

Kurzbericht genetische Elternschaftsanalysen von Bachforellen

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 Dezember 2025

Zitiervorschlag:

Schmidt, T, Schulz, R (2025) Kurzbericht genetische Elternschaftsanalysen von Bachforellen. Erstellt im Auftrag des Regierungspräsidium Gießen, iES Landau, Institut für Umweltwissenschaften, Rheinlandpfälzische Technische Universität Kaiserslautern-Landau, Landau, Deutschland

Planung: Thomas Schmidt

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

Bericht: Thomas Schmidt, Ralf Schulz

Die Autoren bedanken sich bei dem Regierungspräsidium Gießen für die Beauftragung der Analysen.

Landau, Dezember 2025

Inhalt

Inhalt	iii
Abbildungsverzeichnis	iii
Tabellenverzeichnis	iii
1. Gegenstand der Untersuchung	4
2. Material und Methoden	4
2.1 Untersuchungsmaterial	4
2.2 Laborgenetische Analysen	5
2.3 Datenanalysen	5
3. Ergebnisse und Diskussion	5
3.1 Vollständigkeit Elterntiere	5
3.2 Abschätzung Richtigkeit der Elternzuordnungen	6
3.3 Zuordnung der Wildfänge	6
4. Empfehlungen	7
Referenzen	11
Anhang	I

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Anzahlen der Zuordnungen der Elternschaftsanalysen	8
Abbildung 2: Prozentuale Anteile der Zuordnungen der Elternschaftsanalysen	9

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Zuordnungen aus den Elternschaftsanalysen der Wildfänge	10
--	----

Anhang

Tabelle A1: Zuordnungsergebnisse der Elternschaftsanalysen je Probe	I
---	---

1. Gegenstand der Untersuchung

Durch das Regierungspräsidium (RP) Gießen wurden genetische Elternschaftsanalysen von Bachforellen (*Salmo trutta*) anhand von 22 Mikrosatelliten-Loci beauftragt. Hierzu wurden Alleltypen von Elterntieren, die in dem Nachzuchtprogramm „Burgwaldforelle“ in den Saisons 2023/24 und 2024/25 verwendet wurden und Alleltypen sowie weitere Proben von Wildfängen aus verschiedenen Projektgewässern seitens des RP Gießen und dessen Kooperationspartnern, der Bürogemeinschaft für fisch- und gewässerökologische Studien (BfS Marburg) und des Fisch- und Forschungszentrum „Fischzucht Wetterfeld“, zur Verfügung gestellt. Die Elternschaftsanalysen sollen zeigen, welche der Wildfänge sich den Elterntieren aus der Nachzucht zuordnen lassen, um die Entwicklung der Besatzforellen dokumentieren, dadurch die laufenden Ansiedlungsmaßnahmen zu optimieren und letztlich auch den Erfolg der Fördermaßnahmen zu Gunsten der „Burgwaldforelle“ in den Projektgewässern beurteilen zu können.

2. Material und Methoden

2.1 Untersuchungsmaterial

Zur genetischen Elternschaftsanalyse standen aus den Erbrütungssaisons 2023/24 und 2024/25 Alleltypen für 22 Mikrosatelliten-Loci von 228 Elterntieren (135 Milchner und 93 Rogner) aus dem Nachzuchtprogramm für die „Burgwaldforelle“ zur Verfügung. Darin sind 14 Wildfänge aus dem Roten Wasser enthalten, die zu Vermehrungszwecken gestreift wurden. Die Elterntiere der Zucht sind wahrscheinlich nicht vollständig beprobt (vgl. Schmidt und Schulz 2025). Es ist nicht auszuschließen, dass Elterntiere in der Saison 2024/25 beprobt wurden, die bereits in der Saison 2023/24 beprobt wurden.

Aus den acht Projektgewässern/-gebieten Dautphe, Josbach, Ohe/Einhäuser Wasser, Rosphe, Treisbach, Wohra I Haina, Wohra II Gemünden und Wollmar wurden insgesamt 254 im Jahr 2025 durch BfS Marburg beprobte Forellen untersucht (Tab. 1). Diese Wildfänge hatten Längen zwischen 4 und 20 cm, so dass anzunehmen ist, dass sowohl Tiere aus der Brut- bzw. Erbrütungssaison 2023/24, als auch der Saison 2024/25 in dieser Stichprobe enthalten waren.

2.2 Laborgenetische Analysen

Alle Proben (Elterntiere, Wildfänge) wurden anhand von 22 Mikrosatelliten-Loci genotypisiert. Diese 22 Loci wurden bereits in früheren Untersuchungen an Forellen verwendet (z.B. Wetjen *et al.*, 2018; Schmidt und Schulz, 2020, 2021) und für Elternschaftsanalysen für das Projekt „Burgwaldforelle“ erfolgreich erprobt (Schmidt und Schulz 2025). Details zu den Laborprotokollen finden sich in Wetjen *et al.*, 2018.

2.3 Datenanalysen

Die genetischen Elternschaftsanalyse wurden mit der Software PASOS 1.0 (Duchesne *et al.*, 2005) durchgeführt. Die Analyse wurde (ohne positiv und negativ Kontrollen) ausgeführt wie in Schmidt und Schulz (2025) beschrieben.

3. Ergebnisse und Diskussion

3.1 Vollständigkeit Elterntiere

Die Abschätzung zu unbekanntem, d.h. nicht im Datensatz enthaltenen, Elterntieren der Wildfänge ergab, dass die Wildfänge von insgesamt 683 Elterntieren (285 Rogner, 398 Milchner) abstammten. Da 228 potenzielle Elterntiere (93 Rogner, 135 Milchner) bekannt waren, ergeben sich 455 unbekannte Elterntiere (192 Rogner, 263 Milchner). Dieses Ergebnis weist bereits darauf hin, dass ein erheblicher Teil der untersuchten Wildfänge auf natürliche Reproduktion in den Gewässern zurückzuführen ist, da zwar nicht alle Elterntiere der Zucht beprobt wurden (s.o.), aber höchst wahrscheinlich die allermeisten.

3.2 Abschätzung Richtigkeit der Elternzuordnungen

Basierend auf den Abschätzungen der Anzahlen bekannter und unbekannter Elterntiere, wurde mittels Simulationen eine sehr gute Passung des statistischen Modells unter der Annahme von 180 unbekanntem Rognern und 220 unbekanntem Milchneern erzielt. Daraus resultierend wurden folgende Wahrscheinlichkeiten für die Richtigkeit der Zuordnung der getesteten Wildfänge ermittelt:

Zuordnung zu einem bekannten Milchneer:	79%
Zuordnung zu einem bekannten Rogner:	83%
Zuordnung zu einem unbekanntem Elternteil:	90%
Zuordnungen insgesamt:	89%

Diese Wahrscheinlichkeiten liegen unter den in Schmidt und Schulz (2025) erzielten Wahrscheinlichkeiten. Vermutlich liegt dies hauptsächlich daran, dass mit der vergleichsweise deutlich größeren Stichprobe an Wildfängen auch die Population der unbekanntem Elterntiere (deren tatsächlichen genetischen Profile zwangsläufig nicht bekannt sind) ebenfalls deutlich größer war. Simulationen mit größeren unbekanntem Elternpopulationen erzielten für die Zuordnungen insgesamt höhere Wahrscheinlichkeiten von bis zu 92,5% (Daten nicht dargestellt), aber die Wahrscheinlichkeiten für die Richtigkeit der Zuordnungen zu bekannten Elterntieren waren dafür bei diesen Simulationen niedriger. Im Sinne der Fragestellung erschien daher die gewählte Annahme von 180 unbekanntem Rognern und 220 unbekanntem Milchneern zielführend.

3.3 Zuordnung der Wildfänge

Die Anteile der Wildfänge, die bekannten Elterntieren aus der Nachzucht oder unbekanntem Elterntieren, d.h. Eigenreproduktion im Gewässer, zugeordnet wurden variierte deutlich zwischen den Herkunftsgewässern. Der höchste Anteil bekanntem Eltern wurde bei den Proben aus dem Josbach festgestellt. Bei 16 von 28 Proben (57%) wurden zwei bekannte Eltern und bei 3 weiteren Probe (11%) ein bekannter Vater identifiziert. Der prozentuale Anteil an Wildfängen für die beide Elternteile identifiziert werden konnten war in allen anderen Gewässern etwa vergleichbar und lag zwischen 4 und 8%. Insgesamt wurde der geringste Anteil bekanntem Eltern (bekannte Mutter, bekannter Vater oder beide Eltern bekannt) wurde für die Gewässer Ohe/Einhäuser Wasser (27%) und Dautphe (29%) verzeichnet. In den weiteren Projektgewässern lag dieser Anteil zwischen 33% im Treisbach und 47% in der Rosphe und dem Abschnitt Wohra I Haina (Abb. 1, 2; Tab. 1).

Durch die im Vergleich zu Schmidt und Schulz (2025) größere Stichprobe an Wildfängen ließen sich Besatztiere aus den Maßnahmen zur Förderung der „Burgwalforelle“ in allen Projektgewässern mit sehr hoher Sicherheit dokumentieren. Der Anteil dieser Tiere beträgt im Gros zwischen etwa ein Drittel und der Hälfte der getesteten Fische in den Populationen. Bemerkenswert erschien, dass, wie bereits in Schmidt und Schulz (2025) festgestellt, der Anteil an Besatztieren im Josbach deutlich höher war als in allen anderen Gewässern und die Anteile in Ohe/Einhäuser Wasser und Dautphe am niedrigsten. Diese Kontinuität der Ergebnisse deutet darauf hin, dass der Erfolg der Ansiedlungsmaßnahmen von bestimmten, lokalen Umweltfaktoren beeinflusst wird.

Eine Auflistung der je zwei Elterntier-Zuordnungen für die einzelnen Wildfänge ist in Tab. A1 im Anhang angeführt und wird als Datentabelle elektronisch übermittelt.

4. Empfehlungen

- Die Elternschaftsanalysen konnten Besatzfische mit hoher Zuverlässigkeit von Wildfischen aus Eigenreproduktion unterscheiden und es zeigten sich z.T. deutlich unterschiedliche Anteile von Besatzfischen in den Projektgewässern. Elternschaftsanalysen sollten daher weiterhin zum Monitoring des Besatzprogramms nutzbringend angewendet werden.
- Das Monitoring sollte entlang des gesamten Untersuchungsdesigns von der Probennahme und Dokumentation bis zur statistischen Auswertung weiter optimiert werden, um die Potentiale dieses Instruments praxisbezogen vollumfänglich auszuschöpfen.

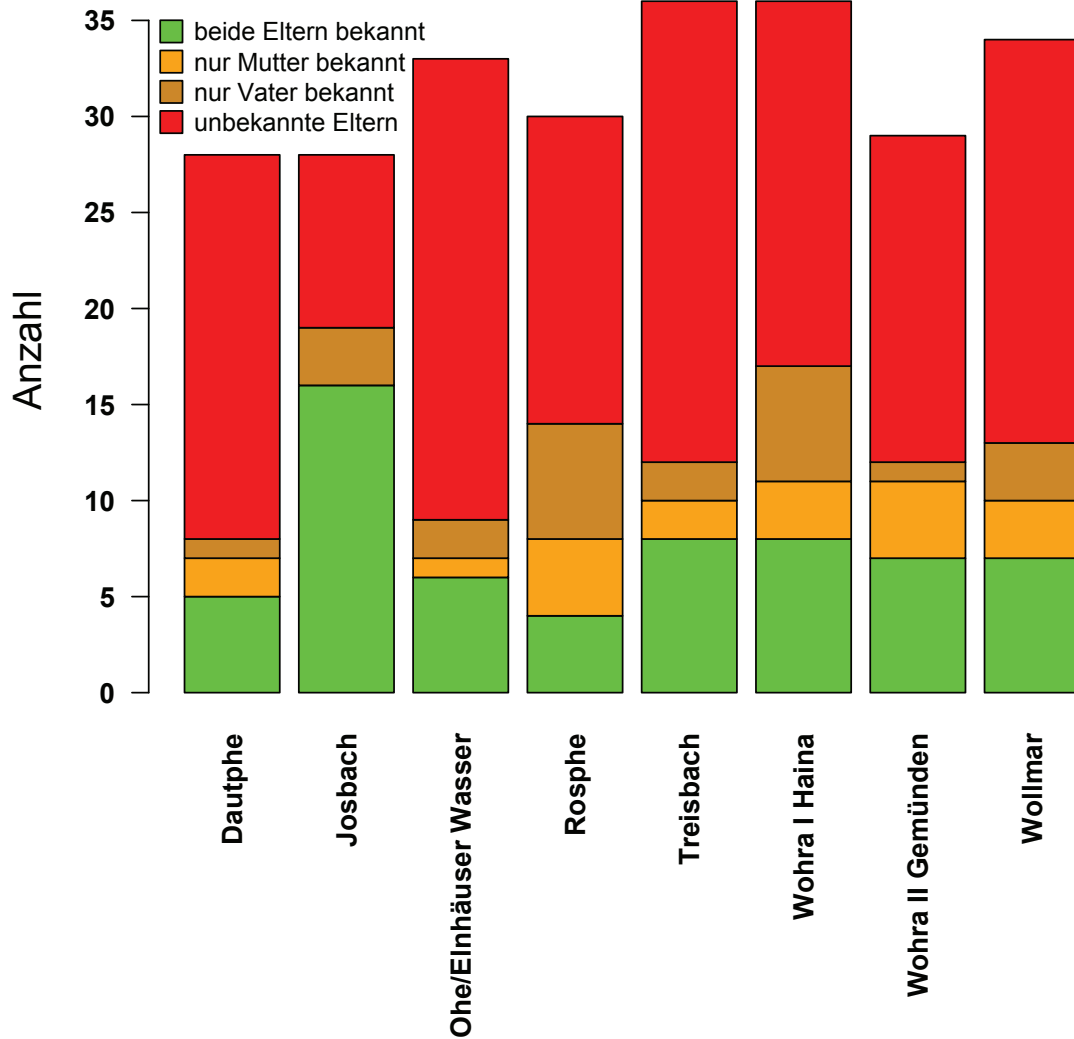


Abbildung 1: Anzahlen der Zuordnungen aus den Elternschaftsanalysen der Wildfänge je Projektgewässer zu den Kategorien beide Eltern bekannt, nur Mutter bekannt, nur Vater bekannt und unbekannte Eltern.

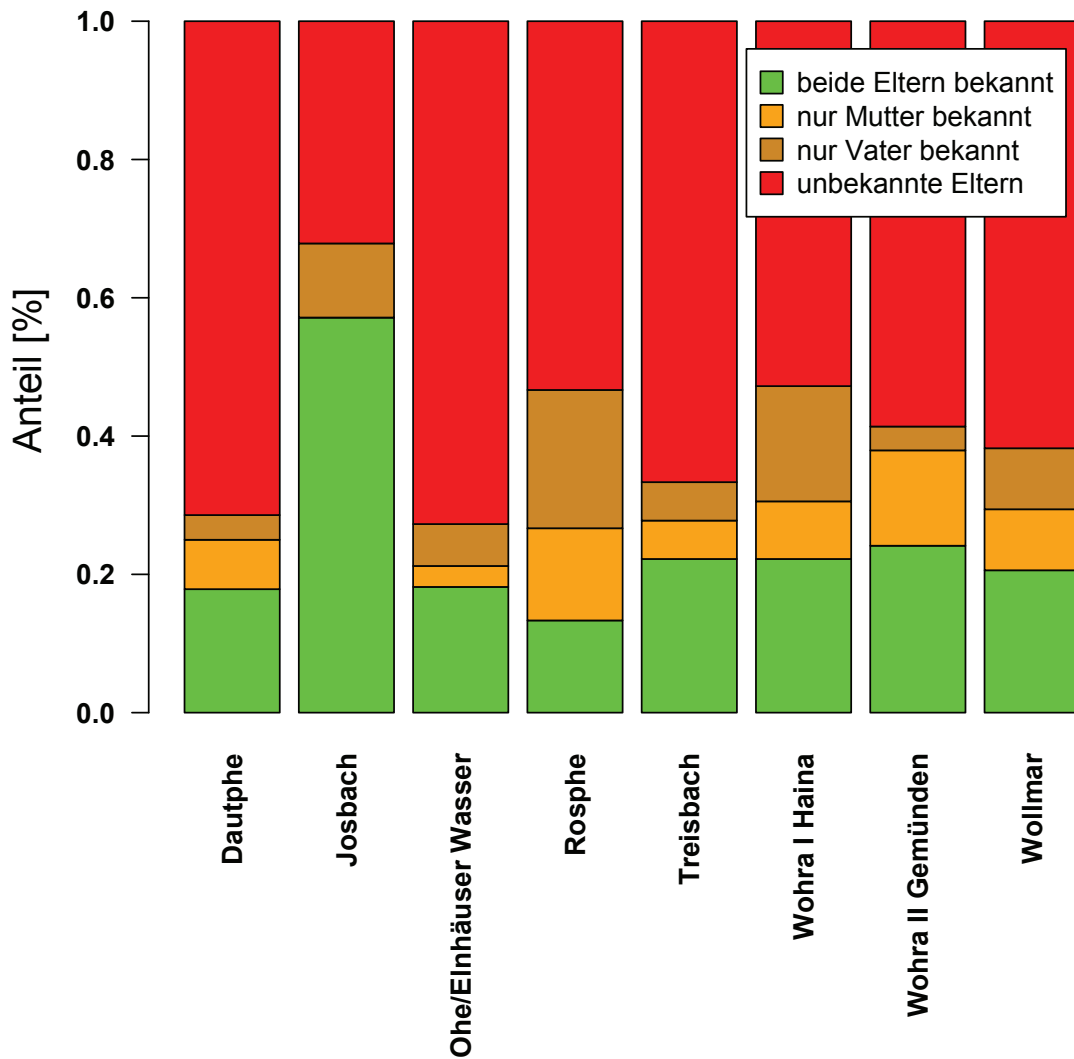


Abbildung 2: Prozentuale Anteile der Zuordnungen aus den Elternschaftsanalysen der Wildfänge je Projektgewässer zu den Kategorien beide Eltern bekannt, nur Mutter bekannt, nur Vater bekannt und unbekannte Eltern.

Tabelle 1: Anzahlen und Anteile der Zuordnungen aus den Elternschaftsanalysen der Wildfänge zu zwei bekannten (Vater und Mutter bekannt), einem bekannten und einem unbekanntem (Vater oder Mutter bekannt) und zwei unbekanntem (Eltern unbekannt) Elternteilen, sowie die Anzahl der Proben (Σ) je Projektgewässer.

Herkunft	Vater <i>und</i> Mutter bekannt	Vater <i>oder</i> Mutter bekannt	Eltern unbekannt	Σ
Dautphe	5 (18%)	3 (11%)	20 (71%)	28
Josbach	16 (57%)	3 (11%)	9 (32%)	28
Ohe/Einhäuser Wasser	6 (18%)	3 (9%)	24 (73%)	33
Rosphe	4 (13%)	10 (33%)	16 (53%)	30
Treisbach	8 (22%)	4 (12%)	24 (67%)	36
Wohra I Haina	8 (22%)	9 (25%)	19 (53%)	36
Wohra II Gemünden	7 (24%)	5 (17%)	17 (59%)	29
Wollmar	7 (21%)	6 (18%)	21 (62%)	34

Referenzen

- Duchesne P, Castric T, Bernatches L. 2005. pasos (parental allocation of singles in open systems): a computer program for individual parental allocation with missing parents. *Mol Ecol Notes* 5: 701–704.
- Schmidt T, Schulz R. 2020. Genetische Untersuchungen zur Erfolgskontrolle von bestandsstützenden Maßnahmen zugunsten der Seeforelle am Chiemsee. Zwischenbericht (Modul I), Erstellt im Auftrag des Landesfischereiverbandes Bayern e.V. Ökosystemforschung Anlage Eußerthal, Universität Koblenz-Landau.
- Schmidt T, Schulz R. 2021. Genetische Untersuchungen zur Erfolgskontrolle von Besatzmaßnahmen im Hotspot-Projekt „Alpenflusslandschaften – Vielfalt leben von Ammersee bis Zugspitze“; Teilprojekt „Wiederaufbau einer Seeforellenpopulation in der Ammer – Bestandstützende Maßnahmen zugunsten der Ammersee-Seeforelle“. Zweiter Bericht im Auftrag des Landesfischereiverbandes Bayern e.V. Ökosystemforschung Anlage Eußerthal, Universität Koblenz-Landau.
- 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.
- Schmidt, T, Schulz, R 2025. Genetische Elternschaftsanalysen zum Projekt „Burgwaldforelle“. Kurzbericht an das Regierungspräsidium Gießen, iES Landau, Institut für Umweltwissenschaften, Rheinlandpfälzische Technische Universität Kaiserslautern-Landau, Landau, Deutschland
- 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.