

Erfassung und Dokumentation der genetischen Variabilität von Wildpopulationen der Quappe (*Lota lota*) aus verschiedenen Flussgebietseinheiten in Deutschland

Abschlussbericht

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



Maj Wetjen, Thomas Schmidt, Anne Schrimpf, Ralf Schulz

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

Projektnummer: 12BE-003

Projektlaufzeit: 28.09.2012 – 27.09.2016

Berichtszeitraum: 28.09.2012 – 27.09.2016

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:

Wetjen, M., Schmidt, T., Schrimpf, A., Schulz, R. (2016) Erfassung und Dokumentation der genetischen Variabilität von Wildpopulationen der Quappe (*Lota lota*) aus verschiedenen Flussgebietseinheiten in Deutschland. Abschlussbericht an die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung, Institut für Umweltwissenschaften, Universität Koblenz-Landau, Landau, Deutschland, 113 S.

Planung: Thomas Schmidt, Maj Wetjen, Anne Schrimpf, Ralf Schulz

Bearbeitung: Maj Wetjen, Thomas Schmidt, Anne Schrimpf, Ralf Schulz, Britta Wahl-Ermel, Aude Arnold

Bericht: Maj Wetjen, 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 Abschlussbericht beschreibt die Arbeiten im Rahmen der Untersuchung "Erfassung und Dokumentation der genetischen Variabilität von Wildpopulationen der Quappe (*Lota lota*) aus verschiedenen Flussgebietseinheiten in Deutschland" für den Zeitraum von Oktober 2012 bis September 2016. Die Ergebnisse der Untersuchung werden ausführlich dargestellt. Separate Berichte erschienen zu den weiteren von der Universität Koblenz-Landau im Rahmen dieser Studie untersuchten Arten Edelkrebs (*Astacus astacus*) und Bachforelle (*Salmo trutta*) im Jahr 2015.

Gegenstand der Untersuchung ist die populationsgenetische Charakterisierung wilder Quappenbestände aus verschiedenen Flussgebietseinheiten in Deutschland. Mittels dieser Charakterisierungen sollen geeignete, evolutionär eigenständige Einheiten der Quappen 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 wurden in die AGRDEU-Datenbank der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) eingestellt.

Inhalt

Vorwort	4
Abbildungsverzeichnis	7
Tabellenverzeichnis	9
1. Ziele und Aufgabenstellung des Projekts	12
2. Planung und Ablauf des Projekts	14
2.1 Angepasster Arbeitsplan	14
2.2 Ablauf des Projekts	16
2.2.1 Kommunikation mit Kooperationspartnern.....	16
2.2.2 Auswahl der Probestandorte	17
2.2.3 Genehmigungsverfahren	21
2.2.4 Probenahmen	22
2.2.5 Laborarbeiten	23
2.2.6 Datenanalysen.....	23
3. Wissenschaftlicher und technischer Stand, an den angeknüpft wurde.....	24
3.1 Übersicht über relevante populationsgenetische und phylogenetische Studien der Art	24
3.2 Verwendete Methoden	25
4. Material und Methoden	28
4.1 Probenahmen	28
4.1.1 Räumliche Verteilung der untersuchten Populationen.....	28
4.1.2 Steckbriefe der untersuchten Populationen.....	29
4.2 Laborarbeit.....	58
4.2.1 Sequenzanalysen	58
4.2.2 Mikrosatellitenanalysen	59
4.3 Datenanalysen	60
4.3.1 Sequenzanalysen.....	60

4.3.2	Mikrosatellitenanalysen	61
5.	Ergebnisse	63
5.1	Populationsstruktur	63
5.2	Sequenzanalysen	68
5.3	Mikrosatellitenanalyse.....	76
6.	Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse.....	86
6.1	Bewertung der untersuchten Populationen	86
6.2	Empfehlung von Managementeinheiten.....	90
7.	Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen und Hinweise auf weiterführende Fragestellungen	96
8.	Zusammenfassung	101
8.1	Zusammenfassung	101
8.2	Abstract.....	102
9.	AGRDEU Datenstruktur.....	104
10.	Literatur	107
11.	Anhang	114

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Arbeitsplan. Ergänzungen zum Zeitplan im Zwischenbericht sind hellgrau markiert.....	15
Abbildung 2: Übersichtskarte der Standorte der 32 untersuchten Populationen.....	18
Abbildung 3: Anzahl aller untersuchten Individuen je Größenklasse (n=927).....	65
Abbildung 4: Anzahl untersuchter Individuen je Größenklasse aus der Donau (grün), der Weser (rot), dem Rhein (blau), der Elbe (schwarz), der Oder (gelb), der Schlei/Trave (orange) sowie den Zuchten (rosa).....	65
Abbildung 5: Gewichts-Längen-Verteilung aller vermessenen Individuen (n=908) aus der Donau (grün), der Weser (rot), dem Rhein (blau), der Elbe (schwarz), der Oder (gelb), der Schlei/Trave (orange) sowie den Zuchten (rosa).....	66
Abbildung 6: Darstellung der Gewichts-Längen-Verteilung zwischen ausgewählten Populationen der Flusseinzugsgebiete Donau (grün), der Weser (rot), dem Rhein (blau), der Elbe (schwarz), der Oder (gelb), der Schlei/Trave (orange) sowie den Zuchten (rosa).	67
Abbildung 7: Darstellung der Gewichts-Längen-Verteilung zwischen den Populationen des Flusseinzugsgebietes Schlei/Trave (orange).	67
Abbildung 9: Median-Joining-Netzwerk bestehend aus den Haplotypen der 397 bp langen Kontrollregion.....	70
Abbildung 10: Median-Joining-Netzwerk bestehend aus den Haplotypen der 836 bp langen Kontrollregion der untersuchten Quappenpopulationen.	71
Abbildung 11: Graphische Darstellung der privaten Haplotypen basierend auf den Sequenzdaten aller 32 untersuchten Quappenpopulationen.	73
Abbildung 12: Graphische Darstellung der Haplotypendiversität basierend auf den Sequenzdaten aller 32 untersuchten Quappenpopulationen.	74
Abbildung 13: Graphische Darstellung der erwarteten Heterozygotie (H_E) basierend auf den Mikrosatellitendaten aller 32 untersuchten Quappenpopulationen.	77

Abbildung 14: Graphische Darstellung des Allelreichtums basierend auf den Mikrosatellitendaten aller 32 untersuchten Quappenpopulationen.	78
Abbildung 15: Graphische Darstellung der privaten Allele basierend auf den Mikrosatellitendaten aller 32 untersuchten Quappenpopulationen.	79
Abbildung 16: Faktorielle Korrespondenzanalyse mit Quappen von 32 Populationen aus der Donau (grün), der Weser (rot), dem Rhein (blau), der Elbe (schwarz), der Oder (gelb), der Schlei/Trave (orange) sowie den Zuchten (rosa).....	81
Abbildung 17: Faktorielle Korrespondenzanalyse mit Quappen von 32 Populationen aus der Donau (grün), der Weser (rot), dem Rhein (blau), der Elbe (schwarz), der Oder (gelb), der Schlei/Trave (orange) sowie den Zuchten (rosa).....	82
Abbildung 18: Bayesische Clusteranalyse für die Flusseinzugsgebiete und die Zuchten.....	83
Abbildung 19: Bayesische Clusteranalyse für 25 untersuchte Populationen.	83
Abbildung 20: Graphische Darstellung der genetischen Cluster (n=15) basierend auf den Mikrosatellitendaten der 25 untersuchten Quappenpopulationen.....	84
Abbildung 21: Admixture-Analyse von 978 Individuen aus 25 untersuchten Populationen.....	85

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Untersuchte Populationen der Quappe (<i>Lota lota</i>) in Deutschland..	19
Tabelle 2: Population L001	29
Tabelle 3: Population L007	30
Tabelle 4: Population L011	31
Tabelle 5: Population L018	32
Tabelle 6: Population L023	33
Tabelle 7: Population L036	34
Tabelle 8: Population L038	35
Tabelle 9: Population L040	36
Tabelle 10: Population L041	37
Tabelle 11: Population L043	38
Tabelle 12: Population L045	39
Tabelle 13: Population L046	40
Tabelle 14: Population L047	41
Tabelle 15: Population L049	42
Tabelle 16: Population L059	43
Tabelle 17: Population L024	44
Tabelle 18: Population L061	45
Tabelle 19: Population L051	46
Tabelle 20: Population L052	47
Tabelle 21: Population L053	48

Tabelle 22: Population L063	49
Tabelle 23: Population L012	50
Tabelle 24: Population L012.2	51
Tabelle 25: Population L012.3	52
Tabelle 26: Population L050	53
Tabelle 27: Population L056	54
Tabelle 28: Population L057	55
Tabelle 29: Population L000	55
Tabelle 30: Population L044.1	56
Tabelle 31: Population L044.2	57
Tabelle 32: Population L048	57
Tabelle 33: Population L060	58
Tabelle 34: Informationen zu den verwendeten Mikrosatellitenmarkern	60
Tabelle 35: Durchschnittswerte der Längen und Gewichte der untersuchten Populationen.....	64
Tabelle 36: Ergebnisse der Sequenz- und Mikrosatellitenanalyse pro Flusseinzugsgebiet.....	72
Tabelle 37: Auflistung der paarweisen F_{ST} -Werte basierend auf Mikrosatelliten- und der Sequenz-Daten.	75
Tabelle 38: Ergebnisse der Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) der Sequenz- und der Mikrosatellitendaten.....	75
Tabelle 39: Datenstruktur pro untersuchter Population am Beispiel der Population „Lorfe“ aus dem Flusseinzugsgebiet der Weser.	105
Tabelle 40: Datenstruktur für Durchschnittswerte aller untersuchten Populationen der betreffenden Art <i>Lota lota</i>	106

Tabelle A1: Ergebnisse der Sequenzanalyse und der Mikrosatellitenanalyse für jede Population.....	114
Tabelle A2: Auflistung der paarweisen F_{ST} -Werte.....	115
Tabelle A3: Allelfrequenzen an den 12 untersuchten Mikrosatellitenloci.	117
Tabelle A4: Abschätzung der Anzahl an Standorten bei denen Möglichkeiten zur Probenahme angefragt wurden.	122

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 (BMEL) 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 Edelkrebses (*Astacus astacus*) zu. Gegenstand dieser Untersuchung ist die populationsgenetische Charakterisierung wilder Quappenbestände 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, sich aber 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 & Reynolds 2009).

Mittels der genetischen Charakterisierung sollen geeignete, evolutionär eigenständige Einheiten der Quappe 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

Der Arbeitsplan für den Berichtszeitraum vom 28. September 2012 bis zum 27. September 2016 ist in Abbildung 1 dargestellt. Insgesamt gab es sechs sich zum Teil überschneidende Arbeitsphasen. Aufgrund von Verzögerungen in der Beschaffung einer ausreichenden Anzahl von Gewebeproben musste der ursprüngliche Zeitplan an neue Erfordernisse angepasst werden.

Arbeitsphase I

Die Ziele der ersten Arbeitsphase waren die Auswahl von zu untersuchenden Beständen und die Durchführung der Genehmigungsverfahren für die Befischungen der ersten Phase der Datenerhebung. Diese Arbeitsphase wurde aufgrund der Akquise der notwendigen Genehmigungen maßgeblich verzögert.

Arbeitsphase II

Aufgrund der Verzögerungen in der Beschaffung von Gewebeproben wurden die Freilandhebungen über den gesamten Projektzeitraum ausgedehnt, sodass jährlich (2013-2016) Beprobungen stattfanden.

Arbeitsphase III

Die Laborarbeiten wurden direkt im Anschluss der Beprobungen durchgeführt.

Arbeitsphase V

Während Arbeitsphase V wurde von November 2013 bis Februar 2014 eine Präsentation der ersten Ergebnisse mit einem Ausblick auf den weiteren Projektverlauf erstellt. Ein Zwischenbericht über den Stand der Arbeiten wurde angefertigt.

Arbeitsphase VI

Die Arbeitsphase VI diente zur abschließenden Anfertigung eines Abschlussberichtes der durchgeführten Studie.

Jahr Monat	2012 Nov	Dez	2013 Jan	Feb	Mrz	Apr	Mai	Jun	Jul	Aug	Spt	Okt	Nov	Dez	2014 Jan	Feb
Projektmonat	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
Arbeitsphase I																
Arbeitsphase II																
Arbeitsphase III																
Arbeitsphase IV																
Arbeitsphase V																
Arbeitsphase VI																
Jahr Monat	2014 Mrz	Apr	Mai	Jun	Jul	Aug	Spt	Okt	Nov	Dez	2015 Jan	Feb	Mrz	Apr	Mai	Jun
Projektmonat	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32
Arbeitsphase I																
Arbeitsphase II																
Arbeitsphase III																
Arbeitsphase IV																
Arbeitsphase V																
Arbeitsphase VI																
Jahr Monat	Jul	Aug	Sep	Okt	Nov	Dez	2016 Jan	Feb	Mrz	Apr	Mai	Jun	Jul	2016 Aug	Sep	
Projektmonat	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	
Arbeitsphase I																
Arbeitsphase II																
Arbeitsphase III																
Arbeitsphase IV																
Arbeitsphase V																
Arbeitsphase VI																

Abbildung 1: Arbeitsplan. Ergänzungen zum Zeitplan im Zwischenbericht sind hellgrau markiert.

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 Quappe und deren Bewirtschaftung zu erhalten. Ferner wurden Informationen zu Maßnahmen, in deren Zuge Probenahmen erfolgen könnten, abgefragt. Im Besonderen wurde hier auch der Fachausschuss „Aquatische 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 (u.a. Freizeitangler, Berufsfischer, Fischereiinteressierte) angesprochen, wobei in Abstimmung mit den Kollegen aus Dresden, welche die Barbe bearbeitet haben, jeweils alle der insgesamt vier im Projekt zu bearbeitenden Arten einbezogen wurden. Dieses Vorgehen diente neben der Informationsrecherche der Bekanntmachung der Studie und damit verbunden der Schaffung von Akzeptanz, insbesondere bei den Fischereirechtsinhabern.

Im ersten Schritt wurde der gesamte Fachausschuss Aquatische Genetische Ressourcen (FA AGR) mit der Bitte um Informationen zu einzelnen, potentiell relevanten Beständen angeschrieben, auch im Hinblick auf die Liste förderfähiger Stämme und Wildpopulationen von Fischarten gemäß des GAK-Rahmenplans 2008 - 2011. Gleichzeitig wurden etwa 30 persönliche Kontakte mit relevanter Expertise direkt angesprochen. Des Weiteren wurde ein Brief mit der Bitte um Informationen verfasst. Dieser wurde an alle oberen und obersten Fischereibehörden und die fischereilichen Forschungseinrichtungen der Länder sowie an alle Fischerei-, Angler-, und einschlägige Berufsverbände versendet. Insgesamt wurden so ca. 190 Einzelpersonen, Fischereiverbände und Institutionen angesprochen.

Artikel zur Bekanntmachung der Untersuchungen, ebenfalls verbunden mit der Bitte um Informationen zu möglicherweise relevanten Beständen der Quappe, 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 Verbreitungsgebiet der Quappe innerhalb Deutschlands und hier die wichtigsten Flussgebietseinheiten repräsentieren. Der Fokus lag hierbei auf autochthonen Beständen. 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 Beständen identifizieren zu können, wurde hier versucht, neben den üblichen Literatur- und Datenbankrecherchen, bereits in einer frühen Projektphase die Expertise verschiedener Interessengruppen einzuholen.

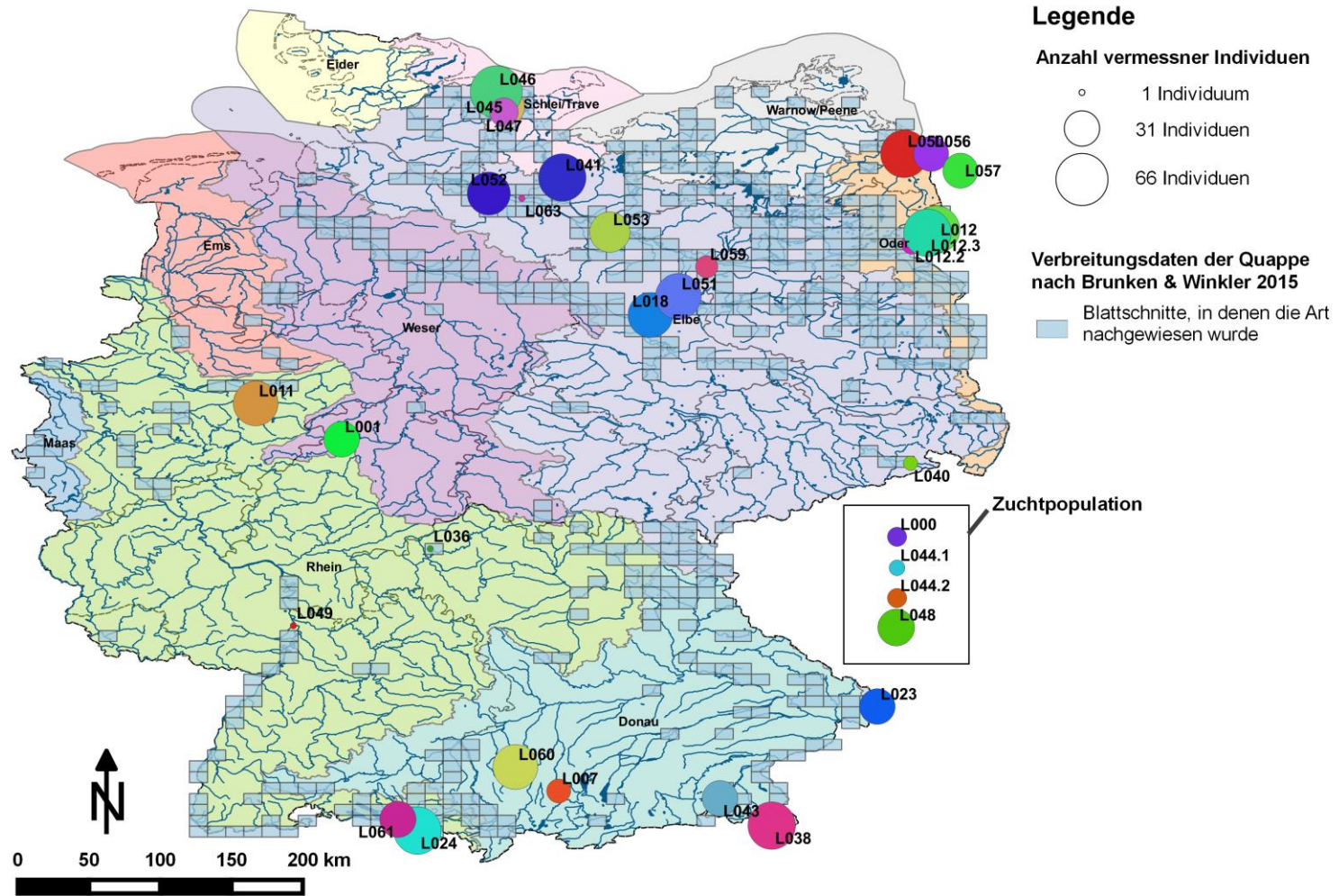


Abbildung 2: Übersichtskarte der Standorte der 32 untersuchten Populationen. Jeder Kreis symbolisiert eine Population. Die Größe der Kreise ist proportional zur Anzahl vorliegender Gewebeprobe. Die Verbreitung der Quappe (*Lota lota*) in Deutschland ist in blau durch Blattsschnitte mit Nachweisen der Art dargestellt (Brunken & Winkler 2015).

Tabelle 1: Untersuchte Populationen der Quappe (*Lota lota*) in Deutschland. Aufgeführt sind die Flussgebietseinheiten, die Bundesländer, die geographische Lage der Probestellen sowie die Anzahl der vorliegenden Individuen (N_{Gewebe}) und die Anzahl untersuchter Tiere mittels Mikrosatelliten- (N_{MSat}) und Sequenzanalysen (N_{Seq}).

Population	Gewässer	Flussgebiets- einheit	Bundesland	Geographische Lage	N_{Gewebe}	N_{MSat}	N_{Seq}
L000	Zucht†	-	BW	-	9	9	9
L001	Lorfe	Weser	HE	51° 9' N, 8° 53' E	31	31	12
L007	Lech	Donau	BY	47° 55' N, 10° 53' E	14	14	11
L011	Möhnesee	Rhein	NW	51° 29' N, 8° 6' E	49	49	10
L012	Oder	Oder	BB	53° 4' N, 14° 21' E	55	55	11
L012.2	Oder	Oder	BB	52° 56' N, 14° 8' E	10	10	10
L012.3	Oder	Oder	BB	53° 3' N, 14° 17' E	55	54	11
L018	Ohre	Elbe	ST	52° 17' N, 11° 44' E	49	49	10
L023	Michel	Donau	BY	48° 42' N, 13° 49' E	31	31	12
L024	Bodensee	Rhein	BY	47° 33' N, 9° 35' E	55	55	11
L036	Schondra	Rhein	BY	50° 8' N, 9° 42' E	1	1	1
L038	Hintersee	Donau	BY	47° 36' N, 12° 51' E	55	55	11
L040	Lachsbach	Elbe	SN	50° 56' N, 14° 7' E	5	5	5
L041	Schaalsee	Elbe	MV	53° 33' N, 10° 55' E	55	55	11
L043	Chiemsee	Donau	BY	47° 51' N, 12° 22' E	31	31	12
L044.1	Zucht†	Oder	NW	-	6	6	6
L044.2	Zucht†	Rhein	NW	-	9	9	9
L045	Kossau	Schlei/Trave	SH	54° 12' N, 10° 25' E	31	31	12
L046	Passader See	Schlei/Trave	SH	54° 20' N, 10° 19' E	66	66	12
L047	Kleiner Plöner See	Schlei/Trave	SH	54° 9' N, 10° 23' E	20	20	12
L048	Zucht†		NI	-	33	33	11
L049	Rhein	Rhein	RP	49° 26' N, 8° 27' E	1	1	1
L050	Stettiner Haff	Oder	MV	53° 46' N, 14° 4' E	55	55	12
L051	Elbe	Elbe	ST	52° 28' N, 11° 59' E	51	50	13
L052	Elbe	Elbe	NI/HH	53° 24' N, 10° 15' E	45	42	11
L053	Elbe	Elbe	NI/BB	53° 3' N, 11° 21' E	40	40	12
L056	Stettiner Haff	Oder	MV	53° 46' N, 14° 19' E	30	30	22
L057	Oder	Oder	MV/PL	53° 37' N, 14° 35' E	30	30	13
L059	Gülper See/Rhin	Elbe	BB	52° 44' N, 12° 15' E	12	12	12
L060	Zucht†	Donau	BY	48° 8' N, 10° 29' E	49	48	12
L061	Bodensee	Rhein	BW	47° 39' N, 9° 24' E	32	32	14
L063	Elbe	Elbe	NI/SH	53° 22' N, 10° 33' E	1	1	1
Σ					1016	1010	332

† Bei Zuchten beziehen sich die Angaben der Flussgebietseinheiten, soweit bekannt, auf die Herkunft der Zuchtstämme. Die Angabe des Bundeslandes nimmt Bezug auf den Standort der Betriebe

In unmittelbarer Reaktion auf die Kommunikation mit den Kooperationspartnern ergaben sich insgesamt ca. 10 positive Rückmeldungen. Aus diesen Rückmeldungen und daran anschließenden weiteren Recherchen konnten zunächst insgesamt Informationen zu etwa 20 Beständen der Quappe in Deutschland zusammengestellt werden. Einzelne Gebiete, wie z.B. Nordwestdeutschland mit den Flussgebietseinheiten Ems und Weser, blieben hier unterrepräsentiert. Bis zum Januar 2016 wurden Informationen zu etwa 30 Quappenbeständen 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 (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 und Schlesinger 2012), Verbreitungsdaten (Brunken & Winkler 2015) und Schutzgebieten (BfN 2012) verschnitten und somit die als repräsentativ eingestuften Populationen ausgewählt.

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 Probenahme 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). Eine Befreiung der Genehmigung ist möglich wenn der Eingriff von den Behörden als wenig invasiv angesehen wird. Der Tierversuch muss in diesem Fall angezeigt werden. Eine Anzeige kann in der Regel deutlich schneller bearbeitet werden. 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. 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 (Formular „Genehmigung von Tierversuchen“)

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 erst ab Sommer 2014 weiter durchgeführt 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 neu beantragt werden musste. Die Änderung einer Genehmigung ist anzeigepflichtig. Daher musste ein komplett neues Formular („Anzeige von Tierversuchen“) ausgefüllt werden. In Bayern wurden mehrere inhaltliche Angaben, wie Nachweise über die Qualifikationen der beteiligten Personen, nicht akzeptiert. Weitere Nachweise mussten nachgereicht werden. Zum Beispiel wurde ein allgemeiner Kurs in Versuchstierkunde, an dem Frau Dr. Schrimpf erfolgreich teilgenommen hat, nicht anerkannt, da hier keine „praktischen Übungen an Fischen“ durchgeführt worden sind. Hierzu hat es mehrere Gespräche gegeben, ein neuer Antrag wurde eingereicht und dieser wurde schließlich auch genehmigt.

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

2.2.4 Probenahmen

Im Jahr 2013 konnte die Probenahme für 5 Populationen abgeschlossen werden. Weitere Probenahmen waren bereits für das Jahr 2013 angesetzt, konnten jedoch aufgrund von Verzögerungen mit den tierschutzrechtlichen Genehmigungen nicht mehr im Jahr 2013 durchgeführt werden. Weitere 27 Populationen konnten über den Zeitraum 2014-2016 untersucht werden. Über den gesamten Projektzeitraum konnten 32 Standorte und >900 Individuen beprobt werden (Abb. 2, Tab. 1). Bei 11 dieser Populationen konnte die erforderliche Anzahl von 30 zu untersuchenden Individuen jedoch nicht erreicht werden. Die Schwierigkeiten bei der Probenbeschaffung liegen zu einem Großteil in dem sowohl räumlich als auch zeitlich oft schwer vorhersehbaren, unsteten Auftreten der Quappen. Dies weist deutlich auf ein ausgeprägtes Wanderverhalten der Art hin, welches, wie auch extreme Hochwasserereignisse und andauernde Winterperioden im Winter/Frühjahr

2015, die Befischungen erschwerten. Somit erwiesen sich Probenahmen an potenziell vielversprechenden Probestandorten als erfolglos. Insgesamt stehen 21 Populationen mit jeweils ≥ 30 Individuen sowie 11 Populationen mit je zwischen 1-20 Individuen zur Untersuchung der genetischen Diversität der Quappe in Deutschland zur Verfügung. Individuen aus fünf Herkünften konnten nicht vermessen, sowie aus sechs Herkünften nicht gewogen werden. Für alle weiteren Tiere konnten sowohl die Totallänge als auch das Gewicht vernommen werden.

2.2.5 Laborarbeiten

Die Laborarbeiten konnten wie geplant durchgeführt werden. Unmittelbar nach Eintreffen der Gewebeprobe im Labor konnte mit der DNA-Extraktion und den Untersuchungen von 12 Mikrosatelliten-Loci und der Kontrollregion der mitochondrialen DNA begonnen werden.

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 und Gewässertypen, in einem Geographischen Informationssystem (GIS) zusammengeführt.

3. Wissenschaftlicher und technischer Stand, an den angeknüpft wurde

3.1 Übersicht über relevante populationsgenetische und phylogenetische Studien der Art

Bisher wurden neun phylogenetische bzw. populationsgenetische Studien an der Quappe (*Lota lota*, Linnaeus 1758) in internationalen Fachzeitschriften veröffentlicht (Paragamian et al. 1999; Van Houdt et al. 2003, 2005; Barluenga et al. 2006; Powell et al. 2008; Elmer et al. 2008, 2012; Fang et al. 2013; Underwood et al. 2016). Für das Gebiet der Bundesrepublik Deutschland sind insbesondere die Arbeiten von Van Houdt et al. (2003, 2005) und von Barluenga et al. (2006) relevant. Van Houdt et al. (2003, 2005) fanden in Europa fünf (weltweit insgesamt acht) phylogenetische Kladen oder Linien anhand von Untersuchungen der mitochondrialen DNA. Zwei dieser Linien kommen in Mitteleuropa vor. In Dänemark, den Niederlanden, Frankreich, Italien und der Schweiz fanden sich ausschließlich Tiere, welche einer westeuropäischen Klade zugeordnet wurden, während die Populationen an zwei osteuropäischen Standorten in Ungarn und Polen einer eurasischen Klade zugeordnet wurden. In Deutschland wurden in der unteren Elbe, der Isar und im Bodensee Vertreter der eurasischen Klade beschrieben. In der untersuchten Bodenseepopulation wurden zudem Vertreter der westeuropäischen Klade nachgewiesen. In den Gewässern Deutschlands treffen demnach wahrscheinlich die beiden in Mitteleuropa vorkommenden phylogenetischen Linien der Quappe aufeinander. Gemessen an der insgesamt relativ geringen Anzahl an international publizierten phylogenetischen und populationsgenetischen Studien liegen jedoch nur wenige Informationen über wilde Populationen der Quappe in Deutschland vor. Somit bleiben bisher die genauen Verbreitungsgebiete der eurasischen und westeuropäischen Klade aufgrund der wenigen Untersuchungsstandorte in Deutschland (n=3) unbekannt. Weiterhin ist unklar, inwieweit die beiden Gruppen geographisch getrennt sind und wo die eventuellen Verbreitungsgrenzen liegen oder ob und in welchem Ausmaß es natürliche Kontaktzonen gibt. Einzig für den Bodensee ist eine solche, wahrscheinlich natürliche Kontaktzone zwischen der danubischen und der atlantischen Linie bereits bekannt. Die Ergebnisse von Van Houdt et al. (2005) gaben darauf erste Hinweise. Bestätigt wurde diese Annahme

anschließend mittels der kombinierten Untersuchung von mitochondrialer DNA und Mikrosatellitenloci der nuklearen DNA durch Barluenga et al. (2006). Die genetischen Studien von Paragamian et al. (1999), Van Houdt et al. (2003), Powell et al. (2008), Elmer et al. (2008, 2012), Fang et al. (2013) und Underwood et al. 2016) befassen sich zwar nicht mit europäischen Populationen der Quappe (Nordamerika, Sibirien und China), können aber zu Vergleichszwecken, insbesondere bei der Beurteilung geeigneter Managementeinheiten, herangezogen werden. Bei einer praxisnahen Bewertung von Managementeinheiten sollten darüber hinaus wesentliche Aspekte der Biologie und der Ökologie der Art (z.B. das Wanderverhalten) sowie naturschutzfachliche Aspekte berücksichtigt werden. Aufgrund der Laichwanderungen der Quappe über weite Strecken hinweg, ist anzunehmen, dass das Wanderverhalten die genetische Differenzierung räumlich stark beeinflussen und zu einer gewissen Homogenisierung beitragen kann (Barluenga et al. 2006). Weitere zu diesen Aspekten relevante Ergebnisse finden sich in den Studien von Stapanian et al. (2010), Worthington et al. (2010a, 2010b) und Paragamian & Bennett (2008).

Die Literaturrecherche hat ergeben, dass sich die einzigen verfügbaren Studien zur Populationsgenetik und Phylogeographie der Quappe innerhalb Deutschlands bisher vor allem auf die mögliche natürliche Kontaktzone zwischen der atlantischen und der danubischen Linie im Bodensee beziehen (Barluenga et al. 2006). Für die überwiegenden Teile des Bundesgebietes liegen hingegen keine veröffentlichten genetischen Informationen zur Quappe vor.

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) angemessen berücksichtigt werden. Für Sequenzanalysen der Quappe stehen mehrere etablierte mitochondrielle Marker zur Verfügung (z.B. Sanetra & Meyer 2005, Zhao et al. 2009). Nach der Eignung der Marker zur Abbildung der taxonomischen Differenzierung der jeweiligen Art, ist die Verfügbarkeit von Vergleichsdaten aus der wissenschaftlichen Literatur, frei zugänglichen Datenbanken (z.B. GenBank) und eigenen Forschungsergebnissen das wichtigste Kriterium bei der Auswahl. Insbesondere kommen hier die Abschnitte Cytochrom-Oxidase Untereinheit I (COI) und D-loop (auch: „Kontrollregion“) der mtDNA in Betracht. Von jedem der 32 Probenstandorte werden in dieser Studie wenn möglich zehn zufällig ausgewählte Tiere mit einem mitochondriellen Marker untersucht. Bei weniger als 10 Individuen pro Population wurden alle vorhandenen Tiere 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, sowie geeignete Mikrosatelliten-Loci der zu untersuchenden Arten ist ausreichend. 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 32 Herkünfte werden wenn möglich 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 (Basenanzahl).

4. Material und Methoden

4.1 Probenahmen

4.1.1 Räumliche Verteilung der untersuchten Populationen

Anhand einer räumlichen Analyse wurden Probestellen definiert. Probenahmen wurden von 32 Beständen der Quappe durchgeführt (Tab. 1). Von diesen 32 Probestellen stammen fünf Populationen aus Zuchten (L000, L044.1, L044.2, L048 und L060), deren Herkunft nur mit einer gewissen Unsicherheit räumlich einer Flussgebietseinheit zugeordnet werden kann. Die Populationen L044.1, L044.2 und L060 sind in den Analysen ihren jeweiligen Flusseinzugsgebieten Oder, Rhein und Donau zugeordnet. Bei den beiden Populationen L000 und L048 ist der Ursprung der Tiere unsicher bzw. unbekannt. Daher werden diese beiden Populationen in der Auswertung gesondert als Zuchtstämme betrachtet und keinem Flusseinzugsgebiet zugeordnet.

Es wurden insgesamt sechs Flussgebietseinheiten untersucht. Ein Schwerpunkt ergab sich für die Elbe (n=8) und die Oder (n=7). Des Weiteren wurden die Flussgebietseinheiten Rhein (n=6), Donau (n=5), Schlei/Trave (n=3) und Weser (n=1), sowie Zuchtstämme unsicherer Herkunft (n=2), untersucht. Die Untersuchungsstrecken liegen in den Bundesländern Brandenburg (n=4), Baden-Württemberg (n=1), Bayern (n=7), Hessen (n=1), Nordrhein-Westfalen (n=1), Rheinland-Pfalz (n=1), Schleswig-Holstein (n=3), Mecklenburg-Vorpommern (n=3) Sachsen-Anhalt (n=2) und Sachsen (n=1). Hinzu kommen drei Populationen die jeweils zwei Bundesländern zugeordnet werden können: Niedersachsen/Hamburg, Niedersachsen/Brandenburg und Niedersachsen/Schleswig-Holstein sowie eine Population die an der Ländergrenze zwischen Deutschland und Polen liegt.

Die untersuchten Populationen bilden auch hinsichtlich der räumlichen Hauptverbreitungsgebiete der Quappe in Deutschland (Brunken & Winkler 2015) eine repräsentative Stichprobe (Abb. 2). Lediglich das Flusseinzugsgebiet der Weser ist mit nur einer Population unterrepräsentiert.

4.1.2 Steckbriefe der untersuchten Populationen

Im Folgenden sind Informationen zu allen untersuchten Populationen in Steckbriefen zusammengefasst. Insgesamt wurden 32 Populationen beprobt, von denen es bei 25 Populationen im Vorfeld der Probenahme keine Hinweise auf aktuellen oder regelmäßigen Besatz gab. Insgesamt wurden fünf Bestände (L000, L044.1, L044.2, L048, L060) aus Zuchten in der Studie mit aufgenommen. Die Anschriften oder die geografischen Verortungen der privatwirtschaftlich geführten Zuchten können hier aus datenschutzrechtlichen Gründen nicht angegeben werden.

L001 Lorfe

Tabelle 2: Population L001

Population	L001
Gewässer¹	Lorfe
Gewässertyp nach WRRL¹	Silikatische, fein- bis grobmaterialreiche Mittelgebirgsflüsse
Haupteinzugsgebiet²	Weser
Gemeinde³	Vöhl
Kreis³	Waldeck-Frankenberg
Bundesland³	HE
Schutzgebietsstatus⁴	Vogelschutzgebiet, FFH-Gebiet
Landschaft⁵	Kellerwald
Besonders schutzwürdige Landschaft⁵	ja
Geographische Lage	51° 9' N, 8° 53' E
Höhe (m über NN)⁶	249
Wildpopulation nach GAK-Liste⁷	nein
Besatz	keine Hinweise
Bewirtschaftung	keine Fischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden⁸	nein
Abfluss	Eder → Fulda → Weser → Nordsee

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

Derzeit sind drei natürlich reproduzierende Bestände der Quappe in Hessen bekannt: 1. Unterhalb der Niddatalsperre, 2. in der Kinzig (auf Besatz gestützt) und 3. im

Edersee (HMUKLV & Hessen-Forst FENA 2014). In der Lorfe selbst sind Quappen nachweislich vorhanden. Diese stehen wahrscheinlich im Zusammenhang mit dem seit 2005 wieder verstärkten Quappenvorkommen des Edersees. Der Edersee selbst wurde über viele Jahre bewirtschaftet. Mittlerweile kommen hier adulte und juvenile Stadien der Quappe nachweislich vor. Andererseits gibt es Hinweise auf dauerhafte Quappenvorkommen im oberen Einzugsgebiet der Eder, welche wiederum der Ursprung für die Quappen im Edersee selbst sein könnten (pers. Mitt. A. Rohn, pers. Mitt. C. Dümpelmann, pers. Mitt. A. Finke, pers. Mitt. C. Laczny). Da es sich im oberen Edereinzugsgebiet um einen autochthonen Bestand handeln könnte, ist dieser für das Einzugsgebiet der Weser von zentraler Bedeutung. Bei den Quappen des oberen Edergebietes handelte es sich demnach um das einzige autochthone Quappenvorkommen Hessens.

L007 Lech

Tabelle 3: Population L007

Population	L007
Gewässer¹	Lech
Gewässertyp nach WRRL¹	Große Flüsse des Alpenvorlandes
Haupteinzugsgebiet²	Donau
Gemeinde³	Reichling
Kreis³	Landsberg am Lech
Bundesland³	BY
Schutzgebietsstatus⁴	Vogelschutzgebiet, FFH-Gebiet
Landschaft⁵	Lechtal
Besonders schutzwürdige Landschaft⁵	nein
Geographische Lage	47° 55' N, 10° 53' E
Höhe (m über NN)⁶	626
Wildpopulation nach GAK-Liste⁷	nein
Besatz	keine Hinweise (Angaben unsicher)
Bewirtschaftung	Angelfischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden⁸	ja
Abfluss	Donau → Schwarzes Meer

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

Vor dem starken Ausbau des Lechs gehörten Quappen hier, wie in anderen Donauzuflüssen, zum typischen Fischbestand (Bayerisches Landesamt für Wasserwirtschaft 1984). Allerdings sind die Fangzahlen deutlich zurückgegangen. Im Lech wird die Quappe dennoch stetig gefangen, wenn auch mit sehr stark schwankenden Stückzahlen. Generell wurde die Quappe im Einzugsgebiet der Donau in den letzten Jahren vor allem durch Besatzmaßnahmen wieder angesiedelt (Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft 2013). Daher kann ein Einfluss auf die untersuchte Population im Lech nicht ausgeschlossen werden, auch wenn keine direkten Hinweise auf rezente Besatz in der beprobten Staustufe ermittelt werden konnten (z.B. pers. Mitt T. Oswald).

L011 Möhnesee

Tabelle 4: Population L011

Population	L011
Gewässer¹	Möhnesee
Gewässertyp nach WRRL¹	Keine Zuordnung, künstliches Gewässer
Haupteinzugsgebiet²	Rhein
Gemeinde³	Möhnesee
Kreis³	Soest
Bundesland³	NW
Schutzgebietsstatus⁴	Vogelschutzgebiet, Naturpark
Landschaft⁵	Arnsberger Wald
Besonders schutzwürdige Landschaft⁵	nein
Geographische Lage	51° 29' N, 8° 6' E
Höhe (m über NN)⁶	211
Wildpopulation nach GAK-Liste⁷	nein
Besatz	ja
Bewirtschaftung	Angelfischerei (Niedrigwasseraufhöhung, Hochwasserschutz)
Auf Verbreitungskarte vorhanden⁸	nein
Abfluss	Möhne → Ruhr → Rhein → Nordsee

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

Der aktuelle Quappenbestand des Möhnesees geht ursprünglich auf Fänge aus der Lippe (→ Rhein → Nordsee) zurück. Der Quappenbestand der Lippe gilt als autochthon und wurde daher als Grundstock für Nachzuchten für Wiederansiedlungsprogramme ausgewählt. Tiere dieser ursprünglichen Herkunft werden auch am Möhnesee selbst künstlich vermehrt (pers. Mitt. B. Stemmer, pers. Mitt. J. H. Schneider). Da die Quappe in weiten Teilen des Rheineinzugsgebietes aktuell nur noch eher sporadisch nachzuweisen ist, kommt den Beständen des Lippeeinzugsgebietes eine bedeutende Rolle im Hinblick auf die Weiterentwicklung oder Wiederansiedlung von Quappen im Rheingebiet zu. Der hier untersuchte Bestand kann als repräsentativ angesehen werden.

L018 Ohre

Tabelle 5: Population L018

Population	L018
Gewässer¹	Ohre
Gewässertyp nach WRRL¹	Kiesgeprägte Tieflandflüsse
Haupteinzugsgebiet²	Elbe
Gemeinde³	Loitsche-Heinrichsberg
Kreis³	Börde
Bundesland³	ST
Schutzgebietsstatus⁴	Vogelschutzgebiet, FFH-Gebiet, Naturschutzgebiet, Biosphärenreservat
Landschaft⁵	Märkische Elbtalniederung
Besonders schutzwürdige Landschaft⁵	nein
Geographische Lage	52° 17' N, 11° 44' E
Höhe (m über NN)⁶	38
Wildpopulation nach GAK-Liste⁷	Ohre
Besatz	keine Hinweise, unwahrscheinlich
Bewirtschaftung	Angelfischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden⁸	ja
Abfluss	Elbe → Nordsee

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

Die Quappe scheint sich in den letzten 10-15 Jahren in Sachsen-Anhalt wieder weiter auszubreiten. Im Ohre gibt es derzeitig stabile Bestände der Quappe. Hier kommen aber vor allem kleinwüchsige Formen vor, die nur selten ein Gewicht von ≥ 350 g erreichen (Ministerium für Landwirtschaft und Umwelt des Landes Sachsen-Anhalt 2012). Das Gewässer ist durchgängig begradigt und staureguliert und beherbergt neben der Quappe auch den Schlammpeitzger. In den mündungsnahen Bereichen des Ohre werden Quappen verstärkt in den kalten Wintermonaten gefangen, während sie im übrigen Jahresverlauf kaum festzustellen sind (pers. Mitt. R. Schröter, pers. Mitt. B. Kammerad). Die Durchgängigkeit zur Elbe ist gegeben und es kann angenommen werden, dass das jahreszeitlich und witterungsbedingt, verstärkte Vorkommen von aktiven Quappen in dem Ohre in Zusammenhang mit Laichwanderungen steht.

L023 Michel (Große Mühl)

Tabelle 6: Population L023

Population	L023
Gewässer¹	Michel
Gewässertyp nach WRRL¹	Grobmaterialreiche, silikatische Mittelgebirgsbäche
Haupteinzugsgebiet²	Donau
Gemeinde³	Breitenberg
Kreis³	Passau
Bundesland³	BY
Schutzgebietsstatus⁴	Kein Schutzgebietsstatus
Landschaft⁵	Keine Zuordnung
Besonders schutzwürdige Landschaft⁵	nein
Geographische Lage	48° 42' N, 13° 49' E
Höhe (m über NN)⁶	596
Wildpopulation nach GAK-Liste⁷	nein
Besatz	keine Hinweise, unwahrscheinlich
Bewirtschaftung	Angelfischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden⁸	ja
Abfluss	Donau → Schwarzes Meer

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

Der Michel verfügt über einen wahrscheinlich authochthonen Quappenbestand. Hinweise auf Besatzaktivitäten liegen nicht vor. Muttertiere für die eigene Quappen-Produktion des Bezirks Niederbayern (Lehr- und Beispielsbetrieb Lindbergmühle bei Zwiesel im Bayerischen Wald) wurden vor etwa 15 Jahren im Michel gewonnen. Der Bestand war Individuen stark, entwickelt sich laut den Fischereiberechtigten aber seit etwa 10 bis 15 Jahren etwas rückläufig. Seit etwa 10 Jahren wird die gezielte Angelei nach Quappen nur noch sporadisch betrieben (pers. Mitt. S. Paintner, pers. Mitt. J. Hoch).

L036 Schondra

Tabelle 7: Population L036

Population	L036
Gewässer¹	Schondra
Gewässertyp nach WRRL¹	Feinmaterialreiche, silikatische Mittelgebirgsbäche
Haupteinzugsgebiet²	Rhein
Gemeinde³	Gräfendorf
Kreis³	Main-Spessart
Bundesland³	BY
Schutzgebietsstatus⁴	FFH-Gebiet, Naturschutzgebiet, Landschaftsschutzgebiet, Naturpark
Landschaft⁵	Sinn-Schondra-Südrhön und Neuwirtshauser Forst
Besonders schutzwürdige Landschaft⁵	nein
Geographische Lage	50° 8' N, 9° 42' E
Höhe (m über NN)⁶	194
Wildpopulation nach GAK-Liste⁷	nein
Besatz	nein
Bewirtschaftung	Angelfischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden⁸	ja
Abfluss	Fränkische Saale → Main → Rhein → Nordsee

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

Die Schondra ist ein WRRL-Referenzgewässer und liegt in einem geschützten Gebiet. Daher bestehen für das Gewässer keine Besatzaufgaben im Rahmen der

Hegepflichten der Verpachtung der Fischereirechte. Dementsprechend liegen hier keine Hinweise auf einen Besatz mit Quappen vor und können darüber hinaus für die letzten 50 Jahre vom Pächter der Fischereirechte ausgeschlossen werden. Das Vorkommen der Quappen ist in den letzten Jahrzehnten rückläufig und heute kommt die Quappe in der Schondra eher sporadisch und in sehr geringen Abundanzen vor. Der Aufstieg von Quappen aus dem Main erscheint aufgrund von Querverbauungen insgesamt als unwahrscheinlich (pers. Mitt. K. Dietl).

L038 Hintersee

Tabelle 8: Population L038

Population	L038
Gewässer¹	Hintersee
Gewässertyp nach WRRL¹	Kleine Flüsse der Kalkalpen
Haupteinzugsgebiet²	Donau
Gemeinde³	Ramsau bei Berchtesgaden
Kreis³	Berchtesgadener Land
Bundesland³	BY
Schutzgebietsstatus⁴	Biosphärenreservat
Landschaft⁵	Berchtesgadener Alpen
Besonders schutzwürdige Landschaft⁵	ja
Geographische Lage	47° 36' N, 12° 51' E
Höhe (m über NN)⁶	780
Wildpopulation nach GAK-Liste⁷	nein
Besatz	keine Hinweise, unwahrscheinlich
Bewirtschaftung	Angelfischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden⁸	nein
Abfluss	Sillersbach → Ramsauer Ache

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

Der Quappenbestand des Hintersees ist sehr Individuen stark und einzelne Tiere erreichen ein Gewicht von über 2 kg. Der Hintersee gilt als Salmoniden-See und beherbergt u. a. einen sehr guten Saiblingsbestand. Der See wird seit über 35 Jahren von einem Fischereiverein (FV Berchtesgaden Königssee e.V.) bewirtschaftet

und angelfischereilich genutzt. Teil dieser Bewirtschaftung ist seit 15 Jahren die künstliche Erbrütung von Quappen. Diese Nachzuchten werden auch an andere Fischereivereine zu Besatzzwecken abgegeben (pers. Mitt. R. Stähler).

L040 Lachsbach

Tabelle 9: Population L040

Population	L040
Gewässer¹	Lachsbach
Gewässertyp nach WRRL¹	Silikatische Mittelgebirgsflüsse (s)
Haupteinzugsgebiet²	Elbe
Gemeinde³	Rathmannsdorf
Kreis³	Sächsische Schweiz-Osterzgebirge
Bundesland³	SN
Schutzgebietsstatus⁴	Landschaftsschutzgebiet
Landschaft⁵	Sächsische Schweiz
Besonders schutzwürdige Landschaft⁵	nein
Geographische Lage	50° 56' N, 14° 7' E
Höhe (m über NN)⁶	133
Wildpopulation nach GAK-Liste⁷	nein
Besatz	keine Hinweise
Bewirtschaftung	nein
Auf Verbreitungskarte vorhanden⁸	ja
Abfluss	Elbe → Nordsee

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

Die Quappe ist im Lachsbach regelmäßig in geringen Abundanzen vertreten. Ein Besatz mit Quappen ist nicht bekannt, der untersuchte Gewässerabschnitt ist jedoch für Fische aus dem Hauptstrom der Elbe erreichbar (pers. Mitt. F. Völker).

L041 Schaalsee

Tabelle 10: Population L041

Population	L041
Gewässer¹	Schaalsee
Gewässertyp nach WRRL¹	Keine Zuordnung
Haupteinzugsgebiet²	Elbe
Gemeinde³	Zarrentin am Schaalsee
Kreis³	Ludwigslust-Parchim
Bundesland³	MV
Schutzgebietsstatus⁴	Vogelschutzgebiet, FFH-Gebiet, Landschaftsschutzgebiet, Biosphärenreservat
Landschaft⁵	Ratzeburger Seen und Schaalsee
Besonders schutzwürdige Landschaft⁵	ja
Geographische Lage	53° 33' N, 10° 55' E
Höhe (m über NN)⁶	33
Wildpopulation nach GAK-Liste⁷	nein
Besatz	nein
Bewirtschaftung	Berufs- und Angelfischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden⁸	ja
Abfluss	Schaale → Sude → Elbe → Nordsee

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

Der Schaalsee mit einer Größe von 23,4 km² gehört zu den größeren sowie zu den tiefsten Seen (72 m Maximaltiefe) Mecklenburg-Vorpommerns. Die Quappenvorkommen im Schaalsee sind ursprünglich wahrscheinlich auf die natürlich reproduzierenden Bestände in der Schaale und Elbe zurückzuführen. Seit Mitte der 1960er Jahren hat die Individuendichte der Quappen im Schaalsee abgenommen, wohingegen die einzelnen Individuen an Masse zulegen. Derzeit ist die Quappe hier regelmäßig bis häufig vorzufinden (Neumann 2011). Tiere von 40-60 cm sind regelmäßig anzutreffen und können Stückmassen von 1,5-2 kg erreichen. Die Quappe gilt hier regional als nicht gefährdet. Ein Besatz mit Quappen ist sowohl in der Schaale als auch im Schaalsee selbst nicht bekannt. Die Fischerei am Schaalsee wurde als erste deutsche Binnenfischerei durch den Naturland - Verband für ökologischen Landbau e. V. für eine nachhaltige Bewirtschaftung der Fischbestände

zertifiziert (Lewin & Brämick 2015). Bei der Erarbeitung des zu Grunde liegenden Bewirtschaftungsplans wurden vergangene Besatzmaßnahmen recherchiert. Demnach wurde im Schaalsee kein Quappenbesatz durchgeführt. Besatz mit Quappen ist im Rahmen der weiteren Bewirtschaftung auch künftig nicht vorgesehen (Lewin & Brämick 2015).

L043 Chiemsee

Tabelle 11: Population L043

Population	L043
Gewässer¹	Chiemsee
Gewässertyp nach WRRL¹	Keine Zuordnung
Haupteinzugsgebiet²	Donau
Gemeinde³	Chiemsee (See)
Kreis³	Traunstein
Bundesland³	BY
Schutzgebietsstatus⁴	Vogelschutzgebiet, FFH-Gebiet, Landschaftsschutzgebiet, Nationalpark
Landschaft⁵	Chiemgau
Besonders schutzwürdige Landschaft⁵	nein
Geographische Lage	47° 51' N, 12° 22' E
Höhe (m über NN)⁶	515
Wildpopulation nach GAK-Liste⁷	nein
Besatz	unbekannt
Bewirtschaftung	Berufs- und Angelfischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden⁸	ja
Abfluss	Alz → Inn → Donau → Schwarzes Meer

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

Informationen zum Besatz von Quappen im Chiemsee sind unbekannt, dies konnte aber nicht abschließend ausgeschlossen werden.

L045 Kossau

Tabelle 12: Population L045

Population	L045
Gewässer¹	Kossau
Gewässertyp nach WRRL¹	Kiesgeprägte Tieflandbäche
Haupteinzugsgebiet²	Schlei/Trave
Gemeinde³	Lebrade
Kreis³	Plön
Bundesland³	SH
Schutzgebietsstatus⁴	Naturpark
Landschaft⁵	Holsteinische Schweiz
Besonders schutzwürdige Landschaft⁵	nein
Geographische Lage	54° 12' N, 10° 25' E
Höhe (m über NN)⁶	32
Wildpopulation nach GAK-Liste⁷	nein
Besatz	keine Hinweise
Bewirtschaftung	Angelfischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden⁸	ja
Abfluss	→ Ostsee

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

Die Kossau ist ein weitgehend naturbelassener Bach, der mehrere Seen durchfließt, bevor er in die Ostsee mündet. Quappenvorkommen sind sowohl aus den Seen als auch aus der Kossau selbst bekannt. In der Region im östlichen Schleswig-Holstein gibt es verschiedene Bemühungen die tendenziell rückläufigen Quappenbestände zu erhalten. Hierbei werden nach vorliegenden Informationen auch Tiere regionaler Herkunft künstlich vermehrt und zur Bestandsstützung verwendet (pers. Mitt. O. Graff, pers. Mitt. J. Kemnitz). Im Kontext dieser Anstrengungen sind auch die möglicherweise autochthonen Bestände der Kossau von Bedeutung.

L046 Passader See**Tabelle 13: Population L046**

Population	L046
Gewässer¹	Passader See
Gewässertyp nach WRRL¹	Keine Zuordnung
Haupteinzugsgebiet²	Schlei/Trave
Gemeinde³	Stoltenberg
Kreis³	Plön
Bundesland³	SH
Schutzgebietsstatus⁴	FFH-Gebiet, Landschaftsschutzgebiet
Landschaft⁵	Probstei
Besonders schutzwürdige Landschaft⁵	nein
Geographische Lage	54° 20' N, 10° 19' E
Höhe (m über NN)⁶	15
Wildpopulation nach GAK-Liste⁷	nein
Besatz	keine Hinweise
Bewirtschaftung	Berufs- und Angelfischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden⁸	ja
Abfluss	Hagener Au → Ostsee

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

Der Passader See besitzt zwei kleine und zwei größere Zuläufe. Im Südosten mündet die Salzau, im Südwesten mündet die Jarbek. Der Ablauf, die Hagener Au, liegt im Südwesten des Passader Sees. Der See wird von einem gewerblichen Fischer bewirtschaftet. Hauptsächlicher Bestandteil der Fischfauna im Passader See sind Brassen, Aal, Barsch, Hecht und Große Maräne (Nixdorf et al. 2003). Aber auch der Quappenbestand wird als gut verzeichnet und wird durch die Berufsfischerei bewirtschaftet.

L047 Kleiner Plöner See

Tabelle 14: Population L047

Population	L047
Gewässer¹	Kleiner Plöner See
Gewässertyp nach WRRL¹	Keine Zuordnung
Haupteinzugsgebiet²	Schlei/Trave
Gemeinde³	Plön
Kreis³	Plön
Bundesland³	SH
Schutzgebietsstatus⁴	Vogelschutzgebiet, FFH-Gebiet, Naturpark
Landschaft⁵	Holsteinische Schweiz
Besonders schutzwürdige Landschaft⁵	nein
Geographische Lage	54° 9' N, 10° 23' E
Höhe (m über NN)⁶	17
Wildpopulation nach GAK-Liste⁷	nein
Besatz	keine Hinweise, unwahrscheinlich
Bewirtschaftung	Berufs- und Angelfischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden⁸	ja
Abfluss	Schwentine → Ostsee

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

Der Kleine Plöner See wird, wie der Passader See, von gewerblichen Fischern bewirtschaftet. Der Kleine Plöner See ist 2,39 km² groß, mit einer maximalen Tiefe von 31,4 m und einer mittleren Tiefe von 9 m. Der Kleine Plöner See wurde vermutlich in der Vergangenheit mit Aal und Große Maräne unterstützend besetzt. Ein Besatz von Quappen ist nicht bekannt. Quappen sind regelmäßig zu finden.

L049 Rhein**Tabelle 15: Population L049**

Population	L049
Gewässer¹	Rhein
Gewässertyp nach WRRL¹	Kiesgeprägte Ströme
Haupteinzugsgebiet²	Rhein
Gemeinde³	Ludwigshafen am Rhein
Kreis³	Ludwigshafen am Rhein
Bundesland³	RP
Schutzgebietsstatus⁴	Kein Schutzgebietsstatus
Landschaft⁵	Nördliche Oberrheinniederung
Besonders schutzwürdige Landschaft⁵	nein
Geographische Lage	49° 26' N, 8° 27' E
Höhe (m über NN)⁶	90
Wildpopulation nach GAK-Liste⁷	nein
Besatz	keine Hinweise
Bewirtschaftung	Berufs- und Angelfischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden⁸	ja
Abfluss	Nordsee

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

Quappen werden regelmäßig, aber in sehr geringen Stückzahlen im Oberrhein gefangen. Im Rhein bei Ludwigshafen wurde die Quappe in den Jahren 1982, 1988 und 1989 in einzelnen Exemplaren nachgewiesen (MUF, 2000). In der Wieslauter, einem linksrheinischen Zufluss wurde ein mehrjähriger Besatz mit Quappen zur Entwicklung einer stabilen Population durchgeführt (MUF, 2000). Es ist derzeit unklar, ob diese Maßnahme erfolgreich war.

L059 Gülper See/Rhin

Tabelle 16: Population L059

Population	L059
Gewässer¹	Gülper See/Rhin
Gewässertyp nach WRRL¹	Keine Zuordnung
Haupteinzugsgebiet²	Elbe
Gemeinde³	Havelaue
Kreis³	Havelland
Bundesland³	BB
Schutzgebietsstatus⁴	Vogelschutzgebiet, FFH-Gebiet, Naturschutzgebiet, Landschaftsschutzgebiet, Nationalpark, Naturpark
Landschaft⁵	Untere Havelniederung
Besonders schutzwürdige Landschaft⁵	ja
Geographische Lage	52° 44' N, 12° 15' E
Höhe (m über NN)⁶	21
Wildpopulation nach GAK-Liste⁷	Untere Havel
Besatz	keine Hinweise
Bewirtschaftung	Berufs- und Angelfischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden⁸	ja
Abfluss	Havel → Elbe → Nordsee

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

Im Gülper See und dem durchfließenden Rhin kommt die Quappe regelmäßig vor. Das Gewässer ist ein glazialer Flachsee, dessen Hydrologie von den Wasserständen der Elbe, bzw. der Havel beeinflusst wird. Die untere Havelniederung ist das größte zusammenhängende Binnenfeuchtgebiet Mitteleuropas und durch häufige, lange Überflutungsperioden gekennzeichnet.

Untersuchte Bestände des Bodensees

Im Rahmen dieser Studie wurden zwei Populationen im Bodensee (L024, L061) untersucht. Der Bodensee ist einer der größten und tiefsten Seen von Zentraleuropa. Er ist für die Besiedlungsgeschichte verschiedenster Fischarten von besonderer

Bedeutung, da er aufgrund seiner Lage die engste Berührungszone zwischen den Großeinzugsgebieten Rhein und Donau darstellt. Die Quappe ist im gesamten Bodensee vertreten. Für diese Art stellt der Bodensee eine Kontaktzone für zwei unterschiedliche genetische Kladen dar. Die ‚atlantische‘ und die ‚danubische‘ Klade koexistieren im Bodenseegebiet (Barluenga et al. 2006).

L024 Bodensee

Tabelle 17: Population L024

Population	L024
Gewässer¹	Bodensee
Gewässertyp nach WRRL¹	Keine Zuordnung
Haupteinzugsgebiet²	Rhein
Gemeinde³	Lindau (Bodensee)
Kreis³	Lindau (Bodensee)
Bundesland³	BY
Schutzgebietsstatus⁴	Kein Schutzgebietsstatus
Landschaft⁵	Östliches Bodenseebecken
Besonders schutzwürdige Landschaft⁵	nein
Geographische Lage	47° 33' N, 9° 35' E
Höhe (m über NN)⁶	392
Wildpopulation nach GAK-Liste⁷	nein
Besatz	keine Hinweise
Bewirtschaftung	Berufs- und Angelfischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden⁸	ja
Abfluss	Rhein → Nordsee

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

L061 Bodensee

Tabelle 18: Population L061

Population	L061
Gewässer¹	Bodensee
Gewässertyp nach WRRL¹	Keine Zuordnung
Haupteinzugsgebiet²	Rhein
Gemeinde³	Friedrichshafen
Kreis³	Bodenseekreis
Bundesland³	BW
Schutzgebietsstatus⁴	FFH-Gebiet
Landschaft⁵	Östliches Bodenseebecken
Besonders schutzwürdige Landschaft⁵	nein
Geographische Lage	47° 39' N, 9° 24' E
Höhe (m über NN)⁶	392
Wildpopulation nach GAK-Liste⁷	nein
Besatz	keine Hinweise, unwahrscheinlich
Bewirtschaftung	Berufs- und Angelfischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden⁸	ja
Abfluss	Rhein → Nordsee

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

Untersuchte Bestände der Elbe

Insgesamt wurden in dem Hauptgewässer der Elbe vier Standorte beprobt (L051, L052, L053 und L063). Die Quappe war in der Elbe sowie deren Nebengewässern ehemals weit verbreitet und wurde im Zuge ihrer Laichwanderungen aus der Elbemündung in die Mittelelbe und die Elbnebenflüsse im Winter z.T. mit enormen Stückgewichten gefangen. Traditionell wurden in der Elbe zwei Formen der Quappe unterschieden. Eine großwüchsige, wahrscheinlich wandernde und eine kleinwüchsige, vermutlich eher stationäre Form. Ob es sich bei diesen Formen um getrennte Populationen, altersspezifische Ausprägungen oder verschiedene Lebenszyklusstrategien innerhalb einzelner Populationen handelt ist unbekannt. In den 1960er Jahren brach der Quappenbestand mit Bau des Stauwehres in Geestacht oberhalb des Wehres zusammen. Insbesondere die großwüchsige Form

der Quappe galt als verschollen. Seit Mitte der 1990er Jahre ist die Quappe mit zunehmender Verbesserung der Wasserqualität auch wieder vermehrt in der Elbe verbreitet (Ministerium für Landwirtschaft und Umwelt des Landes Sachsen-Anhalt 2012). Im Jahr 2010 wurde eine neue Fischwechsellanlage am Stauwehr Geestacht in Betrieb genommen. In den darauffolgenden Jahren wurden mit zunehmendem Trend wieder einzelne Fänge großwüchsiger Formen der Quappe berichtet (pers. Mit. E. Fladung). Hinweise auf einzelne Besatzmaßnahmen zu den jeweiligen Untersuchungsstrecken in der Elbe liegen nicht vor. Insgesamt hat es in der Elbe und einigen Nebengewässern in der Vergangenheit jedoch diversen Besatz mit Quappen gegeben.

L051 Elbe

Tabelle 19: Population L051

Population	L051
Gewässer¹	Elbe
Gewässertyp nach WRRL¹	Sandgeprägte Ströme
Haupteinzugsgebiet²	Elbe
Gemeinde³	Tangerhütte
Kreis³	Stendal
Bundesland³	ST
Schutzgebietsstatus⁴	Vogelschutzgebiet, FFH-Gebiet, Landschaftsschutzgebiet, Nationalpark, Biosphärenreservat
Landschaft⁵	Märkische Elbtalniederung
Besonders schutzwürdige Landschaft⁵	nein
Geographische Lage	52° 28' N, 11° 59' E
Höhe (m über NN)⁶	28
Wildpopulation nach GAK-Liste⁷	Mittellbegebiet mit Aland-Biese
Besatz	keine Hinweise
Bewirtschaftung	Berufs- und Angelfischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden⁸	ja
Abfluss	Nordsee

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

L052 Elbe

Tabelle 20: Population L052

Population	L052
Gewässer¹	Elbe
Gewässertyp nach WRRL¹	Ströme des Tieflandes
Haupteinzugsgebiet²	Elbe
Gemeinde³	Hamburg
Kreis³	Hamburg
Bundesland³	NI/HH
Schutzgebietsstatus⁴	FFH-Gebiet, Landschaftsschutzgebiet
Landschaft⁵	Untere Mittelelbe-Niederung
Besonders schutzwürdige Landschaft⁵	nein
Geographische Lage	53° 24' N, 10° 15' E
Höhe (m über NN)⁶	1
Wildpopulation nach GAK-Liste⁷	Untere Elbe zwischen Hamburg und Schnackenburg
Besatz	Keine Hinweise
Bewirtschaftung	Berufs- und Angelfischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden⁸	ja
Abfluss	Nordsee

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

L053 Elbe**Tabelle 21: Population L053**

Population	L053
Gewässer¹	Elbe
Gewässertyp nach WRRL¹	Sandgeprägte Ströme
Haupteinzugsgebiet²	Elbe
Gemeinde³	Gorleben
Kreis³	Lüchow-Dannenberg
Bundesland³	NI/BB
Schutzgebietsstatus⁴	Vogelschutzgebiet, FFH-Gebiet, Nationalpark, Biosphärenreservat
Landschaft⁵	Untere Mittelelbe-Niederung
Besonders schutzwürdige Landschaft⁵	nein
Geographische Lage	53° 3' N, 11° 21' E
Höhe (m über NN)⁶	10
Wildpopulation nach GAK-Liste⁷	Untere Elbe zwischen Hamburg und Schnackenburg
Besatz	keine Hinweise
Bewirtschaftung	Berufs- und Angelfischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden⁸	ja
Abfluss	Nordsee

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

L063 Elbe

Tabelle 22: Population L063

Population	L063
Gewässer¹	Elbe
Gewässertyp nach WRRL¹	Sandgeprägte Ströme
Haupteinzugsgebiet²	Elbe
Gemeinde³	Hohnstorf (Elbe)
Kreis³	Lüneburg
Bundesland³	NI/SH
Schutzgebietsstatus⁴	FFH-Gebiet
Landschaft⁵	Untere Mittelelbe-Niederung
Besonders schutzwürdige Landschaft⁵	nein
Geographische Lage	53° 22' N, 10° 33' E
Höhe (m über NN)⁶	1
Wildpopulation nach GAK-Liste⁷	Untere Elbe zwischen Hamburg und Schnackenburg
Besatz	keine Hinweise
Bewirtschaftung	Berufs- und Angelfischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden⁸	ja
Abfluss	Nordsee

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

Untersuchte Bestände der Oder und des Stettiner Haffs

Insgesamt wurden im Hauptstrom der Oder vier Standorte beprobt (L012, L012.2, L012.3 und L057). In der Oder ist die Quappe derzeit mit stabilen Beständen zu finden. Während für die Quappe vor ca. 20 Jahren noch einen Bestandsrückgang in der Oder zu vermerken war, konnte in den letzten Jahren ein positiver Trend verzeichnet werden (Scharf et al. 2011). Dies wird vor allem auf die Wiederherstellung der Passierbarkeit der Oder zurückzuführen ist. Dokumentiert wurden in den letzten Jahren die zunehmenden Bestandsgrößen mit großwüchsigen Wandertieren. In der unteren Oder und im Haff ist die Quappe häufig. In vielen Nebengewässern der Oder fehlt die Quappe z.T. immer noch oder ist nur selten vertreten. Zwei Probenahmen an der unteren Oder (L012, L012.3) erfolgten in Blocksteinschüttungen im Uferbereich. Eine weitere Probenahme (L012.2) wurde

mittels Zugnetzbefischung im Tiefenwasser des Hauptstroms durchgeführt.

Zwei untersuchte Populationen stammen aus dem Stettiner Haff (L050, L056). Im Stettiner Haff werden vor allem seit den 1990er Jahren wieder Zunahmen der kommerziellen Quappenfänge berichtet. Im Stettiner Haff ist bekannt, dass die hier vorkommenden großen Wanderquappen regelmäßig im Winter lange Laichwanderungen bis hin zum Oderbruch unternehmen (Scharf et al. 2011).

Hinweise auf einzelne Besatzmaßnahmen zu den jeweiligen Untersuchungsstrecken in der Oder und dem Stettiner Haff liegen nicht vor. Insgesamt hat es in der Oder in der Vergangenheit jedoch vermutlich Quappenbesatz gegeben. Unklar bleibt die Situation auf polnischer Seite.

L012 Oder

Tabelle 23: Population L012

Population	L012
Gewässer ¹	Oder
Gewässertyp nach WRRL ¹	Ströme des Tieflandes
Haupteinzugsgebiet ²	Oder
Gemeinde ³	Schwedt/Oder
Kreis ³	Uckermark
Bundesland ³	BB
Schutzgebietsstatus ⁴	Vogelschutzgebiet, FFH-Gebiet, Naturschutzgebiet, Nationalpark
Landschaft ⁵	Untere Odertalniederung
Besonders schutzwürdige Landschaft ⁵	nein
Geographische Lage	53° 4' N, 14° 21' E
Höhe (m über NN) ⁶	2
Wildpopulation nach GAK-Liste ⁷	Untere Oder
Besatz	keine Hinweise
Bewirtschaftung	Berufs- und Angelfischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden ⁸	ja
Abfluss	Stettiner Haff → Ostsee

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

L012.2 Oder

Tabelle 24: Population L012.2

Population	L012.2
Gewässer ¹	Oder
Gewässertyp nach WRRL ¹	Ströme des Tieflandes
Haupteinzugsgebiet ²	Oder
Gemeinde ³	Lunow-Stolzenhagen
Kreis ³	Barnim
Bundesland ³	BB
Schutzgebietsstatus ⁴	Vogelschutzgebiet, FFH-Gebiet, Naturschutzgebiet, Nationalpark
Landschaft ⁵	Keine Zuordnung
Besonders schutzwürdige Landschaft ⁵	nein
Geographische Lage	52° 56' N, 14° 8' E
Höhe (m über NN) ⁶	3
Wildpopulation nach GAK-Liste ⁷	nein
Besatz	keine Hinweise
Bewirtschaftung	Berufs- und Angelfischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden ⁸	ja
Abfluss	Stettiner Haff → Ostsee

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

L012.3 Oder**Tabelle 25: Population L012.3**

Population	L012.3
Gewässer¹	Oder
Gewässertyp nach WRRL¹	Sand- und lehmgeprägte Tieflandflüsse
Haupteinzugsgebiet²	Oder
Gemeinde³	Schwedt/Oder
Kreis³	Uckermark
Bundesland³	BB
Schutzgebietsstatus⁴	Nationalpark
Landschaft⁵	Untere Odertalniederung
Besonders schutzwürdige Landschaft⁵	nein
Geographische Lage	53° 3' N, 14° 17' E
Höhe (m über NN)⁶	2
Wildpopulation nach GAK-Liste⁷	Untere Oder
Besatz	keine Hinweise
Bewirtschaftung	Berufs- und Angelfischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden⁸	ja
Abfluss	Stettiner Haff → Ostsee

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

L050 Stettiner Haff

Tabelle 26: Population L050

Population	L050
Gewässer¹	Stettiner Haff
Gewässertyp nach WRRL¹	Keine Zuordnung
Haupteinzugsgebiet²	Oder
Gemeinde³	Ueckermünde
Kreis³	Vorpommern-Greifswald
Bundesland³	MV
Schutzgebietsstatus⁴	Vogelschutzgebiet, FFH-Gebiet
Landschaft⁵	Keine Zuordnung
Besonders schutzwürdige Landschaft⁵	nein
Geographische Lage	53° 46' N, 14° 4' E
Höhe (m über NN)⁶	0
Wildpopulation nach GAK-Liste⁷	nein
Besatz	keine Hinweise
Bewirtschaftung	Berufs- und Angelfischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden⁸	ja
Abfluss	Ostsee

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

L056 Stettiner Haff**Tabelle 27: Population L056**

Population	L056
Gewässer¹	Stettiner Haff
Gewässertyp nach WRRL¹	Keine Zuordnung
Haupteinzugsgebiet²	Oder
Gemeinde³	NA
Kreis³	NA
Bundesland³	MV
Schutzgebietsstatus⁴	Kein Schutzgebietsstatus
Landschaft⁵	Keine Zuordnung
Besonders schutzwürdige Landschaft⁵	nein
Geographische Lage	53° 46' N, 14° 19' E
Höhe (m über NN)⁶	0
Wildpopulation nach GAK-Liste⁷	nein
Besatz	keine Hinweise
Bewirtschaftung	Berufs- und Angelfischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden⁸	ja
Abfluss	Ostsee

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

L057 Oder

Tabelle 28: Population L057

Population	L057
Gewässer ¹	Oder
Gewässertyp nach WRRL ¹	Keine Zuordnung
Haupteinzugsgebiet ²	Oder
Gemeinde ³	NA
Kreis ³	NA
Bundesland ³	MV/PL
Schutzgebietsstatus ⁴	Kein Schutzgebietsstatus
Landschaft ⁵	Keine Zuordnung
Besonders schutzwürdige Landschaft ⁵	nein
Geographische Lage	53° 37' N, 14° 35' E
Höhe (m über NN) ⁶	0
Wildpopulation nach GAK-Liste ⁷	nein
Besatz	keine Hinweise
Bewirtschaftung	Berufs- und Angelfischerei
Auf Verbreitungskarte vorhanden ⁸	nein
Abfluss	Stettiner Haff → Ostsee

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

Untersuchte Zuchtbestände

L000 Zucht

Tabelle 29: Population L000

Population	L000
Gewässer ¹	Zucht
Haupteinzugsgebiet ²	(Rhein)
Bundesland ³	BW
Geographische Lage	NA
Wildpopulation nach GAK-Liste ⁴	nein
Besatz	Zucht
Bewirtschaftung	Zucht

Quellen: 1: (BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009).

Dieser privatwirtschaftliche Zuchtbetrieb liegt in Baden-Württemberg. Der Zuchtstamm rekrutiert sich vermutlich überwiegend aus Elterntieren aus dem Rheineinzugsgebiet. Eine ausreichend zuverlässige Zuordnung der tatsächlich untersuchten Individuen konnte jedoch nicht realisiert werden.

L044.1 Zucht

Tabelle 30: Population L044.1

Population	L044.1
Gewässer ¹	Zucht
Haupteinzugsgebiet ²	Oder
Bundesland ³	NW
Geographische Lage	NA
Wildpopulation nach GAK-Liste ⁴	nein
Besatz	Zucht
Bewirtschaftung	Zucht

Quellen: 1: (BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009).

Die Quappen mit denen der Zuchtstamm dieses privatwirtschaftlichen Betriebs begründet wurde, stammen nach Angaben des Betreibers aus dem Einzugsgebiet der Oder.

L044.2 Zucht

Tabelle 31: Population L044.2

Population	L044.2
Gewässer ¹	Zucht
Haupteinzugsgebiet ²	Rhein
Bundesland ³	NW
Geographische Lage	NA
Wildpopulation nach GAK-Liste ⁴	nein
Besatz	Zucht
Bewirtschaftung	Zucht

Quellen: 1: (BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009).

Die Quappen mit denen der Zuchtstamm dieses privatwirtschaftlichen Betriebs begründet wurde stammen nach Angaben des Betreibers aus dem Einzugsgebiet des Rheins.

L048 Zucht

Tabelle 32: Population L048

Population	L048
Gewässer ¹	Zucht
Haupteinzugsgebiet ²	NA
Bundesland ³	NI
Geographische Lage	NA
Wildpopulation nach GAK-Liste ⁴	nein
Besatz	Zucht
Bewirtschaftung	Zucht

Quellen: 1: (BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009).

Die Herkunft der Quappen, die über diesen privatwirtschaftlichen Betrieb bundesweit vertrieben werden, konnte nicht abschließend geklärt werden.

L060 Zucht

Tabelle 33: Population L060

Population	L060
Gewässer ¹	Zucht
Haupteinzugsgebiet ²	Donau
Bundesland ³	BY
Geographische Lage	48° 8' N, 10° 29' E
Wildpopulation nach GAK-Liste ⁴	nein
Besatz	Zucht
Bewirtschaftung	Zucht

Quellen: 1: (BfG 2011), 2: (Lehner et al. 2008), 3: (Curran et al. 2012), 4: (GENRES - Informationssystem Genetische Ressourcen 2009).

Die Population L060 stammt aus dem Donaueinzugsgebiet. Dieser Zuchtstamm der Fischereifachberatung des Bezirks Schwaben (Lehr- und Beispielbetrieb Fischereihof Salgen) in Bayern wurde über diverse Jahre aus verschiedenen Gewässern der Region aufgebaut und wird auch als Besatzmaterial an die örtlichen Angelvereine abgegeben. Der Betrieb ist an die Mindel (→ Donau → Schwarzes Meer), einem Bach der Voralpen in den „Unteren Iller-Lech-Schotterplatten“ angeschlossen. Diese Zuchtpopulation stellt eine bestmögliche Annäherung an den autochthonen Quappenbestand der Region dar, da der Zuchtstamm sowohl aus der Region stammt als auch in der Region verbreitet wird. Somit kann die Population als repräsentativ für die Region des Schwäbischen Alpenvorlandes angesehen werden.

4.2 Laborarbeit

4.2.1 Sequenzanalysen

Insgesamt wurden 332 Gewebeproben (Flossenschnitte) für die Sequenzanalyse herangezogen. Direkt im Anschluss der Entnahme wurde das Gewebe 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 wurde wenn möglich von jeweils mindestens 10 Individuen pro Population ein DNA-Abschnitt der Kontrollregion ausgewählt. Die Sequenzierung erfolgte mit den Primern L-Pro (Meyer et al. 1994) und H00651

(Kocher et al. 1989). Die PCR Bedingungen waren wie folgt: Nach einer initialen Denaturierung von 4 min bei 94°C erfolgten 34 Zyklen von je 1 min bei 93°C, 1 min bei 50°C und 2 min bei 72°C. Im Anschluss daran folgte ein finaler Elongationsschritt von 5 min bei 72°C.

Die Sequenzierung der DNA in „forward-“ und „reverse-“ Richtung wurde von der Firma Seq IT GmbH & Co.KG in Kaiserslautern durchgeführt. Durch die Zusammenlagerung (Alignment) der beiden DNA-Abschnitte, konnte ein 836 Basenpaare (bp) langer DNA-Abschnitt erzeugt werden.

4.2.2 Mikrosatellitenanalysen

Von 1010 Gewebeproben aus 32 Populationen wurde eine erfolgreiche Mikrosatellitenanalyse durchgeführt. Für die Mikrosatellitenanalyse wurden 12 Loci aufgrund ihres Polymorphismusgrades ausgewählt (Llo1, Llo6, Llo7, Llo12, Llo13, Llo15, Llo16, Llo21, Llo22, Llo26, Llo32, Llo34; Sanetra & Meyer 2005) und in drei Multiplex-PCR`s zusammengefasst (Tab. 34). Die PCR Bedingungen waren wie folgt: Nach einer initialen Denaturierung von 5 min bei 95°C erfolgten 30 Zyklen von je 30 s bei 94°C, 90 s bei 57°C und 1 min bei 72°C. Im Anschluss daran folgte ein finaler Elongationsschritt von 30 min bei 60°C. Die Mikrosatellitenloci wurden mittels automatisiertem Sequenzierer (CEQ 8000 Genetic Analysis System, Beckman Coulter, Fullerton, USA) mit dem GenomeLab DNA Größenstandard Kit - 400 oder 600 analysiert. Dabei wurden 10% aller Proben zufällig für eine Wiederholung ausgewählt um den Fehlerindex zu berechnen und damit die Reproduzierbarkeit zu gewährleisten. Der ermittelte Fehlerindex von 2,08% sollte die Ergebnisse der Studie nicht beeinflussen.

Tabelle 34: Informationen zu den verwendeten Mikrosatellitenmarkern (Sanetra & Meyer 2005).

Multiplex Set	Marker	Primer Sequenz	Konzentration (μM)
Batch 1	Llo1	F: CCTAACTCGCTGTGTCAC TTTC R: GCACTGTTTAATGCCACTGC	0,32
	Llo7	F: GATGCGACCATTTGTCTGTG R: TTTTATTTACGGGCCTGAC	0,02
	Llo12	F: CAAACTGCTCTGCTGTCTGC R: TCTGTGCGAGACTTGGGAAGG	0,02
	Llo22	F: TGGATGGTTTGAGAGAGACTG R: GGAGGAGCTGAGCAGTAAGA	0,16
Batch 2	Llo6	F: GAACCAAAGGCGTTTGTGAG R: CCTCCAGACAAACCCTCATC	0,01
	Llo13	F: TGGCTTAATCTCTGGTTGCAG R: GAGTTCACTGCCATAATCAGTCC	0,16
	Llo15	F: ACTCAGGGCTGTGTGGTCTG R: ACGTGTGCTCCCTTGCTC	0,32
	Llo34	F: AAGAAGATTGCACAGAGAGC R: TGACAGTGTTCAGACAAG	0,08
Batch 3	Llo16	F: GTGCACGCTCTTTCAATCAC R: AAAACCCCTGTCTGTTGCAG	0,04
	Llo21	F: GACACATGCGCTGCACATAC R: GCCTCAAAAACACAACAGGAG	0,08
	Llo26	F: CACTTTTAGGACCAATACATACACG R: GGTTACAGGCTTACATAAATGG	0,32
	Llo32	F: CACTCCCGAAAAATAAACAC R: GTTTTCACCCTTCTTACGTG	0,16

4.3 Datenanalysen

4.3.1 Sequenzanalysen

Alle Sequenzen wurden mit dem Programm Geneious v. 6.0.6 bearbeitet und zusammengeführt. 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; Bandelt et al. 1999) wurden Median-Joining-Netzwerke erstellt. Alle Sequenzen wurden durch zwei Referenz-Netzwerke, die mit Hilfe von Daten aus der Literatur (Van Houdt et al. 2005; Barluenga et al. 2006) erstellt und den bereits bekannten Haplotypen zugeordnet oder auch neue identifiziert. Für die Zuordnung der Haplotypen wurden die Daten von Van Houdt et al. (2005) und Barluenga et al. (2006) aus der Datenbank Genbank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) heruntergeladen und mit den Sequenzen dieser Studie

in einem Alignment verglichen. Dabei ist zu beachten, dass die Sequenzen von Van Houdt et al. (2005) mit 423 bp deutlich kürzer als die Sequenzen dieser Studie (836 bp) sind. Hier wurde zum direkten Vergleich lediglich ein sich überlappende Sequenzabschnitt von 397 bp betrachtet und die Haplotypen wurden den nach Van Houdt et al. (2005) benannten Kladen zugeordnet. Beim Vergleich der Sequenzen dieser Studie mit denen von Barluenga et al. (2006) konnte der komplette generierte Sequenzabschnitt von 836 bp abgeglichen werden, da die Sequenzen von Barluenga et al. (2006) 891 bp lang sind. Die Bezeichnungen der einzelnen Haplotypen wurden nach Van Houdt et al. (2005) und Barluenga et al. (2006) übernommen bzw. weitergeführt, während eindeutig neue Haplotypen mit dem Kürzel `LL` und einer entsprechenden Zahl durchnummeriert wurden.

4.3.2 Mikrosatellitenanalysen

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 der 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.

Zur Untersuchung der Gruppierungen einzelner Individuen bzw. Gruppen (Bayesische Clusteranalyse) wurde das Programm BAPS v 5.4 (Corander et al. 2007) verwendet. Es wurden vordefinierte Gruppen verwendet, wobei zuerst alle Individuen aus einem Flusseinzugsgebiet als Gruppe definiert wurden und als maximale Anzahl möglicher Cluster 7 angegeben wurde. Bei den beiden folgenden Analysen auf Populationsebene wurden lediglich die Populationen mit einbezogen ($n=25$), bei denen von ≥ 10 Individuen pro Population Daten aus der Mikrosatellitenanalyse zur

Verfügung standen. Dazu wurden jeweils alle Individuen einer Population als eine Gruppe behandelt und als maximale Anzahl an Cluster 25 definiert. Die Analyse wurde jeweils fünfmal wiederholt, um so die wahrscheinlichste Anzahl an K (Anzahl der Cluster) festlegen zu können. Zusätzlich wurde auf der Basis der Clusteranalyse für die 978 untersuchten Individuen aus den 25 Populationen der Anteil der genetischen Abstammung von den gefundenen Clustern in einer Admixture-Analyse ermittelt.

Zur räumlichen Darstellung wurden die Informationen zu diversen genetischen Indizes der untersuchten Populationen mittels des Geographischen Informationssystems zusammengeführt und graphisch in Karten dargestellt. Zur übersichtlichen Darstellung wurden die jeweiligen Werte (Haplotypen-Diversität, H_e , AR, private Allele) anhand ihrer Häufigkeitsverteilungen in jeweils vier Quartile gegliedert.

5. Ergebnisse

Insgesamt konnten über den Projektzeitraum 1016 Tiere aus 32 Herkünften beprobt werden. Von diesen wurden 332 Individuen mittels Sequenzanalyse und 1010 Individuen mittels Mikrosatellitenanalyse untersucht. Die Informationen zu den einzelnen Populationen, deren Herkunft und die Individuenzahl sind der Tabelle 1 zu entnehmen.

5.1 Populationsstruktur

Die Totallänge konnte von Tieren aus 27 Populationen (927 Individuen) erfasst werden. Die Verteilung der Größenklassen reicht von 2,3 cm bis hin zu 87 cm. Die meisten Individuen (57,61%) sind der Größenklasse zwischen 20 – 35 cm zuzuordnen (Abb. 3). Die durchschnittlichen Längen und Gewichte sowie die Korpulenzfaktoren (k) der untersuchten Populationen sind in Tabelle 35 aufgeführt. Die Längenhäufigkeitsverteilung aller Individuen sowie der einzelnen Flusseinzugsgebiete sind in den Abbildungen 3 und 4 dargestellt. Die Gewichts-Längen-Verhältnisse aller untersuchten Individuen zeigen keine relevanten Unterschiede zwischen den untersuchten Flusseinzugsgebieten (Abb. 5). Im Vergleich einzelner Populationen aus unterschiedlichen Flusseinzugsgebieten (Abb. 6) zeigen sich lediglich geringfügige Abweichungen zwischen der Donaupopulation (L060) und der Zuchtpopulation (L048). Diese können einerseits durch Messungenauigkeiten (unterschiedlich sensitive Waagen) bei Fischen von geringem Gewicht hervorgerufen werden oder aber auf mögliche Unterschiede in den Aufwuchsbedingungen, vor allem in der Zucht, zurückzuführen sein. Auch zwischen den Populationen innerhalb der Flusseinzugsgebiete scheinen sich die Gewichts-Längen-Verhältnisse nicht wesentlich voneinander zu unterscheiden (Abb. 7).

Tabelle 35: Durchschnittswerte der Längen und Gewichte der untersuchten Populationen. Angegeben sind die minimale (min TL), maximale (max TL) und die durchschnittliche Totallänge (\emptyset TL), das minimale (min M), maximale (max M) und das durchschnittliche Gewicht (\emptyset M) sowie der durchschnittliche Korpulenzfaktor (k) aller untersuchten Populationen.

Population	min TL (mm)	max TL (mm)	\emptyset TL (mm)	min M (g)	max M (g)	\emptyset M (g)	k
L000	-	-	-	-	-	-	-
L001	214	377	288	88	419	210	0,86
L007	360	540	419	285	1460	512	0,65
L011	145	335	220	20	263	81	0,67
L012	155	310	203	29	188	58	0,67
L012.2	515	750	598	1126	3908	1845	0,82
L012.3	160	580	297	62	1412	258	0,86
L018	210	400	286	65	370	156	0,64
L023	196	467	288	42	440	150	0,58
L024	222	427	325	65	550	247	0,69
L036	377	377	-	-	-	-	-
L038	220	390	284	82	330	156	0,67
L040	310	435	382	116	435	282	0,47
L041	250	420	315	130	645	292	0,90
L043	-	-	-	280	680	419	-
L044.1	-	-	-	-	-	-	-
L044.2	-	-	-	-	-	-	-
L045	135	355	256	14	285	137	0,75
L046	164	368	264	20	300	124	0,63
L047	150	280	216	24	131	64	0,61
L048	52	201	82	0,9	29	5	0,58
L049	350	350	-	350	350	-	0,82
L050	420	870	556	450	4050	1236	0,69
L051	61	735	387	2	2764	791	0,78
L052	186	712	404	39	3287	643	0,77
L053	83	526	296	5	1168	283	0,68
L056	230	510	358	-	-	-	-
L057	240	420	327	-	-	-	-
L059	240	390	298	100	369	212	0,79
L060	23	50	36	0,48	5	1	2,76
L061	-	-	-	-	-	-	-
L063	450	450	-	769	769	-	0,84

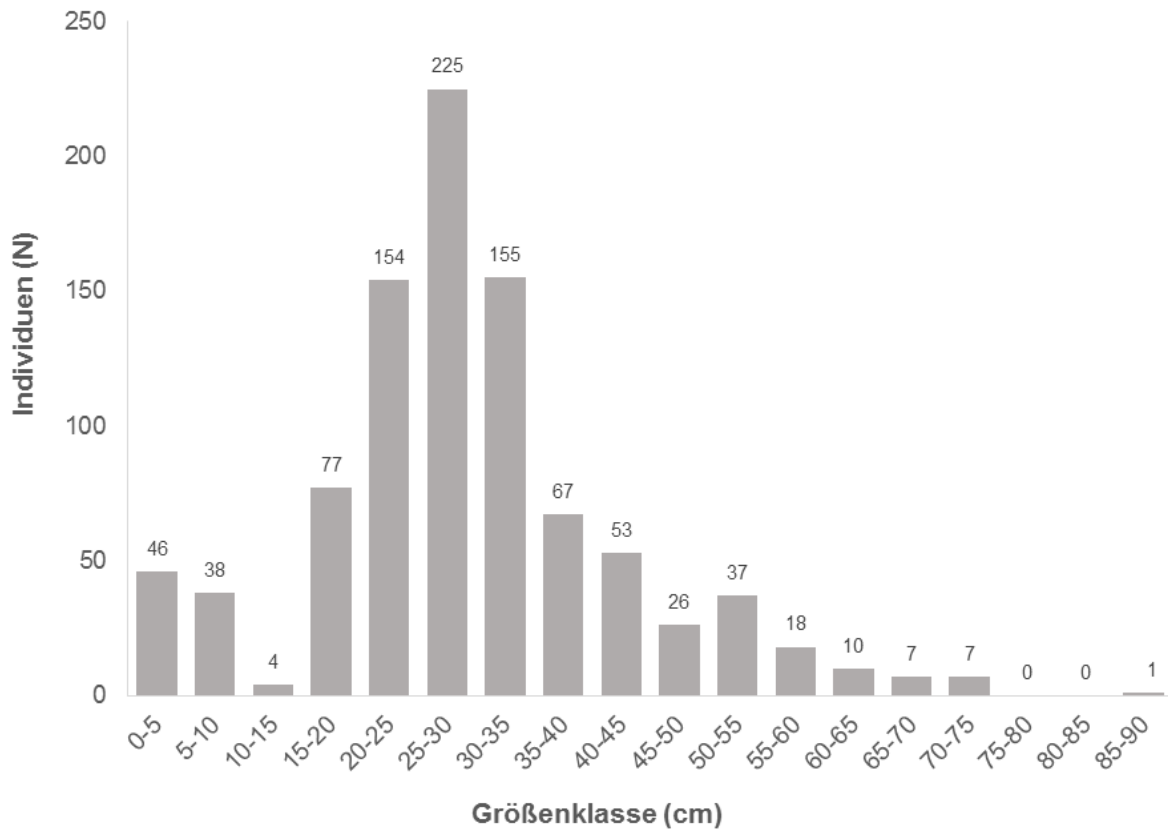


Abbildung 3: Anzahl aller untersuchten Individuen je Größenklasse (n=927).

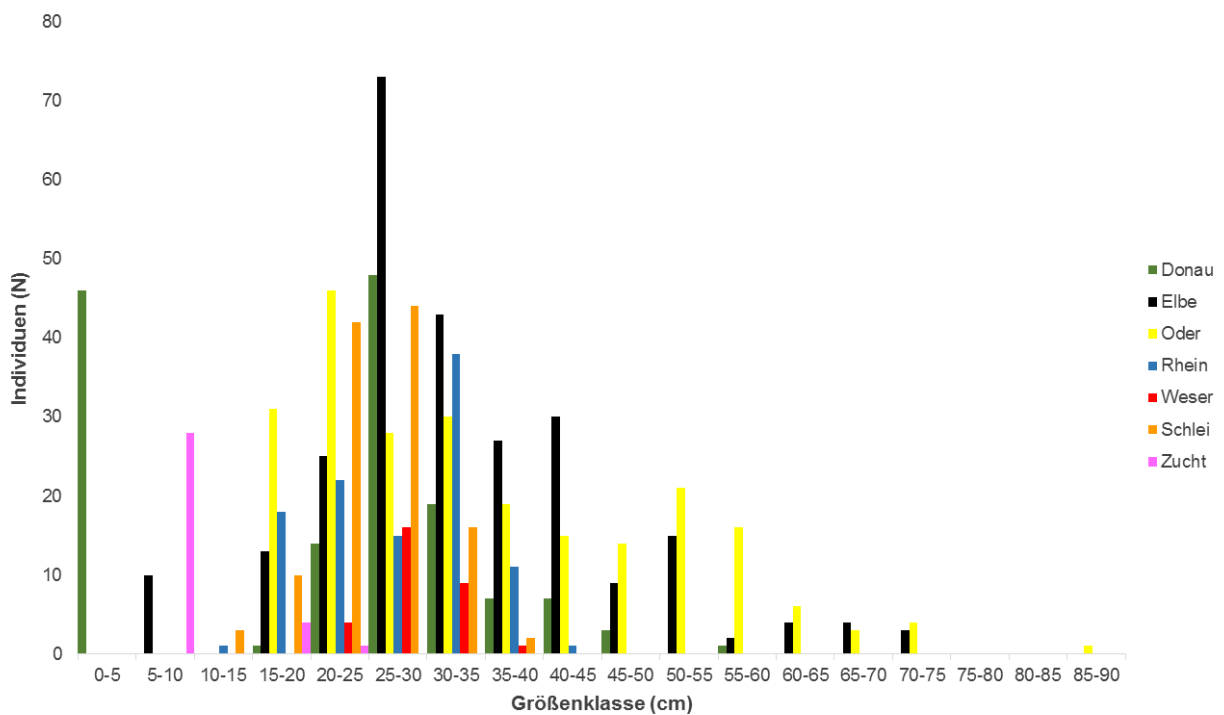


Abbildung 4: Anzahl untersuchter Individuen je Größenklasse aus der Donau (grün), der Weser (rot), dem Rhein (blau), der Elbe (schwarz), der Oder (gelb), der Schlei/Trave (orange) sowie den Zuchten (rosa).

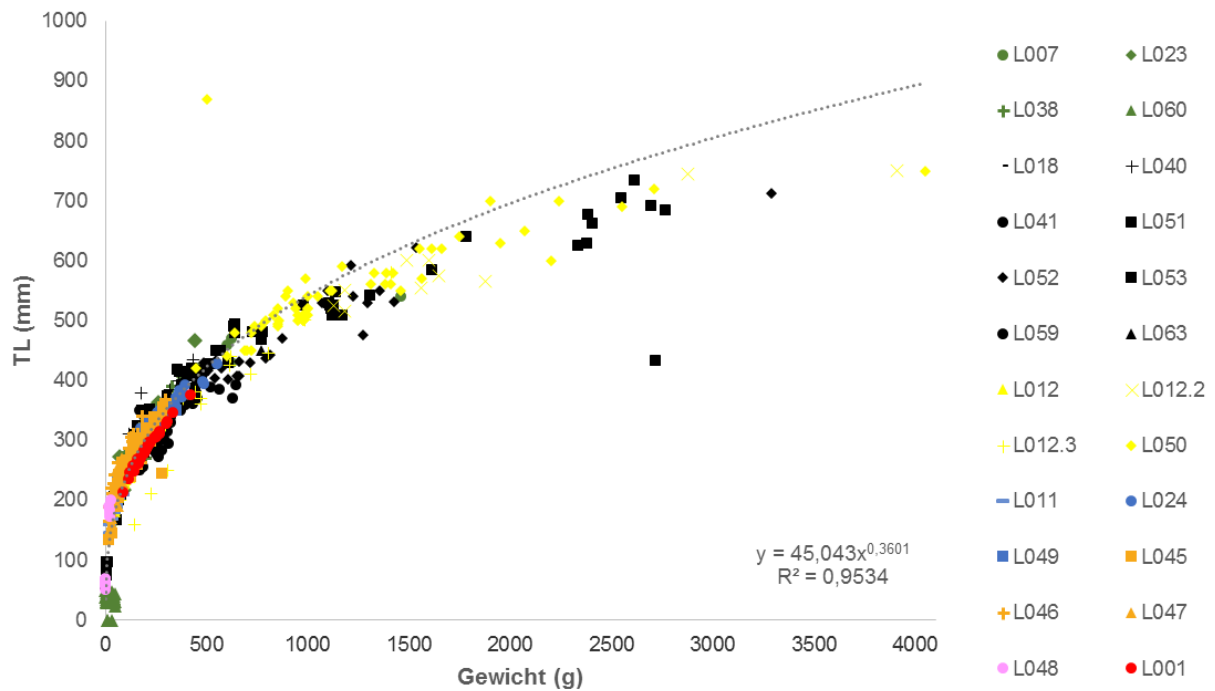


Abbildung 5: Gewichts-Längen-Verteilung aller vermessenen Individuen (n=908) aus der Donau (grün), der Weser (rot), dem Rhein (blau), der Elbe (schwarz), der Oder (gelb), der Schlei/Trave (orange) sowie den Zuchten (rosa). Jedes Symbol repräsentiert ein Individuum. Individuen mit gleichen Symbolen gehören zur gleichen Population

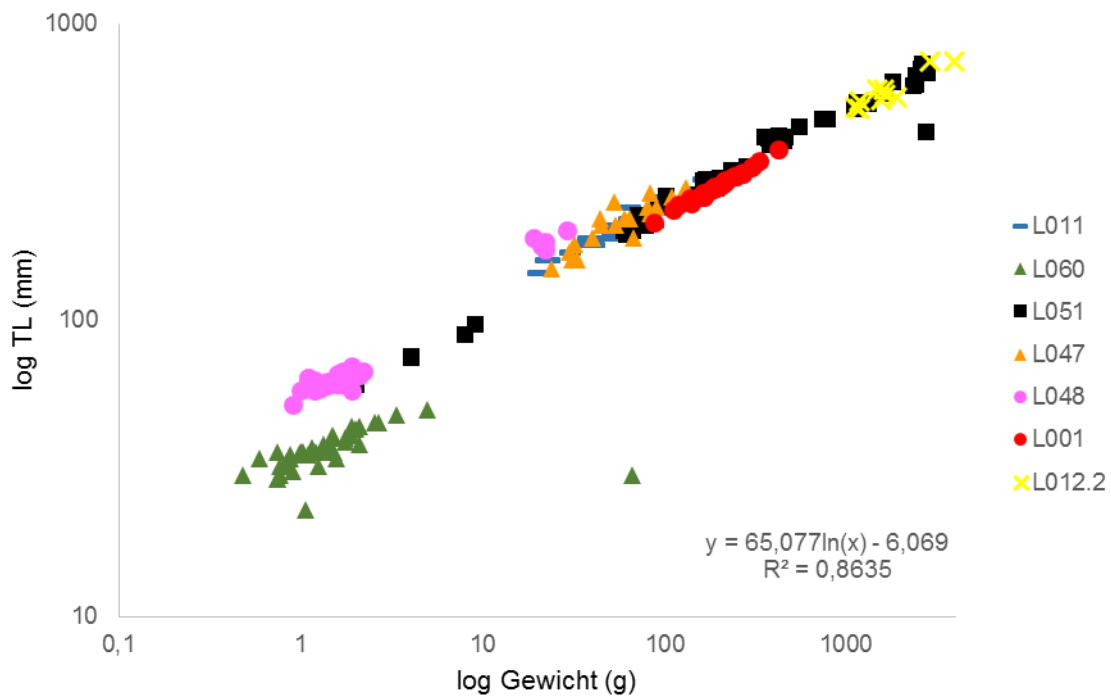


Abbildung 6: Darstellung der Gewichts-Längen-Verteilung zwischen ausgewählten Populationen der Flusseinzugsgebiete Donau (grün), der Weser (rot), dem Rhein (blau), der Elbe (schwarz), der Oder (gelb), der Schlei/Trave (orange) sowie den Zuchten (rosa). Jedes Symbol repräsentiert ein Individuum. Individuen mit gleichen Symbolen gehören zur gleichen Population.

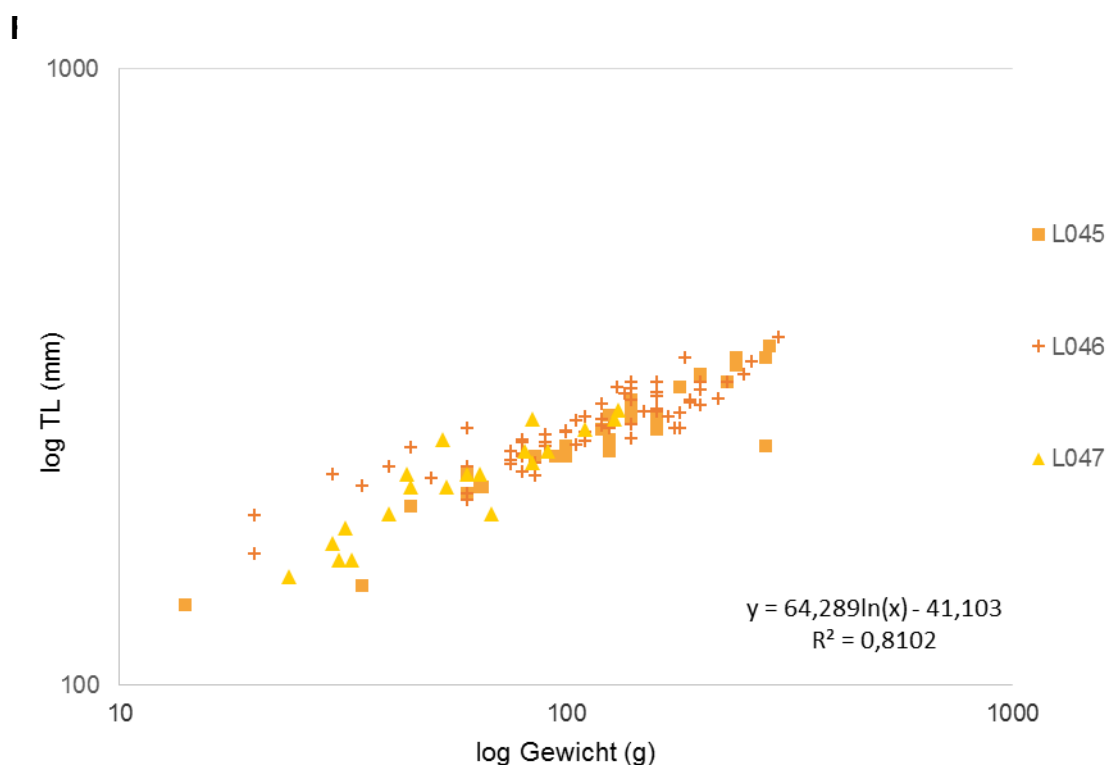


Abbildung 7: Darstellung der Gewichts-Längen-Verteilung zwischen den Populationen des Flusseinzugsgebietes Schlei/Trave (orange). Jedes Symbol repräsentiert ein Individuum. Individuen mit gleichen Symbolen gehören zur gleichen Population.

5.2 Sequenzanalysen

Es konnten Sequenzabschnitte der Kontrollregion von 836 bp erzeugt werden. Abbildung 8 zeigt das Haplotypennetzwerk mit Haplotypen der 397 bp langen Kontrollregion, welche mit den Sequenzabschnitten von Van Houdt et al. (2005) abgeglichen wurden. In Abbildung 6 ist das Haplotypennetzwerk bestehend aus den Haplotypen der kompletten 836 bp langen Kontrollregion der untersuchten Quappenpopulationen dargestellt.

In den 32 Populationen (332 Individuen) konnten 37 verschiedene Haplotypen nachgewiesen werden (Abb. 9), von denen 12 Haplotypen in dieser Studie neu identifiziert wurden und somit bisher in der Literatur nicht beschrieben sind. Weitere 14 von den insgesamt 37 Haplotypen stimmen zwar mit einem kürzeren Sequenzabschnitt (397 bp) mit Haplotypen aus der Studie von Van Houdt et al. (2005) überein, sind aber mit der vollen Länge (836 bp) in der Literatur ebenso nicht vertreten.

Die Haplotypen dieser Studie können nach Van Houdt et al. (2005) drei verschiedenen Kladen zugeordnet werden. Der Großteil der Individuen gehört demnach der eurasischen Klade an (Abb. 8, Abb. 9), welche in allen Flusseinzugsgebieten vertreten ist. Weitere Individuen sind der westeuropäischen Klade zuzuordnen. Individuen der westeuropäischen Klade konnten in den Flusseinzugsgebieten des Rheins, der Oder und der Schlei/Trave ermittelt werden. Zusätzlich konnte ein einziger Haplotyp der Beringsee-Klade zugeordnet werden. Hier handelt es sich um 21 Individuen aus sechs Populationen des Flusseinzugsgebietes der Oder (L012, L012.2, L12.3, L050, L056, L057). Haplotypen der nordeuropäischen und alaskischen Klade wurden nicht nachgewiesen.

Der mit Abstand am häufigsten vorkommende Haplotyp (n=103) ist der bereits von Barluenga et al. (2006) beschriebene Haplotyp Ipol01 (EB30 auf Grundlage von 397 bp nach Van Houdt et al. 2005), welcher in 23 der insgesamt 32 Populationen und allen untersuchten Flusseinzugsgebieten vertreten ist. Er wird der eurasischen Klade zugeordnet. Der am zeithäufigsten vertretene Haplotyp Ipol29 (eurasische Klade) konnte mit insgesamt 49 Individuen in den Einzugsgebieten Oder, Elbe und Donau nachgewiesen werden (Abb. 9).

Das Flusseinzugsgebiet der Elbe zeigt mit Abstand die meisten privaten Haplotypen

(n=12). Zwei Haplotypen kommen nur in dem Flusseinzugsgebiet der Oder vor, vier nur im Flusseinzugsgebiet des Rheins, fünf nur im Flusseinzugsgebiet der Donau und fünf nur im Flusseinzugsgebiet der Schlei/Trave. Keine privaten Haplotypen konnten in dem Einzugsgebiet der Weser sowie in den Zuchten nachgewiesen werden (Tab. 36). Abbildung 10 zeigt die privaten Haplotypen für jede untersuchte Population. Vor allem in den Populationen aus dem norddeutschen Raum wurden vermehrt private Haplotypen identifiziert. In den Populationen L052 und L053 konnten jeweils drei und in den Populationen L046 und L047 jeweils zwei private Haplotypen nachgewiesen werden.

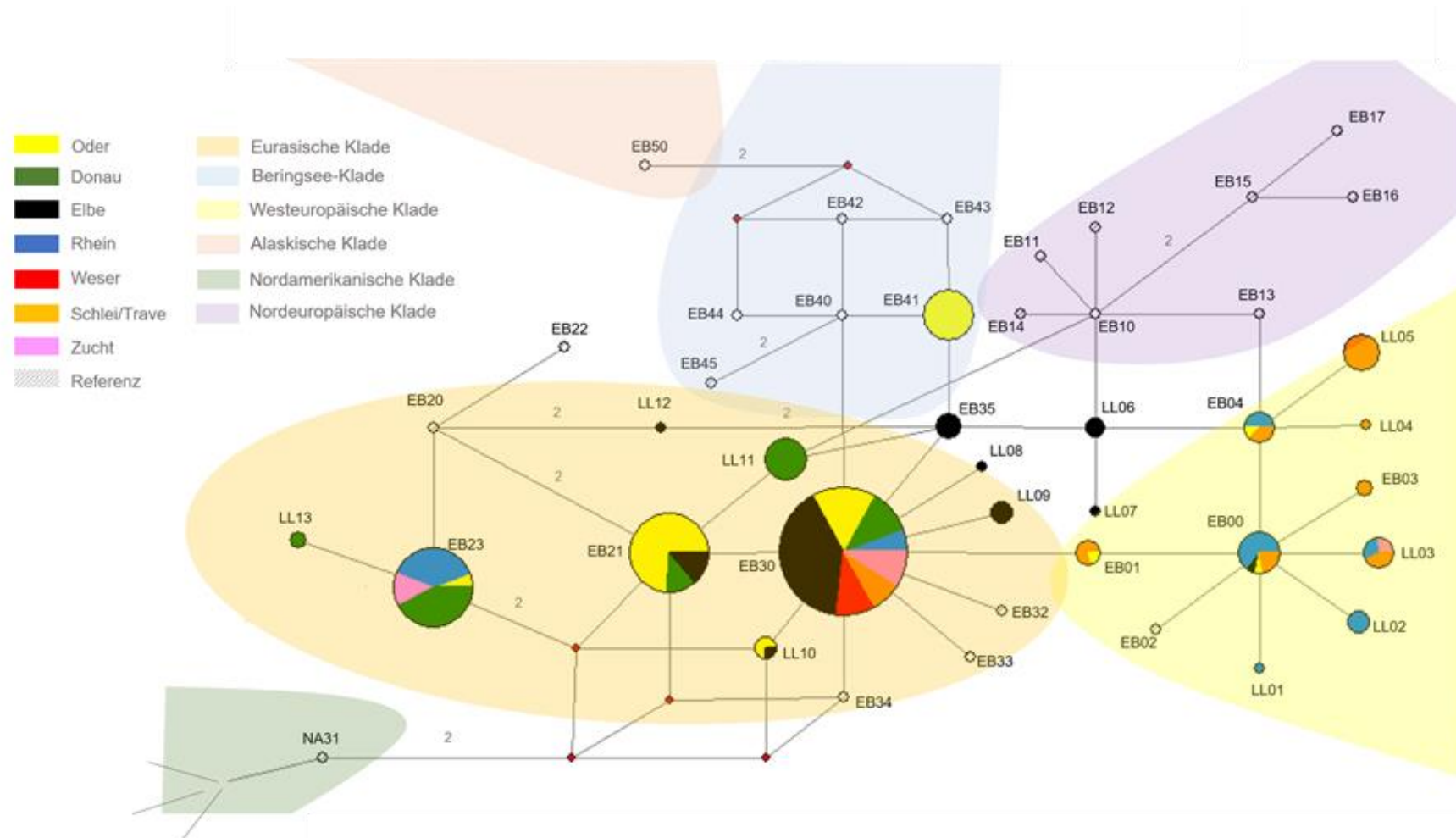


Abbildung 8: Median-Joining-Netzwerk bestehend aus den Haplotypen der 397 bp langen Kontrollregion, welche mit den Sequenzabschnitten von Van Houdt et al. (2005) übereinstimmen. Jeder Kreis symbolisiert einen Haplotyp. Die Größe des Kreises deutet an, wie viele Individuen diesen Haplotyp tragen. Zahlen an den Linien kennzeichnen die Anzahl an Mutationsschritten zwischen den einzelnen Haplotypen, wenn diese > 1 sind. Die unterschiedlichen Klade nach Van Houdt et al. (2005) sind farblich hinterlegt. Die nordamerikanische Klade ist lediglich mit einem Haplotyp zur weiteren Einordnung dargestellt.

Die Haplotypen- und Nukleotiddiversität ist in dem Flusseinzugsgebiet der Schlei/Trave (0,846 bzw. 0,003) am höchsten und in dem Flusseinzugsgebiet Weser (0,000 bzw. 0,000) am niedrigsten (Tab. 36), da hier lediglich ein einziger Haplotyp nachgewiesen werden konnte.

Tabelle 36: Ergebnisse der Sequenz- und Mikrosatellitenanalyse pro Flusseinzugsgebiet. Gezeigt sind die Anzahl an Sequenz- (N Seq) und Mikrosatellitendaten (N Msat), Haplotypdiversität (Haplo Div), Nukleotiddiversität (Nuk Div), private Haplotypen, mittlere Anzahl an Allelen und erwartete Heterozygotie (H_e).

	Sequenz-Daten				Mikrosatellitendaten		
	N Seq	Haplo Div	Nuk Div	Priv Haplo	N Msat	Ø Allelzahl	He
Donau	58	0,768	0,003	5	180	18,58	0,7682
Elbe	75	0,775	0,002	12	258	23,50	0,8283
Oder	85	0,710	0,002	2	241	22,17	0,8061
Rhein	46	0,785	0,004	4	147	15,67	0,8148
Weser	12	0,000	0,000	0	31	6,00	0,6188
Schlei/Trave	36	0,846	0,003	6	117	12,92	0,6929
Zucht	20	0,689	0,003	0	42	15,33	0,8516

Die Haplotypdiversität pro Population liegt zwischen 0 (LL001) in der Weser-Population mit nur einem Haplotyp (n=12) und 0,927 (LL052) in einer Elbe-Population, in der unter 11 untersuchten Individuen 8 unterschiedliche Haplotypen vertreten sind (Abb. 11, Tab. A1 im Anhang). Die Nukleotiddiversität pro Population liegt zwischen 0 (L001, Weser) und 0,005 (LL061, Rhein).

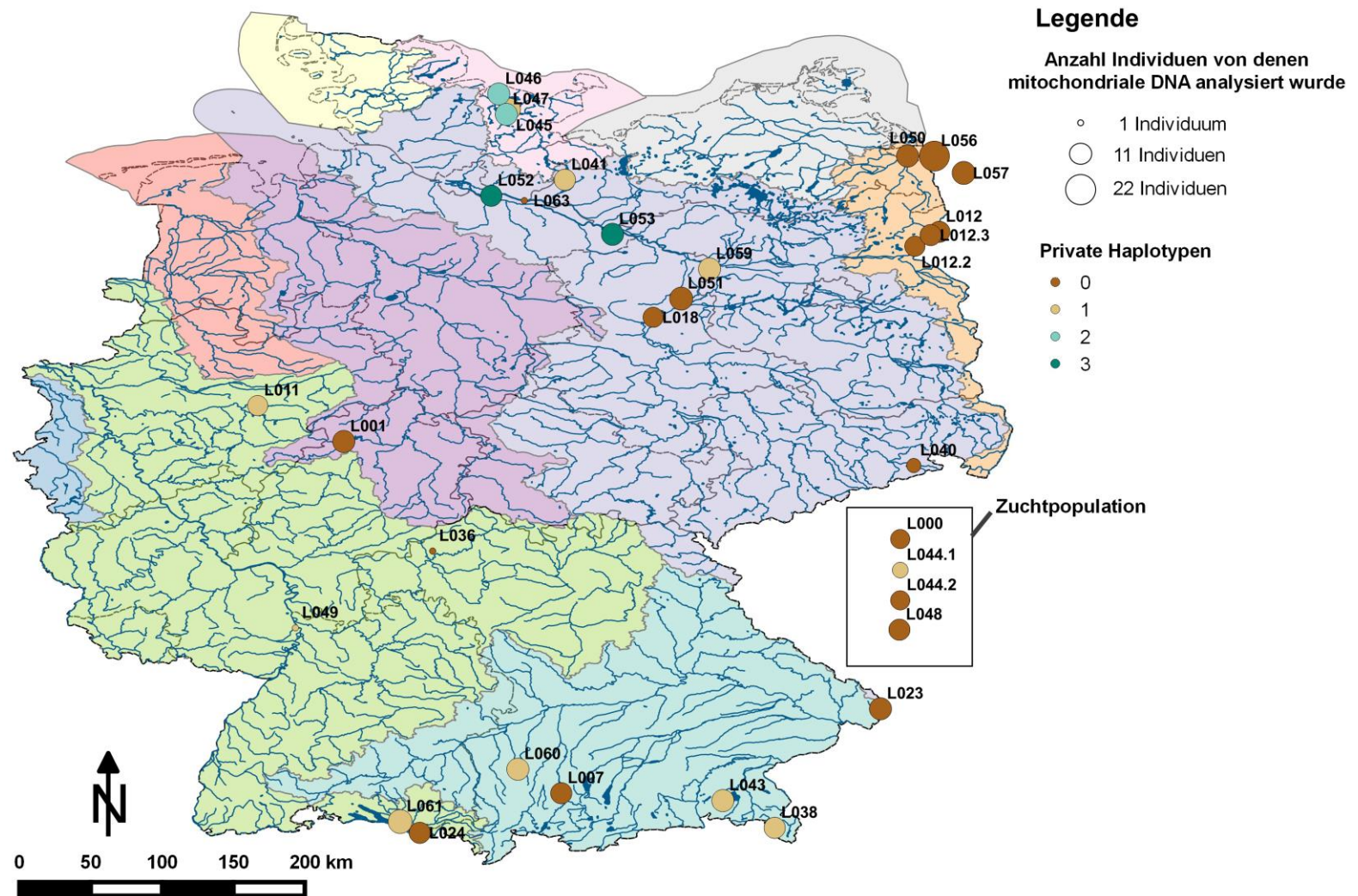


Abbildung 10: Graphische Darstellung der privaten Haplotypen basierend auf den Sequenzdaten aller 32 untersuchten Quappenpopulationen. Jeder Kreis symbolisiert eine Population. Die Größe der Kreise ist proportional zur Anzahl untersuchter Individuen.

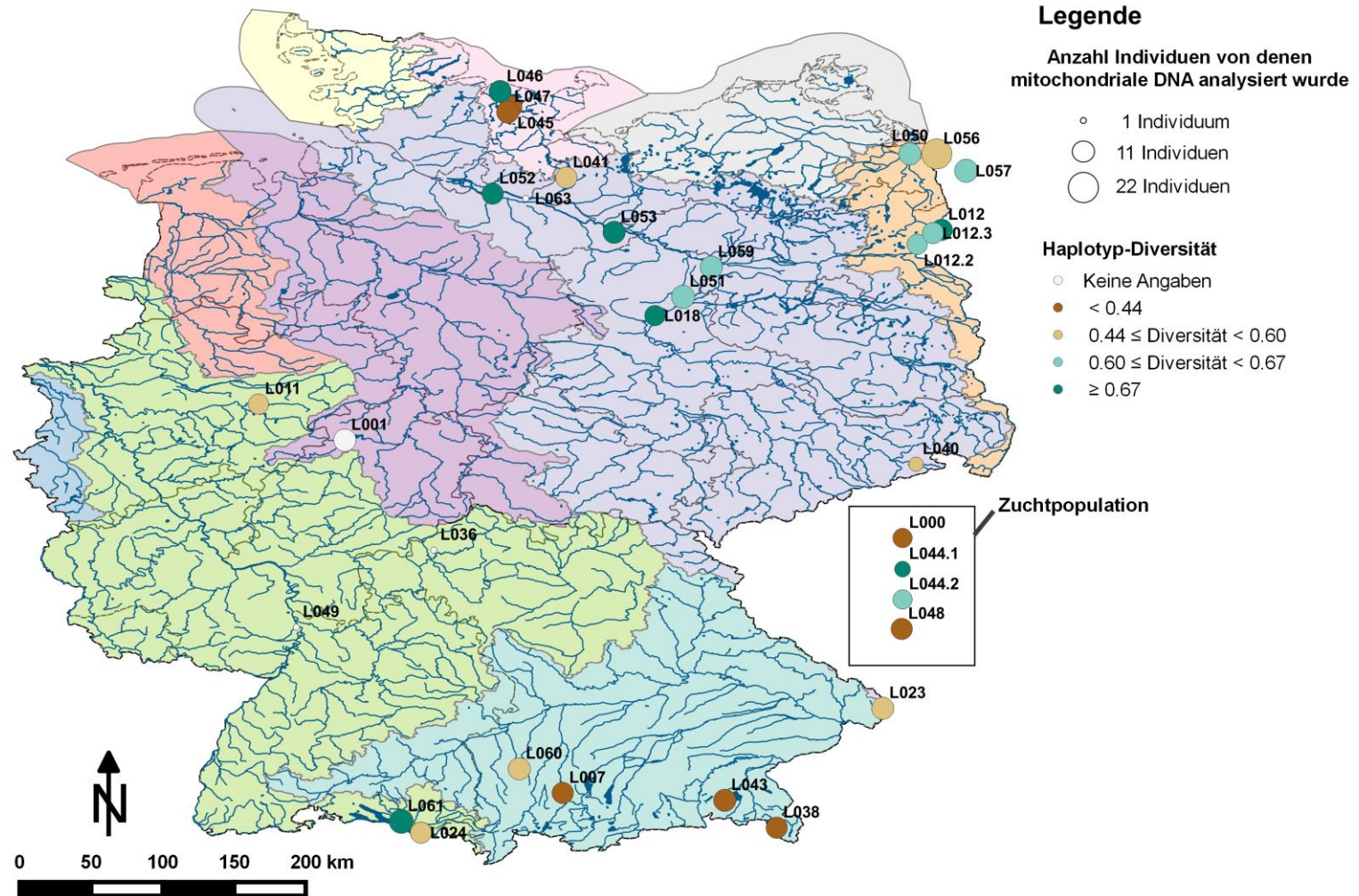


Abbildung 11: Graphische Darstellung der Haplotypendiversität basierend auf den Sequenzdaten aller 32 untersuchten Quappenpopulationen. Jeder Kreis symbolisiert eine Population. Die Größe der Kreise ist proportional zur Anzahl untersuchter Individuen.

Die F_{ST} -Werte zwischen den Flusseinzugsgebieten sind relativ groß. Die größte genetische Differenzierung tritt zwischen der Elbe und den Zuchten (0,4633) sowie zwischen den Zuchten und der Donau (0,4146) auf. Die geringsten F_{ST} -Werte liegen bei 0,0510 zwischen dem Rhein und der Schlei/Trave sowie bei -0,0023 zwischen der Weser und der Oder (Tab. 37).

Tabelle 37: Auflistung der paarweisen F_{ST} -Werte basierend auf Mikrosatelliten- (unterhalb der Diagonalen) und der Sequenz-Daten (oberhalb der Diagonalen) zwischen den Flusseinzugsgebieten. Alle F_{ST} -Werte sind signifikant ($p < 0,05$).

	Donau	Elbe	Oder	Rhein	Weser	Schlei/Trave	Zucht
Donau	-	0,2193	0,1681	0,2296	0,1299	0,1534	0,4146
Elbe	0,0978	-	0,3396	0,1944	0,3389	0,1347	0,4633
Oder	0,1181	0,0427	-	0,2336	-0,0023	0,1734	0,3748
Rhein	0,1459	0,0733	0,1141	-	0,2671	0,0510	0,2291
Weser	0,1829	0,1127	0,1304	0,1859	-	0,1652	0,3948
Schlei/Trave	0,2053	0,0901	0,1969	0,1612	0,1878	-	0,3393
Zucht	0,0877	0,0433	0,0783	0,0533	0,1783	0,1528	-

Die Analyse der molekularen Varianz der Sequenz-Daten ergab, dass der Großteil der Gesamtvarianz (65,48%) durch die Varianz zwischen den Flusseinzugsgebieten erklärt werden kann (Tab. 38). Durch die Varianz innerhalb der Population konnten 19,81% der Varianz begründet werden. Der geringste Anteil der Varianz ist durch die Varianz zwischen den Populationen innerhalb der Flusseinzugsgebiete (14,7%) begründet.

Tabelle 38: 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 (= $p < 0,001$).**

Varianzkomponenten	Sequenzen			Mikrosatelliten		
	d.f.	% Varianz	F-Statistik	d.f.	% Varianz	F-Statistik
Zwischen Flusseinzugsgebieten	7	65,48	$F_{CT}=0,65484$	6	8,19	$F_{CT}=0,08187$ ***
Zwischen Populationen innerhalb der Flusseinzugsgebiete	23	14,7	$F_{SC}=0,42600$ ***	25	7,83	$F_{SC}=0,08527$ ***
Innerhalb der Population	157	19,81	$F_{ST}=0,80188$ ***	1988	83,98	$F_{ST}=0,16016$ ***

5.2 Mikrosatellitenanalyse

Die erwartete Heterozygotie ist im Flusseinzugsgebiet der Weser mit $H_e=0,619$ am niedrigsten und in der Zucht mit $H_e=0,852$ am höchsten. Die mittlere Allelzahl ist ebenso in der Weser (6,00) am niedrigsten, gefolgt von der Schlei/Trave mit durchschnittlich 12,92 Allelen. Das Flusseinzugsgebiet der Elbe weist mit durchschnittlich 23,50 die höchste Allelzahl auf.

Der erwartete Heterozygotiegrad auf Populationsebene liegt zwischen 0,500 (L049) und 0,841 (L048) (Abb. 12, Tab. A1 in Anhang). Der Wert des Allelreichtums liegt zwischen 1,500 (L049) und 1,841 (L048) (Abb. 13). Insgesamt 12 der untersuchten Populationen (L000, L001, L036, L040, L044.1, L044.2, L045, L047, L056, L059, L061, L063) weisen keine privaten Allele auf (Abb. 14). Die meisten privaten Allele sind, abgesehen von der Population L049 bei nur einem untersuchten Tier, wo eine mittlere Anzahl von privaten Allelen von 0,50 auftrat, in der Population L048 mit durchschnittlich 0,39 privaten Allelen vertreten (Abb. 14, Tab. A1 im Anhang).

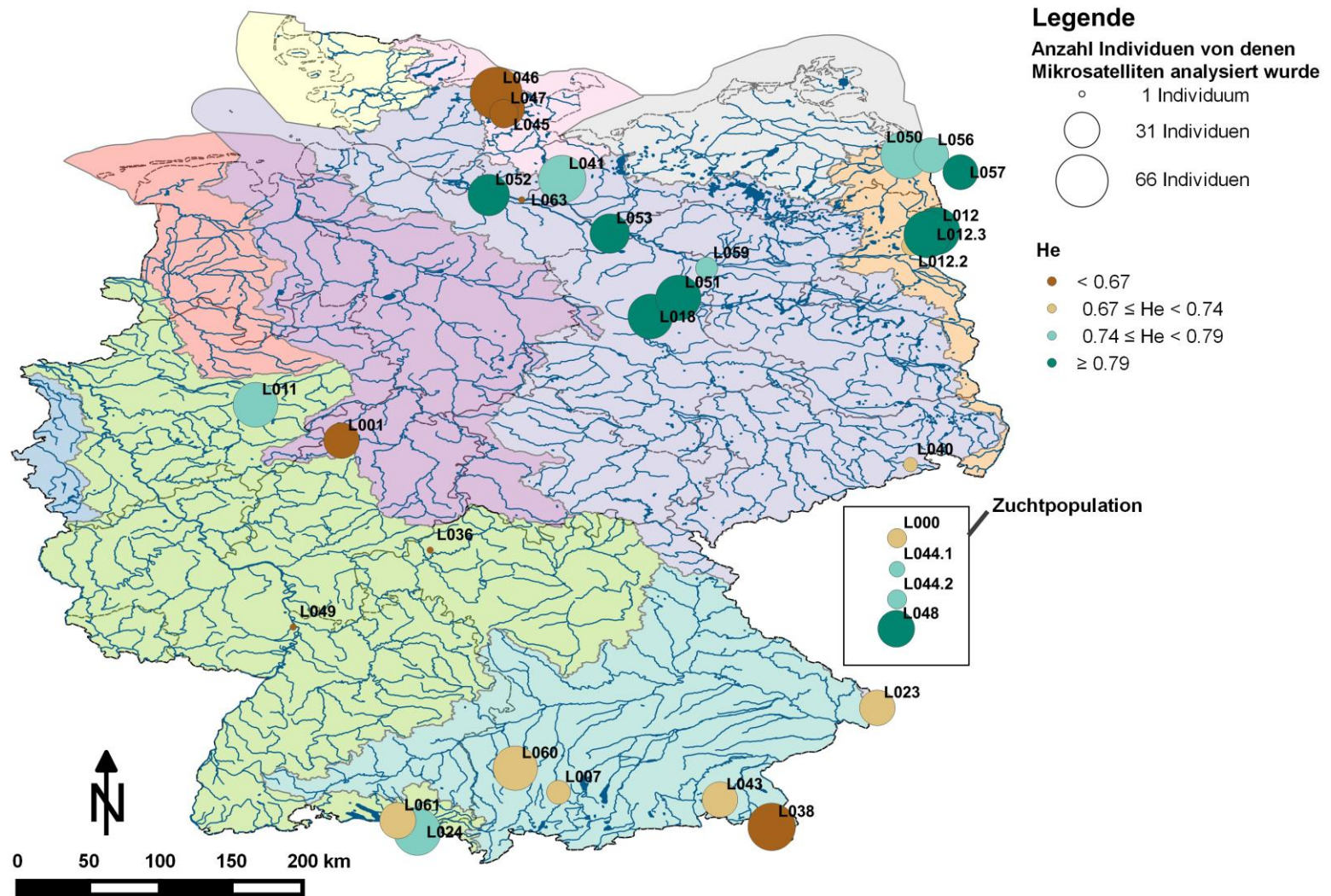


Abbildung 12: Graphische Darstellung der erwarteten Heterozygotie (H_E) basierend auf den Mikrosatellitendaten aller 32 untersuchten Quappenpopulationen. Jeder Kreis symbolisiert eine Population. Die Größe der Kreise ist proportional zur Anzahl untersuchter Individuen.

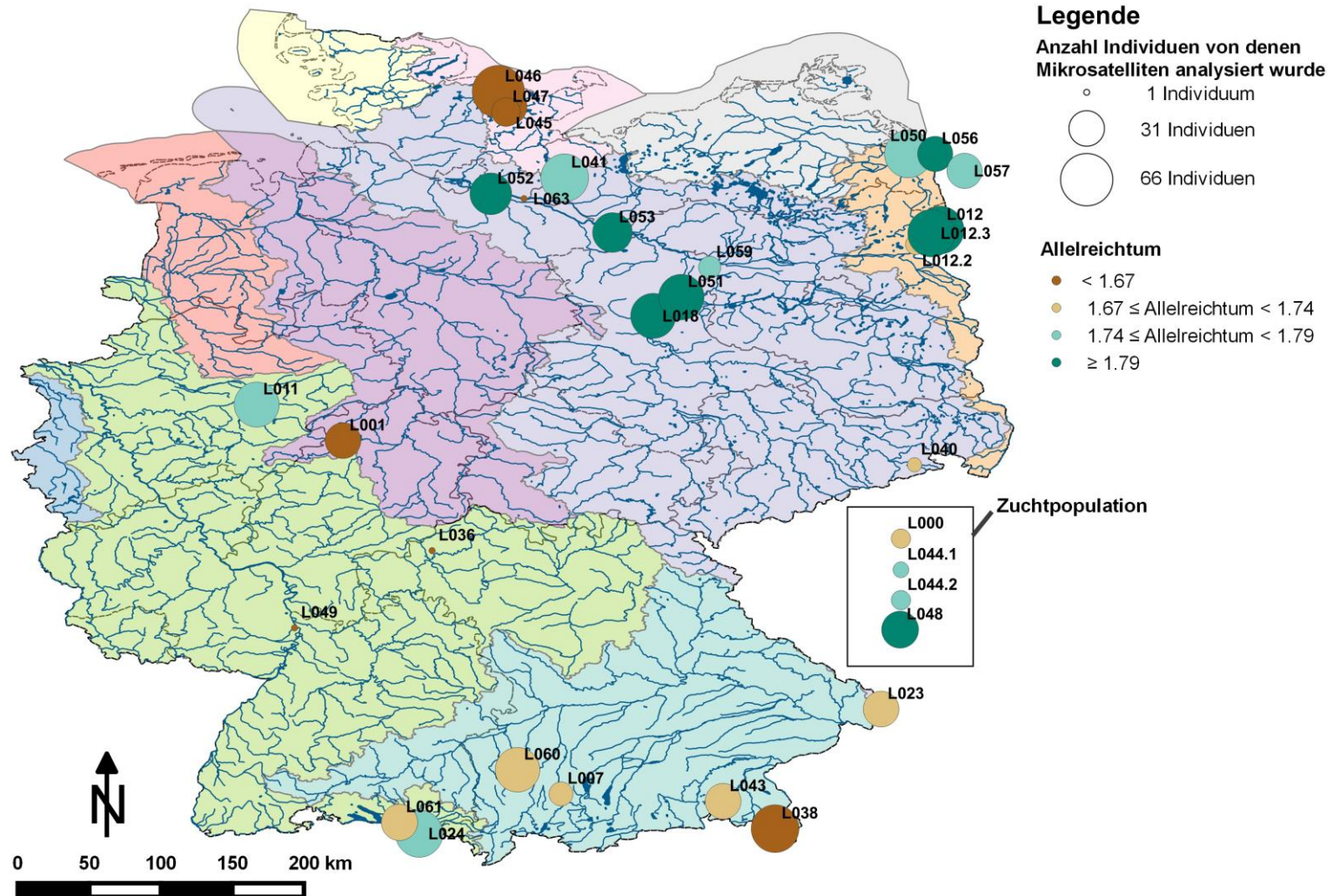


Abbildung 13: Graphische Darstellung des Allelreichtums basierend auf den Mikrosatellitendaten aller 32 untersuchten Quappenpopulationen. Jeder Kreis symbolisiert eine Population. Die Größe der Kreise ist proportional zur Anzahl untersuchter Individuen.

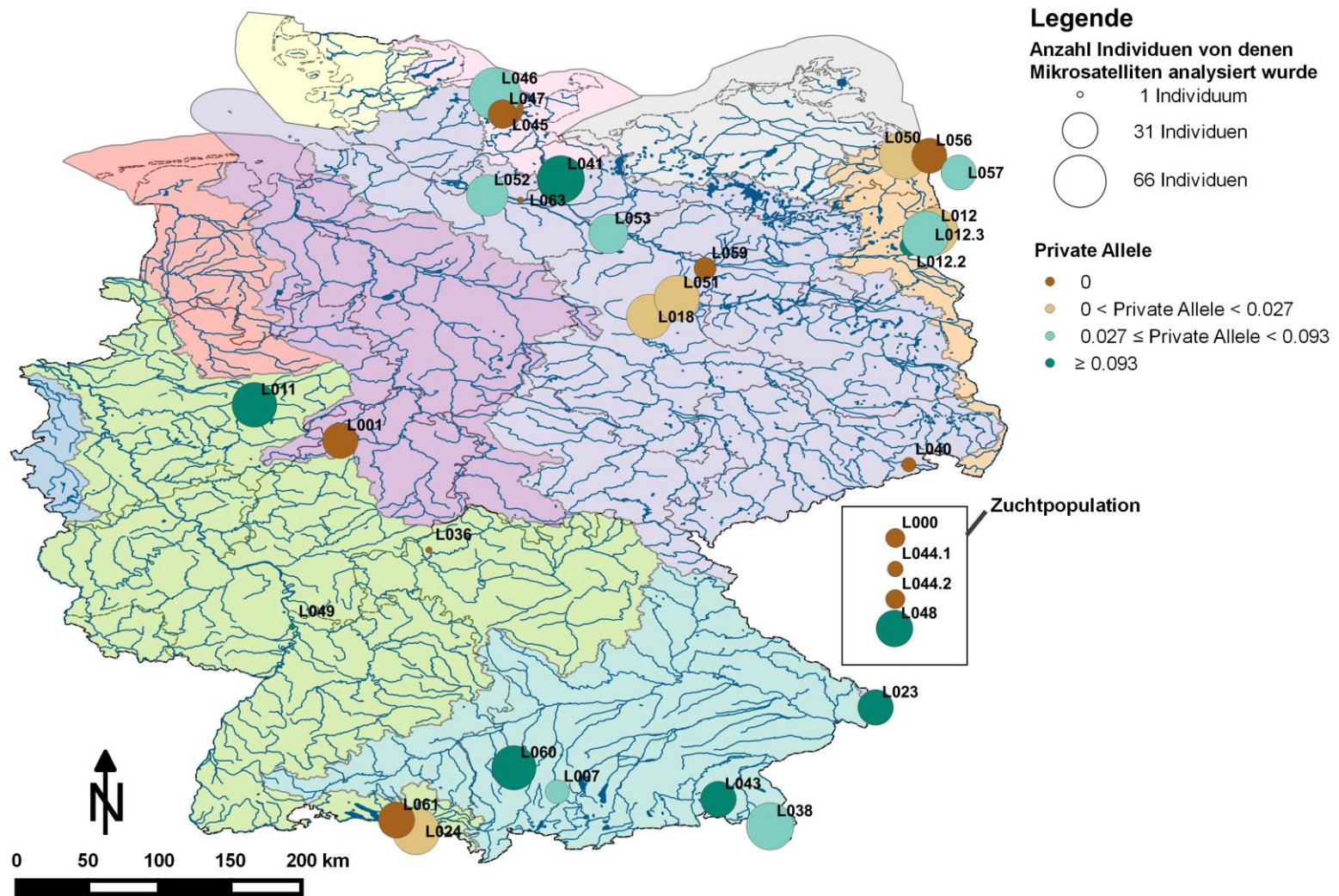


Abbildung 14: Graphische Darstellung der privaten Allele basierend auf den Mikrosatellitendaten aller 32 untersuchten Quappenpopulationen. Jeder Kreis symbolisiert eine Population. Die Größe der Kreise ist proportional zur Anzahl untersuchter Individuen.

Die F_{ST} -Werte zwischen den Flusseinzugsgebieten sind moderat bis groß. Sie liegen zwischen 0,0427 (zwischen Elbe und der Oder) und 0,2053 (zwischen Schlei/Trave und der Donau) (Tab. 37). Die F_{ST} -Werte zwischen den Populationen liegen zwischen -0,0002 (zwischen Population L052 und L053) und 0,3503 (zwischen Population L049 und L046) (Tab. A1 im Anhang). In einem Großteil der Fälle liegen die höchsten F_{ST} -Werte zwischen zwei Populationen, zwischen der Population L049, L038 oder L046 sowie jeweils einer anderen Population. Zahlreiche der „niedrigsten F_{ST} -Werte zwischen zwei Populationen“ liegen bei Population L052 und L012.2.

Die AMOVA der Mikrosatelliten-Daten ergab, dass der Großteil der Gesamtvariation (83,98%) durch die Varianz innerhalb der Populationen erklärt werden kann (Tab. 38). Durch die Varianz zwischen den Populationen innerhalb der Flusseinzugsgebiete konnten 7,83% der Varianz erklärt werden und 8,91% durch die Varianz zwischen den Flusseinzugsgebieten.

In Abbildung 15 sind die ersten beiden Faktoren der Faktoriellen Korrespondenzanalyse dargestellt. Der erste Faktor erklärt 14,67% der Varianz und der zweite Faktor 13,31%. In der Graphik ist eine Gruppierung der Populationen nach den Flusseinzugsgebieten ersichtlich. Vor allem die Populationen aus dem Einzugsgebiet des Rheins sowie der Donau lassen sich deutlich von den übrigen Populationen trennen und gruppieren weiter abseits, während die Populationen aus Schlei/Trave, Elbe, Weser sowie der Zuchten näher beieinander liegen. Auch 6 der 7 Oder-Populationen gruppieren etwas abseits. Nur Population L044.1 (Zucht) liegt zwischen den vorher genannten Populationen.

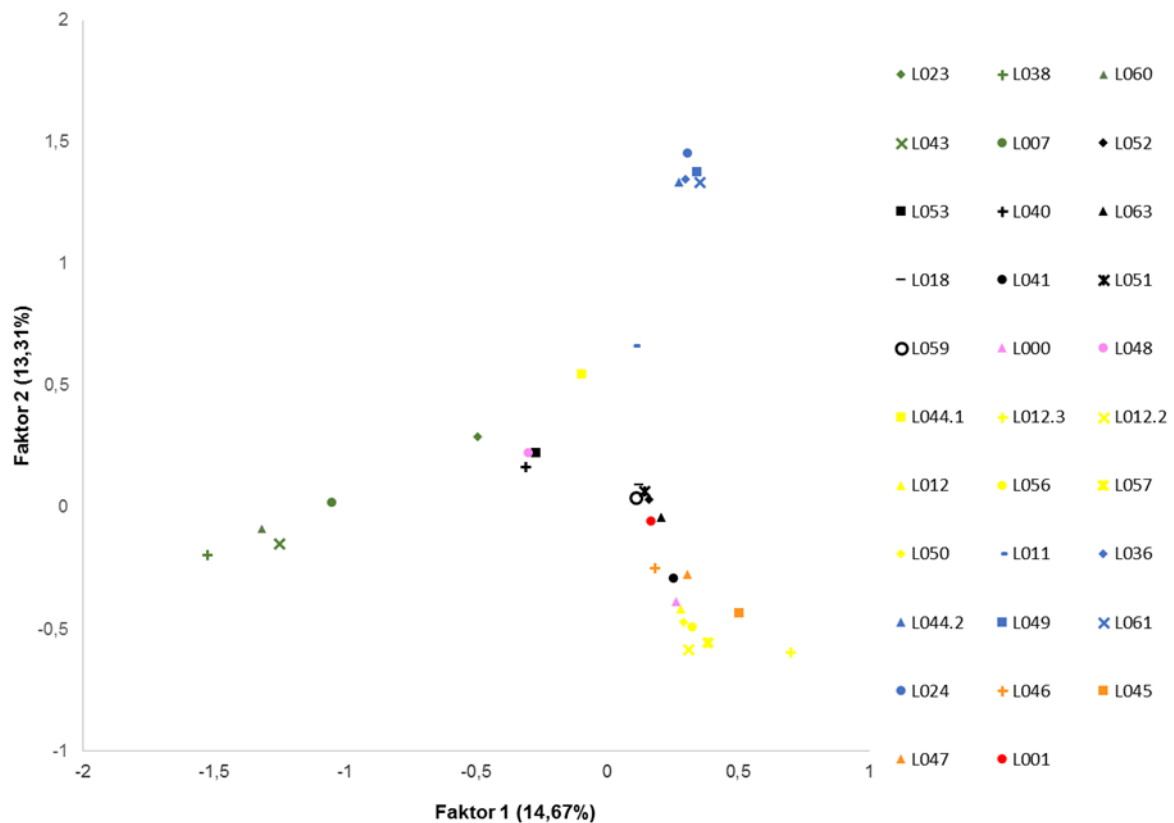


Abbildung 15: Faktorielle Korrespondenzanalyse mit Quappen von 32 Populationen aus der Donau (grün), der Weser (rot), dem Rhein (blau), der Elbe (schwarz), der Oder (gelb), der Schlei/Trave (orange) sowie den Zuchten (rosa). Jedes Symbol repräsentiert eine Population. Je größer der Abstand zwischen den Symbolen, je unähnlicher sind die Populationen zueinander.

Bei der Faktoriellen Korrespondenzanalyse, bei der jedes Individuum einzeln betrachtet wurde, werden lediglich 2,21% (Faktor 1) bzw. 2,05% (Faktor 2) der Varianz erklärt. Auch hier zeigen die Punktwolken der Quappen unterschiedlicher Flusseinzugsgebiete relativ deutliche Gruppierungen (Abb. 16). Die Individuen der Rheinpopulationen sowie die Donauquappen sind am deutlichsten von den anderen Populationen getrennt und zeigen die größte Streuung. Einige Individuen aus der Zucht (L044.1) und der Zucht (L000) streuen und liegen in der Punktwolke der Individuen aus dem Rheineinzugsgebiet. Die übrigen Individuen der einzelnen Flussgebietseinheiten bilden klar abgetrennte Punktwolken und sind somit kaum weiter voneinander isoliert.

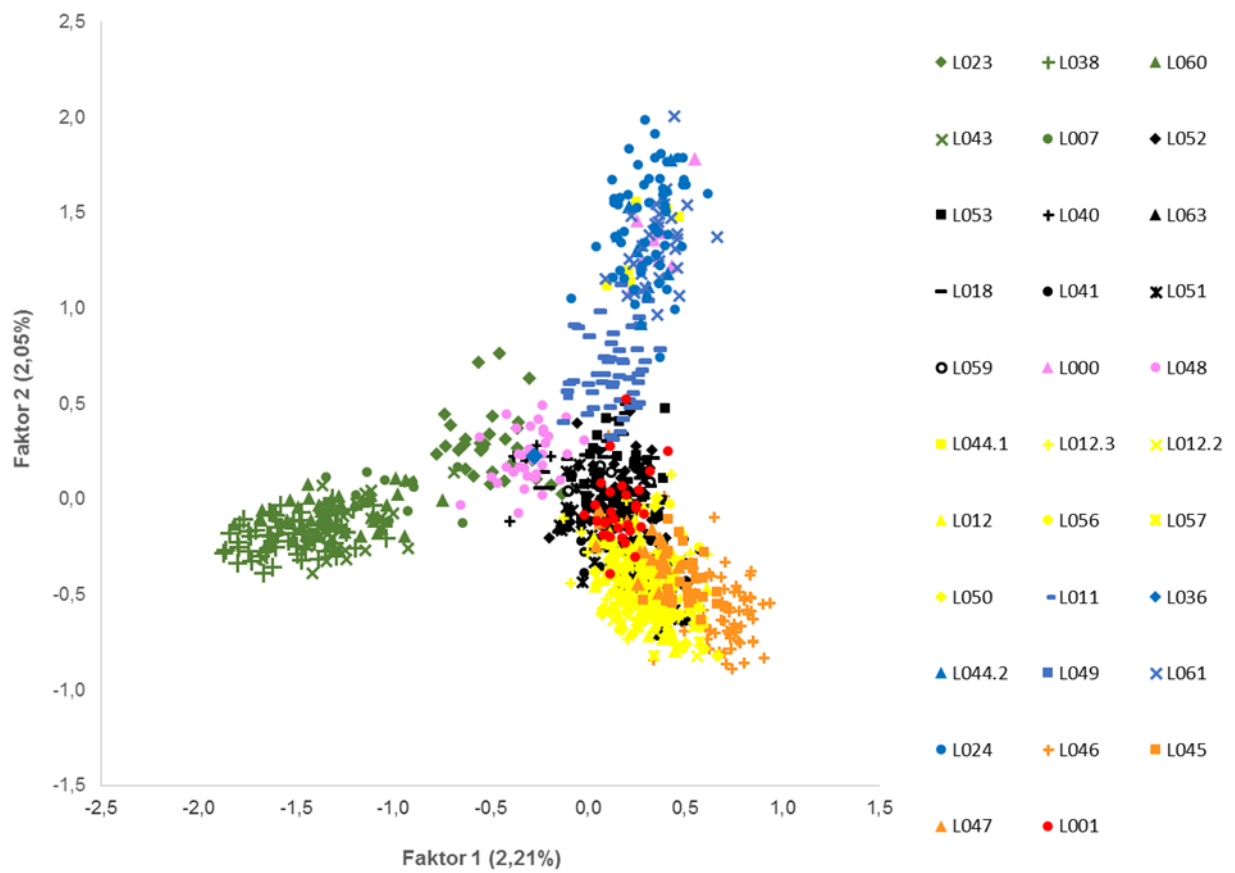


Abbildung 16: Faktorielle Korrespondenzanalyse mit Quappen von 32 Populationen aus der Donau (grün), der Weser (rot), dem Rhein (blau), der Elbe (schwarz), der Oder (gelb), der Schlei/Trave (orange) sowie den Zuchten (rosa). Jedes Symbol repräsentiert ein Individuum. Individuen mit gleichen Symbolen gehören zur gleichen Population. Je weiter eine Gruppe von Individuen streut (Punktwolke), desto genetisch diverser ist diese Gruppe.

Bei der Bayesianischen Clusteranalyse basierend auf den Flusseinzugsgebieten und den Zuchten wurden sieben Cluster als am wahrscheinlichsten betrachtet (Abb. 17). Somit gruppiert jedes der untersuchten Flusseinzugsgebiete als eigenständiges Cluster.

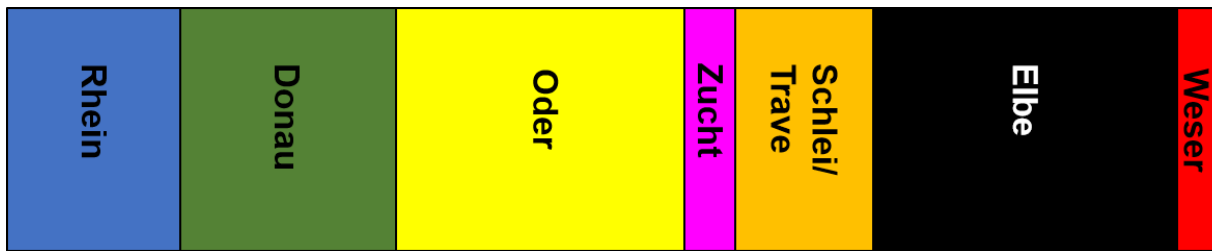


Abbildung 17: Bayesische Clusteranalyse für die Flusseinzugsgebiete und die Zuchten, berechnet mit dem Programm BABS v. 5.4. Die Rechtecke stehen jeweils für ein Flusseinzugsgebiet. Die Breite der Rechtecke ist proportional zu der Anzahl der Individuen in der Gruppe. Jede Farbe steht für ein Cluster.

Bei der Bayesischen Clusteranalyse basierend auf den Populationen (n=25) wurden 15 Cluster als am wahrscheinlichsten erachtet (Abb. 18). Insgesamt 12 Populationen bilden ein eigenes Cluster. Zwei Rheinpopulationen aus dem Bodensee (L061, L024) bilden ein gemeinsames Cluster sowie vier Elbepopulationen (L018, L052, L053, L059). Das größte Cluster besteht aus sieben Populationen, wobei sechs davon der Oder (L012, L012.2, L012.3, L050, L056, L057) und eine der Elbe (L051) angehören. Abbildung 19 zeigt die Verteilung der 15 ermittelten Cluster auf geographischer Ebene.



Abbildung 18: Bayesische Clusteranalyse für 25 untersuchte Populationen. Jede Farbe steht für ein Cluster. Populationen in gleicher Farbe gehören zu dem gleichen Cluster, wie mit dem Programm BABS v. 5.4 berechnet wurde.

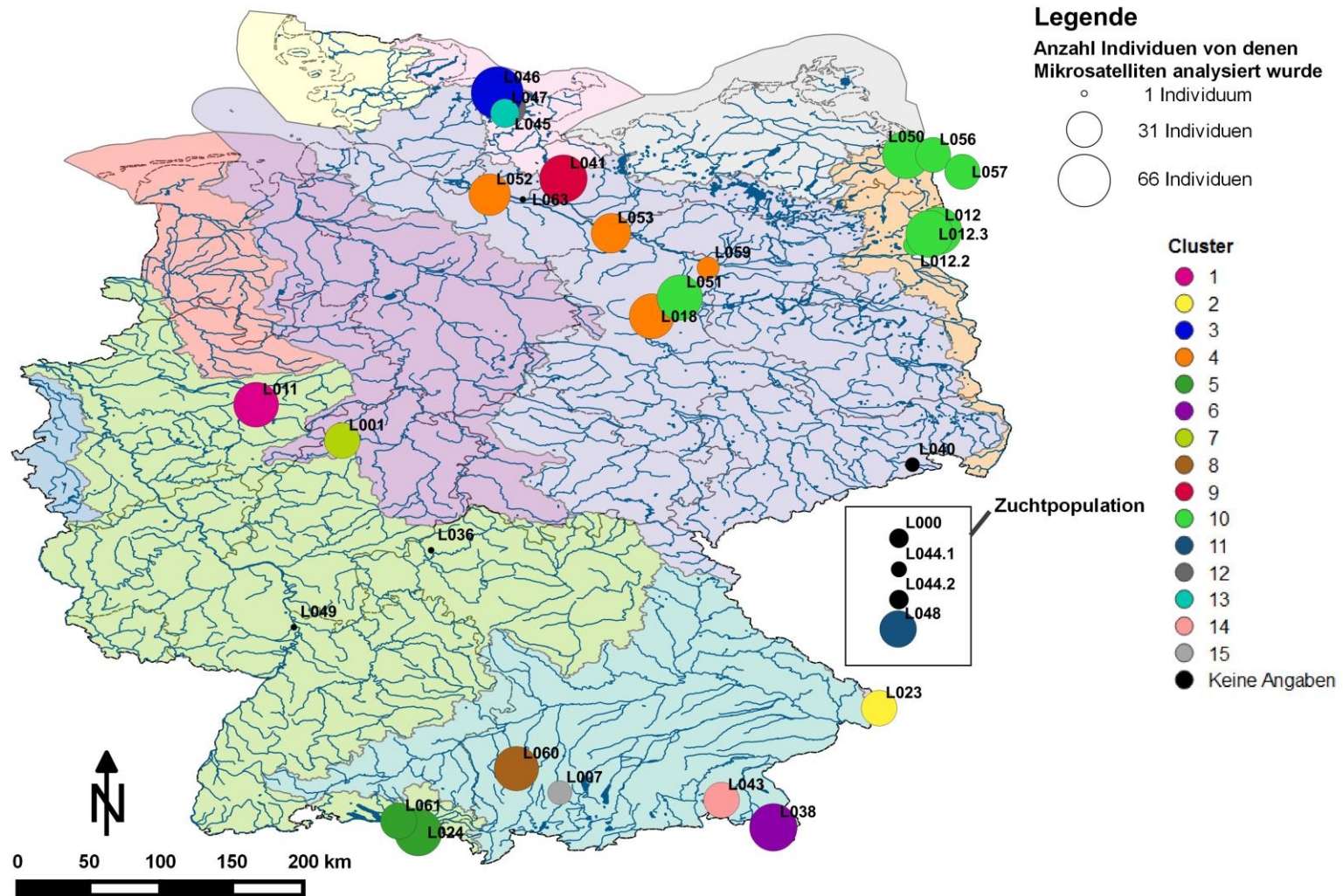


Abbildung 19: Graphische Darstellung der genetischen Cluster (n=15) basierend auf den Mikrosatellitendaten der 25 untersuchten Quappenpopulationen. Jeder Kreis symbolisiert eine Population. Die Größe der Kreise ist proportional zur Anzahl untersuchter Individuen. Die Färbung der Kreise gibt die Zugehörigkeit zu den jeweiligen Clustern an.

Bei der Admixture-Analyse wurden bei einigen Populationen alle Individuen jeweils nur einem Cluster zugeordnet (Abb. 20), und zwar bei vier Populationen aus dem Donaeinzugsgebiet (L007, L023, L038, L043), drei Populationen aus dem Rheineinzugsgebiet (L011, L024, L061), drei Populationen aus dem Odereinzugsgebiet (L012.3, L056, L057), je zwei Populationen aus dem Elbe- (L053, L059) bzw. Schlei-/Traveeinzugsgebiet (L045, L047) sowie der Population aus dem Wesereinzugsgebiet (L001). Die Individuen der anderen Populationen wurden hingegen mehreren Clustern zugeordnet. Bei den Populationen L041 (Elbe), L046 (Schlei/Trave) und L050 (Oder) deuten nur einzelne Tiere je Population auf einen Genfluss zwischen den Clustern hin. Demgegenüber stehen die Bestände des Elbe- und Odereinzugsgebietes, die einen höheren Grad an Durchmischung aufweisen. Am deutlichsten ist dies an der Population L051 aus dem Elbeeinzugsgebiet, die einem sonst aus Tieren der Oder bestehenden Cluster zugeordnet wird (Abb. 18, vgl. Abb. 20).

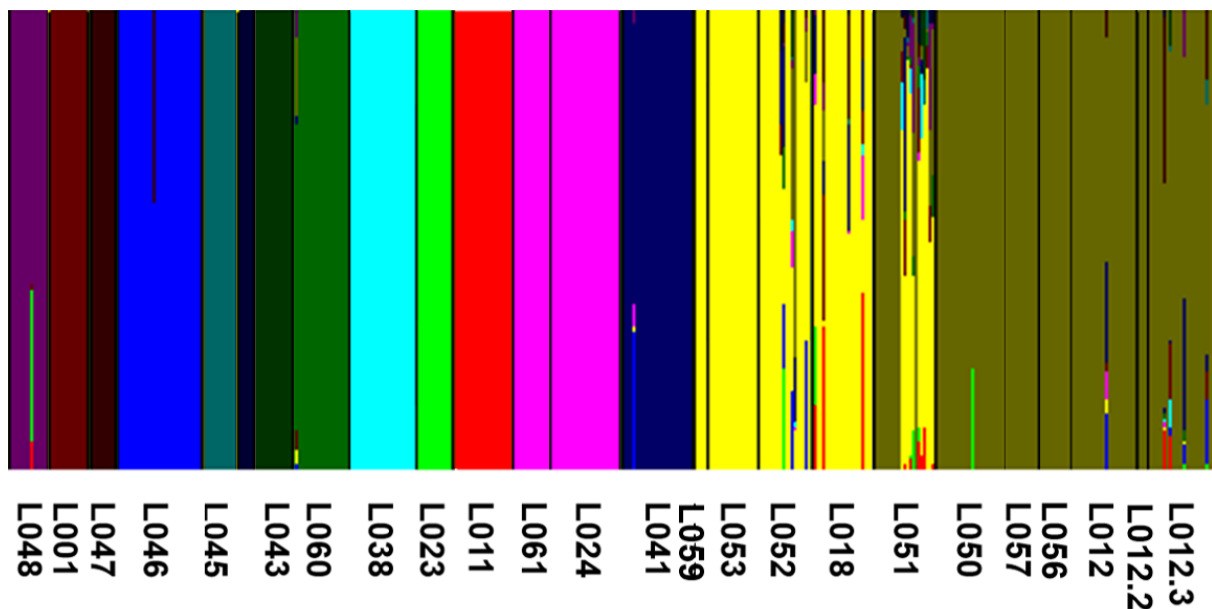


Abbildung 20: Admixture-Analyse von 978 Individuen aus 25 untersuchten Populationen berechnet mit BAPS v. 5.4. Jedes Individuum ist durch eine senkrechte Linie repräsentiert. Die Farben geben die prozentuale Zugehörigkeitswahrscheinlichkeit der Individuen zu verschiedenen Clustern an.

6. Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse

6.1 Bewertung der untersuchten Populationen

Die erhobenen Daten und Ergebnisse zeigen, dass die Sequenz- und Mikrosatellitenanalysen geeignet sind, um die genetische Diversität der Quappe zu analysieren und einordnen zu können. Die beiden Analysemethoden ergänzen sich gut, wobei die Mikrosatellitenanalyse die jüngere Vergangenheit widerspiegelt und die Sequenzanalyse die weiter zurückliegende Vergangenheit. Beide Methoden zusammen ermöglichen eine Bewertung der Populationen aus populationsgenetischer Sicht und eine Zuordnung der Populationen in ESUs. Es ist sinnvoll bei der Betrachtung von Populationsstrukturen und der Diversität der Quappe immer sowohl nukleare als auch mitochondriale Informationen in die Bewertung mit einzubeziehen.

Die Haplotypendiversität der Quappe innerhalb Deutschlands scheint generell relativ hoch. Insgesamt konnten in dieser Studie für das Gebiet der Bundesrepublik Deutschland 37 verschiedene Haplotypen in 32 untersuchten Populationen (332 Individuen) der Quappe identifiziert werden. Im Vergleich dazu konnten in der Studie von Van Houdt et al. (2005) unter 255 Individuen 45 Haplotypen der Quappe über das gesamte holarktische Verbreitungsgebiet (Nordamerika, Sibirien, Europa) nachgewiesen werden. Auffällig ist die in dieser Studie hohe Anzahl privater Haplotypen. Innerhalb eines Flusseinzugsgebietes kamen bis zu 12 private Haplotypen (Tab. 36) und innerhalb einer Population bis zu drei private Haplotypen (Tab. A1 im Anhang) vor. Die Quappenpopulationen in Deutschland scheinen also einen wichtigen Anteil an der genetischen Diversität der gesamten Art zu haben. Die Haplotypennetzwerke lassen eine gewisse Untergliederung der Quappen in unterschiedliche genetische Kladen zu und zeigen Unterschiede zwischen dem Vorkommen verschiedener Haplotypen je Flusseinzugsgebiet (Abb. 8 & Abb. 9). So kommen Individuen der Beringsee-Klade ausschließlich im Odereinzugsgebiet vor, während Individuen der westeuropäischen Klade vor allem im Rhein- und Schlei/Traveeinzugsgebiet vertreten sind. Diese Differenzierung spricht für eine längere Trennung der Quappen in den Flusseinzugsgebieten. Jedes untersuchte Einzugsgebiet hat also eine wichtige Bedeutung für die gesamte Diversität der Art.

Die von Van Houdt et al. (2005) untersuchten Individuen innerhalb Deutschlands, in

der Elbe (n=9), der Isar (n=5) und dem Bodensee (n=5) sind der eurasischen und der westeuropäischen Klade zuzuordnen. Bisher konnte lediglich der Bodensee als Kontaktzone zwischen den beiden Kladen ausgemacht werden (Van Houdt et al. 2005; Barluenga et al. 2006). Eine vermeintliche Verbreitungsgrenze dieser beiden Kladen scheint nach den Ergebnissen aus der vorliegenden Studie nicht so eindeutig abgrenzbar zu sein. Es konnten sowohl Individuen der eurasischen Klade als auch der westeuropäischen Klade innerhalb der beiden Bodenseepopulationen (L024, L061) nachgewiesen werden. Darüber hinaus sind Individuen der westeuropäischen Klade aber auch in weiteren Gewässern in Deutschland verbreitet. Sie kommen vor allem in den Flusseinzugsgebieten der Schlei/Trave und dem Rhein vor. Aber auch einige wenige Individuen der Elbe (n=1) und der Oder (n=2) können der westeuropäischen Klade zugeordnet werden. Obwohl Individuen der westeuropäische Klade innerhalb Deutschlands mit Ausnahme des Bodensees bisher nicht nachgewiesen wurden, konnten in dieser Studie sogar Populationen rein westeuropäischer Klade im Schlei/Traveeinzugsgebiet (z.B. L047) identifiziert werden. Van Houdt et al. (2005) identifizierten hingegen Individuen der westeuropäischen Klade außer im Bodensee in Deutschland noch in Frankreich, Italien, der Schweiz, den Niederlanden und Dänemark. Die Populationen in Dänemark sind geographisch nicht weit von den Quappen im Schlei/Traveeinzugsgebiet entfernt und ein gemeinsamer Ursprung wäre möglich. Individuen der eurasischen Klade sind hingegen in allen Flussgebietseinheiten, jedoch mit verschiedenen Haplotypen in den jeweiligen Flussgebietseinheiten vertreten.

Mitochondriale Haplotypen der Beringsee-Klade wurden bisher nicht südlicher als in den von Van Houdt et al. (2005) untersuchten Gewässern in Finnland festgestellt. Ein Haplotyp der Beringsee-Klade konnte in dieser Studie jedoch im Odereinzugsgebiet bei 21 Quappen nachgewiesen werden. Zwar konnte nur ein einziger von den insgesamt 37 Haplotypen dieser Klade in der Oder entdeckt werden, so ist die Anzahl von 21 Tieren innerhalb von sechs Populationen, die diesen Haplotypen tragen, aber kein Einzelvorkommen. Dieser Haplotyp konnte in keinem weiteren Einzugsgebiet nachgewiesen werden. Auch bei einzelnen untersuchten Quappen aus Polen (n=6), Schweden (n=28), Dänemark (n=11) und Norwegen (n=16) konnten von Van Houdt et al. (2005) keine Haplotypen der

Beringsee-Klade identifizieren, allerdings war die Anzahl untersuchter Individuen sehr gering. Ob in der Oder Besatzmaßnahmen mit Tieren, die ursprünglich aus anderen, vermutlich nördlicheren, Gewässern stammen, ist nicht eindeutig nachvollziehbar. Das Einbringen von Tieren, die der Beringsee-Klade angehören, erscheint aber grundsätzlich möglich. Die Frage der Herkunft kann in diesem Fall nicht abschließend geklärt werden. Weitere Sequenzanalysen von Quappen aus umliegenden Gewässern (z.B. Neisse, Warta und Weichsel) sowie weiter nördlicheren Gebieten (z.B. Dänemark, Schweden, Norwegen) könnten hier Aufschluss darüber geben, ob die Beringsee-Klade nicht ohnehin natürlicherweise in weiteren Teilen der nördlichen Verbreitungsgebiete vorkommt als ursprünglich angenommen und somit hier eine natürliche Kontaktzone, die möglicherweise das Odergebiet einschließt, gegeben ist.

Die genetische Diversität ist insgesamt relativ hoch, die mitochondrialen Daten zeigen eine hohe Haplotypdiversität insbesondere für die Flussgebietseinheiten Donau, Elbe, Schlei/Trave und dem Rhein. Die Diversität ist in der Weser am geringsten. Zu beachten ist hierbei jedoch, dass aus dem Einzugsgebiet der Weser nur eine Population untersucht werden konnte. Insgesamt wurden in den Populationen der norddeutschen Flusseinzugsgebiete hohe genetische Diversitäten festgestellt. So konnten in dem Elbeeinzugsgebiet in 8 untersuchten Populationen 16 verschiedene Haplotypen identifiziert werden, die abgesehen von einem Haplotypen (westeuropäische Klade) der eurasischen Klade zugeordnet werden konnten. Beachtlich ist auch die Anzahl verschiedener Haplotypen (n=9) im Einzugsgebiet der Schlei/Trave, in welchem lediglich 3 Populationen untersucht wurden. Auch die größte Anzahl an privaten Haplotypen konnte in Populationen der Flusseinzugsgebiete Elbe (L052, L053) und Schlei/Trave (L046, L047) nachgewiesen werden, wo auch eine hohe Haplotypdiversität innerhalb von Populationen (L018, L052, L046) detektiert wurde. Die Populationen mit hohen genetischen Diversitäten sind besonders schützenswert.

Auch die Mikrosatellitenanalyse zeigt insgesamt eine z.T. hohe genetische Diversität innerhalb der Populationen, was auf eine gute Durchmischung der Tiere in den Populationen hindeutet. Besonders divers ist die Population L012.3 aus dem Einzugsgebiet der Oder. Sie weist mit 17,08 die höchste mittlere Allelzahl je

Population auf. Im Vergleich dazu ist die mittlere Allelzahl über alle Populationen 9,27.

Die Mikrosatellitenanalysen deuten insgesamt auf keinen deutlichen Einfluss von Besatzaktivitäten hin. Ein hoher Grad an Durchmischung zwischen den Flusseinzugsgebieten ist auf Ebene der Mikrosatellitenanalysen kaum ersichtlich. In der Clusteranalyse (Abb. 18 & 19) sowie der Admixture-Analyse (Abb. 20) fällt lediglich die Population L051 aus dem Elbeeinzugsgebiet auf. Während nahezu alle Elbepopulationen ein gemeinsames Cluster bilden, wird die Population L051 einem Cluster zugeordnet, welches ansonsten alle Oderpopulationen umfasst (Abb. 19). Hier erscheint ein Besatz mit Odertieren in einem Bereich der Elbe als eine mögliche Erklärung. Die Donau- und die Rheinpopulationen erscheinen bei der Faktoriellen Korrespondenzanalyse differenziert und als klar abgetrennte Gruppierungen (Abb. 15). Dieses trifft aber auf die weiteren Flussgebietseinheiten wie z.B. die Oder nicht vollständig zu. Hier fällt eine Population (L044.1) aus der Oder-Punktwolke heraus (Abb. 15). Es ist hierbei zu berücksichtigen, dass es sich bei der Population L044.1 um eine Zuchtpopulation handelt, was die größere genetische Distanz zu den restlichen Oderpopulationen erklären könnte. Die einzelnen Individuen der Flusseinzugsgebiete Schlei/Trave, Elbe und Weser überlappen teilweise in ihren Punktwolken in der Faktoriellen Korrespondenzanalyse (Abb. 16) und zeigen hier somit eine schwächer ausgeprägte, genetische Differenzierung. Dennoch sind die großen Wasserscheiden als geographische Barrieren gut ersichtlich. Auffällig sind hier vor allem die weiten Streuungen der Donau-, Rhein- und Oderpopulationen, welche besonders heterogen erscheinen.

Die Bayesische Clusteranalyse (Abb. 18 & 19) zeigt drei größere Cluster welche aus mehreren Populationen bestehen (z.B. Cluster 4, 5 und 10, Abb. 19). Eines dieser Cluster (5) wird aus den beiden Standorten im Bodensee gebildet. Hier konnte eine gute Durchmischung der Bestände erwartet werden. Ein weiteres großes Cluster (10) besteht aus allen Oderpopulationen und zusätzlich der oben diskutierten Elbpopulation L051. Abgesehen von dieser handelt es sich also ausschließlich um Populationen des Hauptstroms und unmittelbar angrenzender Gebiete. Ähnlich Verhält es sich mit dem größeren Cluster der Elbe (4). Dieses wird ebenfalls von Beständen des Hauptstroms und angrenzender Standorte gebildet. Neben der

Population L051 fällt im Einzugsgebiet der Elbe lediglich die Population des wahrscheinlich weniger gut angebundenen Schaalsees (L041) nicht in diese Cluster. Diese Befunde deuten an, dass innerhalb der Einzugsgebiete die Unterscheidung von Seepopulationen und Populationen der (Haupt-) Ströme zur genetischen Strukturierung beitragen. Möglich wäre zum Beispiel, dass die Individuen vor allem der großen Hauptströme aufgrund einer größeren Wanderbereitschaft über größere Gewässerabschnitte besser durchmischt sind, als die Tiere innerhalb eines Sees, die kein ausgeprägtes Wanderverhalten zeigen und sich überwiegend nur untereinander fortpflanzen. Insgesamt scheint das Wanderverhalten der Quappe noch nicht ausreichend untersucht zu sein, um die Befunde dieser Studie hinsichtlich dieses Aspektes abschließend zu interpretieren. Hier wären gezieltere, regionale Studien notwendig, um festzustellen in wie weit ein Austausch zwischen Seepopulationen und Populationen der Hauptströme sowie deren kleineren Nebengewässer innerhalb eines Gebietes gegeben ist.

In der Admixture-Analyse weist lediglich die Elbepopulation (L051) in dem größeren Odercluster (Cluster 10, Abb. 19) auf einen stärkeren Genfluss bzw. eine Durchmischung von Populationen zwischen Einzugsgebieten hin. Alle weiteren Cluster zeigen in der Admixture-Analyse eine gute bis sehr gute Zuordnung der einzelnen Individuen zu den jeweiligen Populationen (Abb. 20). Auch bei der Clusteranalyse basierend auf den Flussgebietseinheiten bilden alle sieben Flussgebietseinheiten sowie die Zuchten jeweils ein eigenes Cluster (Abb. 17). Vor allem die Differenzierung der Flussgebietseinheiten Rhein, Elbe und Oder wird auch in der Clusteranalyse nach Populationen sowie in der Admixture-Analyse deutlich und kann somit als relativ stabiles Muster eingeordnet werden.

6.2 Empfehlung von Managementeinheiten

Eine Differenzierung zwischen den Tieren der Flussgebietseinheiten ist aufgrund der großen Wasserscheiden als natürlichen geographischen Grenzen gut erkennbar. Auf Grundlage der Bayesischen Clusteranalyse gruppieren alle Flussgebietseinheiten als eigene Cluster. Dieses Ergebnis wird auch durch die Berechnung der relativ hohen genetischen Distanz (F_{ST} -Werte) basierend auf der mitochondrialen und der nuklearen DNA weitestgehend unterstützt. Dieses weist auf einen geringeren

Genfluss zwischen den Flusseinzugsgebieten im Vergleich zu anderen Arten, wie z.B. der Bachforelle (Schmidt et al. 2015a), hin. Es gibt aber auch Befunde, welche als Hinweis auf einen historischen Austausch über die Grenzen der Flussgebietseinheiten gedeutet werden könnten. So wurde beispielsweise der häufigste Haplotyp (Ipol01) in allen sechs untersuchten Flussgebietseinheiten sowie in den Zuchtstämmen gefunden. Auch die beiden am zweihäufigsten vorkommenden Haplotypen Ipol19 und Llo06 sind jeweils in mehreren Flusseinzugsgebieten vertreten. Die mtDNA evolviert im Gegensatz zu den Mikrosatelliten deutlich langsamer. Somit ist davon auszugehen, dass die drei am häufigsten vorkommenden Haplotypen aus den unterschiedlichen Flusseinzugsgebieten eher den gemeinsamen Ursprung der mitteleuropäischen Quappenbestände anzeigen als einen (sub-)rezenten Genfluss. Die Sequenzanalyse zeigt damit, dass eine konsequente flusseinzugsgebietsbezogene Einordnung der Quappe in genetische Hauptlinien als streng monophyletische Gruppen im Sinne der ‚Evolutionarily Significant Units‘ (ESU) nicht möglich ist. Sicher sollten die drei nach Van Houdt et al. (2005) ermittelten Kladen berücksichtigt werden, da vor allem die westeuropäische Klade überwiegend im Rhein- und Schlei/Traveeeinzugsgebiet vertreten ist. Demgegenüber deutet die relativ hohe Anzahl an privaten Haplotypen in den einzelnen Flusseinzugsgebieten deutet auf eine gewisse Differenzierung zwischen den Flusseinzugsgebieten hin, die in einem umfassenden Management der Bestände berücksichtigt werden sollte.

Weiterhin deuten die Ergebnisse der Admixture-Analyse lediglich in einem Fall auf einen stärkeren Genfluss innerhalb eines der mittels Bayesischer Clusteranalyse ermittelten, Clusters hin. Diesem Cluster wurden alle Populationen aus der Oder und einer Elbepopulation zugeordnet. Diese Durchmischung könnte eventuell mit dem Wanderverhalten der Quappe erklärt werden. Auch aufgrund der geographischen Situation erscheinen mögliche Managementaktivitäten in den Gewässern jedoch als wahrscheinlichere Erklärung. Hier ist eine strikte Einteilung der Managementeinheiten nach den Flussgebietseinheiten der Elbe und der Oder zunächst nicht ersichtlich. Abbildung 20 zeigt, dass etwa die Hälfte der Individuen der Elbepopulation L051 der Oder zugeordnet werden. Die Admixture-Analyse weist zwar insgesamt nur auf eine geringe genetische Durchmischung innerhalb der Flusseinzugsgebiete hin, dennoch gruppieren auf Grundlage der Bayesischen Clusteranalyse verschiedene Populationen einer Flussgebietseinheit teilweise in

unterschiedlichen Clustern. Die drei Rheinpopulationen bilden z.B. zwei Cluster. Dabei lassen sich die beiden Populationen des Bodensees (L024, L061) zusammenfassen und die Population des Mönesees (L011) bildet ein eigenes Cluster.

Dennoch weisen alle Flussgebietseinheiten auch unterschiedlich ausgeprägte, spezifische genetische Charakteristika auf. So kamen zum Beispiel in dieser Studie 29 von insgesamt 37 Haplotypen ausschließlich in nur einem der sechs untersuchten Einzugsgebiete vor (zwölf in der Elbe, sechs in der Schlei/Trave, fünf in der Donau, vier im Rhein und zwei in der Oder). In den Zuchten sowie dem Einzugsgebiet der Weser konnten hingegen keine privaten Haplotypen nachgewiesen werden, wobei die Anzahl privater Haplotypen auch stark vom Probenumfang abhängt. Daher ist es möglich, dass die privaten Haplotypen besonders im Einzugsgebiet der Weser aufgrund der geringeren Anzahl an untersuchten Individuen unterrepräsentiert sind. Interessanterweise kommen im Einzugsgebiet der Elbe 12 private Haplotypen vor, obwohl die Anzahl an Quappen, von denen eine Sequenzanalyse durchgeführt wurde, in der Elbe mit 75 Individuen niedriger ist als z.B. in der Oder in der unter 85 untersuchten Individuen lediglich zwei private Haplotypen vorkommen. Auch im Einzugsgebiet der Schlei/Trave liegt die Anzahl privater Haplotypen bei nur 36 untersuchten Individuen mit sechs privaten Haplotypen relativ hoch. Die relativ hohe Haplotypendiversität und die hohe Anzahl an privaten Haplotypen im Elbe- und Schlei/Traveeinzugsgebiet, z.T. mit Nachweisen von Haplotypen, die bisher in der einschlägigen Literatur nicht beschrieben wurden, stellen genetische Eigenheiten dar, die besonders schutzwürdig sind. Dieser Schutz erscheint notwendig, um den Erhalt der genetischen Gesamtdiversität sowie das evolutionäre Potential der Quappen in Deutschland zu gewährleisten. Hier wären vor allem die Populationen L018, L052 und L053 aus dem Elbeeinzugsgebiet und die Populationen L046 und L047 aus der Schlei/Trave auf Grund ihrer hohen Diversität und/oder der Anzahl privater Haplotypen und Allele zu berücksichtigen.

Die Analyse der molekularen Varianz zeigt auf Grundlage der Sequenzanalysen ein deutliches Ergebnis. Der Großteil der gesamten genetischen Varianz aller untersuchten Tiere wird hier durch die Variation zwischen den Flusseinzugsgebieten (65,48%) erklärt und nur zu einem kleinen Teil durch Variation zwischen den

Populationen innerhalb der Einzugsgebiete und innerhalb der Populationen. Das heißt, dass in der Gesamtbetrachtung die einzelnen Populationen innerhalb einer Flussgebietseinheit genetisch weniger differenziert sind, als die Populationen zwischen den Flussgebietseinheiten und diese Differenzierung schon lange zurückliegt. Demnach zeigt sich auf Grundlage der Sequenzanalysen, dass die Ausweisung der einzelnen Flussgebietseinheiten als jeweils eine Managementeinheit, mit gewissen Einschränkungen, angemessen wäre. Die Ergebnisse der molekularen Varianz auf Basis der Mikrosatellitendaten zeigen demgegenüber, dass der Großteil der genetischen Varianz durch die Varianz innerhalb der Populationen (83,98%) und nur 8,19% durch die Varianz zwischen den Flusseinzugsgebieten erklärt wird. Das Ergebnis deutet primär auf sehr diverse Populationen hin und zeigt an, dass sich die Tiere innerhalb der Population gut durchmischen. Auf Grund der hohen Mutationsrate von Mikrosatelliten kann die geringe Varianz zwischen den Flusseinzugsgebieten möglicherweise dadurch erklärt werden, dass sich die Allele der Mikrosatelliten über die Zeit wieder zufällig angleichen. Identische Allele können auch unabhängig voneinander mit relativ hoher Wahrscheinlichkeit entstehen. Darauf deutet auch der geringe Teil der genetischen Varianz (7,83%) hin, der durch Unterschiede zwischen den Populationen innerhalb der Einzugsgebiete erklärt wird. Angesichts der sehr hohen Anzahl an unterschiedlichen Allelen (Tab. A1 im Anhang) und der hohen Diversität der Populationen, ist es also durchaus denkbar, dass diese Effekte etwaige Unterschiede, wie sie durch die anderen Analysen angezeigt werden, teilweise kaschieren. Dies kann jedoch anhand der vorliegenden Daten nicht abschließend geklärt werden. Jedenfalls steht das Ergebnis der AMOVA auf Grundlage der Mikrosatelliten in gewissem Widerspruch zu den weiteren Ergebnissen, die eine relativ klare Trennung der Flussgebietseinheiten anzeigen.

Die Untersuchung der Zuchtstämme zeigt, dass auch hier Unterschiede zu finden sind. Die beiden Zuchten (L000, L048) bilden in der Bayesischen Clusteranalyse jeweils eigenständige Cluster. Sollten diese Tiere für Besatzaktivitäten genutzt werden, ist darauf zu achten, dass die Tiere denen in dem zu besetzenden Gewässer genetisch möglichst nahestehen. Ein Besatz mit Tieren aus der Zucht L000, wäre demnach im Einzugsgebiet des Rheins und ggf. auch der Oder vertretbar, diese sollten aber in anderen Einzugsgebieten nicht eingeführt werden.

Tiere aus der Zucht L044.1 (Einzugsgebiet Oder) weisen keine Haplotypen der Beringsee-Klade auf und scheinen den Populationen des Rheins näher zu stehen, als den untersuchten Populationen der Oder selbst. Eventuell stammen die Zuchtquappen ursprünglich von Rheinpopulationen ab. Diese Tiere sollten daher für einen Besatz in der Oder nicht genutzt werden. Die beiden Zuchtstämme (L044.2 und L060) aus den Einzugsgebieten des Rheins und der Donau gruppieren hingegen mit anderen Individuen/Populationen ihrer Einzugsgebiete sehr gut. Dies deutet daraufhin, dass die Tiere auch ursprünglich aus den Gewässern der jeweiligen Einzugsgebiete stammen und hier für einen Besatz genutzt werden könnten, da sie die Populationen der Einzugsgebiete genetisch repräsentieren.

Dem Konzept der Genetischen Management-Einheiten von Baer et al. (2007) folgend, sollten entsprechend die Handlungsempfehlungen für die Kategorie der „Evolutionären Großraumgruppe“ umgesetzt werden. In dieser Studie konnte mittels kombinierter Markersysteme (Sequenz- und Mikrosatellitenanalysen) weitgehend eine Differenzierung der Quappen nach den Flusseinzugsgebieten ermittelt werden. Messbare Unterschiede aufgrund der geographischen Grenzen sind vorhanden, was vor allem die Faktorielle Korrespondenzanalyse sowie die Cluster- und Admixture-Analysen aufzeigen. Daher sollte hier zukünftig Besatzmaterial aus dem jeweiligen Einzugsgebiet genutzt werden. Laut Definition dürfte aber auch auf Material aus entfernten Populationen anderer Flussgebietseinheiten zugegriffen werden (Baer et al. 2007). Davon würden wir aber, nach dem Gebot des Vorsorgeprinzips folgend, absehen, da jede Population und vor allem jedes Einzugsgebiet eigene genetische Charakteristika aufweist. Mehr als die Hälfte aller untersuchten Populationen weisen private Allele und/oder private Haplotypen auf. Auch können genetisch ärmere, aber z.T. autochthone Populationen durch Besatz gebietsfremder Tiere genetisch überprägt werden und ihre spezifischen genetischen Charakteristika verlieren. Dadurch würde die Gesamtdiversität der Quappe in Deutschland verringert.

Für eine gute fischereiliche Planung von Besatzmaßnahmen mit Quappen 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 aus anderen Gewässern innerhalb des jeweiligen Flusseinzugsgebietes entnommen werden, sollte aber mit genetischen Begleituntersuchungen einhergehen.

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

- 4) Besatzmaterial soll nicht aus einem anderen Flusseinzugsgebiet eingebracht werden.

Grundsätzlich sollten vor allem Individuen der Oder (Haplotypen der Beringsee-Klade) nicht entnommen werden, um andere Flusseinzugsgebiete zu besetzen. Auch Individuen der Schlei/Trave und des Rheins sollten nicht für Besatzzwecke in anderen Flussgebietseinheiten verwendet werden, um eine anthropogene Vermischung der westeuropäischen und der eurasischen Kladen zu vermeiden.

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

Die Ziele des Projektes hinsichtlich der Probenahme konnten nicht wie ursprünglich vorgesehen erreicht werden. Zwar konnte die vorgesehene Anzahl von 30 Populationen sowie eine Mindestzahl an zu untersuchenden Individuen von $n=900$ erreicht werden, jedoch konnte nicht bei allen Populationen die Mindestanzahl von 30 Individuen pro Population erreicht werden. Dieses lag vor allem daran, dass einige Populationen an vielversprechenden Standorten in den Beprobungsjahren vollständig ausgefallen sind, wie z.B. in Wümme und Aller im Wesereinzugsgebiet oder Rossel und Zeitera im Einzugsgebiet der Elbe. Es kann angenommen werden, dass das sehr unstete Auftreten der Quappen auf deren ausgeprägtes Wanderverhalten vor allem zur Laichzeit in den Wintermonaten zurückzuführen ist. Da die Wassertemperatur bei der Reproduktion nicht über 4 °C liegen darf (HMUKLV & Hessen-Forst FENA 2014) können ungewöhnliche Wetterlagen einen deutlichen Einfluss auf das räumliche und zeitliche Auftreten der Quappe haben. Während des Untersuchungszeitraums waren insbesondere die Winter 2014/2015 und 2015/2016 in vielen Regionen sehr mild und ausgeprägte Kaltphasen traten zu eher untypischen Zeiten auf. Darüber hinaus haben z.T. auch Hochwasser, insbesondere im Frühjahr 2015, die Befischungserfolge eingeschränkt. Das räumliche als auch zeitliche unstete Vorkommen der Quappe erschwerte die Probenbeschaffung maßgebend. Insgesamt ist festzustellen, dass Teile der Quappenpopulationen Deutschlands stark durch das Wanderverhalten geprägt sind. Daraus ergeben sich wichtige Fragestellungen zu denen jedoch wenige Daten vorliegen, die auch im Hinblick auf populationsgenetische Untersuchungen relevant sind, da das Wanderverhalten einen maßgeblichen Einfluss auf den genetischen Austausch zwischen (Teil-) Populationen haben kann. Zudem zählt die Quappe derzeit als selten geworden Art und scheint in einigen Regionen im Rückgang begriffen. In den beiden großen Strömen Rhein und Donau blieben Reusenbefischungen, z.T. speziell für den Quappenfang ausgerichtet, über den gesamten Untersuchungszeitraum hinweg erfolglos. Diese Befischungen wurden in Strecken durchgeführt, in denen in früheren Jahren regelmäßig zumindest einige Quappen gefangen wurden. Auch hier können Witterungs- und

Hochwasserbedingungen eine Rolle gespielt haben, aber ein Rückgang der Populationen kann nicht ausgeschlossen werden. Viele weitere Bestände sind deutlich reduziert und einige Vorkommen wie z.B. in der Oberweser und Werra gelten als erloschen (HMUKLV & Hessen-Forst FENA 2014). An der Mosel werden laut lokaler Fischer ebenfalls keine Quappen mehr gefangen. Auch am Fischaufstieg in Koblenz konnte im Rahmen des Monitorings der Bundesanstalt für Gewässerkunde (bfg) die Quappe nicht mehr gefunden werden. An der Isar konnten (ebenfalls im Wesentlichen über die Fischerei) keine erfolgversprechenden Möglichkeiten zu Beprobung identifiziert werden. Insgesamt wurden im Rahmen der Projektlaufzeit 52 Beprobungen durchgeführt. Von diesen 52 waren 20 Beprobungen ohne jeglichen Erfolg. Dies betraf vier Beprobungen im Wesereinzugsgebiet, acht im Elbeeinzugsgebiet, zwei im Schlei/Traveeeinzugsgebiet, drei im Rheineinzugsgebiet, eine im Donaueinzugsgebiet und zwei im Odereinzugsgebiet. Dabei kamen neben der Angelfischerei vor allem Elektrobefischungen und Reusen zum Einsatz. Des Weiteren wurden ca. 140 weitere Institutionen und Einzelpersonen kontaktiert. Diese Anfragen ergaben, dass Quappen nicht oder nur äußerst selten vorkommen (Tab. A4 im Anhang). In einer frühen Phase des Projektes wurden Anfragen zu Standorten, bei denen bestenfalls Aussichten auf einige wenige Tiere bestanden nicht weiterverfolgt, um die Projektmittel möglichst effizient einzusetzen. Angesichts der beschriebenen Probleme bei der Beschaffung von Probematerial sollte bei künftigen Studien zu Fischarten, bei denen ähnliche Schwierigkeiten zu erwarten sind, versucht werden, eine kontinuierliche Probenahme auch wenig aussichtsreicher Bestände über zwei oder mehr Jahre zu etablieren, um die Erfolgsaussichten zu erhöhen. Bei einigen Anfragen ergab sich im vorliegenden Projekt die Situation, dass nach den vorab vorhandenen Informationen der Befischungsaufwand in keinem zu rechtfertigenden Verhältnis zu dem zu erwartenden Ergebnis stand. Für einige größere Fließgewässer lagen z.B. durchschnittliche Fangzahlen von weniger als einem Tier je 500 m Fließstrecke aus Elektrobefischungen vor. Da bei größeren Fließgewässern der Personalaufwand für Elektrobefischungen sehr hoch ist, wurden auch diese Optionen nicht weiterverfolgt, um den effizienten Einsatz von Projektmitteln zu gewährleisten. Insgesamt kann der starke Ausfall der Quappenfänge über mehrere aufeinanderfolgende Jahre aber auch als Zeichen für einen allgemeinen Rückgang der Populationsdichten dieser Art über große Gebiete

Deutschlands hinweg interpretiert werden, welcher als ausgesprochen alarmierend zu bezeichnen wäre.

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. Bei der Auswahl planten wir auch die Lage der Untersuchungsgebiete in Bezug auf die Ökoregionen und relevanten Gewässertypen nach WRRL mit ein. Diese Ziele konnten weitestgehend erreicht werden, sodass die abundanzstarken Verbreitungsgebiete der Quappe innerhalb Deutschlands repräsentativ abgedeckt wurden (vgl. Brunken & Winkler 2015, Abb. 2) und damit die genetischen Großgruppen der Quappe umfassen. 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.

Über die gesamte Projektlaufzeit wurden etwa 190 Einzelpersonen und Institutionen angesprochen, sowie 52 Standorte beprobt. Mit Einschränkungen erfolgreich erwies sich die Beprobung von 32 Standorten, die sechs große Flussgebietseinheiten Deutschlands umfassen. Dabei sind verschiedene Gewässertypen berücksichtigt worden. Fünf Bestände decken die Gewässersysteme der GAK-Liste ab. Für 21 Populationen wurde die volle Anzahl an Individuen für beide genetische Analysemethoden erreicht. Bei 11 Populationen konnten für die Mikrosatellitenanalyse lediglich zwischen 1-20 Tiere je Population und bei 7 Populationen lediglich zwischen 1-9 Tiere mittels Sequenzanalyse bearbeitet werden. Morphometrische Daten konnten von 24 Populationen vollständig erfasst werden. Bei drei weiteren Populationen konnten die Tiere nur vermessen und bei einer Population lediglich das Gewicht aufgenommen werden.

Von den insgesamt 1016 Gewebeproben der Quappe konnten 1010 erfolgreich mittels Mikrosatellitenanalysen und 332 anhand von Sequenzanalysen bearbeitet werden. Hierbei wurde von 980 Tieren das komplette Markersset von 12 Mikrosatellitenloci erstellt. Bei 30 Tieren kam es zum Ausfall von ein oder zwei Loci. Bezogen auf die Flussgebietseinheiten (insbesondere hinsichtlich der Sequenzanalysen) konnten wir trotz des reduzierten Stichprobenumfangs eine gute Abdeckung erzielen.

Die Erlangung von Informationen zur Bestandssituation in den jeweiligen Herkünften erwies sich teilweise als schwierig. Oft waren Information zu Besatzaktivitäten der vergangenen Jahre nicht oder nur sehr spärlich bekannt, da oftmals genaue Aufzeichnungen fehlen. Für vollständig nachvollziehbare Aussagen der Besatzsituation in den jeweiligen Herkünften wurde die Information mit aufgenommen und bei der Bearbeitung der Studie berücksichtigt.

Ein weiteres Ziel war es, ESUs als Basis für ein zukünftiges Management der Quappe zu definieren. Die natürliche genetische Struktur der Quappe ist deutlich weniger überprägt als bei anderen Arten, wie z.B. bei der Bachforelle (Schmidt et al. 2015a) oder dem Edelkrebs (Schmidt et al 2015b). Daher ist eine Identifizierung von ESUs innerhalb Deutschlands im Vergleich zu anderen Arten eindeutiger zu treffen.

Zwar zeigen beide Markersysteme eine gewisse Differenzierung der Populationen zwischen den Flusseinzugsgebieten und der geographischen Grenzen, dennoch unterscheiden sich z.T. Populationen innerhalb eines Einzugsgebietes genauso stark wie zu Populationen zwischen zwei Einzugsgebieten. Allerdings stechen die Einzugsgebiete des Rheins, der Donau, der Oder, der Elbe und der Schlei/Trave durch entweder eine starke Differenzierung zu den anderen Einzugsgebieten hervor und/oder weisen besonders viele private Haplotypen auf, die z.T. einen anderen phylogenetischen Ursprung haben. Insbesondere die Populationen, die aus Gewässern stammen welche von Besatz unbeeinflusst sind, sollten speziell geschützt werden, da ihnen für den Erhalt der Diversität der Quappe eine besondere Bedeutung zukommt. Auch zum Erhalt oder zur Verbreitung spezifischer Haplotypen können diese Populationen für eine gezielte Nachzucht die Grundlage bilden.

Die Ergebnisse der Studie sind für das Management der Quappe von großer Bedeutung, auch grade vor dem Hintergrund, dass bisher nur unzureichende Informationen zur genetischen Diversität der Quappe in Deutschland vorlagen. In einigen Regionen Deutschlands fehlen jedoch weiterhin die Informationen über die genetische Struktur der Quappe oder die durch diese Studie erworbenen Informationen sind nicht ausreichend. Dies ist, wie oben beschrieben, insbesondere darauf zurückzuführen, dass trotz umfangreicher Bemühungen im Projektzeitraum kein Probenmaterial verfügbar gemacht werden konnte. Die komplexe genetische

Struktur der Quappe sollte daher weiter untersucht werden. Die in dieser Studie neu gewonnene Erkenntnis, dass zum einen Haplotypen der westeuropäischen Klade auch im Schlei/Traveeinzugsgebiet vorkommen sowie Haplotypen der Beringsee-Klade in der Oder vertreten sind, sollte weiter untersucht werden. Studien an anderen Fischarten (z.B. Bachforelle, Schenekar et al. 2014) haben gezeigt, dass die Analyse von längeren Sequenzabschnitten der mtDNA gegebenenfalls zur weiteren Untergruppierung einzelner Kladen hilfreich und relevant sein kann, um ESUs zu definieren. Demnach wäre es denkbar für zukünftige Studien weitere DNA-Abschnitte zu analysieren. Hierfür kann das bereits vorhandene Probenmaterial als Grundlage dienen, um eine weitere Aufschlüsselung der unterschiedlichen Kladen der Quappe zu erhalten und diese ggf. besser einordnen zu können.

8. Zusammenfassung

8.1 Zusammenfassung

Gegenstand der Untersuchung ist die populationsgenetische Charakterisierung autochthoner Quappenbestände (*Lota lota*) aus verschiedenen Flussgebietseinheiten Deutschlands und die Identifikation geeigneter, evolutionär eigenständiger Einheiten (ESU) der Quappe für praxisnahe Maßnahmen des Bestandsmanagements.

Probenahmen wurden in 27 Wildpopulationen sowie 5 Zuchtstämmen der Quappe durchgeführt. Neben Elbe (n=8) und Oder (n=7) wurden Populationen aus den Flussgebietseinheiten Rhein (n=6), Donau (n=5), Weser (n=1) und Schlei/Trave (n=3) untersucht. Von insgesamt 1016 Gewebeprobeen wurden 1010 Individuen anhand von zwölf Mikrosatelliten-Loci und von 332 Individuen die Kontrollregion der mitochondrialen DNA untersucht. Morphometrische Parameter, genetische Werte und Indizes wurden ermittelt und für eine Eintragung in die AGRDEU-Datenbank aufbereitet.

Die Haplotypendiversität ist in den Flusseinzugsgebieten Schlei/Trave (0,8460) und Rhein (0,7845) am höchsten. Die untersuchten Tiere konnten drei der von Van Houdt et al. (2005) definierten Kladen zugeordnet werden (Eurasisch, Westeuropäisch und Beringsee), wobei der überwiegende Teil der eurasischen Klade angehört. Ausschließlich im Flusseinzugsgebiet der Oder konnte ein Haplotyp (n=21) der Beringsee-Klade zugeordnet werden.

Mittels kombinierter Markersysteme konnte, mit Einschränkungen, eine gute Differenzierung zwischen Populationen und Flussgebietseinheiten ermittelt werden. Messbare Unterschiede aufgrund der geographischen Grenzen sind vorhanden. Lediglich zwischen den Einzugsgebieten der Elbe und Oder ist eine stärkere Vermischung der Quappen ersichtlich. Die Elbe und die Schlei/Trave stechen durch besonders viele private Haplotypen hervor, die Oder vor allem durch einen Haplotypen der Beringsee-Klade, welche einen anderen phylogenetischen Ursprung hat. Andere Einzugsgebiete wie Rhein und Donau fallen vor allem durch ihre hohe Diversität und/oder genetische Differenzierung zu anderen Einzugsgebieten auf, die speziell geschützt werden sollten. Sowohl private Haplotypen als auch private Allele konnten in über der Hälfte der untersuchten Populationen nachgewiesen werden.

Diese genetischen Eigenschaften gilt es zu erhalten um die Diversität der Quappe weiterhin zu gewährleisten. Die Daten aus dieser Studie bilden eine wichtige Grundlage für den Schutz der genetischen Ressourcen der Quappe und deren Management.

8.2 Abstract

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

Sampling was conducted in 27 wild populations and five different breeding stocks of burbot from the river catchments of the Elbe (n=8), Odra (n=7), Rhine (n=6), Danube (n=5), Schlei/Trave (n=3) and Weser (n=1). From 1010 tissue samples a microsatellite analysis on 12 loci was conducted as well as a sequence analysis of the mitochondrial control region of 332 individuals. Morphometric parameters, genetic values and indices were determined and have been prepared for the registration in the AGRDEU-database.

In total, 37 different haplotypes have been detected within the different river basin districts of Germany. Haplotype diversity is highest in the river basin Schlei/Trave (0.8460) and Rhine (0.7845). Analysed specimens can be assigned to three lineages, the Eurasian, western European and Beringian clade, whereas most specimens belong to the Eurasian clade. Specimens of the Beringian clade (n=21) are only present with one single haplotype in the river basin of the Odra.

Employing both marker systems, a genetic differentiation could be detected between the different populations and river basins. Measurable differences due to geographical boundaries exist. Only between the river basins Elbe and Odra, a higher genetic mixing of burbot was examined. The Elbe and Schlei/Trave river basins stand out due to a high number of private haplotypes, the Odra due to the haplotype of the Beringia clade, which has another phylogenetic origin than the haplotypes of the other detected clades. Other river basins e.g. the Rhine and the Danube appeared to have a high diversity and/or genetic differentiation from further

river basins and should receive special protection because of their significant importance for the conservation of genetic diversity of burbot. Nevertheless, private haplotypes and private alleles have been detected in more than half of the analysed populations. Such genetic characteristics need to be preserved to further ensure the diversity of burbot. The data of this study constitute an important basis for the protection of the genetic resources of wild burbot and their management.

9. AGRDEU Datenstruktur

In den folgenden Tabellen wird die AGRDEU Datenbankstruktur dargestellt. In Tabelle 39 sind die morphometrischen und genetischen Daten am Beispiel einer zufällig ausgewählten Population aufgelistet. In Tabelle 40 sind die Durchschnittswerte und der Varianzkoeffizient aller Populationen der betreffenden Art dargestellt.

Tabelle 39: Datenstruktur pro untersuchter Population am Beispiel der Population „Lorfe“ aus dem Flusseinzugsgebiet der Weser.

Merkmal	Bemerkung
Datensatznummer	BLE_L001
Fischart, Deutscher Name	Quappe
Wissenschaftliche Artbezeichnung, Lateinischer Name	<i>Lota lota</i>
Erhebungsdatum, Jahr	28.11.2014
Population, Name des Herkunftsgewässers	Lorfe
Haupteinzugsgebiet	Weser
Bundesland	Hessen
Landkreis	Waldeck-Frankenberg
Gemeinde	Vöhl
Geographische Lage, Breiten- und Längengrad	51° 9' N, 8° 53' E
Bewirtschaftung	keine Fischerei
Findet Besatz mit der zu untersuchenden Art statt?	keine Hinweise
Anzahl vermessner Individuen	31
Durchschnittliche Gesamtlänge in mm	288
Durchschnittliche Masse in g	210
Durchschnittlicher Korpulenzfaktor	0,855
Anzahl Individuen von denen mitochondriale DNA analysiert wurde	12
Haplotyp-Diversität	0,0000
Nukleotid-Diversität	0,0000
GenBank Akzessionsnummern	DQ631356 (N=12)
Anzahl Individuen von denen Mikrosatelliten (MS) analysiert wurde	31
max Allelzahl pro MS	10
mittlere Allelzahl	6,000
Allelreichtum	1,619
Private Allele	0,000
H_E	0,619
H_O	0,575
F_{IS}	0,071
F_{ST} min	0,0164
F_{ST} max	0,2341

Tabelle 40: Datenstruktur für Durchschnittswerte aller untersuchten Populationen der betreffenden Art *Lota lota*. Für die Allele der untersuchten Mikrosatellitenloci siehe Tabelle A3 im Anhang.

Merkmal	Mittelwert	Varianzkoeffizient CV (%)
Untersuchte Bestände mit morphometrischen Dat	24 (4)	-
Untersuchte Bestände mit genetischer Analytik	32	-
Gesamtlänge (mm)	317,17	37,38
Masse (g)	371,32	113,40
Korpulenzfaktor	0,79	54,54
Haplotyp-Diversität	0,567	35,18
Nukleotid-Diversität	0,002	73,16
Max. beobachtete Allelzahl	15,47	47,62
mittlere Allelzahl	9,27	46,18
Allelreichtum	1,72	4,58
Private Allele	0,076	159,14
He	0,725	10,92
Ho	0,693	12,41
Fis	0,051	85,50
F _{ST} min	0,043	108,71
F _{ST} max	0,270	22,32
mittlere F _{ST}	0,160	46,92

10. Literatur

Albrecht, H. (1983) Besiedlungsgeschichte und ursprünglich holozäne 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: 4692-4693.

Baer, J.; George, V.; Hanfland, S.; Lemcke, R.; Meyer, L.; Zahn, S. (2007). Gute fachliche Praxis fischereilicher Besitzmaßnahmen (Schriftenr.). Verband deutscher Fischereiverwaltungsbeamter und Fischereiwissenschaftler.

Bandelt, H-J.; Forster, P.; Röhl, A. (1999) Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution* 16:37-48. (www.Fluxus-Engineering.com, 2009).

Barluenga, M.; Santera, M.; Meyer, A. (2006) Genetic admixture of burbot (Teleostei: *Lota lota*) in lake Constance from two European glacial refugia. *Molecular Ecology* 15(12): 3583-3600.

Bayerisches Landesamt für Wasserwirtschaft (1984): 100 Jahre Wasserbau am Lech zwischen Landsberg und Augsburg, Schriftreihe des Bayerischen Landesamt für Wasserwirtschaft 19, 123 S.

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL) (2013): Fischzustandsbericht 2012. LfL-Information. Freising-Weihenstephan, Deutschland. 45 S.

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.

BfG. (2011) Rwseg. Bundesanstalt für Gewässerkunde. <http://www.wasserblick.net/servlet/is/145666/?highlight=rwseg>.

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* 13(11): 3261-3273. 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.

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/>

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

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

Elmer, K.R.; Recknagel, H.; Thompson, A.; Meyer, A. (2012) Asymmetric admixture and morphological variability at a suture zone: parapatric burbot subspecies (*Pisces*) in the mackenzie river basin, Canada. *Hydrobiologia* 683(1): 217-229.

Elmer, K.R.; Van Houdt, J.K.J.; Meyer, A.; Volckaert, F.A.M. (2008) Population genetic structure of North American burbot (*Lota lota maculosa*) across the nearctic and at its contact zone with Eurasian burbot (*Lota lota lota*). *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 65(11): 2412-2426.

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.

Fang, H.; Zhang, J.; Song, N.; Qian, L.; Gao, T. (2013) Population genetic structure and geographical differentiation of burbot (*Lota lota*) in China. *Russian Journal of Genetics* 49(10): 1047-1056.

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/Liste_n/GAK_Liste_Fischarten.pdf.

Goudet, J. (1995) Fstat version 1.2: a computer program to calculate Fstatistics. *Journal of Heredity* 86(6): 485-486.

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.

HMUKLV & Hessen-Forst FENA (Hrsg.) (2014) *Atlas der Fische Hessens – Verbreitung der Rundmäuler, Fische, Krebse und Muscheln*. In: FENA Wissen Band 2, Gießen, Wiesbaden.

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>.

Kocher, T.D.; Thomas, W.K.; Meyer, A.; Edwards, S.V.; Pääbo, S.; Villablanca, F.X.; Wilson, A.C. (1989) Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals: amplification and sequencing with conserved primers. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA* 86: 6196-6200.

Lehner, B.; Verdin, K.; Jarvis, A. (2008) New global hydrography derived from spaceborne elevation data. *Eos*, 89(10), 93–94. doi:10.1029/2008EO100001.

Lewin, W.-C.; Brämick, U. (2014) *Fischereiliche Bewirtschaftung des Schaalsees. Bewirtschaftungsplan im Rahmen einer Zertifizierung der Nachhaltigkeit nach Richtlinien des Verbandes „Naturland“*. Erstellt im Auftrag der Fischzucht Grambeck, Zarentiner Schaalseefischerei Rehbohm & Voss, Fischerei H. Rinck, Seedorf.

Lewin, W.-C.; Brämick, U. (2015) Die Entwicklung von Indikatoren zur Sicherung einer nachhaltigen Fischerei in Binnengewässern am Beispiel der Kleinen Maräne. Erstellt im Auftrag des Landesamtes für Landwirtschaft, Umwelt und ländliche Räume des Landes Schleswig-Holstein. 63 S.

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.

Librado, P.; Rozas, J. (2009) DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics* 25: 1451-1452.

Meyer, A.; Morrissey, J.M.; Schartl, M. (1994) Recurrent origin of a sexually selected trait in Xiphophorus fishes inferred from a molecular phylogeny. *Nature* 368: 539-542.

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.

Ministerium für Landwirtschaft und Umwelt des Landes Sachsen-Anhalt, Presse- und Öffentlichkeitsarbeit (2012) Fischarten und Fischgewässer in Sachsen-Anhalt. Teil 1, Die Fischarten. 240 S.

Ministerium für Umwelt und Forsten Rheinland-Pfalz (MUF) (2000): Fische und Fischerei in Rheinland-Pfalz. Bestandsaufnahme, fischereiliche Nutzung, Fischartenschutz. 256 S.

Neumann M. (2011) Fischbiologische Bewertung von 22 schleswig-holsteinischen Seen: Ein Vergleich verschiedener Bewertungsentwürfe. Gutachten im Auftrag des Landesamtes für Landwirtschaft, Umwelt und ländliche Räume, Schleswig-Holstein, 90 S.

Nixdorf, B.; Hemm, M.; Hoffmann, A.; Richter, P. (2003): Dokumentation von Zustand und Entwicklung der wichtigsten Seen Deutschlands. Teil 1, Schleswig-Holstein. Abschlussbericht. Brandenburgische Technische Universität Cottbus, Lehrstuhl Gewässerschutz. 135 S.

Paragamian, V.L.; Powell, M.S.; Faler, J.C. (1999) Mitochondrial DNA analysis of burbot stocks in the Kootenai river basin of british Columbia, Montana, and Idaho. Transactions of the American Fisheries Society 128(5): 868-874.

Paragamian, V.L.; Bennett, D.H. (eds.) (2008) Burbot: Ecology, Management, and Culture. Number 59 in Symposium. American Fisheries Society, Bethesda Maryland.

Powell, M.; Paragamian, V. I.; Dunnigan, J. (2008) Mitochondrial Variation in Western North America Burbot with Special Reference to the Kootenai River in Idaho and Montana. American Fisheries Society Symposium 59, 3-27.

Sanetra, M.; Meyer, A. (2005) Microsatellites from the burbot (*Lota lota*), a freshwater gadoid fish (Teleostei). Molecular Ecology Notes 5: 390-392.

Scharf, J.; Brämick, U.; Fredrich, F.; Rothe, U.; Schuhr, H.; Tautenhahn, M.; Wolter, C.; Zahn, S. (2011) Fische in Brandenburg – Aktuelle Kartierung und Beschreibung der märkischen Fischfauna. Institut für Binnenfischerei e.V. Potsdam-Sacrow, 188 S.

Schenekar, T.; Lerceteau-Köhler, E.; & Weiss, S. (2014) Fine-scale phylogeographic contact zone in Austrian brown trout *Salmo trutta* reveals multiple waves of postglacial 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.

Schmidt, T.; Schrimpf, A.; Schulz, R. (2013a) Aktuelle Forschung zur Genetik von Edelkrebs, Bachforelle, Quappe und Barbe. Fischer und Teichwirt 64(6), 214.

Schmidt, T.; Schrimpf, A.; Schulz, R. (2013b) Eine neue deutschlandweite Untersuchung zur Genetik des Edelkrebses. forum flusskrebse 19, 24-33.

Schmidt, T.; Schrimpf, A.; Schulz, R. (2013c) Zur Genetik von Edelkrebs, Bachforelle, Quappe und Barbe in Deutschland. Fischerei und Fischmarkt in Mecklenburg-Vorpommern 2013(2), 44-45.

Schmidt, T.; Schrimpf, A.; Schulz, R. (2013d) Edelkrebs, Bachforelle, Quappe und Barbe im Focus der Wissenschaft. Allgemeine Fischerei Zeitung - Fischwaid 3, 15-17.

Schmidt, T.; Schrimpf, A.; Schulz, R. (2013e) Edelkrebs, Bachforelle, Quappe und Barbe deutschlandweit. *Fischerei und Gewässer in Rheinland-Pfalz* 2, 20-22.

Schmidt, T.; Schrimpf, A.; Wetjen, M.; Schulz, R. (2015a) 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, 89 S.

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

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.

Souty-Grosset, C.; Reynolds, J. D. (2009) Current ideas on methodological approaches in European crayfish conservation and restocking procedures. *Knowledge and Management of Aquatic Ecosystems* Vol. 01, 394-395.

Stapanian, M.A.; Paragamian, V.L.; Madenjian, C.P.; Jackson, J.R.; Lappalainen, J.; Evenson, M.J.; Neufeld, M.D. (2010) Worldwide status of burbot and conservation measures. *Fish and Fisheries* 11(1): 34-56.

Underwood, Z. E.; Mandeville, E. G.; Walters, A. W. (2016) Population connectivity and genetic structure of burbot (*Lota lota*) populations in the Wind River Basin, Wyoming. *Hydrobiologia* 765 (1), 329–342. doi: 10.1007/s10750-015-2422-y.

Van Houdt, J.K.; Hellemans, B.; Volckaert, F. (2003) Phylogenetic relationships among Palearctic and Nearctic burbot (*Lota lota*): Pleistocene extinctions and recolonization. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 29(3): 599-612.

Van Houdt, J.K.J.; De Cleyn, L.; Perretti, A.; Volckaert, F.A.M. (2005) A mitogenic view on the evolutionary history of the holarctic freshwater gadoid, burbot (*Lota lota*). *Molecular Ecology* 14(8): 2445-2457.

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.

Worthington, T.; Kemp, P.; Osborne, P.E.; Howes, C.; Easton, K. (2010a) Former distribution and decline of the burbot (*Lota lota*) in the UK. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems* 20(4): 371-377.

Worthington, T.; Tisdale, J.; Kemp, P.; Williams, I.; Osborne, P.E. (2010b) Public and stakeholder attitudes to the reintroduction of the burbot, *Lota lota*. *Fisheries Management and Ecology* 17(6): 465-472.

Zhao, Y.Y.; Li, J.; Sun, X.W.; Liang, L.Q.; Zhu, X.D.; Ou-yang, H.S. (2009) Isolation and characterization of new microsatellite markers from the burbot (*Lota Lota*). *Conservation Genetics* 10 (4):1005-1007. doi: 10.1007/s10592-008-9673-3.

11. 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 Haplotypendiversität (Haplo Div), Nukleotiddiversität (Nuk Div), die privaten Haplotypen (Priv Haplo), die Anzahl an Individuen, von denen eine Mikrosatellitenanalyse durchgeführt wurde (N MSat), die maximale Anzahl an Mikrosatelliten pro Locus, die mittlere Anzahl an Mikrosatelliten pro Locus, der Allelreichtum (AR), die mittlere Anzahl privater Allele (Priv Allele), die erwartete Heterozygotie (He), die beobachtete Heterozygotie (Ho), Fis, die minimale (FST min) und maximale (FST max) genetische Distanz der jeweiligen Population zu anderen Populationen.

Population	N mtDNA	Haplo Div	Nuk Div	Priv Haplo	N MSat	max. Allelzahl pro MS	Ø Allelzahl	AR	Priv Allele	He	Ho	Fis	FST min	FST max
LL000	9	0,389	0,003	0	9	10	5,75	1,70	0,000	0,702	0,677	0,038	0,0289	0,3151
LL001	12	0,000	0,000	0	31	10	6,00	1,62	0,000	0,619	0,575	0,071	0,0164	0,2341
LL007	11	0,345	0,001	0	14	13	7,42	1,68	0,071	0,677	0,643	0,052	0,0021	0,1795
LL011	10	0,533	0,002	1	49	16	8,67	1,76	0,102	0,763	0,748	0,02	0,0106	0,2736
LL012	11	0,745	0,002	0	55	24	15,25	1,79	0,018	0,793	0,773	0,023	0,0025	0,3115
LL012.2	10	0,644	0,001	0	10	13	7,25	1,73	0,100	0,735	0,783	-0,07	0,0684	0,2172
LL012.3	11	0,673	0,001	0	54	30	17,08	1,82	0,065	0,818	0,782	0,044	0,0834	0,3115
LL018	10	0,822	0,002	0	49	25	14,25	1,80	0,010	0,797	0,769	0,035	-0,0042	0,2841
LL023	12	0,530	0,001	0	31	14	8,33	1,68	0,145	0,676	0,645	0,046	0,1351	0,3392
LL024	11	0,563	0,003	0	55	21	12,17	1,76	0,027	0,755	0,710	0,061	0,1409	0,3503
LL036	1	-	-	0	1	2	1,67	1,67	0,000	0,667	0,667	-	0,0894	0,3503
LL038	11	0,327	0,000	1	55	12	7,08	1,61	0,091	0,610	0,565	0,075	-0,0002	0,1845
LL040	5	0,600	0,001	0	5	7	4,58	1,73	0,000	0,728	0,650	0,119	0,0372	0,2066
LL041	11	0,545	0,001	1	55	20	12,08	1,77	0,109	0,767	0,726	0,054	0,0658	0,3028
LL043	10	0,303	0,000	1	31	13	8,42	1,68	0,295	0,682	0,605	0,115	0,0589	0,3488
LL044.1	6	0,800	0,004	1	6	8	5,25	1,78	0,000	0,777	0,694	0,115	0,1254	0,3246
LL044.2	9	0,639	0,004	0	9	12	6,25	1,76	0,000	0,756	0,713	0,06	0,0658	0,3287
LL045	12	0,439	0,002	1	31	9	6,50	1,63	0,000	0,634	0,570	0,102	0,0542	0,2403
LL046	12	0,803	0,001	2	66	18	10,00	1,62	0,069	0,619	0,552	0,109	0,0035	0,1964
LL047	12	0,318	0,001	2	20	13	6,42	1,62	0,000	0,621	0,600	0,034	0,0062	0,1852
LL048	11	0,327	0,000	0	33	19	13,25	1,84	0,394	0,841	0,866	-0,03	0,1151	0,3072
LL049	1	-	-	1	1	2	1,50	1,50	0,500	0,500	0,500	-	0,0834	0,3432
LL050	12	0,667	0,002	0	55	24	14,50	1,77	0,027	0,770	0,761	0,012	0,0025	0,2834
LL051	13	0,641	0,001	0	51	24	15,83	1,81	0,010	0,812	0,754	0,072	-0,0042	0,3015
LL052	11	0,927	0,002	3	42	26	14,50	1,81	0,036	0,807	0,791	0,02	0,1037	0,3411
LL053	12	0,682	0,001	3	40	26	14,08	1,80	0,038	0,804	0,779	0,032	0,0101	0,2095
LL056	22	0,554	0,001	0	30	18	11,25	1,79	0,000	0,791	0,789	0,003	0,0035	0,2129
LL057	13	0,641	0,002	0	30	21	12,50	1,79	0,083	0,792	0,753	0,048	0,0109	0,1808
LL059	12	0,667	0,001	1	12	13	8,00	1,78	0,000	0,781	0,701	0,107	-0,0002	0,1894
LL060	12	0,545	0,001	1	48	14	9,67	1,72	0,228	0,717	0,694	0,036	0,0008	0,2270
LL061	14	0,769	0,005	1	32	16	9,42	1,72	0,000	0,725	0,667	0,077	0,0008	0,2458
LL063	1	-	-	0	1	2	1,67	1,67	0,000	0,667	0,667	-	0,0471	0,3092

Tabelle A2: Auflistung der paarweisen FST-Werte. Hoch signifikante Werte sind fett dargestellt. Die minimalen FST-Werte zwischen den Populationen sind rot markiert und die maximalen blau.

	BLE_L011	BLE_L061	BLE_L024	BLE_L036	BLE_L044.2	BLE_L049	BLE_L051	BLE_L052	BLE_L053	BLE_L040	BLE_L063	BLE_L018	BLE_L041	BLE_L059	BLE_L038
BLE_L011		0,14488	0,13839	0,11484	0,11737	0,08939	0,0956	0,06532	0,05993	0,1286	0,11919	0,05424	0,141	0,11225	0,23045
BLE_L061	0,14488		0,05502	0,20143	0,04713	0,21954	0,15435	0,13463	0,13788	0,18342	0,16906	0,13934	0,20162	0,18094	0,30922
BLE_L024	0,13839	0,05502		0,14761	0,01061	0,22411	0,14526	0,12715	0,12865	0,15731	0,16915	0,12991	0,18136	0,14412	0,27358
BLE_L036	0,11484	0,20143	0,14761		0,14642	0,28205	0,09763	0,07409	0,09124	0,00253	0,27273	0,08381	0,13118	0,11509	0,25414
BLE_L044.2	0,11737	0,04713	0,01061	0,14642		0,20329	0,13385	0,11162	0,11487	0,15785	0,15531	0,11273	0,18715	0,14274	0,30154
BLE_L049	0,08939	0,21954	0,22411	0,28205	0,20329		0,16058	0,13041	0,13285	0,20504	0,34884	0,11298	0,21722	0,20492	0,32102
BLE_L051	0,0956	0,15435	0,14526	0,09763	0,13385	0,16058		0,02313	0,03163	0,09951	0,07746	0,03324	0,08868	0,0449	0,18079
BLE_L052	0,06532	0,13463	0,12715	0,07409	0,11162	0,13041	0,02313		-0,00016	0,08505	0,0655	0,0038	0,06844	0,03784	0,18448
BLE_L053	0,05993	0,13788	0,12865	0,09124	0,11487	0,13285	0,03163	-0,00016		0,09202	0,05892	0,00209	0,07242	0,03722	0,18944
BLE_L040	0,1286	0,18342	0,15731	0,00253	0,15785	0,20504	0,09951	0,08505	0,09202		0,21144	0,09289	0,15302	0,11512	0,23079
BLE_L063	0,11919	0,16906	0,16915	0,27273	0,15531	0,34884	0,07746	0,0655	0,05892	0,21144		0,06908	0,17405	0,12888	0,34263
BLE_L018	0,05424	0,13934	0,12991	0,08381	0,11273	0,11298	0,03324	0,0038	0,00209	0,09289	0,06908		0,08211	0,04162	0,17953
BLE_L041	0,141	0,20162	0,18136	0,13118	0,18715	0,21722	0,08868	0,06844	0,07242	0,15302	0,17405	0,08211		0,09249	0,20424
BLE_L059	0,11225	0,18094	0,14412	0,11509	0,14274	0,20492	0,0449	0,03784	0,03722	0,11512	0,12888	0,04162	0,09249		0,20437
BLE_L038	0,23045	0,30922	0,27358	0,25414	0,30154	0,32102	0,18079	0,18448	0,18944	0,23079	0,34263	0,17953	0,20424	0,20437	
BLE_L023	0,18086	0,23415	0,21632	0,21906	0,22878	0,24335	0,14061	0,13992	0,15308	0,16367	0,27115	0,14441	0,18325	0,16843	0,2169
BLE_L060	0,16818	0,2461	0,23011	0,20181	0,23033	0,21866	0,14168	0,13918	0,14	0,16851	0,22656	0,12873	0,17846	0,16454	0,14912
BLE_L043	0,21004	0,26597	0,23608	0,17956	0,25139	0,31151	0,15164	0,15209	0,15278	0,20268	0,28808	0,15425	0,15882	0,15134	0,08335
BLE_L007	0,20805	0,2609	0,23932	0,23412	0,25288	0,26688	0,16481	0,16647	0,16871	0,20295	0,25177	0,16529	0,20043	0,17929	0,24005
BLE_L001	0,19972	0,26404	0,24047	0,3115	0,25579	0,32459	0,12539	0,13986	0,14137	0,28189	0,24373	0,14047	0,14997	0,14455	0,27765
BLE_L044.1	0,10151	0,06228	0,02767	0,15662	-0,00424	0,21436	0,1251	0,10605	0,10489	0,15102	0,14022	0,10413	0,17396	0,13192	0,28409
BLE_L012.2	0,16216	0,226	0,2047	0,15212	0,20301	0,23412	0,04494	0,07895	0,09545	0,16552	0,17601	0,09819	0,10032	0,08764	0,22852
BLE_L012	0,12678	0,17214	0,16255	0,10087	0,1518	0,19451	0,01351	0,05225	0,0676	0,11554	0,11422	0,07044	0,09197	0,07285	0,19642
BLE_L056	0,148	0,18316	0,17217	0,13619	0,16509	0,20899	0,03102	0,07499	0,08918	0,14875	0,12286	0,09551	0,11395	0,08272	0,22696
BLE_L057	0,15444	0,19081	0,17792	0,14066	0,17031	0,21994	0,03881	0,07651	0,09062	0,15286	0,11312	0,09858	0,10834	0,09511	0,24578
BLE_L050	0,14645	0,18699	0,18124	0,14043	0,17522	0,21127	0,02094	0,07508	0,08773	0,14523	0,12787	0,09072	0,11452	0,08892	0,21292
BLE_L012.3	0,11775	0,15789	0,15173	0,0948	0,14112	0,16471	0,01087	0,03994	0,04924	0,1141	0,09866	0,05245	0,07936	0,05698	0,18517
BLE_L048	0,08683	0,14145	0,12827	0,01011	0,1137	0,12982	0,06018	0,0482	0,04942	0,0287	0,1018	0,05477	0,10022	0,0679	0,16674
BLE_L000	0,1363	0,06007	0,06493	0,19135	0,02887	0,23917	0,15082	0,12438	0,12606	0,17656	0,19996	0,126	0,19476	0,15107	0,31506
BLE_L045	0,21849	0,23134	0,23344	0,29256	0,2424	0,33915	0,14581	0,13623	0,13869	0,26236	0,18012	0,14754	0,1594	0,17997	0,31999
BLE_L047	0,19031	0,24779	0,24057	0,25737	0,2588	0,34109	0,13562	0,10368	0,10691	0,26053	0,20811	0,11676	0,10718	0,13728	0,28979
BLE_L046	0,24029	0,25011	0,24506	0,29486	0,26169	0,35034	0,16997	0,15311	0,15659	0,28336	0,27093	0,17742	0,16338	0,20664	0,34323

Fortsetzung Tabelle A2

	BLE_L023	BLE_L060	BLE_L043	BLE_L007	BLE_L001	BLE_L044.1	BLE_L012.2	BLE_L012	BLE_L056	BLE_L057	BLE_L050	BLE_L012.3	BLE_L048	BLE_L000	BLE_L045	BLE_L047	BLE_L046
BLE_L011	0,18086	0,16818	0,21004	0,20805	0,19972	0,10151	0,16216	0,12678	0,148	0,15444	0,14645	0,11775	0,08683	0,1363	0,21849	0,19031	0,24029
BLE_L061	0,23415	0,2461	0,26597	0,2609	0,26404	0,06228	0,226	0,17214	0,18316	0,19081	0,18699	0,15789	0,14145	0,06007	0,23134	0,24779	0,25011
BLE_L024	0,21632	0,23011	0,23608	0,23932	0,24047	0,02767	0,2047	0,16255	0,17217	0,17792	0,18124	0,15173	0,12827	0,06493	0,23344	0,24057	0,24506
BLE_L036	0,21906	0,20181	0,17956	0,23412	0,3115	0,15662	0,15212	0,10087	0,13619	0,14066	0,14043	0,0948	0,01011	0,19135	0,29256	0,25737	0,29486
BLE_L044.2	0,22878	0,23033	0,25139	0,25288	0,25579	-0,00424	0,20301	0,1518	0,16509	0,17031	0,17522	0,14112	0,1137	0,02887	0,2424	0,2588	0,26169
BLE_L049	0,24335	0,21866	0,31151	0,26688	0,32459	0,21436	0,23412	0,19451	0,20899	0,21994	0,21127	0,16471	0,12982	0,23917	0,33915	0,34109	0,35034
BLE_L051	0,14061	0,14168	0,15164	0,16481	0,12539	0,1251	0,04494	0,01351	0,03102	0,03881	0,02094	0,01087	0,06018	0,15082	0,14581	0,13562	0,16997
BLE_L052	0,13992	0,13918	0,15209	0,16647	0,13986	0,10605	0,07895	0,05225	0,07499	0,07651	0,07508	0,03994	0,0482	0,12438	0,13623	0,10368	0,15311
BLE_L053	0,15308	0,14	0,15278	0,16871	0,14137	0,10489	0,09545	0,0676	0,08918	0,09062	0,08773	0,04924	0,04942	0,12606	0,13869	0,10691	0,15659
BLE_L040	0,16367	0,16851	0,20268	0,20295	0,28189	0,15102	0,16552	0,11554	0,14875	0,15286	0,14523	0,1141	0,0287	0,17656	0,26236	0,26053	0,28336
BLE_L063	0,27115	0,22656	0,28808	0,25177	0,24373	0,14022	0,17601	0,11422	0,12286	0,11312	0,12787	0,09866	0,1018	0,19996	0,18012	0,20811	0,27093
BLE_L018	0,14441	0,12873	0,15425	0,16529	0,14047	0,10413	0,09819	0,07044	0,09551	0,09858	0,09072	0,05245	0,05477	0,126	0,14754	0,11676	0,17742
BLE_L041	0,18325	0,17846	0,15882	0,20043	0,14997	0,17396	0,10032	0,09197	0,11395	0,10834	0,11452	0,07936	0,10022	0,19476	0,1594	0,10718	0,16338
BLE_L059	0,16843	0,16454	0,15134	0,17929	0,14455	0,13192	0,08764	0,07285	0,08272	0,09511	0,08892	0,05698	0,0679	0,15107	0,17997	0,13728	0,20664
BLE_L038	0,2169	0,14912	0,08335	0,24005	0,27765	0,28409	0,22852	0,19642	0,22696	0,24578	0,21292	0,18517	0,16674	0,31506	0,31999	0,28979	0,34323
BLE_L023	0,15785	0,15785	0,2306	0,19867	0,2406	0,21451	0,16866	0,14865	0,17574	0,18549	0,16225	0,14218	0,11508	0,253	0,28811	0,27165	0,30721
BLE_L060	0,15785	0,15507	0,06575	0,23717	0,21059	0,18743	0,16132	0,18449	0,1929	0,17659	0,14616	0,11298	0,24573	0,26561	0,24704	0,30281	0,30805
BLE_L043	0,2306	0,15507	0,20744	0,24742	0,23676	0,20337	0,16843	0,1903	0,20118	0,18722	0,15166	0,1296	0,26184	0,25705	0,2343	0,30805	0,32871
BLE_L007	0,19867	0,06575	0,20744	0,24929	0,24352	0,21273	0,18019	0,19191	0,20221	0,18971	0,16167	0,12996	0,26815	0,28477	0,26654	0,32871	0,32871
BLE_L001	0,2406	0,23717	0,24742	0,24929	0,25506	0,16691	0,14354	0,16049	0,16528	0,1507	0,1286	0,18295	0,2819	0,2318	0,18907	0,25152	0,25152
BLE_L044.1	0,21451	0,21059	0,23676	0,24352	0,25506	0,19792	0,14673	0,15796	0,16524	0,16731	0,1303	0,10834	0,03393	0,24381	0,25863	0,26147	0,26147
BLE_L012.2	0,16866	0,18743	0,20337	0,21273	0,16691	0,19792	0,01639	0,02452	0,02909	0,02428	0,02837	0,10213	0,21779	0,21082	0,18277	0,20475	0,20475
BLE_L012	0,14865	0,16132	0,16843	0,18019	0,14354	0,14673	0,01639	0,01222	0,0209	0,00346	0,00617	0,07478	0,1643	0,15777	0,1371	0,15687	0,15687
BLE_L056	0,17574	0,18449	0,1903	0,19191	0,16049	0,15796	0,02452	0,01222	0,00075	0,01473	0,02114	0,09901	0,17606	0,16583	0,16191	0,1633	0,1633
BLE_L057	0,18549	0,1929	0,20118	0,20221	0,16528	0,16524	0,02909	0,0209	0,00075	0,02592	0,0271	0,10481	0,18712	0,16999	0,15467	0,1604	0,1604
BLE_L050	0,16225	0,17659	0,18722	0,18971	0,1507	0,16731	0,02428	0,00346	0,01473	0,02592	0,01476	0,09713	0,18898	0,17506	0,16087	0,17921	0,17921
BLE_L012.3	0,14218	0,14616	0,15166	0,16167	0,1286	0,1303	0,02837	0,00617	0,02114	0,0271	0,01476	0,06753	0,15224	0,13608	0,11529	0,1409	0,1409
BLE_L048	0,11508	0,11298	0,1296	0,12996	0,18295	0,10834	0,10213	0,07478	0,09901	0,10481	0,09713	0,06753	0,11705	0,18733	0,17085	0,20953	0,20953
BLE_L000	0,253	0,24573	0,26184	0,26815	0,2819	0,03393	0,21779	0,1643	0,17606	0,18712	0,18898	0,15224	0,11705	0,257	0,26896	0,26152	0,26152
BLE_L045	0,28811	0,26561	0,25705	0,28477	0,2318	0,24381	0,21082	0,15777	0,16583	0,16999	0,17506	0,13608	0,18733	0,257	0,13513	0,16991	0,16991
BLE_L047	0,27165	0,24704	0,2343	0,26654	0,18907	0,25863	0,18277	0,1371	0,16191	0,15467	0,16087	0,11529	0,17085	0,26896	0,13513	0,16991	0,16991
BLE_L046	0,30721	0,30281	0,30805	0,32871	0,25152	0,26147	0,20475	0,15687	0,1633	0,1604	0,17921	0,1409	0,20953	0,26152	0,16991	0,1605	0,1605

Tabelle A3: Allelfrequenzen an den 12 untersuchten Mikrosatellitenloci.

MSat-Locus	Allel	Allelfrequenz (%)	MSat-Locus	Allel	Allelfrequenz (%)
Llo6	128	0,001	Ll013	228	0,092
	130	0,001		230	0,015
	134	0,000		232	0,001
	138	0,002		234	0,002
	140	0,014		240	0,000
	142	0,030		242	0,001
	144	0,251		244	0,000
	146	0,241		250	0,001
	148	0,070		Llo15	166
	150	0,067	168		0,009
	152	0,088	170		0,066
	154	0,049	172		0,252
	156	0,074	174		0,552
	158	0,031	176		0,002
	160	0,062	178		0,103
	162	0,012	180		0,001
	164	0,003	182	0,010	
166	0,002	184	0,001		
Llo13	118	0,000	186	0,001	
	168	0,001	Llo34	217	0,000
	190	0,009		237	0,000
	192	0,004		239	0,001
	194	0,010		241	0,000
	196	0,058		243	0,001
	198	0,027		245	0,024
	200	0,140		247	0,025
	202	0,073		249	0,005
	204	0,021		251	0,077
	206	0,044		253	0,019
	208	0,004		255	0,004
	210	0,003		257	0,013
	212	0,041		259	0,015
	214	0,027		261	0,031
	216	0,016		263	0,023
	218	0,003		265	0,045
220	0,030	267		0,030	
222	0,181	269	0,027		
224	0,142	271	0,019		
226	0,050	273	0,030		

MSat-Locus	Allel	Allelfrequenz (%)	MSat-Locus	Allel	Allelfrequenz (%)	
Llo34	275	0,020	Llo1	181	0,060	
	277	0,024		183	0,072	
	279	0,016		185	0,020	
	281	0,043		187	0,017	
	283	0,039		189	0,017	
	285	0,022		191	0,008	
	287	0,042		193	0,006	
	289	0,045		195	0,008	
	291	0,026		197	0,012	
	293	0,033		199	0,000	
	295	0,027		201	0,007	
	297	0,039		203	0,001	
	299	0,023		205	0,001	
	301	0,032		207	0,001	
	303	0,032		Llo7	249	0,002
	305	0,024			251	0,001
	307	0,031	253		0,003	
	309	0,062	261		0,001	
	311	0,012	277		0,001	
	313	0,000	281		0,001	
	315	0,003	283		0,001	
	317	0,004	285		0,001	
	319	0,004	287		0,002	
	325	0,000	289		0,002	
	333	0,000	293	0,004		
	337	0,000	295	0,072		
339	0,001	297	0,016			
Llo1	151	0,001	299	0,041		
	153	0,002	301	0,019		
	155	0,001	303	0,340		
	157	0,000	305	0,002		
	163	0,025	307	0,005		
	165	0,032	309	0,001		
	167	0,037	311	0,018		
	169	0,064	313	0,001		
	171	0,058	315	0,005		
	173	0,115	317	0,015		
	175	0,127	319	0,039		
	177	0,241	321	0,002		
	179	0,062	323	0,002		

MSat-Locus	Allel	Allelfrequenz (%)	MSat-Locus	Allel	Allelfrequenz (%)
Llo7	325	0,006	Llo12	151	0,175
	327	0,004		153	0,028
	329	0,002		155	0,028
	331	0,005		157	0,081
	333	0,043		158	0,001
	335	0,021		159	0,147
	337	0,019		160	0,002
	339	0,061		161	0,096
	341	0,058		162	0,001
	343	0,023		163	0,014
	345	0,013		165	0,023
	347	0,002		167	0,077
	349	0,002		169	0,042
	351	0,005		171	0,021
	353	0,010		173	0,030
	355	0,008		175	0,109
	357	0,002		177	0,076
	359	0,004		179	0,021
	365	0,005	181	0,012	
	367	0,001	183	0,002	
	369	0,002	185	0,000	
	371	0,002	LI022	214	0,000
	373	0,006		216	0,000
	375	0,017		220	0,000
	377	0,003		222	0,000
	379	0,013		226	0,001
	381	0,004		228	0,000
	383	0,005		230	0,000
	385	0,002		238	0,000
	387	0,003		242	0,001
	395	0,003		244	0,002
	397	0,002		246	0,001
	399	0,022		248	0,025
401	0,016	250		0,354	
403	0,010	252		0,061	
407	0,001	254		0,325	
441	0,005	256	0,081		
477	0,005	258	0,088		
Llo12	149	0,011	260	0,010	
	150	0,000	262	0,000	

MSat-Locus	Allel	Allelfrequenz (%)	MSat-Locus	Allel	Allelfrequenz (%)
Llo22	302	0,001	Llo16	292	0,034
	318	0,000		294	0,017
	324	0,001		296	0,017
	326	0,000		298	0,012
	332	0,000		300	0,028
	336	0,000		302	0,010
	376	0,010		304	0,002
	378	0,003		306	0,001
	386	0,005		308	0,015
	388	0,017		309	0,001
	392	0,000		312	0,000
	394	0,004		316	0,000
Llo16	232	0,001	318	0,000	
	234	0,000	334	0,000	
	240	0,018	Llo21	125	0,000
	242	0,017		141	0,000
	244	0,018		143	0,033
	246	0,005		149	0,000
	248	0,023		153	0,002
	250	0,241		155	0,000
	252	0,083		157	0,034
	254	0,016		159	0,000
	256	0,031		161	0,009
	258	0,021		163	0,005
	260	0,133		165	0,104
	262	0,019		167	0,108
	264	0,012		169	0,021
	266	0,015		171	0,001
	268	0,017		173	0,015
	270	0,022		175	0,007
	272	0,012		177	0,038
	274	0,003		179	0,101
	276	0,003		181	0,037
	278	0,012		183	0,038
	280	0,035		185	0,018
	282	0,010		187	0,064
	284	0,023		189	0,102
	286	0,025		191	0,164
	288	0,009		193	0,028
	290	0,034		195	0,043

MSat-Locus	Allel	Allelfrequenz (%)	MSat-Locus	Allel	Allelfrequenz (%)
Llo21	197	0,003	Llo32	201	0,012
	205	0,001		203	0,007
	207	0,003		205	0,022
	209	0,001		207	0,039
	217	0,003		209	0,028
	219	0,002		211	0,019
	233	0,007		213	0,049
	251	0,003		215	0,041
Llo26	136	0,002		217	0,054
	138	0,007		219	0,061
	140	0,064		221	0,082
	142	0,017		223	0,050
	144	0,045		225	0,048
	146	0,024		227	0,050
	148	0,016		229	0,014
	150	0,049		231	0,013
	152	0,139		233	0,013
	154	0,026		235	0,014
	156	0,049		237	0,018
	158	0,062		239	0,033
	160	0,085	241	0,018	
	162	0,306	243	0,013	
	164	0,034	245	0,020	
	166	0,042	247	0,037	
	168	0,011	249	0,022	
	170	0,006	251	0,001	
172	0,004	259	0,000		
174	0,002	261	0,000		
176	0,002	267	0,001		
178	0,002				
180	0,001				
Llo32	179	0,000			
	185	0,000			
	187	0,000			
	189	0,021			
	191	0,018			
	193	0,015			
	195	0,120			
	197	0,017			
199	0,026				

Tabelle A4: Abschätzung der Anzahl an Standorten bei denen Möglichkeiten zur Probenahme angefragt wurden, die nicht zu einer erfolgreichen oder erfolglosen Probenahme geführt haben je Bundesland. Die exakte Anzahl an angefragten Standorten ist dabei schwer zu erfassen, da Anfragen an eine Person sich z.T. auf mehrere Gewässer beziehen oder umgekehrt mehrere Kontakte sich möglicherweise auf dasselbe Gewässer beziehen können.

Bundesland	Angefragte Standorte
Berlin	2
Brandenburg	26
Bremen	5
Mecklenburg-Vorpommern	23
Sachsen	4
Sachsen-Anhalt	7
Schleswig-Holstein	21
Baden-Württemberg	5
Bayern	19
Hessen	4
Niedersachsen	11
Nordrhein-Westfalen	5
Rheinland-Pfalz	6
Σ	138