



---

**Erfassung und Dokumentation der genetischen Vielfalt von Zuchtkarpfen sowie der Nebenfische der Karpfenteichwirtschaft, der Zuchtsalmoniden sowie der Nebenfische der Salmonidenhaltung und der weiteren in Aquakultur gehaltenen Arten in Deutschland**

**Teillos 1:**

„Erfassung und Dokumentation der genetischen Vielfalt von Zuchtkarpfen (*Cyprinus carpio*) sowie der Nebenfische der Karpfenteichwirtschaft in Deutschland“  
(Aktenzeichen 514-73.02/05BE006/1)

**Schlussbericht**

im Auftrag der  
Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Berichtszeitraum: 25.07.2005 – 04.01.2008

Bearbeiter: Dr. Andreas Müller-Belecke

Zusammenarbeit: Dezernat 51.4 „Fischerei und Gewässerökologie in NRW“,  
Bezirksregierung Arnsberg  
Institut für Biochemie und Biologie, Universität Potsdam  
Institut für Fischerei, LfL Bayern, Starnberg  
Fischereiforschungsstelle des Landes Baden-Württemberg,  
Langenargen  
Referat Fischerei, Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft,  
Königswartha

---

**Januar 2008**

## Inhaltsverzeichnis

<b>1.</b>	<b>Ziele und Aufgabenstellung des Projektes</b> .....	3
1.1	Planung und Ablauf des Projektes.....	3
1.2	Ausgangssituation und technischer Stand, an die angeknüpft wurde.....	4
<b>2.</b>	<b>Material und Methoden</b> .....	5
<b>3.</b>	<b>Ergebnisse</b> .....	14
3.1	Ausführliche Darstellung der wichtigsten Ergebnisse.....	14
3.1.1	Erfassung von Haupterwerbsbetrieben mit Laichfischbeständen in Deutschland.....	14
3.1.2	Auswahl von Laichfischbeständen zur näheren phänotypischen und genotypischen Charakterisierung.....	16
3.1.3	Charakterisierung ausgewählter Laichfischbestände im Rahmen von Betriebsbesuchen.....	17
3.1.3.1	Befragungsergebnisse.....	17
3.1.3.2	Morphometrische Erfassung.....	25
3.1.3.3	Genmarkerstudien.....	31
3.2	Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse.....	43
3.2.1	Entscheidungsgrundlage für weitere Planungen.....	43
3.2.2	Empfehlungen zur züchterischen Bearbeitung.....	45
3.2.2.1	Auf Ebene der Arten.....	45
3.2.2.2	Auf Ebene der Bestände.....	46
<b>4.</b>	<b>Zusammenfassung</b> .....	47
<b>5.</b>	<b>Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen / Hinweise auf weiterführende Fragestellungen</b> .....	48
<b>6.</b>	<b>Literaturverzeichnis</b> .....	50

### Anhang

## **1. Ziele und Aufgabenstellung des Projektes**

Zur Bereitstellung von Informationen zu den in Form von Laichfischbeständen in der Aquakultur in Deutschland vorhandenen aquatischen genetischen Ressourcen wurde das Institut für Binnenfischerei e.V. Potsdam Sacrow (IfB) in Zusammenarbeit mit Partnerinstitutionen von der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) zur bundesweiten Erfassung der Haupterwerbs-Fischereibetriebe mit eigenen Laichfischbeständen beauftragt. Weiterhin sollte die Erfassung und Dokumentation von den gehaltenen Laichfischbeständen mit ihren spezifischen Merkmalen, die Charakterisierung ihrer genetischen Identität und Variabilität über Mikrosatellitenmarkerstudien sowie die Bestimmung von Verwandtschaftsverhältnissen bei Beständen der Nutzfischarten Äsche (*Thymallus thymallus*), Bachforelle (*Salmo trutta fario*), Bachsaibling (*Salvelinus fontinalis*), Karpfen (*Cyprinus carpio carpio*), Regenbogenforelle (*Oncorhynchus mykiss*), Schleie (*Tinca tinca*), Seesaibling (*Salvelinus alpinus*) und Zander (*Sander lucioperca*) durchgeführt werden. Erhaltungszustand und Erhaltungsbedarf der untersuchten Laichfischbestände sollten beurteilt werden. Das Projekt erstreckte sich über eine geplante Laufzeit von zwei Jahren und startete am 24.7.05.

Die Bearbeitung des Projektes erfolgte im Rahmen des hier vorgestellten Teillostes 1, welches die Dokumentation der genetischen Vielfalt in der Karpfenteichwirtschaft zum Ziel hat, sowie im Rahmen von Teillos 2, in welchem die entsprechende Dokumentation in der Salmonidenhaltung beabsichtigt ist.

### **1.1 Planung und Ablauf des Projektes**

Nach dem zugrunde liegenden Arbeitsplan wurde das Vorhaben in folgende Projektphasen und Aufgaben unterteilt:

#### **Phase 1**

Erstellung einer bundesweiten Übersicht zu Haupterwerbsbetrieben der Binnenfischerei mit eigenen Laichfischbeständen, schriftliche Information zum Projekt, erste telefonische Kontaktaufnahme, Auswahl zu bereisender Fischzüchter (Start: 24.7.05; Ende: 15.12.05)

#### **Phase 2**

Bereisung der ausgewählten Betriebe, Erhebungen zu ausgewählten Laichfischbeständen der Arten Karpfen, Schleie und Zander, genetische Probenahme (Start: 15.9.05; Ende: 15.10.06)

#### **Phase 3**

Aufbau der zentralen Datenbank, Aufbereitung und Auswertung der erfragten Daten, genetische Bestimmung der genommenen Proben, Aufnahme der genetischen Daten in die Datenbank (Start: 15.11.05; Ende 15.3.07)

#### **Phase 4**

Testlauf und Datenübergabe an das Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt (IBV) der BLE, Berichterstellung (Start: 15.3.07; Ende 24.7.07)

Nach Verzögerungen bei der Bearbeitung der Mikrosatellitenuntersuchungen wurde der Projektträger am 15.6.07 um einen zweimonatigen Aufschub des Abgabetermins für den abschließenden Projektbericht gebeten. Dieser Bitte wurde am 26.6.07 stattgegeben. Die Beendigung der Projektphase 3 erfolgte bedingt durch die verzögerten Mikrosatellitenstudien erst am 30.6.07, die Phase 4 erstreckte sich bis zum 30.9.07.

Durch eine Mittelaufstockung seitens des Auftraggebers konnten nach Abschluss der Projektlaufzeit weitere als die ursprünglich veranschlagten Laichfischbestände genetisch untersucht werden. Die im Rahmen der zusätzlichen genetischen Untersuchungen gewonnenen Erkenntnisse sind im vorliegenden Update zum Schlussbericht vom 30.9.07 implementiert. Der vertraglich vereinbarte Abgabetermin für dieses Update wurde auf den 5.1.08 festgelegt.

#### **1.2 Ausgangssituation und technischer Stand an die angeknüpft wurde**

Schutz, Erhaltung und nachhaltige Nutzung genetischer Ressourcen sind zentrales Ziel einer Reihe internationaler und nationaler Regelungen. Neben allgemeinen internationalen Vorgaben (Übereinkommen über die biologische Vielfalt (CDB), Agenda 21, Bonner Konvention) stehen Verordnungen auf EU-Ebene, etwa über die Erhaltung und nachhaltige Nutzung der Fischereiresourcen im Rahmen der gemeinsamen Fischereipolitik, die FFH-Richtlinie oder die EU-Wasserrahmenrichtlinie sowie nationale Regelungen wie Naturschutzgesetze oder Landesfischereigesetze.

Die Aquakultur ist der bedeutendste Wirtschaftszweig der deutschen Binnenfischerei. Den durch Züchtung entwickelten Stämmen in der Aquakultur kommen im o.g. Zusammenhang wichtige Funktionen zu:

- Sie bilden die genetische Basis für die derzeitige Aquakulturerzeugung
- Durch ihre züchterische Bearbeitung ist, wie an allen wichtigen landwirtschaftlichen Nutztieren und inzwischen auch einigen Nutzfischarten darstellbar, eine deutlich verbesserte Ausnutzung von gegebenen Produktionsfaktoren möglich (ein Beitrag zum Nachhaltigkeitsprinzip)
- In ihrer Vielfalt können die existierenden Laichfischbestände langfristig wichtige genetische Ressourcen für eine Adaptation an besondere Haltungsumwelten und/oder die Verfolgung neuer Zuchtziele darstellen.

Anders als bei anderen landwirtschaftlichen Nutztieren fehlen in Deutschland sowohl Informationen zum aktuellen Zustand der Laichfischbestände (Ort, Haltungsform, Größe, züchterische Bearbeitung) als auch zu morphologischen, leistungsspezifischen und genetischen Charakteristika. Selbst eine bundesweite Zusammenstellung über die Betriebe mit eigener Laichfischhal-

tung existiert derzeit nicht. Damit sind eine Einschätzung der aktuellen Situation der genetischen Ressourcen in der Aquakultur und die eventuelle Ableitung von Maßnahmen aufgrund der fehlenden Datenbasis derzeit nicht realisierbar.

Vor diesem Hintergrund wurde die Erfassung und Dokumentation der in Deutschland züchterisch tätigen Fischereibetriebe sowie eine Charakterisierung der dort gehaltenen Bestände in Auftrag gegeben.

## **2. Material und Methoden**

### **Auswahl von Kooperationspartnern:**

Für die bundesweite Erfassung von Haupterwerbsbetrieben mit eigener Laichfischhaltung und die Kontaktaufnahme mit diesen Betrieben ist eine enge Kooperation mit den Fischereifachstellen der einzelnen Bundesländer eine Grundvoraussetzung. Vor diesem Hintergrund wurden für die Betreuung der Fischzuchtbetriebe in verschiedenen Bundesländern Unterauftragnehmer ausgewählt, die enge Kontakte zum Fischereisektor in den entsprechenden Bundesländern pflegen. Nachfolgend sind die Kooperationspartner für die einzelnen Bundesländer aufgeführt, mit denen vertraglich eine Zusammenarbeit vereinbart wurde:

- Bayern: Dr. Wedekind, Institut für Fischerei in Starnberg
- Baden-Württemberg, Rheinland-Pfalz, Hessen: Herr Haberbosch in Zusammenarbeit mit der Fischereiforschungsstelle Langenargen unter Leitung von Dr. Rösch
- Nordrhein-Westfalen, Niedersachsen: Herr Broeske in Zusammenarbeit mit dem Dezernat 51.4 „Fischerei und Gewässerökologie in NRW“, Bezirksregierung Arnsberg unter Leitung von Dr. Klinger
- Sachsen: Herr Lehmann unter Leitung von Dr. Füllner, Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft, Referat Fischerei in Königswartha

Für die Analyse und Auswertung von Mikrosatellitenmarkern bei gewonnenen Gewebeproben wurde mit Herrn Prof. Dr. Ralph Tiedemann, Lehrstuhl für Evolutionsbiologie/Spezielle Zoologie vom Institut für Biochemie und Biologie der Universität Potsdam kooperiert.

### **Erfassung von Haupterwerbsbetrieben mit Laichfischbeständen in Deutschland:**

Zur Erstellung einer möglichst vollständigen bundesweiten Liste von Haupterwerbsfischzüchtern mit eigenen Laichfischbeständen wurden von den verantwortlichen Bearbeitern in ihren Bundesländern die fischereirelevanten Fachbehörden (Fischgesundheitsdienste, Fischereiforschungsanstalten, Fischereibehörden und –verbände) informiert und um Kooperation gebeten. Die von den verantwortlichen Mitarbeitern zusammengestellten Betriebe wurden nach Codierung (Betriebscode ⇔ Kürzel des Bundeslandes zuzüglich einer laufenden Nummer des Betriebes innerhalb Bundesland) in anonymisierter Form an den Hauptauftragnehmer überführt.

### **Gewinnung erster Informationen zu den in Deutschland gehaltenen Laichfischbeständen:**

In einem ersten Schritt wurden die Betriebsleiter von Haupterwerbsbetrieben mit Laichfischbeständen mit einem Schreiben über das Projekt informiert und auf die bevorstehende telefonische Erstbefragung zu vorhandenen Laichfischbeständen vorbereitet.

Über die sich anschließende telefonische Befragung der Betriebsleiter wurden erste Informationen zu den auf den Betrieben gehaltenen Laichfischbeständen gewonnen. Die für die einzelnen Bundesländer zuständigen Mitarbeiter nutzten für die telefonische Befragung den in Anlage 1 dargestellten Fragebogen. Den Laichfischbeständen wurden anonyme Codes zugeordnet (Betriebscode zuzüglich eines durchlaufenden Buchstabens). Die gewonnenen Informationen zu den Laichfischbeständen wurden an den Hauptauftragnehmer weitergegeben.

### **Auswahl von Laichfischbeständen zur näheren phänotypischen und genotypischen Charakterisierung:**

Auftragsgemäß waren für die Aufnahme von morphologischen und Leistungsdaten im Rahmen von Teillos 1 zunächst Laichfischbestände der Arten Karpfen, Schleie, Wels, Störartige vorgesehen. Eine genetische Charakterisierung konnte von bis zu 50 Laichfischbeständen (20 Gewebeprobe pro Bestand) der o.g. Arten, außer bei den Störartigen, erfolgen. Aufgrund der hierfür bewilligten Mittelaufstockung wurden schließlich zusätzliche Bestände genetisch untersucht.

Mit dem Ziel, im Projektverlauf vornehmlich Laichfischbestände näher zu untersuchen, welche durch ihre Herkunft und züchterische Bearbeitung spezielle phänotypische und genotypische Charakteristika aufweisen, wurden auf Basis der Erstbefragungsdaten die erfassten Laichfischbestände nach dem Grad ihrer züchterischen Bearbeitung klassifiziert. Nachfolgend ist das verwendete vierstufige Modell zur näheren Definition des Grades der züchterischen Bearbeitung dargestellt:

#### *Zuchtstufe 0:*

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

#### *Zuchtstufe 1:*

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

### *Zuchtstufe 2:*

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

### *Zuchtstufe 3:*

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

Für die weitere Charakterisierung wurden vornehmlich Laichfischbestände der höheren Zuchtstufen ausgewählt.

Zur Auswahl von Laichfischbeständen für die weitere detaillierte Charakterisierung phänotypischer und genotypischer Merkmale wurden anfangs zunächst die Laichfischbestände aussortiert, für die aus der telefonischen Befragung bereits Hinweise auf ihren Ursprung aus einem anderen, älteren Laichfischbestand vorlagen. Weiterhin wurden Bestände, die aus weniger als 20 Laichfischen pro Geschlecht bestanden, heraussortiert, da hier von einer zu geringen effektiven Populationsgröße für die weitgehende Vermeidung von Inzucht ausgegangen werden musste.

Von den für Teillos 1 relevanten Fischarten verblieben damit folgende Anzahlen an Laichfischbeständen:

Karpfen	60
Schleie	27
Störartige	7
Europ. Wels	1
(Zander	24)

Aufgrund seiner offenbar weitaus größeren Bedeutung ging der Zander anstelle des Welses als relevante Art in die weitere Untersuchung ein. Die sieben Störbestände bestehen aus fünf verschiedenen Arten. Ein Vergleich erschien hier nicht sinnvoll. Auf ihre weitere Charakterisierung sollte im vorliegenden Vorhaben zugunsten der vielversprechenderen Arten verzichtet werden. Genetische Untersuchungen an den erfassten Störbeständen liefen und laufen zudem bereits in anderen Studien.

Für eine weiter verschärfte Auswahl unter den nunmehr verbleibenden 111 Laichfischbeständen wurden für die einzelnen relevanten Arten Prioritätenlisten 1 (hohe Priorität) bis n (niedrige Priorität) gebildet. Hierfür wurden folgende Kriterien berücksichtigt:

- Art (gewichtet mit ihrer entsprechenden Bedeutung in Form der Anzahl der vorhandenen Laichfischbestände)
- Zuchtstufe (3-1)
- Jahr, seit dem sich die Bestände auf den Betrieben befinden (1000-2005)
- Größe der Laichfischbestände

Die Rangierungskriterien Zuchtstufe, Jahr, Bestandsgröße wurden meistens, aber nicht zwangsläufig in der genannten Reihenfolge befolgt. In einigen Fällen lagen etwa Informationen über besondere Charakteristika von Laichfischbeständen der Zuchtstufe 1 vor, die hierdurch vor höheren Zuchtstufen rangiert wurden. Als weitere weiche Kriterien wurde versucht, eine Verteilung der zu beprobenden Laichfischbestände auf die verschiedenen Regionen (N-, S-, O-, W-Deutschland) sowie eine angemessene Arbeitsbelastung der einzelnen Projektbearbeiter mit zu berücksichtigen.

### **Gestaltung von Frage- und Erfassungsbögen für die weitere Charakterisierung ausgewählter Laichfischbestände im Rahmen von Betriebsbesuchen:**

Der für die Vor-Ort-Befragung der Fischzüchter auf den Betrieben eingesetzte Fragebogen ist in Anlage 2 einzusehen. Er gliedert sich in Fragen

- über Details zur züchterischen Bearbeitung des Laichfischbestandes (S. 2-6)
- zur Umwelt, in welcher die Laichfische und Nachkommen gehalten werden (S. 6-8)
- zu Morphologie, Verhaltenseigenschaften und Leistungscharakteristika unter den Umweltbedingungen des Standortes (S. 8-9)
- zur zukünftigen Entwicklung (Prognoseabfrage) (S. 10)
- zur Einverständniserklärung zur Datenveröffentlichung (S. 10).

Anlage 3 stellt den Erfassungsbogen für Daten von einzelnen Fischen aus den Laichfischbeständen oder ihren Nachkommenschaften dar.

### **Durchführung von Betriebsbesuchen zur näheren Charakterisierung ausgewählter Laichfischbestände:**

#### a) Vor-Ort-Befragungen

Nach Terminabsprache wurden die die ausgewählten Laichfischbestände haltenden Betriebe von den für die einzelnen Bundesländer verantwortlichen Mitarbeitern besucht. In einem pro Bestand durchschnittlich etwa 45-minütigen Gespräch mit den Betriebsleitern wurden anhand des eingesetzten Fragebogens möglichst umfassende Informationen zu Bestandscharakteristika gewonnen.



#### b) Erfassung von Daten zu Einzelfischen aus den Laichfischbeständen

Wenn möglich wurden für die Gewinnung von Einzelfischdaten die adulten oder die nachgezogenen Laichfischbestände direkt genutzt. Laichtiere stellen für die Fischzüchter die mit Abstand wertvollsten Individuen auf ihren Betrieben dar. Somit gestaltete es sich häufig als schwierig, für die Datenerfassung direkt auf Laichfische zurückzugreifen. Falls nicht auf die Laichfische zurückgegriffen werden konnte, wurden für die Erfassung Speisefische bzw. große Setzlinge genutzt. Wiederum zur Verringerung der Wahrscheinlichkeit der Beprobung von Vollgeschwistern wurden in diesem Fall nach Möglichkeit unterschiedlich alte Fische beprobt. Das genaue Alter der untersuchten Fische wurde vom Betriebleiter erfragt. Um die Individuen keinem unnötigen Stress auszusetzen, wurden die Fische auf den Betrieben lediglich gewogen, mit einer Schieblehre in ihrer Breite vermessen und für die Erfassung weiterer morphometrischer Daten (Gesamtlänge; Standardlänge; Kopflänge; prädorsaler Abstand; min. Körperhöhe; max. Körperhöhe) mit einer Digitalkamera fotografiert. Zur Schaffung der Vergleichbarkeit morphometrischer Merkmale unterschiedlich großer Fische innerhalb Arten wurden die Werte für Standardlänge, Kopflänge, prädorsaler Abstand, minimaler und maximaler Körperhöhe in Prozent der Gesamtlänge ausgedrückt. Die Berechnung des Korpulenzfaktors erfolgte nach STEFFENS (1985) nach der Formel:

$$\text{Korpulenzfaktor (K)} = \frac{100 \times \text{Stückmasse (g)}}{\text{Länge (cm}^3\text{)}}$$

Weiterhin wurde der Quotient aus maximaler Körperhöhe, dividiert durch die minimale Körperhöhe berechnet. Vermessung und Fotografie erfolgten zur Schonung der Fische nach deren Narkotisierung auf einer weichen, angefeuchteten Unterlage. Die Fische wurden anschließend zurückgesetzt. Zur Vermeidung der Übertragung von Krankheiten und Parasiten wurden alle verwendeten Gerätschaften vor und nach jedem Betriebsversuch gründlich gereinigt und desinfiziert. Die Kleidung wurde gewechselt.

Die Erfassung morphometrischer Parameter erfolgte nach den Betriebsbesuchen anhand der aufgenommenen Digitalfotos zentral vom Hauptauftragnehmer. Bei der digitalen Fotografie wurde ein gut ablesbares Zentimetermaß in geringem Abstand zum Fisch im Bildausschnitt mit festgehalten. Mit Hilfe des Bildbearbeitungsprogramms Adobe Photoshop® wurden die einzelnen Körpermaße in Pixeln am PC ausgelesen. Über die Kalibrierung am mitfotografierten Zentimetermaß konnten die erfassten Pixel-Werte in mm umgerechnet werden.

#### c) Probeentnahme für genetische Untersuchungen

Für die genetische Untersuchung wurden nach Möglichkeit aus jedem näher untersuchten Bestand 20 getöteten Fischen Gewebeproben (ca. 20-30 mm<sup>2</sup> große Flossensaumstücke) entnommen und in Probengefäßen (2 ml) in unvergälltem Ethanol (96%) bis zur Analyse im Labor gelagert. Zur Verringerung der Gefahr der Entnahme von Vollgeschwisterproben wurden, wenn keine Laichfische beprobt werden konnten, Gewebeproben aus unterschiedlichen Altersklassen genommen.

### Genetische Untersuchungen:

Im Labor der AG von Prof. Tiedemann an der Universität Potsdam wurde an den hier eingereichten Flossenproben zunächst die DNA-Isolierung vorgenommen. Die DNA-Extraktion aus den Gewebeproben erfolgte mittels des DNeasy Blood & Tissue Kits der Firma QIAGEN nach Anleitung. Die isolierte DNA wurde anschließend bei -20°C eingefroren. Die Überprüfung einer gelungenen DNA-Extraktion fand mittels Gelelektrophorese auf einem 1%igen Agarose-Ethidiumbromid-Gel statt.

Im Rahmen vorbereitender Arbeiten zur methodischen Anpassung wurden Testläufe mit unterschiedlichen Mikrosatellitenmarkersystemen durchgeführt. Für die genetische Charakterisierung der Laichfischbestände wurden für jede Fischart schließlich 10 möglichst variable Mikrosatellitenmarker ausgewählt und für die Routine etabliert.

Tabelle 1 stellt die für die verschiedenen Arten zum Einsatz kommenden Mikrosatellitenmarker sowie die ihre Herkunft dokumentierenden Literaturquellen dar. In den Anhangstabellen 1 bis 3 sind nach Arten gegliedert zu den einzelnen Mikrosatelliten weitere Informationen, wie Primer-Sequenzen, die von ihnen generierten DNA-Wiederholungssequenzen, Allelzahlen, und ihre Codierungen in der Genmarkerdatenbank „GenBank“ des „National Center for Biotechnology Information“ ([www.ncbi.nlm.nih.gov/](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/)) dargestellt.

Tabelle 1: Bezeichnung und Herkunftsangabe der für die genetische Charakterisierung von Karpfen-, Schleien-, und Zanderbeständen eingesetzten Mikrosatellitenmarkersysteme

Fischart	Primerbezeichnung		Literaturquelle
	laut Literaturquelle	Laborintern	
Karpfen	MFW6	Ccar_MFW6-F_FAM Ccar_MFW6-R	CROOJMANS et al. (1997)
	MFW7	Ccar_MFW7-F_VIC Ccar_MFW7-R	CROOJMANS et al. (1997)
	MFW9	Ccar_MFW9-F_FAM Ccar_MFW9-R	CROOJMANS et al. (1997)
	MFW11	Ccar_MFW11-F_PET Ccar_MFW11-R	CROOJMANS et al. (1997)
	MFW13	Ccar_MFW13-F_VIC Ccar_MFW13-R	CROOJMANS et al. (1997)
	MFW16	Ccar_MFW16-F_NED Ccar_MFW16-R	CROOJMANS et al. (1997)
	MFW20	Ccar_MFW20-F_FAM Ccar_MFW20-R	CROOJMANS et al. (1997)
	MFW24	Ccar_MFW24-F_NED Ccar_MFW24-R	CROOJMANS et al. (1997)
	MFW26	Ccar_MFW26-F_NED Ccar_MFW26-R	CROOJMANS et al. (1997)
	MFW30	Ccar_MFW30-F_FAM	CROOJMANS et al. (1997)

	MTT-4	Ccar_MFW30-R Tin_MTT-4-F_VIC Tin_MTT-4-R	KOHLMANN & KERSTEN (2006)
<b>Schleie</b>	MFW1	Ccar_MFW1-F_PET Ccar_MFW1-R	CROOIJMANS et al. (1997)
	MFW17	Ccar_MFW17-F_FAM Ccar_MFW17-R	CROOIJMANS et al. (1997)
	<i>MTT-1</i>	Tin_MTT-1-F_NED Tin_MTT-1-R	KOHLMANN & KERSTEN (2006)
	<i>MTT-2</i>	Tin_MTT-2-F_FAM Tin_MTT-2-R	KOHLMANN & KERSTEN (2006)
	<i>MTT-3</i>	Tin_MTT-3-F_FAM Tin_MTT-3-R	KOHLMANN & KERSTEN (2006)
	<i>MTT-4</i>	Tin_MTT-4-F_VIC Tin_MTT-4-R	Kohlmann & Kersten (2006)
	<i>MTT-5</i>	Tin_MTT-5-F_PET Tin_MTT-5-R	KOHLMANN & KERSTEN (2006)
	<i>MTT-6</i>	Tin_MTT-6-F_NED Tin_MTT-6-R	KOHLMANN & KERSTEN (2006)
	<i>MTT-7</i>	Tin_MTT-7-F_VIC Tin_MTT-7-R	KOHLMANN & KERSTEN (2006)
	<i>MTT-9</i>	Tin_MTT-9-F_FAM Tin_MTT-9-R	KOHLMANN & KERSTEN (2006)
<b>Zander</b>	<i>Svi</i> L4	<i>Svi</i> _L4-F_NED <i>Svi</i> _L4-R	WIRTH et al. (1999)
	<i>Svi</i> _L6	<i>Svi</i> _L6-F_PET <i>Svi</i> _L6-R	WIRTH et al. (1999)
	<i>Svi</i> _L7	<i>Svi</i> _L7-F_VIC <i>Svi</i> _L7-R	WIRTH et al. (1999)
	<i>Svi</i> _L8	<i>Svi</i> _L8-F_FAM <i>Svi</i> _L8-R	WIRTH et al. (1999)
	<i>Svi</i> 4	<i>Svi</i> 4-F_NED <i>Svi</i> 4-R	BORER et al. (1999)
	<i>Svi</i> 6	<i>Svi</i> 6-F_NED <i>Svi</i> 6-R	BORER et al. (1999)
	<i>Svi</i> 17	<i>Svi</i> 17-F_FAM <i>Svi</i> 17-R	BORER et al. (1999)
	<i>Svi</i> 33	<i>Svi</i> 33-F_VIC <i>Svi</i> 33-R	BORER et al. (1999)
	<i>Pfla</i> L3	<i>Pfla</i> _L3-F_PET <i>Pfla</i> _L3-R	LECLERC et al. (2000)
	<i>Pfla</i> _L9	<i>Pfla</i> _L9-F_FAM <i>Pfla</i> _L9-R	LECLERC et al. (2000)

In Anlehnung an die Literaturvorgaben zu den eingesetzten Mikrosatellitenmarkersystemen (Tabelle 1) erfolgten zunächst die PCR-Reaktionen. Als Thermocycler kamen Geräte der Firmen Biometra (Biometra T Gradient, Biometra T 1, Biometra T 3000 ) und BioRad (BioRad Light Cycler) zum Einsatz. Die Probenanalyse erfolgte schließlich in einem 16-Kapillar-Sequencer der Firma ABI (ABI 3100 Genetic Analyzer).

Die für die verschiedenen Mikrosatelliten in einzelnen Proben innerhalb Beständen nachgewiesenen Allele wurden unter Nutzung des Softwarepaketes GENALEX 6 (PEAKALL & SMOUSE 2006) gespeichert und standen für die weitere Auswertung zur Verfügung.

### **Datenführung:**

Die erfassten Daten wurden in Absprache mit dem Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt (IBV) der BLE (Ansprechpartner: Frau Dr. Monnerjahn, Herr Jimenez-Krause) in einer MS-Access Datenbank „BLE\_gen\_Res\_Aqua1.mdb“ zusammengeführt. In der Datenbank wurden hierzu sechs Tabellen angelegt:

- „Daten Fischzüchter“: Darstellung der Zuchtbetriebe (Betriebscodes) mit Laichfischbeständen. Nennung der auf den Betrieben gehaltenen Arten mit Laichfischbeständen.
- „Daten Laichfischbestände FB1“: Beinhaltet die über die telefonische Umfrage anhand von Fragebogen 1 zusammengestellten, ersten Informationen zu allen gehaltenen Laichfischbeständen. Zur Verknüpfung der Datensätze von erfassten Fischarten mit der Datenbank FishBase wurden entsprechende, von Herrn Jimenez-Krause zur Verfügung gestellte FishBase-ID's implementiert.
- „Daten Laichfischbestände FB2“: Stellt die im Rahmen der Vor-Ort-Besuche anhand von Fragebogen 2 erfassten Daten zu den näher untersuchten Laichfischbeständen dar.
- „Daten Morphometrie Einzelfische“: Beinhaltet alle an Einzelfischen innerhalb der Laichfischbestände erfassten morphometrischen Merkmale.
- „Daten Morphometrie Einzelfische bereinigt“: Beinhaltet die morphometrischen Daten von Laichfischbeständen, von denen komplette Messungen an mindestens 10 Individuen erfasst sind.
- „DATEN LAICHFISCHBESTÄNDE AGGREGIERT“: Fasst die in den o.g. Tabellen zu den Laichfischbeständen im Einzelnen dargestellten Informationen für Auswertung und Darstellung in aggregierter Form zusammen. Weiterhin beinhaltet die Tabelle die bei den Mikrosatellitenmarkerunterschieden gewonnenen genetischen Charakteristika zu allen genetisch untersuchten Beständen.

Zu den aufgeführten Tabellen stehen für Eingabe- und Darstellungszwecke entworfene Formulare bereit.

Insofern die einzelnen Tabellen-, bzw. Eingabefelder nicht selbsterklärende Bezeichnungen tragen, sind entsprechende Erklärungen in den Feldbeschreibungen in der Entwurfsansicht zu den Tabellen hinterlegt. In der Formularansicht sind diese Informationen nach Anklicken der jeweiligen Eingabefelder der Feldbeschreibungs-Zeile am unteren Bildrand zu entnehmen. Zur Gestaltung von Abfragen mit Informationen aus mehreren Tabellen stehen die Tabellen über den Bestandscode miteinander in Beziehung.

Neben der MS-Access-Datei stehen MS-Excel-Dateien mit den genetischen Rohdaten und genetischen Auswertungen zu den einzelnen Fischarten (Statistik\_BLE\_Karpfen.xls; Statis-

tik\_BLE\_Schleie.xls; Statistik\_BLE\_Zander.xls) sowie MS-Word-Dokumente mit den einzelnen Verwandtschaftsbäumen innerhalb Fischarten (Stammbaum\_Karpfen.doc; Stammbaum\_Schleie.doc; Stammbaum\_Zander.doc) zur Verfügung.

Alle aufgeführten Dateien sind auf der im Anhang beiliegenden CD enthalten.

### **Datenauswertung:**

Zur Beurteilung des Einflusses von Parametern zu Haltungsumwelt und züchterischer Bearbeitung auf morphometrische Daten und genetische Kennzahlen wurden einfaktorielle Varianzanalysen mit dem Programmpaket WinSTAT für MS-Excel ver. 1999.2 durchgeführt. Mittelwertvergleiche erfolgten paarweise nach der LSD-Methode (Turkey-Kramer-Test) für ein Signifikanzniveau von  $p < 0,05$ .

Für die Abschätzung der genetischen Diversität innerhalb der untersuchten Laichfischbestände wurden die minimal, maximal und durchschnittlich innerhalb der einzelnen Mikrosatellitenloci beobachteten Allelzahlen erfasst. Zudem wurde der Allelreichtum (allelic richness) berechnet, welcher der durchschnittlichen Allelzahl, korrigiert auf den untersuchten Probenumfang, entspricht. Die durchschnittliche Anzahl privater Allele - Allele, die nur im entsprechenden Bestand beobachtet wurden - pro Mikrosatellitenlocus wurde erfasst. Als weitere Parameter zur Darstellung der genetischen Diversität wurden die anhand der beobachteten Allelfrequenzen ermittelten durchschnittlichen Heterozygotieraten  $H_O$  und  $H_E$  berechnet.  $H_O$  entspricht dabei der tatsächlich beobachteten Heterozygotierate,  $H_E$  der nach dem Hardy-Weinberg-Gesetz anhand der Allelfrequenzen erwarteten Heterozygotierate (SCHWEND 2001).

Für eine Abschätzung eines sich durch Inzuchtwirkungen in den Beständen ergebenden Defizite an Heterozygoten wurde der genetische Inzuchtcoeffizient  $F_{IS}$  nach folgender Formel aus der beobachteten und der erwarteten durchschnittlichen Heterozygotierate über alle untersuchten Genmarker innerhalb der Bestände berechnet (NEI 1977):

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

Positive  $F_{IS}$  drücken für einen Bestand den Verlust an Heterozygotie gegenüber dem erwarteten Heterozygotiegrad aus (HEDRICK 2000) und vermitteln einen Eindruck zur erfolgten Allelfixierung durch Inzucht. Negative  $F_{IS}$  zeigen eine im Vergleich zur erwarteten Heterozygotierate erhöhten Anteil Heterozygoter im betreffenden Bestand.

Als Gradmesser für die genetische Differenzierung zwischen den Laichfischbeständen wurden die paarweisen Fixationsindices  $F_{ST}$  nach folgender Formel berechnet (NEI 1977):

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

Dabei stellt  $H_T$  die erwartete Heterozygotierate über beide zu vergleichenden Laichfischbestände dar und  $H_E$  die erwartete Heterozygotierate in einem der zu vergleichenden Laichfischbestände. Die Werte für  $F_{ST}$  können zwischen 1 und 0 schwanken, wobei ein Wert von 0 darauf hin deutet, dass sich die beiden zu vergleichenden Bestände in den untersuchten Genmarkern nicht unterscheiden. Ein  $F_{ST}$  von 1 verweist in den untersuchten Genmarkern auf eine komplette Differenzierung zwischen den Beständen und kann als vollständige Isolation interpretiert werden. Zur Darstellung der phylogenetischen Beziehungen zwischen allen untersuchten Beständen innerhalb Arten wurden auf Basis von Nei's standard genetic differences (NEI 1972) Verwandtschaftsbäume berechnet, welche die Beziehungen zwischen den Laichfischbeständen in Neighbour Joining- Dendrogrammen darstellen.

Die Auswertung der über Mikrosatellitenmarkerstudien gewonnenen genetischen Daten erfolgte mithilfe verschiedener Programmpakete. Allelfrequenzen, Anzahlen privater Allele und Heterozygotiegrade wurden unter Verwendung von GENALEX 6 (PEAKALL & SMOUSE 2006) berechnet. Genepop web ver. 1.2 (RAYMOND & ROUSSET 1995), ARLEQUIN ver. 3.0 (EXCOFFIER et al. 2005) und FSTAT (GOUDET 2001) kamen zur Berechnung der F-Statistik ( $F_{ST}$ ,  $F_{IS}$ ) und des Allelreichtums zum Einsatz. Phylogenetische Verwandtschaftsbäume innerhalb Fischarten wurden über PHYLIP ver. 3.6 errechnet und mit Hilfe von TREE VIEW ver. 1.6.6 in die entsprechenden Grafiken umgewandelt (FELSENSTEIN 2005). Die Einteilung in genetisch ähnliche Gruppen wurde mit STRUCTURE vorgenommen (PRITCHARD et al. 2000).

### **3. Ergebnisse**

#### **3.1 Ausführliche Darstellung der wichtigsten Ergebnisse**

##### **3.1.1 Erfassung von Haupterwerbsbetrieben mit Laichfischbeständen in Deutschland**

Insgesamt 189 Haupterwerbsbetriebe mit eigenen Laichfischbeständen wurden bundesweit erfasst. Hiervon konnten über die gehaltenen Arten 99 Betriebe der karpfenteichwirtschaftlichen Fischerzeugung zugeordnet werden. Vornehmlich Salmonidenhaltung verfolgten 86 Betriebe. Weitere vier Betriebe verfügten sowohl über Laichfischbestände von Arten der Karpfenteichwirtschaft als auch der Salmonidenhaltung. Diese vier Betriebe wurden für die Auswertung der Salmonidenhaltung (Teillos 2) zugeordnet. Tabelle 2 stellt die Haupterwerbsbetriebe der Karpfenteichwirtschaft aufgliedert nach Bundesländern dar. Weiterhin sind die Bearbeiter in den einzelnen Bundesländern aufgeführt.

Nach geographischer Aufteilung der Bundesländer mit Betrieben in Nord (BB, MV, NDS, NRW, SWH) und Süd (BW, BY, SN, TH) ergibt sich eine Verteilung von etwa einem Drittel karpfen-

teichwirtschaftlicher Betriebe (n=32), die im Norden der Bundesrepublik liegen. Mit 67 Betrieben liegen zwei Drittel der Karpfenteichwirtschaften mit Laichfischbeständen in südlichen Bundesländern. 35 Betriebe liegen in östlichen Bundesländern (BB, MV, SN, TH), 64 Laichfische haltende Karpfenteichwirtschaften sind in westlichen Bundesländern (BW, BY, NDS, NRW, SWH) zu finden. Bayern und Sachsen weisen mit Abstand die meisten Karpfenteichwirtschaften mit Laichfischbeständen auf.

Tabelle 2: Haupterwerbsbetriebe der Karpfenteichwirtschaft mit eigenen Laichfischbeständen nach Projektbearbeitern und Bundesländern

Bearbeiter	Bundesland	Betriebe mit Laichfischbeständen
Herr Broeske	Niedersachsen (NDS)	8
	Nordrhein-Westfalen (NRW)	2
Herr Lehmann	Sachsen (SN)	21
Herr Haberbosch	Baden-Württemberg (BW)	5
	Hessen (HE)	-
	Rheinland-Pfalz (RP)	-
	Brandenburg (BB)	7
Dr. Müller-Belecke	Mecklenburg-Vorpomm. (MV)	4
	Sachsen-Anhalt (SA)	-
	Schleswig-Holstein (SWH)	11
	Thüringen (TH)	3
Dr. Wedekind	Bayern (BY)	38
<b>Gesamt:</b>		<b>99</b>

Ab Mitte November 2005 startete die telefonische Befragung der erfassten Fischzüchter zu Basisinformationen über die auf den Betrieben vorhandenen Laichfischbestände. In aller Regel zeigten sich die befragten Betriebsleiter kooperativ und beantworteten die Fragen z.T. mit großem Interesse.

Von den 99 befragten Betriebsleitern äußerten sich 95 zu ihren Laichfischbeständen. Drei Betriebsleiter erwiesen sich auch nach vielen Versuchen über einen Zeitraum von mehreren Wochen als nicht erreichbar. Ein Betriebsleiter wollte keine Angaben machen. Von sechs Betriebsleitern wurde angegeben, dass die Laichfischhaltung mittlerweile eingestellt wurde.

Erste Angaben zu vorhandenen Laichfischbeständen standen von 89 Betrieben und Fischereieinrichtungen, die der Karpfenteichwirtschaft zuzuordnen waren, zur Verfügung. Es ist davon auszugehen, dass durch die ausgezeichnete Kooperation der Fischgesundheitsdienste, Fischereiforschungsanstalten, Fischereibehörden und –verbände sowie durch engagierte Befragung durch die Projektmitarbeiter ein Großteil der Laichfischbestände in der Karpfenteichwirtschaft in Deutschland erfasst werden konnte.

Von den im Rahmen des Gesamtprojektes insgesamt erfassten 484 Laichfischbeständen sind 250 karpfenteichwirtschaftlichen Betrieben und somit Teillos 1 zuzuordnen. Diese Laichfischbestände sind nach Bundesländern und Arten aufgeschlüsselt in Tabelle 3 dargestellt.

Tabelle 3: Anzahl der im Rahmen von Teillos 1 erfassten Laichfischbestände, gegliedert nach Bundesland und Art

Fischart	Bundesland									Gesamt
	BB	BW	BY	MV	NDS	NRW	SN	SWH	TH	
Aland		1	1		1		3	2		8
Barbe			1							1
Bitterling		1						1		2
Karpfen	3	5	57	2	7	3	24	9	3	113
Europ. Wels		2	3		1		4			10
Graskarpfen			2				1			3
Gründling		1						1		2
Hecht	1	2			2		5	1		11
Karusche							1	1		2
Marmorkarpfen							1			1
Moderlieschen		1	1					1		3
Rotaugen		3								3
Rotfeder		3					1	1		5
Schleie	2	3	22		4	2	8	4		45
Silberkarpfen							1			1
Zander	3	3	24		2		7	1		40
<b>Gesamt</b>	<b>9</b>	<b>25</b>	<b>111</b>	<b>2</b>	<b>17</b>	<b>5</b>	<b>56</b>	<b>22</b>	<b>3</b>	<b>250</b>

Laicherbestände von insgesamt 16 Fischarten konnten auf den befragten Fischzuchtbetrieben erfasst werden. In Baden-Württemberg und Sachsen kommen Laichfischbestände von 11 verschiedenen Fischarten vor. In Thüringen existieren lediglich Laichfischbestände des Karpfens. Auf einzelnen Betrieben werden 10 und mehr verschiedene Laichfischbestände von sieben und mehr Fischarten gehalten. Die Bestände existieren zum Teil seit dem 11. Jahrhundert in den Betrieben. In Einzelfällen wurden sie jedoch erst in den letzten Jahren etabliert. Pro Geschlecht werden Bestandsgrößen an adulten Laichfischen von bis zu 400 Tieren gehalten, im Falle einiger früh geschlechtsreifer, selbständig reproduzierender Kleinfischarten (Bitterling, Moderlieschen) auch deutlich mehr.

### 3.1.2 Auswahl von Laichfischbeständen zur näheren phänotypischen und genotypischen Charakterisierung

Anhand der in Kap. 2 dargestellten Kriterien wurden von den existierenden Laichfischbeständen die in Tabelle 4 nach Art und Bundesland aufgeschlüsselten Laichfischbestände für die nähere Charakterisierung im Rahmen von Betriebsbesuchen ausgewählt.



Die dargestellten Lachfischbestände befanden sich auf 45 unterschiedlichen Teichwirtschaften. Die Vor-Ort-Besuche zur näheren Bestandscharakterisierung erstreckten sich von Anfang März bis Ende Oktober 2006. Tabelle 5 führt die Laichfischbestände auf, für die schließlich eine nähere Charakterisierung gelang.

Tabelle 4: Auswahl von näher zu charakterisierenden Laichfischbeständen (Teillos 1)

Fischart	Bundesland								Gesamt
	BB	BW	BY	MV	NDS	NRW	SN	SWH	
Karpfen	2	3	20	2	2		9	1	39
Schleie	2	2	3		2	1	6		16
Zander	2	1	2				4		9
<b>Gesamt</b>	<b>6</b>	<b>6</b>	<b>25</b>	<b>2</b>	<b>4</b>	<b>1</b>	<b>19</b>	<b>1</b>	<b>64</b>

Tabelle 5: Im Detail charakterisierte Laichfischbestände (Teillos 1)

Fischart	Bundesland								Gesamt
	BB	BW	BY	MV	NDS	NRW	SN	SWH	
Karpfen	2	3	19	2	3		9	2	40
Schleie	2	2	2		1	1	6	2	16
Zander	2	1	2				4		9
<b>Gesamt</b>	<b>6</b>	<b>6</b>	<b>23</b>	<b>2</b>	<b>4</b>	<b>1</b>	<b>19</b>	<b>4</b>	<b>65</b>

Aufgrund der hervorragenden Kooperationsbereitschaft der Teichwirte konnten 43 Betriebe besucht werden. Während der Vor-Ort-Befragung von Betriebsleitern stellten sich jedoch noch zwei interessant erscheinende Karpfen-, und Schleienbestände heraus, die zusätzlich untersucht werden konnten. Somit wurden im Rahmen von Teillos 1 in der Summe schließlich 65 Laichfischbestände über Detailbefragungen und Beprobungen näher erfasst.

### 3.1.3 Charakterisierung ausgewählter Laichfischbestände im Rahmen von Betriebsbesuchen

#### 3.1.3.1 Befragungsergebnisse

Auf Basis der von den Betriebsleitern während der Vor-Ort-Besuche beantworteten Fragebögen (Fragebogen 2) wurden durch Aggregation von Fragenbereichen Klassen gebildet, in welche die Laichfischbestände zur Auswertung eingruppiert werden konnten.

Tabelle 6 stellt für die Fischarten Karpfen, Schleie und Zander die zu den verschiedenen Fragenbereichen gebildeten Klassen und die Anzahl der jeweils zugeordneten Laichfischbestände dar.

Tabelle 6: Klassifizierung der untersuchten Laichfischbestände im Rahmen verschiedener Fragenbereichen (Teillos 1)

Fragenbereich	Klassifizierung	Zutreffend für n Laichfischbestände der Arten		
		Karpfen (n=40)	Schleie (n=16)	Zander (n=9)
<b>Haltungsumwelt</b>				
Höhenlage	bis 100 m über N.N.	10	5	
	100-500 m	30	9	6
	500-1000 m			
	über 1000 m			
Futtergrundlage	Naturfutter			4
	Zufütterung	37	14	2
	Alleinfuttermittel			1
Besatzdichte (bei Speisefischen)	gering (bis 150 kg/ha)	1	4	4
	mittel (150-800 kg/ha)	28	8	1
	hoch (über 800 kg/ha)	11	3	
Bestandsgröße	bis 100 adulte Tiere	23	2	4
	100-1000 adulte Tiere	16	14	5
	über 1000 adulte Tiere	1		
Nennung von Besonderheiten zur Haltungsumwelt		14	2	3
<b>Züchterische Bearbeitung</b>				
Größe der Basispopulation	bis 20 Tiere	2		1
	20-50 Tiere	4		1
	über 50 Tiere	11	3	2
Zusammensetzung d. Basispopulation	aus einer Herkunft	17	6	3
	aus mehreren Herkünften	15	7	2
Bestandsalter	bis zu 10 Jahre im Betrieb	1		2
	10-20 Jahre	8	4	3
	20-40 Jahre	12	4	1
	40-60 Jahre	7	3	2
	über 60 Jahre	12	3	1
Bestandsführung	Nutzung von Blutauffrischung	17	6	4
	geschlossen	23	10	5

Selektionsschema	keine Selektion	1	1	1
	auf Basis von Eigenleistung	39	15	6
	auf Basis von Verwandtenleistung			
Maximale effektive Populationsgröße	bis zu 20 Tieren	6	1	
	20-50 Tiere	15	4	2
	50-100 Tiere	12	2	3
	über 100 Tiere	5	5	1
Selektionsintensität	gering (über 50 % selektiert)	1	1	1
	mittel (10-50 %)	7	4	4
	hoch (bis 10 %)	25	6	1
Nutzungsdauer	kurz (bis 2 Jahre)	7	4	1
	mittel (2-5 Jahre)	13	8	5
	lang (über 5 Jahre)	19	4	1
Vornehmliche Zuchtausrichtung (2 Nennungen möglich)	Fitness, genetische Vielfalt	4	4	2
	Morphologische Merkmale	35	9	2
	haltungstechnologische Eignung	5		1
	Mastleistung	22	8	4
Aufzeichnungen zum Züchterfolg		5		
Nennung züchterischer Besonderheiten		3	1	
<b>Laichzeit, Auffälligkeiten Bestand</b>				
Laichzeit	früh (ab 2 Mon. vor „normal“)	1		
	normal	34	13	6
	spät (ab 2 Mon. nach „normal“)	1		2
Nennung außergewöhnlicher Toleranzen, morphologischer Besonderheiten		17	2	2

Aufgrund z.T. fehlender Kenntnisse etwa über Einzelheiten zur züchterischen Bearbeitung oder die mangelnde Bereitschaft von Betriebsleitern zur Beantwortung von Details, war für einzelne Bestände nicht für alle Fragenbereiche eine Einordnung möglich.

#### **Haltungsumwelt:**

Obgleich die ausführliche Befragung der Betriebsleiter zur Darstellung vieler Details zu Haltungsumwelt -technologie führte (vergl. Access-Datenbank, Formular „Eingabe Daten Laichfischbestände FB2“), wurde eine vergleichsweise grobe Klassifizierung der Haltungsumwelt über den Standort (Höhenlage, Bundesland), die genutzte Futtergrundlage und die Besatzdich-

te nötig. Der Detailreichtum bei Unterschieden in Umweltbedingungen und Haltungstechnologie führte aufgrund der notwendigen starken Aufgliederung in Klassen zum Scheitern einer feiner differenzierten Auswertung von Haltungsparemtern.

Die Gliederung der Laichfischbestände nach Höhenlage des haltenden Betriebes spiegelt annäherungsweise die geografische Aufteilung nach Nord und Süd wider. Die in der norddeutschen Tiefebene gehaltenen Bestände stehen den Beständen aus der Mittelgebirgsregion bzw. des Alpenvorlands gegenüber. Teichwirtschaftliche Betriebe mit Laichfischbeständen oberhalb von 500 m über dem Meeresspiegel gab es nicht.

Karpfen- und Schleienbestände werden ausnahmslos unter Einsatz von Zufütterung gehalten (Tab. 6). Bei vier Laichzanderbeständen wurde auf die Zufütterung in Form von Futterfischen verzichtet. Im Falle eines Bestandes gelang nach Adaptation der Zander im juvenilen Stadium an Trockenfutter die Haltung auf Basis von Alleinfuttermitteln.

Entsprechend der limitierten Futtergrundlage werden die Zanderbestände in der Regel bei geringer Besatzdichte gehalten. Bei Karpfen und Schleienbeständen erfolgte die Aufzucht und Mast in Besatzdichten unter 150 kg/ha nur in Ausnahmefällen. Üblicherweise wurden hier mittlere Besatzdichten von 150 bis 800 kg/ha angegeben (Tab. 6). Bei etwa einem Drittel der Karpfen- und Schleienbestände lag die Besatzdichte durch Nutzung ertragreicher Teiche und/oder umfangreiche Zufütterung oberhalb von 800 kg/ha.

Die Größe der gehaltenen Laichfischbestände lag im Regelfall bei Stückzahlen von 100 bis 1000 adulten Tieren. Bei der Zanderhaltung wurden im Falle von vier von neun Beständen lediglich bis zu 100 adulte Tiere gehalten.

An Besonderheiten zur Haltungsumwelt wurden von den Betriebsleitern für etwa ein Drittel der Bestände außergewöhnliche Wasserparameter (hartes/weiches, eisenhaltiges, nährstoffreiches Wasser) aufgeführt. Ein Karpfenbestand in Schleswig Holstein wird nach den Richtlinien eines Biosiegels bewirtschaftet. Mehrfach wurde der massive Einfall von Kormoranen als beeinflussende Besonderheit genannt.

Laichfischbestände werden in der Karpfenteichwirtschaft in Deutschland üblicherweise bei mittlerer Intensität (Zufütterung, mittlere Besatzdichte) gehalten. Unterschiede in der Haltungsumwelt ergeben sich hauptsächlich in fein abgestuften Differenzen in Wasserparametern, der Ertragsfähigkeit von Teichen und der Fütterungstechnik. Obgleich zwischen den Betrieben erhebliche Unterschiede bei Möglichkeiten der Wasserversorgung der Teiche bestehen (Versorgung lediglich über Niederschlagswasser bis zur direkten Anbindung an Fließgewässer), ist nur in Ausnahmefällen davon auszugehen, dass die Laichfischhaltung durch Wasserknappheit stark negativ beeinflusst wird. Insbesondere in Laichfischteichen wird in der Regel auf eine sichere Wassersituation und unkritische Besatzdichten Wert gelegt. Die Gegebenheit von Voraussetzungen zur dauerhaften Laichfischhaltung wird häufig durch die Existenz der Bestände auf den Betrieben seit vielen Jahrzehnten (s.u.) untermauert.

### **Züchterische Bearbeitung:**

Zur Beurteilung eines möglichen genetischen Flaschenhalses bereits zu Beginn des Aufbaus von Laichfischbeständen sind Informationen über die Anzahl der als Basispopulation zur Verfügung stehenden Tiere hilfreich. Für lediglich 24 der 65 näher untersuchten Bestände konnte von den Betriebsleitern Angaben zur ungefähren Größe der Basispopulation gemacht werden. Während des Bestandsaufbaus, häufig vor über 40 Jahren (s.u.), wurden entsprechende Informationen in vielen Fällen nicht dokumentiert oder sind im Laufe der Zeit (Generationswechsel; Betriebsübernahmen) verloren gegangen. Die am häufigsten genannte Basispopulationsgröße betrug über 50 Tiere. Bei etwa der Hälfte der 50 Nennungen bestand die Basispopulation aus Fischen einer Herkunft. Mindestens zwei Herkünfte wurden für die Zusammenstellung der Basispopulationen von 24 Laichfischbeständen herangezogen (Tab. 6).

Ein recht hoher Anteil der Laichfischbestände wird bereits seit mehreren Jahrzehnten in den Betrieben gehalten. Somit bestand über mehrere Generationen die Möglichkeit der Adaptation und der Ausbildung spezifischer genotypischer und phänotypischer Eigenschaften. Der Großteil der Laichfische haltenden Betriebe verfügt über ein viele Jahre angesammeltes Know-how zur Bewirtschaftung der von ihnen gehaltenen Arten. Einige jüngere Laichfischbestände deuten jedoch auf zusätzliches Interesse an der Reproduktion entsprechender Fischarten hin.

Obgleich mehr Fischzüchter ihre Laichfischbestände geschlossen führen (n=38), werden in 27 Laichfischbeständen zur Blutauffrischung in Abständen Fische von außerhalb in den Bestand hereingenommen (Tab. 6). Hierdurch verringert sich die Gefahr der Anpaarung von Verwandten und somit der Ausprägung von Inzucht. Für die Erstellung von Satzfishen für natürliche Gewässer stellt die Blutauffrischung mit Wildfischen aus dem entsprechenden Besatzgewässer eine ideale Möglichkeit der Schaffung und Erhaltung der gewünschten genetischen Diversität dar (BAER et al. 2007). Für die Bedienung dieses Marktes ist eine entsprechende Zuchtstrategie angebracht. Andererseits geht durch Blutauffrischung ggf. ein Teil des im eigenen Bestand erzielten Zuchtfortschritts verloren. Im Rahmen von Zuchtprogrammen zur Leistungssteigerung empfiehlt es sich, eine Blutauffrischung lediglich über die Einbeziehung von Tieren mit den gewünschten genetischen Eigenschaften vorzunehmen.

Obwohl bei der Auswahl von Beständen zur näheren Charakterisierung im Rahmen von Vor-Ort-Besuchen anhand von Angaben aus der telefonischen Kurzbefragung Bestände mit einem möglichst hohen Grad der züchterischen Bearbeitung ausgewählt wurden, sind drei Laichfischbestände untersucht worden, in denen nach näherer Betrachtung keine Selektion vorgenommen wird. Als Grund hierfür müssen Missverständnisse bei der telefonischen Befragung in Betracht gezogen werden. In den 60 Beständen, zu denen Antworten zu dieser Frage gegeben wurden, wird die Selektion auf Basis der Eigenleistung (positive Massenauslese) betrieben (Tab. 6). Dieses Selektionsschema ist in der Fischzucht aufgrund der hohen Tierzahlen recht einfach und effektiv einzusetzen (RUTTEN 2005), bietet aber keine Chance zur Verbesserung von Zuchtmerkmalen, die, wie etwa die Mehrzahl der Parameter zur Produktqualität, nicht am lebenden Tier gemessen werden können.

Die Tatsache, dass in keinem der erfassten Laichfischbestände eine Selektion auf Basis von Verwandtenleistung (Familienselektion) betrieben wird, deutet auf den vergleichsweise geringen Stellenwert hin, den die züchterische Bearbeitung von Laichfischbeständen in der deutschen Karpfenteichwirtschaft innehat. Zunehmend an Bedeutung gewinnende Zuchtmerkmale wie Schlachtkörperanteile oder Parameter zur Fleischbeschaffenheit werden und können mit den derzeitigen Zuchtstrategien nicht bearbeitet werden. Ein weiterer Hinweis auf das Schattendasein der Züchtung im Rahmen der heutigen Karpfenteichwirtschaft ist die Tatsache, dass lediglich im Fall von fünf der 65 untersuchten Laichfischbestände Aufzeichnungen zur Dokumentation von Züchtungsarbeit und Zuchtfortschritt erfolgen.

Aufgrund der sehr hohen Nachkommenzahlen der in der Karpfenteichwirtschaft anzutreffenden Fischarten ist in der Regel mit der Verpaarung weniger Laichtiere die gewünschte Nachkommenzahl zu erreichen. Die Fischzüchter sind aus kurzfristigen wirtschaftlichen Gesichtspunkten oft nicht gezwungen, die nach allgemeinen Züchtungsempfehlungen (FAO 1981; HALLERMANN 2003) aufrecht zu erhaltenen effektiven Populationsgrößen von mindestens 50 Individuen einzusetzen. Bei der Hälfte der untersuchten Bestände werden somit für diese Maßgabe zu geringe Anzahlen von Laichtieren für die Reproduktion genutzt. Da zusätzlich bei der häufig zum Einsatz kommenden natürlichen Reproduktion nicht gewährleistet werden kann, dass alle eingesetzten Laichfische gleichermaßen am Laichgeschäft teilnehmen, ist davon auszugehen, dass die zur maximalen effektiven Populationsgröße gemachten Angaben eher eine Überschätzung der tatsächlichen Situation darstellen. Die Gefahr von Inzuchtsteigerungsraten von mehr als 1 % pro Generation (FALCONER 1984; ALLENDORF & LUIKART 2007) ist somit innerhalb vieler der betrachteten Laichfischbestände gegeben. Insbesondere bei der Haltung von Zandern ist die Gefahr sehr kleiner effektiver Populationsgrößen groß, da häufig aufgrund ihres Ablauchverhaltens in Kombination mit fehlendem Ablauchsubstrat nur an vereinzelt Stellen im Teich Brut weniger Elterntiere aufkommt. Hohe Inzuchtsteigerungsraten können neben verringerter genetischer Diversität auf Dauer Inzuchtdepressionen nach sich ziehen, die sich wirtschaftlich negativ auswirken können.

Den hohen Nachkommenzahlen entsprechend ist erwartungsgemäß die Selektionsintensität bei vielen Laichfischbeständen im Vergleich zu anderen Nutztieren hoch. In gut der Hälfte der Laichfischbestände werden hohe Selektionsintensitäten mit weniger als 10 % für die Zucht ausgewählten Fischen eingesetzt (Tab. 6). Da in der Regel viele tausend Nachkommen für die Zuchtauswahl zur Verfügung stehen, ist auch bei entsprechend hohen Selektionsintensitäten die Einhaltung der genannten Empfehlungen zur effektiven Populationsgröße problemlos möglich. Die in wenigen Fällen beobachtete geringe Selektionsintensität von über 50 % für die Reproduktion selektierten Individuen ist ggf. für die Bereitstellung genetisch möglichst vielfältiger Besatzfische ein probates Mittel. Der bei 15 Beständen vorgefundene Einsatz von Selektionsintensitäten zwischen 10 bis 50 % spricht in der Fischzucht eher für die Unkenntnis der Möglichkeiten, die sich über effiziente Massenselektionsprogramme bieten. Für eine kaum höhere Chance auf Beibehaltung einer größeren genetischen Diversität bleibt ein hohes Potenzial an möglichem Zuchtfortschritt ungenutzt (GJEDREM 2005).

In vielen Laichfischbeständen werden die Laichfische für mehr als zwei Jahre zur Reproduktion eingesetzt, bevor sie durch die folgende Generation an Nachwuchslaichern abgelöst werden

(Tab. 6). Durch mittlere und lange Nutzungsdauern verlängert sich das Generationsintervall. Bei steigendem Generationsintervall verringert sich die Gefahr der Inzuchtsteigerung pro Zeiteinheit. Andererseits sinkt auch der pro Zeiteinheit erreichbare Zuchtfortschritt (FALCONER 1984). Im Rahmen der Befragungen der Betriebsleiter entstand häufig der Eindruck, dass diese züchterischen Zusammenhänge nicht komplett durchdrungen wurden und deshalb keine gezielte Anpassung der Nutzungsdauer an das Zuchtziel erfolgte. Viele Fischzüchter entschieden sich für mittlere Nutzungsdauern der Laichtiere von drei bis vier Jahren. Unterschiede bei der Nutzungsdauer zwischen Geschlechtern ergaben sich in der Karpfenteichwirtschaft selten.

Zur Beurteilung der vornehmlichen Zuchtausrichtung wurden die im Fragebogen 2 (vergl. Anhang) abgefragten Zuchtziele vier verschiedenen Zuchtausrichtungen zugeordnet:

- Mastleistung: hier gingen Zuchtziele zur Steigerung der Wachstumsleistung, Futtermittelverwertung und Produktqualität ein (Wachstumsleistung, Futtermittelverwertung, Schlachtausbeute, Schlachtkörperqualität, Geschmack)
- Morphologische Merkmale: (Körperproportionen, Färbung, Beschuppung)
- Haltungstechnologische Eignung: In dieser Zuchtausrichtung sind Zuchtziele zusammengefasst, welche für die Haltung am jeweiligen Standort zu Vorteilen führen könnten (Angepasstheit an besondere Umweltverhältnisse, Laichzeitverlegung, Veränderung von Geschlechterverhältnissen in Nachkommen, Veränderung von Verhaltenseigenschaften, Erhöhung der Krankheitsresistenz)
- Fitness, genetische Vielfalt: hier gingen Zuchtziele ein, die primär auf die Eignung als Besatz für natürliche Gewässer ausgerichtet sind (Fitness / Freiheit von Deformationen, erhöhte Fruchtbarkeit, Erhaltung der genetischen Vielfalt)

Die beiden Zuchtausrichtungen, zu denen die meisten Zuchtziele aufgeführt wurden, gingen als charakteristisch für die züchterische Bearbeitung des jeweiligen Bestandes in die Bewertung mit ein. Nicht selten aufgeführte Zuchtziele, die mit der auf dem Betrieb vorgenommenen positiven Massenauslese nicht zu bearbeiten waren (Schlachtkörperqualität, Geschmack) oder die nur bei Verwendung individueller Markierungstechniken möglich wären, obwohl diese nicht eingesetzt wurden (Veränderung von Geschlechterverhältnissen in Nachkommengruppen), verwiesen auf fehlende Kenntnisse über die Möglichkeiten und Grenzen der Züchtungsarbeit. Sie wurden bei der Auswertung der vornehmlichen Zuchtausrichtung nicht mit berücksichtigt.

Mit Abstand am häufigsten wurden morphologische Merkmale als Kriterien für die Zuchtauswahl genannt (Tab. 6). Erst an zweiter Stelle lagen Merkmale, die direkt auf die Leistung ausgerichtet waren. Lediglich in fünf Fällen spielten haltungstechnologische Zuchtziele eine Rolle bei Karpfenbeständen. Die Aufrechterhaltung von Fitness und genetischer Vielfalt hatte als vornehmliche Zuchtausrichtung Bedeutung bei 10 Laichfischbeständen.

In vier Fällen wurden Besonderheiten bei der züchterischen Bearbeitung genannt: Ein Betriebsleiter bemüht sich um die Herauszüchtung eines Schuppenkarpfens mit Wildkarpfen-Charakter. In einem Karpfen- und in einem Schleienbestand werden Nachkommengruppen separat erbrütet, um Unterschiede bei Entwicklungs- und Schlupfraten mitverfolgen zu können. In einem Karpfenlaicherbestand werden Programme zur Laichzeitsteuerung eingesetzt.

Die züchterische Bearbeitung in der Karpfenteichwirtschaft in Deutschland verläuft in vielen Laichfischbeständen nicht mit voller Effizienz. Zwar sind die meisten Halter von Laichfischbeständen seit vielen Jahren mit der haltungstechnischen Bewirtschaftung der von ihnen aufgezogenen Arten eng vertraut, wirtschaftliche Vorgaben und fehlende Züchtungskennnisse führen jedoch nicht selten zu einem suboptimalen züchterischen Bestandsmanagement. Eine bessere Information der Laichfischhalter zu züchterischen Zusammenhängen könnte einerseits dem Verlust an genetischer Diversität vorbeugen und andererseits zur Erzielung eines schnelleren Zuchtfortschritts führen. Beide Aspekte können sich langfristig sowohl ökologisch als auch ökonomisch positiv auswirken. Viele Fischzüchter sind offenbar zu einem Spagat zwischen einer Zuchtausrichtung für die Satzfishbereitstellung und der Zuchtausrichtung für die Speisefischerzeugung gezwungen, um den Anforderungen ihres Marktes gerecht zu werden. Für eine in diesem Fall aus züchterischer Sicht sinnvolle Auffächerung in separat geführte Zuchtbestände sind vielfach die notwendigen betrieblichen Voraussetzungen (ausreichende Anzahlen an Haltungseinheiten, Markierungstechnik, zusätzliche Arbeitskapazität) nicht gegeben.

#### **Laichzeiten und besondere Auffälligkeiten bei Laichfischbeständen:**

Die bei den Laichfischbeständen vorgefundenen, vielfältigen Unterschiede in der Haltungsumwelt ließen einen Vergleich von Beständen hinsichtlich Wachstum und anderer Leistungsmerkmale nicht zu. Für einen aussagekräftigen Vergleich der Leistungsfähigkeit von Laichfischbeständen scheinen Herkunftsvergleiche in einer definierten Haltungsumwelt unabdingbar.

Bewertet man die Laichzeit als ein Bestandscharakteristikum, so weichen nur vier Bestände deutlich von den arttypischen Reproduktionszeiten ab.

Für insgesamt 21 Laichfischbestände werden von den Züchtern morphometrische Besonderheiten wie besonders langgestreckte oder hochrückige Körperform bzw. hervorstechende Färbung oder Beschuppungsmuster ausgewiesen (Tab. 6). Unter den 40 näher untersuchten Laichkarpfenbeständen handelte es sich um sechs Schuppenkarpfen- und 34 Spiegelkarpfenbestände. Eindeutige Zeil- oder Nacktkarpfenbestände wurden bei der näheren Charakterisierung nicht vorgefunden.

#### **Prognoseabfrage:**

Bei Befragung der Laichfischhalter nach ihren Planungen über das weitere Vorgehen mit ihren Laichfischbeständen innerhalb der nächsten drei Jahre, entschieden sie sich im Falle von 48 Beständen für deren Erhaltung. Insbesondere in Kleinbetrieben war nicht selten zu hören, dass hier der Wunsch der Erhaltung der eigenen Fischpopulation und nicht die Ökonomie im Vordergrund steht. An einen Ausbau der Laichfischhaltung wird bei 15 Laichfischbeständen gedacht, bei lediglich zwei Beständen soll eine Bestandsreduzierung erfolgen. Eine komplette Einstellung der Laichfischhaltung war in keinem Fall geplant. Bei drei Laichfischbeständen denken die Betriebsleiter zukünftig an die Bearbeitung zusätzlicher Zuchtziele, im Falle von zwei Beständen sind Investitionen in die Züchtungsarbeit angedacht.



Bei der Frage nach der Bereitschaft der Betriebsleiter sich mit Kollegen, die ebenfalls entsprechendes Interesse und Bereitschaft zeigten, über ihre Laichfischbestände auszutauschen, wurde für 58 Bestände Interesse signalisiert. In aller Regel würde somit ein Forum zum Austausch mit anderen kooperierenden Züchtern gern gesehen. Lediglich im Falle von sieben näher untersuchten Laichfischbeständen auf fünf Betrieben wurde kein Interesse an einem Austausch mit anderen Züchtern bekundet.

### **3.1.3.2 Morphometrische Erfassung**

Komplette Einzelfischvermessungen an 928 Individuen aus 31 Karpfen-, 16 Schleien-, und 7 Zanderbeständen konnten im Rahmen der Betriebsbesuche durchgeführt werden. Im Falle 11 näher untersuchter Bestände wurden keine Einzelfischmessungen durchgeführt, da hier keine ausreichende Anzahl an Fischen aus dem Bestand ( $n < 10$ ) oder lediglich sehr kleine Setzlinge bzw. Larven, an denen eine Erfassung der morphometrischen Daten nicht sinnvoll hätte durchgeführt werden können, zur Verfügung standen.

Insbesondere bei Laichfischen oberhalb von 2 kg gestaltete sich die Erfassung der Körperbreite mithilfe der Schieblehre häufig als schwierig und ungenau. Es war in vielen Fällen nicht sicher möglich, die breiteste Körperstelle zu fassen. In Abhängigkeit vom nicht standardisierbaren Pressdruck während der Schieblehrenmessung konnten wiederholte Messwerte am selben Fisch um mehrere Millimeter voneinander abweichen. Die Breitenmessungen wurden aufgrund dieser mangelhaften Messgenauigkeit nicht mit ausgewertet. Sehr hohe Messwiederholbarkeiten wurden demgegenüber bei den an Fotos erfassten morphometrischen Parametern Gesamtlänge, Standardlänge, minimale und maximale Höhe mit  $r^2$ -Werten zwischen 0,989 und 0,999 festgestellt. Jeweils 20 Fische von drei Fischarten wurden für die Ermittlung dieser  $r^2$ -Werte von mehreren Personen wiederholt an Fotos vermessen. Etwas geringer aber immer noch sehr viel höher als bei Erfassung direkt am lebenden Fisch fielen die an Fotos erfassten Messwiederholbarkeiten für die Parameter Kopflänge ( $r^2 = 0,975$ ) und prä dorsaler Abstand ( $r^2 = 0,945$ ) aus.

Mittelwerte und Variationskoeffizienten über alle vermessenen Einzelfische innerhalb Arten sind in Anhangstabellen 4 bis 6 dargestellt. Die innerhalb der einzelnen Bestände erfassten Mittelwerte zu morphometrischen Parametern sind auf Informationsblättern zu den einzelnen Laichfischbeständen zusammengestellt. Nach Projektabschluss werden den kooperierenden Betriebsleitern die Informationsblätter zu ihren Beständen samt einer Interpretationshilfe sowie die zusammenfassenden Tabellen zu den von ihnen gehaltenen Arten zur Verfügung gestellt. Ein Informationsblatt für einen Laichfischbestand ist beispielhaft im Anhang g. aufgeführt. Die Bestandsmittelwerte aller erfassten morphometrischen Parameter sind in der Datenbank "BLE\_gen\_Res\_Aqua1.mdb" im Tabellenblatt "DATEN LAICHFISCHBESTÄNDE AGGREGIERT" gespeichert (siehe im Anhang beiliegende CD).

Unterschiede in den Körperproportionen von juvenilen Tieren bis etwa 100 g Stückmasse im Vergleich zu subadulten sowie adulten Tieren verlangten nach einer separaten Auswertung von Bestandsdifferenzen juveniler Tiere und subadulter/adulter Individuen.

Bei Einbeziehung aller innerhalb von Beständen an Einzelfischen gemessenen Werte ergaben sich in beiden separat ausgewerteten Altersklassen bis auf wenige Ausnahmen für alle verglichenen morphometrischen Merkmale signifikante Unterschiede zwischen Beständen (einfaktorielle ANOVA's  $p < 0,05$ ).

In Tabelle 7 sind innerhalb von 26 Karpfen-, 11 Schleien-, und 5 Zanderbeständen an subadulten/adulten Tieren erfasste Mittelwerte und Streumaße zwischen Bestandsmittelwerten für die erfassten morphometrischen Parameter Standardlänge, Kopflänge, präadorsaler Abstand, minimale und maximale Körperhöhe dargestellt. Die Mittelwerte für die Parameter sind in Prozent der Gesamtlänge ausgedrückt.

Variationskoeffizienten von bis zu 14,5 % auf der Berechnungsbasis von Bestandsmittelwerten und zum Teil erhebliche Spannen zwischen minimalen und maximalen Bestandsmittelwerten sind weitere deutliche Anzeichen für die beobachteten morphometrischen Unterschiede zwischen den untersuchten Laichfischbeständen. Mit einem durchschnittlichen Variationskoeffizienten von 7,63 % über alle sieben betrachteten Merkmale erschienen die betrachteten Karpfenbestände die größte Streuung aufzuweisen. Für die Zanderbestände ergab sich ein intermediärer Wert von 5,94 %. Die Schleienbestände zeigten mit einem durchschnittlichen Variationskoeffizienten von 2,74 % die geringste Variabilität in den untersuchten morphometrischen Merkmalen.

Fotos von repräsentativen Individuen aus vier näher untersuchten Karpfenbeständen zeigen beispielhaft die zum Teil auch beim bloßen Anblick erkennbaren morphometrischen Unterschiede zwischen Beständen (Abbildung 1). Auch bei Färbung und Beschuppungsmustern waren regelmäßig Bestandscharakteristika zu erkennen.

Zur Evaluation möglicher Einflüsse von Haltungsumwelt und züchterischer Bearbeitung auf die Ausprägung morphometrischer Merkmale wurden die Laichfischbestände nach den in Tabelle 6 aufgeführten Klassifikationen aufgeteilt. Über einfaktorielle Varianzanalysen erfolgte anschließend die statistische Bewertung der Auswirkung entsprechender Umwelt- und züchterischer Parameter auf die erfassten morphometrischen Merkmale.

Über alle zu Teillos 1 untersuchten Laichfischbestände mit an subadulten und adulten Individuen ermittelten morphometrischen Daten wurden die Haltungsumwelt betreffend signifikante Differenzen zwischen unterschiedlichen Besatzdichten ermittelt. Laichfischbestände aus der Haltung mit maximal 150 kg / ha wiesen im Vergleich zu den höheren Besatzdichteklassen signifikant geringere Körperhöhen, präadorsale Abstände und Korpulenzfaktoren auf. Höhenlage der Betriebe, Bestandsgröße und Futtergrundlage wiesen keinen signifikanten Einfluss auf die untersuchten morphometrischen Merkmale auf. Es zeigten sich deutliche Unterschiede zwi-

schen den östlich und westlich gehaltenen Laichfischbeständen. Im Osten hatten die untersuchten Bestände durchschnittlich geringere Kopflängen, Körperhöhen prädorsale Abstände und Korpulenzfaktoren.

Tabelle 7: Innerhalb Laichfischbeständen von Karpfen, Schleien und Zandern an adulten / subadulten Tieren erfasste Mittelwerte sowie Minima, Maxima und Variationskoeffizienten in Bestandsmittelwerten für verschiedene morphometrische Merkmale

Parameter	Mittelwert	Minimum	Maximum	CV (%)
<b>Karpfen (26 Bestände)</b>				
Standardlänge (%) <sup>1)</sup>	86,97	85,26	89,02	1,2
Kopflänge (%)	23,57	19,21	32,05	13,0
Höhe max. (%)	34,41	25,84	39,30	8,4
Höhe min. (%)	12,86	11,31	14,25	5,4
Prädorsaler Abstand (%)	45,42	41,51	50,33	5,9
Korpulenzfaktor	3,18	1,91	3,84	14,5
Höhe max. / Höhe min.	2,67	2,29	2,90	5,0
<b>Schleie (11 Bestände)</b>				
Standardlänge (%)	85,54	85,09	86,69	0,5
Kopflänge (%)	21,42	20,37	22,86	3,8
Höhe max. (%)	25,51	22,92	26,32	3,8
Höhe min. (%)	13,05	12,55	13,47	1,9
Prädorsaler Abstand (%)	46,44	45,16	48,20	1,8
Korpulenzfaktor	2,17	2,01	2,30	4,9
Höhe max. / Höhe min.	1,96	1,83	2,00	2,5
<b>Zander (7 Bestände)</b>				
Standardlänge (%)	90,08	89,38	90,61	0,5
Kopflänge (%)	23,76	21,92	25,56	6,9
Höhe max. (%)	22,19	20,16	23,97	6,5
Höhe min. (%)	7,86	7,59	7,99	2,1
Prädorsaler Abstand (%)	32,72	29,57	38,03	12,1
Korpulenzfaktor	1,43	1,29	1,58	8,4
Höhe max. / Höhe min.	2,83	2,66	3,01	5,1

1) alle Prozentwerte in dieser Spalte beziehen sich auf die Gesamtlänge

Hinsichtlich der züchterischen Bearbeitung wiesen Bestandsalter, effektive Populationsgröße, Selektionsintensität und Nutzungsdauer einen signifikanten Einfluss auf morphometrische Parameter auf. Die ermittelten Signifikanzen ließen sich jedoch nicht immer klar interpretieren. So wiesen etwa Bestände, in denen die Laichfische 2-5 Jahre für die Reproduktion genutzt werden, signifikant geringere maximale Körperhöhen auf als länger und auch kürzer genutzte Bestände. Demgegenüber wurden bei steigender Selektionsintensität gleichermaßen zuneh-

mende Körperhöhen und Korpulenzfaktoren festgestellt. Ebenso stiegen bei steigendem Bestandsalter die maximalen Körperhöhen an. Hohe effektive Populationsgrößen gingen einher mit geringeren Kopflängen.



Abbildung 1: Fotos charakteristischer Individuen aus vier Laichfischbeständen des Karpfens

Signifikante Einflüsse haltungstechnischer und züchterischer Einflussfaktoren auf die morphometrischen Merkmale nach Arten sind für Karpfen- bzw. Schleienbestände in den Tabellen 8 und 9 zusammengestellt. Entsprechende statistische Auswertungen an Zanderbeständen wurden nicht durchgeführt, da hier die Datenbasis mit fünf Beständen mit morphometrischen Messungen an subadulten/adulten Tieren zu gering war.

Wie erwartet nach Auswertung über alle Bestände wurden bei Karpfen- und Schleienbeständen signifikante Unterschiede in morphometrischen Merkmalen bei östlichen und westlichen Beständen beobachtet. Innerhalb der Arten Karpfen und Schleie gingen unterschiedliche effektive Populationsgrößen mit signifikanten Differenzen in morphometrischen Merkmalen einher. Eine einheitliche, interpretierbare Tendenz konnte hier jedoch nicht ausgemacht werden. Im Falle von Schleienbeständen führten steigende Selektionsintensitäten zu abnehmenden prä dorsalen Abständen, wobei die Klasse mit dem sich signifikant abhebenden Wert nur mit einem Laichfischbestand besetzt war.

Unter den von den Betriebsleitern genannten Auffälligkeiten fiel beim Karpfen ein Bestand auf, in dem bewusst auf den Phänotyp eines Wildkarpfens gezüchtet wurde (BB 9 A). Dieser Bestand war charakterisiert durch lang gestreckte Fische. Im Falle von sechs Karpfenbeständen, für die eine starke Nährstoffbelastung des Haltungswassers genannt wurde, wurde eine signifikant größere maximale Körperhöhe beobachtet. Keine signifikanten Unterschiede in den erfassten morphometrischen Merkmalen ergaben sich zwischen Beständen von Schuppenkarpfen (n=3) und Spiegelkarpfen (n=23).

Tabelle 8: Signifikante Einflüsse auf morphometrische Merkmale bei Laichfischbeständen des Karpfens (nur Bestände mit Messungen an subadulten/adulten Individuen; n=26)

Einflussfaktor / Klassifizierung	N Bestände	Mittelwerte für signifikant beeinflusste morphometrische Merkmale						
		% Std.-L.	% Kopf.-L.	% H. max.	% H. min.	% pr. Abst.	K-Faktor	H <sub>max</sub> /H <sub>min</sub> .
<b>Haltungsumwelt:</b>								
<b>Ost - West</b>								
Ost	11		20,89	32,97		43,19	2,97	2,60
West	15		25,53	35,46		47,05	3,33	2,73
<b>Züchterische Bearbeitung:</b>								
<b>Effektive Populationsgröße</b>								
bis zu 20 Tieren	3			31,92		43,71		
20-50 Tiere	9			34,62		44,97		
50-100 Tiere	7			36,39		47,79		
über 100 Tiere	5			33,04		44,22		
<b>Laichzeit, Auffälligkeiten Bestand:</b>								
<b>„Wildkarpfen“</b>								
Züchtung auf Wildkarpfen	1			25,84	11,31		2,20	2,29
Keine Nennung	25			34,76	12,92		3,22	2,69
<b>„Nährstoffbelastung“</b>								
starke Nährstoffbelastung	6			36,66				
Keine Nennung	20			33,74				

% Std.-L.: Standardlänge (%)  
 % Kopf.-L.: Kopflänge (%)  
 % H. max.: Höhe max. (%)  
 % H. min.: Höhe min. (%)  
 % pr. Abst.: Prädorsaler Abstand (%)  
 K-Faktor: Korpulenzfaktor  
 H<sub>max</sub>/H<sub>min</sub>.: Höhe max. / Höhe min.

Tabelle 9: Signifikante Einflüsse auf morphometrische Merkmale bei Laichfischbeständen der Schleie (nur Bestände mit Messungen an subadulten/adulten Individuen; n=11)

		<b>Mittelwerte für signifikant beeinflusste morphometrische Merkmale</b>						
<b>Einflussfaktor / Klassifizierung</b>	<b>N Bestände</b>	<b>% Std.-L.</b>	<b>% Kopf.-L.</b>	<b>% H. max.</b>	<b>% H. min.</b>	<b>% pr. Abst.</b>	<b>K-Faktor</b>	<b>H<sub>max</sub>/H<sub>min</sub></b>
<b>Haltungsumwelt:</b>								
<b>Ost - West</b>								
	Ost	8		21,07				
	West	3		22,33				
<b>Bestandsgröße</b>								
	bis zu 100 Tieren	2	86,35					
	100-1000 Tiere	9	85,35					
<b>Züchterische Bearbeitung:</b>								
<b>Effektive Populationsgröße</b>								
	20-50 Tiere	2					2,23	
	50-100 Tiere	2					2,30	
	über 100 Tiere	4					2,11	
<b>Selektionsintensität</b>								
	gering (über 50 % selektiert)	1				48,20		
	mittel (10-50 %)	4				46,57		
	hoch (bis 10 %)	4				46,30		
<hr/>								
% Std.-L.:	Standardlänge (%)							
% Kopf.-L.:	Kopflänge (%)							
% H. max.:	Höhe max. (%)							
% H. min.:	Höhe min. (%)							
% pr. Abst.:	Prädersaler Abstand (%)							
K-Faktor:	Korpulenzfaktor							
H <sub>max</sub> /H <sub>min</sub> :	Höhe max. / Höhe min.							

Zusammenfassend lässt sich feststellen, dass morphologisch deutliche regionale Unterschiede zwischen den Laichfischbeständen nachweisbar sind. Eine intensivere Züchtungsarbeit (hohes Bestandsalter, hohe effektive Populationsgröße, hohe Selektionsintensität) schien mit der Ausprägung eher gedrungener Laichfischbestände (hohe Körperhöhen, hohe Korpulenzfaktoren, geringe Kopflängen) einherzugehen. Die regionalen Einflüsse zeigten sich auch bei getrennter Auswertung nach Fischarten. Die Einflussnahme der geleisteten Züchtungsarbeit ließ sich demgegenüber nach getrennter Auswertung für die einzelnen Arten nicht eindeutig interpretieren. Morphometrische Charakteristika einzelner Bestände schienen hier zur Überlagerung eindeutiger Tendenzen zu führen.

Die Ergebnisse lassen vermuten, dass die beobachteten morphologischen Unterschiede zwischen den Beständen nicht ausschließlich durch die unmittelbare Wirkung vom haltungstechnischen und züchterischen Bestandsmanagement auf den Betrieben zu erklären sind. Mit hoher Wahrscheinlichkeit sind verschiedene morphologische Charakteristika von Laichfischbeständen unabhängig von der jeweiligen betriebstypischen Haltungsumwelt präsent. Um diese These sicher zu prüfen, ist die Durchführung von Vergleichen unter definierten Umweltbedingungen unabdingbar. Über entsprechende Herkunftsvergleiche unter einheitlichen Umweltverhältnissen könnte neben morphologischen Eigenschaften auch die Leistungsfähigkeit von Beständen sicher eingeordnet werden.

### 3.1.3.3 Genmarkerstudien

In Tabelle 10 sind die Anzahlen der Karpfen-, Schleien- und Zanderbestände zusammengestellt, von denen Gewebeproben für die genetische Beprobung gewonnen werden konnten, welche im Rahmen des vorliegenden Projektes und der bewilligten Mittelaufstockung bis Januar 2008 untersucht wurden.

Tabelle 10: Stand der genetischen Untersuchungen bei Laichfischbeständen von Karpfen, Schleien und Zandern

Untersuchungsstatus	Anzahl Bestände innerhalb Arten		
	Karpfen	Schleie	Zander
Gewebeproben stehen zur Verfügung	37	18	9
Genetische Untersuchung abgeschlossen	35	12	8

Genetische Rohdaten und Analysen zu allen untersuchten Laichfischbeständen sind in den auf der CD im Anhang vorhandenen MS-Excel-Dateien (Statistik\_BLE\_Karpfen.xls; Statistik\_BLE\_Schleie.xls; Statistik\_BLE\_Zander.xls) dargestellt.

Tabelle 11 zeigt Mittelwerte und Variationskoeffizienten für die erfassten genetischen Parameter innerhalb der Fischarten Karpfen, Schleie und Zander.

Tabelle 11: Mittelwerte und Variationskoeffizienten (%) für verschiedene genetische Parameter nach Fischarten

Parameter	Karpfen (35 Bestände)		Schleie (12 Bestände)		Zander (8 Bestände)	
	Mittelwert	CV	Mittelwert	CV	Mittelwert	CV
max. beobachtete Allelzahl	9,888	20,6	9,250	24,0	5,750	29,0
mittlere Allelzahl	6,551	18,3	3,525	16,5	2,611	18,9
Allelreichtum	5,780	15,4	3,010	17,2	2,611	18,9
Private Allele	0,225	149,9	0,225	104,0	0,329	101,7
$H_E$	0,669	6,1	0,373	6,9	0,328	17,2
$H_O$	0,680	6,1	0,382	7,4	0,347	23,2
$F_{IS}$	-0,020	418,8	-0,071	234,1	-0,0637	301,3
$F_{ST}$ min.	0,0306	8,3	0,0133	142,6	0,1273	44,9
$F_{ST}$ max.	0,1419	18,2	0,0931	36,0	0,2973	22,6
mittlere $F_{ST}$	0,0772	33,0	0,0473	44,9	0,2114	17,9

Die in den einzelnen Beständen erfassten genetischen Parameter sind in der Datenbank "BLE\_gen\_Res\_Aqua1.mdb" im Tabellenblatt "DATEN LAICHFISCHBESTÄNDE AGGREGIERT" gespeichert (siehe im Anhang beiliegende CD). In Informationsblättern zu den einzelnen Laichfischbeständen sind neben den genannten zusammenfassenden genetischen Parametern zur Charakterisierung der genetischen Identität zusätzlich die beobachteten Allelfrequenzen in allen untersuchten Mikrosatelliten-Loci dargestellt. Die Informationsblätter zu ihren Laichfischbeständen werden den Betriebsleitern nach Projektabschluss als Beleg über die genetische Identität ihrer Bestände zur Verfügung gestellt. Ein Beispiel für ein entsprechendes Informationsblatt ist im Anhang g. zu finden. Weiterhin erhalten die Laichfischhalter die ebenfalls im Anhang dargestellten Tabellen zu Mittelwerten innerhalb der von ihnen gehaltenen Arten (Anhangstabellen 4 bis 6), Informationen über die eingesetzten Mikrosatellitenmarker (Anhangstabellen 1 bis 3) und eine Interpretationshilfe zu den aufgeführten Daten.

### Genetische Diversität innerhalb von Beständen

Die in den vorliegenden Untersuchungen beobachteten durchschnittlichen mittleren und maximalen Allelzahlen und privaten Allele pro Locus sowie Heterozygotieraten zeigen im Vergleich zu anderen Mikrosatellitenuntersuchungen an Fischpopulationen (z.B. KOHLMANN 2005, HANSEN et al. 2001; LULLA et al. 2005) und verschiedenen landwirtschaftlichen Nutztieren (SCHWEND 2001; BARKER et al. 2001, EDWARDS et al. 2000, CANON et al. 2000) durchschnittliche Werte. Hierdurch werden ausreichender Polymorphismus und Eignung der ausgewählten Mikrosatellitenmarker für die dargestellten genetischen Studien an Karpfen, Schleie und Zander bestätigt. In einzelnen Karpfenbeständen wurden bis zu 14, in Schleienbeständen bis zu 12 und



in Zanderbeständen bis zu 8 Allele pro MS-Locus beobachtet. Die mittleren Allelzahlen pro Locus schwankten zwischen 4,2 und 9,2 beim Karpfen, 1,9 und 4,2 bei der Schleie sowie 2,0 bis 3,3 beim Zander. Die im Vergleich zum Karpfen geringeren Werte für Schleie und Zander sind mit großer Wahrscheinlichkeit weniger auf die hier geringere genetische Diversität innerhalb Arten als in der vergleichsweise geringen Auswahl bislang für entsprechende Untersuchungen verfügbaren MS-Markersystemen, die speziell für diese Arten entwickelt wurden, zurückzuführen. Ein Vergleich entsprechender genetischer Daten ist nur innerhalb Arten aussagefähig. Das Auftreten von bis zu 16 privaten Allelen in einzelnen Karpfenbeständen, bis zu 8 in Schleienbeständen und bis zu 10 in Zanderbeständen sind ein weiterer Hinweis auf das Vorhandensein deutlicher genetischer Unterschiede zwischen einzelnen Beständen. Sehr hohe Variationskoeffizienten in diesem Parameter verweisen auf deutliche Unterschiede hinsichtlich der Anzahl privater Allele zwischen den Beständen innerhalb Arten.

Mit mittleren erwarteten und beobachteten Heterozygotieraten von 66,9 bzw. 68,0 % wurden unter den untersuchten Karpfenbeständen ähnlich hohe Werte beobachtet, wie sie von KOHLMANN (2005) für verschiedene europäische und asiatische Karpfenpopulationen ermittelt wurden. Einher gehend mit geringeren durchschnittlichen Allelzahlen, lagen  $H_E$  und  $H_O$  in den Schleien- und Zanderbeständen auf einem deutlich niedrigeren Niveau.

### **Heterozygotieraten in Beständen**

Die bei allen drei Arten beobachteten durchschnittlichen  $F_{IS}$ -Werte im Bereich unter Null deuten auf den ersten Blick an, dass die Haltung und züchterische Bearbeitung der Laichfischbestände bislang nicht zu einem deutlichen Verlust an Heterozygoten führten. Zum Teil wurde jedoch eine erhebliche Variation der  $F_{IS}$ -Werte zwischen Beständen beobachtet. Für Karpfenbestände lag die Schwankungsbreite für  $F_{IS}$  zwischen -0,203 und +0,162. Ähnlich hoch lag diese Spanne mit Werten zwischen -0,390 bis +0,101 bei den untersuchten Schleienbeständen sowie -0,399 und +0,142 bei den Zanderbeständen. Neuere Studien konnten zeigen, dass in Genmarkern beobachtete Heterozygotie und daraus errechnete Werte häufig keine idealen Schätzer für Inzucht und Fitness in realen Populationen darstellen (HANSON & WESTERBERG 2002; BALLOUX et al. 2004; DE WOODY & DE WOODY 2005). Insbesondere bei geringen effektiven Populationsgrößen, wie sie in der Laichfischhaltung in der Teichwirtschaft verbreitet sind, stimmen jedoch Schätzer aus Genmarkerstudien und Schätzungen für Inzuchtkoeffizienten aus bekannten Verwandtschaftsbeziehungen noch vergleichsweise gut überein (BALLOUX, et al. 2004). Die Züchter von Laichfischbeständen, die über deutlich geringere mittlere Allelzahlen als der Artendurchschnitt verfügen und hohe  $F_{IS}$ -Werte aufweisen, sollten somit über die in ihren Beständen möglicherweise auftretende Inzuchtproblematik aufgeklärt werden (vergl. Kap. 3.2.2.2).

### **Genetische Differenzierung zwischen Beständen**

Nach WRIGHT (1978) werden  $F_{ST}$ -Werte zwischen 0,05 und 0,15 als mäßige, oberhalb davon als hohe und unterhalb als geringe genetische Differenzierung zwischen Populationen bewertet.

## Karpfen

Bei Betrachtung der mittleren  $F_{ST}$ -Werte von 0,0772 erwiesen sich die untersuchten Karpfenbestände im Durchschnitt als genetisch mäßig differenziert. Der minimale zwischen zwei Karpfenbeständen beobachtete  $F_{ST}$ -Wert betrug 0,0306, der maximale 0,1419. Tabelle 12 zeigt die Zusammenstellung anhand der untersuchten Genmarker mit dem Programmpaket STRUCTURE ermittelte Gruppierung genetisch ähnlicher Karpfenbestände.

Tabelle 12: Gruppierung genetisch ähnlicher Karpfenbestände

<b>Gruppierung nach STRUCTURE</b>	<b>Zugehörige Karpfenbestände</b>
Cluster 1	BB3A; BW16B; BY3A; BY5A; MV1A; SN6A; SN9A; SN12A; SN12B SN15A; SN18A; SN20A; SN23A; SN27A
Cluster 2	BW4A; BW16A; BY6A; BY7A; BY10A; BY11B; BY14A; BY16A; BY17A; BY19A; BY22A; By28A; BY29A; BY30B; NDS19C; SWH2A
Cluster 3	BY21A; NDS9C
Cluster 4	BB9A; NDS18C

Cluster 1 führt vornehmlich die sächsischen Karpfenbestände zusammen. Als Herkunftsbezeichnungen wurden hier Schwarzenfeld, Petershain, Kreba und Wartha aufgeführt. Zudem umfasst Cluster 1 zwei bayrische Laichfischbestände (1x Herkunft Schwarzenfeld), einen Bestand aus Baden-Württemberg, einen Bestand des Peitzer Karpfens aus Brandenburg und einen Bestand aus Mecklenburg-Vorpommern der ursprünglich jedoch aus Kreba bezogen wurde.

Cluster 2 beinhaltet vornehmlich hochrückige, bayrische Karpfenbestände. Neben drei Beständen der Herkunft Aischgrund werden Bestände mit der Herkunftsangabe Dinkelsbühl, Tirschenreuth und Egerland diesem Cluster zugeordnet. Zudem werden in Cluster 2 ein Spiegelkarpfenbestand mit Ursprung aus dem Rhein (BY30B) ein Schuppenkarpfenbestand aus Schleswig Holstein sowie ein vergleichsweise junger Spiegelkarpfenbestand ungenannter Herkunft aus Niedersachsen zusammengefasst. Hinzu kommen ein Spiegelkarpfen- und ein Schuppenkarpfenbestand aus Baden-Württemberg.

Bei den in Cluster 3 zusammengefassten Beständen handelt es sich ebenfalls um einen hochrückigen Aischgründer Bestand sowie um einen hochrückigen Bestand, der seit 1906 auf einem niedersächsischen Betrieb gehalten wird.

Die beiden in Cluster 4 aufgeführten Bestände sind lang gestreckte Schuppenkarpfenbestände. Der Bestand BB9A wurde nach Angaben des Betriebsleiters mit Tieren aus dem Osnabrücker Raum aufgebaut. Aufgrund der anonymisierten Datenführung kann nicht nachvollzogen werden, ob der Bestand NDS18C diesen Ursprungsbestand darstellt. Basierend auf der genetischen Ähnlichkeit liegt diese These sehr nahe.

Abbildung 2 stellt den auf Basis der Nei's genetic distances (NEI 1972) in feiner Aufgliederung berechneten Neighbour Joining-Verwandtschaftsbaum für die bislang untersuchten Karpfenbestände als Dendrogramm dar.

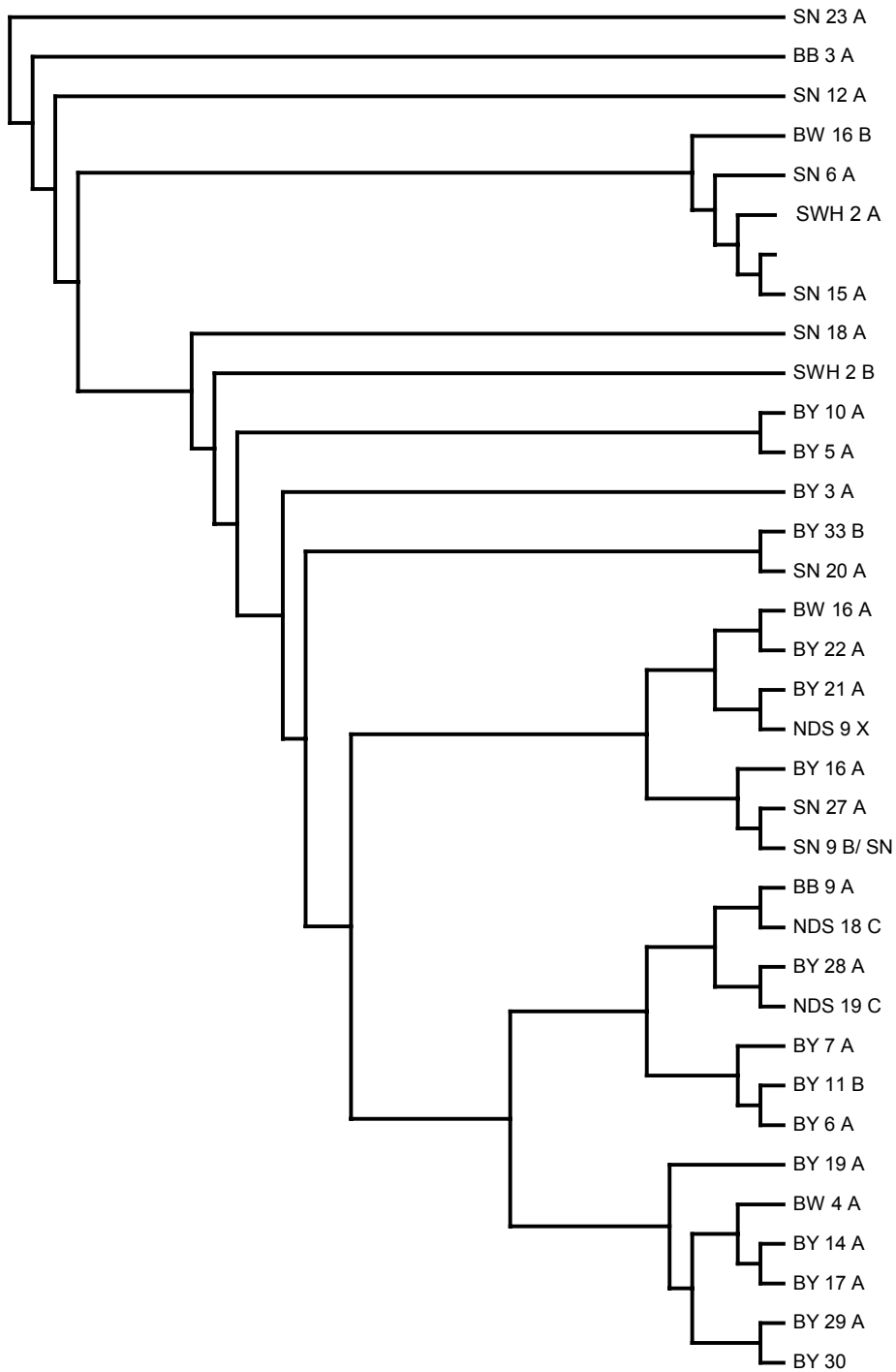


Abbildung 2: Neighbour Joining -Dendrogramm zu den bislang untersuchten Karpfenbeständen

Nicht in allen Fällen ist eine komplette Übereinstimmung der fein strukturierten phylogenetischen (Abbildung 2) und der nach STRUCTURE zusammengefassten Cluster (Tabelle 12) vorhanden. Zu häufig wurden mehrere verschiedene Herkünfte als Basispopulation für den Aufbau neuer Laichfischbestände eingesetzt, um entwicklungsgeschichtlich eindeutige Aussagen erzielen zu können. Eine gute Deckung ergab sich für die kleineren STRUCTURE-Cluster 3 und 4 und den entwicklungsgeschichtlichen genetischen Daten. So wird phylogenetisch nochmals untermauert, dass die Basis für den Bestand BB9A offenbar dem Bestand NDS18C entspringt. Mit großer Wahrscheinlichkeit wurde auch der Bestand NDS9C 1906 aus dem Aischgründer Bestand BY21A, der seit 1005 geführt wird, aufgebaut.

### **Schleie**

Mit durchschnittlichen mittleren  $F_{ST}$ -Werten von 0,0473 sind die beobachteten genetischen Differenzen zwischen den untersuchten Schleienbeständen als gering einzustufen. Der minimal zwischen zwei Schleienbeständen ermittelte  $F_{ST}$ -Wert betrug 0,0133, der maximal zwischen zwei Beständen gemessene Wert lag bei lediglich 0,0931. Eine Zusammenstellung anhand der nach den untersuchten Genmarkern ähnlichen Gruppen mithilfe des Programmpaketes STRUCTURE führte zu zwei Clustern:

Cluster 1: BB5A; BW4B; BY30D; NDS9B; NRW10A; SWH13A

Cluster 2: BB7A; BW16C; SN9A; SN22A; SN23D; SN28D; SWH13J

Cluster 1 beinhaltet geographisch breit gestreute Bestände aus sechs verschiedenen Bundesländern, wohingegen in Cluster 2 vornehmlich Bestände aus dem ostdeutschen Raum zusammengeführt sind.

Das Neighbour Joining-Dendrogramm für die untersuchten Schleienbestände ist Abbildung 3 zu entnehmen. Die geographische Nähe der Bestände des Clusters 2 aus dem ostdeutschen Raum spiegelt sich auch in der phylogenetischen Ähnlichkeit wider.

Auch anhand der erfassten morphometrischen Merkmale ließ sich die phylogenetische und geographische Nähe der meisten ostdeutschen Bestände durch ähnliche, im Vergleich zu den westlichen Schleienbeständen geringere Kopflängen und höhere prä dorsale Abstände manifestieren.

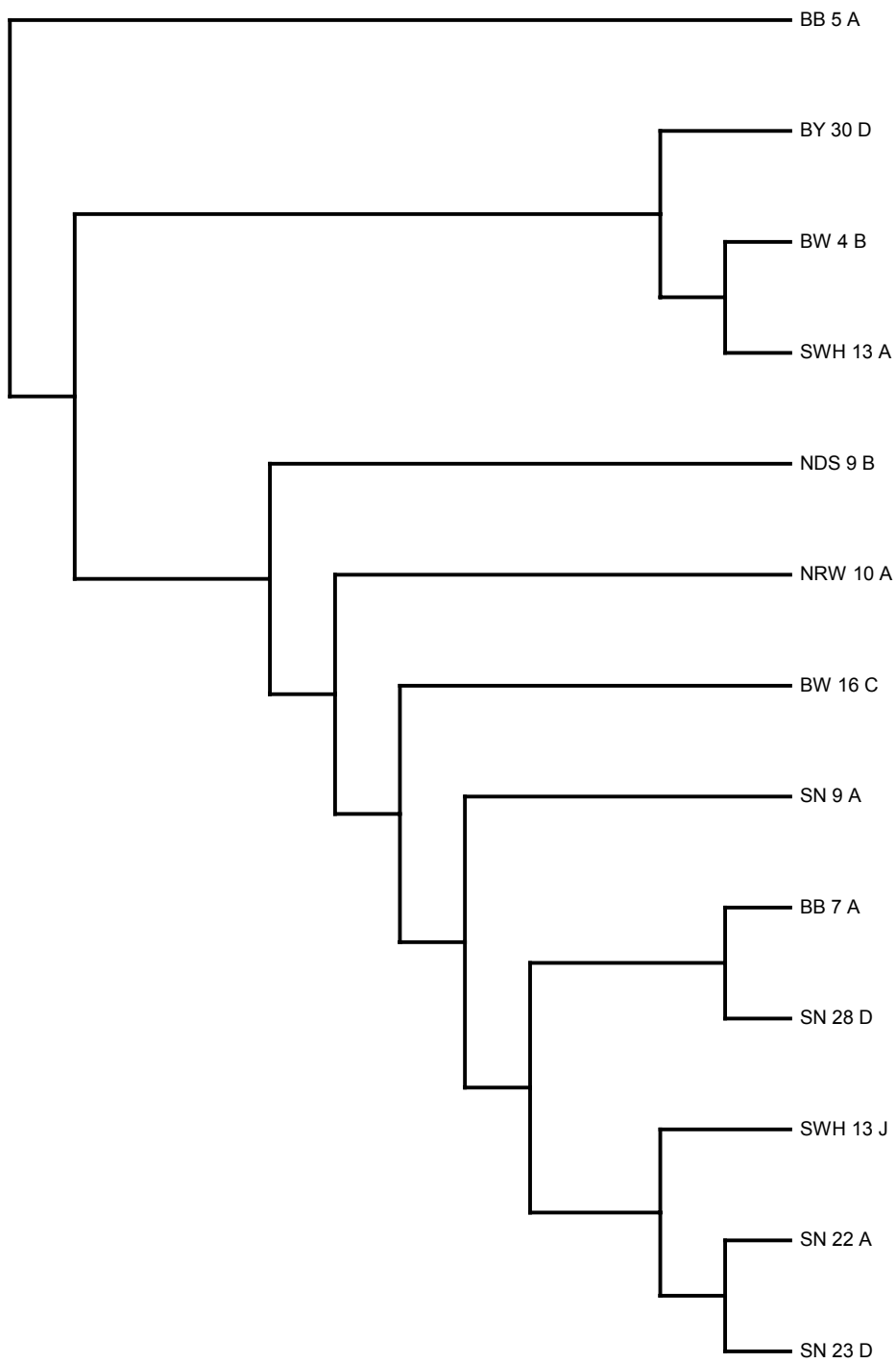


Abbildung 3: Neighbour Joining-Dendrogramm zu den bislang untersuchten Schleienbeständen

## Zander

Mit durchschnittlichen  $F_{ST}$ -Werten von 0,1273 bis zu 0,2973 sind die beobachteten genetischen Differenzen zwischen den bislang untersuchten Laichfischbeständen des Zanders oft stark ausgeprägt (Tabelle 11). Bei Vergleichen zwischen jeweils zwei Zanderbeständen wurden  $F_{ST}$ -Werte von 0,0682 und 0,3797 beobachtet. STRUCTURE führte zu einer Aufteilung der Zanderbestände in vier genetische Gruppen:

Cluster 1: BY16C; SN16H; SN23B

Cluster 2: BB5B; BB6A; SN28C

Cluster 3: BY30E

Cluster 4: BW4D

Bei den Zanderbeständen spiegelte sich die geographische Nähe im Falle der Cluster 1 und 2 auch in genetischer Nähe wieder. Der Bestand BY30E wurde separat eingruppiert und lag genetisch näher an Cluster 2 als geographisch zu erwarten an Cluster 1. Eine Erklärung hierfür ist die eingesetzte Basispopulation, die aus zwei Herkünften, Individuen aus der Havel und Individuen aus Tschechien zusammengesetzt war.

Der Bestand BW4D unterschied sich genetisch noch einmal deutlich von den Beständen aus den anderen Clustern.

Eine Übereinstimmung anhand der genetisch untersuchten Zanderbestände zwischen der Gruppierung nach STRUCTURE und dem Neighbour Joining-Dendrogramm (Abbildung 4) ergab sich nur bedingt.

Bei den sächsischen Zanderbeständen zeigten sich anhand der morphometrische Messwerte an subadulten/adulten Tieren im Vergleich zu den brandenburgischen Beständen geringere Kopflängen und prädorsale Abstände.

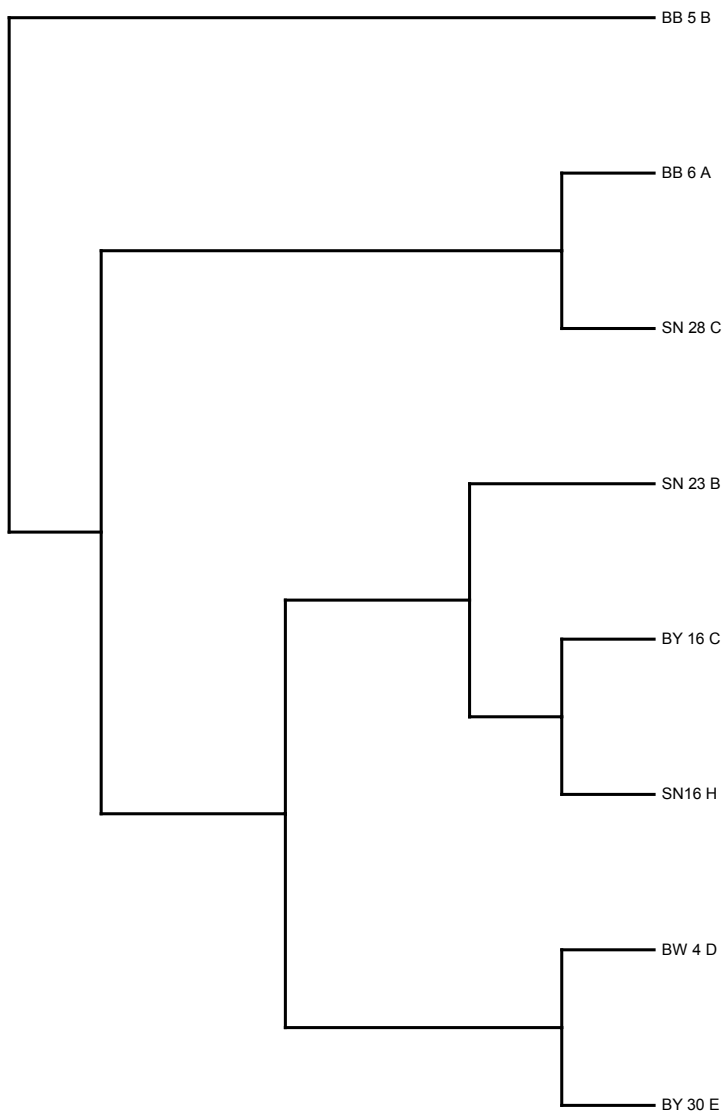


Abbildung 4: Neighbour Joining-Dendrogramm zu den bislang untersuchten Zanderbeständen

Zur Überprüfung des Einflusses von Haltungsumwelt und züchterischer Bearbeitung auf die erfassten genetischen Kennzahlen wurden die Laichfischbestände den in Tabelle 6 aufgeführten Klassifikationen zugeordnet. Die statistische Auswertung von Umwelt- und Züchtungsparametern auf die genetischen Parameter, mittlere Allelzahl, durchschnittliche Anzahl privater Allele pro Mikrosatelliten-Locus und durchschnittliche Werte für  $H_O$ ,  $F_{IS}$  und  $F_{ST}$  erfolgte über einfaktorielle Varianzanalysen. Entsprechende signifikante Ergebnisse über alle zu Teillos 1 untersuchten Laichfischbestände, zu denen genetische Untersuchungen vorliegen ( $n=55$ ), sind in Tabelle 13 aufgeführt.

Tabelle 13: Signifikante Einflüsse auf wichtige genetische Kennzahlen bei allen genetisch zu Teillos 1 untersuchten Laichfischbeständen (n=55)

Einflussfaktor / Klassifizierung	N Bestände	Mittelwerte für signifikant beeinflusste genetische Merkmale				
		Mittl. Allelzahl	Private Allele	H <sub>o</sub>	F <sub>IS</sub>	F <sub>ST</sub>
<b>Haltungsumwelt:</b>						
<b>Nord - Süd</b>						
	Nord	15		0,400		
	Süd	40		0,174		
<b>Ost - West</b>						
	Ost	23			0,001	
	West	32			-0,068	
<b>Höhe</b>						
	bis 100 m	13		0,406		
	100 – 500 m	38		0,171		
<b>Besatzdichte</b>						
	gering	7	3,401		0,428	
	mittel	31	5,611		0,600	
	hoch	13	6,566		0,656	
<b>Bestandsgröße</b>						
	bis 100 Tiere	25	5,838		0,639	
	100 – 1000 Tiere	29	4,792		0,502	
	über 1000 Tiere	1	6,000		0,636	
<b>Besonderheiten Haltungsumwelt</b>						
	ja	19			0,006	
	nein	36			-0,063	



**Züchterische Bearbeitung:****Bestandsalter**

bis zu 10 Jahre	3	0,148
10 – 20 Jahre	9	0,544
20 – 40 Jahre	15	0,229
40 – 60 Jahre	12	0,144
über 60 Jahre	14	0,170

**Effektive Populationsgröße**

bis zu 20 Tieren	5	-0,004
20 – 50 Tiere	17	-0,031
50 – 100 Tiere	16	-0,064
über 100 Tiere	9	0,027

**Selektionsintensität**

niedrig	1	3,800	0,800	0,340	0,0906
mittel	14	4,753	0,280	0,506	0,1122
hoch	27	5,955	0,144	0,628	0,0738

**Nutzungsdauer**

kurz	10	5,801	0,412	0,603	0,0863
mittel	21	4,532	0,267	0,500	0,1129
lang	22	5,853	0,148	0,623	0,0679

---

Mittl. Allelzahl	durchschnittliche Anzahl privater Allele pro Mikrosatelliten-Locus
Private Allele	durchschnittliche Anzahl privater Allele pro Mikrosatelliten-Locus
$H_O$	Durchschnittswert für $H_O$
$F_{IS}$	Durchschnittswert für $F_{IS}$
$F_{ST}$	Durchschnittswert für $F_{ST}$

In Bezug auf die Haltungsumwelt wurden in den im Norden gehaltenen Laichfischbeständen eine signifikant höhere durchschnittliche Anzahl privater Allele pro Locus als in den im Süden vorhandenen Beständen beobachtet. Signifikante Ost-West-Unterschiede wurden bei den  $F_{IS}$ -Werten festgestellt, die im Westen geringer ausfielen. In der Höhenlage spiegeln sich erwartungsgemäß die Differenzen zwischen Nord und Süd wieder. Hier wurden höhere durchschnittliche Anzahlen privater Allele pro Locus bei geringen Höhen über N.N. festgestellt. Die höchsten mittleren Allelzahlen und Heterozygotieraten wurden bei hoher Besatzdichte beobachtet. Entgegen den Erwartungen waren die mittleren Allelzahlen und Heterozygotieraten in kleineren Beständen mit einer Größe bis zu 100 Tieren deutlich höher als in größeren Beständen von 100 – 1000 Individuen. Bestände, für welche Besonderheiten in der Haltungsumwelt dokumentiert werden konnten, wiesen signifikant höhere  $F_{IS}$ -Werte auf, als Bestände ohne Nennungen zu diesem Bereich.

Hinsichtlich der züchterischen Bearbeitung wiesen Bestandsalter, effektive Populationsgröße, Selektionsintensität und Nutzungsdauer einen signifikanten Einfluss auf einige der geprüften genetischen Parameter auf. Die ermittelten Signifikanzen ließen sich jedoch, wie bereits bei den morphometrischen Merkmalen beobachtet, nicht immer klar interpretieren und widersprachen z.T. den theoretischen Erwartungen. So wiesen etwa Bestände mit zunehmendem Alter abwechselnd steigende und sinkende mittlere Allelzahlen auf. Erwartet würde ein mit zunehmendem Bestandsalter kontinuierliches Abnehmen der durchschnittlichen Allelzahlen. Entgegen theoretischen Annahmen wurden bei Beständen effektiven Populationsgrößen über 100 Tieren nicht die geringsten  $F_{IS}$ -Werte beobachtet. Wider Erwarten lagen in Beständen, in denen hohe Selektionsintensitäten eingesetzt wurden, die mittleren Allelzahlen und Heterozygotieraten signifikant über den Werten von Beständen, in denen weniger intensiv selektiert wurde. Eine kurze Nutzungsdauer geht einher mit einer schnelleren Generationsabfolge und ermöglicht somit einen höheren Zuchtfortschritt pro Zeiteinheit. Theoretisch sollte damit eine Einengung der genetischen Variabilität einhergehen. Entgegen diesen Erwartungen wiesen kurz und lang genutzte Bestände eine gegenüber einer mittleren Nutzungsdauer hohe mittlere Allelzahlen und Heterozygotieraten auf. Die züchterischen Parameter Zusammensetzung der Basispopulation (eine / mehrere Herkünfte) und Bestandsführung (geschlossen / Blutauffrischung), bei denen mit einer deutlichen Einflussnahme auf genetische Kennzahlen zu rechnen war, hatten keinerlei signifikanten Effekt. Die gleiche, häufig fehlende oder schwerlich interpretierbare Einflussnahme der züchterischen Bearbeitung auf genetische Parameter ergab sich auch bei der alleinigen Betrachtung der 35 Karpfen- bzw. der 12 Schleienbestände, die genetisch untersucht wurden. Die Zanderbestände wurden aufgrund der wenigen einfließenden genetisch untersuchten Bestände nicht separat ausgewertet.

In Zusammenfassung zeigen die genetischen Untersuchungen über den Nachweis oft umfangreicher Allelzahlen und hoher Heterozygotieraten eine über die Erwartungen hinausgehende genetische Diversität innerhalb der meisten Laichfischbestände in der Karpfenteichwirtschaft in Deutschland. Die Form und Intensität der geleisteten züchterischen Bearbeitung führten bislang

offenbar nur in vergleichsweise wenigen Laichfischbeständen zu erhöhten  $F_{IS}$ -Werten als Schätzer für die Fixierung von Allelen durch Inzuchtwirkungen. Auch die durch  $F_{ST}$ -Werte geschätzte, zum Teil deutliche genetische Differenzierung zwischen Laichfischbeständen innerhalb Arten scheint eher regions-, bzw. herkunftsbedingt und weniger in der züchterischen Bearbeitung während der letzten Generationen begründet zu liegen.

Eine Klassifizierung der innerhalb Arten beobachteten genetischen und morphologischen Unterschiede in Herkünften und Rassen ist problematisch, insbesondere, da der Begriff Rasse nicht eindeutig definiert ist. In Studien, in denen paarweise  $F_{ST}$ -Werte zwischen verschiedenen als Rassen bezeichneten Populationen verglichen wurden, liegen diese in dem Bereich, der auch in der vorliegenden Untersuchung beobachtet wurde. So lagen die  $F_{ST}$ -Werte verschiedener Pferderassen zwischen 0,026 und 0,157 (CANON et al. 2000), spanische Hunderassen differenzierten mit  $F_{ST}$ -Werten von 0,003 bis 0,137 (JORDANA et al. 1992). Zwischen Schafrasen wurden mittlere mit  $F_{ST}$ -Werte von 0,0990 ermittelt (SCHWEND 2001). Eine morphologisch eindeutige Differenzierung war lediglich zwischen Schuppen- und Spiegelkarpfenbeständen möglich. Hier wäre die Definition und Nutzung des Begriffes der Rasse sicherlich möglich. Die weiterhin beobachteten Unterschiede in Körperproportionen und Färbung sind nicht klar abgestuft. Eindeutige Rassestandards sind bislang nicht definiert. Hier ist ggf. durch die Nennung der Herkunft der Laichfischbestände eine Strukturierung möglich. Oft ist jedoch auch die Herkunft nicht eindeutig nachvollziehbar, da Bestände aus Basispopulationen gemischter Herkunft aufgebaut wurden.

## **3.2 Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse**

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

Im Rahmen der vorliegenden Studie konnte gezeigt werden, dass in der Karpfenteichwirtschaft in Deutschland eine bedeutende Anzahl, oft besondere phänotypische und genetische Charakteristika ausweisende Laichfischbestände vorhanden ist.

Durch die vorliegende Erfassung und Charakterisierung der noch vorhandenen Laichfischbestände können geeignete Maßnahmen zum Schutz und zur Aufrechterhaltung dieser genetischen Ressourcen fachlich abgeleitet werden.

Eine Verarmung der in Form von Laichfischbeständen vorliegenden genetischen Diversität droht ggf. durch den vermehrten Einsatz oft ausländischer Laichfischbestände, die sich zukünftig durch intensive Züchtungsarbeit auf wirtschaftlich wichtige Merkmale als leistungsfähiger herausstellen könnten. Obgleich derzeit die Mehrzahl der Laichfischhalter die Bestandserhaltung oder den Ausbau der Laichfischhaltung plant, könnten mittel- und langfristige Betriebsaufgaben oder Umstrukturierungen Gründe für die Auflösung existierender Laichfischbestände darstellen (vgl. Kap. 3.2.2.1).

Mit der Auflösung von Laichfischbeständen geht immer ein Verlust genetischer Ressourcen einher. Aus ökologischer und wissenschaftlicher Sicht wäre die dauerhafte Erhaltung aller Laichfischbestände in der Karpfenteichwirtschaft in Deutschland wünschenswert und sollte unterstützt werden. Daher ist eine Rangierung der Erhaltungswürdigkeit einzelner Bestände problematisch. Sollten dennoch Abstufungen getroffen werden müssen, so sollten die Bemühungen zur Erhaltung vorrangig auf Bestände gerichtet werden, in denen hinsichtlich genetischer Parameter und züchterischer Bearbeitung Mindeststandards erfüllt sind. Bestände, in welchen  $F_{IS}$ -Werte oberhalb von 0,100 auf eine unzureichende Inzuchtvermeidung und eine damit verbundene Gefahr des weitergehenden Allelverlustes hindeuten, können bei gleichbleibendem Bestandsmanagement als nicht erhaltungswürdig angesehen werden. Insbesondere für diese Bestände sollte eine Beratung der entsprechenden Betriebsleiter über Möglichkeiten der Inzuchtvermeidung vorangestellt werden.

Nachfolgend werden die Laichfischbestände aus der Teichwirtschaft, in denen negativ zu beurteilende  $F_{IS}$ -Werte oberhalb von 0,100 ermittelt wurden, nach Fischarten gegliedert und nach  $F_{IS}$ -Werten rangiert (höchste zuerst) aufgeführt:

Karpfen: BB9A; NDS18C  
Schleie: SN23D  
Zander: SN23B; BY30E; BB6A

Von den verbleibenden Beständen mit geringeren  $F_{IS}$ -Werten, sollte jenen die größte Erhaltungswürdigkeit zugeordnet werden, die überdurchschnittliche Anzahlen nachgewiesener Allele und überdurchschnittliche beobachtete Heterozygotieraten aufweisen. Hierzu zählen nach Fischarten gegliedert folgende Bestände:

Karpfen: BW4A; BY16A; BY16A; BY5A; BY7A; NDS19C; SN20A  
Schleie: SN22A; SN28D; SN9B  
Zander: BW4D; SN16H; SN28C

Nach Möglichkeit sollten Laichfischbestände aus allen Clustern genetisch ähnlicher Gruppen (vergl. Kap. 3.1.3.3, Abschnitt „Genetische Differenzierung zwischen Beständen“ ausgewählt werden. Bestände die unter Nutzung möglichst großer effektiver Populationsgrößen geführt werden, sollten bei der Beurteilung der Erhaltungswürdigkeit bevorzugt werden.

Wenn Entscheidungen vorliegen, in welcher Form und in welchem Umfang eine Unterstützung der Haltung von Laichfischbeständen der einzelnen Fischarten erfolgen kann, wird eine Bestandsauswahl unter Einbeziehung aller im Projektverlauf erfassten Informationen empfohlen.

## **3.2.2 Empfehlungen zur züchterischen Bearbeitung**

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

Die aktuell in der Karpfenteichwirtschaft in Deutschland vorgenommene züchterische Bearbeitung basiert allein auf dem Einsatz der positiven Massenauslese. Mit in der Regel mittleren bis hohen Intensitäten wird zumeist auf morphologische Merkmale oder Wachstumsleistung selektiert. Nur in seltenen Fällen wird die geleistete Züchtungsarbeit dokumentiert. Eine Überprüfung und Darstellung des Zuchtfortschrittes wird aktuell in keinem Bestand vorgenommen. Somit erfolgt die Züchtung in den meisten Beständen wenig systematisch und ist häufig auf die Wahl optisch ansprechender, nicht deformierter Tiere für die Vermehrung beschränkt. Durch die geringe Intensität der züchterischen Bearbeitung konnte in den meisten Beständen eine hohe genetische Diversität aufrechterhalten werden. Das Potenzial der Züchtung zur Steigerung der Leistungsfähigkeit bleibt im Gegenzug weitgehend ungenutzt. Insbesondere zunehmend an Bedeutung gewinnende Fleischbeschaffenheits- und Qualitätsmerkmale, die nur durch Züchtungsverfahren unter Nutzung von Verwandtenleistungen zu bearbeiten sind, können derzeit nicht verbessert werden. Eine Gefahr des Verlustes der Wettbewerbsfähigkeit gegenüber Fischzüchtern aus Ländern wie Polen, Ungarn und Tschechien, wo mit staatlicher Unterstützung Zuchtprogramme in der Karpfenteichwirtschaft laufen oder entwickelt werden, ist mittelfristig gegeben. Insbesondere beim Karpfen, auf den sich die Zuchtprogramme bislang konzentrieren, könnte dies auf Dauer den Verlust von Laichfischbeständen und damit von wertvollen genetischen Ressourcen bedeuten. Es wird deshalb empfohlen, Laichfischhalter in der Karpfenteichwirtschaft, ihre Verbände und verantwortliche Institutionen zu einer intensivierten und effektiven Züchtungsarbeit zu ermuntern. In entsprechend angelegten Zuchtprogrammen ist die Verbesserung von Wachstum, Ressourcenausnutzung und Produktqualität zur Steigerung von Vermarktungschancen und Wettbewerbsfähigkeit ohne Verlust genetischer Diversität möglich. Pro Generation kann bei Fischen in den bearbeiteten Merkmalen ein Zuchtfortschritt von durchschnittlich rund 14 % erreicht werden (GJEDREM 2005).

Bei Schleien und Zandern, die häufig als Besatzfische für natürliche Gewässer gehalten und reproduziert werden, sind neben einer Züchtung auf Produktqualitäts- und Wachstumsmerkmale auch Zuchtprogramme für eine gezielte Aufrechterhaltung der in den entsprechenden Gewässersystemen vorhandenen genetischen Variabilität möglich. Anstelle der gerichteten Selektion treten hier die forcierte Aufrechterhaltung sehr umfangreicher effektiver Populationsgrößen und regelmäßige Blutauffrischung mit Gonadenprodukten von Wildfischen aus den entsprechenden Gewässersystemen in den Vordergrund. Einige Salmonidenzüchter haben das Potential einer entsprechenden Züchtungsarbeit bereits erkannt und können die von ihnen aufgezogenen Setzlinge zu guten Preisen verkaufen.

Von primärer Bedeutung bei jeglicher Züchtungsarbeit ist die dauerhafte Aufrechterhaltung effektiver Populationsgrößen von mindestens 50 möglichst unverwandten Tieren (FAO 1981). Aufgrund hoher Nachkommenzahlen ist die Gefahr der Nutzung zu geringer Individuenzahlen

zur Erstellung der nächsten Laichfischgeneration aus praktischen Gründen beim Karpfen und beim Zander recht hoch. Wenige Elterntiere reichen hier in der Regel für die Bereitstellung der wirtschaftlich benötigten Setzlinge. Die Vorbereitung von Ablachteichen und Ablachsubstrat (Zander) für zusätzliche Elternfische, deren Nachkommen nicht zwangsläufig für Eigenbesatz oder Vermarktungszwecke gebraucht werden, ist flächen- und arbeitsintensiv. Alle Teichwirte sollten aufgeklärt werden, dass dieser zusätzliche Aufwand für die langfristige Einschränkung von Inzuchtdepression und die Aufrechterhaltung hoher genetischer Diversität unumgänglich ist. Aufgrund der geringeren Eizahlen pro Rogner und der geringeren Ansprüche an das Laichhabitat ist die Gefahr, aus praktischen Gründen zu kleine effektive Populationsgrößen einzusetzen, in Schleienbeständen nicht in dem Maße vorhanden wie in Karpfen- und Zanderbeständen. Die in den untersuchten Laichfischbeständen häufig vorgefundenen geringen  $F_{IS}$ -Werte deuten an, dass viele Teichwirte der Aufrechterhaltung ausreichender effektiver Populationsgrößen offenbar die notwendige Bedeutung zumessen bzw. bislang zufällig überwiegend nicht verwandte Anpaarungspartner auswählten.

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

### **3.2.2.1 Auf Ebene der Bestände**

Obgleich die durchschnittlich in den Laichfischbeständen in der Karpfenteichwirtschaft in Deutschland festgestellte genetische Variabilität über den Erwartungen lag, gab es insbesondere bei den ermittelten  $F_{IS}$ -Werten mit Variationskoeffizienten von über 400 % erhebliche Unterschiede innerhalb der Arten. In Abhängigkeit von der im jeweiligen Bestand in Form der nachgewiesenen mittleren Allelzahl im Vergleich zum Durchschnitt innerhalb der Art vorgefundenen genetischen Variabilität, der beobachteten  $F_{IS}$ -Werte und der genutzten effektiven Populationsgröße sollen den Teichwirten Hinweise für die zukünftige züchterische Bearbeitung ihrer Bestände gegeben werden.

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

Züchter, deren Bestände 30 % geringere mittlere Allelzahlen als der Artendurchschnitt aufweisen oder in deren Beständen  $F_{IS}$ -Werte von mehr als 0,100 ermittelt wurden, sollen dazu angehalten werden, die eingesetzte effektive Populationsgröße zu erhöhen und ggf. die Züchtungsarbeit weniger intensiv auszurichten. Im Einzelfall können möglicherweise Empfehlungen

zu Laichfischbeständen gegeben werden, die genetisch ähnlich sind und von Kollegen für eine Blutauffrischung zur Verfügung gestellt werden könnten.

Die Hinweise für eine mögliche zukünftige züchterische Bearbeitung werden den Teichwirten zusammen mit den Informationsblättern zu den entsprechenden Laichfischbeständen und den Durchschnittswerten der von ihnen gehaltenen Arten übergeben. Hierzu werden zunächst die Ergebnisse der derzeit laufenden, zusätzlich bewilligten genetischen Untersuchungen abgewartet.

#### **4. Zusammenfassung**

Vor dem Hintergrund des Schutzes, der Erhaltung und nachhaltigen Nutzung genetischer Ressourcen ist das Institut für Binnenfischerei e.V. Potsdam-Sacrow von der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung beauftragt worden, in Kooperation mit Partnerinstitutionen eine Erfassung der in Deutschland züchterisch tätigen Haupterwerbsbetriebe der Karpfenteichwirtschaft sowie eine Charakterisierung der dort gehaltenen Laichfischbestände der wichtigsten Nutzfischarten durchzuführen. Neben Befragungen von Betriebsleitern zu Haltungsumwelt und züchterischer Bearbeitung der von ihnen gehaltenen Laichfischbestände wurden an Einzelfischen von ausgewählten, näher zu untersuchenden Beständen eine Reihe morphometrischer Parameter ermittelt. Zur genetischen Charakterisierung und Bestimmung von Verwandtschaftsverhältnissen der Laichfischbestände wurden Mikrosatellitenmarkerstudien durchgeführt. Die gewonnenen Informationen wurden in einer zentralen Datenbank zusammengefasst und an das Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt (IBV) der BLE übergeben. Bundesweit wurden 99 karpfenteichwirtschaftliche Betriebe erfasst, in denen 250 Laichfischbestände von 16 Fischarten geführt werden. Im Rahmen von Betriebsbesuchen wurden 40 Laichfischbestände des Karpfens, 16 Schleien- und 9 Zanderbestände näher charakterisiert.

Laichfischbestände werden in der Karpfenteichwirtschaft in Deutschland üblicherweise auf Grundlage von Zufütterung und mittleren Bestandsdichten zwischen 150 kg/ha und 800 kg/ha gehalten. Unterschiede in der Haltungsumwelt ergeben sich hauptsächlich in fein abgestuften Differenzen in Wasserparametern, der Ertragsfähigkeit von Teichen und der Fütterungstechnik. Sie lassen ohne die Durchführung eines Herkunftsvergleichs unter definierten Haltungsbedingungen keinen Vergleich von Leistungsparametern zwischen Beständen zu. Wirtschaftliche Vorgaben und/oder fehlende Züchtungskennnisse führten nicht selten zu einer geringen Ausnutzung züchterischer Möglichkeiten.

Es konnten deutliche morphometrische Unterschiede zwischen Laichfischbeständen innerhalb Arten nachgewiesen werden, die zum Teil auf regionale morphologische Besonderheiten hindeuteten, aber auch auf morphologische Charakteristika einzelner Bestände zurückzuführen waren. Eine intensivere Züchtungsarbeit (lange züchterische Bearbeitung, hohe effektive Populationsgröße, hohe Selektionsintensität) schien mit der Ausprägung eher gedrungener

Laichfischbestände (hohe Körperhöhen, hohe Korpulenzfaktoren, geringe Kopflängen) einherzugehen.

Die genetischen Untersuchungen zeigten durch den Nachweis oft umfangreicher Allelzahlen und hoher Heterozygotieraten eine umfassende genetische Diversität innerhalb der meisten Laichfischbestände in der Karpfenteichwirtschaft in Deutschland. Die Form und Intensität der geleisteten züchterischen Bearbeitung führte bislang offenbar nur in vergleichsweise wenigen Laichfischbeständen zu erhöhten  $F_{IS}$ -Werten als Schätzer für die aus Inzuchtwirkungen hervorgehenden Heterozygotiedefizite. Auch die durch  $F_{ST}$ -Werte geschätzte, zum Teil deutliche genetische Differenzierung zwischen Laichfischbeständen innerhalb Arten scheint eher regions-, bzw. herkunftsbedingt und weniger in der züchterischen Bearbeitung während der letzten Generationen begründet zu liegen.

Empfehlungen für die zukünftige züchterische Bearbeitung auf Art- und Bestandesebene wurden auf Basis der erfassten Daten abgeleitet. Informationen zu den eigenen Laichfischbeständen und Hinweise zur zukünftigen Züchtungsarbeit werden nach Projektabschluss an die Laichfischhalter weitergegeben.

## **5. Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen / Hinweise auf weiterführende Fragestellungen**

Die geplanten Projektziele konnten umfangreich und weitgehend vollständig erarbeitet werden. Neben der Listung der Laichfischbestände haltenden Haupterwerbsbetriebe der Karpfenteichwirtschaft in Deutschland sowie der dort vorgefundenen Bestände konnten für 65 Laichfischbestände der Arten Karpfen, Schleie und Zander Informationen zur züchterischen Bearbeitung und zur Haltungsumwelt im Detail erfragt werden. Neben morphometrischen Messungen an Einzelfischen stehen für viele der näher untersuchten Bestände genetische Kennzahlen zu deren Charakterisierung zur Verfügung. Es entstand damit ein umfangreiches Bild über die in Form von Laichfischbeständen in der Karpfenteichwirtschaft gehaltenen genetischen Ressourcen und eine entsprechende Datenbasis, die an das Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt (IBV) übergeben wurde. Die Daten wurden ausgewertet und interpretiert. Erhaltungszustand und Erhaltungsbedarf der Laichfischbestände in der Karpfenteichwirtschaft wurden aus den erfassten Informationen abgeleitet. Bedingt durch die hohe Kooperationsbereitschaft der Laichfischhalter und das große Engagement der in den einzelnen Bundesländern mit der Datenerfassung beauftragten Unterauftragnehmer gelang die nähere Charakterisierung von mehr Laichfischbeständen als ursprünglich geplant. Aufgrund sehr variabler Umweltbedingungen, unter denen die verschiedenen Bestände auf den Betrieben gehalten werden, war die ursprünglich geplante Beurteilung ihrer Leistungsfähigkeit jedoch nicht möglich. Ein Herkunftsvergleich unter identischen Haltungsbedingungen scheint die einzige Möglichkeit zu sein, um sichere Informationen über das Leistungsvermögen von Fischbeständen zu erhalten. Dank der weitergehenden Unterstützung durch die BLE konnte von nahezu allen näher untersuchten Beständen ein genetisches Profil erstellt werden.



Technisch und personell bedingt kam es bei den Mikrosatellitenuntersuchungen im genetischen Labor zu einer um knapp vier Monate verzögerten Bereitstellung der genetischen Profile und Kennzahlen der untersuchten Bestände. Zum Teil gelang es durch eine intensiviertere Auswertung und Berichtstellung, die zeitliche Verzögerung abzufangen. Dennoch musste beim Auftraggeber um die Verlegung des Abgabetermins für den Schlussbericht vom 24. Juli 2007 auf den 30. September 2007 gebeten werden. Im vorliegenden Update zum Schlussbericht vom 30. September 2007 wurden am 04. Januar 2008 wie vertraglich vereinbart die Daten der zusätzlich bewilligten genetischen Untersuchungen eingearbeitet.

Im Rahmen der Projektbearbeitung ergab sich eine Reihe von Fragen, deren Beantwortung zukünftig weitere hilfreiche Informationen zum Erhaltungsbedarf genetischer Ressourcen in der Aquakultur beitragen könnte:

- Wie verändern sich die innerhalb Beständen erfassten Informationen und Werte mittelfristig? Ein wiederholtes Monitoring nach 10 Jahren könnte die Auswirkungen der Züchtungsarbeit auf Laichfischbestände über einen Zeitraum von zwei bis drei Generationen abgreifen.
- Unterscheiden sich die Laichfischbestände innerhalb Arten hinsichtlich ihrer Leistungsfähigkeit und Morphologie bei Haltung unter identischen Umweltbedingungen? Wie bereits angedeutet, sind hierzu lediglich durch Herkunftsvergleiche unter definierten Umweltbedingungen aussagekräftige Ergebnisse zu erzielen.
- Sind zwischen Wildbeständen und Laichfischbeständen Unterschiede in morphometrischen Merkmalen und genetischen Kennzahlen vorhanden? Wildbestände von Schleien und Zandern könnten nach einheitlichem Schema morphometrisch und genetisch untersucht und mit den bereits untersuchten Laichfischbeständen verglichen werden.
- Führt eine intensive Züchtungsarbeit einerseits zu Einbußen der genetischen Diversität, andererseits zu Leistungsvorteilen von Laichfischbeständen? Ausländische Laichfischbestände aus intensiv betriebenen Zuchtprogrammen könnten über die im vorliegenden Projekt eingesetzten Mikrosatellitenmarkersysteme genetisch untersucht und zum Vergleich herangezogen werden. In Herkunftsvergleichen könnte die mögliche Leistungsüberlegenheit entsprechender Bestände in regional charakteristischen, einheitlichen Testumwelten überprüft werden.
- Können aquatische genetische Ressourcen durch die Etablierung von in vivo und/oder in vitro Genbanken gestützt werden? Möglichkeiten und Grenzen für die verschiedenen Ansätze zur langfristigen und sicheren Konservierung aquatischer genetischer Ressourcen sollten hierfür näher beleuchtet werden.

Eine große Bedeutung wird der Optimierung bzw. Schaffung von Strukturen für die Information und fachliche Begleitung von Betriebsleitern im Züchtungsbereich sowie für die Dokumentation der geleisteten Züchtungsarbeit beigemessen.

## 6. Literaturverzeichnis

- ALLENDORF, F.W. & LUIKART, G. (2007): Conservation and the genetics of populations. Blackwell Publishing, Oxford, UK, 642 pp.
- BAER, J. GEORGE, V, HANFLAND, S., LEMCKE, R., MEYER, L. & ZAHN, S. (2007): Gute fachliche Praxis fischereilicher Besitzmaßnahmen. *Schriftenreihe des Verbandes Deutscher Fischereiverwaltungsbeamter und Fischereiwissenschaftler e.V.* 14, 151 pp.
- BALLOUX, F., AMOS, W. & COULSON, T. (2004): Does heterozygosity estimate inbreeding in real populations? *Molecular Biology* 13, 3021-3031.
- BARKER, J.S.F., TAN, S.G., MOORE, S.S., MUKHERJEE, T.K., MATHESON, J.L. & SELVARJ, O.S. (2001): Genetic variation within and relationships among populations of Asian goats (*Capra hircus*). *J. Anim. Breed. Genet.* 118, 213-233.
- BORER, S.O., MILLER, L.M. & KAPUSCINSKI, A.R. (1999): Microsatellites in walleye *Stizostedion vitreum*. *Molecular Ecology* 8(2), 336-338.
- CANON, J., CHECA, M.L., CARLEOS, C., VEGA-PLA, J.L., VALLEJO, M. & DUNNER, S. (2000): The genetic structure of Spanish Celtic horse breeds inferred from microsatellite data. *Anim. Genet.* 31, 39-48.
- CROOIJMANS, R.P.M.A., BIERBOOMS, V.A.F., KOMEN, J., VAN DER POEL, J.J. & GROENEN, M.A.M. (1997): Microsatellite markers in common carp (*Cyprinus carpio* L.). *Animal Genetics*, 28(2), 129-134.
- DE WOODY, Y.D. & DE WOODY, J.A. (2005): On the estimation of genome-wide heterozygosity using molecular markers. *Journal of Heredity* 96(2), 85-88.
- EDWARDS, C.J., DOLF, G., LOOFT, C., LOFTUS, R.T. & BRADLEY, D.G. (2000): Relationships between the endangered Pustertaler-Sprinzen and three related European cattle breeds as analysed with 20 microsatellite loci. *Anim Genet.* 31, 329-332.
- EXCOFFIER, L., LAVAL, G., SCHNEIDER, S. (2005): Arlequin ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online* 1, 47-50.
- FALCONER, D.S. (1984): Einführung in die quantitative Genetik. Ulmer Taschenbuch Verlag, Stuttgart, 472 pp.

- FAO (1981): Conservation of the genetic resources of fish. FAO Fisheries Technical Paper No. 217. 43 pp.
- FELSENSTEIN J (2005): PHYLIP (Phylogeny Inference Package) version 3.6. Distributed by the author. Department of Genome Sciences, University of Washington, Seattle, Treeview v 1.6.6, <http://taxonomy.zoology.gla.ac.uk/rod/rod/html>.
- GJEDREM, T. (2005): Selection and breeding programs in aquaculture. Springer Verlag, Dordrecht, 364 pp.
- GOUDET, J. (2001): FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3). Available from <http://www.unil.ch/izea/software/fstat.html>. Updated from GOUDET (1995).
- HALLERMANN, E.M. (2003): Population genetics: Principles and applications for fisheries scientists. Bethesda, Maryland, USA, American Fisheries Society, 458 pp.
- HANSON, B. & WESTERBERG, L. (2002): On the correlation between heterozygosity and fitness in natural populations. *Molecular Biology* 11, 2467-2474.
- HANSEN, M.M., RUZZANTE, D.E., NIELSEN, E.E. & MENSBERG, K.-L.D. (2001): Brown trout (*Salmo trutta*) stocking impact assessment using microsatellite DNA markers. *Ecological Applications* 11(1), 148-160.
- HEDRICK, P.W. (2000): Genetics of populations. 2<sup>nd</sup> Ed. , Jones und Bartlett, Sudbury, Massachusetts. 725 pp.
- JORDANA, J., PIEDRAFITA, A., SANCHEZ, A. & PUIG, P. (1992): Comparative F statistics analysis of the genetic structure of ten Spanish dog breeds. *J. Hered.*, 83, 367-374.
- KOHLMANN, K. (2005): Verwandtschaftsverhältnisse aquatischer genetischer Ressourcen am Beispiel des Karpfens. *Schriften zu genetischen Ressourcen*, 24. Zentralstelle für Agrardokumentation und -information (ZADI), Informationszentrum Biologische Vielfalt (IBV), Bonn, 46-58.
- KOHLMANN, K. & KERSTEN, P. (2006): Microsatellite loci in tench: isolation and variability in a test population. *Aquaculture International* 14(1-2), 3-7.
- LECLERC, D., WIRTH, T. & BERNATCHEZ, L. (2000): Isolation and characterization of microsatellite loci in the yellow perch (*Perca flavescens*), and cross-species amplification within the family Percidae. *Molecular Ecology* 9(7), 995-997.
- LULLA, P., GROSS, R. & PAAVER, T. (2005): Genetic diversity and differentiation of imported into Estonia rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) strains based on microsatellite DNA variation. *Agraarteadus/Journal of Agricultural Science*, 16, 37-42.
- NEI, M. (1972): Genetic distance between populations. *American Naturalist* 106, 283-292.

- NEI, M. (1977): F-statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations. *Ann. Hum. Genetics* 41, 225-233.
- PEAKALL, R. & SMOUSE, P.E. (2006): GENALEX 6: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*. 6, 288-295.
- PRITCHARD, J.K., STEPHENS, M., DONNELLY, P. (2000): Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155, 945-959.
- RAYMOND, M., ROUSSET, F. (1995): Genepop (version 1.2): Population genetics software for exact tests and ecumenicism. *Journal of Heredity* 86, 248–249.
- RUTTEN, M.J.M. (2005): Breeding for improved production of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.). Dissertation Universität Wageningen, Niederlande. 122 pp.
- SCHWEND, K. (2001): Untersuchungen zur genetischen Variabilität der Kärntener Brillenschafe in Österreich. Dissertation Veterinärmedizinische Universität Wien. 86 pp.
- STEFFENS, W. (1985): Grundlagen der Fischernährung. Gustav Fischer Verlag, Jena.
- WIRTH, T., SAINT-LAURENT, R. & BERNATCHEZ, L. (1999): Isolation and characterization of microsatellite loci in the walleye (*Stizostedion vitreum*), and cross-species amplification within the family Percidae. *Molecular Ecology* 8(11), 1960-1962.
- WRIGHT, S. (1978): Evolution and the genetics of populations. Volume 4. Variability within and among natural populations. University of Chicago Press, Chicago. 590 pp.

## Anhang

- a. Fragebogen für die telefonische Befragung über Basisinformationen zur züchterischen Bearbeitung
- b. Fragebogen für die Vor-Ort-Befragung über Einzelheiten zur züchterischen Bearbeitung, Haltungsumwelt, Charakteristika zu Morphologie, Verhalten und Leistung
- c. Erfassungsbogen für Daten von einzelnen (Laich)fischen auf den Betrieben
- d. Anhangstabellen 1 bis 3: Detailinformationen zu den für die verschiedenen Fischarten eingesetzten Mikrosatellitenmarkersystemen
- e. Anhangstabellen 4 bis 6: Mittelwerte und Streumaße über die erfassten morphometrischen Merkmale und genetischen Kennzahlen über Bestände innerhalb Fischarten
- f. CD mit Datenbank und genetischen Basisdaten
- g. Beispiel für ein Informationsblatt eines Laichfischbestandes mit erfassten morphometrischen Merkmalen, genetischen Kennzahlen und Allelfrequenzen (Teillos 1)

- a. Fragebogen für die telefonische Befragung über Basisinformationen zur züchterischen Bearbeitung

## **„Erfassung genetischer Ressourcen in der Aquakultur“**

**Fragebogen für die telefonische Befragung über**

### **Basisinformationen zur züchterischen Bearbeitung**

**Befragungsdatum:**

**Befragung durch Interviewer:**

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

**Frage 1) Eigene Laichfischbestände der Art(en):**

**Frage 2) Anzahl vorhandener Zuchtstämme (aufgelistet pro Art):**

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

**Frage 3) Bezeichnung des Zuchtstamms:**

**Frage 4) Seit wann ist dieser Zuchtstamm in der Anlage?**

**Frage 5) Wird der Zuchtstamm von Ihnen züchterisch bearbeitet?**

ja

nein

**Frage 6) Anzahl der im erwachsenen Laichfischbestand gehaltenen Tiere:**

ca. Rogner

ca. Milchner

**Frage 7) Wofür wird der Zuchtstamm derzeit eingesetzt?**

Erzeugung von Satzfishen

Erzeugung von Speisefischen

Sonstige (z.B. Zierfischerzeugung)

Derzeit keine Nutzung

**Bemerkungen:**

- b. Fragebogen für die Vor-Ort-Befragung über Einzelheiten zur züchterischen Bearbeitung, Haltungsumwelt, Charakteristika zu Morphologie, Verhalten und Leistung

## **„Erfassung genetischer Ressourcen in der Aquakultur“**

### **Fragebogen für die Vor-Ort-Befragung über Einzelheiten zur züchterischen Bearbeitung, Haltungsumwelt, Charakteristika zu Morphologie, Verhalten und Leistung zu den gehaltenen Laichfischbeständen**

**Befragungsdatum:**

.....

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

.....

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

.....

**Höhenlage des Betriebes:** ca.....m über N.N.

**Wetterstation** in der näheren Umgebung (*für die Abfrage von Klimadaten*):

.....

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



**Bezeichnung des Laichfischbestandes / Spezies:**

.....

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

.....

**Detailinformationen zur züchterischen Bearbeitung:**

**Grad der züchterischen Bearbeitung:**

Zuchtstufe            0             1             2             3             (*siehe Def.*)

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

- Aus einer Herkunft
- Aus mehreren Herkünften gemischt
- Die Basispopulation bestand aus etwa .....Tieren

**Ursprung und Charakteristika der Herkunft / Herkünfte des Laichfischbestandes:**

.....

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

**Rogner:**            ..... bis ..... Lebensjahr  
**Milchner:**        ..... bis ..... Lebensjahr

(Folgende Informationen zur züchterischen Bearbeitung **nur für Zuchtstufe 2 bzw. 3** erfragen!)

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

**Rogner:**.....Lebensjahr

**Milchner:**.....Lebensjahr

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

ca.....Rogner

ca.....Milchner

**Welche Zuchtziele verfolgen Sie derzeit?**

- gute allgemeine Fitness / Freiheit von Deformationen
- Optimierung von Körperproportionen (z.B. *Längen/Höhen-Verhältnis*)
- Optimierung der Färbung
- Verbesserung der Wachstumsleistung
- Verbesserung der Futtermittelverwertung
- Erhaltung der genetischen Vielfalt
- Verbesserte Anpassbarkeit an bestimmte Umweltverhältnisse
- Verlegung der Laichzeit (Laichreifealter / Ablasssaison)
- Erhöhung der Fruchtbarkeit
- Erhöhung der Schlachtausbeute
- Verbesserung der Schlachtkörperqualität / des Geschmacks
- Erhöhung der Krankheitsresistenz
- Veränderung des Geschlechterverhältnisse in Nachkommengruppen
- Veränderung des Verhaltens
- Sonstige: .....

**Welche Zuchtmethoden setzen Sie ein?**

-Reinzucht:

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

-Kreuzungszucht:

- Artkreuzungen
- Kreuzung von Zuchtstämmen

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

.....

**Bedingungen beim Selektionsentscheid:**

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

**Zeitpunkte des Selektionsentscheids:**

- Setzlingsalter
- Speisefischalter
- Laichfischalter

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

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

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

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

Ja                       Nein

**Markierung der Laichfische:**

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

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

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

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

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

**Dokumentation des Zuchtfortschrittes:**

- Aufzeichnungen zur Leistungsentwicklung des Bestandes
- standardisierte Leistungsprüfungen:
  - in jeder Generation
  - in jedem Jahr
- Mitführung von nicht selektierten Kontrollgruppen

**Sind Heritabilitäten und (genetische) Korrelationen zwischen Merkmalen für den eigenen Bestand bekannt?**

Ja

Nein

**Besonderheiten Züchtung:**

(z.B. Laichzeitsteuerung (über Licht-/ Temperaturprogramme, Hormoneinsatz), Nutzung von Genmarkersystemen, Marker Assisted Selection)

.....

**Haltungsumwelt:**

**Wasserversorgung:**

- über Brunnen- / Quellwasser
- über fließendes Gewässer
- über stehendes Gewässer
- über Leitungswasser

-zur Verfügung stehende Wassermenge: durchschnittlich ca. ....l / sec.  
im Minimum ca. ....l / sec.

**Haltungsformen:**

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

	<b>Brut / Anfütt.</b>	<b>Setzling</b>	<b>Speisefisch</b>	<b>Laichfisch</b>
<b>Haltungseinrichtungen</b>				
-Brutschränke / Zugerläser	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
-Becken	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
-Rinnen	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
-Teiche (betonierte Sohle)	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
-Teiche („natürliche“ Sohle)	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
-Netzgehege	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>

Haltungsintensität ( <i>def. über Fütterung</i> )	Brut / Anfütt.	Setzling	Speisefisch	Laichfisch
-Naturfutterbasis	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
-Zufütterungsbasis	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
-Alleinfutterbasis	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
-Rohproteingehalt (%)	.....%	.....%	.....%	.....%
-Energiegehalt (MJ / kg)	.....MJ	.....MJ	.....MJ	.....MJ
-Dosierung ad lib.	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
-Dosierung nach Tabelle	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
-Verabreichung per Hand	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
-Verabreichung über Automat	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
-Futter pro kg Massezuwachs	.....kg	.....kg	.....kg	.....kg
-typische Endbesatzdichte (kg / m <sup>3</sup> )	.....kg	.....kg	.....kg	.....kg
od. (kg bzw. Stck. / ha)	.....	.....	.....	.....

**Wasserparameter:**

(*typische Werte, Minima, Maxima in der Speisefischhaltung*):

Parameter	Einheit	Typ. Wert	Minimum	Maximum
Temperatur	°C	.....	.....	.....
O <sub>2</sub>	mg / l od. % Sättigung	..... .....	..... .....	..... .....
pH-Wert		.....	.....	.....
SBV	ml / l	.....	.....	.....
Sichttiefe ( Juni)	m	.....	.....	.....
Leitfähigkeit	mS / m	.....		
Saprobienindex		.....		

**Wasserchemische Besonderheiten:**

(*z.B. extreme Schwankungen, besondere Belastungen mit gelösten Gasen, BSB/CSB, N-Verbindungen, Phosphat, Eisen, Keimen, Schadstoffen*)

.....

**Bsonderheiten Haltungsumwelt:**

*(z.B. Einsatz von Dauerbeleuchtung, spezielle Probleme auf dem Betrieb)*

.....

**Charakterisierung des (Laichfisch)bestandes unter den Umweltbedingungen des Standortes:**

**Morphologische Besonderheiten:**

*(z.B. Körperproportionen, (Laich)färbung, Flossengröße, fest/lose sitzende Schuppen, Lebergröße/-färbung)*

.....

**Besondere Verhaltenseigenschaften:**

*(z.B. ausgeprägte/geringe Aggressivität oder Schreckhaftigkeit, Beißfreudigkeit, Kampfkraft im Drill)*

**Leistungscharakteristika:**

**Laichsaison** von .....bis.....

**Eizahlen pro kg Rognergewicht:** ca. ....Eier

**Überlebensraten:**

-Schlupf: ca. ....%

-Anfütterung: ca. ....%

-Satzfisch: ca. ....%

**Betriebstypisches Vermarktungsgewicht** für Speisefische:

-von ca. ....g

-wird von Vorwüchsern erreicht nach ..... Monaten

-wird von der großen Masse erreicht nach ..... Monaten

**Besondere Leistungseigenschaften:**

*(z.B. außergewöhnliche Temperatur-, pH-, O<sub>2</sub>- Verträglichkeit, Fitness, Fruchtbarkeit, Krankheitsresistenz, Futtermittelverwertung, Wachstumsleistung, Uniformität, Schlachtausbeute, Filetierbarkeit, Filetanteile, Haut, / Schleim, Räucherverluste, Produktqualität, Geschmackseigenschaften, Geschlechterverhältnisse)*

.....



**Liegen Erkenntnisse zum (Laichfisch)bestand von anderen Standorten vor?**

*(Morphologie, Verhalten, Leistung)*

.....

**Prognoseabfrage über den Laichfischbestand:**

**Planen Sie in den kommenden 3 Jahren:**

- Erhaltung
- Reduzierung
- Einstellung
- Ausbau
  
- Bearbeitung neuer Zuchtziele / Zuchtmethoden
- Investitionen für Züchtungsarbeit

**Einverständniserklärungen zur Datenveröffentlichung:**

**Erklären Sie sich bereit, dass Ihre Angaben für andere Befragte, die ebenfalls ihre Angaben zur Verfügung stellen, zugänglich werden?**

**Ja**

**Nein**

c. Erfassungsbogen für Daten von einzelnen (Laich)fischen auf den Betrieben

## Erfassungsbogen für Daten von einzelnen (Laich)fischen auf den Betrieben

Erfassungsdatum:

Erfassung durch:

Fischart:

Betriebscode:

Zuordnungsbuchstabe des Laichfischbestands:

Fische genüchtert seit:

<b>Fisch Nr.</b>	<b>Alter (Mon.)</b>	<b>Geschlecht (M / W / ?)</b>	<b>Gewicht (g)</b>	<b>Breite (cm)</b>	<b>Dateiname Foto ganzer Fisch</b>	<b>Dateiname Foto d. Rückenflosse</b>	<b>Flossenprobe? (J / N)</b>
1							
2							
3							
4							
5							
6							
7							
8							
9							
10							
11							
12							
13							
14							
15							

<b>Fisch Nr.</b>	<b>Alter (Mon.)</b>	<b>Geschlecht (M / W / ?)</b>	<b>Gewicht (g)</b>	<b>Breite (cm)</b>	<b>Dateiname Foto ganzer Fisch</b>	<b>Dateiname Foto d. Rückenflosse</b>	<b>Flossenprobe? (J / N)</b>
16							
17							
18							
19							
20							
21							
22							
23							
24							
25							
26							
27							
28							
29							
30							
31							
32							
33							
34							
35							

*Für Bemerkungen zu einzelnen Fischen (z.B. Auffälligkeiten, Verletzungen, Deformationen): Bitte Rückseiten nutzen!*

d. Anhangstabellen 1 bis 3: Detailinformationen zu den für die verschiedenen Fischarten eingesetzten Mikrosatellitenmarkersystemen

<b>Karpfen</b>	Bezeichnung lt. Literatur	Labor- bezeichnung	Primer-Sequenz 5'--> 3'	T <sub>m</sub> lt. Literatur	Repeat sequence lt. Literatur	Anzahl Allele	Size range (bp)	GenBank
<b>Karpfenfische (Cyprinidae)</b> <i>Cyprinus carpio</i> (Karpfen - common carp)	MFW6	Ccar_MFW6-F_FAM	GACC TGA TCA ATC CCT GGC TC	55	k.A.	5	152	k.A.
		Ccar_MFW6-R	GTTG GGA CTT TTA AAT CAC GTT G					
	MFW7	Ccar_MFW7-F_VIC	TAC TTT GCT CAG GAC GGA TGC	55	k.A.	7 (16)	186	k.A.
		Ccar_MFW7-R	ATC ACC TGC ACA TGG CCA CTC					
	MFW9	Ccar_MFW9-F_FAM	GAT CTG CAA GCA TAT CTG TCG	55	k.A.	6 (8)	117	k.A.
		Ccar_MFW9-R	ATC TGA ACC TGC AGC TCC TC					
	MFW11	Ccar_MFW11-F_PET	GCA TTT GCC TTG ATG GTT GTG	55	k.A.	5	202	k.A.
		Ccar_MFW11-R	GTCG TCT GGT TTA GAG TGC TGC					
	MFW13	Ccar_MFW13-F_VIC	ATG ATG AGA ACA TTG TTT ACA G	50	k.A.	7 (11)	184	k.A.
		Ccar_MFW13-R	TGA GAG AAC AAT GTG GAT GAC					
	MFW16	Ccar_MFW16-F_NED	GTC CAT TGT GTC AAG ATA GAG	55	k.A.	7 (17)	171	k.A.
		Ccar_MFW16-R	TCT TCA TTT CAG GCT GCA AAG					
	MFW20	Ccar_MFW20-F_FAM	GCAG TGA GAC GAT TAC CTT GG	55	k.A.	6	249	k.A.
		Ccar_MFW20-R	GTG AGC AGC CCA CAT TGA AC					
	MFW24	Ccar_MFW24-F_NED	GCT CCA GAT TGC ACA TTA TAG	55	k.A.	4	231	k.A.
	Ccar_MFW24-R	GCTA CAC ACA CGC AGA GCC TTT C						
MFW26	Ccar_MFW26-F_NED	CCC TGA GAT AGA AAC CAC TG	55	k.A.	7 (15)	136	k.A.	
	Ccar_MFW26-R	CAC CAT GCT TGG ATG CAA AAG						
MFW30	Ccar_MFW30-F_FAM	GGT CAA CAA GTA GTT GTG CAG	55	k.A.	4	236	k.A.	
	Ccar_MFW30-R	GCCA TCT CTG TCA TTG CAA CAG						
<i>Tinca tinca</i> (Schleie)	MTT-4	Tin_MTT-4-F_VIC	GTTA AAA CCG CCA CAC TTT CC	55	(CA) <sub>6</sub>	1	211	DQ080087
		Tin_MTT-4-R	GACG TGC GGC TGT GAG ATT AT					

**Literaturquellen:**

Crooijmans et al. (1997): Microsatellite markers in common carp (*Cyprinus carpio* L.). *Animal Genetics* 28(2), 129-134

Kohlmann & Kersten (2006): Microsatellite loci in tench: isolation and variability in a test population. *Aquaculture International* 14(1-2), 3-7

Schleie	Bezeichnung lt. Literatur	Labor- bezeichnung	Primer-Sequenz 5'--> 3'	T <sub>m</sub> lt. Literatur	Repeat sequence lt. Literatur	Anzahl Allele	Size range (bp)	GenBank
<b>Karpfenfische (Cyprinidae)</b>								
	<i>Cyprinus carpio</i> (Karpfen - common carp)	MFW1	Ccar_MFW1-F_PET GTC CAG ACT GTC ATC AGG AG GAG GTG TAC ACT GAG TCA CGC	55	k.A.	5	212	k.A.
	MFW17	Ccar_MFW17-F_FAM GCTC AAC TAC AGA GAA ATT TCA TC GAA ATG GTA CAT GAC CTC AAG	55	k.A.	6	315	k.A.	
<i>Tinca tinca</i> (Schleie)	MTT-1	Tin_MTT-1-F_NED Tin_MTT-1-R	GTC CTC GCA ATG CAA GAA AT GTTG GCT CAT ATT GGG TGT GA	55	(CA) <sub>11</sub>	5	167-177	DQ080084
	MTT-2	Tin_MTT-2-F_FAM Tin_MTT-2-R	GCTG GTC TCC TCC TTG TGC TC GTGG GTG AAG GAT TGG TTG TT	55	(AC) <sub>8</sub>	2	236-240	DQ080085
	MTT-3	Tin_MTT-3-F_FAM Tin_MTT-3-R	GCCA GCA GAG CCC TAC ACT TC GAGG ACG TGA CCA TCA ACA CA	55	(AGAC) <sub>3</sub> (AG) <sub>12</sub>	1	160	DQ080086
	MTT-4	Tin_MTT-4-F_VIC Tin_MTT-4-R	GTTA AAA CCG CCA CAC TTT CC GACG TGC GGC TGT GAG ATT AT	55	(CA) <sub>8</sub>	1	211	DQ080087
	MTT-5	Tin_MTT-5-F_PET Tin_MTT-5-R	GGG AGC CAG TTC ACA CTC AT GAC ATG AAA ACG GTG CTG TG	55	(GA) <sub>4</sub> GG(GA) <sub>13</sub>	5	207-217	DQ080088
	MTT-6	Tin_MTT-6-F_NED Tin_MTT-6-R	GTGT GTG AGG TGG CAC AGA AT GATG TGA GCA ATG GCT GTG AG	55	(CA) <sub>16</sub>	6	160-174	DQ080089
	MTT-7	Tin_MTT-7-F_VIC Tin_MTT-7-R	GACC TCG CCA TGT ATG CTT TT GTT GAC CPG TGC ATG CAT TT	55	(CAA) <sub>3</sub> CA(CAA) <sub>1</sub>	1	213	DQ080090
	MTT-9	Tin_MTT-9-F_FAM Tin_MTT-9-R	GCAA TCT GGT GGA AGT GAG CA GACG CGT CAG TGA CAG AGA GA	55	(AC) <sub>28</sub>	9	130-178	DQ080092

**Literaturquellen:**

Crooijmans et al. (1997): Microsatellite markers in common carp (*Cyprinus carpio* L.). *Animal Genetics* 28(2), 129-134

Kohlmann & Kersten (2006): Microsatellite loci in tench: isolation and variability in a test population. *Aquaculture International* 14(1-2), 3-7

## Zander

### Echte Barsche (Percidae)

*Sander lucioperca* /  
*Stizostedion lucioperca*  
(Zander - pikeperch)

	Bezeichnung lt. Literatur	Labor- bezeichnung	Primer-Sequenz 5'--> 3'	T <sub>m</sub> lt. Literatur	Repeat sequence lt. Literatur	Anzahl Allele	Size range (bp)	GenBank	
<i>Stizostedion vitreum</i> (walleye)	Svi_L4	Svi_L4-F_NED	GCGT GGC CAG AAA ATT TTG ATG	55	(CA) <sub>6</sub> AA(CA) <sub>14</sub>	9 (1)	205-237	AF144737	
		Svi_L4-R	GCT ATA TGT AGT AGG GGG TC						
	Svi_L6	Svi_L6-F_PET	GAGA GGA AGA AGA GGT ATC	53	(AC) <sub>17</sub>	9(1)	111-137	AF144739	
		Svi_L6-R	GTTA AAG GGT AAG TCC ACT G						
	Svi_L7	Svi_L7-F_VIC	GAT GTG CAT ACA TTT ACT CC	53	(TG) <sub>22</sub>	11 (4)	195-235	AF144740	
		Svi_L7-R	GCT TTA ATC TGC TGA GAA C						
	Svi_L8	Svi_L8-F_FAM	GCT TAT ACG TCG TTC TTA TG	53	(TG) <sub>22</sub>	9 (4)	105-145	AF144741	
		Svi_L8-R	GATG GAG AAG CAA GTT GAG						
		Svi4	Svi4-F_NED	GACA AAT GCG GGC TGC TGT TC	62	(AC) <sub>16</sub>	6	102-118	G36961
			Svi4-R	GAT CGC GGC ACA GAT GTA TTG					
	Svi6	Svi6-F_NED	GCAT ATT ATG TAG AGT GCA GAC CC	60	(AC) <sub>19</sub>	10	135-169	G36962	
		Svi6-R	GTGA GCT TCA CCT CAT ATT CC						
	Svi17	Svi17-F_FAM	GCG CAC TCT CGC ATA GGC CCT G	60	(AC) <sub>13</sub>	5	101-113	G36963	
		Svi17-R	GCGT TAA AGT CCT TGG AAA CC						
	Svi33	Svi33-F_VIC	GCAG GAC TGC TGT GTA TAG ACT TG	60	(AC) <sub>14</sub>	6	90-102	G36967	
		Svi33-R	GAT ATA GCT TTC TGC TGG GGT C						
<i>Perca flavescens</i> (yellow perch)	Pfla_L3	Pfla_L3-F_PET	GCC GAA TGT GAT TGA ATG	53	(TG) <sub>18</sub>	6	130-186	AF211828	
		Pfla_L3-R	GCGC TAA AGC CAA CTT AAT G						
	Pfla_L9	Pfla_L9-F_FAM	GTT AGT GTG AAA GAA GCA TCT GC	53	(TG) <sub>24</sub>	11	214-300	AF211834	
		Pfla_L9-R	GTGG GAA ATG TGG TCA GCG GC						

#### Literaturquellen:

Wirth et al. (1999): Isolation and characterization of microsatellite loci in the walleye (*Stizostedion vitreum*), and cross-species amplification within the family Percidae. *Molecular Ecology* 8(11), 1960-1962  
 Borer et al. (1999): Microsatellites in walleye *Stizostedion vitreum*. *Molecular Ecology* 8(2), 336-8  
 Leclerc et al. (2000): Isolation and characterization of microsatellite loci in the yellow perch (*Perca flavescens*), and cross-species amplification within the family Percidae. *Molecular Ecology* 9(7), 995-997

- e. Anhangstabellen 4 bis 6: Mittelwerte und Streumaße über die erfassten morphometrischen Merkmale und genetischen Kennzahlen über Bestände innerhalb Fischarten

## Morphometrische und genetische Daten: Durchschnittswerte über alle Bestände innerhalb Art

<b>Fischart:</b>	<b>Karpfen</b>
Untersuchte Bestände mit morphometrischen Daten:	31
Untersuchte Bestände mit genetischen Daten:	36

### Morphometrische Daten:

	<b>Mittelwert:</b>	<b>CV (%):</b>
Masse (g)	3978,17	104,6
Gesamtlänge (mm)	427,52	47,7
% Standardlänge	86,82	1,3
% Kopflänge	24,15	13,0
% Höhe max.	34,16	8,7
% Höhe min.	12,74	6,0
% Prädorsaler Abstand	45,54	5,7
Korpulenzfaktor	3,17	14,1
Höhe max. / Höhe min.	2,68	4,9

### Genetische Kennzahlen:

	<b>Mittelwert:</b>	<b>CV (%):</b>
max. beobachtete Allelzahl	9,889	20,6
mittlere Allelzahl	6,551	18,3
Allelreichtum	5,780	15,4
Private Allele	0,225	149,9
$H_E$	0,669	6,1
$H_O$	0,680	6,1
$F_{IS}$	-0,020	418,8
$F_{ST}$ min.	0,0306	83,5
$F_{ST}$ max.	0,1419	18,2
mittlere $F_{ST}$	0,0772	33,0

### Allele in den untersuchten MS-Loci:

<b>Mikrosatellitenlocus</b>	<b>Allele</b>			
Ccar_MFW9	80	104	124	138
	84	106	128	144
	86	110	130	152
	88	116	132	154
	96	118	134	192
	102	122	136	194
Ccar_MFW26	117	135	147	191
	123	136	149	207
	125	137	151	231
	127	139	157	255

	129	141	159	
	131	143	161	
	133	145	165	
Ccar_MFW7	135	197	243	269
	137	199	245	275
	147	207	247	277
	149	213	251	279
	159	215	253	281
	177	217	255	283
	187	219	257	285
	189	227	259	287
	191	229	261	289
	193	231	265	291
	195	239	267	
Ccar_MFW24	129	215	227	237
	199	217	229	239
	205	221	231	241
	211	223	233	255
	213	225	235	
Ccar_MFW6	103	131	145	157
	107	133	147	159
	111	137	149	163
	117	139	151	167
	125	141	153	183
	129	143	155	185
Ccar_MFW16	115	133	155	165
	125	135	157	169
	127	147	159	175
	129	151	161	
	131	153	163	
Tin_MTT-4	200	202	204	300
Ccar_MFW 20	182	216	232	244
	184	220	234	246
	192	224	236	248
	204	226	238	250
	208	228	240	252
	214	230	242	256
Ccar_MFW 13	159	181	193	205
	161	183	195	209
	167	185	197	213
	171	187	199	219
	177	189	201	
	179	191	203	
Ccar_MFW11	132	182	200	210
	148	188	202	216
	158	190	204	218
	162	194	206	222
	168	198	208	236



Ccar\_MFW30

219 231  
225 233  
227 237  
229 239

241  
243  
249  
259

261  
283

## Morphometrische und genetische Daten: Durchschnittswerte über alle Bestände innerhalb Art

<b>Fischart:</b>	<b>Schleie</b>
Untersuchte Bestände mit morphometrischen Daten:	16
Untersuchte Bestände mit genetischen Daten:	12

### Morphometrische Daten:

	<b>Mittelwert:</b>	<b>CV (%):</b>
Masse (g)	627,77	84,5
Gesamtlänge (mm)	266,93	44,6
% Standardlänge	85,19	0,9
% Kopflänge	21,83	4,8
% Höhe max.	25,25	5,8
% Höhe min.	12,88	4,2
% Prädorsaler Abstand	45,93	3,9
Korpulenzfaktor	2,28	14,6
Höhe max. / Höhe min.	1,96	2,6

### Genetische Kennzahlen:

	<b>Mittelwert:</b>	<b>CV (%):</b>
max. beobachtete Allelzahl	9,250	24,0
mittlere Allelzahl	3,525	16,5
Allelreichtum	3,010	17,3
Private Allele	0,225	104,0
$H_E$	0,373	6,9
$H_O$	0,382	7,0
$F_{IS}$	-0,071	234,1
$F_{ST}$ min.	0,0133	142,6
$F_{ST}$ max.	0,0931	36,0
mittlere $F_{ST}$	0,0473	44,9

### Allele in den untersuchten MS-Loci:

<b>Mikrosatellitenlocus</b>	<b>Allele</b>		
Tin_MTT-3	127 155	165	179
	147 159	169	183
	149 163	175	
Tin_MTT-1	159 166	169	175
	165 167	171	177
Tin_MTT-4	208		
Ccar_MFW1	169		
Tin_MTT-9	116 150	162	176
	126 152	164	178
	128 154	166	180
	132 156	168	

	144	158	170	
	148	160	174	
Tin_MTT-6	159	165	173	177
	161	167	175	237
	163	171		
Tin_MTT-5	206	210	216	
	208	214		
Tin_MTT-7	210			
Tin_MTT-2	233	235	237	
Ccar_MFW17	176	182	186	194
	180	184	192	196

## Morphometrische und genetische Daten: Durchschnittswerte über alle Bestände innerhalb Art

<b>Fischart:</b>	<b>Zander</b>
Untersuchte Bestände mit morphometrischen Daten:	7
Untersuchte Bestände mit genetischen Daten:	8

### Morphometrische Daten:

	<b>Mittelwert:</b>	<b>CV (%):</b>
Masse (g)	1811,15	88,8
Gesamtlänge (mm)	435,53	46,8
% Standardlänge	88,80	2,7
% Kopflänge	23,77	6,0
% Höhe max.	20,66	14,2
% Höhe min.	7,59	6,3
% Prädorsaler Abstand	32,63	11,6
Korpulenzfaktor	1,49	17,3
Höhe max. / Höhe min.	2,71	8,8

### Genetische Kennzahlen:

	<b>Mittelwert:</b>	<b>CV (%):</b>
max. beobachtete Allelzahl	5,750	29,0
mittlere Allelzahl	2,611	18,9
Allelreichtum	2,611	18,9
Private Allele	0,329	101,7
$H_E$	0,328	17,2
$H_O$	0,347	23,2
$F_{IS}$	-0,0637	301,3
$F_{ST}$ min.	0,1273	44,9
$F_{ST}$ max.	0,2973	22,6
mittlere $F_{ST}$	0,2114	17,9

### Allele in den untersuchten MS-Loci:

<b>Mikrosatellitenlocus</b>	<b>Allele</b>			
Svi17	91	92		
Svi_L6	107	116	117	
Svi4	124	142	150	152
	126			
Svi6	111	134	157	161
	125	135	158	162
	131	136	159	164
	133	137	160	
Svi_L7	216	219	222	232
	218	220	230	

Svi33	76	84		
Pfla_L3	110	114	116	118
	112			
Svi_L4	177			
Pfla_L9	181	190	204	212
	182			

f. CD mit Datenbank und genetischen Basisdaten

- g. Beispiel für ein Informationsblatt eines Laichfischbestandes mit erfassten morphometrischen Merkmalen, genetischen Kennzahlen und Allelfrequenzen (Teillos 1)

## Morphometrische und genetische Daten zum Laichfischbestand

<b>Bestandscode:</b>	<b>BB 3 A</b>
<b>Fischart:</b>	Karpfen
<b>Betriebsinterne Bezeichnung:</b>	Peitzer Karpfen
<b>Erhebungsdatum:</b>	12.04.2006

### Morphometrische Daten:

	<b>Mittelwert</b>
Masse (g)	12537
Gesamtlänge (mm)	749,30
% Standardlänge	87,41
% Kopflänge	19,65
% Höhe max.	32,61
% Höhe min.	12,49
% Prädorsaler Abstand	44,13
Korpulenzfaktor	2,98
Höhe max. / Höhe min.	2,61

### Genetische Kennzahlen:

	<b>Mittelwert</b>
max. beobachtete Allelzahl	9,000
mittlere Allelzahl	6,000
Allelreichtum	5,340
Private Allele	0,091
$H_E$	0,651
$H_O$	0,636
$F_{IS}$	0,023
$F_{ST}$ min.	0,0088
$F_{ST}$ max.	0,1062
mittlere $F_{ST}$	0,1092

### Allelfrequenzen bei den untersuchten MS-Loci:

Mikrosatellitenlocus	Allel	Frequenz
Ccar_MFW9	80	0,000
	84	0,450
	86	0,050
	88	0,000
	96	0,000
	102	0,000
	104	0,000
	106	0,000
	110	0,000
	116	0,000
	118	0,350

122	0,000
128	0,150
130	0,000
132	0,000
134	0,000
136	0,000
138	0,000
144	0,000
152	0,000
154	0,000

**Ccar\_MFW26**

117	0,000
123	0,000
125	0,000
127	0,000
129	0,100
131	0,075
133	0,000
135	0,075
137	0,250
139	0,025
141	0,200
147	0,000
149	0,275
151	0,000
157	0,000
159	0,000
161	0,000
165	0,000
191	0,000
207	0,000
255	0,000

**Ccar\_MFW7**

135	0,000
137	0,000
147	0,000
149	0,000
159	0,075
177	0,000
187	0,150
191	0,200
193	0,050
195	0,275
197	0,000
199	0,050
207	0,000
213	0,000
215	0,125
217	0,000
227	0,000
229	0,000
239	0,000
245	0,000
247	0,000
251	0,000
255	0,000
257	0,000



	259	0,000
	261	0,000
	277	0,025
	281	0,000
	283	0,000
	285	0,000
	287	0,050
<b>Ccar_MFW24</b>	129	0,000
	199	0,000
	205	0,000
	211	0,000
	213	0,000
	215	0,000
	217	0,000
	221	0,100
	223	0,000
	225	0,100
	227	0,000
	229	0,025
	231	0,000
	233	0,625
	235	0,000
	237	0,100
	239	0,050
<b>Ccar_MFW6</b>	103	0,000
	107	0,000
	111	0,000
	117	0,000
	125	0,053
	129	0,000
	131	0,000
	133	0,000
	137	0,026
	139	0,132
	141	0,000
	143	0,000
	145	0,158
	147	0,237
	149	0,000
	151	0,237
	153	0,026
	155	0,132
	157	0,000
	159	0,000
	163	0,000
	167	0,000
	185	0,000
<b>Ccar_MFW16</b>	115	0,050
	125	0,000
	127	0,000
	129	0,000
	131	0,300
	133	0,000
	135	0,050

	147	0,000
	151	0,025
	153	0,075
	155	0,175
	157	0,000
	159	0,000
	161	0,000
	165	0,325
	169	0,000
	175	0,000
<b>Tin_MTT-4</b>	200	0,875
	202	0,125
	204	0,000
<b>Ccar_MFW 20</b>	182	0,000
	184	0,000
	192	0,000
	204	0,000
	208	0,000
	214	0,000
	216	0,000
	220	0,000
	224	0,000
	226	0,000
	228	0,000
	230	0,050
	232	0,000
	234	0,000
	236	0,100
	238	0,000
	240	0,050
	242	0,250
	244	0,250
	246	0,000
	248	0,025
	250	0,275
	252	0,000
	256	0,000
<b>Ccar_MFW 13</b>	159	0,000
	161	0,000
	167	0,000
	171	0,000
	177	0,000
	179	0,000
	181	0,000
	183	0,050
	185	0,025
	187	0,125
	189	0,000
	191	0,150
	193	0,000
	195	0,200
	197	0,350
	199	0,000
	201	0,000

	203	0,100
	205	0,000
	209	0,000
	213	0,000
	219	0,000
<b>Ccar_MFW11</b>	132	0,000
	148	0,000
	158	0,000
	162	0,000
	168	0,000
	182	0,000
	188	0,000
	190	0,000
	194	0,075
	198	0,525
	200	0,050
	202	0,100
	204	0,000
	206	0,050
	208	0,000
	210	0,200
	222	0,000
<b>Ccar_MFW30</b>	225	0,000
	227	0,000
	229	0,025
	231	0,125
	233	0,000
	237	0,850
	239	0,000
	241	0,000
	243	0,000
	261	0,000
	283	0,000