

POPULATIONSGENETIK FORELLEN KANTON SOLOTHURN

Aareforellen und weitere Populationen aus der Region



Impressum

Auftraggeber

Amt für Wald, Jagd und Fischerei
Abteilung Jagd + Fischerei
Barfüssergasse 14
4509 Solothurn
Tel: +41 (0)32 627 23 47

Auftragnehmer

Aquabios GmbH
Les Fermes 57
CH-1792 Cordast
Tel: +41 (0)78 835 73 71
info@aquabios.ch
<http://www.aquabios.ch>

Autoren

Pascal Vonlanthen: p.vonlanthen@aquabios.ch

Foto Titelseite: Atlantische Forelle © Michel Roggo.

Verdankungen

Wir bedanken uns beim Auftraggeber für den Auftrag. Bei Joachim Guthruf und Armin Peter bedanken wir uns für die Probenahme der Forellen. Bei Corinne Schmid bedanken wir uns für die zur Verfügung Stellung der Daten aus dem Kanton Aargau.

Inhaltsverzeichnis

1 EINLEITUNG.....	4
1.1 FISCHRÜCKGANG, BESATZ UND GENETISCHE VIELFALT	4
1.2 BEWIRTSCHAFTUNG IM KANTON SOLOTHURN	5
1.3 BIOLOGIE DER FORELLE	5
1.4 FRAGESTELLUNG UND AUFTRAG	6
2 METHODEN	7
2.1 PROBEN	7
2.2 LABORARBEITEN	8
2.3 STATISTISCHE AUSWERTUNGEN	8
2.3.1 Genetische Differenzierung	8
3 ERGEBNISSE	10
3.1 GENETISCHE UNTERSCHIEDE ZWISCHEN AARE UND ANDEREN GEWÄSSERN	10
3.2 GENETISCHE UNTERSCHIEDE ZWISCHEN AAREFORELLEN UND ZUCHTEN.	10
3.3 ELTERNCHAFTSANALYSEN	12
3.4 MEHRFACHBEOBACHTUNGEN VON GLEICHEN NACHKOMMEN.....	13
4 DISKUSSION DER ERGEBNISSE	14
5 EMPFEHLUNGEN	14
7 REFERENZEN.....	16
8 ANHANG	18
8.1 BASIS ANALYSEN	18

1 EINLEITUNG

1.1 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 zurückgegangen¹. 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 mehren 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 können².

Die genetische Vielfalt der lebenden Organismen bildet, gemeinsam mit der Artenvielfalt und die Vielfalt der Ökosysteme, eine der drei Grundpfeiler für die globale Biodiversität. Es ist erwiesen, dass die genetische Vielfalt für das Überleben einer Art eine entscheidende Rolle spielt³. 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^{2,4}. 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 kann³.

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. 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 Bedrohung für die genetische Integrität und möglicherweise auch für die Fitness der lokalen Bestände aus². Das Ziel einer nachhaltigen Bewirtschaftung der Fischbestände muss

daher sein, die genetischen Ressourcen einer lokal angepassten Population zu erhalten. Deshalb sollten entsprechende Bewirtschaftungseinheiten bei der Bewirtschaftung berücksichtigt werden.

1.2 Bewirtschaftung im Kanton Solothurn

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 Solothurn 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 Solothurn 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. Diese Annahme sollte anhand der vorliegenden Untersuchung überprüft werden. Die Besatzfische stammen bisher aus 2 Zuchten, die jeweils einen Elterntierstamm hält. Diese werden genetisch periodisch mit wild gefangenen Forellen aufgefrischt.

1.3 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^{7,8}. 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 (**Fehler! Verweisquelle konnte nicht gefunden werden.**) kann stark variieren^{5,9}. Sie lebt oft in kühlen Bächen der Forellenregion, kommt allerdings auch in geringeren Dichten in den Flüssen 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 können¹⁰. Diese Anpassung bringt einer Forellenpopulation 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 ^{4,11}.

1.4 Fragestellung und Auftrag

Folgende Fragestellungen standen im Fokus dieser Arbeit:

- Gibt es genetische Unterschiede zwischen den Forellen der untersuchten Aare Strecken (Inkl Kanton Aargau).
- Gibt es genetische Unterschiede zwischen den Zuchtfischen und den in der Aare gefangenen Forellen. Können allenfalls Zuchtfische identifiziert werden?
- Welche Empfehlungen können z.H. der Bewirtschaftung aufgrund dieser Ergebnisse formuliert werden. (Bewirtschaftseinheiten, Besatzerfolg, Eignung der Zuchtforellen für den Besatz)?

2 Methoden

2.1 Proben

Alle untersuchten 940 Proben wurden uns zur Verfügung gestellt. Die untersuchten Forellenproben stammten von folgenden Quellen:

- Im Rahmen eines Projekts zur Schonmassbestimmung von Forellen in der Aare wurden von Angelfischern und weiteren gefangenen Forellen Genetikproben entnommen. Die Proben und die Daten zu den Fischen wurden von J. Guthruf (Aquatica) zur Verfügung gestellt.
- Im Rahmen von Wirkungskontrollen der Fischgängigkeit wurden in den letzten Jahren mehrere Kraftwerke an der Aare im Kanton Solothurn und im Kanton Aargau untersucht. Dabei wurden auch Forellen gefangen und eine genetische Probe sichergestellt. Die Proben und die Daten zu den Proben wurden von A. Peter (Fishconsulting) zur Verfügung gestellt.
- Im Rahmen einer Wirkungskontrolle von Besatzmassnahmen hat der Kanton Solothurn Elterntiere aus den Fischzuchten sowie Forellen aus Besatzgewässer beprobt. Diese Proben wurden im Rahmen der vorliegenden Studie ebenfalls berücksichtigt.
- Zusätzlich wurden Daten von Forellen aus ausgewählten Gewässern des Kantons Aargau verwendet. Diese Daten wurden im Rahmen einer breit angelegten populationsgenetischen Studie im Kanton Aargau generiert¹². Die Daten wurden vom Kanton Aargau (C. Schmid) zur Verfügung gestellt.

Tabelle 2-1. Zusammenstellung der für die Analysen zur Verfügung stehenden Proben, für welche die Amplifikation der genetischen Marker erfolgreich funktioniert hat.

Code Standort	Gewässer	Kanton	Herkunft Daten	Anzahl Proben
A2	Aare	SO	Aquatica	57
A3/A4	Aare	SO	Aquatica/Fishconsulting	84
A5/A6	Aare	SO	Aquatica/Fishconsulting	1
A1	Aare	SO	Aquatica	6
E	Emme	SO	Aquatica	4
unbekannt	Aare	SO	Fishconsulting	5
A_7 AG_Wildegg	Aare	AG	Fishconsulting	10
A_7 AG_Rupperswil	Aare	AG	Fishconsulting	11
9	Pfaffnern	AG	Kanton Aargau	42
12	Aare	AG	Kanton Aargau	25
15	Wigger	AG	Kanton Aargau	56
18	Riknerbach	AG	Kanton Aargau	35
6	Rhein	AG	Kanton Aargau	122
Elterntiere Trimbach	Elterntiere	SO	Kanton Solothurn	111
Gheidgraben	Gheidgraben	SO	Kanton Solothurn	16
Mittelgäubach	Mittelgäubach	SO	Kanton Solothurn	50
Chrebskanal	Chrebskanal	SO	Kanton Solothurn	8
Bonigerbach	Bonigerbach	SO	Kanton Solothurn	15
Dorfbach	Dorfbach	SO	Kanton Solothurn	43
Dubenmoosbach	Dubenmoosbach	SO	Kanton Solothurn	28
Vorzilbaechli	Vorzilbaechli	SO	Kanton Solothurn	12
Duennern	Duennern	SO	Kanton Solothurn	29
Trimbach	Trimbach	SO	Kanton Solothurn	28
Zucht Schönenwert	Elterntiere	SO	Kanton Solothurn	142
Total				940

2.2 Laborarbeiten

Die Desoxyribonukleinsäure oder kurz DNS (Erbgut) wurde aus kleinen Flossenstückproben (meist Stückchen der Fettflosse) mit einer Chelex-Präzipitationsmethode extrahiert. Die Polymerase-Kettenreaktion (PCR) der DNS wurde in einem Reaktionsvolumen von 4.25 µl mit den folgenden Inhaltsstoffen durchgeführt: 2.5 µl QIAGEN Multiplex PCR Master mix, 1.75 µl ddH₂O, 0.75 µl DNS und 0.115 µl Primer mix. Verwendet wurde die Primer: SL438, Ssa100, Ssa197, Ssa85, SsoSL417, Str15, Str2, Str543, Str591, Str60, Str73, Strutta12. Das PCR-Profil beginnt mit der Denaturierung der DNS bei 94°C für 15 Minuten, gefolgt von 35 Zyklen von 30 Sekunden bei 94°C, 90 Sekunden bei 54°C, 90 Sekunden bei 72°C und endet mit einem Zyklus von 30 Minuten bei 60°C.

Die DNS-Fragmente jedes PCR-Produktes wurden mit einem DNS-Sequenziergerät (ABI PRISM® 3100 Genetic Analyzer) aufgetrennt. Dazu wurde 0.9 µl 1:5 verdünnte PCR-Reaktion mit 8.975 µl Hi-Di™ Formamide und 0.025 µl einem Längenstandard (GeneScan™ 600 LIZ® dye Size Standard v2.0) verwendet. Die Identifikation der Mikrosatelliten-Allele wurde anhand der Fragmentanalyse Software GENEMAPPER automatisch durchgeführt und zusätzlich manuell geprüft.

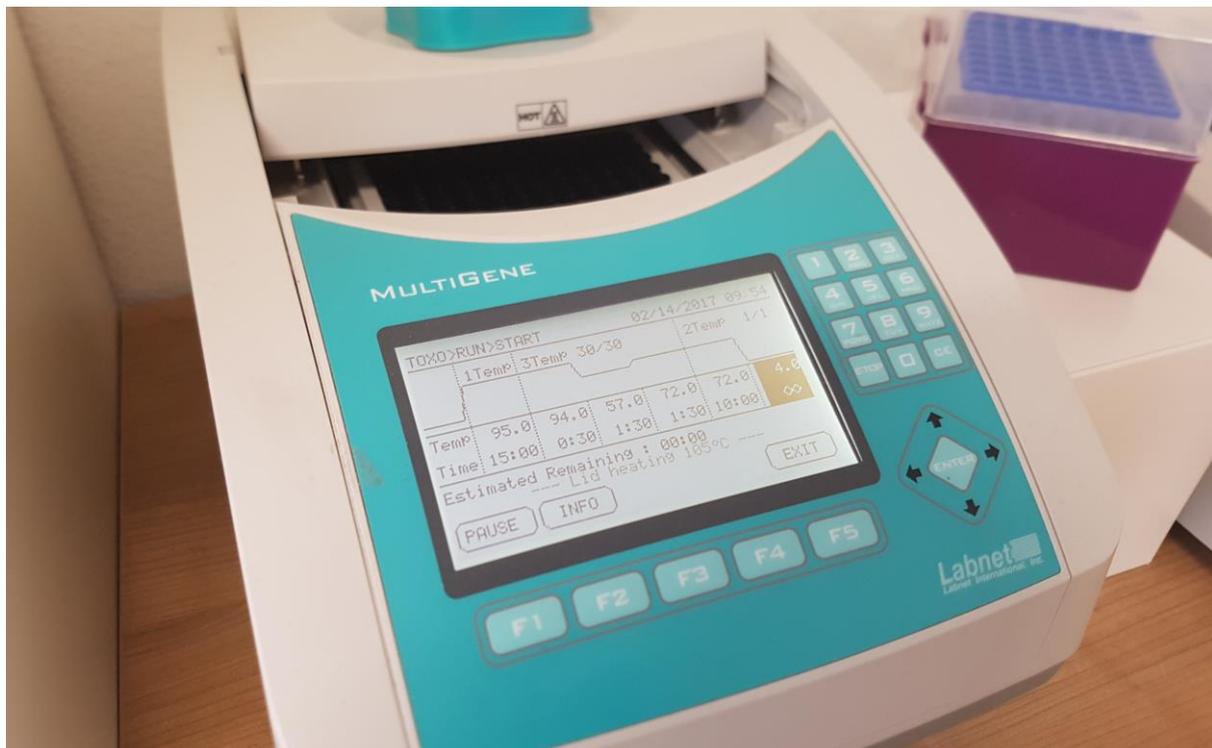


Abbildung 2-1. PCR – Maschine die für die amplifizierung der DNS benutzt wird.

2.3 Statistische Auswertungen

2.3.1 Genetische Differenzierung

Das meistangewandte 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 angesehen⁷. 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 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^{13,14}. 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^{15,16}. Für die Forellen der in dieser Studie untersuchten Standorte wurden die F_{ST} -Werte im Programm ARLEQUIN v. 3.5¹⁷ berechnet.

Weitere statistische Auswertungen wurden mit folgenden gängigen populationsgenetischen Programmen durchgeführt: GENEPOP¹⁸, FSTAT¹⁹, STRUCTURE²⁰ und ARLEQUIN¹⁷. Falls sinnvoll und notwendig wird die Funktionsweise einer Analyse oder Tests direkt in den Resultaten besprochen.

3 Ergebnisse

3.1 Genetische Unterschiede zwischen Aare und anderen Gewässern

Alle Populationen mit einer Stichprobengrösse von mindestens 8 Individuen wurden für die Berechnungen der F_{ST} -Werte verwendet. Ausgeschlossen für diese Analyse wurden folgende Populationen: A1, Emme, Aare unbekannt, A5/A6. Für die verbleibenden Populationen fallen folgende Ergebnisse auf (Tabelle 3-1):

- Innerhalb der Aareforellen von verschiedenen Standorten sind die F_{ST} -Werte klein. 2 von 3 Vergleiche sind nicht signifikant. Ein signifikanter genetischer Unterschied wird zwischen den Forellen der Aare 7 und der Aare 2 beobachtet.
- Die grössten genetischen Unterschiede werden zwischen dem Gheidgraben bzw. Vorzilbächli und allen anderen Populationen gefunden.
- Zwischen den Forellen aus der Aare und den Zuflüssen sind die genetischen Unterschiede eher klein (Mittelwert = 0.019), wenn auch teilweise signifikant (87% der Unterschiede sind signifikant).

Tabelle 3-1. F_{ST} -Werte zwischen den Aareforellen und den Forellen aus anderen nahgelegenen Gewässern im Kanton Solothurn und im Kanton Aargau.

	A2-Aare	A2/A4-Aare	Bonigerbach	Gheidgraben	Mittelgäubach	Dorfbach	Dubenmoosbach	Vorzilbaechli	Duennern	Trimbach	9-Pfaffnern	12-Aare	15-Wigger	18-Riknerbach
A2-Aare	-	n.s.	n.s.	***	*	**	*	***	*	***	***	n.s.	***	***
A2/A4-Aare	0.002	-	n.s.	**	n.s.	***	**	***	***	***	***	**	***	***
Bonigerbach	0.008	0.002	-	***	n.s.	***	***	***	n.s.	***	***	*	***	***
Gheidgraben	0.042	0.020	0.032	-	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***
Mittelgäubach	0.006	0.003	0.006	0.020	-	***	**	***	***	***	***	***	***	***
Dorfbach	0.010	0.008	0.019	0.042	0.014	-	n.s.	**	***	***	***	***	***	***
Dubenmoosbach	0.006	0.009	0.025	0.043	0.009	0.000	-	***	***	***	***	***	***	***
Vorzilbaechli	0.031	0.040	0.051	0.094	0.041	0.018	0.029	-	***	***	***	***	**	***
Duennern	0.008	0.011	0.008	0.046	0.012	0.022	0.025	0.049	-	***	***	*	***	***
Trimbach	0.014	0.020	0.029	0.052	0.027	0.013	0.011	0.034	0.032	-	***	***	***	***
9-Pfaffnern	0.014	0.030	0.034	0.084	0.038	0.032	0.036	0.034	0.035	0.025	-	***	n.s.	***
12-Aare	0.004	0.012	0.013	0.053	0.014	0.025	0.021	0.047	0.016	0.026	0.015	-	***	***
15-Wigger	0.013	0.027	0.031	0.077	0.034	0.024	0.026	0.031	0.033	0.024	0.002	0.013	-	***
18-Riknerbach	0.018	0.029	0.048	0.079	0.034	0.033	0.020	0.060	0.038	0.033	0.039	0.023	0.031	-

3.2 Genetische Unterschiede zwischen Aareforellen und Zuchten.

Werden die Proben der Aareforellen mit denen aus den Zuchten verglichen, dann zeigt sich, dass die genetischen Unterschiede ebenfalls eher tief aber allesamt signifikant sind (

Tabelle 3-2). Demnach sind die Forellen aus der Aare nicht identisch mit denen aus den Fischzuchten. Es stellt sich daher die Frage, aus verschiedenen genetischen Einheiten zusammengesetzt ist, z.B. aus verschiedenen Zuflüssen der Aare, bzw. aus verschiedenen Zuchten.

Tabelle 3-2. F_{ST} -Werte zwischen den Aareforellen und den Forellen aus den Zuchten.

	A2- Aare	A2/A4- Aare	12- Aare	A7- Aare	A1- Aare	Elterntiere Trimbach	Elterntiere Schönenwert
A2- Aare	-	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	***	***
A2/A4- Aare	0.002	-	**	***	n.s.	*	***
12- Aare	0.004	0.012	-	n.s.	n.s.	***	***
A7- Aare	0.003	0.017	-0.002	-	n.s.	***	**
A1- Aare	0.012	0.019	0.000	0.001	-	**	*
Elterntiere Trimbach	0.009	0.003	0.018	0.020	0.031	-	***
Elterntiere Schönenwert	0.006	0.008	0.019	0.015	0.020	0.011	-

Deshalb wurde zusätzlich eine Individuelle Zuweisungsanalyse mit Structure²⁰ durchgeführt. Es handelt sich dabei um ein Verfahren zur Identifizierung genetischer Gruppen innerhalb der untersuchten Proben. Es funktioniert durch eine Schätzung der Wahrscheinlichkeit, mit der einzelne Individuen zu verschiedenen genetischen Gruppen gehören. Die Anzahl zu erwartenden Gruppen wird dabei vom Benutzer definiert. Die individuelle Zuweisungsanalyse zeigt (Abbildung 3-1), dass viele Individuen aus der Aare (grün) nicht zur selben Population gehören, wie die Individuen aus der Fischzucht (blau und orange sind dominant). Es werden aber auch Individuen identifiziert, die in den Zuchten und in der Aare zu denselben genetischen Gruppen gerechnet werden. Die kann als Indiz dafür gewertet werden, dass ein gewisser Anteil der Aareforellen nicht von den Zuchten stammen dürfte. Für einen kleineren Anteil ist es möglich, dass diese von den Zuchten stammen. Die Analyse ist allerdings mit Vorsicht zu interpretieren, da die genetischen Unterschiede doch eher gering sind. Bei geringen genetischen Unterschieden sind die Populationszuweisungen bekanntlich weniger robust. Zudem ist zu beachten, dass wenn die Zuchtstämme aus umliegenden Gewässer stammen, was im Kanton Solothurn der Fall ist, dass dann auch kein genetischer Unterschied mit dem wilden Forellen erwartet werden kann.

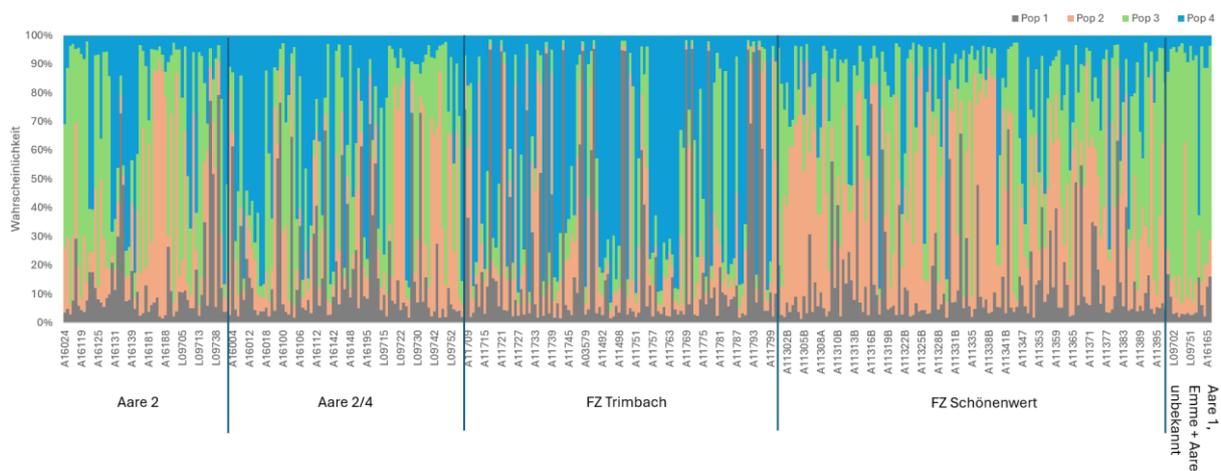


Abbildung 3-1. Genetische Zuweisung der einzelnen Individuen zu vier hypothetischen Gruppen. Die Berechnung wurden mit dem Programm Structure²⁰ durchgeführt. Jeder Balken mit einer Farbe gibt an, mit welcher Wahrscheinlichkeit ein Individuum einer der Populationen zugewiesen wird.

Daher wurde noch eine Zuweisungsanalyse mit dem Programm GeneClass²¹ durchgeführt. Dabei werden die beiden Zuchtpopulationen und die Populationen aus den Zuflüssen als mögliche Referenzpopulationen verwendet. Die Aareforellen wurden anschliessend diesen Referenzen zugewiesen. Dabei wird eine Wahrscheinlichkeit berechnet, mit welcher eine Forelle aus der Aare einer der Referenzpopulationen zugewiesen wird. Ein Wert > 80% deutet auf eine hohe Wahrscheinlichkeit hin, dass die untersuchten Fische von dieser Population stammen. Die Analyse zeigt, dass 22 von 178 Aareforellen mit einer Wahrscheinlichkeit > 80% einer der beiden Fischzuchten zugewiesen werden (16 Fischzucht Schönenwert, 6 Fischzucht Trimbach). 38 Forellen werden verschiedenen Zuflüssen zugewiesen (Wigger N=11, Pfaffnern N=11, Riknerbach N=4, Gheidgraben N=4, Mittelgäubach N=6, Bonigerbach N=2). Die verbleibenden 118 Forellen konnten keiner Population mit einer hohen Wahrscheinlichkeit zugewiesen werden. Dies ist zwar kein Beleg, dass die Forellen auch wirklich aus diesen Gewässern stammen, es zeigt aber in etwa, wie viele woher stammen könnten.

Die Ergebnisse suggerieren, dass ca. 12.4 % der gefangenen Forellen mit einer recht hohen Wahrscheinlichkeit aus einer der beiden Fischzucht stammen. Ca. 21.3 % stammen mit hoher Wahrscheinlichkeit aus verschiedenen Zuflüssen. Für 66.3 % der Forellen kann der Ursprung der Fische nicht mit einer vernünftigen Wahrscheinlichkeit bestimmt werden.

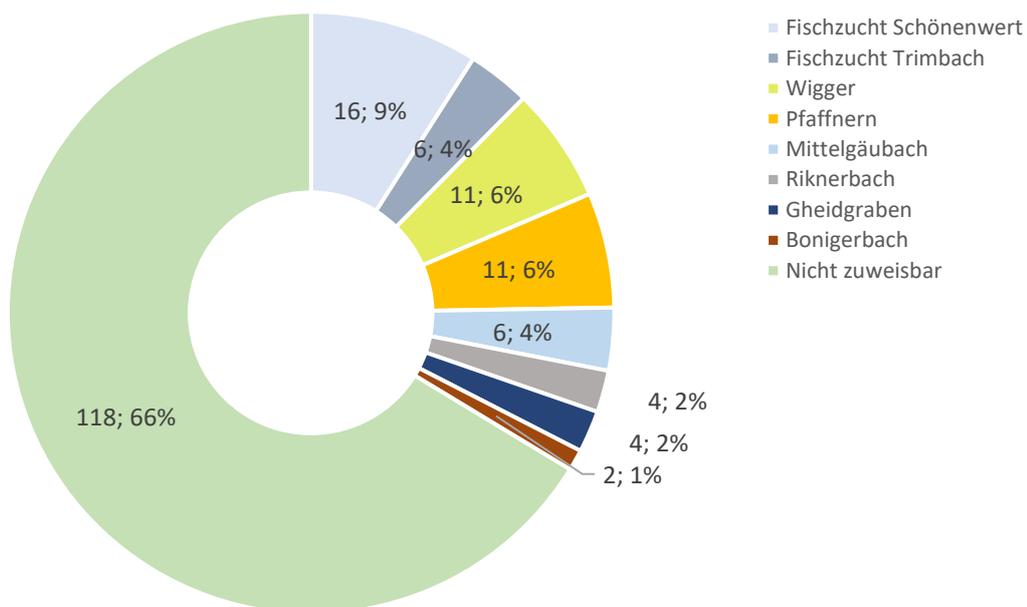


Abbildung 3-2. Ergebnis der Zuweisungsanalyse der Aareforellen zu den potenziellen Quellpopulationen.

3.3 Elternschaftsanalysen

Mit der Elternschaftsanalyse wurde überprüft, ob die gefangenen Aareforellen von den Elterntieren der Fischzuchten Trimbach oder Schönenwert abstammen. Dazu wurden für alle gefangenen Aareforellen mit dem Programm Pamos²² nach Elterntieren gesucht. Insgesamt konnten 10 Forellen der Fischzucht Trimbach zugewiesen werden und 5 Forellen der Fischzucht Schönenwert. Insgesamt konnten also für 15 von 199 untersuchten Aareproben die Elterntiere eruiert werden (7.5 %). Werden die bekannten Fehler dieser Zuweisung berücksichtigt (Positiv- und Negativkontrollen des Versuches von 2018-2019), dann muss davon ausgegangen werden, dass der effektive Anteil der richtig

zugewiesenen Forellen bei ca. 4% liegen dürfte. Die Angaben zu den einzelnen Fischen, die zugewiesen werden konnten, sind in Tabelle zusammengestellt. Das Ergebnis deckt sich insgesamt recht gut mit der Zuweisungsanalyse.

Tabelle 3-3. Zusammenstellung der Angaben zu den in der Aare gefangenen Forellen, für welche die Elterntiere identifiziert werden konnten.

Probe Nr	Fischzucht	Fangort	Datum	Länge [mm]	Alter
A16156	Zucht Trimbach	A_7 AG_Rupperswil	12.06.2020	-	-
A16161	Zucht Schönenwert	A_7 AG_Wildegg	26.06.2020	-	-
A16173	Zucht Schönenwert	A_7 AG_Wildegg	06.08.2020	-	-
A16136	Zucht Trimbach	A2	18.05.2020	-	-
L09735	Zucht Schönenwert	A2	29.09.2021	620	7
A16003	Zucht Trimbach	A3/A4	28.08.2019	-	-
A16015	Zucht Trimbach	A3/A4	14.01.2020	-	-
A16111	Zucht Trimbach	A3/A4	22.11.2019	-	-
A16113	Zucht Trimbach	A3/A4	22.11.2019	-	-
A16146	Zucht Trimbach	A3/A4	18.05.2020	-	-
A16174	Zucht Trimbach	A3/A4	08.12.2020	-	-
L09723	Zucht Schönenwert	A3/A4	31.05.2021	280	2
L09725	Zucht Trimbach	A3/A4	28.05.2021	670	7
L09731	Zucht Trimbach	A3/A4	02.06.2021	400	5
L09750	Zucht Schönenwert	A5/A6	05.12.2022	620	-

3.4 Mehrfachbeobachtungen von gleichen Nachkommen

Schliesslich wurde überprüft, ob gewisse Forellen anhand ihres genetischen Fingerabdruckes mehrfach beprobt wurden. Damit sollte überprüft werden, ob allenfalls Jungforellen nachweislich aus den Zuflüssen abgewandert sind und später in der Aare wieder nachgewiesen werden. Dabei konnte in der Aare keine Forelle nachgewiesen werden, die zuvor bereits in den Zuflüssen nachgewiesen wurde.

4 Diskussion der Ergebnisse

Die genetischen Unterschiede zwischen den Aareforellen und den umliegenden Gewässern sind insgesamt eher gering, aber doch in dreiviertel der Fälle signifikant. Sie stimmen dabei gut überein mit den Ergebnissen aus dem Kanton Aargau¹² und auch mit anderen Studien aus der Schweiz⁷. Auffallend ist, dass die Forellen aus der Aare sich genetisch signifikant von den Forellen aus den Zuchten unterscheiden. Der genetische Unterschied liegt in der gleichen Grössenordnung wie mit den umliegenden Gewässern. Damit ist klar, dass die Forellen aus der Aare nicht allesamt von den Besatzmassnahmen der Zuchten stammen können. Die Ergebnisse zeigen aber auch, dass zwischen den Populationen der anderen Gewässer gewisse genetische Unterschiede gross sein können (z.B. Gheidgraben bzw. Vorzilbächli).

Da die Aareforellen nicht mittels Vaterschaftsanalysen zu potenziellen Elterntieren zugeordnet werden können wurde versucht, mittels einer individuellen Zuweisungsanalyse und einer Elternschaftsanalyse mögliche Besatzfische zu identifizieren. Die erste Analyse ist aber bei den kleinen beobachteten genetischen Unterschieden nicht besonders robust und liefert daher keine belastbaren Ergebnisse. Die Elternschaftsanalyse berücksichtigt nur die Proben von Eltern die Effektiv vorlagen (jeweils in einem Jahr beprobt). Die Ergebnisse der beiden Analysen zeigen immerhin, dass ein Teil der Forellen (ca. 7.5-12%) mit einer recht hohen Wahrscheinlichkeit den Fischzuchten zugewiesen werden. Die Analyse zeigt aber auch, dass ca. 22% der Forellen mit einer grossen Wahrscheinlich aus den verschiedenen Aarezuflüssen stammen dürften. Ein grosser Anteil der Forellen kann jedoch keiner der potenziellen Ursprünge und keine Fischzucht zugewiesen werden, womit unklar bleibt, woher diese Forellen stammen. Für aussagekräftigere Ergebnisse bezüglich des Erfolgs der Besatzmassnahmen müsste eine gezielte Untersuchung von Besatzfischen durchgeführt werden, z.B. mittels eines Besatzexperimentes in dem alle Besatzfische erkannt werden können.

5 Empfehlungen

Folgende Empfehlungen können aufgrund der genetischen Ergebnisse für die Bewirtschaftung der Forellen des Aaresystems gemacht werden:

- Die beobachteten genetischen Unterschiede suggerieren, dass nicht alle Forellen im Kanton Solothurn genetisch identisch sind. Eine Bewirtschaftung in kleinräumigen Bewirtschaftungseinheiten wird demnach empfohlen. Diese sollte sich nach Einzugsgebieten und Gewässertypen richten⁷.
- Die genetischen Unterschiede, die zwischen den Zuchtforellen und den Forellen in den Gewässern gefunden wurden, legen nahe, dass der Besatzerfolg in einigen Gewässern hinterfragt werden sollte. Auch in der Aare scheint ein signifikanter Anteil der Forellen nicht von Besatzmassnahmen abzustammen. Demnach wird empfohlen, den Erfolg der Besatzmassnahmen zu überprüfen. Wo möglich sollte dies im Rahmen eines Besatzstoppversuchs mit Untersuchung der Bestandsgrössen vor und nach dem Besatzstopp durchgeführt werden²³. Falls ein Besatzstopp nicht möglich ist, könnte ein

Markierungsversuch angedacht werden (z.B. Aare, da die Wirkungskontrolle eines Besatzstoppversuchs schwierig ist).

- Die Verwendung eines Elterntierstammes für die Produktion von Besatzfischen ist kritisch zu hinterfragen. Es ist bekannt, dass in der Zucht aufgezogene Elterntiere eine geringere Fitness aufweisen als wilde Forellen^{11,24,25}. Ein Besatz mit solchen Fischen kann lokale Anpassungen von wilden Forellen verwässern und schlussendlich die natürlichen Populationen schwächen, statt sie zu stützen²⁶.
- Je nach Ergebnissen aus den Wirkungskontrollen sollte die Bewirtschaftung angepasst werden. Es wird empfohlen Besatzmassnahmen in Gewässern durchzuführen in denen dieser notwendig ist, um den Bestand zu erhalten. In Gewässern mit einer ausreichenden natürlichen Rekrutierung sollte auf Besatzmassnahmen verzichtet werden²⁷.
- Die frei werden Ressourcen sollten in die Optimierung der genetischen Qualität der Elterntiere und in die Wiederherstellung von Lebensraumdefiziten investiert werden. Gerade bei den Elterntieren aus den Zuchten weisen die signifikanten Abweichungen vom Hardy-Weinberg Gleichgewicht, die teilweise signifikanten Inzucht Koeffizienten und die hohen Abweichungen vom Linkage Equilibrium (Tabelle 8-1) darauf hin, dass die Zuchtpopulation populationsgenetisch problematisch sind (möglicherweise Inzucht und/oder Vermischung von Elterntieren aus unterschiedlichen Ursprüngen).

7 Referenzen

1. Fischnetz. *Dem Fischrückgang Auf Der Spur. Schlussbericht.* (2004).
2. Pinter, K., Unfer, G., Lundsgaard-Hansen, B. & Weiss, S. Besatzwirtschaft in Österreich und mögliche Effekte auf die innerartliche Vielfalt der Bachforellen. *Österreichs Fischerei* **70**, 15–33 (2017).
3. Vrijenhoek, R. C. Genetic diversity and fitness in small populations. *Conservation Genetics* **68**, 37–53 (1994).
4. Darwin, C. *On the Origin of Species by Means of Natural Selection, or the Preservation of Favoured Races in the Struggle for Life.* (John Murray, London, 1859).
5. Jungwirth, M. *Angewandte Fischökologie an Fließgewässern.* (Facultas-Verlag, 2003).
6. Halvorsen, M. & Stabell, O. B. Homing behaviour of displaced stream-dwelling brown trout. *Animal Behaviour* **39**, 1089–1097 (1990).
7. Vonlanthen, P. & Hefti, D. *Genetik Und Fischerei - Zusammenfassung Der Genetischen Studien Und Empfehlungen Für Die Bewirtschaftung.* 90 (2016).
8. Stelkens, R. B., Jaffuel, G., Escher, M. & Wedekind, C. Genetic and phenotypic population divergence on a microgeographic scale in brown trout. *Molecular Ecology* **21**, 2896–2915 (2012).
9. Kottelat, M. & Freyhof, J. *Handbook of European Freshwater Fishes.* (Publications Kottelat, Cornol, Switzerland, 2007).
10. Endler, J. A. *Natural Selection in the Wild.* (Princeton University Press, 1989).
11. Araki, H., Cooper, B. & Blouin, M. S. Genetic Effects of Captive Breeding Cause a Rapid, Cumulative Fitness Decline in the Wild. *Science* **318**, 100–103 (2007).
12. Vonlanthen, P., Kreienbühl, T. & Schmid, C. *Populationsgenetische Untersuchung Der Forellen Im Kanton Aargau.* 73 (2017).
13. Vonlanthen, P. *et al.* Genetic analysis of potential postglacial watershed crossings in central Europe by the bullhead (*Cottus gobio* L.). *Molecular Ecology in press*, (2007).
14. Häberli, M. Phenotypic and Genetic Diversification of *Cottus gobio* in a Metapopulation. (Universität Bern, Bern, 2015).
15. Hudson, A. G., Vonlanthen, P. & Seehausen, O. Population structure, inbreeding and local adaptation within an endangered riverine specialist: the nase (*Chondrostoma nasus*). *Conservation Genetics* **15**, 933–951 (2014).
16. Vonlanthen, P., Hudson, A. G. & Seehausen, O. *Genetische Differenzierung Und Lokale Anpassung Der Nasenpopulationen in Der Schweiz.* (2010).
17. Excoffier, L. & Lischer, H. E. L. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources* **10**, 564–567 (2010).
18. Rousset, F. GENEPOP'007: a complete re-implementation of the GENEPOP software for Windows and Linux. *Molecular Ecology Resources* **8**, 103–106 (2008).
19. Goudet, J. FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3). (2001).
20. Pritchard, J. K., Stephens, M. & Donnelly, P. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics* **155**, 945–959 (2000).
21. Piry, S. *et al.* GeneClass2: A Software for Genetic Assignment and First-Generation Migrant Detection. *Journal of Heredity* **95**, 536–539 (2004).
22. Duchesne, P., Castric, T. & Bernatchez, L. PASOS (parental allocation of singles in open systems): A computer program for individual parental allocation with missing parents. *Molecular Ecology Notes* **5**, 701–704 (2005).

23. Périat, G., Vonlanthen, P. & Roulin, A. *Fischbesatz in Der Schweiz - Synthese Der Erfolgskontrollen*. (2023).
24. Araki, H., Berejikian, B. A., Ford, M. & Blouin, M. S. Fitness of hatchery-reared salmonids in the wild. *Evolutionary Applications* 342–355 (2008).
25. Araki, H. & Schmid, C. Is hatchery stocking a help or harm? Evidence, limitations and future directions in ecological and genetic surveys. *Aquaculture* **308**, 2–11 (2010).
26. McMillan, J. R. *et al.* A global synthesis of peer-reviewed research on the effects of hatchery salmonids on wild salmonids. *Fisheries Management and Ecology* 446–463 (2023) doi:DOI: 10.1111/fme.12643.
27. BAFU. *Nachhaltiger Fischbesatz in Fliessgewässern. Rahmenbedingungen Und Grundsätze*. 42 (2018).

8 Anhang

8.1 Basis Analysen

Tabelle 8-1. Zusammenstellung der Ergebnisse der Basis-Analysen (H_O = Beobachtete Heterzygotität; H_E =erwartete Heterzygotität mit dazu gehörigem p-Wert. A_N =mittlere Anzahl der beobachtete Alle in einer Population; F_{IS} = Inzuchtkoeffizient mit dazugehörigem p-Wert; Die Anzahl und der Anteil an Loci-Kombinationen, welche die Erwartungen des Linkage Equilibriums nicht entsprechen.

Population	N	H_O	H_E	p-value	A_N	F_{IS}	p-value	Linkage disequilibrium
1 9- Pfaffnern	40	0.708	0.704	0.271	8.00	-0.005	0.430	9 (16.36%)
2 10- Limmat	40	0.665	0.715	0.183	7.73	0.07	p<0.01	6 (10.91%)
3 15- Wigger	58	0.634	0.713	p<0.001	8.36	0.111	p<0.001	12 (21.82%)
4 18- Riknerbach	35	0.724	0.692	0.143	6.64	-0.047	0.0585	8 (14.55%)
5 A7- Aare	21	0.654	0.702	0.277	6.91	0.071	p<0.05	3 (5.45%)
6 A1- Aare	6	0.727	0.709	0.981	4.64	-0.028	0.4193	2 (3.64%)
7 A2- Aare	57	0.691	0.709	p<0.05	8.45	0.025	0.129	6 (10.91%)
8 A2/A4- Aare	85	0.643	0.700	p<0.001	8.45	0.083	p<0.001	14 (25.45%)
9 Bonigerbach	15	0.709	0.675	0.927	5.36	-0.052	0.154	5 (9.09%)
10 Chrebskanal	8	0.716	0.727	0.785	4.73	0.016	0.4422	6 (10.91%)
11 Emme	4	0.545	0.682	0.522	3.91	0.226	p<0.01	0 (0%)
12 Elterntiere Trimbach	111	0.718	0.692	p<0.001	7.00	-0.037	p<0.05	44 (80%)
13 Gheidgraben	16	0.636	0.608	0.591	4.55	-0.049	0.185	12 (21.82%)
14 Mittelgäubach	50	0.705	0.692	p<0.05	6.82	-0.02	0.2314	18 (32.73%)
15 Aare unbekannt	5	0.655	0.693	0.862	4.18	0.062	0.270	3 (5.45%)
16 Dorfbach	43	0.723	0.716	0.064	7.18	-0.011	0.3775	10 (18.18%)
17 Dubenmoosbach	28	0.714	0.697	0.888	6.36	-0.026	0.237	9 (16.36%)
18 Vorzilbaechli	12	0.652	0.709	p<0.01	4.73	0.084	0.075	5 (9.09%)
19 Duennern	29	0.679	0.677	0.131	6.82	-0.003	0.457	8 (14.55%)
20 Trimbach	28	0.670	0.693	p<0.01	6.91	0.033	0.1523	8 (14.55%)
21 Elterntiere Schönenwert	142	0.694	0.705	p<0.05	8.82	0.015	0.145	29 (52.73%)
Total/Mittelwert	833	0.678	0.695		6.39			10.3 (18.79%)