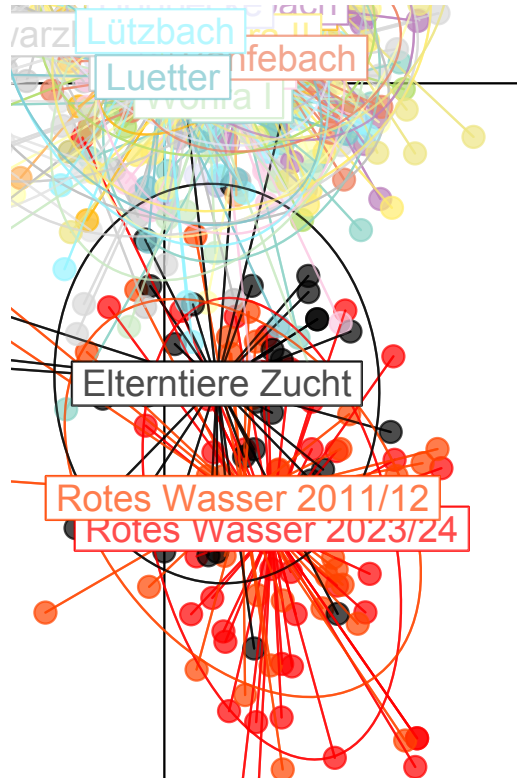


Genetische Begleituntersuchungen zum Projekt „Burgwaldforelle“

Ergebnisbericht

Erstellt im Auftrag des Regierungspräsidium Gießen



Thomas Schmidt, Ralf Schulz

iES Landau, Institut für Umweltwissenschaften

Rheinland-Pfälzische Technische Universität Kaiserslautern-Landau

Fortstrasse 7, 76829 Landau



Landau, im Juni 2024

Zitiervorschlag:

Schmidt, T, Schulz, R (2024) Genetische Begleituntersuchungen zum Projekt „Burgwaldforelle“. Ergebnisbericht an das Regierungspräsidium Gießen, iES Landau, Institut für Umweltwissenschaften, Rheinlandpfälzische Technische Universität Kaiserslautern Landau, Landau, Deutschland

Planung: Thomas Schmidt, Ralf Schulz

Bearbeitung: Thomas Schmidt, Britta Wahl-Ermel, Ralf Schulz

Bericht: Thomas Schmidt, Ralf Schulz

Die Autoren bedanken sich bei dem Regierungspräsidium Gießen für die finanzielle Förderung des Projektes.

Landau, Juni 2024

Vorwort

Dieser Bericht stellt die Ergebnisse des Projekts „Genetische Begleituntersuchungen zum Projekt ‚Burgwaldforelle‘“ vor. Das Projekt wurde von Oktober 2023 bis Juni 2024 im Auftrag des Regierungspräsidium Gießen am iES, Institut für Umweltwissenschaften der Rheinlandpfälzische Technische Universität Kaiserslautern Landau (RPTU) bearbeitet. Die Projektergebnisse werden dargestellt und im Hinblick auf das Projekt „Burgwaldforelle“ zur Förderung einer potenziell autochthonen Population der Bachforelle (*Salmo trutta*) im oberen Einzugsgebiet der Lahn in Hessen diskutiert.

Inhalt

Vorwort	i
Inhalt	ii
Abbildungsverzeichnis	iii
Tabellenverzeichnis	iv
1. Zusammenfassung	1
2. Einleitung und Hintergrund	2
3. Ziele und Aufgabenstellung der Untersuchungen	3
4. Material & Methoden	3
4.1 Untersuchungsmaterial	3
4.2 Laborgenetische Untersuchungen	6
4.3 Referenzdaten	7
4.4 Datenanalyse	9
4.4.1 Genetische Differenzierung.....	10
4.4.2 Genetische Diversität und Inzucht	11
5. Ergebnisse und Diskussion.....	12
5.1 Genetische Differenzierung	12
5.1.1 Cluster-Analysen	12
5.1.1.1 Oberes Lahnsystem und Zucht	12
5.1.1.2 Oberes Lahnsystem, Zucht und Referenzdaten.....	15
5.1.2 Genetische Distanzen	21
5.1.3 Haplotypen-Netzwerk.....	24
5.2 Genetische Diversität und Inzucht	27
6. Fazit	32
6.1 Wildpopulation Rotes Wasser.....	32
6.2 Elterntiere der Zucht Wetterfeld.....	32
6.3 Population der Asphe	32

6.4	Weitere Populationen im oberen Lahnsystem	32
7.	Empfehlungen.....	33
7.1	Wildpopulation Rotes Wasser.....	33
7.2	Elterntiere der Zucht Wetterfeld.....	33
7.3	Population der Asphe	33
7.4	Weitere Wildpopulationen im oberen Lahnsystem	33
	Referenzen.....	35
	Anhang.....	I

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Untersuchungsstandorte oberes Lahnsystem.....	6
Abbildung 2: Untersuchungsstandorte oberes Lahnsystem und Referenzstandorte ...	9
Abbildung 3: Diskriminanzanalyse oberes Lahnsystem mit <i>a priori</i> -Festlegung der Populationen	13
Abbildung 4: Diskriminanzanalyse oberes Lahnsystem ohne <i>a priori</i> -Festlegung von Populationen	15
Abbildung 5: Diskriminanzanalyse oberes Lahnsystem und Referenzgewässer mit <i>a priori</i> -Festlegung der Populationen	17
Abbildung 6: Diskriminanzanalyse oberes Lahnsystem und Referenzgewässer ohne <i>a priori</i> -Festlegung von Populationen	19
Abbildung 7: Distanzmatrix paarweiser genetischer Distanzen	22
Abbildung 8: Mittelwerte paarweiser genetischer Distanzen.....	23
Abbildung 9: Haplotypen-Netzwerk.....	26
Abbildung 10: Genetische Diversitätswerte und Inzuchtkoeffizient.....	29

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Übersicht Probenmaterial oberes Lahnsystem	5
Tabelle 2: Übersicht Referenzproben	8
Tabelle 3: Anzahl mtDNA-Haplotypen je Population.....	27
Tabelle 4: Genetische Diversitätswerte und Inzuchtskoeffizient.....	30

Anhang

Tabelle A 1: Paarweise genetische Distanzen.....	I
--	---

1. Zusammenfassung

Genetische Diversität ist ein grundlegender Bestandteil der biologischen Vielfalt und von entscheidender Bedeutung für die Anpassungsfähigkeit und langfristige Überlebensfähigkeit wild lebender Fischpopulationen. Zur Unterstützung eines regionalen Maßnahmenprogramms zur Förderung eines potenziell autochthonen Bachforellenbestandes im Roten Wasser im oberen Gewässersystem der Lahn in Hessen, dem Projekt „Burgwaldforelle“, wurden populationsgenetische Untersuchungen an Bachforellen aus zwölf Lahnzufüssen und einem Zuchtstamm sowie unter Einbeziehung von Referenzdaten aus anderen Regionen durchgeführt. Zwei genetische Markersysteme wurden verwendet, um die Bachforellenpopulationen des Roten Wasser und den auf ihr begründeten Zuchtstamm innerhalb des oberen Lahnsystem und zusätzlich in einem überregionalen Kontext populationsgenetisch einzuordnen. Die Wildpopulation der Bachforellen im Roten Wasser zeigte sich als populationsgenetisch eigenständige Populationen mit regional und überregional einzigartigen genetischen Eigenschaften. Die genetischen Bezüge der Zuchtpopulation zu der Wildpopulation waren klar erkennbar. Es zeigten sich aber auch Differenzen zwischen diesen beiden Populationen, die im weiteren Verlauf des Projekts „Burgwaldforelle“ berücksichtigt werden sollten. Für ein weiteres Gewässer des oberen Lahnsystem, der Asphe, ergaben sich Hinweise auf die Existenz einer populationsgenetisch eigenständigen Bachforellenpopulation. Alle anderen Bachforellenpopulationen im oberen Lahnsystem waren sich untereinander genetisch verhältnismäßig ähnlich und zeigten keine relevanten spezifischen genetischen Eigenschaften. Empfehlungen für das Projekt „Burgwaldforelle“ aus populationsgenetischer Perspektive wurden abgeleitet.

2. Einleitung und Hintergrund

Natürliche Fischpopulationen sind durch selektive Prozesse an die Umweltbedingungen in ihren Lebensräumen angepasst. Auf Grund der intensiven kommerziellen und fischereilichen Nutzung sind natürliche populationsgenetische Strukturen wilder Bachforellenbestände aber häufig verändert (z.B. Laikre, 1999; Pinter *et al.*, 2017). Solche genetischen Veränderungen können negative Folgen für die (langfristige) Vitalität und besonders die Anpassungsfähigkeit von Beständen an zukünftige Umweltveränderungen haben (z.B. Hoban *et al.*, 2022). Die genetische Diversität inklusive populationsgenetischer Differenzierungen innerhalb der einzelnen Arten ist zudem zentraler Bestandteil der biologischen Vielfalt und damit wichtiges Schutzgut nationaler und internationaler Vereinbarungen und Programme zum Erhalt der Biodiversität (z.B. BMU, 2007; CBD, 2011; BMELV, 2012). Der Erhalt und die Förderung allochthoner Fischpopulationen sind daher bedeutende Ziele des Fischartenschutzes und des nachhaltigen fischereilichen Managements.

Vor diesem Hintergrund wurden in Deutschland u.a. im Kontext des „Nationalen Fachprogramms zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung aquatischer genetischer Ressourcen“ (BMEL, 2020) in den vergangenen Jahren Erhebungen zur genetischen Charakterisierung von Wildbeständen verschiedener Süßwasserfischarten durchgeführt (vgl. Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung: [Fachportal Fische und andere Wassertiere](#)). Untersuchungen an der Bachforelle (*Salmo trutta*) lieferten Hinweise darauf, dass die Population im Roten Wasser in der Burgwaldregion im oberen Einzugsgebiet der Lahn möglicherweise allochthon ist. Die Population zeichnete sich insbesondere durch das Vorkommen eines bisher nur dort beschriebenen Genotyps aus (Schmidt *et al.*, 2015).

Die Bachforelle ist sowohl eine beliebte Fischart der Angelfischerei als auch von Bedeutung für den Artenschutz. Im Jahr 2009 wurden die Bestände der Forelle in der Roten Liste Deutschlands noch als überwiegend stabil und daher „ungefährdet“ eingeschätzt. Im Jahr 2024 wurde die Art jedoch auf Grund negativer Bestandstrends in Deutschland erstmals als „gefährdet“ eingestuft (Freyhof *et al.*, 2023). Daher ist der Schutz der genetischen Vielfalt der Bachforellen und die Förderung regionaltypischer Populationen um so relevanter.

Das Regierungspräsidium (RP) Gießen initiierte im Jahr 2017 mit verschiedenen Partnern ein Projekt zum Erhalt und zur Förderung der „Burgwaldforelle“. Es wurde ein

Zuchtstamm aus der Wildpopulation des Roten Wassers aufgebaut und damit eine Grundlage zur weiteren Förderung und gegebenenfalls Verbreitung dieses genetischen Stammes gelegt. Das Projekt leistet damit Beiträge zum Schutz der heimischen Fischfauna und zum Erhalt der biologischen Vielfalt.

3. Ziele und Aufgabenstellung der Untersuchungen

Die genetischen Begleituntersuchungen zum Projekt „Burgwaldforelle“ des RP Gießen verfolgen zwei prinzipielle Ziele. Das erste Ziel ist die Einordnung der Bachforellenpopulation aus dem Roten Wasser in das populationsgenetische Gesamtgefüge des oberen Lahnsystems. In der deutschlandweiten Übersichtsstudie von (Schmidt *et al.*, 2015) war das Rote Wasser der einzige Untersuchungsstandort im oberen Einzugsgebiet der Lahn. Lediglich in einem Nebengewässer im Bereich der mittleren Lahn (Gundersbach) wurde ein weiterer Bestand analysiert. Daher blieb die regionale Einordnung der Bachforellen aus dem Roten Wasser innerhalb des (oberen) Lahnsystems notwendigerweise offen. Diese Einordnung ist aber eine wesentliche Grundlage für die weitere Planung und die Durchführung künftiger Besatzmaßnahmen im Projekt „Burgwaldforelle“. Das zweite Ziel ist die genetische Erfolgskontrolle von Besatzmaßnahmen. Genetische Methoden erlauben die Identifizierung von Forellen aus dem Zuchtstamm bzw. deren Nachkommen auch in Besatzgewässern, in denen bereits Forellen vorkommen. Anhand äußerer Merkmale ist diese Unterscheidung nicht möglich.

4. Material & Methoden

4.1 Untersuchungsmaterial

Gewebeproben für die laborgenetischen Analysen wurden vom RP Gießen bzw. den beteiligten Projektpartnern, der Bürogemeinschaft für fisch- und gewässerökologische Studien (BfS Marburg) und dem Fisch- und Forschungszentrum „Fischzucht Wetterfeld“ bereitgestellt. Insgesamt wurden 612 Gewebeproben aus dem Einzugsgebiet der Oberen Lahn und dem Zuchtstamm in Wetterfeld (Elterntiere der Saison 2023/2024) konserviert. Darüber hinaus wurden zehn juvenile Bachforellen aus der Erbrütung der Saison 2023/2024 in der Fischzucht Wetterfeld beprobt. Alle Proben wurden in 96%igem Ethanol fixiert und am Campus Landau der RPTU bei -18°C gelagert.

Die Freilandproben aus dem oberen Lahn-Einzugsgebiet stammen aus 26

Untersuchungsabschnitten in 13 Bächen. Diese Abschnitte wurden entsprechend der zwölf möglichen „Projektgewässer“ für weitere Maßnahmen zu zwölf Populationen zusammengefasst. Hinzu kommen die Populationen des Rotes Wassers und der Elterntiere der Zucht Wetterfeld. Diese 14 Populationen bilden die grundlegenden Einheiten für die weiteren Analysen (Tabelle 1).

Für populationsgenetische Analysen mittels Mikrosatelliten sollten je Population idealerweise 50 Fische untersucht werden, um statistisch robuste Ergebnisse zu gewährleisten. Eine Anzahl von 30 Fischen je Population kann jedoch auch ausreichen, sollte aber nur in Ausnahmen (d.h. in sehr wenige Populationen) und dann auch nur möglichst geringfügig unterschritten werden. Diese Anzahlen wurden bei den Freilandbeprobungen weitestgehend erreicht. Da bei den Planungen zu den Untersuchungen seitens des Auftraggebers nicht davon ausgegangen worden, dass in allen Untersuchungsgewässern tatsächlich eine Bachforellenpopulation vorgefunden werden würde, standen nur begrenzte Finanzmittel zur Verfügung. Daher konnten nicht alle 612 verfügbaren Proben untersucht werden. Nach Absprache mit dem Auftraggeber wurde daher die Labormethodik (s. Abschnitt 4.2) angepasst und die Anzahl an zu untersuchenden Individuen möglichst gleichmäßig auf alle verfügbaren Populationen, unter Berücksichtigung der einzelnen Untersuchungsabschnitte, verteilt. Dieses Vorgehen erlaubte die bestmögliche Nutzung des vorhandenen Probenmaterials hinsichtlich der populationsgenetischen Einordnung der Forellen des Roten Wassers im oberen Einzugsgebiet der Lahn. In den beiden besonders relevanten Populationen Rotes Wasser und Elterntiere Zucht wurden davon unabhängig alle zur Verfügung stehenden Tiere untersucht. Insgesamt konnten also je Population rund 30 Fische untersucht und so statistisch belastbare Analysen ermöglicht werden. Die Auswahl geht aus Tabelle 1 hervor. Proben die in der Auswahl nicht berücksichtigt werden konnten, können bei Bedarf zu einem späteren Zeitpunkt analysiert werden.

Populationsgenetische Analysen mittels mitochondrieller DNA (mtDNA) erfordern weniger (10-12) Proben je Population, da dieser Typ von DNA im Vergleich zu Mikrosatelliten weniger variabel ist und eher den genetischen Hintergrund (Phylogenie) der Populationen abbildet. Populationsgenetisch besonders relevant sind hierbei im Hinblick auf die Ziele dieser Untersuchung sogenannte private Haplotypen (kurz für haploide Genotypen), d.h. Genotypen die exklusiv in nur einer Population vorkommen. Diese werden in der Regel mit der genannten Stichprobenanzahl mit ausreichender Wahrscheinlichkeit detektiert. Je Population wurden elf oder zwölf

(Rotes Wasser: 18) Forellen mittels mtDNA untersucht (Tabelle 1) und damit aussagekräftige Analysen ermöglicht.

Tabelle 1: Anzahl der nachgewiesenen Bachforellen (N_{total} ; lt. BfS Marburg), Anzahl der beprobten Bachforellen (N_{GEW}) und Anzahl der Bachforellen, die mittels Mikrosatelliten (N_{MS}) und mtDNA (N_{mt}) laborgenetisch untersucht wurden, je Population und Befischungsabschnitt.

Population	Abschnitt	N_{total}	N_{GEW}	N_{MS}	N_{mt}
<i>Allna</i>		42	27	27	12
	BuWa10.1	7	7	7	7
	BuWa10.2	35	20	20	5
<i>Ohe</i>		23	23	23	12
	BuWa11.1	20	20	20	10
	BuWa11.2	3	3	3	2
<i>Dautphe</i>		198	50	30	12
	BuWa01.1	142	50	30	12
	BuWa01.2	56	0	0	0
<i>Rotes Wasser</i>		56	47	47	18
	BuWa13.1	44	35	35	14
	BuWa13.2	0	0	0	0
	BuWa13.3	12	12	12	4
<i>Elterntiere Zucht Wetterfeld</i>		-	35	35	12
	BuWa14.1	-	35	35	12
<i>Salzböde</i>		297	50	29	12
	BuWa12.1	297	50	29	12
<i>Asphe</i>		50	50	30	12
	BuWa04.1	4	4	4	0
	BuWa04.2	35	35	15	6
	BuWa04.3	11	11	11	6
<i>Rosphe</i>		83	50	29	11
	BuWa05.1	24	9	4	2
	BuWa05.2	9	9	9	3
	BuWa05.3	49	32	16	6
	BuWa05.4	1	0	0	0
<i>Treisbach</i>		123	50	30	11
	BuWa03.1	98	25	15	5
	BuWa03.2	25	25	15	6
<i>Wollmar</i>		130	50	30	12
	BuWa02.1	56	25	15	6
	BuWa02.2	74	25	15	6
<i>Bentreff</i>		104	50	30	11
	BuWa08.1	104	50	30	11
<i>Josbach</i>		30	30	30	11
	BuWa09.1	30	30	30	11
<i>Wohra I</i>		100	50	30	12
	BuWa06.1	80	30	21	12
	BuWa06.2	20	20	9	0
<i>Wohra II</i>		76	50	30	12
	BuWa07.1	76	50	30	12
	<i>Summe</i>	1312	612	430	170



Abbildung 1: Karte der Untersuchungsstandorte im Einzugsgebiet der oberen Lahn. Die Lahn (dunkelblau) und die kürzesten Verbindungen zwischen den Untersuchungsstandorten (hellblau) sind im Gewässersystem der Lahn in der Flussgebietseinheit des Rheins hervorgehoben.

4.2 Laborgenetische Untersuchungen

Die Bachforellen aus dem Einzugsgebiet der oberen Lahn wurden mittels zweier Markersysteme genetisch untersucht (genotypisiert). Zum einen wurden sogenannte Mikrosatelliten verwendet, zum anderen wurde die sogenannte Kontrollregion oder D-Loop untersucht.

Mikrosatelliten sind sich wiederholende Abschnitte der DNA (Loci) des Zellkerns (nuclear DNA, nDNA). Sie codieren keine funktionalen Gene, unterliegen daher nicht direkt der natürlichen Selektion und sind somit besonders gut geeignet, um populationsgenetische Zusammenhänge abzubilden. Da die nDNA diploid ist (d.h. sie

liegt zweifach vor), liegen Mikrosatelliten in jedem Individuum jeweils in zwei Ausprägungen (=Allelen) vor. Die Allele unterscheiden sich in der Anzahl der Wiederholungen, also quasi in der Länge der Loci. Verschiedene Mikrosatelliten unterscheiden sich in ihrer Variabilität, d.h. der gesamten Anzahl von Allelen, die in Populationen vorkommen (Polymorphiegrad). Für populationsgenetische Analysen müssen daher immer mehrere Mikrosatelliten, im Idealfall solche mit unterschiedlichem Polymorphiegrad, verwendet werden. Zur Genotypisierung der Bachforellen des Einzugsgebiets der oberen Lahn wurden zwölf Mikrosatelliten verwendet. Die Auswahl der Mikrosatelliten bzw. Loci richtete sich im Wesentlichen nach Schmidt *et al.* (2015), um Referenzdaten (s. Abschnitt 4.3) aus dieser Studie in die Datenanalysen einbeziehen zu können. Da diese Auswahl bereits in früheren Studien erfolgreich verwendet wurde (Schmidt *et al.*, 2015, 2017, 2023; Wetjen *et al.*, 2020), konnte so zudem auf die Neuentwicklung und -etablierung eines geeigneten Marker-Systems für das Projekt „Burgwaldforelle“ verzichtet werden. Eine detaillierte Beschreibung der Laborprozesse und -protokolle findet sich in Schmidt *et al.* (2023).

Die Kontrollregion ist ein Teil der mitochondrialen DNA (mtDNA). Die mtDNA wird ausschließlich maternal vererbt und liegt entsprechend nur in einfacher Ausführung (haploid) in einem Individuum vor. Die Abfolge der vier verschiedenen Basen der DNA kann daher direkt durch Sanger-Sequenzierung bestimmt werden. Durch die rein maternale Vererbung bildet die Sequenzierung den stammesgeschichtlichen Hintergrund von Populationen gut ab. Sie eignet sich aber insbesondere auch zur Bestimmung gut definierter Haplotypen, aus deren geografischer Verbreitung sich wertvolle Schlüsse zur genetischen Einordnung von Populationen ziehen lassen. Zur Genotypisierung der Bachforellen im oberen Lahneinzugsgebiet wurde jeweils die komplette Kontrollregion sequenziert. In der Daten-Analyse (s. Abschnitt 4.4) wurde mit Sequenzen mit einer Länge von je 929 Basenpaaren gearbeitet. Die Laborprozesse und -protokolle werden in Schmidt *et al.* (2023) detailliert beschrieben.

4.3 Referenzdaten

Um die populationsgenetische Einordnung der Bachforellen des Roten Wassers in das Gesamtgefüge des oberen Lahnsystems in einem umfassenderen Kontext interpretieren zu können, wurden Referenzproben bzw. -daten aus früheren Studien (Schmidt *et al.*, 2015) herangezogen. So können beispielsweise genetische Distanzen zwischen den einzelnen Populationen innerhalb des Lahneinzugsgebietes mit genetischen Distanzen zu Populationen aus anderen Einzugsgebieten verglichen

werden, zu denen ein rezenter genetischer (d.h. reproduktiver) Austausch ausgeschlossen werden kann. Dieser Ansatz erlaubt es insbesondere die Relevanz bestimmter Ergebnisse aus dem oberen Lahneinzugsgebiet verlässlicher abzuschätzen.

Insgesamt wurden 441 Bachforellen aus zwölf Populationen als Referenzen verwendet. Der Referenzdatensatz umfasst Bachforellen aus den beiden Flussgebietseinheiten (FGE) Rhein und Weser. In beiden FGE wurde jeweils eine Mittelgebirgsregion, nämlich Harz und Pfälzerwald, ausgewählt, um sie den Forellen der Oberen Lahn gegenüberzustellen. Weitere Populationen stammen aus dem hessischen Teil der FGE Weser sowie aus dem Gundersbach im Bereich der mittleren Lahn. Darüber hinaus sind in diesen Referenzdaten insbesondere Bachforellen aus dem Roten Wasser, die in den Jahren 2011 und 2012 beprobt wurden, enthalten (Tabelle 2).

Tabelle 2: Anzahl der Bachforellen, die als Referenzen für Mikrosatelliten- (N_{MS}) und mtDNA- (N_{mt}) Analysen verwendet wurden je Population nach Flussgebietseinheit (FGE) und Region.

FGE	Region	Population	N_{MS}	N_{mt}
Rhein	Mittlere Lahn	Gundersbach	26	9
		Obere Lahn	39	20
	Pfälzerwald	Hainbach	45	10
		Kirschbach	39	15
		Schwarzbach	35	5
Weser	Harz	Ilse	50	10
		Oder	50	18
		Sieber	50	11
	Obere Diemel	Hoppecke	19	11
	Obere Eder	Banfepbach	32	11
	Obere Fulda	Luetter	21	11
		Lützbach	35	10
<i>Summe</i>			441	141

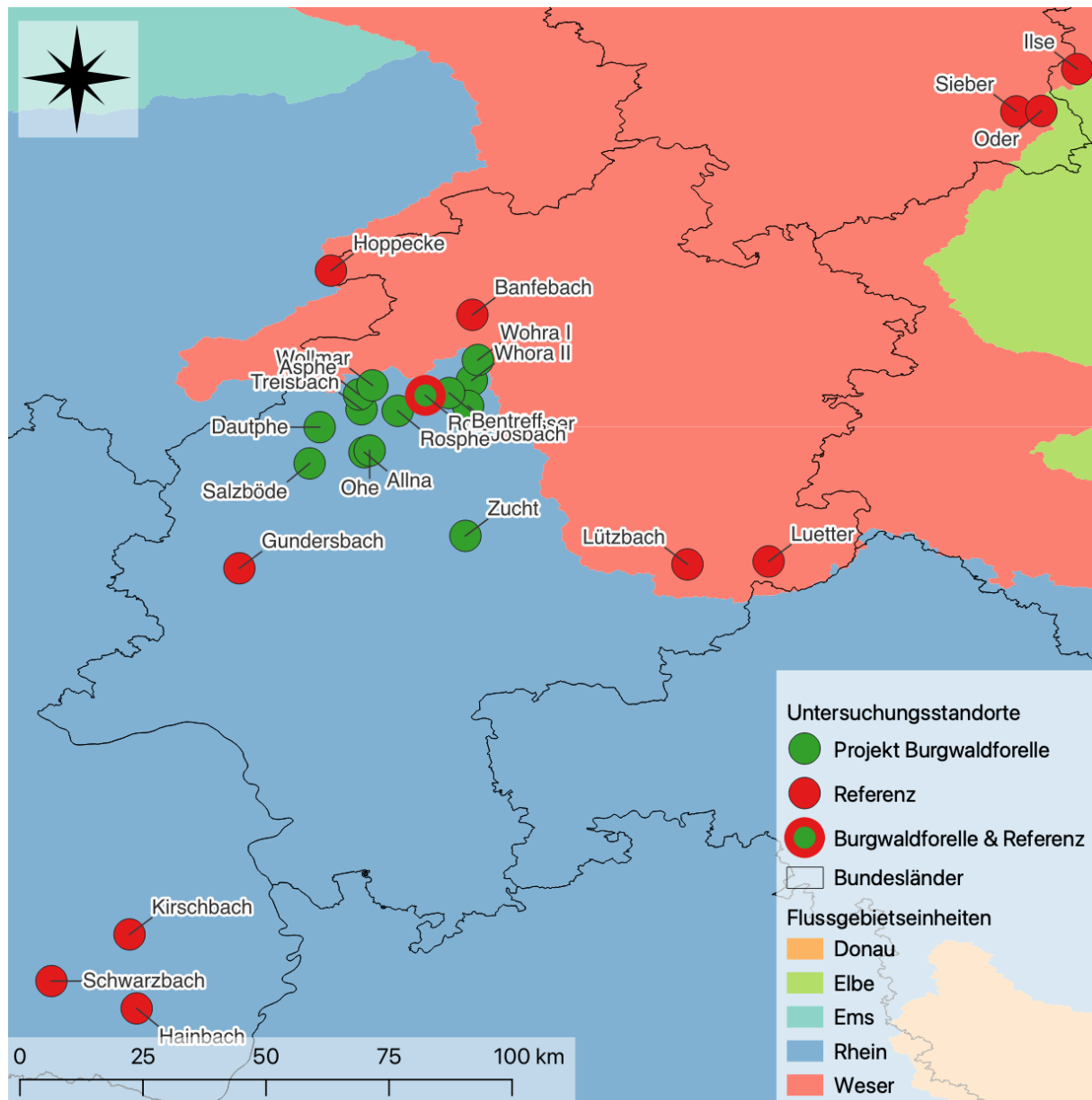


Abbildung 2: Übersichtskarte der Untersuchungsstandorte des Projektes „Burgwaldforelle“ und der Referenzstandorte in der mittleren Lahn, dem hessischen Wesersystem, dem Harz und dem Pfälzerwald.

4.4 Datenanalyse

Zur Einordnung der Bachforellenpopulation des Roten Wassers in das Gesamtgefüge des Einzugsgebiets der oberen Lahn wurden verschiedene populationsgenetische Datenanalysen durchgeführt. Zum einen wurde die genetische Differenzierung zwischen den einzelnen Populationen untersucht. Zum anderen wurde die genetische Diversität und die Inzucht innerhalb der Populationen untersucht.

Analysen der genetischen Differenzierung geben Aufschluss darüber, wie ähnlich oder verschieden die Populationen genetisch sind. Populationen sind sich um so ähnlicher, je intensiver der Genfluss, d.h. der reproduktive Austausch, zwischen ihnen ist. Je

länger kein Genfluss zwischen Populationen stattfindet, desto verschiedener werden sie. Analysen der genetischen Differenzierung können demnach verwendet werden, um reproduktive eigenständige Populationen (oder Gruppen von Populationen) zu identifizieren und geeignete (genetische) Managementeinheiten zu begründen.

Analysen der genetischen Diversität und der Inzucht erlauben Schlüsse auf die (evolutionäre) Anpassungsfähigkeit der einzelnen Populationen und damit letztlich auf die Voraussetzungen für ihre langfristige Existenzfähigkeit. Generell sollte die genetische Diversität von Populationen möglichst hoch sein und die Inzucht möglichst niedrig. Negative Entwicklungen der genetischen Diversität können auch in Wildpopulationen auftreten, z.B., wenn einst zusammenhängende Populationen in zu kleine Teilpopulationen zerschnitten werden oder wenn nur extrem wenige Individuen einer Population ein Schadereignisse überleben. Besondere Relevanz haben die genetische Diversität und die Inzucht aber auch für Zuchtprogramme. Sie können z.B. dabei helfen zu vermeiden, dass bereits genetisch verarmte Wildpopulationen durch Entnahme von Individuen oder Gameten weiter geschwächt werden und insbesondere sicherstellen, dass die Zuchttiere und deren Nachkommen geeignet sind genetisch robuste Populationen aufzubauen.

4.4.1 Genetische Differenzierung

Zur Feststellung der genetischen Differenzierung wurden Cluster-Analysen mittels Diskriminanzanalysen von Hauptkomponenten (Discriminant Analysis of Principal Components, DAPC; Jombart *et al.*, 2010) basierend auf den Mikrosatelliten durchgeführt. Dabei wurden zwei Ansätze angewendet: Die Analysen wurden zum einen ausschließlich mit den Bachforellen aus dem Projekt Burgwaldforelle (oberes Lahnsystem und Zucht) und zum anderen mit dem erweiterten Referenzdatensatz wiederholt. Für beide Datensätze wurden dann jeweils zwei Verfahren angewendet: Erstens wurde die genetische Differenzierung zwischen den *a priori* definierten Populationen (vgl. Abschnitte 4.1 und 4.3) dargestellt. Dieses Verfahren zeigt die genetische Differenzierung zwischen den Untersuchungsstandorten. Zweitens wurde diese Analyse wiederholt, jedoch ohne die *a-priori*-Festlegung der Populationen. D.h. die einzelnen Individuen wurden allein auf Grund ihrer genetischen Merkmale zu genetischen Clustern gruppiert, ohne zu berücksichtigen aus welchem Bach sie stammten. Hierbei wurde zunächst die wahrscheinlichste Anzahl an genetischen Gruppen (Clustern) innerhalb des Untersuchungsgebietes ermittelt und die einzelnen Fische wurden mit bestimmten Wahrscheinlichkeiten diesen Clustern zugeordnet. Die genetische Differenzierung zwischen diesen Clustern wurde mit den Informationen zur

Herkunft (Population) der Tiere verschnitten und dargestellt, um die populationsgenetischen Strukturen abzubilden. Dieses Verfahren bildet die tatsächliche populationsgenetische Differenzierung ab und zeigt inwieweit diese populationsgenetische Struktur mit der geografischen Struktur (Untersuchungsstandorte) übereinstimmt.

Als weitere Analyse zur Bestimmung der genetischen Differenzierung wurde das genetische Distanzmaß Jost's D (Jost, 2008) paarweise zwischen allen Populationen basierend auf den Mikrosatelliten bestimmt. Hierzu wurde der erweiterte Datensatz mit Referenzdaten verwendet.

Die Sequenzierungsdaten der mtDNA wurden mittels der Software geneious prime (Biomatters Ltd.) editiert und aligniert. Anhand dieses Alignments wurden Haplotypen bestimmt. Anschließend wurde darauf aufbauend ein Haplotypen-Netzwerk erstellt. Ein Haplotypen-Netzwerk zeigt die genetische Struktur (Ähnlichkeit) zwischen verschiedenen Haplotypen. In dem Haplotypen-Netzwerk wurde zudem die Verbreitung der Haplotypen in den Populationen dargestellt, sodass auch mit dieser Methode die genetische Differenzierung zwischen den Populationen abgebildet wurde.

4.4.2 Genetische Diversität und Inzucht

Die genetische Diversität aller einzelnen Populationen wurde basierend auf den Mikrosatelliten anhand der Standard-Indices Allelreichtum (skaliert auf die Stichprobengröße je Population; A_R), erwartete Heterozygotie (H_{exp}) und beobachtete Heterozygotie (H_{obs}) bestimmt. Zur Ermittlung der Inzucht wurde der Inzuchtskoeffizient F_{IS} berechnet. Diese Werte wurden für jeden Locus einzeln berechnet und anschließend der Mittelwert über alle Loci (mit Standardfehler des Mittel) bestimmt. Als weiteres Maß der genetischen Diversität wurde basierend auf der mtDNA die Haplotypendiversität (HD) je Population berechnet (Nei und Tajima, 1981).

Die Datenanalysen wurden unter R Version 4.3.2 (R Core Team, 2023) durchgeführt. Dabei wurden im Wesentlichen die R-packages adegenet (Jombart, 2008; Jombart und Ahmed, 2011), PopGenReport (Adamack und Gruber, 2014), mmod (Winter, 2012) und peags (Paradis, 2010) verwendet.

5. Ergebnisse und Diskussion

5.1 Genetische Differenzierung

5.1.1 Cluster-Analysen

5.1.1.1 *Oberes Lahnsystem und Zucht*

Die Clusteranalysen der Bachforellen aus dem oberen Lahn-Einzugsgebiet und der Elterntiere der Zucht mit *a priori* Festlegung der Populationen (Abbildung 3) zeigten, dass die Populationen des Roten Wassers und der Asphe sowie die Elterntiere genetisch von den anderen elf Populationen differenziert waren. Diese elf Populationen waren hingegen untereinander kaum differenziert. Die Elterntiere der Zucht waren teilweise sehr ähnlich zu den Tieren des Roten Wassers. Einige der Elterntiere wiesen aber größere Ähnlichkeiten zu den elf weiteren Populationen auf, sodass die Population der Elterntiere insgesamt zwischen dem Roten Wasser und der Gruppe aus elf Populationen stand. Demnach wurde der Bezug zwischen den Elterntieren der Zucht und der Wildpopulation des Roten Wassers zwar sehr deutlich, es zeigte sich aber auch eine gewisse Differenzierung zwischen diesen beiden Populationen.

Die Population der Asphe zeigte nur sehr wenige Bezüge zu allen weiteren Populationen und war damit am stärksten genetisch differenziert. Dies deutete auf eine populationsgenetische Sonderstellung der Asphe-Population innerhalb des oberen Lahnsystems hin. Des Weiteren fiel die sehr starke Streuung (d.h. die Individuen liegen in der Diskriminanzanalyse weit auseinander) der Population der Asphe auf. Dies zeigte eine mögliche weitere Differenzierung innerhalb dieser Population an.

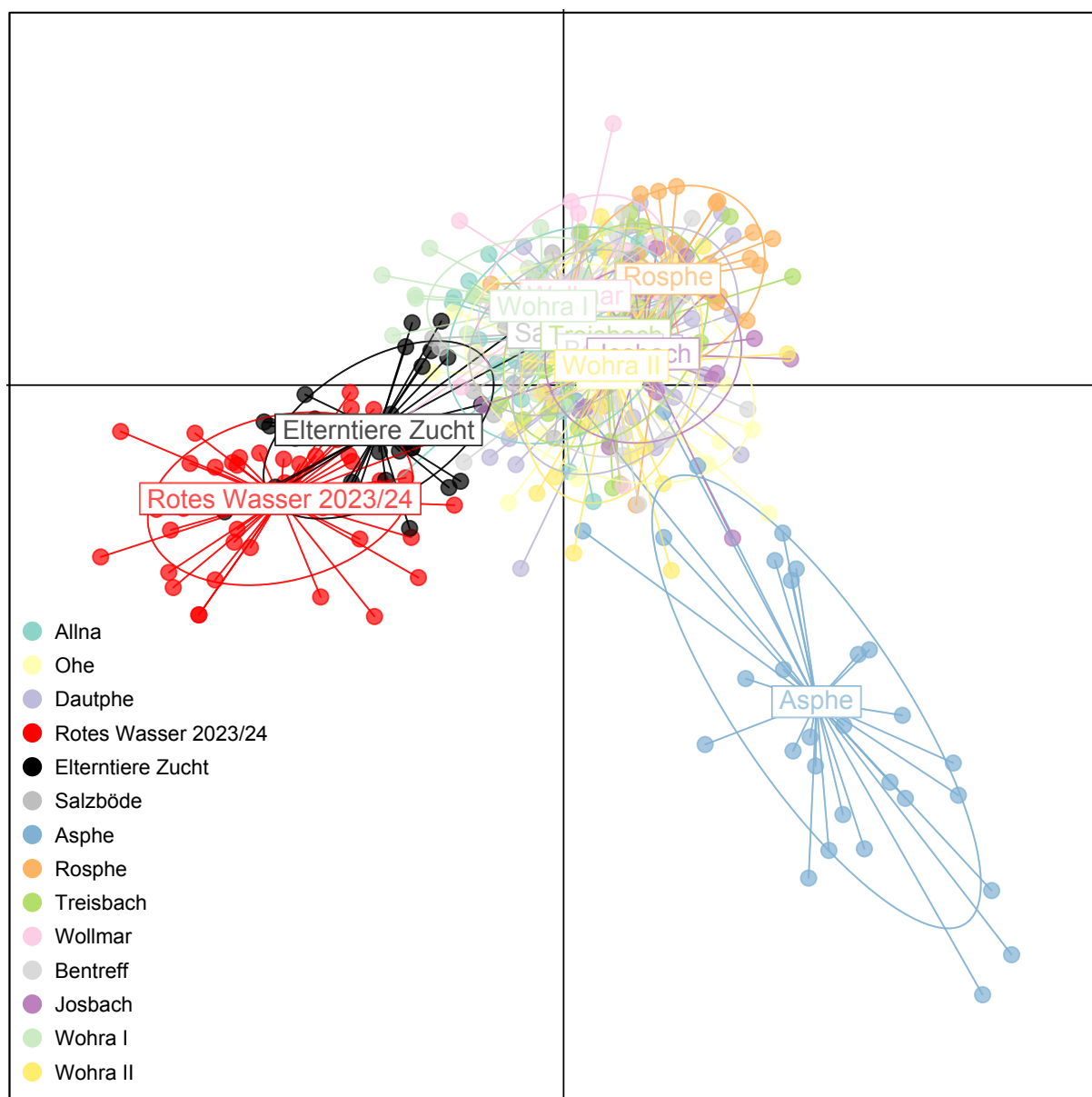


Abbildung 3: Diskriminanzanalyse von Hauptkomponenten basierend auf Mikrosatelliten innerhalb des oberen Lahn-Einzugsgebietes mit *a priori*-Festlegung der Untersuchungsgewässer als Populationen. Die Punktsymbole repräsentieren die einzelnen Bachforellen. Je näher die Punkte zueinander liegen, desto ähnlicher sind die Fische genetisch. Die Ellipsen markieren die Populationen und die Linien verbinden die einzelnen Bachforellen mit dem „Zentrum“ der Populationen. Die Populationen (Untersuchungsgewässer) sind farblich codiert. Dargestellt sind die erste (x-Achse) und die zweite (y-Achse) Diskriminante.

Für die Clusteranalyse der Bachforellen aus dem oberen Lahn-Einzugsgebiet und der Elterntiere der Zucht ohne *a priori* Festlegung der Populationen konnte keine exakte Anzahl vorhandener genetischer Cluster bestimmt werden. Die ermittelte Anzahl an genetischen Clustern, die geeignet waren, die genetische Differenzierung der Bachforellenpopulationen adäquat zu beschreiben, lag zwischen fünf und zehn. Dies zeigte, dass zwischen einigen der Populationen sehr starke genetische Ähnlichkeiten

bestanden. Dieser Befund ist typisch für wild lebende Bachforellenpopulationen, insbesondere bei Untersuchungen auf regionaler Skala innerhalb eines zusammenhängenden Gewässersystem (z.B. Schmidt *et al.*, 2023). Für die anschließende Diskriminanzanalyse wurden sieben genetische Cluster angenommen.

Die Diskriminanzanalyse basierend auf sieben genetischen Clustern innerhalb des oberen Lahneinzugsgebietes und der Elterntiere (Abbildung 4) zeigte ein besonders stark differenziertes Cluster (Cluster 3), bestehend aus 13 Bachforellen aus der Asphe. Keine Forelle aus anderen Populationen wurden diesem Cluster zugeordnet. Elf der 13 Forellen des Clusters 3 stammten aus dem Untersuchungsabschnitt BuWa04.2 (oberhalb Niederasphe bis Asphe Mitte) und jeweils eine aus den oberhalb und unterhalb davon liegenden Abschnitten BuWa04.1 und BuWa04.3 der Asphe (vgl. Tabelle 1). Hier zeigte sich also eine sehr starke genetische Differenzierung sowohl innerhalb der Asphe als auch gegenüber allen weiteren Populationen.

Die meisten Bachforellen aus dem Roten Wasser bildeten gemeinsam mit einem Teil der Elterntiere aus der Zucht und einigen weiteren Bachforellen ein gemeinsames Cluster (Cluster 6). Dieses Cluster war ebenfalls gut von den weiteren Clustern abgrenzbar, wenn auch deutlich weniger differenziert als das Cluster 3. Neben Bachforellen aus dem Roten Wasser und Elterntieren aus der Zucht wurden 25 Forellen aus anderen Populationen (u.a. Treisbach, Wollmar, Josbach) dem Cluster 6 zugeordnet. Von den insgesamt 47 Forellen aus dem Roten Wasser wurden 37 (79 %) dem Cluster 6 zugeordnet. Die weiteren Forellen der Population wurden den stärker durchmischten Clustern 1 (n=2), 2 (n=6) und 7 (n=2) zugeordnet. Die Population des Roten Wassers inklusive eines Teils der Zuchttiere traten demnach als eigenständige genetische Gruppe auf und wiesen zugleich Bezüge zu Bachforellen aus weiteren Gewässern des oberen Lahnsystems auf. Von den 35 Elterntieren der Zucht wurden lediglich elf (31%) dem Cluster 6 zugeordnet. Die meisten Elterntiere (n=17) wurden dem stärker durchmischten Cluster 7 zugeordnet, zu welchem weitere 32 Forellen aus elf verschiedenen Populationen gehörten. Es zeigte sich hier also eine gewisse genetische Differenzierung zwischen der Wildpopulation des Roten Wassers und den Elterntieren der Zucht.

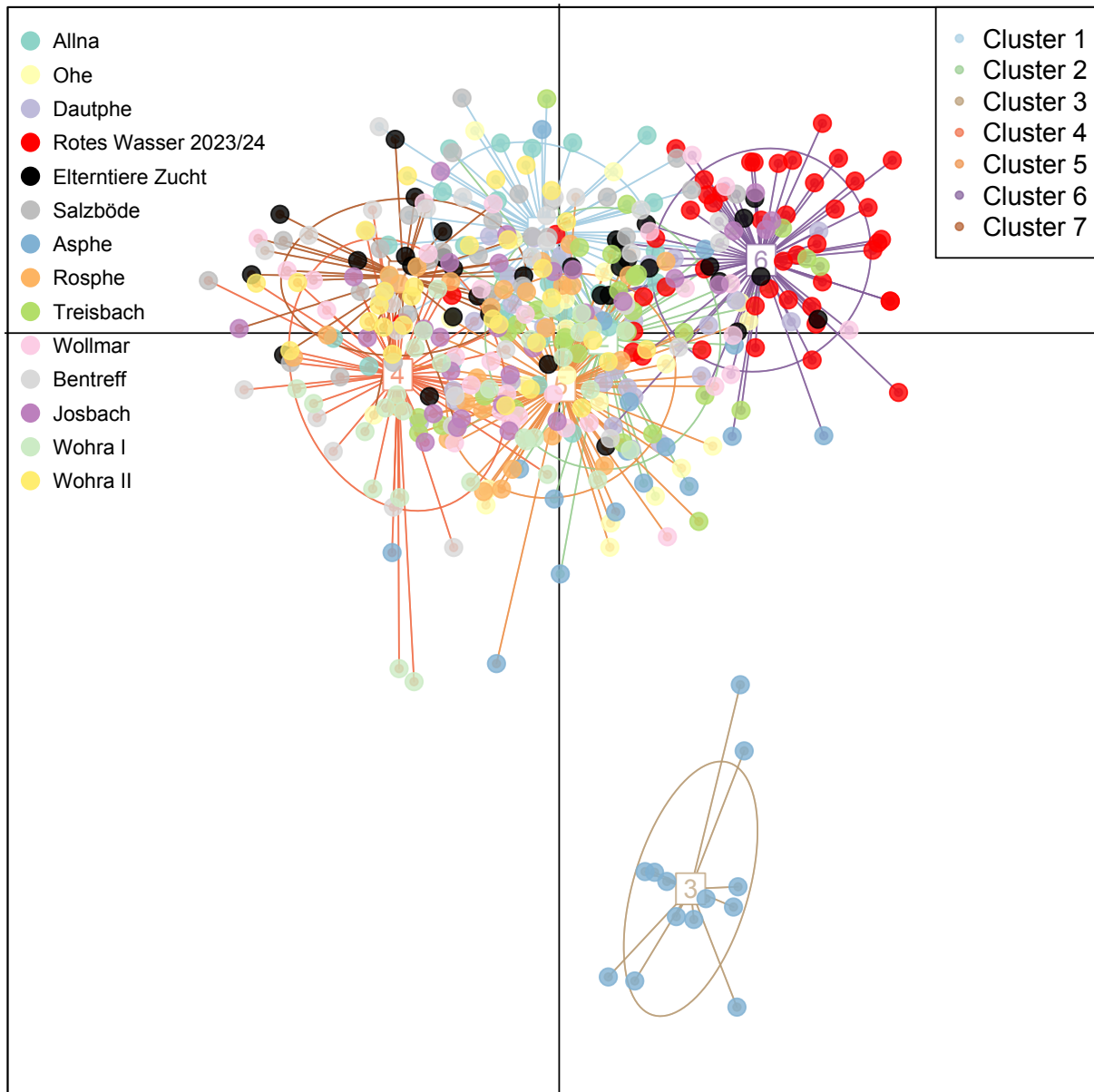


Abbildung 4: Diskriminanzanalyse von Hauptkomponenten basierend auf Mikrosatelliten innerhalb des oberen Lahn-Einzugsgebietes ohne *a priori*-Festlegung von Populationen. Die Punktsymbole repräsentieren die einzelnen Bachforellen. Je näher die Punkte zueinander liegen, desto ähnlicher sind die Fische genetisch. Die Ellipsen markieren die genetischen Cluster und die Linien verbinden die einzelnen Bachforellen mit dem „Zentrum“ der genetischen Cluster. Die Herkunftsgewässer der einzelnen Bachforellen sind farblich mit den Punktsymbolen codiert. Dargestellt sind die erste (x-Achse) und die zweite (y-Achse) Diskriminante.

5.1.1.2 Oberes Lahnsystem, Zucht und Referenzdaten

Die Clusteranalysen unter Einbeziehung der Referenzdaten aus dem hessischen Wesergebiet, dem Harz und dem Pfälzerwald mit *a priori* Festlegung der Populationen (Abbildung 5) bestätigten im Wesentlichen die Befunde der entsprechenden Analyse ohne die Referenzdaten (vgl. Abschnitt 5.1.1.1). Die Population des Roten Wassers ließ sich wiederum sehr deutlich von allen weiteren, untereinander ähnlichen

Populationen abgrenzen. Die Elterntiere der Zucht lagen abermals nahe mit der Population des Roten Wassers zusammen und streuten Richtung der weiteren Populationen. Bemerkenswert war die sehr gute Übereinstimmung zwischen den Populationen des Roten Wassers aus den Jahren 2011/2012 und aus den Jahren 2023/2024. Die beiden Populationen erschienen populationsgenetisch quasi identisch.

Die Population der Asphe war ebenfalls wieder von den weiteren, untereinander ähnlichen Populationen stärker genetisch differenziert. Durch die Einbeziehung der Referenzpopulationen war diese Differenzierung aber weniger ausgeprägt als in der entsprechenden Analyse ohne die Referenzdaten. Die Population der Asphe erschien hier weniger stark differenziert als die Populationen des Roten Wassers und der Zuchttiere. Deutlicher war hier hingegen die Differenzierung zwischen Asphe und Rotem Wasser.

Mit Ausnahme der drei Referenzpopulationen aus dem Pfälzerwald waren alle weiteren Populationen - d.h. sowohl die aus dem Lahneinzugsgebiet als auch Referenzpopulationen aus dem Wesereinzugsgebiet - untereinander wenig differenziert. Demnach war die genetische Differenzierung zwischen den Populationen des Roten Wassers und der Asphe innerhalb des Lahneinzugsgebiets größer als zwischen Populationen aus den Flussgebietseinheiten Rhein und Weser.

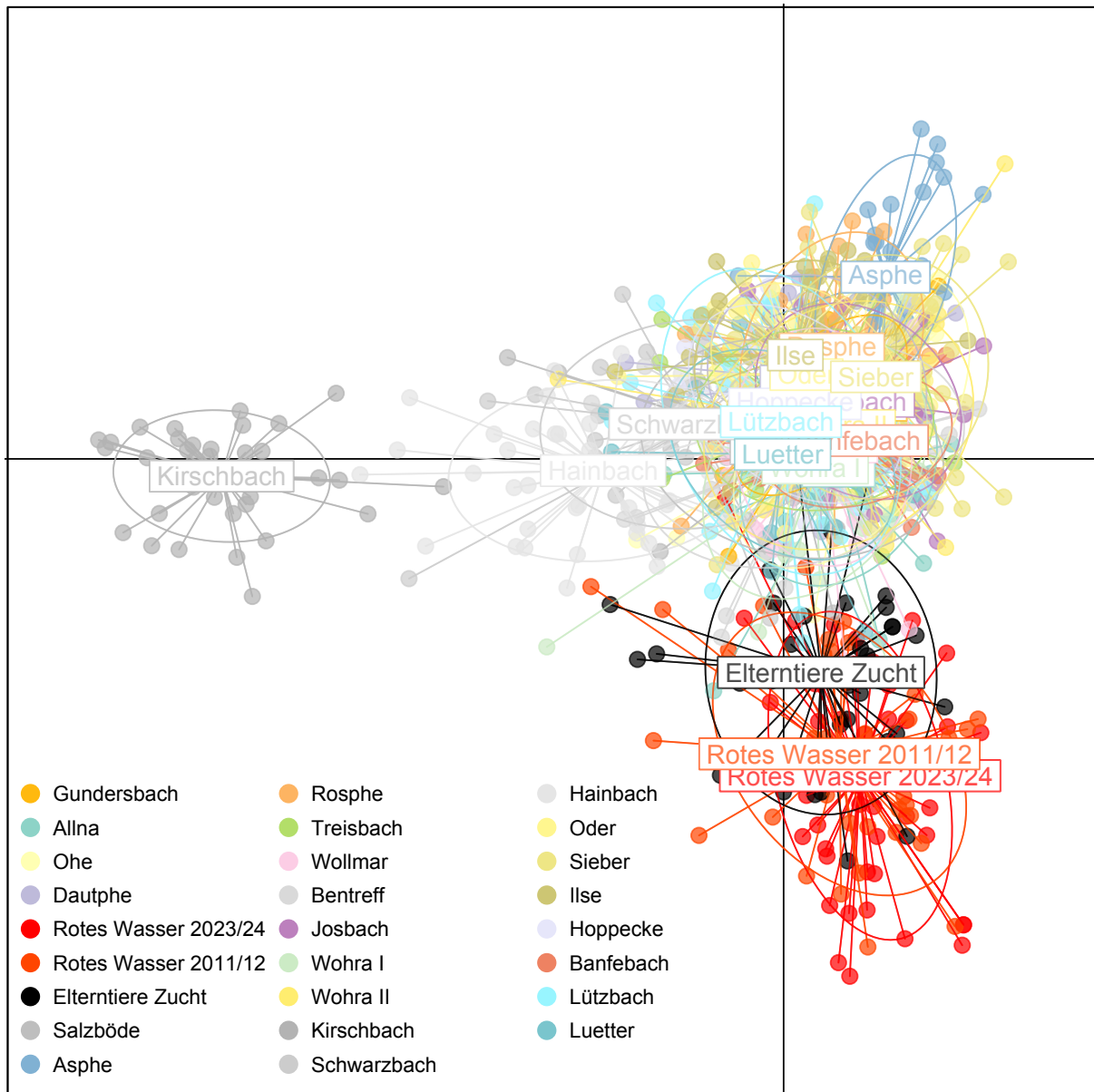


Abbildung 5: Diskriminanzanalyse von Hauptkomponenten basierend auf Mikrosatelliten des oberen Lahn-Einzugsgebietes und der Referenzgewässer mit *a priori*-Festlegung der Untersuchungsgewässer als Populationen. Die Punktsymbole repräsentieren die einzelnen Bachforellen. Je näher die Punkte zueinander liegen, desto ähnlicher sind die Fische genetisch. Die Ellipsen markieren die Populationen und die Linien verbinden die einzelnen Bachforellen mit dem „Zentrum“ der Populationen. Die Populationen (Untersuchungsgewässer) sind farblich codiert. Dargestellt sind die erste (x-Achse) und die zweite (y-Achse) Diskriminante.

Für die Clusteranalysen ohne *a priori* Festlegung der Populationen unter Einbeziehung der Referenzdaten aus dem hessischen Wesergebiet, dem Harz und dem Pfälzerwald wurde die Anzahl an genetischen Clustern, die geeignet waren, die genetische Differenzierung aller Populationen adäquat zu beschreiben, mit zehn bis 17 ermittelt. Erwartungsgemäß war eine exakte Anzahl nicht bestimmbar (vgl. Abschnitt 5.1.1.1). Für die Diskriminanzanalyse wurde die Anzahl von 14 Clustern gewählt (Abbildung 6).

Die Diskriminanzanalyse basierend auf 14 genetischen Clustern zeigten eine deutliche genetische Differenzierung der Population des Roten Wassers. Die Individuen des Roten Wassers wurden überwiegend dem genetischen Cluster 2 zugeordnet. Zu dem Cluster 2 wurden 28 von 39 (72%) Forellen des Roten Wassers aus den Jahren 2011/2012 und 36 von 47 (77%) aus den Jahren 2023/2024 zugeordnet. Von den 35 Elterntieren aus der Zucht wurden neun (26%) dem Cluster 2 zugeordnet. Hinzu kamen zehn Tiere aus neun weiteren Bächen im Lahnggebiet und im Wesergebiet. Einzelne Bachforellen aus dem Roten Wasser wurden daneben in fünf (2011/2012) bzw. vier (2023/2024) andere Cluster eingeordnet. Die meisten (elf; 31%) der Elterntiere der Zucht wurden dem Cluster 8 zugeordnet. Zu diesem Cluster gehörten auch drei Bachforelle aus dem Roten Wasser aus den Jahren 2011/2012 und eine Bachforelle aus den Jahren 2023/2024. Hinzu kamen weitere 29 Tiere aus zehn weiteren Populationen aus dem Lahneinzugsgebiet (n=23) und dem Wesereinzugsgebiet (n=6). Einzelne Elterntiere wurden darüber hinaus sieben weiteren Clustern zugeordnet. Die Wildpopulation des Roten Wassers erschien also auch in dieser Analyse als weitgehend genetisch eigenständige Einheit. Die Elterntierpopulation zeigte klare Bezüge zu der Wildpopulation im Roten Wasser, aber insgesamt auch eine größere Ähnlichkeit zu weiteren Wildpopulationen.

Dreizehn Bachforellen aus der Asphe bildeten ein eigenes Cluster (Cluster 13), dem keine Forellen aus anderen Populationen zugeordnet wurden. Diese 13 Forellen stammten aus dem Untersuchungsabschnitt BuWa04.02 (vgl. Tabelle 1 und Abschnitt 5.1.1.1). Das Cluster 13 war weniger stark von den weiteren Clustern differenziert als das Cluster 2 mit dem wesentlichen Teil der Population des Roten Wassers.

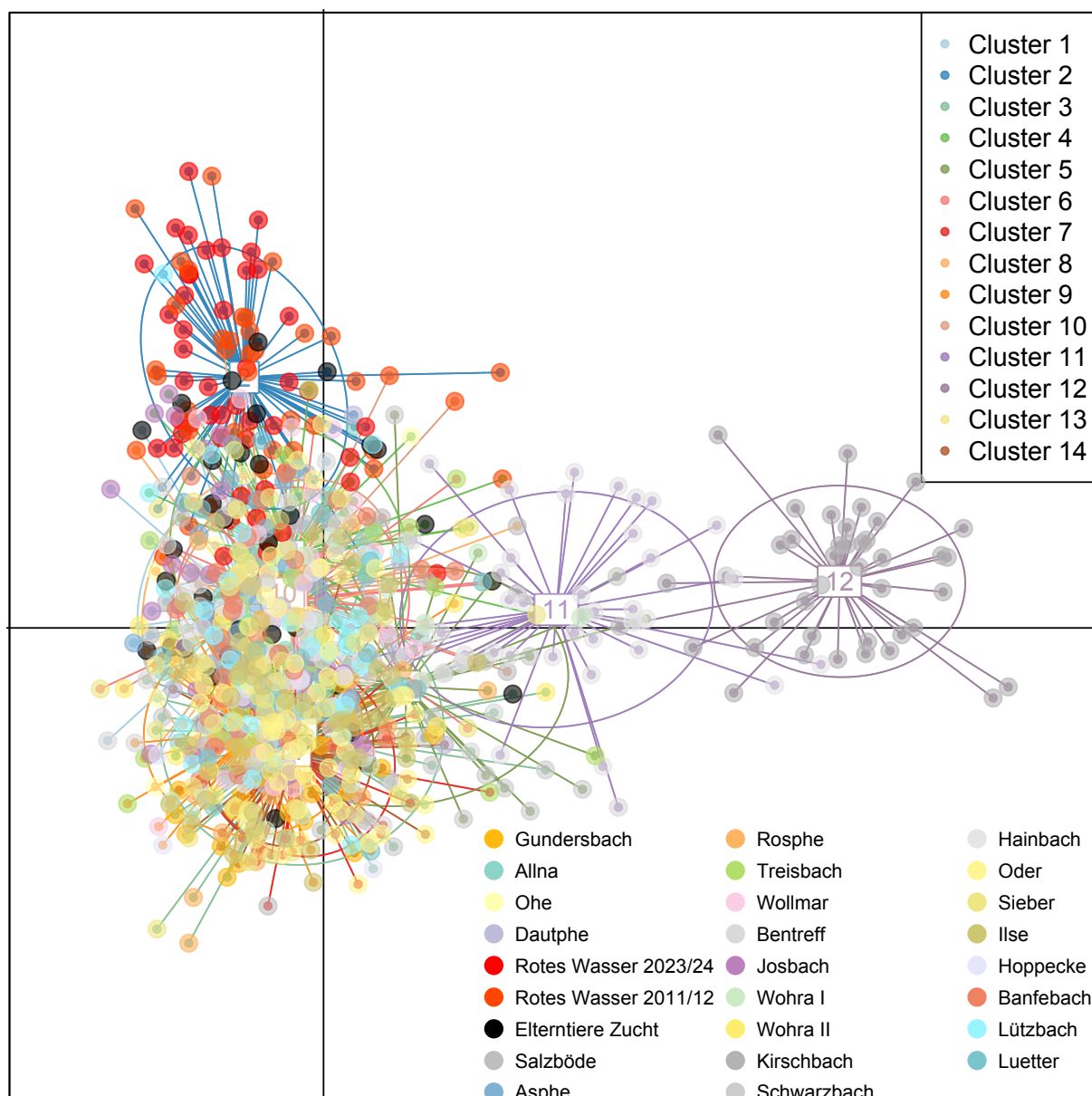


Abbildung 6: Diskriminanzanalyse von Hauptkomponenten basierend auf des oberen Lahn-Einzugsgebietes und der Referenzgewässer ohne *a priori*-Festlegung von Populationen. Die Punktsymbole repräsentieren die einzelnen Bachforellen. Je näher die Punkte zueinander liegen, desto ähnlicher sind die Fische genetisch. Die Ellipsen markieren die genetischen Cluster und die Linien verbinden die einzelnen Bachforellen mit dem „Zentrum“ der genetischen Cluster. Die Herkunftsgewässer der einzelnen Bachforellen sind farblich mit den Punktsymbolen codiert. Dargestellt sind die erste (x-Achse) und die zweite (y-Achse) Diskriminante.

Aus der Gesamtbetrachtung der vier Diskriminanzanalysen zur genetischen Differenzierung der Bachforellenpopulationen wurde erkenntlich, dass die Forellen des Roten Wassers gegenüber allen anderen Populationen sowohl innerhalb des oberen Lahneinzugsgebietes als auch unter Einbeziehung der Referenzpopulationen aus weiter entfernten Regionen deutlich differenziert sind. Demnach stellte diese Population gut begründbar eine eigenständige Population dar. Zu betonen ist, dass

dieser Befund für die Situation in den Jahre 2011/2012 und 2023/2024 gleichermaßen zutrifft und sich demzufolge an der Eigenständigkeit dieser Population für mindestens zwölf Jahre nichts Wesentliches geändert hat. Daher erscheint die Betrachtung der Bachforellen des Roten Wassers als eigene, eigenständige genetische Managementeinheit angebracht.

In den vier Diskriminanzanalysen wurde jeweils ein Teil der Elterntiere der Zucht erwartungsgemäß eindeutig den Forellen aus dem Roten Wasser zugeordnet. Für die weiteren Elterntiere traf dies nicht zu. Diese beobachtete Differenzierung kann theoretisch, sofern Unregelmäßigkeiten im Zuchtbetrieb auszuschließen sind, auf zwei Effekten beruhen: 1) Die Zucht wurde auf einigen wenigen, zufällig ausgewählten Individuen begründet. Daher kann angenommen werden, dass auch nur eine zufällige Auswahl aus allen in der Gesamtpopulation des Roten Wassers vorhandenen Allelen in die Zucht übernommen wurde. Folglich wären sich die Populationen Rotes Wasser und Zucht zwar sehr ähnlich, aber nicht gleich. Weil auch die genetisch untersuchten Individuen aus der Wildpopulation eine Zufallsauswahl der Gesamtpopulation sind, kann die beobachtete Differenzierung trotz des hohen Stichprobenumfangs auch rein methodisch überbetont sein. Da jedes Jahr Gameten weiterer Tiere aus der Wildpopulation in die Zucht eingebracht werden, wäre zu erwarten, dass die Differenzierung im Laufe der Jahre geringer wird. 2) Die Umweltbedingungen für Fische in Zuchten können sich teilweise erheblich von den Umweltbedingungen in den Gewässern unterscheiden. Das bedeutet, dass sich auch das Selektionsregime unterscheidet, sodass in Zuchten möglicherweise Genotypen gefördert werden, die schlechter an die natürlichen Umweltbedingungen angepasst sind („Domestikationseffekte“). Nach nur wenigen Generationen können sich so populationsgenetische Differenzierungen zwischen Wildpopulation und Zuchtpopulation ausbilden. Die wiederholte oder kontinuierliche „Auffrischung“ von Zuchtpopulation durch Einbringung von Gameten aus Wildpopulationen kann der Ausdifferenzierung entgegenwirken.

In den beiden Diskriminanzanalysen ohne *a priori* Festlegung der Populationen bildeten 13 Bachforellen aus dem Abschnitt BuWa04.2 in der Asphe (vgl. Tabelle 1) ein eigenes, eigenständiges genetische Cluster. Innerhalb des oberen Lahneinzugsgebietes war dieses Cluster noch stärker von den weiteren Clustern differenziert als das Cluster der Population des Roten Wassers. Auch bei Einbeziehung der Referenzpopulationen aus anderen Regionen blieb diese eigenständig stabil erhalten, aber die Differenzierung gegenüber den weiteren

Clustern war wesentlich geringer ausgeprägt. Die Analysen ergaben damit Anhaltspunkte für die Existenz einer weiteren genetisch eigenständigen Bachforellenpopulation im oberen Lahneinzugsgebiet.

5.1.2 Genetische Distanzen

Die paarweisen genetischen Distanzen zwischen Populationen (Jost's D; Abbildung 7, Tabelle A 1) können theoretisch zwischen 0 und 1 liegen. Ein Wert von 0 würde bedeuten, dass zwei Populationen identisch sind. Ein Wert von 1 würde bedeuten, dass kein Allel in beiden Populationen vorkommt, sondern jedes Allel nur in einer der Populationen. Der Mittelwert aller paarweisen genetischen Distanzen betrug 0,18 und der Median 0,17. Der niedrigste Wert war 0,01 und der höchste Wert 0,39.

Die niedrigste genetische Distanz von 0,01 wurde zwischen den Bachforellen des Roten Wassers aus den Jahren 2011/2012 und den Jahren 2023/2024 festgestellt. Die Populationen waren demnach annähernd identisch bzw. der Bestand hat sich populationsgenetisch im Laufe von zwölf Jahren kaum verändert.

Die Elterntiere der Zucht wiesen gegenüber den Populationen des Roten Wassers aus den Jahren 2011/2012 und den Jahren 2023/2024 genetische Distanzen von 0,20 und 0,21 auf und lagen somit etwas über dem Mittel aller paarweisen genetischen Distanzen. Demnach zeigte sich die Differenzierung der Zuchttiere gegenüber dem Roten Wasser hier deutlicher als bei den Diskriminanzanalysen (vgl. Abschnitt 5.1.1).

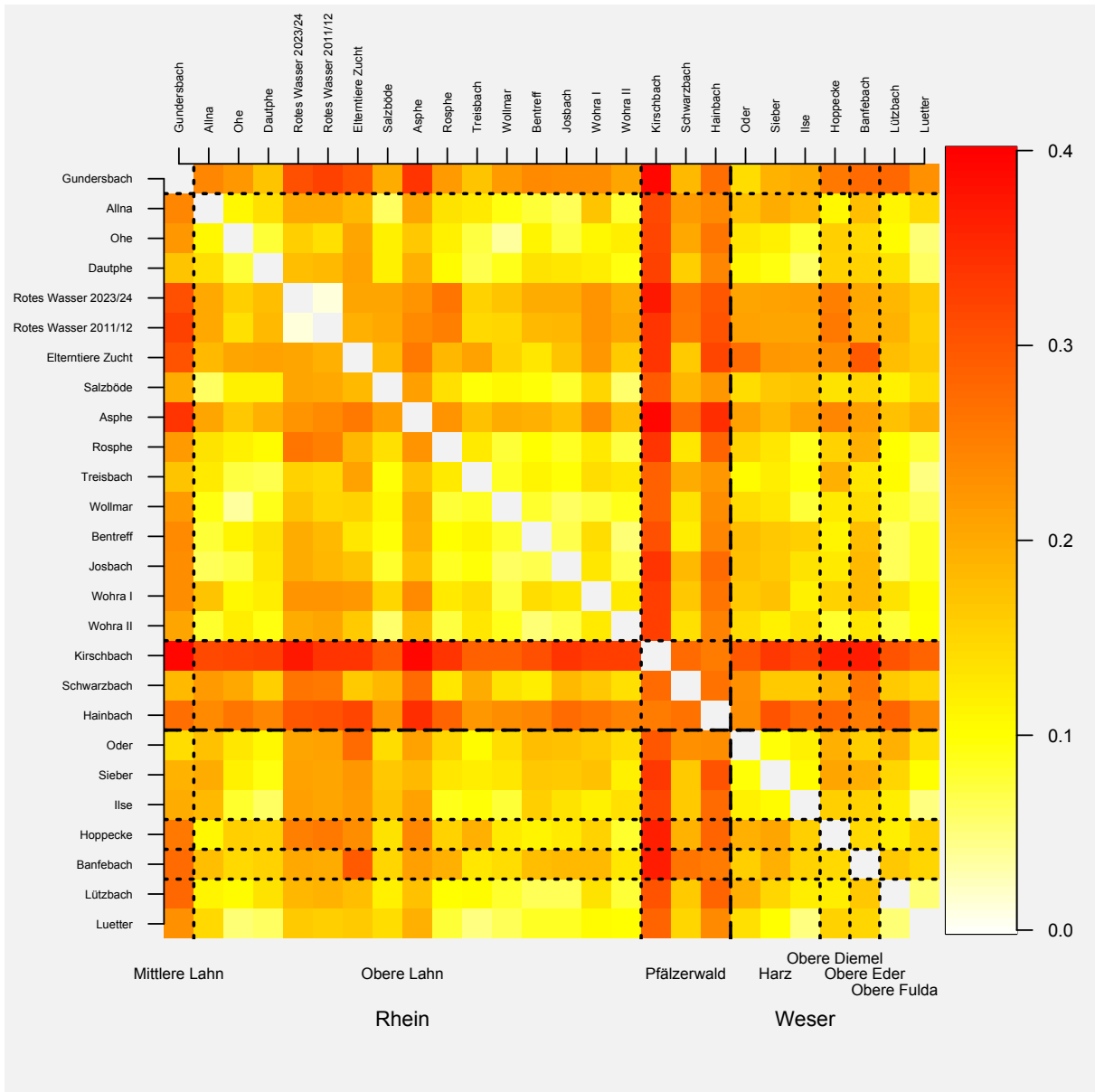


Abbildung 7: Distanzmatrix der paarweisen genetischen Distanzen (Jost's D) zwischen allen Populationen. Die Färbung der Felder codiert die genetische Distanz. Die entsprechenden Zahlenwerte sind in Tabelle A 1 im Anhang angeführt. Die Flussgebietseinheiten Rhein und Weser sind durch die gestrichelte Linie abgegrenzt und die gepunkteten Linien markieren darin die kleinskaligeren Regionen (vgl. Tabelle 2).

Die Mittelwerte der paarweisen genetischen Distanzen (Abbildung 8) sind in Tabelle 2 angegeben. Die Populationen sind von links nach rechts absteigend nach den Mittelwerten angeordnet. Die Populationen des Roten Wassers (rot) und die Elterntiere der Zucht (blau) sind hervorgehoben. Fehlerbalken geben den Standardfehler des Mittelwertes an.) der Populationen des Roten Wassers zu allen anderen Populationen betragen 0,21 - sowohl für die Jahre 2011/2012 als auch 2023/2024. Der Mittelwert für die Elterntiere der Zucht lag mit nur 0,22 geringfügig darüber. Diese drei Populationen

gehörten damit zu den durchschnittlich am stärksten differenzierten Populationen. Innerhalb des oberen Lahneinzugsgebiets lag der Wert nur für die Population der Asphe mit 0,23 leicht über diesen Werten. Die Populationen des Roten Wassers, der Elterntiere und der Asphe waren demnach im oberen Lahneinzugsgebiet die durchschnittlich am stärksten genetisch differenzierten Populationen.

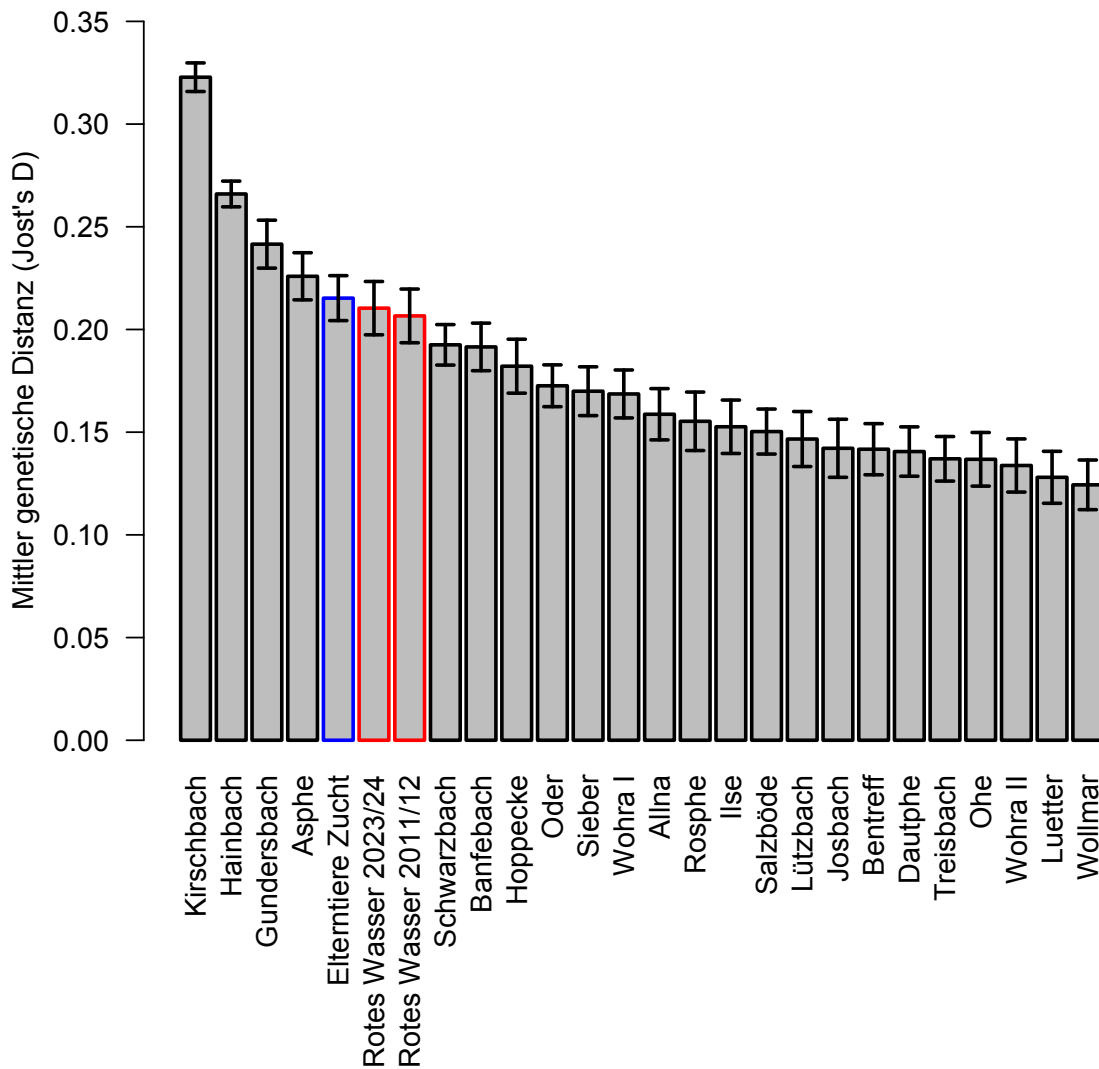


Abbildung 8: Mittelwerte der paarweisen genetischen Distanzen zu allen anderen Populationen je Population. Die Populationen sind von links nach rechts absteigend nach den Mittelwerten angeordnet. Die Populationen des Roten Wassers (rot) und die Elterntiere der Zucht (blau) sind hervorgehoben. Fehlerbalken geben den Standardfehler des Mittelwertes an.

Die genetischen Distanzen wiesen eine gute Übereinstimmung zu den Ergebnissen der Diskriminanzanalysen (vgl. Abschnitt 5.1.1) auf. Sie zeigten ebenfalls eine ausgeprägte genetische Differenzierung der Populationen des Roten Wassers, der Elterntiere der Zucht und der Asphe gegenüber allen anderen Populationen auf, stellten aber die Differenzierung zwischen den Zuchttieren und dem Roten Wasser

deutlicher heraus.

5.1.3 Haplotypen-Netzwerk

Die Sequenzierungen der mtDNA resultierten in 13 verschiedenen Haplotypen (Abbildung 9, Tabelle 3). Zwei dieser Haplotypen (HT02, HT04) traten sehr häufig (n=151, n=76) auf. Der häufigste Haplotyp HT02 wurde mit Ausnahme des Kirschbachs in der Pfalz und des Lützbachs im hessischen Wesereinzugsgebiet in allen Populationen gefunden und der Haplotyp HT04 in 21 der 26 Populationen. Diese beiden Haplotypen treten in ganz Deutschland sehr häufig und weit verbreitet auf (Schmidt et al., 2015; Wetjen et al., 2018, 2020). Etwas seltener (n=21), aber ebenfalls relativ weit verbreitet, war der Haplotyp HT07 (in neun Populationen).

Haplotyp HT02 war auch in den Populationen des Roten Wassers und der Zucht vorhanden; Haplotyp HT04 kam in der Zucht, aber nicht im Roten Wasser vor. In der Zucht kam zudem noch ein weiterer häufiger (n=28) Haplotyp (HT03) vor, der im Roten Wasser ebenfalls fehlte. Der Haplotyp HT03 trat weiterhin in sechs Populationen im oberen Lahneinzugsgebiet und dem hessischen Wesergebiet auf. Im Roten Wasser wurden neben dem häufigsten Haplotypen HT02 lediglich ein weiterer Haplotyp (HT06) gefunden. Dieser Haplotyp HT06 kam ausschließlich im Roten Wasser vor. Acht weitere Haplotypen wurden jeweils nur bei einem einzigen Individuum nachgewiesen. Die acht Individuen stammten aus sieben Populationen.

Im Hinblick auf die Einordnung der Bachforellen des Roten Wassers in das genetische Gesamtgefüge des oberen Lahnsystems ist der Haplotyp HT06 von herausragender Relevanz. Das Auftreten dieses Haplotyps exklusiv im Roten Wasser lieferte 2015 die ersten Hinweise darauf, dass dieses Gewässer einen genetisch einzigartigen und potentiell autochthonen Bachforellenbestand beherbergt (vgl. Abschnitt 1; Schmidt *et al.*, 2015). Trotz der nun erfolgten intensiven Untersuchung des oberen Lahnsystems wurde der Haplotyp HT02 weiterhin ausschließlich im Roten Wasser festgestellt und blieb somit ein genetisches Alleinstellungsmerkmal dieses Bachforellenbestands. In den Jahren 2011/2012 wurde Haplotyp HT06 bei 16 von 19 (84%) Bachforellen im Roten Wasser festgestellt und in den Jahren 2023/2024 bei sieben von 18 (39%) und blieb damit charakteristisch für diese Population.

Der Haplotyp HT06 konnte bei den Elterntieren der Zucht nicht festgestellt werden. Da die Elterntiere zum Aufbau der Zucht eine zufällig ausgewählte Stichprobe des Wildbestandes waren, ist es möglich, dass Haplotyp HT06 einfach auf Grund dieser zufälligen Auswahl in der Zucht nicht vertreten war. Ferner wurden bei den

Sequenzierungen der mtDNA nur zwölf der 35 Proben von Elterntieren untersucht, so dass nicht ausgeschlossen werden kann, dass der Haplotyp HT06 im Zuchtbestand vorhanden ist. Das Auftreten der Haplotypen HT03 und HT04 in der Zucht, die beide im Roten Wasser bisher nicht nachgewiesen wurden, könnte unter der Annahme, dass Unregelmäßigkeiten im Zuchtbetrieb ausgeschlossen werden können, ebenfalls mit der relativ geringen Stichprobengröße ($n=19$ und $n=18$) im Roten Wasser begründet sein. Jedenfalls wurden deutliche Unterschiede in der Zusammensetzung der Haplotypen zwischen dem Wildbestand des Roten Wassers und dem Elterntierbestand der Zucht offenkundig.

Im Gegensatz zu den auf Mikrosatelliten basierenden Clusteranalysen (vgl. Abschnitt 5.1.1) und genetischen Distanzen (vgl. Abschnitt 5.1.2) ergaben die Sequenzierungen der mtDNA für die Asphe keine Hinweise auf eine spezifische genetische Zusammensetzung. Die vier in dieser Population festgestellten Haplotypen kamen alle in zahlreichen weiteren Populationen vor. In dem Gewässerabschnitt BuWa04.02, der gemäß den Clusteranalysen eine stark differenzierte, eigenständige Population beherbergt, trat der Haplotyp HT03 vier Mal und der Haplotyp HT07 zwei Mal auf, sodass sich auch für den einzelnen Abschnitt keine spezifischen genetische Charakteristika feststellen ließen.

Insgesamt zeigte die Analyse der mtDNA also eine klare genetische Sonderstellung des Bachforellenbestandes des Roten Wassers, sowohl innerhalb des oberen Lahneinzugsgebiets als auch in einem geografisch weiteren Kontext. Eine vergleichbare genetische Situation wurde bei keiner der weiteren Populationen festgestellt.

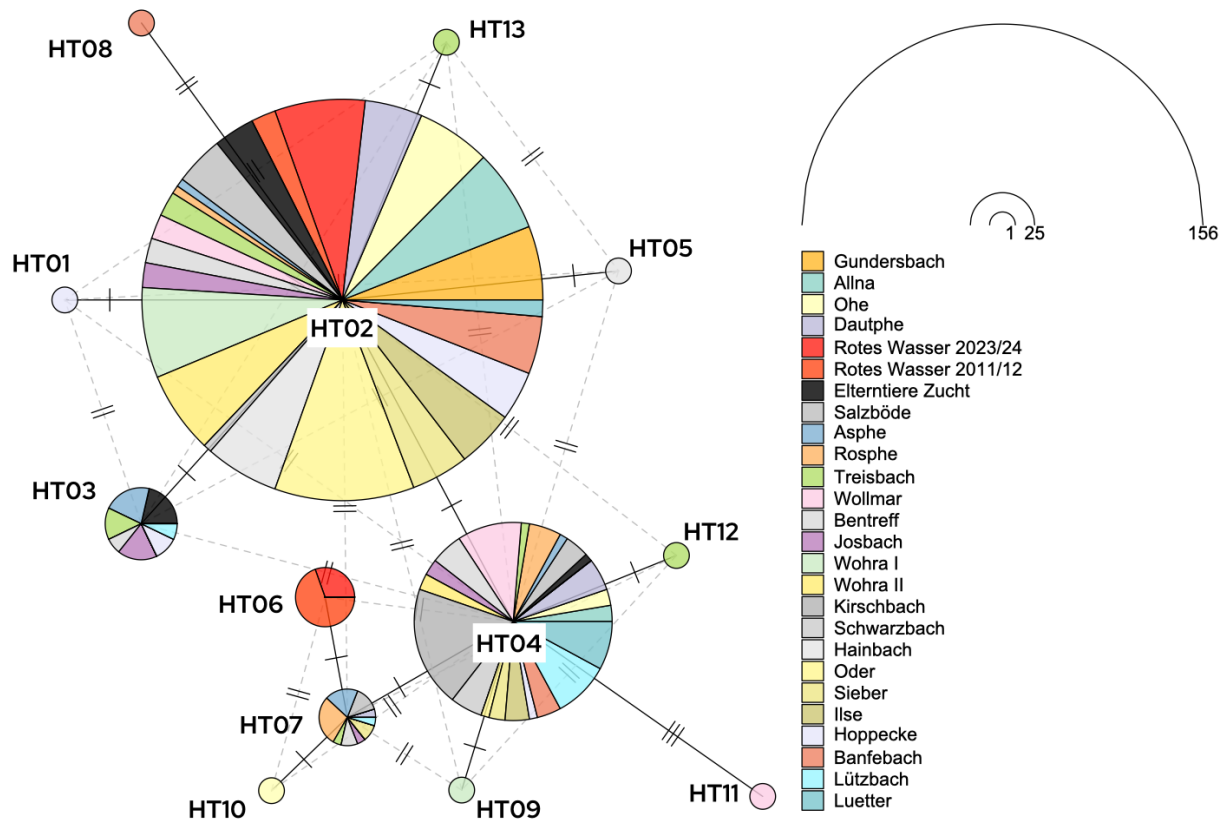


Abbildung 9: Haplotypen-Netzwerk von 13 Haplotypen aus dem oberen Lahn-Einzugsgebiet und der Referenzpopulationen. Jeder Haplotyp ist durch ein Kreisdiagramm dargestellt. Die Größe der Kreisdiagramme skaliert mit der Anzahl der Bachforellen mit dem jeweiligen Haplotyp und die Färbung der Kreissegmente zeigt die Verteilung über die Populationen (Untersuchungsgewässer). Zur Verbesserung der Lesbarkeit sind acht Haplotypen, die je nur ein Mal nachgewiesen wurden, 10-fach vergrößert dargestellt. Die durchgezogenen Verbindungslinien zwischen den Kreisdiagrammen zeigen die wahrscheinlichsten Verwandtschaften (Phylogenie) zwischen den Haplotypen an. Die gestrichelten Linien geben die nächstliegenden Alternativen dazu an. Die Anzahl an einzelnen Mutationsschritten (Punktmutationen oder „Single Point Polymorphisms“) zwischen den Haplotypen wird durch kurze Querstriche auf diesen Linien dargestellt.

Tabelle 3: Anzahl der 13 mtDNA-Haplotypen (HT01 – HT13) je Population.

Population	HT01	HT02	HT03	HT04	HT05	HT06	HT07	HT08	HT09	HT10	HT11	HT12	HT13
Gundersbach		9											
Allna		1		2									
Ohe		9		2						1			
Dautphe		7		4			1						
Rotes Wasser 2023/24		11				7							
Rotes Wasser 2011/12		3				16							
Elterntiere Zucht		5	6	1									
Salzböde		6		3			3						
Asphe		1	6	1			4						
Rosphe		1		4			6						
Treisbach		3	4	1			1					1	1
Wollmar		3		8							1		
Bentreff		3	2	4			2						
Josbach		3	5	2			1						
Wohra I		11							1				
Wohra II		1		2									
Kirschbach				15									
Schwarzbach		1		4									
Hainbach		9			1								
Oder		17		1									
Sieber		7		2			2						
Ilse		7		3									
Hoppecke	1	6	3	1									
Banfepbach		7		3				1					
Lützbach			2	7			1						
Luetter		2		6									
<i>Summe</i>	<i>1</i>	<i>151</i>	<i>28</i>	<i>76</i>	<i>1</i>	<i>23</i>	<i>21</i>	<i>1</i>	<i>1</i>	<i>1</i>	<i>1</i>	<i>1</i>	<i>1</i>

5.2 Genetische Diversität und Inzucht

Die drei genetischen Diversitätswerte (Tabelle 1, Abbildung 10) Allelreichtum sowie erwartete und beobachtete Heterozygotie der Bachforellenpopulationen des Roten Wassers und der Elterntiere der Zucht lagen insgesamt im mittleren Bereich aller Populationen. Innerhalb des oberen Lahneinzugsgebiets war der Allelreichtum dieser drei Populationen vergleichsweise niedrig. Hinsichtlich der beiden Heterozygotiewerte, die theoretisch zwischen 0 und 1 liegen können, waren die Unterschiede zwischen den Populationen innerhalb des oberen Lahneinzugsgebietes äußerst gering. Auffällig niedrige Werte wurden im Wesentlichen im Gundersbach (Mittlere Lahn) und den

Bächen des Pfälzerwaldes beobachtet. Demnach waren die Bachforellenpopulationen der Projektgewässer, inklusive des Roten Wassers und der Elterntiere, hinsichtlich der genetischen Diversität in gutem Zustand. Es wurden keine bedenklichen Anzeichen einer genetischen Verarmung festgestellt. Auch der Inzuchtskoeffizient F_{IS} zeigte einen guten Zustand der Populationen des Roten Wassers und der Elterntiere an. Starke Abweichungen dieses Wertes von Null deuten auf Inzucht bzw. Auskreuzung hin. Abweichungen von weniger als 0,1 sind hierbei unbedenklich, sodass für die Bachforellen im Roten Wasser und der Zucht keine Anzeichen für potenziell schädliche Inzucht beobachtet wurden.

Die Haplotypendiversität der Bachforellenpopulationen des Roten Wassers und der Zucht lag ebenfalls im mittleren Bereich aller Populationen. Die Haplotypendiversität kann theoretisch zwischen 0 und 1 liegen. Die Werte für das Rote Wasser und die Elterntiere der Zucht lagen zwischen 0,28 und 0,62 und somit im mittleren Bereich der möglichen Werte. Demnach lagen keine Hinweise auf eine bedenkliche genetische Armut der Populationen vor. Im Roten Wasser wurden zu beiden Beprobungszeiträumen jeweils zwei Haplotypen festgestellt, aber die Haplotypendiversität betrug 0,28 in den Jahren 2011/2012 und 0,50 in den Jahren 2023/2024, da die Berechnung der Haplotypendiversität nicht nur die Anzahl verschiedener Haplotypen, sondern auch deren Häufigkeitsverteilung einbezieht. Konkret lag die Zunahme der Haplotypendiversität im Roten Wasser daran, dass der Haplotyp HT06 seltener, dafür aber der Haplotyp HT02 in etwa in gleichem Maß häufiger festgestellt wurde.

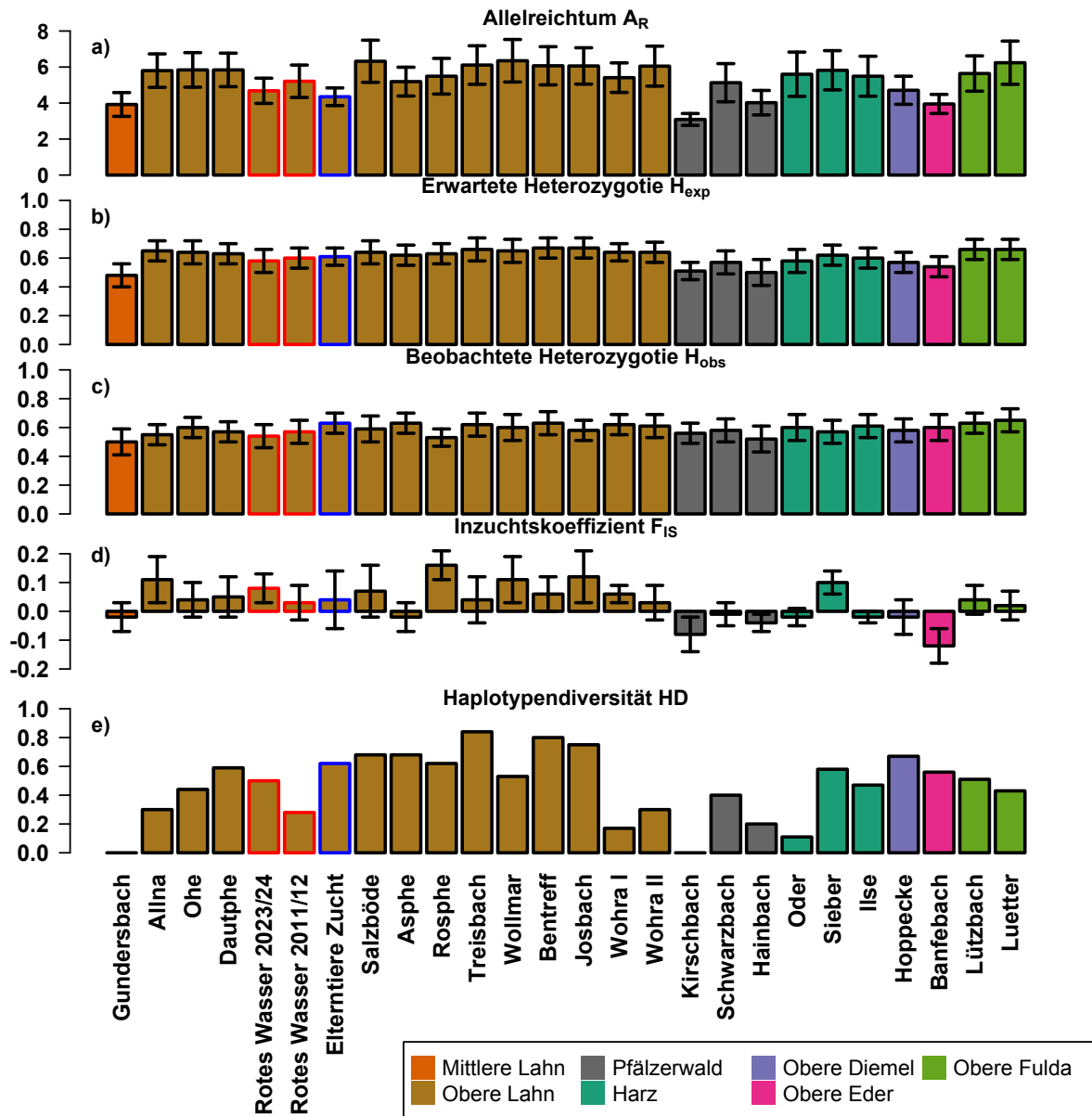


Abbildung 10: Übersicht der genetischen Diversitätswerte und der Inzucht der Bachforellenpopulationen: a) Allelreichtum (A_R), b) erwartete Heterozygotie (H_{exp}), c) beobachtete Heterozygotie (H_{obs}), d) Inzuchtkoeffizient F_{IS} und e) Haplotypendiversität (HD). Die Färbung der Balken zeigt die Herkunftsregionen an. Die Populationen des Roten Wassers (Probennahmen 2011/12 und 2023/24) sind durch rote und die Elterntiere der Zucht der Saison 2023/24 durch blaue Färbung des Balkenrahmens hervorgehoben.

Tabelle 4: Genetische Diversitätswerte Allelreichtum (A_R), erwartete Heterozygotie (H_{exp}), beobachtete Heterozygotie (H_{obs}) und Haplotypendiversität (HD), sowie Inzuchtskoeffizient F_{IS} der Bachforellenpopulationen nach Flussgebietseinheit (FGE) und Region. Die Werte in Klammern geben den Standardfehler des Mittels an.

FGE	Region	Population	A_R	H_{exp}	H_{obs}	F_{IS}	HD	
Rhein	Mittlere Lahn	Gundersbach	3.92 (0.66)	0.48 (0.08)	0.50 (0.09)	-0.02 (0.05)	0.00	
		Obere Lahn	Allna	5.80 (0.93)	0.65 (0.07)	0.55 (0.07)	0.11 (0.08)	0.30
			Ohe	5.84 (0.96)	0.64 (0.08)	0.60 (0.07)	0.04 (0.06)	0.44
			Dautphe	5.84 (0.93)	0.63 (0.07)	0.57 (0.07)	0.05 (0.07)	0.59
			Rotes Wasser 2023/24	4.68 (0.70)	0.58 (0.08)	0.54 (0.08)	0.08 (0.05)	0.50
			Rotes Wasser 2011/12	5.21 (0.90)	0.60 (0.07)	0.57 (0.08)	0.03 (0.06)	0.28
			Elterntiere Zucht Wetterfeld	4.35 (0.49)	0.61 (0.06)	0.63 (0.07)	0.04 (0.10)	0.62
			Salzböde	6.32 (1.17)	0.64 (0.08)	0.59 (0.09)	0.07 (0.09)	0.68
			Asphe	5.19 (0.80)	0.62 (0.07)	0.63 (0.07)	-0.02 (0.05)	0.68
			Rosphe	5.49 (0.99)	0.63 (0.07)	0.53 (0.06)	0.16 (0.05)	0.62
			Treisbach	6.11 (1.07)	0.66 (0.08)	0.62 (0.08)	0.04 (0.08)	0.84
			Wollmar	6.35 (1.18)	0.65 (0.08)	0.60 (0.09)	0.11 (0.08)	0.53
			Bentreff	6.07 (1.06)	0.67 (0.07)	0.63 (0.08)	0.06 (0.06)	0.80
			Josbach	6.06 (1.01)	0.67 (0.07)	0.58 (0.07)	0.12 (0.09)	0.75
			Wohra I	5.41 (0.82)	0.64 (0.06)	0.62 (0.07)	0.06 (0.03)	0.17
			Wohra II	6.05 (1.11)	0.64 (0.07)	0.61 (0.08)	0.03 (0.06)	0.30
		Pfälzerwald	Kirschbach	3.09 (0.33)	0.51 (0.06)	0.56 (0.07)	-0.08 (0.06)	0.00
			Schwarzbach	5.13 (1.06)	0.57 (0.08)	0.58 (0.08)	-0.01 (0.04)	0.40
			Hainbach	4.02 (0.68)	0.50 (0.09)	0.52 (0.09)	-0.04 (0.03)	0.20
	Weser	Harz	Oder	5.60 (1.23)	0.58 (0.08)	0.60 (0.09)	-0.02 (0.03)	0.11
Sieber			5.82 (1.09)	0.62 (0.07)	0.57 (0.08)	0.10 (0.04)	0.58	
Ilse			5.49 (1.11)	0.60 (0.07)	0.61 (0.08)	-0.02 (0.02)	0.47	
		Obere Diemel	Hoppecke	4.71 (0.78)	0.57 (0.07)	0.58 (0.08)	-0.02 (0.06)	0.67
		Obere Eder	Banfepbach	3.95 (0.53)	0.54 (0.07)	0.60 (0.09)	-0.12 (0.06)	0.56
		Obere Fulda	Lützbach	5.64 (0.98)	0.66 (0.07)	0.63 (0.07)	0.04 (0.05)	0.51
			Luetter	6.24 (1.20)	0.66 (0.07)	0.65 (0.08)	0.02 (0.05)	0.43
			<i>Mittel der Populationen</i>	5.32 (0.17)	0.61 (0.01)	0.59 (0.01)	0.03 (0.01)	0.46 (0.05)

Die Entnahme von Individuen bzw. Gameten, aus einer Wildpopulation zu Zuchtzwecken kann insbesondere dann, wenn die effektive Populationsgröße (N_e) der Spenderpopulation sehr gering ist, zu einem Verlust an genetischer Diversität führen. Entnahmen von Gameten der Bachforellen des Roten Wassers finden im Projekt Burgwaldforelle regelmäßig statt. Die genetischen Analysen zeigten keine bedenklichen negativen Effekte dieser Entnahmen auf die Wildpopulation.

Zuchtpopulationen gründen häufig auf wenigen Individuen und können daher genetisch weniger divers sein als individuenstärkere Wildpopulationen (sog. „Gründereffekt“). Fehlende Rekombinationsmöglichkeiten bei der Verpaarung können in kleinen Zuchtpopulationen im Laufe mehrerer Generationen zu einer weiteren Verarmung der genetischen Diversität und im ungünstigsten Fall zu negativen Inzuchtseffekten führen. Die „Auffrischung“ kleinerer Zuchtpopulationen mit Gameten aus Wildpopulationen kann diesen Effekten entgegenwirken. Die Analysen zur genetischen Diversität der Elterntiere der Zucht zeigten keine Anzeichen für eine genetische Verarmung oder Inzucht.

6. Fazit

6.1 Wildpopulation Rotes Wasser

Die Wildpopulation des Roten Wassers nimmt sowohl innerhalb des oberen Lahnsystems als auch in einem weiteren geografischen Kontext eine populationsgenetische Sonderstellung ein. Sie ist gegenüber allen untersuchten Wildpopulationen genetisch klar differenziert und erscheint somit als genetisch eigenständige Einheit. Beide verwendeten Markersysteme (Mikrosatelliten, mtDNA) stützen dieses Ergebnis. Der Zustand der Population hinsichtlich genetischer Diversität und Inzucht ist gut und über einen Zeitraum von mindestens zwölf Jahren weitestgehend unverändert.

6.2 Elterntiere der Zucht Wetterfeld

Die Population der Elterntiere der Zucht Wetterfeld zeigt in den Mikrosatellitenanalysen erwartungsgemäß sehr eindeutige Bezüge zur Wildpopulation des Roten Wassers. Gleichzeitig ist eine gewisse Differenzierung festzustellen, die vermutlich zumindest teilweise auf kaum vermeidbaren Zufallseffekten beruht, da die Gründerpopulation der Zucht zwingenderweise nur eine Teilmenge der Wildpopulation ist. Die Analysen der mtDNA zeigten eine deutlichere Diskrepanz zur Wildpopulation, die zum Teil möglicherweise sowohl auf die gleichen Zufallseffekte als auch auf die geringere Stichprobengröße zurückgeführt werden können. Der Zustand der Population der Elterntiere hinsichtlich genetischer Diversität und Inzucht ist gut.

6.3 Population der Asphe

Die Asphe scheint eine genetisch sehr stark differenzierte Subpopulation von Bachforellen zu enthalten. Die populationsgenetische Situation ist eher ungewöhnlich, da sich diese mögliche Subpopulation nur auf einen von drei untersuchten Gewässerabschnitten konzentriert. Darüber hinaus zeigten nur die Mikrosatelliten diese Differenzierung, die Analysen der mtDNA hingegen nicht. Eine eindeutige, abschließende Einordnung der Population ist daher nicht möglich.

6.4 Weitere Populationen im oberen Lahnsystem

Die weiteren Wildpopulationen in den Projektgewässern im oberen Lahnsystem zeigten keine besonderen populationsgenetischen Auffälligkeiten. Insgesamt ist hier eine vergleichsweise große genetische Ähnlichkeit und/oder Durchmischung festzustellen.

7. Empfehlungen

7.1 Wildpopulation Rotes Wasser

- Der Bachforellenbestand des Roten Wassers ist eine geeignete Spenderpopulation zur Förderung der genetischen Vielfalt im oberen Lahnsystem.
- Der Bachforellenbestand des Roten Wassers sollte in seinem derzeitigen populationsgenetischen Zustand erhalten werden.
- Die Entwicklung der genetischen Diversität der Bachforellenpopulation des Roten Wassers sollte weiterhin beobachtet werden, um potenziell negative Effekte der Gametenentnahme auszuschließen.

7.2 Elterntiere der Zucht Wetterfeld

- Einer möglichen weiteren genetischen Ausdifferenzierung zwischen der Zuchtpopulation und dem Wildbestand im Roten Wasser sollte durch geeignete Maßnahmen entgegengewirkt werden.
- Die Entwicklung der genetischen Ausdifferenzierung sollte weiterhin beobachtet werden.
- Die Entwicklung der genetischen Diversität der Bachforellenpopulation des Roten Wassers sollte weiterhin beobachtet werden, um potenziell negative Effekte der Gametenentnahme auszuschließen.

7.3 Population der Asphe

- Relevante, mögliche Einflussfaktoren auf den populationsgenetischen Zustand der Bachforellen der Asphe, insbesondere im Hinblick auf fischereiliches Management und Habitatkonnektivität, sollten aufgeklärt werden, um eine besser Einordnung der Population zu ermöglichen.
- Die Population der Asphe sollte zunächst in ihrem aktuellen Zustand erhalten werden.
- Die Asphe sollte dem Vorsorgeprinzip folgend zunächst nicht mit Bachforellen aus der Zuchtlinie des Roten Wassers besetzt werden.

7.4 Weitere Wildpopulationen im oberen Lahnsystem

- Die weiteren Projektgewässer im oberen Lahnsystem kommen aus populationsgenetischer Sicht für Maßnahmen zur regionalen Förderung der „Burgwaldforelle“ aus dem Roten Wasser in Betracht.
- Der Erfolg von Besatzmaßnahmen mit „Burgwaldforellen“ aus dem Roten

Wasser in den Projektgewässern sollte mittels genetischer Elternschaftsanalysen evaluiert werden.

Referenzen

- Adamack AT, Gruber B. 2014. PopGenReport: simplifying basic population genetic analyses in R. *Methods Ecol Evol* 5: 384–387.
- Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV). 2012. Aquatische genetische Ressourcen - Nationales Fachprogramm zur Erhaltung und Nachhaltigen Nutzung, BMELV.
- Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz und Reaktorsicherheit (BMU). 2007. Nationale Strategie zur Biologischen Vielfalt.
- Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL). 2020. Erhaltung und Nachhaltige Nutzung aquatischer genetischer Ressourcen - Das nationale Fachprogramm in Deutschland, 1. Neuauflage.
- Freyhof J, Bowler D, Broghammer T, Friedrichs-Manthey M, Heinze S, Wolter C. 2023. Rote Liste und Gesamtartenliste der sich im Süßwasser reproduzierenden Fische und Neunaugen (Pisces et Cyclostomata) Deutschlands.
- Hoban S, Archer FI, Bertola LD, Bragg JG, Breed MF, Bruford MW, Coleman MA, Ekblom R, Funk WC, Grueber CE, Hand BK, Jaffé R, Jensen E, Johnson JS, Kershaw F, Liggins L, MacDonald AJ, Mergeay J, Miller JM, Muller-Karger F, O'Brien D, Paz-Vinas I, Potter KM, Razgour O, Vernesi C, Hunter ME. 2022. Global genetic diversity status and trends: towards a suite of Essential Biodiversity Variables (EBVs) for genetic composition. *Biol Rev* 97: 1511–1538.
- Jombart T. 2008. adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics* 24: 1403–1405.
- Jombart T, Ahmed I. 2011. adegenet 1.3-1: new tools for the analysis of genome-wide SNP data. *Bioinformatics* 27: 3070–3071.
- Jombart T, Devillard S, Balloux F. 2010. Discriminant analysis of principal components: a new method for the analysis of genetically structured populations. *BMC Genet* 11.
- Jost L. 2008. GST and its relatives do not measure differentiation. *Mol Ecol* 17: 4015–4026.
- Laikre L. 1999. Conservation Genetic Management of Brown Trout (*Salmo trutta*) in Europe. Concreted action on identification, management and exploitation of genetic resources in the brown trout (*Salmo trutta*) (TROUTCONCERT; EU FAIR CT97-3882).
- Nei M, Tajima F. 1981. DNA polymorphism detectable by restriction endonucleases. *Genetics* 97: 145–163.
- Paradis E. 2010. pegas: an R package for population genetics with an integrated-modular approach. *Bioinformatics* 26: 419–420.
- Pinter K, Unfer G, Lundsgaard-Hansen B, Weiss S. 2017. Besatzwirtschaft in Österreich und mögliche Effekte auf die innerartliche Vielfalt der Bachforellen. *Österr Fisch* 15–33.
- R Core Team. 2023. R: A Language and Environment for Statistical Computing.
- Schmidt T, Schrimpf A, Wetjen M, Schulz R. 2015. Erfassung und Dokumentation der genetischen Variabilität von Wildpopulationen der Bachforelle (*Salmo trutta*)

- fario*) aus verschiedenen Flussgebietseinheiten in Deutschland. Abschlussbericht an die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung. Institut für Umweltwissenschaften Landau, Universität Koblenz-Landau, Landau, Deutschland.
- Schmidt T, Zagars M, Roze A, Schulz R. 2017. Genetic diversity of a Daugava basin brown trout (*Salmo trutta*) brood stock. *Knowl Manag Aquat Ecosyst*.
- Schmidt T, Cairault A, Schulz R. 2023. Genetic diversity management of sculpin (*Cottus* spp.) and brown trout (*Salmo trutta*) in the Palatinate Forest-North Vosges Biosphere Reserve. *Knowl Manag Aquat Ecosyst*.
- Secretariat of the Convention on Biological Diversity UNEP (CBD). 2011. Convention on Biological Diversity.
- Wetjen M, Schmidt T, Löb C, Schulz R. 2018. Erfassung und Dokumentation der genetischen Vielfalt der Seeforelle (*Salmo trutta lacustris*) in Deutschland. Abschlussbericht an die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung. Institut für Umweltwissenschaften, Universität Koblenz-Landau, Landau, Deutschland.
- Wetjen M, Löb C, Schmidt T, Schrimpf A, Schulz R. 2020. Erfassung und Dokumentation der genetischen Vielfalt der Meerforelle (*Salmo trutta trutta*) in Deutschland. Abschlussbericht an die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung. iES Landau, Institut für Umweltwissenschaften, Universität Koblenz-Landau, Landau, Deutschland.
- Winter DJ. 2012. mmod: an R library for the calculation of population differentiation statistics. *Mol Ecol Resour* 12: 1158–1160.

Anhang

Tabelle A 1: Paarweise genetische Distanzen (Jost's D) zwischen allen Populationen.

	Gundersbach	Allna	Ohe	Dautphe	Rotes Wasser 2023/24	Rotes Wasser 2011/12	Elterntiere Zucht	Salzböde	Asphe	Rosphe	Treisbach	Wollmar	Bentreff	Josbach	Wohra I	Wohra II	Kirschbach	Schwarzbach	Hainbach	Oder	Sieber	Ilse	Hoppecke	Banfebach	Lützbach
Allna	0.24																								
Ohe	0.22	0.11																							
Dautphe	0.17	0.14	0.08																						
Rotes Wasser 2023/24	0.31	0.20	0.16	0.18																					
Rotes Wasser 2011/12	0.32	0.20	0.14	0.18	0.01																				
Elterntiere Zucht	0.30	0.18	0.21	0.21	0.21	0.20																			
Salzböde	0.20	0.06	0.12	0.12	0.21	0.20	0.18																		
Asphe	0.34	0.21	0.17	0.19	0.23	0.24	0.26	0.21																	
Rosphe	0.22	0.14	0.12	0.11	0.26	0.25	0.19	0.14	0.22																
Treisbach	0.17	0.12	0.07	0.07	0.15	0.15	0.21	0.10	0.17	0.13															
Wollmar	0.22	0.10	0.04	0.09	0.17	0.15	0.16	0.11	0.20	0.08	0.09														
Bentreff	0.24	0.08	0.11	0.13	0.20	0.18	0.13	0.10	0.19	0.10	0.11	0.08													
Josbach	0.23	0.07	0.08	0.13	0.20	0.19	0.17	0.08	0.17	0.09	0.10	0.06	0.07												
Wohra I	0.23	0.17	0.11	0.12	0.23	0.22	0.22	0.15	0.24	0.13	0.14	0.07	0.14	0.13											

	Gundersbach	Alina	Ohe	Dautphe	Rotes Wasser 2023/24	Rotes Wasser 2011/12	Elterntiere Zucht	Salzböde	Asphe	Rosphe	Treisbach	Wollmar	Bentreff	Josbach	Wohra I	Wohra II	Kirschbach	Schwarzbach	Hainbach	Oder	Sieber	Ilse	Hoppecke	Banfebach	Lützbach
Wohra II	0.21	0.08	0.12	0.09	0.20	0.21	0.16	0.06	0.18	0.08	0.13	0.09	0.05	0.07	0.13										
Kirschbach	0.39	0.31	0.32	0.32	0.37	0.34	0.34	0.30	0.39	0.34	0.29	0.29	0.30	0.34	0.33	0.32									
Schwarzbach	0.18	0.22	0.20	0.16	0.26	0.26	0.16	0.18	0.27	0.13	0.20	0.13	0.12	0.18	0.16	0.14	0.27								
Hainbach	0.27	0.24	0.26	0.24	0.30	0.30	0.32	0.22	0.35	0.28	0.22	0.23	0.24	0.27	0.26	0.25	0.25	0.26							
Oder	0.14	0.17	0.13	0.11	0.20	0.21	0.27	0.14	0.21	0.15	0.11	0.14	0.18	0.17	0.16	0.14	0.30	0.23	0.23						
Sieber	0.19	0.20	0.12	0.10	0.21	0.21	0.22	0.17	0.18	0.13	0.12	0.13	0.16	0.16	0.17	0.12	0.34	0.16	0.30	0.10					
Ilse	0.20	0.18	0.08	0.06	0.21	0.21	0.22	0.17	0.21	0.09	0.10	0.08	0.16	0.13	0.12	0.14	0.32	0.16	0.28	0.12	0.11				
Hoppecke	0.26	0.11	0.16	0.16	0.25	0.26	0.23	0.13	0.24	0.15	0.19	0.13	0.11	0.12	0.15	0.08	0.36	0.19	0.28	0.19	0.20	0.16			
Banfebach	0.28	0.18	0.15	0.15	0.20	0.20	0.29	0.15	0.21	0.19	0.13	0.14	0.18	0.18	0.18	0.13	0.36	0.26	0.25	0.16	0.19	0.15	0.14		
Lützbach	0.28	0.11	0.10	0.14	0.19	0.19	0.18	0.12	0.17	0.10	0.11	0.08	0.07	0.07	0.13	0.08	0.30	0.16	0.28	0.19	0.15	0.12	0.12	0.16	
Luetter	0.23	0.14	0.06	0.06	0.16	0.16	0.16	0.14	0.19	0.08	0.05	0.06	0.09	0.09	0.10	0.10	0.28	0.15	0.24	0.14	0.10	0.05	0.15	0.15	0.05