

7. Literatur

- Hairston, N. G., 1996. Zooplankton egg banks as biotic reservoirs in changing environments. *Limnology and Oceanography*, 41: 1087–1092
- Jersabek, C. D., 1996. Verbreitung, Ökologie und Taxonomie von Rädertieren (Rotifera) in alpinen Gewässern der Hohen Tauern und der Nördlichen Kalkalpen. *Berichte des naturwissenschaftlich-medizinischen Vereins Salzburg*, 11: 73–145
- Jersabek, C. D., A. Brancelj, F. Stoch und R. Schabetsberger, 2001. Distribution and ecology of copepods in mountainous regions of the Eastern Alps. *Hydrobiologia*, 453/454: 309–324.
- Knapp, R. A., K. R. Matthews und O. Sarnelle, 2001. Resistance and resilience of alpine lake fauna to fish introductions. *Ecological Monographs*, 71: 401–421.
- ÖNORM M 6231, 2001. Guidelines for the ecological survey and evaluation of stagnant surface waters. Österreichisches Normungsinstitut, Wien, 58 pp.
- ORF UNIVERSUM, Alpenseen – Stille Schönheit. Am Ursprung des Wassers. Erich Pröll Film. 44 Min.
- Schabetsberger, R., C. D. Jersabek und B. Mooslechner, 1997. Die Fischereiwirtschaft in der Nationalparkregion zwischen 1966 und 1994. *Wissenschaftliche Mitteilungen aus dem Nationalpark Hohe Tauern*, 3: 165–181.
- Schabetsberger, R., und C. D. Jersabek, 2004. Shallow males, deep females: sex-biased differences in habitat distribution of the freshwater copepod *Arctodiaptomus alpinus*. *Ecography*, 27: 506–520.
- Schabetsberger, R., R. Jehle, A. Maletzky, J. Pesta und M. Sztatecsny, 2004. Delineation of terrestrial reserves for amphibians: Post-breeding migrations of the Italian crested newt (*Triturus c. carnifex*) at high altitude. *Biological Conservation*, 117: 95–104.
- Schabetsberger, R., S. Grill, G. Hauser und P. Wukits, 2006. Zooplankton successions in neighboring lakes with contrasting impacts of amphibian and fish predators. *International Review of Hydrobiology*, 91: 197–221.
- Schabetsberger, R., M. Luger, G. Drozdowski und A. Jagsch, 2009. Only the small survive – Monitoring long-term changes in the zooplankton community of an Alpine lake after fish introduction. *Biological Invasions*, 11: 1335–1345.

Adresse des Erstautors:

Dr. Christian Jersabek, Universität Salzburg, Fachbereich Organismische Biologie, Hellbrunner Straße. 34, A-5020 Salzburg, Christian.Jersabek@sbg.ac.at

Fischereiwirtschaft & Fischereibiologie

Ein erster Einblick in die genetische Variabilität österreichischer Karpfenbestände

CHRISTIAN BAUER

Bundesamt für Wasserwirtschaft, Ökologische Station Waldviertel,
3943 Gebharts 33, Österreich

MARTIN HULÁK

University of South Bohemia, Faculty of Fisheries and Protection of Water,
Research Institute of Fish Culture and Hydrobiology, 38925 Vodnany, Tschechische Republik

Abstract

Preliminary study of the genetic variation of farmed common carp in Austria

The genetic diversity of 6 populations of common carp (*Cyprinus carpio*) from Austria, one farmed strain from Czech Republic, one farmed population from Asia and one feral population from the Thaya river was investigated by analyzing 10 microsatellite loci. Mean heterozygosity within populations varied from 0.544 to 0.785, and the mean number of alleles per population varied from 6.4 to 10.1. The sequence analysis of the control region of mitochondrial DNA (D-loop) revealed accidental stock mixing of Austrian strains with East Asian carp. This preliminary study clearly shows the need for further investigation but also indicates the need for better control of genetic variability and purity of common carp strains in Austria.

Einleitung

Die Untersuchung der genetischen Merkmale von Nutztierassen und deren Einsatz zu Zuchtzwecken ist heutzutage eine Selbstverständlichkeit in der Landwirtschaft und Viehzucht. Natürlich gilt das auch für aquatische Nutztiere/Fische (z. B. Lo Presti et al., 2009). Es ist daher nicht verwunderlich, dass auch in der europäischen Karpfenteichwirtschaft, z. B. in Ungarn und der Tschechischen Republik, entsprechende Schritte unternommen wurden, um einen Überblick über die genetische Vielfalt zu gewinnen und diese für die gezielte Zucht einzusetzen (z. B. Flajšhans et al., 1999; Gorda und Váradi, 2001). Das jüngste groß angelegte Programm wurde in Deutschland im Rahmen der Erfassung der aquatischen genetischen Ressourcen durchgeführt und 2008 abgeschlossen (BMELV, 2006; Müller-Belecke, 2008). Unmittelbar aus diesem Programm ist eine Datenbank (<http://agrdeu.genres.de>) hervorgegangen und es besteht die Möglichkeit für Teichwirte, sich Karpfenstämme fördern zu lassen, die bestimmten Kriterien entsprechen.

In Österreich ist es bisher nicht gelungen, eine breit angelegte Untersuchung der genetischen Ressourcen beim Karpfen durchzuführen. In Kooperation mit der Universität Südböhmen war es dem Bundesamt für Wasserwirtschaft immerhin möglich, eine geringe Anzahl von genetischen Proben aus österreichischen Betrieben und aus der Thaya zu analysieren. Obwohl die Probenanzahl für fundierte Aussagen zu gering ist, lässt sich immerhin ein nicht uninteressanter Einblick gewinnen, der als Basis für weitere Arbeiten auf diesem Gebiet dienen könnte. Im Folgenden sollen nun die wesentlichen Ergebnisse und Schlussfolgerungen aus dieser Pilotstudie vorgestellt werden.

Material und Methoden

Insgesamt wurden 144 Karpfen aus 9 Populationen untersucht (Tab. 1), 4 Populationen aus niederösterreichischen Teichwirtschaften (NÖ 1–NÖ 4), 2 aus steirischen Teichwirtschaften (Stmk 1–2), eine Population aus der Thaya (T) und zwei Populationen aus der lebenden Genbank des Forschungsinstitutes in Vodnany: ein tschechischer Stamm (ROP) und ein Stamm aus Asien (AS). Die DNS wurde aus Gewebestücken der Schwanzflosse isoliert.

Um die genetische Diversität innerhalb der untersuchten Populationen abschätzen zu können, wurde die mittlere Anzahl der Allele (A) pro Mikrosatellitenlocus, der Allelreichtum (Ar) und die durchschnittliche Anzahl der privaten Allele (Apr), d. h. Allele, die nur in der jeweiligen Population auftreten, sowie die erwartete (He) und die beobachtete (Ho) Heterozygotierate

Tab. 1: **Ergebnisse der Mikrosatellitenanalyse, Probenanzahl (N), erwartete Heterozygotierate (He), beobachtete Heterozygotierate (Ho), mittlere Anzahl von Allelen pro Population (A), Allelreichtum (Ar), Anzahl der privaten Allele, Inzuchtkoeffizient (F_{IS}) und Anzahl der Loci, die vom Hardy-Weinberg Gleichgewicht abweichen**

Population	N	He	Ho	A	Ar	Apr	F_{IS}	HWE-Abweichung
NÖ 1	10	0,830	0,850	9,3	7,8	0	0,03	1
NÖ 2	10	0,799	0,870	9	7,4	0	-0,04	1
NÖ 3	10	0,851	0,827	10,1	8,3	0	0,08	1
NÖ 4	10	0,770	0,848	8,5	8,3	0	-0,05	1
Stmk 1	10	0,761	0,871	7,9	6,8	1	-0,09	0
Stmk 2	10	0,786	0,831	8,3	7,1	0	-0,07	0
T	23	0,851	0,804	15,2	11,3	4	0,08	1
ROP	31	0,711	0,544	7,2	5,9	4	0,19	8
AS	20	0,695	0,623	6,4	5,9	4	0,12	7

Tab. 2: **Matrix des paarweisen Fixationsindex F_{ST} (unterhalb der Diagonale) und von Nei's Distanz D_A (oberhalb der Diagonale)**

	NÖ1	NÖ2	NÖ3	T	Stmk 1	NÖ4	Stmk 2	ROP	AS
NÖ1		0,410	0,450	0,355	0,480	0,492	0,61	2,131	2,334
NÖ2	0,037		0,400	0,413	0,495	0,499	0,593	3,656	2,819
NÖ3	0,033	0,035		0,253	0,429	0,398	0,529	2,395	2,620
T	0,027	0,034	0,02		0,283	0,24	0,412	2,385	2,563
Stmk 1	0,048	0,054	0,044	0,030		0,243	0,284	2,792	3,044
NÖ4	0,047	0,049	0,039	0,026	0,030		0,344	3,861	3,259
Stmk 2	0,051	0,055	0,045	0,036	0,035	0,039		3,341	2,614
ROP	0,116	0,138	0,113	0,114	0,146	0,149	0,140		1,288
AS	0,126	0,140	0,121	0,123	0,155	0,153	0,142	0,132	

ermittelt. Der Inzuchtkoeffizient (F_{IS}) ermöglicht die Abschätzung von Inzuchtwirkungen in den Populationen, welche zu einer Reduktion der heterozygoten Allele führen. Ein positiver F_{IS} drückt einen Verlust an Heterozygotie aus, negative Werte eine erhöhte Heterozygotierate. Zur Abschätzung der genetischen Unterschiede zwischen den Populationen wurde der paarweise Fixationsindex (F_{ST}) berechnet (Tab. 2). Der F_{ST} kann Werte zwischen 0 und 1 annehmen, wobei 0 bedeutet, dass sich die Populationen hinsichtlich der untersuchten genetischen Merkmale nicht unterscheiden. Um die Beziehungen zwischen den Populationen zu visualisieren, wurde auf Basis der genetischen Distanz nach Nei (1983) (D_A) (Tab. 2) ein Dendrogramm mit Hilfe der UPGMA-Methode erstellt (Abb. 1).

Die D-loop-Region der mitochondrialen DNS wurde mittels PCR amplifiziert und sequenziert. Die genetische Distanz zwischen den verschiedenen Haplotypen wurde ermittelt und mit der Neighbour-Joining-Methode ein Dendrogramm erstellt (Abb. 2).

Detaillierte Angaben zu den verwendeten Mikrosatelliten, der mitochondrialen DNA sowie den technischen und mathematisch-statistischen Methoden sind beim Autor oder unter <http://www.baw-oeko.at/cms/images/daten/methods.pdf> erhältlich.

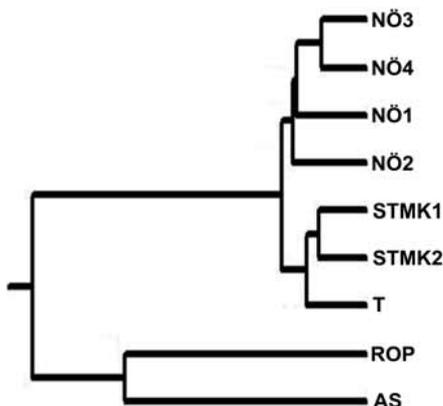


Abb. 1:
UPGMA-Dendrogramm der untersuchten Populationen unter Verwendung von Nei's Distanz basierend auf 10 Mikrosatellitenloci

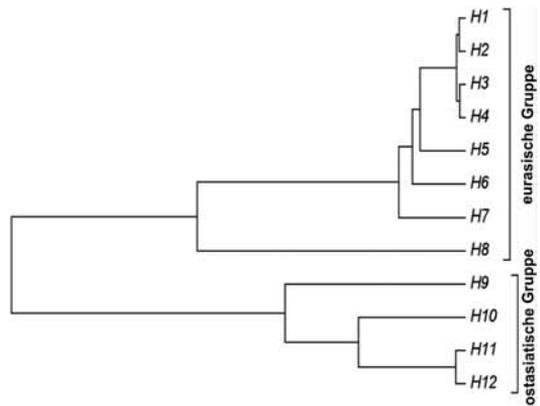


Abb. 2:
Neighbour Joining-Dendrogramm der D-loop Haplotypen der mitochondrialen DNS

Ergebnisse und Schlussfolgerungen

Analyse der Mikrosatelliten

Die Untersuchung der Mikrosatelliten-DNS ergab, dass die Anzahl der Allele und der Allelreichtum bei den österreichischen Karpfenpopulationen aus den Teichwirtschaften gegenüber den Karpfen aus der Thaya signifikant reduziert waren (Mann-Whitney-Test, $p > 0,01$). Vergleicht man das allgemeine Niveau an genetischer Diversität zwischen den Karpfen aus der Thaya und jenen aus den Teichwirtschaften, findet man signifikante Differenzen zwischen der mittleren Anzahl der Allele pro Locus und die mittlere erwartete Heterozygotierate (H_e). Die mittlere Anzahl von Allelen pro Locus bei den Zuchtkarpfen (7,9–10,1) war signifikant höher als bei den Stämmen aus der tschechischen Genbank, aber niedriger als bei den Karpfen aus der Thaya (Mann-Whitney-Test, $p < 0,01$). Die mittlere beobachtete Heterozygotierate ($H_o = 0,849$) war bei den österreichischen Karpfen signifikant höher (Mann-Whitney-Test, $p < 0,05$) als bei jenen aus der Genbank ($H_o = 0,583$). Darüber hinaus wurden geringe Abweichungen vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht bei einigen Mikrosatellitenloci der österreichischen Populationen gefunden, während bei den Stämmen aus der tschechischen Genbank eine stärkere Abweichung in Richtung eines Defizits an heterozygoten Allelen beobachtet wurde (Tab. 1). Während bei den Stämmen aus der Genbank und den Karpfen aus der Thaya jeweils 4 private Allele gefunden wurden, traten diese bei den anderen Populationen bis auf eine Ausnahme nicht auf (Tab. 1).

Im Vergleich mit anderen publizierten Untersuchungen von Mikrosatelliten an Zuchtkarpfen (Kohlmann et al., 2005; Müller-Belecke, 2008) sind die mittleren Allelzahlen, der Allelreichtum bei den österreichischen Populationen auf einem ähnlichen Niveau. Die Heterozygotieraten sind etwas höher.

Der F_{ST} zeigte zwischen den österreichischen Populationen Werte zwischen 0,020 und 0,055, während die Distanz zu den Stämmen aus der Genbank zwischen 0,113 und 0,155 lag (Tab. 2). Nach Wright (1978) werden F_{ST} -Werte von 0,05 bis 0,15 als mäßige, höhere Werte als hohe und niedrigere Werte als geringere genetische Differenzierung zwischen Populationen gewertet. Die Differenzierung zwischen den untersuchten österreichischen Populationen ist demgemäß als gering einzustufen, während die Differenzierung zu den Stämmen der Genbank als mäßig zu bewerten ist. Wie Abbildung 1 zeigt, bilden die Populationen aus Niederösterreich eine Gruppe und die steirischen Populationen mit den Thayakarpfen eine weitere. Die tschechischen Stämme stehen gegenüber diesen beiden Gruppen abgegrenzt. Im Vergleich zu einer Studie an Zuchtkarpfenbeständen aus Deutschland (Müller-Belecke, 2008, mittlerer F_{ST} 0,077) liegt der mittlere F_{ST} -Wert zwischen den österreichischen Populationen mit 0,039 deutlich niedriger.

Von den 6 österreichischen Populationen aus Teichwirtschaften weisen 4 einen negativen F_{IS} -Wert auf. Zwei österreichische Populationen, die Karpfen aus der Thaya und die Stämme aus der Genbank, weisen positive F_{IS} -Werte auf (Tab. 1). Der mittlere F_{IS} (–0,023) der österreichischen Zuchtpopulationen ist jenem F_{IS} -Wert ähnlich, der bei der Studie aus Deutschland (Müller-Belecke, 2008; F_{IS} –0,020) ermittelt wurde.

Mitochondrielle DNS

Heute wird angenommen, dass *Cyprinus carpio* im Wesentlichen zwei Untergruppen aufweist, eine eurasische und eine ostasiatische Gruppe (z. B. Kohlmann und Kersten, 1999; Kohlmann et al., 2005). Man hat gute Gründe anzunehmen, dass die eurasische Gruppe Ausgangspunkt für die Domestikation in Mittel- und Westeuropa war (z. B. Zhou et al., 2003). Bei vielen europäischen Stämmen könnte es aber zu einer Introgression der ostasiatischen Unterart gekommen sein (Gross et al., 2002). Mit Hilfe von genetischen Analysen, u. a. der mitochondrialen DNS, kann untersucht werden, ob eine Einkreuzung in bestimmten Populationen stattgefunden hat. Von den 11 gefundenen Haplotypen der D-loop Sequenz (Tab. 3) konnten 8 ($H1$ – $H8$) der eurasischen Untergruppe und 3 ($H9$ – $H11$) der ostasiatischen Untergruppe zugeordnet werden (Abb. 2). Hinweise auf eine erfolgte Einkreuzung fanden sich in zwei Teichwirtschaften aus der Steiermark, einer Teichwirtschaft aus Niederösterreich und bei Karpfen aus der Thaya

Tab. 3: **Probenanzahl (N), Anzahl der Haplotypen (NH) und Verteilung der D-loop Haplotypen (H1–H12) bei den untersuchten Populationen**

	N	NH	H1	H2	H3	H4	H5	H6	H7	H8	H9	H10	H11	H12
NÖ1	10	3	1				8		1					
NÖ2	10	2		1			9							
NÖ3	10	2			2		8							
NÖ4	10	3				1	8				1			
Stmk1	10	3					8	1				1		
Stmk2	10	3					8			1			1	
T	23	2					21						2	
ROP	31	1								31				
AS	30	1												30

(Tab. 3). Das gezielte Kreuzen von Karpfen der eurasischen mit Karpfen der ostasiatischen Untergruppe wird durchaus bewusst vorgenommen (z. B. Shapira et al., 2005). In Österreich dürfte es sich aber um ein unbeabsichtigtes und zufälliges Einkreuzen handeln, das auch schon vor längerer Zeit erfolgt sein kann. Es stellt sich allerdings die Frage, ob und wie man auf das Vorhandensein ostasiatischer Merkmale reagieren soll. In Tschechien ist man beispielsweise bestrebt, im Rahmen eines nationalen Programms zur Erhaltung der genetischen Ressourcen bei ausgewählten Karpfenstämmen Tiere mit genetischen Merkmalen der ostasiatischen Untergruppe von der Zucht auszuschließen.

Ausblick

Dieser erste Einblick in die genetische Struktur österreichischer Karpfenbestände zeigt zum einen, dass sich die genetische Diversität der Karpfen aus den Teichwirtschaften auf einem Niveau bewegt, wie er auch bei anderen Karpfenstämmen in Europa zu finden ist, während die Karpfen aus der Thaya genetisch diverser zu sein scheinen. Auffallend ist, dass die Heterozygotierate bei den österreichischen Populationen höher war als bei den Stämmen aus der tschechischen Genbank und den Angaben aus der Literatur. Das könnte möglicherweise darauf zurückzuführen sein, dass Laichbestände immer wieder durch Fische von außerhalb des eigenen Betriebes ergänzt werden, sei es gewollt oder durch Zufall bei der Auslese, die in Österreich ja meist nur nach morphologischen Aspekten durchgeführt wird. Dieser Austausch könnte somit auch für den niedrigen Einfluss von Inzuchtphänomenen verantwortlich sein, der ähnlich gering war wie in Deutschland, im Vergleich zu den Proben aus Tschechien. Dass die genetische Differenzierung zwischen den Populationen in Österreich hingegen geringer war als etwa in Deutschland, könnte ebenfalls auf diesem Austausch von Fischen in der überschaubaren österreichischen Branche beruhen. Das könnte bedeuten, dass die klein strukturierte österreichische Teichwirtschaft durch ein mehr oder weniger zufälliges Hin und Her von Fischbeständen über die Jahre zwar die genetische Diversität zwischen den Populationen verringert, dafür aber die Vielfalt innerhalb zumindest erhalten hat. Diesbezüglich können aber nur umfassendere Untersuchungen weiteren Aufschluss geben. Dieser erste Einblick lässt daher naturgemäß noch viele Fragen offen, zumal nur wenige Betriebe mit einem geringen Probenumfang untersucht wurden. Es kann aber vermutet werden, dass es auch in Österreich sinnvoll und nachhaltig wäre, den genetischen Ressourcen der Karpfen mehr Aufmerksamkeit zu schenken, und sei es auch nur, um zumindest die bestehende Diversität zu erhalten und vielleicht die asiatischen Haplotypen zurückzudrängen. Von einer, die einzelnen Teichwirte übergreifenden Zuchtinitiative, wie es in anderen Bereichen der Tierproduktion üblich ist, soll in diesem Zusammenhang gar nicht die Rede sein. Wichtig wäre zunächst, nicht nur eine möglichst

umfassende Beprobung der Karpfen in Österreich, sondern auch die Erfassung der Vermehrungsmethoden und Laichfischbestände in den Betrieben. Darüber hinaus scheint auch eine genauere Untersuchung der Karpfen aus der Thaya lohnend, da bei diesen Fischen eine höhere genetische Differenzierung, aber auch asiatische Haplotypen gefunden wurden. Vor allem die Herkunft der Thaya-Karpfen wäre von Interesse, da nach Angaben der Bewirtschafter auch Karpfen aus der March (Wildkarpfen?) als Besatz in die Thaya eingebracht wurden.

LITERATUR

- BMELV 2006. Aquatische genetische Ressourcen. Fachprogramm zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung. Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz, Berlin: 74 S.
- Flajšhans, M., Linhart, O., Šlechtová, V. and Šlechta, V., 1999. Genetic resources of commercially important fish species in the Czech Republic: present state and future strategy. *Aquaculture* 173: 471–483.
- Gorda, S. and Váradi, L., 2001. Gene banking and common carp breeding program in Hungary. In: Gupta, M. V. & Acosta, B. O. (editors). Fish genetics research in member countries and institutions of the International Network on Genetics in Aquaculture. ICLARM Conf. Proc. 64: 119–122.
- Gross, R., Kohlmann, K. and Kersten, P., 2002. PCR-RFLP analysis of the mitochondrial ND-3/4 and ND-5/6 gene polymorphisms in the European and East Asian subspecies of common carp (*Cyprinus carpio* L.). *Aquaculture* 204: 507–516.
- Müller-Belecke, A., 2008. Erfassung und Dokumentation der genetischen Vielfalt von Zuchtkarpfen sowie der Nebenfische der Karpfenteichwirtschaft in Deutschland – Teillos 1, Schlussbericht. Institut für Binnenfischerei e.V. Potsdam-Sacrow: 83 S.
- Kohlmann, K., Kersten, P. and Flajšhans, M., 2005. Microsatellite-based genetic variability and differentiation of domesticated, wild and feral common carp (*Cyprinus carpio*) populations. *Aquaculture* 247: 253–266.
- Kohlmann, K. and Kersten, P., 1999. Genetic variability of German and foreign common carp (*Cyprinus carpio* L.) populations. *Aquaculture* 173, 435–445.
- Lo Presti, R., Lisa, C. and Di Stasio L., 2009. Molecular genetics in aquaculture. *Italian Journal of Animal Science* 8: 299–313.
- Nei, M., Tajima, F. and Tateno, Y., 1983. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. *Journal of Molecular Evolution* 19: 153–170.
- Shapira, Y., Magen, Y., Zak, T., Koder, M., Hulata, G. and Levavi-Sivan, B., 2005. Differential resistance to koi herpes virus (KHV)/carp intestinal nephritis and gill necrosis virus (CNGV) among common carp (*Cyprinus carpio*) strains crossbreds *Aquaculture* 245: 1–11.
- Wright, S., 1978. Evolution and the genetics of populations. Vol. 4. Variability within and among natural populations. University of Chicago Press: 590 S.
- Zhou, J. F., Wu, Q. J., Ye, Y. Z. and Tong, J. G., 2003. Genetic divergence between *Cyprinus carpio carpio* and *Cyprinus carpio haematopterus* as assessed by mitochondrial DNA analysis, with emphasis on origin of European domestic carp. *Genetica* 119. 93–97.

Kontakt: Erstautor Dr. Christian Bauer, christian.bauer@baw.at, www.baw-oeko.at

Die Bewirtschafter – Verein zur ökologisch orientierten fischereilichen Bewirtschaftung von Fließgewässern

Der folgende Text stellt einen Verein vor, der sich im Bereich der Fischerei sehr ambitionierte Ziele gesetzt hat.

Eingangs möchten wir unsere Entstehungsgeschichte kurz umreißen. Die Gründungs- und Vorstandsmitglieder des Vereins »Die Bewirtschafter« haben allesamt eine fundierte Ausbildung in einem Betätigungsfeld genossen, das man grob mit den Begriffen Hydrobiologie, Gewässerökologie, Fischereiwirtschaft oder Flussgebietsmanagement umreißen kann. Es handelt sich also bei den Gründungsmitgliedern um Personen, die Tag für Tag auch beruflich mit Fragestellungen zu gewässer- und fischökologischen Themenbereichen befasst sind. 2007 hat unsere Gruppe fischender Ökologen endlich beschlossen, die theoretische Ebene zu verlassen und die praktische Umsetzung nachhaltiger fischereilicher Bewirtschaftung in Angriff zu nehmen.

Uns vereint, neben der Leidenschaft am Fischen, das Bemühen zum Erhalt bzw. der Reaktivierung intakter Wildfischpopulationen und Flusslandschaften. Daher ist es uns ein Anliegen, die gepachteten Reviere möglichst schonend zu befischen und zu bewirtschaften. Als Teil einer

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Österreichs Fischerei](#)

Jahr/Year: 2010

Band/Volume: [63](#)

Autor(en)/Author(s): Bauer Christian, Hulak Martin

Artikel/Article: [Ein erster Einblick in die genetische Variabilität österreichischer Karpfenbestände 145-150](#)