

The background of the cover is a photograph of a river with white water rapids. The water is turbulent and white with foam. In the foreground, there are dark, bare tree branches extending from the right side towards the center. The sky is overcast and grey. A dark blue horizontal bar is positioned at the top of the page, containing the title text in white.

# POPULATIONSGENETISCHE UNTERSUCHUNG DER FORELLEN IM KANTON AARGAU

## 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](mailto:jagd_fischerei@ag.ch)

### Auftragnehmer

Aquabios GmbH  
Les Fermes 57  
CH-1792 Cordast  
E-Mail : [info@aquabios.ch](mailto:info@aquabios.ch)  
<http://www.aquabios.ch>

### Autoren

Pascal Vonlanthen: [p.vonlanthen@aquabios.ch](mailto:p.vonlanthen@aquabios.ch)  
Thomas Kreienbühl: [thomas.kreienbuehl@ecqua.ch](mailto:thomas.kreienbuehl@ecqua.ch)  
Corinne Schmid: [coschmi19@gmail.com](mailto:coschmi19@gmail.com)

**Zitiervorschlag:** Volanthen, P., Kreienbühl, T., Schmid, C. 2017. Populationsgenetische Untersuchung der Forellen im Kanton Aargau. Aquabios GmbH, Auftraggeber: Departement Bau, Verkehr und Umwelt, Sektion Jagd und Fischerei, Kanton Aargau.

### Verdankungen

Wir bedanken uns bei der Sektion Jagd und Fischerei vom Kanton Aargau für den Auftrag, allen Beteiligten bei den zahlreichen Probenahmen und Jennifer Vonlanthen-Heuck für die kritische Durchsicht des Dokumentes.

# Inhaltsverzeichnis

<b>1</b>	<b>ZUSAMMENFASSUNG</b> .....	<b>5</b>
<b>2</b>	<b>EINLEITUNG</b> .....	<b>6</b>
2.1	FISCHRÜCKGANG, BESATZ UND GENETISCHE VIELFALT.....	6
2.2	BEWIRTSCHAFTUNG IM KANTON AARGAU .....	6
2.3	BIOLOGIE DER FORELLE.....	7
2.4	FRAGESTELLUNG UND AUFTRAG .....	8
<b>3</b>	<b>PROBENAHEME</b> .....	<b>8</b>
<b>4</b>	<b>GIBT ES ZWISCHEN FORELLEN DER VERSCHIEDENEN GEWÄSSER IM KANTON AARGAU GENETISCHE UNTERSCHIEDE?</b> .....	<b>11</b>
4.1	GENETISCHE DIFFERENZIERUNG ZWISCHEN PROBENAHEME-STANDORTEN .....	11
4.2	GENETISCHE UNTERSCHIEDE ZWISCHEN EINZUGSGEBIETEN .....	14
4.3	GENETISCHE UNTERSCHIEDE IN FLÜSSEN.....	14
<b>5</b>	<b>SIND DIE FORELLEN AUS DEN FISCHZUCHTEN FÜR BESATZMASSNAHMEN GEEIGNET?</b> .....	<b>17</b>
5.1	GENETISCHE UNTERSCHIEDE ZWISCHEN ZUCHTFISCHEN UND WILDFISCHEN .....	17
5.2	GENETISCHE UNTERSCHIEDE ZWISCHEN AUFZUCHTGEWÄSSER UND IHREN BESATZGEWÄSSERN.....	19
<b>6</b>	<b>EINFLÜSSE DER BISHERIGEN BESATZPRAXIS AUF DIE GENETIK DER WILDPOPULATIONEN</b> .....	<b>21</b>
6.1	GENETISCHE UNTERSCHIEDE ZWISCHEN FISCHZUCHTEN UND BESATZGEWÄSSER .....	21
6.2	GENETISCHE VIELFALT UND INZUCHT IN DEN FISCHZUCHTEN .....	21
6.3	ISOLATION DER POPULATIONEN ÜBER DIE GEWÄSSERDISTANZ .....	22
<b>7</b>	<b>EMPFEHLUNGEN FÜR BEWIRTSCHAFTUNGSEINHEITEN</b> .....	<b>24</b>
7.1	VORGEHEN BEI DER DEFINITION VON BEWIRTSCHAFTUNGSEINHEITEN.....	24
7.1.1	<i>Gesetzliche Bestimmungen</i> .....	24
7.1.2	<i>Populationsgenetische Grundlagen</i> .....	24
7.2	BEURTEILUNG BESATZERFOLG .....	25
7.3	ÜBERSICHT TEILEINZUGSGEBIETE .....	26
7.4	ÜBERSICHT BEWIRTSCHAFTUNGSEINHEITEN.....	28
<b>8</b>	<b>SCHLUSSFOLGERUNGEN</b> .....	<b>29</b>
8.1	GENETISCHE RESULTATE .....	29
8.2	EMPFEHLUNGEN FÜR DIE ZUKÜNFTIGE BEWIRTSCHAFTUNG.....	30
<b>9</b>	<b>GLOSSAR</b> .....	<b>31</b>
<b>10</b>	<b>LITERATURVERZEICHNIS</b> .....	<b>34</b>
<b>11</b>	<b>ANHANG</b> .....	<b>36</b>
11.1	LABORARBEITEN.....	36
11.2	STATISTISCHE AUSWERTUNGEN.....	36
11.3	BASISANALYSEN .....	37
11.4	EMPFOHLENE BEWIRTSCHAFTUNGSEINHEITEN .....	38
11.4.1	<i>Teileinzugsgebiet Wigger (TEZG 1)</i> .....	38
11.4.2	<i>Teileinzugsgebiet Suhre (TEZG 2)</i> .....	41
11.4.3	<i>Teileinzugsgebiet Aabach (TEZG 3)</i> .....	45

11.4.4	<i>Teileinzugsgebiet Bünz (TEZG 4)</i> .....	48
11.4.5	<i>Teileinzugsgebiet Reuss (TEZG 5)</i> .....	51
11.4.6	<i>Einzugsgebiet Limmat (TEZG 6)</i> .....	54
11.4.7	<i>Teileinzugsgebiet Aare (TEZG 7)</i> .....	57
11.4.8	<i>Teileinzugsgebiet Surb (TEZG 8)</i> .....	60
11.4.9	<i>Teileinzugsgebiet Klingnau (TEZG 9)</i> .....	63
11.4.10	<i>Teileinzugsgebiet Rhein (TEZG 10)</i> .....	66
11.4.11	<i>Teileinzugsgebiet Sissle (TEZG 11)</i> .....	69
11.4.12	<i>Teileinzugsgebiet Möhlinbach (TEZG 12)</i> .....	72

# 1 Zusammenfassung

Seit einigen Jahren werden genetische Methoden bei der Bewirtschaftung von Wildtierbeständen vermehrt hinzugezogen. Sie liefern den Bewirtschaftern wichtige Informationen über die genetische Vielfalt innerhalb von Populationen und erlauben es, genetische Unterschiede zwischen Populationen festzustellen. Mit der vorliegenden Studie möchte der Kanton Aargau die genetischen Eigenschaften der Bachforellen der kantonalen Gewässer und Fischzuchten (FZ) untersuchen. Die Resultate sollten anschliessend genutzt werden, um biologisch sinnvolle Bewirtschaftungseinheiten (BWE) zu definieren.

Insgesamt wurden beinahe 3000 Bachforellen aus 72 Gewässerstrecken und allen Fischzuchten analysiert. 93% der beobachteten genetischen Unterschiede zwischen den natürlichen Probestandorten (ohne Fischzuchten) sind statistisch signifikant. Folglich findet nur wenig Genaustausch zwischen diesen Gewässern statt. Innerhalb der untersuchten Standorte konnte bei Forellen in der Regel eine genügend grosse genetische Vielfalt beobachtet und in den Fischzuchten ebenfalls keine Hinweise auf Inzucht festgestellt werden.

Lediglich zwei der untersuchten Probenahmen aus besetzten Gewässern (insgesamt 29) zeigten keine signifikante genetische Differenzierung gegenüber den Fischen aus den Fischzuchten. Weiter unterschieden sich die im Herbst abgefischten Sömmerlinge in sieben von neun untersuchten Aufzuchtgewässern genetisch signifikant vom Besatzmaterial aus der Fischzucht. Deshalb eignen sich diese Fische in den meisten Gewässern nicht für Besatzmassnahmen. Zudem unterschieden sich in sieben von neun Aufzuchtgewässern die im Herbst abgefischten Sömmerlinge genetisch signifikant von den Bachforellen im Besatzgewässer. Das ist ein Hinweis darauf, dass sich die Besatzfische aus den Aufzuchtgewässern auch nicht für den Besatz in die jeweiligen Besatzgewässer eignen.

Die Untersuchung von Forellen der grossen Flüsse zeigt im Unterschied zu den Forellen aus unterschiedlichen Bächen eher kleinere genetische Unterschiede. Die genetische Differenzierung zwischen den Flüssen und deren direkten Zuflüssen sind aber signifikant. Grundsätzlich sollten daher die vier grossen Flüsse getrennt und separat von ihren Zuflüssen bewirtschaftet werden.

Weiter zeigen die Resultate, dass Genfluss aus den Fischzuchten in die natürlichen Populationen stattgefunden hat. Trotzdem die genetischen Unterschiede zwischen den natürlichen Probestandorten in der Regel statistisch signifikant. Dies zeigt, dass trotz jahrzehntelanger Besatzmassnahmen noch lokale Populationen vorhanden sind. Diese Resultate lassen auch vermuten, dass die natürliche Fortpflanzung in vielen Gewässern eine wichtige Rolle spielt. Würden die meisten Fische aus dem Besatz stammen, wären nur sehr geringe und nicht signifikante Unterschiede zwischen den Fischzuchten und den Forellen in den Gewässern zu erwarten. Dies war allerdings nicht der Fall.

Auf Grund der genetischen Resultate und aufbauend auf einem durch das Bundesamt für Umwelt (BAFU) ausgearbeiteten Verfahren wurden in Zusammenarbeit mit der Fischereibehörde des Kantons Aargau insgesamt 35 Bewirtschaftungseinheiten (BWE) definiert. Die hohe Anzahl genetisch differenzierte Gewässer hätte eine deutlich höhere Anzahl BWE gerechtfertigt, darauf wurde jedoch zu Gunsten der Praxistauglichkeit verzichtet. Die Bewirtschaftung, dazu gehören der Laichfischfang, die Aufzuchtgewässer und die Besatzgewässer, sollten in Zukunft ausschliesslich innerhalb der Grenzen dieser BWE stattfinden.

## 2 Einleitung

### 2.1 Fischrückgang, Besatz und genetische Vielfalt

Der Druck auf unsere Gewässer, der z.B. durch die Energieproduktion, den Hochwasserschutz, die Landwirtschaft, Infrastrukturanlagen, der Wasserqualität und den Klimawandel entsteht, ist immens. An den Fischen geht dies nicht spurlos vorbei. So sind die Bestände, auch die der Forelle, in den letzten Jahrzehnten in vielen Gewässern stark zurückgegangen. Um diesem Trend entgegenzuwirken, wurde unter anderem auch der Fischbesatz eingeführt. Die Hoffnung war, dass die negativen Auswirkungen der Veränderungen im Gewässer zumindest teilweise kompensiert werden können. Dies war allerdings nicht der Fall und die Besatzmassnahmen wurden intensiviert. Heute sind Besatzmassnahmen aus der fischereilichen Bewirtschaftung kaum wegzudenken. Trotzdem mehren sich - insbesondere seit der Weiterentwicklung der molekularbiologischen Methoden - die Stimmen aus der Wissenschaft, die den Nutzen des Besatzes hinterfragen, da diese Besatzmassnahmen lokal angepasste Populationen und somit die genetische Vielfalt beeinträchtigen können [1].

Die genetische Vielfalt der lebenden Organismen bildet, gemeinsam mit der Artenvielfalt und die Vielfalt der Ökosysteme, eine der drei Grundpfeiler für die globale Biodiversität. Es ist erwiesen, dass die genetische Vielfalt für das Überleben einer Art eine entscheidende Rolle spielt [2]. Die genetischen Eigenschaften einer Population entwickeln sich fortlaufend mit den Umweltbedingungen. Dies z.B. durch die natürliche Selektion, die in jeder Generation diejenigen genetischen Eigenschaften bevorzugt, die einem Individuum eine erhöhte Überlebens- und Fortpflanzungsfähigkeit ermöglichen [1, 3]. Der Einfluss der natürlichen Selektion und der genetischen Drift auf eine Population hängt stark von deren Grösse ab. Kleine und isolierte Populationen sind dabei in der Regel wesentlich empfindlicher gegenüber Drift als grössere Populationen, bei denen die Selektion wirkungsvoller sein kann[2].

Zusätzlich besteht bei kleinen Populationen die Gefahr, dass Inzuchtphänomene auftreten. Diese können wegen Akkumulation schädlicher Allele zum Aussterben einer Population führen. Anders als bei Grosssäugetieren sind Inzuchtphänomene bei Fischen, die in einer natürlichen Umgebung leben, eher selten. Diese Gefahr besteht daher vor allem in Fischzuchten (FZ).

Oft wird angenommen, dass durch Besatzmassnahmen mit Fischen aus genetisch unterschiedlichen Populationen die Überlebensfähigkeit der Fische erhöht wird, da die genetische Vielfalt einer lokalen Population erhöht wird. Diese Annahme ist allerdings nur in Bezug auf Populationen mit Inzuchteffekten gerechtfertigt. Wenn keine Inzuchtproblematik vorliegt, sind negative genetische Veränderungen zu erwarten, die sich auf die Überlebensfähigkeit (Fitness) der Population auswirken. Eine künstliche Vermischung von Populationen kann also zum Verlust von lokalen Anpassungen führen und so die Überlebensfähigkeit einer lokalen Population reduzieren (Siehe auch Kapitel 2.3).

Von einer fischereilichen Bewirtschaftung, die ungeachtet der Herkunft von Besatzfischen praktiziert wird, geht demnach eine erhebliche Bedrohung für die genetische Integrität und möglicherweise auch für die Fitness der lokalen Bestände aus [1]. Das Ziel einer nachhaltigen Bewirtschaftung der Fischbestände muss daher sein, die genetischen Ressourcen einer lokal angepassten Population zu erhalten. Deshalb sollten entsprechende Bewirtschaftungseinheiten (BWE) ausgeschieden und bei der Bewirtschaftung berücksichtigt werden.

### 2.2 Bewirtschaftung im Kanton Aargau

Das Bundesgesetz über die Fischerei (BGF, SR 923.0) verlangt für den Einsatz von standortfremden Fischen eine Bewilligung durch den Bund (Art. 6 BGF). Durch die Erteilung dieser "Artenschutzbewilligung" soll der freie

Transfer von Fischen aus verschiedenen Einzugsgebieten verhindert werden. Dies wird heute in der Schweiz und auch im Kanton Aargau berücksichtigt.

Der Einsatz von einheimischen Fischen innerhalb des gleichen Einzugsgebiets bleibt ohne Bewilligung des Bundes möglich (Art. 8 Abs. 2 Verordnung zum Bundesgesetz über die Fischerei, VBGF, SR 923.1), wobei es in der Kompetenz der Kantone liegt, lokal relevante Bewirtschaftungseinheiten zu bestimmen (Art. 8 Abs. 3 VBGF). Dabei gelten unter anderem Populationen mit genetischen Differenzierungen als "standortfremd" (Art. 6 Abs. 2 Bst. c VBGF).

Bis heute wurde im Kanton Aargau angenommen, dass eine Bewirtschaftung der Fischbestände mit aus dem Kanton stammendem Besatzmaterial einer nachhaltigen Bewirtschaftung in Bezug auf die Genetik genügt und der Gesetzgebung entspricht. Das von der Fischereiverwaltung unter der Mitarbeit der Fischereikommission verabschiedete Besatzkonzept vom Februar 2011 sieht einen Fischeinsatz von standortgerechten Besatzfischen vor. Die Fischereifachstelle des Kantons Aargau nahm bisher an, dass es sich bei den Forellen im Kanton Aargau um eine einzige Population handelt, nämlich die des Rheineinzugsgebietes. Verschiedene genetische Studien haben in den letzten Jahren allerdings gezeigt, dass bei Forellen auf kleinem Raum genetisch differenzierte Populationen vorkommen [4].

## 2.3 Biologie der Forelle

Forellen laichen gewöhnlich auf kiesigem Substrat. Um die Laichgründe zu erreichen, nehmen Forellen kleinere bis mittlere Wanderungen auf sich. Die Forellen zeigen dabei wie die Lachse ein ausgeprägtes Homingverhalten [5, 6]. So migrieren die meisten Fische in ihr Geburtsgewässer, um sich fortzupflanzen. Dieses Verhalten der Forellen hat Konsequenzen auf den Genfluss zwischen den Populationen, denn dieser wird ohne Wanderhindernisse durch dieses Verhaltensmuster natürlich eingeschränkt. Dies führt dazu, dass sich Forellen auch innerhalb eines Flusssystemes auf engstem Raum genetisch unterscheiden [4, 7].

Nach der Fortpflanzung kehren die Forellen in der Regel in ihren angestammten Lebensraum zurück. Die Brütlinge verbringen meist einige Zeit in ihren Geburtsgewässern. Danach wandert ein Teil der Fische natürlich flussabwärts ab.

Ausserhalb der Laichzeit lebt die Forelle in unterschiedlichen Habitaten und ihr äusseres Erscheinungsbild (Abbildung 3-3) kann stark variieren [5, 8]. Sie lebt oft in kühlen Bächen der Forellenregion, kommt allerdings auch in geringeren Dichten in den Flüssen und Seen des Kantons vor. Die Lebensräume unterscheiden sich dabei von Gewässer zu Gewässer mehr oder weniger stark in der Wassertemperatur, der Hydrologie, dem Geschiebetrieb, vorkommenden Krankheiten, dem Nahrungsangebot oder der Gewässer- sowie der Lebensraumqualität.

All diese Faktoren führen dazu, dass sich Forellen durch Evolution, d.h. als Antwort auf die natürliche Selektion, genetisch an die lokalen Umweltbedingungen anpassen können [9]. Diese Anpassung bringt einer Forellenpopulation Vorteile in Bezug auf das Überleben und den Fortpflanzungserfolg (höhere Fitness) in ihrem eigenen Lebensraum. Sie sind kompetitiver und besser an die dort herrschenden Bedingungen angepasst als Fische aus anderen Lebensräumen. Durch Besatzmassnahmen mit Fischen aus anderen Gewässern oder Zuchten, die sich an die entsprechenden Lebensräume angepasst haben, kann es durch genetische Vermischung zu einem Verlust dieser lokalen Anpassungen kommen. In der Folge zeichnen sich die Fische durch eine geringere Fitness aus [3, 10].

## 2.4 Fragestellung und Auftrag

Folgende Fragestellungen standen im Fokus dieser Arbeit:

- Gibt es zwischen Forellen der verschiedenen Gewässer im Kanton Aargau genetische Unterschiede (kantonale Übersicht)?
- Sind die Forellen aus den Fischzuchten für Besatzmassnahmen, bezogen auf die Gesetzgebung und das Besatzkonzept, in den jeweiligen Gewässern geeignet?
- Bestehen genetische Unterschiede zwischen den im Herbst abgefischten Sömmerlingen aus den Aufzuchtgewässern und den jeweiligen Fischzuchten, bzw. deren Besatzgewässern?
- Können Konsequenzen der bisherigen Besatzmassnahmen auf die Genetik der lokalen Forellen festgestellt werden?
- Wie viele lokale Bewirtschaftungseinheiten sollten aufgrund der genetischen Ergebnisse im Kanton Aargau ausgeschieden werden?

## 3 Probenahme

Die Probenahme der Forellen aus den kantonalen Gewässern (Abbildung 3-2) wurden durch die Sektion Jagd und Fischerei durchgeführt. Pro Standort wurden 150-300 m des Gewässers elektrisch befishcht und möglichst von adulten Forellen eine kleine Gewebeprobe für die genetische Analyse entnommen. Insgesamt wurden 2641 Forellen untersucht. Dabei wurden 383 Forellen aus Zuchten, 2016 Forellen aus Bächen, 191 Forellen aus Flüssen, und 51 Forellen aus dem Hallwilersee in die Studie miteinbezogen.



**Abbildung 3-1.** Viele der Proben wurden nach Elektrofischungen gesammelt.



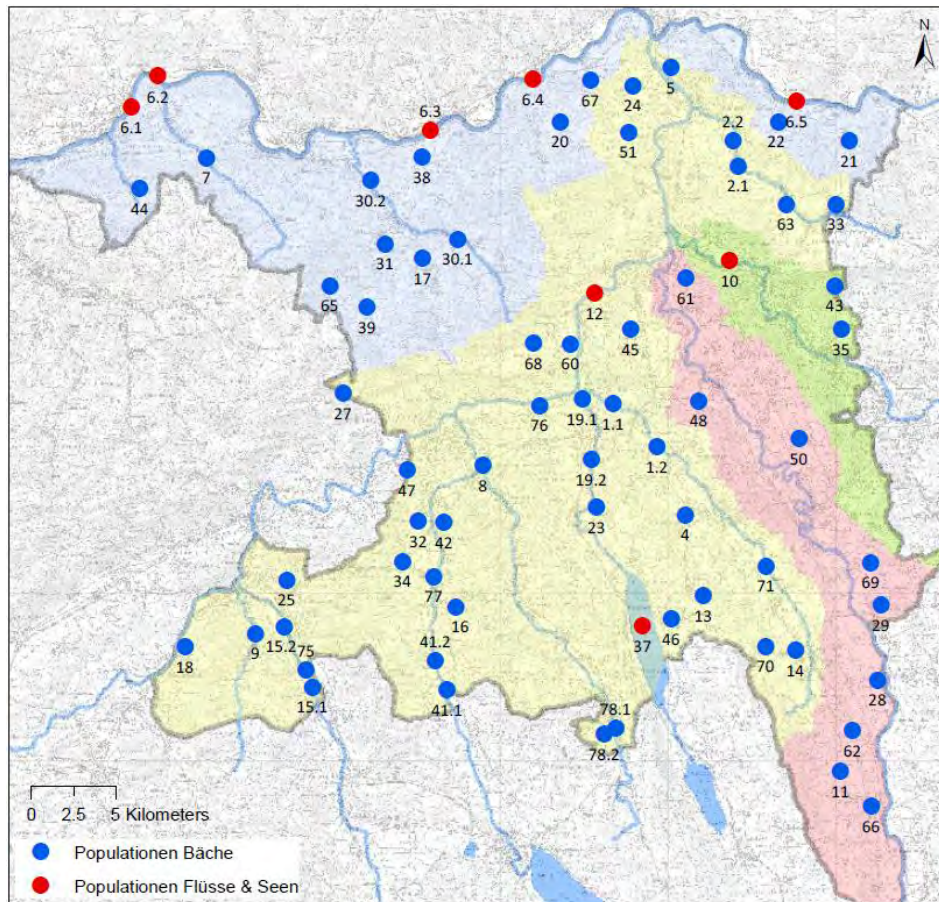


Abbildung 3-2. Standorte der Probenahmen in den Gewässern des Kantons Aargau.

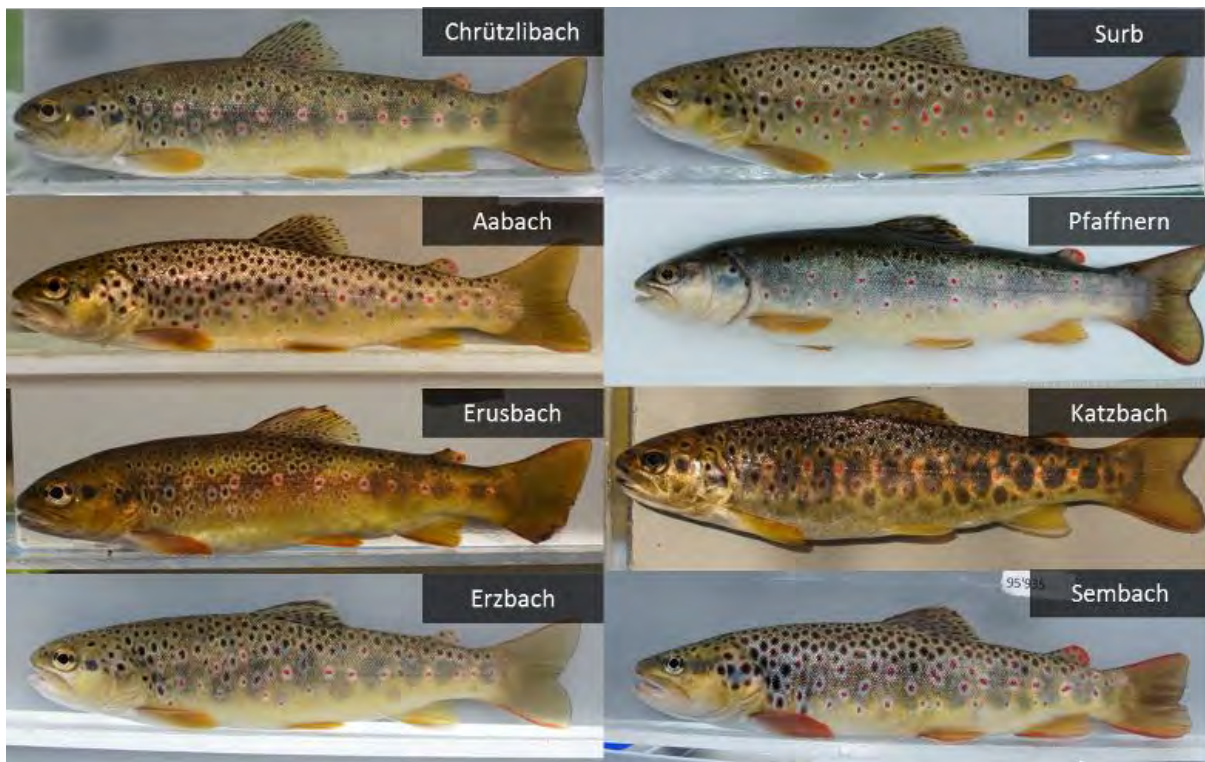


Abbildung 3-3. Vielfältiges Erscheinungsbild einiger Forellen im Kanton Aargau.

**Tabelle 3-1.** Liste der Probenahme-Standorte. Die Standort Nr. entspricht der Nummer auf der Karte (Abbildung 3-2). Bei manchen Standorten wurde die Nr. aufgeteilt (z.B. 40.1, 40.2), was mit verschiedenen Probenahme-Standorten im selben Gewässer begründet ist.

Typ	Einzugsgebiet	Gewässer	Standort Nr.	Revier	Koordinaten X	Koordinaten Y	Anzahl Fische
Bach	Aare	Bünz	1.1	624	656744	251228	32
Bach	Aare	Bünz	1.2	92	659373	248634	35
Bach	Aare	Surb	2.1	45	664196	265394	30
Bach	Aare	Surb	2.2	45	663885	266899	30
Bach	Aare	Holzbach	4	86	661042	244604	35
Bach	Aare	Sickerwasserkanal	5	211	660189	271228	36
Bach	Aare	Wyna	8	694	648996	247523	30
Bach	Aare	Pfaffern	9	128	635485	237528	26
Bach	Aare	Erusbach	13	87	662112	239778	29
Bach	Aare	Katzbach	14	103	667593	236542	28
Bach	Aare	Wiqer	15.1	125	638868	234324	32
Bach	Aare	Wigger	15.2	124	637201	237942	24
Bach	Aare	Ruederchen	16	674	647398	239122	32
Bach	Aare	Riknerbach	18	131	631286	236747	36
Bach	Aare	KIW-Kanal/Aabch	19.1	673/94/95/96/600	654932	251494	41
Bach	Aare	Aabach	19.2	602	655464	247883	32
Bach	Aare	Egliswiler Dorfbach	23	98	655769	245028	40
Bach	Aare	Guntenbach	24	55	657935	270154	31
Bach	Aare	Dorfbach Oftringen	25	132	637354	240700	41
Bach	Aare, Luzern	Luthern	26				18
Bach	Aare	Erzbach	27	78	640698	251812	33
Bach	Aare	Uerke	32	75/121	645160	244197	30
Bach	Aare	Hünikerbach	33	47	670025	263111	32
Bach	Aare	Köllikerbach	34	130	644240	241842	30
Bach	Aare	Gründelbach	41.1	120	646882	234178	30
Bach	Aare	Suhre	41.2	120	646194	235911	19
Bach	Aare	Talbächli	42	74	646695	244153	31
Bach	Aare	Süssbach	45	66	657794	255661	38
Bach	Aare	Meisterschwanderbach	46	644	660199	238396	30
Bach	Aare	Roggenhuberbach	47	232	644507	247235	30
Bach	Aare	Bruggbach	51	239	657668	267394	32
Bach	Aare	Erlibach	60	210	654223	254778	27
Bach	Aare	Rickenbach	63	56	667038	263105	30
Bach	Aare	Talbach	68	67	652033	254816	30
Bach	Aare	Wissenbach	70	106	665836	236775	25
Bach	Aare	Bünz	71	102	665855	241566	25
Bach	Aare	Wigger	75	125	634502	233352	28
Bach	Aare	Steinerkanal	76	101	652377	251101	33
Bach	Aare	Suhre	77	72/73/688	646091	240931	32
Bach	Aare	Wyna	78.1	115	656916	231892	31
Bach	Aare	Rickenbach	78.2	119	656217	231546	18
Bach	Limmat	Furtbach	35	632	670315	255630	30
Bach	Limmat	Gottesgraben	43	229	669946	258257	25
Bach	Reuss	Dorfbach Auw	11	633	670261	229294	31
Bach	Reuss	Sembach	28	104	672485	234776	30
Bach	Reuss	Jonen	29	85	672687	239228	31
Bach	Reuss	Schwarzgraben	48	230	661841	251394	46
Bach	Reuss	Künter Dorfbach	50	63	667804	249147	30
Bach	Reuss	Höhlbach	61	60	661079	258680	30
Bach	Reuss	Landbach	62	109	670986	231735	30
Bach	Reuss	Sinserbach	66	677-680	672104	227212	30
Bach	Reuss	Widenbach	69	84	672078	241746	30
Bach	Rhein	Möhlbach	7	206	632553	265864	38
Bach	Rhein	Staffeleqgbach	17	34	645419	259884	51
Bach	Rhein	Wilerbach	20	39	653603	268017	24
Bach	Rhein	Tägerbach	21	49	670808	266861	38
Bach	Rhein	Chrüzibach	22	53	666576	268025	43
Bach	Rhein	Sissle	30.1	30	647499	261021	31
Bach	Rhein	Sissle	30.2	29	642342	264506	29
Bach	Rhein	Bruggbach	31	31	643181	260733	30
Bach	Rhein	Kaisterbach	38	36	645390	265898	30
Bach	Rhein	Wöllinswilerbach	39	31	642109	256978	30
Bach	Rhein	Magdenerbach	44	26	628609	264018	30
Bach	Rhein	Wittnauerbach	65	32	639910	258234	29
Bach	Rhein	Dorfbach Leibstadt	67	50	655406	270474	18
Fischzucht		Fischzucht Hohler	3				30
Fischzucht		Fischzucht Flückiger	36				36
Fischzucht		Fischzucht Nadler	40.1				121
Fischzucht		Fischzucht Nadler	40.2				32
Fischzucht		Fischzucht Aue aus Bach	53				25
Fischzucht		Fischzucht Aue Limmat	54				25
Fischzucht		Fischzucht Ortsbürger Bremgarten	55				33
Fischzucht		Fischzucht PUA Sickerwasserkanal	57				26
Fischzucht		Fischzucht PUA Weiher Böttstein	58				25
Fischzucht		Fischzucht PUA Radaakanal	59				30
Fluss	Limmat	Limmat	10	640/21/643	663680	259756	39
Fluss	Rhein	KW Rheinfelden	6.1	2	628100	268930	29
Fluss	Rhein	KW Ryburg-Schwörstadt	6.2	2/3	629709	270717	33
Fluss	Rhein	KW Laufenburg	6.3	5/6	645912	267559	18
Fluss	Rhein	KW Albruck Dogern	6.4	6	651929	270598	13
Fluss	Rhein	KW Reckingen	6.5	9/10	667656	269287	34
Fluss	Aare	Aare	12	1, 18-20, 600, 604, 612			25
Stehgewässer	Aare	Hallwilersee	37	217	658504	238005	51
<b>Total</b>							<b>2641</b>

## 4 Gibt es zwischen Forellen der verschiedenen Gewässer im Kanton Aargau genetische Unterschiede?

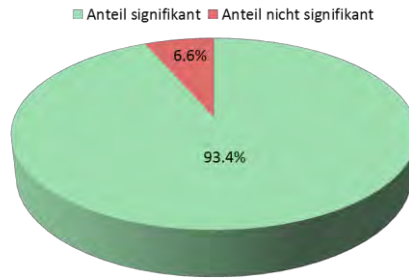
### 4.1 Genetische Differenzierung zwischen Probenahme-Standorten

Für die Definition von Bewirtschaftungseinheiten sind die Höhe des genetischen Unterschieds und die statistische Signifikanz entscheidend. Mit statistischen Methoden lässt sich, basierend auf zwei Stichproben, errechnen, wie gross die Wahrscheinlichkeit ist, einen gewissen genetischen Unterschied zu beobachten, obwohl dieser in der Natur eigentlich nicht vorhanden wäre. Wenn diese Wahrscheinlichkeit kleiner ist als 5%, sprechen Wissenschaftler von statistischer Signifikanz. Wenn also für den Vergleich von zwei Probenahme-Standorten ein Signifikanzwert (auch p-Wert genannt) von unter 5% berechnet wird, unterscheiden sich die Forellen der beiden Standorte statistisch signifikant voneinander. Der p-Wert hängt vom Ausmass der genetischen Differenzierung und von der Stichprobengrösse ab. In der Regel ist eine Stichprobe von ca. 30 Individuen pro Stichprobe notwendig, um eine vertrauenswürdige Berechnung des genetischen Unterschieds und der statistischen Signifikanz zu erreichen. Deshalb wurde im Feld versucht, mindestens jeweils ca. 30 Fische pro zu untersuchende Stelle zu beproben. Diese Anzahl konnte jedoch nicht immer erreicht werden. Um eine minimale statistische Aussagekraft zu wahren, wurden Standorte mit weniger als 18 Fischen von der Analyse ausgeschlossen oder die Proben von nahgelegenen Standorten entsprechend zusammengefasst.

Das meist angewandte Mass für die genetische Differenzierung ist der F<sub>ST</sub>-Wert (engl. für Fixation Index). Dieser kann Werte zwischen 0 (keine Differenzierung) und 1 (vollständig verschieden) annehmen. Dabei werden F<sub>ST</sub>-Werte zwischen 0 und 0.05 als Hinweis für eine schwache, Werte zwischen 0.05 und 0.15 für eine mässige, Werte zwischen 0.15 und 0.25 für eine starke, und Werte > 0.25 als Hinweis für eine sehr starke genetische Differenzierung angesehen [4]. Die Höhe des F<sub>ST</sub>-Wertes, der zwischen zwei Populationen beobachtet wird, hängt von verschiedenen Parametern ab. Die zwei wichtigsten dürften die genetische Drift und der Genfluss zwischen den verschiedenen Populationen sein. Unter dem Begriff genetische Drift wird die vom Zufall abhängige, nicht durch natürliche Selektion gesteuerte, Veränderung der genetischen Zusammensetzung (in der Fachsprache Allelfrequenz genannt) innerhalb einer Population verstanden. Sie führt dazu, dass genetische Unterschiede an neutralen Markern (z.B. Mikrosatellitensequenzen der DNS, die standardmässig bei solchen genetischen Studien untersucht werden) entstehen. Je kleiner dabei eine Population ist, desto rascher entstehen genetische Unterschiede. Demgegenüber führt der Genfluss dazu, dass sich genetisch unterschiedliche Populationen annähern, also genetisch vermischt werden. Die heute beobachteten genetischen Unterschiede sind also abhängig von den Populationsgrössen (heute und in der Vergangenheit) und dem Genfluss zwischen den Populationen. Dies führt dazu, dass bei verschiedenen Fischarten mit ihren unterschiedlichen biologischen Eigenschaften unterschiedlich hohe genetische Unterschiede beobachtet werden. Die Groppen beispielsweise weisen schweizweit sehr hohe genetische Unterschiede auf, dies weil sie in vielen kleinen Populationen vorkommen, und weil viele von diesen von den anderen isoliert sind. Dies auch, weil die Groppen im Verlauf ihres Lebens nur wenig wandern. Die genetische Drift ist also eher stark und der Genfluss eher klein [11, 12]. Ganz anders bei den Nasen. Sie leben in grossen Schwärmen in den Hauptgewässern des Mittellandes und steigen in die Seitengewässer zur Fortpflanzung auf. Sie sind dabei ziemlich wanderfreudig, scheinen aber kein ausgeprägtes Homing-Verhalten an den Tag zu legen. Konsequenterweise sind die genetischen Unterschiede zwischen den Populationen in der Schweiz (zumindest im Rhein unterhalb des Rheinfalls) sehr klein und statistisch nicht signifikant [13, 14].

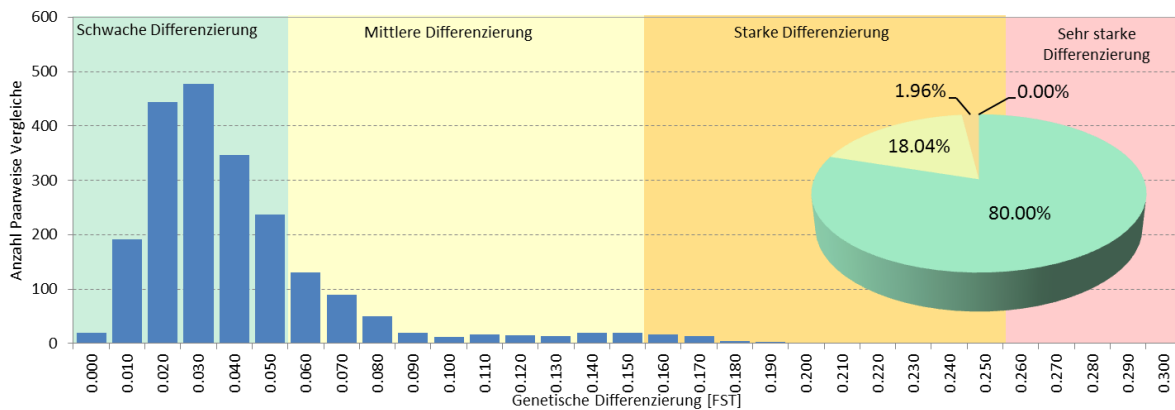
Für die Forellen der in dieser Studie untersuchten Standorte (Fischzuchten ausgenommen) wurden die F<sub>ST</sub>-Werte im Programm ARLEQUIN v. 3.1 [15] berechnet. Von 2145 paarweisen Vergleichen über den gesamten Kanton gemessen zeigten 2004 Vergleiche (93.4%) statistisch signifikante genetische Unterschiede (Abbildung 4-1). Fische der meisten Probenahme-Standorte sind also genetisch signifikant verschieden voneinander. In der Regel waren nur kleine genetische Unterschiede, die unter einem F<sub>ST</sub>-Wert von 0.01 liegen, nicht signifikant.

Sobald der  $F_{ST}$ -Wert über 0.02 liegt, ist er statistisch signifikant und somit auch für die Bewirtschaftung relevant.



**Abbildung 4-1.** Anteil signifikanter  $F_{ST}$ -Werte, die zwischen den verschiedenen Probenahme-Standorten im Kanton Aargau beobachtet wurden.

Wenn die paarweisen Vergleiche nach ihrem Ausmass eingeteilt werden, zeigt sich, dass 80 % dieser paarweisen Vergleiche zwischen den Standorten schwache genetische Unterschiede aufweisen (Abbildung 4-2). 18 % weisen mittlere genetische Unterschiede auf. 2 % weisen starke genetische Unterschiede auf. Über alle Standorte gemessen liegt der mittlere  $F_{ST}$  bei 0.037. Die Unterschiede liegen somit in einem ähnlichen Bereich wie in anderen in der Schweiz an Forellen durchgeführten genetischen Studien [4].



**Abbildung 4-2.** Häufigkeiten der im Kanton Aargau zwischen den Forellen der untersuchten Standorte beobachteten genetischen Unterschiede ( $F_{ST}$ -Werte, N=2145).

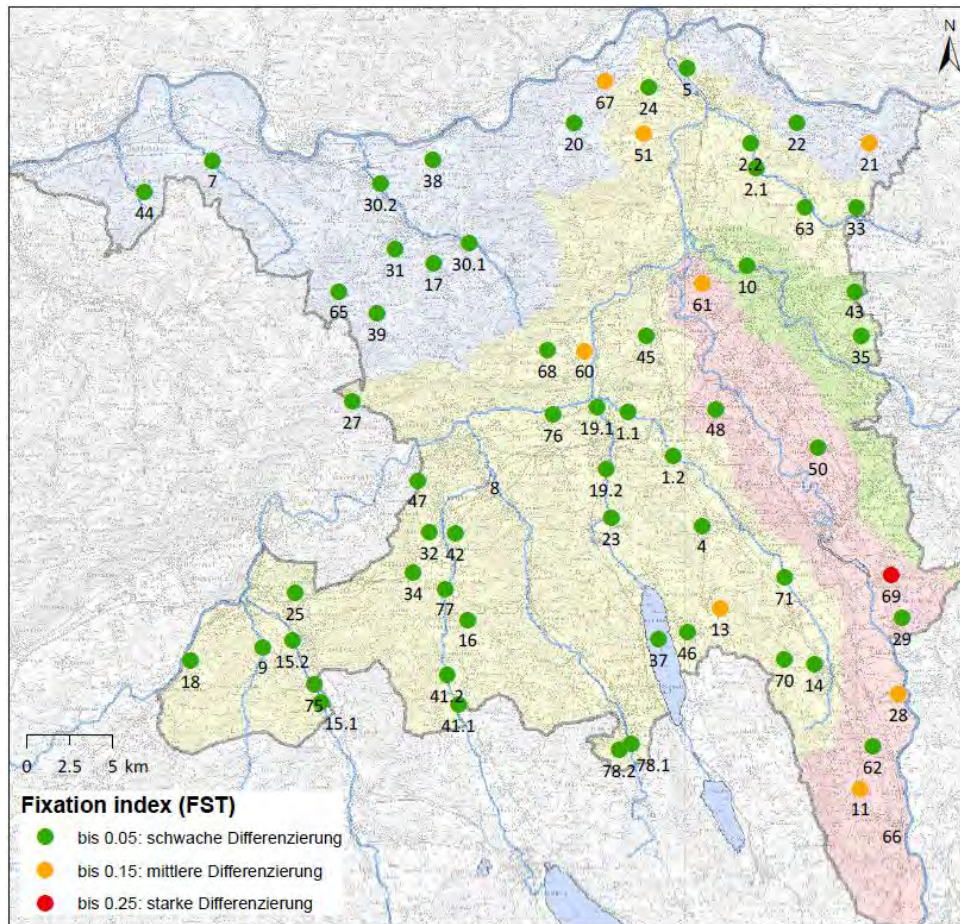
Über den gesamten Kanton gesehen sind die mittleren und hohen genetischen Unterschiede eher im Osten zu finden (Abbildung 4-3).

Werden die genetischen Unterschiede der einzelnen Probenahme-Standorte etwas genauer untersucht, fallen zwei auf, die besonders hohe genetische Unterschiede gegenüber anderen Standorten aufweisen (Widenbach [Standort Nr. 69] : mittlerer  $F_{ST}$ = 0.158; Bruggbach [Standort Nr. 51]: mittlerer  $F_{ST}$ = 0.122), während alle anderen Probenahme-Standorte schwache bis mässige Differenzierungen aufweisen ( $F_{ST}$  im Mittel zwischen 0 und 0.063).

Zwei Ursachen können die beobachteten hohen Werte der beiden Probenahme-Standorte erklären:

1. Der genetische Unterschied zwischen zwei Populationen hängt wie bereits erläutert stark vom Genfluss, also der Migration zwischen zwei Populationen ab. Umso weniger Individuen zwischen den Populationen migrieren, desto grösser wird die genetische Differenzierung mit der Zeit. Die geringe Migrationsrate kann beispielsweise durch natürliche oder künstliche Wanderhindernisse verursacht werden.

2. Der genetische Unterschied ist ebenfalls von der genetischen Drift abhängig. Diese genetische Drift ist abhängig von der Populationsgrösse. Je kleiner eine Population, zum Beispiel wenn sie im Oberlauf eines Gewässers lebt und durch ein Wanderhindernis vom Unterlauf getrennt ist, desto stärker ist die genetische Drift. Vor allem auch kleine Gründerpopulationen (sogenannte demografische Flaschenhälse) führen zu starker genetischer Drift.



**Abbildung 4-3.** Mittlere  $F_{ST}$ -Werte der untersuchten Probenahme-Standorte mit einer Stichprobengrösse von mehr als 18 Individuen. Die Farbe der Punkte entspricht dem mittleren genetischen Unterschied gegenüber allen anderen Standorten.

Die beiden Probenahme-Standorte zeigen in den Basisanalysen eine verringerte genetische Vielfalt, signifikante  $F_{IS}$ -Werte und ein erhöhtes Auftreten von Linkage Disequilibrium (Anhang 9.1). Eine weitere Analyse (mit dem Programm Colony) zeigt zudem, dass viele der beprobten Fische als Vollgeschwister oder Halbgeschwister eingestuft werden. Die Standorte wurden somit entweder ungenügend beprobt (zu viele Geschwister) oder die Fische sind durch einen demografischen Flaschenhals gegangen, der zu einer starken Reduktion der genetischen Vielfalt geführt hat. Beim Bruggbach zeigen die Abfischungsergebnisse eine normale Altersstruktur und eine hohe Anzahl gefangener Forellen. Es ist daher davon auszugehen, dass die Probenahme diese Population gut repräsentiert. Die hohen beobachteten genetischen Unterschiede dürften daher auf einen rezenteren demografischen Flaschenhals mit damit einhergehender starker genetischer Drift zurückzuführen sein.

**Die Forellen von 93 % der untersuchten Standorte im Kanton Aargau weisen statistisch signifikante genetische Unterschiede zu anderen Standorten auf. Folglich findet nur wenig Genaustausch zwischen diesen Gewässern statt. Die genetischen Unterschiede sind zwar eher schwach, aber vergleichbar mit anderen in der Schweiz durchgeführten Studien. Eine feinräumige, grundsätzlich in einzelne Fließgewässer eingeteilte Bewirtschaftung der Forellen, ist daher zu empfehlen.**

## 4.2 Genetische Unterschiede zwischen Einzugsgebieten

Für die Bewirtschaftung ist entscheidend, wie die Grösse der Bewirtschaftungseinheiten definiert wird. In der Regel ist der Genfluss zwischen Populationen innerhalb von nah gelegenen Fließgewässern oder Teileinzugsgebieten höher als zwischen Gewässern die weit auseinander in unterschiedlichen Einzugsgebieten liegen. Somit finden sich kleinere genetische Differenzierungen häufiger zwischen geografisch nah gelegenen Populationen. Eine geografische Analyse der genetischen Daten kann Hinweise über die Verteilung der genetischen Vielfalt im Kanton liefern. In der Analyse der molekularen Varianz wurden die Probenahme-Standorte nach drei Szenarien untersucht. Eine Gruppierung der Standorte nach Grosseinzugsgebieten (Aare, Reuss, Limmat, Rhein), nach Teileinzugsgebieten mit einem groben Raster (TZ150, Fläche von 150 km<sup>2</sup>) sowie Teileinzugsgebieten mit einem feinen Raster (TZ40, Fläche von 40 km<sup>2</sup>) gemäss Vorlage vom BAFU [16].

Wie üblich bei solchen Analysen, liegt der allergrösste Teil der genetischen Vielfalt innerhalb der einzelnen Standorte. Die Resultate zeigen weiter, dass in allen drei Varianten der Gruppierung ein grosser Teil der genetischen Varianz auf Unterschiede zwischen Standorten innerhalb der Gruppen beruht. Die Gruppen selbst erklären nur wenig der beobachteten genetischen Unterschiede. Dies bedeutet, dass die verschiedenen Standorte nicht sinnvoll in größeren Gruppierungen zusammengefasst werden können.

**Tabelle 4-1.** Zusammenstellung der genetischen Unterschiede zwischen Gruppen von Standorten ( $F_{CT}$ ). Zwischen Standorten innerhalb von Gruppen ( $F_{SC}$ ) und zwischen Individuen innerhalb der Standorte. n.s. nicht signifikant, \* $p < 0.05$ , \*\* $p < 0.01$ , \*\*\* $p < 0.001$

Einzugsgebiete	Flussgebiete	TZ150	TZ40
Anzahl Gruppen	4	17	44
Varianz zw. Gruppen ( $F_{CT}$ )	0.001 <sup>n.s.</sup>	0.0032*	0.0084*
Varianz zw. Populationen innerhalb von Gruppen ( $F_{SC}$ )	0.0314***	0.0332***	0.0279***
Varianz innerhalb von Populationen	0.967***	0.964***	0.964***

**Der Grossteil der genetischen Vielfalt liegt innerhalb der einzelnen Probenahme-Standorte. Ein signifikanter Anteil liegt zwischen den Standorten. Nur wenig genetische Vielfalt, kann durch eine Einteilung nach Teileinzugsgebieten erklärt werden. Eine feinräumige, in Fließgewässern eingeteilte Bewirtschaftung der Forellen, wird mit diesen Resultaten bestätigt.**

## 4.3 Genetische Unterschiede in Flüssen

Der Rhein, die Aare, die Limmat und die Reuss gehören heute zur Äschen- oder Barbenregion. Forellen sind in diesen Gewässern natürlicherweise seltener als in Gewässern der Forellenregion. Im Datensatz von 2015, der den Analysen in diesem Dokument zu Grunde lag, standen daher nur sehr wenige Individuen aus den grossen Flüssen zur Verfügung. Während der koordinierten Fischzählung von 2016 im Hochrhein konnten jedoch Proben von Rheinfoforellen gesammelt werden. Diese wurden nun im Nachhinein noch analysiert und die Resultate werden hier in diesem separaten Kapitel zusammengestellt.

Die genetischen Unterschiede zwischen den untersuchten Standorten in den grossen Flüssen zeigen, dass - im Gegensatz zu den kleineren Gewässern - die genetischen Unterschiede eher klein und oft nicht signifikant sind (Tabelle 4-2). So sind die genetischen Unterschiede zwischen den einzelnen Rheinstandorten in sieben von zehn paarweisen Vergleichen nicht signifikant. Auch zwischen der Aare und dem Rhein können keine signifikanten genetischen Unterschiede festgestellt werden. Einzig die Limmat ist genetisch von den Rhein- und Aareforellen signifikant unterschiedlich. Auffallend ist, dass alle untersuchten Standorte signifikante genetische Unterschiede zu den Fischzucht Nadler, Hohler und AUE Bach aufweisen. Die bisher benutzten Forellen aus diesen Zuchten eignen sich aus genetischer Sicht somit nicht für Besatzmassnahmen in der Aare, dem Rhein und der

Limmat. Vermutlich gilt dies auch für die Reuss. Diese Vermutung konnte allerdings wegen zu geringen Stichproben nicht verifiziert werden.

Demgegenüber sind die genetischen Unterschiede zwischen Forellen aus der FZ AUA Limmat (Also Elterntiere, die aus der Limmat stammen), des Sickerwasserkanals, des Radagkanals sowie dem Weiher Böttstein und den Forellen aus den Flüssen eher klein und oft nicht signifikant. Diese Fische eignen sich also aus Populationsgenetischer Sichtweise als Elterntieren für die Produktion von Besatzfischen für die grossen Fließgewässer. Muttertierhaltungen sollten aber möglichst vermieden werden, da sonst Domestizierungen auftreten können die unerwünscht sind.

**Tabelle 4-2.**  $F_{ST}$ -Werte, die zwischen Forellen aus den verschiedenen Standorten beobachtet wurden.

Nr.	Standort	12	10	6.1	6.2	6.3	6.4	6.5	40.1	3	53	54	57	58	59
12	Aare	-	*	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	***	***	***	*	*	n.s.	*
10	Limmat	0.011	-		**	**	*	n.s.	***	***	**	n.s.	**	*	***
6.1	Rhein KW Rheinfelden	0.001	0.005	-	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	**	***	**	n.s.	n.s.	n.s.	*
6.2	Rhein KW Ryburg-Schwörstadt	0.005	0.011	0.003	-	**	**	n.s.	***	***	***	n.s.	*	n.s.	n.s.
6.3	Rhein KW Laufenburg	0.006	0.014	0.007	0.014	-	n.s.	n.s.	**	***	***	n.s.	***	n.s.	***
6.4	Rhein KW Albruck Dogern	0.006	0.018	0.009	0.019	0.001	-	**	***	***	***	*	*	*	***
6.5	Rhein KW Reckingen	0.007	0.001	0.004	0.005	0.007	0.017	-	***	***	**	n.s.	**	n.s.	***
40.1	FZ Nadler	0.019	0.012	0.010	0.020	0.015	0.021	0.014	-	n.s.	***	***	***	**	***
3	FZ Hohler	0.023	0.023	0.018	0.022	0.024	0.030	0.024	0.003	-	***	***	***	**	***
53	FZ AUE Bach	0.025	0.014	0.015	0.018	0.026	0.030	0.012	0.035	0.047	-	n.s.	***	***	***
54	FZ AUE Limmat	0.009	0.007	0.005	0.006	0.007	0.016	0.002	0.019	0.030	-0.001	-	***	n.s.	***
57	Fischzucht PUA Sickerwasserkana	0.010	0.015	0.007	0.009	0.028	0.021	0.011	0.016	0.018	0.025	0.018	-	n.s.	n.s.
58	Fischzucht PUA Weiher Böttstein	0.004	0.012	0.004	0.005	0.009	0.014	0.006	0.009	0.015	0.024	0.008	0.003	-	n.s.
59	Fischzucht PUA Radagkanal	0.011	0.024	0.013	0.005	0.030	0.039	0.017	0.024	0.027	0.034	0.021	0.006	0.006	-

Interessanterweise sind die meisten genetischen Unterschiede zwischen den Rheinfoellen und den nahe gelegenen Zuflüssen signifikant (Tabelle 4-3). Ausnahmen stellen die Bünz, die Wyna und der Roggenhuserbach dar. Aus den vorliegenden Daten, kann nicht eingeschätzt werden, weshalb dies so ist. Zwei mögliche Erklärungen scheinen plausibel:

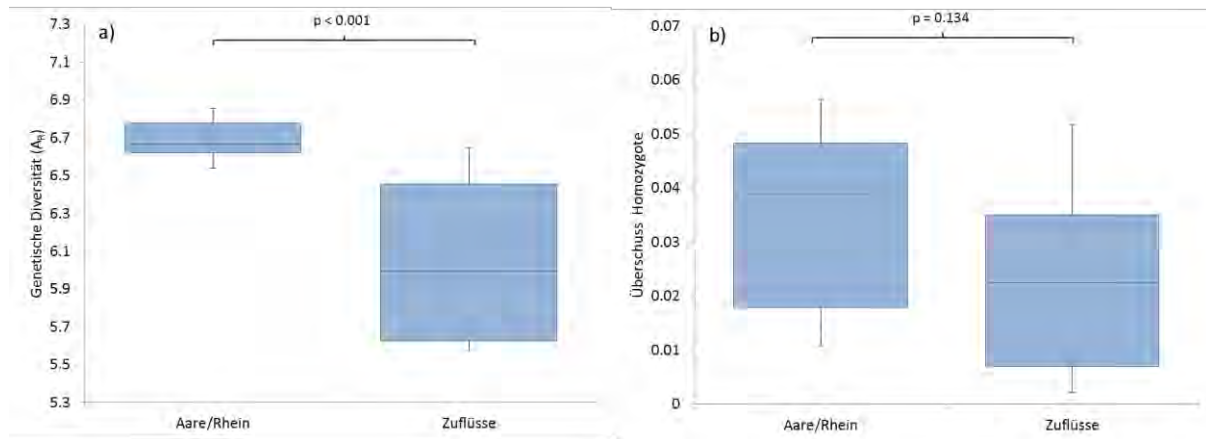
- Die Forellen, die im Rhein gefangen wurden, gehören verschiedenen Populationen an, die aus unterschiedlichen Zuflüssen stammen (z.B. durch Abwanderung). Wäre dies der Fall, wäre zu erwarten, dass die genetische Vielfalt im Rhein höher ist als in den Zuflüssen. Gleichzeitig würde eine erhöhte Abweichung vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht erwartet (Überschuss von Homozygoten). Die genetische Vielfalt ist in der Tat höher (Abbildung 4-4a). Der Homozygotenüberschuss kann zwar auch beobachtet werden, der Unterschied ist allerdings nicht signifikant (Abbildung 4-4b).

**Tabelle 4-3.**  $F_{ST}$ -Werte zwischen Standorten in Rhein/Aare und nah gelegenen Zuflüssen.

Nr.	Standort 1	Nr.	Standort 2	FST	Signifikanz
6.1	Rhein	7	Möhlinbach	0.008	*
6.1	Rhein	44	Magdenerbach	0.009	*
6.2	Rhein	7	Möhlinbach	0.008	*
6.2	Rhein	44	Magdenerbach	0.012	**
6.3	Rhein	30.1	Sissle	0.022	***
6.3	Rhein	30.2	Sissle	0.012	*
6.3	Rhein	38	Kaisterbach	0.019	**
6.4	Rhein	20	Wilerbach	0.026	**
6.4	Rhein	67	Dorfbach	0.074	***
6.5	Rhein	21	Tägerbach	0.046	***
6.5	Rhein	22	Chrüzlibach	0.013	***
12	Aare	1.1	Bünz	0.009	n.s.
12	Aare	8	Wyna	0.002	n.s.
12	Aare	45	Süssbach	0.033	***
12	Aare	47	Roggenhuserbach	0.003	n.s.
12	Aare	60	Erlibach	0.044	***
12	Aare	68	Talbach	0.024	***
12	Aare	76	Steinerkanal	0.014	*

- Alternativ lebt in den grossen Gewässern eine eigenständige Population, die sich zumindest teilweise auch im Gewässer selbst fortpflanzt. Dies kann anhand der genetischen Daten jedoch nicht überprüft werden.

Eine Kombination von beiden Hypothesen ist ebenfalls möglich und vermutlich am wahrscheinlichsten. Für die Bewirtschaftung des Rheins, der Aare, der Limmat und der Reuss sollte deshalb davon ausgegangen werden, dass es sich bei den Forellen im Gewässer um mehrere Populationen handelt, ähnlich wie zum Beispiel bei den Seeforellen im Bodensee [17], die sich wahrscheinlich in unterschiedlichen Gewässer fortpflanzen.



**Abbildung 4-4.** a) Vergleich der genetischen Vielfalt, gemessen an der Anzahl Allele  $A_R$  (korrigiert für die Stichprobengrösse). b) Vergleich des Homozygotenüberschusses ( $H_E - H_O$ ), gemessen an der Anzahl Allele  $A_R$  (korrigiert für die Stichprobengrösse).

**Der genetische Unterschied ist zwischen Standorten der grossen Gewässer meist klein und nicht signifikant. Die genetischen Resultate weisen weiter darauf hin, dass die Forellen, die im Rhein, der Aare und der Limmat gefangen wurden, möglicherweise mehreren Populationen zugehören könnten. Mit abschliessender Sicherheit kann dies aber nicht beurteilt werden. Sicher ist, dass sich die bisherigen Besatzfische aus den FZ Nadler und Hohler für Besatzmassnahmen in den grossen Gewässern Rhein, Reuss, Aare und Limmat nicht eignen. Für die Bewirtschaftung wird empfohlen, trotz teilweiser nicht signifikanter genetischer Unterschieden, die vier grossen Gewässer Rhein, Reuss, Aare und Limmat getrennt zu bewirtschaften. Dies gilt auch für Zuflüsse der grossen Gewässer.**

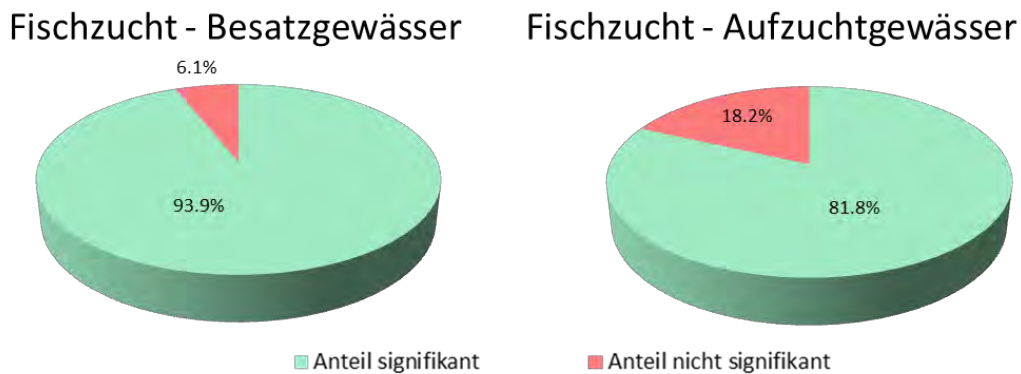


## 5 Sind die Forellen aus den Fischzuchten für Besatzmassnahmen geeignet?

### 5.1 Genetische Unterschiede zwischen Zuchtfischen und Wildfischen

Idealerweise werden für die Erbrütung von Forellen wilde Elterntiere aus dem Besatzgewässer entnommen, gestreift und die Nachkommen wieder im Besatzgewässer ausgesetzt. Ist die Anzahl Elterntiere gross genug und werden die Eltern zufällig miteinander verpaart, dann sind die Jungfische aus populationsgenetischer Sicht mit der Ursprungspopulation identisch, d.h. es können keine genetischen Unterschiede zwischen dem Besatzmaterial und der Ursprungspopulation festgestellt werden. Da Laichfischfänge mit einem grossen Aufwand verbunden sind, werden in den FZ oft Elterntierstämme gehalten. Werden keine genetischen Unterschiede zwischen diesen Elterntierstämmen und ihren jeweiligen Besatzgewässern festgestellt, bedeutet dies, dass die Besatzfische aus populationsgenetischer Sicht für Besatzmassnahmen im Besatzgewässer geeignet sind. Werden allerdings signifikante genetische Unterschiede zwischen den Elterntierstämmen der FZ und den Forellen in den Besatzgewässern beobachtet, bedeutet dies, dass die Jungfische von diesen Elterntieren für Besatzmassnahmen in den Besatzgewässern nicht geeignet sind.

Bei dieser Analyse wurden FZ mit deren Besatzgewässern (also durch Angelfischer befischbare Gewässer) und zusätzlich mit neun Aufzuchtgewässern verglichen. Die Elterntierstämme in den FZ werden nur ab und zu mit Wildfängen aufgefrischt (Ursprung: Erzbach, Surb, Wyna und weitere). Deshalb wird davon ausgegangen, dass sich die genetischen Eigenschaften dieser Population nicht von Jahr zu Jahr stark ändern. Somit können diese Daten für die folgenden Vergleiche herangezogen werden. Bei einem in der Regel jährlich abgefischten Aufzuchtgewässer wird erwartet, dass die genetischen Unterschiede zwischen dem Elterntierstamm des Besatzmaterials in der FZ und den abgefischten Sömmerlingen der Aufzuchtgewässer klein und nicht signifikant sind. Dies weil davon ausgegangen wird, dass sich durch die Bewirtschaftung eine lokale sich selbst reproduzierende Population nicht etablieren kann, da Aufzuchtgewässer üblicherweise vollständig ausgefischt werden.



**Abbildung 5-1.** Anteil signifikanter  $F_{ST}$ -Werte zwischen den FZ und den untersuchten Standorten in den Gewässern (aufgetrennt nach Aufzuchtgewässer und andere Besatzgewässer) des Kantons Aargau.

Im Kanton Aargau wurden die genetischen Unterschiede zwischen Standorten aus Besatzgewässern und drei Fischzuchtbetrieben berechnet (FZ Nadler N=37, FZ Flückiger: N=1, und FZ Ortsbürger Bremgarten: N=2). Die Resultate zeigen, dass die genetischen Unterschiede zwischen den Zuchten und den Besatzgewässern in 94% der Fälle signifikant sind (Abbildung 5-1). Lediglich zwei Vergleiche (zwischen FZ Nadler und der Surb (Standort 2.1) und dem Roggenhuserbach (47) zeigen keinen signifikanten genetischen Unterschied (Tab. 5-1). Zwischen den neun untersuchten Aufzuchtgewässern und ihren entsprechenden FZ liegt der Anteil signifikanter genetischer Unterschiede bei ca. 82%, d.h. dass in zwei von neun Aufzuchtgewässern keine signifikante genetische Differenzierung zwischen der FZ und den abgefischten Sömmerlingen gefunden wurde. Die benutzten Besatzfi-

sche (aus Fischzucht oder Aufzuchtgewässer) eignen sich somit aus genetischer Sicht in den meisten Fällen nicht für Besatzmassnahmen in den Zielgewässern (nach Art. 6 Abs. 2 VBGF sowie Besatzkonzept Kanton Aargau). Wichtig dabei, in der FZ Nadler konnte zwischen den Jungfischen (Besatzmaterial) und den Elterntieren wie erwartet kein signifikanter genetischer Unterschied beobachtet werden (Kontrollvergleich).



Abbildung 5-2. Bachforellen aus den Fischzuchten (Links: FZ Nadler; Rechts: FZ Flückiger).

Tabelle 5-1. Zusammenstellung der genetischen Unterschiede ( $F_{ST}$ -Werte) zwischen den FZ und den besetzten Gewässern. Aufzuchtgewässer sind nach dem Gewässernamen mit (AZG) gekennzeichnet.

Fischzucht	Besatzgewässer	Nr	$F_{ST}$	Signifikanz	Besatzinformation
Nadler	Surb	2.1	0.027	***	Transfer Aufzuchtbecken, Besatz mit BR, Herkunft FZ Nadler; Besatz mit S, FZ Nadler
Nadler	Surb	2.2	0.002	n.s.	Transfer Aufzuchtbecken, Besatz mit BR, Herkunft Nadler; Besatz mit S, FZ Nadler
Nadler	Holzbach	4	0.014	***	seit 2014 kein Besatz, vorher 1000 S, FZ Nadler
Nadler	Wyna	8	0.009	*	seit 2016 kein Besatz, vorher 1500 VS; Seitenbecken 10'000 BR (FZ Nadler);
Nadler	Limmat	10	0.008	*	verschiedene Aufzuchtbecken, mehrere 1000 S, früher ebenfalls Besatzfische Luthern
Nadler	Erusbach	13	0.058	***	Besatz FZ Nadler (500 VS)
Nadler	Wigger	15.1	0.032	***	seit 2013 kein Besatz, vorher 2500 S, FZ Nadler
Flückiger	Ruederchen	16	0.056	***	seit 2013 kein Besatz, vorher 10'000 BR, FZ Flückiger
Nadler	Riknerbach	18	0.027	***	seit 2014 kein Besatz, vorher 500 VS, FZ Nadler
Nadler	Tägerbach	21	0.066	***	kein Besatz seit 2013, vorher FZ Nadler
Nadler	Chrüzlibach	22	0.030	***	kein Besatz seit 2013, vorher FZ Nadler
Nadler	Egliswiler Dorfbach	23	0.034	***	seit 2014 kein Besatz; vorher 500 S, FZ Nadler
Nadler	Guntenbach	24	0.020	***	Besatz FZ Nadler (700 VS)
Nadler	Sembach	28	0.062	***	Besatz FZ Nadler (1500 S) im Binnenkanal
Nadler	Uerke	32	0.011	***	AZG Bändlibach Rv 121, jährlich 2'000 BR, FZ Nadler
Nadler	Hünikerbach (AZG)	33	0.002	n.s.	Besatz FZ Nadler 2500 BR
Nadler	Köllikerbach	34	0.025	***	seit 2015 kein Besatz; Vorher 2'000 VS, FZ Nadler; früher FZ Flückiger
Nadler	Furtbach	35	0.020	***	seit 2013 kein Besatz, vorher 1400 S, FZ Nadler
Nadler	Gründelbach (AZG)	41.1	0.034	***	seit 2014 kein Besatz; vorher 2000 BR, FZ Nadler;
Nadler	Talbächli (AZG)	42	0.018	***	seit 2016 kein Besatz; vorher 2000-3000 BR; FZ Flückiger und letzte Jahre FZ Nadler.
Aue (Bach)	Gottesgraben (AZG)	43	0.012	*	3000-8000 BR, FZ Aue
Aue (Limmat)	Gottesgraben (AZG)	43	0.001	n.s.	3000-8000 BR, FZ Aue
Nadler	Süssbach (AZG)	45	0.021	***	seit 2016 kein Besatz, vorher 500 BR, FZ Nadler
Nadler	Roggenhuserbach	47	0.004	n.s.	Aufzuchtgewässer für die Aare, seit 2015 kein Besatz, vorher 2000-3000 BR, FZ Nadler
Nadler	Schwarzgraben (AZG)	48	0.011	***	ca. 9000 BR, FZ Nadler
Nadler	Mühlbächli (AZG)	49	0.010	*	2013 kein Besatz; 2014 10000 E + 8000 VS; 2015 10000 E + 9000 BR
Ortsbürger Bremgarten	Künter Dorfbach	50	0.032	***	seit 2014 kein Besatz, vorher 500 VS, FZ Ortsbürger Bremgarten
Nadler	Ammerswilbächli (AZG)	52	0.048	***	Seit 2007 im 2-Jahresrhythmus mit 5000 BR, ab 2011 3000 BR
Nadler	Fischzucht PUA Sickerwasserkanal	57	0.016	***	Laichtiere Aare, welche in Radagkanal umgesiedelt wurden
Nadler	Fischzucht PUA Radagkanal	59	0.016	***	offene Muttertierhaltung, teilweise Laichtiere aus Sickerwasserkanal (Aare)
Nadler	Erlibach	60	0.025	***	Besatz FZ Nadler, 500 VS
Nadler	Höhlbach	61	0.044	***	400 VS, FZ Nadler
Nadler	Landbach	62	0.015	***	seit 2016 kein Besatz, vorher 1000 BR, FZ Nadler
Nadler	Rickenbach	63	0.024	***	Besatz FZ Nadler, 700 VS
Nadler	Wittnauerbach	65	0.037	***	Besatz FZ Nadler (3000 VS), vorher FZ Hohler
Nadler	Sinserbach	66	0.010	*	Besatz FZ Nadler (1400 VS)
Nadler	Dorbach Leibstadt	67	0.029	***	seit 2015 kein Besatz, vorher FZ Nadler, 100 VS
Nadler	Bünz	71	0.025	***	Besatz FZ Nadler (1000 S)
Nadler	Wigger	75	0.023	***	seit 2013 kein Besatz, vorher 2500 S, FZ Nadler
Nadler	Suhre	77	0.006	*	Rv. 72: die letzten Jahre 500 1+; FZ Nadler. Rv. 73/688: 1'600-1'800 S/1+; FZ Nadler
Nadler	Wyna	78.1	0.029	***	seit 2016 kein Besatz; vorher 800-900 S, FZ Nadler

Dass in zwei Aufzuchtgewässern (Hünikerbach, Roggenhuserbach) keine signifikanten genetischen Unterschiede zwischen der FZ und den im Herbst abgefischten Sömmerlingen beobachtet wurde, ist nicht überraschend. Insbesondere wenn berücksichtigt wird, dass die Aufzuchtgewässer regelmässig ausgefischt werden. Es ist daher eher überraschend, dass trotz dieser Ausfischungen überhaupt signifikante genetische Unterschiede zwischen einem Aufzuchtgewässer und der FZ beobachtet werden (sieben von neun Aufzuchtgewässern). Dies deutet darauf hin, dass die lokale Population durch die Ausfischungen nicht ganz entfernt wird und sich trotz dieser starken Entnahme fortpflanzen kann. Eine mögliche Erklärung ist, dass adulte laichreife Forellen nach den Abfischungen in diese kleinen Gewässer aufsteigen, um sich dort natürlich fortzupflanzen. Diese Hypothese wird auch durch die Protokolle der Abfischungen gestützt, da nebst den 0+-Forellen häufig auch ältere Fische gefangen werden (persönliche Auskunft Fischereiverwaltung). Es muss also davon ausgegangen werden, dass in den sieben Aufzuchtgewässern sich selbst fortpflanzende Forellenpopulationen vorkommen. Dieses Erkenntnis ist umso erstaunlicher, da die meisten Aufzuchtgewässer intensiv bewirtschaftet werden (jährlicher Besatz mit Brütlingen und jährliche Abfischungen der Sömmerlinge im Herbst). Die beiden Aufzuchtgewässer, die genetisch nicht unterschiedlich von der FZ waren, sind geprägt durch eine gewisse Isolation, d.h. dass diese beiden Aufzuchtgewässer nicht mit dem Unterlauf vernetzt sind. Dies bedeutet, dass sich durch die intensive Bewirtschaftung keine sich selbst erhaltenden Forellenbestände aufbauen konnten.

**Die Analyse zeigt, dass sich die für den Besatz benutzten Fische aus den Fischzuchten aus genetischer Sicht nicht für Besatzmassnahmen in den jeweiligen Zielgewässern (Besatzgewässer und Aufzuchtgewässer) eignen. Die Resultate lassen auch vermuten, dass in vielen Gewässern, dazu zählen auch die Aufzuchtgewässer, die regelmässig ausgefischt werden, eine natürliche Rekrutierung vorhanden ist. Bei zukünftigen Besatzmassnahmen muss daher darauf geachtet werden, dass der Ursprung der Elterntiere und die Zielgewässer besser aufeinander abgestimmt werden. Der Erfolg der Besatzmassnahmen sollte im Zweifelsfall überprüft werden.**

## 5.2 Genetische Unterschiede zwischen Aufzuchtgewässern und ihren Besatzgewässern

Häufig werden Besatzfische in Aufzuchtgewässern aufgezogen bevor sie in ihr definitives Gewässer eingesetzt werden. Ziel dieser Praxis ist, die Zucht- bzw. Besatzfische möglichst früh den natürlichen Bedingungen auszusetzen und gleichzeitig die Mortalität der frühen Lebensstadien niedrig zu halten. Diese Praxis hat zwar den Vorteil einer geringeren Mortalität der Besatzfische, führt aber unweigerlich zu einer Beeinträchtigung der Besatz- und Aufzuchtgewässer (mögliches Einschleppen von Krankheiten, Konkurrenz mit lokaler Population/andere Tierarten, Abfischung von lokalen Populationen inkl. Laichtieren usw.). Da die abgefischten Forellen anschliessend in andere Gewässer eingesetzt werden, stellt sich die Frage, ob sich diese abgefischten Forellen aus den Aufzuchtgewässern von den Forellen in den besetzten Gewässern genetisch unterscheiden. Läge ein solcher genetischer Unterschied vor, wären die Forellen aus diesen Aufzuchtgewässern für Besatzmassnahmen in den entsprechenden Besatzgewässern nicht geeignet. Insgesamt konnten neun Vergleiche zwischen Aufzuchtgewässern und ihren jeweiligen Besatzgewässern untersucht werden.

In den neun untersuchten Vergleichen wurden genetische Unterschiede ( $F_{ST}$ -Wert) zwischen 0.005-0.109 beobachtet. Die genetischen Unterschiede sind also im kantonalen Vergleich eher hoch. Insbesondere der Bruggbach weist sehr hohe genetische Unterschiede zu den zwei Bünz Standorten auf. Des Weiteren sind die genetischen Unterschiede abgesehen von zwei Ausnahmen (Luthern mit Limmat und Gründelbach mit Suhre) signifikant. Nicht signifikant ist zum einen der mit 0.009 sehr tiefe  $F_{ST}$ -Wert zwischen der Luthern und der Limmat. Da die Limmat mit Forellen aus der Luthern besetzt wurde, könnte dies die Konsequenz der Besatzmassnahmen sein. Die Stichprobengrösse der Luthern ist allerdings mit 18 Individuen etwas klein, was die Aussagekraft dieses Resultates schmälert. Weiter ist der Vergleich zwischen dem Gründelbach und der Suhre nicht signifikant

( $F_{ST}=0.005$ ). Dies ist nicht wirklich überraschend, da der Gründelbach in der Nähe der Probenahme-Stelle der Suhre in letztere mündet.

Insgesamt zeigen diese Ergebnisse, dass sich die im Herbst von den untersuchten Aufzuchtgewässern abgefischten Forellen in der Regel genetisch von den Forellen der entsprechenden besetzten Zielgewässer unterscheiden und sich damit für den Besatz nicht eignen.

**Tabelle 5-2.**  $F_{ST}$ -Werte zwischen Aufzuchtbächen und deren Besatzgewässer.

Aufzuchtgewässer	Nr	Zielgewässer	Nr	$F_{ST}$	Signifikant
Luthern	26	Limmat	10	0.009	n.s.
Gründelbach	41.1	Suhre	41.2	0.005	n.s.
Talbächli	42	Suhre	41.2	0.032	***
Gottesgraben	43	Limmat	10	0.023	***
Süssbach	45	Bünz	1.1	0.034	***
Süssbach	45	Bünz	1.2	0.024	***
Bruggbach	51	Bünz	1.1	0.109	***
Bruggbach	51	Bünz	1.2	0.107	***
Ammerswilbächli	52	Aabach	19.2	0.026	*

In den untersuchten Aufzuchtgewässern unterscheiden sich die abgefischten Sömmerlinge von denen aus den Zielgewässern in sieben von neun Fällen signifikant. Die Fische aus den Aufzuchtgewässern eignen sich also in den meisten Fällen nicht für Besatzmassnahmen in den jeweiligen Zielgewässern. Sinn und Zweck der Nutzung von kleinen Bächen für die Aufzucht von Forellenbesatzfischen sollte aufgrund dieser Ergebnisse grundsätzlich hinterfragt werden.

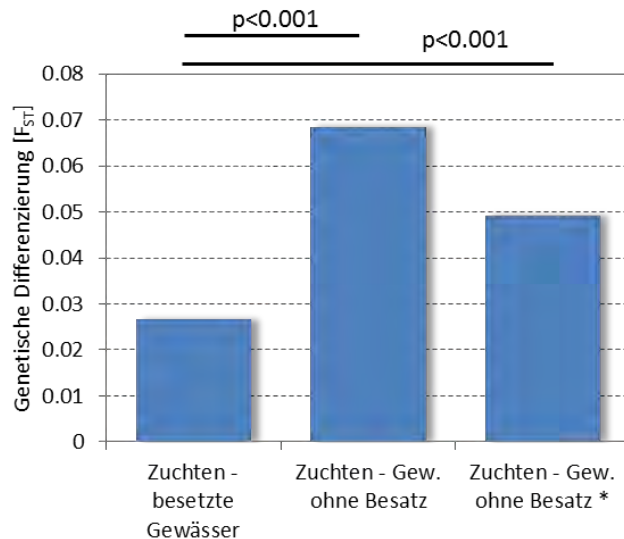


**Abbildung 5-3.** Kleine Bäche dienen oft als Aufzuchtgewässer (Galternbach).

## 6 Einflüsse der bisherigen Besatzpraxis auf die Genetik der Wildpopulationen

### 6.1 Genetische Unterschiede zwischen Fischzuchten und Besatzgewässer

Im Kanton Aargau gibt es viele Gewässer, die seit Jahrzehnten jährlich besetzt werden. Es gibt aber auch Gewässer, die schon seit etlichen Jahren nicht mehr besetzt wurden. Falls Besatzmassnahmen zu einem erhöhten Genfluss von der FZ in Richtung der besetzten Gewässer führen, dann sollten die genetischen Unterschiede zwischen den besetzten Gewässern und den FZ kleiner sein als zwischen nicht besetzten Gewässern und den FZ. Dies ist im Kanton Aargau der Fall, selbst wenn die Forellen der beiden Standorte Widenbach und Bruggbach, die sich genetisch sehr stark von den Forellen aus allen anderen Standorten unterscheiden, ausgeschlossen werden (Abbildung 6-1). Ein Ausschluss dieser Standorte rechtfertigt sich, da diese durch die hohen  $F_{ST}$ -Werte stark ins Gewicht fallen und diese Werte auf einen demografischen Flaschenhals zurückzuführen sind.



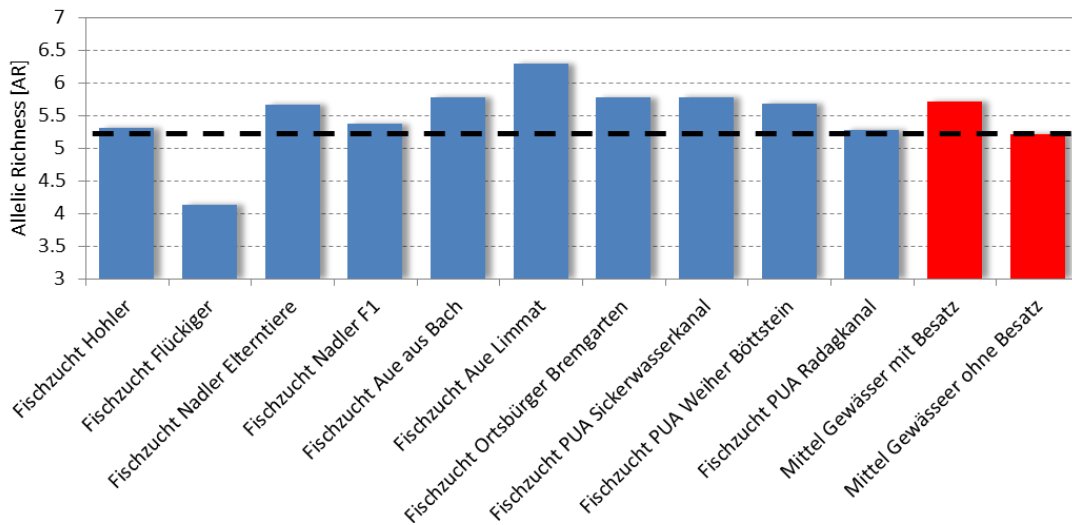
**Abbildung 6-1.** Durchschnittlicher genetischer Unterschied zwischen FZ und besetzten Gewässer bzw. Zuchten und Gewässern ohne Besatz. \* Die Standorte Widenbach und Bruggbach wurden von der Analyse ausgeschlossen.

**Die Besatzmassnahmen führen sehr wahrscheinlich seit Jahrzehnten zu einem Genfluss aus den Zuchten in die besetzten Gewässer. Trotzdem unterscheiden sich die Wildpopulationen in der Regel genetisch signifikant von den Zuchten. Dies bedeutet, dass natürliche Prozesse wie die natürliche Selektion und genetische Drift weiterhin aktiv sind und lokale Populationen nicht identisch zu den Fischen aus den Zuchten sind. Dieses Resultat zeigt aber auch, dass sich der langjährige Besatz auf die genetischen Eigenschaften der Populationen in den besetzten Gewässern ausgewirkt hat.**

### 6.2 Genetische Vielfalt und Inzucht in den Fischzuchten

In Zuchten besteht das Risiko durch eine zu geringe Anzahl Elterntiere die genetische Vielfalt der Besatzfische negativ zu beeinflussen [18]. Die Auswertung der genetischen Vielfalt (Anzahl beobachtete Allele korrigiert für die Stichprobengrösse; d.h. Allelic Richness  $A_R$ ) zeigt, dass in den Zuchten in der Regel eine genügend grosse genetische Vielfalt vorhanden ist (Abbildung 6-2). Nur die FZ Flückiger weist eine klar reduzierte genetische Vielfalt auf. Gewässer mit Besatz weisen im Vergleich mit nicht besetzten Gewässern eine leicht erhöhte genetische Vielfalt auf (Abbildung 6-2). Nur bei den Forellen der FZ Flückiger wurden entsprechende Hinweise für

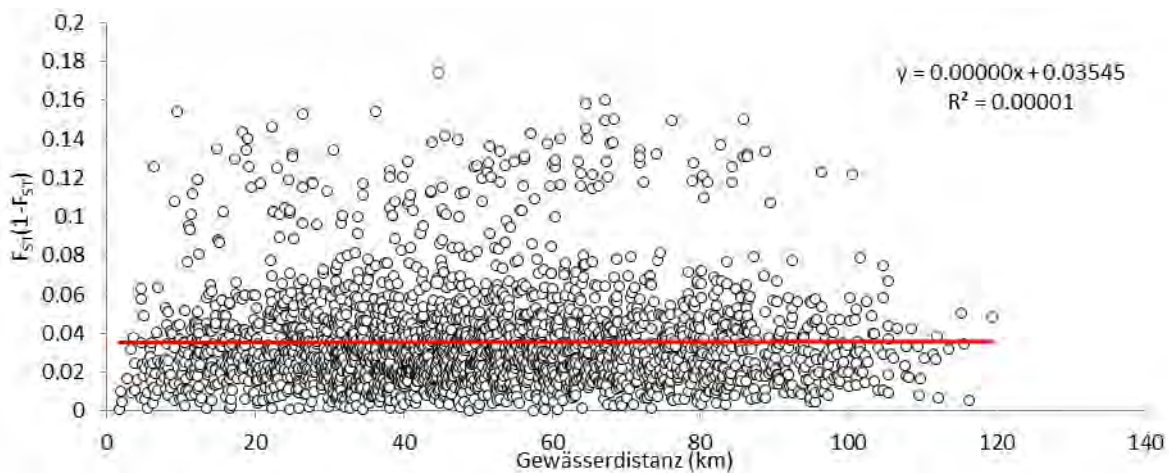
Inzucht gefunden. Der Inzuchtkoeffizient ist zwar signifikant ( $F_{IS} = -0.06$ ,  $p < 0.05$ ), aber es wurde ebenfalls eine hohe Anzahl Voll- und Halbgeschwistern identifiziert, die dieses Ergebnis teilweise erklärt (Anhang 9.1).



**Abbildung 6-2.** Anzahl der beobachteten Allele korrigiert für die Stichprobengrösse (Allelic Richness  $A_R$ ) der untersuchten Fischzuchten (blau). Zum Vergleich wird der Mittelwert der in den Gewässern mit sowie ohne Besatz beobachteten Werte angegeben (rot).

Die genetische Vielfalt in den Zuchten ist in der Regel nicht tiefer als in den natürlichen Gewässern des Kantons. Der Besatz scheint zu einer leichten Erhöhung der genetischen Vielfalt innerhalb von Gewässern zu führen. Mit der Ausnahme der FZ Flückiger, scheint Inzucht in den Zuchten kein Problem zu sein.

### 6.3 Isolation der Populationen über die Gewässerdistanz



**Abbildung 6-3.** Zusammenhang zwischen der normierten genetischen Distanz und der Gewässerdistanz zwischen allen untersuchten Standorten.

Der natürliche Genfluss führt in naturnahen Situationen dazu, dass der genetische Unterschied zwischen Populationen mit der Gewässerdistanz zunimmt [19] („Isolation durch Distanz“, vgl. auch die Äschenstudie vom Kanton Aargau [20]). Dies ist normalerweise der Fall, weil die Migration von Individuen umso schwieriger ist, je weiter die Zielpopulation entfernt ist. Eine solche Isolation über die Gewässerdistanz konnte bei den Forellen im Kanton Aargau allerdings nicht beobachtet werden (Abbildung 6-3). Dies ist vermutlich eine Konsequenz der jahrzehntelangen Besatzmassnahmen, die sich auf die populationsgenetischen Verwandtschaften über viele

Generationen ausgewirkt haben. Möglicherweise hat dieser künstliche Genfluss die ursprünglich vorhandene genetische Isolation mit der Gewässerdistanz verwässert, sodass diese heute nicht mehr feststellbar ist.

**Die jahrzehntelangen Besatzmassnahmen haben im Kanton Aargau zu unnatürlichem Genfluss zwischen Forellenpopulationen geführt, der die heute beobachteten genetischen Unterschiede zwischen Probenahme-Standorten prägt. Natürliche Muster wie die „Isolation mit der Distanz“ können nicht mehr nachgewiesen werden.**

## 7 Empfehlungen für Bewirtschaftungseinheiten

Derzeit ist beim BAFU eine Praxishilfe in Arbeit, die Empfehlungen für das Vorgehen bei der Besatzbewirtschaftung formuliert [21]. In groben Zügen ist das empfohlene Vorgehen aber bereits bekannt. Am Anfang der Überlegungen steht jeweils eine Erfolgskontrolle der Besatzmassnahmen. Sie soll prüfen, ob der laufende Besatz überhaupt nötig ist. Zeigt diese Erfolgskontrolle, dass die natürliche Rekrutierung in ausreichendem Masse funktioniert, ist kein Besatz nötig. Erweist sich die natürliche Rekrutierung hingegen als mangelhaft, dann soll geprüft werden, ob die dafür verantwortlichen Gewässerdefizite behoben werden können oder ob Anpassungen beim Fischereimanagement nötig sein könnten. Der Erfolg dieser Massnahmen soll anschliessend mit einer weiteren Erfolgskontrolle überprüft werden. Falls die Defizite nicht behoben werden konnten, kann ein Besatzprogramm ins Auge gefasst werden. Um den Erhalt von genetischen Eigenschaften lokaler Populationen zu gewährleisten werden entsprechende geografisch getrennte Bewirtschaftungseinheiten definiert.

### 7.1 Vorgehen bei der Definition von Bewirtschaftungseinheiten

#### 7.1.1 Gesetzliche Bestimmungen

Das Bundesgesetz über die Fischereibezweckt den Erhalt und den Schutz einheimischer Fischarten, Rassen und Varietäten sowie deren Lebensräume. Deshalb braucht das Einsetzen von standortfremden Arten, Rassen und Varietäten eine Bewilligung des Bundes (Art. 6 Abs. 1 BGF). Als standortfremd gelten u.a. Fische, die mit der Population ihres Einsatzortes genetisch nicht ausreichend verwandt sind (Art. 6 Abs. 2 Bst. B VBGF). Keiner Bewilligung durch den Bund bedarf der Besatz mit einheimischen Fischen, sofern der Herkunftsort und der Einsatzort im gleichen Einzugsgebiet liegen (Art. 8 Abs. 2 Bst. a VBGF).

Der Besatz von Fischarten, die im Kanton Aargau heimisch sind, liegt also in der Zuständigkeit des Kantons (Art. 3 Abs. 2 Bst. e BGF). Im Rahmen der vorgeschriebenen nachhaltigen Nutzung der Bestände kann der Kanton Vorschriften über das Einsetzen erlassen, "wenn dies zur Erhaltung lokaler Rassen oder zur Wahrung der nachhaltigen Nutzung notwendig ist" (Art. 8 Abs. 3 VBGF). Innerhalb der grossen Einzugsgebiete gemäss Anhang 1 BGF sollte der Kanton Aargau also kleinere Bewirtschaftungseinheiten definieren, welche die Bewahrung der genetischen Vielfalt und somit auch lokale Anpassungen sichern. Das von der Fischereiverwaltung unter Mitarbeit der kantonalen Fischereikommission verabschiedete Besatzkonzept vom Februar 2011 sieht einen ebensolchen Fischeinsatz von standortgerechten Besatzfischen vor. Die Fischereifachstelle des Kantons Aargau nahm bisher an, dass es sich bei den Forellen im Aargau um eine einzige Population handelt, die des Rheineinzugsgebietes.

#### 7.1.2 Populationsgenetische Grundlagen

Ein wichtiges Ziel der fischereilichen Bewirtschaftung sollte der Erhalt der lokalen Eigenschaften der Populationen sein. Dadurch kommen Populationen in ihrem lokalen Lebensraum möglichst gut zurecht und es werden auch die Unterschiede zwischen den Populationen aus unterschiedlichen Lebensräumen bewahrt. Es ist deshalb wichtig, biologisch sinnvolle Bewirtschaftungseinheiten zu definieren. Dies gilt auch für Gewässer, die in den vergangenen Jahrzehnten intensiv besetzt wurden [21], wie dies im Kanton Aargau teilweise der Fall ist. Die Besatzmassnahmen haben zwar teilweise zu einer Homogenisierung der Forellenpopulationen geführt. Trotzdem gibt es zwischen den meisten Probenahme-Standorten nach wie vor signifikante genetische Unterschiede, die erhalten und gefördert werden sollen.

Zu diesem Zweck sollen Bewirtschaftungseinheiten definiert werden, die einen möglichst grossen Teil dieser genetischen Vielfalt bewahren, neue lokale Anpassungen ermöglichen und in der Praxis mit zumutbarem Aufwand umsetzbar sind. Bewirtschaftungseinheiten (BWE) sind dabei geographisch abgegrenzte Gebiete (Ein-



zugsgebiete, Gewässer, oder Gewässerabschnitte), in denen nur mit Fischen aus diesem Gebiet besetzt wird [21]. Folglich müssen der Herkunftsort der Elterntiere, ein allfälliges Aufzuchtgewässer sowie der Einsatzort der Besatzfische innerhalb derselben BWE liegen. Die Erbrütung und die Aufzucht der Besatzfische aus verschiedenen BWE müssen getrennt erfolgen.

Für die Ausscheidung der Bewirtschaftungseinheiten wird das folgende Vorgehen vorgeschlagen [21]:

- Die Teileinzugsgebiete (TEZG: Grösse 150 km<sup>2</sup>) sollen als grösstmögliche Einheiten getrennt bewirtschaftet werden. Diese Grösse wurde anhand der schweizweit verfügbaren genetischen Resultate festgelegt [4, 21]. In der Regel sind Forellen aus verschiedenen TEZG populationsgenetisch signifikant unterschiedlich voneinander.
- Die unterschiedlichen Gewässertypen sollen getrennt bewirtschaftet werden. Hier kommen insbesondere die Fischregion, das Temperaturregime und das Abflussregime zum Tragen. Dies wird vorgeschlagen, da in der Schweiz gezeigt werden konnte, dass sich die Forellen an unterschiedliche Bedingungen entlang von Höhengradienten angepasst haben [22, 23]. Ein Besatz mit nicht angepassten Fischen ist in der Regel nicht zielführend, da sich nicht-angepasste Besatzfische im Vergleich mit angepassten Besatzfischen schlechter durchsetzen können.
- Genetisch differenzierte Forellen sollen nach Möglichkeit getrennt bewirtschaftet werden. Die genetischen Resultate dieser Studie zeigen, dass im Kanton Aargau eine feinträumige genetische Struktur nach einzelnen Gewässern für Forellen die Regel ist.
- Grundsätzlich sollen nur natürlich zu erwartende Fischarten gefördert werden. Ein Forellenbesatz in einem Gewässer der Barbenregion ist z.B. nicht zielführend, wenn die Besatzfische in sommerwarmen Gewässern nicht überleben.

Durch die getrennte Bewirtschaftung von genetisch differenzierten Populationen entstehen rasch sehr viele Bewirtschaftungseinheiten. Um damit einhergehende Kapazitätsengpässe zu vermeiden, werden folgende zwei Vorgehen vorgeschlagen, die in der Praxis umgesetzt werden können:

1. Die Engpässe können durch eine alternierende Bewirtschaftung gelöst werden. Dabei werden während einiger Jahre nur die Fische so vieler BWE aufgezogen, wie Platz in den FZ bzw. vorhandene Ressourcen eingesetzt werden können. Es werden nur Gewässer in den entsprechenden BWE besetzt. In den nicht bewirtschafteten Gewässern kann in dieser Zeit die Notwendigkeit eines Besatzes überprüft werden (Erfolgskontrolle Naturverlaichung, Entwicklung Bestand ohne Besatz). Danach können im Turnus andere BWE berücksichtigt werden. Durch die alternierende Bewirtschaftung wird zwar die Menge an Besatzfischen reduziert, deren Qualität wird aber erhöht [21].
2. Bei der Definition der BWE wird pragmatisch vorgegangen. In einem ersten Schritt werden alle nach dem obigen Vorgehen zu definierenden BWE ausgedehnt und grafisch festgehalten (A). Diese sollten wann immer möglich bei der Bewirtschaftung berücksichtigt werden. Für den Fall, dass dies aus nachvollziehbaren Gründen nicht möglich ist, werden die Gewässer, die zu einem Gewässertyp gehören, und zwischen denen die genetischen Unterschiede zwar signifikant aber nicht sehr hoch sind, innerhalb von einem TEZG zu einer BWE zusammengefasst (B). Diese zusammengefassten BWE sollten bei der Bewirtschaftung als minimaler Standard berücksichtigt werden. Das heisst: Fische sollten nur innerhalb dieser Einheiten verschoben werden.

## 7.2 Beurteilung Besatzerfolg

Die Grösse des genetischen Unterschiedes, gemessen als  $F_{ST}$ -Wert, kann einen Hinweis über den Erfolg der Besatzmassnahmen liefern. Desto grösser der Genfluss aus der Zucht in die natürliche Population ist, desto kleiner fällt der  $F_{ST}$ -Wert in der Regel aus. Insbesondere wenn hohe  $F_{ST}$ -Werte beobachtet werden, kann davon ausgegangen werden, dass kaum Genfluss aus der Zucht vorliegt und der Besatz somit wenig erfolgreich war.

Bei kleinen  $F_{ST}$ -Werten ist die Interpretation deutlich schwieriger. Daher wird bei der Interpretation der  $F_{ST}$ -Werte nach folgender Nomenklatur systematisch vorgegangen.

Fst	Genetische Unterschiede	Eignung Besatzfische	Erfolg Besatz
>0.04	hoch	nicht geeignet	nicht erfolgreich
>0.03	vergleichsweise hoch	nicht geeignet	nicht so erfolgreich wie erhofft
<0.03	eher klein	trotzdem eher nicht geeignet	aufgrund der Daten keine konkrete Aussage möglich
nicht sign.	kein signifikanter Unterschied	geeignet	könnte erfolgreich sein

### 7.3 Übersicht Teileinzugsgebiete

Die Details zur Herleitung der einzelnen Bewirtschaftungseinheiten für den Kanton Aargau können dem Anhang 11.4 entnommen werden. Zur Bestimmung der BWE wurden in einem ersten Schritt die 12 Teileinzugsgebiete (TEZG) der Grösse 150km<sup>2</sup> definiert (Abbildung 7-3, Tabelle 7-1). Innerhalb dieser TEZG wurden anschliessend die Gewässertypologie und insbesondere die genetischen Verwandtschaften der Probestandorte berücksichtigt und aufgrund der Ergebnisse entsprechende BWE ausgeschieden (siehe Anhang).

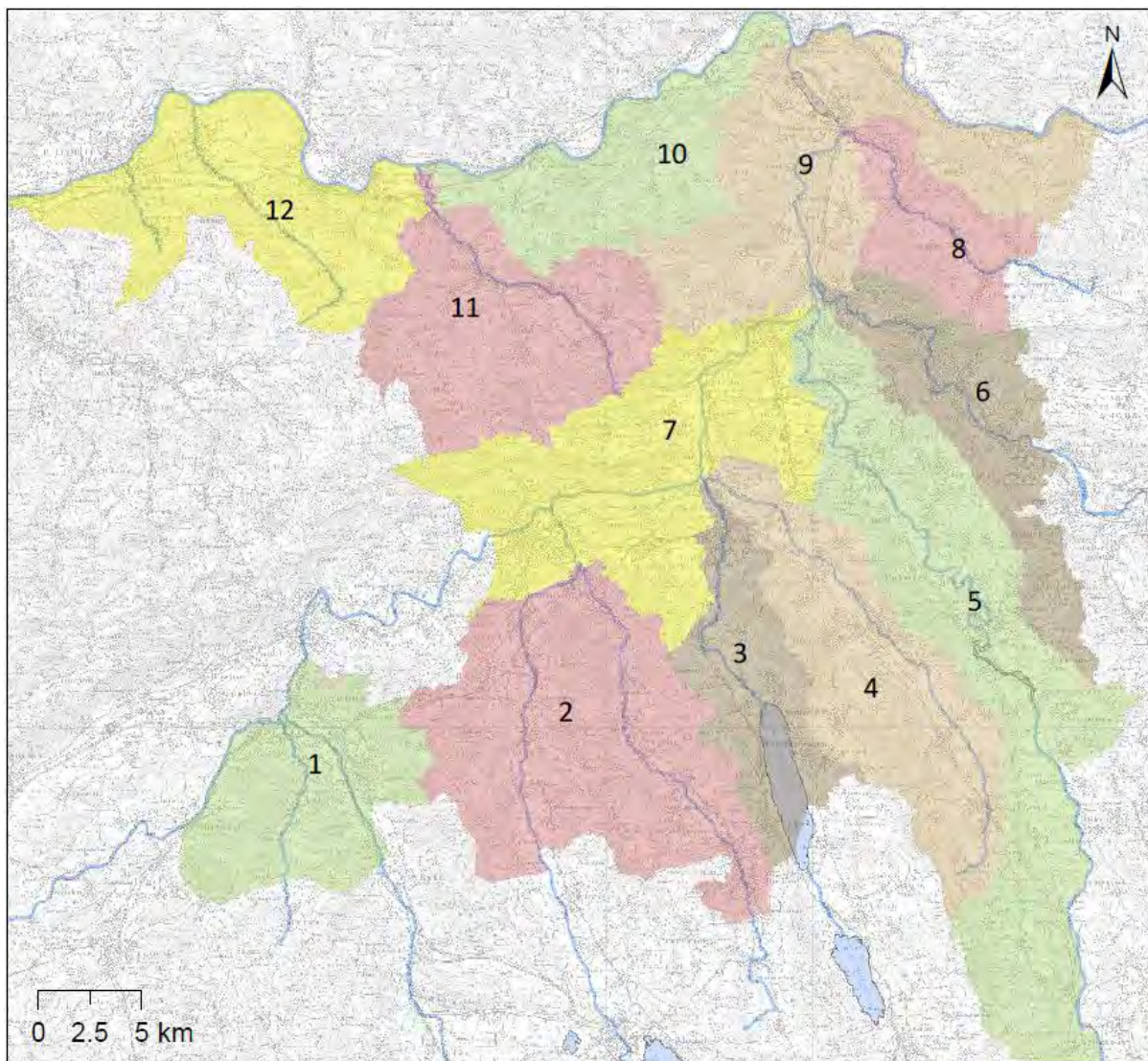


Abbildung 7-1: Übersicht der Teileinzugsgebiete (TEZG) im Kanton Aargau.

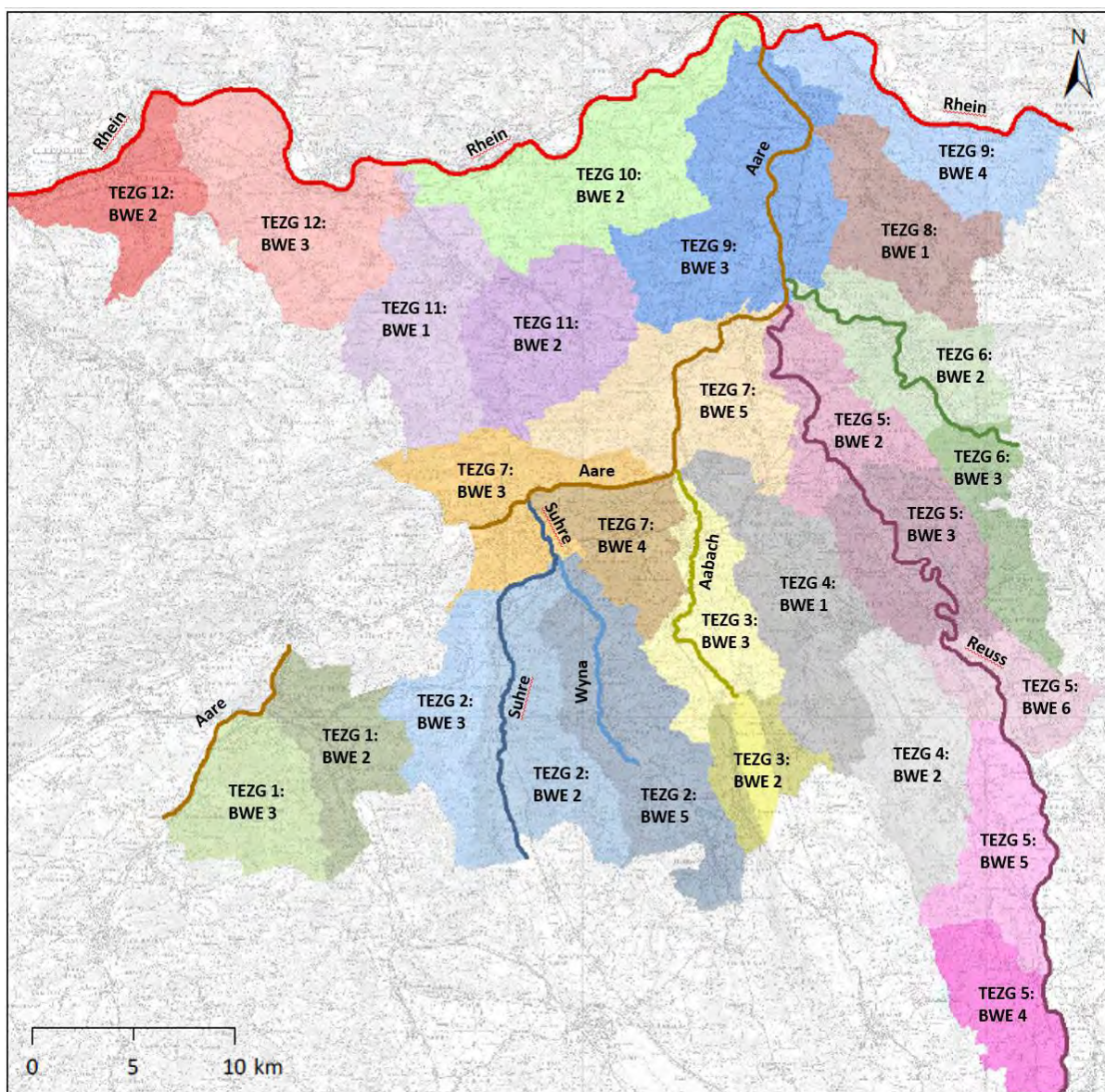
**Tabelle 7-1:** Aufstellung der Bewirtschaftungseinheiten, inkl. Bezeichnungen des Kantons Aargau.

Teileinzugsgebiet (TEZG)	Gebiet
TEZG 1	Wigger
TEZG 2	Suhre
TEZG 3	Aabach
TEZG 4	Bünz
TEZG 5	Reuss
TEZG 6	Limmat
TEZG 7	Aare
TEZG 8	Surb
TEZG 9	Klingnau
TEZG 10	Rhein
TEZG 11	Sissle
TEZG 12	Möhlinbach



**Abbildung 7-2.** Aare bei Brugg (Quelle: <http://aarelauf.ch/die-aareschlucht-bei-brugg/>).

## 7.4 Übersicht Bewirtschaftungseinheiten



**Abbildung 7-3.** Übersicht über die im Kanton Aargau ausgeschiedenen Bewirtschaftungseinheiten (BWE). Insgesamt wurden 35 BWE definiert. Aare, Limmat, Reuss, Rhein, Suhre, Wyna und Aabach gelten jeweils als eine BWE, auch wenn sie in der Legende mehrfach vorkommen.

## 8 Schlussfolgerungen

### 8.1 Genetische Resultate

Die genetischen Analysen von ca. 2600 Forellen aus Gewässern und Fischzuchten im Kanton Aargau zeigen eine hohe Anzahl von signifikanten genetischen Unterschieden zwischen den untersuchten Probenahme-Standorten. Über 93% der untersuchten Probenahme-Standorte sind im Vergleich mit anderen Standorten genetisch unterschiedlich. Die Resultate zeigen weiter, dass sich die für den Besatz benutzten Zuchtfische für 92% der Gewässer aus populationsgenetischer Sicht nicht eignen. Lediglich in zwei von 29 untersuchten Besatzgewässern wurde kein signifikanter genetischer Unterschied mit der FZ gefunden. Von neun zusätzlich untersuchten Aufzuchtgewässern waren die im Herbst abgefischten Sömmerlinge in sieben Gewässern ebenfalls genetisch signifikant unterschiedlich von der FZ. Nur in zwei Aufzuchtgewässern, die nicht gut mit dem unterliegenden Gewässersystem vernetzt sind, konnten keine genetischen Unterschiede mit dem Besatzmaterial aus der FZ festgestellt werden. Beide Resultate zeigen, dass die für den Besatz benutzten Fische in der Regel ungeeignet sind. Bei zukünftigen Besatzmassnahmen sollte daher darauf geachtet werden, die Herkunft der Elterntiere und die Besatzgewässer besser aufeinander abzustimmen. Im Prinzip sollten dabei einzelne Forellengewässer getrennt voneinander bewirtschaftet werden.

Die Resultate zu den Konsequenzen der Besatzmassnahmen der letzten Jahrzehnte zeigen verschiedenes: Einerseits konnten innerhalb der einzelnen Probenahme-Standorte kaum negative Einflüsse wie der Verlust von genetischer Vielfalt an neutralen Markern oder Inzucht nachgewiesen werden. Andererseits kann heute keine genetische Isolation von Populationen über die Gewässerdistanz mehr festgestellt werden. Dies ist wahrscheinlich auf einen Genfluss von den Zuchten in die besetzten Populationen zurückzuführen und zeigt, dass sich die Besatzmassnahmen über die letzten Jahrzehnte direkt auf die genetischen Eigenschaften der Populationen in den Gewässern ausgewirkt haben. Dazu können unter Umständen (z.B. bei kleinen Populationsgrössen) schon wenige Individuen, die sich pro Generation mit den natürlich vorkommenden Populationen vermehren, ausreichen. Dieser Genfluss kann dabei zu einem schrittweisen Verlust von Anpassungen an die lokalen Umweltbedingungen führen.

Obwohl die Populationen sich aufgrund des Besatzes in der Vergangenheit genetisch ähnlicher geworden sind, sind die natürlichen Prozesse, die zur genetischen Differenzierung zwischen Populationen führen, nicht zusammengebrochen und die meisten Forellen der untersuchten Standorte sind genetisch noch signifikant unterschiedlich. Im Rahmen der Bewirtschaftung sollte dies berücksichtigt werden. Genetisch differenzierte Populationen haben das Potential über einzigartige lokale Anpassungen zu verfügen. Ein Verlust solcher lokalen Anpassungen könnte negative Auswirkungen auf die Fortpflanzungsfähigkeit und das Überleben (Fitness) der natürlich vorkommenden Populationen haben. Wird die Fitness dieser Forellenpopulationen geschwächt, kann dies unter Umständen zu einem Produktionsverlust eines Gewässers führen und so schlussendlich zu weniger fangbaren Forellen. Dies würde auch die Fischer negativ beeinflussen. Eine lokale Bewirtschaftung ist also nicht nur im Sinne des Schutzes der Biodiversität, sondern auch im Sinne der Fischer, welche die Forellen der einzelnen Gewässer nutzen.

Die Ergebnisse der Studie zeigen einerseits, dass sich die Besatzmassnahmen auf viele Gewässer des Kantons genetisch ausgewirkt haben. Andererseits zeigen sie auch, dass sich die meisten Probenahme-Standorte genetisch immer noch signifikant unterscheiden. Dies macht es schwierig, eine allgemeine Schlussfolgerung über die Effizienz oder den Erfolg von Besatzmassnahmen zu machen. Schon ein geringer Besatzerfolg (einzelne Individuen, die sich natürlich fortpflanzen) kann zu Genfluss führen und genetische Unterschiede verwässern, vor allem wenn dieser über viele Generationen hinweg stattfindet. Wenn keine natürliche Fortpflanzung stattfindet und die meisten Fische aus dem Besatz abstammen würden, würde man nur sehr kleine und in der Regel nicht signifikante genetische Unterschiede zwischen Forellen der Fischzuchten und den untersuchten Standorten erwarten. Dies ist, wie die Resultate dieser Studie zeigen, nicht der Fall. Deshalb kann davon ausgegangen wer-

den, dass in vielen Gewässern die natürliche Fortpflanzung eine wichtige Rolle spielt. Die durch den Kanton und die Fischer zusammen durchgeführten Kartierungen der Forellenlaichgruben liefern diesbezüglich nützliche Informationen und sind wichtig für die Planung der zukünftigen Bewirtschaftung. Um die gewässerspezifische Effizienz spezifischer Besatzmassnahmen zu überprüfen, sind allerdings weitere, gezielte Erfolgskontrollen notwendig. Zurzeit werden solche bereits in einigen Gewässern des Kantons Aargau durchgeführt. Dabei wird zum ersten Mal auch die Genetik genutzt, um Besatzfische zu markieren, nebst anderen gängigen Methoden wie z.B. ein Fettflossenschnitt. Die Resultate dieses Versuches werden in einem separaten Bericht abgehandelt.

## 8.2 Empfehlungen für die zukünftige Bewirtschaftung

Die hohe Anzahl genetischer Unterschiede und das nicht Vorhandensein einer Steigerung der genetischen Differenzierung zwischen Populationen mit zunehmender geografischer Distanz führen dazu, dass die Ausscheidung von Bewirtschaftungseinheiten nicht ganz einfach war. Basierend auf den genetischen Daten müsste im Prinzip fast jedes Gewässer separat bewirtschaftet werden. Dies ist in der Praxis jedoch oft nicht möglich.

Nach Rücksprache mit der Sektion Jagd und Fischerei wurde bei der Ausscheidung der Bewirtschaftungseinheiten ein pragmatisches Vorgehen gewählt, das von verschiedenen Fischereiexperten und vom BAFU empfohlen wird [21]. Dabei sollen nebst den genetischen Ergebnissen, Informationen über das Vorhandensein verschiedener Teileinzugsgebiete (Grösse 150 km<sup>2</sup>) und verschiedener Gewässertypen sowie Vorkommen der einzelnen Fischarten einfließen. Die ausgeschiedenen BWE sollen in Zukunft bei der Bewirtschaftung als minimaler Standard berücksichtigt werden. Das heisst konkret: Forellen sollten nur innerhalb dieser Einheiten verschoben bzw. bewirtschaftet werden. Der Laichfischfang, die Aufzuchtgewässer und die Besatzgewässer müssen also stets in derselben Bewirtschaftungseinheit liegen. Mit diesem Ansatz wurden für die Forellen im Kanton Aargau insgesamt 35 verschiedene Bewirtschaftungseinheiten ausgeschieden. Falls möglich, sollte aber dennoch in kleineren BWE, d.h. gewässerspezifischen BWE, bewirtschaftet werden. Detaillierte Angaben und Erläuterungen für jedes Teileinzugsgebiet und die jeweiligen Bewirtschaftungseinheiten sind im Anhang aufgeführt.

## 9 Glossar

Begriff	Beschreibung
<b>Allel</b>	Ein Allel bezeichnet eine mögliche Variante eines <u>Gens</u> oder eines <u>Lokus</u> . Im Fall der Mikrosatelliten werden die unterschiedlichen Fragmentlängen als Allele bezeichnet.
<b>Allelfrequenzen</b>	Die Häufigkeit eines <u>Allels</u> innerhalb einer <u>Population</u> .
<b>Biologisches Artkonzept</b>	Arten sind Gruppen von sich miteinander fortpflanzenden <u>Populationen</u> , die von anderen solchen Gruppen reproduktiv isoliert sind.
<b>Chromosom</b>	Ein fadenförmiges Gebilde, welche das <u>Erbgut</u> eines Lebewesens trägt und in jedem Zellkern vorhanden ist.
<b>Demografischer Flaschenhals</b>	Damit wird in der <u>Populationsgenetik</u> eine genetische Verarmung einer <u>Population</u> bezeichnet, welche eine Folge einer (zeitweiligen) starken Reduktion der Anzahl Individuen einer <u>Population</u> oder <u>Art</u> ist.
<b>Desoxyribonukleinsäure (DNS)</b>	Die Desoxyribonukleinsäure ( <u>DNS</u> ) ist ein Makromolekül, das die Erbinformation enthält. Sie ist im Zellkern und in den Mitochondrien vorhanden. Die <u>DNS</u> ist zusammengesetzt aus den chemischen Elementen Kohlenstoff, Wasserstoff, Stickstoff, Sauerstoff und Phosphor. Im Sprachgebrauch wird häufig die Abkürzung <u>DNA</u> verwendet, die sich vom englischen Begriff Deoxyribonucleic Acid ableitet.
<b>Fitness</b>	Die Fitness beschreibt die Überlebens- und Fortpflanzungswahrscheinlichkeit eines Individuums und die Anzahl von Nachkommen, die es zeitlebens hat. Je besser ein Individuum an seine Umwelt angepasst ist, desto höher ist seine Fitness.
<b>F<sub>ST</sub></b>	Der F <sub>ST</sub> beschreibt den Anteil der Varianz in <u>Allelfrequenzen</u> , der durch die Einteilung der Individuen in verschiedene <u>Populationen</u> erklärt wird [24]. Vereinfacht ausgedrückt bedeutet dies, dass die berechneten Werte zwischen 0 (die <u>Populationen</u> sind identisch) und 1 (die <u>Populationen</u> sind komplett verschieden) liegen. Siehe auch <u>Anhang</u>
<b>Gen</b>	Erbinheit, partikuläre Erbanlage, die für ein Protein kodiert ist oder dieses reguliert. Beeinflusst morphologische und physiologische Merkmale eines Individuums.
<b>Genetische Drift</b>	Unter diesem Begriff wird die vom Zufall abhängige, also nicht durch <u>Selektion</u> gesteuerte genetische Veränderung (Schwankungen der <u>Allelfrequenzen</u> ) einer <u>Population</u> verstanden.
<b>Genfluss</b>	Bezeichnet den Austausch von genetischem Material zwischen zwei <u>Populationen</u> einer <u>Art</u> , bzw. zwischen Individuen innerhalb einer <u>Population</u> .
<b>Genom/Erbgut</b>	Als Genom oder Erbgut eines Lebewesens, bezeichnet man die Gesamtheit der materiellen Träger der vererbbaeren Informationen einer Zelle.
<b>Genotyp</b>	Genetische ( <u>Allel</u> -) Zusammensetzung eines Individuums an einem oder mehreren <u>Loci</u>
<b>Haplotyp</b>	Als Haplotyp wird eine Variante einer Nukleotidsequenz auf ein und demselben <u>Lokus</u> im <u>Genom</u> eines Lebewesens bezeichnet.
<b>Heterozygote</b>	Wenn ein Individuum an einem <u>Lokus</u> zwei unterschiedliche <u>Allele</u> hat, ist es bezogen auf diesen <u>Lokus</u> heterozygot.
<b>Homozygote</b>	Wenn ein Individuum an einem <u>Lokus</u> zwei identische <u>Allele</u> hat, ist es bezogen auf diesen <u>Lokus</u> homozygot.
<b>Hybridisierung</b>	Ein Hybrid ist ein Individuum, das aus einer Kreuzung zwischen Individuen verschiedener Gattungen, <u>Arten</u> , Unterarten oder Zuchtlinien hervorgegangen ist. Die Hybridisierung beschreibt diesen Vorgang.

Begriff	Beschreibung
<b>Introgression</b>	Die genetische Introgression beschreibt die Bewegung eines Gens, <u>Chromosoms</u> oder Chromosomsegments von einer <u>Art</u> oder <u>Population</u> auf eine andere durch <u>Hybridisierung</u> .
<b>Inzucht</b>	Inzucht beschreibt die Fortpflanzung unter nah verwandten Individuen.
<b>Linkage Disequilibrium</b>	Eine nicht zufällige Assoziation von Allelen in verschiedenen Loci. Ein Vorliegen einer solchen Assoziation entsteht zum Beispiel wenn zwei Loci auf einem <u>Chromosom</u> sehr nahe beieinander liegen und somit zusammen als eine Einheit vererbt werden.
<b>Lokus/Loci</b>	Ein Locus (Mehrzahl: Loci) beschreibt eine Stelle im <u>Genom</u> (z.B. ein <u>Gen</u> oder ein <u>Mikrosatellit</u> ).
<b>Mikrosatellit</b>	Ein Mikrosatellit ist ein <u>Lokus</u> auf dem <u>Genom</u> , in dem sich kurze <u>DNS</u> -Sequenzen oft wiederholen (z. Bsp. 3' ATATATATATATATATATATATATATATATATAT - 5').
<b>Mutation</b>	Als Mutation bezeichnet man jede Veränderung im genetischen Material, die auf die Tochterzellen vererbt wird bzw. vererbt werden könnte.
<b>Natürliche Selektion</b>	Natürliche Selektion ist ein Prozess, bei dem aus der Menge der ererbten Merkmalsvarianten eher diejenigen an nachfolgende Generationen weitergegeben werden, die zum Überleben und zu vermehrter Reproduktion führen.
<b>Phänotyp</b>	Das Erscheinungsbild eines Individuums. Der Phänotyp ist das Resultat der Interaktion des <u>Genotyps</u> mit Umwelteinflüssen.
<b>Phänotypische Plastizität</b>	<u>Phänotypische Plastizität</u> bezeichnet die Möglichkeit eines <u>Genotyps</u> als Antwort auf unterschiedliche Lebensbedingungen unterschiedliche <u>Phänotypen</u> auszuprägen. Verschiedene Individuen können auch innerhalb eines Lebensraumes durch Plastizität unterschiedlich sein.
<b>Phylogenie</b>	Untersuchung des historischen Ablaufs der Aufspaltung und der meist mit Höherentwicklung einhergehenden Entwicklung der Lebewesen im Laufe der Erdgeschichte.
<b>Polymerase Kettenreaktion (PCR)</b>	Die Polymerase-Kettenreaktion (englisch Polymerase Chain Reaction, <u>PCR</u> ) ist eine Methode, um die Erbsubstanz <u>DNS</u> in vitro zu vervielfältigen. Dazu wird ein Enzym namens <u>DNS</u> -Polymerase verwendet. Der Begriff „Kettenreaktion“ beschreibt in diesem Zusammenhang die Tatsache, dass die Produkte vorheriger Zyklen als Ausgangsstoffe für den nächsten Zyklus dienen und somit eine exponentielle Vervielfältigung der Erbsubstanz erreicht wird.
<b>Population</b>	Gruppe von Individuen in einem bestimmten (zusammenhängenden) Gebiet, die sich sexuell miteinander fortpflanzen.
<b>Populationsgenetik</b>	Zweig der genetischen Forschung, der sich insbesondere mit dem Austausch und der Dynamik der Erbanlagen auf dem Niveau ganzer <u>Populationen</u> beschäftigt und die Wirkungen von <u>Selektion</u> und <u>Mutation</u> auf die genetische Zusammensetzung der <u>Populationen</u> studiert.
<b>Primer</b>	Im Zusammenhang mit der Polymerasekettenreaktion ( <u>PCR</u> ): Ein Primer ist ein kurzes Stück <u>DNS</u> (ein Oligonukleotid), das der <u>DNS</u> -Polymerase als Startpunkt für die Synthese von <u>DNS</u> dient. Primer besitzen in der Regel eine Länge von 18 bis 30 Basenpaaren.
<b>Rekombination</b>	Darunter wird die bei der sexuellen Fortpflanzung im Zellkern vor sich gehende Neuordnung von genetischem Material verstanden. Durch Rekombination kommt es zu neuen Gen- und Merkmalskombinationen.
<b>Structure-Analyse</b>	Eine Zuordnungsanalyse mit der Computersoftware Structure, die Individuen anhand seiner genetischen Eigenschaften einer genetisch eigenständigen <u>Population</u> zuweist. Es wird die Wahrscheinlichkeit, dass ein Individuum einer <u>Population</u> zugehört, berechnet. Je grösser die genetischen Unterschiede zwischen den <u>Populationen</u> sind, desto besser können die Individuen den verschiedenen <u>Populationen</u> zugewiesen werden. Die Resultate werden in der Regel als Balkengrafik dargestellt. Structure-Analysen ermöglichen in vielen Fällen auch die



Begriff	Beschreibung
	Identifikation von <u>Hybriden</u> .
<b>Sympatrie</b>	Als Sympatrie bezeichnet man in der Biologie eine Form der geographischen Verbreitung, bei der sich die Verbreitungsgebiete von zwei <u>Populationen</u> , Unterarten oder <u>Arten</u> überlappen.

## 10 Literaturverzeichnis

1. Pinter, K., et al., 2017. *Besatzwirtschaft in Österreich und mögliche Effekte auf innerartliche Vielfalt der Bachforellen*. Österreichs Fischerei. **70**: p. 15-33.
2. Vrijenhoek, R.C., 1994. *Genetic diversity and fitness in small populations*. Conservation Genetics. **68**: p. 37-53.
3. Darwin, C., 1859. *On the origin of species by means of natural selection, or the preservation of favoured races in the struggle for life*. London: John Murray.
4. Vonlanthen, P. & D. Hefti, 2016. *Genetik und Fischerei - Zusammenfassung der genetischen Studien und Empfehlungen für die Bewirtschaftung*. Bundesamt für Umwelt: Ittigen.
5. Jungwirth, M., 2003. *Angewandte Fischökologie an Fließgewässern*. Facultas-Verlag.
6. Halvorsen, M. & O.B. Stabell, 1990. *Homing behaviour of displaced stream-dwelling brown trout*. Animal Behaviour **39**(6): p. 1089-1097.
7. Stelkens, R.B., et al., 2012. *Genetic and phenotypic population divergence on a microgeographic scale in brown trout*. Molecular Ecology. **21**(12): p. 2896-2915.
8. Kottelat, M. & J. Freyhof, 2007. *Handbook of European Freshwater Fishes*. Cornol, Switzerland: Publications Kottelat.
9. Endler, J.A., 1989. *Natural selection in the wild*. Princeton University Press.
10. Araki, H., B. Cooper, & M. Blouin, 2007. *Genetic Effects of Captive Breeding Cause a Rapid, Cumulative Fitness Decline in the Wild*. Science. **318**: p. 100-103.
11. Vonlanthen, P., et al., 2007. *Genetic analysis of potential postglacial watershed crossings in central Europe by the bullhead (Cottus gobio L.)*. Molecular Ecology. **in press**.
12. Häberli, M., 2015. *Phenotypic and Genetic Diversification of Cottus gobio in a Metapopulation*, in Philosophisch-naturwissenschaftlichen Fakultät der Universität Bern Universität Bern: Bern.
13. Hudson, A., P. Vonlanthen, & O. Seehausen, 2014. *Population structure, inbreeding and local adaptation within an endangered riverine specialist: the nase (Chondrostoma nasus)*. Conservation Genetics. **15**(4): p. 933-951.
14. Vonlanthen, P., A.G. Hudson, & O. Seehausen, 2010. *Genetische Differenzierung und lokale Anpassung der Nasenpopulationen in der Schweiz*. BAFU, Editor, EAWAG: Kastanienbaum.
15. Excoffier, L. & H. Lischer, 2010. *Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows*. Molecular Ecology Resources. **10**: p. 564-567.
16. BAFU, 2015. *Einzugsgebietsgliederung Schweiz, EZGG-CH - topographische Einzugsgebiete der Schweizer Gewässer*, in Produktdokumentation,, Bundesamt für Umwelt.
17. Behrmann-Godel, J., 2014. *Genetische Untersuchungen zur Diversität von Seeforellen im Bodensee-Obersee*, Universität Konstanz: Konstanz.
18. Largiader, C.R. & D. Hefti, 2002. *Genetische Aspekte des Schutzes und der nachhaltigen Bewirtschaftung von Fischarten*, in MITTEILUNGEN ZUR FISCHEREI NR. 73, Bundesamt für Umwelt: Bern.
19. Rousset, F., 1997. *Genetic differentiation and estimation of gene flow from F-statistics under isolation by distance*. Genetics. **145**(4): p. 1219-1228.
20. Aquabios, 2015. *Erfolgskontrolle Besatzmassnahmen und populationsgenetische Untersuchung der Äschen im Kanton Aargau*, V.u.U. Departement Bau, Abteilung Wald, Sektion Jagd und Fischerei, Editor, Aquabios GmbH: Châtonnaye.
21. BAFU, In Erarbeitung. *Ökologisch angemessener Fischbesatz – Empfehlungen für die Praxis*, Bundesamt für Umwelt: Bern.
22. Keller, I., A. Taverna, & O. Seehausen, 2011. *Evidence of neutral and adaptive genetic divergence between European trout populations sampled along altitudinal gradients*. Molecular Ecology. **20**(9): p. 1888-1904.

23. Keller, I., et al., 2012. *Parallel divergent adaptation along replicated altitudinal gradients in Alpine trout*. BMC Evolutionary Biology. **12**: p. 1-16.
24. Weir, B. & C. Cockerham, 1984. *Estimating F-Statistics for the analysis of population structure*. Evolution. **38**(6): p. 1358-1370.

## 11 Anhang

### 11.1 Laborarbeiten

Die Desoxyribonukleinsäure oder kurz DNS (Erbgut) wurde aus kleinen Flossenstückproben (meist Stückchen der Fettflosse) mit einer Chelex-Präzipitationsmethode extrahiert. Die Polymerase-Kettenreaktion (PCR) der DNS wurde in einem Reaktionsvolumen von 4.25 µl mit den folgenden Inhaltsstoffen durchgeführt: 2.5 µl QIAGEN Multiplex PCR Master mix, 1.75 µl ddH<sub>2</sub>O, 0.75 µl DNS und 0.115 µl Primer mix. Verwendet wurde die Primer: SL438, Ssa100, Ssa197, Ssa85, SsoSL417, Str15, Str2, Str543, Str591, Str60, Str73, Strutta12. Das PCR-Profil beginnt mit der Denaturierung der DNS bei 94°C für 15 Minuten, gefolgt von 35 Zyklen von 30 Sekunden bei 94°C, 90 Sekunden bei 54°C, 90 Sekunden bei 72°C und endet mit einem Zyklus von 30 Minuten bei 60°C.

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



Abbildung 11-1. PCR – Maschine die für die amplifizierung der DNS benutzt wird.

### 11.2 Statistische Auswertungen

Für statistische Auswertungen wurden folgende gängige populationsgenetischen Programme verwendet: GENPOP, FSTAT, GENETIX, STRUCTURE, ARLEQUIN, COLONY und PASOS. Falls sinnvoll und notwendig wird die Funktionsweise einer Analyse oder Tests direkt in den Resultaten besprochen. Einige Probenahme-Standorte wurden für gewisse statistische Analysen wegen zu kleiner Stichprobengrößen ausgeschlossen.

### 11.3 Basisanalysen

Nr.	Gewässer	N	A <sub>N</sub>	A <sub>R</sub>	H <sub>D</sub>	H <sub>E</sub>	P-Wert	F <sub>IS</sub>	Signifikanz	Linkage Disequilibrium			Colony	
										p<0.05	p<0.01	p<0.001	Voll-	Halbgeschwister
1.1	Bünz	24	5.92	5.61	0.61	0.63	n.s.	0.04	n.s.	9.1%	0.0%	0.0%	1 (0.2%)	36 (7.7%)
1.2	Bünz	35	6.92	5.85	0.60	0.61	n.s.	0.02	n.s.	4.5%	1.5%	1.5%	1 (0.2%)	37 (6.6%)
2.1	Surb	30	6.25	5.59	0.68	0.67	n.s.	0.00	n.s.	12.1%	4.5%	1.5%		
2.2	Surb	30	6.83	6.21	0.66	0.65	n.s.	-0.01	n.s.	4.5%	0.0%	0.0%		
3	Fischzucht Hohler	30	5.83	5.30	0.62	0.62	n.s.	-0.01	n.s.	7.6%	1.5%	0.0%		
4.1	Holzbach	19	6.00	5.94	0.61	0.64	n.s.	0.04	n.s.	6.1%	0.0%	0.0%		
5	Sickerwasserkanal	36	6.17	5.62	0.69	0.68	n.s.	-0.02	n.s.	22.7%	13.6%	3.0%	8 (1.3%)	91 (14.4%)
7	Möhlbach	38	6.75	5.77	0.61	0.63	n.s.	0.02	n.s.	3.0%	0.0%	0.0%		
8.1	Wyna	30	7.00	6.22	0.67	0.66	n.s.	-0.01	n.s.	10.6%	1.5%	0.0%		
9.1	Pfaffnern	26	7.17	6.48	0.63	0.63	n.s.	0.00	n.s.	6.1%	1.5%	1.5%		
10.1	Limmat	26	6.75	6.12	0.59	0.64	n.s.	0.08	p<0.05	6.1%	1.5%	0.0%		
11	Dorfbach Auw	31	5.67	4.95	0.55	0.57	p<0.05	0.04	n.s.	21.2%	7.6%	3.0%	3 (0.6%)	44 (9.5%)
13	Erusbach	29	5.83	5.45	0.60	0.65	n.s.	0.09	p<0.05	13.6%	6.1%	3.0%		
14	Katzbach	28	5.50	5.13	0.59	0.60	n.s.	0.02	n.s.	19.7%	7.6%	1.5%		
15.1	Wigger	32	6.50	5.76	0.58	0.63	p<0.05	0.09	p<0.05	7.6%	3.0%	0.0%		
15.2	Wigger	24	6.33	5.90	0.60	0.63	n.s.	0.05	n.s.	13.6%	6.1%	0.0%		
16	Ruederchen	32	6.50	5.97	0.70	0.66	n.s.	-0.07	p<0.05	13.6%	4.5%	0.0%		
17.1	Staffelleggbach	39	5.83	5.12	0.60	0.61	p<0.05	0.02	n.s.	10.6%	4.5%	1.5%		
18	Riknerbach	36	6.00	5.42	0.64	0.61	n.s.	-0.05	n.s.	15.2%	4.5%	1.5%		
19.3	Aabach	32	6.08	5.60	0.59	0.63	p<0.05	0.07	p<0.05	22.7%	12.1%	7.6%	11 (2.2%)	59 (11.9%)
20	Wilerbach	24	5.92	5.53	0.60	0.62	n.s.	0.02	n.s.	3.0%	0.0%	0.0%		
21	Tägerbach	38	6.08	5.20	0.58	0.58	n.s.	0.01	n.s.	10.6%	3.0%	0.0%		
22.1	Chrüzlibach	26	6.33	5.75	0.64	0.63	n.s.	-0.01	n.s.	6.1%	0.0%	0.0%		
23	Egliswiler Dorfbach	40	6.08	5.37	0.60	0.63	n.s.	0.04	n.s.	18.2%	10.6%	3.0%		
24.2	Guntenschbach	31	5.17	4.82	0.60	0.63	p<0.05	0.06	p<0.05	28.8%	13.6%	1.5%		
25	Dorfbach Oftringen	41	7.00	6.10	0.61	0.65	n.s.	0.05	p<0.05	6.1%	1.5%	0.0%		
26	Luthern	18	5.50		0.66	0.68	n.s.	0.04	n.s.	3.0%	1.5%	0.0%		
27	Erzbach	33	5.67	5.11	0.56	0.59	p<0.05	0.06	p<0.05	12.1%	3.0%	0.0%		
28	Sembach	30	5.83	5.20	0.58	0.59	p<0.05	0.02	n.s.	15.2%	7.6%	1.5%		
29	Jonen	31	7.25	6.33	0.58	0.63	n.s.	0.08	p<0.05	7.6%	3.0%	0.0%		
30.1	Sissle	31	6.25	5.65	0.64	0.65	p<0.05	0.01	n.s.	9.1%	3.0%	1.5%		
30.2	Sissle	29	6.83	6.18	0.64	0.64	n.s.	-0.01	n.s.	6.1%	0.0%	0.0%		
31	Bruggbach	30	6.67	6.01	0.60	0.63	p<0.05	0.06	p<0.05	18.2%	7.6%	4.5%		
32	Uerke	30	7.00	6.14	0.62	0.64	n.s.	0.03	n.s.	10.6%	1.5%	0.0%		
33	Hünikerbach	32	6.67	6.00	0.59	0.63	p<0.05	0.06	p<0.05	7.6%	1.5%	0.0%		
34	Köllikerbach	30	6.50	5.78	0.62	0.64	n.s.	0.03	n.s.	16.7%	6.1%	0.0%		
35	Furtbach	30	7.75	6.61	0.65	0.66	n.s.	0.03	n.s.	9.1%	3.0%	1.5%		
36	Fischzucht Flückiger	36	4.25	4.13	0.62	0.59	p<0.05	-0.06	p<0.05	54.5%	36.4%	24.2%	96 (15.2%)	131 (20.8%)
37.1	Hallwilersee	19	6.25	6.16	0.68	0.68	n.s.	0.00	n.s.	6.1%	3.0%	0.0%		
37.3	Hallwilersee	19	5.83	5.76	0.62	0.66	p<0.05	0.06	n.s.	4.5%	0.0%	0.0%		
38	Kaisterbach	30	5.83	5.31	0.62	0.63	n.s.	0.02	n.s.	21.2%	9.1%	1.5%		
39	Wölflinswilerbach	30	6.33	5.78	0.59	0.64	n.s.	0.07	p<0.05	12.1%	0.0%	0.0%		
40.1	Fischzucht Nadler	121	7.08	5.66	0.62	0.63	p<0.05	0.02	n.s.	31.8%	18.2%	9.1%		
40.2	Fischzucht Nadler	32	5.83	5.37	0.60	0.61	n.s.	0.02	n.s.	6.1%	1.5%	0.0%	2 (0.4%)	42 (8.4%)
41.1	Gründelbach	30	6.42	5.68	0.58	0.62	n.s.	0.06	p<0.05	19.7%	4.5%	1.5%		
41.2	Suhre	19	6.42	6.32	0.64	0.65	n.s.	0.02	n.s.	6.1%	1.5%	0.0%		
42.1	Talbächli	21	5.50	5.32	0.59	0.65	p<0.05	0.09	p<0.05	6.1%	3.0%	1.5%		
43	Gottesgraben	25	5.83	5.53	0.58	0.60	p<0.05	0.04	n.s.	24.2%	9.1%	4.5%		
44	Magdenerbach	30	6.42	5.72	0.67	0.68	p<0.05	0.02	n.s.	3.0%	1.5%	1.5%		
45	Süssbach	38	6.00	5.10	0.59	0.59	p<0.05	0.00	n.s.	34.8%	15.2%	6.1%		
46	Meisterschwanderbach	30	5.58	5.20	0.58	0.62	n.s.	0.07	p<0.05	10.6%	6.1%	0.0%		
47.1	Roggenhuserbach	19	6.17	6.10	0.57	0.63	n.s.	0.09	p<0.05	4.5%	0.0%	0.0%		
48.1	Schwarzgraben	25	6.58	6.13	0.60	0.65	n.s.	0.07	p<0.05	12.1%	1.5%	0.0%		
48.2	Schwarzgraben	21	5.83	5.64	0.57	0.62	p<0.05	0.08	p<0.05	22.7%	12.1%	4.5%		
50	Künter Dorfbach	30	6.00	5.50	0.64	0.65	p<0.05	0.02	n.s.	22.7%	12.1%	4.5%		
<b>51</b>	<b>Bruggbach</b>	<b>32</b>	<b>3.75</b>	<b>3.63</b>	<b>0.62</b>	<b>0.59</b>	<b>p&lt;0.05</b>	<b>-0.05</b>	<b>n.s.</b>	<b>28.8%</b>	<b>18.2%</b>	<b>10.6%</b>	<b>42 (8.5%)</b>	<b>67 (13.5%)</b>
53	Fischzucht Aue aus Bach	25	6.17	5.77	0.69	0.68	n.s.	-0.01	n.s.	16.7%	13.6%	3.0%	12 (4%)	39 (13%)
54	Fischzucht Aue Limmat	25	6.83	6.29	0.62	0.63	n.s.	0.01	n.s.	6.1%	0.0%	0.0%	0 (0%)	25 (8.3%)
55	Fischzucht Ortsbürger Bremgarten	33	6.67	5.77	0.57	0.63	p<0.05	0.09	p<0.05	13.6%	6.1%	3.0%	0 (0%)	50 (9.5%)
57	Fischzucht PUA Sickerwasserkanal	26	6.33	5.78	0.64	0.66	n.s.	0.04	n.s.	9.1%	1.5%	0.0%	2 (0.6%)	31 (9.5%)
58	Fischzucht PUA Weiher Böttstein	25	6.08	5.68	0.65	0.65	p<0.05	0.00	n.s.	9.1%	0.0%	0.0%	0 (0%)	23 (8.3%)
59	Fischzucht PUA Radagkanal	30	5.75	5.27	0.64	0.62	p<0.05	-0.02	n.s.	28.8%	15.2%	9.1%	22 (5.1%)	25 (5.7%)
60	Erlibach	27	6.00	5.47	0.52	0.57	p<0.05	0.08	p<0.05	37.9%	21.2%	4.5%	16 (4.6%)	51 (14.5%)
61	Höhlbach	30	5.33	4.92	0.65	0.64	n.s.	-0.03	n.s.	10.6%	3.0%	0.0%		
62	Landbach	30	6.17	5.54	0.62	0.62	n.s.	0.00	n.s.	9.1%	1.5%	1.5%		
63	Rickenbach	30	5.75	5.24	0.58	0.62	p<0.05	0.06	p<0.05	3.0%	0.0%	0.0%		
65	Wittnauerbach	29	6.33	5.81	0.59	0.60	n.s.	0.02	n.s.	7.6%	0.0%	0.0%		
66	Sinserbach	30	6.25	5.66	0.61	0.62	n.s.	0.02	n.s.	10.6%	0.0%	0.0%		
67	Dorfbach Leibstadt	18	5.17		0.51	0.57	p<0.05	0.12	p<0.05	22.7%	7.6%	1.5%	5 (3.3%)	10 (6.5%)
68	Talbach	30	5.58	5.24	0.58	0.61	p<0.05	0.04	n.s.	24.2%	15.2%	7.6%	8 (1.8%)	41 (9.4%)
<b>69</b>	<b>Widenbach</b>	<b>30</b>	<b>4.42</b>	<b>3.95</b>	<b>0.52</b>	<b>0.55</b>	<b>p&lt;0.05</b>	<b>0.05</b>	<b>n.s.</b>	<b>28.8%</b>	<b>18.2%</b>	<b>6.1%</b>	<b>43 (10.6%)</b>	<b>26 (6.4%)</b>
70	Wissenbach	25	5.92	5.48	0.60	0.62	p<0.05	0.04	n.s.	3.0%	1.5%	0.0%		
71	Bünz	25	6.58	6.06	0.58	0.65	p<0.05	0.10	p<0.05	12.1%	1.5%	0.0%		
72	Fischzucht Nadler	34	4.08	3.95	0.65	0.59	p<0.05	-0.10	p<0.05	53.0%	36.4%	24.2%	113 (20.1%)	226 (40.3%)
73	Fischzucht Nadler	29	3.75	3.66	0.63	0.56	p<0.05	-0.11	p<0.05	45.5%	33.3%	25.8%	124 (30.5%)	132 (32.5%)
74	Fischzucht Nadler	46	3.75	3.66	0.70	0.62	p<0.05	-0.12	p<0.05	50.0%	33.3%	21.2%	259 (25%)	544 (52.6%)
75	Wigger	28	6.25	5.73	0.61	0.62	p<0.05	0.01	n.s.	12.1%	4.5%	0.0%		
76	Steinerkanal	33	6.25	5.57	0.61	0.62	p<0.05	0.02	n.s.	19.7%	3.0%	1.5%		
77	Suhre	32	6.50	5.78	0.62	0.61	n.s.	-0.02	n.s.	7.6%	1.5%	1.5%		
78.1	Wyna	31	7.08	6.25	0.62	0.64	n.s.	0.03	n.s.	13.6%	7.6%	3.0%		
78.2	Rickenbach	18	5.33		0.59	0.62	n.s.	0.06	n.s.	9.1%	3.0%	0.0%		
<b>Total/Mittelwert</b>		<b>2687</b>	<b>5.72</b>	<b>5.54</b>	<b>0.63</b>	<b>0.64</b>		<b>0.03</b>		<b>12.8%</b>	<b>5.3%</b>	<b>2.2%</b>		

## 11.4 Empfohlene Bewirtschaftungseinheiten

### 11.4.1 Teileinzugsgebiet Wigger (TEZG 1)

#### 11.4.1.1 Standorte

Im Gebiet im Südwesten des Kantons Aargau wurden total sechs Standorte untersucht (Abbildung 11-2). Die Besatzfische stammten aus der FZ Nadler (Tabelle 11-1). In der Pfaffnern (Nr. 9) findet seit längerem kein Besatz mehr statt, so auch im Dorfbach Oftringen (Nr. 25), der seit 2009 nicht mehr besetzt wird. In den anderen Gewässern wurden bis ins Jahr 2013 Fische ausgesetzt. Insgesamt wurden 187 Forellen untersucht. Die Vernetzung im System scheint eher gut zu sein, es gibt nur wenige Abstürze, die mehr als 1m hoch sind.

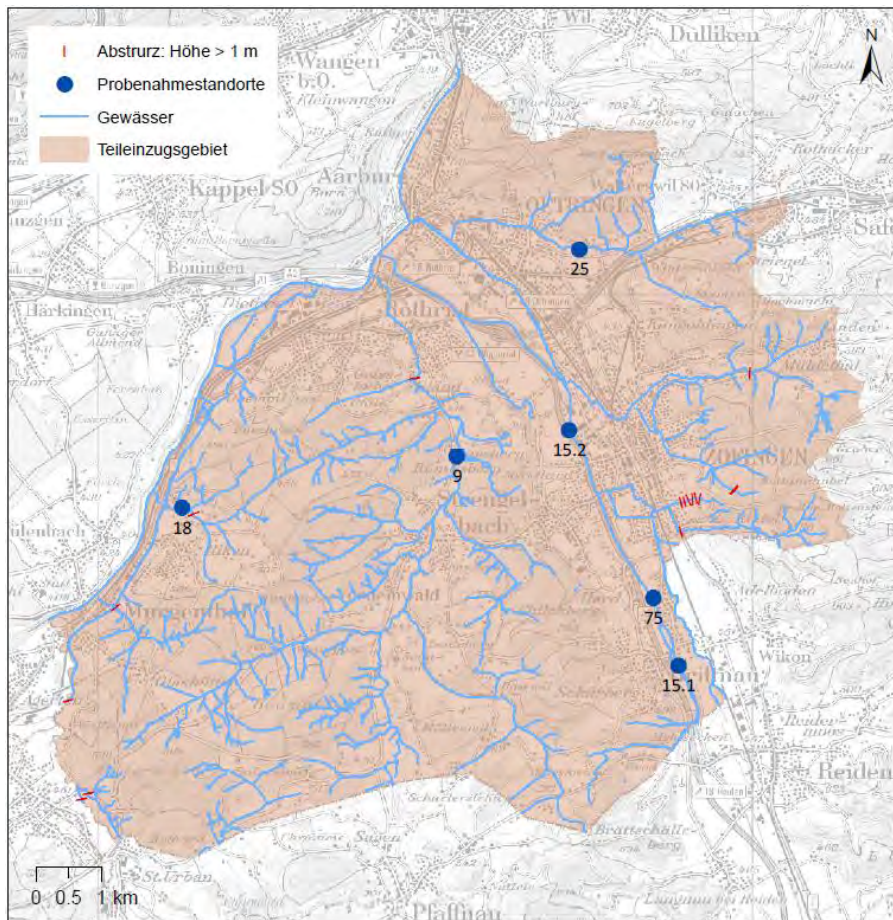


Abbildung 11-2: Untersuchungsgebiet und Probenahme-Standorte im Teileinzugsgebiet Wigger.

Tabelle 11-1: Übersicht und Informationen zu den Probenahme-Standorten im Teileinzugsgebiet Wigger.

Nr.	Standort	Revier	N	Bewirtschaftung
9	Pfaffnern	128	26	seit >15 Jahren kein Besatz
15.1	Wigger	125	32	seit 2013 kein Besatz, vorher 2500 S, FZ Nadler
15.2	Wigger	124	24	seit 2013 kein Besatz
18	Riknerbach	131	36	seit 2014 kein Besatz, vorher 500 VS, FZ Nadler
25	Dorfbach Oftringen	132	41	seit 2009 kein Besatz
75	Wigger	125	28	seit 2013 kein Besatz, vorher 2500 S, FZ Nadler
40.1	FZ Nadler		118	

### 11.4.1.2 Resultate

Tabelle 11-2:  $F_{ST}$ -Werte, die zwischen Forellen der verschiedenen Standorten beobachtet wurden.

Nr.	Standort	9	15.1	15.2	18	25	75	40.1
9	Pfaffnern	-	n.s.	**	***	**	***	***
15.1	Wigger	0.005	-	**	***	***	*	***
15.2	Wigger	0.015	0.016	-	***	n.s.	**	**
18	Riknerbach	0.046	0.048	0.017	-	***	***	***
25	Dorfbach Oftringen	0.012	0.020	0.004	0.028	-	***	***
75	Wigger	0.024	0.010	0.018	0.032	0.022	-	***
40.1	Fischzucht Nadler	0.027	0.032	0.010	0.027	0.016	0.023	-

- Die meisten genetischen Unterschiede sind signifikant (Tabelle 11-2). Der mittlere  $F_{ST}$ -Wert der Gewässer liegt bei 0.021.
- Zwei genetische Unterschiede sind nicht signifikant. Der eine betrifft den Vergleich zwischen der Pfaffnern (Nr. 9) und einem Standort der Wigger (Pop. 15.1), der  $F_{ST}$ -Wert liegt bei 0.005. Der andere betrifft den Vergleich zwischen einem Probenahmestandort der Wigger (Nr. 15.2) sowie der geografisch nahe gelegenen Probenahmestelle im Dorfbach Oftringen (Nr. 25), der  $F_{ST}$ -Wert liegt bei 0.004.
- Die Wigger wurde bis 2013 mit Fischen der FZ Nadler besetzt. Die untersuchten Standorte an der Wigger (Nr. 15.1, 15.2 und 75) weisen gegenüber der FZ Nadler eher niedrige, aber signifikante  $F_{ST}$ -Werte auf. Dies deutet darauf hin, dass die Fische aus der FZ Nadler für den Besatz eher nicht geeignet waren. Zum Erfolg des Besatzes kann aufgrund dieser Daten keine konkrete Aussage gemacht werden.
- Der Riknerbach (Pop. 18) weist verglichen mit der FZ Nadler einen  $F_{ST}$ -Wert von 0.027 aus. Der Wert lässt darauf schliessen, dass die Forellen, die aus der FZ Nadler bezogen wurden, sich eher nicht für den Besatz des Riknerbaches eignen.

### 11.4.1.3 Empfehlungen Bewirtschaftung

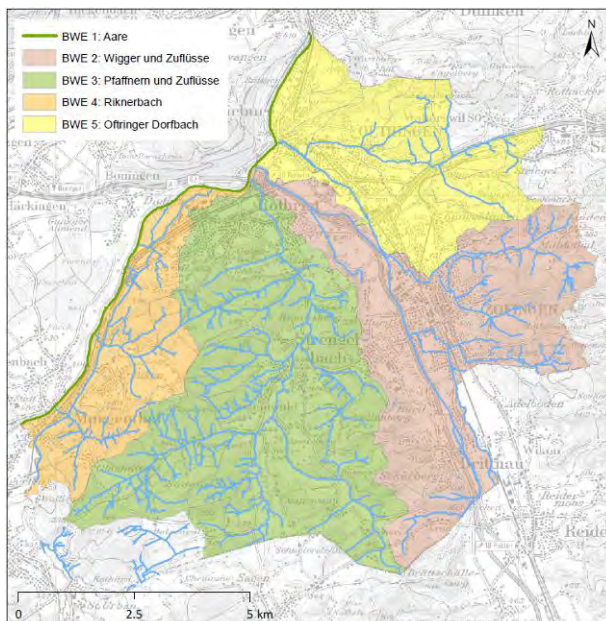


Abbildung 11-3: Die Bewirtschaftungseinheiten (BWE) gestaltet nach den erhobenen Daten.

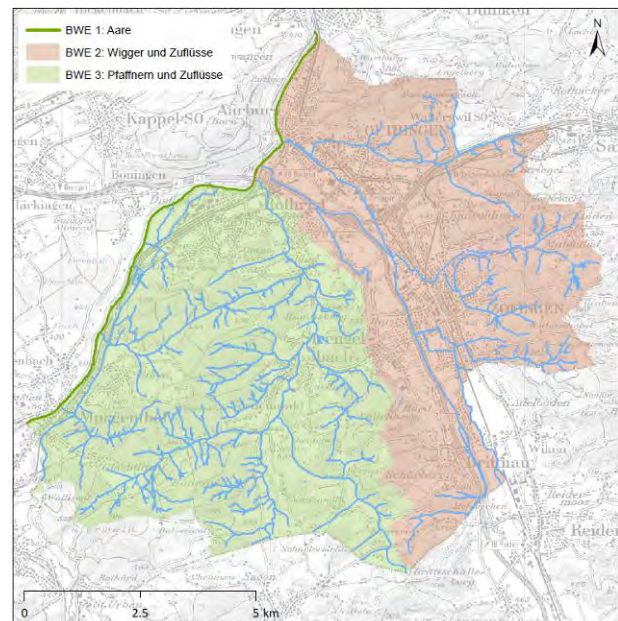


Abbildung 11-4: Angepasste Bewirtschaftungseinheiten (BWE) für die Praxis.

### Gewässer, BWE

Die genetischen Unterschiede sind in der Regel signifikant, weshalb im Prinzip jeder untersuchte Standort als eigenständige Population und BWE zu betrachten wäre (Abbildung 11-3). Ist dies in der Praxis nicht umsetzbar, sollten folgende minimalen BWE berücksichtigt werden (Abbildung 11-4):

- BWE 1: Aare
- BWE 2: Wigger und Zuflüsse
- BWE 3: Pfaffnern und Zuflüsse

Die Aare unterscheidet sich in der Gewässertypologie stark von ihren Zuflüssen und sollte daher als eigene BWE berücksichtigt werden.

Die genetischen Unterschiede innerhalb des Wigger- und Pfaffnernsystems sind in der Regel eher klein, aber zumeist signifikant. Daher sollte innerhalb der beiden Systeme auf eine Umsiedlung zwischen den einzelnen Gewässern möglichst verzichtet werden.

### Fischzuchten

Die meisten genetischen Unterschiede zwischen der FZ Nadler und den Gewässern sind signifikant. Dies deutet darauf hin, dass die Besatzfische aus der FZ sich nicht für den Besatz eignen. Um die lokalen Populationen möglichst zu erhalten und zu fördern, sollten für allfällige Besatzmassnahmen deshalb auf wilde Elterntiere aus den jeweiligen BWE zurückgegriffen werden.



Abbildung 11-5. Forelle aus der Pfaffnern.



## 11.4.2 Teileinzugsgebiet Suhre (TEZG 2)

### 11.4.2.1 Standorte

Im Teileinzugsgebiet der Suhre wurden Forellen aus elf Standorten untersucht (Abbildung 11-6). Die Besatzfische in diesem System stammen aus den FZ Nadler und Flückiger (Tabelle 11-3). Forellen dieser FZ wurden daher für die genetischen Vergleiche mit einbezogen. Es wurden total 282 Forellen untersucht. Die Suhre scheint gut vernetzt zu sein. An der Wyna liegen zwischen den Probenahme-Standorten nebst der grossen Distanz noch mehrere Querbauwerke.

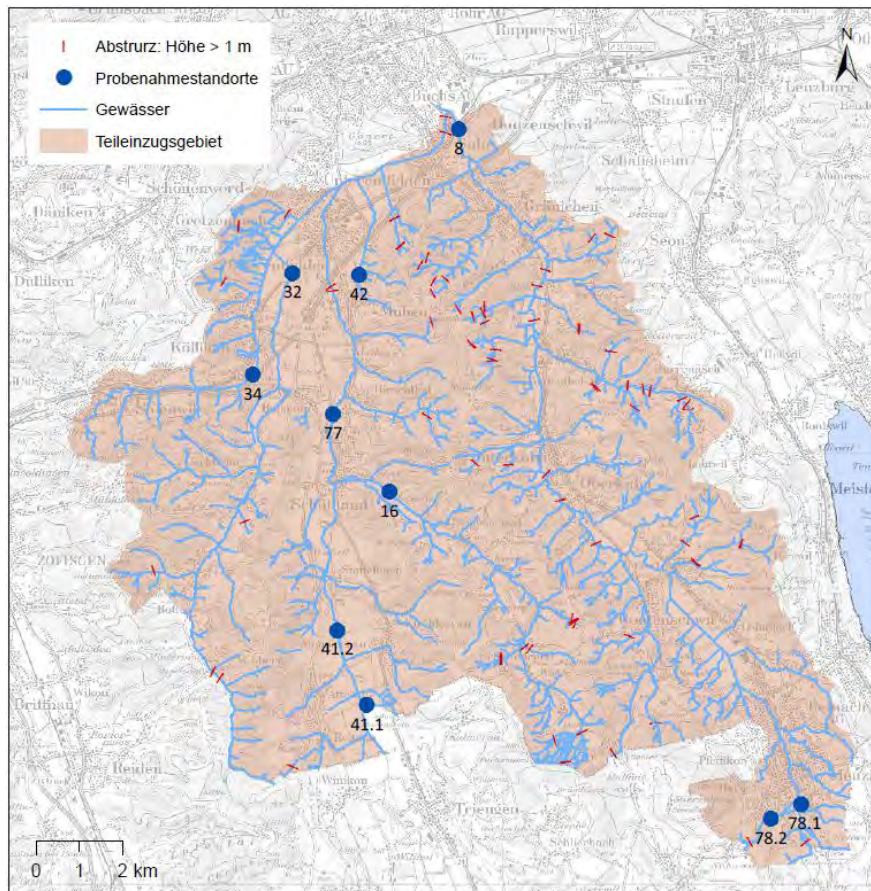


Abbildung 11-6: Probenahme-Standorte im Teileinzugsgebiet Suhre.

Tabelle 11-3: Übersicht und Informationen zu den Probenahme-Standorten im Teileinzugsgebiet Suhre.

Nr.	Standort	Revier	N	Bewirtschaftung
16	Ruederchen	674	32	seit 2013 kein Besatz, vorher 10'000 BR, FZ Flückiger
32	Uerke	75/121	30	AZG Bändlibach Rv 121, jährlich 2'000 BR, FZ Nadler
34	Köllikerbach	130	30	seit 2015 kein Besatz; Vorher 2'000 VS, FZ Nadler; früher FZ Flückiger
41.1	Gründelbach	120	30	seit 2014 kein Besatz; vorher 2000 BR, FZ Nadler;
41.2	Suhre	120	19	seit 2013 kein Besatz
42	Talbächli	74	31	seit 2016 kein Besatz; vorher 2000-3000 BR; FZ Flückiger und letzte Jahre FZ Nadler.
77	Suhre	72/73/ 688	32	Rv. 72: die letzten Jahre 500 1+; FZ Nadler. Rv. 73/688: 1'600-1'800 S/1+; FZ Nadler
8	Wyna	694	30	seit 2016 kein Besatz, vorher 1500 VS; Seitenbäche 10'000 BR (FZ Nadler);
78.1	Wyna	115	31	seit 2016 kein Besatz; vorher 800-900 S, FZ Nadler
78.2	Rickenbach	119	17	seit 2013 kein Besatz
36	FZ Flückiger		36	
40.1	FZ Nadler		118	

### 11.4.2.2 Resultate

#### Teileinzugsgebiet der Wyna

- Im Teileinzugsgebiet der Wyna (Tabelle 11-4, grün markiert) war einer von drei genetischen Vergleichen signifikant. Es handelt sich dabei um den Vergleich zwischen dem Rickenbach und der obersten und damit nah gelegenen Strecke der Wyna. Der Mittelwert der genetischen Unterschiede in diesem Gebiet ist mit einem  $F_{ST}$  von 0.009 sehr tief. Die genetischen Unterschiede im Wyna-Einzugsgebiet sind also insgesamt klein.
- Die genetischen Unterschiede zwischen den Wyna-Standorten und der FZ Nadler, aus welcher die Besatzfische mehrheitlich stammen, sind ebenfalls klein. Da die genetischen Unterschiede aber signifikant sind, scheinen die Besatzfische für diese Gewässer eher nicht geeignet zu sein. Über den Erfolg des Besatzes kann aufgrund dieser Daten keine konkrete Aussage gemacht werden. Eine Erfolgskontrolle der Besatzmassnahmen in der Wyna ist im Gange und erste Resultate werden bald verfügbar sein.

**Tabelle 11-4.**  $F_{ST}$ -Werte, die zwischen Forellen aus den verschiedenen Standorten beobachtet wurden.

Nr.	Standort	16	32	34	41.1	41.2	42	77	8	78.1	78.2	36	40.1
16	Ruederchen	-	***	***	***	***	***	***	n.s.	***	n.s.	***	***
32	Uerke	0.018	-	***	***	**	*	n.s.	n.s.	*	*	***	***
34	Köllikerbach	0.018	0.025	-	***	**	***	***	**	***	**	***	***
41.1	Gründelbach	0.025	0.020	0.030	-	n.s.	***	***	**	***	***	***	***
41.2	Suhre	0.022	0.017	0.020	0.005	-	***	*	n.s.	***	**	***	***
42	Talbächli	0.025	0.014	0.018	0.040	0.032	-	*	***	***	**	***	***
77	Suhre	0.013	0.000	0.024	0.019	0.012	0.012	-	n.s.	**	n.s.	***	*
8	Wyna	0.006	0.002	0.016	0.019	0.007	0.021	0.004	-	n.s.	n.s.	***	**
78.1	Wyna	0.023	0.010	0.033	0.019	0.022	0.036	0.013	0.004	-	**	***	***
78.2	Rickenbach	0.008	0.011	0.018	0.040	0.027	0.020	0.005	0.004	0.019	-	***	*
36	Fischzucht Flückiger	0.056	0.062	0.042	0.064	0.068	0.030	0.049	0.061	0.072	0.056	-	***
40.1	Fischzucht Nadler	0.026	0.011	0.025	0.034	0.028	0.018	0.006	0.009	0.029	0.009	0.064	-

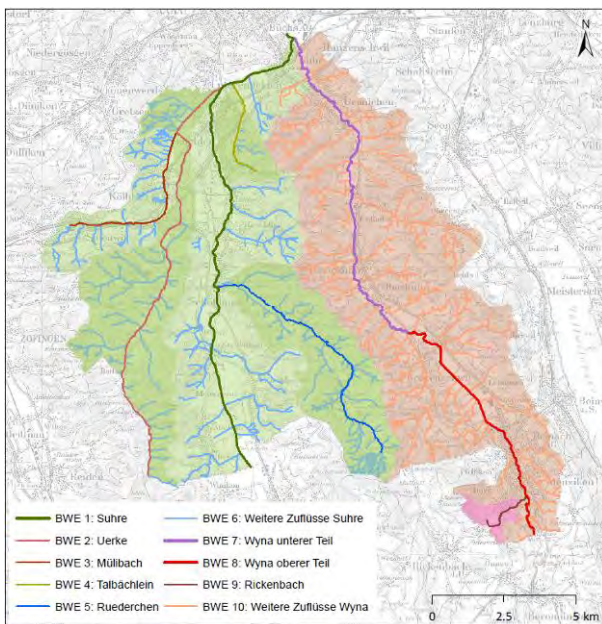
#### Teileinzugsgebiet der Suhre:

- Im Gebiet der Suhre (Tabelle 11-4, blau markiert) sind abgesehen von zwei Ausnahmen, alle genetische Vergleiche signifikant. Der mittlere genetische Unterschied liegt bei einem  $F_{ST}$ -Wert von 0.020.
- Die Suhre wird ebenfalls mit Fischen aus der FZ Nadler besetzt. Vergleichsweise niedrig ist der  $F_{ST}$ -Wert mit 0.006 zwischen FZ Nadler und der Suhre (Nr. 77), die noch heute besetzt wird. Weiter oben im Gewässer (Nr. 41.1) ist der  $F_{ST}$ -Wert höher und liegt bei 0.028. Diese Resultate lassen darauf schliessen, dass die Besatzfische eher nicht für die Suhre geeignet sind. Es kann keine Aussage zum Erfolg des Besatzes gemacht werden.
- Die Ruederchen (Nr. 16) weist relativ hohe Unterschiede zur FZ Flückiger auf ( $F_{ST}$ -Wert 0.056). Die Besatzfische für dieses Gewässer stammten bis 2013 aus der FZ Flückiger. Die Fische waren für den Besatz nicht geeignet. Weiter lassen die Daten den Schluss zu, dass der Besatz sehr wahrscheinlich nicht erfolgreich war.
- Für den Köllikerbach (Nr. 34) kann ein signifikanter genetischer Unterschied zur FZ Nadler von 0.025 festgestellt werden. Die Resultate deuten darauf hin, dass die Besatzfische der FZ Nadler sich eher nicht für den Besatz in diesem Gewässer eignen. Über den Besatzerfolg kann aufgrund der Resultate keine konkrete Aussage gemacht werden. Die Resultate lassen jedoch darauf schliessen, dass die Besatzfische eher nicht geeignet sind.
- Der Gründelbach (Nr. 41.2), der seit 2013 nicht mehr besetzt wird, weist einen vergleichsweise hohen genetischen Unterschied zur FZ Nadler auf ( $F_{ST}$ -Wert 0.034). Die Fische waren für die Besatzmassnahmen in diesem Gewässer nicht geeignet. Dieses Resultat lässt vermuten, dass der Besatz wahrscheinlich nicht erfolgreich war.
- Das Talbächli (Nr. 42) weist signifikante genetische Unterschiede zur FZ Nadler aus, der  $F_{ST}$ -Wert liegt bei 0.018. Das Talbächli wird als AZG genutzt, jährlich mit Fischen aus der Zucht besetzt und regelmä-

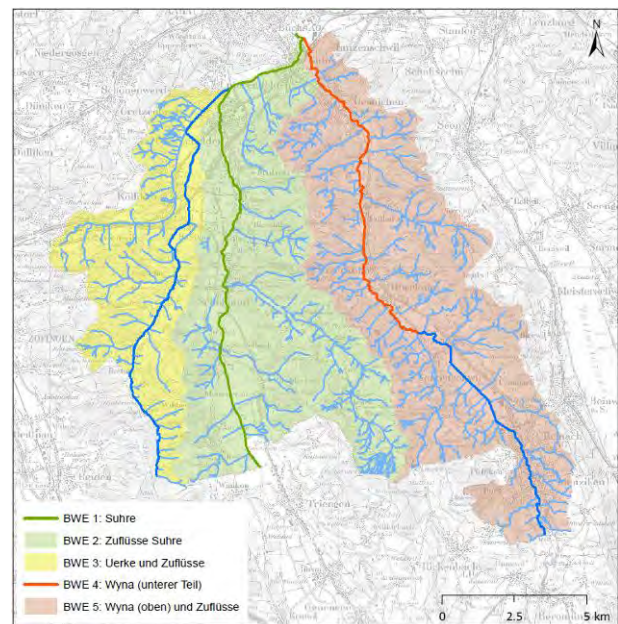
sig ausgefischt. Trotzdem sind die genetischen Unterschiede zur FZ Nadler signifikant. Dies lässt vermuten, dass im Talbächli trotz der regelmässigen Abfischungen noch eine eigenständige Population lebt, die sich auch natürlich fortpflanzt. Diese Resultate lassen darauf schliessen, dass die Besatzfische eher nicht für das Talbächli geeignet sind. Es kann keine Aussage zum Erfolg des Besatzes gemacht werden.

- Die Suhre (Nr. 77) wird jährlich intensiv besetzt. Der Vergleich mit der FZ Nadler weist einen schwach signifikanten, aber sehr tiefen  $F_{ST}$ -Wert von 0.006 auf. Dies könnte darauf hindeuten, dass sich hier Besatzfische eher stärker haben etablieren können als anderswo. Über den genauen Besatzerfolg kann jedoch keine Aussage gemacht werden. Die Resultate lassen jedoch darauf schliessen, dass die Besatzfische eher nicht geeignet sind.

### 11.4.2.3 Empfehlungen Bewirtschaftung



**Abbildung 11-7:** Die Bewirtschaftungseinheiten (BWE) gestaltet nach den erhobenen Daten.



**Abbildung 11-8:** Angepasste Bewirtschaftungseinheiten (BWE) für die Praxis.

### Gewässer, BWE

Die genetischen Unterschiede sind in der Regel signifikant, weshalb im Prinzip jeder untersuchte Standort als eigenständige Population und BWE zu betrachten wäre (Abbildung 11-7). Ist dies in der Praxis nicht umsetzbar, sollten folgende minimalen BWE berücksichtigt werden (Abbildung 11-8):

- BWE 1: Suhre
- BWE 2: Zuflüsse Suhre
- BWE 3: Uerke und Zuflüsse
- BWE 4: Wyna unterer Teil (bis Mündung Gontenschwiler Dorfbach)
- BWE 5: Wyna oben und Zuflüsse

#### Erläuterungen: Teileinzugsgebiet Wyna

Im Teileinzugsgebiet der Wyna kann zwischen zwei Gewässertypen unterschieden werden. Die Wyna selbst verändert sich von der Quelle bis zur Mündung in die Suhre von einem typischen Gewässer der Forellenregion zu einem Gewässer der Äschen- oder der Barbenregion. Dabei verändert sich das Artenspektrum vom Oberlauf zum Unterlauf deutlich. Demgegenüber gehören die meisten Zuflüsse der Wyna zur Forellenregion. Es wird daher empfohlen, den unteren Teil der Wyna bis zur Mündung des Gontenschwiler Dorfbachs und die Zuflüsse

der Wyna (unten und oben) sowie der obere Teil der Wyna als zwei unterschiedliche Bewirtschaftungseinheiten zu betrachten.

#### *Erläuterungen: Teileinzugsgebiet Suhre*

Auch im Teileinzugsgebiet der Suhre kann zwischen zwei Gewässertypen unterschieden werden. Die Suhre ist ein Ausfluss des Sempachersees und somit ein sommerwarmes Gewässer der Barbenregion. Demgegenüber gehören die meisten Zuflüsse der Suhre zur Forellenregion. Des Weiteren wurden zwischen den meisten untersuchten Probenahme-Standorten signifikante genetische Unterschiede beobachtet. Es wird daher empfohlen, das Hauptgewässer der Suhre und deren Zuflüsse sowie das Einzugsgebiet der Uerke als unterschiedliche Bewirtschaftungseinheiten zu betrachten. Weiter sollten zwischen den verschiedenen Zuflüssen der Suhre die Umsiedlung von Forellen möglichst vermieden werden.

#### **Fischzuchten**

Fische der FZ Nadler und Flückiger, die Besatzfische für das Einzugsgebiet der Suhre liefern, weisen gegenüber allen Standorten im Einzugsgebiet signifikante genetische Unterschiede auf. Die Muttertierstämme der beiden Zuchten, dies gilt insbesondere für die FZ Flückiger, eignen sich somit nicht für die Gewinnung von Besatzfischen für die Gewässer in diesem Einzugsgebiet. Falls ein Besatz notwendig ist, sollten die Besatzfische aus wilden Muttertieren gewonnen werden, die aus den jeweiligen BWE stammen.



**Abbildung 11-9.** Forelle aus der Wyna.

### 11.4.3 Teileinzugsgebiet Aabach (TEZG 3)

#### 11.4.3.1 Standorte

Im Teileinzugsgebiet des Aabachs wurden insgesamt 175 Forellen von neun Standorten untersucht (Abbildung 11-10). Im ganzen System wurden in der Vergangenheit Besatzfische ausgesetzt (Tabelle 11-5). Die Besatzfische stammten aus der FZ Nadler. Der Aabach ist durch eine Reihe von Kleinwasserkraftwerken in seiner Längsvernetzung eingeschränkt. Zudem scheint der Meisterschwandenbach eher schlecht mit dem Hallwilersee vernetzt zu sein und es ist deshalb anzunehmen, dass er nicht in erheblichem Ausmass zum Seeforellenbestand im Hallwilersee beiträgt.

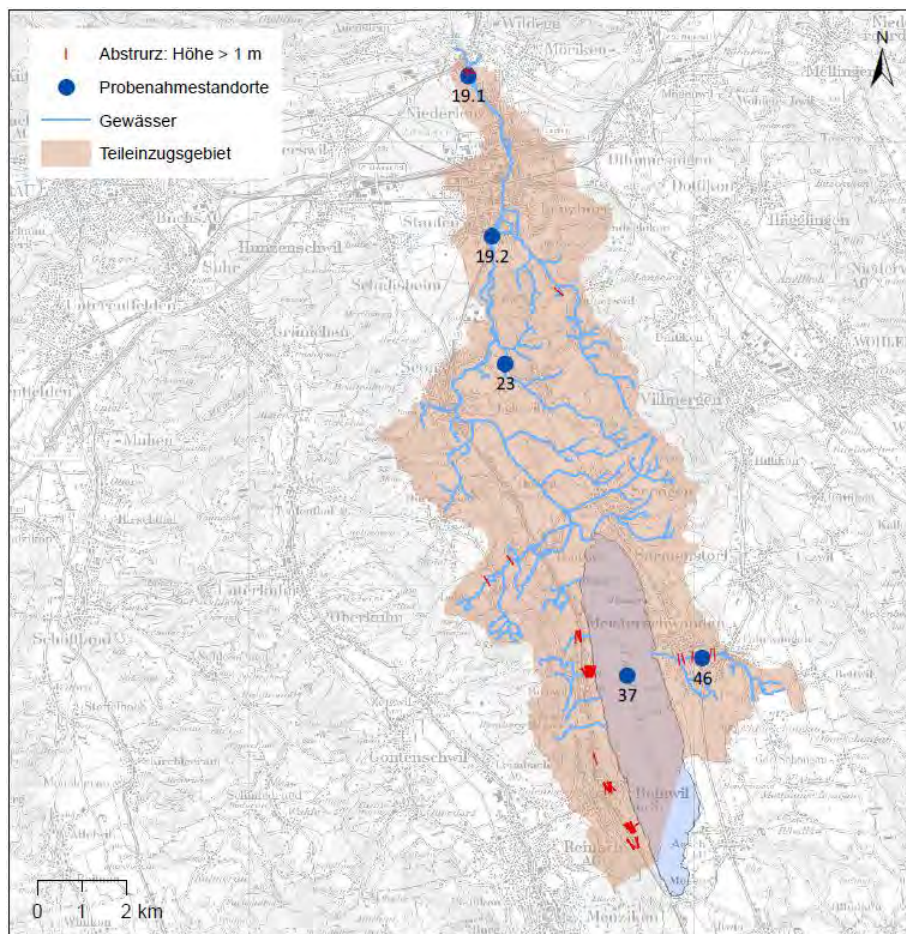


Abbildung 11-10. Probenahme-Standorte im Teileinzugsgebiet Aabach.

Tabelle 11-5: Übersicht und Informationen zu den Probenahme-Standorten im Teileinzugsgebiet Aabach.

Nr.	Standort	Revier	N	Bewirtschaftung
19.1	KIW-Kanal	673	23	kein Besatz
19.2	Aabach	602	32	Besatz FZ Nadler (1000 S)
23	Egliswiler Dorfbach	98	39	seit 2014 kein Besatz; vorher 500 S, FZ Nadler
37	Hallwilersee	217	51	kein Besatz (ebenfalls im Teil Kanton Luzern)
46	Meisterschwandenbach	644	30	kein Besatz
40.1	FZ Nadler		118	

### 11.4.3.2 Resultate

**Tabelle 11-6.**  $F_{ST}$ -Werte, die zwischen Forellen der verschiedenen Standorte beobachtet wurden.

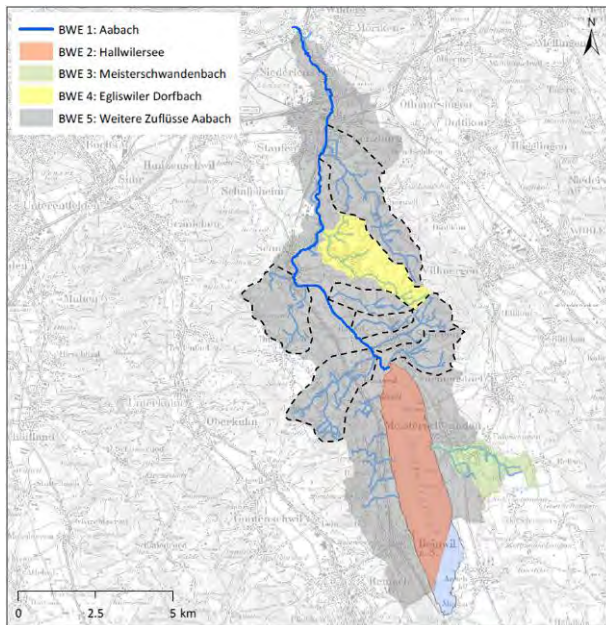
Nr.	Standort	19.1	19.2	23	37	46	40.1
19.1	KIW-Kanal	-	**	**	n.s.	***	**
19.2	Aabach	0.019	-	***	***	***	***
23	Egliswiler Dorfbach	0.016	0.033	-	***	***	***
37	Hallwilersee	0.007	0.029	0.035	-	***	***
46	Meisterschwanderbach	0.032	0.043	0.029	0.051	-	***
40.1	Fischzucht Nadler	0.010	0.023	0.034	0.018	0.042	-

- Die Fische des Hallwilersees stammen von drei Probenahmen der ansässigen Netzfischer. Die  $F_{ST}$ -Werte zwischen Probenahmen waren nie signifikant unterschiedlich und sie wurden deshalb als eine Population „Hallwilersee“ zusammengefasst.
- Die  $F_{ST}$ -Werte zwischen den Gewässerstandorten und der FZ Nadler sind alle signifikant (Tabelle 11-6).
- Der  $F_{ST}$ -Wert zwischen dem Aabach (Nr. 19.2) und der FZ Nadler liegt bei 0.023 und ist signifikant. Dies lässt den Schluss zu, dass die Fische der FZ Nadler eher nicht für den Besatz geeignet sind. Auf Grund der Resultate kann keine Aussage zum Erfolg des Besatzes gemacht werden.
- Der genetische Unterschied der beiden Probenahme-Standorte im Aabach und im KIW-Kanal ist signifikant und liegt bei einem  $F_{ST}$ -Wert von 0.019. Die Längsvernetzung des Aabachs ist durch etliche Kleinstwasserkraftwerke stark beeinträchtigt und könnte eine Erklärung für diese Differenzierung darstellen. Aufgrund der laufenden Sanierung der Fischgängigkeit an kraftwerksbedingten Hindernissen ist eine Verbesserung der Migration innerhalb des Aabachs anzunehmen, weshalb auf unterschiedliche Bewirtschaftungseinheiten innerhalb des Aabach verzichtet wurde.
- Der Egliswiler Dorfbach (Nr. 23) wurde bis 2013 mit Sömmerlingen der FZ Nadler besetzt. Der  $F_{ST}$ -Wert zwischen dem Egliswiler Dorfbach und der FZ Nadler liegt bei 0.034. Der Wert ist vergleichsweise hoch. Die Fische aus der FZ Nadler sind für den Besatz in diesem Gewässer also nicht geeignet. Die Resultate lassen vermuten, dass der Besatz in der Vergangenheit nicht sehr erfolgreich war.
- Der mittlere  $F_{ST}$ -Wert zwischen dem Meisterschwanderbach (Nr. 46) und den anderen untersuchten Standorten im Einzugsgebiet ist mit 0.039 vergleichsweise hoch. Dieses Gewässer wird seit vielen Jahren nicht mehr besetzt. Die genetischen Unterschiede zwischen dem Hallwilersee und dem Meisterschwandenbach sind ebenfalls hoch. Dieses Ergebnis lässt darauf schliessen, dass ein Grossteil der beprobten Seeforellen im Hallwilersee nicht vom Meisterschwandenbach stammen, sondern sehr wahrscheinlich vom bedeutendsten Zufluss des Hallwilersees, dem Aabach (Kanton Luzern).

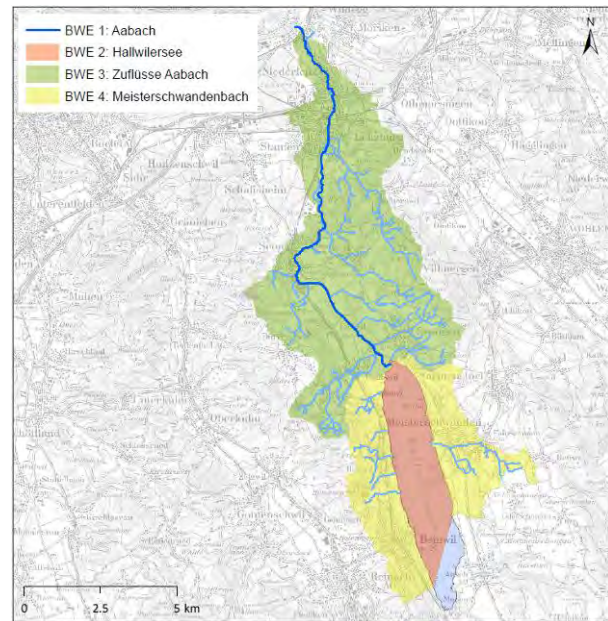


**Abbildung 11-11.** Forelle aus dem Aabach (Links) und dem Meisteschwandenbach (rechts).

### 11.4.3.3 Empfehlungen Bewirtschaftung



**Abbildung 11-12:** Die Bewirtschaftungseinheiten (BWE) gestaltet nach den erhobenen Daten. Gestrichelt dargestellt sind Kleineinzugsgebiete, die vermutlich ebenfalls eigenständige BWE darstellen würden, aber nicht genetisch untersucht wurden.



**Abbildung 11-13:** Angepasste Bewirtschaftungseinheiten (BWE) für die Praxis.

#### Gewässer, BWE

Die Konstellation in diesem Teileinzugsgebiet führt zu folgenden vorgeschlagenen Bewirtschaftungseinheiten: Die genetischen Unterschiede sind in der Regel signifikant, weshalb im Prinzip jedes untersuchte Gewässer als eigenständige Population und separate BWE zu betrachten wäre (Abbildung 11-12). Ist dies in der Praxis nicht umsetzbar, sollten folgende minimalen BWE berücksichtigt werden (Abbildung 11-13):

- BWE 1: Hallwilersee
- BWE 2: Aabach
- BWE 3: Zuflüsse Aabach
- BWE 4: Dorfbach Meisterschwanden und Zuflüsse Hallwilersee

Der Hallwilersee als stehendes Gewässer und seine Zuflüsse sollten je eine eigene BWE darstellen. Die Herkunft der Seeforellen des Hallwilersee könnte anhand einer genetischen Untersuchung der Forellen aus den weiteren Zuflüssen des Sees, insbesondere dem Aabach im Kanton Luzern, überprüft werden.

Der Aabach wird als Seeausfluss der Barbenregion zugeordnet, seine Zuflüsse hauptsächlich der Forellenregion. Der grosse genetische Unterschied zwischen dem Aabach und dem Egliswiler Dorfbach zeigt, dass letzterer ebenfalls getrennt bewirtschaftet werden sollte.

#### Fischzuchten

Die genetischen Unterschiede zwischen der FZ Nadler und allen untersuchten Gewässerstandorten sind signifikant. Die Forellen aus der FZ Nadler sind somit nicht für den Besatz in diesem Einzugsgebiet geeignet. Für die Zukunft wird bei notwendigen Besatzmassnahmen empfohlen, auf lokale Elterntiere zurückzugreifen. Diese sollten aus derjenigen BWE stammen, in der auch das Besatzgewässer der Besatzmassnahmen zu finden ist.

### 11.4.4 Teileinzugsgebiet Bünz (TEZG 4)

#### 11.4.4.1 Standorte

Im Teileinzugsgebiet der Bünz wurden 206 Forellen von neun Standorten untersucht (Abbildung 11-14). Im gesamten System wurden regelmässig Besatzfische der FZ Nadler ausgesetzt (Tabelle 11-7). Ausnahmen bilden der Katzbach (Nr. 14) und der Wissenbach (Nr. 70), die seit längerem nicht mehr besetzt werden. In Abbildung 11-14 ist ersichtlich, dass der Wissenbach (Nr. 70) schlecht mit den anderen Gewässern vernetzt ist. Unterhalb des Probenahme-Standortes befindet sich eine ganze Reihe von Abstürzen, die höher sind als 1 m. Die restlichen Zuflüsse scheinen weniger durch hohe Wanderhindernisse beeinflusst.

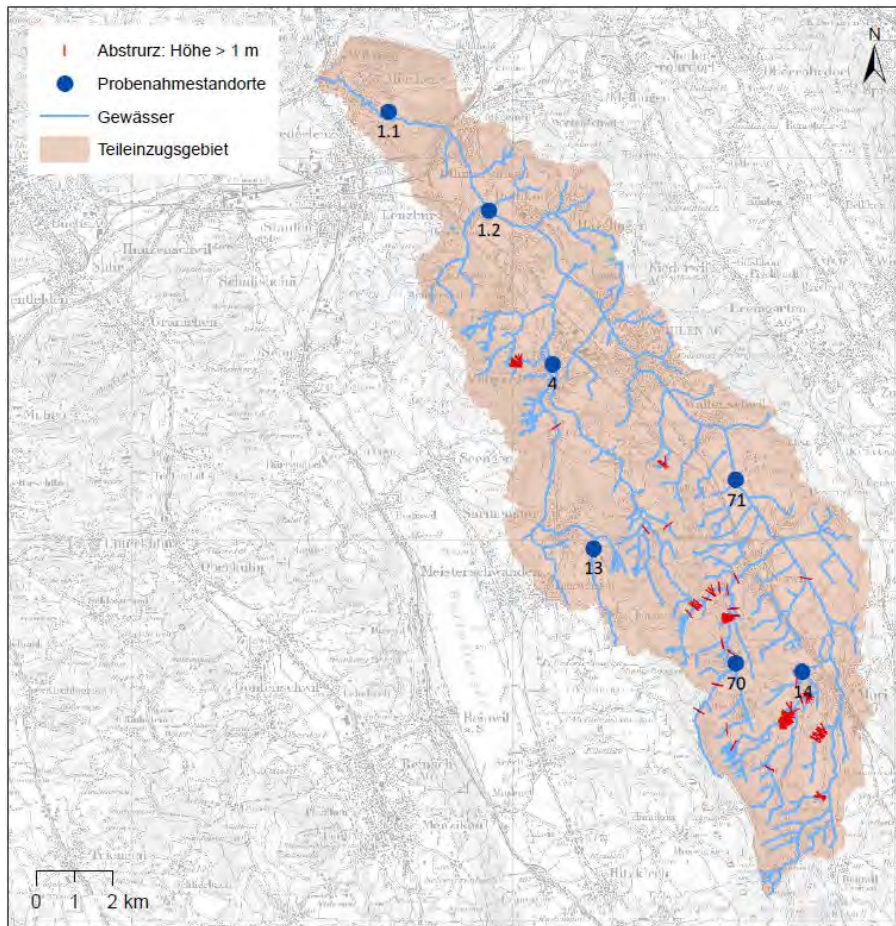


Abbildung 11-14. Probenahme-Standorte im Teileinzugsgebiet Bünz.

Tabelle 11-7: Übersicht und Informationen zu den Probenahme-Standorten im Teileinzugsgebiet Bünz.

Nr.	Standort	Revier	N	Bewirtschaftung
1.1	Bünz	624	31	kein Besatz
1.2	Bünz	92	34	AZG, Scherzbach Rev.Nr 66 BR
4	Holzbach	86	35	seit 2014 kein Besatz, vorher 1000 S, FZ Nadler
13	Erusbach	87	29	Besatz FZ Nadler (500 VS)
14	Katzbach	103	28	kein Besatz
70	Wissenbach	106	24	kein Besatz
71	Bünz	102	25	Besatz FZ Nadler (1000 S)
40.1	FZ Nadler		118	



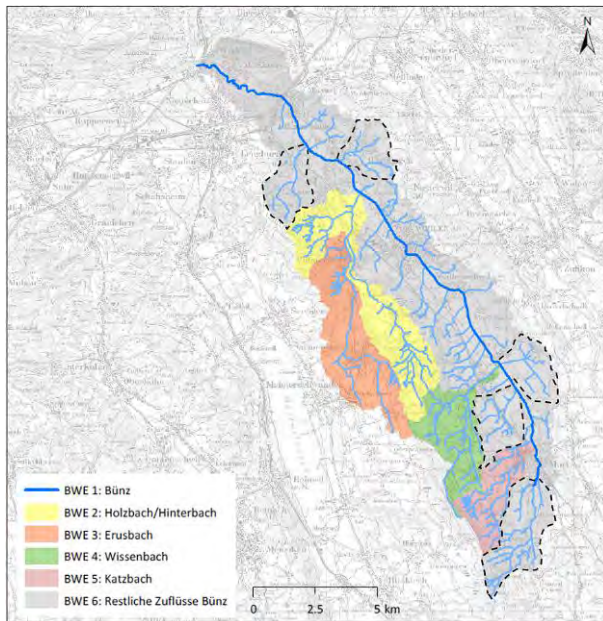
### 11.4.4.2 Resultate

**Tabelle 11-8.**  $F_{ST}$ -Werte, die zwischen Forellen der verschiedenen Standorte beobachtet wurden.

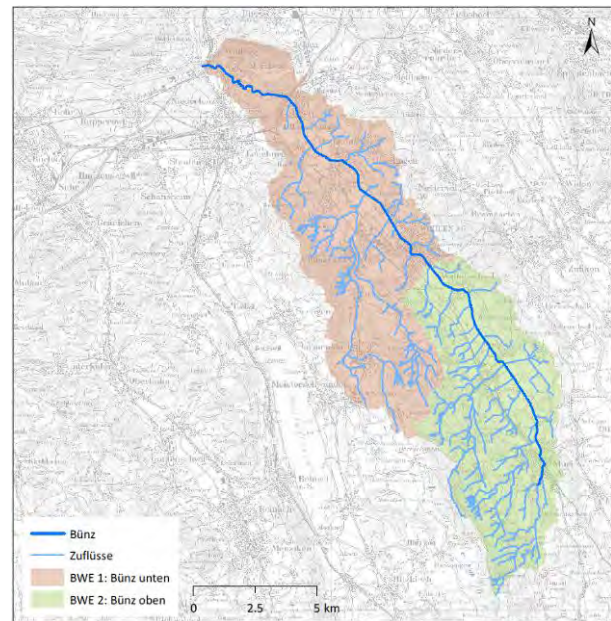
Nr.	Standort	1.1	1.2	4	13	14	70	71	40.1
1.1	Bünz	-	*	*	***	***	***	n.s.	***
1.2	Bünz	0.010	-	n.s.	***	***	***	n.s.	**
4	Holzbach	0.008	0.003	-	***	***	***	**	***
13	Erusbach	0.045	0.044	0.037	-	***	***	***	***
14	Katzbach	0.023	0.022	0.023	0.057	-	*	*	***
70	Wissenbach	0.028	0.027	0.034	0.049	0.012	-	*	***
71	Bünz	0.006	0.003	0.013	0.045	0.012	0.012	-	***
40.1	Fischzucht Nadler	0.012	0.011	0.014	0.058	0.047	0.045	0.025	-

- Der Mittelwert der  $F_{ST}$ -Werte der Gewässern liegt bei 0.024 (Tabelle 11-8). Bis auf drei Vergleiche sind alle signifikant.
- Die genetischen Unterschiede zwischen der FZ Nadler und allen untersuchten Standorten in den Gewässern sind signifikant (braun markiert). Der mittlere  $F_{ST}$ -Wert liegt bei 0.030.
- Die genetischen Unterschiede zwischen den Probenahme-Standorten innerhalb der Bünz (Nr. 1.1, 1.2 und 71) sind eher niedrig, der mittlere  $F_{ST}$ -Wert liegt bei 0.006. Zwei von drei  $F_{ST}$ -Werten sind nicht signifikant (grün markiert). Gegenüber der FZ Nadler sind alle genetischen Unterschiede signifikant. Die vergleichsweise niedrigen, aber signifikanten Werte deuten darauf hin, dass die Forellen aus der FZ Nadler eher nicht für den Besatz in die Bünz geeignet waren. Über den Erfolg des Besatzes kann keine Aussage gemacht werden.
- Der Holzbach (Nr. 4) weist gegenüber der FZ Nadler, aus der bis 2013 die Besatzfische stammten, einen signifikanten  $F_{ST}$ -Wert von 0.014 aus. Dieser vergleichsweise niedrige, aber signifikante Wert deutet darauf hin, dass die Forellen aus der FZ Nadler eher nicht für dieses Gewässer geeignet waren. Über den Erfolg des Besatzes kann keine Aussage gemacht werden.
- Der Erusbach (Nr. 13) hat gegenüber anderen Gewässern einen hohen mittleren  $F_{ST}$ -Wert von 0.046 (orange markiert). Auch die genetischen Unterschiede zur FZ Nadler sind vergleichsweise hoch ( $F_{ST}$ -Wert 0.058). Der Erusbach wird jährlich mit Vorsommerlingen der FZ Nadler besetzt. Dies lässt darauf schliessen, dass die Fische für den Besatz nicht geeignet sind. Weiter lassen die Resultate den Schluss zu, dass der Besatz im Erusbach wahrscheinlich nicht erfolgreich ist.
- Der Katzbach (Nr. 14) und der Wissenbach (Nr. 70) haben ebenfalls hohe  $F_{ST}$ -Werte gegenüber der FZ Nadler. Beide Gewässer werden seit einigen Jahren jedoch nicht mehr besetzt.
- Der Bünz-Probenahme-Standort Nr. 71 wird jährlich mit Forellensommerlingen aus der FZ Nadler besetzt. Der Vergleich zwischen den beiden Probenahme-Standorten resultiert in einem signifikanten  $F_{ST}$ -Wert von 0.025. Dies deutet darauf hin, dass die Fische eher nicht für den Besatz geeignet sind. Über den Erfolg des Besatzes kann keine Aussage gemacht werden.

### 11.4.4.3 Empfehlungen Bewirtschaftung



**Abbildung 11-15:** Die Bewirtschaftungseinheiten (BWE) gestaltet nach den erhobenen Daten. Gestrichelt dargestellt sind Kleineinzugsgebiete, die vermutlich ebenfalls eigenständige BWE darstellen würden, aber nicht genetisch untersucht wurden.



**Abbildung 11-16:** Angepasste Bewirtschaftungseinheiten (BWE) für die Praxis.

#### Gewässer, BWE

Die genetischen Unterschiede sind in der Regel signifikant, weshalb im Prinzip jede untersuchte Probenahme-stelle als eigene Population und entsprechend als eigenständige BWE zu betrachten wäre (Abbildung 11-15). Ist dies in der Praxis nicht umsetzbar, sollten folgende minimale BWE berücksichtigt werden (Abbildung 11-16):

- BWE 1: Bünz unten
- BWE 2: Bünz oben

Die Bünz gehörte historisch der Forellenregion an, heute wird sie dafür im Sommer oft zu warm. Die genetischen Daten zeigen im Längsverlauf der Bünz kaum signifikante genetische Unterschiede. Die Zuflüsse weisen untereinander und mit der Bünz in der Regel signifikante Unterschiede auf. Jeder einzelne Zufluss sollte daher eine separate BWE darstellen. In der Praxis ist dies allerdings schwer umsetzbar. Aus pragmatischen Gründen werden für die Bünz deshalb zwei Bewirtschaftungseinheiten definiert. Dies mit dem Hinweis, dass zwischen den verschiedenen Zuflüssen auf einen Austausch von Forellen möglichst verzichtet werden sollte.

#### Fischzuchten

Alle genetischen Unterschiede zwischen den Gewässern und der FZ Nadler sind signifikant. Das bedeutet, dass die Elterntiere aus der FZ Nadler sich nicht für den Besatz im Einzugsgebiet eignen. Für allfällige Besatzmassnahmen sollte auf wilde Elterntiere zurückgegriffen werden. Diese sollten aus den BWE der Bünz stammen.

## 11.4.5 Teileinzugsgebiet Reuss (TEZG 5)

### 11.4.5.1 Standorte

Die Karte in Abbildung 11-17 zeigt für das Teileinzugsgebiet Reuss insgesamt neun Probenahme-Standorte. Total wurden 286 Forellen analysiert (Tabelle 11-9). Im Teileinzugsgebiet wurden Besatzfische aus den FZ Nadler und der Ortsbürgergemeinde Bremgarten verwendet. Der Standort am Schwarzgraben (Standort Nr. 48) dürfte auf Grund von Wanderhindernissen einen eingeschränkten, der Künter Dorfbach (Standort Nr. 50) einen stark eingeschränkten Genfluss aus der/in die Reuss aufweisen.

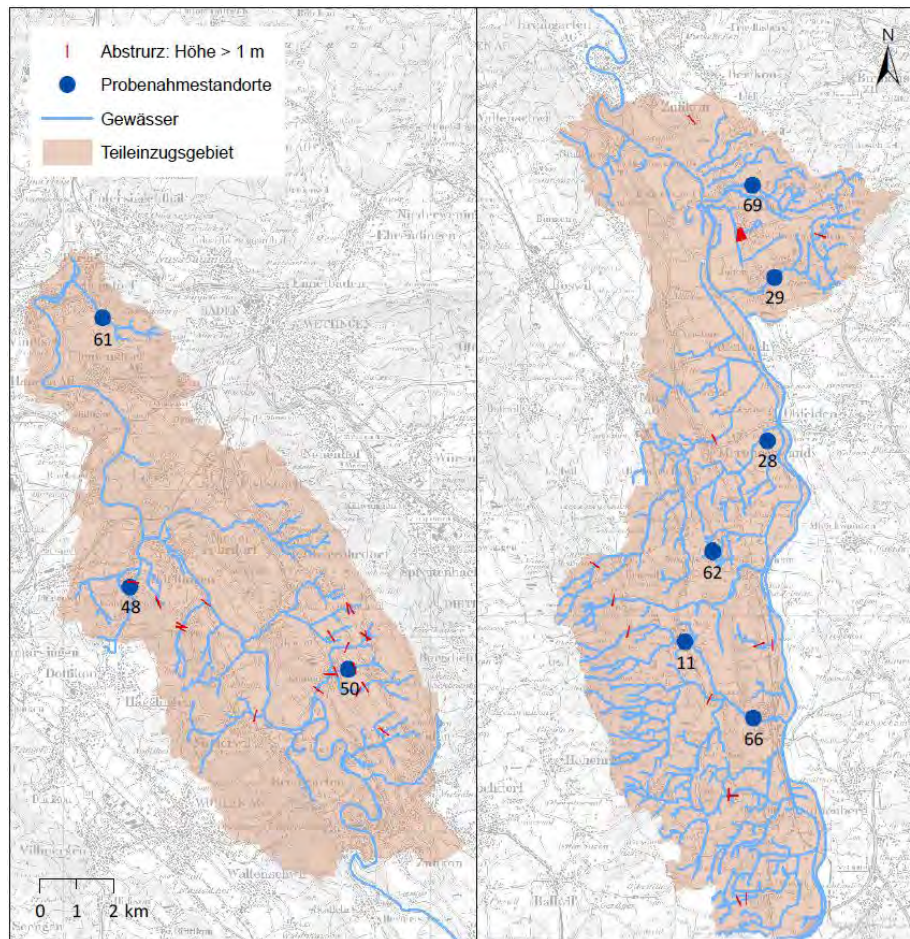


Abbildung 11-17. Probenahme-Standorte im Teileinzugsgebiet Reuss.

Tabelle 11-9: Übersicht und Informationen zu den Probenahme-Standorten im Teileinzugsgebiet Reuss.

Nr.	Standort	Revier	N	Bewirtschaftung
11	Dorfbach Auw	633	31	kein Besatz
28	Sembach	104	30	Besatz FZ Nadler (1500 S) im Binnenkanal
29	Jonen	85	31	AZG, Schalchmatthaubächli Rev. 85 ca. 9000 BR, FZ Nadler
48	Schwarzgraben	230	46	ca. 9000 BR, FZ Nadler
50	Künter Dorfbach	63	30	seit 2014 kein Besatz, vorher 500 VS, FZ Ortsbürger Bremgarten
61	Hölibach	60	29	400 VS, FZ Nadler
62	Landbach	109	30	seit 2016 kein Besatz, vorher 1000 BR, FZ Nadler
66	Sinserbach	677-680	30	Besatz FZ Nadler (1400 VS)
69	Widenbach	84	29	kein Besatz
40.1	FZ Nadler		118	
55	FZ Ortsbürger Bremgarten		33	

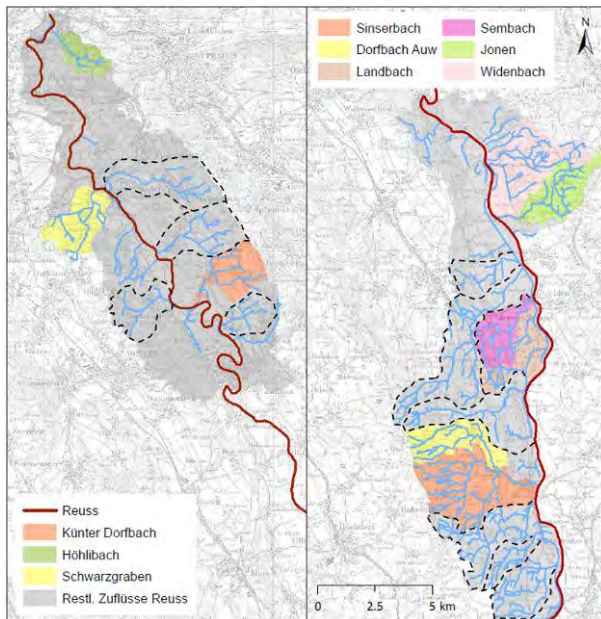
### 11.4.5.2 Resultate

**Tabelle 11-10.**  $F_{ST}$ -Werte, die zwischen Forellen der verschiedenen Standorte beobachtet wurden..

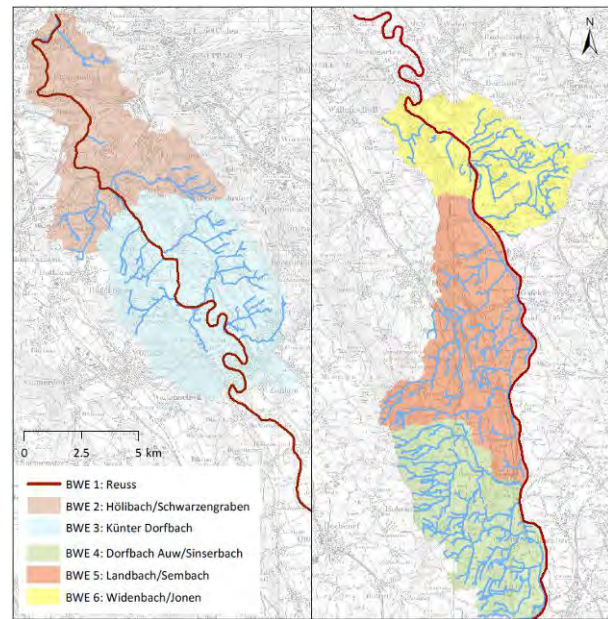
Nr.	Standort	11	28	29	48	50	61	62	66	69	40.1	55
11	Dorfbach Auw	-	***	***	***	***	***	***	*	***	***	***
28	Sembach	0.051	-	***	***	***	***	***	***	***	***	***
29	Jonen	0.032	0.042	-	**	***	***	***	n.s.	***	***	***
48	Schwarzgraben	0.048	0.057	0.013	-	***	***	***	n.s.	***	***	***
50	Künter Dorfbach	0.060	0.062	0.028	0.029	-	***	**	**	***	***	***
61	Hölibach	0.084	0.102	0.046	0.047	0.053	-	***	***	***	***	***
62	Landbach	0.063	0.069	0.023	0.021	0.018	0.059	-	***	***	***	**
66	Sinserbach	0.010	0.035	0.003	0.005	0.020	0.037	0.022	-	***	**	***
69	Widenbach	0.178	0.190	0.148	0.144	0.174	0.190	0.161	0.148	-	***	***
40.1	Fischzucht Nadler	0.048	0.062	0.014	0.011	0.028	0.044	0.015	0.010	0.144	-	***
55	Fischzucht Ortsbürger Bremgarten	0.063	0.080	0.025	0.025	0.032	0.045	0.019	0.023	0.155	0.020	-

- Die meisten  $F_{ST}$ -Werte im Einzugsgebiet sind signifikant. Dies gilt auch für die Unterschiede zwischen den Gewässern und der FZ Nadler resp. der FZ der Ortsbürgergemeinde Bremgarten, die allesamt signifikant sind (Tabelle 11-10, braun hervorgehoben).
- Die Standorte Dorfbach Auw (Nr. 11) und Widenbach (Nr. 69), die seit längerem nicht mehr besetzt werden, haben verglichen mit der FZ Nadler sehr hohe  $F_{ST}$ -Werte.
- Der Sembach (Nr. 28) fällt durch einen hohen mittleren  $F_{ST}$ -Wert auf (0.077) und weist gegenüber der FZ Nadler einen  $F_{ST}$ -Wert von 0.062 aus. Dies lässt darauf schliessen, dass die Fische für den Besatz nicht geeignet sind. Weiter lassen die Resultate den Schluss zu, dass der Besatz im Sembach sehr wahrscheinlich nicht erfolgreich war.
- Der signifikante genetische Unterschied zwischen der FZ der Ortsbürgergemeinde Bremgarten und dem Künter Dorfbach (Nr. 50) liegt bei einem  $F_{ST}$ -Wert von 0.028. Das Gewässer wurde bis vor wenigen Jahren mit Besatzfischen der FZ Ortsbürger Bremgarten besetzt. Die Fische scheinen für den Besatz eher nicht geeignet. Über den Erfolg des Besatzes kann aufgrund der Daten keine Aussage gemacht werden.
- Der Hölibach (Nr. 61) hat einen signifikanten  $F_{ST}$ -Wert gegenüber der FZ Nadler von 0.044. Dies lässt darauf schliessen, dass die Fische für den Besatz nicht geeignet sind. Der Bach wird jährlich besetzt. Aufgrund des vergleichsweise hohen genetischen Unterschieds zwischen der FZ Nadler und den Forellen des Hölibachs ist anzunehmen, dass der Besatz wenig erfolgreich war.
- Der Schwarzengraben (Nr. 48), Landbach (Nr. 61) und der Sinserbach (Nr. 66) werden mit Forellen aus der FZ Nadler besetzt. Obwohl gegenüber der FZ alle vergleichsweise niedrige  $F_{ST}$ -Werte aufweisen, sind alle Vergleiche signifikant. Die Fische scheinen aufgrund der genetischen Daten für den Besatz dieser Gewässer eher nicht geeignet zu sein. Über den Erfolg des Besatzes kann keine Aussage gemacht werden.
- Der Widenbach (Nr. 69) hat einen sehr hohen mittleren  $F_{ST}$ -Wert von 0.165 und auch die genetischen Unterschiede zur FZ Nadler sind sehr hoch ( $F_{ST}$ -Wert 0.144). Die detaillierten Basisanalysen (siehe Anhang Kap. 11.3) weisen auf einen demografischen Flaschenhals in dieser Population hin. Das heisst, der grosse genetische Unterschied ist wahrscheinlich auf eine kleine Gründerpopulation bestehend aus wenigen Elterntieren und entsprechend starker genetischer Drift zurückzuführen.

### 11.4.5.3 Empfehlungen Bewirtschaftung



**Abbildung 11-18:** Die Bewirtschaftungseinheiten (BWE) gestaltet nach den erhobenen Daten. Gestrichelt dargestellt sind Kleineinzugsgebiete, die vermutlich ebenfalls eigenständige BWE darstellen würden, aber nicht genetisch untersucht wurden.



**Abbildung 11-19:** Angepasste Bewirtschaftungseinheiten (BWE) für die Praxis.

#### Gewässer, BWE

Die genetischen Unterschiede sind in der Regel signifikant, weshalb im Prinzip jede untersuchte Probenahme-stelle als eigenständige Population und separate BWE zu betrachten wäre (Abbildung 11-18). Ist dies in der Praxis nicht umsetzbar, sollten folgende minimalen BWE berücksichtigt werden (Abbildung 11-19):

- BWE 1: Reuss
- BWE 2: Hölilbach/Schwarzengraben
- BWE 3: Künter Dorfbach
- BWE 4: Dorfbach Auw/Sinserbach
- BWE 5: Landbach/Sembach
- BWE 6: Widenbach/Jonen

Die Reuss stellt eine eigene BWE dar, da sie sich in ihrer Gewässertypologie deutlich von den Zuflüssen unterscheidet. Des Weiteren bestehen zwischen einzelnen Standorten hohe genetische Unterschiede. Bei der Bewirtschaftung der einzelnen BWE sollte möglichst auf eine Umsiedlung von Forellen zwischen den einzelnen Gewässern der jeweiligen BWE verzichtet werden. Der Widenbach weist einzigartig hohe genetische Unterschiede gegenüber allen anderen Standorten auf. Dies ist vermutlich auf einen demografischen Flaschenhals zurückzuführen.

#### Fischzuchten

Die genetischen Unterschiede zwischen den Gewässern und den beiden Fischzuchten (FZ Nadler und FZ der Ortsbürgergemeinde Bremgarten) sind alle signifikant. Die Muttertiere der beiden FZ eignen sich also nicht für den Besatz in diesen BWE. Für allfällige Besatzmassnahmen sollte deshalb auf wilde Elterntiere zurückgegriffen werden. Diese sollten aus der gleichen BWE stammen, um mögliche lokale Anpassungen nicht zu verwässern.

## 11.4.6 Einzugsgebiet Limmat (TEZG 6)

### 11.4.6.1 Standorte

Im Gebiet der Limmat wurden total 94 Forellen von drei Standorten untersucht (Abbildung 11-20). Im Teileinzugsgebiet werden Besatzfische aus der FZ Nadler und den beiden FZ Aue eingesetzt. Zudem wurde früher auch Besatzmaterial aus der Luthern (Kanton LU) für den Besatz in der Limmat verwendet. Alle untersuchten Probenahme-Standorte im System scheinen vernetzt zu sein.

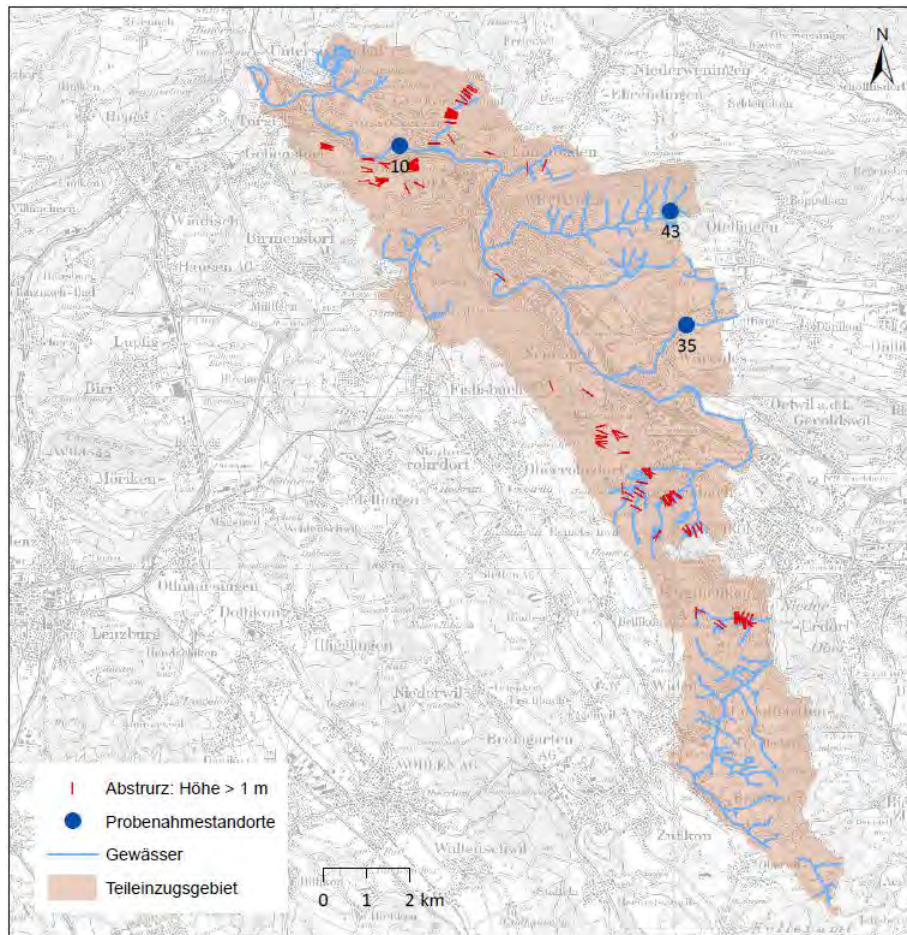


Abbildung 11-20. Probenahme-Standorte im Teileinzugsgebiet Limmat.

Tabelle 11-11: Übersicht und Informationen zu den Probenahme-Standorten im Teileinzugsgebiet Limmat.

Nr.	Standort	Revier	N	Bewirtschaftung
10	Limmat	640	39	verschiedene Aufzuchtbäche, Herkunft Nadler, Hohler, mehrere 1000 S, FZ Nadler, früher ebenfalls Besatzfische Luthern
43	Gottesgraben	229	25	3000-8000 BR, FZ Aue
35	Furtbach	632	30	seit 2013 kein Besatz, vorher 1400 S, FZ Nadler
40.1	FZ Nadler		118	
53	FZ Aue Bach		25	
54	FZ Aue Limmat		25	

## Resultate

Tabelle 11-12.  $F_{ST}$ -Werte, die zwischen Forellen der verschiedenen Standorte beobachtet wurden.

Nr.	Standort	10	43	35	40.1	53	54
10	Limmat	-	**	***	**	*	*
43	Gottesgraben	0.012	-	***	***	*	***
35	Furtbach	0.023	0.047	-	***	***	n.s.
40.1	Fischzucht Nadler	0.008	0.020	0.021	-	***	**
53	Fischzucht Aue Bach	0.009	0.012	0.247	0.018	-	n.s.
54	Fischzucht Aue Limmat	0.009	0.020	0.001	0.014	-0.001	-

- Die genetischen Unterschiede zwischen den Gewässern im Teileinzugsgebiet Limmat sind alle signifikant (Tabelle 11-12).
- Der Gottesgraben ist ein Aufzuchtsgewässer, das mit Fischen aus den FZ Aue Bach, FZ Aue Limmat und FZ Nadler besetzt wird und regelmässig ausgefischt wird. Das Gewässer (Nr. 43) weist gegenüber drei FZ je einen signifikanten genetischen Unterschied aus. Die signifikanten genetischen Unterschiede bedeuten, dass trotz dieser intensiven Bewirtschaftung noch eine lokale Population vorhanden ist, die sich natürlich fortpflanzen kann. Dies lässt insgesamt vermuten, dass die Besatzfische der FZ Aue Bach, FZ Aue Limmat und der FZ Nadler eher nicht für den Besatz im Gottesgraben geeignet sind. Die Resultate lassen aber keinen Schluss über den Erfolg des Besatzes zu.
- Die Limmat (Nr. 10) weist vergleichsweise niedrige, aber signifikante genetische Unterschiede zur FZ Nadler, FZ Aue Bach und FZ Aue Limmat aus ( $F_{ST}$ -Wert 0.008, respektive 0.009). Damit sind diese Besatzfische eher nicht für den Besatz geeignet. Die Resultate lassen aber keinen Schluss über den Erfolg des Besatzes zu.
- Zwischen dem Furtbach und der FZ Aue Limmat konnte kein signifikanter genetischer Unterschied festgestellt werden. Das Resultat überrascht, da dieses Gewässer seit 2012 nicht mehr besetzt wird. Vorher wurde das Gewässer mit Fischen aus der FZ Nadler besetzt. Möglicherweise sind ältere Besätze für dieses Ergebnis verantwortlich.

### 11.4.6.2 Empfehlungen Bewirtschaftung

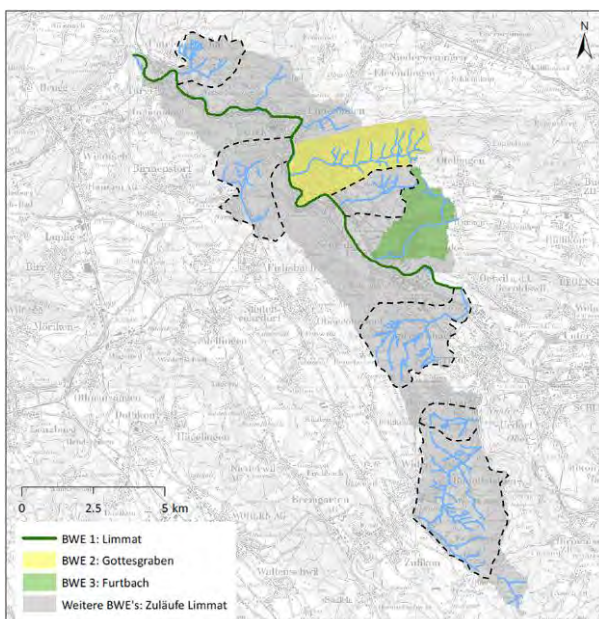


Abbildung 11-21: Die Bewirtschaftungseinheiten (BWE) gestaltet nach den erhobenen Daten. Gestrichelt dargestellt sind Kleineinzugsgebiete, die vermutlich ebenfalls eigenständige BWE darstellen würden, aber nicht genetisch untersucht wurden.

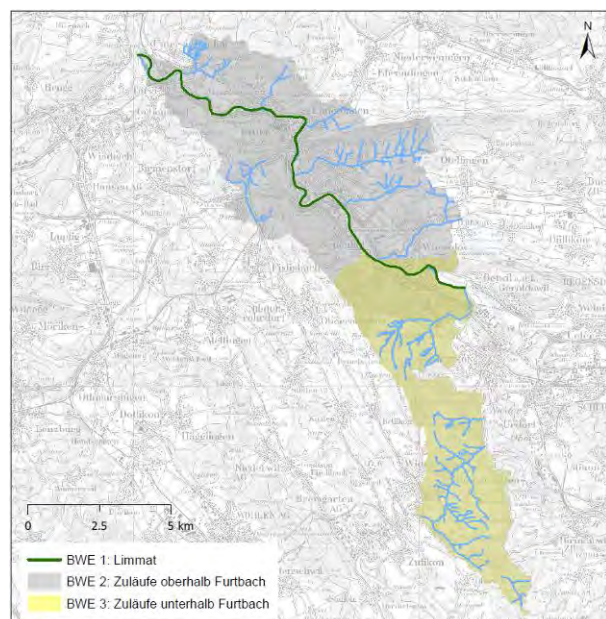


Abbildung 11-22: Angepasste Bewirtschaftungseinheiten (BWE) für die Praxis.

### Gewässer, BWE

Die genetischen Unterschiede sind in der Regel signifikant, weshalb im Prinzip jede untersuchte Probenahme-  
stelle als eigene Population und ebenfalls als eigenständige BWE zu betrachten wäre (Abbildung 11-22). Ist dies  
in der Praxis nicht umsetzbar, sollten folgende minimalen BWE berücksichtigt werden (Abbildung 11-24):

- BWE 1: Limmat
- BWE 2: Zuflüsse oberhalb Furtbach (inkl. Furtbach)
- BWE 3: Zuflüsse unterhalb Furtbach

Die Limmat unterscheidet sich in der Gewässertypologie stark von ihren Zuflüssen. Innerhalb der Limmat sind  
die genetischen Unterschiede gering, weshalb eine weitere Unterteilung nicht nötig ist. Deshalb wird empfoh-  
len, die Limmat und die Zuflüsse oberhalb und unterhalb des Furtbaches in je einer eigenen BWE zu bewirt-  
schaften.

### Fischzuchten

Die genetischen Unterschiede zwischen den FZ und den Besatzgewässern sind in der Regel zwar signifikant,  
aber klein. Die niedrigen  $F_{ST}$ -Werte zwischen FZ und den Gewässern suggerieren, dass Besatzfische in diesem  
System möglicherweise besser überlebt haben als anderswo. Genauere Aussagen könnten allerdings nur basie-  
rend auf einer detaillierten Erfolgskontrolle gemacht werden.



Abbildung 11-23. Forelle aus dem Gottesgraben.



## 11.4.7 Teileinzugsgebiet Aare (TEZG 7)

### 11.4.7.1 Standorte

Das Teileinzugsgebiet Aare wurde an insgesamt sechs Standorten untersucht (Abbildung 11-24). Total wurden im System 191 Forellen beprobt (Tabelle 11-13). Die im Gebiet besetzten Fische stammen aus der FZ Nadler. Der Talbach (Nr. 68) wird seit längerem nicht mehr besetzt. Die meisten Probenahme-Standorte scheinen gut vernetzt zu sein. Eine Ausnahme bildet der Roggenhuserbach (Nr. 47), bei dem in Richtung Aare mehrere grössere Abstürze zu finden sind.

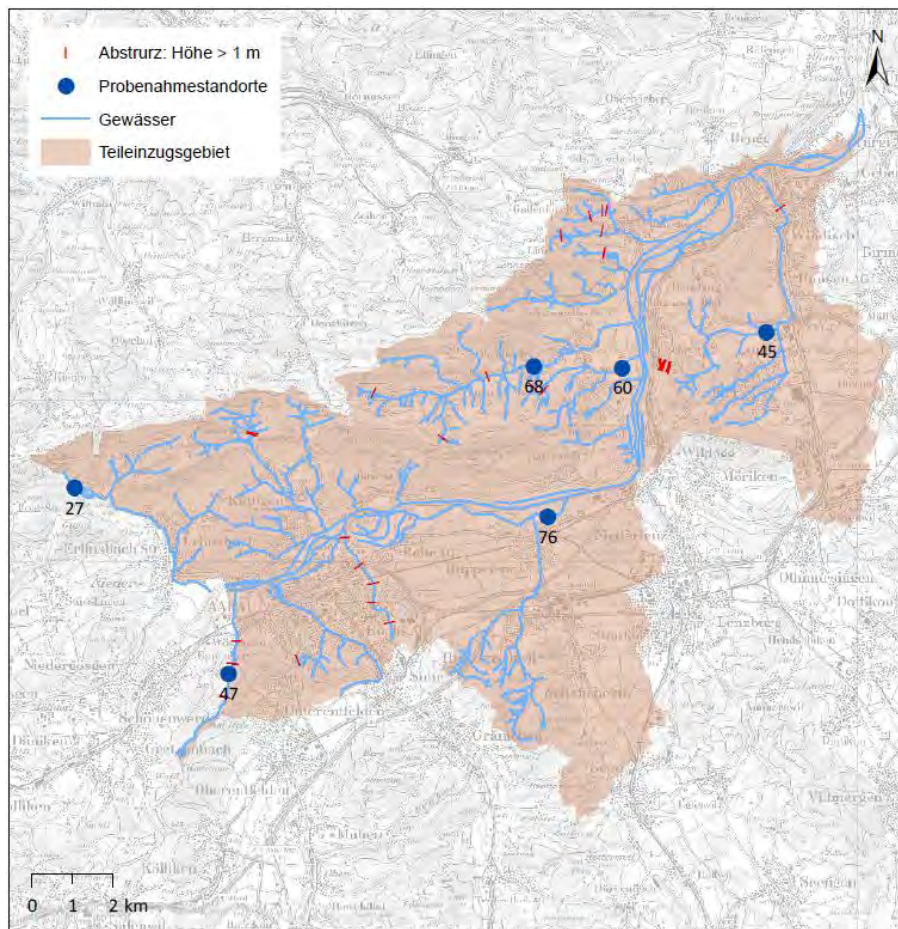


Abbildung 11-24. Probenahme-Standorte im Teileinzugsgebiet Aare.

Tabelle 11-13: Übersicht und Informationen zu den Probenahme-Standorten im Teileinzugsgebiet Aare.

Nr.	Standort	Revier	N	Bewirtschaftung
27	Erzbach	78	33	
45	Süssbach	66	38	seit 2016 kein Besatz, vorher 500 BR, FZ Nadler
47	Roggenhuserbach	232	30	Aufzuchtgewässer für die Aare, seit 2015 kein Besatz, vorher 2000-3000 BR, FZ Nadler
60	Erlibach	210	27	Besatz FZ Nadler, 500 VS
68	Talbach	67	30	kein Besatz
76	Steinerkanal	101	33	kein Besatz; jedoch Besatz in Revier oberhalb (FZ Nadler)
40.1	FZ Nadler		118	

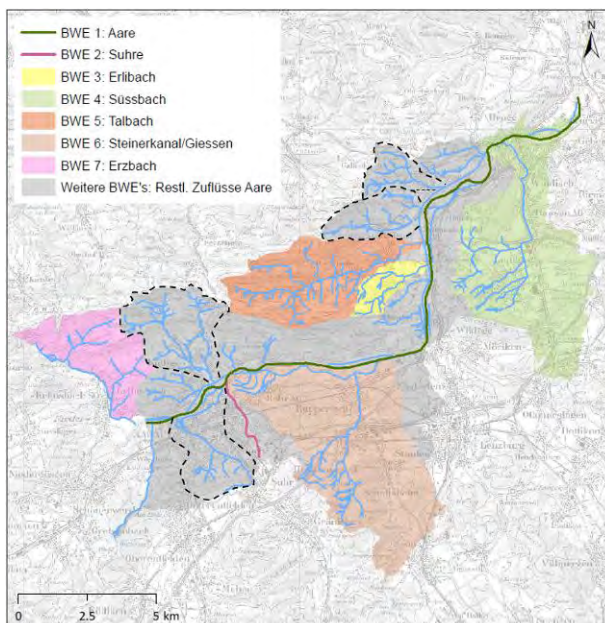
### 11.4.7.2 Resultate

**Tabelle 11-14.**  $F_{ST}$ -Werte, die zwischen Forellen der verschiedenen Standorte beobachtet wurden.

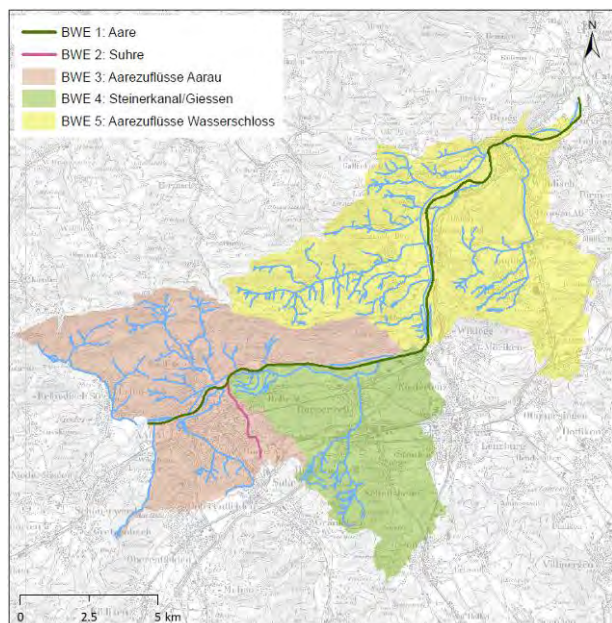
Nr.	Standort	27	45	47	60	68	76	40.1
27	Erzbach	-	***	***	***	***	***	***
45	Süssbach	0.043	-	***	***	***	***	***
47	Roggenhuserbach	0.029	0.020	-	***	***	**	n.s.
60	Erlibach	0.075	0.045	0.039	-	***	***	***
68	Talbach	0.032	0.044	0.028	0.068	-	***	***
76	Steinerkanal	0.037	0.036	0.019	0.057	0.046	-	***
40.1	Fischzucht Nadler	0.035	0.021	0.004	0.025	0.034	0.024	-

- Alle genetischen Unterschiede zwischen den Gewässern des TEZG Aare sind signifikant (Tabelle 11-14). Die Vergleiche zwischen den Gewässern und der FZ Nadler sind bis auf eine Ausnahme (Aufzuchtgewässer Roggenhuserbach) signifikant.
- Der Süssbach (Nr. 45), der bis 2016 mit Fischen aus der FZ Nadler besetzt wurde, weist im Vergleich mit der FZ einen signifikanten  $F_{ST}$ -Wert von 0.021 aus. Dies lässt den Schluss zu, dass die Besatzfische eher nicht für das Gewässer geeignet sind. Über den Erfolg des Besatzes kann keine Aussage gemacht werden.
- Die Population im Roggenhuserbach (Nr. 47) weist im Vergleich mit der FZ Nadler einen nicht signifikanten  $F_{ST}$ -Wert von 0.004 auf. Aus populationsgenetischer Sicht scheinen diese Fische für den Besatz geeignet zu sein, bzw. die ursprüngliche lokale Population wurde durch Besatzfische ersetzt. Weiter lassen die Resultate vermuten, dass der Besatz in diesem Aufzuchtgewässer erfolgreich sein dürfte.
- Der Erlibach (Nr. 60), jährlich besetzt mit Fischen aus der FZ Nadler, hat im Vergleich mit der FZ einen signifikanten  $F_{ST}$ -Wert von 0.025. Dies weist darauf hin, dass die Fische eher nicht für den Besatz geeignet sind. Über den Erfolg des Besatzes kann keine Aussage gemacht werden.

### 11.4.7.3 Empfehlungen Bewirtschaftung



**Abbildung 11-25:** Die Bewirtschaftungseinheiten (BWE) gestaltet nach den erhobenen Daten. Gestrichelt dargestellt sind Kleineinzugsgebiete, die vermutlich ebenfalls eigenständige BWE darstellen würden, aber nicht genetisch untersucht wurden.



**Abbildung 11-26:** Angepasste Bewirtschaftungseinheiten (BWE) für die Praxis.

### Gewässer, BWE

Die genetischen Unterschiede sind in der Regel signifikant, weshalb im Prinzip jede untersuchte Probenahme-stelle als eigene Population und weiter entsprechend als eigenständige BWE zu betrachten wäre (Abbildung 11-25). Ist dies in der Praxis nicht umsetzbar, sollten folgende minimalen BWE berücksichtigt werden (Abbildung 11-26).

- BWE 1: Aare
- BWE 2: Suhre (gehört zur BWE Suhre aus TEZG 2)
- BWE 3: Aare Zuflüsse Aarau
- BWE 4: Steinerkanal/Giessen
- BWE 5: Aare Zuflüsse Wasserschloss

Die Aare unterscheidet sich in der Gewässertypologie stark von ihren Zuflüssen und sollte daher als eigene BWE berücksichtigt werden.

Die Vernetzung der Zuflüsse scheint eher gut zu sein, einzig der Roggenhuserbach (Nr. 47) scheint aufgrund von hohen Abstürzen im Genfluss stark eingeschränkt zu sein. Dies kann allerdings durch die Analyse der  $F_{ST}$ -Werte nicht bestätigt werden, da die meisten genetischen Unterschiede zu dieser Population eher gering ausfallen. Die anderen Seitengewässer weisen grössere genetische Unterschiede zur Aare aus. Bei der Bewirtschaftung der Aarezuflüsse sollte daher darauf geachtet werden, zwischen den Zuflüssen möglichst keine Forellen zu verschieben. Weiter wird der Steinerkanal zusammen mit der Giessen, die aus Grundwasser gespiesen wird, als eigene BWE ausgewiesen.

Die Suhre wird ebenfalls in einer eigenen BWE bewirtschaftet. Das Gewässer unterscheidet sich ökologisch (siehe Kap. 11.4.2) von den übrigen Zuläufen der Aare. Der unterste Abschnitt der Suhre wird mit der BWE der Suhre im TEZG 2 zusammengefasst und als eine BWE für die Praxis definiert.

### Fischzuchten

Die meisten genetischen Unterschiede zwischen der FZ Nadler und den Gewässern sind signifikant. Dies deutet darauf hin, dass die Besatzfische aus der FZ sich in der Regel nicht für den Besatz eignen. Für allfällige Besatz-massnahmen sollte deshalb auf wilde Elterntiere zurückgegriffen werden. Um mögliche lokale Anpassungen nicht zu verwässern, sollten diese aus der gleichen BWE stammen wie das Besatzgewässer.



Abbildung 11-27. Forelle aus dem Erzbach (links) und dem Süssbach (rechts).

### 11.4.8 Teileinzugsgebiet Surb (TEZG 8)

#### 11.4.8.1 Standorte

Im Teileinzugsgebiet der Surb wurden insgesamt vier Standorte untersucht (Abbildung 11-28). Dabei wurden im Gebiet 122 Forellen genetisch analysiert (Tabelle 11-15). Alle Standorte werden regelmässig mit Forellen aus der FZ Nadler besetzt. Die Längsvernetzung der Surb wird derzeit in verschiedenen Revitalisierungsprojekten verbessert.

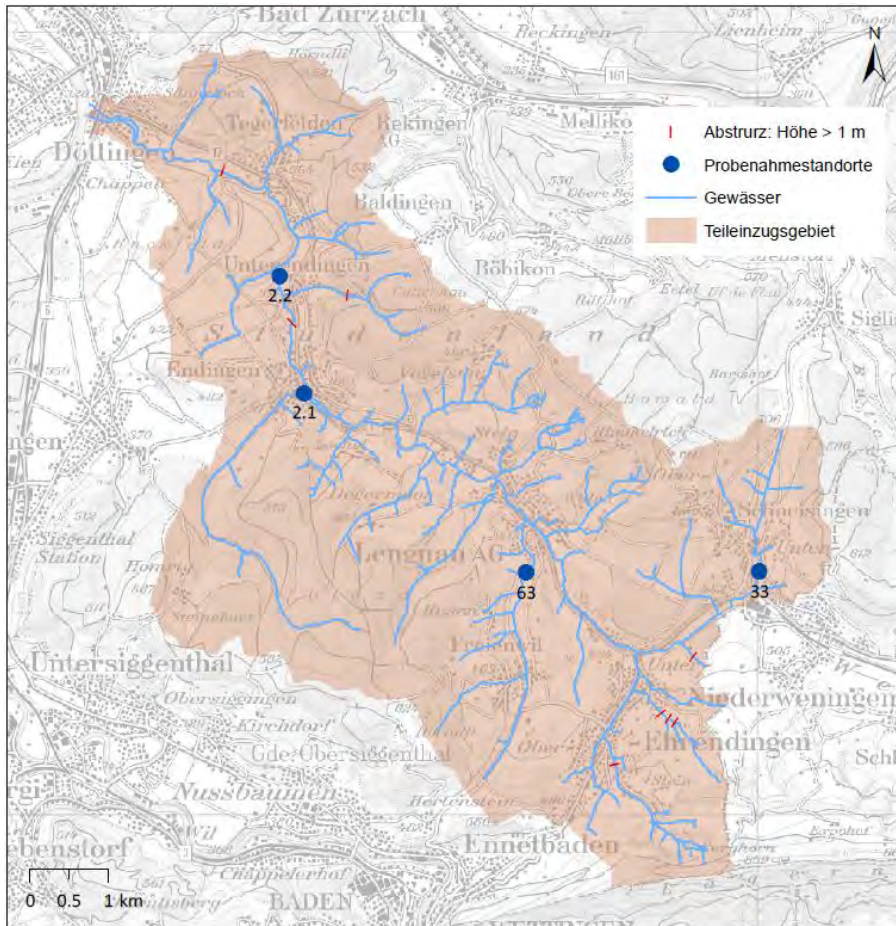


Abbildung 11-28. Probenahme-Standorte im Teileinzugsgebiet der Surb.

Tabelle 11-15: Übersicht und Informationen zu den Probenahme-Standorten im Teileinzugsgebiet Surb.

Nr.	Standort	Revier	N	Bewirtschaftung
2.1	Surb	45	30	Transfer Aufzucht bäche, Besatz mit BR, Herkunft FZ Nadler; Besatz mit S, FZ Nadler
2.2	Surb	45	30	Transfer Aufzucht bäche, Besatz mit BR, Herkunft Nadler; Besatz mit S, FZ Nadler
33	Hünikerbach	47	32	Besatz FZ Nadler 2500 BR
63	Rickenbach	56	30	Besatz FZ Nadler, 700 VS
40.1	FZ Nadler		118	

### 11.4.8.2 Resultate

Tabelle 11-16.  $F_{ST}$ -Werte, die zwischen Forellen aus den verschiedenen Standorten beobachtet wurden.

Nr.	Standort	2.1	2.2	33	63	40.1
2.1	Surb	-	*	**	***	***
2.2	Surb	0.010	-	n.s.	*	n.s.
33	Hünikerbach	0.019	-0.001	-	***	n.s.
63	Rickenbach	0.025	0.008	0.026	-	***
40.1	Fischzucht Nadler	0.027	0.002	0.002	0.024	-

- Die genetischen Unterschiede innerhalb der Surb (Nr. 2.1 und 2.2) sind gering ( $F_{ST}$ -Wert = 0.01) und nur knapp signifikant (Tabelle 11-16). Vor allem die Surb-Population 2.2 weist gegenüber den Zuflüssen ebenfalls geringe  $F_{ST}$ -Werte aus, die im Fall des Hünikerbaches (Nr. 33) nicht signifikant sind.
- Die genetischen Unterschiede zwischen der FZ Nadler und der Surb (Nr. 2.2) resp. dem Hünikerbach (Nr. 33) sind niedrig und teils nicht signifikant. Eine mögliche Erklärung dafür ist, dass ein Teil der Elterntiere der FZ Nadler aus dem Einzugsgebiet der Surb stammen (Mitteilung Sektion Jagd und Fischerei AG) für. Aus populationsgenetischer Sicht sind die Besatzfische der FZ Nadler für den Besatz in die Surb im Bereich Unterehrendingen und den Hünikerbach also geeignet. Um Domestizierungseffekte zu vermeiden, sollte für die Bewirtschaftung dennoch darauf geachtet werden, Nachkommen wilder Elterntiere statt Nachkommen eines in der Zucht gehaltenen Elterntierstammes zu verwenden.
- Der Rickenbach (Nr. 63) weist gegenüber der FZ Nadler, einen  $F_{ST}$ -Wert von 0.024 aus. Dies deutet darauf hin, dass die Fische eher nicht für den Besatz im Gewässer geeignet sind. Über den Erfolg des Besatzes kann aufgrund dieser Resultate keine Aussage gemacht werden.

### 11.4.8.3 Empfehlungen Bewirtschaftung

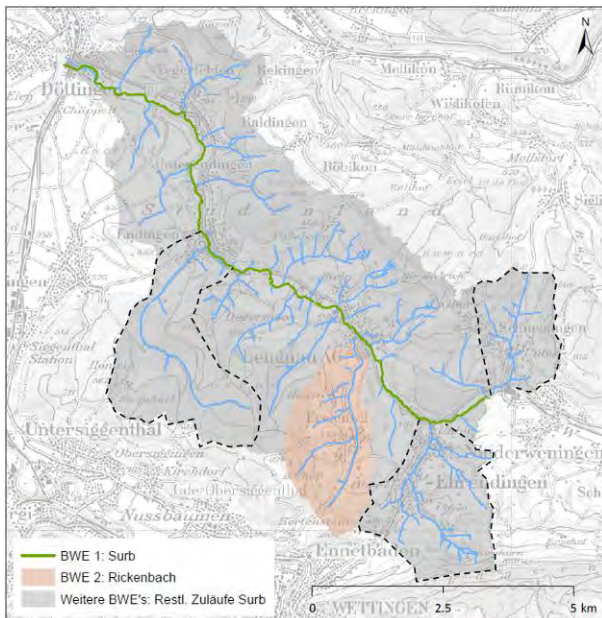


Abbildung 11-29: Die Bewirtschaftungseinheiten (BWE) gestaltet nach den erhobenen Daten. Gestrichelt dargestellt sind Kleineinzugsgebiete, die vermutlich ebenfalls eigenständige BWE darstellen würden, aber nicht genetisch untersucht wurden.

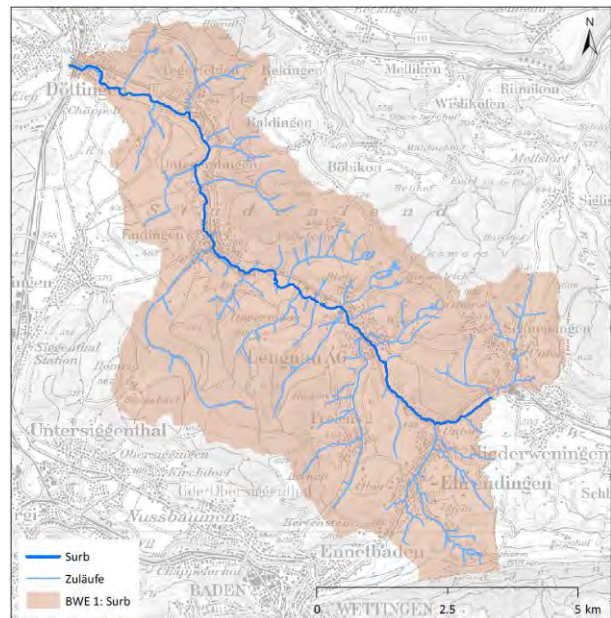


Abbildung 11-30: Angepasste Bewirtschaftungseinheiten (BWE) für die Praxis.

### Gewässer, BWE

Die genetischen Unterschiede sind teilweise signifikant, weshalb im Prinzip mehrere untersuchte Populationen als eigenständige BWE zu betrachten wären (Abbildung 11-29). Ist dies in der Praxis nicht umsetzbar, sollten folgende minimalen BWE berücksichtigt werden (Abbildung 11-26).

- BWE 1: Surb

Die Surb und ihre Zuflüsse ähneln sich bezüglich Ökologie und Biologie und sind alle der Forellenregion zuzuordnen. Weiter sind die beobachteten  $F_{ST}$ -Werte eher gering und teilweise nicht signifikant. Aufgrund dessen wird empfohlen, das Einzugsgebiet der Surb in einer BWE zusammenzufassen.

### Fischzuchten

Die genetischen Unterschiede zwischen der FZ und den Besatzgewässern sind in der Regel klein und nur teilweise signifikant. Da scheinbar auch ein Teil der Elterntiere der FZ Nadler aus dieser BWE stammen, eignen sich die Besatzfische aus der FZ Nadler aus populationsgenetischer Sicht für Besatzmassnahmen in diesem Einzugsgebiet. Dennoch sollte idealerweise nicht mit einem geschlossenen Elterntierstamm wie in der FZ Nadler gearbeitet werden, sondern mit wilden Elterntieren aus einem jährlichen Laichfischfang [21], sofern ein Besatz nötig ist.

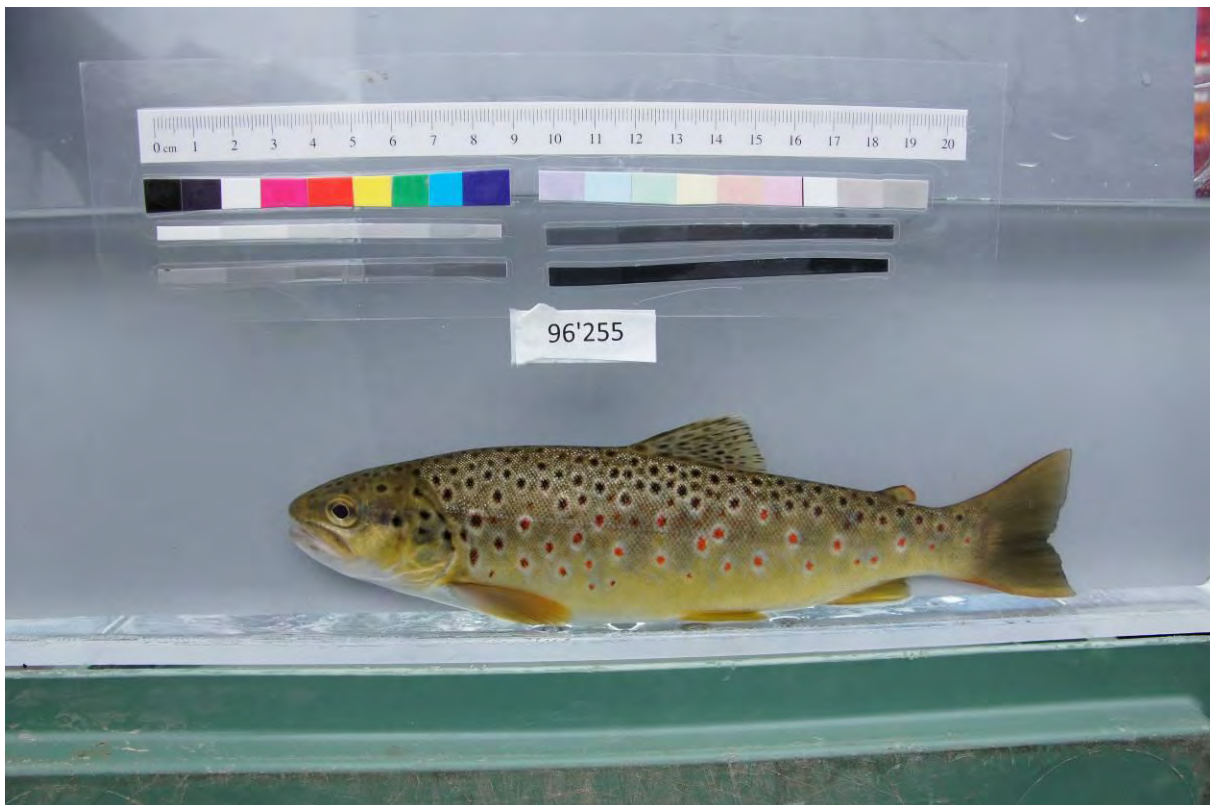


Abbildung 11-31. Forelle aus der Surb.

## 11.4.9 Teileinzugsgebiet Klingnau (TEZG 9)

### 11.4.9.1 Standorte

Das Teileinzugsgebiet Klingnau umfasst Zuflüsse der Aare und des Rheins (Abbildung 11-32). Im Gebiet wurden insgesamt fünf Probenahme-Standorte mit total 181 Forellen genetisch analysiert (Tabelle 11-17). Im Bruggbach (Nr. 51) sind seit längerem keine Fische mehr ausgesetzt worden. Alle anderen Bäche wurden in den letzten Jahren mit Fischen, meist aus der FZ Nadler, besetzt. Die Vernetzung zwischen den einzelnen Populationen der Aare scheint eher gut zu sein. Im Einzugsgebiet des Rheins ist die Vernetzung scheinbar schlechter.

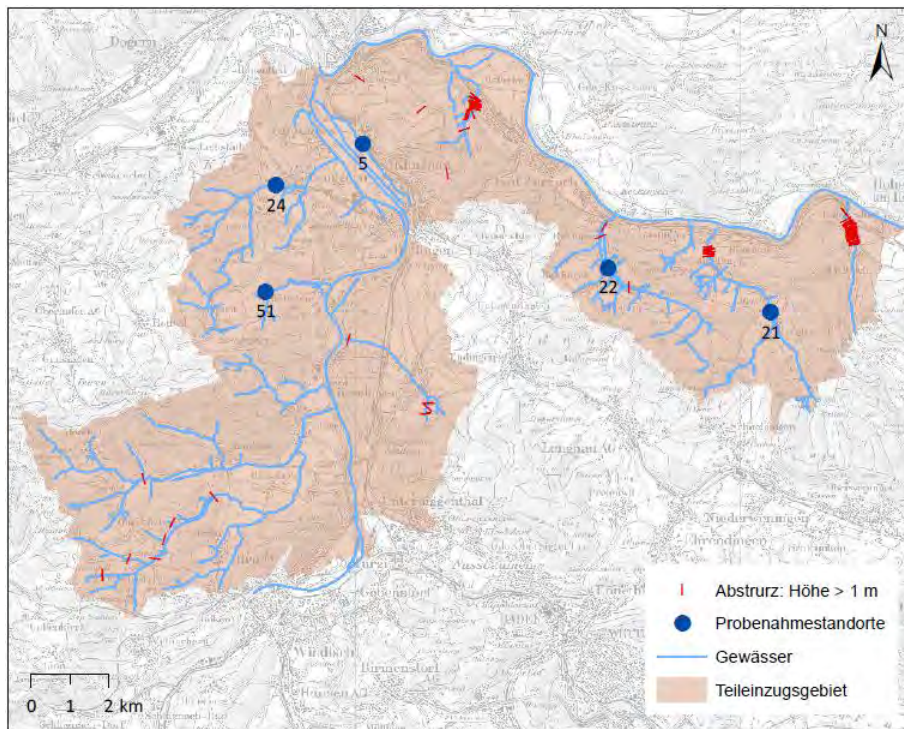


Abbildung 11-32. Probenahme-Standorte im Teileinzugsgebiet Klingnau.

Tabelle 11-17: Übersicht und Informationen zu den Probenahme-Standorten im Teileinzugsgebiet Klingnau.

Nr.	Standort	N	Revier	Bewirtschaftung
5	Sickerwasserkanal	211	36	kein Besatz seit 2012
21	Tägerbach	49	38	kein Besatz seit 2013, vorher FZ Nadler
22	Chrüzlibach	53	43	kein Besatz seit 2013, vorher FZ Nadler
24	Guntenbach	55	32	Besatz FZ Nadler (700 VS)
51	Bruggbach	239	32	kein Besatz (AZG Bünz)
40.1	FZ Nadler	118		
57	FZ PUA Sickerwasserkanal	26		Laichtiere Aare, welche in Radagkanal umgesiedelt wurden
58	FZ PUA Weiher Böttstein	23		geschlossene Muttertierhaltung Weiher
59	FZ PUA Radagkanal	29		offene Muttertierhaltung, teilweise Laichtiere aus Sickerwasserkanal

### 11.4.9.2 Resultate

Tabelle 11-18.  $F_{ST}$ -Werte, die zwischen Forellen der verschiedenen Standorte beobachtet wurden.

Nr.	Standort	5	21	22	24	51	40.1	57	58	59
5	Sickerwasserkanal	-	***	***	***	***	***	***	*	***
21	Tägerbach	0.045	-	***	***	***	***	***	***	***
22	Chrüzlibach	0.016	0.024	-	***	***	***	***	***	***
24	Guntenbach	0.025	0.060	0.023	-	***	***	**	**	***
51	Bruggbach	0.104	0.137	0.105	0.139	-	***	***	***	***
40.1	Fischzucht Nadler	0.017	0.066	0.030	0.020	0.121	-	***	**	***
57	Fischzucht PUA Sickerwasserkanal	0.018	0.060	0.025	0.016	0.095	0.016	-	n.s.	n.s.
58	Fischzucht PUA Weiher Böttstein	0.009	0.058	0.023	0.022	0.099	0.009	-0.002	-	n.s.
59	Fischzucht PUA Radagkanal	0.019	0.061	0.020	0.024	0.100	0.016	0.005	0.003	-

- Alle  $F_{ST}$ -Werte im Untersuchungsgebiet sind signifikant (Tabelle 11-18). Auch die Vergleiche zwischen den Gewässern und den FZ sind allesamt signifikant.
- Bis 2013 wurde der Tägerbach (Nr. 21) mit Fischen der FZ Nadler besetzt. Der Tägerbach weist gegenüber der FZ Nadler einen vergleichsweise hohen und signifikanten  $F_{ST}$ -Wert auf (0.066). Dies lässt den Schluss zu, dass die Fische der FZ Nadler nicht für den Besatz des Gewässers geeignet waren. Ausserdem lassen die Resultate vermuten, dass der Besatz nicht erfolgreich war.
- Der  $F_{ST}$ -Wert zwischen Chrüzlibach (Nr. 22) und FZ Nadler liegt bei 0.030. Dies deutet darauf hin, dass die Fische für den Besatz nicht geeignet waren. Die Resultate weisen weiter darauf hin, dass der Besatz wahrscheinlich nicht so erfolgreich war wie erhofft. Der Guntenbach (Nr. 24) wird jährlich mit Forellen aus der FZ Nadler besetzt. Die genetischen Unterschiede zwischen der FZ und dem Gewässer sind signifikant und liegen bei 0.020. Die Resultate weisen darauf hin, dass die Besatzfische eher nicht für den Besatz geeignet sind. Über den Erfolg des Besatzes kann aufgrund dieser Resultate keine Aussage gemacht werden.
- Der Bruggbach (Nr. 51) weist gegenüber den anderen Gewässern einen sehr hohen mittleren  $F_{ST}$ -Wert von 0.119 auf. Dies ist vermutlich durch einen demografischen Flaschenhals zu erklären (siehe Kapitel 4.1 und Anhang Kapitel 11.3). Der Bruggbach wird als AZG für Bünz-Reviere genutzt. Da die beiden Gewässer in zwei unterschiedlichen Teileinzugsgebieten liegen, sollten in Zukunft keine Fische mehr vom Bruggbach in die Bünz verschoben werden. Die Resultate weisen weiter darauf hin, dass der Besatz mit Bruggbachforellen in die Bünz wahrscheinlich nicht erfolgreich war (mittlerer  $F_{ST}$ -Wert gegenüber Bünzrevieren: 0.113).

### 11.4.9.3 Empfehlungen Bewirtschaftung

#### Gewässer, BWE

Die genetischen Unterschiede sind in der Regel signifikant, weshalb im Prinzip jede untersuchte Probenahme-stelle als eigene Population und entsprechend als eigenständige BWE zu betrachten wäre (Abbildung 11-33). Ist dies in der Praxis nicht umsetzbar, sollten folgende minimalen BWE berücksichtigt werden (Abbildung 11-34):

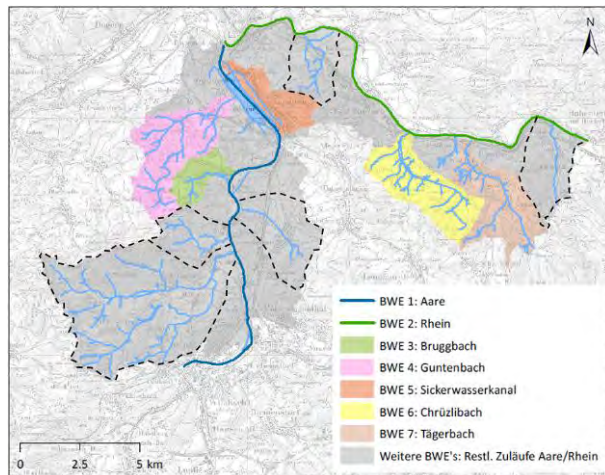
- BWE 1: Aare (inkl. Sickerwassergraben, Binnenkanal Klingnau sowie Binnenkanal Kleindöttigen)
- BWE 2: Rhein
- BWE 3: Zuflüsse Aare
- BWE 4: Zuflüsse Rhein

Aare und Rhein sollten je eine eigene BWE erhalten, da sich ihre Gewässertypologie deutlich von den anderen Gewässern unterscheidet. Bei der Aare ist zudem zu beachten, dass der rechtseitige Sickerwassergraben sowie

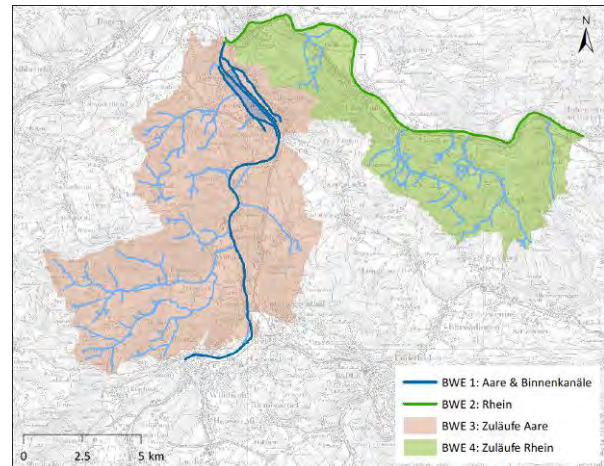


der Binnenkanal Klingnau, die mit der Aare vernetzt sind und auch der Binnenkanal Kleindöttigen (linksseitig) zur selben Bewirtschaftungseinheit gehören.

Die Zuflüsse gehören zumeist der Forellenregion an. Die  $F_{ST}$ -Werte zwischen diesen Populationen sind vergleichsweise hoch. Aus praktischen Gründen wird vorgeschlagen, Aare- und Rhein-Zuflüsse je zu einer BWE zusammenzufassen. Um mögliche lokale Anpassungen nicht zu verwässern, sollten bei der Bewirtschaftung möglichst keine Forellen zwischen unterschiedlichen Zuflüssen hin- und hergeschoben werden. Der Bruggbach weist gegenüber allen Gewässern sehr hohe genetische Unterschiede auf. Dies könnte auf einen demographischen Flaschenhals zurückzuführen sein.



**Abbildung 11-33:** Die Bewirtschaftungseinheiten (BWE) gestaltet nach den erhobenen Daten. Gestrichelt dargestellt sind Kleineinzugsgebiete, die vermutlich ebenfalls eigenständige BWE darstellen würden, aber nicht genetisch untersucht wurden.



**Abbildung 11-34:** Angepasste Bewirtschaftungseinheiten (BWE) für die Praxis.

### Fischzuchten

Alle genetischen Unterschiede zwischen den FZ und den Gewässern sind signifikant. Dies deutet darauf hin, dass sich die Besatzfische der FZ nicht für den Besatz in den Zuflüssen eignen. Deshalb wird empfohlen bei allfälligen zukünftigen Besatzmassnahmen auf Nachkommen wilder Elterntiere zurückzugreifen. Diese sollten aus derselben BWE stammen wie das Besatzgewässer, um mögliche lokale Anpassungen nicht zu verwässern. Wie zu erwarten war kein genetischer Unterschied zwischen den Forellen aus dem Sickerwassergraben (Standort 57) und den beprobten Forellen des Radagkanals (Standort 59) gefunden, weil ein grosser Teil der Forellen im Radagkanal direkt vom Standort 57 stammen. Ebenfalls waren die beprobten Muttertiere aus dem Weiher Böttstein nicht genetisch unterschiedlich zu den Standorten 57 und 59, was darauf hindeutet, dass diese Forellen ebenfalls aus der Aare abstammen.

### 11.4.10 Teileinzugsgebiet Rhein (TEZG 10)

#### 11.4.10.1 Standorte

Im Teileinzugsgebiet Rhein wurden drei Probenahme-Standorte untersucht (Abbildung 11-35). Insgesamt wurden im System 72 Forellen genetisch untersucht (Tabelle 11-19). Alle Gewässer wurden in den letzten Jahren mit Forellen besetzt. Die Fische stammten aus der FZ Nadler und der FZ Hohler. Die Vernetzung der Bäche ist leicht eingeschränkt. Vor allem im Wilerbach (Nr. 20) und im Kaisterbach (Nr. 38) gibt es grössere Wanderhindernisse.

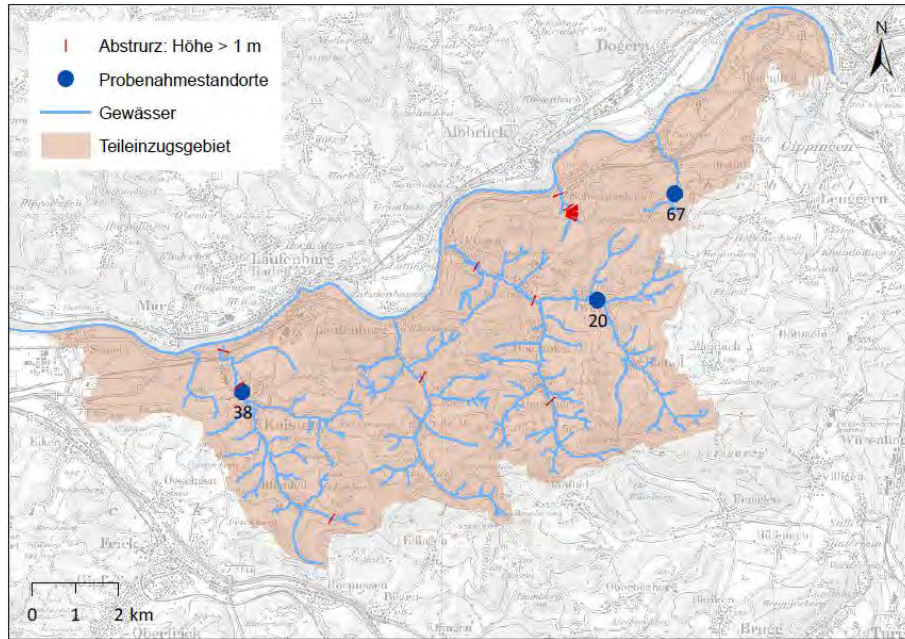


Abbildung 11-35. Probenahme-Standorte im Teileinzugsgebiet Rhein.

Tabelle 11-19: Übersicht und Informationen zu den Probenahme-Standorten im Teileinzugsgebiet Rhein.

Nr.	Standort	Revier	N	Bewirtschaftung
20	Wilerbach	39	24	seit 2012 kein Besatz, vorher FZ Hohler, 500 VS
38	Kaisterbach	36	30	seit 2014 kein Besatz, vorher FZ Hohler, 1200 VS
67	Dorbach Leibstadt	50	18	seit 2015 kein Besatz, vorher FZ Nadler, 100 VS
3	FZ Hohler		30	
40.1	FZ Nadler		118	

#### 11.4.10.2 Resultate

Tabelle 11-20.  $F_{ST}$ -Werte, die zwischen Forellen der verschiedenen Standorte beobachtet wurden.

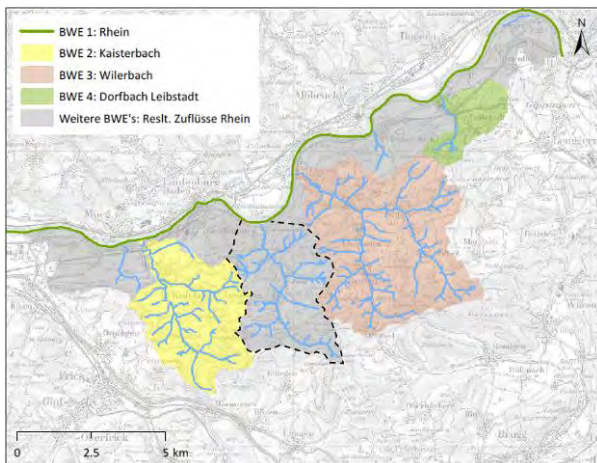
Nr.	Standort	20	38	67	3	40.1
20	Wilerbach	-	***	***	***	***
38	Kaisterbach	0.032	-	***	***	***
67	Dorbach Leibstadt	0.062	0.071	-	***	***
3	Fischzucht Hohler	0.032	0.049	0.032	-	n.s.
40.1	Fischzucht Nadler	0.032	0.040	0.029	0.002	-

- Alle genetischen Unterschiede im Untersuchungsgebiet sind signifikant (Tabelle 11-20). Der Wilerbach (Nr. 20) wurde bis 2011 aus der FZ Hohler besetzt. Der Vergleich zwischen der FZ und dem Gewässer weist einen signifikanten  $F_{ST}$ -Wert von 0.032 auf. Die Resultate zeigen, dass die Besatzfi-

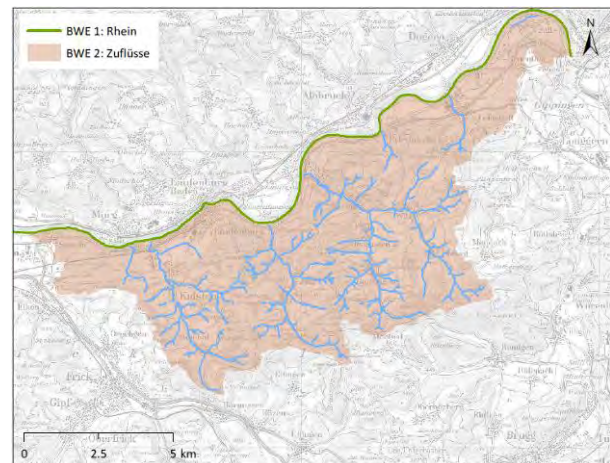
sche nicht für das Gewässer geeignet waren. Die Daten weisen darauf hin, dass der Besatz wahrscheinlich nicht sehr erfolgreich war.

- Der Kaisterbach (Nr. 38) ist bis 2013 mit Forellen aus der FZ Hohler besetzt worden. Vergleicht man die beiden Proben resultiert ein signifikanter  $F_{ST}$ -Wert von 0.049. Der vergleichsweise hohe  $F_{ST}$ -Wert lässt den Schluss zu, dass die Fische nicht für den Besatz im Gewässer geeignet waren. Ausserdem deuten die Daten darauf hin, dass der Besatz nicht erfolgreich war.
- Der Vergleich zwischen den FZ Hohler und Nadler weist einen nicht signifikanten  $F_{ST}$ -Wert von 0.002 aus. Dies deckt sich mit den Angaben der Fischzüchter, wonach die FZ Hohler ihre Fische aus der FZ Nadler bezogen hat.
- Der Dorfbach Leibstadt (Nr. 67) wurde bis 2014 mit Fischen aus der FZ Nadler besetzt. Die genetischen Unterschiede zwischen dem Gewässer und der FZ sind bei einem  $F_{ST}$ -Wert von 0.029 signifikant. Die Resultate deuten darauf hin, dass die Besatzfische eher nicht für das Gewässer geeignet sind. Über den Erfolg des Besatzes kann aufgrund dieser Resultate keine Aussage gemacht werden.

### 11.4.10.3 Empfehlungen Bewirtschaftung



**Abbildung 11-36:** Die Bewirtschaftungseinheiten (BWE) gestaltet nach den erhobenen Daten. Gestrichelt dargestellt sind Kleineinzugsgebiete, die vermutlich ebenfalls eigenständige BWE darstellen würden, aber nicht genetisch untersucht wurden.



**Abbildung 11-37:** Angepasste Bewirtschaftungseinheiten (BWE) für die Praxis.

#### Gewässer, BWE

Die genetischen Unterschiede sind in der Regel signifikant, weshalb im Prinzip jede untersuchte Probenahme-stelle als eigene Population und entsprechend als eigenständige BWE zu betrachten wäre (Abbildung 11-36). Ist dies in der Praxis nicht umsetzbar, sollten folgende minimalen BWE berücksichtigt werden (Abbildung 11-37):

- BWE 1: Rhein
- BWE 2: Zuflüsse

Der Rhein sollte als eigene BWE betrachtet werden, da er sich in seiner Typologie von den anderen Gewässern stark unterscheidet. Die vergleichsweise hohen genetischen Unterschiede zwischen den Zuflüssen weisen darauf hin, dass die Populationen recht stark voneinander isoliert sind. Um mögliche lokale Anpassungen zu erhalten, wird daher empfohlen, die Forellen bei der Bewirtschaftung möglichst nicht zwischen den Zuflüssen hin- und herzuschieben.

### Fischzuchten

Alle genetischen Unterschiede zwischen der FZ Nadler und den Gewässern sind signifikant. Dies deutet darauf hin, dass die Forellen aus der FZ sich nicht für den Besatz in diesen Gewässern eignen. Für allfällige Besatzmassnahmen sollte deshalb auf Nachkommen wilder Elterntiere zurückgegriffen werden. Um mögliche lokale Anpassungen nicht zu verwässern, sollten diese wenn möglich aus dem gleichen Gewässer stammen, in dem ihr Nachwuchs ausgesetzt wird.



**Abbildung 11-38.** Forelle aus dem Kaisterbach.

## 11.4.11 Teileinzugsgebiet Sissle (TEZG 11)

### 11.4.11.1 Standorte

Insgesamt wurden im Einzugsgebiet der Sissle sechs Probenahme-Standorte untersucht (Abbildung 11-39). Neben der Sissle und ihren kleineren Zuflüssen umfasst das Einzugsgebiet den Bruggbach und den Staffeleggbach. Total wurden in dem Einzugsgebiet 199 Forellen genetisch untersucht (Tabelle 11-21). Im gesamten System wurden bis vor wenigen Jahren Besatzfische der FZ Nadler und teilweise auch der FZ Hohler ausgesetzt. Die Längsvernetzung im Teileinzugsgebiet ist mancherorts eingeschränkt.

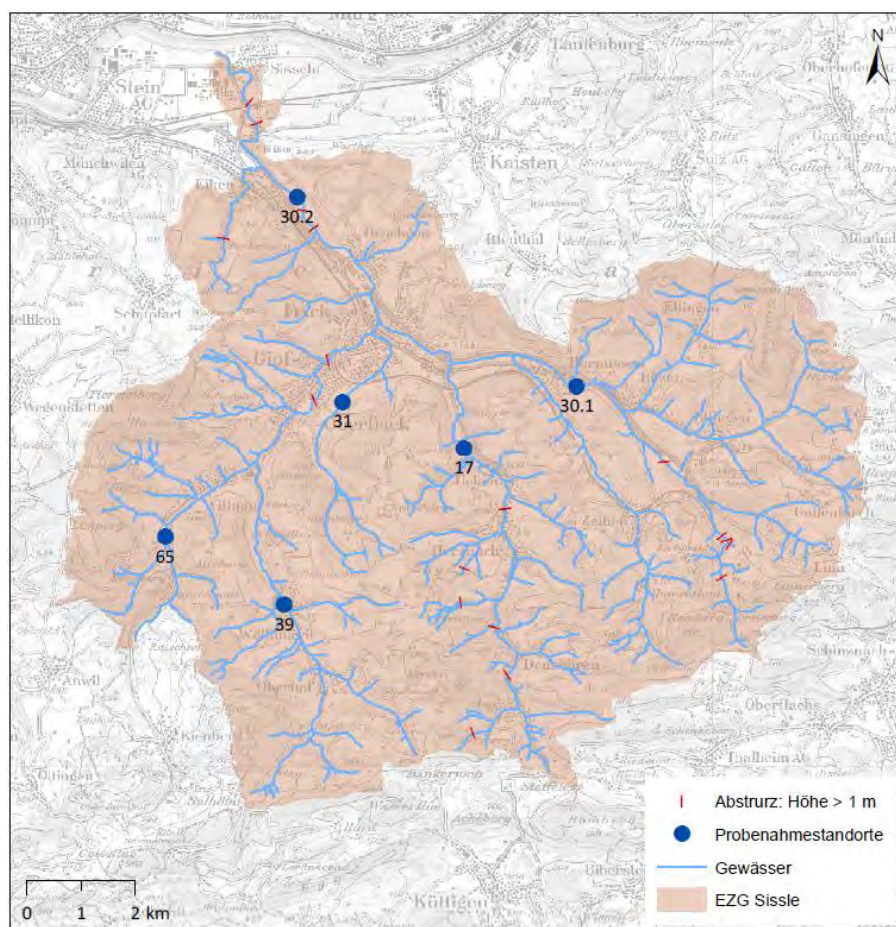


Abbildung 11-39. Probenahme-Standorte im Teileinzugsgebiet der Sissle

Tabelle 11-21: Übersicht und Informationen zu den Probenahme-Standorten im Teileinzugsgebiet Sissle.

Nr.	Standort	Revier	N	Bewirtschaftung
17	Staffeleggbach	34	51	seit 2015 kein Besatz, vorher FZ Nadler und FZ Hohler
30.1	Sissle	30	31	seit 2015 kein Besatz, vorher FZ Hohler und FZ Nadler
30.2	Sissle	29	29	seit 2015 kein Besatz, vorher FZ Hohler und FZ Nadler
31	Bruggbach	31	29	seit 2015 kein Besatz, vorher FZ Nadler, FZ Hohler
39	Wölflinswilerbach	31	30	seit 2014 kein Besatz, vorher FZ Nadler, FZ Hohler
65	Wittnauerbach	32	29	Besatz FZ Nadler (3000 VS), vorher FZ Hohler
40.1	Fischzucht Hohler		30	
40.1	Fischzucht Nadler		118	

11.4.11.2 **Resultate**

Tabelle 11-22.  $F_{ST}$ -Werte, die zwischen Forellen der verschiedenen Standorte beobachtet wurden.

Nr.	Population	17	30.1	30.2	31	39	65	3	40.1
17	Staffeleggbach	-	***	***	***	***	***	***	***
30.1	Sissle	0.031	-	***	**	***	***	***	***
30.2	Sissle	0.023	0.019	-	n.s.	***	n.s.	***	***
31	Bruggbach	0.034	0.020	0.006	-	***	***	***	***
39	Wölflinswilerbach	0.037	0.029	0.026	0.034	-	***	***	***
65	Wittnauerbach	0.051	0.025	0.006	0.019	0.035	-	***	***
3	Fischzucht Hohler	0.032	0.037	0.016	0.030	0.034	0.043	-	n.s.
40.1	Fischzucht Nadler	0.031	0.031	0.012	0.017	0.025	0.037	0.002	-

- Der Mittelwert der  $F_{ST}$ -Werte zwischen den Gewässern liegt bei 0.028 (Tabelle 11-22). Dabei sind die meisten genetischen Unterschiede signifikant. Alle  $F_{ST}$ -Werte zwischen den Populationen des Einzugsgebietes und der FZ Nadler sind signifikant.
- Der Staffeleggbach (Nr.17) und der Wölflinswilerbach (Nr. 39) weisen einen hohen mittleren  $F_{ST}$ -Wert gegenüber den anderen Gewässern von 0.040, resp. 0.034 auf. Die genetischen Unterschiede zu den beiden Fischzuchten Nadler und Hohler liegen bei beiden Probenahme-Standorten vergleichsweise hoch. Die Forellen sind für den Besatz im Gewässer nicht geeignet. Die Resultate deuten darauf hin, dass der Besatz nicht so erfolgreich war wie erhofft.
- Der  $F_{ST}$ -Wert der beiden Populationen aus der Sissle liegt bei 0.019 und ist signifikant. Die Resultate deuten darauf hin, dass die Besatzfische eher nicht für das Gewässer geeignet waren. Über den Erfolg des Besatzes kann aufgrund dieser Resultate keine Aussage gemacht werden.
- Der Wittnauerbach (Nr. 65) wird jährlich mit Forellen aus der FZ Nadler (früher FZ Hohler) besetzt. Die genetischen Unterschiede zwischen der FZ Nadler und dem Gewässer liegen bei einem  $F_{ST}$ -Wert von 0.037. Dieser Wert ist vergleichsweise eher hoch. Die Forellen sind für den Besatz im Gewässer nicht geeignet. Die Resultate deuten darauf hin, dass der Besatz nicht sehr erfolgreich war.
- Der Vergleich zwischen den FZ Hohler und Nadler weist einen nicht signifikanten  $F_{ST}$ -Wert von 0.002 aus. Dies deckt sich mit den Angaben der Fischzüchter, wonach die FZ Hohler ihre Fische aus der FZ Nadler bezogen hat.

11.4.11.3 **Empfehlungen Bewirtschaftung**

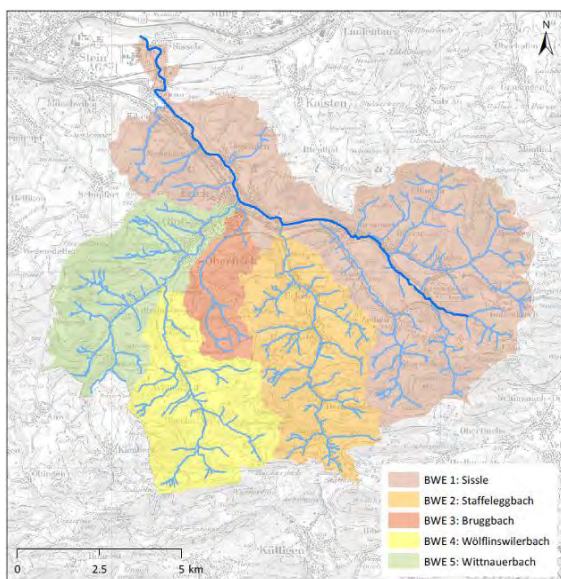


Abbildung 11-40: Die Bewirtschaftungseinheiten (BWE) gestaltet nach den erhobenen Daten.

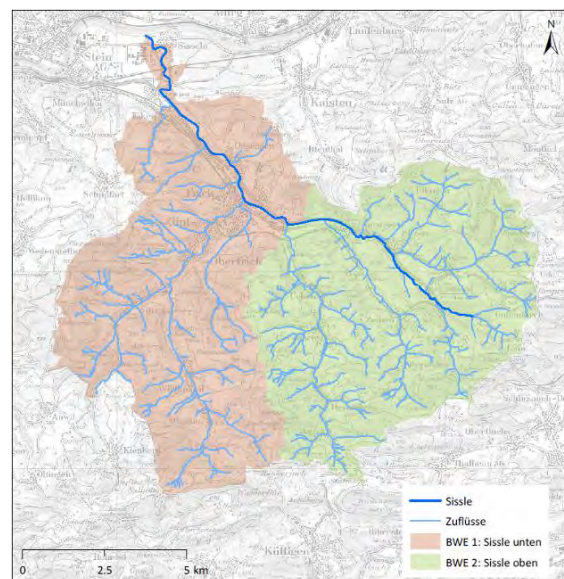


Abbildung 11-41: Angepasste Bewirtschaftungseinheiten (BWE) für die Praxis.

### Gewässer, BWE

Die genetischen Unterschiede sind in der Regel signifikant, weshalb im Prinzip jede untersuchte Probenahme-stelle als eigene Population und entsprechend als eigenständige BWE zu betrachten wäre (Abbildung 11-40). Ist dies in der Praxis nicht umsetzbar, sollten folgende minimalen BWE berücksichtigt werden (Abbildung 11-41):

- BWE 1: Sissle-Unterlauf und Zuflüsse
- BWE 2: Sissle-Oberlauf und Zuflüsse

Die Sissle und ihre Zuflüsse gehören zur Forellenregion. Im unteren Bereich der Sissle sind die genetischen Unterschiede zwischen den Zuflüssen und der Sissle gering, während die Unterschiede zum Oberlauf der Sissle grösser sind. Deshalb wird vorgeschlagen, das Einzugsgebiet der Sissle in eine obere und eine untere BWE einzuteilen. Da die genetischen Unterschiede zwischen den Zuflüssen meistens signifikant sind, sollte auf eine Umsiedlung von Forellen zwischen den Zuflüssen möglichst verzichtet werden.

### Fischzuchten

Die Unterschiede zwischen den Fischzuchten und den Populationen im Untersuchungsgebiet sind allesamt signifikant. Dies gilt auch für den Vergleich zwischen FZ Nadler und Wittnauerbach, der bis heute mit Fischen aus der FZ Nadler besetzt wird. Daraus kann geschlossen werden, dass sich Fische der Fischzuchten nicht für den Besatz im Einzugsgebiet der Sissle eignen. Es wird daher empfohlen, für allfällig notwendige Besatzmassnahmen auf Nachkommen wilder Elterntiere aus den jeweiligen BWEs zurückzugreifen.

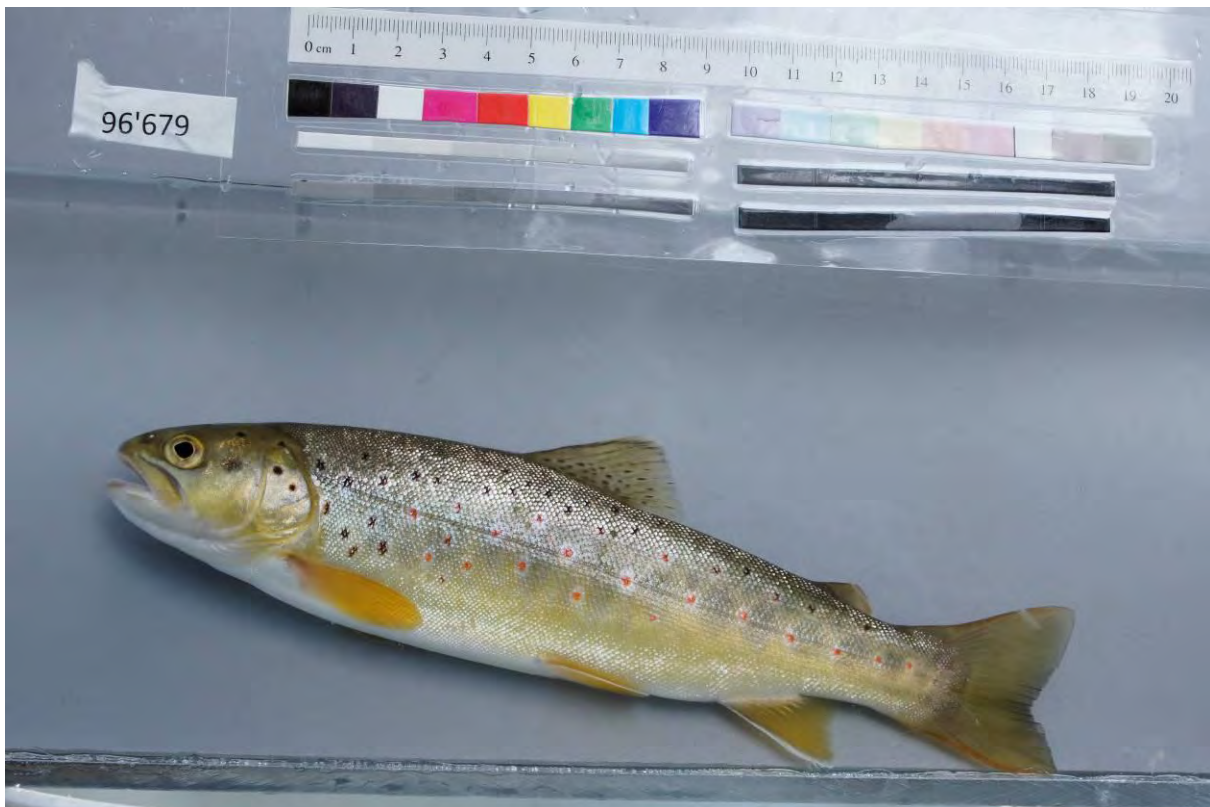


Abbildung 11-42. Forelle aus der Sissle.

### 11.4.12 Teileinzugsgebiet Möhlinbach (TEZG 12)

#### 11.4.12.1 Standorte

Im Teileinzugsgebiet Möhlinbach wurden zwei Probenahme-Standorte und 68 Forellen genetisch untersucht (Abbildung 11-43). Der Magdenerbach wurde letztmals im Jahr 2012 mit Forellen aus der FZ Hohler besetzt (Tabelle 11-23). Am Möhlinbach wird seit 2008 gänzlich auf Besatz verzichtet.

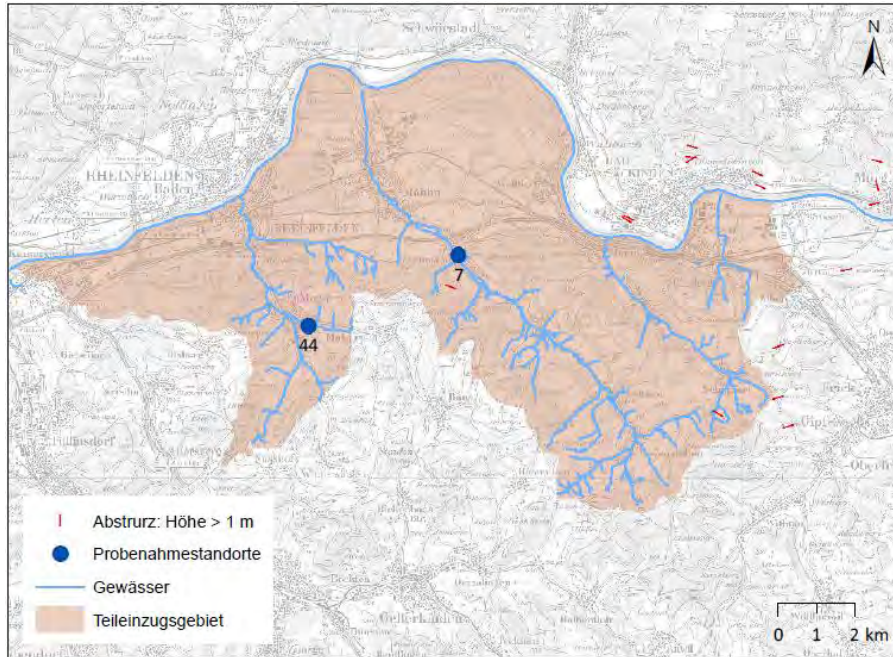


Abbildung 11-43. Probenahme-Standorte im Teileinzugsgebiet Möhlinbach.

Tabelle 11-23: Übersicht und Informationen zu den Probenahme-Standorten im Teileinzugsgebiet Möhlinbach.

Nr.	Standort	Revier	N	Bewirtschaftung
7	Möhlinbach	206	38	seit ca. 2008 kein Besatz
44	Magdenerbach	26	30	seit 2013 kein Besatz, vorher FZ Hohler
3	FZ Hohler	0	30	
40.1	FZ Nadler	0	118	

#### 11.4.12.2 Resultate

Tabelle 11-24.  $F_{ST}$ -Werte, die zwischen Forellen der verschiedenen Standorte beobachtet wurden.

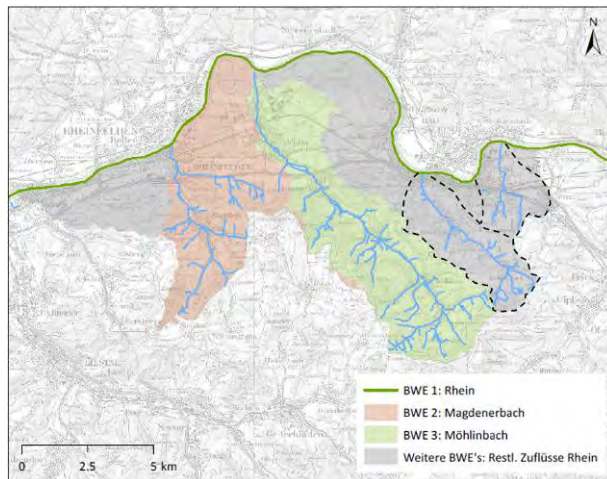
Nr.	Standort	7	44	3	40.1
7	Möhlinbach	-	**	***	***
44	Magdenerbach	0.015	-	***	***
3	Fischzucht Hohler	0.025	0.028	-	n.s.
40.1	Fischzucht Nadler	0.017	0.023	0.002	-

- Alle genetischen Unterschiede zwischen den Probenahmestellen des Teileinzugsgebiets Möhlinbach und den FZ sind signifikant (Tabelle 11-24).
- Der Möhlinbach (Nr. 17) wird seit 2008 nicht mehr besetzt. Früher wurde dieser Bach von der FZ Hohler für Laichfischfänge genutzt. Der Vergleich der beiden Populationen zeigt allerdings einen signifikanten  $F_{ST}$ -Wert von 0.017. Die Besatzfische der FZ Hohler und auch der FZ Nadler eigneten sich also nicht für dieses Gewässer. Über den Erfolg des Besatzes kann aufgrund dieser Resultate keine Aussage gemacht werden.

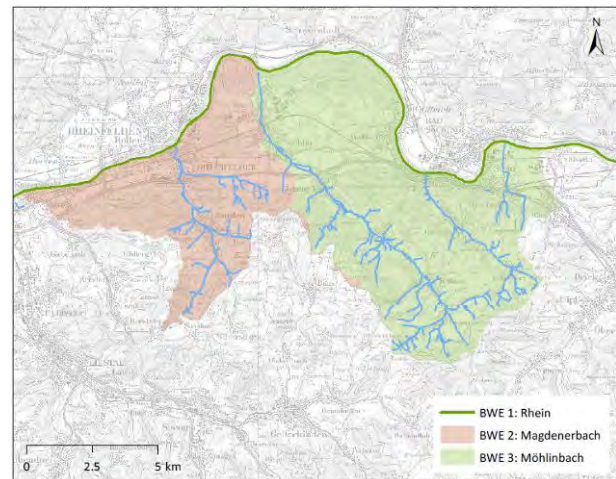


- Der Magdenerbach (Nr. 44) wurde bis 2013 mit Fischen aus der FZ Hohler besetzt. Der Vergleich der FZ mit dem Gewässer weist einen  $F_{ST}$ -Wert von 0.028 aus. Dies deutet darauf hin, dass die Besatzfische eher nicht für den Besatz geeignet waren. Es kann aufgrund der Daten keine Aussage zum Erfolg des Besatzes gemacht werden.
- Der Vergleich zwischen den FZ Hohler und Nadler weist einen nicht signifikanten  $F_{ST}$ -Wert von 0.002 aus. Dies deckt sich mit den Angaben der Fischzüchter, wonach die FZ Hohler ihre Fische aus der FZ Nadler bezogen hat.

### 11.4.12.3 Empfehlungen Bewirtschaftung



**Abbildung 11-44:** Die Bewirtschaftungseinheiten (BWE) gestaltet nach den erhobenen Daten. Gestrichelt dargestellt sind Kleineinzugsgebiete, die vermutlich ebenfalls eigenständige BWE darstellen würden, aber nicht genetisch untersucht wurden.



**Abbildung 11-45:** Angepasste Bewirtschaftungseinheiten (BWE) für die Praxis.

#### Gewässer, BWE

Die genetischen Unterschiede sind in der Regel signifikant, weshalb im Prinzip jede untersuchte Probenstelle als eigene Population und entsprechend als eigenständige BWE zu betrachten wäre (Abbildung 11-44). Ist dies in der Praxis nicht umsetzbar, sollten folgende minimalen BWE berücksichtigt werden (Abbildung 11-45):

- BWE 1: Rhein
- BWE 2: Magdenerbach
- BWE 3: Möhlinbach

Der Rhein unterscheidet sich in seiner Gewässertypologie deutlich von seinen Zuflüssen und sollte deshalb als eigene BWE berücksichtigt werden.

Die eher kleinen, aber doch signifikanten genetischen Unterschiede weisen darauf hin, dass es sich um eigenständige Populationen handelt. Um mögliche lokale Anpassungen zu erhalten, werden sie folglich in zwei separate BWE eingeteilt.

#### Fischzuchten

Alle genetischen Unterschiede zwischen der FZ Hohler resp. Nadler und den lokalen Populationen sind signifikant. Die Muttertiere der Fischzuchten sind daher eher nicht für den Besatz in diesen Gewässern geeignet.