

# **Erfassung und Dokumentation der genetischen Variabilität von Wildpopulationen der Bachforelle (*Salmo trutta fario*) aus verschiedenen Flussgebietseinheiten in Deutschland**

## **Abschlussbericht**

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



Thomas Schmidt, Anne Schrimpf, Maj Wetjen, Ralf Schulz

**Institut für Umweltwissenschaften  
Universität Koblenz-Landau  
Fortstrasse 7, 76829 Landau/Pfalz**

Projektnummer: 12BE-001

Projektlaufzeit: 28.09.2012 – 27.03.2015

Berichtszeitraum: 28.09.2012 – 27.03.2015

Zusammenarbeit mit anderen Stellen:

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



Zitiervorschlag:

Schmidt, T., Schrimpf, A., 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.

Planung: Thomas Schmidt, Anne Schrimpf, Ralf Schulz

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

Bericht: Thomas Schmidt, Anne Schrimpf, Ralf Schulz

Titelbild: Thomas Schmidt

Die Autoren bedanken sich bei dem Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft für die Finanzierung des Projektes. Für gute Zusammenarbeit gilt der Dank dem Fachausschuss Aquatische Genetische Ressourcen, den Fischereibehörden und Forschungsstellen der Bundesländer und Regierungspräsidien, den zuständigen fischerei-, naturschutz- und tierschutzrechtlichen Genehmigungsbehörden, den Fischereiverbänden, den mitarbeitenden externen Fachkollegen, sowie den beteiligten Inhabern von Fischereirechten.

## **Vorwort**

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

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

## Gliederung

1	Ziele und Aufgabenstellung des Projekts.....	8
2	Planung und Ablauf des Projekts .....	10
2.1	Angepasster Arbeitsplan.....	10
2.2	Ablauf des Projekts.....	10
2.2.1	Kommunikation mit Kooperationspartnern.....	10
2.2.2	Auswahl der Probestandorte.....	11
2.2.3	Genehmigungsverfahren .....	14
2.2.4	Probenahmen.....	16
2.2.5	Laborarbeiten .....	16
2.2.6	Datenanalysen .....	16
3	Wissenschaftlicher und technischer Stand, an den angeknüpft wurde .....	17
3.1	Übersicht über relevante populationsgenetische und phylogenetische Studien der Art .....	17
3.2	Verwendete Methoden.....	19
4	Material und Methoden .....	21
4.1	Probenahmen .....	21
4.1.1	Räumliche Verteilung der untersuchten Populationen .....	21
4.1.2	Steckbriefe Populationen.....	22
4.2	Laborarbeit .....	49
4.2.1	Sequenzanalysen .....	49
4.2.2	Mikrosatellitenanalysen .....	50
4.3	Datenanalysen.....	50
4.3.1	Sequenzanalyse .....	50
4.3.2	Mikrosatellitenanalyse .....	51
5	Ergebnisse .....	52
5.1	Sequenzanalyse.....	52
5.2	Mikrosatellitenanalyse.....	55
6	Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse.....	60
6.1	Bewertung der untersuchten Populationen .....	60
6.2	Empfehlung von Managementeinheiten .....	63
7	Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen und Hinweise auf weiterführende Fragestellungen .....	71
8	Zusammenfassung.....	74
8.1	Zusammenfassung .....	74
8.2	Abstract.....	75
9	AGRDEU Datenstruktur .....	76
10	Zitierte Literatur .....	78
	Anhang.....	85

## Abbildungsverzeichnis

Abbildung 2: Übersichtskarte der Standorte der 35 untersuchten Populationen. ....	13
Tabelle 1: Untersuchte Populationen der Bachforelle ( <i>Salmo trutta</i> ) in Deutschland.....	14
Abbildung 3: Verbreitung der Bachforelle ( <i>Salmo trutta</i> ) in Deutschland (Brunken & Winkler 2015). t. ....	22
Abbildung 4: Graphische Darstellung der Haplotypendiversität basierend auf den Sequenzdaten und des erwarteten Heterozygotiegrades basierend auf den Mikrosatellitendaten aller 35 untersuchten Forellenpopulationen. ....	53
Abbildung 5: Median-Joining-Netzwerk bestehend aus den Haplotypen der 946 bp langen Kontrollregion der untersuchten Forellenpopulationen. ....	54
Abbildung 6: Faktorielle Korrespondenzanalyse mit Forellen von 35 Populationen aus der Donau (grün), der Weser (rot), dem Rhein (blau), der Elbe (schwarz) und der Oder (gelb). ....	56
Abbildung 7: Faktorielle Korrespondenzanalyse mit Forellen von 35 Populationen aus der Donau (grün), der Weser (rot), dem Rhein (blau), der Elbe (schwarz) und der Oder (gelb). ....	57
Abbildung 8: Bayesische Clusteranalyse für fünf Flusseinzugsgebiete. ....	58
Abbildung 9: Bayesische Clusteranalyse für die 35 untersuchten Populationen.....	58
Abbildung 10: Admixture Analyse von 1442 Individuen der 35 untersuchten Populationen berechnet mit BAPS v. 5.4.....	59

## Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Untersuchte Populationen der Bachforelle ( <i>Salmo trutta</i> ) in Deutschland .....	14
Tabelle 2: Population S003 .....	23
Tabelle 3: Population S006.02 .....	26
Tabelle 4: Population S006.06 .....	26
Tabelle 5: Population S006.07 .....	27
Tabelle 6: Population S006.08 .....	27
Tabelle 7: Population S006.09 .....	28
Tabelle 8: Population S006.10 .....	28
Tabelle 9: Population S006.11 .....	29
Tabelle 10: Population S009 .....	29
Tabelle 11: Population S016 .....	30
Tabelle 12: Population S031.1 .....	31
Tabelle 13: Population S031.2 .....	32
Tabelle 14: Population S032.1 .....	32
Tabelle 15: Population S044 .....	33
Tabelle 16: Population S051 .....	34
Tabelle 17: Population S053 .....	34
Tabelle 18: Population S054 .....	35
Tabelle 19: Population S057 .....	36
Tabelle 20: Population S058 .....	37
Tabelle 21: Population S059 .....	37
Tabelle 22: Population S062 .....	38
Tabelle 23: Population S066 .....	39
Tabelle 24: Population S067.1 .....	40
Tabelle 25: Population S067.2 .....	40
Tabelle 26: Population S070 .....	41
Tabelle 27: Population S071 .....	42
Tabelle 28: Population S072 .....	42
Tabelle 29: Population S073 .....	43
Tabelle 30: Population S074 .....	44
Tabelle 31: Population S076 .....	45
Tabelle 32: Population S077 .....	46
Tabelle 33: Population S079 .....	46
Tabelle 34: Population S080 .....	47
Tabelle 35: Population S081 .....	48
Tabelle 36: Population S082 .....	49
Tabelle 37: Ergebnisse der Sequenz- und Mikrosatellitenanalyse pro Flusseinzugsgebiet.. .....	52
Tabelle 38: Auflistung der paarweisen $F_{ST}$ -Werte basierend auf Mikrosatelliten- und der Sequenz-Daten zwischen den Flusseinzugsgebieten.. .....	55
Tabelle 39 Ergebnisse der Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) der Sequenz- und der Mikrosatellitendaten.....	55
Tabelle 40: Datenstruktur pro untersuchter Population am Beispiel der Population „Warme Bode“ aus dem Flusseinzugsgebiet der Elbe. ....	76
Tabelle 41: Datenstruktur für Durchschnittswerte aller untersuchten Populationen der betreffenden Art <i>Salmo trutta fario</i> .. .....	77
Tabelle A1: Ergebnisse der Sequenzanalyse und der Mikrosatellitenanalyse für jede Population.. ....	85
Tabelle A2: Auflistung der ausführlichen Haplotypennamen und der im Text verwendeten Codes. ....	87
Tabelle A3: Auflistung der paarweisen $F_{ST}$ -Werte.....	88
Tabelle A4: Allelfrequenzen an den 12 untersuchten Mikrosatellitenloci.....	90

## 1 Ziele und Aufgabenstellung des Projekts

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

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

Gegenstand dieser Untersuchung ist die populationsgenetische Charakterisierung wilder Bachforellenbestände aus verschiedenen Flussgebietseinheiten Deutschlands. Molekulargenetische und phänotypische Informationen über diese Arten sind zu erfassen und zu dokumentieren und ausgewählte Bestände/Populationen zu charakterisieren. Natürliche Ursachen für die Ausprägung unterschiedlicher Typen innerhalb von Arten können Unterschiede in der Besiedlungsgeschichte von Flusseinzugsgebieten (Whitehead et al. 2003) und evolutionäre Anpassungen an verschiedenartige regionale Umweltbedingungen (z.B. Klimabedingungen, physikalisch-chemische Wasserparameter) sein (Guégan et al. 1998). Auch diese Prozesse sind bei der Auswahl der zu untersuchenden Bestände und der Bewertung der genetischen Differenzierung der Populationen zu berücksichtigen. Als zu untersuchende Population wird daher in dieser Studie eine Gruppe von Individuen einer Art definiert, die in einem räumlich abgegrenzten geographischen Gebiet leben und sich potenziell miteinander verpaaren können. Bei der Bewertung der erhobenen Daten ist besonders zu berücksichtigen, dass der genetische Zustand (v.a. Integrität und Diversität) vieler wild lebender Fisch- und Krebspopulationen in der Vergangenheit durch Eingriffe des Menschen stark

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

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

## 2 Planung und Ablauf des Projekts

### 2.1 Angepasster Arbeitsplan

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

Aufgrund von Verzögerungen in der Akquise der notwendigen Genehmigungen musste der ursprüngliche Zeitplan an die Erfordernisse angepasst werden (Abbildung 1).

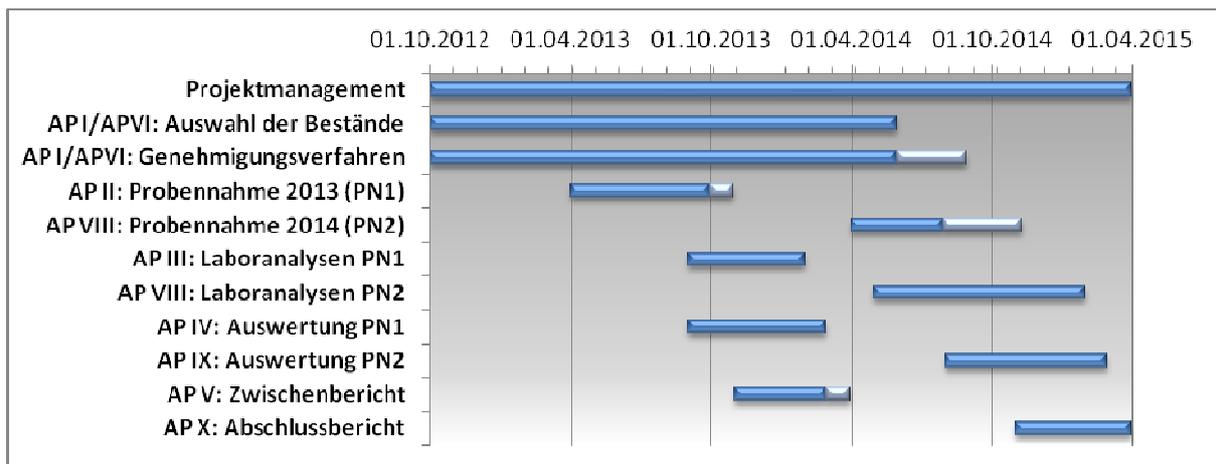


Abbildung 1: Arbeitsplan. Änderungen am ursprünglichen Zeitplan sind hellblau markiert. (AP = Arbeitsphase; PN = Probennahme)

### 2.2 Ablauf des Projekts

#### 2.2.1 Kommunikation mit Kooperationspartnern

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

Einerseits wurden einschlägige Personen und Institutionen direkt kontaktiert. Andererseits wurde über Publikationen in verschiedenen relevanten Medien eine breitere Öffentlichkeit angesprochen, wobei in Abstimmung mit den Kollegen aus Dresden jeweils alle vier im Projekt insgesamt zu bearbeitenden Arten einbezogen wurden. Dieses Vorgehen diene neben der Informationsrecherche der

Bekanntmachung der Studie und damit verbunden der Schaffung von Akzeptanz, insbesondere bei den Fischereirechtsinhabern.

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

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

### **2.2.2 Auswahl der Probestandorte**

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

In unmittelbarer Reaktion auf die Kommunikation mit den Kooperationspartnern ergaben sich insgesamt ca. 50 positive Rückmeldungen. Aus diesen Rückmeldungen und daran anschließenden weiteren Recherchen konnten zunächst insgesamt Informationen zu etwa 80 Beständen der Bachforelle in Deutschland zusammengestellt werden. Die räumliche Auflösung dieser Informationen reicht dabei von konkreten Gewässerabschnitten bis zu Regionen (z.B. „Bäche des Vogtlandes“), die weiter zu konkretisieren waren. Einzelne Gebiete, wie z.B. Nordostdeutschland oder die Flussgebietseinheit Ems, blieben hier zunächst noch unterrepräsentiert. Weitere Informationsdefizite bestanden ebenso für bestimmte Regionen in Sachsen und Baden-Württemberg. Dies wurde auch bei der Präsentation erster Zwischenergebnisse dieser Untersuchung bei der Tagung des FA AGR am 19.02.2014 in Starnberg dargelegt. Daraus resultierten Gespräche mit den zuständigen Landesbehörden, so dass diese Defizite zumindest teilweise behoben werden konnten. Bis zum Januar 2015 wurden Informationen zu etwa 110 Bachforellenbeständen zusammengestellt. Zur Überprüfung der räumlichen Kriterien der Autochthonie und der Verteilung der Probenstandorte wurde eine GIS-Analyse durchgeführt. Die Standorte wurden mit Informationen zu Gewässern (BfG 2011), Landschaften (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), Flusseinzugsgebieten (BfG 2011; Lehner et al. 2008), räumlicher Lage der Wildpopulationen von Fischarten gemäß des GAK-Rahmenplans 2008 – 2011 (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), Geländehöhe (Jarvis et al. 2008), administrativen Einheiten (Eugster and Schlesinger 2012), Verbreitungsdaten (Brunken & Winkler 2015) und Schutzgebieten (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012) verschnitten und somit 35 als repräsentativ eingestufte Populationen ausgewählt (Abbildung 2).

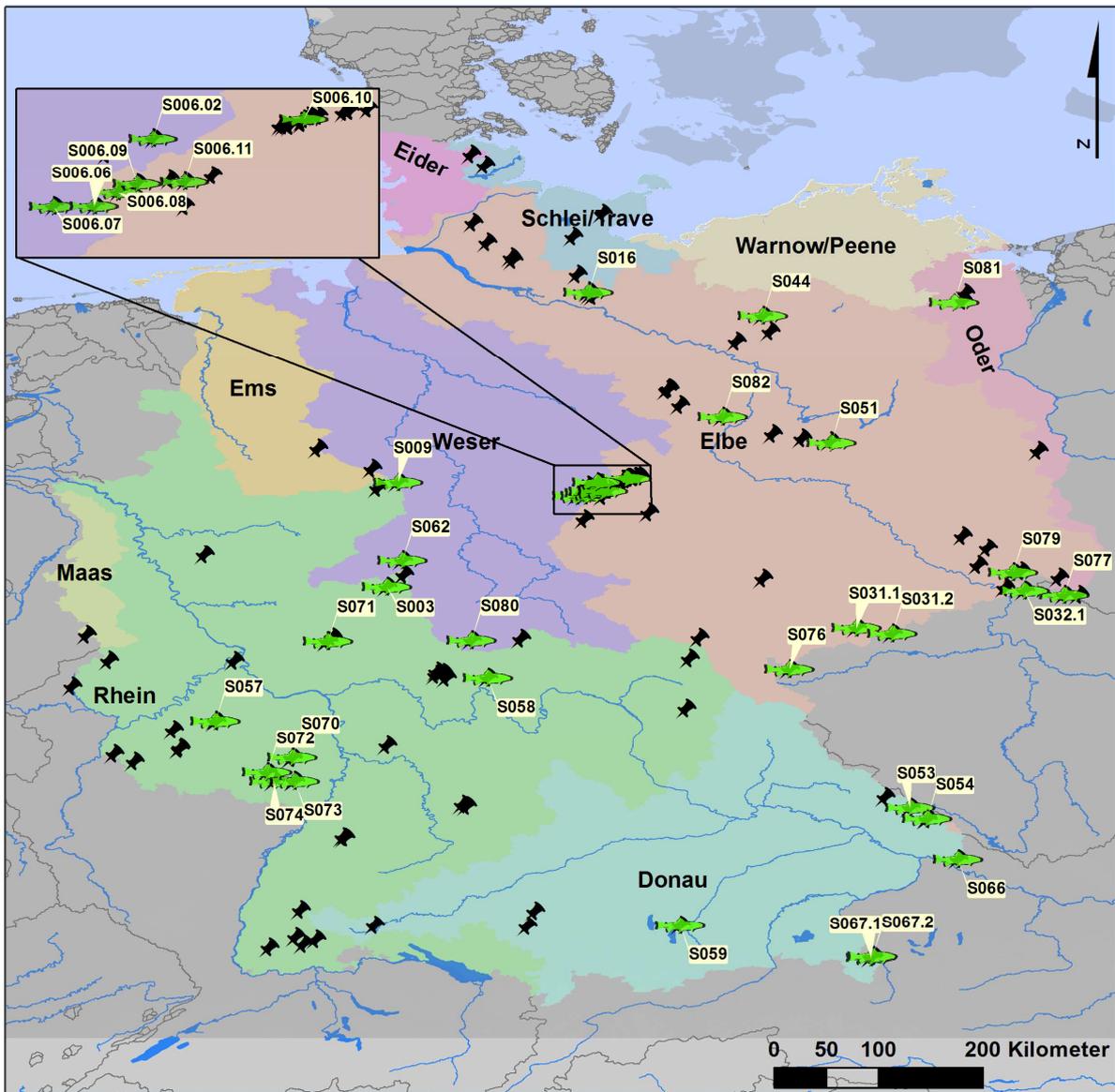


Abbildung 2: Übersichtskarte der Standorte der 35 untersuchten Populationen (grün gefülltes Fisch-Symbol). Weitere Bestände, zu denen Informationen vorliegen, sind durch schwarze Pin-Symbole markiert. Die Flussgebietseinheiten sind für das Gebiet der Bundesrepublik Deutschland dargestellt.

Tabelle 1: Untersuchte Populationen der Bachforelle (*Salmo trutta*) in Deutschland

Population	Gewässer	Flusseinzugsgebiet	Bundesland	Geographische Lage
S003	Rotes Wasser	Rhein	HE	50°56' N, 8°50' E
S006.02	Ilse	Weser	ST	51°50' N, 10°39' E
S006.06	Oder (Harz)	Weser	NS	51°43' N, 10°33' E
S006.07	Sieber	Weser	NS	51°43' N, 10°29' E
S006.08	Warme Bode	Elbe	NS	51°45' N, 10°35' E
S006.09	Kalte Bode	Elbe	ST	51°46' N, 10°37' E
S006.10	Holtemme	Elbe	ST	51°52' N, 10°54' E
S006.11	Wormsgraben	Elbe	ST	51°46' N, 10°42' E
S009	Silberbach	Weser	NW	51°50' N, 8°56' E
S016	Steinau	Elbe	SH	53°30' N, 10°35' E
S031.1	Heuschuppenbächel	Elbe	SN	50°34' N, 12°54' E
S031.2	Schwarze Pockau	Elbe	SN	50°31' N, 13°12' E
S032.1	Kirnitzsch	Elbe	SN	50°54' N, 14°21' E
S044	Stepenitz	Elbe	BB	53°17' N, 12°5' E
S051	Baitzer Bach	Elbe	BB	52°11' N, 12°40' E
S053	Kleiner Regen	Donau	BY	49°0' N, 13°21' E
S054	Haarauer Seige/Sagwasser	Donau	BY	48°54' N, 13°30' E
S057	Hosebacht	Rhein	RP	49°46' N, 7°21' E
S058	Schondra	Rhein	BY	50°8' N, 9°42' E
S059	Lüssbach	Donau	BY	47°58' N, 11°22' E
S062	Banfacht	Weser	HE	51°9' N, 8°58' E
S066	Osterbach	Donau	BY	48°33' N, 13°46' E
S067.1	Rothmannbach	Donau	BY	47°41' N, 13°1' E
S067.2	Weißbach	Donau	BY	47°42' N, 13°2' E
S070	Kirschbach	Rhein	RP	49°26' N, 8°1' E
S071	Gundersbach	Rhein	HE	50°27' N, 8°20' E
S072	Schwarzbach	Rhein	RP	49°19' N, 7°48' E
S073	Hainbach	Rhein	RP	49°14' N, 8°2' E
S074	Modenbach	Rhein	RP	49°14' N, 7°52' E
S076	Fleißbach	Elbe	SN	50°13' N, 12°19' E
S077	Pochebach	Oder	SN	50°51' N, 14°41' E
S079	Lohbach	Elbe	SN	51°3' N, 14°15' E
S080	Lützbach	Weser	HE	50°28' N, 9°34' E
S081	Strasburger Mühlbach	Oder	BB	53°24' N, 13°44' E
S082	Uchtdorfer Mühlengraben	Elbe	ST	52°24' N, 11° 44' E

### 2.2.3 Genehmigungsverfahren

Die fischereirechtlichen Genehmigungsverfahren für die Durchführung der Befischungen zum Zweck der Probenentnahme konnten problemlos und schnell durchgeführt werden. Erhebliche Verzögerungen traten jedoch bei den tierschutzrechtlichen Genehmigungsverfahren für die Probeentnahme an sich auf. Grundsätzlich ist nach der Novellierung des TierSchG am 13. Juli 2013 die Entnahme einer Gewebeprobe von Wirbeltieren ein „genehmigungspflichtiger Tierversuch“ (Bundesministerium der Justiz und für Verbraucherschutz 2014). Die ersten Probenahmen wurden nach vorheriger Absprache mit der zuständigen Veterinärbehörde in Rheinland-Pfalz und dem Tierschutzbeauftragten der Universität Koblenz-Landau als Tierversuch angezeigt und somit als „anzeigepflichtige Tierversuche“ behandelt. Die dargelegten Gründe für eine Befreiung von der

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

Wir möchten uns an dieser Stelle ausdrücklich für die sehr konstruktive

Unterstützung von Herrn Dr. Hamm, Herrn Dr. Wedekind, Herrn Fieseler und Herrn Dr. Geldhauser bedanken. Herr Schmidt und Frau Dr. Schrimpf haben zwischenzeitlich beide an einem FELASA Kurs, Kategorie B, teilgenommen und bestanden.

#### **2.2.4 Probenahmen**

2013 konnte die Probenahme für 17 Populationen abgeschlossen werden. Bei einer dieser Populationen konnte die erforderliche Anzahl von 30 zu untersuchenden Individuen in 2013 noch nicht erreicht werden.

Für vier Populationen war eine Probenahme bereits im Jahr 2013 vorbereitet worden, konnte aber wegen Verzögerungen mit den tierschutzrechtlichen Genehmigungen nicht in 2013 durchgeführt werden. Diese und weitere 14 Populationen wurden 2014 untersucht.

Das Ziel, eine repräsentative Auswahl von 30 Bachforellenpopulationen mit jeweils mindestens 30 Individuen im Bundesgebiet zu beproben und zu analysieren wurde erreicht.

#### **2.2.5 Laborarbeiten**

Die Laborarbeiten konnten wie geplant durchgeführt werden. Da für die Bachforelle bereits vorab die notwendigen Methoden etabliert waren, wurde unmittelbar nach Eintreffen der ersten Gewebeprobe im Labor mit der DNA-Extraktion und den Untersuchungen von zwölf Mikrosatelliten-Loci und der Kontrollregion der mitochondrialen DNA begonnen.

#### **2.2.6 Datenanalysen**

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

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

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

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

Die Bachforelle (*Salmo trutta fario*) weist eine ungewöhnlich große phänotypische und ökologische Plastizität auf ('polytypische Spezies'). Die Taxonomie dieser Art beziehungsweise der Gattung *Salmo* ist daher bis heute umstritten (vgl. Kottelat & Freyhof, 2007). Dessen ungeachtet gilt die Bachforelle als eine Art mit einer besonders hohen genetischen Diversität. Dies wurde bereits in den 1980er Jahren mittels elektrophoretischer Proteinanalysen festgestellt (Ferguson 1989). Auch erste Versuche der direkten Sequenzierung mitochondrialer DNA wiesen auf eine große innerartliche Variabilität hin (Ferguson 1989).

Eine großräumige phylogenetische Analyse der Bachforelle über weite Teile ihres ursprünglichen Verbreitungsgebietes mittels mitochondrialer DNA-Sequenzierung legten Bernatchez et al. (1992) vor. Hier wurden fünf verschiedene phylogenetische Gruppen identifiziert. Nach weiterführenden Arbeiten (Bernatchez & Osinov 1995; Bernatchez 2001) wurden vier dieser Gruppen entsprechend ihrer wesentlichen geographischen Verbreitung als atlantische, danubische, adriatische und mediterrane Linie bezeichnet. Die fünfte Gruppe wurde nach der sogenannten Marmorierten Forelle, einem besonderen Phänotypen aus dem Gebiet etwa zwischen dem Po in Italien und der Soča in Slowenien, als Marmoratus-Linie benannt. Diese Bezeichnungen finden bis heute häufig Anwendung.

Bernatchez (2001) schlug vor, die fünf identifizierten phylogenetischen Gruppen als grundlegende Evolutionarily Significant Units` (ESUs) zu betrachten. Nachfolgende Arbeiten zeigten jedoch, dass die Evolutionsgeschichte der Bachforelle wesentlich komplexer ist als von Bernatchez (2001) vorgeschlagen wurde. Um dieser komplexen Situation im Hinblick auf den Schutz der innerartlichen Diversität der Bachforelle und im Hinblick auf ein angemessenes fischereiliches Management gerecht zu werden, müssen die ESUs nach Bernatchez (2001) weiter unterteilt werden. So wurden beispielsweise innerhalb der von Bernatchez (2001) vorgeschlagenen atlantischen Linie weitere relevante Unterteilungen festgestellt. Auf der iberischen Halbinsel wurden genetisch und morphologisch distinkte Populationen autochthoner Bachforellen beschrieben, die auf ein oder mehrere vorher unbekannte glaziale Refugialgebiete schließen lassen (Cortey et al. 2009; Hermida et al. 2009;

MacHordom et al. 2000; Suárez et al. 2001; Vera et al. 2010). Basierend auf den Ergebnissen von Protein-Analysen schlugen Makhrov et al. (2002) vor, dass auch die heutigen Bachforellenpopulationen aus Nordeuropa (Skandinavien und Baltikum) auf mehrere Glazialrefugien zurückgehen und dieses Gebiet nacheiszeitlich über verschiedene Wege besiedelt wurde. Auch die Britischen Inseln, inklusive Irland, wurden nach der letzten Eiszeit wahrscheinlich aus mindestens fünf verschiedenen Refugialgebieten wiederbesiedelt (McKeown et al. 2010).

Auch für drei weitere von Bernatchez (2001) vorgeschlagene phylogenetische Linien (danubisch, adriatisch und mediterran) sind inzwischen relevante Untergruppierungen beschrieben worden, die bei der Identifizierung von ESUs oder der Festlegung von Managementeinheiten berücksichtigt werden sollten (z.B. Weiss et al. 2001; Cortey et al. 2004; Sušnik et al. 2007; Apostolidis et al. 2008). Die Marmoratus-Linie wird heute meist als eigenständige Art angesehen (vgl. Kottelat & Freyhof 2007).

Gemessen an der insgesamt sehr großen Anzahl an international publizierten phylogenetischen und populationsgenetischen Studien liegen nur wenige Informationen über wilde Populationen der Bachforelle in Deutschland vor. Zwei deutsche Populationen wurden in den Analysen von Bernatchez (2001) berücksichtigt. Demnach kommen in Norddeutschland Bachforellen der atlantischen Linie vor, während im oberen Flusseinzugsgebiet der Donau sowohl die atlantische, als auch die danubische Linie anzutreffen sind. Das Vorkommen von Bachforellen atlantischen Typs im Einzugsgebiet der Donau war Gegenstand weiterer Untersuchungen (Lerceteau-Köhler et al. 2013; Riffel et al. 1995). Demnach gibt es hier eine weitreichende Kontaktzone der atlantischen und der danubischen Linie, die auf eine sehr komplexe postglaziale Besiedlungsgeschichte des Gebiets hinweist. Die Rolle von Besatzmaßnahmen bleibt hierbei unklar, wird heute jedoch als eher gering eingeschätzt (Lerceteau-Köhler et al. 2013). Lerceteau-Köhler et al. (2013) weisen auf die überragende Bedeutung der Unterscheidung von natürlich und anthropogen bedingten genetischen Einflüssen der atlantischen Linie auf die Tiere der danubischen Linie (Introgression) für künftige Managementstrategien hin.

Weitere Informationen zur Populationsgenetik von wilden Bachforellen liegen für das Bundesland Bayern vor. In einer Studie für das Umweltbundesamt wurde im Wesentlichen der genetische Einfluss allochthoner Besatzfische auf autochthone

Bestände untersucht (Schliewen et al. 2001). Ebenfalls mit regionalem Fokus werden derzeit die Bachforellenbestände des Pfälzerwaldes in Rheinland-Pfalz untersucht (Schmidt et al. 2011, 2012).

Hinweise zu einzelnen potentiell relevanten Populationen oder Regionen können im Einzelfall auch unveröffentlichte Arbeiten liefern, so zum Beispiel Grunwald (1995) für den Harz und den Spessart.

Der Fokus der verfügbaren Studien zur Populationsgenetik und Phylogeographie wilder Bachforellen in Deutschland lag also bisher auf der Kontaktzone zwischen der atlantischen und der danubischen Linie in Südostdeutschland. Aber auch hier gibt es noch Populationen, deren Untersuchung zur Identifizierung von ESUs relevant sein können (Weiss et al. 2001; Schliewen et al. 2001; Troschel 1990). Für die überwiegenden Teile des Bundesgebietes liegen hingegen keine veröffentlichten genetischen Informationen vor.

Nach bisherigem Kenntnisstand ist davon auszugehen, dass alle deutschen Bachforellenbestände außerhalb des Donaueinzugsgebiets der Atlantischen Linie zuzuordnen sind. Die vorliegenden Ergebnisse aus anderen Gebieten Europas lassen jedoch die Vermutung zu, dass auch die bundesdeutschen Gewässer aus mehreren Glazialrefugien heraus wiederbesiedelt wurden. Derart unterschiedliche Abstammungslinien wären bei der Identifizierung von ESUs zu berücksichtigen. Hier ist zu beachten, dass diese distinkten Linien in unmittelbarer Nähe zueinander vorkommen können (z.B. McKeown et al. 2010; Schenekar et al. 2014).

### **3.2 Verwendete Methoden**

An erster Stelle der genetischen Untersuchungen steht die DNA-Extraktion aus dem Gewebe der Tiere. Kostengünstige und zuverlässige Methoden zur Extraktion der DNA aus kleinen Mengen von Flossengewebe von Fischen werden in unserem Labor seit vielen Jahren regelmäßig angewendet. Nach der erfolgreichen DNA-Extraktion werden verschiedene genetische Analyseverfahren durchgeführt. Sequenzanalysen mitochondrieller DNA (mtDNA) eignen sich besonders gut für die Darstellung des historischen Genflusses und von großräumigen Differenzierungen innerhalb der Arten. Die Analyse nuklearer Mikrosatelliten-Loci eignet sich vor allem für die Abschätzung des rezenten Genflusses und der genetischen Diversität zwischen Populationen auf kleinräumigeren geographischen Skalen. Zur Identifizierung von ESUs (Moritz 1994) ist daher eine Kombination aus der

Sequenzanalyse von mtDNA und der Analyse von Mikrosatelliten-Loci geeignet. So wird gewährleistet, dass alle für die Differenzierung von ESUs relevanten Prozesse (z.B. Besiedlungsgeschichte, regionale Anpassung) angemessen berücksichtigt werden. Für Sequenzanalysen der Bachforelle stehen mehrere etablierte und zuverlässige mitochondrielle Marker zur Verfügung (z.B. Bernatchez et al. 1992; Hubert et al. 2008). Nach der Eignung der Marker zur Abbildung der taxonomischen Differenzierung der jeweiligen Art, ist die Verfügbarkeit von Vergleichsdaten aus der wissenschaftlichen Literatur, frei zugänglichen Datenbanken (z.B. GenBank) und eigenen Forschungsergebnissen das wichtigste Kriterium bei der Auswahl. Insbesondere kommen hier die Abschnitte Cytochrom-Oxidase Untereinheit I (COI) und D-loop (auch: „Kontrollregion“) der mtDNA in Betracht. Von jedem der 35 Probenahmeorte werden in dieser Studie zehn zufällig ausgewählte Tiere mit einem mitochondriellen Marker untersucht. Die Sequenzanalysen umfassen die Vervielfältigung (PCR-Verfahren) und Aufreinigung, sowie schließlich die Bestimmung der Basenabfolgen der entsprechenden DNA-Abschnitte. Der Stand der Verfügbarkeit von etablierten Primern, den spezifischen Nukleotidabfolgen, die zur Vervielfältigung bestimmter DNA-Loci notwendig sind, für geeignete Mikrosatelliten-Loci der zu untersuchenden Arten ist gut. Für die Bachforelle wurde bereits eine ausreichend große Anzahl geeigneter Mikrosatelliten-Loci im molekulargenetischen Labor in Landau etabliert. Bei der Auswahl der Primer ist darauf zu achten, dass der Polymorphiegrad, also die Anzahl der zu erwartenden unterschiedlichen Allele, der jeweiligen Mikrosatelliten-Loci divers genug ist, um einerseits Divergenzen zwischen Populationen zu detektieren. Andererseits müssen einige der Loci jedoch weniger variabel sein, um Ähnlichkeiten innerhalb von Populationen festzustellen. Ferner wird auch hier die Verfügbarkeit von Vergleichsdaten berücksichtigt. Für die zu untersuchenden Arten werden nach dieser Vorgehensweise Zusammenstellungen von jeweils mindestens zehn, den beschriebenen Anforderungen genügenden Primern vorgenommen. Aus jeder der 35 Herkünfte werden zwischen 30 und 50 Tiere mit dem kompletten Primer-Set für die jeweilige Art untersucht. Zur Qualitätssicherung werden 10% der Proben wiederholt gemessen, um den Fehlerquotienten in den Ergebnissen zu ermitteln (nach Bonin et al. 2004). Die Analyse der Mikrosatelliten-Loci umfasst die Vervielfältigung der jeweiligen DNA-Abschnitte (PCR) mittels Farbstoff-markierten Primern und die Bestimmung ihrer Allellängen (Basenzahl).

## **4 Material und Methoden**

### **4.1 Probenahmen**

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

Anhand einer räumlichen Analyse wurden Probestellen definiert. Probenahmen wurden von 35 Beständen der Bachforelle durchgeführt (Abbildung 1).

Bei den Populationen handelt es sich weitestgehend um unbeeinflusste autochthone Bestände. Ein erster Untersuchungsschwerpunkt lag auf dem Harz. Aufgrund der Historie des Gebietes und einer relativ guten Informationslage erschien hier die Wahrscheinlichkeit natürliche Populationsstrukturen anzutreffen besonders hoch. Zudem verläuft die Wasserscheide zwischen den beiden Flussgebietseinheiten Weser und Elbe durch den Harz.

Neben Elbe (n = 13) und Weser (n = 6) wurden die Flussgebietseinheiten Rhein (n = 8), Donau (n = 6) und Oder (n = 2) untersucht. Die Untersuchungsstrecken lagen in sieben verschiedenen Bundesländern Brandenburg (n = 3), Bayern (n = 7), Hessen (n = 4), Niedersachsen (n = 3), Nordrhein-Westfalen (n = 1), Rheinland-Pfalz (n = 5), Schleswig-Holstein (n = 1), Sachsen-Anhalt (n = 6) und Sachsen (n = 5). Alle Untersuchungen wurden in Fließgewässerstrecken durchgeführt. Die Populationen bilden auch hinsichtlich der räumlichen Verbreitung der Bachforelle in Deutschland (Brunken & Winkler 2015) eine repräsentative Stichprobe (Abbildung 3).

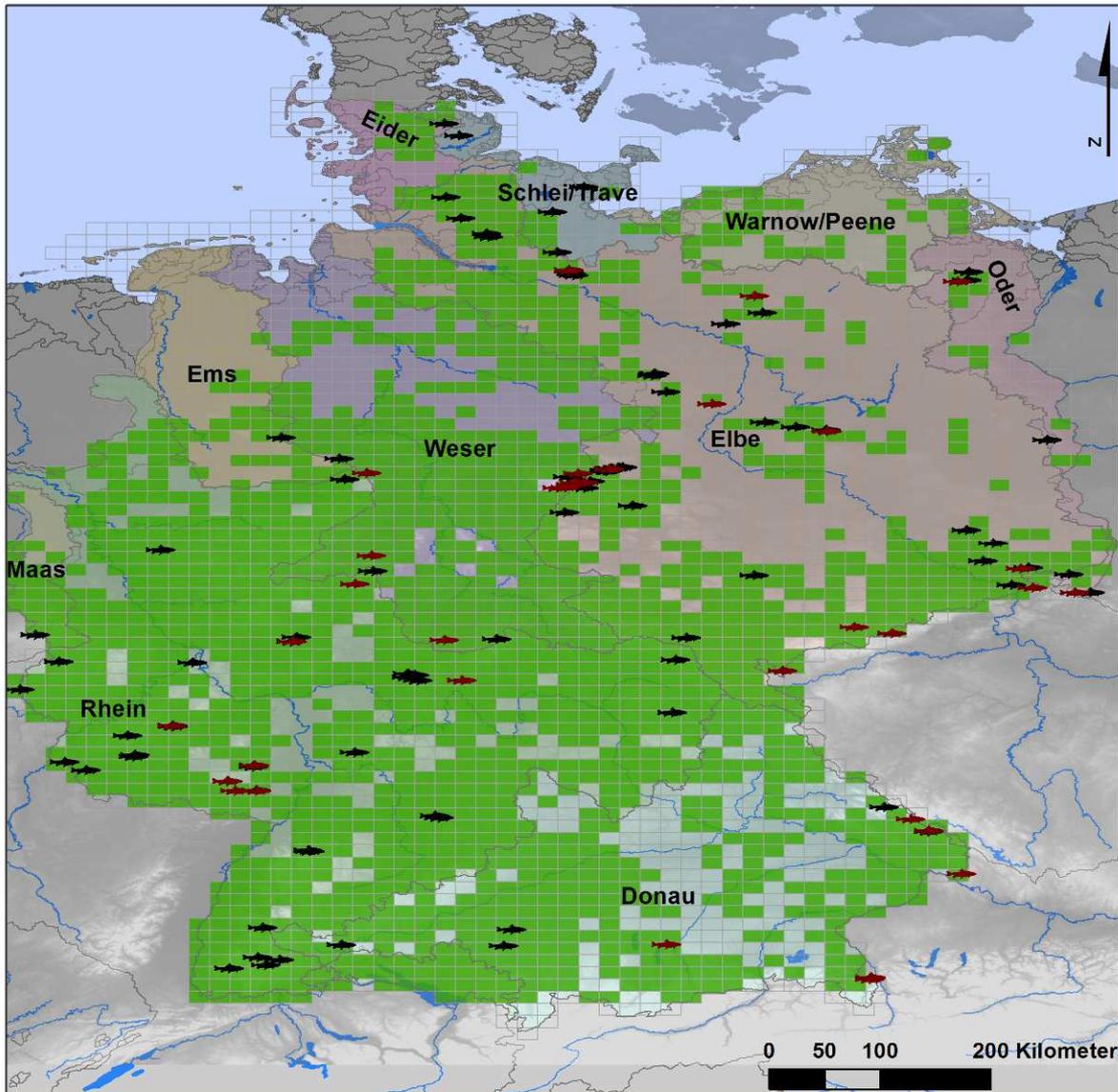


Abbildung 3: Verbreitung der Bachforelle (*Salmo trutta*) in Deutschland (Brunken & Winkler 2015). In grün sind die Blattsschnitte (TK25) dargestellt, in denen die Art nachgewiesen wurde. Probestellen der Untersuchung sind rot, weitere Bestände, zu denen Informationen vorliegen, sind schwarz markiert.

#### 4.1.2 Steckbriefe Populationen

Im Folgenden sind Informationen zu allen untersuchten Populationen in Steckbriefen zusammengefasst. Insgesamt wurden 33 Populationen beprobt, in denen es im Vorfeld der Probenahme keine Hinweise auf aktuellen oder regelmäßigen Besatz gab. Zum Teil lag dieser längere Zeit zurück, zum Teil waren die Hinweise unsicher. Bei zwei weiteren Populationen war im Vorfeld bekannt, dass noch in jüngster Vergangenheit Bachforellenbesatz durchgeführt wurde. Diese Populationen (S006.10 und S066) boten sich jedoch als Vergleichsproben an.

## S003 Rotes Wasser

Tabelle 2: Population S003

Population	S003
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Rotes Wasser
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Feinmaterialreiche, silikatische Mittelgebirgsbäche
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Rhein
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Rauschenberg
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Marburg-Biedenkopf
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	HE
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	FFH-Gebiet, Vogelschutzgebiet, Naturschutzgebiet
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Burgwald
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	ja
<b>Geographische Lage</b>	50°56' N, 8°50' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	269
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	nein
<b>Besatz</b>	keine Hinweise, sehr unwahrscheinlich
<b>Bewirtschaftung</b>	keine Fischerei
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken, H. & Winkler 2015)

Der Bach Rotes Wasser entspringt in einem moorigen Gebiet im Zentrum des hessischen Burgwaldes. Er entwässert über die Ohm und die Lahn in den Rhein. Einzelne Bachforellen aus dem Roten Wasser im hessischen Burgwald wurden bereits in einer früheren Untersuchung genotypisiert (Schmidt et al. 2012). Hier fiel die Population durch einen im Bestand dominierenden privaten Haplotypen auf. Daher wurde diese Population auch in der vorliegenden Studie berücksichtigt. Inhaber der Fischereirechte ist das Forstamt Burgwald des Landesbetriebes Hessen-Forst. Die Fischereirechte sind nicht verpachtet, Hinweise auf eine fischereiliche Bewirtschaftung des Untersuchungsabschnittes liegen nicht vor (pers. Mitt. C. Dümpelmann, pers. Mitt. FA Burgwald). Auch Schaumburg (1995) beschreibt für das Rote Wasser keine fischereiliche Bewirtschaftung, wenngleich Besatzmaßnahmen und Ausübung der Angelfischerei in weiteren Gewässern im Einzugsgebiet der oberen Lahn beschrieben werden. Eine Nutzung des Bestandes zur Gametengewinnung für den Aufbau einer regionalen Nachzucht ist vorgesehen (pers. Mitt. I. Pfeiffer). Die Untersuchungsstrecke ist Bestandteil des Landes- und Bundes-Stichprobenmonitorings für Lebensraumtypen der FFH-Richtlinie mit der Zielart Bachneunauge.

### **S006 Gewässer des Harz**

Besonders in den Oberläufen der Bäche des Harz darf eine fischereiliche Nutzung der Gewässer in den letzten Jahrzehnten als sehr unwahrscheinlich gelten. Zum einen gehörten diese Bereiche zum ehemaligen Grenz-Sperrgebiet. Darüber hinaus wurde 1990 der Nationalpark Hochharz im östlichen Hochharz eingerichtet. Ein Nationalpark Harz wurde 1994 in Niedersachsen gegründet. Im Jahr 2006 fusionierten diese beiden Schutzgebiete zum heutigen Nationalpark Harz. Dieser Schutzgebietstatus schließt eine fischereiliche Bewirtschaftung der Gewässer aus.

Im gesamten östlichen Teil des Harz wurde zu DDR-Zeiten höchstwahrscheinlich nicht mit Forellen besetzt (pers. Mitt. B. Kammerad, pers. Mitt. O. Wüstemann). Über die Zeit davor konnten keine Informationen ermittelt werden.

Aus den Hochlagen des Harz war die Bachforelle bis in die 1980er Jahre weitgehend verschwunden. Als Ursache hierfür wird die anthropogene Gewässerversauerung angeführt (Wüstemann 2009). Inzwischen findet teilweise eine Wiederbesiedlung der Oberläufe statt. Diese Wiederbesiedlung rekrutiert sich aus autochthonen Reliktbeständen (Kohlmann and Wüstemann 2012; Wüstemann 2013a, pers. Mitt. O. Wüstemann). Die Oberläufe der meisten Bäche des Harz sind durch Talsperren und ähnliche Anlagen von den Vorflutern isoliert. Biogeographisch und für diese Untersuchung besonderes relevant ist der Harz zudem, da die Wasserscheide zwischen den Einzugsgebieten der Elbe und der Weser hier zwischen geographisch nahe zusammen liegenden, vergleichbaren Bächen verläuft.

Die Ilse (S006.02) mündet in die Oker und entwässert über die Aller in die Weser. Die Bachforelle wird von Grunwald (1996) als einzige Fischart der Ilse genannt. Versuche zum Besatz mit Regenbogenforellen durch einen lokalen Angelsportverein im System Ilse-Spielbach scheiterten. Ein Besatz mit Bachforellen wird nicht genannt. Im Forstrevier Ilsenburg sollen 1881/82 Forellen künstlich erbrütet worden sein. Herkunft und Verbleib der Tiere sind unbekannt (Grunwald 1996).

Auch auf Grund unpassierbarer Querbauwerke erscheint eine genetische Beeinflussung der Bachforellen der Untersuchungsstrecke durch fischereiliche Bewirtschaftung sehr unwahrscheinlich (pers. Mitt. O. Wüstemann).

Ebenso gilt eine genetische Beeinflussung für die weiteren Untersuchungsstrecken im Harz an der Flussgebietseinheit Weser, die Oder (S006.06; → Rhume → Leine → Aller → Weser) mit ihrem Zufluss, der Sieber (S006.07), sowie der

Flussgebietseinheit Elbe, die Warme Bode (S006.08; → Bode → Saale → Elbe), die Kalte Bode (S006.09; → Bode → Saale → Elbe) und der Wormsgraben (S006.11; → Zillierbach → Holtemme → Bode → Saale → Elbe) als unwahrscheinlich oder kaum vorhanden (pers. Mitt. O. Wüstemann). Demgegenüber ist anzunehmen, dass in der Untersuchungsstrecke im östlichen Harzvorland in der Holtemme (→ Bode → Saale → Elbe) zumindest einige Besatzmaßnahmen durchgeführt werden. Diese Gewässer werden auch angelfischereilich genutzt (pers. Mitt. B. Kammerad).

Der Worms- oder Wormkegraben (S006.11) führt das Wasser des Oberlaufs der Wormke in den Ziellierbach ab. Nach (Grunwald 1996) ist die Bachforelle die einzige Art des Oberlaufs der Wormke. Bachforellen und Bachsaiblinge unbekannter Herkunft wurden 1993/94 in der Bode besetzt. Ein Laichaufstieg dieser Tiere in die Wormke gilt als denkbar aber sehr unwahrscheinlich (Grunwald 1996). Ebenso kommen nach Grunwald (1996) oberhalb des Zillierbachstausees neben der Bachforelle nur vereinzelt andere Fischarten im Zulaufbereich zum See vor. Unterhalb des Stausees wurden 1993/94 Bachforellen und Bachsaiblinge unbekannter Herkunft besetzt. Ein Besatz des Sees zu gleicher Zeit ist möglich, so dass Aufsteiger in den Zillerbach gekommen sein könnten, was aber als sehr unwahrscheinlich angesehen wird (Grunwald 1996).

In Grunwald (1996) wird die Möglichkeit eines Austausches von Fischen zwischen Zillierbach und Wormke über den Wormsgraben verneint. Jedoch stellt Wüstemann (2013b) fest, dass Fische den Oberlauf der Wormke ausschliesslich über den Zillierbach und den Wormsgraben erreichen können.

Auf Grund der anthropogenen Versauerung war die Bachforelle wahrscheinlich aus dem Oberlauf der Wormke verschwunden. Im Jahr 1986 konnten keinerlei Fische im Oberlauf der Wormke und im überwiegenden Teil des Wormsgrabens nachgewiesen werden. Seit 2003 werden ein schnelles Wachstum der Bachforellenpopulation und eine Wiederbesiedlung des Wormsgrabens und der Wormke beobachtet. Die Population gilt als autochthon (Wüstemann 2013a, 2013b).

**S006.2 Ilse**

Tabelle 3: Population S006.02

Population	S006.02
Gewässer <sup>1</sup>	Ilse
Gewässertyp nach WRRL <sup>1</sup>	Feinmaterialreiche, silikatische Mittelgebirgsbäche
Haupteinzugsgebiet <sup>2</sup>	Weser
Gemeinde <sup>3</sup>	Ilsenburg
Kreis <sup>3</sup>	Harz (Sachsen-Anhalt)
Bundesland <sup>3</sup>	ST
Schutzgebietsstatus <sup>4</sup>	FFH-Gebiet, Vogelschutzgebiet, Nationalpark
Landschaft <sup>5</sup>	Mittelharz
Besonders schutzwürdige Landschaft <sup>5</sup>	ja
Geographische Lage	51°50' N, 10°39' E
Höhe (m über NN) <sup>6</sup>	359
Wildpopulation nach GAK-Liste <sup>7</sup>	Bodesystem
Besatz	keine Hinweise
Bewirtschaftung	keine Fischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden <sup>8</sup>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

**S006.6 Oder (Harz)**

Tabelle 4: Population S006.06

Population	S006.06
Gewässer <sup>1</sup>	Oder (Harz)
Gewässertyp nach WRRL <sup>1</sup>	Feinmaterialreiche, silikatische Mittelgebirgsbäche
Haupteinzugsgebiet <sup>2</sup>	Weser
Gemeinde <sup>3</sup>	Braunlage
Kreis <sup>3</sup>	Goslar
Bundesland <sup>3</sup>	NS
Schutzgebietsstatus <sup>4</sup>	FFH-Gebiet, Vogelschutzgebiet, Nationalpark
Landschaft <sup>5</sup>	Mittelharz
Besonders schutzwürdige Landschaft <sup>5</sup>	ja
Geographische Lage	51°43' N, 10°33' E
Höhe (m über NN) <sup>6</sup>	540
Wildpopulation nach GAK-Liste <sup>7</sup>	Bodesystem
Besatz	keine Hinweise
Bewirtschaftung	keine Fischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden <sup>8</sup>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

## S006.7 Sieber

Tabelle 5: Population S006.07

Population	S006.07
Gewässer <sup>1</sup>	Sieber
Gewässertyp nach WRRL <sup>1</sup>	Feinmaterialreiche, silikatische Mittelgebirgsbäche
Haupteinzugsgebiet <sup>2</sup>	Weser
Gemeinde <sup>3</sup>	Braunlage
Kreis <sup>3</sup>	Osterode am Harz
Bundesland <sup>3</sup>	NS
Schutzgebietsstatus <sup>4</sup>	FFH-Gebiet, Vogelschutzgebiet, Nationalpark
Landschaft <sup>5</sup>	Mittelharz
Besonders schutzwürdige Landschaft <sup>5</sup>	ja
Geographische Lage	51°43' N, 10°29' E
Höhe (m über NN) <sup>6</sup>	469
Wildpopulation nach GAK-Liste <sup>7</sup>	nein
Besatz	keine Hinweise
Bewirtschaftung	keine Fischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden <sup>8</sup>	nein

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

## S006.8 Warme Bode

Tabelle 6: Population S006.08

Population	S006.08
Gewässer <sup>1</sup>	Warme Bode
Gewässertyp nach WRRL <sup>1</sup>	Feinmaterialreiche, silikatische Mittelgebirgsbäche
Haupteinzugsgebiet <sup>2</sup>	Elbe
Gemeinde <sup>3</sup>	Braunlage
Kreis <sup>3</sup>	Goslar
Bundesland <sup>3</sup>	NS
Schutzgebietsstatus <sup>4</sup>	FFH-Gebiet, Vogelschutzgebiet, Nationalpark
Landschaft <sup>5</sup>	Mittelharz
Besonders schutzwürdige Landschaft <sup>5</sup>	ja
Geographische Lage	51°45' N, 10°35' E
Höhe (m über NN) <sup>6</sup>	717
Wildpopulation nach GAK-Liste <sup>7</sup>	Bodesystem
Besatz	keine Hinweise
Bewirtschaftung	keine Fischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden <sup>8</sup>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

**S006.9 Kalte Bode**

Tabelle 7: Population S006.09

Population	S006.09
Gewässer <sup>1</sup>	Kalte Bode
Gewässertyp nach WRRL <sup>1</sup>	Feinmaterialreiche, silikatische Mittelgebirgsbäche
Haupteinzugsgebiet <sup>2</sup>	Elbe
Gemeinde <sup>3</sup>	Wernigerode
Kreis <sup>3</sup>	Harz (Sachsen-Anhalt)
Bundesland <sup>3</sup>	ST
Schutzgebietsstatus <sup>4</sup>	FFH-Gebiet, Vogelschutzgebiet, Landschaftsschutzgebiet, Naturpark, Nationalpark
Landschaft <sup>5</sup>	Mittelharz
Besonders schutzwürdige Landschaft <sup>5</sup>	ja
Geographische Lage	51°46' N, 10°37' E
Höhe (m über NN) <sup>6</sup>	657
Wildpopulation nach GAK-Liste <sup>7</sup>	Bodesystem
Besatz	keine Hinweise
Bewirtschaftung	keine Fischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden <sup>8</sup>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

**S006.10 Holtemme**

Tabelle 8: Population S006.10

Population	S006.10
Gewässer <sup>1</sup>	Holtemme
Gewässertyp nach WRRL <sup>1</sup>	Grobmaterialreiche, karbonatische Mittelgebirgsbäche
Haupteinzugsgebiet <sup>2</sup>	Elbe
Gemeinde <sup>3</sup>	Wernigerode
Kreis <sup>3</sup>	Harz (Sachsen-Anhalt)
Bundesland <sup>3</sup>	ST
Schutzgebietsstatus <sup>4</sup>	Naturpark
Landschaft <sup>5</sup>	Keine Zuordnung
Besonders schutzwürdige Landschaft <sup>5</sup>	nein
Geographische Lage	51°52' N, 10°54' E
Höhe (m über NN) <sup>6</sup>	151
Wildpopulation nach GAK-Liste <sup>7</sup>	Bodesystem
Besatz	Ja
Bewirtschaftung	Angelfischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden <sup>8</sup>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

## S006.11 Wormsgraben

Tabelle 9: Population S006.11

Population	S006.11
Gewässer <sup>1</sup>	Wormsgraben
Gewässertyp nach WRRL <sup>1</sup>	Grobmaterialreiche, silikatische Mittelgebirgsbäche
Haupteinzugsgebiet <sup>2</sup>	Elbe
Gemeinde <sup>3</sup>	Wernigerode
Kreis <sup>3</sup>	Harz (Sachsen-Anhalt)
Bundesland <sup>3</sup>	ST
Schutzgebietsstatus <sup>4</sup>	FFH-Gebiet, Vogelschutzgebiet, Landschaftsschutzgebiet, Naturpark, Nationalpark
Landschaft <sup>5</sup>	Mittelharz
Besonders schutzwürdige Landschaft <sup>5</sup>	ja
Geographische Lage	51°46' N, 10°42' E
Höhe (m über NN) <sup>6</sup>	641
Wildpopulation nach GAK-Liste <sup>7</sup>	Bodesystem
Besatz	keine Hinweise
Bewirtschaftung	keine Fischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden <sup>8</sup>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

## S009 Silberbachstamm

Tabelle 10: Population S009

Population	S009
Gewässer <sup>1</sup>	Silberbach
Gewässertyp nach WRRL <sup>1</sup>	Feinmaterialreiche, karbonatische Mittelgebirgsbäche
Haupteinzugsgebiet <sup>2</sup>	Weser
Gemeinde <sup>3</sup>	Horn-Bad Meinberg
Kreis <sup>3</sup>	Lippe
Bundesland <sup>3</sup>	NW
Schutzgebietsstatus <sup>4</sup>	Landschaftsschutzgebiet, Naturpark
Landschaft <sup>5</sup>	Egge und Warburger Wald
Besonders schutzwürdige Landschaft <sup>5</sup>	nein
Geographische Lage	51°50' N, 8°56' E
Höhe (m über NN) <sup>6</sup>	0
Wildpopulation nach GAK-Liste <sup>7</sup>	nein
Besatz	keine Hinweise
Bewirtschaftung	keine Fischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden <sup>8</sup>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

Der Silberbach entwässert über Heubach und Emmer in die Weser. Durch den langjährigen Pächter der Fischereirechte der befischten Untersuchungsstrecke wurde kein Besatz vorgenommen. Früherer Besatz gilt nach Recherchen des Pächters zur historischen Nutzung als höchst unwahrscheinlich. Angelfischerei ist das Gewässer kaum nutzbar. Der Untersuchungsabschnitt liegt oberhalb eines für Fische unüberwindbaren Absturzes. Hier werden kaum Tiere größer als 20-25 cm bei jährlich stattfindenden Befischungen angetroffen, während unterhalb des Absturzes, augenscheinlich ausschließlich zur Laichzeit, auch Tiere größer 30-40 cm festzustellen sind (pers. Mitt. V. Koch). Der Untersuchungsabschnitt kann daher als vollständig isoliert betrachtet werden. Der Bestand wird zur Entnahme von Gameten für regionale Besatzmaßnahmen genutzt (pers. Mitt. V. Koch).

## S016 Steinau

Tabelle 11: Population S016

Population	S016
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Steinau
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Kiesgeprägte Tieflandbäche
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Elbe
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Nusse
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Kreis Herzogtum Lauenburg
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	SH
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	Kein Schutzgebietsstatus
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Keine Zuordnung
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	53°30' N, 10°35' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	19
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	nein
<b>Besatz</b>	keine Hinweise (Angaben unsicher)
<b>Bewirtschaftung</b>	Angelfischerei
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

Die Steinau mündet in den Elbe-Lübeck-Kanal. Sie hat somit über die Flussgebietseinheit Schlei/Trave sowohl direkte Verbindung zur Ostsee als auch über die Elbe zur Nordsee. Der Abfluss erfolgt in Richtung Ostsee. Die Untersuchungsstrecke liegt aber in der Flussgebietseinheit Elbe. Für die Gewässer

Schleswig-Holsteins ist wenig über vom Besatz unbeeinflusste Bachforellenpopulationen in Erfahrung zu bringen. Im Bereich der Steinau sind die Aussichten, solche Gewässer zu finden aber noch am höchsten (pers. Mitt. M. Brunke). Für den unmittelbaren Untersuchungsbereich kann zumindest kein dokumentierter oder bekannter Besatz festgestellt werden (pers. Mitt. M. Neumann).

### S031.1 Heuschuppenbächel

Tabelle 12: Population S031.1

Population	S031.1
Gewässer <sup>1</sup>	Heuschuppenbächel
Gewässertyp nach WRRL <sup>1</sup>	Organisch geprägte Bäche
Haupteinzugsgebiet <sup>2</sup>	Elbe
Gemeinde <sup>3</sup>	Elterlein
Kreis <sup>3</sup>	Erzgebirgskreis
Bundesland <sup>3</sup>	SN
Schutzgebietsstatus <sup>4</sup>	FFH-Gebiet, Vogelschutzgebiet, Naturschutzgebiet
Landschaft <sup>5</sup>	Mittelerzgebirge
Besonders schutzwürdige Landschaft <sup>5</sup>	nein
Geographische Lage	50°34' N, 12°54' E
Höhe (m über NN) <sup>6</sup>	606
Wildpopulation nach GAK-Liste <sup>7</sup>	Sächsische Mulden/Erzgebirge
Besatz	keine Hinweise
Bewirtschaftung	keine Fischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden <sup>8</sup>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

Das Heuschuppenbächel durchfließt den Großen Schwarzen Teich und mündet in den Wolfersbach. Dessen Vorfluter ist die Zschopau, welche über die Freiburger Mulde und die Mulde der Elbe zufließt. Hinweise auf eine fischereiliche Bewirtschaftung dieses Gewässers liegen nicht vor (pers. Mitt. C. Fieseler, pers. Mitt. F. Völker).

**S031.2 Schwarze Pockau**

Tabelle 13: Population S031.2

Population	S031.2
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Schwarze Pockau
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Silikatische Mittelgebirgsbäche
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Elbe
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Stadt Marienberg
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Erzgebirgskreis
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	SN
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	Vogelschutzgebiet, Naturpark
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	West- und Mittelerzgebirge
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	50°31' N, 13°12' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	805
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	Sächsische Mulden/Erzgebirge
<b>Besatz</b>	keine Hinweis, aber Bachsaibling nachgewiesen
<b>Bewirtschaftung</b>	keine Fischerei
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

Die Schwarze Pockau mündet in die Flöha. Diese fließt über Zschopau, Freiburger Mulde und Mulde in die Elbe. Hinweise zu fischereilicher Bewirtschaftung dieses deutsch-tschechischen Grenzgewässers lagen zunächst nicht vor. Während der Probenahmen wurden jedoch juvenile Bachsaiblinge vorgefunden.

**S032.1 Kirnitzsch**

Tabelle 14: Population S032.1

Population	S032.1
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Kirnitzsch
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Silikatische Mittelgebirgsbäche
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Elbe
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Sebnitz
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Sächsische Schweiz-Osterzgebirge
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	SN
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	FFH-Gebiet, Vogelschutzgebiet, Nationalpark
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Sächsische Schweiz
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	50°54' N, 14°21' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	262
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	Elbsandsteingebirge
<b>Besatz</b>	keine Hinweise

<b>Bewirtschaftung</b>	keine Fischerei
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

Die Kirnitzsch mündet direkt in die Elbe. Die Untersuchungsstrecke liegt im 1990 gegründeten Nationalpark Sächsische Schweiz. Hinweise zu Bachforellenbesatz im Bereich der Untersuchungsstrecke liegen nicht vor (pers. Mitt. G. Füllner, pers. Mitt. V. Fabian). Im Unterwasser befindet sich, außerhalb des Nationalparks, eine für Fische stromaufwärts unpassierbare Wehranlage. Von der Elbe her können demnach keine Bachforellen zur Untersuchungsstrecke aufsteigen. Informationen zur (historischen) fischereilichen Bewirtschaftung des Oberlauf der Kirnitzsch in Tschechien konnten nicht ermittelt werden.

## S044 Stepenitz

Tabelle 15: Population S044

Population	S044
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Stepenitz
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Sand- und lehmgeprägte Tieflandflüsse
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Elbe
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	NA
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Prignitz
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	BB
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	FFH-Gebiet, Vogelschutzgebiet, Landschaftsschutzgebiet, Naturschutzgebiet
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Prignitz
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	ja
<b>Geographische Lage</b>	53° 17' N, 12° 5' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	67
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	Stepenitz-System
<b>Besatz</b>	Ja, mit Tieren aus Bächen des Fläming (vgl. S051), sowie Meerforellenbesatz
<b>Bewirtschaftung</b>	Angelfischerei
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

Die Stepenitz mit dem Nebenfluss Dömnitz mündet gemeinsam mit der Karthane in die Elbe. Diese Gewässerstrecken werden beangelt. Moderater Besatz findet seit ca. 10 Jahren mit Bachforellenaufzuchten aus Bächen des Fläming (vgl. S051) statt. Seit 1998 wird zudem Besatz mit Meerforellen durchgeführt (pers. Mitt. M. Doll).

**S051 Baitzer Bach**

Tabelle 16: Population S051

Population	S051
Gewässer <sup>1</sup>	Baitzer Bach
Gewässertyp nach WRRL <sup>1</sup>	Kiesgeprägte Tieflandbäche
Haupteinzugsgebiet <sup>2</sup>	Elbe
Gemeinde <sup>3</sup>	NA
Kreis <sup>3</sup>	Potsdam-Mittelmark
Bundesland <sup>3</sup>	BB
Schutzgebietsstatus <sup>4</sup>	Vogelschutzgebiet, Landschaftsschutzgebiet, Naturpark Naturschutzgebiet
Landschaft <sup>5</sup>	Baruther Tal
Besonders schutzwürdige Landschaft <sup>5</sup>	nein
Geographische Lage	52° 11' N, 12° 40' E
Höhe (m über NN) <sup>6</sup>	45
Wildpopulation nach GAK-Liste <sup>7</sup>	Flämingbäche
Besatz	Ja
Bewirtschaftung	keine Angabe
Auf Verbreitungskarte vorhanden <sup>8</sup>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

Der Baitzer Bach mündet in den Belziger Bach, welcher über die Plane in die Havel entwässert. Diese mündet in die Elbe. Der Oberlauf des Baitzerbach wird als Aufzuchtgewässer bewirtschaftet. Hinweise auf Besatz liegen nicht vor. Die Angelfischerei wird nicht ausgeübt (pers. Mitt. U. Thiel). Besetzte Bachforellen können jedoch aus der angelfischereilich genutzten Plane in den Baitzer Bach aufsteigen.

**S053 Kleiner Regen**

Tabelle 17: Population S053

Population	S053
Gewässer <sup>1</sup>	Kleiner Regen
Gewässertyp nach WRRL <sup>1</sup>	Grobmaterialreiche, silikatische Mittelgebirgsbäche
Haupteinzugsgebiet <sup>2</sup>	Donau
Gemeinde <sup>3</sup>	Frauenau
Kreis <sup>3</sup>	Regen
Bundesland <sup>3</sup>	BY
Schutzgebietsstatus <sup>4</sup>	Landschaftsschutzgebiet, Naturpark
Landschaft <sup>5</sup>	Hinterer Bayerischer Wald
Besonders schutzwürdige Landschaft <sup>5</sup>	nein
Geographische Lage	49° 0' N, 13° 21' E

<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	762
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	nein
<b>Besatz</b>	keine Hinweise, sehr unwahrscheinlich
<b>Bewirtschaftung</b>	keine Fischerei
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	nein

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

Durch Zusammenfluss von Kleinem Regen und Großem Regen entsteht der Schwarze Regen, welcher vereint mit dem Weißen Regen den Regen bildet und in die Donau entwässert. Der kleine Regen speist, gemeinsam mit dem Hirschbach, die 1983 fertig gestellte Trinkwassertalsperre Frauenau. Die Trinkwassertalsperre ist von einer fischereilichen Nutzung ausgeschlossen. Die heute in der Talsperre und im zufließenden Kleinen Regen vorzufindenden Bachforellen gehen auf die Population des Kleinen Regen vor Bau der Talsperre zurück. Für die Zeit vor Baubeginn im Jahre 1976 lassen sich keine Hinweise für eine fischereiliche Bewirtschaftung des Kleinen Regen finden (pers. Mitt. J. Hoch).

## S054 Haarauer Seige/Sagwasser

Tabelle 18: Population S054

Population	S054
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Haarauer Seige/Sagwasser
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Grobmaterialreiche, silikatische Mittelgebirgsbäche
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Donau
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Neuschönau
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Freyung-Grafenau
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	BY
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	FFH-Gebiet, Vogelschutzgebiet, Landschaftsschutzgebiet, Nationalpark
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Keine Zuordnung
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	48°54' N, 13°30' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	894
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	nein
<b>Besatz</b>	keine Hinweise, sehr unwahrscheinlich
<b>Bewirtschaftung</b>	keine Fischerei
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

Die Gewässer Haarauer Seige/Sagwasser entwässern über die Kleine Ohe und die

Ilz in die Donau. Hinweise für eine fischereiliche Bewirtschaftung liegen nicht vor. Historische Trift- und Sägemühlenanlagen verhindern wahrscheinlich das Einwandern von Forellen in den Untersuchungsbereich (pers. Mitt. J. Hoch). Die Population ist auch im Artikel von Lerceteau-Köhler et al. (2013) enthalten.

## S057 Hosebach

Tabelle 19: Population S057

Population	S057
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Hosebach
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Silikatische Mittelgebirgsbäche
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Rhein
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Berschweiler bei Kirn
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Birkenfeld
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	RP
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	FFH-Gebiet, Vogelschutzgebiet, Landschaftsschutzgebiet
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Keine Zuordnung
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	49°46' N, 7°21' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	315
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	nein
<b>Besatz</b>	keine Hinweise auf direkten Besatz, aber Besatz in für die Bachforelle erreichbarer Nähe
<b>Bewirtschaftung</b>	ungenutzte Angelfischerei
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

Der Hosebach mündet in den Fischbach. Dieser entwässert über die Nahe in den Rhein. Für einen etwa zehn Kilometer langen Bereich des Hosebachs kann Besatz zumindest für die letzten 20 bis 30 Jahre mit großer Sicherheit ausgeschlossen werden. Im näheren Umfeld gab es aber vereinzelte Besatzversuche mit Bachsaiblingen und Regenbogenforellen. Ob im Zuge dieser Maßnahmen auch Bachforellen gesetzt wurden, ist nicht bekannt (pers. Mitt. H. Heckmann). Während der Probenahmen wurden jedenfalls ausschließlich Bachforellen vorgefunden.

Die Pachtstrecke wird angelfischereilich zumindest seit einigen Jahren nicht genutzt (pers. Mitt. H. Heckmann). Lokal können die Bachforellen des Hosebachs wahrscheinlich phänotypisch von anderen Bachforellen unterschieden werden. Von zwei bekannten Laichplätzen dieses „Phänotyps“ ist heute nach Gewässerbaumaßnahmen nur noch einer erreichbar (pers. Mitt. H. Heckmann).

## S058 Schondra

Tabelle 20: Population S058

Population	S058
Gewässer <sup>1</sup>	Schondra
Gewässertyp nach WRRL <sup>1</sup>	Feinmaterialreiche, silikatische Mittelgebirgsbäche
Haupteinzugsgebiet <sup>2</sup>	Rhein
Gemeinde <sup>3</sup>	Gräfendorf
Kreis <sup>3</sup>	Main-Spessart
Bundesland <sup>3</sup>	BY
Schutzgebietsstatus <sup>4</sup>	FFH-Gebiet, Landschaftsschutzgebiet, Naturpark Naturschutzgebiet
Landschaft <sup>5</sup>	Sinn-Schondra-Südrhön und Neuwirtshauser Forst
Besonders schutzwürdige Landschaft <sup>5</sup>	nein
Geographische Lage	50° 8' N, 9° 42' E
Höhe (m über NN) <sup>6</sup>	183
Wildpopulation nach GAK-Liste <sup>7</sup>	nein
Besatz	sporadisch
Bewirtschaftung	Angelfischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden <sup>8</sup>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

Die Schondra fließt über die Fränkische Saale und den Main in den Rhein. Sie ist ein WRRL-Referenzgewässer und Naturschutzgebiet. Das Gewässer ist von Besatzaufgaben befreit. In den letzten 50 Jahren wurden vom Pächter der Fischereirechte nur sehr wenige Bachforellen besetzt. Seit einigen Jahren wurde aber mit geringen Stückzahlen 1-sömmriger, mit Glochidien der Flußperlmuschel infizierter Bachforellen besetzt. Dies erfolgt im Rahmen eines Schutzprogramms für die Flußperlmuschel (pers. Mitt. K. Dietl).

## S059 Lüssbach

Tabelle 21: Population S059

Population	S059
Gewässer <sup>1</sup>	Lüssbach
Gewässertyp nach WRRL <sup>1</sup>	Bäche der Jungmoräne des Alpenvorlandes
Haupteinzugsgebiet <sup>2</sup>	Donau
Gemeinde <sup>3</sup>	Berg
Kreis <sup>3</sup>	Starnberg
Bundesland <sup>3</sup>	BY
Schutzgebietsstatus <sup>4</sup>	Landschaftsschutzgebiet
Landschaft <sup>5</sup>	Ammer-Loisach-Hügelland mit Oberlauf der Isar

<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	ja
<b>Geographische Lage</b>	47°58' N, 11°22' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	615
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	nein
<b>Besatz</b>	aufgegeben
<b>Bewirtschaftung</b>	sporadische Angelfischerei
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

Der Lüssbach mündet bei Percha in den Starnberger See. Der Abfluss des Sees erfolgt über Würm, Amper und Isar in die Donau. Besatz mit Bachforellen durch den bewirtschaftenden Angelsportverein wurde vor ca. 10 Jahren als erfolglos aufgegeben. Im Gegensatz zu den im Gewässer aufwachsenden Bachforellen konnten sich die Besatztiere augenscheinlich nicht im Gewässer halten (pers. Mitt. J. Ostermeier).

Das leicht saure Gewässer ist für Fische aus dem Stranberger See wegen eines Absturzes sehr schlecht zu erreichen. Trotzdem wurden bei Elektro-Befischungen im Lüssbach vereinzelt Seeforellen und Saiblinge festgestellt (pers. Mitt. J. Ostermeier).

## S062 Banfebach

Tabelle 22: Population S062

Population	S062
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Banfebach
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Grobmaterialreiche, silikatische Mittelgebirgsbäche
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Weser
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Edertal
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Waldeck-Frankenberg
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	HE
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	FFH-Gebiet, Vogelschutzgebiet, Naturpark, Nationalpark
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Kellerwald
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	ja
<b>Geographische Lage</b>	51°9' N, 8°58' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	270
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	nein
<b>Besatz</b>	aufgegeben
<b>Bewirtschaftung</b>	keine Fischerei
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

Der Banfebach im Nationalpark Kellerwald mündet direkt in den Ederstausee. Die Eder entwässert über die Fulda in die Weser. Das Gewässer trocknet im Sommer oft auf bis zu 80% der verbliebenen Fließstrecke aus. Die ansässigen Bachforellen überdauern zu dieser Zeit in einzelnen Kolken (pers. Mitt. A. Rhon, pers. Mitt. C. Dümpelmann). Besatz mit Bachforellen fand durch die Forstverwaltung und eine Privatperson zuletzt vor über 20 Jahren statt (pers. Mitt. C. Dümpelmann). Weitere Informationen über diesen Besatz, insbesondere auch darüber, ob er durchgeführt wurde obwohl bereits ein Bestand im Gewässer vorhanden war, konnten nicht ermittelt werden.

### S066 Osterbach

Tabelle 23: Population S066

Population	S066
Gewässer <sup>1</sup>	Osterbach
Gewässertyp nach WRRL <sup>1</sup>	Grobmaterialreiche, silikatische Mittelgebirgsbäche
Haupteinzugsgebiet <sup>2</sup>	Donau
Gemeinde <sup>3</sup>	Wegscheid
Kreis <sup>3</sup>	Passau
Bundesland <sup>3</sup>	BY
Schutzgebietsstatus <sup>4</sup>	Kein Schutzgebietsstatus
Landschaft <sup>5</sup>	Wegscheider Hochfläche
Besonders schutzwürdige Landschaft <sup>5</sup>	nein
Geographische Lage	48°33' N, 13°46' E
Höhe (m über NN) <sup>6</sup>	507
Wildpopulation nach GAK-Liste <sup>7</sup>	nein
Besatz	Ja
Bewirtschaftung	Angelfischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden <sup>8</sup>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

Der Osterbach fließt über die Biber der Donau zu. Das Gewässer wird beangelt und Besatz mit Bachforellen fand in der Vergangenheit regelmäßig statt (pers. Mitt. S. Paintner).

**S067.1 Rothmannbach**

Tabelle 24: Population S067.1

Population	S067.1
Gewässer <sup>1</sup>	Rothmannbach
Gewässertyp nach WRRL <sup>1</sup>	Kleine Flüsse der Kalkalpen
Haupteinzugsgebiet <sup>2</sup>	Donau
Gemeinde <sup>3</sup>	Schellenberger Forst (gemeindefrei)
Kreis <sup>3</sup>	Berchtesgadener Land
Bundesland <sup>3</sup>	BY
Schutzgebietsstatus <sup>4</sup>	FFH-Gebiet, Landschaftsschutzgebiet
Landschaft <sup>5</sup>	Berchtesgadener Alpen
Besonders schutzwürdige Landschaft <sup>5</sup>	ja
Geographische Lage	47° 41' N, 13° 1' E
Höhe (m über NN) <sup>6</sup>	603
Wildpopulation nach GAK-Liste <sup>7</sup>	nein
Besatz	keine Hinweise, sehr unwahrscheinlich
Bewirtschaftung	keine Fischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden <sup>8</sup>	nein

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

Der Rothmannbach mündet in die Berchtesgadener Ache. Diese entwässert über Salzach und Inn in die Donau. Das Gewässer wird seit 1967 von einem Fischereiverein gepachtet. In dieser Zeit fand keinerlei fischereiliche Bewirtschaftung statt. (pers. Mitt. R. Stähler). Phänotypisch sind die Bachforellen deutlich von Tieren aus eigener Aufzucht des Vereins, welche in Staustrecken der Ache zur angelfischereilichen Nutzung besetzt werden, zu unterscheiden. Ein regelmäßiger Aufstieg von Bachforellen aus dem Vorfluter scheint auf Grund natürlicher Abstürze kaum möglich.

**S067.2 Weißbach**

Tabelle 25: Population S067.2

Population	S067.2
Gewässer <sup>1</sup>	Weißbach
Gewässertyp nach WRRL <sup>1</sup>	Kleine Flüsse der Kalkalpen
Haupteinzugsgebiet <sup>2</sup>	Donau
Gemeinde <sup>3</sup>	Schellenberger Forst (gemeindefrei)
Kreis <sup>3</sup>	Berchtesgadener Land
Bundesland <sup>3</sup>	BY
Schutzgebietsstatus <sup>4</sup>	Kein Schutzgebietsstatus
Landschaft <sup>5</sup>	Keine Zuordnung

<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	ja
<b>Geographische Lage</b>	47°42' N, 13°2' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	479
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	nein
<b>Besatz</b>	keine Hinweise, sehr unwahrscheinlich
<b>Bewirtschaftung</b>	keine Fischerei
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	nein

Der Weißbach mündet ebenfalls in die Berchtesgadener Ache (Siehe S067.1). Bei normaler Wasserführung ist der Weißbach durch einen künstlichen Absturz vom Vorfluter isoliert. Bei Hochwasserlagen wird dieser jedoch überspült, so dass die unteren Bereiche von der Ache aus für Fische erreichbar erscheinen.

### S070 Kirschbach

Tabelle 26: Population S070

Population	S070
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Kirschbach
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Feinmaterialreiche, silikatische Mittelgebirgsbäche
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Rhein
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Bad Dürkheim
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Bad Dürkheim
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	RP
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	FFH-Gebiet, Naturpark
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Keine Zuordnung
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	ja
<b>Geographische Lage</b>	49°26' N, 8°1' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	263
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	nein
<b>Besatz</b>	keine Hinweise, sehr unwahrscheinlich
<b>Bewirtschaftung</b>	keine Fischerei
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

Der Kirschbach fließt über die Isenach in den Rhein. Die Fischereirechte für dieses Gewässer sind seit mindestens 15 Jahren nicht mehr verpachtet. Für die Zeit zuvor liegen keine Informationen vor. Der Bach ist für die Ausübung der Angelfischerei ungeeignet. Der Bachforellenbestand des Kirschbach im rheinland-pfälzischen Pfälzerwald wurden bereits in einer früheren Studie genetisch untersucht (Schmidt et al. 2012). Hier fiel die Population anhand von Mikrosatellitenanalysen als

eigenständiges, deutlich differenziertes genetisches Cluster innerhalb des Untersuchungsgebiets Pfälzerwald auf. Daher wurden Daten zu dieser Population ergänzt und in der vorliegenden Studie zusätzlich berücksichtigt.

### S071 Gundersbach

Tabelle 27: Population S071

Population	S071
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Gundersbach
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Silikatische, fein- bis grobmaterialreiche Mittelgebirgsflüsse
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Rhein
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Weinbach
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Limburg-Weilburg
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	HE
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	Naturpark
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Keine Zuordnung
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	50° 27' N, 8° 20' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	220
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	nein
<b>Besatz</b>	keine Hinweise auf direkten Besatz, aber Besatz in für die Bachforelle erreichbarer Nähe
<b>Bewirtschaftung</b>	keine Fischerei
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

Der Gundersbach entwässert über die Weil und die Lahn in den Rhein. Der Bachforellenbestand des Gundersbach wurde wahrscheinlich nie bewirtschaftet (pers. Mitt. A. Funk). Für die Ausübung der Angelfischerei ist das Gewässer nicht geeignet. Einfluss auf die genetische Integrität der Population könnte eine Teichanlage haben, die durch den Gundersbach gespeist wird. Über die frühere Nutzung dieser Anlage liegen keine Informationen vor.

### S072Schwarzbach

Tabelle 28: Population S072

Population	S072
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Schwarzbach
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Feinmaterialreiche, silikatische Mittelgebirgsbäche
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Rhein
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Trippstadt
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Kaiserslautern

<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	RP
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	FFH-Gebiet, Vogelschutzgebiet, Naturpark
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Keine Zuordnung
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	ja
<b>Geographische Lage</b>	49° 19' N, 7° 48' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	384
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	nein
<b>Besatz</b>	keine Hinweise
<b>Bewirtschaftung</b>	keine Fischerei
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	nein

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

Der Schwarzbach fließt über Blies, Saar und Mosel in den Rhein. Die Fischereirechte für dieses Gewässer sind seit mindestens 15 Jahren nicht mehr verpachtet. Für die Zeit zuvor liegen keine Informationen vor. Der quellnahe Bereich des Schwarzbach ist für die Ausübung der Angelfischerei ungeeignet. Er ist durch historische Stauhaltungen wahrscheinlich weitgehend von den unteren Gewässerabschnitten isoliert.

## S073 Hainbach

Tabelle 29: Population S073

<b>Population</b>	<b>S073</b>
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Hainbach
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Feinmaterialreiche, karbonatische Mittelgebirgsbäche
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Rhein
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Frankweiler
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Südliche Weinstraße
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	RP
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	Vogelschutzgebiet, Naturpark
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Keine Zuordnung
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	ja
<b>Geographische Lage</b>	49° 14' N, 8° 2' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	318
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	nein
<b>Besatz</b>	keine Hinweise, sehr unwahrscheinlich
<b>Bewirtschaftung</b>	keine Fischerei
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

Der Hainbach fließt über den Woog- und den Speyerbach in den Rhein. Die Fischereirechte für dieses Gewässer sind seit mindestens 15 Jahren nicht mehr verpachtet. Für die Zeit zuvor liegen keine Informationen vor. Der Bach ist für die Ausübung der Angelfischerei ungeeignet. Der Bachforellenbestand ist wahrscheinlich hochgradig isoliert. Der Bachforellenbestand des Hainbach im rheinland-pfälzischen Pfälzerwald wurden bereits in einer früheren Studie genetisch untersucht (Schmidt et al. 2012). Hier fiel die Population anhand von Mikrosatellitenanalysen als eigenständiges genetisches Cluster innerhalb des Untersuchungsgebiets Pfälzerwald auf. Daher wurden Daten zu dieser Population ergänzt und in der vorliegenden Studie zusätzlich berücksichtigt.

### S074 Modenbach

Tabelle 30: Population S074

Population	S074
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Modenbach
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Feinmaterialreiche, silikatische Mittelgebirgsbäche
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Rhein
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Rinnthal / Annweiler am Trifels
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Südwestpfalz
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	RP
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	FFH-Gebiet, Naturpark
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Keine Zuordnung
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	ja
<b>Geographische Lage</b>	49° 14' N, 7° 52' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	251
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	nein
<b>Besatz</b>	aufgegeben
<b>Bewirtschaftung</b>	aufgegebene Angelfischerei
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

Der Modenbach entwässert über Kaltenbach, Wellbach und die Queich in den Rhein. Die Fischereirechte für dieses Gewässer sind seit mindestens 15 Jahren nicht mehr verpachtet. Für die Zeit zuvor liegen keine Informationen vor. Der Bach ist für die Ausübung der Angelfischerei ungeeignet. Ausgenommen hiervon ist ein historischer Triftwoog, der den Modenbach staut. Dieser Stau war bis vor ca. 7 Jahren an eine Einzelperson verpachtet. Vor etwa 15 bis 20 Jahren wurde oberhalb des Staus Besatz mit Bachforellen und Bachsaiblingen durchgeführt (pers. Mitt. J.A.

Wiedmann). Bachsaiblinge sind heute nicht mehr vorhanden. In den Vorflutern wird die Angelfischerei ausgeübt. Besatz mit Bachforellen findet in weiteren historischen Stauhaltungen am Kaltenbach statt.

Der Bachforellenbestand des Modenbach im rheinland-pfälzischen Pfälzerwald wurde bereits in einer früheren Studie genetisch untersucht (Schmidt et al. 2012). Hier fiel die Population anhand von Mikrosatellitenanalysen als eigenständiges genetisches Cluster innerhalb des Untersuchungsgebiets Pfälzerwald auf. Daher wurden Daten zu dieser Population ergänzt und in der vorliegenden Studie zusätzlich berücksichtigt.

### S076 Fleißenbach

Tabelle 31: Population S076

Population	S076
Gewässer <sup>1</sup>	Fleißenbach
Gewässertyp nach WRRL <sup>1</sup>	Silikatische Mittelgebirgsbäche
Haupteinzugsgebiet <sup>2</sup>	Elbe
Gemeinde <sup>3</sup>	Bad Brambach
Kreis <sup>3</sup>	Vogtlandkreis
Bundesland <sup>3</sup>	SN
Schutzgebietsstatus <sup>4</sup>	Landschaftsschutzgebiet, Naturpark
Landschaft <sup>5</sup>	Mittelhohe Lagen des oberen Vogtlandes
Besonders schutzwürdige Landschaft <sup>5</sup>	nein
Geographische Lage	50° 13' N, 12° 19' E
Höhe (m über NN) <sup>6</sup>	549
Wildpopulation nach GAK-Liste <sup>7</sup>	Vogtland
Besatz	keine Hinweis, aber Bachsaibling nachgewiesen
Bewirtschaftung	Angelfischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden <sup>8</sup>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

Der Fleißenbach mündet in die Eger, die der Elbe zufließt. Die Angelfischerei kann an diesem Gewässer ausgeübt werden. Hinweise zu fischereilicher Bewirtschaftung lagen zunächst nicht vor. Während der Probenahmen wurden jedoch juvenile Bachsaiblinge vorgefunden.

**S077 Pochebach**

Tabelle 32: Population S077

Population	S077
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Pochebach
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Silikatische Mittelgebirgsbäche
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Oder
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Verwaltungsgemeinschaft Olbersdorf
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Görlitz
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	SN
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	Landschaftsschutzgebiet, Naturpark
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Zittauer Gebirge
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	50°51' N, 14°41' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	391
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	Lausitzer Neiße
<b>Besatz</b>	keine Hinweise
<b>Bewirtschaftung</b>	Angelfischerei (?)
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	nein

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

Der Pochebach fließt über Mandau und Lausitzer Neiße in die Oder. Die Angelfischerei kann an diesem Gewässer ausgeübt werden, findet aber wahrscheinlich nicht statt. Hinweise zu fischereilicher Bewirtschaftung liegen nicht vor (pers. Mitt. F. Völker).

**S079 Lohbach**

Tabelle 33: Population S079

Population	S079
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Lohbach
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Silikatische Mittelgebirgsbäche
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Elbe
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Neustadt in Sachsen
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Sächsische Schweiz-Osterzgebirge
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	SN
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	Landschaftsschutzgebiet
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Oberlausitzer Bergland
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	51°3' N, 14°15' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	366
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	nein

<b>Besatz</b>	keine Hinweise
<b>Bewirtschaftung</b>	keine Fischerei
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

Der Lohbach entwässert über Polenz und Lachsbach in die Elbe. Das kleine Gewässer ist für die Ausübung der Angelfischerei ungeeignet. Hinweise zu fischereilicher Bewirtschaftung liegen nicht vor (pers. Mitt. F. Völker).

## S080 Lützbach

Tabelle 34: Population S080

Population	S080
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Lützbach
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Grobmaterialreiche, silikatische Mittelgebirgsbäche
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Weser
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	Neuhof
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Fulda
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	HE
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	Kein Schutzgebietsstatus
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Fuldavorland des Vogelsberg
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	50°28' N, 9°34' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	328
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	nein
<b>Besatz</b>	keine Hinweise
<b>Bewirtschaftung</b>	keine Fischerei
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

Der Lützbach fließt über Kemmete, Fliede und Fulda in die Weser. Die Fischereirechte des Gewässers liegen beim Landesbetrieb Hessen-Forst. Informationen zu Besatzmaßnahmen mit Bachforellen konnten keine ermittelt werden. Da das Gewässer fischereilich uninteressant ist und soweit Informationen vorliegen die Fischereirechte nicht ausgeübt oder verpachtet wurden, kann es als unwahrscheinlich angesehen werden, dass hier Besatz durchgeführt wurde (pers. Mitt. C. Dümpelmann).

**S081 Strasburger Mühlbach**

Tabelle 35: Population S081

Population	S081
<b>Gewässer<sup>1</sup></b>	Strasburger Mühlbach
<b>Gewässertyp nach WRRL<sup>1</sup></b>	Sandgeprägte Tieflandbäche
<b>Haupteinzugsgebiet<sup>2</sup></b>	Oder
<b>Gemeinde<sup>3</sup></b>	NA
<b>Kreis<sup>3</sup></b>	Uckermark
<b>Bundesland<sup>3</sup></b>	BB
<b>Schutzgebietsstatus<sup>4</sup></b>	Vogelschutzgebiet
<b>Landschaft<sup>5</sup></b>	Uckermark
<b>Besonders schutzwürdige Landschaft<sup>5</sup></b>	nein
<b>Geographische Lage</b>	53°24' N, 13°44' E
<b>Höhe (m über NN)<sup>6</sup></b>	62
<b>Wildpopulation nach GAK-Liste<sup>7</sup></b>	nein
<b>Besatz</b>	Zuletzt in den 90er mit Tieren aus Bächen des Fläming (vgl. S051), heute Meerforellenbesatz
<b>Bewirtschaftung</b>	keine Fischerei
<b>Auf Verbreitungskarte vorhanden<sup>8</sup></b>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

An den Untersuchungsstrecken an Strasburger Mühlbach und Köhntopbach konnten jeweils nur weniger als 30 Individuen beprobt werden. Beide Gewässer münden in die Uecker. Sie unterliegen seit den 1990er Jahren demselben Bewirtschafter. Die Angelfischerei wird in beiden Untersuchungsstrecken nicht ausgeübt (pers. Mitt. U. Thiel).

Der Köhntopbach unterlag seit mindestens den 1960er Jahren bis Anfang der 1990/1991 Jahre einer fischereilichen Bewirtschaftung. Anfang der 1990er Jahre wurde eine einzelne Besatzmaßnahme mit Bachforellenaufzuchten aus Bächen des Fläming (vgl. S051) durchgeführt. Seit 2001 werden Besatzmaßnahmen mit Meerforellen vorgenommen (pers. Mitt. U. Thiel).

Über eine Bewirtschaftung des Strasburger Mühlbach vor 1990 liegen keine Informationen vor. In den 1990er wurde ein Bachforellenbestand angetroffen. Besatzmaßnahmen mit Bachforellen sind nicht bekannt, während Meerforellen seit 2001 besetzt werden (pers. Mitt. U. Thiel). Die beiden Untersuchungsstrecken wurden aufgrund der geringen Individuenzahl und der räumlichen Nähe als gemeinsame Population analysiert.

## S082 Uchtdorfer Mühlengraben

Tabelle 36: Population S082

Population	S082
Gewässer <sup>1</sup>	Uchtdorfer Mühlengraben
Gewässertyp nach WRRL <sup>1</sup>	Kiesgeprägte Tieflandbäche
Haupteinzugsgebiet <sup>2</sup>	Elbe
Gemeinde <sup>3</sup>	Uchtdorf / Tangerhütte
Kreis <sup>3</sup>	Stendal
Bundesland <sup>3</sup>	ST
Schutzgebietsstatus <sup>4</sup>	Kein Schutzgebietsstatus
Landschaft <sup>5</sup>	Tangerhütter Niederung
Besonders schutzwürdige Landschaft <sup>5</sup>	nein
Geographische Lage	52°24' N, 11°44' E
Höhe (m über NN) <sup>6</sup>	41
Wildpopulation nach GAK-Liste <sup>7</sup>	nein
Besatz	keine Hinweise, sehr unwahrscheinlich
Bewirtschaftung	keine Fischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden <sup>8</sup>	ja

Quellen: 1:(BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2012), 5: (Bundesamt für Naturschutz (BfN) 2011), 6: (Jarvis et al. 2008), 7: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009), 8: (Brunken & Winkler 2015)

Der Uchtdorfer Mühlengraben (auch Beeke) ist ein Zufluss des Tanger, der in die Elbe mündet. In einem Teilstück dieses Grabens existiert ein kleiner Bachforellenbestand, der als letzte erhaltene Reliktpopulation der Bachforelle im Tangersystem gilt (Kammerad 2014).

## 4.2 Laborarbeit

### 4.2.1 Sequenzanalysen

Insgesamt standen 1442 Gewebeproben, die aus der Fettflosse der Bachforelle (regeneratives Gewebe), entnommen wurden, zu Verfügung. Nach der Entnahme wurde das Gewebe sofort in 99%igem Ethanol konserviert. Für die DNA-Extraktion wurde ein in unserem Labor bereits gut etabliertes Protokoll benutzt (modifiziert nach Aljanabi & Martinez 1997).

Für die Sequenzanalyse mitochondrialer DNA von jeweils 10 Individuen pro Population (in einigen Fällen 11-19 Individuen, Tab. A1, Anhang) wurde ein DNA-Abschnitt der Kontrollregion ausgewählt. Die PCR erfolgte mit den Primern Str-L19 und Str-H17 (Bernatchez et al. 1992). Nach einer initialen Danturierung bei 94°C für 4 min folgten 30 Zyklen bei 94°C für 0,5 min, 55°C für 0,5 min und 72°C für 1,5 min,

gefolgt von einem finalen Elongationsschritt bei 72°C für 10 min. Die Sequenzierung der DNA-Stränge in beide Richtungen („forward“ und „reverse“) wurde von der Firma Seq IT GmbH & Co.KG in Kaiserslautern durchgeführt. Durch die Zusammenlagerung (Alignment) der beiden DNA-Abschnitte, konnte ein 942 Basenpaar (bp) langer DNA-Abschnitt erzeugt werden.

#### **4.2.2 Mikrosatellitenanalysen**

Von allen 1442 Gewebeproben aus 35 Populationen (jeweils mindestens 30 pro Population) wurde eine Mikrosatellitenanalyse durchgeführt. Es wurden 12 bereits etablierte Loci, die in vorherigen Studien verwendet wurden, ausgewählt: OMM.1323, OMM.1310 (Palti et al. 2002), MST-60, MST-73, MST-15 (Presa and Guyomard 1996), Sco.204, Sco.216, (Dehaan & Ardren 2005), Ssa.410.UOS, Ssa.417.UOS (Cairney et al. 2000), Ssa.85 (O'Reilly et al. 1996), SsaA86 (King et al. 2005) und SSOSL85 (Slettan et al. 1995). Bei der Auswahl wurde darauf geachtet, dass die Marker nicht zu sehr und nicht zu wenig polymorph sind.

Die PCR erfolge nach folgendem Programm: Nach einer initialen Danturierung bei 95°C für 5 min folgten 30 Zyklen bei 94°C für 0,5 min, 57°C für 1,5 min und 72°C für 1 min, gefolgt von einem finalen Elongationsschritt bei 60°C für 30 min. Ca. 10% aller Proben wurde zufällig für eine Wiederholung ausgewählt um den Fehlerindex zu berechnen. Ein Fehlerindex von 1,7% wurde ermittelt und sollte die Ergebnisse der Studie nicht beeinflussen.

#### **4.3 Datenanalysen**

##### **4.3.1 Sequenzanalyse**

Mit der Software DNAsp v 5.10.1 (Librado & Rozas 2009) wurde die Haplotypen-Diversität und die Nukleotid-Diversität berechnet. Mit der Software Network 4.6.1.3. (www.Fluxus-Engineering.com, 2009) wurde ein Median-Joining-Netzwerk erstellt. Außer den Sequenzen dieser Studie wurden neun Referenzhaplotypen aus der Genbank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) heruntergeladen, die der iberischen (Accession number: AF274578.1, AF274579.1, AF274580.1, AF274588.1; Cortey et al. 2009) bzw. der danubischen Linie (Accession number: AY185569.1, AY185574.1, AY185575.1; Duftner et al. 2003); GQ284833.1; Baric et al. 2010) zugeordnet werden, in das Netzwerk aufgenommen. Als weitere Referenz diente eine Sequenz vom Lachs (*Salmo salar*) (Accession number: NC\_001960.1).

### **4.3.2 Mikrosatellitenanalyse**

Der Allelreichtum und der genetische Inzuchtkoeffizient wurden mit dem Programm FSTAT 2.9.3.2 (Goudet 1995) ermittelt. Mit der Software Arlequin v 3.11 (Excoffier & Lischer 2010) wurden folgende Werte berechnet: maximale Allelzahl, mittlere Allelzahl, erwarteter Heterozygotiegrad, beobachteter Heterozygotiegrad,  $F_{ST}$ -Werte.

Mit Hilfe der Faktoriellen Korrespondenzanalyse (FKA) wurden aus den Mikrosatellitendaten die Allelfrequenzen berechnet, mit denen sich die einzelnen Populationen aufgrund ihrer Variabilität zueinander einordnen lassen. Diese Beziehung lässt sich dabei graphisch in Form von Punktwolken ähnlicher Allelfrequenzen darstellen. Die Analyse erfolgte mit dem Programm GENETIX Version 4.05 (Belkhir et al. 1996). Bei dieser Analyse wurden die Beziehung aller einzelnen Individuen und anschließend die Beziehung der Populationen zueinander berechnet. Mit der Software Genetic Data Analysis (GDA), v 1.1 (Lewis & Zaykin 2001) wurde die Anzahl privater Allele pro Population ermittelt. Diese wurde durch die Anzahl an Loci (12) geteilt um die mittlere Anzahl privater Allele zu erhalten.

Zur Untersuchung der Gruppierungen einzelner Individuen bzw. Gruppen (Bayesische Custeranalyse) wurde das Programm BAPS v 5.4 (Corander et al. 2007) verwendet. Es wurden vordefinierte Gruppen verwendet, wobei zuerst alle Individuen aus einem Flusseinzugsgebiet als Gruppe definiert wurden und als maximale Anzahl möglicher Cluster 5 angegeben wurde. Anschließend wurden alle Individuen jeder Population als eine Gruppe behandelt und als maximale Anzahl an Cluster 35 definiert. Die Analyse wurde jeweils fünfmal wiederholt, um so die wahrscheinlichste Anzahl an K (Anzahl der Cluster) festlegen zu können.

Zur Untersuchung der Gruppierungen einzelner Individuen bzw. Gruppen (Bayesische Custeranalyse) wurde das Programm BAPS v 5.4 (Corander et al. 2007) verwendet. Es wurden vordefinierte Gruppen verwendet, wobei zuerst alle Individuen aus einem Flusseinzugsgebiet als Gruppe definiert wurden und als maximale Anzahl möglicher Cluster 5 angegeben wurde. Anschließend wurden alle Individuen jeder Population als eine Gruppe behandelt und als maximale Anzahl an Cluster 35 definiert. Die Analyse wurde jeweils fünfmal wiederholt, um so die wahrscheinlichste Anzahl an K (Anzahl der Cluster) festlegen zu können. Zusätzlich wurde die Zuordnung der 1442 untersuchten Individuen zu verschiedenen Clustern in einer Admixture-Analyse ermittelt.

## 5 Ergebnisse

### 5.1 Sequenzanalyse

In den 35 Populationen konnten 28 verschiedene Haplotypen identifiziert werden (Abb. 4). Die Haplotypen- und Nukleotiddiversität ist in den Flusseinzugsgebieten Donau (0,775 bzw. 0,005) und Oder (0,818 bzw. 0,002) am höchsten und in den Flusseinzugsgebieten Weser (0,594 bzw. 0,001) und Elbe (0,674 bzw. 0,001) am niedrigsten (Tab 37).

**Tabelle 37: Ergebnisse der Sequenz- und Mikrosatellitenanalyse pro Flusseinzugsgebiet. Gezeigt sind die Anzahl an Sequenz- (N Seq) und Mikrosatellitendaten (N Msat), Haplotypendiversität (Haplo Div), Nukleotiddiversität (Nuk Div), mittlere Anzahl an Allelen und erwartete Heterozygotie ( $H_E$ ).**

	Sequenz-Daten			Mikrosatelliten-Daten		
	N Seq	Haplo Div	Nuk Div	N Msat	mittlere Allelzahl	$H_E$
Donau	72	0,775	0,005	235	21,67	0,7002
Elbe	173	0,674	0,001	504	23,75	0,6798
Oder	22	0,818	0,002	96	13,75	0,6974
Rhein	95	0,701	0,001	324	15,42	0,6111
Weser	80	0,594	0,001	283	18,92	0,6214

Die Haplotypendiversität pro Population liegt zwischen 0 (S006.8, S006.11, S070, S071), in Populationen mit nur einem Haplotyp und 0,817 (S054) (Tab. A1 im Anhang).

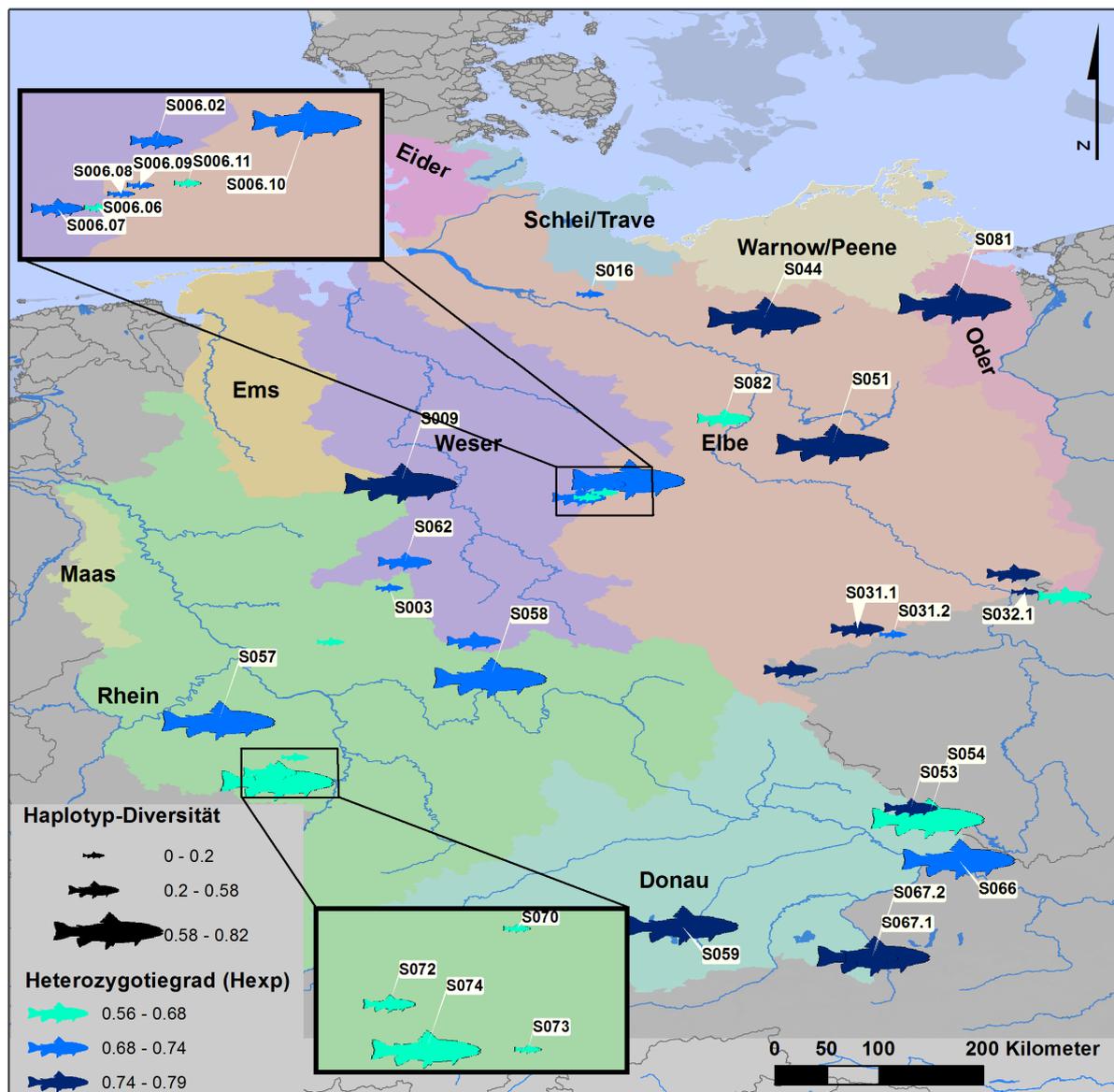


Abbildung 4: Graphische Darstellung der Haplotypendiversität basierend auf den Sequenzdaten und des erwarteten Heterozygotiegrades basierend auf den Mikrosatellitendaten aller 35 untersuchten Forellenspopulationen.

Drei Haplotypen kommen nur in dem Flusseinzugsgebiet des Rheins vor, vier nur im Flusseinzugsgebiet der Elbe, drei nur im Flusseinzugsgebiet der Weser, sieben nur im Flusseinzugsgebiet der Donau und einer nur im Flusseinzugsgebiet der Oder (Abb. 5). Die vier häufigsten Haplotypen (At1b, At1d, At1a, At1c) wurden in allen fünf Flusseinzugsgebieten identifiziert. Insgesamt elf Haplotypen waren aus vorherigen Veröffentlichungen und der Genbank unbekannt und wurden in dieser Studie das erste Mal entdeckt (At1z, At1u, At1v, At1w, At1x, At1y, At1A, Da1e, Da1f, At1t,



**Tabelle 38:** Auflistung der paarweisen  $F_{ST}$  -Werte basierend auf Mikrosatelliten- (unterhalb der Diagonalen) und der Sequenz-Daten (oberhalb der Diagonalen) zwischen den Flusseinzugsgebieten. Alle fett markierten Werte sind hoch signifikant ( $p < 0,001$ ).

	Donau	Elbe	Oder	Rhein	Weser
Donau		<b>0,1805</b>	<b>0,0919</b>	<b>0,1233</b>	<b>0,1778</b>
Elbe	<b>0,0104</b>		<b>0,2059</b>	0,0236	0,0169
Oder	<b>0,0173</b>	<b>0,0225</b>		0,1019	<b>0,2357</b>
Rhein	<b>0,0279</b>	<b>0,0251</b>	<b>0,0406</b>		<b>0,0489</b>
Weser	<b>0,0149</b>	<b>0,0066</b>	<b>0,0178</b>	<b>0,0312</b>	

Die Analyse der molekularen Varianz der Sequenz-Daten ergab, dass der Großteil der Gesamtvariation (64,7%) durch die Varianz innerhalb der Populationen erklärt werden kann (Tab. 39). Durch die Varianz zwischen den Populationen innerhalb der Flusseinzugsgebiete konnten 28,9% der Varianz erklärt werden und nur 6,4% durch die Varianz zwischen den Flusseinzugsgebieten.

**Tabelle 39** Ergebnisse der Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) der Sequenz- und der Mikrosatellitendaten. Dargestellt sind die Freiheitsgrade (d.f.), der Anteil der Varianz (%Var), der Fixationsindices (F) und deren Signifikanz (\*\*\*:  $p < 0,001$ ; \*:  $p < 0,05$ ).

Varianzkomponenten	Sequenz-Daten			Mikrosatelliten-Daten		
	d.f.	% Var	F-Statistik	d.f.	% Var	F-Statistik
Zwischen Flusseinzugsgebieten	4	6,4	$F_{CT}=0,06418^*$	4	0,7	$F_{CT}=0,0068^*$
Zwischen Populationen innerhalb der Flusseinzugsgebiete	30	28,9	$F_{SC}=0,30917^{***}$	30	8,4	$F_{SC}=0,0846^{***}$
Innerhalb der Populationen	440	64,7	$F_{ST}=0,35351^{***}$	2849	90,9	$F_{ST}=0,0068^{***}$

## 5.2 Mikrosatellitenanalyse

Der erwartete Heterozygotiegrad liegt zwischen 0,5685 (S073) und 0,7928 (S067.1) (Tab. 37). Der Wert des Allelreichtums liegt zwischen 2,550 (S070) und 3,703 (67.01).

Die  $F_{ST}$ -Werte zwischen den Flusseinzugsgebieten sind gering, sie liegen zwischen 0,0104 zwischen der Donau und der Elbe und 0,0406 zwischen der Oder und dem Rhein (Tab 38). Die  $F_{ST}$ -Werte zwischen den Populationen liegen zwischen -0,0324 (zwischen Population S044 und S053) und 0,2941 (zwischen Population S073 und S006.11) (Tab. A3 im Anhang). In 18 von 35 Fällen liegt der „höchste  $F_{ST}$ -Wert zwischen zwei Populationen“, zwischen der Population S082 sowie einer anderen Population und in 12 Fällen zwischen der Population S006.11 und einer anderen

Population. Zahlreiche der „niedrigsten  $F_{ST}$ -Werte zwischen zwei Populationen“ liegen bei Population S044 (8 mal).

Die Analyse der molekularen Varianz der Mikrosatelliten-Daten ergab, dass der Großteil der Gesamtvariation (90,9%) durch die Varianz innerhalb der Populationen erklärt werden kann (Tab. 39). Durch die Varianz zwischen den Populationen innerhalb der Flusseinzugsgebiete konnten 8,4% der Varianz erklärt werden und nur 0,7% durch die Varianz zwischen den Flusseinzugsgebieten..

In Abbildung 6 sind die ersten beiden Faktoren der Faktoriellen Korrespondenzanalyse dargestellt. Der erste Faktor erklärt 9,6% der Varianz und der zweite Faktor 6,4%. In der Graphik ist keine klare Gruppierung der Populationen nach den Flusseinzugsgebieten ersichtlich, nur die Forellenpopulationen aus dem Rheineinzugsgebiet gruppieren etwas abseits, vor allem Populationen S070, S073 und S074. Auffällig ist auch die Differenzierung der Population S082 und S006.11.

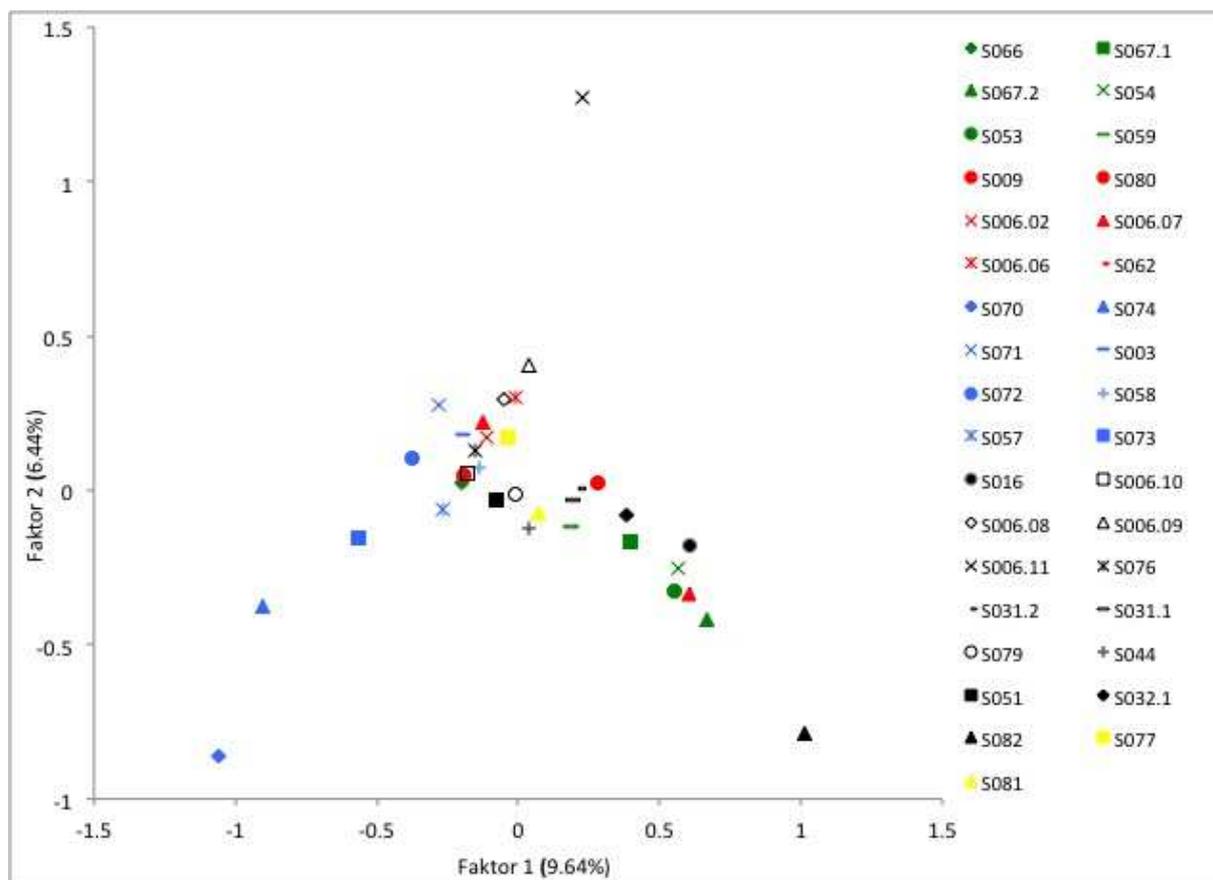
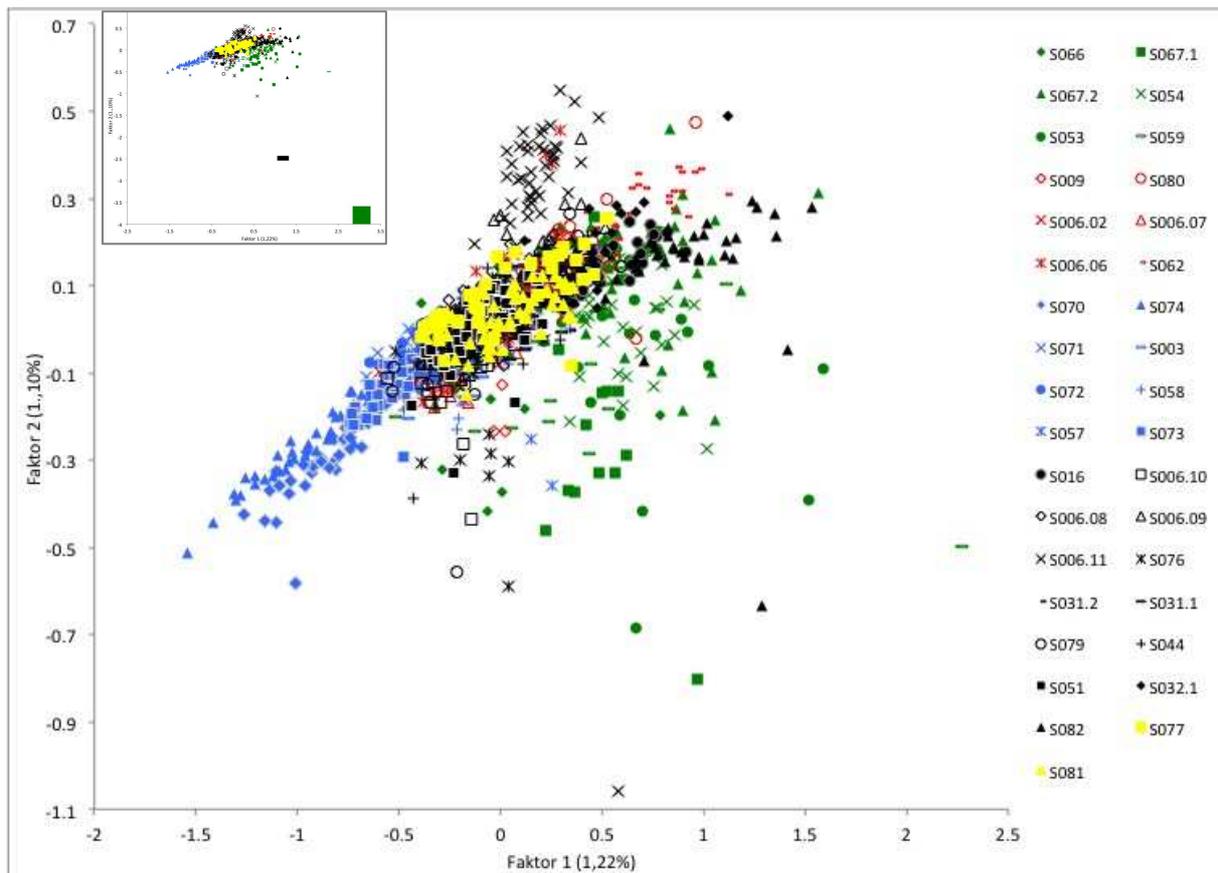


Abbildung 6: Faktorielle Korrespondenzanalyse mit Forellen von 35 Populationen aus der Donau (grün), der Weser (rot), dem Rhein (blau), der Elbe (schwarz) und der Oder (gelb). Jedes Symbol repräsentiert eine Population. Je größer der Abstand zwischen den Symbolen, je unähnlicher sind die Populationen zueinander.

Bei der Faktoriellen Korrespondenzanalyse, bei der jedes Individuum einzeln betrachtet wurde, werden 1,2% (Faktor 1) bzw. 1,1% (Faktor 2) der Varianz erklärt. Bei den Punktwolken ist eine Vermischung der Forellen unterschiedlicher Populationen sichtbar (Abb. 7). Die Individuen der Rheinpopulationen (S070, S073 und S074) und einige Donaforellen (S067.1, S067.2 und S054) gruppieren etwas getrennt. Nur wenige Populationen gruppieren mit ihren Individuen isoliert (S070, S073 und S074).



**Abbildung 7: Faktorielle Korrespondenzanalyse mit Forellen von 35 Populationen aus der Donau (grün), der Weser (rot), dem Rhein (blau), der Elbe (schwarz) und der Oder (gelb). Jedes Symbol repräsentiert ein Individuum. Individuen mit gleichen Symbolen gehören zur gleichen Population. Je weiter eine Gruppe von Individuen streut (Punktwolke), desto genetisch diverser ist diese Gruppe. In der kleinen Graphik sind zwei Individuen der Populationen S031.2 und S067.1 dargestellt, die in der großen Graphik zu Gunsten einer besseren Darstellung „abgeschnitten“ wurden.**

Bei der Bayesischen Clusteranalyse basierend auf Flusseinzugsgebieten wurden vier Cluster mit einer Wahrscheinlichkeit von 1 als am wahrscheinlichsten betrachtet (Abb. 8). Die Donau, die Oder und der Rhein formen jeweils ein Cluster während Elbe und Weser im gleichen Cluster gruppieren.



Abbildung 8: Bayesische Clusteranalyse für fünf Flusseinzugsgebiete. Die Rechtecke stehen jeweils für ein Flusseinzugsgebiet. Die Breite der Rechtecke ist proportional zu der Anzahl der Individuen in der Gruppe. Jede Farbe steht für ein Cluster. Rechtecke in gleicher Farbe gehören zu dem gleichen Cluster, wie mit dem Programm BABS v. 5.4 berechnet wurde.

Bei der Bayesischen Clusteranalyse basierend auf den Populationen wurden 23 Cluster mit einer Wahrscheinlichkeit von 1 als am wahrscheinlichsten erachtet (Abb. 9). Insgesamt 17 Populationen bilden ein eigenes Cluster. Zwei Donaupopulationen (S067.1, S067.2) bilden ein gemeinsames Cluster, zwei Elbepopulationen (S031.1, S031.2), zwei Elbepopulationen mit einer Oderpopulation (S044, S051, S081) und sieben Populationen aus Rhein, Donau, Weser und Elbe (S057, S058; S066, S009, S006.10, S076, S079).



Abbildung 9: Bayesische Clusteranalyse für die 35 untersuchten Populationen. Die Quadrate stehen jeweils für ein Flusseinzugsgebiet. Jede Farbe steht für ein Cluster. Rechtecke in gleicher Farbe gehören zu dem gleichen Cluster, wie mit dem Programm BABS v. 5.4 berechnet wurde.

Bei der Admixture-Analyse wurden in vier Populationen aus dem Rheineinzugsgebiet (S070, S071, S073, S074, alle Pfälzerwald), vier Populationen aus dem Elbeeinzugsgebiet (S006.08, S006.09, S016, S082) und einer Population aus dem Donaueinzugsgebiet (S054) alle Individuen jeweils nur einem Cluster zugeordnet. Die Individuen aller anderen Populationen wurden hingegen mehreren Clustern zugeordnet. Zum Teil sind es nur einzelne Tiere je Population, die auf einen Genfluss zwischen den Clustern hindeuten. Dies trifft beispielsweise auf die Populationen S072, S006.02, S006.11 oder S031.2 zu. Demgegenüber stehen Bestände die einen sehr hohen Grad an Durchmischung aufweisen. Am deutlichsten wird dies in dem Cluster, dem Populationen aus dem Rhein-, dem Donau-, dem Elbe- und dem

Wesergebiet zugeordnet wurden (Abb. 10, vgl. Abb. 9).

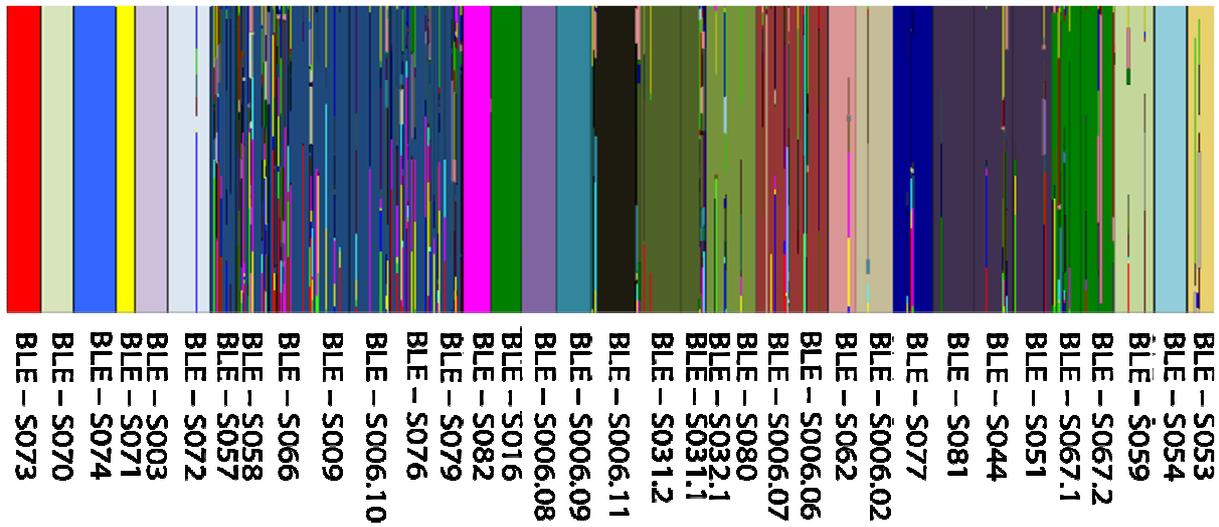


Abbildung 10: Admixture-Analyse von 1442 Individuen der 35 untersuchten Populationen berechnet mit BAPS v. 5.4. Jedes Individuum ist durch eine senkrechte Linie repräsentiert. Die Farben geben die prozentuale Zugehörigkeitswahrscheinlichkeit der Individuen zu verschiedenen Clustern an.

## 6 Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse

### 6.1 Bewertung der untersuchten Populationen

Die genetische Diversität ist in den Untersuchungsstrecken der Flussgebietseinheit Donau insgesamt besonders hoch. Dies zeigen sowohl die nuklearen, als auch die mitochondrialen Analyseergebnisse. Mit diesem Ergebnis war zu rechnen, es bestätigt den Befund von Bernatchez (2001).

Der hohen genetischen Diversität des Donaugebietes steht eine geringere Vielfalt in den nördlicheren, atlantischen Flussgebietseinheiten gegenüber. Auf Grundlage der nuklearen Daten ist die genetische Diversität in den Gebieten von Elbe und Weser am geringsten. Die mitochondrialen Daten zeigen die niedrigste Diversität für die Flussgebietseinheiten Weser und Rhein.

Insgesamt wurden im Donaueinzugsgebiet in nur sechs untersuchten Populationen 15 verschiedene Haplotypen identifiziert. Fünf dieser Haplotypen konnten der danubischen Linie zugeordnet werden und zehn der atlantischen Gruppe. Das Vorkommen dieser beiden evolutionären Linien im oberen Donaueinzugsgebiet wurde bereits von Bernatchez (2001), Lerceteau-Köhler et al. (2013) und Riffel et al. (1995) beschrieben. Da in der vorliegenden Studie im Donaueinzugsgebiet mit den Populationen im Kleinen Regen (S053), im Sagwasser (S054), im Rothmannbach (S067.1), im Weißbach (S067.2) und – mit deutlichen Einschränkungen – im Lüssbach (S059) Gewässerstrecken untersucht wurden, in denen eine anthropogene Beeinflussung der genetischen Konstitution der Bachforellenbestände als unwahrscheinlich gelten darf, bekräftigen die Ergebnisse dieser Untersuchung die Vermutung von Lerceteau-Köhler et al. (2013), dass die Bachforellen der atlantischen Linie im oberen Donaueinzugsgebiet natürlicherweise vorkommen. Populationen rein danubischen Ursprungs wurden in den untersuchten Strecken nicht festgestellt. In fünf der Donau-Populationen kommen Haplotypen beider Linien vor und in der Population, die am westlichsten gelegen ist (Lüssbach, S059), kommen nur atlantische Haplotypen vor. Diese Feststellung deckt sich mit dem Befund von Lerceteau-Köhler et al. (2013), dass der Anteil an atlantischen Haplotypen von West nach Ost, d.h. mit der generellen Fließrichtung der Donau zum Schwarzen Meer hin, abnimmt. Diese Population stammt im Gegensatz zu den anderen untersuchten Donaupopulationen aus einem Gebiet, das während der Würmeiszeit vergletschert war und erst postglazial wiederbesiedelt werden konnte.

Bei den anderen Populationen kann es sich hingegen um ältere Populationen handeln.

Die in der vorliegenden Studie ermittelte höhere genetische Diversität im Donaauraum und die durch die mitochondrialen Ergebnisse bestätigte Verwandtschaft zu Bachforellen im unteren Donau- und Schwarzmeergebiet lässt auf glaziale Refugialgebiete in Südosteuropa schließen, wie bereits unter anderem von Riffel et al. (1995), und Bernatchez (2001) vermutet wurde. Die im Vergleich zu den nördlicheren Flusseinzugsgebieten Deutschlands höhere genetische Diversität des Donaugebietes lässt sich auch dahingehend interpretieren, dass die Besiedlung des Donaauraums, bzw. die Expansion der danubischen Linie früher erfolgte als die Besiedlung der atlantischen Flusssysteme. Schließlich ist zu bedenken, dass die Existenz zweier unterschiedlicher Abstammungslinien in einem Gebiet zu einer Erhöhung der genetischen Vielfalt beitragen muss.

Mitochondriale Haplotypen der danubischen Linie wurden bisher soweit bekannt noch nicht außerhalb des Donaueinzugsgebietes festgestellt. Im Wesentlichen bestätigen die vorliegenden Untersuchungen die Beobachtung, dass alle Bachforellen der Untersuchungsgebiete außerhalb des Donaueinzugs der atlantischen Linie zuzuordnen sind. Von dieser allgemeinen Feststellung gibt es jedoch eine Ausnahme. In dem Elbezufluss Kirnitzsch (S032.1) kam ein einzelner danubischer Haplotyp (Da1a) vor. Die weiteren in dieser Population festgestellten Haplotypen, At1b (n=9) und At1c (n=1) gehören der atlantischen Linie an und wurden in allen fünf untersuchten Flussgebietseinheiten festgestellt. Der Haplotyp At1b ist der am häufigsten bestimmte Haplotyp.

In vorherigen Studien wurden an anderen Untersuchungsstrecken im Einzugsgebiet der Elbe nur atlantische Haplotypen der mitochondrialen DNA gefunden (Kohout et al. 2012; Lerceteau-Köhler et al. 2013). Kohout et al. (2012) vermuten, dass das Elbeeinzugsgebiet kaum von Besatzmaßnahmen betroffen war. Hinweise auf Besatzmaßnahmen, die das Vorkommen des danubischen Typs in der Kirnitzsch erklären könnten liegen nicht vor. Die genetische Distanz der Kirnitzsch zu den anderen Elbepopulationen basierend auf der nuklearen DNA ist nur minimal höher (Mittelwert: 0,0554) als zu den Donaupopulationen (Mittelwert: 0,0431). Zudem ist der Untersuchungsabschnitt im Nationalpark Sächsische Schweiz durch eine

Wehranlage von seinem Vorfluter, der Elbe, aus für Fische nicht erreichbar. Aufsteigende Lachs kommen unterhalb dieses Wehrs vor, während es oberhalb keine Nachweise gibt (pers. Mitt. F. Völker).

Lerceteau-Köhler et al. (2013) und Kohout et al. (2012) verwendeten in ihren Studien auch einen nach Hamilton et al. (1989) phylogeographisch diagnostischen Allozym-Marker. In beiden Studien findet sich das als für die Donau charakteristische geltende Allel zu geringen Anteilen in Gewässern des Elbeeinzugsgebietes. Riffel et al. (1995) stellen dies für Gewässer des Rheinsystems ebenfalls fest. Diese Befunde deuten also wie auch diese Studie darauf hin, dass ein Einfluss danubischer Typen auf Bachforellen im oberen Elbegebiet möglich ist. Die geographische Nähe von Bachoberläufen des Elbe- und des Donaueinzugsgebietes lässt einen natürlichen Zusammenhang möglich erscheinen. Die Frage nach der Herkunft eines danubischen mitochondrialen Haplotypen im oberen Elbeeinzugsgebiet kann anhand der gesamten Datenlage nicht abschließend geklärt werden. Eine zusätzliche Allozym-Analyse nach Hamilton et al. (1989) könnte weiteren Aufschluss über die Elbepopulation Kirnitzsch geben. Es wäre wichtig zu wissen ob das gleiche Allozym-Allel, das auch Lerceteau-Köhler et al. (2013) und Kohout et al. (2012) in dem Elbeeinzugsgebiet gefunden haben, auch in dieser Population vorkommt. Die Möglichkeit, dass donaustämmige Relikte natürlicherweise in diesem Gebiet vorkommen kann nicht ausgeschlossen werden. Dieser Umstand wäre für künftige Schutz- und Managementstrategien zu klären und gegebenenfalls zu berücksichtigen.

Eine eindeutige Unterteilung der atlantischen Linie (nach Bernatchez 2001) in Untergruppen wird auf Grund der Analyseergebnisse nicht deutlich erkennbar. Die meisten Haplotypen sind durch lediglich eine einzelne Mutation voneinander differenziert, wie im Median-Joining-Netzwerk (Abb. 5) ersichtlich ist. Eine Unterteilung der atlantischen Linie basierend auf den Sequenzdaten ist hier also nicht eindeutig möglich.

Für die atlantische Linie wurden mehrere glaziale Refugialgebiete postuliert (z. B. Bernatchez 2001; Cortey et al. 2009; McKeown et al. 2010; Weiss et al. 2001). Demnach und unter der Voraussetzung, dass eine Besiedlung der deutschen Gewässer aus zwei oder mehr dieser Gebiete erfolgte, hätte mit einer Untergruppierung innerhalb der atlantischen Linie gerechnet werden können. Sollten

die Bachforellenbestände im Untersuchungsgebiet auf unterschiedliche glaziale Rückzugsgebiete zurückgehen, wäre dies bei der Abgrenzung von ESUs zu berücksichtigen. Da eine solche Untergruppierung in den Daten dieser Studie nicht ersichtlich ist, kann die Anzahl und die Lage der Refugien noch nicht vollständig aufgeklärt werden und auch nicht bei den ESUs berücksichtigt werden. Insbesondere bleibt der Ursprung der postglazialen Besiedlung der atlantischen Flussgebietseinheiten Deutschlands undeutlich.

Schenekar et al. (2014) fanden, basierend auf der Analyse eines etwa 6.000 Basenpaaren langen Abschnittes der mitochondrialen DNA, eine relevante Untergruppierung innerhalb der atlantischen Linie in Österreich. Solche Untergruppen konnten mit der Untersuchung von „nur“ etwa 1.000 Basenpaaren langen Abschnitten, wie sie auch in der vorliegenden Studie durchgeführt wurde, auch in früheren Arbeiten nicht erkannt werden. Die geschätzte Zeit der Differenzierung der beiden Untergruppen wird mit 50.000 – 100.000 Jahren angegeben. Damit wäre eine solche Untergruppierung bei der Bestimmung von ESUs zu berücksichtigen. Eine geographische Verortung der natürlichen Herkunft einer der beiden beschriebenen Untergruppen war Schenekar et al. (2014) nicht möglich, da es sich um Tiere aus Zuchten handelt. Dieses Ergebnis kann jedoch für die Bestimmung von ESUs im Bundesgebiet durchaus relevant sein. Hier zeigt sich, dass der bisherige methodische Standard unter Umständen zur Abklärung der in Deutschland vorkommenden ESUs nicht ausreicht und eine längere DNA-Sequenz betrachtet werden sollte.

## **6.2 Empfehlung von Managementeinheiten**

Eine einfache Ausweisung der einzelnen Flussgebietseinheiten als jeweils eigene Managementeinheiten erscheint auf Grund der genetischen Ergebnisse weder zweckmäßig noch hinreichend. Einerseits gibt es Befunde, welche deutlich auf einen historischen oder rezenten genetischen Austausch über die Grenzen der Flussgebietseinheiten hinweg verweisen. So wurden beispielsweise die drei häufigsten Haplotypen (At1a, At1b, At1d) in allen fünf untersuchten Flussgebietseinheiten gefunden. Dies lässt darauf schließen, dass die postglaziale Wiederbesiedlung des Untersuchungsgebiets zumindest teilweise aus einem gemeinsamen glazialen Refugialgebiet erfolgte. Die Verbreitung bestimmter Haplotypen über die Grenzen der Flussgebietseinheiten im Rahmen fischereilicher

Bewirtschaftung kann aber ebenfalls zu diesem Muster beigetragen haben. Demgegenüber weisen alle Flussgebietseinheiten, unterschiedlich stark ausgeprägt, spezifische genetische Charakteristika auf. So kamen zum Beispiel in unserer Studie 18 (von insgesamt 28) Haplotypen ausschließlich in einem Einzugsgebiet vor (drei im Rhein, vier in der Elbe, drei in der Weser, einer in der Oder und sieben in der Donau). Die Anzahl solcher privater Haplotypen hängt sehr stark vom Stichprobenumfang ab. Es ist daher sowohl möglich, dass die privaten Haplotypen bei der Analyse weiterer Proben auch in anderen Einzugsgebieten, als auch, dass weitere private Haplotypen, gefunden würden.

Interessanterweise kommen im Einzugsgebiet der Donau sieben private Haplotypen vor, obwohl die Anzahl an Bachforellen, von denen eine Sequenzanalyse durchgeführt wurde, in der Donau mit 72 Individuen vergleichsweise niedrig ist. Aus der Flussgebietseinheit Elbe wurden demgegenüber 173 Bachforellen sequenziert, wobei vier private Haplotypen festgestellt wurden. Dies spricht neben der erhöhten Diversität im Donaueinzugsgebiet auch für eine größere Differenzierung innerhalb der donaustämmigen Forellen.

Die Donau bildet, wie auch Oder und Rhein in der Clusteranalyse basierend auf der nuklearen DNA ein eigenes Cluster. Elbe und Weser bilden ein gemeinsames Cluster, die Individuen sind sich also ähnlicher. Dieses Ergebnis wird auch durch die Berechnung der genetischen Distanz ( $F_{ST}$ -Werte) basierend auf der mitochondrialen und der nuklearen DNA unterstützt.

Dass die einzelnen Flussgebietseinheiten insgesamt jeweils nur in begrenztem Maße mit der genetischen Differenzierung zwischen den untersuchten Bachforellenbeständen übereinstimmen, wird auch durch die Analyse der molekularen Varianz deutlich. Der Großteil der gesamten genetischen Varianz aller untersuchten Tiere wird bei beiden Markersystemen durch die Variation innerhalb der Populationen erklärt und nur zu einem kleinen Teil durch Variation zwischen Flusseinzugsgebieten. Das heißt, dass in der Gesamtbetrachtung die einzelnen Populationen innerhalb einer Flussgebietseinheit genetisch stärker differenziert sind, als es die Populationen zwischen den Flussgebietseinheiten sind. Auch hier zeigt sich, dass die einfache Gleichsetzung der einzelnen Flussgebietseinheiten mit jeweils einer Managementeinheit nicht hinreichend wäre.

Die Ergebnisse der Admixture-Analyse deuten auf einen starken Genfluss insbesondere innerhalb des größten Clusters der in der Bayesischen Clusteranalyse ermittelten Clusters hin. Diesem Cluster wurden Populationen aus vier der fünf untersuchten Flussgebietseinheiten zugeordnet. Es ist zu vermuten, dass diese Durchmischung über die Grenzen der Flussgebietseinheiten hinweg großteils auf Managementaktivitäten zurück zu führen ist, auch wenn diese Frage nicht abschließend geklärt werden kann.

Insgesamt zeigt sich die geringste Differenzierung zwischen den Einzugsgebieten von Elbe und Weser. Sie werden in der bayesischen Clusteranalyse als eine Einheit ausgewiesen und auch die Faktorielle Korrespondenzanalyse zeigt keine deutliche Trennung. Diese beiden Flusseinzugsgebiete könnten demnach zu einer Managementeinheit zusammengefasst werden. Das Odergebiet ist von dieser Einheit insgesamt ebenfalls wenig differenziert. Hier liegen jedoch nur zwei Untersuchungsstandorte vor. Für einen dieser Standorte (S081) ist eine einzelne Besatzmaßnahme mit Bachforellen und der regelmäßige Besatz mit Meerforellen, jeweils aus dem Elbeinzugsgebiet, bekannt. Eine abschliessende Beurteilung der Flussgebietseinheit Oder als eigener Managementeinheit bleibt auf Grund der Datenlage fraglich. Die Anwendung eines Vorsorgeprinzips zum Schutz genetischer Diversität kann dies jedoch rechtfertigen. Auch das dominante Auftreten des privaten Haplotyps At1v in Population S077 spricht dafür. Das Rhein- und insbesondere das Donaeinzugsgebiet treten, trotz genetischer Gemeinsamkeiten mit weiteren Flussgebietseinheiten, als genetische differenzierte Einheiten in Erscheinung. Die Gesamtschau der genetischen Befunde rechtfertigt die Ausweisung dieser beiden Flussgebietseinheiten als jeweils eigene Managementeinheit.

Dem Konzept der „Genetischen Management-Einheiten“ (GME) von Baer et al. (2007) folgend fällt die Bachforelle demnach, wie auch dort bereits vorgeschlagen, in die Kategorie der „Evolutionären Großraumgruppe“. Die Flussgebietseinheiten Donau, Rhein und Oder stellen jeweils eine eigene GME dar. Die Flussgebietseinheiten Elbe und Weser sind als eine weitere GME zu behandeln. Für eine gute fischereiliche Planung von Besatzmaßnahmen mit Bachforellen sind somit folgende Handlungsempfehlungen abzuleiten:

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

2) Besatzmaterial kann aus angrenzenden Gewässerabschnitten entnommen werden.

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

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

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

Diese Handlungsempfehlungen, die sich im Wesentlichen an den Flussgebietseinheiten orientieren, stellen aber lediglich die minimalen Regeln dar, die bei Besatzmaßnahmen mit Bachforellen beachtet werden sollten. Auf regionaler Ebene werden zudem genetische Strukturen und geografische Zusammenhänge erkennbar, die im Hinblick auf das Populationsmanagement darüber hinaus beachtenswert sind. So fallen beispielsweise bei der Betrachtung der einzelnen Populationen drei Bestände aus dem Pfälzerwald (S070, S073, S074) auf. Sie stellten sich bei der Faktoriellen Korrespondenzanalyse sowohl basierend auf Populationen (Abb. 6) als auch basierend auf Individuen (Abb. 7) als eine Gruppe von Populationen heraus, die gemeinsam deutlich von allen anderen untersuchten Populationen abweicht. Bei der Clusteranalyse bilden sie hingegen jeweils ein eigenes Cluster (Abb. 9), was demgegenüber ebenso für eine Differenzierung innerhalb dieser Gruppe von Populationen spricht, wie die Ergebnisse der Admixture-Analyse (Abb. 10). Auch die minimalen und die maximalen paarweisen  $F_{ST}$ -Werte sind überdurchschnittlich hoch (Tab. A3). Eine vierte Population des Pfälzerwaldes (S072) gruppiert in der Korrespondenzanalyse weniger abseits. Die Populationen S070, S073 und S074 stammen aus Gebieten östlich der Hauptwasserscheide des Pfälzerwaldes, die Population S072 hingegen aus dem nach Westen entwässernden Schwarzbacheinzugsgebiet. Diese Übereinstimmungen zwischen geografischen und genetischen Strukturen sprechen dafür, dass im Gebiet des Pfälzerwaldes noch natürliche genetische Strukturen vorhanden sind. Die vier Populationen fallen durch eine gewisse Einschränkung der genetischen Variabilität auf. Beispielsweise sind die Werte des Allelreichtums eher geringer und private Allele fehlen. Da eine

Differenzierung gegenüber den anderen Untersuchungsgebieten vorliegt, deutet sich hier eine geeignete Managementeinheit auf naturräumlicher, regionaler Ebene an.

Ähnlich verhält es sich mit den Untersuchungsstrecken im Harz. Die Populationen S006.06 und S006.07 gehören zum selben Bachsystem sind aber u.a. durch eine Talsperre voneinander isoliert. Sie bilden trotz der geografischen Trennung ein gemeinsames genetisches Cluster, was auf das Vorhandensein unbeeinflusster genetischer Strukturen hindeutet. Dass die weiteren untersuchten Harz-Populationen jeweils ein eigenständiges Cluster bilden spricht für die regionale Differenzierung der Bestände. Besonders deutlich treten hier die beiden Populationen S006.08 und S006.09 hervor, die darüber hinaus in der Admixture-Analyse als eigene Cluster ohne Anzeichen für eine Durchmischung mit anderen Populationen erscheinen. Es wurden drei Bestände aus dem Harzer Wesereinzugsgebiet und drei aus dem Harzer Elbeeinzugsgebiet untersucht. Diese geografische Struktur findet keine Entsprechung in den ermittelten genetischen Clustern. Auch hier erscheint also die regionale genetische Ausprägung besonders relevant. Die regionale Ausprägung scheint mehr Bedeutung für die Bestimmung von Managementeinheiten zu haben als die Flussgebietseinheiten.

Bemerkenswert und die soeben angeführte These eher stützend ist hier zudem, dass eine untersuchte Population aus dem Harzvorland in ein geografisch extrem weit gestreutes Cluster mit weiteren sechs Populationen aus vier Flussgebietseinheiten fällt und nicht in eines der im Harz gefundenen Cluster. Diese Population unterliegt im Gegensatz zu den sechs Populationen aus Hochlagen des Harzes einer fischereilichen Bewirtschaftung.

Regionale genetische Cluster verschiedener Populationen konnten zudem im Erzgebirge (Population S031.1 und S031.2) und im Berchtesgadener Land (Population S067.1 und S067.2) bei geografisch nahe beieinander liegenden Populationen identifiziert werden.

Die drei Untersuchungsgebiete in Brandenburg bilden ebenfalls ein eigenes genetisches Cluster. Dieses erstreckt sich im Gegensatz zu den oben angeführten Beispielen über eine deutlich größere Fläche und umfasst verschiedene naturräumliche Einheiten. Die Beurteilung dieses Clusters wird dadurch erschwert, dass die drei Gebiete einem gemeinsamen fischereilichen Management unterliegen.

Nachzuchten von Bachforellen aus dem Fläming (repräsentiert durch Population S051) wurden, wenn auch nur in moderatem Ausmaß, in die Gebiete der Untersuchungsstrecken (S044 und S081) besetzt. Dies kann zu einer genetischen Angleichung geführt haben und das gemeinsame Cluster erklären. Ferner werden in den Populationen S044 und S051 erfolgreich Meerforellen aus derselben Herkunft angesiedelt. Der genetische Einfluss dieser Tiere auf die stationären Bachforellen ist unbekannt.

Auffällig ist auch die starke Differenzierung zweier Elbepopulationen zu den anderen untersuchten Populationen. Die eine Population stammt aus dem Uchtdorfer Mühlengraben (S082), einem kiesgeprägten Graben in der Tangerhütter Niederung, und die andere aus dem Wormsgraben (S006.11), einem naturnahen, grobmaterialreichen Mittelgebirgsgewässer. Die genetische Differenzierung dieser beiden Populationen wird sowohl bei der Berechnung des  $F_{ST}$ -Werte, als auch bei der Faktoriellen Korrespondenzanalyse ersichtlich. Beide Gewässer halten wahrscheinlich nur einen sehr kleinen Bestand an Bachforellen. Der Wormsgraben unterliegt derzeit einer fortschreitenden Wiederbesiedlung durch Bachforellen. Hier können also Gründereffekte, einhergehend mit verstärkter genetischer Drift, die deutliche Differenzierung auch zu geografisch nahe liegenden Populationen erklären. Auch für die Population des Uchtdorfer Mühlengrabens trägt wahrscheinlich die genetische Drift, die in kleinen Populationen besonders wirksam ist, zur genetischen Differenzierung bei. Sollte es sich jedoch tatsächlich um das Relikt der typischen Bachforellen der Elbe-Niederungen handeln, kann auch die genetische Konstitution der Population ein einzigartiges Relikt darstellen. Hiermit läge dann ein Beispiel dafür vor, dass unter besonderen Umständen auch lokale genetische Strukturen im Populationsmanagement zu berücksichtigen sind.

Diese Befunde zeigen, dass die Bachforelle in einigen Gebieten ihres Vorkommens genetische Charakteristika aufweist, die für eine Einordnung in die Kategorie der „Evolutionären Kleinraumgruppe“ nach Baer et al. (2007) sprechen. Zum einen, weil höchstwahrscheinlich natürlicherweise regionale genetische Ausprägungen existieren, deren genetische Integrität mit den oben vorgeschlagenen, großräumigen vier GME (Donau, Rhein, Oder, Elbe/Weser) nicht gewährleistet werden kann. Zum anderen, da trotz der nun vorliegenden guten Basis an Grunddaten Wissensdefizite auf regionaler Skala bestehen bleiben. Hier rechtfertigt ein Vorsorgeprinzip die

Behandlung regionaler Bachforellenvorkommen entsprechend den Empfehlungen für die „Evolutionäre Kleinraumgruppe“: Besatz mit Bachforellen sollte grundsätzlich nur mit fachwissenschaftlicher Unterstützung und Begleitung durchgeführt werden. Diese Empfehlung kann zumindest für die hier genannten Beispiele gegeben werden.

Dem Vorschlag von Bernatchez (2001) folgend, können für das Untersuchungsgebiet lediglich die atlantische und die danubische mitochondriale Linie als ESUs ausgewiesen werden. Das Konzept der ESUs fordert aber auch eine eindeutige geografische Differenziertheit der gefundenen Gruppen. Diese ist für den oberen Donaauraum, in dem beide Linien vorkommen, nicht gegeben. In diesem Fall würde eine Gleichsetzung der ESUs mit GME der naturhistorisch bedingten genetischen Situation der Bachforellen im heutigen oberen Donaeinzugsgebiet kaum angemessen Rechnung tragen. Natürlicherweise isolierte, rein danubische Bestände sollten als eigene GME behandelt werden, auch wenn diese GME keiner zusammenhängenden geografischen Einheit entspräche. Die weiteren Flussgebietseinheiten beherbergen fast ausschließlich die atlantische Linie und könnten nach Bernatchez (2001) als eine einzige ESU betrachtet werden. Insbesondere finden sich keine Anzeichen dafür, die Flussgebietseinheiten Elbe und Weser genetisch zu differenzieren. Dem stehen allerdings die oben vorgeschlagenen Abgrenzungen von GME, die beschriebenen regional ausgeprägten genetischen Charakteristika ebenso gegenüber, wie das bemerkenswerte, unklare Auftreten des danubischen Haplotyps im Elbegebiet. Zusammenhängende, großräumige geografische Einheiten, die konsistent mit bestimmten genetischen Gruppen übereinstimmen, lassen sich schwerlich abgrenzen. Diese Situation ist, zumindest für einige Gebiete, höchstwahrscheinlich auf naturhistorische Prozesse zurück zu führen. Die erkennbaren anthropogenen Einflüsse führen zu weiteren Unschärfen in der Anwendbarkeit von ESUs als angemessene GME im Untersuchungsgebiet.

Ebenso steht eine deutliche genetische Differenzierung einzelner Bestände sowie das Vorkommen regional ausgebildete genetische Cluster der widerspruchsfreien Verwendung von ESUs als einziger Grundlage von Einheiten des genetischen Managemnts entgegen. Da die meisten untersuchten Populationen neben der genetischen Differenzierung auch relativ viele private Allele und Haplotypen aufweisen, scheint fast jede dieser Populationen eine besondere Bedeutung für den Erhalt der Diversität der Bachforelle zu haben. Diese Strukturen machen den

Großteil der genetischen Vielfalt der Bachforellen in Deutschland aus und sollten daher bei der Bestimmung von Managementeinheit unbedingt berücksichtigt werden. Die Untersuchungsergebnisse deuten stark darauf hin, dass naturräumliche Einheiten (z.B. Mittelgebirge) Managementeinheiten darstellen, die der hohen genetischen Diversität der Bachforellen gerecht werde. Dieser Aspekt sollte bei einschlägigen, künftigen Forschungsvorhaben, ebenso wie bei der empfohlenen wissenschaftlichen Begleitung von Besatzmaßnahmen stärker berücksichtigt werden.

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

Die Ziele des Projektes hinsichtlich der Probenahme und genetischen Analyse wurden erreicht. Es sollten mindestens 30 Populationen der Bachforelle beprobt werden. Dabei sollten mindestens 30 Individuen pro Population vermessen werden und eine Gewebeprobe für eine DNA-Analyse genommen werden. Eine Mikrosatellitenanalyse sollte von mindestens 30 Proben durchgeführt werden und von 10 Individuen eine Sequenzanalyse. Es war geplant bei der Auswahl der zu beprobenden Populationen auf die geographische Verteilung zu achten, dabei sollten mindestens vier Flusseinzugsgebiete beprobt werden und das gesamte Gebiet Deutschland sollte abgedeckt sein. Zusätzlich war geplant, relevante Bestände aus der Liste förderfähiger Stämme und Wildpopulationen von Fischarten gemäß des GAK-Rahmenplans 2008 – 2011 des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) besonders zu beachten.

Bei der Auswahl planten wir auch die Lage der Untersuchungsgebiete in Bezug auf die Ökoregionen und relevanten Gewässertypen nach WRRL mit einzubeziehen. Ausschlaggebend für die tatsächlich durchgeführte Beprobung war letztendlich die Information über das historische und aktuelle Management konkreter Bestände. Der Fokus lag auf autochthonen und weitestgehend unbeeinflussten Populationen. Insgesamt wurden 35 Forellenpopulationen in den fünf großen Flussgebietseinheiten Deutschlands beprobt, wobei verschiedenste Gewässertypen berücksichtigt wurde. Die Probestellen sind über ganz Deutschland verteilt, nur in Südwestdeutschland besteht eine Lücke, da bis dato kein Zugang zu dort vorhandenen ggf. interessanten Populationen möglich war. Insgesamt wurden 13 Bestände beprobt, die Populationen bzw. Gewässersysteme der GAK-Liste abdecken. Bei 33 Populationen wurde die volle Anzahl an untersuchten Individuen erreicht, damit wurden mehr Populationen/ Proben untersucht als geplant. Bei zwei weiteren Populationen wurden zwar mehr als 30 Individuen vermessen und eine Mikrosatellitenanalyse durchgeführt, konnten nur neun Individuen im Bearbeitungszeitraum mit der erforderlich hohen Qualität erfolgreich sequenziert werden. Trotzdem wurden diese Populationen als zusätzliche Populationen mit in die Analysen und den Bericht aufgenommen.

Ziel war es weiterhin, ESUs als Basis für ein zukünftiges Management der Bachforelle zu definieren. Die Einteilung von ESUs innerhalb Deutschlands stellte sich schwerer heraus als angenommen. Durch beide Marker konnte keine klare Differenzierung der Populationen zwischen den Flusseinzugsgebieten ermittelt werden. Nur das Donaueinzugsgebiet sticht durch besonders viele private und differenzierte Haplotypen heraus, die teilweise einen anderen phylogenetischen Ursprung haben als die übrigen Bachforellenpopulationen Deutschlands. Dennoch konnten in einigen Populationen sowohl private Allele als auch private Haplotypen ermittelt werden. Andere Populationen, die oftmals aus isolierten und nicht durch Besatz beeinflussten Gewässern stammen, fallen durch ihre hohe Diversität und/oder die hohe genetische Differenzierung zu anderen Populationen auf. Diese Populationen sollten speziell geschützt werden, da sie für die Erhaltung der Diversität der Bachforelle eine besondere Bedeutung haben. Das Management der Bachforelle kann also nach den bisher vorliegenden Daten nicht auf der Basis weniger, große räumliche Einheiten umfassender ESU erfolgen. Dies ist vor dem Hintergrund des großen fischereilichen Interesse an dieser Art nachvollziehbar. Vielmehr hat die vorliegende Studie die Erkenntnis geliefert, dass es zahlreiche Einzelstandorte mit einer besonderen und als schützenswert einzustufenden Bachforellenpopulation gibt, von denen einige sicher auch die Grundlage für einen regionalen Erhalt und die Verbreitung spezifischer Haplotypen, z.B. durch Nachzucht darstellen können.

Die Ergebnisse dieser Studie sind für das Management der Bachforelle von großer Bedeutung, auch oder gerade weil sie gezeigt haben, dass eine Einteilung der ESU in Deutschland nicht so einfach möglich ist wie bei vielen anderen Arten. In einigen Regionen Deutschlands fehlen jedoch weiterhin die Informationen über die genetische Struktur der Bachforelle oder die durch diese Studie erhaltene Information ist nicht ausreichend. Auf Grund des festgestellten großen Beitrags einzelner Regionen zur hohen genetischen Diversität der Bachforellen erscheint die Anzahl von 30 Probestellen nicht geeignet um gleichermaßen das gesamte Untersuchungsgebiet abzudecken, wie alle potentiell wichtigen Regionen angemessen zu berücksichtigen. Auch sollte die komplexe genetische Struktur der Bachforellen im Harz und im Pfälzerwald weiter untersucht werden. Die in dieser Studie neu gewonnene Erkenntnis, dass ein Haplotyp, der der danubischen Linie zuzuordnen ist, im Elbeeinzugsgebiet (Population Kirnitzsch) vorkommt, sollte weiter untersucht werden. Um dieses Ergebnis mit vorherigen Studien vergleichen zu

können, könnten die gleichen Proben zusätzlich mit Allozym-Markern untersucht werden (Details im Abschnitt 6 des Abschlussberichts).

Die Studie von Schenekar et al. (2014) hat gezeigt, dass durch die Analyse eines etwa 6.000 Basenpaare langen Abschnittes der mitochondrialen DNA eine relevante Untergruppierung innerhalb der atlantischen Linie in Österreich identifiziert werden konnte. Solche Untergruppierungen sind relevant für die Definition von ESUs. Die aktuell durchgeführte Studie hat gezeigt, dass eine solche Gruppierung in Deutschland durch die Analyse des hier verwendeten kürzeren DNA-Abschnitts bisher nicht möglich war. Zu prüfen wäre, ob durch die Analyse des von Schenekar et al. (2014) verwendeten längeren DNA-Abschnitts, der auch die gesamte Kontrollregion (Vergleichbarkeit mit den Daten dieser Studie bliebe erhalten) enthält, solche Untergruppierungen auch in Deutschland ermöglicht werden können. Wenn dies der Fall ist, sollten in zukünftigen Studien weitere DNA-Abschnitte analysiert werden. Derartige Arbeiten könnten an dem bereits vorliegenden Probenmaterial erfolgen, so dass dieses ggf. nur durch einzelne weitere Proben ergänzt werden müsste.

## 8 Zusammenfassung

### 8.1 Zusammenfassung

Gegenstand der Untersuchung ist die populationsgenetische Charakterisierung wilder Bachforellenbestände (*Salmo trutta*) aus verschiedenen Flussgebietseinheiten Deutschlands und die Identifikation geeigneter, evolutionär eigenständiger Einheiten (ESU) der Bachforelle für praxisnahe Maßnahmen des Bestandsmanagements. Probenahmen wurden in 35 weitestgehend unbeeinflussten autochthonen Beständen der Bachforelle durchgeführt. Neben Elbe (n = 13) und Weser (n = 6) wurden die Flussgebietseinheiten Rhein (n = 8), Donau (n = 6) und Oder (n = 2) untersucht. Von 1442 Gewebeprobe wurden jeweils zwölf Mikrosatelliten-Loci und zusätzlich von 10 Individuen pro Population die Kontrollregion der mitochondrialen DNA untersucht. Morphometrische Parameter, genetische Werte und Indizes wurden ermittelt und für eine Eintragung in die AGRDEU-Datenbank aufbereitet. Die Haplotypen- und Nukleotitdiversität ist in den Flusseinzugsgebieten Donau (0,775 bzw. 0,005) und Oder (0,818 bzw. 0,002) am höchsten und in den Flusseinzugsgebieten Weser (0,594 bzw. 0,001) und Elbe (0,674 bzw. 0,001) am niedrigsten. Insgesamt 17 der 28 Haplotypen dieser Studie sind der atlantischen Linie zuzuordnen und fünf der danubischen Linie. Im Donaueinzugsgebiet kommen Bachforellen beider Linien vor und in allen anderen Einzugsgebieten nur Bachforellen der atlantischen Linie, mit der Ausnahme einer Elbe-Population. Durch beide Marker konnte keine klare Differenzierung der Populationen zwischen den Flusseinzugsgebieten ermittelt werden. Vermutlich kam es zu einer Vermischung der Bachforellen zwischen den Flussgebieten. Nur das Donaueinzugsgebiet sticht durch besonders viele private und differenzierte Haplotypen heraus, die teilweise einen anderen phylogenetischen Ursprung haben als die übrigen Bachforellenpopulationen Deutschlands. Dennoch konnten in einigen Populationen sowohl private Allele als auch private Haplotypen ermittelt werden. Andere Populationen, die oftmals aus isolierten und nicht durch Besatz beeinflussten Gewässern stammen, fallen durch ihre hohe Diversität und/oder die hohe genetische Differenzierung zu anderen Populationen auf. Diese Populationen sollten speziell geschützt werden, da sie für die Erhaltung der Diversität der Bachforelle eine besondere Bedeutung haben. Die Daten aus dieser Studie bilden eine wichtige Grundlage für den Schutz der genetischen Ressourcen der Bachforelle und deren Management.

## 8.2 Abstract

Aim of this study is the genetic characterization of wild brown trout (*Salmo trutta*) populations from different river catchment areas in Europe and the identification of suitable evolutionary significant units (ESUs) of the species as a basis for practical measures for stock management. Sampling was conducted in 35 largely uninfluenced autochthonous brown trout populations from the river catchments of the Elbe (n = 13), Weser (n = 6), Rhine (n = 8), Danube (n = 6) and Odra (n = 2). From 1442 tissue samples a microsatellite analysis on 12 loci was conducted as well as a sequence analysis of the mitochondrial control region of 10 individuals per population. Morphometric parameters, genetic values and indices were determined and have been prepared for the registration in the AGRDEU-database. The haplotype- and nucleotide diversity is highest in the river catchment of the Danube (0.775 and 0.005) and Odra (0,818 and 0,002) and lowest in the Weser (0,594 and 0,001) and Elbe (0,674 and 0,001). In total, 17 of the 28 haplotypes detected in this study can be assigned to the Atlantic lineage and five to the Danubian lineage. In the Danube catchment area brown trout with haplotypes of both lineages were found while in all other catchment areas only haplotypes of the Atlantic lineage was detected, with the exception of an Elbe-population. A clear genetic differentiation between the river catchments could not be detected with the two marker systems applied. It is likely that there was a mixing of brown trout between river catchments. Only the Danube catchment area stands out due to the exceptional high number of private and differentiated haplotypes, that partly have another phylogenetic origin than the remaining German brown trout populations studied. Nevertheless, in several populations private alleles as well as private haplotypes could be identified. Other populations appear to be of special interest due to their high diversity and/or high genetic differentiation from other populations. They often represent stocks from isolated und anthropogenically unimpacted (i.e. no stocking) surface waters. These populations should receive special protection because they are of significant importance for the conservation of genetic diversity of the species brown trout. The data of this study form an important basis for the protection of the genetic resources of the brown trout and for their management.

## 9 AGRDEU Datenstruktur

In den folgenden Tabellen wird die AGRDEU Datenbankstruktur dargestellt. In Tabelle 40 sind die morphometrischen und genetischen Daten am Beispiel einer zufällig ausgewählten Population aufgelistet. In Tabelle 41 sind die Durchschnittswerte und der Varianzkoeffizient aller Populationen der betreffenden Art dargestellt.

**Tabelle 40: Datenstruktur pro untersuchter Population am Beispiel der Population „Warme Bode“ aus dem Flusseinzugsgebiet der Elbe.**

<b>Merkmal</b>	<b>Bemerkung</b>
Datensatznummer	S006.08
Fischart, Deutscher Name	Bachforelle
Wissenschaftliche Artbezeichnung, Lateinischer Name	<i>Salmo trutta</i>
Erhebungsdatum, Jahr	17.09.13
Population, Name des Herkunftsgewässers	Warme Bode
Haupteinzugsgebiet	Elbe
Bundesland	NS
Landkreis	Goslar
Gemeinde	Braunlage
Geographische Lage, Breiten- und Längengrad	51°45' N, 10°35' E
Bewirtschaftung	keine Fischerei
Findet Besatz mit der zu untersuchenden Art statt?	keine Hinweise
Anzahl vermessener Individuen	43
Durchschnittliche Gesamtlänge in mm	177
Durchschnittliche Masse in g	55
Durchschnittlicher Korpulenzfaktor	0,9
Anzahl Individuen von denen mitochondriale DNA analysiert wurde	14
Haplotyp-Diversität	0
Nukleotid-Diversität	0
GenBank Akzessionsnummern	HQ848361 (N = 5), HQ848361-T (N = 4) AF274574 (N = 1), AF273087 (N = 1)
Anzahl Individuen von denen Mikrosatelliten (MS) analysiert wurde	42
max Allelzahl pro MS	17
mittlere Allelzahl	7,727
Allelreichtum	3,104
Private Allele	0,250
$H_E$	0,685
$H_O$	0,637
$F_{IS}$	0,070
$F_{ST}$ min	0,0248
$F_{ST}$ max	0,2136

**Tabelle 41: Datenstruktur für Durchschnittswerte aller untersuchten Populationen der betreffenden Art *Salmo trutta fario*. Für die Allele der untersuchten Mikrosatellitenloci siehe Tabelle A4 im Anhang.**

<b>Merkmal</b>	<b>Mittelwert</b>	<b>Varianzkoeffizient CV (%)</b>
Untersuchte Bestände mit morphometrischen Daten: Totallänge	35	
Untersuchte Bestände mit morphometrischen Daten: Lebendgewicht	30	
Untersuchte Bestände mit genetischer Analytik	35	
Masse (g)	69,48	123,0
Gesamtlänge (mm)	172,54	42,5
Korpulenzfaktor	0,99	19,9
Haplotyp-Diversität	0,484	54,3
Nukleotid-Diversität	0,002	136,4
max. beobachtete Allelzahl	21,543	32,4
mittlere Allelzahl	9,240	22,6
Allelreichtum	3,211	9,9
Private Allele	0,173	85,4
He	0,701	9,3
Ho	0,668	9,6
F <sub>IS</sub>	0,047	108,9
F <sub>ST</sub> min	0,0158	268,4
F <sub>ST</sub> max	0,1912	26,3
mittlere F <sub>ST</sub>	0,0881	66,5

## 10 Zitierte Literatur

- Albrecht, H. (1983). Besiedlungsgeschichte und ursprünglich holozane verbreitung der europäischen Flusskrebse. *Spixiana*, (61), 61–77.
- Aljanabi, S. M., & Martinez, I. (1997). Universal and rapid salt-extraction of high quality genomic DNA for PCR-based techniques. *Nucleic acids research*, 25(22), 4692–4693. doi:10.1093/nar/25.22.4692
- Apostolidis, A. P., Madeira, M., Hansen, M. M., & Machordom, A. (2008). Genetic structure and demographic history of brown trout (*Salmo trutta*) populations from the southern Balkans. *Freshwater Biology*, 53, 1555–1566. doi:10.1111/j.1365-2427.2008.01988.x
- Baer, J., George, V., Hanfland, S., Lemcke, R., Meyer, L., & Zahn, S. (2007). *Gute fachliche Praxis fischereilicher Besatzmaßnahmen* (Schriftenr.). Verband deutscher Fischereiverwaltungsbeamter und Fischereiwissenschaftler.
- Baric, S., Riedl, A., Meraner, A., Medgyesy, N., Lackner, R., Pelster, B., & Dalla Via, J. (2010). Alpine headwater streams as reservoirs of remnant populations of the Danubian clade of brown trout. *Freshwater Biology*, 55(4), 866–880. doi:10.1111/j.1365-2427.2009.02318.x
- Belkhir, K., Borsa, P., Chikhi, L., Raufaste, N., & Bonhomme, F. (1996). GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. *Laboratoire génome, populations, interactions, CNRS UMR, 5000*, 1996–2004.
- Bernatchez, L. (2001). The evolutionary history of brown trout (*Salmo trutta* L.) inferred from phylogeographic, nested clade, and mismatch analyses of mitochondrial DNA variation. *Evolution; international journal of organic evolution*, 55(2), 351–379. doi:10.2307/2640757
- Bernatchez, L., Guyomard, R., & Bonhomme, F. (1992). DNA sequence variation of the mitochondrial control region among geographically and morphologically remote European brown trout *Salmo trutta* populations. *Molecular ecology*, 1(3), 161–173.
- Bernatchez, L., & Osinov, A. (1995). Genetic diversity of trout (genus *Salmo*) from its most eastern native range based on mitochondrial DNA and nuclear gene variation. *Molecular ecology*, 4(3), 285–297. doi:10.1111/j.1365-294X.1995.tb00222.x
- BfG. (2011). Rwsseg. Bundesanstalt fürGewässerkunde. <http://www.wasserblick.net/servlet/is/145666/?highlight=rwsseg>
- Bonin, A., Bellemain, E., Eidesen, P. B., Pompanon, F., Brochmann, C., & Taberlet, P. (2004). How to track and assess genotyping errors in population genetics studies. *Molecular Ecology*. doi:10.1111/j.1365-294X.2004.02346.x
- Brunken, H. & Winkler, M. (2015). Fischfauna-online 2.0. Digitaler Fischartenatlas von Deutschland und Österreich. Gesellschaft für Ichthyologie e.V. und

Hochschule Bremen. doi:10.13140/2.1.1540.5129

Bundesamt für Naturschutz (BfN). (2011). Schutzwürdige Landschaften. Bundesamt für Naturschutz (BfN). [https://www.bfn.de/0311\\_schutzw\\_landsch.html](https://www.bfn.de/0311_schutzw_landsch.html)

Bundesamt für Naturschutz (BfN). (2012). Schutzgebiete in Deutschland. Bundesamt für Naturschutz (BfN). <http://www.geodienste.bfn.de/schutzgebiete>

Bundesministerium der Justiz und für Verbraucherschutz. (2014). Tierschutzgesetz (TierSchG). Bundesministerium der Justiz und für Verbraucherschutz. <http://www.gesetze-im-internet.de/tierschg/>

Cairney, M., Taggart, J. B., & Høyheim, B. (2000). Characterization of microsatellite and minisatellite loci in Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) and cross-species amplification in other salmonids. *Molecular Ecology*, 9(12), 2175–2178. doi:10.1046/j.1365-294X.2000.105312.x

Corander, J., Sirén, J., & Arjas, E. (2007). Bayesian spatial modeling of genetic population structure. *Computational Statistics*, 23, 111–129. doi:10.1007/s00180-007-0072-x

Cortey, M., & García-Marín, J. L. (2002). Evidence for phylogeographically informative sequence variation in the mitochondrial control region of Atlantic brown trout. *Journal of Fish Biology*, 60(4), 1058–1063. doi:10.1111/j.1095-8649.2002.tb02429.x

Cortey, M., Pla, C., & García-Marín, J. L. (2004). Historical biogeography of Mediterranean trout. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 33(3), 831–844. doi:10.1016/j.ympev.2004.08.012

Cortey, M., Vera, M., Pla, C., & García-Marín, J. L. (2009). Northern and Southern expansions of Atlantic brown trout (*Salmo trutta*) populations during the Pleistocene. *Biological Journal of the Linnean Society*, 97(4), 904–917. doi:10.1111/j.1095-8312.2009.01220.x

Curran, K., Crumlish, J., & Fisher, G. (2012). OpenStreetMap. *International Journal of Interactive Communication Systems and Technologies*, 2(1), 69–78. doi:10.4018/ijicst.2012010105

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(3), 582–585. doi:10.1111/j.1471-8286.2005.00997.x

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(2), 427–435. doi:10.1046/j.1095-8649.2003.00038.x

Eugster, M. J. A., & Schlesinger, T. (2012). osmar : OpenStreetMap and R. *The R*

*Journal*, 5(1), 53–64.

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

Ferguson, A. (1989). Genetic differences among brown trout, *Salmo trutta*, stocks and their importance for the conservation and management of the species. *Freshwater Biology*, 21(1), 35–46. doi:10.1111/j.1365-2427.1989.tb01346.x

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

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

Grunwald, C. (1995). *Die genetische Variabilität der Bachforelle (Salmo trutta f. fario) aus besetzten und unbesetzten Gewässersystemen*. Johann Wolfgang Goethe-Universität Frankfurt.

Grunwald, C. (1996). *Die genetische Variabilität der Bachforelle (Salmo trutta) aus besetzten und unbesetzten Gewässersystemen*. Fachbereich Biologie der Johann Wolfgang Goethe-Universität Frankfurt.

Guégan, J.-F., Lek, S., & Oberdorff, T. (1998). Energy availability and habitat heterogeneity predict global riverine fish diversity. *Nature*, 391, 382–384.  
doi:10.1038/34899

Hamilton, K. E., Ferguson, A., & Taggart, J. B. (1989). Post-glacial colonization of brown trout, *Salmo trutta* L.: Ldh-5 as a phylogeographic marker locus. *Journal of Fish Biology*, 35, 651–664. doi:10.1111/j.1095-8649.1989.tb03017.x

Hermida, M., San Miguel, E., Bouza, C., Castro, J., & Martínez, P. (2009). Morphological variation in a secondary contact between divergent lineages of brown trout (*Salmo trutta*) from the Iberian Peninsula. *Genetics and Molecular Biology*, 32(1), 42–50. doi:10.1590/S1415-47572009005000014

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

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

Kammerad, B. (2014). *Fischarten und Fischgewässer in Sachsen-Anhalt - Teil 2 Die*

*Fischgewässer*. Ministerium für Landwirtschaft und Umwelt des Landes Sachsen-Anhalt.

- 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(1), 130–132. doi:10.1111/j.1471-8286.2005.00860.x
- Kohlmann, K., & Wüstemann, O. (2012). Tracing the genetic origin of brown trout (*Salmo trutta*) re-colonizing the Ecker reservoir in the Harz National Park, Germany. *Environmental Biotechnology*, 8(2), 39–44.
- Kohout, J., Jašková, I., Papoušek, I., Šedivá, A., & Šlechta, V. (2012). Effects of stocking on the genetic structure of brown trout, *Salmo trutta*, in Central Europe inferred from mitochondrial and nuclear DNA markers. *Fisheries Management and Ecology*, 19(3), 252–263. doi:10.1111/j.1365-2400.2011.00828.x
- Kottelat, M., & Freyhof, J. (2007). *Handbook of European freshwater fishes*. *Copeia* (Vol. 2008). doi:10.1643/OT-08-098a.1
- Lehner, B., Verdin, K., & Jarvis, A. (2008). New global hydrography derived from spaceborne elevation data. *Eos*, 89(10), 93–94. doi:10.1029/2008EO100001
- Lerceteau-Köhler, E., Schlieven, U., Kopun, T., & Weiss, S. (2013). Genetic variation in brown trout *Salmo trutta* across the Danube, Rhine, and Elbe headwaters: a failure of the phylogeographic paradigm? *BMC evolutionary biology*, 13, 176. doi:10.1186/1471-2148-13-176
- Lewis, P. O., & Zaykin, D. (2001). Genetic Data Analysis: Computer Program for the Analysis of Allelic Data. Version 1.0 (d16c).  
[www.lewis.eeb.uconn.edu/lewishome/software.html](http://www.lewis.eeb.uconn.edu/lewishome/software.html)
- Librado, P., & Rozas, J. (2009). DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25(11), 1451–1452. doi:10.1093/bioinformatics/btp187
- MacHordom, A., Suárez, J., Almodóvar, A., & Bautista, J. M. (2000). Mitochondrial haplotype variation and phylogeography of Iberian brown trout populations. *Molecular ecology*, 9(9), 1324–1338. doi:10.1046/j.1365-294x.2000.01015.x
- Makhrov, A. A., Skaala, O., & Altukhov, Y. P. (2002). Alleles of Saat-1,2\* Isoloci in Brown Trout: Potential Diagnostic Marker for Tracking Routes of Post-Glacial Colonization in Northern Europe. *Journal of Fish Biology*, 61(3), 842–847. doi:10.1006/jfbi.2002.2089
- McKeown, N. J., Hynes, R. A., Duguid, R. A., Ferguson, A., & Prodöhl, P. A. (2010). Phylogeographic structure of brown trout *Salmo trutta* in Britain and Ireland: Glacial refugia, postglacial colonization and origins of sympatric populations. *Journal of Fish Biology*, 76(2), 319–347. doi:10.1111/j.1095-8649.2009.02490.x

- Moritz, C. (1994). Defining Evolutionarily-Significant-Units for Conservation. *Trends in Ecology & Evolution*, 9(10), 373–375. doi:10.1016/0169-5347(94)90057-4
- O'Reilly, P. T., Hamilton, L. C., McConnell, S. K., & Wright, J. M. (1996). Rapid analysis of genetic variation in Atlantic salmon (*Salmo salar*) by PCR multiplexing of dinucleotide and tetranucleotide microsatellites. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 53, 2292–2298. doi:10.1139/cjfas-53-10-2292
- Palti, Y., Fincham, M. R., & Rexroad, C. E. (2002). Characterization of 38 polymorphic microsatellite markers for rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Molecular Ecology Notes*, 2(4), 449–452. doi:10.1046/j.1471-8286.2002.00274.x
- Presa, P., & Guyomard, R. (1996). Conservation of microsatellites in three species of salmonids. *Journal of Fish Biology*, 49, 1326–1329. doi:10.1111/j.1095-8649.1996.tb01800.x
- Riffel, M., Storch, V., & Schreiber, A. (1995). Allozyme variability of brown trout (*Salmo trutta* L.) populations across the Rhenanian–Danubian watershed in southwest Germany. *Heredity*. doi:10.1038/hdy.1995.37
- Schaumburg, J. (1995). Der Fischbestand im Gebiet der oberen Lahn (Hessen) und seine Bewirtschaftung als indikator für den ökologischen Zustand eine Fließgewässers im Mittelgebirgsraum. *Lauterbornia*, 20, 1–22.
- Schenekar, T., Lerceteau-Köhler, E., & Weiss, S. (2014). Fine-scale phylogeographic contact zone in Austrian brown trout *Salmo trutta* reveals multiple waves of post-glacial colonization and a pre-dominance of natural versus anthropogenic admixture. *Conservation Genetics*, 15(3), 561–572. doi:10.1007/s10592-013-0561-0
- Schiemer, F. (1988). Gefährdete Cypriniden - Indikatoren für die ökologische Intaktheit von Flußsystemen. *Natur und Landschaft*, 63, 370–373.
- Schliewen, U., Engelbrecht, C., Rassmann, K., Miller, M., Klein, L., & Tautz, D. (2001). *Veränderungen der genetischen Vielfalt: Molekulare und populations-ökologische Charakterisierung autochthoner und durch Besatz beeinflusster Salmoniden-Populationen (Bachforelle, Alpen-Seesaibling) in Bayern*. (U. Doyle, Ed.) (Vol. 2001). <http://www.umweltbundesamt.de/sites/default/files/medien/publikation/long/2014.pdf>
- Schmidt, T., Metzner, K., Gergs, R., & Schulz, R. (2011). *Untersuchungen zur genetischen Diversität von verschiedenen Bachforellenpopulationen im Pfälzerwald. 1. Zwischenbericht an die Struktur- und Genehmigungsdirektion Süd*. Landau.
- Schmidt, T., Metzner, K., Gergs, R., & Schulz, R. (2012). *Untersuchungen zur genetischen Diversität von verschiedenen Bachforellenpopulationen im Pfälzerwald. 2. Zwischenbericht an die Struktur- und Genehmigungsdirektion Süd*.

- Schmidt, T., Schrimpf, A., & Schulz, R. (2013a). Aktuelle Forschung zur Genetik von Edelkrebs, Bachforelle, Quappe und Barbe. *Fischer und Teichwirt*, 64(6), 214.
- Schmidt, T., Schrimpf, A., & Schulz, R. (2013b). Eine neue deutschlandweite Untersuchung zur Genetik des Edelkrebses. *forum flusskrebse*, 19, 24–33.
- Schmidt, T., Schrimpf, A., & Schulz, R. (2013c). Zur Genetik von Edelkrebs, Bachforelle, Quappe und Barbe in Deutschland. *Fischerei und Fischmarkt in Mecklenburg-Vorpommern*, 2013(2), 44–45.
- Schmidt, T., Schrimpf, A., & Schulz, R. (2013d). Edelkrebs, Bachforelle, Quappe und Barbe im Focus der Wissenschaft. *Allgemeine Fischerei Zeitung - Fischwaid*, 3, 15–17.
- Schmidt, T., Schrimpf, A., & Schulz, R. (2013e). Edelkrebs, Bachforelle, Quappe und Barbe deutschlandweit. *Fischerei und Gewässer in Rheinland-Pfalz*, 2, 20–22.
- Schrimpf, A., Schulz, H. K., Theissing, K., Pârvulescu, L., & Schulz, R. (2011). The first large-scale genetic analysis of the vulnerable noble crayfish *Astacus astacus* reveals low haplotype diversity in central European populations. *Knowledge and Management of Aquatic Ecosystems*, (401), 35.  
doi:10.1051/kmae/2011065
- Slettan, A., Olsaker, I., & Lie, Ø. (1995). Atlantic salmon, *Salmo salar*, microsatellites at the SSOSL25, SSOSL85, SSOSL311, SSOSL417 loci. *Animal Genetics*, 26(4), 281–282. doi:10.1111/j.1365-2052.1995.tb03262.x
- Souty-Grosset, C., & Reynolds, J. D. (2009). Current ideas on methodological approaches in European crayfish conservation and restocking procedures. In *Knowledge and Management of Aquatic Ecosystems* (Vol. 01, pp. 394–395).
- Suárez, J., Bautista, J. M., Almodóvar, A., & Machordom, A. (2001). Evolution of the mitochondrial control region in Palaeartic brown trout (*Salmo trutta*) populations: The biogeographical role of the Iberian Peninsula. *Heredity*, 87(2), 198–206. doi:10.1046/j.1365-2540.2001.00905.x
- Sušnik, S., Snoj, A., Wilson, I. F., Mrdak, D., & Weiss, S. (2007). Historical demography of brown trout (*Salmo trutta*) in the Adriatic drainage including the putative *S. letnica* endemic to Lake Ohrid. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 44(1), 63–76. doi:10.1016/j.ympev.2006.08.021
- Troschel, H. (1990). *Bestrebungen zum Erhalt der autochthonen Bachforellenbestände im Schwarzwald - Ergebnisse von Recherchen und Befischungen 1990*.
- Vera, M., Cortey, M., Sanz, N., & García-Marín, J.-L. (2010). Maintenance of an endemic lineage of brown trout (*Salmo trutta*) within the Duero river basin. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 48(2), 181–187. doi:10.1111/j.1439-0469.2009.00547.x

- Weiss, S., Schlötterer, C., Waidbacher, H., & Jungwirth, M. (2001). Haplotype (mtDNA) diversity of brown trout *Salmo trutta* in tributaries of the Austrian Danube: Massive introgression of Atlantic basin fish - By man or nature? *Molecular Ecology*, 10(5), 1241–1246. doi:10.1046/j.1365-294X.2001.01261.x
- Whitehead, A., Anderson, S. L., Kuivila, K. M., Roach, J. L., & May, B. (2003). Genetic variation among interconnected populations of *Catostomus occidentalis*: Implications for distinguishing impacts of contaminants from biogeographical structuring. *Molecular Ecology*, 12(10), 2817–2833. doi:10.1046/j.1365-294X.2003.01933.x
- Wüstemann, O. (2009). Die Rückkehr der Bachforelle in den Hochharz. *Nationalpark*, (1), 46–47.
- Wüstemann, O. (2013a). Die Rückkehr der Bachforelle (*Salmo trutta*) in die Hochlagen des Nationalparks Harz (Deutschland). *Österreichs Fischerei*, 66, 98–106.
- Wüstemann, O. (2013b). Fische im Nationalpark Harz - Arten, Verbreitung und Bestandsentwicklung. In *Zur Situation der Gewässer im Nationalpark Harz* (Vol. 10, pp. 23–39). Nationalparkverwaltung Harz.

## Anhang

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

Datensatznummer	N mtDNA	Haplotyp-Diversität	Nukleotid-Diversität	N MS	max Allelzahl pro MS	Ø Allelzahl	Allelreichtum	Private Allele	He	Ho	$F_{IS}$	$F_{ST}$ min	$F_{ST}$ max
S003	19	0,281	0,001	39	12	7,000	3,086	0,000	0,688	0,635	0,078	0,0410	0,2131
S006.02	10	0,467	0,001	45	27	9,364	3,138	0,080	0,690	0,649	0,060	0,0234	0,2110
S006.06	18	0,111	0,000	50	31	11,545	3,171	0,000	0,667	0,631	0,055	0,0287	0,2018
S006.07	11	0,582	0,001	39	24	9,909	3,285	0,080	0,705	0,643	0,090	0,0165	0,1927
S006.08	14	0,000	0,000	42	17	7,727	3,104	0,250	0,685	0,637	0,070	0,0248	0,2136
S006.09	11	0,327	0,000	44	33	9,818	3,195	0,250	0,682	0,613	0,102	0,0186	0,2019
S006.10	13	0,795	0,002	49	26	10,727	3,354	0,080	0,733	0,660	0,101	0,0011	0,1660
S006.11	15	0,000	0,000	50	19	7,727	2,566	0,250	0,572	0,523	0,086	0,0823	0,2941
S009	20	0,763	0,001	50	26	11,091	3,437	0,250	0,751	0,666	0,114	-0,0094	0,1528
S016	20	0,100	0,000	35	15	8,000	3,166	0,080	0,698	0,708	-0,015	0,0279	0,2391
S031.1	8	0,356	0,000	29	25	9,545	3,530	0,170	0,773	0,753	0,027	-0,0916	0,1609
S031.2	11	0,389	0,000	49	22	9,909	3,303	0,420	0,734	0,717	0,024	0,0115	0,1507
S032.1	11	0,345	0,002	30	25	10,273	3,561	0,330	0,784	0,761	0,030	-0,0141	0,1594
S044	11	0,673	0,001	45	34	11,364	3,508	0,330	0,765	0,658	0,145	-0,0320	0,1300
S051	19	0,766	0,001	47	27	10,818	3,447	0,080	0,755	0,709	0,063	-0,0009	0,1325
S053	12	0,530	0,004	34	18	9,727	3,600	0,420	0,778	0,740	0,051	-0,0325	0,1555
S054	16	0,817	0,006	39	18	8,000	2,977	0,170	0,655	0,653	0,003	0,0161	0,2429
S057	11	0,709	0,001	35	17	9,182	3,288	0,000	0,711	0,671	0,057	-0,0075	0,1582
S058	10	0,778	0,001	46	27	11,091	3,321	0,170	0,702	0,617	0,123	0,0127	0,1649
S059	11	0,745	0,001	48	29	12,182	3,538	0,420	0,771	0,730	0,054	-0,0324	0,1299
S062	11	0,564	0,001	32	12	7,545	3,190	0,080	0,722	0,759	-0,052	0,0280	0,2296
S066	10	0,667	0,002	39	23	10,545	3,348	0,250	0,720	0,656	0,089	0,0195	0,1548
S067.1	11	0,491	0,003	35	20	11,000	3,703	0,170	0,793	0,729	0,083	-0,0166	0,1480
S067.2	11	0,764	0,006	40	20	11,818	3,553	0,580	0,770	0,691	0,103	0,0143	0,1454
S070	15	0,000	0,000	39	11	4,727	2,550	0,000	0,602	0,626	-0,041	0,1089	0,2733
S071	10	0,000	0,000	23	12	6,182	2,760	0,170	0,581	0,541	0,070	0,0643	0,2622
S072	10	0,644	0,001	50	19	7,636	2,906	0,170	0,633	0,603	0,040	0,0409	0,1928

Datensatz- nummer	N mtDNA	Haplotyp- Diversität	Nukleotid- Diversität	N MS	max Allelzahl pro MS	Ø Allelzahl	Allelreich- tum	Private Allele	He	Ho	F <sub>IS</sub>	F <sub>ST</sub> min	F <sub>ST</sub> max
S073	10	0.200	0.000	41	14	5.818	2.634	0.000	0.569	0.566	0.004	0.0966	0.2941
S074	10	0.711	0.001	50	12	5.818	2.691	0.000	0.594	0.611	-0.028	0.1107	0.2718
S076	12	0.530	0.001	47	26	11.273	3.404	0.080	0.744	0.790	-0.062	0.0000	0.1619
S077	9	0.556	0.002	48	25	8.909	2.905	0.080	0.638	0.645	-0.011	0.0489	0.2326
S079	17	0.522	0.010	38	31	12.636	3.458	0.080	0.750	0.724	0.035	-0.0179	0.1645
S080	10	0.511	0.001	32	18	7.583	3.370	0.250	0.697	0.648	0.073	-0.0252	0.1296
S081	13	0.808	0.001	48	31	11.009	3.520	0.330	0.776	0.769	0.002	-0.0252	0.1243
S082	11	0.436	0.000	34	8	5.909	2.826	0.000	0.651	0.638	0.020	0.0203	0.2357

**Tabelle A2: Auflistung der ausführlichen Haplotypennamen und der im Text verwendeten Codes. Die ausführlichen Haplotypennamen setzen sich aus vier Teilen zusammen: der erste Teil nach der Nomenklatur nach Bernatchez et al. (1992) basierend auf 310 Basenpaaren, der zweite nach Weiss et al. (2001) basierend auf 464 Basenpaaren, der dritte nach Cortey and Garcia-Marin (2002) basierend auf 1012 Basenpaaren und der vierte Namensteil wurde einzeln in vorherigen oder in dieser Studie vergeben.**

Haplotyp	Code
AT-s1 At1  At1A	At1A
AT-s1 At1 H1 At1a	At1a
AT-s1 At1 H2 At1b	At1b
AT-s1 At1 H4 At1c	At1c
AT-s1 At1 H3 At1d	At1d
AT-s1 At1  At1g	At1g
AT-s1 At1  At1k	At1k
AT-s1 At1  At1m	At1m
AT-s1   At1n	At1n
AT-s1 At1  At1o	At1o
AT-s1   At1p	At1p
AT-s1 At1 A10 At1r	At1r
AT-s1 At1 A15 At1s	At1s
AT-s1 At1  At1t	At1t
AT-s1 At1  At1u	At1u
AT-s1 At1  At1v	At1v
AT-s1 At1  At1w	At1w
AT-s1 At1  At1x	At1x
AT-s1 At1  At1y	At1y
AT-s1   At1z	At1z
At4a	At4a
At5a	At5a
At6a	At6a
DA-s1 Da1  Da1a	Da1a
DA-s1 Da1  Da1c	Da1c
DA-s1 Da1  Da1e	Da1e
DA-s1 Da1  Da1f	Da1f
DA-s2 Da2  Da2a	Da2a

Tabelle A3: Auflistung der paarweisen F<sub>ST</sub>-Werte. Hoch signifikante Werte sind fett dargestellt. Die minimalen F<sub>ST</sub>-Werte sind rot markiert und die maximalen blau.

	S073	S070	S074	S071	S003	S072	S066	S058	S016	S009	S006.10	S057	S080	S006.02	S006.07	S006.08	S006.09
S073		<b>0.17434</b>	<b>0.19127</b>	<b>0.16653</b>	<b>0.1876</b>	<b>0.18669</b>	<b>0.11863</b>	<b>0.10624</b>	<b>0.21473</b>	<b>0.12284</b>	<b>0.16597</b>	<b>0.09657</b>	<b>0.11713</b>	<b>0.17191</b>	<b>0.15836</b>	<b>0.16276</b>	<b>0.18122</b>
S070	<b>0.17434</b>		<b>0.17316</b>	<b>0.23559</b>	<b>0.18527</b>	<b>0.18025</b>	<b>0.15479</b>	<b>0.14365</b>	<b>0.21478</b>	<b>0.15277</b>	<b>0.15161</b>	<b>0.12857</b>	<b>0.1296</b>	<b>0.17598</b>	<b>0.17761</b>	<b>0.19196</b>	<b>0.17745</b>
S074	<b>0.19127</b>	<b>0.17316</b>		<b>0.26221</b>	<b>0.2131</b>	<b>0.1676</b>	<b>0.15005</b>	<b>0.16492</b>	<b>0.23907</b>	<b>0.15191</b>	<b>0.13495</b>	<b>0.13357</b>	<b>0.11071</b>	<b>0.21101</b>	<b>0.19266</b>	<b>0.21356</b>	<b>0.20185</b>
S071	<b>0.16653</b>	<b>0.23559</b>	<b>0.26221</b>		<b>0.17975</b>	<b>0.14271</b>	<b>0.06428</b>	<b>0.069</b>	<b>0.21223</b>	<b>0.10838</b>	<b>0.12338</b>	<b>0.11559</b>	<b>0.1185</b>	<b>0.09878</b>	<b>0.09151</b>	<b>0.12102</b>	<b>0.1149</b>
S003	<b>0.1876</b>	<b>0.18527</b>	<b>0.2131</b>	<b>0.17975</b>		<b>0.13803</b>	<b>0.10374</b>	<b>0.07752</b>	<b>0.13788</b>	<b>0.07268</b>	<b>0.0731</b>	<b>0.09528</b>	<b>0.041</b>	<b>0.10965</b>	<b>0.09006</b>	<b>0.09526</b>	<b>0.07115</b>
S072	<b>0.18669</b>	<b>0.18025</b>	<b>0.1676</b>	<b>0.14271</b>	<b>0.13803</b>		<b>0.0592</b>	<b>0.07379</b>	<b>0.16296</b>	<b>0.06966</b>	<b>0.07447</b>	<b>0.06522</b>	<b>0.07248</b>	<b>0.09069</b>	<b>0.0682</b>	<b>0.12311</b>	<b>0.04094</b>
S066	<b>0.11863</b>	<b>0.15479</b>	<b>0.15005</b>	<b>0.06428</b>	<b>0.10374</b>	<b>0.0592</b>		<b>0.01946</b>	<b>0.13284</b>	<b>0.02827</b>	<b>0.03506</b>	<b>0.03097</b>	<b>0.03694</b>	<b>0.05953</b>	<b>0.04017</b>	<b>0.05546</b>	<b>0.03977</b>
S058	<b>0.10624</b>	<b>0.14365</b>	<b>0.16492</b>	<b>0.069</b>	<b>0.07752</b>	<b>0.07379</b>	<b>0.01946</b>		<b>0.14124</b>	<b>0.02145</b>	<b>0.03871</b>	<b>0.02</b>	<b>0.03758</b>	<b>0.04153</b>	<b>0.03094</b>	<b>0.02881</b>	<b>0.04101</b>
S016	<b>0.21473</b>	<b>0.21478</b>	<b>0.23907</b>	<b>0.21223</b>	<b>0.13788</b>	<b>0.16296</b>	<b>0.13284</b>	<b>0.14124</b>		<b>0.07565</b>	<b>0.11658</b>	<b>0.13687</b>	<b>0.08817</b>	<b>0.11313</b>	<b>0.13953</b>	<b>0.16043</b>	<b>0.09909</b>
S009	<b>0.12284</b>	<b>0.15277</b>	<b>0.15191</b>	<b>0.10838</b>	<b>0.07268</b>	<b>0.06966</b>	<b>0.02827</b>	<b>0.02145</b>	<b>0.07565</b>		<b>0.022</b>	<b>0.02987</b>	<b>-0.00944</b>	<b>0.05415</b>	<b>0.04502</b>	<b>0.05566</b>	<b>0.01857</b>
S006.10	<b>0.16597</b>	<b>0.15161</b>	<b>0.13495</b>	<b>0.12338</b>	<b>0.0731</b>	<b>0.07447</b>	<b>0.03506</b>	<b>0.03871</b>	<b>0.11658</b>	<b>0.022</b>		<b>0.03251</b>	<b>0.01131</b>	<b>0.06221</b>	<b>0.04707</b>	<b>0.06321</b>	<b>0.02398</b>
S057	<b>0.09657</b>	<b>0.12857</b>	<b>0.13357</b>	<b>0.11559</b>	<b>0.09528</b>	<b>0.06522</b>	<b>0.03097</b>	<b>0.02</b>	<b>0.13687</b>	<b>0.02987</b>	<b>0.03251</b>		<b>0.0009</b>	<b>0.06292</b>	<b>0.03353</b>	<b>0.06397</b>	<b>0.03452</b>
S080	<b>0.11713</b>	<b>0.1296</b>	<b>0.11071</b>	<b>0.1185</b>	<b>0.041</b>	<b>0.07248</b>	<b>0.03694</b>	<b>0.03758</b>	<b>0.08817</b>	<b>-0.00944</b>	<b>0.01131</b>	<b>0.0009</b>		<b>0.02749</b>	<b>0.01654</b>	<b>0.05216</b>	<b>0.05227</b>
S006.02	<b>0.17191</b>	<b>0.17598</b>	<b>0.21101</b>	<b>0.09878</b>	<b>0.10965</b>	<b>0.09069</b>	<b>0.05953</b>	<b>0.04153</b>	<b>0.11313</b>	<b>0.05415</b>	<b>0.06221</b>	<b>0.06292</b>	<b>0.02749</b>		<b>0.03671</b>	<b>0.07361</b>	<b>0.02342</b>
S006.07	<b>0.15836</b>	<b>0.17761</b>	<b>0.19266</b>	<b>0.09151</b>	<b>0.09006</b>	<b>0.0682</b>	<b>0.04017</b>	<b>0.03094</b>	<b>0.13953</b>	<b>0.04502</b>	<b>0.04707</b>	<b>0.03353</b>	<b>0.01654</b>	<b>0.03671</b>		<b>0.06968</b>	<b>0.03114</b>
S006.08	<b>0.16276</b>	<b>0.19196</b>	<b>0.21356</b>	<b>0.12102</b>	<b>0.09526</b>	<b>0.12311</b>	<b>0.05546</b>	<b>0.02881</b>	<b>0.16043</b>	<b>0.05566</b>	<b>0.06321</b>	<b>0.06397</b>	<b>0.05216</b>	<b>0.03671</b>	<b>0.07361</b>		<b>0.09081</b>
S006.09	<b>0.18122</b>	<b>0.17745</b>	<b>0.20185</b>	<b>0.1149</b>	<b>0.07115</b>	<b>0.04094</b>	<b>0.03977</b>	<b>0.04101</b>	<b>0.09909</b>	<b>0.01857</b>	<b>0.02398</b>	<b>0.03452</b>	<b>0.05227</b>	<b>0.02342</b>	<b>0.03114</b>	<b>0.09081</b>	
S006.11	<b>0.29412</b>	<b>0.27332</b>	<b>0.27183</b>	<b>0.18422</b>	<b>0.18649</b>	<b>0.146</b>	<b>0.13635</b>	<b>0.14063</b>	<b>0.21373</b>	<b>0.14218</b>	<b>0.12681</b>	<b>0.15824</b>	<b>0.11672</b>	<b>0.11108</b>	<b>0.11066</b>	<b>0.16537</b>	<b>0.08232</b>
S006.06	<b>0.14735</b>	<b>0.17409</b>	<b>0.21776</b>	<b>0.07389</b>	<b>0.10515</b>	<b>0.11738</b>	<b>0.04229</b>	<b>0.0287</b>	<b>0.14086</b>	<b>0.06916</b>	<b>0.06219</b>	<b>0.06042</b>	<b>0.04958</b>	<b>0.05501</b>	<b>0.04241</b>	<b>0.06415</b>	<b>0.05731</b>
S076	<b>0.13483</b>	<b>0.15354</b>	<b>0.16192</b>	<b>0.10047</b>	<b>0.09447</b>	<b>0.06129</b>	<b>0.03663</b>	<b>0.02809</b>	<b>0.09265</b>	<b>0.03228</b>	<b>0.03787</b>	<b>0.04119</b>	<b>-0.00004</b>	<b>0.04309</b>	<b>0.04181</b>	<b>0.05671</b>	<b>0.02725</b>
S031.2	<b>0.11064</b>	<b>0.15008</b>	<b>0.13696</b>	<b>0.12952</b>	<b>0.11069</b>	<b>0.10379</b>	<b>0.05816</b>	<b>0.05268</b>	<b>0.11299</b>	<b>0.05011</b>	<b>0.06737</b>	<b>0.04486</b>	<b>0.02043</b>	<b>0.07623</b>	<b>0.06736</b>	<b>0.07642</b>	<b>0.07119</b>
S031.1	<b>0.12428</b>	<b>0.14647</b>	<b>0.16091</b>	<b>0.11252</b>	<b>0.09524</b>	<b>0.08497</b>	<b>0.0416</b>	<b>0.04164</b>	<b>0.08301</b>	<b>0.03501</b>	<b>0.0383</b>	<b>0.03263</b>	<b>-0.00916</b>	<b>0.05444</b>	<b>0.04052</b>	<b>0.06661</b>	<b>0.03505</b>
S077	<b>0.13534</b>	<b>0.20994</b>	<b>0.23257</b>	<b>0.16332</b>	<b>0.13106</b>	<b>0.17298</b>	<b>0.10601</b>	<b>0.09694</b>	<b>0.13947</b>	<b>0.10269</b>	<b>0.11964</b>	<b>0.09395</b>	<b>0.06</b>	<b>0.13261</b>	<b>0.11013</b>	<b>0.12951</b>	<b>0.14004</b>
S079	<b>0.10961</b>	<b>0.14735</b>	<b>0.1645</b>	<b>0.11257</b>	<b>0.08799</b>	<b>0.09571</b>	<b>0.04247</b>	<b>0.02719</b>	<b>0.07068</b>	<b>0.03203</b>	<b>0.03758</b>	<b>0.02761</b>	<b>-0.01457</b>	<b>0.05687</b>	<b>0.051</b>	<b>0.06354</b>	<b>0.04241</b>
S059	<b>0.14441</b>	<b>0.15742</b>	<b>0.15443</b>	<b>0.10831</b>	<b>0.09774</b>	<b>0.09485</b>	<b>0.03925</b>	<b>0.02813</b>	<b>0.10913</b>	<b>0.03193</b>	<b>0.03694</b>	<b>0.03816</b>	<b>-0.00205</b>	<b>0.0471</b>	<b>0.03881</b>	<b>0.05905</b>	<b>0.04672</b>
S044	<b>0.09886</b>	<b>0.11816</b>	<b>0.12987</b>	<b>0.0943</b>	<b>0.04633</b>	<b>0.09478</b>	<b>0.02041</b>	<b>0.01742</b>	<b>0.05838</b>	<b>0.00689</b>	<b>0.00109</b>	<b>-0.0075</b>	<b>-0.01845</b>	<b>0.04065</b>	<b>0.02058</b>	<b>0.03383</b>	<b>0.05823</b>
S081	<b>0.12433</b>	<b>0.12238</b>	<b>0.11445</b>	<b>0.10179</b>	<b>0.05907</b>	<b>0.09074</b>	<b>0.02635</b>	<b>0.026</b>	<b>0.02789</b>	<b>0.00855</b>	<b>0.00122</b>	<b>0.0161</b>	<b>-0.02524</b>	<b>0.03766</b>	<b>0.02994</b>	<b>0.04371</b>	<b>0.0525</b>
S051	<b>0.10965</b>	<b>0.10885</b>	<b>0.1325</b>	<b>0.086</b>	<b>0.06858</b>	<b>0.08551</b>	<b>0.02176</b>	<b>0.01272</b>	<b>0.08318</b>	<b>0.01662</b>	<b>0.01478</b>	<b>-0.00089</b>	<b>0.01337</b>	<b>0.03395</b>	<b>0.018</b>	<b>0.02482</b>	<b>0.04806</b>
S067.1	<b>0.13504</b>	<b>0.14797</b>	<b>0.12221</b>	<b>0.09782</b>	<b>0.08207</b>	<b>0.08912</b>	<b>0.0331</b>	<b>0.04379</b>	<b>0.1252</b>	<b>0.03002</b>	<b>0.03176</b>	<b>0.046</b>	<b>0.0344</b>	<b>0.05226</b>	<b>0.04264</b>	<b>0.07086</b>	<b>0.05129</b>
S067.2	<b>0.17537</b>	<b>0.16471</b>	<b>0.16322</b>	<b>0.12788</b>	<b>0.10784</b>	<b>0.13307</b>	<b>0.07216</b>	<b>0.06584</b>	<b>0.13894</b>	<b>0.08046</b>	<b>0.07653</b>	<b>0.08273</b>	<b>0.02356</b>	<b>0.08897</b>	<b>0.07517</b>	<b>0.09679</b>	<b>0.09147</b>
S062	<b>0.19359</b>	<b>0.19898</b>	<b>0.22956</b>	<b>0.17234</b>	<b>0.12578</b>	<b>0.19275</b>	<b>0.11364</b>	<b>0.09486</b>	<b>0.1434</b>	<b>0.10592</b>	<b>0.1175</b>	<b>0.11712</b>	<b>0.04266</b>	<b>0.11167</b>	<b>0.11167</b>	<b>0.10316</b>	<b>0.12268</b>
S032.1	<b>0.13355</b>	<b>0.15941</b>	<b>0.14982</b>	<b>0.13959</b>	<b>0.07888</b>	<b>0.12027</b>	<b>0.06343</b>	<b>0.05739</b>	<b>0.09874</b>	<b>0.04248</b>	<b>0.05779</b>	<b>0.05506</b>	<b>0.00499</b>	<b>0.06626</b>	<b>0.06853</b>	<b>0.07848</b>	<b>0.06941</b>
S054	<b>0.15826</b>	<b>0.21434</b>	<b>0.2429</b>	<b>0.13729</b>	<b>0.11623</b>	<b>0.16684</b>	<b>0.09823</b>	<b>0.08484</b>	<b>0.20579</b>	<b>0.10603</b>	<b>0.11542</b>	<b>0.09563</b>	<b>0.09022</b>	<b>0.10682</b>	<b>0.0784</b>	<b>0.09535</b>	<b>0.12656</b>
S053	<b>0.12885</b>	<b>0.15551</b>	<b>0.14922</b>	<b>0.11366</b>	<b>0.08159</b>	<b>0.10056</b>	<b>0.04477</b>	<b>0.0408</b>	<b>0.12102</b>	<b>0.03767</b>	<b>0.05414</b>	<b>0.04217</b>	<b>0.01761</b>	<b>0.05687</b>	<b>0.03656</b>	<b>0.056</b>	<b>0.05621</b>
S082	<b>0.20997</b>	<b>0.22898</b>	<b>0.20968</b>	<b>0.21463</b>	<b>0.15174</b>	<b>0.17958</b>	<b>0.13183</b>	<b>0.12576</b>	<b>0.14268</b>	<b>0.09555</b>	<b>0.10403</b>	<b>0.12989</b>	<b>0.07504</b>	<b>0.15215</b>	<b>0.13652</b>	<b>0.14443</b>	<b>0.14271</b>

Tabelle A3.2: Fortsetzung von Tabelle A3.1.

	S006.11	S006.06	S076	S031.2	S031.1	S077	S079	S059	S044	S081	S051	S067.1	S067.2	S062	S032.1	S054	S053
S073	0.29412	0.14735	0.13483	0.11064	0.12428	0.13534	0.10961	0.14441	0.09886	0.12433	0.10965	0.13504	0.17537	0.19359	0.13355	0.15826	0.12885
S070	0.27332	0.17409	0.15354	0.15008	0.14647	0.20994	0.14735	0.15742	0.11816	0.12238	0.10885	0.14797	0.16471	0.19898	0.15941	0.21434	0.15551
S074	0.27183	0.21776	0.16192	0.13696	0.16091	0.23257	0.1645	0.15443	0.12987	0.11445	0.1325	0.12221	0.16322	0.22956	0.14982	0.2429	0.14922
S071	0.18422	0.07389	0.10047	0.12952	0.11252	0.16332	0.11257	0.10831	0.0943	0.10179	0.086	0.09782	0.12788	0.17234	0.13959	0.13729	0.11366
S003	0.18649	0.10515	0.09447	0.11069	0.09524	0.13106	0.08799	0.09774	0.04633	0.05907	0.06858	0.08207	0.10784	0.12578	0.07888	0.11623	0.08159
S072	0.146	0.11738	0.06129	0.10379	0.08497	0.17298	0.09571	0.09485	0.09478	0.09074	0.08551	0.08912	0.13307	0.19275	0.12027	0.16684	0.10056
S066	0.13635	0.04229	0.03663	0.05816	0.0416	0.10601	0.04247	0.03925	0.02041	0.02635	0.02176	0.0331	0.07216	0.11364	0.06343	0.09823	0.04477
S058	0.14063	0.0287	0.02809	0.05268	0.04164	0.09694	0.02719	0.02813	0.01742	0.026	0.01272	0.04379	0.06584	0.09486	0.05739	0.08484	0.0408
S016	0.21373	0.14086	0.09265	0.11299	0.08301	0.13947	0.07068	0.10913	0.05838	0.02789	0.08318	0.1252	0.13894	0.1434	0.09874	0.20579	0.12102
S009	0.14218	0.06916	0.03228	0.05011	0.03501	0.10269	0.03203	0.03193	0.00689	0.00855	0.01662	0.03002	0.08046	0.10592	0.04248	0.10603	0.03767
S006.10	0.12681	0.06219	0.03787	0.06737	0.0383	0.11964	0.03758	0.03694	0.00109	0.00122	0.01478	0.03176	0.07653	0.1175	0.05779	0.11542	0.05414
S057	0.15824	0.06042	0.04119	0.04486	0.03263	0.09395	0.02761	0.03816	-0.0075	0.0161	-0.00089	0.046	0.08273	0.11712	0.05506	0.09563	0.04217
S080	0.11672	0.04958	-0.00004	0.02043	-0.00916	0.06	-0.01457	-0.00205	-0.01845	-0.02524	0.01337	0.0344	0.02356	0.04266	0.00499	0.09022	0.01761
S006.02	0.11108	0.05501	0.04309	0.07623	0.05444	0.13261	0.05687	0.0471	0.04065	0.03766	0.03395	0.05226	0.08897	0.11167	0.06626	0.10682	0.05687
S006.07	0.11066	0.04241	0.04181	0.06736	0.04052	0.11013	0.051	0.03881	0.02058	0.02994	0.018	0.04264	0.07517	0.11167	0.06853	0.0784	0.03656
S006.08	0.16537	0.06415	0.05671	0.07642	0.06661	0.12951	0.06354	0.05905	0.03383	0.04371	0.02482	0.07086	0.09679	0.10316	0.07848	0.09535	0.056
S006.09	0.08232	0.05731	0.02725	0.07119	0.03505	0.14004	0.04241	0.04672	0.05823	0.0525	0.04806	0.05129	0.09147	0.12268	0.06941	0.12656	0.05621
S006.11		0.11311	0.12067	0.15068	0.13337	0.2194	0.1462	0.12946	0.12557	0.10947	0.1174	0.12988	0.15004	0.20885	0.15259	0.20237	0.14194
S006.06	0.11311		0.05553	0.07078	0.05523	0.07976	0.0447	0.06006	0.03727	0.05288	0.03342	0.04664	0.08925	0.11984	0.07589	0.06254	0.04877
S076	0.12067	0.05553		0.05131	0.02727	0.09665	0.02285	0.03514	0.00297	0.0073	0.01177	0.03222	0.08675	0.11806	0.04781	0.08446	0.03759
S031.2	0.15068	0.07078	0.05131		0.02575	0.09153	0.03404	0.05959	0.0115	0.01612	0.03013	0.0499	0.07803	0.10307	0.04376	0.10972	0.04462
S031.1	0.13337	0.05523	0.02727	0.02575		0.09095	0.02239	0.03353	0.00842	0.02221	0.02139	0.01899	0.06885	0.08856	0.03297	0.0742	0.02647
S077	0.2194	0.07976	0.09665	0.09153	0.09095		0.04891	0.11243	0.04925	0.07554	0.07879	0.09999	0.13867	0.14648	0.08726	0.10093	0.08318
S079	0.1462	0.0447	0.02285	0.03404	0.02239	0.04891		0.03846	-0.0179	-0.00072	0.00552	0.02474	0.07886	0.09907	0.02173	0.05763	0.02144
S059	0.12946	0.06006	0.03514	0.05959	0.03353	0.11243	0.03846		-0.00541	-0.00177	0.01053	0.02538	0.05336	0.08875	0.04246	0.08103	0.02232
S044	0.12557	0.03727	0.00297	0.0115	0.00842	0.04925	-0.0179	-0.00541		0.02214	0.01791	-0.01655	0.01432	0.028	-0.01413	0.01611	-0.0324
S081	0.10947	0.05288	0.0073	0.01612	0.02221	0.07554	-0.00072	-0.00177	0.02214		0.02322	-0.01625	0.01465	0.04029	-0.01375	0.05092	-0.02179
S051	0.1174	0.03342	0.01177	0.03013	0.02139	0.07879	0.00552	0.01053	0.01791	0.02322		0.00964	0.03654	0.05197	0.02257	0.05618	0.00379
S067.1	0.12988	0.04664	0.03222	0.0499	0.01899	0.09999	0.02474	0.02538	-0.01655	-0.01625	0.00964		0.02805	0.08601	0.02686	0.10328	0.04577
S067.2	0.15004	0.08925	0.08675	0.07803	0.06885	0.13867	0.07886	0.05336	0.01432	0.01465	0.03654	0.02805	0.06377	0.06377	0.03745	0.10423	0.03779
S062	0.20885	0.11984	0.11806	0.10307	0.08856	0.14648	0.09907	0.08875	0.028	0.04029	0.05197	0.08601	0.06377		0.06706	0.12947	0.0727
S032.1	0.15259	0.07589	0.04781	0.04376	0.03297	0.08726	0.02173	0.04246	-0.01413	-0.01375	0.02257	0.02686	0.03745	0.06706		0.08729	0.02149
S054	0.20237	0.06254	0.08446	0.10972	0.0742	0.10093	0.05763	0.08103	0.01611	0.05092	0.05618	0.10328	0.10423	0.12947	0.08729		0.05641
S053	0.14194	0.04877	0.03759	0.04462	0.02647	0.08318	0.02144	0.02232	-0.0324	-0.02179	0.00379	0.04577	0.03779	0.0727	0.02149	0.05641	
S082	0.23569	0.1395	0.11007	0.11616	0.10033	0.15492	0.08052	0.09986	0.05203	0.05303	0.0853	0.10369	0.13047	0.14711	0.09824	0.1634	0.11253

**Tabelle A4: Allelfrequenzen an den 12 untersuchten Mikrosatellitenloci**

MS-Locus	Allel	Allelfrequenz (%)
MST-15	211	0,000
	213	0,017
	215	0,001
	217	0,003
	221	0,163
	223	0,224
	225	0,225
	227	0,308
	229	0,018
	231	0,039
	OMM 1323	153
Sco 216	123	0,021
	125	0,000
	127	0,023
	129	0,000
	131	0,071
	133	0,011
	135	0,104
	137	0,006
	139	0,060
	141	0,001
	143	0,071
	145	0,002
	147	0,056
	149	0,016
	151	0,099
	153	0,061
	155	0,086
	157	0,022
	159	0,086
	161	0,034
	163	0,054
	165	0,008
	167	0,025
	169	0,009
	171	0,019
	173	0,007
	175	0,007
	177	0,004
	179	0,014
	181	0,006
183	0,006	
185	0,000	
187	0,002	
189	0,001	
191	0,001	
193	0,000	
199	0,000	
203	0,000	

MS-Locus	Allel	Allelfrequenz (%)	
	227	0,000	
	233	0,000	
	235	0,000	
	245	0,000	
	247	0,000	
	251	0,000	
	275	0,000	
	Ssa,85	93	0,000
		97	0,001
		99	0,001
		103	0,008
105		0,049	
107		0,001	
109		0,016	
111		0,107	
113		0,527	
115		0,286	
117		0,004	
125	0,000		
SsaA,86	164	0,001	
	166	0,002	
	168	0,007	
	170	0,015	
	172	0,042	
	174	0,494	
	176	0,116	
	178	0,173	
	180	0,042	
	182	0,023	
	184	0,028	
	186	0,041	
	188	0,005	
	190	0,004	
192	0,006		
194	0,001		
SSOSL,85	166	0,003	
	168	0,008	
	170	0,001	
	172	0,001	
	174	0,014	
	176	0,031	
	178	0,317	
	180	0,476	
	182	0,081	
	184	0,005	
186	0,031		
188	0,001		
190	0,008		
192	0,004		
194	0,000		

MS-Locus	Allel	Allelfrequenz (%)	MS-Locus	Allel	Allelfrequenz (%)
	196	0,002		204	0,005
	198	0,003			
	200	0,001	Sco,204	78	0,000
	202	0,002		94	0,022
	204	0,002		98	0,227
	206	0,001		100	0,000
	208	0,001		102	0,051
	212	0,002		106	0,004
	220	0,000		114	0,001
	222	0,001		118	0,020
	224	0,001		122	0,004
	226	0,000		126	0,003
MST-60	89	0,008		130	0,000
	91	0,026		134	0,016
	93	0,358		138	0,011
	95	0,011		142	0,025
	97	0,590		146	0,030
	99	0,001		150	0,046
	101	0,001		152	0,000
	103	0,005		154	0,062
	107	0,000		156	0,001
MST-73	129	0,000		158	0,069
	133	0,003		162	0,100
	135	0,001		164	0,008
	137	0,119		166	0,096
	139	0,045		168	0,009
	141	0,226		170	0,075
	143	0,394		172	0,012
	145	0,203		174	0,024
	147	0,005		176	0,007
	149	0,003		178	0,022
	151	0,000		180	0,008
	155	0,001		182	0,010
	159	0,000		184	0,004
OMM,1310	156	0,000		186	0,014
	170	0,001		188	0,003
	172	0,000		190	0,002
	174	0,000		192	0,004
	176	0,000		194	0,001
	180	0,001		202	0,004
	182	0,037		206	0,000
	184	0,053		210	0,001
	186	0,031	Ssa,410UOS	158	0,001
	188	0,053		160	0,000
	190	0,407		162	0,002
	192	0,210		166	0,001
	194	0,028		168	0,000
	196	0,001		170	0,000
	198	0,005		174	0,002
	200	0,146		176	0,000
	202	0,022		178	0,005
				180	0,004

MS-Locus	Allel	Allelfrequenz (%)	MS-Locus	Allel	Allelfrequenz (%)
	182	0,003		284	0,001
	184	0,000		286	0,001
	186	0,002		288	0,001
	188	0,001		290	0,001
	190	0,005		294	0,001
	192	0,002		298	0,000
	194	0,022		306	0,000
	196	0,019		308	0,000
	198	0,009	Ssa,417UOS	253	0,000
	200	0,010		261	0,000
	202	0,014		301	0,001
	204	0,004		303	0,001
	206	0,018		305	0,001
	208	0,016		309	0,001
	210	0,021		311	0,000
	212	0,019		313	0,006
	214	0,038		317	0,007
	216	0,017		319	0,000
	218	0,039		321	0,001
	220	0,021		325	0,004
	222	0,053		329	0,003
	224	0,024		331	0,000
	226	0,044		333	0,004
	228	0,036		335	0,001
	230	0,036		337	0,022
	232	0,023		339	0,001
	234	0,028		341	0,015
	236	0,021		345	0,026
	238	0,051		349	0,040
	240	0,025		351	0,001
	242	0,045		353	0,039
	244	0,024		355	0,012
	246	0,037		357	0,039
	248	0,023		359	0,002
	250	0,059		361	0,064
	252	0,036		363	0,000
	254	0,033		365	0,032
	256	0,011		367	0,004
	258	0,020		369	0,024
	260	0,011		371	0,003
	262	0,020		373	0,039
	264	0,009		375	0,002
	266	0,012		377	0,040
	268	0,006		379	0,006
	270	0,004		381	0,034
	272	0,002		383	0,004
	274	0,005		385	0,029
	276	0,001		387	0,010
	278	0,000		389	0,021
	280	0,000		391	0,003
	282	0,001		393	0,044

MS-Locus	Allel	Allelfrequenz (%)
	395	0,012
	397	0,026
	399	0,014
	401	0,032
	403	0,014
	404	0,000
	405	0,022
	407	0,018
	409	0,041
	411	0,005
	413	0,023
	415	0,010
	417	0,021
	419	0,010
	421	0,024
	423	0,007
	425	0,022
	427	0,006
	429	0,024
	431	0,003
	433	0,019
	435	0,003
	437	0,009
	439	0,005
	441	0,005
	443	0,001
	445	0,007
	447	0,003
	449	0,009
	451	0,001
	453	0,004
	457	0,004
	459	0,001
	461	0,002
	463	0,000
	469	0,001
	471	0,000
	473	0,000
	495	0,001
	499	0,001
	503	0,000