

6. Literatur

- Bănărescu, P. M., 1964: Pisces – Osteichthyes. Fauna R. P. Romine, Vol 13. – *Edit. Acad. R. P. Romine*, Bucuresti, p. 959.
- Berg, L. S., 1949: Freshwater Fishes of U.S.S.R. and Adjacent Countries, Vol. 3. 927-1382. p. – *Izd. Akad. Nauk SSSR*, Moscow (in Russian)
- Berinke, L., 1966: Halak – Pisces. – *Akadémiai Kiadó*, Budapest, pp. 139.
- Cărăușu, S., 1952: Tratat de ichtologie. – *Edit. Acad. R. P. Romine*, p. 852.
- Coad, B., 2004: Freshwater Fishes of Iran. – <http://www.briancoad.com/species%20accounts/Proterorhinus.htm>
- Copp, G. H., Bianci, P. G., Bogutskaya, N. G., Erős, T., Falka, I., Ferreira, M. T., Fox, M. G., Freyhof, J., Gozlan, R. E., Grabowska, J., Kováč, V., Moreno-Amich, R., Naseka, A. M., Peňáz, M., Povž, M., Przybylski, M., Robillard, M., Russel, I. C., Stakénas, S., Sumer, S., Vila-Gispert, A., Wiesner, C., 2005: To be, or not to be, a non-native freshwater fish? – *J. Appl. Ichthyol.* 21., 242–262.
- Harka, Á., 1990: Zusätzliche Verbreitungsgebiete der Marmorierten Grundel (*Proterorhinus marmoratus* Pallas) in Mitteleuropa. – *Österreichs Fischerei* 43, 262–265.
- Harka, Á., 1997: Halaink – *Természet- és Környezetvédő Tanárok Egyesülete*, Budapest, 175 pp.
- Harka, Á., 2003: A szivárványos ökle (*Rhodeus sericeus* [Pallas, 1776]) növekedése és produkciója a Tisza-tóban. – *Allattani Közlemények* 88 (1): 37–49.
- Harka, Á., Bíró, P., 2005: A globális felmelegedés és a kanalizáció szerepe egyes ponto-kaszpikus halfajok közép-európai terjedésében. – *Hidrológiai Közöny* 85. 6. 44–47.
- Harka, Á., Sallai, Z., 2004: Magyarország halfaunája – *Nimfea Természetvédelmi Egyesület*, Szarvas, 269 pp.
- Holčík, J., 1999: *Rhodeus sericeus* (Pallas, 1776). – In: Freshwater Fishes of Europe 5/1, 2–32. – *AULA-Verlag*, Wiebelsheim.
- Krupka, I., 1973: O raste ryb. – *Polovnictvo a rybarstvo* 25. 5., 28–29 (in Slovak).
- Miller, P. J., 1986: Gobiidae. – In: Whitehead, Bauchot, Hureau, Nielsen, Tortonese (ed.): Fishes of the North-eastern Atlantic and the Mediterranean, *UNESCO*, Paris, Printed in the United Kingdom, 1019–1085.
- Pinchuk, V. I., Vasil'eva, E. D., Vasil'ev, V. P., Miller, P. J., 2004: *Proterorhinus marmoratus* (Pallas, 1814). – In: The Freshwater Fishes of Europe 8/2, 72–93. – *AULA-Verlag*, Wiebelsheim.
- Tesch, F. W., 1968: Age and growth. – In: Ricker, W. (ed.): Methods for assesment of fish production in fresh waters. – *Blackwell Scientific Publications*, Oxford and Edinburgh, p. 93–120.

Adressen der Autoren:

Dr. Ákos Harka, Magyar Haltani Társaság, H-5350 Tiszafüred, Táncsics u. 1, harka@kossuth-tfured.sulinet.hu
Dipl.-Ing. Josef Farkas, Amt d. Kärntner Landesreg., Flatschacher Str. 70, A-9020 Klagenfurt, josef.farkas@ktn.gv.at

Genetische Untersuchungen der österreichischen Perlfisch-Populationen (*Rutilus frisii meidingeri*) mittels RFLP

RENATE SCHREMPF

A-5020 Salzburg, Paracelsusstraße 29/2/21

Abstract

Genetic analysis of Austrian lake chub (*Rutilus frisii meidingeri*) using RFLP

In the year 2004 the lake chub populations from Lake Attersee, Lake Mondsee, Lake Wolfgangsee and from the river Danube were characterized genetically.

The method of restriction length polymorphism (RFLP) of mitochondrial DNA (mtDNA) was used. Lake chub population from Lake Attersee and Lake Mondsee were closely related with each other, the population of Lake Wolfgangsee showed greater differences. The genotype of Lake Wolfgangsee lake chub was almost identical with those from Lake Wolfgangsee from 1902 to 1908 (museum samples). Lake chubs from the Danube were genetically isolated from the lacustrine populations whereby they were more closely related to the populations of Lake Attersee and Lake Mondsee than to those of Lake Wolfgangsee.

Zusammenfassung

Im Jahr 2004 wurden genetische Untersuchungen an den Perlfischpopulationen des Wolfgangsees, des Attersee, des Mondsees und der Donau durchgeführt.

Hierzu wurden mitochondrielle DNA-Segmente (mtDNA) mittels RFLP (Restriktions-Fragment-Längen-Polymorphismus) untersucht. Die Populationen aus Attersee und Mondsee wiesen zueinander nur eine geringe genetische Distanz auf, die genetischen Unterschiede zur Population aus dem Wolfgangsee waren hingegen größer. Wolfgangsee-Perlfische aus den Jahren 1902 bis 1908 (aus dem Naturhistorischen Museum in Wien) waren mit den rezenten Wolfgangsee-Perlfischen genetisch beinahe völlig ident. Perlfische aus der Donau können von den Seenpopulationen als genetisch isoliert betrachtet werden, wobei sie hierbei den Attersee- und Mondsee-Perlfischen jedoch ähnlicher sind als den Wolfgangsee-Perlfischen.

Einleitung

Zum heutigen Verbreitungsgebiet des Perlfisches gehören der österreichische Attersee, Mondsee, Wolfgangsee und Traunsee sowie der bayrische Chiemsee und die Donau. Bis vor kurzem galt die Population des Traunsees als verschollen, jedoch werden laut mündlicher Auskunft eines ansässigen Fischers (J. Dorfner, Altmünster, 2006) nach wie vor vereinzelt Exemplare als Beifang gesichtet. Der Perlfisch des Chiemsees war seit der zweiten Hälfte des 20. Jahrhunderts durch Abwasserbelastungen verschollen, es erfolgte jedoch in den 90-er Jahren ein erfolgreicher Wiederbesatz mit Perlfischen aus dem Attersee. So werden seit einigen Jahren Perlfische wieder als Beifang gemeldet (mündliche Auskunft P. Gollmann, Scharfling, 2004).

Der Perlfisch wird aufgrund seines stark eingeschränkten Verbreitungsgebietes in den Roten Listen gefährdeter Tiere Österreichs geführt (Status gefährdet [3]; Herzig, 1994; www.roteliste.at). In Niederösterreich zählt der Perlfisch sogar zu den stark gefährdeten Fischen (Miksch & Wolfram-Wais, 1999; www.roteliste.at). Auch nach der IUCN-Red-List gilt der Perlfisch als »endangered«, wobei als Hauptursache hierfür die geringe geographische Verbreitung genannt wird. Zusätzlich wird aufgrund der Abnahme der Lebensraumqualität und -quantität eine Abnahme der Populationsgrößen befürchtet (www.redlist.org).

Im Zuge meiner Diplomarbeit (2005) wurden populationsgenetische Untersuchungen der Perlfischpopulationen aus den Salzkammergutseen und aus der Donau durchgeführt. Ziel war die Beantwortung der Frage, ob sich die Perlfische in gewässerspezifische Populationen differenzieren. Die Erhaltung gewässerspezifischer Fischpopulationen ist ein Grundgedanke der Ökologie, da hierdurch das genetische Potenzial einer Art aufrecht erhalten wird. Zusätzlich sind einzelne Populationen zumeist optimal an die jeweiligen Standortbedingungen angepasst. Genotypische Vergleiche rezenter Perlfische mit Museumsfischen wurden zusätzlich durchgeführt, um Aufschluss darüber zu erhalten, ob in den letzten Jahrzehnten bzw. im letzten Jahrhundert genetische Differenzierungen innerhalb der einzelnen Populationen eintraten.

Bereits von Fuchs et al. (1999) wurde die genetische Verwandtschaft zwischen Perlfischpopulationen aus dem Wolfgangsee und dem Attersee mittels Cytochrom-B-Sequenzen der mitochondrialen DNA, der RAPD-Technik und der RAMPO-Technik untersucht. Das Untersuchungsziel war herauszufinden, ob im Chiemsee unter genetischen Aspekten ein Besatz mit Perlfischen aus dem Attersee möglich ist oder ob sich die einzelnen Perlfischpopulationen genetisch so sehr unterscheiden, dass ein Besatz mit Fremdmaterial als kritisch betrachtet werden muss. Mittels der RAPD-Technik wurden 2 Banden gefunden, die unterschiedlich häufig in den Populationen auftraten, mit der RAMPO-Methode konnten jedoch keine weiteren Unterschiede festgestellt werden. Die Ergebnisse zeigen, dass es sich bei den Attersee- und den Wolfgangsee-Perlfischen nicht um identische, aber um genetisch sehr nahe verwandte Populationen handelt.

Material und Methoden

Untersuchte Populationen

In Tab. 1 sind die untersuchten Populationen sowie das Fangjahr und die Anzahl der Exemplare in den Klammern aufgelistet.

Tab. 1: Genetisch untersuchte Perlfischexemplare

Population	Datum (Exemplare)
Wolfgangsee	2004 (7)
Attersee	2004 (7)
Mondsee	2004 (7)
Wolfgangsee-Museum	1902 (1), 1906 (1), 1907 (2), 1908 (3)
Donau	1986 Ort unbekannt (1), 1992 bei Pöchlarn (1), 1929 bei Petronell (1), um 1990 bei Krems (2), um 1990 Unterwasser Freudenau (2), Engelhartzell, 2004 (1)

RFLP (Restriktions-Fragment-Längen-Polymorphismus) von mtDNA-(mitochondriellen DNA)Segmenten

Die DNA-Extraktion und -Reinigung erfolgte mit einem Nucleo Spin Ready Kit der Firma Macherey-Nagel GmbH, Deutschland.

Durch die Polymerase Chain Reaction wurden das ND1-Segment und das ND5/6-Segment (Tab. 2) der mitochondrialen DNA (mtDNA) amplifiziert (30 Zyklen, je 30 sec bei 95 °C, 45 sec bei 52 °C und 150 sec bei 72 °C). Die Proben wurden mit Reagenzien von SIGMA-Aldrich (Saint Louis, Missouri) behandelt.

Tab. 2: Primer-Sequenzen und Restriktionsenzyme: ¹ Nielsen et al., 1998

Amplifiziertes mtDNA-Segment	Primer-Sequenzen	Restriktionsenzyme
ND1-Segment ¹	5'-GCCTCGCCTGTTACCAAAAACAT-3'	AluI, AvaII, HaeIII, HinfI, BglII, ClaI, HpaII, XbaI, TaqI, RsaI
	5'-GGTATGGGCCCGAAAGCTTA-3'	
ND 5/6 Segment ¹	5'-AATAGCTCATCCATTGGTCTTAGG-3'	ClaI, HinfI, HpaII, XbaI, TaqI, AluI, AvaII, HaeIII, BglII, RsaI
	5'-TAACAACGGTGGTTTTTCAAGTCA-3'	

Die DNA-Fragmente wurden auf 8%-igen Polyacrylamidgelen mittels Elektrophorese (70 min bei 100 V) in einem Trisboratpuffer aufgetrennt und anschließend mit der Silberfärbung mit Hilfe eines Kits von Bio-RAD Laboratories (Wien, Österreich) gefärbt (Tab. 2.4–3).

Nach dem Einscannen der Gele (Digitalisierung) und der Bearbeitung dieser mit einem Bildbearbeitungsprogramm (Photoshop) konnten die jeweiligen Bandenlängen ermittelt und auf die Gesamtlänge des Gels standardisiert werden.

$$\text{Transformierte Bandenlänge} = \frac{\text{gemessene Bandenlänge}}{\text{Gesamtlänge Gel}} \times 100$$

Anschließend wurde eine Fragmentmatrix je nach dem Vorhandensein oder Fehlen einer Bande erstellt und basierend auf dieser mit dem Programm »D« (McElroy et al., 1992) eine Distanzmatrix der Nukelotidsubstitutionen erstellt. Mit dem Phylip-Programm (Phylogeny Inference Package, software copyright Felsenstein, 2002) konnte, basierend auf dieser Distanzmatrix, wiederum ein Dendrogramm (unrooted, ohne Wurzel) erzeugt werden, welches die Verwandtschaftsbeziehungen der einzelnen Perlfischpopulationen aufgrund des Genotyps grafisch darstellt.

Ergebnisse

Zwischen den Perlfischpopulationen des Wolfgangsees (2004 und um 1900), Attersee (2004), Mondsee (2004) und der Donau (1929 und um 1990 und 2004) konnten durch Behandlung der

amplifizierten DNA-Abschnitte mit unterschiedlichen Restriktionsenzymen (Tab. 2) verschiedene Schnittmuster erzeugt werden.

Basierend auf diesem Schnittmuster, erfolgte die Erstellung einer Distanzmatrix der Nucleotidsubstitutionen (Tab. 3). Diese wurde zur Berechnung von Dendrogrammen verwendet (Abb. 1), welche die Verwandtschaftsbeziehungen zwischen den Haplotypen (Tab. 4) der einzelnen Populationen widerspiegeln.

Aus dem Dendrogramm in Abb. 1 ist eine nahe genotypische Verwandtschaft zwischen Wolfgangsee-Perlfischen aus dem Jahr 2004 und jenen um 1900 erkennbar. Diese unterschieden sich lediglich bezüglich eines Restriktionsenzym.

Ebenso glich der Haplotyp von Attersee-Perlfischen stark jenem der Mondsee-Perlfische. Insgesamt konnten mittels 4 Restriktionsenzym-Primer-Kombinationen Unterschiede in 4 Banden erzeugt werden. Wolfgangsee-Perlfische unterschieden sich durch 10 Banden, erzeugt mit 7 Restriktionsenzym-Primer-Kombinationen, von Attersee-Perlfischen und durch 10 Banden, erzeugt mit 6 Restriktionsenzym-Primer-Kombinationen, von Mondsee-Perlfischen. Rezente Donau-Perlfische (Fangorte: Krems, Unterwasser Freudenau, Pöchlarn, Jochenstein) unterschieden sich von jenen aus dem Jahr 1929 (Fangort: Petronell); so konnten mit 4 Restriktionsenzym-Primer-Kombinationen 6 unterschiedliche Banden erzeugt werden. Attersee-Perlfische (9 Restriktionsenzym-Primer-Kombinationen ergaben Unterschiede in 16 Banden) und Mondsee-Perlfische (9 Restriktionsenzym-Primer-Kombinationen ergaben Unterschiede in 14 Banden) waren rezenten Donau-Perlfischen genetisch ähnlicher als Wolfgangsee-Perlfische (11 Restriktionsenzym-Primer-Kombinationen ergaben Unterschiede in 20 Banden). Die Perlfische des Wolfgangsees, Attersees, Mondsees und der Donau stellen also genetisch unterschiedliche Haplotypen dar (Tab. 4).

Tab. 3: **Distanzmatrix der Nucleotidsubstitutionen**

	Attersee 2004	Mondsee 2004	Wolfgangsee 2004	Wolfgangsee um 1900	Donau um 1990	Donau 1929
Attersee 2004	0,000000					
Mondsee 2004	0,006247	0,000000				
Wolfgangsee 2004	0,015145	0,014857	0,000000			
Wolfgangsee um 1900	0,017002	0,016560	0,001178	0,000000		
Donau um 1990	0,022961	0,019013	0,026374	0,028523	0,000000	
Donau 1929	0,040370	0,034969	0,057739	0,060711	0,024463	0,000000

Tab. 4: **Haplotypen der einzelnen Perlfischpopulationen**

Gleiche Buchstaben zwischen den Populationen bedeuten dasselbe Schnittmuster eines Restriktionsenzym.

Population	Haplotyp
Attersee 2004	ABCDABCDABCDABCDABCD
Mondsee 2004	ACCDABDAABCDABCDDBCD
Wolfgangsee 2004	ADDAABDBBBBCDABCDABCD
Wolfgangsee 1900	ADDAABDBBBBCAABCDABCD
Donau rezent	AACDABCABBCDACCADCDA
Donau 1929	BAADBBCACBCDACCADCDA

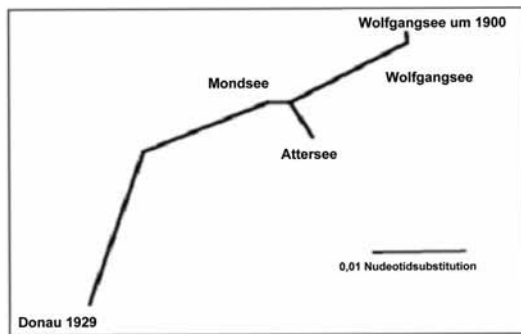


Abb. 1: Dendrogramm (Typ: unrooted), basierend auf der Nucleotidsubstitutionsmatrix: Verwandtschaftsbeziehungen zwischen Wolfgangsee-, Attersee-, Mondsee- (jeweils 2004) und Donau-Perlfischen (um 1990 und 2004). Fangorte: Krems, Unterwasser Freudenu, Pöchlarn, Engelhartzell) sowie Wolfgangsee-Perlfische um 1900 und Donau-Perlfisch um 1929 (Fangort: Petronell).

Diskussion

Durch die Untersuchungen des Restriktionslängenpolymorphismus von mitochondrialen DNA-Segmenten konnten Unterschiede im Genotyp zwischen den Perlfischpopulationen aus dem Mondsee (2004), dem Attersee (2004), dem Wolfgangsee (2004 und um 1900) und der Donau (1929 und um 1990 bzw. 2004) festgestellt werden.

Zwischen rezenten Wolfgangsee-Perlfischen und Wolfgangsee-Perlfischen von 1902 bis 1908 wurde lediglich mittels eines Restriktionsenzym ein Unterschied im Bandenmuster erzeugt. Hierbei könnte es sich aber auch um einen methodischen Fehler handeln.

Die genetische Variabilität innerhalb von Populationen und die genetische Differenzierung zwischen Populationen einer Art werden durch die Faktoren Mutation, Selektion, genetische Drift und Genfluss bestimmt. Genetische Variabilität wird durch Mutationen erzeugt, und Selektion und genetische Drift in endlichen Populationen sorgen für eine Differenzierung zwischen Populationen. Genfluss zwischen Populationen wirkt dieser Differenzierung entgegen. Die Stärke des Genflusses ist daher ausschlaggebend für die genetische Differenzierung zwischen Populationen, wobei niedriger Genfluss die Artbildung fördert (Slatkin, 1987). Mutationen trifft man in natürlichen Populationen sehr häufig an. Man schätzt, dass sie mit einer Häufigkeit von 10^{-5} bis 10^{-6} je Genort und Generation auftreten (<http://www.biologie.uni-hamburg.de>).

Obwohl der Attersee wie auch der Mondsee geographisch in enger Verbindung stehen, wiesen die Populationen der beiden Seen unterschiedliche Haplotypen auf. Grund hierfür dürfte die Unterbrechung des Genflusses zwischen den beiden Populationen sein, welcher durch das Kraftwerk in der Mondsee-Ache hervorgerufen wird (vgl. Siligato & Gumpinger, 2005). So wird zum Abblachen von den Mondsee-Perlfischen ausschließlich die Zeller Ache aufgesucht und von den Attersee-Perlfischen ausschließlich die Mondsee-Ache. Die genetischen Unterschiede der Perlfischpopulationen des Attersees und Mondsees zu denen des Wolfgangsees dürften ebenfalls auf geographischer Isolation beruhen.

Genetische Differenzierung aufgrund geographischer Isolation wurde auch in anderen Studien an Cypriniden festgestellt und spiegelt zumeist die Besiedlungsgeschichte des jeweiligen Gebietes wider (Alves et al., 2001; Wang et al., 2000). Hierbei sind vor allem Gebirgsketten als wichtige Barrieren zu nennen, die zur Bildung mehrerer Haplotypen in einer Art führen (Stefani et al., 2004). Die Sequenzierung mitochondrialer DNA zeigt hierbei sowohl rezente als auch evolutionäre Geschehnisse der Vergangenheit auf, wodurch die phylogeographische Geschichte rekonstruiert werden kann (Durand et al., 1999). Bei den Perlfischen der Salzkammergutseen handelt es sich um nacheiszeitliche Einwanderer. Es ist anzunehmen, dass der genetische Kontakt zwischen dem Wolfgangsee und dem Attersee bzw. Mondsee bald nach der Besiedlung unterbrochen worden ist. Aufgrund der geographischen Nähe dürfte jedoch lange Zeit ein Genfluss zwischen den Perlfischen des Traunsees und des Wolfgangsees sowie des Attersees und des Mondsees stattgefunden haben. Dieser wurde jedoch ebenfalls durch Flussregulierungen sowie den Bau von Kraftwerken unterbunden. Hierdurch erklärt sich auch die nähere Verwandtschaft der Attersee- und Mondsee-Population als jener zur Wolf-

gangsee-Population. Demnach müsste ebenfalls eine nahe Verwandtschaft zwischen der Wolfgangsee-Population und der Traunsee-Population gegeben sein. Eine anthropogene Verschleppung kann beim Perlfisch aufgrund des fehlenden wirtschaftlichen Interesses ausgeschlossen werden.

Frühere molekulargenetische Untersuchungen an Wolfgangsee- und Attersee-Perlfischen mittels der RAPD-Technik ergaben nur geringe genetische Unterschiede und mit der SSCP-Analyse eines Teilstücks des Wachstumshormongens und der Sequenzierung des Cytochrom-B-Gens keine Unterschiede. Auf diesem Ergebnis basierend, wurden die Perlfischpopulationen des Wolfgangsees und des Attersees als genetisch sehr ähnlich, jedoch nicht ident bezeichnet (Fuchs et al., 1999 & 2000). Aufgrund der unterschiedlichen Analysemethoden können die Ergebnisse nicht direkt miteinander verglichen werden; ein genetischer Unterschied zwischen Perlfischen des Attersees und des Wolfgangsees konnte jedoch mit beiden Untersuchungen festgestellt werden. Aus diesem Grund kann man auch davon ausgehen, dass es sich bei der ehemaligen Chiemsee-Population um einen eigenständigen Haplotyp handelte; inwiefern dieser jedoch von den Populationen der Salzkammergutseen sowie der Donau abweicht, kann aufgrund fehlenden Belegmaterials nicht rückgeschlossen werden.

Die von den rezenten Donau-Perlfischen mittels RFLP untersuchten mitochondriellen DNA-Fragmente wiesen untereinander nur geringe Unterschiede auf. Diese »Subhaplotypen« wurden aufgrund der sehr geringen genetischen Distanzen als einheitlicher Haplotyp betrachtet. Wie weit Perlfische innerhalb der Donau wandern und in welchem Ausmaß ein genetischer Austausch stattfindet, ist nicht bekannt. Da aber in einem geographischen Bereich von Wien bis zur deutsch-österreichischen Grenze bei Engelhartzell sehr ähnliche Haplotypen vorkamen, dürfte der Genfluss hoch sein. Durch die vorliegenden genetischen Untersuchungen kann man von einer eigenständigen Donau-Perlfischpopulation ausgehen, demnach also ausschließen, dass es sich bei den in der Donau gefangenen Perlfischen um abgedriftete Individuen aus den Voralpenseen handelt (vgl. Zauner & Ratschan, 2005).

Größere Haplotypdiversität ergab sich zwischen den rezenten Donau-Perlfischen und jenem aus dem Jahr 1929. Die Ursache ist unklar.

Populationen, welche reproduktiv von anderen Populationen getrennt sind und eine wichtige Komponente in der Evolution der Art darstellen, werden auch als »Evolutionary Significant Unit (ESU)« bezeichnet (Waples, 1991). So ist der Schutz der Arten alleine nicht genug, sondern auch das evolutionäre Potenzial, also die Erhaltung der genetischen Variabilität in und zwischen Populationen, ist ein wichtiger Naturschutzgedanke (Frankel & Soulé, 1981).

Nach dieser Definition dürften auch die Perlfische des Wolfgangsees als ESU bezeichnet werden, da sie reproduktiv als isoliert betrachtet werden können und zusätzlich die nacheiszeitliche Besiedlung der Salzkammergutseen widerspiegeln. Mondsee und Attersee sind nach den heutigen Verhältnissen (Wehr in der Mondsee-Ache) ebenfalls reproduktiv voneinander isoliert und können demnach als ESU betrachtet werden. Hierbei muss allerdings beachtet werden, dass die Population des Wolfgangsees genetisch stärker von den anderen Seenpopulationen differenziert ist, als die Attersee- und Mondsee-Population voneinander.

Auch bei den Donau-Perlfischen handelt es sich um eine eigenständige Population, welche sich von den Salzkammergutseen-Populationen differenziert. Vor allem bei Engelhartzell (Unterwasser KW Jochenstein) wurden in den letzten Jahren vermehrt Perlfische gefangen, weshalb in diesem Bereich von einer sich selbst erhaltenden Population ausgegangen wird (Zauner & Ratschan, 2005). Für die genetischen Analysen stand für den Bereich Engelhartzell jedoch nur ein Individuum zur Verfügung, weshalb keine Aussage darüber getroffen werden kann, ob es sich tatsächlich um einen einheitlichen Haplotyp handelt. Hierbei ist weiters anzumerken, dass es sich bei den analysierten Proben von Donau-Perlfischen um Einzelfunde innerhalb eines relativ breiten Bereichs (Engelhartzell bis Petronell) handelte und zwischen diesen nur eine sehr geringe genetische Differenzierung festgestellt werden konnte. Um hierzu allerdings genauere Aussagen treffen zu können, wäre eine größere Stichprobenanzahl erforderlich.

Ausblick

Seit der Durchführung der genetischen Analysen wurden, wie erwähnt, Perlfische im Traunsee nachgewiesen sowie weitere Exemplare bei Engelhartzell gefangen. Durch weitere Analysen könnten demnach die genetischen Differenzierungen der bereits analysierten Perlfische aus Atter-, Mond- und Wolfgangsee und jenen aus dem Traunsee aufgezeigt werden. Entsprechend der gewonnenen Ergebnisse müsste zwischen Wolfgangsee- und Traunsee-Perlfischen aufgrund der geografischen Lage, ebenso wie zwischen den Attersee- und Mondsee-Perlfischen, eine nahe genetische Verwandtschaft nachweisbar sein. Diese ist besonders für mögliche Besatzmaßnahmen im Traunsee von großer Bedeutung, um bestgeeignetes Besatzmaterial verwenden zu können. Durch Untersuchungen der mitochondrialen DNA der im Bereich von Engelhartzell gewonnenen Perlfischproben könnte weiters festgestellt werden, ob es sich tatsächlich um eine reproduktive Population handelt, wobei dies aufgrund der erschwerten Migration durch die zahlreichen Staustufen sehr wahrscheinlich ist (Zauner & Ratschan, 2005). Wie ebenfalls von Zauner & Ratschan (2005) publiziert, wäre auch die Untersuchung der genetischen Differenzierung zwischen den »österreichischen« Perlfischen und der im Brackwasser des Schwarzen Meeres verbreiteten Schwarzmeerplötze von großem wissenschaftlichen Interesse.

LITERATUR

- Alves, M. J., H. Coelho, M. J. Collares-Pereira & M. M. Coelho (2001): Mitochondrial DNA variation in the highly endangered cyprinid fish *Anaocypris hispanica*: importance for conservation. *Heredity* 87: 463–473.
- Durand, J. D., H. Persat & Y. Bouvet (1999): Phylogeography and postglacial dispersion of the chub (*Leuciscus cephalus*) in Europe. *Molecular Ecology* 8: 989–997.
- Felsenstein, J. (2002): Phylip (Phylogeny Inference Package), Version 3.6. Department of Genetics, University of Washington, Seattle (<http://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html>).
- Frankel, O. H. & M. E. Soulé (1981): Conservation and evolution. Cambridge University Press, Cambridge.
- Fuchs, H., P. Schlee, J. Blusch, T. Werner, H. Stein & O. Rottmann (2000): Short Communication: Phylogenetic studies in cyprinid species from central Europe by cytochrome b sequences of mitochondrial DNA. *J. Appl. Ichthyol* 16: 79–82.
- Fuchs, H., P. Schlee, O. Rottmann & H. Stein (1999): Untersuchungen von Perlfischen (*Rutilus frisii meidingeri*, Heckel) aus dem Wolfgangsee und dem Attersee auf genetische Unterschiede mit molekulargenetischen Markern. – Österreichs Fischerei, 52: 57–62.
- Herzig, B. (1994): Rote Liste gefährdeter Fische Österreichs (Stand 1989). In: Gepp, J., Rote Liste gefährdeter Tiere Österreichs. Grüne Reihe des Bundesministeriums für Umwelt, Jugend und Familie, Bd. 2: 75–82.
- McElroy, D., P. Moran, E. Bermingham & I. Kornfield (1992): REAP: an integrated environment for the manipulation and phylogenetic analysis of restriction data. *Heredity* 83: 157–158.
- Miksch, E. & A. Wolfram-Wais (1999): Rote Listen ausgewählter Tierarten Niederösterreichs – Fische und Neunaugen (Pisces, Cyclostomata). Amt der Niederösterreichischen Landesregierung, St. Pölten.
- Nielsen, E. E., M. M. Hansen & K. L. D. Mensberg (1998): Brief Communications: Improved primer sequences for the mitochondrial ND1, ND3/4 and ND5/6 segments in salmonid fishes: application to RFLP analysis of Atlantic salmon. *Journal of Fish Biology* 53: 216–220.
- Siligato, S. & C. Gumpinger (2005): Natura 2000 Seeache: Studie zur Verbesserung der Lebensbedingungen für Perlfisch und Seelaube. Studie im Auftrag der Oberösterreichischen Landesregierung, Naturschutzabteilung, Wels.
- Slatkin, M. (1987): Gene Flow and the Geographic Structure of Natural Populations. *Science* 236: 787–792.
- Stefani, F., P. Galli, G. Crosa, S. Zaccara & D. Calamari (2004): Alpine and Apennine barriers determining the differentiation of the rudd (*Scardinius erythrophthalmus* L.) in the Italian peninsula. *Ecology of Freshwater Fish* 13: 168–175.
- Wang, J. P., K. C. Hsu & T. Y. Chiang (2000): Mitochondrial DNA phylogeography of *Acrossocheilus paradoxus* (Cyprinidae) in Taiwan. *Molecular Ecology* 9: 1483–1494.
- Waples, R. S. (1991): Pacific salmon, *Oncorhynchus* spp., and the definition of »species« under the Endangered species Act. *US National Marine Fisheries Service, Marine Fisheries Review*, 53: 11–22.
- Zauner G. & C. Ratschan (2005): Erstnachweis von Perlfischen (*Rutilus meidingeri*) in der oberösterreichischen Donau – Bestätigung einer selbst erhaltenden Donaupopulation! Österreichs Fischerei 58: 126–129.

Auszug aus: Schrempf, R. (2005): Untersuchungen am Perlfisch: Reproduktionsbiologie und Ökologie in der Ischler Ache (Wolfgangsee) und Populationsgenetik und Phänotyp der österreichischen Populationen. Diplomarbeit. E-Mail: renateschrempf@hotmail.com – Diplomarbeit als PDF erhältlich.