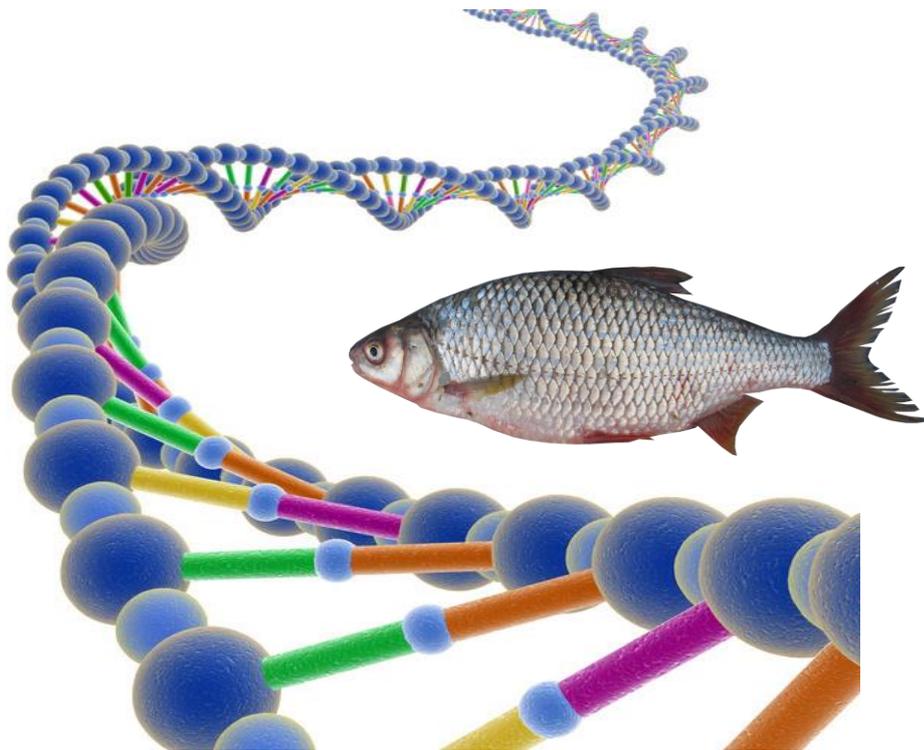


POPULATIONSGENETISCHE UNTERSUCHUNGEN VON ROTAUGEN IN DER LIMMAT

ERFOLGSKONTROLLE DER BESATZMASSNAHMEN IM STAUSEE WETTINGEN



Impressum

Auftraggeber

Departement Bau, Verkehr und Umwelt
Abteilung Wald, Sektion Jagd und Fischerei
Entfelderstrasse 22
5001 Aarau
Tel.: 062 835 28 50
Fax: 062 835 28 59
E-Mail: jagd_fischerei@ag.ch

Auftragnehmer

Universität Basel	Aquabios GmbH
Zoologisches Institut	Rte de Payerne 18
Evolutionsbiologie	CH-1553 Châtonnaye
Vesalgasse 1	Tel: +41 (0)26 658 12 44
CH-4051 Basel	Fax: +41 (0)26 658 12 44
http://evolution.unibas.ch/salzburger/	http://www.aquabios.ch

Autoren

Yuri Kläfiger: yuri.klaefiger@stud.unibas.ch
Pascal Vonlanthen: p.vonlanthen@aquabios.ch
Walter Salzburger: walter.salzbürger@unibas.ch

DNA Foto Titelseite: <http://truthfall.com/big-brother-dna-database-swells-with-innocent-people/>

Verdankungen

Wir bedanken uns bei der Sektion Jagd und Fischerei vom Kanton Aargau für den Auftrag und der Pachtvereinigung Stausee Wettingen für die finanzielle Unterstützung des Projektes. Nicolas Boileau und Brigitte Aeschbach für die Unterstützung bei der Arbeit im Labor. Jennifer Vonlanthen-Heuck für die kritische Durchsicht des Dokuments.

Inhaltsverzeichnis

1	ZUSAMMENFASSUNG	4
2	AUSGANGSLAGE	5
3	FRAGESTELLUNG	7
4	MATERIAL UND METHODEN	8
4.1	PROBENAHE	8
4.2	AUSWAHL DER GENETISCHEN MARKER	8
4.3	LABORARBEITEN	9
4.4	STATISTISCHE AUSWERTUNGEN	9
5	ERGEBNISSE	10
5.1	GENETISCHE DIFFERENZIERUNG DER POPULATIONEN UND SUBSTRUKTUR	10
5.2	RESULTATE BASISANALYSEN	13
6	DISKUSSION DER RESULTATE UND SCHLUSSFOLGERUNGEN	15
7	LITERATURVERZEICHNIS	16

1 ZUSAMMENFASSUNG

Von 2000 bis 2009 wurden im Stausee Wettingen Rotaugen aus einer Zucht in Deutschland besetzt (kein Besatz in den Jahren 2005 und 2008). Die Fischereibehörde des Kantons Aargau wollte herausfinden, ob die Besatzmassnahmen von standortfremden Rotaugen im Stausee Wettingen erfolgreich waren und welche Auswirkungen diese auf die populationsgenetische Struktur der ortsansässigen Rotaugen hatten. Zum Vergleich wurden ebenfalls Rotaugen weiter flussaufwärts an der Limmat vom Stau Letten beprobt, wo keine Rotaugen eingesetzt wurden.

Die Resultate der genetischen Analysen der drei Rotaugenpopulationen sind eindeutig. Sie zeigen, dass sich die Rotaugen aus der deutschen Fischzucht genetisch stark von den beiden einheimischen Limmatrotaugen (Wettingen und Letten) unterscheiden. Die standortfremden Rotaugen aus der Fischzucht in Deutschland eignen sich somit wie erwartet nicht für Besatzmassnahmen.

Die Resultate zeigen auch, dass zumindest ein Teil der besetzten Rotaugen überleben konnte und sich natürlich mit den einheimischen Rotaugen fortgepflanzt hat, was zu einer genetischen Introgression in die einheimische und lokal angepasste Population geführt hat. Diese Hybridisierung (genetische Vermischung) kann zu einem Verlust der lokalen Anpassung der Rotaugen im Stausee Wettingen geführt haben. Der Grossteil der Population in Wettingen besteht zurzeit aber noch aus dem einheimischen Genpool mit genügender genetischer Vielfalt. Es sind also keine Anzeichen vorhanden, die eine Auszuchtung mit standortfremden Rotaugen rechtfertigen würde. Von weiteren Besatzmassnahmen mit Rotaugen aus einer standortfremden Population (z.B. Fischzucht in Deutschland) ist deshalb dringend abzusehen.

Schliesslich zeigen die Resultate, dass ein Grossteil der Rotaugen in Wettingen (ca. 92%) von der natürlichen Fortpflanzung stammt. Somit konnten die Besatzmassnahmen die Populationsgrösse nicht signifikant erhöhen. Aufgrund der funktionierenden natürlichen Fortpflanzung der Rotaugen in der Limmat, scheint deshalb auch ein Kompensationsbesatz mit einheimischen Rotaugen wenig erfolgsversprechend zu sein. Eine nachhaltige Erholung der Rotaugenpopulationsgrösse in Wettingen, ist nur durch Anpassungen der biotischen und abiotischen Umweltbedingungen zu erreichen.

2 AUSGANGSLAGE

Die meisten kommerziell genutzten Fischarten werden in der Schweiz durch Besatzmassnahmen beeinflusst. Es wird davon ausgegangen, dass die Populationsgrössen der natürlichen oder durch die Fischerei verursachten schwankenden Jahrgangsstärken durch Besatzmassnahmen stabilisiert und dadurch in bestimmten Gewässern die fehlende natürliche Reproduktion kompensiert wird [1]. Der Erfolg dieser Massnahmen ist sowohl national [1, 2] als auch international sehr unterschiedlich [3, 4]. Darüber hinaus werden mehr und mehr auch die negativen Auswirkungen erkannt, die der Besatz auf die Fitness, das Überleben, die genetische Vielfalt und auf die Erhaltung von lokalen Anpassungen der Populationen haben kann [5-10]. Nebst dem Ziel, die Populationen zu stärken, werden Besatzmassnahmen auch durchgeführt, um lokal ganz oder fast ausgestorbene Populationen wieder anzusiedeln. In der Schweiz ist bei den Fischen der Lachs wohl das bekannteste Beispiel [11].

Wird eine Besatzmassnahme durchgeführt, ist es wichtig, ein allgemeines Ziel (Initialbesatz, Ertragsbesatz, Attraktivitätsbesatz, Kompensationsbesatz, Manipulationsbesatz) zu definieren [12]. Wissenschaftlich ist es erwiesen, dass eine nachhaltige Verbesserung der Fischbestände nur durch einen Initialbesatz zu erreichen ist [12]. Alle weiteren Besatzmassnahmen und deren Ziele müssen aus ökologischer Sicht hinterfragt werden [12]. Auch bei Wiederansiedlungsprojekten (Initialbesatz) sollte eine sorgfältige strategische Planung und eine Risiko/Nutzen Abwägung durchgeführt werden [13], was bei Fischen nur selten der Fall ist. Dabei ist wichtig, dass die Wiederansiedlungsmassnahmen nur getroffen werden, wenn eine natürliche Besiedelung unwahrscheinlich erscheint.

Dass bei Besatzmassnahmen möglichst lokal angepasste Fische mit genügender genetischer Variabilität eingesetzt werden sollten, dürfte mit den heutigen Kenntnissen über Genetik und lokalen Anpassung selbstverständlich sein. Trotzdem wird auch dieser Punkt oft noch vernachlässigt, obwohl bekannt ist, dass der Besatz mit nicht angepassten Fischen die Fitness der einheimischen Populationen negativ beeinflussen kann und somit das Gegenteil vom erhofften Ergebnis verursacht [3, 14, 15]. Schliesslich ist es wichtig, dass der Erfolg eines Besatzes überprüft wird [16].

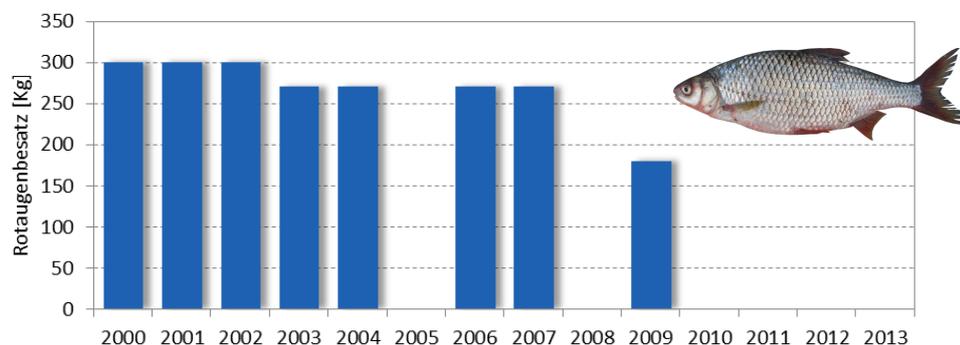


Abbildung 2-1. Statistik des Rotaugenbesatzes, der im Stausee Wettingen durchgeführt wurde (2000-2013).

Üblicherweise werden in der Schweiz nur die für die Fischerei relevanten Fischarten besetzt [17]. In den letzten Jahren wurden aber vermehrt auch ökonomisch weniger interessante Fischarten besetzt, die lokal, regional oder national vom Aussterben bedroht sind. Im Kanton Aargau sind dies beispielsweise Nasen, Lachse, Groppen sowie einheimische

Krebsarten und Bachmuscheln [16]. Von 2000 bis 2009 wurden im Stausee Wettingen aber auch Rotaugen besetzt (Abbildung 2-1). Rotaugen werden durch Sportfischer seit Jahren im Stausee gezielt befischt. Da die Fänge schon seit längerer Zeit zurückgingen, hat man, um diesen Rückgang entgegen zu wirken, zwischen 2000-2009 mittels Besatzmassnahmen versucht, die Population wieder aufzubauen. Die Fische wurden von einem lokalen Züchter (<http://www.biofischzucht.ch/>) bezogen, der diese seinerseits aus einer deutschen Zucht importierte.

3 FRAGESTELLUNG

Die Fischereibehörde des Kantons Aargau wollte herausfinden, ob die Besatzmassnahmen von standortfremden Rotaugen im Stausee Wettingen erfolgreich waren und welche Auswirkungen diese auf die populationsgenetische Struktur hatten. Dabei stand die Frage im Zentrum, ob sich die Zuchtfische etablieren konnten oder ob eine lokal angepasste und einheimische Rotaugenpopulation erhalten geblieben ist.

Die Fragestellungen können daher folgendermassen zusammengefasst werden:

- War der Besatz der Rotaugen erfolgreich? Inwiefern hat eine genetische Vermischung der eingesetzten Rotaugen mit den lokalen Rotaugen stattgefunden und wie unterscheidet sich die Situation im Vergleich zu einer Referenzpopulation aus dem Stau Letten, wo keine Rotaugen besetzt wurden?
- Wie gross ist der Anteil Rotaugen im Stausee Wettingen, der dem Besatz zugeordnet werden kann?
- Unterscheiden sich die Rotaugenpopulationen von den beiden Stauseen in der Limmat und der Zuchtpopulation genetisch und welche genetische Diversität finden wir innerhalb der drei Stichproben?

Um diese Fragen klären zu können wurde das Zoologische Institut der Universität Basel vom Kanton Aargau (Sektion Jagd und Fischerei des Departement Bau, Verkehr und Umwelt) beauftragt, eine populationsgenetische Studie durchzuführen. *Aquabios* GmbH wurde anschliessend der Auftrag erteilt die wissenschaftlichen Resultate in einem Bericht zusammenzufassen.

4 MATERIAL UND METHODEN

4.1 PROBENAHME

Für die Probenahme wurden in den Jahren 2010 und 2011 in der Limmat insgesamt 120 Rotaugen (*Rutilus rutilus*) gefangen, 90 Rotaugen im Stausee Wettingen (Fischpass & Stausee) und 30 Rotaugen im Stau Letten. Weiter wurden 30 Besatzfische aus der Rotaugen-Fischzucht in Deutschland für die Auswertungen herangezogen (Abbildung 4-1, Abbildung 4-2).



Abbildung 4-1. Lageplan der Probenahmestandorte. Der genaue Ursprung der deutschen Zuchtfische ist nicht bekannt.

4.2 AUSWAHL DER GENETISCHEN MARKER

Um die genetischen Unterschiede und Verwandtschaften zwischen verschiedenen Stichproben zu analysieren, werden oft Mikrosatellitenmarker verwendet. Ein Mikrosatellit ist eine Region des Erbguts, in dem sich kurze DNA-Sequenzen oft wiederholen (z. Bsp. 3' ATATATATAT...AT 5'). Diese sind für populationsgenetische Untersuchungen nützlich, weil sie nicht für Gene kodieren und selektiv meist neutral sind. Ausserdem weisen sie eine hohe Mutationsrate auf und können daher auch rezente Ereignisse im Erbgut reflektieren. In der vorliegenden Studie wurden sechs solche Mikrosatelliten-Loci untersucht [18].

4.3 LABORARBEITEN

Die Desoxyribonukleinsäure (DNS) wurde aus kleinen Flossenstückproben mit einem Salz-Präzipitationsprotokoll (adaptiert von [19]) extrahiert. Die verschiedenen Mikrosatelliten-Loci wurden für jede Probe mittels einer PCR (Polymerase Kettenreaktion) amplifiziert (optimiertes PCR Protokoll aus [20]). Die Fragmentlänge der einzelnen Allele für jeden Mikrosatellitenmarker wurde mit der Software GeneMapper® (Applied Biosystems) bestimmt.

4.4 STATISTISCHE AUSWERTUNGEN

Um die Verständlichkeit des Dokumentes zu optimieren, werden die Methoden und die statistischen Auswertungen zusammen mit den Ergebnissen jeweils kurz erklärt.



Abbildung 4-2. Links: Luftaufnahme des Stausees Wettingen. Rechts: Luftaufnahme des Staus in Letten bei Zürich.

5 ERGEBNISSE

Um den Bericht möglichst verständlich zu gestalten, werden in einem ersten Schritt die Populationsstruktur und somit die genetische Differenzierung innerhalb und zwischen den Populationen besprochen. Erst im zweiten Schritt wird anschliessend die selektive Neutralität, die Unabhängigkeit der verschiedenen Loci und die Qualität der Daten diskutiert.

5.1 GENETISCHE DIFFERENZIERUNG DER POPULATIONEN UND SUBSTRUKTUR

Die Resultate der genetischen Differenzierung der drei Rotaugenstichproben (Stausee Wettingen, Stausee Letten sowie Besatzmaterial Fischzucht aus Deutschland) zeigen, dass die beiden Limmatstichproben genetisch klar vom Besatzmaterial verschieden sind. Die Resultate zeigen auch, dass sich die Besatzmassnahmen genetisch negativ auf die einheimischen Rotaugen des Stausees Wettingen ausgewirkt haben. Der Anteil der Rotaugen, die direkt vom Besatz stammen, ist mit ca. 8% jedoch gering. Der Anteil aus der natürlichen Fortpflanzung entspricht ca. 92%.

Das meistangewandte Mass für die genetische Differenzierung zwischen Populationen ist der F_{ST} -Wert (oder F_{ST} -Index.) Dieser beschreibt den Anteil an der Varianz in Allelfrequenzen, der durch die Einteilung der Individuen in verschiedene Populationen erklärt wird [21]. Vereinfacht ausgedrückt bedeutet dies, dass die berechneten Werte zwischen 0 (die Populationen sind identisch) und 1 (die Populationen sind komplett verschieden) liegen. Die F_{ST} -Werte wurden im Programm Arlequin v. 3.1 [22] berechnet. Die Resultate zeigen, dass zwischen den beiden Limmatstichproben Wettingen und Letten keine signifikanten genetischen Unterschiede festgestellt werden können (Tabelle 5-1). Die Rotaugen des Stausees Wettingen sowie des Stausees Letten sind jedoch genetisch stark und statistisch hochsignifikant von den besetzten Rotaugen der Fischzucht aus Deutschland unterschiedlich (F_{ST} von 0.086 bzw. 0.105, $p < 0.001$ Tabelle 5-1). Es fällt jedoch auch auf, dass der genetische Unterschied zwischen dem Stausee Wettingen und dem Besatzmaterial kleiner ist als der genetische Unterschied zwischen dem Stau Letten und dem Besatzmaterial (Tabelle 5-1). Dies könnte darauf hinweisen, dass sich die Besatzmassnahmen auf die Rotaugen im Stausee Wettingen ausgewirkt haben.

Tabelle 5-1. F_{ST} -Werte, die zwischen den drei Rotaugenpopulationen beobachtet wurden (NS: nicht signifikant; * $p < 0.05$; ** $p < 0.01$; *** $p < 0.001$).

	Wettingen	Letten	Besatz
Wettingen	-	NS	***
Letten	-0.001	-	***
Besatz	0.086	0.105	-

Unabhängig ihrer Herkunft können die genetischen Daten aller Individuen in einer Structure Analyse [23] zusammengefasst und untersucht werden. Mit dieser Methode kann die Anzahl genetischer Cluster, welche sich stark voneinander unterscheiden bestimmt werden. Die Analyse ergab, dass die Rotaugen klar in zwei genetische Gruppen eingeteilt werden können. Die erste Rotaugengruppe besteht entsprechend aus den Besatzfischen (Hellblau, Abbildung 5-1) und die zweite Gruppe aus einheimischen Rotaugen aus der Limmat (Dunkelblau). Die

Analyse zeigt, dass es sich bei einem Grossteil der Rotaugen, welche aus dem Stausee Wettingen und Letten beprobt wurden um einheimische Rotaugen und bei der Stichprobe des Besatzmaterials in der Tat ausschliesslich um standortfremde Rotaugen handelt.

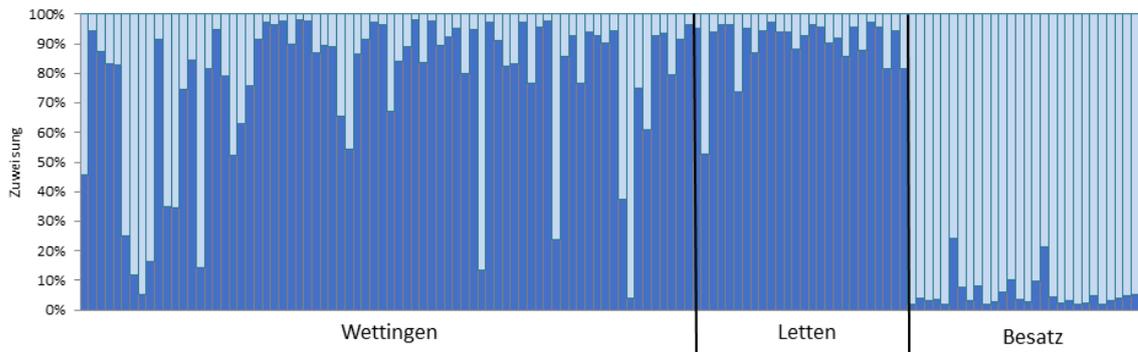


Abbildung 5-1. Resultate der Zuweisungsanalyse des Programms Structure. Hellblau dargestellt ist der genetische Anteil von Besatzfischen und Dunkelblau der genetische Anteil von einheimischen Rotaugen. Jeder vertikale Balken entspricht einem Individuum.

Es ist ersichtlich, dass im Stausee Wettingen, im Unterschied zum Stau Letten wo kein einziges Rotauge eindeutig dem Besatzmaterial zugeordnet werden kann, einige Rotaugen vorkommen, die vom genetischen Fingerabdruck her eher dem Besatzmaterial zugeordnet werden können. Bei gewissen Individuen kann auch eine genetische Vermischung der beiden Stämme festgestellt werden (wenn ca. 50% Anteil Besatzmaterial und ca. 50% Anteil einheimische Limmatrotaugen). Im Stausee Wettingen werden ca.77% der Fische klar der einheimischen Rotaugenpopulation zugewiesen (Abbildung 5-2). Ca. 15% scheinen Hybride zwischen Besatzfischen und einheimischen Rotaugen zu sein und nur ca. 8% der untersuchten Rotaugen stammen direkt aus den Besatzmassnahmen ab (Abbildung 5-2). Über alle Proben gesehen ist klar, dass sich die einheimischen Rotaugen genetisch stark von den Besetzten Rotaugen und den Hybriden unterscheiden (Abbildung 5-3).

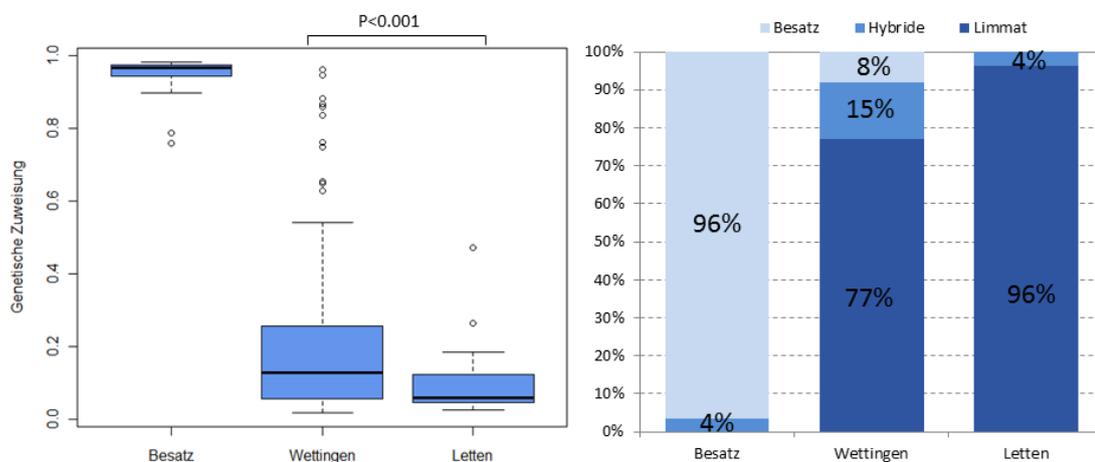


Abbildung 5-2. Links: Anteil der Individuen, die in der Structure Analyse dem Besatz zugewiesen werden. Rechts: Anteil der Fische, die dem Besatz, als Hybride oder den einheimischen Rotaugen zugewiesen werden.

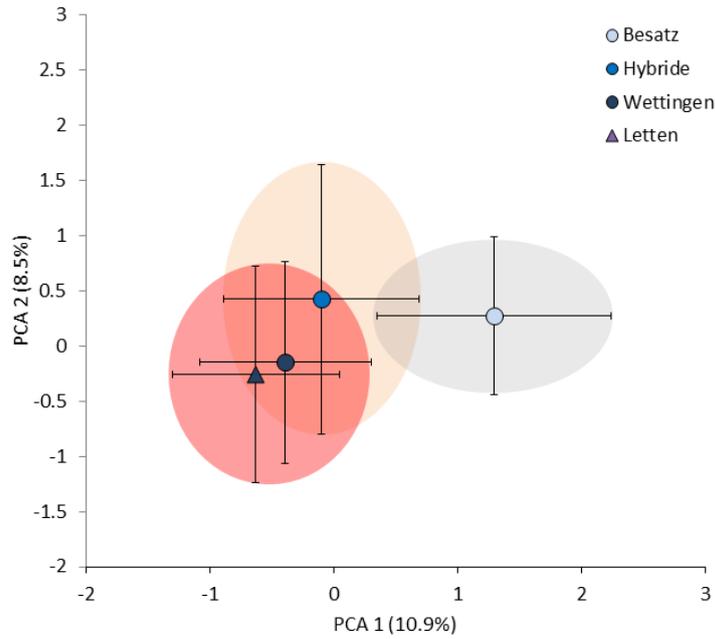


Abbildung 5-3. Hauptkomponentenanalyse der Allelfrequenzen die zeigt, dass die besetzten Fische aus Deutschland genetisch stark von den einheimischen Rotaugen aus Wettingen und Letten verschieden sind. Die Hybriden zeigen wie erwartet Überlappungen mit beiden Gruppen.

5.2 RESULTATE BASISANALYSEN

Die Resultate der Basisanalysen weisen auf eine Substruktur innerhalb der Populationen und auf Null-Allele hin. Es konnten keine Hinweise auf Inzucht beobachtet werden.

Als Erstes wurden die erwartete (H_E) und beobachtete Heterozygotität (H_O) in Arlequin v. 3.5 [22] berechnet. Dabei wird für jeden Locus und über alle Loci für jede Population der Anteil an heterozygoten Individuen berechnet (d.h. Individuen, die 2 verschiedene Allele an einem Locus aufweisen) und mit einem Erwartungswert verglichen. Anschliessend wird die Abweichung von diesem Erwartungswert (Hardy-Weinberg-Gleichgewicht [24]) für jeden Locus und jede Population in GENEPOP v. 4.2 berechnet [25]. Diese Berechnung überprüft, ob in einer Population zu viele oder zu wenige Heterozygote vorkommen. Die Resultate zeigen, dass die beobachtete Heterozygotität (H_O) zwischen 0.599 und 0.681 und die erwartete Heterozygotität (H_E) zwischen 0.669 bis 0.788 liegt (Tabelle 5-2). Dies entspricht in etwa den Werten, die auch in anderen populationsgenetischen Studien mit Mikrosatelliten bei Rotaugen gefunden wurden [26, 27]. Wichtig ist, dass alle drei in dieser Studie untersuchten Populationen signifikant vom Hardy-Weinberg Gleichgewicht (HWE) abweichen. Da die beobachtete Heterozygotität kleiner war als die erwartete Heterozygotität bedeutet dies, dass entweder Null-Allele (aufgrund der Methode nicht beobachtete Allele, die jedoch in Wirklichkeit vorhanden sind) vorliegen oder dass die Populationen aus mehreren genetischen Einheiten bestehen (Substruktur innerhalb der Population). Aufgrund dieses Resultates ist auch nachvollziehbar, dass der Inzuktcoeffizient (F_{IS}) [21], der mit der Software FSTAT v. 2.9.3 [28] berechnet wurde, für alle Populationen signifikant verschieden von null war (Tabelle 5-2). Um zu wissen, ob Null-Allele für die Abweichungen vom HWE Gleichgewicht verantwortlich sind, wurde eine statistische Schätzung der Null-Allele [29] durchgeführt. Diese ergab, dass ca. 3% (Stichprobe Stausee Wettingen) bis 5% (Stichprobe Besatzmaterial) Null-Allele vorhanden sind. Zumindest ein Teil der Abweichungen vom HWE kann demzufolge auf Null-Allele zurückgeführt werden.

Weiter wurde überprüft, ob die verschiedenen Mikrosatelliten-Loci physisch auf dem Erbgut assoziiert sind (Linkage disequilibrium LD). Eine physische Assoziation ist vorhanden, wenn zwei oder mehr Loci nah zueinander auf dem DNS-Strang liegen. Diese Assoziation müsste in diesem Fall in allen Populationen ersichtlich sein. Wenn dies der Fall ist, dann beinhalten gelinkte Loci die gleiche populationsgenetische Information und nur ein Locus dürfte für weitere Auswertungen verwendet werden. Diese Analyse ist aber ebenfalls sensitiv, wenn Substruktur oder Familieneffekte in einer Population vorhanden sind. Dann sollten die Abweichungen jedoch nur in den Populationen mit Substruktur oder Familieneffekten beobachtet werden. Diese Berechnung wurde im Programm Arlequin v 3.5 [22] durchgeführt. Ein gehäuftes Auftreten von LD konnte nicht beobachtet werden (Tabelle 5-2).

Tabelle 5-2. Basisanalysen der genetischen Daten. N entspricht dem Stichprobenumfang, der untersucht wurde; A_N entspricht der durchschnittlichen Anzahl beobachteter Allele pro Locus; A_R entspricht der für den Stichprobenumfang korrigierten durchschnittlichen Anzahl beobachteter Allele pro Locus; H_O ist die beobachtete und H_E die erwartete Heterozygotität mit dem dazugehörigen P-Wert für die Abweichung vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht, F_{IS} entspricht dem Inzuchtkoeffizient mit dem dazugehörigen P-Wert; N LD entspricht der Anzahl beobachteten signifikanten physischen Assoziationen zwischen den verschiedenen Mikrosatelliten-Loci.

	Wettingen	Letten	Besatz	Total/Mittel
N	75	27	27	129
A_N	9.83	6.33	9.83	8.67
A_R	7.37	6.24	9.40	7.67
H_O	0.658	0.599	0.681	0.65
H_E	0.704	0.669	0.788	0.72
P-Wert	<0.001	0.008	<0.001	
F_{IS}	0.065	0.135	0.138	0.11
P-Wert	0.0111	0.0139	0.0028	
N LD $p < 0.01$	0 (0%)	0 (0%)	1 (6.7%)	1 (2.22%)
N LD $p < 0.05$	1 (6.7%)	1 (6.7%)	1 (6.7%)	3 (6.7%)

Anschliessend wurde die genetische Variabilität mit zwei verschiedenen Methoden bestimmt. Erstens wurde die durchschnittliche Anzahl der pro Locus der beobachteten Allele für jede Population bestimmt (A_N) und zweitens wurde diese Anzahl für die unterschiedlichen Stichprobenumfänge korrigiert (A_R). Die Anzahl beobachteter Allele (A_N) reichten von 6.33 bis 9.83 und die korrigierte Anzahl Allele (A_R) von 6.24 bis 9.40 (Tabelle 5-2). Auffällig ist, dass die genetische Variabilität in der Besatzpopulation am höchsten ist, was auf einen vermischten Muttertierstamm genetisch unterschiedlicher Rotaugenpopulationen schliessen lässt.

6 DISKUSSION DER RESULTATE UND SCHLUSSFOLGERUNGEN

Die Resultate der genetischen Analysen der drei Rotaugenpopulationen sind ziemlich eindeutig. Sie zeigen, dass sich die Rotaugen aus der deutschen Fischzucht genetisch stark von den einheimischen Limmatrotaugen unterscheiden. Nun stellt sich die Frage, ob sich die Besatzmassnahmen von 2000 bis 2009 auch auf die genetische Integrität der lokalen Population ausgewirkt haben. Die Resultate zeigen eindeutig, dass zumindest ein kleiner Teil der besetzten Rotaugen überleben konnten und sich natürlich mit den einheimischen Rotaugen fortgepflanzt hat, was zu einer unerwünschten Introgression von ortsfremden Genen in die einheimische und lokal angepasste Population der Rotaugen in der Limmat geführt hat. Die genetische Integrität der einheimischen Population wurde somit beeinträchtigt, was sich kurz- oder mittelfristig negativ auf die Fitness (d.h. den Fortpflanzungserfolg oder die Überlebenswahrscheinlichkeit) der Population auswirken könnte. Für erfolgreiche Besatzmassnahmen muss die lokale Anpassung berücksichtigt werden. Deshalb eignen sich standortfremde Besatzfische nicht für Besatzmassnahmen.

Der Grossteil der Rotaugenpopulation des Stausees Wettingen besteht aber immer noch aus dem einheimischen Genpool. Diese einheimische Population zeigt eine mit anderen natürlichen Rotaugenpopulationen vergleichbare genetische Vielfalt. Somit konnten keine Hinweise auf Inzucht festgestellt werden, die eine Auszuchtung der lokalen Population (Blutauffrischung) rechtfertigen würde. Von weiteren Besatzmassnahmen mit Rotaugen aus einer standortfremden Population ist deshalb dringend abzusehen.

Die Resultate zeigen deutlich, dass die Besatzmassnahmen nicht den gewünschten Erfolg gebracht haben. Die Population konnte durch Besatzmassnahmen nicht signifikant vergrössert werden und heute stammt die Rotaugen Population zu ca. 92% aus der natürlichen Fortpflanzung ab. Da die natürliche Fortpflanzung der Rotaugen im Stausee Wettingen funktioniert, erscheint ein Kompensationsbesatz, auch wenn dieser mit einheimischen Rotaugen durchgeführt wird, ebenfalls als wenig sinnvoll [12]. Eine Erhöhung der Rotaugenpopulationsgrösse, falls dies der Typologie des Sees entspricht (Cyprinidensee mit hoher Oberflächentemperatur im Sommer), ist nur durch Anpassungen der biotischen und abiotischen Umweltbedingungen zu erreichen.

7 LITERATURVERZEICHNIS

1. Gmünder, R., *Erfolgskontrolle zum Fischbesatz in der Schweiz*, in MITTEILUNGEN ZUR FISCHEREI NR. 71 2002, Bundesamt für Umwelt: Bern.
2. Eckmann, R., M. Kugler, and C. Ruhle, *Evaluating the success of large-scale whitefish stocking at Lake Constance*, in *Biology and Management of Coregonid Fishes - 2005*, M. Jankun, et al., Editors. 2007, E Schweizerbart'sche Verlagsbuchhandlung: Stuttgart. p. 361-368.
3. Araki, H. and C. Schmid, *Is hatchery stocking a help or harm? Evidence, limitations and future directions in ecological and genetic surveys*. Aquaculture, 2010. **308**: p. 2-11.
4. Steffens, W., *Yield and stocking of vendace (Coregonus albula) in northeast Germany* ERGEBNISSE DER LIMNOLOGIE, 1995. **46**: p. 405-412.
5. Largiader, C.R. and D. Hefti, *Genetische Aspekte des Schutzes und der nachhaltigen Bewirtschaftung von Fischarten*, in MITTEILUNGEN ZUR FISCHEREI NR. 732002, Bundesamt für Umwelt: Bern.
6. Cattaneo, F., et al., *Caractérisation génétique des populations d'ombre commun (Thymallus thymallus) de Suisse et France transfrontalière*, 2011.
7. Vonlanthen, P. and W. Salzburger, *Populationsgenetische Untersuchung der Äschen in der Birs*, 2010, Universität Basel: Basel.
8. Vonlanthen, P., Y. Marbach, and O. Seehausen, *Genetische Differenzierung der Äschen im Kanton St. Gallen*, EAWAG, Editor 2010, EAWAG: Kastanienbaum.
9. Milot, E., et al., *Reduced fitness of Atlantic salmon released in the wild after one generation of captive breeding*. Evolutionary Applications, 2013. **6**(3): p. 472-485.
10. Frankham, R., J.D. Ballou, and D.A. Briscoe, *Introduction to Conservation Genetics*. 2002, Cambridge, : Cambridge University Press.
11. IKSР, *Rhein 2020 - Programm zur nachhaltigen Entwicklung des Rheins*, 2001, Internationale Kommission zum Schutz des Rheins: Koblenz. p. 27.
12. Holzer, G., et al., *Fischereiliche Bewirtschaftung heute - vom klassischen Fischbesatz zum ökologischen Fischereimanagement*, in *Projekt «Netzwerk Fischrückgang Schweiz»*2003, EAWAG: Kastanienbaum,.
13. IUCN/SSC, *Guidelines for Reintroductions and Other Conservation Translocations. Version 1.0.*, 2013, IUCN Species Survival Commission: Gland, Switzerland. p. 57.
14. Araki, H., et al., *Fitness of hatchery-reared salmonids in the wild*. Evolutionary Applications, 2008: p. 342–355.
15. Araki, H., B. Cooper, and M. Blouin, *Genetic Effects of Captive Breeding Cause a Rapid, Cumulative Fitness Decline in the Wild*. Science, 2007. **318**: p. 100-103.
16. Aargau, K., *Fischbesatz im Kanton Aargau - Besatzkonzept*, K. Aargau, Editor 2011, Departement Bau, Verkehr und Umwelt - Abteilung Wald: Aarau.
17. BAFU, *Fischbesatz 2009 in die schweizerischen Seen und Fliessgewässer*, V. Eidgenössisches Departement für Umwelt, Energie und Kommunikation UVEK, Editor 2010, Bundesamt für Umwelt: Ittigen. p. 1.
18. Muenzel, F., et al., *Microsatellites from the vairone Leuciscus souffia (Pisces: Cyprinidae) and their application to closely related species*. Molecular Ecology Notes, 2008. **7**: p. 1048-1050.
19. Aljanabi, S. and I. Martinez, *Universal and rapid salt-extraction of high quality genomic DNA for PCR-based techniques*. Nucleic Acids Research, 1997. **25**(22): p. 4692-4693.
20. Marchetto, F., et al., *RPEhseayrclho agrticeleography of the Italian vairone (Telestes muticellus, Bonaparte 1837) inferred by microsatellite markers: evolutionary history of a freshwater fish species with a restricted and fragmented distribution*. BMC Evolutionary Biology, 2010. **10**(111).
21. Weir, B. and C. Cockerham, *Estimating F-Statistics for the analysis of population structure*. Evolution, 1984. **38**(6): p. 1358-1370.

22. Excoffier, L. and H. Lischer, *Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows*. Molecular Ecology Resources, 2010. **10**: p. 564-567.
23. Pritchard, J.K., M. Stephens, and P. Donnelly, *Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data*. Genetics, 2000. **155**: p. 945-959.
24. Guo, S. and E. Thompson, *Performing the Exact Test of Hardy-Weinberg Proportion for Multiple Alleles*. Biometrics, 1992. **48**: p. 361-372.
25. Rousset, F., *GENEPOP'007: a complete re-implementation of the GENEPOP software for Windows and Linux*. Molecular Ecology Resources, 2008. **8**: p. 103-106.
26. Hamilton, P. and C. Tyler, *Identification of microsatellite loci for parentage analysis in roach *Rutilus rutilus* and eight other cyprinid fish by cross-species amplification, and a novel test for detecting hybrids between roach and other cyprinids*. Molecular Ecology Resources, 2008. **8**: p. 462-465.
27. Reyhani, S., et al., *Microsatellite markers indicate a different structure among three populations of the Caspian Roach, *Rutilus rutilus caspicus* (Jakowlew, 1870), in the Caspian Sea*. Zoology in the Middle East, 2010. **50**: p. 67-73.
28. Goudet, J. *FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3)*. 2001; Available from: <http://www.unil.ch/izea/software/fstat.html>.
29. Chapuis, M. and A. Estoup, *Microsatellite Null Alleles and Estimation of Population Differentiation*. Mol. Biol. Evol, 2007. **24**(3): p. 621-631.