

Der Genotyp rezenter österreichischer *Salmo trutta*-Populationen im Vergleich zu Populationen des 19. Jahrhunderts, basierend auf RFLP von mtDNA

FRANZ LAHNSTEINER

Institut für Zoologie, Universität Salzburg, Hellbrunner Straße 34, 5020 Salzburg

ALBERT JAGSCH

Bundesamt für Wasserwirtschaft, Institut für Gewässerökologie, Fischereibiologie und Seenkunde, Scharfling 18, 5310 Mondsee

Abstract

The genotype of Austrian *Salmo trutta* populations in comparison to those from the 19th century as revealed by RFLP of mtDNA

The present study investigates the genotype of *Salmo trutta* populations from Upper Austria, Steiermark and Salzburg by restriction-fragment-length-polymorphism (RFLP) of mitochondrial DNA (mtDNA) comparing populations of today with those from the 19th century. The present populations differ from those of the 19th century in the genotype composition, the genetic diversity, and biochemical diversity. Genetic relationships between the different populations are discussed.

Einleitung

In vielen österreichischen Gewässersystemen ist der Nachbesatz mit Fischen nötig, zum einem aufgrund des jährlichen Ausfalls durch Fischerei, zum anderen sind manche Gewässer durch Verbauung und Stauhaltung so stark geschädigt, daß sich die Fischbestände nicht mehr selbst erhalten können. Entsprechend der »Österreichischen Strategie zur Umsetzung des Übereinkommens über die biologische Vielfalt« soll beim Nachbesatz spezielles Augenmerk darauf gelegt werden, die natürliche Vielfalt und genetische Variabilität der Fischfauna zu erhalten. Dies gilt nicht nur für die Arterhaltung, sondern auch für die Erhaltung von Regionaltypen. Der Erhaltung der Regionaltypen (autochthonen Populationen) wird eine wichtige Bedeutung zugeordnet: Spezielle genetische Information stellt einen Parameter dar, über den die Fische verfügen müssen, um sich einer speziellen Umwelt anzupassen, und Fische mit anderer genetischer Information sind möglicherweise nicht in der Lage, sich in ihrer Besatzregion zurechtzufinden.

Im österreichischen Raum wurden besonders an der Forelle, *Salmo trutta* Linné (Bachforelle – *Salmo trutta* f. *fario*, Seeforelle – *Salmo trutta* f. *lacustris*), intensive Besatzmaßnahmen betrieben, und es muß erwartet werden, dass es im letzten Jahrhundert zu einer weitgehenden Veränderung der ursprünglichen Bestände kam. Zur Zeit ist unklar, wieweit sich die heutigen Wildpopulationen von den früheren, ursprünglichen Populationen unterscheiden bzw. welchen Genotyp diese alten Populationen hatten. Das Hauptproblem liegt darin, dass der ursprüngliche *Salmo trutta*-Genotyp heute möglicherweise nicht mehr vorhanden ist bzw. wenn er noch vorhanden ist, nicht als solcher erkannt werden kann.

Deshalb wurde die vorliegende Studie durchgeführt. Sie untersucht den Genotyp von Bachforellen- und Seeforellenpopulationen aus Oberösterreich, Steiermark und Salzburg, und zwar von heutigen, als anthropogen unbeeinflusst geltenden Wildpopulationen, von den gängigsten Zuchtpopulationen, die in diesem Raum zur Nachbesetzung verwendet werden, und von Populationen des 19. Jahrhunderts (Museumsmaterial), also aus einer Zeit, bevor die intensive Nachbesetzung einsetzte. Als molekulargenetischer Marker wird Restriktions-Fragment-Längen-Polymorphismus (RFLP) von mitochondrialer Desoxyribonukleinsäure (mtDNA) verwendet. mtDNA wird nur mütterlicherseits, also ohne Rekombination mit väterlichen Genen, vererbt und repräsentiert damit einen Marker, der für phylogenetische Fragestellungen Anwendung findet und daher auch für diese Studie geeignet ist.

Material und Methoden

Untersuchte Fischpopulationen

Die untersuchten Bachforellen- und Seeforellenpopulationen sind nachfolgend aufgelistet. Die Populationen aus dem 19. Jahrhundert stammen aus der Fischesammlung des Naturhistorischen Museums in Wien.

Zuchtpopulationen: BF (Bachforelle) Erboe, Dänemark (gesammelt 2001: 15 Proben), BF Besatzstamm Forstamt Grein, NÖ. (2000–2001: 12 Proben), BF Besatzstamm Forstamt Windischgarsten, OÖ. (2002: 15 Proben), BF Zuchtstamm Glück, Mauerkirchen, OÖ. (2002: 10 Proben), BF Zuchtstamm Glück, Wolfers, OÖ. (2002: 10 Proben), BF Zuchtstamm Hartl, St. Peter i. d. Au, OÖ. (2001: 10 Proben), BF Zuchtstamm Magg, Saalfelden, Sbg. (2002: 10 Proben), BF Zuchtstamm »Steinforelle« aus Zucht Wienerroithner, Unterach, OÖ. (2001: 15 Proben), BF Zuchtstamm Unger, Bad Wimsbach-Neidharting, OÖ. (2002: 15 Proben), SF (Seeforelle) Attersee, Fischzucht Kreuzstein, Sbg. (2002: 8 Proben), SF Zuchtstamm Glück, Mauerkirchen, OÖ. (2002: 7 Proben), SF Walchensee, bezogen aus Zucht Wienerroither, Unterrach, OÖ. (2000: 15 Proben), BF alter Tiroler Stamm (2002: 12 Proben).

Rezente Wildpopulationen: BF Aurach, OÖ. (2001: 12 Proben), BF Bachlalm, Ablauf Lanschitzseen, Sbg. (2001: 6 Proben), BF Blühnbach, Sbg. (2000–2002: 15 Proben), BF Feistritz, Mühlviertel, OÖ. (2001: 15 Proben), BF Rauchenbach bei Annaberg, Sbg. (2002: 14 Proben), BF Leisnitz, Lungau, Sbg. (2002: 15 Proben), BF Nationalpark Kalkalpen, Ameisbach, OÖ. (2001: 12 Proben), BF Nationalpark Hohe Tauern, Hollersbach, Sbg. (2001: 12 Proben), BF Nationalpark Kalkalpen, Jörglbach, OÖ. (2002: 15 Proben), BF Nationalpark Kalkalpen, Nikelsbach, OÖ. (2002: 10 Proben), BF Schnablinger Bach, Mühlviertel (2003: 15 Proben), BF Lintnerbach, Mühlviertel (2003: 15 Proben), BF Schafbach, Mühlviertel (2002: 15 Proben), BF Steinerne Mühle, Mühlviertel (2002: 15 Proben).

Populationen des 19. Jh.: SF Attersee (1876: 3 Proben, 1881: 1 Probe), SF Traunsee (1863: 3 Proben, 1883: 3 Proben, 1899: 1 Probe, 1890: 2 Proben, 1909: 1 Probe), BF Bad Aussee, Stmk. (1880: 6 Proben, 1890: 3 Proben), BF Filzbach, 1800 m Seehöhe, Pinzgau, Sbg. (1899: 5 Proben), BF Hintersee, Sbg. (1900: 1 Probe, 1902: 6 Proben), BF Krems bei Kirchdorf, OÖ. (1878: 4 Proben), BF Mürz, Stmk. (1880: 5 Proben), BF Traun, Bad Ischl, OÖ. (1887: 8 Proben).

Genotypische Untersuchungen

Von den zu untersuchenden Fischen wurden Gewebeproben entnommen und in 96% Äthanol konserviert. Auch das Museumsmaterial war in Alkohol gelagert. Über dessen Vorbehandlung insbesondere mit Formaldehyd und die Einwirkungsdauer desselben gibt es keine exakten Angaben. Die Proben wurden homogenisiert, das Protein mittels Protease K verdaut und die DNA mittels NucleoSpin-Verfahren (Macherey-Nagel GmbH, Deutschland) zuerst aufgereinigt und dann eluiert. Mittels der Polymerase-Kettenreaktion (Polymerase Chain Reaction = PCR) wurden das ND1 Segment und das ND5/6 Segment der mitochondrialen DNA (mtDNA) amplifiziert (30 Zyklen jeweils 30 sec bei 95°C, 45 sec bei 52°C, 150 sec bei 72°C). Die verwendeten Primerpaare waren 5'-GCCTCGCCTGTTTAC-CAAAAACAT-3' und 5'-GGTATGGGCCCGAAAGCTTA-3' für das ND1 Segment und 5'-AATAGTCATC-CATTGGTCTTAGG-3' und 5'-TAACAACGGTGGTTTTTCAAGTCA-3' für das ND 5/6 Segment. Das ND1 Segment wurden anschließend mit den Restriktionsenzymen AluI, AvaII, HaeIII, HinfI geschnitten, das Segment ND5/6 mit den Enzymen ClaI, HinfI, HpaII und TaqI. Voruntersuchungen hatten gezeigt, dass diese Enzyme für eine Unterscheidung der zu untersuchenden Populationen am Besten geeignet waren. In Voruntersuchungen wurde auch das Cyt B/D-loop Segment amplifiziert und mit den Restriktionsenzymen HinfI, HpaII, RsaI und TaqI geschnitten. Dies brachte aber für die untersuchten Populationen keine klaren diagnostischen Aussagen. Die resultierenden DNA-Fragmente wurden mittels Polyacrylamidgelelektrophorese und einem Tris-Borat-Buffer-System aufgetrennt. Färbung und Größenbestimmung der aufgetrennten Moleküle erfolgte mittels Routinemethoden. Für sämtliche untersuchten Proben wurde das PCR-Produkt mittels Polyacrylamidgelelektrophorese auf Größe des amplifizierten Teilstücks und Einheitlichkeit (Amplifikation von nur einem Abschnitt) untersucht sowie die Menge der amplifizierten DNA semiquantitativ ermittelt. Ausgewählte Proben wurden mehrmals analysiert, um die Reproduzierbarkeit der Methode sicherzustellen.

Zur Auswertung wurden die Gele digitalisiert, eine Restriktions-Fragment-Matrix wurde erstellt, und diese für die Auswertungsprogramme Popgene 1.31., Phylip und Arlequin aufbereitet. Das Vorkommen und die Häufigkeit der aus

den RFLP-Mappen resultierenden Haplotypen sowie deren genetische und biochemische Diversität wurde ermittelt. Dann wurde die genetische Distanz (Nei 1972) zwischen den untersuchten Zuchtpopulationen, Wildpopulationen und Museumspopulationen berechnet. Um den Verwandtschaftsgrad und die Beziehungen zwischen den Populationen besser darstellen zu können, wurden Dendrogramme, basierend auf Nei's (1972) genetischer Distanz, erstellt (Methode: UPGMA, modifiziertes Neighbour Verfahren der PHYLIP Version 3.5). In den Ergebnissen wurden die Zuchtstämme aus Anonymitätsgründen codiert.

Ergebnisse

Entsprechend dem Bandenmuster der amplifizierten und dann mit Restriktionsenzymen geschnittenen DNA-Segmente konnten 16 verschiedene Haplotypen (genetische Typen) definiert werden. Ihr Vorkommen und ihre Häufigkeit variierte in den untersuchten Populationen (Daten werden nicht gezeigt). Manche Populationen wiesen nur einen Haplotyp auf, andere dagegen 3 oder sogar 4 (Daten werden nicht gezeigt). Entsprechend variierte auch die genetische und die biochemische Diversität. Grundsätzlich waren die mittlere genetische und biochemische Diversität sowie der prozentuelle Anteil der polymorphen Restriktionsorte bei Zuchtpopulationen (genetische Diversität: $0,023 \pm 0,22$, biochemische Diversität $53,9 \pm 26,0$, polymorphe Restriktionsorte $5,3 \pm 4,7\%$; $n = 13$) und rezenten Wildpopulationen (genetische Diversität: $0,024 \pm 0,021$, biochemische Diversität $60,1 \pm 28,9$, polymorphe Restriktionsorte $6,7 \pm 5,1\%$; $n = 14$) höher als bei Populationen aus dem 19. Jh. (genetische Diversität: $0,007 \pm 0,002$, biochemische Diversität: $33,7 \pm 16,9$, polymorphe Restriktionsorte $1,4 \pm 0,8\%$; $n = 8$).

Die genetische Entfernung (Berechnung nach Nei, 1972) stellt ein Maß dar, mit dem die genetische Unterschiedlichkeit zwischen Populationen berechnet werden kann, wobei der Wert umso größer wird, je größer der Unterschied ist. Zwischen den untersuchten Populationen betrug die maximale genetische Entfernung 0,802, die minimale genetische Entfernung 0,071. Die mittlere genetische Entfernung zwischen den untersuchten Zuchtpopulationen betrug $0,451 \pm 0,146$ (Mittelwert \pm Standardabweichung für alle möglichen Vergleiche von zu dieser Gruppe gehöri-

Tab. 1: **Bachforellen- bzw. Seeforellenpopulationen, die zueinander eine geringe (<0,300) genetische Entfernung (NGD) (nach Nei, 1972) aufweisen.** Da Zuchtstämme aus Anonymitätsgründen codiert wurden, ist der Vergleich Zucht–Zucht nicht aufgelistet.

Vergleich		NGD
Wild 19. Jh.	Wild 19. Jh.	
SF Attersee	BF Hintersee	0,253
BF Aussee	BF Filzbach	0,261
SF Attersee	BF Aussee	0,269
BF Mürz	BF Aussee	0,270
BF Aussee	BF Traun	0,275
SF Attersee	BF Krems	0,290
BF Mürz	BF Filzbach	0,298
BF Krems	BF Hintersee	0,299
Rezent wild	Zucht	
BF Aurach	Zuchtstamm A	0,298
Rauchenbach	Zuchtstamm A	0,288
BF Schnablinger Bach	Zuchtstamm B	0,275
BF Lintnerbach	Zuchtstamm B	0,26
BF Steinforelle	Zuchtstamm B	0,268
Rezent wild	Rezent wild	
BF Schnablinger Bach	BF Lintnerbach	0,071

gen Populationen), zwischen den rezenten Wildpopulationen $0,436 \pm 0,069$. Zwischen den Museumspopulationen war die genetische Entfernung geringer, da sie nur $0,343 \pm 0,057$ betrug. Wurden die Wildpopulationen des 19. Jh. mit den rezenten Wildpopulationen verglichen, ergab sich eine mittlere genetische Entfernung von $0,440 \pm 0,090$ (Mittelwert \pm Standardabweichung für alle möglichen Vergleiche). Zwischen den rezenten Wildpopulationen und Zuchtpopulationen betrug die mittlere genetische Entfernung $0,437 \pm 0,068$, zwischen den rezenten Wildpopulationen und Zuchtpopulationen $0,432 \pm 0,143$.

Basierend auf den Mittelwerten und den Minimum/Maximum-Werten der genetischen Entfernung, wurde angenommen, dass Populationen mit einer genetischen Entfernung $<0,300$ eine genetische Ähnlichkeit haben. Unter dieser Annahme hatten alle Populationen des 19. Jh. untereinander einen ähnlichen Genotyp (Tabelle 1), obwohl sie wie die rezenten Populationen aus unterschiedlichen Einzugsgebieten stammen. Auch verschiedene Zuchtpopulationen und rezente Wildpopulationen waren untereinander und zueinander genetisch ähnlich (Tabelle 1). Dagegen war zwischen rezenten Wildpopulationen und Populationen des 19. Jh. die genetische Distanz $>0,300$, ebenso zwischen rezenten Zuchtpopulation und Populationen des 19. Jh. Einige Populationen wiesen eine genetische Distanz von $0,300$ bis $0,350$ zu Populationen des 19. Jh. auf, was als eine »entfernte« genetische Ähnlichkeit bezeichnet werden kann. Diese sind in Tabelle 2 aufgelistet.

Die genetische Entfernung bzw. Ähnlichkeit zwischen den untersuchten Populationen wurde auch in einem Dendrogramm mittels graphischer Methoden dargestellt. Ein Dendrogramm des hier gezeigten Typs besteht aus Ästen und Knoten (Aufzweigungspunkten). Je kürzer die über die Äste und Knoten dargestellte Verbindung zwischen zwei Populationen ist, desto enger sind sie verwandt. Die Entfernung wird dabei mit Hilfe des beigefügten Maßstabs bestimmt. Weiters werden durch diese Art der Darstellung Populationen, die zueinander am ähnlichsten sind, in dieselben Gruppen eingeordnet. Das Dendrogramm für die untersuchten *Salmo trutta*-Populationen wird in Abbildung 2 gezeigt. Es weist 3 große Gruppen auf: Gruppe 2, die mittlere Gruppe, wird nur von den Wildpopulationen des 19. Jh. gebildet. Keine rezenten Populationen wurden zu den Populationen des 19. Jh. positioniert. Gruppe 1, die obere Gruppe, besteht aus rezenten Wild- und Zuchtpopulationen, wobei in diese Gruppe vorwiegend Wildpopulationen aus dem Mühlviertel und Zuchtpopulationen aus dem Alpenvorland positioniert wurden (Ausnahmen: 1 Zuchtstamm, SF Walchensee). In Gruppe 3, der unteren Gruppe, finden sich hauptsächlich Populationen aus den Kalkalpen und deren Randgebieten (Flyschzone) sowie aus den Zentralalpen (Ausnahme: Population BF Feistritz, Mühlviertel). Einige Populationen wurden völlig separat positioniert (BF Ameisbach und 2 Zuchtstämme). Diese Populationen weisen eine große genetische Entfernung zueinander und zu den anderen Populationen auf. Äußerst isoliert positioniert wurde auch eine Gruppe, bestehend aus SF Attersee, rezent, BF Blühnbach und ein Zuchtstamm. Am isoliertesten überhaupt steht der dänische Zuchtstamm Erboe. Für die Wildpopulationen aus Gruppe 1 (Mühlviertel) und aus Gruppe 3 (Kalk- und Zentralalpen) wurde abschließend die mittlere genetische Entfernung berechnet. Sie betrug für die Populationen des Mühlviertels $0,382 \pm 0,082$, für die Populationen der Kalk- und Zentralalpen $0,401 \pm 0,041$. Zwischen den Populationen des Mühlviertels und der Alpen war die genetische Distanz $0,446 \pm 0,063$. Da die genetische Distanz zwischen den Populationen des Mühlviertels und der Alpen nur geringfügig höher ist als innerhalb dieser Regionen, ist der Grad der Differenzierung gering. Dies zeigt sich auch im Dendrogramm in der geringen Astlänge bis zu den Knotenpunkten.

Diskussion

Dies ist die erste Studie zur Molekulargenetik von österreichischen *Salmo trutta*-Populationen, die neben rezentem Material auch Museumsmaterial aus dem 19. Jahrhundert verwendet, also Daten von ursprünglichen Populationen, bevor die intensive Nachbesetzung einsetzte. Dadurch ist erstmals eine klare Definition eines ursprünglichen *Salmo trutta*-Genotyps möglich, und Fragen über Ursprünglichkeit/Nichtursprünglichkeit von Populationen können damit exakter geklärt werden. Grundsätzlich besteht bei Museumsmaterial die Gefahr, dass DNA durch nicht

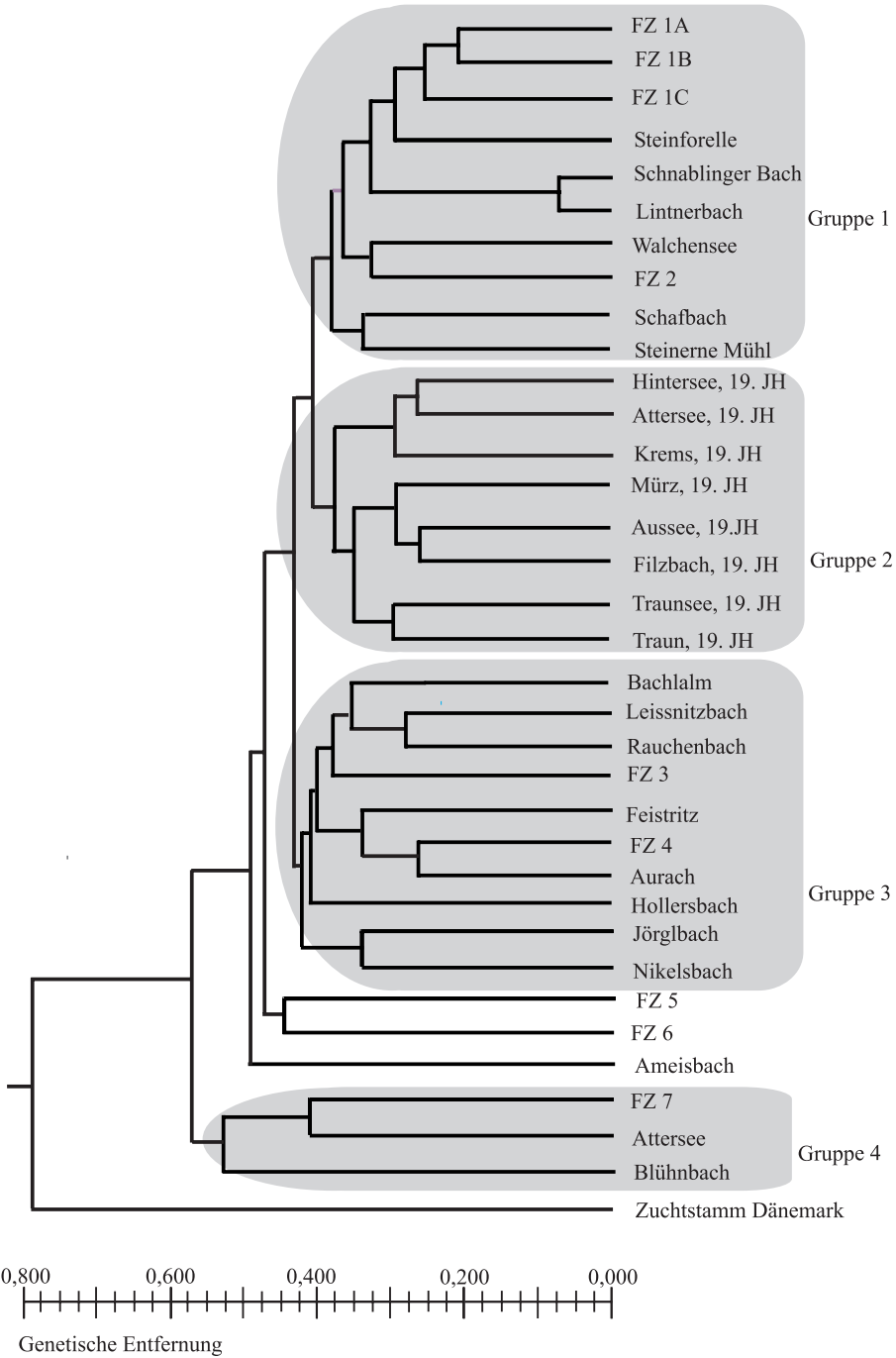


Abb. 1: Dendrogramm, basierend auf Nei's (1972) genetischer Distanz (Methode: UPGMA, modifiziertes Neighbour-Verfahren der PHYLIP Version 3.5) für die untersuchten *Salmo trutta*-Populationen. Die Zuchtstämme wurden aus Anonymitätsgründen codiert. Die Interpretation des Diagramms ist in den Ergebnissen beschrieben.

geeignete Konservierung, insbesondere durch länger andauernde Formexposition, zerstört bzw. verändert wird. Dies schließen wir aber aus, da bei Museumsmaterial das amplifizierte PCR-Produkt von gleicher Größe (Basenpaare) und Quantität war wie bei optimal konservierten Proben und ein einheitlicher DNA-Abschnitt amplifiziert wurde.

Aus der vorliegenden Studie können folgende Schlüsse gezogen werden:

1. Im Gegensatz zu den rezenten *Salmo trutta*-Populationen weisen die untersuchten Populationen des 19. Jh. einen anderen Genotyp auf und sind genetisch homogener, da die genetische Diversität, biochemische Diversität und Häufigkeit der polymorphen Restriktionsorte gering ist. Ebenso ist die genetische Entfernung zwischen den einzelnen Populationen des 19. Jh. geringer als zwischen den einzelnen rezenten Populationen. Der Genotyp der rezenten Zucht- und Wildpopulationen ist also grundsätzlich anders und bedeutend variabler als im 19. Jh. Für Zuchtpopulationen sind spezielle Genotypen durch Zucht und Selektion unter kommerziellen Aspekten erklärbar. Für die Wildpopulationen kann für die letzten 100 Jahre sowohl eine natürliche Invasion in den österreichischen Raum ausgeschlossen werden als auch eine evolutionsbedingte Veränderung der mtDNA. Daher ist die Veränderung im Genotyp eindeutig auf menschlichen Einfluß zurückzuführen, also auf das Verdrängen von ursprünglichen Genotypen und das Einbringen von neuen.
2. Aufgrund der genetischen Entfernung können die rezenten Stämme auf ihre Verwandtschaft mit Genotypen des 19. Jh. überprüft werden. Hier zeigt sich, dass keine der untersuchten rezenten *Salmo trutta*-Populationen in ihrem Genotyp dem des 19. Jh. gleichen oder ähnlich sind (entsprechend der Annahme einer genetische Distanz $< 0,300$). Die Populationen, die eine »gewisse« genetische Ähnlichkeit (genetische Distanz von $0,300-0,350$) zu Populationen des 19. Jh. aufweisen, sind in Tabelle 2 aufgelistet. Auffällig ist, dass die meisten Populationen (Rauchenbach, Feistritz, Aurach, 2 Zuchtstämme) Ähnlichkeiten zur Population Hintersee 19. Jh. aufweisen. Da die Population Hintersee aus der damaligen Fischzucht stammt, könnte angenommen werden, dass es Ende des 19. Jh. von dort aus zu einer Besatzwelle kam. Bachforellenpopulationen des Schnablinger Bachs, Lintnerbachs und der Steinernen Mühl weisen eine gewisse genetische Ähnlichkeit zu Bachforellen aus Bad Aussee auf, also ebenfalls eines anderen Einzugsgebietes. Diese Bachforellen werden entsprechend den Protokollen des Naturhistorischen Museums aus der Zucht des Grafen Meran stammend beschrieben. Auch hier könnte mit Nachbesatz spekuliert werden. Die Ähnlichkeit zwischen der Population Hollersbach und der Population Traun 19. Jh. bleibt unerklärbar. Wie in den angeführten Populationen eine gewisse genetische Ähnlichkeit zu Geno-

Tab. 2: **Rezente Bachforellenpopulationen, die die größte Ähnlichkeit zu Populationen des 19. Jh. aufweisen** (genetische Entfernung [NGD] = $0,301-0,350$). Die Zuchtstämme wurden aus Anonymitätsgründen codiert.

Vergleich		NGD
Wild 19. Jh.	Rezent wild	
Hintersee 19. Jh.	BF Rauchenbach	0,320
Hintersee 19. Jh.	BF Feistritz	0,337
Hintersee 19. Jh.	BF Aurach	0,344
BF Traun 19. Jh.	BF Hollersbach	0,348
BF Aussee 19. Jh.	BF Schnablinger Bach	0,304
BF Aussee 19. Jh.	BF Lintner Bach	0,331
BF Aussee 19. Jh.	BF Steinerner Mühl	0,339
Wild 19. Jh.	Zucht	
Hintersee 19. Jh.	Zuchtstamm A	0,329
Hintersee 19. Jh.	Zuchtstämme B	0,301–0,344

typen des 19. Jh. bewahrt werden konnte, bleibt fraglich, da Angaben über Besatzmaßnahmen und Zuchtlinien nur begrenzt rückverfolgt bzw. wissenschaftlich verifiziert werden können.

3. Die Untersuchungen zeigen, dass auch rezente *Salmo trutta*-Wildpopulationen einen eigenständigen Genotyp aufweisen, der weder eine Verwandtschaft zu den untersuchten Zuchtstämmen noch zu den Genotypen des 19. Jh. aufweist. Diese Genotypen haben in ihren Gewässersystemen auch stabile, selbst reproduzierende Populationen ausgebildet, was in der Weise interpretiert werden kann, dass sie auch morphologisch, physiologisch und biochemisch an diese Gewässer adaptiert sind. Eigenständige Genotypen in österreichischen Bachforellenpopulationen wurden auch in früheren Studien beschrieben (Weiss et al., 2001). Darüber hinaus zeigt das Dendrogramm, dass die rezenten *Salmo trutta*-Populationen eine Differenzierung entsprechend der Fließgewässer-Bioregionen aufweisen, da Genotypen des Granit- und Gneishochlandes (Mühlviertel) und Genotypen der Zentralalpen und Kalkalpen bis auf wenige Ausnahmen in eigene Gruppen eingeordnet werden. Wie beschrieben, ist die Differenzierung aber gering. Dies spiegelt auch die im Anschluß berechnete mittlere genetische Distanz wider und könnte ein Hinweis auf einen hohe, anthropogen bedingte Vermischung sein.
4. Seeforellen (*Salmo trutta* f. *lacustris*) und Bachforellen (*Salmo trutta* f. *fario*) konnten auf genetischer Basis zwar als unterschiedliche Populationen voneinander aufgetrennt werden, aber nicht als eigenständige Unterarten oder Formen. Dies zeigt sich insbesondere im Dendrogramm, wo die Seeforellenpopulationen keine einheitliche Gruppe bilden, sondern »verstreut« zwischen den Bachforellenpopulationen liegen. Weiters wurden die aus dem 19. Jh. stammenden Bachforellen aus der Traun und Seeforellen aus dem Traunsee im Dendrogramm in gleiche Untergruppen positioniert, was die oben beschriebene These untermauert. Aus diesem Grund wird in dieser Arbeit auch nicht zwischen Seeforellen und Bachforellen unterschieden, sondern der Begriff »Forelle« oder »*Salmo trutta*« verwendet.
5. Eine weitere Studie (Lahnsteiner et al., 2003) zeigte, dass *Salmo trutta* des 19. Jh. auch einen anderen Phänotyp aufweisen als die rezenten Populationen, insbesondere da bei Populationen des 19. Jh. die Flossen lang und schmal sind, bei rezenten Formen dagegen kurz und breit. Dies weist darauf hin, dass *Salmo trutta*-Populationen in den letzten 100 Jahren zusätzlich morphologische Anpassungen erfuhren, die auf veränderte Umweltbedingungen zurückzuführen sind.

Danksagung

Wir bedanken uns für die großzügige Bereitstellung von Untersuchungsmaterial bei Herrn Dr. Mikschi aus dem Naturhistorischen Museum sowie den in Material und Methoden angeführten Fischzuchten und Bewirtschaftern von Wildgewässern.

LITERATUR

- Lahnsteiner F., Jagsch A., Jäger P. (2003). Der Phänotyp von Bachforellen- und Seeforellen aus rezenten Wildpopulationen, aus Wildpopulationen des 19. Jahrhunderts und aus Zuchten. Österreichs Fischerei, in Druck.
- Nei M. (1972). Genetic distance between populations. *American Naturalist* 106, 282–292.
- Weiss S., Schlötterer C., Waidbacher H., Jungwirth M. (2001). Haplotype (mtDNA) diversity of brown trout *Salmo trutta* in tributaries of the Austrian Danube: massive introgression of Atlantic basin fish – by man or nature. *Molecular Ecology* 10, 1241–1248.

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Österreichs Fischerei](#)

Jahr/Year: 2003

Band/Volume: [56](#)

Autor(en)/Author(s): Lahnsteiner Franz, Jagsch Albert

Artikel/Article: [Der Genotyp rezenter österreichischer *Salmo trutta*- Populationen im Vergleich zu Populationen des 19. Jahrhunderts, basierend auf RFLP von mtDNA 268-274](#)