



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 2:

„Erfassung und Dokumentation der genetischen Vielfalt von Zuchtsalmoniden (Regenbogenforelle, Bachforelle, Saiblinge, Lachs) sowie der Nebenfische der Salmonidenhaltung“
(Aktenzeichen 514-73.02/05BE006/2)

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

Inhaltsverzeichnis

1.	Ziele und Aufgabenstellung des Projektes	3
1.1	Planung und Ablauf des Projektes.....	3
1.2	Ausgangssituation und technischer Stand, an die angeknüpft wurde.....	3
2.	Material und Methoden	4
3.	Ergebnisse	7
3.1	Ausführliche Darstellung der wichtigsten Ergebnisse.....	7
3.1.1	Erfassung von Haupterwerbsbetrieben mit Laichfischbeständen in Deutschland.....	7
3.1.2	Auswahl von Laichfischbeständen zur näheren phänotypischen und genotypischen Charakterisierung.....	9
3.1.3	Charakterisierung ausgewählter Laichfischbestände im Rahmen von Betriebsbesuchen.....	10
3.1.3.1	Befragungsergebnisse.....	10
3.1.3.2	Morphometrische Erfassung.....	18
3.1.3.3	Genmarkerstudien.....	28
3.2	Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse.....	43
3.2.1	Entscheidungsgrundlage für weitere Planungen.....	43
3.2.2	Empfehlungen zur züchterischen Bearbeitung.....	44
3.2.2.1	Auf Ebene der Arten.....	44
3.2.2.2	Auf Ebene der Bestände.....	46
4.	Zusammenfassung	46
5.	Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen / Hinweise auf weiterführende Fragestellungen	48
6.	Literaturverzeichnis	49

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 Teilloes 2, welches die Dokumentation der genetischen Vielfalt in der Salmonidenhaltung zum Ziel hat, sowie im Rahmen von Teillos 1, in welchem die entsprechende Dokumentation in der Karpfenteichwirtschaft beabsichtigt ist.

ANMERKUNG: In Absprache mit dem Projektbetreuer seitens der BLE wird zur Zeitersparnis für Gutachter und interessierte Leser im Schlussbericht zu Teillos 2 auf die Wiederholung von Passagen, die bereits im Schlussbericht von Teillos 1 dargestellt wurden, weitestgehend verzichtet. Die Schlussberichte zu beiden Teillosen sind identisch gegliedert. Im Schlussbericht zu Teillos 2 wird deshalb insbesondere in den Kapiteln 1 (Ziele und Aufgabenstellung des Projektes), 2 (Material und Methoden) und im Anhang häufig auf die entsprechenden Passagen im Schlussbericht zu Teillos 1 verwiesen.

1.1 Planung und Ablauf des Projektes

Projektplanung und -ablauf verliefen in gleicher Weise wie im entsprechenden Kapitel vom Schlussbericht zu Teillos 1 dargestellt. Anstelle von Karpfen, Schleien- und Zanderbeständen wurden im Rahmen von Teillos 2 Laichfischbestände der Arten Äsche, Bachforelle, Bachsaibling, Regenbogenforelle und Seesaibling näher untersucht.

1.2 Ausgangssituation und technischer Stand, an die angeknüpft wurde

(vergl. entsprechendes Kapitel vom Schlussbericht zu Teillos 1)

2. Material und Methoden

Im Rahmen von Teillos 2 wurde mit den selben Kooperationspartnern zusammengearbeitet wie in Teillos 1. Die Betriebserfassungen, die Auswahl von Beständen für eine nähere Charakterisierung, die Gewinnung von Informationen über die gehaltenen Laichfischbestände über telefonische Befragungen und Betriebsbesuche, die genetischen Untersuchungen sowie Datenführung und Auswertung erfolgten in identischer Form wie im Schlussbericht zu Teillos 1 im Detail aufgeführt.

Auftragsgemäß waren für die Aufnahme von morphologischen und Leistungsdaten im Rahmen von Teillos 2 Laichfischbestände der Arten Äsche, Bachforelle, Bachsaibling, Regenbogenforelle und Seesaibling vorgesehen. Eine genetische Charakterisierung konnte von bis zu 50 Laichfischbeständen (20 Gewebeproben pro Bestand) der o.g. Arten erfolgen. Aufgrund der hierfür bewilligten Mittelaufstockung wurden schließlich zusätzliche Bestände genetisch untersucht.

Tabelle 1 stellt die für die genetische Untersuchung von Salmonidenbeständen im Rahmen von Teillos 2 eingesetzten Mikrosatellitenmarkersysteme dar.

Tabelle 1: Bezeichnung und Herkunftsangabe der für die genetische Charakterisierung von Äschen-, Bachforellen-, Bachsaiblings-, Regenbogenforellen-, und Seesaiblingsbeständen eingesetzten Mikrosatellitenmarkersysteme

Fischart	Primerbezeichnung		Literaturquelle
	laut Literaturquelle	Laborintern	
Äsche	SsaA86	Ssa_A86-F_PET Ssa_A86-R	KING et al. (2005)
	BFRO004	Thy_BFRO004-F_NED Thy_BFRO004-R	SNOJ et al. (1999)
	BFRO005	Thy_BFRO005-F_FAM Thy_BFRO005-R	SUSNIK et al. (1999)
	BFRO006	Thy_BFRO006-F_NED Thy_BFRO006-R	SUSNIK et al. (1999)
	BFRO014	Thy_BFRO014-F_FAM Thy_BFRO014-R	SUSNIK et al. (1999b)
	BFRO015	Thy_BFRO015-F_VIC Thy_BFRO015-R	SUSNIK et al. (1999b)
	BFRO016	Thy_BFRO016-F_VIC Thy_BFRO016-R	SUSNIK et al. (1999b)
	BFRO018	Thy_BFRO018-F_PET Thy_BFRO018-R	SUSNIK et al. (1999b)
	Bachforelle	OMM1310	Omy_OMM1310-F_NED Omy_OMM1310-R
OMM1323		Omy_OMM1323-F_FAM Omy_OMM1323-R	PALTI et al. (2002)

	SsaA86	Ssa_A86-F_PET Ssa_A86-R	KING et al. (2005)	
	SSOSL85	SSOSL85-F_VIC SSOSL85-R	SLETTAN et al. (1995)	
	Ssa85	Ssa85-F_FAM Ssa85-R	O'REILLY et al. (1996)	
	Ssa410UOS	Ssa_410UOS-F_NED Ssa_410UOS-R	CAIRNEY et al. (2000)	
	Ssa417UOS	Ssa_417UOS-F_FAM Ssa_417UOS-R	CAIRNEY et al. (2000)	
	MST-15	Stru_MST-15-F_VIC Stru_MST-15-R	PRESA & GUYOMARD (1996)	
	MST-60	Stru_MST-60-F_FAM Stru_MST-60-R	PRESA & GUYOMARD (1996)	
	MST-73 // μ 73	Stru_MST-73-F_PET Stru_MST-73-R	PRESA & GUYOMARD (1996)	
	Sco204	Salp_Sco204-F_VIC Salp_Sco204-R	DEHAAN & ARDREN (2005)	
	Sco216	Salp_Sco216-F_NED Salp_Sco216-R	DEHAAN & ARDREN (2005)	
	BFRO018	Thy_BFRO018-F_PET Thy_BFRO018-R	SUSNIK et al. (1999b)	
Bach- saibling	SsaA86	Ssa_A86-F_PET Ssa_A86-R	KING et al. (2005)	
	Ssa85	Ssa85-F_FAM Ssa85-R	O'REILLY et al. (1996)	
	MST-15	Stru_MST-15-F_VIC Stru_MST-15-R	PRESA & GUYOMARD (1996)	
	MST-73 // μ 73	Stru_MST-73-F_PET Stru_MST-73-R	PRESA & GUYOMARD (1996)	
	<i>Sfo233Lav</i>	<i>Sfo233Lav</i> -F_FAM <i>Sfo233Lav</i> -R	PERRY et al. (2005)	
	<i>Sfo305Lav</i>	<i>Sfo305Lav</i> -F_FAM <i>Sfo305Lav</i> -R	PERRY et al. (2005)	
	<i>Sfo308Lav</i>	<i>Sfo308Lav</i> -F_NED <i>Sfo308Lav</i> -R	PERRY et al. (2005)	
	Sco204	Salp_Sco204-F_VIC Salp_Sco204-R	DEHAAN & ARDREN (2005)	
	Sco216	Salp_Sco216-F_NED Salp_Sco216-R	DEHAAN & ARDREN (2005)	
	BFRO004	Thy_BFRO004-F_NED Thy_BFRO004-R	SNOJ et al. (1999)	
	BFRO018	Thy_BFRO018-F_PET Thy_BFRO018-R	SUSNIK et al. (1999b)	
	Regen- bogen- forelle	OMM1323	Omy_OMM1323-F_FAM Omy_OMM1323-R	PALTI et al. (2002)
		SsaA86	Ssa_A86-F_PET Ssa_A86-R	KING et al. (2005)
Ssa410UOS		Ssa_410UOS-F_NED Ssa_410UOS-R	CAIRNEY et al. (2000)	
SSOSL85		SSOSL85-F_VIC SSOSL85-R	SLETTAN et al. (1995)	
Ssa85		Ssa85-F_FAM Ssa85-R	O'REILLY et al. (1996)	

	MST-73 // μ 73	Stru_MST-73-F_PET Stru_MST-73-R	PRESA & GUYOMARD (1996)
	<i>Sfo233Lav</i>	<i>Sfo233Lav-F_FAM</i> <i>Sfo233Lav-R</i>	PERRY et al. (2005)
	<i>Sfo269Lav</i>	<i>Sfo269Lav-F_VIC</i> <i>Sfo269Lav-R</i>	PERRY et al. (2005)
	<i>Sfo305Lav</i>	<i>Sfo305Lav-F_FAM</i> <i>Sfo305Lav-R</i>	PERRY et al. (2005)
	Sco204	Salp_Sco204-F_VIC Salp_Sco204-R	DEHAAN & ARDREN (2005)
	Sco216	Salp_Sco216-F_NED Salp_Sco216-R	DEHAAN & ARDREN (2005)
	BFRO018	Thy_BFRO018-F_PET Thy_BFRO018-R	SUSNIK et al. (1999b)
See- saibling	MST-15	Stru_MST-15-F_VIC Stru_MST-15-R	PRESA & GUYOMARD (1996)
	MST-73 // μ 73	Stru_MST-73-F_PET Stru_MST-73-R	PRESA & GUYOMARD (1996)
	<i>Sfo233Lav</i>	<i>Sfo233Lav-F_FAM</i> <i>Sfo233Lav-R</i>	PERRY et al. (2005)
	<i>Sfo305Lav</i>	<i>Sfo305Lav-F_FAM</i> <i>Sfo305Lav-R</i>	PERRY et al. (2005)
	<i>Sfo308Lav</i>	<i>Sfo308Lav-F_NED</i> <i>Sfo308Lav-R</i>	PERRY et al. (2005)
	Sco204	Salp_Sco204-F_VIC Salp_Sco204-R	DEHAAN & ARDREN (2005)
	Sco216	Salp_Sco216-F_NED Salp_Sco216-R	DEHAAN & ARDREN (2005)
	BFRO018	Thy_BFRO018-F_PET Thy_BFRO018-R	SUSNIK et al. (1999b)

Die Führung der Daten zu allen in Teillos 2 erfassten Informationen erfolgte in gleicher Weise wie für Teillos 1 aufgezeigt in der MS-Access-Datenbank „BLE_gen_Res_Aqua1.mdb“.

Neben der MS-Access-Datei stehen MS-Excel-Dateien mit den genetischen Rohdaten und genetischen Auswertungen zu den einzelnen Fischarten (Statistik_BLE_Äsche.xls; Statistik_BLE_Bachforelle.xls; Statistik_BLE_Bachsaibling.xls; Statistik_BLE_Regenbogenforelle.xls; Statistik_BLE_Seesaibling.xls) sowie Word-Dokumente mit den einzelnen Verwandtschaftsbäumen innerhalb Fischarten (Stammbaum_Äsche.doc; Stammbaum_Bachforelle.doc; Stammbaum_Bachsaibling.doc; Stammbaum_Regenbogenforelle.doc; Stammbaum_Seesaibling.doc) zur Verfügung. Alle aufgeführten Dateien sind auf der im Anhang beiliegenden CD enthalten.

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. Vornehmlich Salmonidenhaltung (Teillos 2) 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 ebenfalls der Salmonidenhaltung zugeordnet. 99 Betriebe konnten über die gehaltenen Arten der karpfenteichwirtschaftlichen Fischerzeugung zugeordnet werden (Teillos 1). Tabelle 2 stellt die Haupterwerbsbetriebe der Salmonidenhaltung, aufgegliedert nach Bundesländern, dar. Weiterhin sind die Bearbeiter in den einzelnen Bundesländern aufgeführt.

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

Bearbeiter	Bundesland	Betriebe mit Laichfischbeständen
Herr Broeske	Niedersachsen (NDS)	14
	Nordrhein-Westfalen (NRW)	11
Herr Lehmann	Sachsen (SN)	8
Herr Haberbosch	Baden-Württemberg (BW)	16
	Hessen (HE)	3
	Rheinland-Pfalz (RP)	
Dr. Müller-Belecke	Brandenburg (BB)	3
	Mecklenburg-Vorpomm. (MV)	2
	Sachsen-Anhalt (SA)	
	Schleswig-Holstein (SWH)	4
Dr. Wedekind	Thüringen (TH)	8
	Bayern (BY)	21
Gesamt:		90

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 gut einem Drittel Salmonidenhaltender Betriebe (n=34), die im Norden der Bundesrepublik liegen. Mit 56 Betrieben liegen knapp zwei Drittel der Salmonidenzuchten in südlichen Bundesländern. 21 Betriebe liegen in östlichen Bundesländern (BB, MV, SN, TH), 69 Laichfische haltende Salmonidenbetriebe sind in westlichen Bundesländern (BW, BY, NDS, NRW, SWH) zu finden. Bayern weist, gefolgt von Baden-Württemberg die meisten Salmonidenbetriebe mit Laichfischhaltung auf.

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 90 befragten Betriebsleitern äußerten sich 85 zu ihren Laichfischbeständen. Vier Betriebsleiter erwiesen sich auch nach vielen Versuchen über einen Zeitraum von mehreren Wochen als nicht erreichbar. Ein Betriebsleiter wollte keine Angaben machen. Von einem Betriebsleiter wurde angegeben, dass die Laichfischhaltung mittlerweile eingestellt wurde. Ein Betriebsleiter stellte sich als von zwei Projektbearbeitern befragt heraus und bei einem Betrieb stellte sich der vermutete Laichfischbestand schließlich als ein Wildbestand heraus, der zur künstlichen Vermehrung zur Reproduktionssaison befischt wird.

Erste Angaben zu vorhandenen Laichfischbeständen standen von 82 Betrieben und Fischereieinrichtungen, die der Salmonidenhaltung 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 der Salmonidenhaltung in Deutschland erfasst werden konnte.

Von den im Rahmen des Gesamtprojektes insgesamt erfassten 484 Laichfischbeständen sind 234 der Salmonidenhaltung und somit Teillos 2 zuzuordnen. Neben Salmonidenbeständen wurden hier Laichfischbestände von Fischarten, die in Deutschland vornehmlich auf Alleinfutterbasis gehalten werden, zusammengefasst. Diese Laichfischbestände sind nach Bundesländern und Arten aufgeschlüsselt in Tabelle 3 dargestellt.

Tabelle 3: Anzahl der im Rahmen von Teillos 2 erfassten Laichfischbestände, gegliedert nach Bundesland und Art

Fischart	Bundesland										Gesamt
	BB	BW	BY	HE	MV	NDS	NRW	SN	SWH	TH	
Äsche		1	4	1		1					7
Atlantischer Lachs						1	4				5
Atlantischer Stör	1				2						3
Bachforelle		11	17	2		10	10	3	2	6	61
Bachsaibling		2	14	1		3	2	1		2	25
Gemeiner Stör	1										1
Hausen					1			1			2
Huchen		1	2			1					4
Namaycush			2								2
Nil-Tilapia						4					4
Quappe			1								1
Regenbogenforelle	3	11	17	1	1	20	11	3		8	75
Seeforelle		2	7			1	1	1			12
Seesaibling		1	5			1	1	2			10
Sibirischer Stör				1	2	1		2	1		7
Steinbutt									1		1
Sterlet	1				1			1			3
Waxdick				1	1			2			4

Zebrabärbling											7
Gesamt	6	29	69	7	8	50	29	16	4	16	234

Laicherbestände von insgesamt 19 Fischarten konnten auf den befragten Fischzuchtbetrieben erfasst werden. In vielen Bundesländern werden Laichfischbestände von sechs bis neun Fischarten gehalten. Auf einzelnen Betrieben werden sechs und mehr verschiedene Laichfischbestände von bis zu sechs Salmonidenarten gehalten. Die Bestände existieren zum Teil seit mehr als 100 Jahren in den Betrieben. Verschiedentlich wurden sie jedoch erst in den letzten Jahren etabliert. Pro Geschlecht werden Bestandsgrößen an adulten Laichfischen bis zu 5.000 Tieren gehalten.

3.1.2 Auswahl von Laichfischbeständen zur näheren phänotypischen und genotypischen Charakterisierung

Anhand der in Kap. 2 im Schlussbericht von zu Teillos 1 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.

Tabelle 4: Auswahl von näher zu charakterisierenden Laichfischbeständen (Teillos 2)

Fischart	Bundesland										Gesamt
	BB	BW	BY	HE	MV	NDS	NRW	SN	SWH	TH	
Äsche		1	2	1		1					5
Bachforelle		8	9	2		3	7	2	1	6	38
Bachsaibling		1	2	1			2	1	2	2	11
Regenbogenforelle	3	8	9	1	3	9	10			7	50
Seesaibling			3			1	1	1			6
Gesamt	3	18	25	5	3	14	20	4	3	15	110

Die dargestellten Lachfischbestände befanden sich auf 59 Betrieben der Salmonidenhaltung. 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 5: Im Detail charakterisierte Laichfischbestände (Teillos 2)

Fischart	Bundesland										Gesamt
	BB	BW	BY	HE	MV	NDS	NRW	SN	SWH	TH	
Äsche		1	2	1		1					5
Bachforelle		8	9	1		4	6	2	1	6	37
Bachsaibling		1	2			2	1	1		2	9
Regenbogenforelle	3	8	9		1	9	7			6	43
Seesaibling			3					1			4
Gesamt	3	18	25	2	1	16	14	4	1	14	98

Aufgrund der hervorragenden Kooperationsbereitschaft der Züchter konnten 56 Betriebe besucht werden. Es gelang im Rahmen von Teillos 2 schließlich 98 Laichfischbestände über Detailbefragungen und Beprobungen näher zu charakterisieren.

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 Äsche, Bachforelle, Bachsaibling, Regenbogenforelle und Seesaibling die zu den verschiedenen Fragenbereichen gebildeten Klassen und die Anzahl der jeweils zugeordneten Laichfischbestände dar.

Tabelle 6: Klassifizierung der untersuchten Laichfischbestände im Rahmen verschiedener Fragenbereiche (Teillos 2)

Fragenbereich	Klassifizierung	Zutreffend für n Laichfischbestände der Arten				
		Ä n=5	BF n=37	BS n=9	RBF n=43	SES n=4
Haltungsumwelt						
Höhenlage	bis 100 m über N.N.		5	1	14	
	100-500 m	3	19	6	18	1
	500-1000 m	2	7	1	6	3
	über 1000 m					
Futtergrundlage	Naturfutter					

	Zufütterung	2	2			
	Alleinfuttermittel	2	33	9	42	4
Besatzdichte (bei Speisefischen)	gering (bis 10 kg/m ³)	3	17	2	10	1
	mittel (10-40 kg/m ³)		10	4	12	3
	hoch (über 40 kg/m ³)		2		8	
Bestandsgröße	bis 100 adulte Tiere	1	8		7	1
	100-1000 adulte Tiere	3	21	8	25	2
	über 1000 adulte Tiere	1	7	1	11	1
Nennung von Besonderheiten zur Haltungsumwelt		3	22	2	26	3
Züchterische Bearbeitung						
Größe der Basispopulation	bis 20 Tiere		1		1	
	20-50 Tiere		1	1		
	über 50 Tiere	2	13	2	14	3
Zusammensetzung d. Basispopulation	aus einer Herkunft	4	24	6	22	2
	aus mehreren Herkünften	1	11	2	16	2
Bestandsalter	bis zu 10 Jahre im Betrieb	4	4	3	7	2
	10-20 Jahre	1	7	1	10	1
	20-40 Jahre		13	3	17	1
	40-60 Jahre		8	2	9	
	über 60 Jahre		4			
Bestandsführung	Nutzung von Blutauffrischung	4	14	1	12	2
	geschlossen	1	23	8	31	2
Selektionsschema	keine Selektion	3	1			
	auf Basis von Eigenleistung	2	36	9	43	4
	auf Verwandtenbasis					
Maximale effektive Populationsgröße	bis zu 20 Tieren	1	3	1	2	1
	20-50 Tiere	1	3		5	
	50-100 Tiere		4	2	4	1
	über 100 Tiere	3	26	5	29	2
Selektionsintensität	gering (über 50 % selektiert)		4		6	
	mittel (10-50 %)		6	2	12	1
	hoch (bis 10 %)	2	23	5	20	3
Nutzungsdauer	kurz (bis 2 Jahre)	2	3	1	11	
	mittel (2-5 Jahre)	3	29	7	29	4

	lang (über 5 Jahre)		4		2	
Vornehmliche	Fitness, genetische Vielfalt	2	6		3	
Zuchtausrichtung	Morphologische Merkmale	1	32	4	26	1
(2 Nennungen möglich)	Haltungstechnolog. Eignung	3	8	3	16	4
	Mastleistung		19	8	37	2
Aufzeichnungen zum Zuchterfolg		2	8	3	16	3
Nennung züchterischer Besonderheiten		1	6	1	12	1
Laichzeit, Auffälligkeiten Bestand						
Laichzeit	früh (ab 2 Mon. vor „normal“)		7	3	3	2
	normal	5	29	6	24	2
	spät (ab 2 Mon. nach „normal“)		1		12	
Nennung außergewöhnlicher Toleranzen, morphologischer Besonderheiten			3		13	

Ä: Äsche; BF: Bachforelle; BS: Bachsaibling; RBF: Regenbogenforelle; SES: Seesaibling

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 Besatzdichte 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 (Tab. 6). Die in der norddeutschen Tiefebene gehaltenen Bestände stehen den Beständen aus der Mittelgebirgsregion bzw. des Alpenvorlands gegenüber. Betriebe der Salmonidenhaltung mit Laichfischbeständen oberhalb von 1000 m über dem Meeresspiegel gab es nicht.

Die Salmonidenbestände werden bis auf vier Ausnahmen unter Einsatz von Alleinfuttermitteln gehalten. Bei zwei Äschen- und zwei Bachforellenbeständen wurde aufgrund der geringen Besatzdichte angenommen, dass Naturfutteraufkommen eine nennenswerte Ergänzung der Alleinfuttermittelgrundlage darstellt.

Mit lediglich acht Regenbogenforellen- und zwei Bachforellenbeständen, die in hohen Besatzdichten von oberhalb 40 kg/m³ (Speisefischgröße) gehalten werden, ist das Intensitätsniveau in Salmonidenbeständen mit Laichfischhaltung in der Aquakultur in Deutschland in der Regel eher gering bis mäßig. In der Mehrzahl der Bachforellenbestände und bei allen Äschenbeständen wird mit geringen Besatzdichten bis maximal 10 kg/m³ gearbeitet. Bei den Saiblings- und den Regenbogenforellenbeständen werden meistens mittlere Besatzdichten zwischen 10 kg/m³ und 40 kg/m³ vorgefunden (Tab. 6).

Die Größe der gehaltenen Laichfischbestände in der Salmonidenhaltung lag im Regelfall bei Stückzahlen von 100 bis 1000 adulten Tieren, in 21 Beständen oberhalb von 1000 Tieren. Bei 17 Beständen war die Bestandsgröße mit weniger als 100 adulten Tieren im Laichfischbestand eher gering.

Für einen Großteil der untersuchten Salmonidenbestände wurden von den Betriebsleitern Besonderheiten zur Haltungsumwelt aufgeführt. Häufig genannt wurden Besonderheiten in Haltungswasserparametern wie außergewöhnliche Temperaturschwankungen, hohe/geringe Wasserhärte, Gasübersättigung und Eisengehalt. In einigen Fällen wird, etwa durch zeitweise Dauerbeleuchtung, gezielt Einfluss auf die Haltungsumwelt genommen.

Laichfischbestände werden in der Salmonidenhaltung in Deutschland üblicherweise bei geringer bis mittlerer Intensität (Alleinfuttermittel, geringe bis mittlere Besatzdichte) gehalten. Unterschiede in der Haltungsumwelt ergeben sich hauptsächlich in fein abgestuften Differenzen bei den genutzten Haltungseinrichtungen, der eingesetzten Technologie für Wasseraufbereitung und Fütterung sowie bei Wasserquantität und -qualität. Obgleich zwischen den Betrieben erhebliche Unterschiede bei Möglichkeiten der Wasserversorgung der Teiche bestehen (Versorgung über Grundwasser, Fließgewässer, stehende Gewässer), ist nur in Ausnahmefällen davon auszugehen, dass die Laichfischhaltung in der eingesetzten Bestandsgröße durch Wasserknappheit stark negativ beeinflusst wird. Insbesondere für Laichfischbestände 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 mehreren 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 38 der 98 näher untersuchten Salmonidenbestände konnte von den Betriebsleitern Angaben zur ungefähren Größe der Basispopulation gemacht werden (Tab. 6). Während des Bestandsaufbaus, häufig vor über 20 Jahren (s.u.), wurden entsprechende Informationen in vielen Fällen nicht dokumentiert oder sind im Laufe der Zeit (Generationswechsel; Betriebsübernahmen) verloren gegangen. Die am häufigsten genannte Basispopulationsgröße betrug über 50 Tiere. In knapp zwei Dritteln der 90 Nennungen bestand die Basispopulation aus Fischen einer Herkunft. Mindestens zwei Herkünfte wurden für die Zusammenstellung der Basispopulationen von 32 Laichfischbeständen herangezogen.

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. Ein gewisser Anteil an jüngeren Laichfischbeständen insbesondere der Äsche und des Seesaiblings deuten jedoch auf zunehmendes Interesse an der Reproduktion entsprechender Fischarten hin.

Obgleich mehr Fischzüchter ihre Laichfischbestände geschlossen führen ($n=65$), werden in 33 Laichfischbeständen zur Blutauffrischung in Abständen Fische von außerhalb in den Bestand hereingenommen (Tab. 6). So wird Blutauffrischung bei der Mehrzahl der Laichfischbestände der Äsche und bei der Hälfte der Seesaiblingsbestände betrieben. 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 Züchtungsstrategie angebracht. Andererseits geht durch Blutauffrischung ggf. ein Teil des im eigenen Bestand erzielten Zuchtfortschritts verloren. Im Rahmen von Zuchtprogrammen zur Leistungssteigerung bei vornehmlich für Speisefischerzeugung eingesetzten Laichfischbeständen (Regenbogenforelle, Bachsaibling) 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 Äschenbestände untersucht worden, in denen keine Selektion vorgenommen wird (Tab. 6). Die Äsche wird für den Besatz von natürlichen Gewässern vermehrt. Es werden in Deutschland nur wenige Laichfischbestände dieser Art gehalten, so dass trotz fehlender Selektion eine nähere Charakterisierung sinnvoll erschien. In den 94 Beständen, in denen selektiert wird, geschieht die Selektion auf Basis der Eigenleistung (positive Massenauslese). 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 (Tab. 6), deutet auf den vergleichsweise geringen Stellenwert hin, den die züchterische Bearbeitung von Laichfischbeständen in der deutschen Salmonidenhaltung 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 die relativ geringe Bedeutung der Züchtung im Rahmen der Salmonidenhaltung in Deutschland ist die

Tatsache, dass lediglich im Falle eines Drittels der untersuchten Laichfischbestände Aufzeichnungen zur Dokumentation von Züchtungsarbeit und Zuchtfortschritt erfolgen.

Die in der Karpfenteichwirtschaft gegebene Problematik geringer effektiver Populationsgrößen aufgrund hoher Nachkommenzahlen und der damit verbundenen Möglichkeit der Erzielung wirtschaftlich ausreichender Nachkommenzahlen aus wenigen Elterntieren ist in Salmonidenbeständen aufgrund deutlich geringerer Eizahlen nicht in dem Maße gegeben. Die meisten Salmonidenzüchter sind zur Bereitstellung ausreichender Setzlingszahlen auf den Einsatz von mehr Rognern angewiesen als für die Erhaltung der im Minimum empfohlenen effektiven Populationsgrößen von 50 Tieren (FAO 1981; HALLERMANN 2003) notwendig sind. Bei der überwiegenden Mehrzahl der Salmonidenbestände werden effektive Populationsgrößen von mehr als 100 Tieren eingesetzt (Tab. 6). Dennoch gibt es bei allen Fischarten Bestände, in denen die genannten effektiven Populationsgrößen unter 50 Tieren liegen ($n=17$). Hier wirkte sich häufig der mehrfache Einsatz männlicher Tiere als Spermadonor für die Befruchtung von Eiern mehrerer Rogner aus. Entsprechend unausgeglichene Geschlechterverhältnisse beeinflussen die effektive Populationsgröße grundsätzlich negativ (ALLENDORF & LUIKART 2007). Die Gefahr von Inzuchtsteigerungsraten von mehr als 1 % pro Generation (FALCONER 1984) ist somit innerhalb der betroffenen Laichfischbestände gegeben. Hohe Inzuchtsteigerungsraten können neben verringerter genetischer Diversität auf Dauer Inzuchtdepressionen nach sich ziehen, die sich wirtschaftlich negativ auswirken können. Die betroffenen Salmonidenzüchter sollten dazu angehalten werden, durch Steigerung der Anzahl reproduzierender Laichtiere im Rahmen der Erstellung der jeweils nächsten Laichfischgeneration sowie durch die Nutzung ausgeglichener Geschlechterverhältnisse die effektive Populationsgröße auf dem nötigen Mindestmaß zu halten.

Den im Vergleich zu anderen Nutztieren bei Fischen hohen Nachkommenzahlen entsprechend, ist die Selektionsintensität bei vielen Laichfischbeständen hoch (Tab. 6). Bei der überwiegenden Mehrheit der Laichfischbestände in der Salmonidenhaltung werden hohe Selektionsintensitäten mit weniger als 10 % für die Zucht ausgewählten Fischen eingesetzt ($n=53$). 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 (Äsche, Bachforelle, Seesaibling) ein probates Mittel. Der bei 21 Beständen vorgefundene Einsatz von Selektionsintensitäten zwischen 10 bis 50 % spricht in der Fischzucht eher für die Unkenntnis der Möglichkeiten, die sich über effiziente Massenselektionsprogramme bieten. Dies gilt insbesondere für die sechs Regenbogenforellenbestände, in denen eine geringe Selektionsintensität zum Einsatz kommt. Für eine kaum höhere Chance auf Beibehaltung einer größeren genetischen Diversität bleibt ein hohes Potenzial an möglichem Zuchtfortschritt ungenutzt (GJEDREM 2005).

In vielen der untersuchten Salmonidenbeständen 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 In-

zuchtsteigerung pro Zeiteinheit. Andererseits sinkt auch der pro Zeiteinheit erreichbare Zuchtfortschritt (FALCONER 1984). Viele Fischzüchter entschieden sich aus praktischen Gründen für mittlere Nutzungsdauern der Laichtiere von drei bis vier Jahren. In diesem Altersabschnitt ist in der Regel bereits mit guter Qualität der Gonadenprodukte zu rechnen. Die Laichfische bleiben nach Angaben einiger Züchter so in ihrer Größe noch recht gut handhabbar, die Anzahl an Laichtieren nach bei Salmoniden im unterschiedlichen Maße aber regelmäßig auftretendem Verlustgeschehen nach den Laichperioden ist noch ausreichend. Milchner werden aufgrund der früher eintretenden Geschlechtsreife häufig bereits ein Jahr vor den Rognern zur Zucht eingesetzt. Aufgrund höherer nachlaichzeitlicher Verlustraten bei Milchnern ist ihre Nutzungsdauer gegenüber den Rognern häufig verkürzt.

Zur Beurteilung der vornehmlichen Zuchtausrichtung wurden die im Fragebogen 2 (vergl. Anhang zu Schlussbericht Teillos 1) 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)
- 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. Von einigen Züchtern 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), gingen bei der Auswertung der vornehmlichen Zuchtausrichtung nicht mit ein.

Über alle untersuchten Bestände wurden Mastleistung (n=66) und morphologische Merkmale (n=64) am häufigsten als vornehmliche Zuchtausrichtungen genannt (Tab. 6). Danach folgte die Optimierung der haltungstechnologischen Eignung (n=34) sowie die Beibehaltung von Fitness und genetischer Vielfalt. Unterschiede gab es zwischen Salmonidenarten, die vornehmlich als Speisefische vermarktet werden (Regenbogenforelle, Bachsaibling) und Arten, die häufig für die Bereitstellung von Besatzfischen für natürliche Gewässer genutzt werden (Äsche, Bachforelle). In Beständen der erstgenannten Arten ist die Züchtung vornehmlich auf Mastleistungsmerkmale ausgerichtet, bei Äschen- und Bachforellenbeständen wird morphologischen Merkmalen Fitness und genetische Vielfalt eine größere Bedeutung zugemessen. Unter den vier Seesaiblingsbe-

ständen schien die züchterische Bearbeitung in einem Bestand vornehmlich auf Besatzzwecke und in zwei Beständen auf die Optimierung der Speisefischerzeugung ausgerichtet zu sein.

Für 21 Bestände insbesondere bei der Regenbogenforelle wurden von den Betriebsleitern züchterische Besonderheiten wie Laichzeitsteuerung, individuelle Markierung von Laichtieren oder Selektion nur auf der weiblichen Seite genannt.

Die züchterische Bearbeitung in den Salmonidenbeständen in Deutschland ist nicht in allen Fällen optimal auf ein bestimmtes Zuchtziel ausgerichtet. So werden in verschiedenen Laichfischbeständen für die Speisefischerzeugung keine hohen Selektionsintensitäten genutzt. Möglicher Zuchtfortschritt wird durch Blutauffrischung verwässert. In einigen Äschen- und Bachforellenbeständen, die mit hoher Wahrscheinlichkeit auch für die Erstellung von Satzfi-schen Einsatz finden, werden geringe effektive Populationsgrößen und kurze Nutzungsdauern verwendet. Eine bessere Information der Laichfischhalter zu züchterischen Zusammenhängen könnte zukünftig einerseits dem Verlust an genetischer Diversität vorbeugen und andererseits zur Erzielung eines schnelleren Zuchtfortschritts führen. Beide Aspekte können sich langfristig sowohl ökologisch als auch ökonomisch positiv auswirken. Viele Fischzüchter sind jedoch offenbar zu einem Spagat zwischen einer Zuchtausrichtung für die Satzfishbereitung 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 sind Herkunftsvergleiche in einer definierten Haltungsumwelt unabdingbar.

Bewertet man die Laichzeit als ein Bestandscharakteristikum, so zeichnen sich 15 Salmonidenbestände durch eine frühe und 13 Bestände durch eine späte Laichzeit aus.

Für lediglich drei Bachforellen- und 13 Regenbogenforellenbestände werden von den Züchtern morphologische Besonderheiten oder außergewöhnliche Toleranzen wie gedrungene und langgestreckte Körperform, große Flossen oder Temperaturtoleranz genannt.

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 53 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 Vorder-

grund steht. An einen Ausbau der Laichfischhaltung wird bei drei Laichfischbeständen gedacht, bei zwei Beständen soll eine Bestandsreduzierung erfolgen, ein Seesaiblingsbestand soll aufgelöst werden. Bei fünf Laichfischbeständen denken die Betriebsleiter zukünftig an die Bearbeitung zusätzlicher Zuchtziele. Im Falle von 25 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 87 Bestände Interesse signalisiert. In aller Regel würde somit ein Forum zum Austausch mit anderen kooperierenden Züchtern gern gesehen. Lediglich im Falle von 11 näher untersuchten Laichfischbeständen auf sechs Betrieben wurde kein Interesse an einem Austausch mit anderen Züchtern bekundet.

3.1.3.2 Morphometrische Erfassung

Komplette Einzelfischvermessungen an 1.563 Individuen aus 4 Äschen-, 34 Bachforellen-, 8 Bachsaiblings-, 38 Regenbogenforellen- und 2 Seesaiblingsbeständen konnten im Rahmen der Betriebsbesuche durchgeführt werden. Im Falle 12 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, wie für Teillos 1 näher beschrieben bei den an Fotos erfassten morphometrischen Parametern festgestellt.

Mittelwerte und Variationskoeffizienten über alle vermessenen Einzelfische innerhalb Arten sind in Anhangstabellen 6 bis 10 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 73 Salmonidenbeständen an subadulten/adulten Tieren erfasste Mittelwerte und Streumaße zwischen Bestandsmittelwerten für die erfassten morphometrischen Parameter Standardlänge, Kopflänge, prädorsaler Abstand, minimale und maximale Körperhöhe dargestellt. Die Mittelwerte für die Parameter sind in Prozent der Gesamtlänge ausgedrückt.

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

Parameter	Mittelwert	Minimum	Maximum	CV (%)
Äsche (1 Bestand)				
Standardlänge (%) ¹⁾	91,17			
Kopflänge (%)	16,13			
Höhe max. (%)	20,19			
Höhe min. (%)	6,57			
Prädorsaler Abstand (%)	33,89			
Korpulenzfaktor	1,77			
Höhe max. / Höhe min.	3,08			
Bachforelle (28 Bestände)				
Standardlänge (%)	90,79	88,25	92,12	1,0
Kopflänge (%)	20,11	18,08	22,65	5,7
Höhe max. (%)	23,31	20,65	25,35	5,9
Höhe min. (%)	9,27	8,47	10,00	3,5
Prädorsaler Abstand (%)	42,67	39,92	44,85	2,4
Korpulenzfaktor	1,84	1,33	2,89	19,8
Höhe max. / Höhe min.	2,52	2,21	2,69	5,3
Bachsaibling (8 Bestände)				
Standardlänge (%)	91,79	90,20	92,50	0,8
Kopflänge (%)	20,03	18,81	22,86	7,1
Höhe max. (%)	24,65	23,46	25,68	3,5
Höhe min. (%)	9,79	9,52	10,11	2,2
Prädorsaler Abstand (%)	43,56	41,58	45,68	3,1

Korpulenzfaktor	1,81	1,64	2,42	14,3
Höhe max. / Höhe min.	2,52	2,40	2,67	3,3
Regenbogenforelle (34 Bestände)				
Standardlänge (%)	92,01	88,81	93,76	1,4
Kopflänge (%)	19,05	16,91	22,67	7,1
Höhe max. (%)	24,89	21,26	27,66	5,8
Höhe min. (%)	9,64	8,88	10,31	4,0
Prädorsaler Abstand (%)	44,52	42,53	48,10	2,9
Korpulenzfaktor	1,77	1,45	2,54	16,7
Höhe max. / Höhe min.	2,59	2,36	2,84	4,9
Seesaibling (2 Bestände)				
Standardlänge (%)	91,10	90,72	91,49	0,6
Kopflänge (%)	19,47	19,02	19,91	3,2
Höhe max. (%)	21,68	20,38	22,98	8,5
Höhe min. (%)	8,34	8,21	8,47	2,2
Prädorsaler Abstand (%)	44,76	44,16	45,37	1,9
Korpulenzfaktor	1,58	1,53	1,63	4,5
Höhe max. / Höhe min.	2,60	2,49	2,71	6,0

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

Variationskoeffizienten von bis zu 19,8 % 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 6,23 % über alle sieben Merkmale erschienen die betrachteten Bachforellenbestände die größte Streuung aufzuweisen. Für die Regenbogenforellenbestände ergab sich ein ähnlicher Wert von 6,11 %. Die Bachsaiblingsbestände zeigten mit einem durchschnittlichen Variationskoeffizienten von 4,90 % eine geringere Variabilität in den untersuchten morphometrischen Merkmalen.

Fotos von repräsentativen Individuen aus vier näher untersuchten Bachforellenbeständen zeigen beispielhaft die häufig auch anhand der Färbung erkennbaren morphologischen Unterschiede zwischen Beständen (Abbildung 1).

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 einfaktorische Varianzanalysen erfolgte anschließend die statistische Bewertung der Auswirkung entsprechender Umwelt- und züchterischer Parameter auf die erfassten morphometrischen Merkmale.

Über alle zu Teillos 2 untersuchten Laichfischbestände mit an subadulten und adulten Individuen ermittelten morphometrischen Daten wurden die Haltungsumwelt betreffend signifikante

Differenzen zwischen Regionen (Nord - Süd; Ost - West), Höhenlage der Betriebe, Bestandsgröße und unterschiedlichen Besatzdichten ermittelt.

Im Süden gehaltene Salmonidenbestände erwiesen sich als gedrungener als die in den nördlichen Bundesländern gehaltenen Bestände. Bestände aus den östlichen Bundesländern zeigten im Durchschnitt größere Standard-, Kopflängen und präadorsale Abstände als die Salmonidenbestände der westlichen Bundesländer. Die regionalen Nord-Süd-Differenzen spiegeln sich in den Höhenlagen wider. Bestände die in Höhenlagen von 500 – 1000 m gehalten werden, wiesen höhere Korpulenzfaktoren auf als die Bestände im Flachland. Laichfischbestände mit großen Individuenzahlen (>1000 Tiere) erwiesen sich ebenfalls signifikant korpulenter als die kleineren Bestände mit bis zu 1000 adulten Individuen. Hohe Besatzdichten gingen über alle untersuchten Salmonidenbestände mit einer gedrungeneren Körperform (größere Körperhöhen, kürzere Köpfe, höhere Korpulenzfaktoren) einher.



Abbildung 1: Fotos charakteristischer Individuen aus vier Laichfischbeständen der Bachforelle

Hinsichtlich der züchterischen Bearbeitung ergaben sich bei der Zusammensetzung der Basispopulation, Bestandsführung, Selektionsintensität, Nutzungsdauer, vornehmlicher Zuchtausrichtung, und Aufzeichnungen zum Zuchterfolg als signifikant Einfluss nehmend auf morphometrische Parameter. 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 Körperhöhenquotienten auf als länger und auch kürzer genutzte Bestände. Demgegenüber wurden bei steigender Selektionsintensität gleichermaßen zunehmende Körperhöhenquotienten und Korpulenzfaktoren festgestellt. Geschlossen geführte Bestände hatten größere maximale und minimale Körperhöhen als Bestände, in denen Blutauffrischung erfolgt. Bestände, zu denen Aufzeichnungen zum Zuchterfolg vorliegen, wiesen höhere Korpulenzfaktoren auf als Bestände, zu denen keine entsprechenden Aufzeichnungen vorhanden sind. Es deutete sich an, dass züchterisch intensiver bearbeitete Salmonidenbestände zu gedrungeneren Körperformen neigten.

Signifikante Einflüsse haltungstechnischer und züchterischer Einflussfaktoren auf die morphometrischen Merkmale nach Arten sind für Bachforellen- bzw. Regenbogenforellenbestände in den Tabellen 8 und 9 zusammengestellt. Entsprechende statistische Auswertungen an Äschen- und Saiblingsbeständen wurden nicht durchgeführt, da hier die Datenbasis mit unter 10 Beständen mit morphometrischen Messungen an subadulten/adulten Tieren zu gering erschien.

Tabelle 8: Signifikante Einflüsse auf morphometrische Merkmale bei Laichfischbeständen der Bachforelle (nur Bestände mit Messungen an subadulten/adulten Individuen; n=28)

Einflussfaktor / Klassifizierung	N Bestände	Mittelwerte für signifikant beeinflusste morphometrische Merkmale						
		% Std.-L.	% Kopf.-L.	% H. max.	% H. min.	% pr. Abst.	K-Faktor	H _{max} /H _{min} .
Haltungsumwelt:								
Höhenlage								
	bis 100 m ü. NN	5		21,94				
	100-500 m	15		23,16				
	500-1000 m	4		24,57				
Nord - Süd								
	Nord	10			22,27		1,63	2,39
	Süd	18			23,90		1,95	2,59
Ost - West								
	Ost	6		21,25				
	West	22		19,8				
Besonderheit Gasdruck								
	keine Nennung	21		19,86				
	Gasübersättigung	7		20,86				
Züchterische Bearbeitung:								
Bestandsalter								
	bis zu 10 Jahre im Betrieb	4				42,60		
	10-20 Jahre	4				41,29		
	20-40 Jahre	10				43,15		
	40-60 Jahre	7				42,67		
	über 60 Jahre	2				43,12		

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

Tabelle 9: Signifikante Einflüsse auf morphometrische Merkmale bei Laichfischbeständen der Regenbogenforelle (nur Bestände mit Messungen an subadulten/adulten Individuen; n=34)

Mittelwerte für signifikant beeinflusste morphometrische Merkmale								
Einflussfaktor / Klassifizierung	N Bestände	% Std.-L.	% Kopf.-L.	% H. max.	% H. min.	% pr. Abst.	K-Faktor	H_{max}/H_{min}
Haltungsumwelt:								
Höhenlage								
bis 100 m ü. NN	12						1,66	
100-500 m	15						1,72	
500-1000 m	3						2,01	
Nord - Süd								
Nord	17	92,41	19,48		9,79		1,61	2,54
Süd	17	91,04	18,02		9,49		1,92	2,63
Ost - West								
Ost	9	92,89		26,11		45,78		2,70
West	25	91,70		24,45		44,06		2,54
Besatzdichte								
gering (bis 10 kg/m ³)	5			23,29		43,51	1,59	2,45
mittel (10-40 kg/m ³)	10			25,46		45,44	1,61	2,61
hoch (über 40 kg/m ³)	7			25,68		44,71	1,95	2,68
Besonderheit Wasserhärte								
keine Nennung	29	92,03			9,71			
weiches Wasser	2	90,37			9,03			
hartes Wasser	3	92,94			9,39			
Züchterische Bearbeitung:								
Bestandsalter								

bis zu 10 Jahre im Betrieb	5	25,91	10,01	45,45	2,59
10-20 Jahre	10	24,02	9,63	43,79	2,50
20-40 Jahre	11	25,62	9,64	44,81	2,66
40-60 Jahre	8	24,33	9,43	44,42	2,58
Bestandsführung					
Nutzung von Blutauffrischung	11	23,83		43,70	2,51
geschlossen	23	25,40		44,91	2,62
Effektive Populationsgröße					
unter 20 Tiere	1				2,44
20-50 Tiere	4				2,58
50-100 Tiere	22				2,74
über 100 Tiere	4				2,57
Selektionsintensität					
gering (über 50 % selektiert)	5				2,45
mittel (10-50 %)	8				2,65
hoch (bis 10 %)	16				2,60
Laichzeit, Auffälligkeiten Bestand:					
Laichzeit					
früh	1	23,88		45,37	2,36
normal	21	24,78		44,16	2,57
spät	9	25,94		45,65	2,69
Besonderheit Körperform					
keine Nennung	28	19,16	9,69		
langgestreckt	5	17,77	9,21		
korpulent	1	20,77	10,12		

% Std.-L.: Standardlänge (%)

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

Wie erwartet nach Auswertung über alle Bestände wurden bei Bach- und Regenbogenforellenbeständen signifikante Unterschiede in morphometrischen Merkmalen bei unterschiedlichen Höhenlagen und Regionen beobachtet. Weiterhin führten bei beiden Arten Nennungen verschiedener Besonderheiten der Haltungsumwelt durch die Betriebsleiter zu signifikanten Einflüssen auf morphometrische Parameter. Bei Regenbogenforellenbeständen wirkten sich zudem unterschiedliche Besatzdichten signifikant aus (Tab. 9). Hier deutete sich an, dass eine sich durch höhere Besatzdichten darstellende intensivere Haltungsform mit gedrungeneren, korpulenteren Tieren einherging.

Aufgeschlüsselt nach Arten führte die züchterische Bearbeitung bei der Bachforelle (Tab. 8) mit dem Bestandsalter und bei der Regenbogenforelle (Tab. 9) mit einer Reihe von Einflussfaktoren zu signifikanten Unterschieden bei morphometrischen Merkmalen. Eine einheitliche, interpretierbare Tendenz konnte hier jedoch in der Regel nicht ausgemacht werden. Bei beiden betrachteten Arten führte zunehmendes Bestandsalter nicht zu kontinuierlich steigenden oder sinkenden Werten bei den untersuchten morphometrischen Merkmalen. Im Falle von Regenbogenforellenbeständen führten steigende effektive Populationsgrößen und steigende Selektionsintensitäten zunächst zu zunehmenden, später zu abnehmenden Höhenquotienten.

Bei Regenbogenforellen wurden bei einigen morphometrischen Merkmalen signifikante Unterschiede zwischen früh-, normal- und spätläichenden Beständen beobachtet (Tab. 9). Die von den Züchtern als auffällig langgestreckt beschriebenen Regenbogenforellenbestände wiesen signifikant geringere maximale und minimale Körperhöhen auf als die in diesem Merkmal nicht auffälligen Bestände.

Zusammenfassend lässt sich feststellen, dass morphologisch deutliche regionale Unterschiede zwischen den Laichfischbeständen nachweisbar sind. Eine intensivere Züchtungsarbeit (hohes Bestandsalter, geschlossene Bestandsführung, hohe Selektionsintensität) schien mit der Ausprägung eher gedrungener Laichfischbestände (hohe Körperhöhen, hohe Korpulenzfaktoren) 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 des haltungstechnischen und züchterischen Bestandsmanagements 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 vergleichbaren Umweltverhältnis-

sen könnte neben morphologischen Eigenschaften auch die Leistungsfähigkeit von Beständen sicher eingeordnet werden.

3.1.3.3 Genmarkerstudien

In Tabelle 10 sind die Anzahlen der Salmonidenbestände 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 Genmarkerstudien bei Laichfischbeständen der untersuchten Salmonidenarten

Untersuchungsstatus	Anzahl Bestände innerhalb Arten				
	Ä	BF	BS	RBF	SES
Gewebeproben stehen zur Verfügung	5	38	9	44	3
Genetische Untersuchung abgeschlossen	5	33	8	39	3

Ä: Äsche; BF: Bachforelle; BS: Bachsaibling; RBF: Regenbogenforelle; SES: Seesaibling

Genetische Rohdaten und Analysen zu allen untersuchten Laichfischbeständen sind in den auf der CD im Anhang vorhandenen MS-Excel-Dateien (Statistik_BLE_Äsche.xls; Statistik_BLE_Bachforelle.xls; Statistik_BLE_Bachsaibling.xls; Statistik_BLE_Regenbogenforelle.xls; Statistik_BLE_Seesaibling.xls) dargestellt.

Tabelle 11 zeigt Mittelwerte und Variationskoeffizienten für die erfassten genetischen Parameter innerhalb der Salmonidenarten. 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 6 bis 10), Informationen über die eingesetzten Mikrosatellitenmarker (Anhangstabellen 1 bis 5) und eine Interpretationshilfe zu den aufgeführten Daten.

Tabelle 11: Mittelwerte und Variationskoeffizienten (%) für verschiedene genetische Parameter nach Fischarten (Teillos 2)

Parameter	Äsche (5 Bestände)		Bachforelle (33 Bestände)		Bachsaibling (8 Bestände)		Regenbogenforelle (39 Bestände)		Seesaibling (3 Bestände)	
	Mittelwert	CV	Mittelwert	CV	Mittelwert	CV	Mittelwert	CV	Mittelwert	CV
max. beobachtete Allelzahl	11,200	13,2	13,242	26,5	7,625	18,5	10,359	27,3	11,333	20,4
mittlere Allelzahl	5,500	21,7	6,439	15,8	3,546	9,9	5,324	19,0	4,917	6,4
Allelreichtum	5,350	22,1	5,537	13,5	3,482	9,7	5,191	19,0	4,762	4,9
Private Allele	0,675	44,6	0,217	99,7	0,375	64,0	0,117	113,1	1,542	16,9
H _E	0,542	28,1	0,634	8,4	0,400	19,0	0,574	10,3	0,463	13,3
H _O	0,487	27,8	0,634	8,4	0,390	18,3	0,554	11,8	0,482	15,9
F _{IS}	0,090	119,3	-0,003	2323,9	0,023	183,2	0,035	142,1	-0,039	69,8
F _{ST} min.	0,1155	54,1	0,0409	69,1	0,0706	76,3	0,0472	61,4	0,1062	40,9
F _{ST} max.	0,3387	25,5	0,1915	20,2	0,2394	19,7	0,2251	19,3	0,1932	16,6
mittlere F _{ST}	0,2186	31,2	0,0981	32,5	0,1554	22,9	0,1106	33,6	0,1497	21,9

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 Salmonidenbeständen bestätigt. Ein Vergleich der genetischen Daten ist nur innerhalb Arten aussagefähig, da Unterschiede zwischen den pro Marker nachweisbaren Allelzahlen bestehen.

In einzelnen Beständen der Äsche wurden bis zu 13, der Bachforelle bis zu 21, des Bachsaiblings bis zu 10, der Regenbogenforelle bis zu 15 und des Seesaiblings bis zu 14 Allele pro MS-Locus beobachtet. Die mittleren Allelzahlen pro Locus schwankten zwischen 3,75 und 7,00 bei der Äsche, 4,58 und 8,08 bei der Bachforelle, 2,82 und 3,91 beim Bachsaibling, 3,09 und 7,09 bei der Regenbogenforelle sowie zwischen 6,63 und 5,25 beim Seesaibling (Tab. 11).

Das Auftreten von bis zu 8 privaten Allelen in einzelnen Äschenbeständen, bis zu 10 in Bachforellen-, bis zu 7 in Bachsaiblings-, bis zu 5 in Regenbogenforellen- und bis zu 14 privaten Allelen in Seesaiblingsbeständen sind ein weiterer Hinweis auf das Vorhandensein deutlicher genetischer Unterschiede zwischen einzelnen Beständen (Tab. 11). Recht hohe Variationskoeffizienten in diesem Parameter verweisen auf deutliche Unterschiede hinsichtlich der Anzahl privater Allele zwischen den Beständen innerhalb Arten.

Die mittleren erwarteten und beobachteten Heterozygotieraten lagen in der Regel um 50 % oder darüber und wiesen somit Werte auf, die auch bei anderen Mikrosatellitenmarkerstudien an Zucht- und Wildbeständen verschiedener Salmonidenarten beobachtet wurden (DEHAAN et al. 2005; LULLA et al. 2005). Mit Heterozygotieraten von rund 40 % wiesen die Bachsaiblingsbestände in diesen Merkmalen vergleichsweise geringe Werte auf. Diese Beobachtung geht mit den verhältnismäßig geringen Allelzahlen beim Bachsaibling einher.

Heterozygotieraten in Beständen

Unterschiede zwischen den untersuchten Arten ergaben sich bei den durchschnittlichen F_{IS} -Werten. Lagen diese bei Bachforelle und Seesaibling nahe Null, so verwiesen durchschnittliche F_{IS} -Werte von 0,090 bei der Äsche, 0,023 beim Bachsaibling und 0,035 bei der Regenbogenforelle auch im Durchschnitt aller Bestände auf einen leichten Verlust an Heterozygoten. In allen Arten wurde eine starke Variation der F_{IS} -Werte zwischen Beständen beobachtet (Tabelle 12).

Tabelle 12: Beobachtete Bestandsmittel, Minima und Maxima für F_{IS} -Werte, gegliedert nach Salmonidenarten

Art	F_{IS} -Werte innerhalb Arten		
	Mittelwert	Minimum	Maximum
Äsche	0,090	-0,039	0,242
Bachforelle	-0,003	-0,140	0,124
Bachsaibling	0,023	-0,041	0,094
Regenbogenforelle	0,035	-0,094	0,164
Seesaibling	-0,039	-0,071	-0,022

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 teilweise auch in der Salmonidenhaltung zu beobachten sind, stimmen jedoch Schätzer aus Genmarkerstudien und Schätzungen für Inzuchtkoeffizienten aus bekannten Verwandtschaftsbeziehungen noch vergleichsweise gut überein (BALLOUX, et al. 2004). Die Züchter von Laichfischbeständen, die über deutlich geringere mittlere Allelzahlen als der Artendurchschnitt verfügen und hohe F_{IS} -Werte aufweisen, sollten somit über die in ihren Beständen möglicherweise auftretende Inzuchtproblematik aufgeklärt werden (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.

Äsche

Bei Betrachtung der mittleren F_{ST} -Werte von 0,2186 erwiesen sich die untersuchten Äschenbestände im Durchschnitt als genetisch stark differenziert. Der minimale zwischen zwei Äschenbeständen beobachtete F_{ST} -Wert betrug 0,0781, der maximale 0,4038 (Tab. 11). Die Aufteilung der Äschenbestände in genetisch ähnliche Gruppen mithilfe des Programmpaketes STRUCTURE erfolgte in ein Cluster aus den Beständen NDS1A, BY59C und ein Cluster aus den Beständen BY57B, BW20B und HE2B.

Abbildung 2 stellt den auf Basis der Nei's genetic distances (NEI 1972) berechneten Neighbour Joining-Verwandtschaftsbaum für die bislang untersuchten Äschenbestände als Dendrogramm dar. Auch hier ist eine vergleichbare genetische Gruppierung der Bestände erkennbar. Eine geographische Nähe zwischen den Äschenbeständen spiegelt sich in genetischer Ähnlichkeit zunächst nicht wider. Wie es die genetische Ähnlichkeit zwischen den Beständen NDS1A und BY59C andeutet, wurde der niedersächsische Äschenbestand nach Angaben des Betriebsleiters aus einer aus Bayern bezogenen Basispopulation aufgebaut.

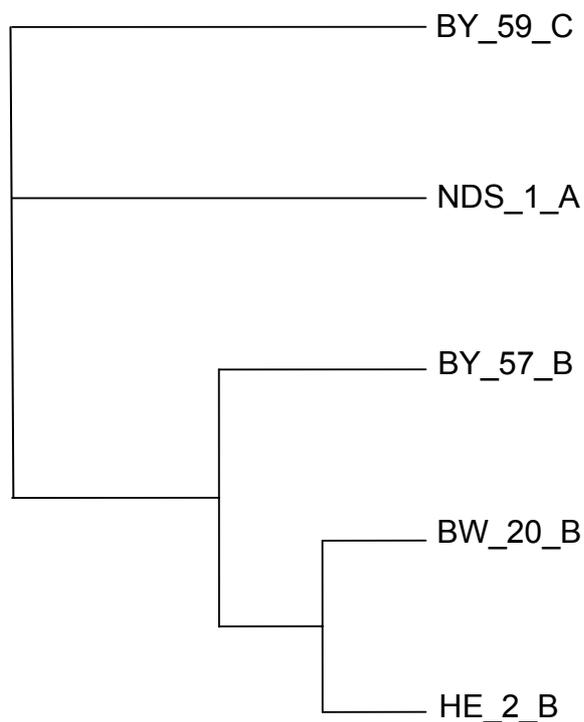


Abbildung 2: Neighbour Joining-Dendrogramm zu den bislang untersuchten Äschenbeständen

Bachforelle

Mit durchschnittlichen mittleren F_{ST} -Werten von 0,0981 sind die beobachteten genetischen Differenzen zwischen den untersuchten Bachforellenbeständen als mäßig einzustufen. Der minimal zwischen zwei Bachforellenbeständen ermittelte F_{ST} -Wert betrug 0,0018, der maximal zwischen zwei Beständen gemessene Wert lag bei 0,2604.

Tabelle 13 zeigt die Zusammenstellung anhand der untersuchten Genmarker mit STRUCTURE ermittelte Gruppierung genetisch ähnlicher Bachforellenbestände.

Tabelle 13: Gruppierung genetisch ähnlicher Bachforellenbestände

Gruppierung nach STRUCTURE	Zugehörige Bachforellenbestände
Cluster 1	BW11A; BW22A; BY55A; NDS4A; SN24A; SWH1A; TH4A; TH7A; TH8B
Cluster 2	BY41A; BY45A; BY46A; BY47A; BY48A; BY57F; BY59B; NRW5A; NRW7D; TH5A
Cluster 3	BW20A; HE2A; NDS8D; NDS5B; NRW2A; SN1B; TH6A
Cluster 4	BW2A; BW6A; BW17A; NRW4A; NRW6A; TH1A

Cluster 1 führt drei der sechs untersuchten Bachforellenbestände aus Thüringen zusammen. Cluster 2 beinhaltet vornehmlich bayrische Bestände. Die in Cluster 3 zusammengefassten

Bestände stammen aus sechs verschiedenen Bundesländern und Cluster 4 umfasst zu einem großen Teil der Bestände aus Baden-Württemberg.

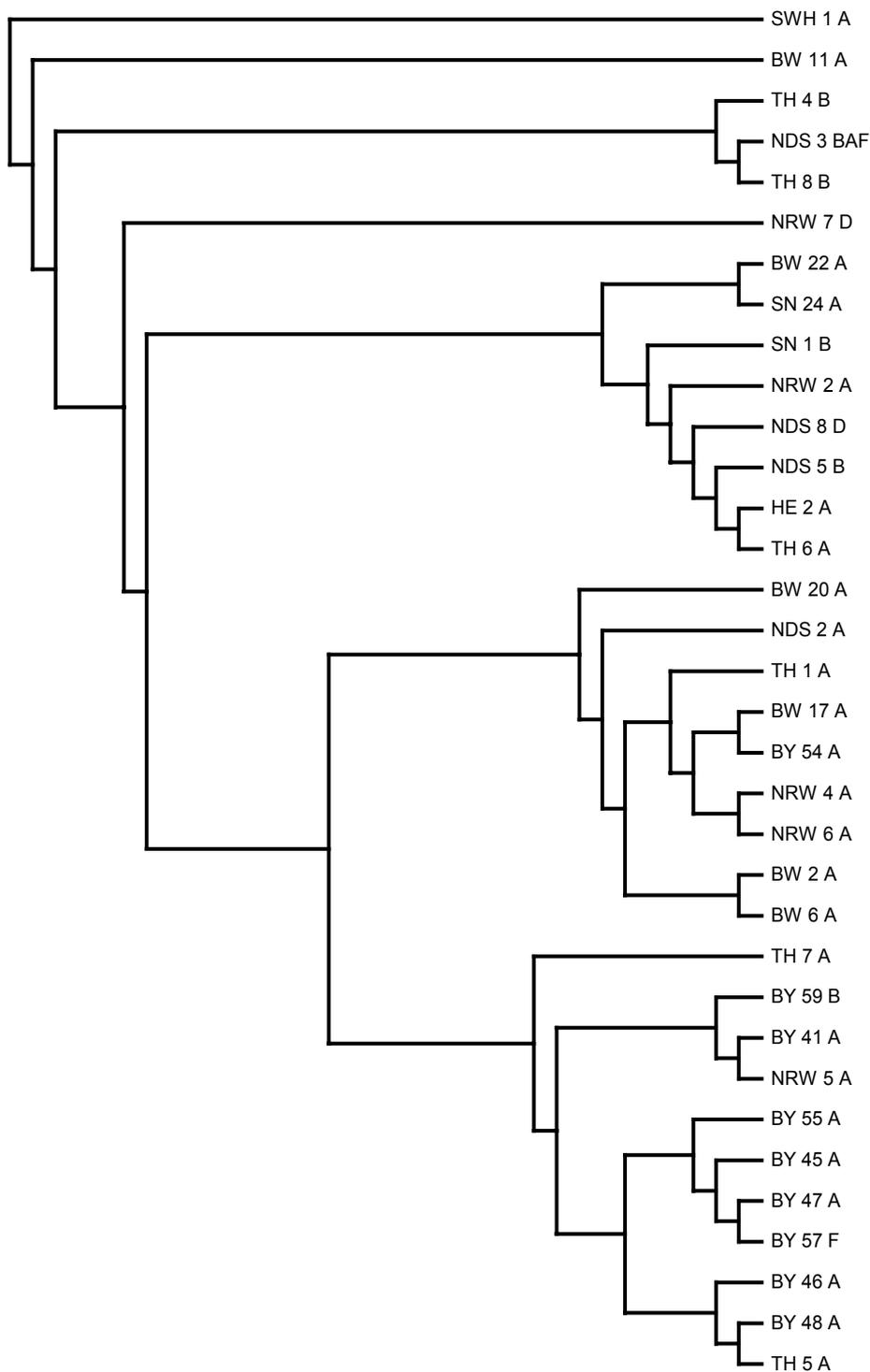


Abbildung 3: Neighbour Joining-Dendrogramm zu den bislang untersuchten Bachforellenbeständen

Dieser oftmals vorhandene Zusammenhang zwischen geographischer Nähe und genetischer Ähnlichkeit deckt sich mit den Angaben der Bachforellenzüchter, die häufig Wildfische aus der

Region als Basispopulation für den Aufbau der Laichfischbestände nutzten. Im Falle vieler Bachforellenbestände ist eine weitgehende Übereinstimmung der phylogenetischen Clusterung nach Neighbour Joining (Abbildung 3) und der nach STRUCTURE zusammengefassten Cluster (Tabelle 13) vorhanden. Insbesondere dort, wo mehrere Herkünfte für die Zusammenstellung der Basispopulation genutzt wurden, ist eine Übereinstimmung der beiden Methoden zur Clusterung jedoch nicht immer gegeben.

Bachsaibling

Mit durchschnittlichen mittleren F_{ST} -Werten von 0,1554 fiel die genetische Differenzierung zwischen den untersuchten Bachsaiblingsbeständen hoch aus. Die zwischen zwei Bachsaiblingsbeständen ermittelten F_{ST} -Werte erstreckten sich von 0,0020 bis 0,2876. STRUCTURE gruppierte die Bachsaiblingsbestände in drei Cluster:

Cluster 1: BY41C; NDS8A; NDS8B; NRW4B

Cluster 2: BY54; TH7B

Cluster 3: BW11C; TH5B

Die Übereinstimmung der genetischen Ähnlichkeit nach der STRUCTURE-Einteilung mit dem phylogenetischen Neighbour Joining-Dendrogramm (Abb. 4) ist bei den genetisch untersuchten Bachsaiblingsbeständen recht hoch.

Als erst Ende des 19. Jahrhunderts nach Europa überführte Art ist die sich andeutende Übereinstimmung geographischer und genetischer Nähe eher zufälliger Natur oder auf die Weitergabe von Tieren zwischen den Betrieben zurückzuführen. Neben Beständen, die seit 50 Jahren geschlossen auf den jeweiligen Betrieben gehalten wurden, existieren Bachsaiblingsbestände in der Salmonidenhaltung in Deutschland, die vor vergleichsweise kurzer Zeit zugekauft wurden. Die Basispopulationen für den Bestandsaufbau setzen sich z.T. aus Importen aus Kanada, Tschechien und Dänemark zusammen, wodurch die hohe genetische Differenzierung zu erklären ist.

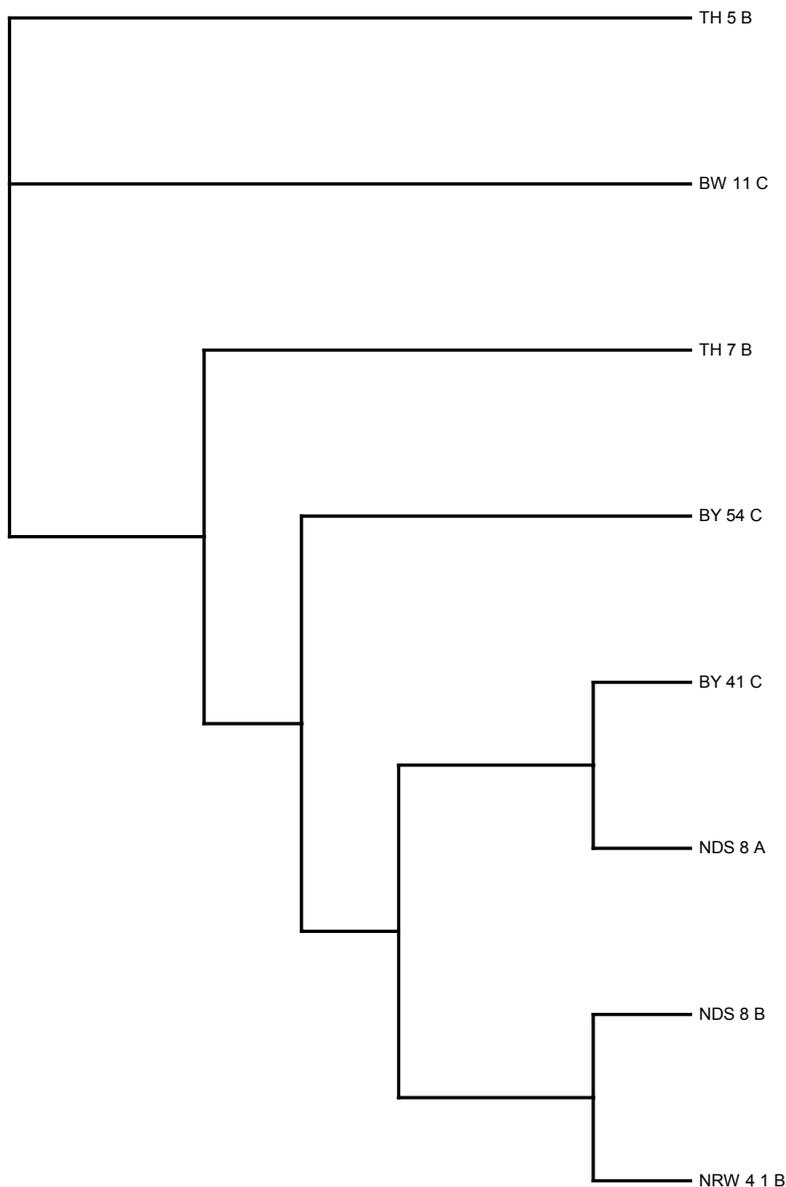


Abbildung 4: Neighbour Joining-Dendrogramm zu den bislang untersuchten Bachsaiblingsbeständen

Regenbogenforelle

Bei der Regenbogenforelle deuten mittlere F_{ST} -Werte von 0,1106 auf eine mäßige genetische Differenzierung zwischen den untersuchten Beständen hin. Die paarweise zwischen einzelnen Beständen ermittelten F_{ST} -Werte reichten von 0,0090 bis 0,3116. Die Gruppierung nach STRUCTURE führte zur Aufteilung der untersuchten Regenbogenforellenbestände in 4 Cluster (Tabelle 14)

Tabelle 14: Gruppierung genetisch ähnlicher Regenbogenforellenbestände

Gruppierung nach STRUCTURE	Zugehörige Regenforellenbestände
Cluster 1	BB1A; BW18B; BW3A; BY41B; BY55B; NDS5A; NRW1B; NRW2C; TH4A
Cluster 2	BB2A; BY43B; BY51A; MV3A; NDS3A; NDS7A; NDS8E; NDS20A; NRW9A; TH8A
Cluster 3	BB1B; BW2B; BW2C; BW10B; BW11B; BY11C; BY47B; BY8B; NDS4A; NDS6B; NRW6B; NRW7C; TH5C; TH6B; TH7C
Cluster 4	BW1A; BW15A; BY58B; NRW2B; NRW7B

Im Gegensatz zu Bachforellenbeständen, die häufig aus regionalen Wildpopulationen aufgebaut wurden, ist in Regenbogenforellenbeständen nur sehr selten eine Übereinstimmung genetischer Ähnlichkeit und geographischer Nähe gegeben. Da nach Einfuhr der ersten Regenbogenforellen nach Europa Ende des 19. Jahrhunderts eine rege Ausbreitung und Durchmischung von Beständen auch über weite Entfernungen stattfand, war eine entsprechende Übereinstimmung nicht zu erwarten. Auch im Falle der bislang untersuchten Regenbogenforellenbestände wurden die für den Bestandsaufbau genutzten Basispopulationen häufig aus mehreren Herkünften ohne regionalen Bezug zusammengestellt. Vielfach kamen Herkünfte aus anderen Ländern in der Basispopulation für die Bestandsentwicklung zum Einsatz oder wurden später eingekreuzt. Die in den untersuchten Regenbogenforellenbeständen beobachtete genetische Differenzierung konnte sich somit über verschiedene Wege in einer entwicklungsgeschichtlich sehr kurzen Zeitspanne etablieren. Hiermit ist zu erklären, dass die Clusterung genetisch ähnlicher Bestände nach STRUCTURE (Tab. 14) und die phylogenetische Gruppierung in den Neighbour Joining-Dendrogrammen (Abb. 5) für viele Bestände zu einer unterschiedlichen Einordnung führte. Mit hoher Wahrscheinlichkeit ist der Neighbour Joining-Algorithmus auf Basis der Nei's genetic distances damit überfordert, die bei der Regenbogenforelle beobachteten, zum Teil sehr sprunghaften Änderungen unterworfenen genetischen Unterschiede zwischen Beständen, phylogenetisch sicher zu interpretieren und in eine Dendrogramm-Struktur zu überführen.

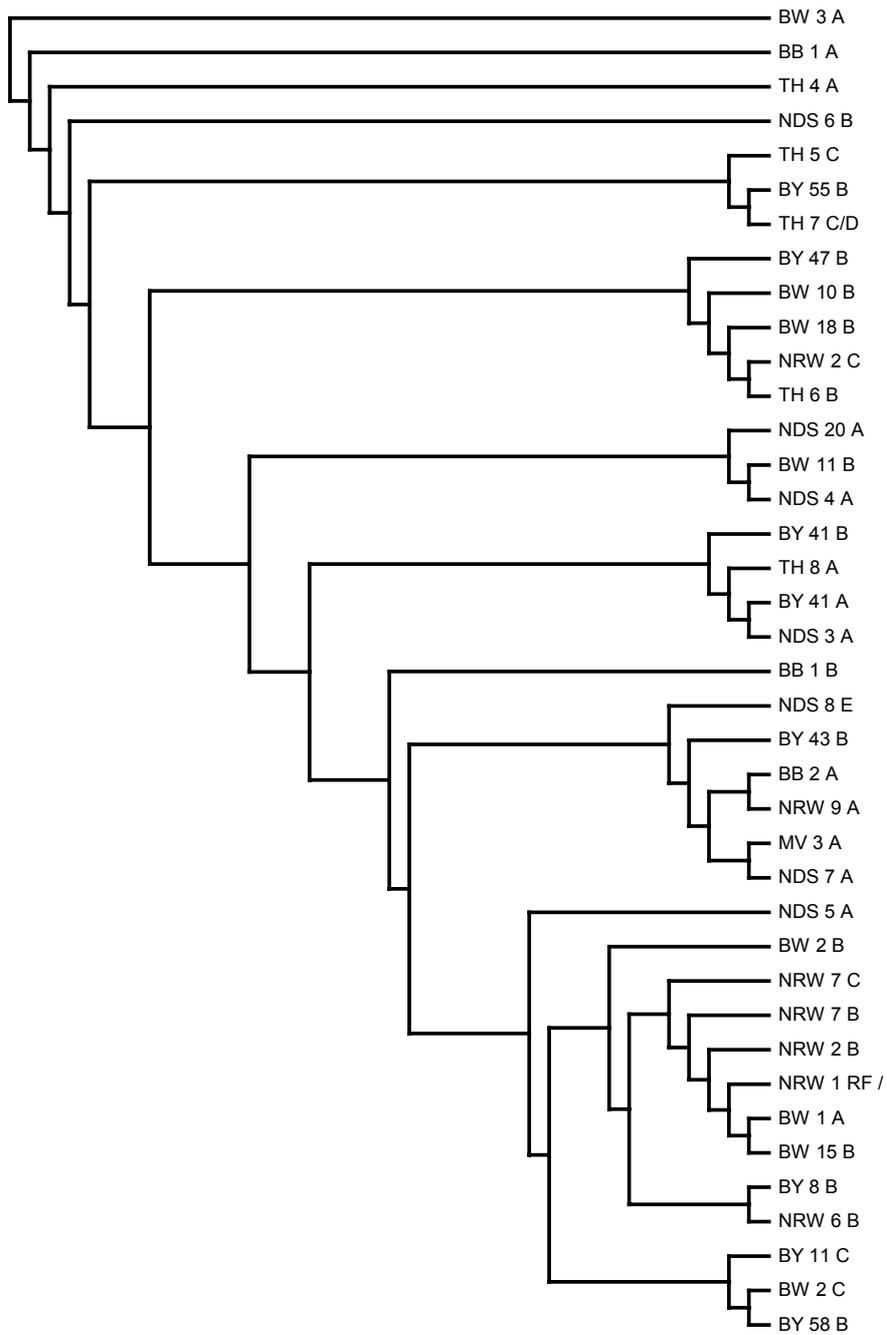


Abbildung 5: Neighbour Joining-Dendrogramm zu den bislang untersuchten Regenbogenforellenbeständen

Seesaibling

Die drei genetisch untersuchten Seesaiblingsbestände sind einem durchschnittlichen F_{ST} -Wert von 0,1497 genetisch mäßig diversifiziert.

Abbildung 6 zeigt das Neighbour Joining-Dendrogramm zu den Seesaiblingsbeständen. Eine Gruppierung genetisch ähnlicher Bestände über STRUCTURE führte zu keinen aussagefähigen Ergebnissen. Die zwischen den drei Beständen ermittelten paarweisen F_{ST} -Werte sind in Tabelle 15 dargestellt.

Tabelle 15: Matrix der paarweisen F_{ST} -Werte für die genetisch untersuchten Seesaiblingsbestände

BY 57 C	BY 54 D	
0,2117		BY 54 D
0,0811	0,1563	BY 56 C

Der Bestand BY57C, der aus einer Basispopulation aus dem Königsee und dem Bodensee entwickelt wurde, zeigt mit einem F_{ST} -Wert von 0,2117 die größte genetische Distanz zum Bestand BY54D, der ursprünglich aus Skandinavien stammt. Der Bestand BY56C, der aus einer zusammengesetzten Basispopulation (Herkünfte aus Bayern und Schweden) entwickelt wurde und in dem weiterhin später eine einmalige Einkreuzung eines weiteren Bestandes aus dem Voralpengebiet erfolgte, zeigt erwartungsgemäß eine geringere genetische Distanz zu beiden anderen Beständen.

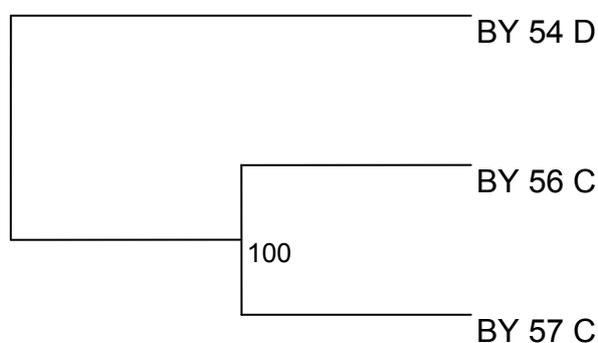


Abbildung 6: Neighbour Joining-Dendrogramm zu den bislang untersuchten Bachsaiblingsbeständen

Zur Überprüfung des Einflusses von Haltungsumwelt und züchterischer Bearbeitung auf die erfassten genetischen Kennzahlen wurden die Laichfischbestände der Salmonidenhaltung den in Tabelle 6 aufgeführten Klassifikationen zugeordnet. Die statistische Auswertung von Umwelt- und Züchtungsparametern auf die genetischen Kennzahlen, 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 2 untersuchten Laichfischbestände, zu denen genetische Untersuchungen vorliegen (n=88), sind in Tabelle 16 aufgeführt.

Tabelle 16: Signifikante Einflüsse auf wichtige genetische Kennzahlen bei allen genetisch zu Teillos 2 untersuchten Laichfischbeständen (n=88)

Einflussfaktor / Klassifizierung	N Bestände	Mittelwerte für signifikant beeinflusste genetische Merkmale				
		Mittl. Allelzahl	Private Allele	H _o	F _{IS}	F _{ST}
Haltungsumwelt:						
Höhe						
bis 100 m	17		0,138		0,022	
100 – 500 m	42		0,232		0,040	
500 – 1000 m	19		0,485		-0,007	
Züchterische Bearbeitung:						
Bestandsalter						
bis zu 10 Jahre	19		0,450	0,514	0,037	
10 – 20 Jahre	16		0,234	0,594	0,004	
20 – 40 Jahre	33		0,201	0,581	0,015	
40 – 60 Jahre	16		0,189	0,535	0,041	
über 60 Jahre	4		0,188	0,633	-0,030	
Bestandsführung						
Nutzung von Blutauffrischung	28	6,156	0,371	0,593		
geschlossen	60	5,306	0,206	0,548		
Effektive Populationsgröße						
bis zu 20 Tieren	6					0,1263
20 – 50 Tiere	7					0,1617
50 – 100 Tiere	10					0,1283
über 100 Tiere	61					0,1096

Vornehml. Zuchtausrichtung

Fitness, genet. Vielfalt	6	0,619	0,1260
Morphologische Merkmale	21	0,590	0,1217
Haltungstechnolog. Eignung	4	0,489	0,1608
Mastleistung	56	0,553	0,1122

Laichzeit, Auffälligkeiten Bestand:**Laichzeit**

früh	15	0,447
normal	59	0,240
spät	11	0,157

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}

Signifikante Nord- Süd-, bzw. Ost-West-Unterschiede wurden zwischen Laichfischbeständen der Salmonidenhaltung bei genetischen Kennzahlen nicht beobachtet. Die Haltungsumwelt betreffende Differenzen ergaben sich bei Beständen, die in unterschiedlichen Höhenlagen gehalten wurden. Höhere Anzahlen privater Allele pro Locus wurden bei in den oberen Höhenlagen über N.N. festgestellt. Kein eindeutiger höhenabhängiger Trend war bei den F_{IS} -Werten zu verzeichnen. Im Gegensatz zu den Laichfischbeständen in der Karpfenteichwirtschaft (Teil-los 1) führten Bestandsgröße und Besatzdichte zu keinen signifikanten Einflüssen auf die betrachteten genetischen Kennzahlen.

Hinsichtlich der züchterischen Bearbeitung wiesen Bestandsalter, Bestandsführung, effektive Populationsgröße, Nutzungsdauer und vornehmliche Zuchtausrichtung einen signifikanten Einfluss auf einige der geprüften genetischen Parameter auf. Die ermittelten Signifikanzen ließen sich jedoch nicht immer klar interpretieren und widersprachen z.T. den theoretischen Erwartungen. So wiesen etwa Bestände mit zunehmendem Alter abwechselnd steigende und sinkende F_{IS} -Werte auf. Der geringste durchschnittliche F_{IS} -Wert wurde in den bereits über 60 Jahren auf den Betrieben gehaltenen Beständen festgestellt. Erwartet würde ein mit zunehmendem Bestandsalter kontinuierliches Zunehmen der F_{IS} -Werte.

Keine Einflussnahme auf genetische Kennzahlen hatte überraschenderweise die Zusammensetzung der Basispopulation (eine / mehrere Herkünfte) aus der die Laichfischbestände entwickelt wurden. Nach der Theorie würden hier höhere mittlere Allelzahlen und Heterozygotieraten in Beständen, für welche die Basispopulationen aus mehreren Herkünften zusammengestellt waren, erwartet. Wider Erwarten führten steigende effektive Populationsgrößen nicht zu signifikant steigenden Allelzahlen, Heterozygotieraten und sinkenden F_{IS} -Werten. Lediglich der F_{ST} -Wert wurde durch diesen Züchtungsparameter signifikant beeinflusst. Eine einheitliche, interpretierbare Tendenz war jedoch auch hier nicht zu erkennen. Bei der vornehmlichen Zuchtausrichtung ergaben sich signifikante Unterschiede hinsichtlich der beobachteten Heterozygotierate und der durchschnittlichen F_{ST} -Werte. Hier unterschieden sich jedoch lediglich die Bestände, in denen primär auf haltungstechnologische Eignung selektiert wird, signifikant von den Beständen, in denen vornehmlich andere Zuchtziele verfolgt werden. Erwartungsgemäß hätten die Bestände, in denen die Erhaltung von Fitness und genetischer Vielfalt im Focus standen, höhere Allelzahlen und geringere F_{IS} -Werte aufweisen sollen. Den Erwartungen entsprechend, lagen lediglich die Heterozygotieraten dieser Bestände auf dem höchsten Niveau. Eine erwartungsgemäße Tendenz ergab sich weiterhin bei der Auswirkung der Bestandsführung (geschlossen / Blutauffrischung) auf die mittlere Allelzahl und die Heterozygotierate. Bei Nutzung von Blutauffrischung wurden hier signifikant höhere Werte beobachtet als bei geschlossener Bestandsführung. Ein ebenfalls erwarteter signifikanter Einfluss der Bestandsführung auf den F_{IS} -Wert stellte sich jedoch nicht heraus.

Interessanterweise wiesen die frühlaichenden Bestände signifikant höhere Anzahlen an privaten Allelen auf, als die normal- bzw. späthlaichenden Bestände, welche die wenigsten privaten Allele hatten.

Die gleiche, häufig fehlende oder schwerlich interpretierbare Einflussnahme der züchterischen Bearbeitung auf genetische Parameter ergab sich auch bei der alleinigen Betrachtung der 33 Bachforellenbestände und der 39 Regenbogenforellenbestände, die genetisch untersucht wurden. Die Äschen- und Saiblingsbestände wurden aufgrund der wenigen einfließenden genetisch untersuchten Bestände nicht separat ausgewertet.

Zusammengefasst zeigen die genetischen Untersuchungen über den Nachweis oft umfangreicher Allelzahlen und hoher Heterozygotieraten eine ausgeprägte genetische Diversität innerhalb der meisten Laichfischbestände in der Salmonidenhaltung 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 Schafrassen wurden mittlere mit F_{ST} -Werte von 0,0990 ermittelt (SCHWEND 2001). Die in den untersuchten Salmonidenbeständen beobachteten Unterschiede in Körperproportionen und Färbung sind nicht klar abgestuft. Eindeutige Rassestandards sind bislang nicht definiert. Eine Unterteilung von Salmonidenbeständen nach Rassen ist somit nicht möglich.

Es verbleibt die Nennung der Herkunft der Laichfischbestände, um eine über die Bestandsnennung hinausgehende Strukturierung zu schaffen. Insbesondere bei den vor nicht einmal 130 Jahren nach Europa gelangten Arten Bachsaibling und Regenbogenforelle ist jedoch oft auch die Herkunft nicht eindeutig nachvollziehbar. Viele Bestände wurden aus Basispopulationen gemischter Herkunft aufgebaut und teilweise erfolgte später die Einkreuzung weiterer Bestände.

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 Salmonidenhaltung 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 die vermehrte Nutzung oft ausländischer Laichfischbestände, die sich durch intensive Züchtungsarbeit auf wirtschaftlich wichtige Merkmale zukünftig als leistungsfähiger herausstellen könnten. Obgleich derzeit die Mehrzahl der Laichfischhalter die Bestandserhaltung oder den Ausbau der Laichfischhaltung plant, können mittel- und langfristig 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 Salmonidenhaltung 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 der Salmonidenhaltung, 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:

Äsche:	HE2B; NDS1A
Bachforelle:	TH6A
Bachsaibling:	-
Regenbogenforelle:	BB1A; BY41B; NRW1B; NRW6B; TH7C
Seesaibling:	-

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:

Äsche:	BY57B; BY59C
Bachforelle:	BW20A; BW22A; BW6A; BY41A; BY46A; BY47A; BY59B; NDS5B; NDS8D; NRW7D; SWH1A; TH4B; TH8B
Bachsaibling:	BW11C; BY54C; TH7B
Regenbogenforelle:	BB1B; BW10B; BW18B; BY47B; BY8B; NDS20A; NDS5A; NDS6B; NDS7A; NRW2C; NRW7C; TH4A; TH5C
Seesaibling:	-

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 Salmonidenhaltung in Deutschland vorgenommene züchterische Bearbeitung basiert allein auf dem Einsatz der positiven Massenauslese. Mit in der Regel mittleren bis hohen Intensitäten wird zumeist auf morphologische Merkmale und/oder Wachstumsleistung selektiert. Nur in wenigen Fällen wird die geleistete Züchtungsarbeit dokumentiert. Eine Überprüfung und Darstellung des Zuchtfortschrittes wird aktuell nach Angaben der Betriebsleiter lediglich in einem Äschen-, einem Bachforellen- und zwei Regenbogenforellenbeständen vorgenommen. Somit erfolgt die Züchtung in den meisten Beständen nicht so systematisch und effektiv wie es die bekannten Methoden zulassen würden. Durch die vergleichsweise geringe Intensität der züchterischen Bearbeitung konnte in den meisten Salmonidenbeständen 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 den USA, Skandinavien und Frankreich, wo differenzierte Zuchtprogramme auf der Basis von

Verwandtenleistungen (Familienselektion) betrieben werden, ist mittelfristig gegeben. Insbesondere bei der Regenbogenforelle, auf die 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 Regenbogenforellen- und Bachsaiblingshaltung, ihre Verbände und verantwortliche Institutionen zu einer intensivierten und effektiven Züchtungsarbeit zu ermuntern. In entsprechend angelegten Zuchtprogrammen ist die Verbesserung von Wachstum, Ressourcenausnutzung und Produktqualität zur Steigerung von Vermarktungschancen und Wettbewerbsfähigkeit ohne Verlust genetischer Diversität möglich. Pro Generation kann bei Fischen in den bearbeiteten Merkmalen ein Zuchtfortschritt von durchschnittlich rund 14 % erreicht werden (GJEDREM 2005).

Bei Äschen, Bachforellen und Seesaiblings, die häufig als Besatzfische für natürliche Gewässer gehalten und vermehrt 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 Züchter haben das Potential einer entsprechenden Züchtungsarbeit bereits erkannt und können die von ihnen aufgezogenen Setzlinge zu für sie guten Preisen verkaufen.

Mit insgesamt 61 in Deutschland nachgewiesenen Laichfischbeständen der Bachforelle ist bei dieser Salmonidenart eine ex-situ-Abdeckung eines Teils der genetischen Diversität innerhalb dieser Salmonidenart durch die Aquakultur vorhanden. Für den (Wieder)Besatz von natürlichen Gewässern ist somit eine gewisse Chance auf genetisch geeignete Satzlinge aus der Aquakultur gegeben. Weit weniger umfassend ist derzeit die Anzahl an Laichfischbeständen der Äsche (n=7), des Seesaiblings (n=10) und weiterer natürlich vorkommender Salmonidenarten wie Lachs und Seeforelle.

Von primärer Bedeutung bei jeglicher Züchtungsarbeit ist die dauerhafte Aufrechterhaltung effektiver Populationsgrößen von mindestens 50 möglichst unverwandten Tieren (FAO 1981, HALLERMANN 2003). Aufgrund der geringeren Eizahlen pro Rogner ist die Gefahr, aus praktischen Gründen zu kleine effektive Populationsgrößen einzusetzen, in Salmonidenbeständen nicht in dem Maße vorhanden wie in Laichfischbeständen in der Karpfenteichwirtschaft. Die in den untersuchten Laichfischbeständen zumeist vorgefundenen geringen F_{IS} -Werte deuten an, dass viele Züchter der Aufrechterhaltung ausreichender effektiver Populationsgrößen offenbar die notwendige Bedeutung zumessen.

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

Ogleich die durchschnittlich in den Laichfischbeständen in der Salmonidenhaltung in Deutschland festgestellte genetische Variabilität auf einem hohen Niveau lag, gab es insbesondere bei den ermittelten F_{IS} -Werten mit Variationskoeffizienten zwischen 70 % und über 2.000 % 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 Salmonidenzüchtern 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 Salmonidenzüchtern 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 Salmonidenhaltung 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 90 Betriebe der Salmonidenhaltung erfasst, in denen 234 Laichfischbestände von 19 Fischarten geführt werden. Im Rahmen von Betriebsbesuchen wurden insgesamt 98 Laichfischbestände der Salmonidenarten Äsche (n=5), Bachforelle (n=37), Bachsaibling (n=9), Regenbogenforelle (n=43) und Seesaibling (n=4) näher charakterisiert.

Laichfischbestände werden in der Salmonidenhaltung in Deutschland üblicherweise auf Grundlage von Alleinfuttermitteln und geringen (bis 10 kg/m³) bis mittleren (10 – 40 kg/m³) Besatzdichten gehalten. Unterschiede in der Haltungsumwelt ergeben sich hauptsächlich in fein abgestuften Differenzen in Wasserparametern, den eingesetzten Haltungseinheiten und der Fütterungstechnik. Sie lassen ohne die Durchführung eines Herkunftsvergleichs unter definierten Haltungsbedingungen keinen Vergleich von Leistungsparametern zwischen Beständen zu. Das Potenzial von Züchtungsstrategien und züchterischer Bearbeitung wird vielfach nicht voll ausgeschöpft.

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. Es deutete sich an, dass züchterisch intensiver bearbeitete Salmonidenbestände (lange züchterische Bearbeitung, hohe effektive Populationsgröße, hohe Selektionsintensität) zu gedrungenen Körperformen neigten.

Die genetischen Untersuchungen zeigten durch den Nachweis oft umfangreicher Allelzahlen und hoher Heterozygotieraten eine umfassende genetische Diversität innerhalb der meisten Laichfischbestände in der Salmonidenhaltung 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 weitgehend vollständig erreicht werden. Neben der Listung der über Laichfischbestände verfügenden Haupterwerbsbetriebe der Salmonidenhaltung in Deutschland sowie der dort gehaltenen Bestände konnten für 98 Laichfischbestände der Arten Äsche, Bachforelle, Bachsaibling, Regenbogenforelle und Seesaibling detaillierte Informationen zur züchterischen Bearbeitung und zur Haltungsumwelt gewonnen 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 Salmonidenhaltung vorhandenen 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 Salmonidenhaltung 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 deutlich 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 fast allen näher untersuchten Salmonidenbeständen 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 intensivierte 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:

- Unterscheiden sich die Laichfischbestände innerhalb Arten hinsichtlich ihrer Leistungsfähigkeit und Morphologie bei Haltung unter regional charakteristischen Umweltbedin-

gungen? Aussagekräftige Ergebnisse hierzu sind lediglich durch Herkunftsvergleiche unter definierten Umweltbedingungen zu erzielen.

- 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.
- 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.
- Sind zwischen Wildbeständen und Laichfischbeständen Unterschiede in morphometrischen Merkmalen und genetischen Kennzahlen vorhanden? Wildbestände von Äschen, Bachforellen und Bachsaiblingen könnten nach einheitlichem Schema morphometrisch und genetisch untersucht und mit den bereits untersuchten Laichfischbeständen verglichen 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 Besatzmaßnahmen. *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.
- 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.
- CAIRNEY, M., TAGGART, J.B. & HOYHEIM, B. (2000): Characterization of microsatellite and minisatellite loci in Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) and cross-species amplification in other salmonids. *Molecular Ecology* 9(12), 2175-2178.
- DEHAAN, P.W. & ARDREN, W.R. (2005): Characterization of 20 highly variable tetranucleotide microsatellite loci for bull trout (*Salvelinus confluentus*) and cross-amplification in other *Salvelinus* species. *Molecular Ecology Notes* 5(3), 582-585.
- 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.
- 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.
- GJEDREM, T. (2005): Selection and breeding programs in aquaculture. Springer Verlag, Dordrecht, 364 pp.
- 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.
- 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.

- KING, T.L., EACKLES, M.S. & LETCHER, B.H. (2005): Microsatellite DNA markers for the study of Atlantic salmon (*Salmo salar*) kinship, population structure, and mixed-fishery analyses. *Molecular Ecology Notes* 5(1), 130-133.
- 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.
- 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.
- O'REILLY, P.T., HAMILTON, L.C., MCCONELL, S.K., & WRIGHT, J.M. (1996): Rapid analysis of genetic variation in salmon (*Salmo salar*) by PCR multiplexing of dinucleotide and tetranucleotide microsatellites. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 53, 2292-2298.
- PALTI, Y., FINCHAM, M.R. & REXROAD, C.E. III. (2002): Characterization of 38 polymorphic microsatellite markers for rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Molecular Ecology Notes* 2(4), 449.
- PERRY, G.M.L., KING, T.L., ST.-CYR, J., VALCOURT, M., & BERNATCHEZ, L. (2005): Isolation and cross-familial amplification of 41 microsatellites for the brook charr (*Salvelinus fontinalis*). *Molecular Ecology Notes* 5(2), 346-351.
- PRESA, P. & GUYOMARD, R. (1996): Conservation of microsatellites in three species of salmonids. *Journal of Fish Biology* 49(6), 1326-1329.
- 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.
- SLETTAN, A., OLASKER, I. & LIE Æ. (1995): Atlantic salmon, *Salmo salar*, microsatellites at the SSOSL25, SSOSL85, SSOSL311, SSOSL417 loci. *Animal Genetics* 26(4), 281-282.
- SNOJ, A., SUSNIK, S., POHAR, J. & DOVC, P. (1999): The first microsatellite marker (BFRO 004) for grayling, informative for its adriatic population. *Animal Genetics* 30(1), 74-75.
- SUSNIK, S., SNOJ, A. & DOVC, P. (1999): Microsatellites in grayling (*Thymallus thymallus*): comparison of two geographically remote populations from the Danubian and Adriatic river basin in Slovenia. *Molecular Ecology* 8(10), 1756-1758.

SUSNIK, S., SNOJ, A. & DOVC, P. (1999b): A new set of microsatellite markers for grayling: BFRO014, BFRO015, BFRO016, BFRO017 and BFRO018. *Animal Genetics* 30(6), 462-478.

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. Anhangstabellen 1 bis 5: Detailinformationen zu den für die verschiedenen Fischarten eingesetzten Mikrosatellitenmarkersystemen
- b. Anhangstabellen 6 bis 10: Mittelwerte und Streumaße über die erfassten morphometrischen Merkmale und genetischen Kennzahlen über Bestände innerhalb Fischarten
- c. CD mit Datenbank und genetischen Basisdaten
- d. Beispiel für ein Informationsblatt eines Laichfischbestandes mit erfassten morphometrischen Merkmalen, genetischen Kennzahlen und Allelfrequenzen (Teillos 2)

a. Anhangstabellen 1 bis 5: Detailinformationen zu den für die verschiedenen Fischarten eingesetzten Mikrosatellitenmarkersystemen

Äsche	Bezeichnung lt. Literatur	Labor- bezeichnung	Primer-Sequenz 5'--> 3'	T _m lt. Literatur	Repeat sequence lt. Literatur	Anzahl Allele	Size range (bp)	GenBank
Forellenfische (Salmonidae)								
<i>Salmo salar</i> (Atlantischer Lachs - sockeye salmon)	SsaA86	Ssa_A86-F_PET Ssa_A86-R	TCT CCC AGT GGT TCT AGA TGA G GCA GCT AAA CTT CAA AGC ACA G	58	CA	19	169-241	AF525200
<i>Thymallus thymallus</i> (Äsche - grayling)	BFRO004	Thy_BFRO004-F_NED Thy_BFRO004-R	GCT CCA GTG AGG GTG ACC AG GAGG CCA CTG ATT GAG CAG AG	55	(GT) ₁₁	3 ?	157-165	AF077764
	BFRO005	Thy_BFRO005-F_FAM Thy_BFRO005-R	CGC ATC TGT ATG AAA AAC CT TGG TTT GGT AGG AGT TTC GT	55	(CA) ₁₇	8	111-134	AF115407
	BFRO006	Thy_BFRO006-F_NED Thy_BFRO006-R	GCC TGG TTT TAC CCT TTA GA GAGG CAT TTT ACA CTG GCA TT	55	(CA) ₁₅	3	134-140	AF115408
	BFRO014	Thy_BFRO014-F_FAM Thy_BFRO014-R	GACT ACA TTA CTA CAT TCT CTC GCA GCAA ACT CCA CTT CCT CTA TCT CAG	60		3	144-155	AF175248
	BFRO015	Thy_BFRO015-F_VIC Thy_BFRO015-R	GAC TCA GTG AAG AAC TAA AGT ACA GAA AAG TTA TGA AGG TCA ACC C	60		6	140-162	AF175249
	BFRO016	Thy_BFRO016-F_VIC Thy_BFRO016-R	GTA GAG GCA GGG TTC AGG CA ATC AGC CCA AGG TTG TAA CA	60		5	231-239	AF175250
	BFRO018	Thy_BFRO018-F_PET Thy_BFRO018-R	GAGA GGG GTC CAG CAA CAT CA GGG GAA CCA GTC TAA AGC CT	60		4	178-186	AF175252

Literaturquellen:

- King et al. (2005): Microsatellite DNA markers for the study of Atlantic salmon (*Salmo salar*) kinship, population structure, and mixed-fishery analyses. *Molecular Ecology Notes* 5(1) 130-132(3)
- Snoj et al. (1999): The first microsatellite marker (BFRO 004) for grayling, informative for its Adriatic population. *Animal Genetics* 30(1), 74-75
- Susnik et al. (1999): Microsatellites in grayling (*Thymallus thymallus*): comparison of two geographically remote populations from the Danubian and Adriatic river basin in Slovenia. *Molecular Ecology* 88(10), 1756-1758
- Susnik et al. (1999b): A new set of microsatellite markers for grayling: BFRO014, BFRO015, BFRO016, BFRO017 and BFRO018. *Animal Genetics* 30(6), 462-478

Bachforelle	Bezeichnung lt. Literatur	Labor- bezeichnung	Primer-Sequenz 5'--> 3'	T _m lt. Literatur	Repeat sequence lt. Literatur	Anzahl Allele	Size range (bp)	GenBank	
Forellenfische (Salmonidae)	<i>Oncorhynchus mykiss</i> (Regenbogenforelle)	OMM1310	Omy_OMM1310-F_NED Omy_OMM1310-R	CGC GTG ACA GTG AAA AGT AAT AGC TTA TCA TTC CCT ACC AAT CGA TCC	54	CA	16	175-289	G73550
		OMM1323	Omy_OMM1323-F_FAM Omy_OMM1323-R	CTT TTT GCC AGC TCT GCT ATG ACA CAT TAC AGC ACA ACT ACG AAA CCC	58	CATC	19	101-206	G73561
<i>Salmo salar</i> (Atlantischer Lachs - sockeye salmon)	SsaA86	Ssa_A86-F_PET Ssa_A86-R	TCT CCC AGT GGT TCT AGA TGA G GGA GCT AAA CTT CAA AGC ACA G	58	CA	19	169-241	AF525200	
		SSOSL85	SSOSL85-F_VIC SSOSL85-R	GTGT GGA TTT TTG TAT TAT GTT A GATA CAT TTC CTC CTC ATT CAG T	55	(GT) ₂₂	8	194	Z48596
		Ssa85	Ssa85-F_FAM Ssa85-R	GAGG TGG GTC CTC CAA GCT AC GACC CGC TCC TCA CTT AAT C	58 *	(GT) ₁₄	12	110-138	k.A.
		Ssa410UOS	Ssa_410UOS-F_NED Ssa_410UOS-R	GGA AAA TAA TCA ATG CTG CTG GTT GCTA CAA TCT GGA CTA TCT TCT TCA	58	(GACA) ₂₂	25	198-324	AJ402727
		Ssa417UOS	Ssa_417UOS-F_FAM Ssa_417UOS-R	GAGA CAG GTC CAG ACA AGC ACT CA GACT AAA TCC ACT GGG GTT ATA CTG	60	(GATA) ₁₁₄	24	265-424	AJ402734
<i>Salmo trutta</i> (Bachforelle - brown trout)	MST-15	Stru_MST-15-F_VIC Stru_MST-15-R	GTGC AGG CAG ACG GAT CAG GC GAAT CCT CTA CIG AAG GGA TTT GC	58	(CT) ₁₃	4 (8)	214-224		
		MST-60	Stru_MST-60-F_FAM Stru_MST-60-R	GCGG TGT GCT TGT CAG GTT TC GTC AAG TCA GCA AGC CTC AC	60 / 58	(GT) ₁₃	4 (5)	97-111 (Angaben für <i>O. mykiss</i>)	
		MST-73 // μ 73	Stru_MST-73-F_PET Stru_MST-73-R	GCCT GGA GAT CCT CCA GCA GGA GCTA TTC TGC TTG TAA CTA GAC CTA	58	(GT) ₁₃ TTATCT(GT) ₃	6	140-158	k.A.
<i>Salvelinus alpinus</i> (Seesaibling)	Sco204	Salp_Sco204-F_VIC Salp_Sco204-R	GCT AAG GAT GGT CAC TCA T GCA ACA CAG AAA TGT AAC TCT	60	(TCTA) ₂₉	13	107-173	AY788873	
		<i>Salvelinus confluentus</i> (bull trout)	Sco216	Salp_Sco216-F_NED Salp_Sco216-R	GCCT TGT GAG AGC TAA GGT AGT G GGA GGA CAT ATT CCA ACT TTG	60	(CAGT) ₁₈ (CAGG) ₁₀ C(AG)	8	329-347
<i>Thymallus thymallus</i> (Äsche - grayling)	BFRO018	Thy_BFRO018-F_PET Thy_BFRO018-R	GAGA GGG GTC CAG CAA CAT CA GGG GAA CCA GTC TAA AGC CT	60		4	178-186	AF175252	

Literaturquellen:

- Palti et al. (2002): Characterization of 38 polymorphic microsatellite markers for rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Molecular Ecology Notes* 2(4) p. 449
- King et al. (2005): Microsatellite DNA markers for the study of Atlantic salmon (*Salmo salar*) kinship, population structure, and mixed-fishery analyses. *Molecular Ecology Notes* 5(1) 130-132(3)
- Slettan et al. (1995): Atlantic salmon, *Salmo salar*, microsatellites at the SSOSL25, SSOSL85, SSOSL311, SSOSL417 loci. *Animal Genetics* 26(4), 281-282
- O'Reilly et al. (1996): Rapid analysis of genetic variation in salmon (*Salmo salar*) by PCR multiplexing of dinucleotide and tetranucleotide microsatellites. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 53, 2292-2298
- Cairney et al. (2000): Characterization of microsatellite and minisatellite loci in Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) and cross-species amplification in other salmonids. *Molecular Ecology* 9(12) 2175-2178
- Presa & Guyomard (1996): Conservation of microsatellites in three species of salmonids. *Journal of Fish Biology* 49(6), 1326-1329
- DeHaan & Ardren (2005): Characterization of 20 highly variable tetranucleotide microsatellite loci for bull trout (*Salvelinus confluentus*) and cross-amplification in other *Salvelinus* species. *Molecular Ecology Notes* 5(3), 582-585(4)
- Susnik et al. (1999b): A new set of microsatellite markers for grayling: BFRO014, BFRO015, BFRO016, BFRO017 and BFRO018. *Animal Genetics* 30(6), 462-478

Bachsaiibling	Bezeichnung lt. Literatur	Labor- bezeichnung	Primer-Sequenz 5'--> 3'	T _m lt. Literatur	Repeat sequence lt. Literatur	Anzahl Allele	Size range (bp)	GenBank
Forellenfische (Salmonidae) <i>Salmo salar</i> (Atlantischer Lachs - sockeye salmon)	SsaA86	Ssa_A86-F_PET Ssa_A86-R	TCT CCC AGT GGT TCT AGA TGA G GGA GCT AAA CTT CAA AGC ACA G	58	CA	19	169-241	AF525200
	Ssa85	Ssa85-F_FAM Ssa85-R	GAGG TGG GTC CTC CAA GCT AC GACC CGC TCC TCA CTT AAT C	58 *	(GT) ₁₄	12	110-138	k.A.
<i>Salmo trutta</i> (Bachforelle - brown trout)	MST-15	Stru_MST-15-F_VIC Stru_MST-15-R	GTGC AGG CAG ACG GAT CAG GC GAAT CCT CTA CTG AAG GGA TTT GC	58	(CT) ₁₃	4 (8)	214-224	
	MST-73 // μ 73	Stru_MST-73-F_PET Stru_MST-73-R	GCCT GGA GAT CCT CCA GCA GGA GCTA TTC TGC TTG TAA CTA GAC CTA	58	(GT) ₁₃ TTATCT(GT) ₃	6	140-158	k.A.
<i>Salvelinus fontinalis</i> (Bachsaiibling - brook charr)	Sfo233Lav	Sfo233Lav-F_FAM Sfo233Lav-R	GGC CTT GCT TAT TAT AGA C GCCA CCT ATT GCT AGG TGC	50	(TG) ₁₄	4 (3)	234-244 (238-264)	k.A.
	Sfo305Lav	Sfo305Lav-F_FAM Sfo305Lav-R	GGA GTG TGA ATC TCA GGC TC GCTC TCC ATG CCT GTA TAA GG	52	(CACG) ₁₆ (CA) ₂₃	5 (2)	352-378, 394 (448-484)	k.A.
	Sfo308Lav	Sfo308Lav-F_NED Sfo308Lav-R	GCAG CAA TGG GGC TGA AGT AG GTC ACT GTG TGA ATC CTC C	60	(TG) ₂₆	4 (3)	355-379 (348-374)	k.A.
<i>Salvelinus alpinus</i> (Seesaiibling)	Sco204	Salp_Sco204-F_VIC Salp_Sco204-R	GCT AAG GAT GGT CAC TCA T GCA ACA CAG AAA TGT AAC TCT	60	(TCTA) ₂₉	13	107-173	AY788873
<i>Salvelinus confluentus</i> (bull trout)	Sco216	Salp_Sco216-F_NED Salp_Sco216-R	GCCT TGT GAG AGC TAA GGT AGT G GGA GGA CAT ATT CCA ACT TTG	60	(CAGT) ₁₈ (CAGG) ₁₀ C/	8	329-347	AY788885
<i>Thymallus thymallus</i> (Äsche - grayling)	BFRO004	Thy_BFRO004-F_NED Thy_BFRO004-R	GCT CCA GTG AGG GTG ACC AG GAGG CCA CTG ATT GAG CAG AG	55	(GT) ₁₁	3 ?	157-165	AF077764
	BFRO018	Thy_BFRO018-F_PET Thy_BFRO018-R	GAGA GGG GTC CAG CAA CAT CA GGG GAA CCA GTC TAA AGC CT	60		4	178-186	AF175252

Literaturquellen:

- King et al. (2005): Microsatellite DNA markers for the study of Atlantic salmon (*Salmo salar*) kinship, population structure, and mixed-fishery analyses. *Molecular Ecology Notes* 5(1) 130-132(3)
- O'Reilly et al. (1996): Rapid analysis of genetic variation in salmon (*Salmo salar*) by PCR multiplexing of dinucleotide and tetranucleotide microsatellites. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 53, 2292-2298
- Presa & Guyomard (1996): Conservation of microsatellites in three species of salmonids. *Journal of Fish Biology* 49(6), 1326-1329
- Perry et al. (2005): Isolation and cross-familial amplification of 41 microsatellites for the brook charr (*Salvelinus fontinalis*). *Molecular Ecology Notes* 5(2), 346-351
- DeHaan & Ardren (2005): Characterization of 20 highly variable tetranucleotide microsatellite loci for bull trout (*Salvelinus confluentus*) and cross-amplification in other *Salvelinus* species. *Molecular Ecology Notes* 5(3), 582-585(4)
- Snoj et al. (1999): The first microsatellite marker (BFRO 004) for grayling, informative for its Adriatic population. *Animal Genetics* 30(1), 74-75
- Susnik et al. (1999b): A new set of microsatellite markers for grayling: BFRO014, BFRO015, BFRO016, BFRO017 and BFRO018. *Animal Genetics* 30(6), 462-478

Regenbogenforelle	Bezeichnung lt. Literatur	Labor- bezeichnung	Primer-Sequenz 5'→ 3'	T _m lt. Literatur	Repeat sequence lt. Literatur	Anzahl Allele	Size range (bp)	GenBank
Forellenfische (Salmonidae)								
<i>Oncorhynchus mykiss</i> (Regenbogenforelle)	OMM1323	Omy_OMM1323-F_FAM Omy_OMM1323-R	CTT TTT GCC AGC TCT GCT ATG ACA CAT TAC AGC ACA ACT ACG AAA CCC	58	CATC	19	101-206	G73561
<i>Salmo salar</i> (Atlantischer Lachs - sockeye salmon)	SsaA86	Ssa_A86-F_PET Ssa_A86-R	TCT CCC AGT GGT TCT AGA TGA G GGA GCT AAA CTT CAA AGC ACA G	58	CA	19	169-241	AF525200
	Ssa410UOS	Ssa_410UOS-F_NED Ssa_410UOS-R	GGA AAA TAA TCA ATG CTG CTG GTT GCTA CAA TCT GGA CTA TCT TCT TCA	58	(GACA) ₂₂	25	198-324	AJ402727
	SSOSL85	SSOSL85-F_VIC SSOSL85-R	GTGT GGA TTT TTG TAT TAT GTT A GATA CAT TTC CTC CTC ATT CAG T	55	(GT) ₂₂	8	194	Z48596
	Ssa85	Ssa85-F_FAM Ssa85-R	GAGG TGG GTC CTC CAA GCT AC GACC CGC TCC TCA CTT AAT C	58 *	(GT) ₁₄	12	110-138	k.A.
<i>Salmo trutta</i> (Bachforelle - brown trout)	MST-73 // μ 73	Stru_MST-73-F_PET Stru_MST-73-R	GCCT GGA GAT CCT CCA GCA GGA GCTA TTC TGC TTG TAA CTA GAC CTA	58	(GT) ₁₃ TTATCT(GT) ₃	6	140-158	k.A.
<i>Salvelinus fontinalis</i> (Bachsäibling - brook charr)	Sfo233Lav	Sfo233Lav-F_FAM Sfo233Lav-R	GGC CTT GCT TAT TAT AGA C GCCA CCT ATT GCT AGG TGC	50	(TG) ₁₄	4 (3)	234-244 (238-264)	k.A.
	Sfo269Lav	Sfo269Lav-F_VIC Sfo269Lav-R	GTA GAT GAA ACC TGA TGG GTT CTA TGG TCA CAT ACT G	48	(CA) ₂₈	3 (4)	221-243 (221-263)	k.A.
	Sfo305Lav	Sfo305Lav-F_FAM Sfo305Lav-R	GGA GTG TGA ATC TCA GGC TC GCTC TCC ATG CCT GTA TAA GG	52	(CACG) ₁₆ (CA) ₂₃	5 (2)	352-378, 394 (448-484)	k.A.
<i>Salvelinus alpinus</i> (Seesäibling)	Sco204	Salp_Sco204-F_VIC Salp_Sco204-R	GCT AAG GAT GGT CAC TCA T GCA ACA CAG AAA TGT AAC TCT	60	(TCTA) ₂₉	13	107-173	AY788873
<i>Salvelinus confluentus</i> (bull trout)	Sco216	Salp_Sco216-F_NED Salp_Sco216-R	GCCT TGT GAG AGC TAA GGT AGT G GGA GGA CAT ATT CCA ACT TTG	60	(CAGT) ₁₈ (CAGG) ₁₀ CAC	8	329-347	AY788885
<i>Thymallus thymallus</i> (Äsche - grayling)	BFRO018	Thy_BFRO018-F_PET Thy_BFRO018-R	GAGA GGG GTC CAG CAA CAT CA GGG GAA CCA GTC TAA AGC CT	60		4	178-186	AF175252

Literaturquellen:

- Palti et al. (2002): Characterization of 38 polymorphic microsatellite markers for rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Molecular Ecology Notes* 2(4) p. 449
- King et al. (2005): Microsatellite DNA markers for the study of Atlantic salmon (*Salmo salar*) kinship, population structure, and mixed-fishery analyses. *Molecular Ecology Notes* 5(1) 130-132(3)
- Cairney et al. (2000): Characterization of microsatellite and minisatellite loci in Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) and cross-species amplification in other salmonids. *Molecular Ecology* 9(12) 2175-2178
- Slettan et al. (1995): Atlantic salmon, *Salmo salar*, microsatellites at the SSOSL25, SSOSL85, SSOSL311, SSOSL417 loci. *Animal Genetics* 26(4), 281-282
- O'Reilly et al. (1996): Rapid analysis of genetic variation in salmon (*Salmo salar*) by PCR multiplexing of dinucleotide and tetranucleotide microsatellites. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 53, 2292-2298
- Presa & Guyomard (1996): Conservation of microsatellites in three species of salmonids. *Journal of Fish Biology* 49(6), 1326-1329
- Perry et al. (2005): Isolation and cross-familial amplification of 41 microsatellites for the brook charr (*Salvelinus fontinalis*). *Molecular Ecology Notes* 5(2), 346-351
- DeHaan & Ardren (2005): Characterization of 20 highly variable tetranucleotide microsatellite loci for bull trout (*Salvelinus confluentus*) and cross-amplification in other *Salvelinus* species. *Molecular Ecology Notes* 5(3), 582-585(4)
- Susnik et al. (1999b): A new set of microsatellite markers for grayling: BFRO014, BFRO015, BFRO016, BFRO017 and BFRO018. *Animal Genetics* 30(6), 462-478

Seesaibling

Forellenfische (Salmonidae)

	Bezeichnung lt. Literatur	Labor- bezeichnung	Primer-Sequenz 5'→ 3'	T _m lt. Literatur	Repeat sequence lt. Literatur	Anzahl Allele	Size range (bp)	GenBank
<i>Salmo trutta</i> (Bachforelle - brown trout)	MST-15	Stru_MST-15-F_VIC Stru_MST-15-R	GTGC AGG CAG ACG GAT CAG GC GAAT CCT CTA CTG AAG GGA TTT GC	58	(CT) ₁₃	4 (8)	214-224	
	MST-73 // μ 73	Stru_MST-73-F_PET Stru_MST-73-R	GCCT GGA GAT CCT CCA GCA GGA GCTA TTC TGC TTG TAA CTA GAC CTA	58	(GT) ₁₃ TTATCT(GT) ₃	6	140-158	k.A.
<i>Salvelinus fontinalis</i> (Bachsaibling - brook charr)	Sfo233Lav	Sfo233Lav-F_FAM Sfo233Lav-R	GGC CTT GCT TAT TAT AGA C GCCA CCT ATT GCT AGG TGC	50	(TG) ₁₄	4 (3)	234-244 (238-264)	k.A.
	Sfo305Lav	Sfo305Lav-F_FAM Sfo305Lav-R	GGA GTG TGA ATC TCA GGC TC GCTC TCC ATG CCT GTA TAA GG	52	(CACG) ₁₆ (CA) ₂₃	5 (2)	352-378, 394 (448-484)	k.A.
	Sfo308Lav	Sfo308Lav-F_NED Sfo308Lav-R	GCAG CAA TGG GGC TGA AGT AG GTC ACT GTG TGA ATC CTC C	60	(TG) ₂₆	4 (3)	355-379 (348-374)	k.A.
<i>Salvelinus alpinus</i> (Seesaibling)	Sco204	Salp_Sco204-F_VIC Salp_Sco204-R	GCT AAG GAT GGT CAC TCA T GCA ACA CAG AAA TGT AAC TCT	60	(TCTA) ₂₉	13	107-173	AY788873
<i>Salvelinus confluentus</i> (bull trout)	Sco216	Salp_Sco216-F_NED Salp_Sco216-R	GCCT TGT GAG AGC TAA GGT AGT G GGA GGA CAT ATT CCA ACT TTG	60	(CAGT) ₁₆ (CAGG) ₁₀ C(AGAT) ₁₇	8	329-347	AY788885
<i>Thymallus thymallus</i> (Äsche - grayling)	BFRO018	Thy_BFRO018-F_PET Thy_BFRO018-R	GAGA GGG GTC CAG CAA CAT CA GGG GAA CCA GTC TAA AGC CT	60		4	178-186	AF175252

Literaturquellen:

Presa & Guyomard (1996): Conservation of microsatellites in three species of salmonids. *Journal of Fish Biology* 49(6), 1326-1329

Perry et al. (2005): Isolation and cross-familial amplification of 41 microsatellites for the brook charr (*Salvelinus fontinalis*). *Molecular Ecology Notes* 5(2), 346-351

DeHaan & Ardren (2005): Characterization of 20 highly variable tetranucleotide microsatellite loci for bull trout (*Salvelinus confluentus*) and cross-amplification in other *Salvelinus* species. *Molecular Ecology Notes* 5(3), 582-585(4)

Susnik et al. (1999b): A new set of microsatellite markers for grayling: BFRO014, BFRO015, BFRO016, BFRO017 and BFRO018. *Animal Genetics* 30(6), 462-478

- b. Anhangstabellen 6 bis 10: 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

Fischart:	Äsche
Untersuchte Bestände mit morphometrischen Daten:	4
Untersuchte Bestände mit genetischen Daten:	5

Morphometrische Daten:

	Mittelwert:	CV (%):
Masse (g)	110,64	96,1
Gesamtlänge (mm)	181,08	30,2
% Standardlänge	89,99	0,9
% Kopflänge	18,14	8,6
% Höhe max.	18,24	8,8
% Höhe min.	6,65	3,4
% Prädorsaler Abstand	34,15	1,4
Korpulenzfaktor	1,44	25,4
Höhe max. / Höhe min.	2,76	11,3

Genetische Kennzahlen:

	Mittelwert:	CV (%):
max. beobachtete Allelzahl	11,200	13,2
mittlere Allelzahl	5,500	21,7
Allelreichtum	5,350	22,1
Private Allele	0,675	44,6
H_E	0,542	28,1
H_O	0,487	27,8
F_{IS}	0,090	119,3
F_{ST} min.	0,1155	54,1
F_{ST} max.	0,3387	25,5
mittlere F_{ST}	0,2186	31,2

Allele in den untersuchten MS-Loci:

Mikrosatellitenlocus	Allele			
Thy_BFRO005	105	113	121	131
	107	115	123	133
	109	117	125	135
	111	119	127	
Thy_BFRO015	135	141	149	
	137	145	151	
	139	147	155	
Thy_BFRO004	140	156		
	154	164		

Thy_BFRO018	170	186	204	224
	174	188	208	226
	176	190	210	228
	178	192	212	230
	180	198	216	
	182	200	218	
	184	202	222	
Thy_BFRO014	146	160	170	176
	148	164	172	
	150	168	174	
Ssa_A86	158	170	178	186
	160	172	180	188
	162	174	182	192
	168	176	184	194
Thy_BFRO016	230	232	234	236
Thy_BFRO006	128	134	138	142
	132	136	140	150

Morphometrische und genetische Daten: Durchschnittswerte über alle Bestände innerhalb Art

Fischart:	Bachforelle
Untersuchte Bestände mit morphometrischen Daten:	34
Untersuchte Bestände mit genetischen Daten:	33

Morphometrische Daten:

	Mittelwert:	CV (%):
Masse (g)	789,23	81,7
Gesamtlänge (mm)	331,92	25,3
% Standardlänge	90,79	0,9
% Kopflänge	20,13	5,2
% Höhe max.	23,18	6,0
% Höhe min.	9,25	3,7
% Prädorsaler Abstand	42,63	2,4
Korpulenzfaktor	1,83	19,4
Höhe max. / Höhe min.	2,51	5,2

Genetische Kennzahlen:

	Mittelwert:	CV (%):
max. beobachtete Allelzahl	13,242	26,5
mittlere Allelzahl	6,439	15,8
Allelreichtum	5,537	13,5
Private Allele	0,217	99,7
H_E	0,634	8,4
H_O	0,634	8,4
F_{IS}	-0,003	2323,8
F_{ST} min.	0,0409	69,1
F_{ST} max.	0,1915	20,2
mittlere F_{ST}	0,0981	32,6

Allele in den untersuchten MS-Loci:

Mikrosatellitenlocus	Allele			
Stru_MST-60	89	95	99	103
	93	97	101	
Salp_Sco216	122	150	174	294
	124	154	178	296
	128	156	182	300
	130	158	186	304
	132	160	188	306
	134	162	190	324
	136	164	194	326
	138	166	230	
	142	170	238	
	146	172	250	
SSOSL85	155	181	199	219

	167	183	201	223
	169	187	203	225
	171	189	205	239
	175	191	207	
	177	193	209	
	179	197	211	
Omy_OMM1323	152			
Ssa_A86	161	173	181	189
	163	175	183	191
	165	177	185	193
	169	179	187	199
Omy_OMM1310	170	180	190	200
	174	184	192	202
	176	186	194	204
	178	188	198	224
Stru_MST-15	204	212	224	230
	206	220	226	232
	208	222	228	382
Ssa_417UOS	286	354	392	430
	288	356	394	432
	290	358	398	434
	308	360	400	436
	314	362	402	438
	318	364	404	440
	324	368	406	442
	326	370	408	444
	328	372	410	446
	330	374	412	448
	334	376	414	450
	338	378	416	454
	342	380	418	458
	344	382	420	462
	346	384	422	466
	348	386	424	474
	350	388	426	
	352	390	428	
Salp_Sco204	96	128	152	178
	98	131	154	181
	100	136	156	186
	110	140	158	210
	112	144	162	226
	116	146	166	
	120	148	170	
	124	150	174	
Ssa85	96	108	114	126
	104	110	116	
	106	112	118	
Stru_MST-73	131	143	147	161
	135	145	149	

Ssa_410UOS

160	202	232	260
162	204	236	262
170	208	238	264
172	210	240	266
174	212	242	268
176	216	244	270
178	218	246	272
184	220	248	276
188	222	250	278
192	224	252	280
196	226	254	
198	228	256	
200	230	258	

Morphometrische und genetische Daten: Durchschnittswerte über alle Bestände innerhalb Art

Fischart:	Bachsaibling
Untersuchte Bestände mit morphometrischen Daten:	8
Untersuchte Bestände mit genetischen Daten:	8

Morphometrische Daten:

	Mittelwert:	CV (%):
Masse (g)	593,50	41,2
Gesamtlänge (mm)	316,68	15,4
% Standardlänge	91,79	0,8
% Kopflänge	20,03	7,1
% Höhe max.	24,65	3,5
% Höhe min.	9,79	2,2
% Prädorsaler Abstand	43,56	3,1
Korpulenzfaktor	1,81	14,3
Höhe max. / Höhe min.	2,52	3,3

Genetische Kennzahlen:

	Mittelwert:	CV (%):
max. beobachtete Allelzahl	7,625	18,5
mittlere Allelzahl	3,546	9,9
Allelreichtum	3,482	9,7
Private Allele	0,375	64,0
H_E	0,400	19,0
H_O	0,390	18,3
F_{IS}	0,023	183,2
F_{ST} min.	0,0706	76,3
F_{ST} max.	0,2394	19,7
mittlere F_{ST}	0,1554	22,9

Allele in den untersuchten MS-Loci:

Mikrosatellitenlocus	Allele		
Salp_Sco204	108 136	152	172
	120 140	154	176
	124 144	158	
	128 148	162	
	132 150	166	
Stru_MST-73	142		
Thy_BFRO004	138 140		
Sfo305Lav	243 335	345	359
	327 337	347	379
	329 339	349	381
	331 341	355	389
	333 343	357	391

Ssa85	98 110	114	
Ssa_A86	150 152		
Stru_MST-15	206 210		
Sfo308Lav	327 337	353	
	333 349	369	
	335 351	371	
Salp_Sco216	133 147	171	187
	137 163	175	385
	143 167	183	397
Thy_BFRO018	198 228	242	268
	220 230	246	
	224 234	254	
	226 238	263	
Sfo233Lav	229 231	233	237

Morphometrische und genetische Daten: Durchschnittswerte über alle Bestände innerhalb Art

Fischart:	Regenbogenforelle
Untersuchte Bestände mit morphometrischen Daten:	38
Untersuchte Bestände mit genetischen Daten:	39

Morphometrische Daten:

	Mittelwert:	CV (%):
Masse (g)	989,26	109,1
Gesamtlänge (mm)	347,95	33,1
% Standardlänge	91,88	1,4
% Kopflänge	19,12	6,8
% Höhe max.	24,63	6,7
% Höhe min.	9,60	4,1
% Prädorsaler Abstand	44,37	3,1
Korpulenzfaktor	1,74	17,1
Höhe max. / Höhe min.	2,57	5,4

Genetische Kennzahlen:

	Mittelwert:	CV (%):
max. beobachtete Allelzahl	10,359	27,3
mittlere Allelzahl	5,324	19,0
Allelreichtum	5,191	19,0
Private Allele	0,117	113,1
H_E	0,574	10,3
H_O	0,554	11,8
F_{IS}	0,036	142,2
F_{ST} min.	0,0472	61,4
F_{ST} max.	0,2251	19,3
mittlere F_{ST}	0,1106	33,6

Allele in den untersuchten MS-Loci:

Mikrosatellitenlocus	Allele			
Ssa_A86	143	161	169	179
	153	163	173	187
	155	165	175	191
	159	167	178	
Omy_OMM1323	176	182	188	
	178	184	190	
	180	186	192	
Sfo269Lav	190	208	226	276
	192	210	228	278
	194	212	230	280
	196	214	232	292
	200	216	242	294
	202	220	244	296

	204	222	250	298
	206	224	274	
Sfo233Lav	219	225	231	
	221	227	241	
	223	229	243	
Ssa_410UOS	104	124	132	158
	110	126	134	162
	114	128	146	180
	116	130	150	
SSOSL85	177	179	181	191
Thy_BFRO018	186	204	222	236
	188	206	224	238
	196	208	226	246
	198	210	230	250
	200	216	232	254
	202	220	234	
Sfo305Lav	417	427	459	471
	421	429	461	481
	423	439	465	
	425	449	467	
Salp_Sco204	92	112	120	134
	100	114	124	136
	104	116	128	
	106	118	132	
Stru_MST-73	131	139	143	
	137	141	161	
Salp_Sco216	142	200	246	292
	158	202	254	294
	180	210	258	302
	182	214	266	340
	190	218	270	358
	192	222	280	380
	194	226	282	
	196	230	286	
	198	242	290	

Morphometrische und genetische Daten: Durchschnittswerte über alle Bestände innerhalb Art

Fischart:	Seesaibling
Untersuchte Bestände mit morphometrischen Daten:	2
Untersuchte Bestände mit genetischen Daten:	3

Morphometrische Daten:

	Mittelwert:	CV (%):
Masse (g)	401,57	9,9
Gesamtlänge (mm)	293,99	4,8
% Standardlänge	91,10	0,6
% Kopflänge	19,47	3,2
% Höhe max.	21,68	8,5
% Höhe min.	8,34	2,2
% Prädorsaler Abstand	44,76	1,9
Korpulenzfaktor	1,58	4,5
Höhe max. / Höhe min.	2,60	6,0

Genetische Kennzahlen:

	Mittelwert:	CV (%):
max. beobachtete Allelzahl	11,333	20,4
mittlere Allelzahl	4,917	6,4
Allelreichtum	4,762	4,9
Private Allele	1,542	16,9
H_E	0,463	13,3
H_O	0,482	15,9
F_{IS}	-0,039	69,8
F_{ST} min.	0,1062	40,9
F_{ST} max.	0,1932	16,6
mittlere F_{ST}	0,1497	21,9

Allele in den untersuchten MS-Loci:

Mikrosatellitenlocus	Allele		
Salp_Sco204	123 139	165	193
	131 143	169	197
	135 149	173	201
	137 157	181	217
Sfo308Lav	330 334	338	
	332 336		
Sfo305Lav	334 356	362	368
	352 358	364	372
	354 360	366	374
Stru_MST-73	143 145		
Stru_MST-15	206		

Thy_BFRO018	194	226		
Sfo233Lav	229	233	243	247
	231	239	245	
Salp_Sco216	163	373	399	417
	347	377	401	419
	351	379	405	423
	353	385	409	429
	355	393	411	433
	369	397	413	455

c. CD mit Datenbank und genetischen Basisdaten

- d. Beispiel für ein Informationsblatt eines Laichfischbestandes mit erfassten morphometrischen Merkmalen, genetischen Kennzahlen und Allelfrequenzen (Teillos 2)

Morphometrische und genetische Daten zum Laichfischbestand

Bestandscode:	TH 7 A
Fischart:	Bachforelle
Betriebsinterne Bezeichnung:	Bachforelle
Erhebungsdatum:	04.07.2006

Morphometrische Daten:

	Mittelwert
Masse (g)	180
Gesamtlänge (mm)	217,74
% Standardlänge	90,52
% Kopflänge	20,28
% Höhe max.	23,21
% Höhe min.	9,47
% Prädorsaler Abstand	42,70
Korpulenzfaktor	1,74
Höhe max. / Höhe min.	2,46

Genetische Kennzahlen:

	Mittelwert
max. beobachtete Allelzahl	10,000
mittlere Allelzahl	6,170
Allelreichtum	5,557
Private Allele	0,250
H_E	0,669
H_O	0,643
F_{IS}	0,038
F_{ST} min.	0,0325
F_{ST} max.	0,1822
mittlere F_{ST}	0,0878

Allelfrequenzen bei den untersuchten MS-Loci:

Mikrosatellitenlocus	Allel	Frequenz
Stru_MST-60	89	0,000
	93	0,450
	95	0,000
	97	0,550
	99	0,000
	101	0,000
	103	0,000
Salp_Sco216	124	0,000
	128	0,000
	132	0,000
	136	0,000

	138	0,000
	142	0,150
	146	0,050
	150	0,150
	154	0,250
	158	0,100
	162	0,225
	166	0,025
	170	0,000
	174	0,000
	178	0,000
	182	0,025
	186	0,025
	190	0,000
	194	0,000
	230	0,000
	238	0,000
	250	0,000
	296	0,000
	300	0,000
	324	0,000
SSOSL85	155	0,000
	169	0,000
	171	0,000
	175	0,000
	177	0,075
	179	0,300
	181	0,150
	183	0,100
	187	0,000
	189	0,000
	191	0,000
	193	0,000
	199	0,000
	201	0,000
	203	0,000
	205	0,000
	207	0,175
	211	0,000
	219	0,200
	223	0,000
	225	0,000
	239	0,000
Omy_OMM1323	150	0,000
	152	1,000
Ssa_A86	163	0,000
	169	0,000
	173	0,050
	175	0,225
	177	0,100
	179	0,300
	181	0,100
	183	0,000
	185	0,000

	187	0,025
	189	0,200
	191	0,000
	193	0,000
	199	0,000
Omy_OMM1310	184	0,000
	186	0,000
	188	0,025
	190	0,225
	192	0,550
	194	0,000
	200	0,175
	202	0,000
	204	0,025
Stru_MST-15	212	0,000
	220	0,125
	222	0,200
	224	0,375
	226	0,250
	228	0,000
	230	0,000
	232	0,050
	382	0,000
Ssa_418UOS	308	0,000
	314	0,000
	318	0,000
	326	0,000
	330	0,000
	334	0,000
	338	0,000
	342	0,000
	344	0,000
	346	0,000
	348	0,000
	350	0,000
	352	0,158
	354	0,000
	356	0,000
	360	0,079
	364	0,000
	368	0,026
	372	0,026
	374	0,000
	376	0,000
	378	0,000
	380	0,000
	382	0,000
	384	0,000
	386	0,158
	388	0,000
	390	0,000
	392	0,000
	394	0,000
	398	0,053

400	0,000
402	0,000
406	0,000
408	0,053
410	0,000
412	0,000
414	0,316
416	0,105
418	0,026
420	0,000
422	0,000
424	0,000
426	0,000
428	0,000
430	0,000
432	0,000
434	0,000
436	0,000
440	0,000
442	0,000
446	0,000
448	0,000
450	0,000
454	0,000
458	0,000
462	0,000
466	0,000
474	0,000

Salp_Sco204

96	0,350
98	0,000
100	0,400
112	0,000
116	0,000
120	0,000
124	0,000
128	0,000
130	0,000
136	0,000
140	0,000
144	0,000
148	0,050
150	0,000
152	0,000
154	0,000
156	0,000
158	0,000
162	0,025
166	0,000
170	0,025
174	0,075
178	0,050
182	0,000
186	0,025
210	0,000
226	0,000

Ssa85	96	0,000
	104	0,025
	106	0,025
	108	0,150
	110	0,175
	112	0,250
	114	0,375
	116	0,000
	118	0,000
	126	0,000
Stru_MST-73	143	0,125
	145	0,100
	147	0,200
	149	0,550
	161	0,025
Ssa_410UOS	160	0,000
	162	0,000
	170	0,000
	172	0,050
	174	0,025
	176	0,075
	178	0,000
	184	0,000
	188	0,000
	192	0,000
	196	0,025
	200	0,000
	204	0,000
	208	0,000
	212	0,250
	216	0,000
	220	0,200
	222	0,000
	224	0,125
	226	0,000
	228	0,100
	230	0,000
	232	0,000
	236	0,025
	238	0,000
	240	0,000
	244	0,000
	246	0,000
	248	0,000
	252	0,000
256	0,000	
260	0,000	
264	0,000	
268	0,125	
272	0,000	
276	0,000	