

Populationsgenetische Untersuchung der Forellen im Kanton Aargau

PASCAL VONLANTHEN, THOMAS KREIENBÜHL & CORINNE SCHMID
Aquabios Sàrl / GmbH | Les Fermes 57 | CH-1792 Cordast | Switzerland

Zusammenfassung

Seit einigen Jahren werden genetische Methoden bei der Bewirtschaftung von Wildtierbeständen vermehrt hinzugezogen. Sie liefern den Bewirtschaftern wichtige Informationen über die genetische Vielfalt innerhalb von **Populationen** und erlauben es, genetische Unterschiede zwischen **Populationen** festzustellen. Mit der vorliegenden Studie möchte der Kanton Aargau die genetischen Eigenschaften der Bachforellen der kantonalen Gewässer und Fischzuchten (FZ) untersuchen. Die Resultate sollten anschließend genutzt werden, um biologisch sinnvolle Bewirtschaftungseinheiten (BWE) zu definieren.

Insgesamt wurden beinahe 3.000 Bachforellen aus 72 Gewässerstrecken und allen Fischzuchten analysiert. 93 % der beobachteten genetischen Unterschiede zwischen den natürlichen Probestandorten (ohne Fischzuchten) sind statistisch signifikant. Folglich findet nur wenig Genaustausch zwischen diesen Gewässern statt. Innerhalb der untersuchten Standorte konnte bei Forellen in der Regel eine genügend große genetische Vielfalt beobachtet und in den Fischzuchten ebenfalls keine Hinweise auf **Inzucht** festgestellt werden.

Lediglich zwei der untersuchten Probenahmen aus besetzten Gewässern (insgesamt 29) zeigten keine signifikante genetische Differenzierung gegenüber den Fischen aus den Fischzuchten. Weiter unterschieden sich die im Herbst abgefischten Sömmerlinge in sieben von neun untersuchten Aufzuchtgewässern genetisch signifikant vom Besatzmaterial aus der Fischzucht. Deshalb eignen sich diese Fische in den meisten Gewässern nicht für Besatzmaßnahmen. Zudem unterschieden sich in sieben von neun Aufzuchtgewässern die im Herbst abgefischten Sömmerlinge genetisch signifikant von den Bachforellen im Besatzgewässer. Das ist ein Hinweis darauf, dass sich die Besatzfische aus den Aufzuchtgewässern auch nicht für den Besatz in die jeweiligen Besatzgewässer eignen.

Die Untersuchung von Forellen der großen Flüsse zeigt im Unterschied zu den Forellen aus unterschiedlichen Bächen eher kleinere genetische Unterschiede. Die genetische Differenzierung zwischen den Flüssen und deren direkten Zuflüssen sind aber signifikant. Grundsätzlich sollten daher die vier großen Flüsse getrennt und separat von ihren Zuflüssen bewirtschaftet werden.

Weiter zeigen die Resultate, dass **Genfluss** aus den Fischzuchten in die natürlichen **Populationen** stattgefunden hat. Trotzdem sind die genetischen Unterschiede zwischen den natürlichen Probestandorten in der Regel statistisch signifikant. Dies zeigt, dass trotz jahrzehntelanger Besatzmaßnahmen noch lokale **Populationen** vorhanden sind. Diese Resultate lassen auch vermuten, dass die natürliche Fortpflanzung in vielen Gewässern eine wichtige Rolle spielt. Würden die meisten Fische aus dem Besatz stammen, wären nur sehr geringe und nicht signifikante Unterschiede zwischen den Fischzuchten und den Forellen in den Gewässern zu erwarten. Dies war allerdings nicht der Fall.

Auf Grund der genetischen Resultate und aufbauend auf einem durch das Bundesamt für Umwelt (BAFU) ausgearbeiteten Verfahren wurden in Zusammenarbeit mit der Fischereibehörde des Kantons Aargau insgesamt 35 Bewirtschaftungseinheiten (BWE) definiert. Die hohe Anzahl genetisch differenzierter Gewässer hätte eine deutlich höhere Anzahl BWE gerechtfertigt, darauf wurde jedoch zu Gunsten der Praxistauglichkeit verzichtet. Die Bewirtschaftung, dazu gehören der Laichfischfang, die Aufzuchtgewässer und die Besatzgewässer, sollten in Zukunft ausschließlich innerhalb der Grenzen dieser BWE stattfinden.

EINLEITUNG

Fischrückgang, Besatz und genetische Vielfalt

Der Druck auf unsere Gewässer, der z. B. durch die Energieproduktion, den Hochwasserschutz, die Landwirtschaft, Infrastrukturanlagen, der Wasserqualität und den Klimawandel entsteht, ist immens. An den Fischen geht dies nicht spurlos vorbei. So sind die Bestände, auch die der Forelle, in den letzten Jahrzehnten in vielen Gewässern stark zurückgegangen. Um diesem Trend entgegenzuwirken, wurde unter anderem auch der Fischbesatz eingeführt. Die Hoffnung war, dass die negativen Auswirkungen der Veränderungen im Gewässer zumindest teilweise kompensiert werden können. Dies war allerdings nicht der Fall und die Besatzmaßnahmen wurden intensiviert. Heute sind Besatzmaßnahmen aus der fischereilichen Bewirtschaftung kaum wegzudenken. Trotzdem mehrten sich – insbesondere seit der Weiterentwicklung der molekularbiologischen Methoden – die Stimmen aus der Wissenschaft, die den Nutzen des Besatzes hinterfragen, da diese Besatzmaßnahmen lokal angepasste Populationen und somit die genetische Vielfalt beeinträchtigen können ^[1].

Die genetische Vielfalt der lebenden Organismen bildet, gemeinsam mit der Artenvielfalt und der Vielfalt der Ökosysteme, einen der drei Grundpfeiler für die globale Biodiversität. Es ist erwiesen, dass die genetische Vielfalt für das Überleben einer **Art** eine entscheidende Rolle spielt ^[2]. Die genetischen Eigenschaften einer **Population** entwickeln sich fortlaufend mit den Umweltbedingungen. Dies z. B. durch die **natürliche Selektion**, die in jeder Generation diejenigen genetischen Eigenschaften bevorzugt, die einem Individuum eine erhöhte Überlebens- und Fortpflanzungsfähigkeit ermöglichen ^[1, 3]. Der Einfluss der **natürlichen Selektion** und der **genetischen Drift** auf eine **Population** hängt stark von deren Größe ab. Kleine und isolierte **Populationen** sind dabei in der Regel wesentlich empfindlicher gegenüber **Drift** als größere **Populationen**, bei denen die **Selektion** wirkungsvoller sein kann ^[2].

Zusätzlich besteht bei kleinen **Populationen** die Gefahr, dass **Inzuchtphänomene** auftreten. Diese können wegen Akkumulation schädlicher **Allele** zum Aussterben einer **Population** führen. Anders als bei Großsäugetieren sind **Inzuchtphänomene** bei Fischen, die in einer natürlichen Umgebung leben, eher selten. Diese Gefahr besteht daher vor allem in Fischzuchten (FZ).

Oft wird angenommen, dass durch Besatzmaßnahmen mit Fischen aus genetisch unterschiedlichen **Populationen** die Überlebensfähigkeit der Fische erhöht wird, da die genetische Vielfalt einer lokalen **Population** erhöht wird. Diese Annahme ist allerdings nur in Bezug auf **Populationen** mit **Inzuchteffekten** gerechtfertigt. Wenn keine **Inzuchtproblematik** vorliegt, sind negative genetische Veränderungen zu erwarten, die sich auf die Überlebensfähigkeit (**Fitness**) der **Population** auswirken. Eine künstliche Vermischung von **Populationen** kann also zum Verlust von lokalen Anpassungen führen und so die Überlebensfähigkeit einer lokalen **Population** reduzieren.

Von einer fischereilichen Bewirtschaftung, die ungeachtet der Herkunft von Besatzfischen praktiziert wird, geht demnach eine erhebliche Bedrohung für die genetische Integrität und möglicherweise auch für die **Fitness** der lokalen Bestände aus ^[1]. Das Ziel einer nachhaltigen Bewirtschaftung der Fischbestände muss daher sein, die genetischen Ressourcen einer lokal

angepassten **Population** zu erhalten. Deshalb sollten entsprechende Bewirtschaftungseinheiten (BWE) ausgeschieden und bei der Bewirtschaftung berücksichtigt werden.

Bewirtschaftung im Kanton Aargau

Das Bundesgesetz über die Fischerei (BGF, SR 923.0) verlangt für den Einsatz von standortfremden Fischen eine Bewilligung durch den Bund (Art. 6 BGF). Durch die Erteilung dieser »Artenschutzbewilligung« soll der freie Transfer von Fischen aus verschiedenen Einzugsgebieten verhindert werden. Dies wird heute in der Schweiz und auch im Kanton Aargau berücksichtigt. Der Einsatz von einheimischen Fischen innerhalb des gleichen Einzugsgebiets bleibt ohne Bewilligung des Bundes möglich (Art. 8 Abs. 2 Verordnung zum Bundesgesetz über die Fischerei, VBGF, SR 923.1), wobei es in der Kompetenz der Kantone liegt, lokal relevante Bewirtschaftungseinheiten zu bestimmen (Art. 8 Abs. 3 VBGF). Dabei gelten unter anderem **Populationen** mit genetischen Differenzierungen als »standortfremd« (Art. 6 Abs. 2 Bst. c VBGF).

Bis heute wurde im Kanton Aargau angenommen, dass eine Bewirtschaftung der Fischbestände mit aus dem Kanton stammendem Besatzmaterial einer nachhaltigen Bewirtschaftung in Bezug auf die Genetik genügt und der Gesetzgebung entspricht. Das von der Fischereiverwaltung unter der Mitarbeit der Fischereikommission verabschiedete Besatzkonzept vom Februar 2011 sieht einen Fischeinsatz von standortgerechten Besatzfischen vor. Die Fischereifachstelle des Kantons Aargau nahm bisher an, dass es sich bei den Forellen im Kanton Aargau um eine einzige **Population** handelt, nämlich die des Rheineinzugsgebietes. Verschiedene genetische Studien haben in den letzten Jahren allerdings gezeigt, dass bei Forellen auf kleinem Raum genetisch differenzierte **Populationen** vorkommen^[4].

Biologie der Forelle

Forellen laichen gewöhnlich auf kiesigem Substrat. Um die Laichgründe zu erreichen, nehmen Forellen kleinere bis mittlere Wanderungen auf sich. Die Forellen zeigen dabei wie die Lachse ein ausgeprägtes Homingverhalten^[5, 6]. So migrieren die meisten Fische in ihr Geburtsgewässer, um sich fortzupflanzen. Dieses Verhalten der Forellen hat Konsequenzen auf den **Genfluss** zwischen den **Populationen**, denn dieser wird ohne Wanderhindernisse durch dieses Verhaltensmuster natürlich eingeschränkt. Dies führt dazu, dass sich Forellen auch innerhalb eines Flusssystemes auf engstem Raum genetisch unterscheiden^[4, 7].

Nach der Fortpflanzung kehren die Forellen in der Regel in ihren angestammten Lebensraum zurück. Die Brütlinge verbringen meist einige Zeit in ihren Geburtsgewässern. Danach wandert ein Teil der Fische natürlich flussabwärts ab.

Außerhalb der Laichzeit lebt die Forelle in unterschiedlichen Habitaten und ihr äußeres Erscheinungsbild (*Abbildung 3-3*) kann stark variieren^[5, 8]. Sie lebt oft in kühlen Bächen der Forellenregion, kommt allerdings auch in geringeren Dichten in den Flüssen und Seen des Kantons vor. Die Lebensräume unterscheiden sich dabei von Gewässer zu Gewässer mehr oder weniger stark in der Wassertemperatur, der Hydrologie, dem Geschiebetrieb, vorkommenden Krankheiten, dem Nahrungsangebot oder der Gewässer- sowie der Lebensraumqualität.

All diese Faktoren führen dazu, dass sich Forellen durch Evolution, d. h. als Antwort auf die **natürliche Selektion**, genetisch an die lokalen Umweltbedingungen anpassen können^[9]. Diese Anpassung bringt einer Forellen**population** Vorteile in Bezug auf das Überleben und den Fortpflanzungserfolg (höhere **Fitness**) in ihrem eigenen Lebensraum. Sie sind kompetitiver und besser an die dort herrschenden Bedingungen angepasst als Fische aus anderen Lebensräumen. Durch Besatzmaßnahmen mit Fischen aus anderen Gewässern oder Zuchten, die sich an die entsprechenden Lebensräume angepasst haben, kann es durch genetische Vermischung zu einem Verlust dieser lokalen Anpassungen kommen. In der Folge zeichnen sich die Fische durch eine geringere **Fitness** aus^[3, 10].

Fragestellung und Auftrag

Folgende Fragestellungen standen im Fokus dieser Arbeit:

- Gibt es zwischen Forellen der verschiedenen Gewässer im Kanton Aargau genetische Unterschiede (kantonale Übersicht)?
- Sind die Forellen aus den Fischzuchten für Besatzmaßnahmen, bezogen auf die Gesetzgebung und das Besatzkonzept, in den jeweiligen Gewässern geeignet?
- Bestehen genetische Unterschiede zwischen den im Herbst abgefishchten Sömmerlingen aus den Aufzuchtgewässern und den jeweiligen Fischzuchten, bzw. deren Besatzgewässern?
- Können Konsequenzen der bisherigen Besatzmaßnahmen auf die Genetik der lokalen Forellen festgestellt werden?
- Wie viele lokale Bewirtschaftungseinheiten sollten aufgrund der genetischen Ergebnisse im Kanton Aargau ausgeschieden werden?

Probenahme

Die Probenahme der Forellen aus den kantonalen Gewässern (Abbildung 3-2) wurden durch die Sektion Jagd und Fischerei durchgeführt. Pro Standort wurden 150–300 m des Gewässers elektrisch befishcht und möglichst von adulten Forellen eine kleine Gewebeprobe für die genetische Analyse entnommen. Insgesamt wurden 2641 Forellen untersucht. Dabei wurden 383 Forellen aus Zuchten, 2016 Forellen aus Bächen, 191 Forellen aus Flüssen, und 51 Forellen aus dem Hallwilersee in die Studie miteinbezogen.

Gibt es zwischen Forellen der verschiedenen Gewässer im Kanton Aargau genetische Unterschiede?

Genetische Differenzierung zwischen Probenahme-Standorten

Für die Definition von Bewirtschaftungseinheiten sind die Höhe des genetischen Unterschieds und die statistische Signifikanz entscheidend. Mit statistischen Methoden lässt sich, basierend auf zwei Stichproben, errechnen, wie groß die Wahrscheinlichkeit ist, einen gewissen genetischen Unterschied zu beobachten, obwohl dieser in der Natur eigentlich nicht vorhanden wäre. Wenn diese Wahrscheinlichkeit kleiner ist als 5 %, sprechen Wissenschaftler von statistischer Signifikanz. Wenn also für den Vergleich von zwei Probenahme-Standorten ein



Abbildung 3-1. Viele der Proben wurden nach Elektrofischungen gesammelt.

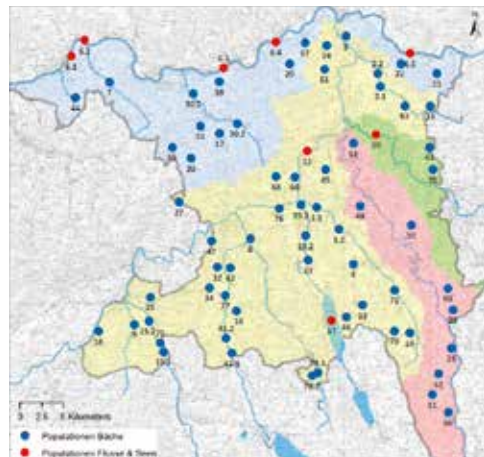


Abbildung 3-2. Standorte der Probenahmen in den Gewässern des Kantons Aargau.

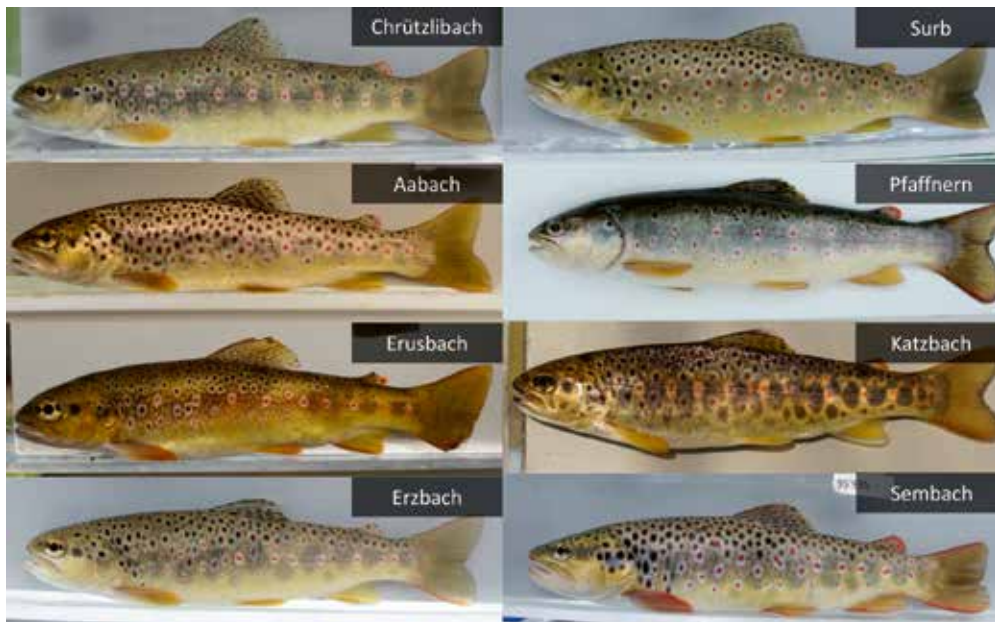


Abbildung 3-3. Vielfältiges Erscheinungsbild einiger Forellen im Kanton Aargau.

Signifikanzwert (auch p-Wert genannt) von unter 5 % berechnet wird, unterscheiden sich die Forellen der beiden Standorte statistisch signifikant voneinander. Der p-Wert hängt vom Ausmaß der genetischen Differenzierung und von der Stichprobengröße ab. In der Regel ist eine Stichprobe von ca. 30 Individuen pro Stichprobe notwendig, um eine vertrauenswürdige Berechnung des genetischen Unterschieds und der statistischen Signifikanz zu erreichen. Deshalb wurde im Feld versucht, mindestens jeweils ca. 30 Fische pro zu untersuchende Stelle zu beproben. Diese Anzahl konnte jedoch nicht immer erreicht werden. Um eine minimale statistische Aussagekraft zu wahren, wurden Standorte mit weniger als 18 Fischen von der Analyse ausgeschlossen oder die Proben von nahegelegenen Standorten entsprechend zusammengefasst.

Das meist angewandte Maß für die genetische Differenzierung ist der **F_{ST}-Wert** (engl. für Fixation Index). Dieser kann Werte zwischen 0 (keine Differenzierung) und 1 (vollständig verschieden) annehmen. Dabei werden **F_{ST}-Werte** zwischen 0 und 0.05 als Hinweis für eine schwache, Werte zwischen 0.05 und 0.15 für eine mäßige, Werte zwischen 0.15 und 0.25 für eine starke, und Werte > 0.25 als Hinweis für eine sehr starke genetische Differenzierung angesehen^[4]. Die Höhe des **F_{ST}-Wertes**, der zwischen zwei **Populationen** beobachtet wird, hängt von verschiedenen Parametern ab. Die zwei wichtigsten dürften die **genetische Drift** und der **Genfluss** zwischen den verschiedenen **Populationen** sein. Unter dem Begriff **genetische Drift** wird die vom Zufall abhängige, nicht durch **natürliche Selektion** gesteuerte, Veränderung der genetischen Zusammensetzung (in der Fachsprache **Allelfrequenz** genannt) innerhalb einer **Population** verstanden. Sie führt dazu, dass genetische Unterschiede an neutralen Markern (z. B. **Mikrosatellitensequenzen** der **DNS**, die standardmäßig bei solchen genetischen Studien untersucht werden) entstehen. Je kleiner dabei eine **Population** ist, desto rascher entstehen genetische Unterschiede. Demgegenüber führt der **Genfluss** dazu, dass sich genetisch unterschiedliche **Populationen** annähern, also genetisch vermischt werden. Die heute beobachteten genetischen Unterschiede sind also abhängig von den Populationsgrößen (heute und in der Vergangenheit) und dem **Genfluss** zwischen den



Abbildung 4-1. Anteil signifikanter F_{ST} -Werte, die zwischen den verschiedenen Probenahme-Standorten im Kanton Aargau beobachtet wurden.

Populationen. Dies führt dazu, dass bei verschiedenen Fischarten mit ihren unterschiedlichen biologischen Eigenschaften unterschiedlich hohe genetische Unterschiede beobachtet werden. Die Groppen beispielsweise weisen schweizweit sehr hohe genetische Unterschiede auf, dies weil sie in vielen kleinen **Populationen** vorkommen, und weil viele von diesen von den anderen isoliert sind. Dies auch, weil die Groppen im Verlauf ihres Lebens nur wenig wandern. Die **genetische Drift** ist also eher stark und der **Genfluss** eher klein ^[11, 12]. Ganz anders bei den Nasen. Sie leben in großen Schwärmen in den Hauptgewässern des Mittellandes und steigen in die Seitengewässer zur Fortpflanzung auf. Sie sind dabei ziemlich wanderfreudig, scheinen aber kein ausgeprägtes Homing-Verhalten an den Tag zu legen. Konsequenterweise sind die genetischen Unterschiede zwischen den **Populationen** in der Schweiz (zumindest im Rhein unterhalb des Rheinfalls) sehr klein und statistisch nicht signifikant ^[13, 14].

Für die Forellen der in dieser Studie untersuchten Standorte (Fischzuchten ausgenommen) wurden die F_{ST} -Werte im Programm ARLEQUIN v. 3.1 ^[15] berechnet. Von 2.145 paarweisen Vergleichen über den gesamten Kanton gemessen zeigten 2004 Vergleiche (93,4 %) statistisch signifikante genetische Unterschiede (*Abbildung 4-1*). Fische der meisten Probenahme-Standorte sind also genetisch signifikant verschieden voneinander. In der Regel waren nur kleine genetische Unterschiede, die unter einem F_{ST} -Wert von 0.01 liegen, nicht signifikant. Sobald der F_{ST} -Wert über 0.02 liegt, ist er statistisch signifikant und somit auch für die Bewirtschaftung relevant.

Wenn die paarweisen Vergleiche nach ihrem Ausmaß eingeteilt werden, zeigt sich, dass 80 % dieser paarweisen Vergleiche zwischen den Standorten schwache genetische Unterschiede aufweisen (*Abbildung 4-2*). 18 % weisen mittlere genetische Unterschiede auf. 2 % weisen starke genetische Unterschiede auf. Über alle Standorte gemessen liegt der mittlere F_{ST} bei 0.037. Die Unterschiede liegen somit in einem ähnlichen Bereich wie in anderen in der Schweiz an Forellen durchgeführten genetischen Studien ^[4].

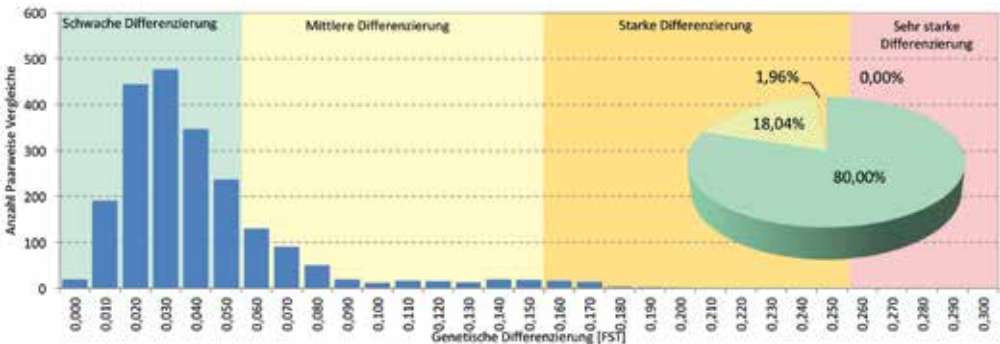


Abbildung 4-2. Häufigkeiten der im Kanton Aargau zwischen den Forellen der untersuchten Standorte beobachteten genetischen Unterschiede (F_{ST} -Werte, $N=2145$).

Über den gesamten Kanton gesehen sind die mittleren und hohen genetischen Unterschiede eher im Osten zu finden (*Abbildung 4-3*).

Werden die genetischen Unterschiede der einzelnen Probenahme-Standorte etwas genauer untersucht, fallen zwei auf, die besonders hohe genetische Unterschiede gegenüber anderen Standorten aufweisen (Widenbach [Standort Nr. 69]: mittlerer F_{ST} = 0.158; Bruggbach [Standort Nr. 51]: mittlerer F_{ST} = 0.122), während alle anderen Probenahme-Standorte schwache bis mäßige Differenzierungen aufweisen (F_{ST} im Mittel zwischen 0 und 0.063).

Zwei Ursachen können die beobachteten hohen Werte der beiden Probenahme-Standorte erklären:

1. Der genetische Unterschied zwischen zwei **Populationen** hängt wie bereits erläutert stark vom **Genfluss**, also der Migration zwischen zwei **Populationen** ab. Umso weniger Individuen zwischen den **Populationen** migrieren, desto größer wird die genetische Differenzierung mit der Zeit. Die geringe Migrationsrate kann beispielsweise durch natürliche oder künstliche Wanderhindernisse verursacht werden.
2. Der genetische Unterschied ist ebenfalls von der **genetischen Drift** abhängig. Diese **genetische Drift** ist abhängig von der Populationsgröße. Je kleiner eine **Population**, zum Beispiel wenn sie im Oberlauf eines Gewässers lebt und durch ein Wanderhindernis vom Unterlauf getrennt ist, desto stärker ist die **genetische Drift**. Vor allem auch kleine Gründerpopulationen (sogenannte demografische Flaschenhälse) führen zu starker **genetischer Drift**.

Die beiden Probenahme-Standorte zeigen in den Basisanalysen eine verringerte genetische Vielfalt, signifikante F_{IS} -Werte und ein erhöhtes Auftreten von **Linkage Disequilibrium**. Eine weitere Analyse (mit dem Programm Colony) zeigt zudem, dass viele der beprobten Fische als Vollgeschwister oder Halbgeschwister eingestuft werden. Die Standorte wurden somit entweder ungenügend beprobt (zu viele Geschwister) oder die Fische sind durch einen **demografischen Flaschenhals** gegangen, der zu einer starken Reduktion der genetischen Vielfalt geführt hat. Beim Bruggbach zeigen die Abfischungsergebnisse eine normale Altersstruktur und eine hohe Anzahl gefangener Forellen. Es ist daher davon auszugehen, dass die Probenahme diese **Population** gut repräsentiert. Die hohen beobachteten genetischen Unterschiede dürften daher auf einen rezenten **demografischen Flaschenhals** mit damit einhergehender starker **genetischer Drift** zurückzuführen sein.

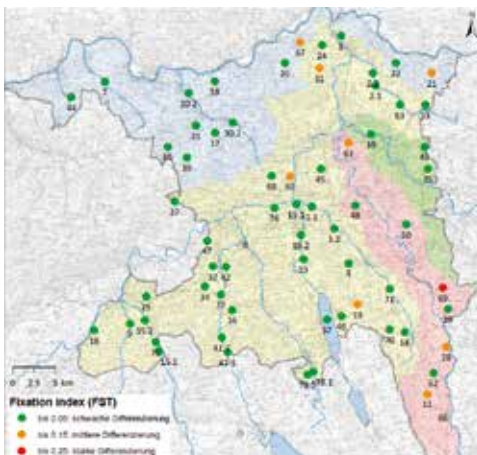


Abbildung 4-3. Mittlere F_{ST} -Werte der untersuchten Probenahme-Standorte mit einer Stichprobengröße von mehr als 18 Individuen. Die Farbe der Punkte entspricht dem mittleren genetischen Unterschied gegenüber allen anderen Standorten.

Die Forellen von 93 % der untersuchten Standorte im Kanton Aargau weisen statistisch signifikante genetische Unterschiede zu anderen Standorten auf. Folglich findet nur wenig Genaustausch zwischen diesen Gewässern statt. Die genetischen Unterschiede sind zwar eher schwach, aber vergleichbar mit anderen in der Schweiz durchgeführten Studien. Eine feinräumige, grundsätzlich in einzelne Fließgewässer eingeteilte Bewirtschaftung der Forellen, ist daher zu empfehlen.

Genetische Unterschiede zwischen Einzugsgebieten

Für die Bewirtschaftung ist entscheidend, wie die Größe der Bewirtschaftungseinheiten definiert wird. In der Regel ist der **Genfluss** zwischen **Populationen** innerhalb von nah gelegenen Fließgewässern oder Teileinzugsgebieten höher als zwischen Gewässern, die weit auseinander in unterschiedlichen Einzugsgebieten liegen. Somit finden sich kleinere genetische Differenzierungen häufiger zwischen geografisch nah gelegenen **Populationen**. Eine geografische Analyse der genetischen Daten kann Hinweise über die Verteilung der genetischen Vielfalt im Kanton liefern. In der Analyse der molekularen Varianz wurden die Probenahme-Standorte nach drei Szenarien untersucht. Eine Gruppierung der Standorte nach Großeinzugsgebieten (Aare, Reuss, Limmat, Rhein), nach Teileinzugsgebieten mit einem groben Raster (TZ150, Fläche von 150 km²) sowie Teileinzugsgebieten mit einem feinen Raster (TZ40, Fläche von 40 km²) gemäß Vorlage vom BAFU ^[16].

Wie üblich bei solchen Analysen, liegt der allergrößte Teil der genetischen Vielfalt innerhalb der einzelnen Standorte. Die Resultate zeigen weiter, dass in allen drei Varianten der Gruppierung ein großer Teil der genetischen Varianz auf Unterschiede zwischen Standorten innerhalb der Gruppen beruht. Die Gruppen selbst erklären nur wenig der beobachteten genetischen Unterschiede. Dies bedeutet, dass die verschiedenen Standorte nicht sinnvoll in größeren Gruppierungen zusammengefasst werden können.

Tabelle 4-1. Zusammenstellung der genetischen Unterschiede zwischen Gruppen von Standorten (F_{CT}). Zwischen Standorten innerhalb von Gruppen (F_{SC}) und zwischen Individuen innerhalb der Standorte. n. s. nicht signifikant, * $p < 0,05$; ** $p < 0,01$; *** $p < 0,001$

Einzugsgebiete	Flussgebiete	TZ150	TZ40
Anzahl Gruppen	4	17	44
Varianz zw. Gruppen (F_{CT})	0,001 ^{n.s.}	0,0032*	0,0084*
Varianz zw. Populationen innerhalb von Gruppen (F_{SC})	0,0314***	0,0332***	0,0279***
Varianz innerhalb von Populationen	0,967***	0,964***	0,964***

Der Großteil der genetischen Vielfalt liegt innerhalb der einzelnen Probenahme-Standorte. Ein signifikanter Anteil liegt zwischen den Standorten. Nur wenig genetische Vielfalt, kann durch eine Einteilung nach Teileinzugsgebieten erklärt werden. Eine feinräumige, in Fließgewässer eingeteilte Bewirtschaftung der Forellen, wird mit diesen Resultaten bestätigt.

Genetische Unterschiede in Flüssen

Der Rhein, die Aare, die Limmat und die Reuss gehören heute zur Äschen- oder Barbenregion. Forellen sind in diesen Gewässern natürlicherweise seltener als in Gewässern der Forellenregion. Im Datensatz von 2015, der den Analysen in diesem Dokument zu Grunde lag, standen daher nur sehr wenige Individuen aus den großen Flüssen zur Verfügung. Während der koordinierten Fischzählung von 2016 im Hochrhein konnten jedoch Proben von Rheinfoforellen gesammelt werden. Diese wurden nun im Nachhinein noch analysiert und die Resultate werden hier in diesem separaten Kapitel zusammengestellt.

Die genetischen Unterschiede zwischen den untersuchten Standorten in den großen Flüssen zeigen, dass – im Gegensatz zu den kleineren Gewässern – die genetischen Unterschiede eher klein und oft nicht signifikant sind (Tabelle 4-2. F_{ST}-Werte, die zwischen Forellen aus den verschiedenen Standorten beobachtet wurden.). So sind die genetischen Unterschiede zwischen den einzelnen Rheinstandorten in sieben von zehn paarweisen Vergleichen nicht signifikant. Auch zwischen der Aare und dem Rhein können keine signifikanten genetischen Unterschiede festgestellt werden. Einzig die Limmat ist genetisch von den Rhein- und Aareforellen signifikant unterschiedlich. Auffallend ist, dass alle untersuchten Standorte signifikante genetische Unterschiede zu den Fischzuchten Nadler, Hohler und AUE Bach aufweisen. Die bisher benutzten Forellen aus diesen Zuchten eignen sich aus genetischer Sicht somit nicht für Besatzmaßnahmen in der Aare, dem Rhein und der Limmat. Vermutlich gilt dies auch für die Reuss. Diese Vermutung konnte allerdings wegen zu geringen Stichproben nicht verifiziert werden.

Demgegenüber sind die genetischen Unterschiede zwischen Forellen aus der FZ AUA Limmat (Also Elterntiere, die aus der Limmat stammen), des Sickerwasserkanals, des Radagkanals sowie dem Weiher Böttstein und den Forellen aus den Flüssen eher klein und oft nicht signifikant. Diese Fische eignen sich also aus populationsgenetischer Sichtweise als Elterntiere für die Produktion von Besatzfischen für die großen Fließgewässer. Muttertierhaltungen sollten aber möglichst vermieden werden, da sonst Domestizierungen auftreten können, die unerwünscht sind.

Tabelle 4-2. F_{ST}-Werte, die zwischen Forellen aus den verschiedenen Standorten beobachtet wurden.

Nr.	Standort	12	10	6,1	6,2	6,3	6,4	6,5	40,1	3	53	54	57	58	59
12	Aare	–	*	n. s.	n. s.	n. s.	n. s.	n. s.	***	***	***	*	*	n. s.	*
10	Limmat	0,011	–		**	**	*	n. s.	***	***	**	n. s.	**	*	***
6,1	Rhein KW Rheinfeldern	0,001	0,005	–	n. s.	n. s.	n. s.	n. s.	**	***	**	n. s.	n. s.	n. s.	*
6,2	Rhein KW Ryburg-Schwörstadt	0,005	0,011	0,003	–	**	**	n. s.	***	***	***	n. s.	*	n. s.	n. s.
6,3	Rhein KW Laufenburg	0,006	0,014	0,007	0,014	–	n. s.	n. s.	**	***	***	n. s.	***	n. s.	***
6,4	Rhein KW Albruck Dogern	0,006	0,018	0,009	0,019	0,001	–	**	***	***	***	*	*	*	***
6,5	Rhein KW Reckingen	0,007	0,001	0,004	0,005	0,007	0,017	–	***	***	**	n. s.	**	n. s.	***
40,1	FZ Nadler	0,019	0,012	0,010	0,020	0,015	0,021	0,014	–	n. s.	***	***	***	**	***
3	FZ Hohler	0,023	0,023	0,018	0,022	0,024	0,030	0,024	0,003	–	***	***	***	**	***
53	FZ AUE Bach	0,025	0,014	0,015	0,018	0,026	0,030	0,012	0,035	0,047	–	n. s.	***	***	***
54	FZ AUE Limmat	0,009	0,007	0,005	0,006	0,007	0,016	0,002	0,019	0,030	-0,001	–	***	n. s.	***
57	Fischzucht PUA Sickerwasserkanal	0,010	0,015	0,007	0,009	0,028	0,021	0,011	0,016	0,018	0,025	0,018	–	n. s.	n. s.
58	Fischzucht PUA Weiher Böttstein	0,004	0,012	0,004	0,005	0,009	0,014	0,006	0,009	0,015	0,024	0,008	0,003	–	n. s.
59	Fischzucht PUA Radagkanal	0,011	0,024	0,013	0,005	0,030	0,039	0,017	0,024	0,027	0,034	0,021	0,006	0,006	–

Interessanterweise sind die meisten genetischen Unterschiede zwischen den Rheinfoellen und den nahe gelegenen Zuflüssen signifikant (Tabelle 4-3). Ausnahmen stellen die Bünz, die Wyna und der Roggenhuserbach dar. Aus den vorliegenden Daten kann nicht eingeschätzt werden, weshalb dies so ist. Zwei mögliche Erklärungen scheinen plausibel:

Die Forellen, die im Rhein gefangen wurden, gehören verschiedenen Populationen an, die aus unterschiedlichen Zuflüssen stammen (z. B. durch Abwanderung). Wäre dies der Fall, wäre zu erwarten, dass die genetische Vielfalt im Rhein höher ist als in den Zuflüssen. Gleichzeitig würde eine erhöhte Abweichung vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht erwartet (Überschuss von Homozygoten). Die genetische Vielfalt ist in der Tat höher (Abbildung 4-4. a) *Vergleich der genetischen Vielfalt, gemessen an der Anzahl Allele AR (korrigiert für die Stichprobengröße).* b) *Vergleich des Homozygotenüberschusses (HE-HO), gemessen an der Anzahl Allele AR (korrigiert für die Stichprobengröße).* a). Der Homozygotenüberschuss kann zwar auch beobachtet werden, der Unterschied ist allerdings nicht signifikant (Abbildung 4-4. a) *Vergleich der genetischen Vielfalt, gemessen an der Anzahl Allele AR (korrigiert für die Stichprobengröße).* b) *Vergleich des Homozygotenüberschusses (HE-HO), gemessen an der Anzahl Allele AR (korrigiert für die Stichprobengröße).* b).

Tabelle 4-3. F_{ST} -Werte
zwischen Standorten in
Rhein/Aare und nah
gelegenen Zuflüssen.

Nr.	Standort 1	Nr.	Standort 2	FST	Signifikanz
6,1	Rhein	7	Möhlinbach	0,008	*
6,1	Rhein	44	Magdenerbach	0,009	*
6,2	Rhein	7	Möhlinbach	0,008	*
6,2	Rhein	44	Magdenerbach	0,012	**
6,3	Rhein	30,1	Sissle	0,022	***
6,3	Rhein	30,2	Sissle	0,012	*
6,3	Rhein	38	Kaisterbach	0,019	**
6,4	Rhein	20	Wilerbach	0,026	**
6,4	Rhein	67	Dorfbach	0,074	***
6,5	Rhein	21	Tägerbach	0,046	***
6,5	Rhein	22	Chrüzlibach	0,013	***
12	Aare	1,1	Bünz	0,009	n.s.
12	Aare	8	Wyna	0,002	n.s.
12	Aare	45	Süssbach	0,033	***
12	Aare	47	Roggenhuserbach	0,003	n.s.
12	Aare	60	Erlibach	0,044	***
12	Aare	68	Talbach	0,024	***
12	Aare	76	Steinerkanal	0,014	*

Alternativ lebt in den großen Gewässern eine eigenständige Population, die sich zumindest teilweise auch im Gewässer selbst fortpflanzt. Dies kann anhand der genetischen Daten jedoch nicht überprüft werden.

Eine Kombination von beiden Hypothesen ist ebenfalls möglich und vermutlich am wahrscheinlichsten. Für die Bewirtschaftung des Rheins, der Aare, der Limmat und der Reuss sollte deshalb davon ausgegangen werden, dass es sich bei den Forellen im Gewässer um mehrere Populationen handelt, ähnlich wie zum Beispiel bei den Seeforellen im Bodensee^[17], die sich wahrscheinlich in unterschiedlichen Gewässern fortpflanzen.

Der genetische Unterschied ist zwischen Standorten der großen Gewässer meist klein und nicht signifikant. Die genetischen Resultate weisen weiter darauf hin, dass die Forellen, die im Rhein, der Aare und der Limmat gefangen wurden, möglicherweise mehreren Populationen zugehören könnten. Mit abschliessender Sicherheit kann dies aber nicht beurteilt werden. Sicher ist, dass sich die bisherigen Besatzfische aus den FZ Nadler und Hohler für Besatzmaßnahmen in den großen Gewässern Rhein, Reuss, Aare und Limmat nicht eignen. Für die Bewirtschaftung wird empfohlen, trotz teilweiser nicht signifikanten genetischen Unterschieden, die vier großen Gewässer Rhein, Reuss, Aare und Limmat getrennt zu bewirtschaften. Dies gilt auch für Zuflüsse der großen Gewässer.

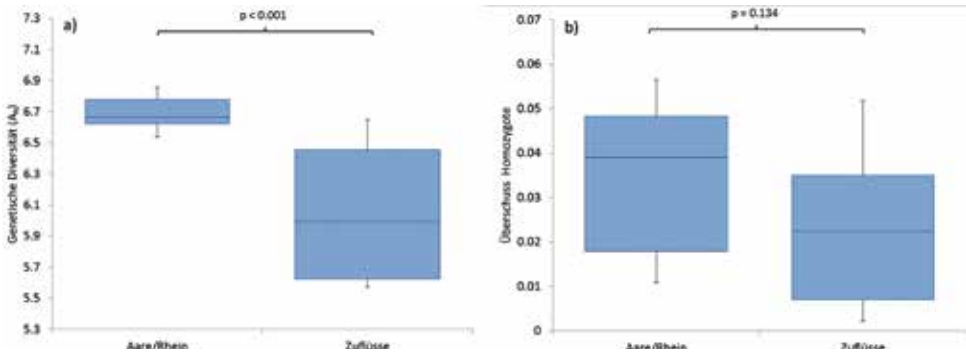


Abbildung 4-4. a) Vergleich der genetischen Vielfalt, gemessen an der Anzahl Allele A_R (korrigiert für die Stichprobengröße). b) Vergleich des Homozygotenüberschusses ($H_E - H_C$), gemessen an der Anzahl Allele A_R (korrigiert für die Stichprobengröße).

Sind die Forellen aus den Fischzuchten für Besatzmaßnahmen geeignet?

Genetische Unterschiede zwischen Zuchtfischen und Wildfischen

Idealerweise werden für die Erbrütung von Forellen wilde Elterntiere aus dem Besatzgewässer entnommen, gestreift und die Nachkommen wieder im Besatzgewässer ausgesetzt. Ist die Anzahl Elterntiere groß genug und werden die Eltern zufällig miteinander verpaart, dann sind die Jungfische aus **populationsgenetischer** Sicht mit der Ursprungspopulation identisch, d. h. es können keine genetischen Unterschiede zwischen dem Besatzmaterial und der Ursprungspopulation festgestellt werden. Da Laichfischfänge mit einem großen Aufwand verbunden sind, werden in den FZ oft Elterntierstämme gehalten. Werden keine genetischen Unterschiede zwischen diesen Elterntierstämmen und ihren jeweiligen Besatzgewässern festgestellt, bedeutet dies, dass die Besatzfische aus **populationsgenetischer** Sicht für Besatzmaßnahmen im Besatzgewässer geeignet sind. Werden allerdings signifikante genetische Unterschiede zwischen den Elterntierstämmen der FZ und den Forellen in den Besatzgewässern beobachtet, bedeutet dies, dass die Jungfische von diesen Elterntieren für Besatzmaßnahmen in den Besatzgewässern nicht geeignet sind.

Bei dieser Analyse wurden FZ mit deren Besatzgewässern (also durch Angelfischer befischbare Gewässer) und zusätzlich mit neun Aufzuchtgewässern verglichen. Die Elterntierstämme in den FZ werden nur ab und zu mit Wildfängen aufgefrischt (Ursprung: Erzbach, Surb, Wyna und weitere). Deshalb wird davon ausgegangen, dass sich die genetischen Eigenschaften dieser Population nicht von Jahr zu Jahr stark ändern. Somit können diese Daten für die folgenden Vergleiche herangezogen werden. Bei einem in der Regel jährlich abgefischten Aufzuchtgewässer wird erwartet, dass die genetischen Unterschiede zwischen dem Elterntierstamm des Besatzmaterials in der FZ und den abgefischten Sömmerlingen der Aufzuchtgewässer klein und nicht signifikant sind. Dies, weil davon ausgegangen wird, dass sich durch die Bewirtschaftung eine lokale sich selbst reproduzierende **Population** nicht etablieren kann, da Aufzuchtgewässer üblicherweise vollständig ausgefischt werden.



Abbildung 5-1. Anteil signifikanter F_{ST} -Werte zwischen den FZ und den untersuchten Standorten in den Gewässern (aufgetrennt nach Aufzuchtgewässer und andere Besatzgewässer) des Kantons Aargau.



Abbildung 5-2. Bachforellen aus den Fischzuchten (Links: FZ Nadler; Rechts: FZ Flückiger).

Im Kanton Aargau wurden die genetischen Unterschiede zwischen Standorten aus Besatzgewässern und drei Fischzuchtbetrieben berechnet (FZ Nadler N=37, FZ Flückiger: N=1, und FZ Ortsbürger Bremgarten: N=2). Die Resultate zeigen, dass die genetischen Unterschiede zwischen den Zuchten und den Besatzgewässern in 94 % der Fälle signifikant sind (Abbildung 5-1). Lediglich zwei Vergleiche (zwischen FZ Nadler und der Surb (Standort 2.1) und dem Roggenhuserbach (47)) zeigen keinen signifikanten genetischen Unterschied (Tab. 5-1). Zwischen den neun untersuchten Aufzuchtgewässern und ihren entsprechenden FZ liegt der Anteil signifikanter genetischer Unterschiede bei ca. 82 %, d. h. dass in zwei von neun Aufzuchtgewässern keine signifikante genetische Differenzierung zwischen der FZ und den abgefischten Sömmerlingen gefunden wurde. Die benutzten Besatzfische (aus Fischzucht oder Aufzuchtgewässer) eignen sich somit aus genetischer Sicht in den meisten Fällen nicht für Besatzmaßnahmen in den Zielgewässern (nach Art. 6 Abs. 2 VBGF sowie Besatzkonzept Kanton Aargau). Wichtig dabei, in der FZ Nadler konnte zwischen den Jungfischen (Besatzmaterial) und den Elterntieren wie erwartet kein signifikanter genetischer Unterschied beobachtet werden (Kontrollvergleich).

Tabelle 5-1. Zusammenstellung der genetischen Unterschiede (F_{ST} -Werte) zwischen den FZ und den besetzten Gewässern. Aufzuchtgewässer sind nach dem Gewässernamen mit (AZG) gekennzeichnet.

Fischzucht	Besatzgewässer	Nr	F _{ST}	Signifikanz	Besatzinformation
Nadler	Surb	2,1	0,027	***	Transfer Aufzucht bäche, Besatz mit BR, Herkunft FZ Nadler; Besatz mit S, FZ Nadler
Nadler	Surb	2,2	0,002	n.s.	Transfer Aufzucht bäche, Besatz mit BR, Herkunft Nadler; Besatz mit S, FZ Nadler
Nadler	Holzbach	4	0,014	***	seit 2014 kein Besatz, vorher 1000 S, FZ Nadler
Nadler	Wyna	8	0,009	*	seit 2016 kein Besatz, vorher 1500 VS; Seitenbäche 10'000 BR (FZ Nadler);
Nadler	Limmat	10	0,008	*	verschiedene Aufzucht bäche, mehrere 1000 S, früher ebenfalls Besatzfische Luthern
Nadler	Erusbach	13	0,058	***	Besatz FZ Nadler (500 VS)
Nadler	Wigger	15,1	0,032	***	seit 2013 kein Besatz, vorher 2500 S, FZ Nadler
Flückiger	Ruederchen	16	0,056	***	seit 2013 kein Besatz, vorher 10'000 BR, FZ Flückiger
Nadler	Riknerbach	18	0,027	***	seit 2014 kein Besatz, vorher 500 VS, FZ Nadler
Nadler	Tägerbach	21	0,066	***	kein Besatz seit 2013, vorher FZ Nadler
Nadler	Chrüzlibach	22	0,030	***	kein Besatz seit 2013, vorher FZ Nadler
Nadler	Egliswiler Dorfbach	23	0,034	***	seit 2014 kein Besatz; vorher 500 S, FZ Nadler
Nadler	Guntenbach	24	0,020	***	Besatz FZ Nadler (700 VS)
Nadler	Sembach	28	0,062	***	Besatz FZ Nadler (1500 S) im Binnenkanal
Nadler	Uerke	32	0,011	***	AZG Bändlibach Rv 121, jährlich 2'000 BR, FZ Nadler
Nadler	Hünikerbach (AZG)	33	0,002	n.s.	Besatz FZ Nadler 2500 BR

Fischzucht	Besatzgewässer	Nr	FST	Signifikanz	Besatzinformation
Nadler	Köllikerbach	34	0,025	***	seit 2015 kein Besatz; Vorher 2.000 VS, FZ Nadler; früher FZ Flückiger
Nadler	Furtbach	35	0,020	***	seit 2013 kein Besatz, vorher 1.400 S, FZ Nadler
Nadler	Gründelbach (AZG)	41,1	0,034	***	seit 2014 kein Besatz; vorher 2.000 BR, FZ Nadler;
Nadler	Talbächli (AZG)	42	0,018	***	seit 2016 kein Besatz; vorher 2.000 – 3.000 BR; FZ Flückiger und letzte Jahre FZ Nadler.
Aue (Bach)	Gottesgraben (AZG)	43	0,012	*	3.000 – 8.000 BR, FZ Aue
Aue (Limmat)	Gottesgraben (AZG)	43	0,001	n.s.	3.000 – 8.000 BR, FZ Aue
Nadler	Süssbach (AZG)	45	0,021	***	seit 2016 kein Besatz, vorher 500 BR, FZ Nadler
Nadler	Roggenhuserbach	47	0,004	n.s.	Aufzuchtgewässer für die Aare, seit 2015 kein Besatz, vorher 2.000 – 3.000 BR, FZ Nadler
Nadler	Schwarzgraben (AZG)	48	0,011	***	ca. 9.000 BR, FZ Nadler
Nadler	Mühlbächli (AZG)	49	0,010	*	2013 kein Besatz, vorher 500 VS, FZ Ortsbürger Bremgarten
Ortsbürger Bremgarten	Künter Dorfbach	50	0,032	***	seit 2014 kein Besatz, vorher 500 VS, FZ Ortsbürger Bremgarten
Nadler	Ammerswilbächli (AZG)	52	0,048	***	seit 2007 im 2-Jahresrhythmus mit 5.000 BR, ab 2011 3.000 BR
Nadler	Fischzucht PUA Sickerwasserkanal	57	0,016	***	Laichtiere Aare, welche in Radagkanal umgesiedelt wurden
Nadler	Fischzucht PUA Radagkanal	59	0,016	***	offene Muttertierhaltung, teilweise Laichtiere aus Sickerwasserkanal (Aare)
Nadler	Erlibach	60	0,025	***	Besatz FZ Nadler, 500 VS
Nadler	Höhlbach	61	0,044	***	400 VS, FZ Nadler
Nadler	Landbach	62	0,015	***	seit 2016 kein Besatz, vorher 1.000 BR, FZ Nadler
Nadler	Rickenbach	63	0,024	***	Besatz FZ Nadler, 700 VS
Nadler	Wittnauerbach	65	0,037	***	Besatz FZ Nadler (3.000 VS), vorher FZ Hohler
Nadler	Sinserbach	66	0,010	*	Besatz FZ Nadler (1.400 VS)
Nadler	Dorbach Leibstadt	67	0,029	***	seit 2015 kein Besatz, vorher FZ Nadler, 100 VS
Nadler	Bünz	71	0,025	***	Besatz FZ Nadler (1.000 S)
Nadler	Wigger	75	0,023	***	seit 2013 kein Besatz, vorher 2500 S, FZ Nadler
Nadler	Suhre	77	0,006	*	Rv. 72: die letzten Jahre 500 1+; FZ Nadler. Rv. 73/688: 1:600-1:800 S/1+; FZ Nadler
Nadler	Wyna	78,1	0,029	***	seit 2016 kein Besatz; vorher 800 – 900 S, FZ Nadler

Dass in zwei Aufzuchtgewässern (Hünikerbach, Roggenhuserbach) keine signifikanten genetischen Unterschiede zwischen der FZ und den im Herbst abgefischten Sömmerlingen beobachtet wurde, ist nicht überraschend. Insbesondere wenn berücksichtigt wird, dass die Aufzuchtgewässer regelmässig ausgefischt werden. Es ist daher eher überraschend, dass trotz dieser Ausfischungen überhaupt signifikante genetische Unterschiede zwischen einem Aufzuchtgewässer und der FZ beobachtet werden (sieben von neun Aufzuchtgewässern). Dies deutet darauf hin, dass die lokale **Population** durch die Ausfischungen nicht ganz entfernt wird und sich trotz dieser starken Entnahme fortpflanzen kann. Eine mögliche Erklärung ist, dass adulte laichreife Forellen nach den Abfischungen in diese kleinen Gewässer aufsteigen, um sich dort natürlich fortzupflanzen. Diese Hypothese wird auch durch die Protokolle der Abfischungen gestützt, da nebst den 0+-Forellen häufig auch ältere Fische gefangen werden (persönliche Auskunft Fischereiverwaltung). Es muss also davon ausgegangen werden, dass in den sieben Aufzuchtgewässern sich selbst fortpflanzende Forellenpopulationen vorkommen. Diese Erkenntnis ist umso erstaunlicher, da die meisten Aufzuchtgewässer intensiv bewirtschaftet werden (jährlicher Besatz mit Brütlingen und jährliche Abfischungen der Sömmerlinge im Herbst). Die beiden Aufzuchtgewässer, die genetisch nicht unterschiedlich

von der FZ waren, sind geprägt durch eine gewisse Isolation, d. h. dass diese beiden Aufzuchtgewässer nicht mit dem Unterlauf vernetzt sind. Dies bedeutet, dass sich durch die intensive Bewirtschaftung keine sich selbst erhaltenden Forellenbestände aufbauen konnten.

Die Analyse zeigt, dass sich die für den Besatz benutzten Fische aus den Fischzuchten aus genetischer Sicht nicht für Besatzmaßnahmen in den jeweiligen Zielgewässern (Besatzgewässer und Aufzuchtbäche) eignen. Die Resultate lassen auch vermuten, dass in vielen Gewässern, dazu zählen auch die Aufzuchtgewässer, die regelmässig ausgefischt werden, eine natürliche Rekrutierung vorhanden ist. Bei zukünftigen Besatzmaßnahmen muss daher darauf geachtet werden, dass der Ursprung der Elterntiere und die Zielgewässer besser aufeinander abgestimmt werden. Der Erfolg der Besatzmaßnahmen sollte im Zweifelsfall überprüft werden.

Genetische Unterschiede zwischen Aufzuchtgewässer und ihren Besatzgewässern

Häufig werden Besatzfische in Aufzuchtgewässer aufgezogen bevor sie in ihr definitives Gewässer eingesetzt werden. Ziel dieser Praxis ist, die Zucht- bzw. Besatzfische möglichst früh den natürlichen Bedingungen auszusetzen und gleichzeitig die Mortalität der frühen Lebensstadien niedrig zu halten. Diese Praxis hat zwar den Vorteil einer geringeren Mortalität der Besatzfische, führt aber unweigerlich zu einer Beeinträchtigung der Besatz- und Aufzuchtgewässer (mögliches Einschleppen von Krankheiten, Konkurrenz mit lokaler Population/ andere Tierarten, Abfischung von lokalen **Populationen** inkl. Laichtieren usw.). Da die abgefischten Forellen anschließend in andere Gewässer eingesetzt werden, stellt sich die Frage, ob sich diese abgefischten Forellen aus den Aufzuchtgewässern von den Forellen in den besetzten Gewässern genetisch unterscheiden. Läge ein solcher genetischer Unterschied vor, wären die Forellen aus diesen Aufzuchtgewässern für Besatzmaßnahmen in den entsprechenden Besatzgewässern nicht geeignet. Insgesamt konnten neun Vergleiche zwischen Aufzuchtgewässern und ihren jeweiligen Besatzgewässern untersucht werden.

In den neun untersuchten Vergleichen wurden genetische Unterschiede (F_{ST} -Wert) zwischen 0,005 – 0,109 beobachtet. Die genetischen Unterschiede sind also im kantonalen Vergleich eher hoch. Insbesondere der Bruggbach weist sehr hohe genetische Unterschiede zu den zwei Bünz Standorten auf. Des Weiteren sind die genetischen Unterschiede abgesehen von zwei Ausnahmen (Luthern mit Limmat und Gründelbach mit Suhre) signifikant. Nicht signifikant ist zum einen der mit 0,009 sehr tiefe F_{ST} -Wert zwischen der Luthern und der Limmat. Da die Limmat mit Forellen aus der Luthern besetzt wurde, könnte dies die Konsequenz der Besatzmaßnahmen sein. Die Stichprobengröße der Luthern ist allerdings mit 18 Individuen etwas klein, was die Aussagekraft dieses Resultates schmälert. Weiter ist der Vergleich zwischen dem Gründelbach und der Suhre nicht signifikant ($F_{ST} = 0,005$). Dies ist nicht wirklich überraschend, da der Gründelbach in der Nähe der Probenahme-Stelle der Suhre in letztere mündet.

Tabelle 5-2. F_{ST} -Werte zwischen Aufzuchtbächen und deren Besatzgewässer.

Aufzuchtgewässer	Nr	Zielgewässer	Nr	FST	Signifikant
Luthern	26	Limmat	10	0,009	n. s.
Gründelbach	41,1	Suhre	41,2	0,005	n. s.
Talbächli	42	Suhre	41,2	0,032	***
Gottesgraben	43	Limmat	10	0,023	***
Süssbach	45	Bünz	1,1	0,034	***
Süssbach	45	Bünz	1,2	0,024	***
Bruggbach	51	Bünz	1,1	0,109	***
Bruggbach	51	Bünz	1,2	0,107	***
Ammerswilbächli	52	Aabach	19,2	0,026	*

Insgesamt zeigen diese Ergebnisse, dass sich die im Herbst von den untersuchten Aufzuchtgewässern abgefishchten Forellen in der Regel genetisch von den Forellen der entsprechenden besetzten Zielgewässer unterscheiden und sich damit für den Besatz nicht eignen.

In den untersuchten Aufzuchtgewässern unterscheiden sich die abgefishchten Sömmerlinge von denen aus den Zielgewässern in sieben von neun Fällen signifikant. Die Fische aus den Aufzuchtgewässern eignen sich also in den meisten Fällen nicht für Besatzmaßnahmen in den jeweiligen Zielgewässern. Sinn und Zweck der Nutzung von kleinen Bächen für die Aufzucht von Forellenbesatzfischen sollte aufgrund dieser Ergebnisse grundsätzlich hinterfragt werden.



Abbildung 5-3.
Kleine Bäche dienen oft als Aufzuchtgewässer (Galternbach).

Einflüsse der bisherigen Besatzpraxis auf die Genetik der Wildpopulationen

Genetische Unterschiede zwischen Fischzuchten und Besatzgewässer

Im Kanton Aargau gibt es viele Gewässer, die seit Jahrzehnten jährlich besetzt werden. Es gibt aber auch Gewässer, die schon seit etlichen Jahren nicht mehr besetzt wurden. Falls Besatzmaßnahmen zu einem erhöhten **Genfluss** von der FZ in Richtung der besetzten Gewässer führen, dann sollten die genetischen Unterschiede zwischen den besetzten Gewässern und den FZ kleiner sein als zwischen nicht besetzten Gewässern und den FZ. Dies ist im Kanton Aargau der Fall, selbst wenn die Forellen der beiden Standorte Widenbach und Bruggbach, die sich genetisch sehr stark von den Forellen aus allen anderen Standorten unterscheiden, ausgeschlossen werden (*Abbildung 6-1*). Ein Ausschluss dieser Standorte rechtfertigt sich, da diese durch die hohen F_{ST} -Werte stark ins Gewicht fallen und diese Werte auf einen demografischen Flaschenhals zurückzuführen sind.

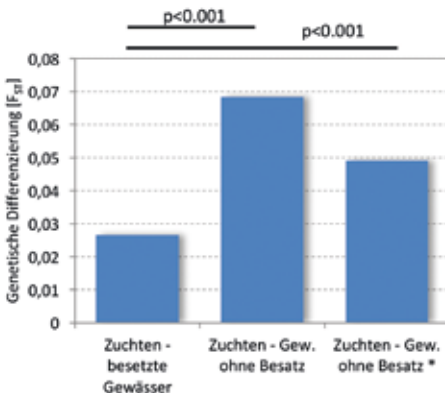


Abbildung 6-1. Durchschnittlicher genetischer Unterschied zwischen FZ und besetzten Gewässer bzw. Zuchten und Gewässern ohne Besatz. * Die Standorte Widenbach und Bruggbach wurden von der Analyse ausgeschlossen.

Die Besatzmaßnahmen führen sehr wahrscheinlich seit Jahrzehnten zu einem Genfluss aus den Zuchten in die besetzten Gewässer. Trotzdem unterscheiden sich die Wildpopulationen in der Regel genetisch signifikant von den Zuchten. Dies bedeutet, dass natürliche Prozesse wie die natürliche Selektion und genetische Drift weiterhin aktiv sind und lokale Populationen nicht identisch zu den Fischen aus den Zuchten sind. Dieses Resultat zeigt aber auch, dass sich der langjährige Besatz auf die genetischen Eigenschaften der Populationen in den besetzten Gewässern ausgewirkt hat.

Genetische Vielfalt und Inzucht in den Fischzuchten

In Zuchten besteht das Risiko durch eine zu geringe Anzahl Elterntiere die genetische Vielfalt der Besatzfische negativ zu beeinflussen ^[18]. Die Auswertung der genetischen Vielfalt (Anzahl beobachtete **Allele** korrigiert für die Stichprobengröße; d. h. Allelic Richness A_R) zeigt, dass in den Zuchten in der Regel eine genügend große genetische Vielfalt vorhanden ist (Abbildung 6-2. Anzahl der beobachteten Allele korrigiert für die Stichprobengröße (Allelic Richness A_R) der untersuchten Fischzuchten (blau). Zum Vergleich wird der Mittelwert der in den Gewässern mit sowie ohne Besatz beobachteten Werte angegeben (rot)). Nur die FZ Flückiger weist eine klar reduzierte genetische Vielfalt auf. Gewässer mit Besatz weisen im Vergleich mit nicht besetzten Gewässern eine leicht erhöhte genetische Vielfalt auf (Abbildung 6-2. Anzahl der beobachteten Allele korrigiert für die Stichprobengröße (Allelic Richness A_R) der untersuchten Fischzuchten (blau). Zum Vergleich wird der Mittelwert der in den Gewässern mit sowie ohne Besatz beobachteten Werte angegeben (rot)). Nur bei den Forellen der FZ Flückiger wurden entsprechende Hinweise für **Inzucht** gefunden. Der Inzuchtkoeffizient ist zwar signifikant ($F_{IS} = -0,06$; $p < 0,05$), aber es wurde ebenfalls eine hohe Anzahl von Voll- und Halbgeschwistern identifiziert, die dieses Ergebnis teilweise erklärt.

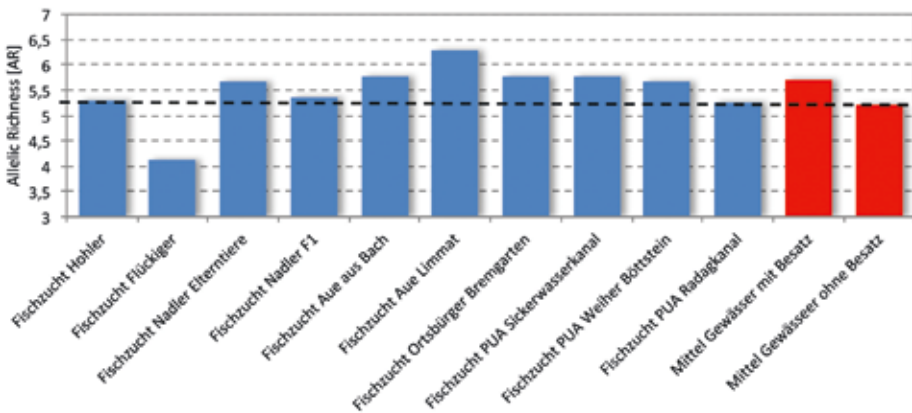


Abbildung 6-2. Anzahl der beobachteten **Allele** korrigiert für die Stichprobengröße (Allelic Richness A_R) der untersuchten Fischzuchten (blau). Zum Vergleich wird der Mittelwert der in den Gewässern mit sowie ohne Besatz beobachteten Werte angegeben (rot).

Die genetische Vielfalt in den Zuchten ist in der Regel nicht tiefer als in den natürlichen Gewässern des Kantons. Der Besatz scheint zu einer leichten Erhöhung der genetischen Vielfalt innerhalb von Gewässern zu führen. Mit der Ausnahme der FZ Flückiger, scheint Inzucht in den Zuchten kein Problem zu sein.

Isolation der Populationen über die Gewässerdistanz

Der natürliche **Genfluss** führt in naturnahen Situationen dazu, dass der genetische Unterschied zwischen **Populationen** mit der Gewässerdistanz zunimmt ^[19] (»Isolation durch Distanz«, vgl.

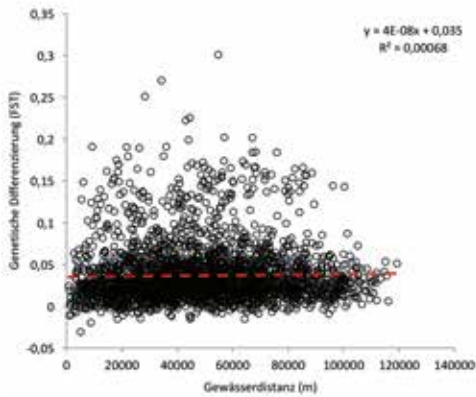


Abbildung 6-3. Zusammenhang zwischen der normierten genetischen Distanz und der Gewässerdistanz zwischen allen untersuchten Standorten.

auch die Äschenstudie vom Kanton Aargau ^[20]). Dies ist normalerweise der Fall, weil die Migration von Individuen umso schwieriger ist, je weiter die Zielpopulation entfernt ist. Eine solche Isolation über die Gewässerdistanz konnte bei den Forellen im Kanton Aargau allerdings nicht beobachtet werden (Abbildung 6-3. Zusammenhang zwischen der normierten genetischen Distanz und der Gewässerdistanz zwischen allen untersuchten Standorten.). Dies ist vermutlich eine Konsequenz der jahrzehntelangen Besatzmaßnahmen, die sich auf die **populations-genetischen** Verwandtschaften über viele Generationen ausgewirkt haben. Möglicherweise hat dieser künstliche **Genfluss** die ursprünglich vorhandene genetische Isolation mit der Gewässerdistanz verwässert, sodass diese heute nicht mehr feststellbar ist.

Die jahrzehntelangen Besatzmaßnahmen haben im Kanton Aargau zu unnatürlichem Genfluss zwischen Forellenpopulationen geführt, der die heute beobachteten genetischen Unterschiede zwischen Probenahme-Standorten prägt. Natürliche Muster wie die »Isolation mit der Distanz« können nicht mehr nachgewiesen werden.

Empfehlungen für Bewirtschaftungseinheiten

Derzeit ist beim BAFU eine Praxishilfe in Arbeit, die Empfehlungen für das Vorgehen bei der Besatzbewirtschaftung formuliert ^[21]. In groben Zügen ist das empfohlene Vorgehen aber bereits bekannt. Am Anfang der Überlegungen steht jeweils eine Erfolgskontrolle der Besatzmaßnahmen. Sie soll prüfen, ob der laufende Besatz überhaupt nötig ist. Zeigt diese Erfolgskontrolle, dass die natürliche Rekrutierung in ausreichendem Maße funktioniert, ist kein Besatz nötig. Erweist sich die natürliche Rekrutierung hingegen als mangelhaft, dann soll geprüft werden, ob die dafür verantwortlichen Gewässerdefizite behoben werden können oder ob Anpassungen beim Fischereimanagement nötig sein könnten. Der Erfolg dieser Maßnahmen soll anschließend mit einer weiteren Erfolgskontrolle überprüft werden. Falls die Defizite nicht behoben werden konnten, kann ein Besatzprogramm ins Auge gefasst werden. Um den Erhalt von genetischen Eigenschaften lokaler **Populationen** zu gewährleisten, werden entsprechende geografisch getrennte Bewirtschaftungseinheiten definiert.

Vorgehen bei der Definition von Bewirtschaftungseinheiten

Gesetzliche Bestimmungen

Das Bundesgesetz über die Fischerei bezweckt den Erhalt und den Schutz einheimischer Fischarten, Rassen und Varietäten sowie deren Lebensräume. Deshalb braucht das Einsetzen von standortfremden Arten, Rassen und Varietäten eine Bewilligung des Bundes (Art. 6 Abs. 1 BGF). Als standortfremd gelten u. a. Fische, die mit der **Population** ihres Einsatzortes genetisch nicht ausreichend verwandt sind (Art. 6 Abs. 2 Bst. B VBGF). Keiner Bewilligung

durch den Bund bedarf der Besatz mit einheimischen Fischen, sofern der Herkunftsort und der Einsatzort im gleichen Einzugsgebiet liegen (Art. 8 Abs. 2 Bst. a VBGF).

Der Besatz von Fischarten, die im Kanton Aargau heimisch sind, liegt also in der Zuständigkeit des Kantons (Art. 3 Abs. 2 Bst. e BGF). Im Rahmen der vorgeschriebenen nachhaltigen Nutzung der Bestände kann der Kanton Vorschriften über das Einsetzen erlassen, »wenn dies zur Erhaltung lokaler Rassen oder zur Wahrung der nachhaltigen Nutzung notwendig ist« (Art. 8 Abs. 3 VBGF). Innerhalb der großen Einzugsgebiete gemäß Anhang 1 BGF sollte der Kanton Aargau also kleinere Bewirtschaftungseinheiten definieren, welche die Bewahrung der genetischen Vielfalt und somit auch lokale Anpassungen sichern. Das von der Fischereiverwaltung unter Mitarbeit der kantonalen Fischereikommission verabschiedete Besatzkonzept vom Februar 2011 sieht einen ebensolchen Fischeinsatz von standortgerechten Besatzfischen vor. Die Fischereifachstelle des Kantons Aargau nahm bisher an, dass es sich bei den Forellen im Aargau um eine einzige **Population** handelt, die des Rheineinzugsgebietes.

Populationsgenetische Grundlagen

Ein wichtiges Ziel der fischereilichen Bewirtschaftung sollte der Erhalt der lokalen Eigenschaften der **Populationen** sein. Dadurch kommen **Populationen** in ihrem lokalen Lebensraum möglichst gut zurecht und es werden auch die Unterschiede zwischen den **Populationen** aus unterschiedlichen Lebensräumen bewahrt. Es ist deshalb wichtig, biologisch sinnvolle Bewirtschaftungseinheiten zu definieren. Dies gilt auch für Gewässer, die in den vergangenen Jahrzehnten intensiv besetzt wurden ^[21], wie dies im Kanton Aargau teilweise der Fall ist. Die Besatzmaßnahmen haben zwar teilweise zu einer Homogenisierung der Forellenpopulationen geführt. Trotzdem gibt es zwischen den meisten Probenahme-Standorten nach wie vor signifikante genetische Unterschiede, die erhalten und gefördert werden sollen.

Zu diesem Zweck sollen Bewirtschaftungseinheiten definiert werden, die einen möglichst großen Teil dieser genetischen Vielfalt bewahren, neue lokale Anpassungen ermöglichen und in der Praxis mit zumutbarem Aufwand umsetzbar sind. Bewirtschaftungseinheiten (BWE) sind dabei geographisch abgegrenzte Gebiete (Einzugsgebiete, Gewässer, oder Gewässerabschnitte), in denen nur mit Fischen aus diesem Gebiet besetzt wird ^[21]. Folglich müssen der Herkunftsort der Elterntiere, ein allfälliges Aufzuchtgewässer sowie der Einsatzort der Besatzfische innerhalb derselben BWE liegen. Die Erbrütung und die Aufzucht der Besatzfische aus verschiedenen BWE müssen getrennt erfolgen.

Für die Ausscheidung der Bewirtschaftungseinheiten wird das folgende Vorgehen vorgeschlagen ^[21]:

- Die Teileinzugsgebiete (TEZG: Größe 150 km²) sollen als größtmögliche Einheiten getrennt bewirtschaftet werden. Diese Größe wurde anhand der schweizweit verfügbaren genetischen Resultate festgelegt ^[4, 21]. In der Regel sind Forellen aus verschiedenen TEZG populationsgenetisch signifikant unterschiedlich voneinander.
- Die unterschiedlichen Gewässertypen sollen getrennt bewirtschaftet werden. Hier kommen insbesondere die Fischregion, das Temperaturregime und das Abflussregime zum Tragen. Dies wird vorgeschlagen, da in der Schweiz gezeigt werden konnte, dass sich die Forellen an unterschiedliche Bedingungen entlang von Höhengradienten angepasst haben ^[22, 23]. Ein Besatz mit nicht angepassten Fischen ist in der Regel nicht zielführend, da sich nicht-angepasste Besatzfische im Vergleich mit angepassten Besatzfischen schlechter durchsetzen können.
- Genetisch differenzierte Forellen sollen nach Möglichkeit getrennt bewirtschaftet werden. Die genetischen Resultate dieser Studie zeigen, dass im Kanton Aargau eine feinräumige genetische Struktur nach einzelnen Gewässern für Forellen die Regel ist.

- Grundsätzlich sollen nur natürlich zu erwartende Fischarten gefördert werden. Ein Forellenbesatz in einem Gewässer der Barbenregion ist z. B. nicht zielführend, wenn die Besatzfische in sommerwarmen Gewässern nicht überleben.

Durch die getrennte Bewirtschaftung von genetisch differenzierten **Populationen** entstehen rasch sehr viele Bewirtschaftungseinheiten. Um damit einhergehende Kapazitätsengpässe zu vermeiden, werden folgende zwei Vorgehensweisen vorgeschlagen, die in der Praxis umgesetzt werden können:

1. Die Engpässe können durch eine alternierende Bewirtschaftung gelöst werden. Dabei werden während einiger Jahre nur die Fische so vieler BWE aufgezogen, wie Platz in den FZ bzw. vorhandene Ressourcen eingesetzt werden können. Es werden nur Gewässer in den entsprechenden BWE besetzt. In den nicht bewirtschafteten Gewässern kann in dieser Zeit die Notwendigkeit eines Besatzes überprüft werden (Erfolgskontrolle Naturverlaichung, Entwicklung Bestand ohne Besatz). Danach können im Turnus andere BWE berücksichtigt werden. Durch die alternierende Bewirtschaftung wird zwar die Menge an Besatzfischen reduziert, deren Qualität wird aber erhöht ^[21].
2. Bei der Definition der BWE wird pragmatisch vorgegangen. In einem ersten Schritt werden alle nach dem obigen Vorgehen zu definierenden BWE ausgeschieden und grafisch festgehalten (A). Diese sollten wann immer möglich bei der Bewirtschaftung berücksichtigt werden. Für den Fall, dass dies aus nachvollziehbaren Gründen nicht möglich ist, werden die Gewässer, die zu einem Gewässertyp gehören, und zwischen denen die genetischen Unterschiede zwar signifikant aber nicht sehr hoch sind, innerhalb von einem TEZG zu einer BWE zusammengefasst (B). Diese zusammengefassten BWE sollten bei der Bewirtschaftung als minimaler Standard berücksichtigt werden. Das heisst: Fische sollten nur innerhalb dieser Einheiten verschoben werden.

Beurteilung Besatzerfolg

Die Größe des genetischen Unterschiedes, gemessen als F_{ST} -Wert, kann einen Hinweis über den Erfolg der Besatzmaßnahmen liefern. Desto größer der Genfluss aus der Zucht in die natürliche Population ist, desto kleiner fällt der F_{ST} -Wert in der Regel aus. Insbesondere wenn hohe F_{ST} -Werte beobachtet werden, kann davon ausgegangen werden, dass kaum Genfluss aus der Zucht vorliegt und der Besatz somit wenig erfolgreich war. Bei kleinen F_{ST} -Werten ist die Interpretation deutlich schwieriger. Daher wird bei der Interpretation der F_{ST} -Werte nach folgender Nomenklatur systematisch vorgegangen.

F_{ST}	Genetische Unterschiede	Eignung Besatzfische	Erfolg Besatz
> 0,04	hoch	nicht geeignet	nicht erfolgreich
> 0,03	vergleichsweise hoch	nichtgeeignet	nicht so erfolgreich wie gehofft
< 0,03	eher klein	trotzdem eher nicht geeignet	aufgrund der Daten keine konkrete Aussage möglich
nicht sign.	kein signifikanter Unterschied	geeignet	könnte erfolgreich sein

Übersicht Teileinzugsgebiete

Die Details zur Herleitung der einzelnen Bewirtschaftungseinheiten für den Kanton Aargau können dem Anhang 11.4 entnommen werden. Zur Bestimmung der BWE wurden in einem ersten Schritt die 12 Teileinzugsgebiete (TEZG) der Größe 150 km² definiert (*Abbildung 7-3*, *Tabelle 7-1*). Innerhalb dieser TEZG wurden anschließend die Gewässertypologie und insbesondere die genetischen Verwandtschaften der Probestandorte berücksichtigt und aufgrund der Ergebnisse entsprechende BWE ausgeschieden.

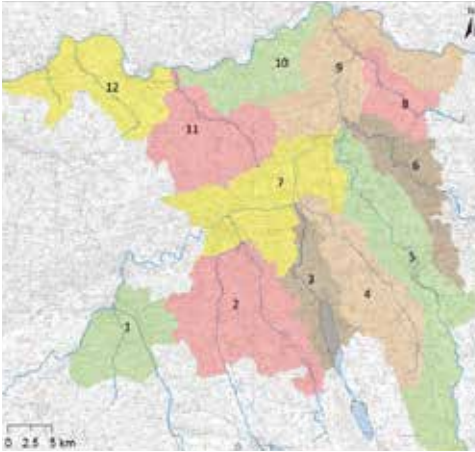


Abbildung 7-1: Übersicht der Teileinzugsgebiete (TEZG) im Kanton Aargau.

Tabelle 7-1: Aufstellung der Bewirtschaftungseinheiten, inkl. Bezeichnungen des Kantons Aargau.

Teileinzugsgebiet (TEZG)	Gebiet
TEZG 1	Wigger
TEZG 2	Suhre
TEZG 3	Aabach
TEZG 4	Bünz
TEZG 5	Reuss
TEZG 6	Limmat
TEZG 7	Aare
TEZG 8	Surb



Abbildung 7-2. Aare bei Brugg
(Quelle: <http://aarelauf.ch/die-aareschlucht-bei-brugg/>).

Schlussfolgerungen

Genetische Resultate

Die genetischen Analysen von ca. 2.600 Forellen aus Gewässern und Fischzuchten im Kanton Aargau zeigen eine hohe Anzahl von signifikanten genetischen Unterschieden zwischen den untersuchten Probenahme-Standorten. Über 93 % der untersuchten Probenahme-Standorte sind im Vergleich mit anderen Standorten genetisch unterschiedlich. Die Resultate zeigen weiter, dass sich die für den Besatz benutzten Zuchtfische für 92 % der Gewässer aus **populationsgenetischer** Sicht nicht eignen. Lediglich in zwei von 29 untersuchten Besatzgewässern wurde kein signifikanter genetischer Unterschied mit der FZ gefunden. Von neun zusätzlich untersuchten Aufzuchtgewässern waren die im Herbst abgefischten Sömmerlinge in sieben Gewässern ebenfalls genetisch signifikant unterschiedlich von der FZ. Nur in zwei Aufzuchtgewässern, die nicht gut mit dem unterliegenden Gewässersystem vernetzt sind, konnten keine genetischen Unterschiede mit dem Besatzmaterial aus der FZ festgestellt werden. Beide Resultate zeigen, dass die für den Besatz benutzen Fische in der Regel ungeeignet sind. Bei zukünftigen Besatzmaßnahmen sollte daher darauf geachtet werden, die Herkunft der Elterntiere und die Besatzgewässer besser aufeinander abzustimmen. Im Prinzip sollten dabei einzelne Forellengewässer getrennt voneinander bewirtschaftet werden.

Die Resultate zu den Konsequenzen der Besatzmaßnahmen der letzten Jahrzehnte zeigen verschiedenes: Einerseits konnten innerhalb der einzelnen Probenahme-Standorte kaum negative Einflüsse wie der Verlust von genetischer Vielfalt an neutralen Markern oder **Inzucht** nachgewiesen werden. Andererseits kann heute keine genetische Isolation von **Populationen** über die Gewässerdistanz mehr festgestellt werden. Dies ist wahrscheinlich auf einen **Genfluss** von den Zuchten in die besetzten **Populationen** zurückzuführen und zeigt, dass sich die Besatzmaßnahmen über die letzten Jahrzehnte direkt auf die genetischen Eigenschaften der **Populationen** in den Gewässern

Übersicht Bewirtschaftungseinheiten

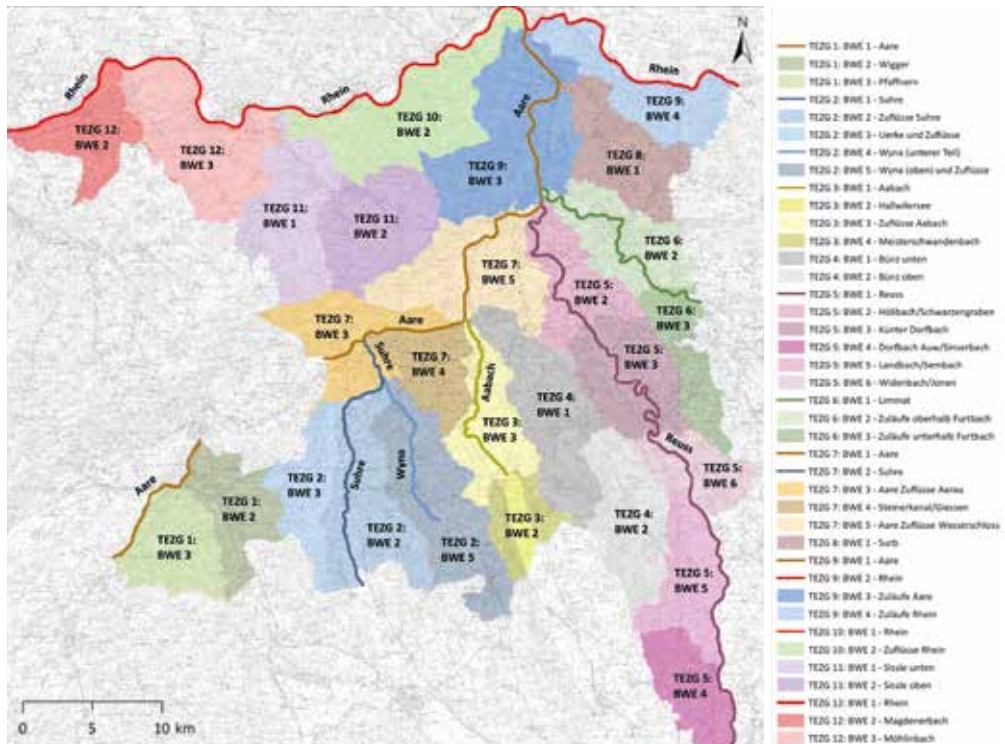


Abbildung 7-3. Übersicht über die im Kanton Aargau ausgeschiedenen Bewirtschaftungseinheiten (BWE). Insgesamt wurden 35 BWE definiert. Aare, Limmat, Reuss, Rhein, Suhre, Wyna und Aabach gelten jeweils als eine BWE, auch wenn sie in der Legende mehrfach vorkommen.

ausgewirkt haben. Dazu können unter Umständen (z. B. bei kleinen Populationsgrößen) schon wenige Individuen, die sich pro Generation mit den natürlich vorkommenden **Populationen** vermehren, ausreichen. Dieser **Genfluss** kann dabei zu einem schrittweisen Verlust von Anpassungen an die lokalen Umweltbedingungen führen.

Obwohl die Populationen sich aufgrund des Besatzes in der Vergangenheit genetisch ähnlicher geworden sind, sind die natürlichen Prozesse, die zur genetischen Differenzierung zwischen Populationen führen, nicht zusammengebrochen und die meisten Forellen der untersuchten Standorte sind genetisch noch signifikant unterschiedlich. Im Rahmen der Bewirtschaftung sollte dies berücksichtigt werden. Genetisch differenzierte Populationen haben das Potential über einzigartige lokale Anpassungen zu verfügen. Ein Verlust solcher lokalen Anpassungen könnte negative Auswirkungen auf die Fortpflanzungsfähigkeit und das Überleben (**Fitness**) der natürlich vorkommenden **Populationen** haben. Wird die **Fitness** dieser Forellenpopulationen geschwächt, kann dies unter Umständen zu einem Produktionsverlust eines Gewässers führen und so schlussendlich zu weniger fangbaren Forellen. Dies würde auch die Fischer negativ beeinflussen. Eine lokale Bewirtschaftung ist also nicht nur im Sinne des Schutzes der Biodiversität, sondern auch im Sinne der Fischer, welche die Forellen der einzelnen Gewässer nutzen.

Die Ergebnisse der Studie zeigen einerseits, dass sich die Besatzmaßnahmen auf viele Gewässer des Kantons genetisch ausgewirkt haben. Andererseits zeigen sie auch, dass sich die meisten Probenahme-Standorte genetisch immer noch signifikant unterscheiden. Dies macht es schwierig, eine allgemeine Schlussfolgerung über die Effizienz oder den Erfolg von Besatzmaßnahmen zu machen. Schon ein geringer Besatzerfolg (einzelne Individuen, die sich natürlich fortpflanzen) kann zu **Genfluss** führen und genetische Unterschiede verwässern, vor allem wenn dieser über viele Generationen hinweg stattfindet. Wenn keine natürliche Fortpflanzung stattfände und die meisten Fische aus dem Besatz abstammen würden, würde man nur sehr kleine und in der Regel nicht signifikante genetische Unterschiede zwischen Forellen der Fischzuchten und den untersuchten Standorten erwarten. Dies ist, wie die Resultate dieser Studie zeigen, nicht der Fall. Deshalb kann davon ausgegangen werden, dass in vielen Gewässern die natürliche Fortpflanzung eine wichtige Rolle spielt. Die durch den Kanton und die Fischer zusammen durchgeführten Kartierungen der Forellenlaichgruben liefern diesbezüglich nützliche Informationen und sind wichtig für die Planung der zukünftigen Bewirtschaftung. Um die gewässerspezifische Effizienz spezifischer Besatzmaßnahmen zu überprüfen, sind allerdings weitere, gezielte Erfolgskontrollen notwendig. Zurzeit werden solche bereits in einigen Gewässern des Kantons Aargau durchgeführt. Dabei wird zum ersten Mal auch die Genetik genutzt, um Besatzfische zu markieren, nebst anderen gängigen Methoden wie z. B. ein Fettflossenschnitt. Die Resultate dieses Versuches werden in einem separaten Bericht abgehandelt.

Empfehlungen für die zukünftige Bewirtschaftung

Die hohe Anzahl genetischer Unterschiede und das nicht Vorhandensein einer Steigerung der genetischen Differenzierung zwischen Populationen mit zunehmender geografischer Distanz führen dazu, dass die Ausscheidung von Bewirtschaftungseinheiten nicht ganz einfach war. Basierend auf den genetischen Daten müsste im Prinzip fast jedes Gewässer separat bewirtschaftet werden. Dies ist in der Praxis jedoch oft nicht möglich.

Nach Rücksprache mit der Sektion Jagd und Fischerei wurde bei der Ausscheidung der Bewirtschaftungseinheiten ein pragmatisches Vorgehen gewählt, das von verschiedenen Fischereiexperten und vom BAFU empfohlen wird ^[21]. Dabei sollen nebst den genetischen Ergebnissen, Informationen über das Vorhandensein verschiedener Teileinzugsgebiete (Größe 150 km²) und verschiedener Gewässertypen sowie Vorkommen der einzelnen Fischarten einfließen. Die ausgeschiedenen BWE sollen in Zukunft bei der Bewirtschaftung als minimaler Standard berücksichtigt werden. Das heisst konkret: Forellen sollten nur innerhalb dieser Einheiten verschoben bzw. bewirtschaftet werden. Der Laichfischfang, die Aufzuchtgewässer und die Besatzgewässer müssen also stets in derselben Bewirtschaftungseinheit liegen. Mit diesem Ansatz wurden für die Forellen im Kanton Aargau insgesamt 35 verschiedene Bewirtschaftungseinheiten ausgeschieden. Falls möglich, sollte aber dennoch in kleineren BWE, d. h. gewässerspezifischen BWE, bewirtschaftet werden. Detaillierte Angaben und Erläuterungen für jedes Teileinzugsgebiet und die jeweiligen Bewirtschaftungseinheiten sind im Anhang aufgeführt.

Glossar

Begriff	Beschreibung
Allel	Ein Allel bezeichnet eine mögliche Variante eines Gen s oder eines Lokus . Im Fall der Mikrosatelliten werden die unterschiedlichen Fragmentlängen als Allele bezeichnet.
Allelfrequenzen	Die Häufigkeit eines Allels innerhalb einer Population .
Biologisches Artkonzept	Arten sind Gruppen von sich miteinander fortpflanzenden Populationen , die von anderen solchen Gruppen reproduktiv isoliert sind.
Chromosom	Ein fadenförmiges Gebilde, welche das Erbgut eines Lebewesens trägt und in jedem Zellkern vorhanden ist.
Demografischer Flaschenhals	Damit wird in der Populationsgenetik eine genetische Verarmung einer Population bezeichnet, welche eine Folge einer (zeitweiligen) starken Reduktion der Anzahl Individuen einer Population oder Art ist.
Desoxyribonukleinsäure (DNS)	Die Desoxyribonukleinsäure (DNS) ist ein Makromolekül, das die Erbinformation enthält. Sie ist im Zellkern und in den Mitochondrien vorhanden. Die DNS ist zusammengesetzt aus den chemischen Elementen Kohlenstoff, Wasserstoff, Stickstoff, Sauerstoff und Phosphor. Im Sprachgebrauch wird häufig die Abkürzung DNA verwendet, die sich vom englischen Begriff Deoxyribonucleic Acid ableitet.
Fitness	Die Fitness beschreibt die Überlebens- und Fortpflanzungswahrscheinlichkeit eines Individuums und die Anzahl von Nachkommen, die es zeitlebens hat. Je besser ein Individuum an seine Umwelt angepasst ist, desto höher ist seine Fitness.
F_{ST}	Der F_{ST} beschreibt den Anteil der Varianz in Allelfrequenzen , der durch die Einteilung der Individuen in verschiedene Populationen erklärt wird ^[24] . Vereinfacht ausgedrückt bedeutet dies, dass die berechneten Werte zwischen 0 (die Populationen sind identisch) und 1 (die Populationen sind komplett verschieden) liegen.
Gen	Erbinheit, partikuläre Erbanlage, die für ein Protein kodiert ist oder dieses reguliert. Beeinflusst morphologische und physiologische Merkmale eines Individuums.
Genetische Drift	Unter diesem Begriff wird die vom Zufall abhängige, also nicht durch Selektion gesteuerte genetische Veränderung (Schwankungen der Allelfrequenzen) einer Population verstanden.
Genfluss	Bezeichnet den Austausch von genetischem Material zwischen zwei Populationen einer Art , bzw. zwischen Individuen innerhalb einer Population .
Genom/Erbgut	Als Genom oder Erbgut eines Lebewesens, bezeichnet man die Gesamtheit der materiellen Träger der vererbaren Informationen einer Zelle.
Genotyp	Genetische (Allel -) Zusammensetzung eines Individuums an einem oder mehreren Loci
Haplotyp	Als Haplotyp wird eine Variante einer Nukleotidsequenz auf ein und demselben Lokus im Genom eines Lebewesens bezeichnet.
Heterozygote	Wenn ein Individuum an einem Lokus zwei unterschiedliche Allele hat, ist es bezogen auf diesen Lokus heterozygot.
Homozygote	Wenn ein Individuum an einem Lokus zwei identische Allele hat, ist es bezogen auf diesen Lokus homozygot.
Hybridisierung	Ein Hybrid ist ein Individuum, das aus einer Kreuzung zwischen Individuen verschiedener Gattungen, Arten , Unterarten oder Zuchtlinien hervorgegangen ist. Die Hybridisierung beschreibt diesen Vorgang.
Introgression	Die genetische Introgression beschreibt die Bewegung eines Gens, Chromosoms oder Chromosomsegments von einer Art oder Population auf eine andere durch Hybridisierung .
Inzucht	Inzucht beschreibt die Fortpflanzung unter nah verwandten Individuen.
Linkage Disequilibrium	Eine nicht zufällige Assoziation von Allelen in verschiedenen Loci. Ein Vorliegen einer solchen Assoziation entsteht zum Beispiel wenn zwei Loci auf einem Chromosom sehr nahe beieinander liegen und somit zusammen als eine Einheit vererbt werden.
Lokus/Loci	Ein Lokus (Mehrzahl: Loci) beschreibt eine Stelle im Genom (z. B. ein Gen oder ein Mikrosatellit).
Mikrosatellit	Ein Mikrosatellit ist ein Lokus auf dem Genom , in dem sich kurze DNS -Sequenzen oft wiederholen (z. B. 3' ATATATATATATATATATATATATATATATATAT - 5').

Begriff	Beschreibung
Mutation	Als Mutation bezeichnet man jede Veränderung im genetischen Material, die auf die Tochterzellen vererbt wird bzw. vererbt werden könnte.
Natürliche Selektion	Natürliche Selektion ist ein Prozess, bei dem aus der Menge der ererbten Merkmalsvarianten eher diejenigen an nachfolgende Generationen weitergegeben werden, die zum Überleben und zu vermehrter Reproduktion führen.
Phänotyp	Das Erscheinungsbild eines Individuums. Der Phänotyp ist das Resultat der Interaktion des Genotyps mit Umwelteinflüssen.
Phänotypische Plastizität	Phänotypische Plastizität bezeichnet die Möglichkeit eines Genotyps als Antwort auf unterschiedliche Lebensbedingungen unterschiedliche Phänotypen auszuprägen. Verschiedene Individuen können auch innerhalb eines Lebensraumes durch Plastizität unterschiedlich sein.
Phylogenie	Untersuchung des historischen Ablaufs der Aufspaltung und der meist mit Höherentwicklung einhergehenden Entwicklung der Lebewesen im Laufe der Erdgeschichte.
Polymerase Kettenreaktion (PCR)	Die Polymerase-Kettenreaktion (englisch Polymerase Chain Reaction, PCR) ist eine Methode, um die Erbsubstanz DNS in vitro zu vervielfältigen. Dazu wird ein Enzym namens DNS-Polymerase verwendet. Der Begriff »Kettenreaktion« beschreibt in diesem Zusammenhang die Tatsache, dass die Produkte vorheriger Zyklen als Ausgangsstoffe für den nächsten Zyklus dienen und somit eine exponentielle Vervielfältigung der Erbsubstanz erreicht wird.
Population	Gruppe von Individuen in einem bestimmten (zusammenhängenden) Gebiet, die sich sexuell miteinander fortpflanzen.
Populationsgenetik	Zweig der genetischen Forschung, der sich insbesondere mit dem Austausch und der Dynamik der Erbanlagen auf dem Niveau ganzer Populationen beschäftigt und die Wirkungen von Selektion und Mutation auf die genetische Zusammensetzung der Populationen studiert.
Primer	Im Zusammenhang mit der Polymerasekettenreaktion (PCR): Ein Primer ist ein kurzes Stück DNS (ein Oligonukleotid), das der DNS-Polymerase als Startpunkt für die Synthese von DNS dient. Primer besitzen in der Regel eine Länge von 18 bis 30 Basenpaaren.
Rekombination	Darunter wird die bei der sexuellen Fortpflanzung im Zellkern vor sich gehende Neuordnung von genetischem Material verstanden. Durch Rekombination kommt es zu neuen Gen- und Merkmalskombinationen.
Structure-Analyse	Eine Zuordnungsanalyse mit der Computersoftware Structure, die Individuen anhand seiner genetischen Eigenschaften einer genetisch eigenständigen Population zuweist. Es wird die Wahrscheinlichkeit, dass ein Individuum einer Population zugehört, berechnet. Je größer die genetischen Unterschiede zwischen den Populationen sind, desto besser können die Individuen den verschiedenen Populationen zugewiesen werden. Die Resultate werden in der Regel als Balkengrafik dargestellt. Structure-Analysen ermöglichen in vielen Fällen auch die Identifikation von Hybriden .
Sympatrie	Als Sympatrie bezeichnet man in der Biologie eine Form der geographischen Verbreitung, bei der sich die Verbreitungsgebiete von zwei Populationen , Unterarten oder Arten überlappen.

Punktgenau und zielgerichtet werben !

Erreichen Sie mit Ihrer **Einschaltung** in **Österreichs Fischerei** punktgenau Ihre **Zielkunden** ! Details finden Sie unter www.oesterreichs-fischerei.at im Bereich »**Media Daten**« Anzeigenpreise.

Anzeigenannahme: Lukas Hundritsch, A-5310 Mondsee, Scharfling 18 | E-Mail: office@oesterreichs-fischerei.at
 Telefon: Mittwoch 15 bis 18 Uhr, +43(0)680/12 85 001
Annahmeschluss für Inserate Heft 7 2018: 10. Juni 2017



LITERATURVERZEICHNIS

1. Pinter, K., et al., 2017. Besatzwirtschaft in Österreich und mögliche Effekte auf innerartliche Vielfalt der Bachforellen. Österreichs Fischerei. 70: p. 15–33.
2. Vrijenhoek, R.C., 1994. Genetic diversity and fitness in small populations. Conservation Genetics. 68: p. 37–53.
3. Darwin, C., 1859. On the origin of species by means of natural selection, or the preservation of favoured races in the struggle for life. London: John Murray.
4. Vonlanthen, P. & D. Hefti, 2016. Genetik und Fischerei – Zusammenfassung der genetischen Studien und Empfehlungen für die Bewirtschaftung. Bundesamt für Umwelt: Ittigen.
5. Jungwirth, M., 2003. Angewandte Fischökologie an Fließgewässern. Facultas-Verlag.
6. Halvorsen, M. & O.B. Stabell, 1990. Homing behaviour of displaced stream-dwelling brown trout. Animal Behaviour 39(6): p. 1089–1097.
7. Stelkens, R.B., et al., 2012. Genetic and phenotypic population divergence on a microgeographic scale in brown trout. Molecular Ecology. 21(12): p. 2896–2915.
8. Kottelat, M. & J. Freyhof, 2007. Handbook of European Freshwater Fishes. Cornol, Switzerland: Publications Kottelat.
9. Endler, J.A., 1989. Natural selection in the wild. Princeton University Press.
10. Araki, H., B. Cooper, & M. Blouin, 2007. Genetic Effects of Captive Breeding Cause a Rapid, Cumulative Fitness Decline in the Wild. Science. 318: p. 100–103.
11. Vonlanthen, P., et al., 2007. Genetic analysis of potential postglacial watershed crossings in central Europe by the bullhead (*Cottus gobio* L.). Molecular Ecology. in press.
12. Häberli, M., 2015. Phenotypic and Genetic Diversification of *Cottus gobio* in a Metapopulation, in Philosophisch-naturwissenschaftlichen Fakultät der Universität Bern Universität Bern: Bern.
13. Hudson, A., P. Vonlanthen, & O. Seehausen, 2014. Population structure, inbreeding and local adaptation within an endangered riverine specialist: the nase (*Chondrostoma nasus*). Conservation Genetics. 15(4): p. 933–951.
14. Vonlanthen, P., A.G. Hudson, & O. Seehausen, 2010. Genetische Differenzierung und lokale Anpassung der Nasenpopulationen in der Schweiz. BAFU, Editor, EAWAG: Kastanienbaum.
15. Excoffier, L. & H. Lischer, 2010. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. Molecular Ecology Resources. 10: p. 564–567.
16. BAFU, 2015. Einzugsgebietsgliederung Schweiz, EZGG-CH – opographische Einzugsgebiete der Schweizer Gewässer, in Produktdokumentation, Bundesamt für Umwelt.
17. Behrmann-Godel, J., 2014. Genetische Untersuchungen zur Diversität von Seeforellen im Bodensee-Obersee, Universität Konstanz: Konstanz.
18. Largiadere, C.R. & D. Hefti, 2002. Genetische Aspekte des Schutzes und der nachhaltigen Bewirtschaftung von Fischarten, in Mitteilungen zur Fischerei Nr. 73, Bundesamt für Umwelt: Bern.
19. Rousset, F., 1997. Genetic differentiation and estimation of gene flow from F-statistics under isolation by distance. Genetics. 145(4): p. 1219–1228.
20. Aquabios, 2015. Erfolgskontrolle Besatzmaßnahmen und populationsgenetische Untersuchung der Äschen im Kanton Aargau, V.u.U. Departement Bau, Abteilung Wald, Sektion Jagd und Fischerei, Editor, Aquabios GmbH: Châtonnaye.
21. BAFU, In Erarbeitung. Ökologisch angemessener Fischbesatz – Empfehlungen für die Praxis, Bundesamt für Umwelt: Bern.
22. Keller, I., A. Taverna, & O. Seehausen, 2011. Evidence of neutral and adaptive genetic divergence between European trout populations sampled along altitudinal gradients. Molecular Ecology. 20(9): p. 1888–1904.
23. Keller, I., et al., 2012. Parallel divergent adaptation along replicated altitudinal gradients in Alpine trout. BMC Evolutionary Biology. 12: p. 1–16.
24. Weir, B. & C. Cockerham, 1984. Estimating F-Statistics for the analysis of population structure. Evolution. 38(6): p. 1358–1370.

Den gesamten Bericht mit umfangreichem Anhang inklusive der Beschreibung der Laborarbeiten, statistischer Auswertungen, Basisanalysen und der empfohlenen Bewirtschaftungseinheiten können Sie auf der Homepage des Kantons Aargau unter www.ag.ch im Bereich Fischerei finden.

Fischzucht Rhönforelle GmbH & Co. KG Rendelmühle 36129 Gersfeld Deutschland Tel. +49(0)66 54/91 92 20 Fax +49(0)66 54/82 77 www.fisch-gross.de		Wir liefern unter anderem nach Österreich: Sterlet und orig. Störe, Aalrutten, Elritzen, Nasen, Hechte, Zander vorgestreckt sowie Glasaale (April–Mai) & Farmaale (Mai–Sept.)
---	---	--

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Österreichs Fischerei](#)

Jahr/Year: 2018

Band/Volume: [71](#)

Autor(en)/Author(s): Vonlanthen Pascal

Artikel/Article: [Wissenschaft: Populationsgenetische Untersuchung der Forellen im Kanton Aargau 131-155](#)