dekade zur Verringerung in mittleren Allelzahlen und beobachteter Heterozygotie bzw. zu einer Erhöhung des  $F_{IS}$ -Wertes, kann für die zukünftige züchterische Bearbeitung eine Erhöhung der effektiven Populationsgröße und ggf. auch eine Verringerung der Intensität der züchterischen Bearbeitung vorgeschlagen werden. Gleichbleibende oder sich erhöhende Werte für mittlere Allelzahlen und beobachtete Heterozygotie bzw. zurückgegangene  $F_{IS}$ -Werte sind ein Indiz für eine bislang erfolgte züchterische Bearbeitung unter hinreichender Berücksichtigung ausreichender effektiver Populationsgrößen. In ausschließlich für die Erstellung von Speisefischen genutzten Zuchtbeständen kann ggf. eine Intensivierung der Züchtungsarbeit erfolgen.

Die über die erfassten genetischen Kennzahlen abgeleiteten Hinweise zur zukünftigen Ausrichtung der züchterischen Bearbeitung werden den SalmonidenzüchternInnen zusammen mit den Informationsblättern zu den entsprechenden Zuchtbeständen und den Durchschnittswerten der von ihnen gehaltenen Arten übergeben. Im Anhang ist beispielhaft ein Informationsblatt zu einem Zuchtbestand sowie die allen kooperierenden ZüchterInnen zuzusendende Interpretationshilfe zur Einordnung der erhobenen genetischen Kennzahlen dargestellt.

## **Schwerpunkt 2:**

### **Beitrag zum fischereilichen Bestandsmanagement**

Schmidt et al. (2015) und Wetjen et al. (2018) formulieren in ihren Studien zu Wildbeständen der Bach- bzw. Seeforelle in Deutschland folgende Handlungsempfehlungen für die gute fischereiliche Planung von Besatzmaßnahmen, die auch auf die Wildbestände von Äsche und Seesaibling angewendet werden können:

- 1) Besatzmaterial (Elterntiere oder Eier und Sperma) soll nach Möglichkeit und äußerst schonend aus dem Besatzgewässer selbst entnommen werden („supportive breeding“).
- 2) Besatzmaterial kann aus angrenzenden Gewässerabschnitten entnommen werden.

- 3) Besatzmaterial kann in gut begründeten Fällen ausnahmsweise aus einem anderen Untereinzugsgebiet innerhalb der jeweiligen Flussgebietseinheiten (FGE) entnommen werden.

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

- 4) Besatzmaterial soll nicht aus einer anderen FGE eingebracht werden.

Für die Verwendung von Zuchtbeständen zur Erzeugung von Besatzmaterial ergeben sich daraus aus genetischer Sicht strenge Anforderungen, insbesondere wenn es sich um Bestände handelt, die schon über mehrere Generationen ohne Einkreuzung von Wildfischen geführt wurden. Bei diesen ist nicht auszuschließen, dass eine genetische Anpassung an die künstlichen Haltungsbedingungen erfolgte, was zu einer geringeren Fitness in der natürlichen Umwelt freier Gewässer führen kann. Zuchtbestände sollten daher nur verwendet werden, wenn keine Alternativen zum Besatz mit ihnen verfügbar sind und die Prüfung nuklearer und mitochondrialer Marker einen hohen Grad an Übereinstimmung ( $F_{ST}$ -Werte nahe Null) mit der jeweiligen Zielpopulation ergibt.

Die Einbeziehung von mtDNA-Markern in der vorliegenden Erhebungsstudie ermöglicht den Vergleich mit genetischen Charakteristika von Salmonidenzucht- und -wildbeständen, für welche aus vorausgegangenen und zukünftigen Studien korrespondierende mtDNA-Markeranalysen vorliegen. Das fischereiliche Bestandsmanagement unter Berücksichtigung des Konzeptes der Einhaltung genetischer Management-Einheiten (GMU) (Baer et al. 2007, Trautner und Müller-Belecke 2007) kann somit durch die vorliegende Erhebungsstudie zukünftig erleichtert werden.

Bei der Bach- und Seeforelle wurden in der vorliegenden Studie zu Zuchtbeständen sowie von Schmidt et al. (2015) bzw. Wetjen et al. (2018) zu entsprechenden Wildpopulationen D-Loop Sequenzen von nahezu gleicher Länge gewonnen, so dass ein direkter Vergleich bzw. Zuordnung der gefundenen Haplotypen möglich ist.

Schmidt et al. (2015) eruierten bei Wildpopulationen der Bachforelle, dass beide evolutionäre Linien im oberen Donaueinzugsgebiet vorkommen, wobei der Anteil an atlantischen Haplotypen von West nach Ost, d.h. mit der generellen Fließrichtung der Donau zum Schwarzen Meer hin, abnimmt. Im Gegensatz dazu wurden Haplotypen der danubischen Linie mit einer Ausnahme (Kirnitzsch im Nationalpark Sächsische Schweiz), soweit bekannt noch nicht außerhalb des Donaueinzugsgebiets festgestellt. Daraus folgt, dass die fünf Zuchtbestände der Bachforelle BW5, NRW1B, RP1B, RP1E und RP1F, die sowohl Haplotypen der atlantischen als auch der danubischen Linie aufweisen (s. Tab. 24), nicht für den Besatz außerhalb der FGE Donau eingesetzt werden sollten.

Wetjen et al. (2018) konnten bei der Seeforelle in den beiden untersuchten FGEs Donau und Rhein (Bodenseeraum) sowohl Haplotypen der danubischen als auch der atlantischen Linie nachweisen. Der Anteil von Haplotypen der danubischen Linie im Bodenseeraum war jedoch gering (2,3 % gegenüber 18,3 % im Donaueinzugsgebiet) und wahrscheinlich auf eine anthropogen bedingte Verbreitung von Tieren danubischer Herkunft in den Bodenseeraum

zurückzuführen. Analog zur Bachforelle kann daher auch für die Seeforelle angenommen werden, dass Zuchtbestände mit Haplotypen beider evolutionärer Linien nicht für den Besatz außerhalb der FGE Donau geeignet sind. Das betreffe sieben der acht Zuchtbestände; lediglich der Bestand BW6 weist nur Haplotypen der atlantischen Linie auf (s. Tab. 26).

In Tab. 36 sind die Zuchtbestände der Bachforelle und der Seeforelle aus der vorliegenden Erhebung aufgeführt, welche in ihren Haplotypenmustern mit von Schmidt et al. (2015) bzw. Wetjen et al. (2018) untersuchten Wildbeständen übereinstimmen. Diese Zuchtbestände weisen damit eine genetische Eignung für den Besatz der aufgeführten Herkunftsgewässer der Wildbestände auf.

Beim Seesaibling sind die vorliegenden mtDNA-Daten für die Einschätzung der Eignung der drei Zuchtbestände für Besatzmaßnahmen aufgrund mangelnder Variabilität nicht ausreichend. 28 von 29 sequenzierten Individuen waren für einen Haplotyp fixiert, der auch in einer früheren Studie in Deutschland dominierte und mit Ausnahme des Ammersees in neun von 10 beprobten Populationen gefunden wurde (Englbrecht et al. 2002). Hier müssten zusätzlich nukleare Marker einbezogen werden.

Bei der Äsche zeigten die drei auswertbaren Zuchtbestände keine übereinstimmenden Haplotypenmuster mit den von Gum et al. (2005) untersuchten Wildbeständen, so dass zumindest auf dieser Datenbasis keine Besatzempfehlung ausgesprochen werden kann.

Nach erfolgter Vorauswahl anhand der mtDNA Haplotypen wäre für die weitere Eingrenzung geeigneter Zuchtbestände bei allen untersuchten Salmonidenarten eine Einzelfallprüfung unter Hinzuziehung nuklearer Mikrosatelliten-Marker wünschenswert. Auch dazu können die Daten der vorliegenden Studie einen Beitrag leisten. Allerdings wären dafür zusätzliche Labor- und Analysearbeiten unumgänglich: Aufgrund unterschiedlicher, für die Fragmentlängenbestimmung verwendeter Kapillarsequenzierer können die Mikrosatelliten-Allele nicht direkt und eindeutig einander zugeordnet werden. Erfahrungsgemäß können die Unterschiede der Messergebnisse bis zu 4 bp betragen. Für die aus diesem Grund erforderliche Kalibrierung der Messungen wäre es notwendig, repräsentative Proben parallel auf allen für die Untersuchungen verwendeten Sequenzierern zu genotypisieren.

Tab. 36: Zuchtbestände aus der vorliegenden Erhebung und Wildbestände aus den Erhebungen von Schmidt et al. (2015) und Wetjen et al. (2018) der Arten Bachforelle und Seeforelle mit übereinstimmenden Haplotypenmustern

<b>Spezies</b>	<b>Datensatz- nummer</b>	<b>Herkunftsgewässer</b>	<b>FGE</b>	<b>Bundesland</b>	<b>Haplotypen- Bezeichnung</b>	<b>Zuchtbestände mit übereinstimmendem Haplotypenmuster</b>
Bachforelle	S006.02	Ilse	Weser	ST	H2 H3	BY55A
Bachforelle	S006.06	Oder (Harz)	Weser	NDS	H2 H3	BY55A
Bachforelle	S006.09	Kalte Bode	Elbe	ST	H2 H3	BY55A
Bachforelle	S006.11	Wormsgraben	Elbe	ST	H3	BW15; BY44A; SN32A
Bachforelle	S031.1	Heuschuppenbächel	Elbe	SN	H3 H1	NDS5A
Bachforelle	S031.2	Schwarze Pockau	Elbe	SN	H3 H2	BY55A
Bachforelle	S058	Schondra	Rhein	BY	H3 H2 H4 H1	BW4
Bachforelle	S070	Kirschbach	Rhein	RP	H3	BW15; BY44A; SN32A
Bachforelle	S071	Gundersbach	Rhein	HE	H2	BY57F; NRW2B
Bachforelle	S072	Schwarzbach	Rhein	RP	H3 H2 MK201646	BB11A
Bachforelle	S080	Luetzbach	Weser	HE	H4 H3 H1	BY8A; HE3
Bachforelle	S081	Strasburger Mühlbach	Oder	BB	H4 H3 H1 H2	BW4
Seeforelle	Ammersee	Ammersee	Donau	BY	H3 H2 At10a Da1a	BY56F

### **Schwerpunkt 3:**

#### **Nachweis und Charakterisierung selbsterhaltender Wildbestände der Regenbogenforelle**

Deutschlandweit konnten im Rahmen dieser Erhebung lediglich acht potenziell selbsterhaltende Wildbestände der Regenbogenforelle nachgewiesen und genetisch untersucht werden. Die vorliegende Studie stellt neben entsprechenden Schilderungen, beispielsweise von Kammerad und Scharf (2012), HUKLV & Hessen-Forst (2014) und Dußling et al. (2018), trotz der geringen Bestandszahl, einen weiteren Hinweis auf die Existenz von Wildbeständen dieser Fischart in Deutschland dar. Ein vollumfänglicher Nachweis, ob es sich bei den beprobten Individuen stets um Tiere aus selbsterhaltenden Wildbeständen der Regenbogenforelle handelt, ist anhand der Untersuchungsergebnisse jedoch nicht möglich. Hierzu wäre die Recherche nach Abblanchereignissen, der Fang der beteiligten Elterntiere und aufkommender Brut sowie von Jungfischen mit der anschließenden Durchführung von Zuordnungsstudien auf Basis von Genmarkeranalysen notwendig.

Den Großteil der Wildbestände zeichnen keine in der Studie erfassten genetischen Besonderheiten aus: Ihre genetische Variabilität entspricht im Durchschnitt derjenigen der Zuchtbestände, in der Clusteranalyse lassen sie sich keinem speziellen Cluster zuordnen und im Neighbour-Joining-Dendrogramm bilden sie auch keine eigenständigen Gruppen.

Eine Ausnahme bildet jedoch der Regenbogenforellenwildbestand ST aus Sachsen-Anhalt. Seine unterdurchschnittliche mittlere Allelzahl, Heterozygotierate sowie der vergleichsweise hohe  $F_{IS}$ -Wert verweisen auf eine geringe Populationsgröße bei Gründung und/oder im Verlauf der weiteren Etablierung im Gewässer. Dieser Wildbestand zeichnet sich mit seiner hohen genetischen Differenziertheit gegenüber allen anderen Wild- und Zuchtbeständen und aufgrund seiner Zugehörigkeit zu einem eigenständigen Cluster als eine genetische Besonderheit aus.

Der Bestand stellt eine selbstreproduzierende Regenbogenforellenpopulation in einem Bachlauf dar (vergl. Abb. 21), der in den Bauerngraben im Südharzer Karst mündet und von Zeit zu Zeit den Episodischen See bei Breitung / Agnesdorf bildet. Der Regenbogenforellenbestand im Oberlauf des Glasebachs besteht aus kleinwüchsigen Exemplaren. Es handelt sich um einen frühjahrslaichenden Stamm. Während der Bestandserfassung und Beprobung im Mai 2018 war der Episodische See aufgestaut. Aufgrund der langen Trockenperioden der vorangegangenen Jahre wies der See jedoch augenscheinlich kein Regenbogenforellenvorkommen auf. Aus vergangener Zeit sind gut abwachsende Regenbogenforellenaufkommen des Glasebachbestandes im Episodischen See bekannt. Auch der Mittel- und Unterlauf des Glasebachs weisen seit seiner Begradigung zu DDR-Zeiten nahezu keine Regenbogenforellen mehr auf. Andere Fischarten werden ebenfalls nicht nachgewiesen. Der Nachweis der Regenbogenforellen geht, nach Angaben des Bewirtschafters, mindestens bis ins Jahr 1946 zurück.



Abb. 21: Oberlauf des Regenbogenforellenwildbestands ST beherbergenden Glasebaches (Foto: B. Kammerad)

Auch nach der genetischen Charakterisierung von in Deutschland vorkommenden, potenziell selbsterhaltenden Regenbogenforellen-Wildbeständen mittels mtDNA- und Mikrosatellitenmarkern bleiben die Gründe für oder wider der Etablierung von Populationen dieser Art unter den hier gegebenen Umweltbedingungen offen (Wiesner et al. 2010; Stanković et al. 2015; 2016).

## 7. Zusammenfassung

Die Salmonidenzucht ist der bedeutendste Produktionszweig der deutschen Aquakultur. Die dabei genutzten Zuchttiere bilden die Produktionsbasis und stellen wichtige aquatische genetische Ressourcen dar. Durch das vorliegende Vorhaben fördert das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) zur Umsetzung seines Nationalen Fachprogramms zu aquatischen genetischen Ressourcen, die Erhebung von Daten zum aktuellen Status der Zuchtbestände in der Salmonidenzucht, von Informationen zur Eignung der Zuchtbestände für die Bereitstellung von Satzfishen für natürliche Gewässer sowie die Gewinnung von Informationen zum genetischen Status selbstreproduzierender Regenbogenforellen-Wildpopulationen. Das Institut für Binnenfischerei e.V. Potsdam-Sacrow (IfB) führte, in Kooperation mit der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Fischerei, Starnberg, dem Landwirtschaftlichen Zentrum Baden-Württemberg, Fischereiforschungsstelle Langenargen, dem Landesamt für Natur, Umwelt und Verbraucherschutz Nordrhein-Westfalen, Fachbereich 26 – Fischereiökologie, Arnsberg, dem Sächsischen Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie, Abteilung Landwirtschaft/Referat Fischerei, Königswartha und der Abt. 5 „Ökophysiologie und Aquakultur“ vom Leibniz-Institut für Gewässerökologie und Binnenfischerei, Berlin, die beauftragte Statusanalyse durch. Die Untersuchung beinhaltete die Recherche nach aktuell in Deutschland existierenden Zuchtbeständen von Salmonidenarten sowie von selbstreproduzierenden Wildbeständen der Regenbogenforelle. Deutschlandweit erfolgten Vor-Ort-Erfassungen zur Gewinnung von Bestandsdaten und von Gewebeproben zur genetischen Analyse anhand von Mikrosatellitenmarkern und mitochondrialen DNA-Markern.

Gegenüber einer entsprechenden, vor rund zehn Jahren durchgeführten Erhebung verringerte sich die Anzahl von in der Salmonidenhaltung in Deutschland existierenden Zuchtbeständen von 190 auf 168 (-12 %). Ein Rückgang ist über alle erfassten Salmonidenarten und über viele Bundesländer verteilt zu verzeichnen.

Vor-Ort-Erfassungen zur Gewinnung von Bestandsdaten und von Gewebeproben zur genetischen Analyse von Salmonidenzuchtbeständen konnten bei 136 Zuchtbeständen durchgeführt werden. Unter den untersuchten Salmonidenzuchtbeständen lag der Anteil der innerhalb von zehn Jahren neu hinzugekommenen Beständen bei rund 19 %. Unter Berücksichtigung der seit der vorangegangenen Erhebung insgesamt zurückgehenden Anzahlen an Salmonidenzuchtbeständen ist von einer Rate an erloschenen, bzw. bestenfalls an einen neuen Standort versetzten Salmonidenzuchtbeständen von mindestens einem Viertel der in Deutschland geführten Bestände innerhalb von ca. zehn Jahren auszugehen. Die Erhebungsstudie offenbarte somit eine deutliche Fluktuation unter den in Deutschland gehaltenen Salmonidenzuchtbeständen. Bis auf wenige Ausnahmen erklärten sich die BetriebsleiterInnen bereit, die erhobenen Daten, zumindest in anonymisierter Form, der Öffentlichkeit zugänglich zu machen.

Ein Großteil der Betriebe vermarktet die vorhandenen Zuchtbestände über den Verkauf aller drei Entwicklungsstadien (Eier, Setzlinge, Speisefische). Die Salmonidenzuchtbestände werden, bis auf wenige Ausnahmen, ausschließlich unter Einsatz von Alleinfuttermitteln gehalten. Die Laichfischhaltung erfolgt überwiegend in Teichen unter freiem Himmel und nur zu einem kleinen Anteil in Becken oder Rinnen, zumeist bei Besatzdichten unterhalb von 40 kg pro m<sup>3</sup>.

Die züchterische Bearbeitung der Salmonidenzuchtbestände in Deutschland erfolgt in erster Linie auf Basis der Eigenleistungen (positive Massenauslese). Bei der überwiegenden Mehrzahl der Salmonidenzuchtbestände werden effektive Populationsgrößen von mehr als 100 Tieren eingesetzt. Blutauffrischung kommt bei etwa einem Viertel der Zuchtbestände zum Einsatz. Bei der Mehrzahl der Zuchtbestände werden mit weniger als 10 % für die Zucht ausgewählten Fischen hohe Selektionsintensitäten eingesetzt. Die Beibehaltung von Fitness und genetischer Vielfalt wurde am häufigsten als vornehmliche Zuchtausrichtung benannt. Danach folgten, in etwa gleich häufig, die Nennung von morphologischen Merkmalen, Mastleistung und haltungstechnologischer Eignung als weitere Zuchtausrichtungen. Die züchterische Bearbeitung in den Salmonidenzuchtbeständen in Deutschland ist nicht in allen Fällen optimal auf ein bestimmtes Zuchtziel ausgerichtet.

Von den näher erfassten Salmonidenzuchtbeständen ist nach Angaben der Betriebsleiter innerhalb der nächsten zehn Jahre für 88 Bestände von der Erhaltung in der derzeitigen Größenordnung auszugehen. Im Falle von fünf Beständen ist mit einer Reduzierung zu rechnen. Bei zehn Beständen wird von einer Auflösung der Bestände ausgegangen. Im Falle von 33 Salmonidenzuchtbeständen rechnen die Betriebsleiter mit einem Ausbau der bisher vorhandenen Bestandsgröße und der Nutzung.

Zur Beurteilung der Entwicklung der genetischen Diversität im Zeitverlauf der züchterischen Bearbeitung erfolgten an 30 Zuchtbeständen, zu denen aus der vor etwa 10 Jahren durchgeführten Erhebungsstudie bereits entsprechende Daten zur Verfügung standen, wiederum genetische Analysen anhand von Mikrosatellitenmarkern.

Die mittleren Allelzahlen je Locus schwankten zwischen 2,36 und 7,18 bei der Regenbogenforelle, zwischen 3,58 und 7,58 bei der Bachforelle, zwischen 2,17 und 5,58 bei der Seeforelle, zwischen 2,18 und 4,09 beim Bachsaibling, zwischen 3,38 und 4,75 beim Seesaibling sowie zwischen 3,75 und 6,00 bei der Äsche. Die mittleren erwarteten und beobachteten Heterozygotieraten lagen in der Regel um 50 % oder darüber. Die Auswertung zeigte, dass die HalterInnen ihre Zuchtbestände auch bei intensiverer züchterischer Bearbeitung durch Einsatz hinreichender effektiver Populationsgrößen und nicht überzogener Selektionsintensitäten, in ihrer genetischen Diversität im Durchschnitt nur wenig beeinträchtigen. Informationen zu den eigenen Beständen und Empfehlungen zur zukünftigen Züchtungsarbeit werden an die HalterInnen weitergegeben.

In Anlehnung an BMEL-geförderte Erhebungsstudien, welche in den vergangenen Jahren an in Deutschland wild vorkommenden Salmonidenbeständen durchgeführt wurden, erfolgten an 134 Zuchtbeständen anhand der Gewebeproben von jeweils 10 Individuen pro Salmonidenzuchtbestand mtDNA-Markeranalysen. Durch deren Einbeziehung können genetische Charakteristika von Salmonidenzucht- und -wildbeständen, für welche aus vorausgegangenen und zukünftigen Studien korrespondierende mtDNA-Markeranalysen

vorliegen, verglichen werden. Im Falle einzelner Zuchtbestände kann anhand der mtDNA-Daten der vorliegenden Studie eine Aussage zur prinzipiellen Eignung für den Besatz von Herkunftsgewässern von Wildfischbeständen der entsprechenden Salmonidenarten getroffen werden. Das fischereiliche Bestandsmanagement unter Berücksichtigung des Konzeptes der Einhaltung genetischer Management-Einheiten wird somit zukünftig erleichtert.

Acht geographisch über das Bundesgebiet verteilte, potenziell selbsterhaltende Wildbestände der Regenbogenforelle wurden detektiert, zur Entnahme von Gewebeproben befischt und genetisch anhand von Mikrosatellitenmarker-Analysen und über mtDNA-Sequenzierung untersucht. Ein Wildbestand zeichnete sich mit seiner hohen genetischen Differenziertheit gegenüber allen anderen Wild- und Zuchtbeständen als Besonderheit aus.

## **8. Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen**

Die geplanten Projektziele konnten im Wesentlichen erreicht werden. Die Listung der aktuell über Zuchtbestände verfügenden Haupterwerbsbetriebe der Salmonidenhaltung in Deutschland sowie der dort gehaltenen Bestände gelang vollumfänglich. Alle Salmonidenzuchtbestände, für welche die Betriebsleiter die Möglichkeit der Probengewinnung und Informationserteilung eröffneten (n=136), konnten im Detail analysiert werden.

Es entstand damit ein Eindruck über die in Form von Zuchtbeständen in der Salmonidenhaltung in Deutschland noch vorhandenen genetischen Ressourcen. Aussagen zur Entwicklung von Salmonidenzuchtbeständen seit einer entsprechenden, zwischen 2005 und 2008 durchgeführten Erhebung konnten getroffen werden.

Die codierten Rohdaten zur Bestandsführung zu den erfassten Salmonidenzuchtbeständen wurden dem Auftraggeber als MS-Excel-Datei übergeben und stehen als Basis für die zukünftige Erweiterung der Datenbank „Nationales Inventar Aquatischer Genetischer Ressourcen“ zur Verfügung.

Aufgrund nicht mehr existenter bzw. nicht zugänglicher Salmonidenzuchtbestände im während der Auftragserteilung erwarteten Umfang, konnten nur von vier statt fünf Äschenbeständen sowie acht statt zehn Seeforellenbeständen Gewebeproben für die genetische Analyse gewonnen werden. Anstelle der beauftragten Probengewinnung von zehn selbstreproduzierenden Wildbeständen der Regenbogenforelle gelang lediglich die Entnahme von Gewebeproben von acht entsprechenden Regenbogenforellenbeständen in Deutschland. Ein Regenbogenforellenwildbestand aus Liechtenstein konnte zusätzlich beprobt und in die genetische Analyse mit einbezogen werden. Im Falle der Wildbestände der Regenbogenforelle gelang es aufgrund geringer Bestandsdichten und z.T. längerfristig bestehender Wassermangelsituationen bei der Mehrzahl der Gewässerstandorte nicht die angestrebte Anzahl von 30 Gewebeproben zu gewinnen.

Im Rahmen der Beprobung von Regenbogenforellen aus Wildbeständen erfolgte die ursprünglich geplante Geschlechtsbestimmung nicht. In aller Regel erfolgten die Befischungen der Wildbestände zur Probennahme außerhalb der Laichzeit. Eine schonende, nicht-invasive Geschlechtsbestimmung anhand laichreifer Tiere war somit zumeist nicht möglich. Auf eine Tötung der befischten Individuen und die damit verbundene negative Beeinträchtigung dieser markanten Bestände und genetischen Ressourcen wurde verzichtet.

Im Rahmen der durchgeführten mtDNA-Markeranalysen gelang es trotz des Einsatzes mehrfacher Wiederholungen und Modifizierungen der Protokolle in einigen Fällen nicht, die geforderte Anzahl von 10 Individuen pro Bestand in die Analyse einzubeziehen. Im Falle zweier Regenbogenforellen-Wildbestände standen zudem lediglich vier bzw. sechs Individuen für Gewebeprobenentnahmen zur Verfügung.

Der erarbeitete und nun zur Verfügung stehende Datensatz ermöglicht die Verknüpfung zwischen Ergebnissen zu genetischen Charakteristika (insbesondere anhand mitochondrialer DNA-Marker) von Salmonidenwildbeständen aus bereits abgeschlossenen Erfassungsstudien mit denen der aktuell erfassten Salmonidenzuchtbestände. Basierend auf übereinstimmenden Haplotypenmustern konnten bei der Bach- und Seeforelle für den Besatz geeignete Zuchtbestände identifiziert werden. Beim Seesaibling war dies aufgrund mangelnder Variabilität der Zuchtbestände und bei der Äsche wegen fehlender Übereinstimmungen in den Haplotypenmustern nicht möglich. Aufwändige Einzelfallbetrachtungen über die Einbeziehung von Mikrosatellitenanalysen wären hier zusätzlich erforderlich, setzen aber die Kalibrierung der in den jeweiligen Studien eingesetzten Sequenzierer voraus und gehen über den in der vorliegenden Studie vorgegebenen Rahmen hinaus.

Aufgrund der nachfolgend aufgeführten, unvorhersehbaren Einflüsse kam es zu Verzögerungen während der Projektbearbeitung:

- Wegen der zumeist engen Personaldecke gab es in vielen Salmonidenzuchtbetrieben Schwierigkeiten bei Terminfindungen für die notwendigen Befragungen und Vor-Ort-Erhebungen.
- Die außergewöhnliche Dürre 2018 führte zu einem erhöhten Erfassungsaufwand für die Gewinnung der Gewebeproben von Wildbeständen der Regenbogenforelle.
- Durch die schwere Erkrankung einer zentralen wissenschaftlich-technischen Arbeitskraft kam es zu Verzögerungen bei den genetischen Laboruntersuchungen.
- Schließlich führten massive Einschränkungen durch Covid-19-bedingte Lockdowns zu weiteren Verzögerungen bei der Umsetzung der genetischen Analysen.

Für die vollumfängliche Bearbeitung der Erhebungsstudie wurde aus den aufgeführten Gründen eine kostenneutrale Verlängerung der Bearbeitungszeit um insgesamt 15 Monate bis zum 31.01.2021 beantragt und vom Projektträger bewilligt.

## 9. Literaturverzeichnis

- Allendorf, F.W., Luikart, G. (2007): Conservation and the genetics of populations. Blackwell Publishing, Oxford, UK, 642 S.
- Baer, J., George, V., Hanfland, S., Lemcke, R., Meyer, L., Zahn, S. (2007): Gute fachliche Praxis fischereilicher Besitzmaßnahmen. VDFF-Schriftenreihe Heft 14, 151 S.
- Bagley, M.J., Gall, G.A.E. (1998): Mitochondrial and nuclear DNA sequence variability among populations of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Molecular Ecology* 7, 945-961.
- Balloux, F., Amos, W., Coulson, T. (2004): Does heterozygosity estimate inbreeding in real populations? *Molecular Biology* 13, 3021-3031.
- Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Fischerei (2010): Angewandte Genomics: Dokumentation, Analyse und Aquakulturpotential natürlicher aquatischer Ressourcen: Seesaiblings-Populationen (*Salvelinus cf. umbla*) in Deutschland. Abschlussbericht, 99 S.
- Bernatchez, L., Guyomard, R., Bonhomme, F. (1992): DNA sequence variation of the mitochondrial control region among geographically and morphologically remote European brown trout *Salmo trutta* populations. *Molecular Ecology* 1: 161-173.
- Bernatchez, L., Danzmann, R.G. (1993): Congruence in control-region sequence and restriction-site variation in mitochondrial DNA of Brook Charr (*Salvelinus fontinalis* Mitchell). *Molecular Biology and Evolution* 10: 1002-1014.
- Brämick, U. (2014): Jahresbericht zur Deutschen Binnenfischerei und Binnenaquakultur 2013. 52 S.
- Brämick, U. (2018): Jahresbericht zur Deutschen Binnenfischerei und Binnenaquakultur 2017. 57 S.
- Brunelli, J.P., Steele, C.A., Thorgaard, G.H. (2010): Deep divergence and apparent sex-biased dispersal revealed by a Y-linked marker in rainbow trout. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 56: 983-990.
- Cairney, M., Taggart, J.B., Hoyheim, B. (2000): Characterization of microsatellite and minisatellite loci in Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) and cross-species amplification in other salmonids. *Molecular Ecology* 9: 2175-2178.
- Cortey, M., Garcia-Marin, J.-L. (2002): Evidence for phylogeographically informative sequence variation in the mitochondrial control region of Atlantic brown trout. *Journal of Fish Biology* 60: 1058-1063.

- Cortey, M., Vera, M., Pla, C., Garcia-Marin, J.-L. (2009): Northern and southern expansions of Atlantic brown trout (*Salmo trutta*) populations during the Pleistocene. *Biological Journal of the Linnean Society* 97: 904-917.
- DeHaan, P.W., Ardren, W.R. (2005): Characterization of 20 highly variable tetranucleotide microsatellite loci for bull trout (*Salvelinus confluentus*) and cross-amplification in other *Salvelinus* species. *Molecular Ecology Notes* 5: 582-585.
- De Woody, Y.D., De Woody, J.A. (2005): On the estimation of genome-wide heterozygosity using molecular markers. *Journal of Heredity* 96: 85-88.
- Duftner, N., Weiss, S., Medgyesy, N., Sturmbauer, C. (2003): Enhanced phylogeographic information about Austrian brown trout populations derived from complete mitochondrial control region sequences. *Journal of Fish Biology* 62: 427-435.
- Dußling, U., Baer, J., Gaye-Siessegger, J., Schumann, M. Blank, S., Brinker, A. (2018): Das große Buch der Fische Baden-Württembergs. Ministerium für Ländlichen Raum und Verbraucherschutz Baden-Württemberg, Stuttgart, 372 S.
- 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.
- Englbrecht, C.C., Schliwen, U., Tautz, D. (2002): The impact of stocking on the genetic integrity of Arctic charr (*Salvelinus*) populations from the Alpine region. *Molecular Ecology* 11: 1017-1027.
- Estoup, A., Presa, P., Krieg, F., Vaiman, D., Guyomard, D. (1993): (CT) and (GT) microsatellites: a new class of genetic markers for *Salmo trutta* L. (brown trout). *Heredity* 71: 488-496.
- Falconer, D.S. (1984): Einführung in die quantitative Genetik. Ulmer Taschenbuch Verlag, Stuttgart, 472 S.
- 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.
- FAO (1981): Conservation of the genetic resources of fish. FAO Fisheries Technical Paper No. 217. 43 S.
- Gjedrem, T. (2005): Selection and breeding programs in aquaculture. Springer Verlag, Dordrecht, 364 S.
- Goudet, J. (1995): FSTAT (Version 1.2): A computer program to calculate F-statistics. *Journal of Heredity* 86: 485-486.
- Griffiths, A.M., Bright, D., Stevens, J.R. (2009): Complete mitochondrial control region sequences indicate a distinct variety of brown trout *Salmo trutta* in the Aral Sea. *Journal of Fish Biology* 74: 1136-1142.

- Gum, B., Gross, R., Kuehn, R. (2005): Mitochondrial and nuclear DNA phylogeography of European grayling (*Thymallus thymallus*): evidence for secondary contact zones in central Europe. *Molecular Ecology* 14, 1707–1725.
- 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.
- Hallermann, E.M. (2003): Population genetics: Principles and applications for fisheries scientists. Bethesda, Maryland, USA, American Fisheries Society, 458 S.
- Hanson, B., Westerberg, L. (2002): On the correlation between heterozygosity and fitness in natural populations. *Molecular Biology* 11: 2467-2474.
- Hedrick, P.W. (2000): Genetics of populations. 2nd Ed. , Jones und Bartlett, Sudbury, Massachusetts. 725 S.
- HMU KL V & Hessen-Forst FENA (Hrsg.) (2014): Atlas der Fische Hessens – Verbreitung der Rundmäuler, Fische, Krebse und Muscheln – In: FENA Wissen Bd. 2, Gießen, Wiesbaden, 496 S.
- 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.
- Kammerad, B., Scharf, J. (2012): Fischarten und Fischgewässer in Sachsen-Anhalt – Teil I: Die Fischarten. Ministerium für Landwirtschaft und Umwelt des Landes Sachsen-Anhalt, Magdeburg, 240 S.
- Kaplinski L., Andreson, R., Puurand T., Remm M. (2005): MultiPLX: automatic grouping and evaluation of PCR primers. *Bioinformatics* 21, 1701-1702.
- King, T.L., Eackles, M.S., Letcher, B.H. (2005): Microsatellite DNA markers for the study of Atlantic salmon (*Salmo salar*) kinship, population structure, and mixed-fishery analyses. *Molecular Ecology Notes* 5: 130-132.
- Köbsch, C., Krenek, S., Schiller, T., Berendonk, T.U. (2019): Erfassung und Dokumentation der genetischen Vielfalt der Äsche (*Thymallus thymallus*) in Deutschland. Abschlussbericht erstellt im Auftrag der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE), Institut für Hydrobiologie, Technische Universität Dresden, Dresden, Deutschland, 92 S.
- Koskinen, M.T., Ranta, E., Piironen, J., Veselov, A., Titov, S., Haugen, T.O., Nilsson, J., Carlstein, M., Primmer, C.R. (2000): Genetic lineages and postglacial colonization of grayling (*Thymallus thymallus*, Salmonidae) in Europe, as revealed by mitochondrial DNA analyses. *Molecular Ecology* 9: 1609-1624.
- Liu, Z.J. (2007): Aquaculture genome technologies. Blackwell, Oxford, 584 S.
- Lulla, P., Gross, R., Paaver, T. (2005): Genetic diversity and differentiation of imported into Estonia rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) strains based on microsatellite DNA variation. *Agraarteadus/Journal of Agricultural Science* 16: 37-42.

- Moritz, C. (1994): Defining „evolutionary significant units“ for conservation. *Trends in ecology and evolution* 9, 373-375.
- Müller-Belecke, A., Füllner, G., Klinger, H., Rösch, R., Tiedemann, R., Wedekind, H., Brämick, U. (2009): Aquatische genetische Ressourcen - Laichfischbestände von Wirtschaftsfischarten in Deutschland. *Schriften des Instituts für Binnenfischerei e.V. Potsdam-Sacrow*, Bd. 25. Hrsg.: Institut für Binnenfischerei e.V. Potsdam-Sacrow. 74 S.
- Nei, M. (1972): Genetic distance between populations. *American Naturalist* 106, 283-292.
- Nei, M. (1977): F-statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations. *Ann. Hum. Genetics* 41, 225-233.
- Nei, M. (1978): Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* 76: 379-390.
- Oleinik, A.G., Skurikhina, L.A., Kukhlevsky, A.D., Semenchenko, A.A. (2020): Complete mitochondrial genomes of the Arctic charr *Salvelinus alpinus alpinus* Linnaeus (Salmoniformes: Salmonidae). *Mitochondrial DNA Part B* 5: 2913-2915.
- O'Reilly, P.T., Hamilton, L.C., McConell, S.K., Wright, J.M. (1996): Rapid analysis of genetic variation in salmon (*Salmo salar*) by PCR multiplexing of dinucleotide and tetranucleotide microsatellites. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 53: 2292-2298.
- Overturf, K. (2009): *Molecular research in aquaculture*. Wiley-Blackwell, Ames, 395 S.
- Palti, Y., Fincham, M.R., Rexroad, C.E. III. (2002): Characterization of 38 polymorphic microsatellite markers for rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Molecular Ecology Notes* 2: 449-452.
- Peakall, R., Smouse P.E. (2006): GenAIEx 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes* 6: 288-295.
- Peakall, R., Smouse P.E. (2012): GenAIEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update. *Bioinformatics* 28: 2537-2539.
- Perry, G.M.L., King, T.L., St.-Cyr, J., Valcourt, M., Bernatchez, L. (2005): Isolation and cross-familial amplification of 41 microsatellites for the brook charr (*Salvelinus fontinalis*). *Molecular Ecology Notes* 5: 346-351.
- Pritchard, J.K., Stephens, M., Donnelly, P. (2000): Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155: 945-959.
- Rosenberg, N.A. (2004): DISTRUCT: a program for the graphical display of population structure. *Molecular Ecology Notes* 4: 137-138.
- Rousset, F. (2008): GENEPOP'007: a complete re-implementation of the GENEPOP software for Windows and Linux. *Molecular Ecology Resources* 8: 103-106.
- Rozas, J., Ferrer-Mata, A., Sanchez-DelBarrio, J.C., Guirao-Rico, S., Librado, P., Ramos-Onsins, S.E., Sanchez-Gracia, A. (2017): DnaSP 6: DNA Sequence Polymorphism Analysis of Large Data Sets. *Molecular Biology and Evolution* 34: 3299-3302.

- 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, 93 S.
- Slettan, A., Olasker, I., Lie, Æ. (1995): Atlantic salmon, *Salmo salar*, microsatellites at the SSOSL25, SSOSL85, SSOSL311, SSOSL417 loci. *Animal Genetics* 26: 281-282.
- Snoj, A., Susnik, S., Pohar, J.; Dovc, P. (1999): The first microsatellite marker (BFRO 004) for grayling, informative for its adriatic population. *Animal Genetics* 30: 74-75.
- Stanković, D., Crivelli, A. J., Snoj, A. (2015): Rainbow trout in Europe: introduction, naturalization, and impacts. *Reviews in Fisheries Science & Aquaculture* 23: 39-71.
- Stanković D., Stephens, M.R., Snoj, A. (2016): Origin and introduction history of self-sustaining rainbow trout populations in Europe as inferred from mitochondrial DNA and a Y-linked marker. *Hydrobiologia* 770, 129-144.
- Susnik, S., Snoj, A., Dovc, P. (1999a): Microsatellites in grayling (*Thymallus thymallus*): comparison of two geographically remote populations from the Danubian and Adriatic river basin in Slovenia. *Molecular Ecology* 8: 1756-1758.
- Susnik, S., Snoj, A., Dovc, P. (1999b): A new set of microsatellite markers for grayling: BFRO014, BFRO015, BFRO016, BFRO017 and BFRO018. *Animal Genetics* 30: 462-478.
- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A., Kumar, S. (2013): MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. *Molecular Biology and Evolution* 30: 2725-2729.
- Teacher, A.G.F., Griffiths, D.J. (2011): HapStar: Automated haplotype network layout and visualization. *Molecular Ecology Resources* 11: 151-153.
- Trautner, J., Müller-Belecke, A. (2007): Genetische Diversität bei Fischen in Binnengewässern und Aquakultur. In: Frank Begemann, F., Schröder, S., Wenkel, K.O., Weigel, H.J. (Eds.) *Agrobiodiversität, Schriftenreihe des Informations- und Koordinationszentrums für Biologische Vielfalt* 27: p. 119-128. ISSN 1863-1347, 323 S.
- Untergasser, A., Cutcutache, I., Koressaar, T., Ye, J., Faircloth, B.C., Remm, M., Rozen, S.G. (2012): Primer3 – new capabilities and interfaces. *Nucleic Acids Research* 40: e115-e115.
- Vera, M., Sourinejad, I., Bouza, C., Vilas, R., Pino-Querido, A., Kalbassi, M.R., Martinez, P. (2011): Phylogeography, genetic structure, and conservation of the endangered Caspian brown trout, *Salmo trutta caspius* (Kessler, 1877), from Iran. *Hydrobiologia* 664: 51-67.
- Wetjen, M., Schmidt, T., Löb, C., Schulz, R. (2018): Erfassung und Dokumentation der genetischen Vielfalt der Seeforelle (*Salmo trutta lacustris*) in Deutschland. Abschlussbericht an die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung, Institut für Umweltwissenschaften, Universität Koblenz-Landau, Landau, Deutschland, 78 S.

- Wiesner, C., Wolter, C., Rabitsch, W., Nehring, S. (2010): Gebietsfremde Fische in Deutschland und Österreich und mögliche Auswirkungen des Klimawandels. BfN-Skripten 279, 192 S.
- Wright, S. (1978): Evolution and the genetics of populations. Volume 4. Variability within and among natural populations. University of Chicago Press, Chicago. 590 S.

## Anhang

- 1) Muster des Erfassungsbogens zur Dokumentation und Untersuchung von Salmonidenzuchtbeständen
- 2) Muster des Erfassungsbogens zur Dokumentation und Untersuchung von selbstreproduzierenden Wildbeständen der Regenbogenforelle
- 3) Beispiel eines Informationsblattes mit genetischen Kennzahlen zu einem untersuchten Zuchtbestand
- 4) Interpretationshilfe für die den Zuchtbestand charakterisierenden genetischen Kennzahlen

- 1) Muster des Erfassungsbogens zur Dokumentation und Untersuchung von Salmonidenzuchtbeständen

**„Statusanalyse Zuchtsalmoniden“**

**Fragebogen für die Vor-Ort-Befragung über  
Nutzung, Haltungform und züchterische Bearbeitung  
der gehaltenen Zuchtstämme**

**Befragungsdatum:** .....

**Vor-Ort-Befragung durch Interviewer:** .....

**Betriebscode (Bundesland + lfd. Nr. des Betriebes):** .....

**Bezeichnung des Betriebes:**.....

**Betreuer / Ansprechpartner:**

Anrede/ggf. Titel:

Vorname/Nachname:

Tel.:

Fax:

E-Mail:

*(bitte ab hier einen Fragebogen pro Zuchtstamm; alle Fragebögen pro Betrieb bitte zusammenheften)*

**Bezeichnung des Zuchtstamms / Spezies:**

.....

**Code des Zuchtstamms** (*Betriebscode + „A“, bei mehreren Zuchtstämmen pro Betrieb, B, C, etc.*):

.....

**Anzahl der im adulten Laichfischbestand gehaltenen Tiere:**

ca. Rogner

ca. Milchner

**Nutzungsformen:**

- Eiverkauf
- Setzlingsverkauf
- Speisefischverkauf

**Haltungsformen:**

(*bei Brutaufzucht /-Anfütterung; Setzlingsaufzucht; Speisefischhaltung; Laichfischhaltung*)

	<b>Brut / Anfütt.</b>	<b>Setzling</b>	<b>Speisefisch</b>	<b>Laichfisch</b>
<b>Haltungseinrichtungen</b>				
-Brutschränke / Zugergläser	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
-Teiche	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
-Rinnen	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
-Becken	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
-Kaltwasser(teil)kreislaufsystem	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
-Netzgehege	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>

**Setzlingsaufzucht / Mast**

- unter freiem Himmel
- unter Dach

**Haltungsintensität (def. über Fütterung)**

- Naturfutterbasis
- Zufütterungsbasis
- Alleinfutterbasis
- typische Endbesatzdichte (kg / m<sup>3</sup>) .....kg .....kg .....kg .....kg

**Informationen zur züchterischen Bearbeitung:**

Seit wann ist dieser Zuchtstamm in der Anlage? .....  
(ggf. aus früherer Befragung übernehmen)

**Wie wurde die Basispopulation für den Zuchtstamm erstellt?**

- Aus einer Herkunft
- Aus mehreren Herkünften gemischt
- Die Basispopulation bestand aus etwa .....Tieren  
(ggf. aus früherer Befragung übernehmen)

**In welchem Altersabschnitt werden die Laichfische für die Reproduktion genutzt?**

..... bis ..... Lebensjahr

**In welchem Alter werden die Laichfische für die Erstellung der jeweils folgenden Laichfischgeneration genutzt?**

.....Lebensjahr

**Zahl der Laichfische, die für die Erstellung der jeweils folgenden Laichfischgeneration genutzt werden:**

ca.....Rogner

ca.....Milchner

**Welche Zuchtziele bearbeiten Sie derzeit?**

- gute allgemeine Fitness / Freiheit von Deformationen
- Verbesserung der Wachstumsleistung
- Verbesserung der Futtermittelverwertung
- Erhaltung der genetischen Vielfalt
- Verbesserte Angepasstheit an bestimmte Umweltverhältnisse
- Verlegung der Laichzeit (Laichreifealter / Ablaihsaison)
- Erhöhung der Fruchtbarkeit
- Veränderung von Körperproportionen / Färbung
- Erhöhung der Schlachtausbeute
- Verbesserung der Schlachtkörperqualität / des Geschmacks
- Erhöhung der Krankheitsresistenz
- Veränderung des Geschlechterverhältnisse in Nachkommengruppen
- Veränderung des Verhaltens
- Sonstige: .....

**Welche Zuchtmethoden setzen Sie ein?**

-Reinzucht:

-Selektion auf Basis der Eigenleistungen (z.B. *positive Massenauslese*):

-Selektion auf Basis der Leistungen von Verwandten (z.B. *Familienselektion*):

-Vollgeschwisterleistungen

-Halbgeschwisterleistungen

-Elternleistungen

-Kreuzungszucht:

- Artkreuzungen
- Kreuzung von Zuchtstämmen

-Genomveränderungen:

- Triploidisierung
- Tetraploidisierung
- Gynogenese
- Androgenese

-Sonstige: (z.B. *Umkehrung des funktionellen Geschlechts*)

.....

**Leistungsbeurteilung für den Selektionsentscheid:**

- Alle beurteilten Fische sind gleich alt
- Alle beurteilten Fische sind bis zum Selektionsentscheid unter gleichen Bedingungen (*Haltungseinrichtungen, Wasserversorgung und -qualität, Fütterung, Besatzdichte, Sortierungen*) aufgezogen worden

**Zeitpunkte des Selektionsentscheids:**

- Setzlingsalter
- Speisefischalter
- Laichfischalter

**Selektionsintensität: Wie viele Fische werden beurteilt, wie viele davon werden für die Erstellung der jeweils folgenden Laichfischgeneration selektiert?**

- Setzlingsalter: ca..... beurteilt, ca. ....davon selektiert
- Speisefischalter: ca..... beurteilt, ca. ....davon selektiert
- Laichfischalter: ca..... beurteilt, ca. ....davon selektiert

**Blutauffrischung: Werden von Zeit zu Zeit gezielt neue Fische von außen in den Laichfischbestand hereingenommen?**

Ja                       Nein

**Markierung der Laichfische:**

- Keine Markierung
- Markierung von Gruppen (z.B. Familien)
- Individuelle Markierung

**Anpaarungsschema für die Erstellung der jeweils folgenden Laichfischgeneration:**

- Ein Milchner x ein Rogner
- ca.....Milchner pro Rogner
- ca.....Rogner pro Milchner
- unterschiedlich
  
- der Laichfischbestand ist in Untergruppen aufgeteilt
- „Rotational line crossing“ wird zur weiteren Inzuchtverringern genutzt

**Aufzuchtsschema für die Erstellung der jeweils folgenden Laichfischgeneration:**

- Separate Erbrütung und Anfütterung der einzelnen Nachkommengruppen
- Separate Aufzucht der einzelnen Nachkommengruppen
- Separate Markierung der einzelnen Nachkommengruppen

**Besonderheiten zum Zuchtstamm / Bemerkungen?**

(z.B. Früh- / Spätlaicher, besondere Temperaturtoleranz, etc.)

.....

.....

.....

**Prognoseabfrage zum Zuchtstamm:**

**In den kommenden 10 Jahren:**

- Erhaltung
- Reduzierung
  
- Einstellung
  - Auflösung des Stammes
  - Abgabe des Stammes an Andere
  
- Ausbau
  
- Bearbeitung neuer Zuchtziele / Zuchtmethoden
- Investitionen für Züchtungsarbeit

**Einverständniserklärungen zur Datenveröffentlichung:**

**Erklären Sie sich bereit, dass die hier erfassten Daten für andere Befragte, die ebenfalls entsprechende Daten beigetragen haben, zur Verfügung stehen?**

**Ja**

**Ja, aber nur in anonymisierter Form**

**Ja, aber** nur unter der Bedingung, dass Daten

-zu genetischen Charakteristika des Zuchtstamms

-zur Prognoseabfrage

-.....

-.....

-.....

(ggf. ergänzen, bzw. nicht Zutreffendes streichen)

nicht zur Verfügung gestellt werden.

**Nein**

**Erklären Sie sich bereit, dass die hier erfassten Daten für die Öffentlichkeit zugänglich gemacht werden (u.a. Informationsbasis für potenzielle Kunden)?**

**Ja**

**Ja, aber nur in anonymisierter Form**

**Ja, aber** nur unter der Bedingung, dass Daten

-zu genetischen Charakteristika des Zuchtstamms

-zur Prognoseabfrage

-.....

-.....

-.....

(ggf. ergänzen, bzw. nicht Zutreffendes streichen)

nicht zur Verfügung gestellt werden

**Nein**

**Sind Sie damit einverstanden, dass Anfragen (mit Anschrift des jeweiligen Absenders) an Sie weitergeleitet werden?**

**Ja**

**Nein**

**Probennahme:**

Gewebeproben von 10 Individuen (mtDNA) entnommen

Gewebeproben von 25 Individuen (mtDNA + MS) entnommen

**Datum, Unterschrift der befragten Person**

.....

- 2) Muster des Erfassungsbogens zur Dokumentation und Untersuchung von selbstreproduzierenden Wildbeständen der Regenbogenforelle



<b>Fisch Nr.</b>	<b>Totallänge (cm)</b>	<b>Stückmasse (g)</b>	<b>Geschlecht (M / W / ?)</b>	<b>Flossenprobe? (J / N)</b>	<b>Foto mit Maßstab (Dateiname)</b>	<b>Bemerkungen, Auffälligkeiten</b>
13						
14						
15						
16						
17						
18						
19						
20						
21						
22						
23						
24						
25						
26						
27						
28						
29						
30						

3) Beispiel eines Informationsblattes mit genetischen Kennzahlen zu einem untersuchten Zuchtbestand

<b>Genetische Daten zum Laichfischbestand</b>			
<b>Bestandscode:</b>		<b>BW 6</b>	
<b>Fischart:</b>		Bachforelle	
<b>Betriebsinterne Bezeichnung:</b>		Bachforelle	
<b>Erhebungsdatum:</b>		2018	
<b>Genetische Kennzahlen:</b>			
<b>Mikrosatelliten:</b>		<b>Mittelwert</b>	<b>D-Loop Sequenzen:</b>
max. beobachtete Allelzahl		14	<b>Haplotyp</b> <b>Anzahl</b>
mittlere Allelzahl		6,833	H2                      2
Allelreichtum		5,534	H3                      5
Private Allele		3	H4                      3
$H_E$		0,641	<b>Besatzsignung insbesondere für die Flussgebietseinheit Rhein (Bodenseeraum)</b>
$H_D$		0,610	
$F_{IS}$		0,054	
$F_{ST}$ min.		0,030	
$F_{ST}$ max.		0,097	
mittlere $F_{ST}$		0,061	

**Allelfrequenzen an den untersuchten MS-Loci:**

<b>Mikrosatellitenlocus</b>	<b>Allel</b>	<b>Frequenz</b>
<b>Sco204</b>	<b>100</b>	0,433
	<b>104</b>	0,267
	<b>124</b>	0,017
	<b>128</b>	0,000
	<b>132</b>	0,000
	<b>144</b>	0,017
	<b>152</b>	0,017
	<b>156</b>	0,017
	<b>160</b>	0,050
	<b>164</b>	0,000
	<b>166</b>	0,000
	<b>168</b>	0,117
	<b>172</b>	0,067
	<b>176</b>	0,000
	<b>180</b>	0,000
	<b>188</b>	0,000
	<b>216</b>	0,000
<b>SSOSL85</b>	<b>171</b>	0,000
	<b>177</b>	0,000
	<b>179</b>	0,150

	181	0,233
	183	0,333
	185	0,017
	189	0,000
	191	0,000
	193	0,133
	195	0,033
	201	0,067
	203	0,000
	205	0,033
	207	0,000
	211	0,000
	213	0,000
	225	0,000
	243	0,000
<b>OMM1310</b>	188	0,183
	192	0,033
	194	0,567
	196	0,017
	204	0,117
	206	0,067
	208	0,017
<b>Ssa_417UOS</b>	266	0,000
	274	0,000
	326	0,038
	334	0,000
	338	0,000
	342	0,000
	346	0,000
	350	0,000
	354	0,173
	358	0,000
	362	0,000
	366	0,019
	370	0,000
	374	0,038
	378	0,385
	382	0,096
	386	0,000
	390	0,019
	394	0,019
	398	0,000
	402	0,077
	406	0,000

	<b>410</b>	0,096
	<b>414</b>	0,000
	<b>418</b>	0,000
	<b>422</b>	0,038
	<b>426</b>	0,000
	<b>430</b>	0,000
	<b>434</b>	0,000
	<b>438</b>	0,000
	<b>446</b>	0,000
	<b>450</b>	0,000
	<b>454</b>	0,000
	<b>462</b>	0,000
	<b>466</b>	0,000
	<b>470</b>	0,000
<b>Ssa85</b>	<b>104</b>	0,017
	<b>106</b>	0,217
	<b>110</b>	0,000
	<b>112</b>	0,033
	<b>114</b>	0,367
	<b>116</b>	0,367
	<b>120</b>	0,000
<b>MST-60</b>	<b>95</b>	0,733
	<b>97</b>	0,000
	<b>99</b>	0,250
	<b>107</b>	0,017
<b>MST-73</b>	<b>141</b>	0,050
	<b>143</b>	0,000
	<b>145</b>	0,483
	<b>147</b>	0,467
	<b>151</b>	0,000
<b>Ssa_A86</b>	<b>167</b>	0,000
	<b>173</b>	0,000
	<b>175</b>	0,250
	<b>177</b>	0,433
	<b>179</b>	0,217
	<b>181</b>	0,000
	<b>183</b>	0,000
	<b>185</b>	0,000
	<b>187</b>	0,100
	<b>189</b>	0,000
	<b>193</b>	0,000

**Sco216**

132	0,000
136	0,050
140	0,000
144	0,000
148	0,050
152	0,017
156	0,167
160	0,233
164	0,117
168	0,017
172	0,017
176	0,083
180	0,000
184	0,017
188	0,067
192	0,000
196	0,000
244	0,000
252	0,000
324	0,167

**Ssa\_410UOS**

164	0,000
176	0,000
180	0,000
184	0,000
196	0,000
200	0,017
204	0,083
206	0,000
208	0,000
210	0,000
214	0,133
216	0,050
218	0,000
222	0,033
224	0,033
226	0,033
228	0,017
230	0,100
232	0,067
234	0,000
238	0,000
240	0,000
242	0,050
246	0,317

	<b>250</b>	0,017
	<b>254</b>	0,050
	<b>258</b>	0,000
	<b>262</b>	0,000
	<b>266</b>	0,000
	<b>270</b>	0,000
	<b>274</b>	0,000
	<b>278</b>	0,000
	<b>282</b>	0,000
	<b>310</b>	0,000
<b>OMM1323</b>	<b>156</b>	1,000
<b>MST-15</b>	<b>214</b>	0,117
	<b>222</b>	0,100
	<b>224</b>	0,383
	<b>226</b>	0,250
	<b>228</b>	0,150
	<b>230</b>	0,000
	<b>234</b>	0,000

- 4) Interpretationshilfe für die den Zuchtbestand charakterisierenden genetischen Kennzahlen

## **Interpretationshilfe für die den Zuchtbestand charakterisierenden genetischen Kennzahlen**

Die im Rahmen der Erfassung genetischer Ressourcen in der Aquakultur durchgeführten Genmarkerstudien erlauben die Abschätzung der genetischen Variabilität innerhalb von Zuchtbeständen und die Ermittlung genetischer Unterschiede bzw. Ähnlichkeiten zwischen den untersuchten Beständen der betreffenden Fischart.

In den Ihnen zu Ihrem Zuchtbestand beiliegenden Informationsblättern sind genetische Kennzahlen aufgeführt, bei deren Interpretation dieses Schreiben helfen soll. Bei nahezu allen Beständen wurden mtDNA-Analysen durchgeführt. Bei ausgewählten Beständen wurden zudem Mikrosatelliten-Markeruntersuchungen realisiert.

Anhand des beigefügten Informationsblatts, welches die Mittelwerte aller untersuchten Zuchtbestände innerhalb der Art zusammenfasst, können Sie sich eine Vorstellung über die arttypischen Mittelwerte und Schwankungsbreiten (Variationskoeffizienten) der genetischen Kennzahlen machen. Sie können schauen, ob die genetischen Kennzahlen Ihres Bestandes oberhalb oder unterhalb der Durchschnittswerte der betreffenden Fischart liegen.

### **Genetische Kennzahlen zur Abschätzung der genetischen Variabilität innerhalb eines Zuchtbestandes, abgeleitet aus Mikrosatelliten-Markerstudien:**

Die für die genetischen Untersuchungen genutzten Mikrosatelliten-Marker weisen bei den beprobten Fischen unterschiedliche Anzahlen an Allelen auf. Bei jedem untersuchtem Mikrosatellitenlocus weist jeder Fisch zwei Allele auf, die identisch (homozygot) oder verschieden (heterozygot) sein können.

Für die Abschätzung der genetischen Diversität innerhalb der untersuchten Zuchtbestände wurden die maximal und durchschnittlich innerhalb der einzelnen Mikrosatellitenloci beobachteten Allelzahlen erfasst. Zudem wurde der Allelreichtum berechnet, welcher der durchschnittlichen Allelzahl, korrigiert auf den untersuchten Probenumfang, entspricht. Hohe Allelzahlen deuten auf eine hohe genetische Diversität innerhalb eines Bestandes hin.

Die durchschnittliche Anzahl privater Allele pro Mikrosatellitenlocus - Allele, die nur im entsprechenden Bestand beobachtet wurden - wurde erfasst. Je höher die Anzahl privater Allele in einem Bestand ist, desto einzigartiger ist er aus genetischer Sicht.

Als weitere Parameter zur Darstellung der genetischen Diversität wurden die anhand der beobachteten Allelfrequenzen ermittelten durchschnittlichen Heterozygotieraten  $H_O$  und  $H_E$  berechnet.  $H_O$  entspricht dabei der tatsächlich beobachteten Heterozygotierate,  $H_E$  der nach einem wichtigen Vererbungsgesetz (Hardy-Weinberg-Gesetz) anhand der Allelfrequenzen erwarteten Heterozygotierate.

Für die Abschätzung eines sich durch Inzuchtwirkungen in den Beständen ergebenden Defizites an Heterozygoten wurde der Fixationsindex (genetischer Inzuchtkoeffizient)  $F_{IS}$  nach folgender Formel aus der beobachteten und der erwarteten durchschnittlichen Heterozygotierate über alle untersuchten Genmarker innerhalb der Bestände berechnet:

$$F_{IS} = \frac{H_E - H_O}{H_E}$$

Positive  $F_{IS}$ -Werte drücken für einen Bestand den Verlust an Heterozygotie gegenüber dem erwarteten Heterozygotiegrad aus und vermitteln einen Eindruck zur durch Inzucht erfolgten, nicht erwünschten Erhöhung des Anteils von Genen, die nur noch homozygot anstelle von heterozygot vererbt werden. Negative  $F_{IS}$ -Werte zeigen einen im Vergleich zur erwarteten Heterozygotierate sogar erhöhten Anteil an Heterozygoten im betreffenden Bestand an und sind somit als günstig zu bewerten.

***Anregungen zur zukünftigen züchterischen Bearbeitung, die aus diesen genetischen Kennzahlen abgeleitet werden können:***

Besonders informativ für die Gestaltung der zukünftigen Züchtungsarbeit sind die genetischen Kennzahlen „mittlere Allelzahl“, „Allelreichtum“ und der Fixationsindex  $F_{IS}$ . Insbesondere Züchter, deren Zuchtbestände 30 % geringere Werte für mittlere Allelzahlen bzw. Allelreichtum als der Artendurchschnitt aufweisen oder in deren Beständen  $F_{IS}$ -Werte von mehr als 0,100 ermittelt wurden, sollten die Anzahl der für den Aufbau der nächsten Laichfischgeneration genutzten Elternfische - die „effektive Populationsgröße“ – erhöhen.

Von primärer Bedeutung bei jeglicher Züchtungsarbeit ist die dauerhafte Aufrechterhaltung effektiver Populationsgrößen von mindestens 50 Tieren, um die Inzuchtwahrscheinlichkeit möglichst gering zu halten. Nach Möglichkeit sollten immer mindestens 25 unterschiedliche Rogner und 25 unterschiedliche Milchner miteinander angepaart werden, um aus deren

Nachkommenschaften die nächste Laichfischgeneration zu erstellen. Die aus einer solchen Anpaarungsstrategie resultierenden durchschnittlichen Inzuchtsteigerungsraten sind mit 1 % pro Generation so gering, dass auch über viele Generationen keine Leistungseinbußen durch Inzuchtdepression auftreten sollten.

In der folgenden Tabelle sind die sich für unterschiedliche Rogner- und Milchnerzahlen ergebenden effektiven Populationsgrößen und Inzuchtsteigerungsraten dargestellt (Fettdruck: anzustrebendes Mindestziel):

Anzahl Rogner	Anzahl Milchner	Effektive Populationsgröße	Inzuchtsteigerungsrate pro Generation
5	1	3	15 %
5	5	10	5 %
10	1	4	13 %
10	5	13	4 %
<b>25</b>	<b>25</b>	<b>50</b>	<b>1 %</b>

Es wird deutlich, dass zur Minimierung der Inzuchtsteigerung möglichst hohe Anzahlen an effektiv zur Bestandsweiterführung beitragenden Elterntieren zu nutzen sind. Weiterhin zeigt sich, dass sich die Nutzung ausgeglichener Geschlechterverhältnisse vorteilhaft auf die Inzuchtreduzierung auswirkt. Bereits die Erstellung einer nächsten Lachfischgeneration mit zu wenigen Elterntieren kann die Inzuchtrate im Bestand erheblich ansteigen lassen.

Dienen Zuchtbestände zur Bereitstellung von Besatzmaterial für natürliche Gewässer, sollte die Züchtungsarbeit ausschließlich darauf ausgerichtet sein, eine maximale effektive Populationsgröße zu nutzen. Hierdurch kann dem Verlust von Heterozygotie und damit verbunden von Fitness und Anpassungsfähigkeit an die Umwelt vorgebeugt werden. Auf eine Zuchtauswahl (Selektion) sollte gänzlich verzichtet werden, da hierdurch die Gefahr der Einengung der genetischen Vielfalt besteht.

In ausschließlich für die Erstellung von Speisefischen genutzten Zuchtbeständen, die 30 % höhere Werte für mittlere Allelzahlen oder Allelreichtum als der Artendurchschnitt aufweisen, deren  $F_{IS}$ -Werte maximal 0,010 betragen und in denen durchgängig eine effektive Populationsgröße von mindestens 50 Tieren genutzt wird, kann eine Intensivierung der Züchtungsarbeit erfolgen. Hier könnte etwa eine Steigerung der Selektionsintensität, die Verkürzung der Nutzungsdauer und/oder die Einschränkung von Blutauffrischung dazu führen, dass die angestrebten Zuchtziele schneller erreicht werden.

In Zuchtbeständen für die Speisefischerzeugung, in denen hohe  $F_{IS}$ -Werte ermittelt wurden, kann neben der Erhöhung der effektiven Populationsgröße auch die Reduzierung der Intensität der züchterischen Bearbeitung dabei helfen, die noch im Bestand verbleibende genetische Diversität zu erhalten. Hier sollte die Verringerung der Selektionsintensität und/oder die Verlängerung der Nutzungsdauer angedacht werden. Blutauffrischung kann ebenfalls die genetische Diversität eines Bestandes erhöhen, es besteht aber die Gefahr, dass viele bestandstypische Eigenschaften verloren gehen. Blutauffrischung bedeutet in gewissem Maße die Zusammenmischung einer neuen genetischen Populationsbasis. Die Nutzung frischen Blutes aus Beständen, die mit dem betroffenen Zuchtbestand eine möglichst große genetische Ähnlichkeit aufweisen, kann helfen, vielleicht durch mühsame Züchtungsarbeit erworbene Bestandscharakteristika nicht übergebüchlich zu verwaschen.

Für eine Reihe von Zuchtbeständen liegen genetische Kennzahlen aus einer bereits zwischen 2005 und 2008 durchgeführten Erfassungsstudie vor (Infoblätter beigefügt, falls bereits damals erfasst). Für Zuchtbestände mit diesen Altdaten und Daten aus der vorliegenden Erfassung zeigen Veränderungen bei „mittleren Allelzahlen“, „beobachtete Heterozygotie“ und dem Fixationsindex  $F_{IS}$  die Einflussnahme der zwischenzeitlich geleisteten Züchtungsarbeit.

Führte die züchterische Bearbeitung der vergangenen Dekade zur deutlichen Verringerung in mittleren Allelzahlen und beobachteter Heterozygotie bzw. zu einer deutlichen Erhöhung des Fixationsindex  $F_{IS}$ , sollte für die zukünftige züchterische Bearbeitung eine Erhöhung der effektiven Populationsgröße und ggf. auch eine Verringerung der Intensität der züchterischen Bearbeitung vorgesehen werden. Gleichbleibende oder sich erhöhende Werte für mittlere Allelzahlen und beobachtete Heterozygotie bzw. zurückgegangene  $F_{IS}$ -Werte sind ein Indiz für eine bislang erfolgte züchterische Bearbeitung unter hinreichender Berücksichtigung ausreichender effektiver Populationsgrößen. In ausschließlich für die Erstellung von Speisefischen genutzten Zuchtbeständen kann ggf. eine Intensivierung der Züchtungsarbeit erfolgen (s.o.).

***Genetische Kennzahlen zur Darstellung genetischer Unterschiede bzw. Ähnlichkeiten des entsprechenden Zuchtbestandes zu den anderen untersuchten Zuchtbeständen der betreffenden Fischart***

Als Gradmesser für die genetische Differenzierung zwischen den Zuchtbeständen wurden paarweise Fixationsindices  $F_{ST}$  nach folgender Formel berechnet:

$$F_{ST} = \frac{H_T - H_E}{H_T}$$

Dabei stellt  $H_T$  die erwartete Heterozygotierate über beide zu vergleichenden Laichfischbestände dar und  $H_E$  die erwartete Heterozygotierate in einem der zu vergleichenden Zuchtbestände. Die Werte für  $F_{ST}$  können zwischen 1 und 0 schwanken, wobei ein Wert von 0 darauf hindeutet, dass sich die beiden zu vergleichenden Bestände in den untersuchten Genmarkern nicht unterscheiden. Ein  $F_{ST}$  von 1 verweist in den untersuchten Genmarkern auf eine komplette Differenzierung zwischen den Beständen.  $F_{ST}$ -Werte zwischen 0,05 und 0,15 werden als mäßige, oberhalb davon als hohe und unterhalb davon als geringe genetische Differenzierung zwischen Populationen, in unserem Fall zwischen Zuchtbeständen, bewertet.

Die für den Zuchtbestand angegebenen durchschnittlichen  $F_{ST}$ -Werte ermöglichen, zusammen mit den Anzahlen privater Allele, eine Abschätzung, wie deutlich sich der Bestand genetisch aus der Masse der untersuchten Zuchtbestände hervorhebt. Liegen die Anzahlen privater Allele und insbesondere der durchschnittliche  $F_{ST}$ -Wert eher unter den Mittelwerten aller für die Art untersuchten Bestände, ist das ein Indiz für eher wenige genetische Besonderheiten des Bestandes. Auf ausgeprägte genetische Besonderheiten weisen Bestandswerte für Anzahlen privater Allele und den durchschnittlichen  $F_{ST}$ -Wert hin, die über den Mittelwerten über alle Bestände liegen.

Im Einzelfall können möglicherweise Empfehlungen zu Zuchtbeständen gegeben werden, die genetisch ähnlich sind und von Kollegen für eine Blutauffrischung zur Verfügung gestellt werden könnten.

Stehen von Fischpopulationen aus natürlichen Gewässern Mikrosatelliten-Markerstudien zur Verfügung, ist nach Kalibrierung der Datensätze und unter Nutzung spezieller Auswertungssoftware eine Tiefenprüfung auf genetische Ähnlichkeit möglich.

### ***Allele/ Allelfrequenzen***

Im unteren Abschnitt des Informationsblattes zum Zuchtbestand sind die in den einzelnen Mikrosatellitenloci im Bestand nachgewiesenen Allele mit den jeweiligen Frequenzen (Vorkommenshäufigkeiten) aufgeführt. Das Profil der Allelfrequenzen ist für den betreffenden Laichfischbestand einmalig und kann als ein genetischer Fingerabdruck des Bestandes betrachtet werden. Das vorliegende Profil der Allelfrequenzen könnte zukünftig von Nutzen sein, wenn etwa eine Zuordnung von Fischen zum Bestand erfolgen oder ausgeschlossen werden soll. Weiterhin kann über den Vergleich mit zukünftigen Untersuchungen dargestellt werden, ob und wie sich die erfassten genetischen Kennzahlen im Verlaufe der Zeit verändert haben. Über längere Sicht ist somit der Einfluss der praktizierten Züchtungsarbeit auf die Erhaltung der genetischen Diversität im Bestand zu verfolgen.

## **Genetische Kennzahlen zur Zuordnung der genetischen Ähnlichkeit von Zucht- und Wildbeständen, abgeleitet aus der mtDNA-Sequenzierung:**

Neben der Nutzung hochauflösender Mikrosatellitenmarker, die insbesondere geringe genetische Unterschiede zwischen Zuchtbeständen deutlich abbilden können, werden für die Gruppierung und Abgrenzung zwischen genetisch (und häufig auch geographisch) weiter voneinander entfernten Populationen / Beständen bevorzugt Genmarker mit einer geringeren Auflösung eingesetzt. Hier eignet sich insbesondere der Vergleich mitochondrialer DNA-Markensysteme (mtDNA) zwischen den zu untersuchenden Populationen. Die in der Erhebungsstudie durchgeführten Untersuchungen unter Einbeziehung der mtDNA-Sequenzierung können zum Vergleich genetischer Charakteristika von Salmonidenzucht- und -wildbeständen aus den unterschiedlichen Flussgebietseinheiten (FGE) eingesetzt werden. Das fischereiliche Bestandsmanagement unter Berücksichtigung des Konzeptes der Einhaltung genetischer Management-Einheiten (GMU) (Baer et al. 2007, Trautner und Müller-Belecke 2007) wird dadurch zukünftig erleichtert.

### ***Haplotypen***

Haplotypen stellen entsprechende, auf der mtDNA-Sequenzierung basierende Maßzahlen für die Darstellung genetischer Ähnlichkeit und Variabilität innerhalb von Beständen dar.

Anhand der vorhandenen Haplotypen können Bestände mit einzelnen anderen, innerhalb der Art untersuchten Beständen verglichen werden.

Bestimmte Haplotypen können charakteristisch für Wildpopulationen in Flussgebietseinheiten sein. Ihr Vorkommen oder Fehlen lässt Rückschlüsse über die genetische Eignung von Zuchtbeständen und der damit erstellten Besatzfische für die Einbringung in Wildpopulationen in ihren Flussgebietseinheiten zu. Je höher die Übereinstimmung vom Zuchtbestand zum Wildbestand ist, desto besser ist seine genetische Eignung für die Erzeugung von Besatzfischen für eben dieses Herkunftsgewässer des Wildbestandes.

In den Infoblättern zu Ihrem Zuchtbestand ist aufgeführt, wenn er sich nach den bisher erfolgten mtDNA-Analysen ausdrücklich **nicht** für die Erzeugung von Besatzfischen für bestimmte Flussgebietseinheiten eignet, bzw. wenn er sich **besonders** für den Besatz bestimmter Flussgebietseinheiten eignet.

## Literaturhinweise und weiterführende Informationen:

Der Abschlussbericht zu der vom Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) geförderten Erhebungsprojekt „**Statusanalyse der genetischen Vielfalt von Zuchtsalmoniden in Deutschland**“, welches zu den dargestellten genetischen Informationen führte, wird zeitnah unter

[https://service.ble.de/ptdb/index2.php?site\\_key=141&stichw=bachforelle&NextRow=0#newContent](https://service.ble.de/ptdb/index2.php?site_key=141&stichw=bachforelle&NextRow=0#newContent)

auf der Internetseite der Bundesanstalt für Landwirtschaft (BLE) eingestellt. Es kann unter dem Suchkriterium „Zuchtsalmoniden“ aus den vielen dargestellten Projekten herausgefiltert werden.

In folgenden BMEL-geförderten Studien an in Deutschland wildlebenden Bachforellen-, Seeforellen- und Äschenbeständen erfolgten bislang vergleichbare Erhebungen anhand von mtDNA-Markern:

Bearbeitung	Titel	Link
2012-2015	Erfassung und Dokumentation der genetischen Variabilität von Wildpopulationen der Bachforelle ( <i>Salmo trutta fario</i> ) aus verschiedenen Flussgebietseinheiten in Deutschland	<a href="https://service.ble.de/ptdb/index2.php?detail_id=29298&amp;site_key=141&amp;stichw=bachforelle&amp;zeilenzahl_zaeher=8#newContent">https://service.ble.de/ptdb/index2.php?detail_id=29298&amp;site_key=141&amp;stichw=bachforelle&amp;zeilenzahl_zaeher=8#newContent</a>
2015-2018	Erfassung und Dokumentation der genetischen Vielfalt der Seeforelle ( <i>Salmo trutta lacustris</i> ) in Deutschland	<a href="https://service.ble.de/ptdb/index2.php?detail_id=512350&amp;site_key=141&amp;stichw=bachforelle&amp;zeilenzahl_zaeher=8#newContent">https://service.ble.de/ptdb/index2.php?detail_id=512350&amp;site_key=141&amp;stichw=bachforelle&amp;zeilenzahl_zaeher=8#newContent</a>
2015-2019	Erfassung und Dokumentation der genetischen Vielfalt der Äsche ( <i>Thymallus thymallus</i> ) in Deutschland	<a href="https://service.ble.de/ptdb/index2.php?detail_id=54465&amp;site_key=141&amp;stichw=%C3%A4sche&amp;zeilenzahl_zaeher=89#newContent">https://service.ble.de/ptdb/index2.php?detail_id=54465&amp;site_key=141&amp;stichw=%C3%A4sche&amp;zeilenzahl_zaeher=89#newContent</a>

Um für genetische Untersuchungen, die ggf. zukünftig am Bestand durchgeführt werden, Einzelheiten über die Methodik der vorliegenden genetischen Untersuchungen recherchieren zu können, sind zu allen eingesetzten Genmarkern die für die durchführenden Labors notwendigen Informationen und Literaturangaben im allgemeinen Infoblatt zur betrachteten Salmonidenart aufgeführt. Darin sind auch die Zugangsnummern (NCBI Akzessionsnummern) zu weltweit bereits analysierten Referenz-Haplotypen, aus der DNA-Sequenzdatenbank GenBank des National Center for Biological Information (NCBI) der USA (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>), welche den Haplotypen Ihres untersuchten Zuchtbestandes entsprechen, für weitergehende Recherchen aufgeführt.