

**Projektnummer:** 12BE002

Erfassung und Dokumentation der genetischen Variabilität von Wildpopulationen der Barbe (*Barbus barbus*) aus verschiedenen Flussgebietseinheiten in Deutschland

## **Zusammenfassung**

Bisher gibt es nur unzureichende Informationen zur genetischen Diversität der Barbe in Deutschland. Diese Informationen sind jedoch dringend gefordert, um zukünftig sinnvolle Besatz- und Schutzmaßnahmen durchführen zu können. Entsprechend wurden in dem vorliegenden Projekt die genetische Variabilität von Wildpopulationen der Barbe (*Barbus barbus*) erfasst. Insgesamt konnten in den Jahren 2013-2015 47 Herkünfte aus den sechs Flussgebietseinheiten (FGEs) Donau, Elbe, Maas, Oder, Rhein und Weser analysiert werden. Zudem konnte ein nichtinvasives Verfahren mittels forensischer Abstriche zur DNA-Gewinnung für die Barbe etabliert werden. Die genetische Analyse der Populationen erfolgte über mitochondriale DNA (mtDNA) Analysen und Mikrosatellitenmarker. Von insgesamt 1144 Proben konnten für 809 Individuen aus 39 Populationen die genetischen Daten erfasst werden. Die Ergebnisse wurden für die AGRDEU-Fachdatenbank für Aquatische Genetische Ressourcen der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) entsprechend aufbereitet. Die Analyse der mtDNA ergab, dass die Haplotypendiversität in den FGEs Maas und Weser am höchsten und in den FGEs Donau und Elbe am niedrigsten ist. Der Großteil der beobachteten Varianz (ca. 66%) wird durch die genetische Variation innerhalb der Populationen erklärt. Dennoch konnten ca. 23% der Variation durch Unterschiede zwischen den FGEs ermittelt werden. Die Resultate der Mikrosatelliten-Analysen zeigten, dass die Populationen zum Teil sehr divers sind, aber einzelne Populationen auch eine geringe genetische Diversität aufwiesen. Die geschätzte genetische Differenzierung zwischen den untersuchten Populationen erklärt nur einen geringen Anteil der beobachteten genetischen Varianz, während die meiste Variation (ca. 85%) durch Unterschiede zwischen Individuen innerhalb der Populationen erklärt wird. Aus diesem Grund sollten Besatzprogramme mit möglichst vielen Individuen aus genetisch ähnlichen Populationen durchgeführt werden.