



**Kurzbericht: genetische Charakterisierung von dreizehn
Bachmuschel-Populationen (*Unio crassus*) in der Schweiz**



Verfasst von:

Anna Carlevaro / Benthos / Zürich

Pascal Stucki / Aquabug / Marin

Dr. Heinrich Vicentini / Gewässerökologie Zürich

Datum: 17.11.2020

Inhalt

1	Ausgangslage und Ziele	3
2	Methoden und Standorte	4
3	Ergebnisse	5
3.1	Begriffe der Populationsgenetik.....	5
3.2	Ergebnisse der genetischen Analyse	6
3.2.1	Artbestimmung	6
3.2.2	Genetische Diversität und Variabilität.....	6
3.2.3	Genetische Differenzierung	6
4	Diskussion.....	7
4.1	Genetische Diversität und Variabilität.....	7
4.2	Genetische Differenzierung	7
5	Massnahmen.....	8
5.1	Schutzstatus.....	8
5.2	Management-Einheiten	8
5.3	Bestandeskontrollen.....	8
5.4	Massnahmen für Wiederbesiedlungs- und Zuchtprogramme.....	9
5.5	Grundsätze für Wiederbesiedlungsprogramme	9
5.6	Koordinationsmassnahmen und Konzept	10
6	Ausblick und Fazit	10

1 Ausgangslage und Ziele

Die Bachmuschel (*Unio crassus* Philipsson) gehört zur Familie der Unionidae, die in der Schweiz die Fluss- (*Unio spp.*) und Teichmuscheln (*Anodonta spp.*) umfasst. *U. crassus* (Uc) war einst die häufigste und am weitesten verbreitete der vier Unio-Arten der Schweiz. Sie besiedelte früher fast alle Gewässer des Mittellandes vom Genfer- bis zum Bodensee, teilweise den Jura und auch die Voralpentäler. Heute ist sie in der Schweiz vom Aussterben (CR) bedroht (Rüetschi et al. 2012) und auf der Liste der prioritären Arten unter Priorität 1 (sehr hoch) eingestuft (BAFU 2011).

In letzter Zeit wurden gegensätzliche Entwicklungen in den Populationen von Uc beobachtet: Einerseits vermutet man eine Zunahme der Bestände in grossen Fliessgewässern – vor allem im Rhein – andererseits ist sie in den meisten Kleingewässern weiterhin stark unter Druck.

Um die Bestände der kleineren Fliessgewässer langfristig zu sichern, sind Massnahmen wie Zucht, Besatz mit infizierten Fischen etc. notwendig und geplant. Die Voraussetzung ist aber die Erhaltung und/oder Wiederherstellung der Lebensräume.

Die Erfahrung mit anderen Tieren (Fische, Krebse) hat gezeigt, dass sich z.B. die Bestände des Steinkrebse im Kanton Aargau genetisch deutlich voneinander unterscheiden (Henle 2015), und daraus folgend, dass Besatzmassnahmen mit standortfremden Tieren oft problematisch sind (Vonlanthen & Hefti 2016). Natürliche Selektion, vor allem in isolierten Populationen, führt zu genetischen, lokalen Anpassungen an herrschende Umweltbedingungen.

Ziel dieser Untersuchungen ist die Erfassung der genetischen Struktur der dreizehn bekannten Bachmuschel-Populationen (inkl. erloschene Bestände) der Schweiz mittels Genotypisierung. Die statistische Auswertung des molekularen Datensatzes erlaubt es, populationsgenetische Parameter und Indizes zu erheben. Dabei konnten folgende Fragen beantwortet werden:

- Handelt es sich um eine oder sind es mehrere (Unter-)Arten? Wenn letzteres zuträfe, wären die Ansprüche wahrscheinlich unterschiedlich (unterschiedliche Wirtsfische, Ansprüche an Habitat und Wasserqualität etc.). Die Schutz- und Fördermassnahmen müssten dies berücksichtigen (es handelte sich dann um verschiedene «conservation units»).
- Wie sind die Populationen in den Seen mit denen in den Bächen und Flüssen verwandt? Für Wiederbesiedlungsversuche ist dies eine zentrale Frage, damit der passende Genotyp gewählt wird.
- Wie verbreiten sich die Bachmuscheln? Wenn Populationen plötzlich auftauchen oder (wieder)entdeckt werden, ist es wichtig zu wissen, mit welchen anderen Beständen sie verwandt sind (Fischgängigkeit, Vernetzung).

Die Untersuchungen wurden von Prof. Dr. J. Geist und seiner Forschungsgruppe an der Technischen Universität München (TUM), die diese Problematik europaweit untersucht, durchgeführt.

Die Resultate sind im beigelegten Bericht der TUM im Detail dargestellt. Der Bericht wurde vom Lehrstuhl für Aquatische Systembiologie (Prof. Dr. Jürgen Geist) und vom Lehrstuhl für Zoologie (Prof. Dr. Ralph Kühn) verfasst.

Im vorliegenden Kurzbericht sind die Ergebnisse zusammengefasst, die Implikationen für den Artenschutz in der Schweiz beschrieben und es wird ein Massnahmenkatalog vorgestellt.

2 Methoden und Standorte

Am 24.07.2019 und am 25.07.2019 wurde von insgesamt 236 Uc aus zehn Gewässern Hämolymphe entnommen und die Muscheln am Fundort zurückgesetzt. Von zwei Gewässern, in denen Uc beinahe oder ganz erloschen ist, wurden der TUM Schalenproben von abgestorbenen Muscheln übergeben (Mostbach, Aabach). Aus diesen wurde versucht, DNA zu extrahieren. Die Suche im Doubs wurde im Herbst 2020 durchgeführt. Es konnten weder lebende Individuen noch leere Schalen für eine Analysen gefunden werden.

Tab. 1: Bekannte Bachmuschelpopulationen der Schweiz

Population/Gewässer	Kürzel	Gewässertyp	Pop.-Grösse	Anzahl untersuchte Tiere
Bodensee	CBO	See	<100?	KEINE (Bestand zu klein)
Alter Rhein, Diepoldsau	CDA	Teich-Habitat (Altarm)	< 100	25
Mühlbach	CMB	Entsumpfungskanal	ca. 3000	25
Gasenzenbach	CGZ	Bach	ca. 200–500	27
Walensee	CWR	See (Hang, Ruchegg)	ca. 100	18
Vierwaldstättersee, Horw	CHW	See	ca. 750	30
Suhre	CSE	Seeausfluss	ca. 150	12
Rhein bei Kaiserstuhl	CKS	Fluss	ca. 200	10
Rhein bei Tössegg	CTE	Fluss	einige 1000	30
Furtbach, Regensdorf	CFB	Graben	ca. 300	29
Seegraben, Wilchingen	CSG	Graben	ca. 100'000	30
Mostbach, Wetzikon	MOSTBACH	Graben	< 50	Leere Schalen
Aabach, Seengen	AABACH	Seeausfluss	Ausgestorben	Leere Schalen
Doubs	DOUBS	Fluss	Ausgestorben	KEINE (keine leere Schale)

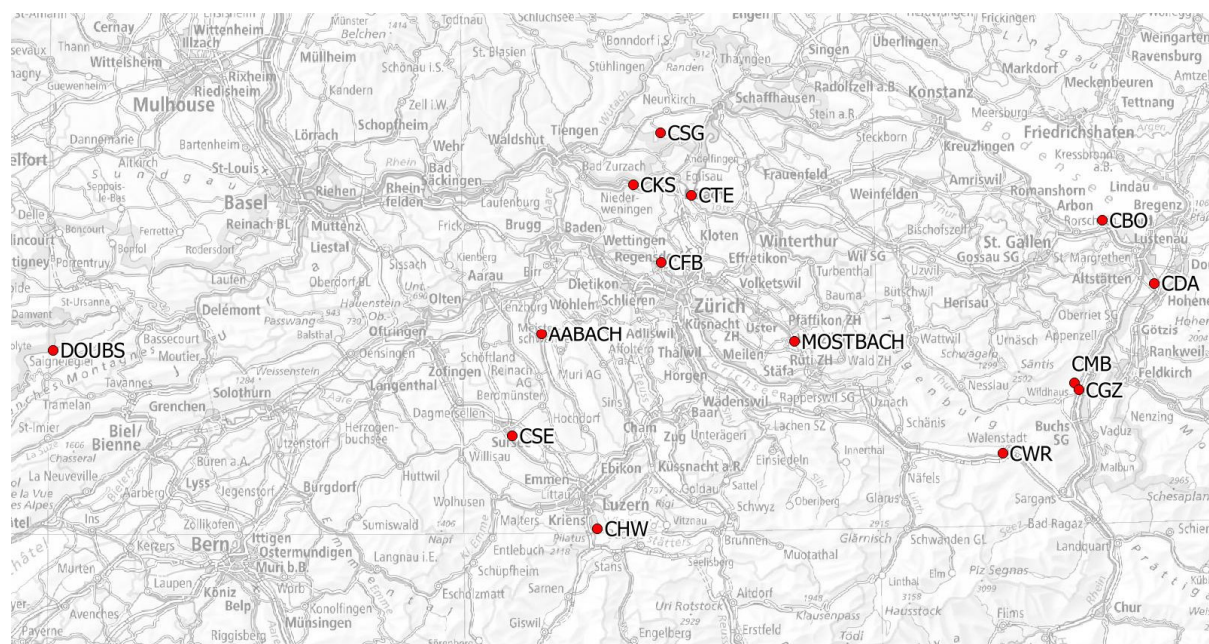


Abb. 1: Übersicht Standorte

3 Ergebnisse

Aus den Proben von den 236 lebenden Tieren konnte genug Material extrahiert und analysiert werden. Aus den leeren Schalen konnte noch keine befriedigende Ausbeute an DNA extrahiert werden. Vermutlich resultiert das aus der zum Teil langen Expositionsdauer im Wasser und/oder Lagerung. Die Analyse-Methoden werden aber ständig weiterentwickelt in der Hoffnung, diese Proben zukünftig doch noch analysieren zu können. In diesem Fall werden diese Informationen selbstverständlich aufbereitet und weitergegeben.

3.1 Begriffe der Populationsgenetik

Die genetische Struktur wird durch die Genotypen- bzw. Allelfrequenzen charakterisiert. Die Grundlage für die Einschätzung der Struktur bei natürlichen Populationen als auch die Auswirkungen von Ausbreitungsprozessen auf die genetische Struktur bilden populationsgenetische Parameter (z. B. H_O und H_E) und Indizes (z. B. F_{ST} -Wert).

Um die Lesbarkeit zu verbessern, werden hier einige wichtige Begriffe erläutert.

Allel: Als Allel wird die Ausprägung eines Gens (Gen im Sinne von Locus) bezeichnet.

Hetero- und Homozygot: Genotypen, welche an einem Locus zwei verschiedene Allele tragen, sind heterozygot. Demgegenüber werden reinerbige Genotypen als homozygot bezeichnet.

Die Heterozygotiegrade (H_O , H_E) zeigen die Ausprägung der Heterozygotie der Individuen einer Population. Es sind wichtige Parameter zur Quantifizierung der genetischen Variabilität von Populationen.

Der festgestellte Heterozygotiegrad (beobachteter Heterozygotiegrad: H_O) eines Individuums entspricht bei einem Multilocus-Genotyp dem Anteil der Genorte, an denen er heterozygot ist. Ein hoher H_O -Wert ist prinzipiell positiv zu werten, da dies eine hohe Variabilität anzeigt.

Der erwartete Heterozygotiegrad (H_E) ist der Heterozygotie-Erwartungswert bei einer theoretischen Idealpopulation (unendlich gross, Panmixie, keine Einflüsse durch Migration, natürliche Selektion, Mutation oder genetische Drift).

Die Anzahl polymorpher Allele / Allelenzahl (A) entspricht der mittleren Allelzahl pro Locus.

Die Allelic richness (A_R) ist ein von der Stichprobengrösse unabhängiges Mass der allelischen Variabilität und ermöglicht damit gute Vergleiche von Populationen unterschiedlicher Stichprobengrösse.

Inzuchtgrad (F_{IS}): Auch als «Inzuchtkoeffizient» im Text angesprochen. Er ist ein Mass für die Wahrscheinlichkeit, dass die untersuchten Uc von bereits genetisch nah verwandten Eltern stammen. Je höher die Zahl ist, desto mehr Inzucht hat es gegeben. Eine negative Zahl gibt Auskunft über Auszucht.

Privatallele (A_P): Privatallele sind Allele, die ausschliesslich in einer Population ($\geq 5\%$) vorkommen und somit die genetische Einzigartigkeit einer Population anzeigen können.

Multilocus-Genotypen (MLGs): bezieht sich auf die einzigartige Kombination der Allele an den Loci bei einem Individuum. Es kann sein, dass der MLG-Wert in einer Population geringer ist als die Anzahl der untersuchten Tiere. Dann haben manche Tiere in einer Population keine einzigartige Kombination der Allele.

Genetische Differenzierung (F_{ST}): Ein Mass für die genetische Differenzierung von Populationen, d. h. wie stark sich Populationen voneinander unterscheiden. Es gelten folgende Klassen:

Tab. 2: Klassifizierung der genetischen Differenzierung

F_{ST} -Wert	genetische Differenzierung
0,00 bis 0,05	geringe genetische Differenzierung
0,05 bis 0,15	moderate genetische Differenzierung
0,15 bis 0,25	grosse genetische Differenzierung
grösser 0,25	sehr hohe genetische Differenzierung

3.2 Ergebnisse der genetischen Analyse

3.2.1 Artbestimmung

Alle untersuchten Individuen gehören zur Art *Unio crassus*. Es gibt somit z. B. keine See-Unterart.

3.2.2 Genetische Diversität und Variabilität

Eine hohe genetische Diversität (höchste Heterozygotiewerte (H_0)) wurde für Bachmuscheln der Populationen in Kaiserstuhl (CKS) und Tössegg (CTE) sowie Gasenzenbach (CGZ), gefolgt von Mühlbach (CMB), gefunden. Die niedrigsten Heterozygotiewerte wurden im Seegraben (CSG) und in der Suhre (CSE) ermittelt.

Die Allelic Richness (A_R) variierte zwischen einem Minimalwert in der Tössegg (CTE) und im Seegraben (CSG) bis zu einem Maximalwert im Walensee (CWR) und Vierwaldstättersee (CHW).

Die höchsten Inzuchtkoeffizienten (F_{IS}) wurden im Seegraben (CSG) und in der Suhre (CSE) ermittelt. Negative Werte wurden im Mühlbach (CMB), Gasenzenbach (CGZ), Rhein bei Tössegg (CTE) und Furtbach (CFB) festgestellt. Diese vier Populationen befinden sich in einem genetisch sehr guten Erhaltungszustand.

Über alle schweizerischen Populationen wurden bei vier Populationen Privatallele (A_P) detektiert: Suhre (CSE), Seegraben (CSG), Rhein bei Tössegg (CTE) und Walensee (CWR).

3.2.3 Genetische Differenzierung

Die Analyse der Schweizer Bestände und deren Vergleich mit den europäischen Daten ergaben, dass alle süddeutschen Populationen zusammen mit der Seegraben-Population (CSG) einen Cluster bilden. Alle anderen schweizerischen Populationen bilden zusammen mit der Ischler Ache (Österreich) eine Einheit.

Innerhalb dieser Einheit bilden die Populationen Gasenzenbach (CGZ), Mühlbach (CMB) und Alter Rhein bei Diepoldsau (CDA) eine genetisch hochähnliche Gruppe. Auch bei den beiden Rhein-Populationen bei Kaiserstuhl (CKS) und Tössegg (CTE) ergab sich eine geringe genetische Differenzierung.

Die grössten genetischen Differenzierungen ergaben sich zwischen den Beständen von Seegraben (CSG) und Tössegg (CTE) sowie Kaiserstuhl (CKS) und zwischen den Populationen der Tössegg und dem Furtbach (CFB).

4 Diskussion

Alle untersuchten Tiere gehören zur Art *Unio crassus*. Das zeigt ganz deutlich die Anpassungsfähigkeit dieser Art an verschiedene Umweltparameter (Sauerstoff, Strömung etc.). Trotz dieser Anpassungsfähigkeit ist sie in der Schweiz vom Aussterben bedroht – unter anderem, weil der wohl wichtigste Habitatfaktor, die Wasserqualität (Dünger, Pestizide), ungenügend ist.

4.1 Genetische Diversität und Variabilität

Die höheren **Inzuchtkoeffizienten** der Population im Seegraben und in der Suhre ergeben sich wahrscheinlich aus stärkeren Bestandseinbrüchen in der Vergangenheit.

Im Seegraben wurde der Bestand zwischen 1997 und 1998 durch die Bismartrate von insgesamt ca. 25'500 (\pm 6'000) auf ca. 4'000–6'000 Individuen dezimiert (Vicentini 2014). Seit die Bismartrate bekämpft wird, konnte sich der Bestand erholen. Die letzte Bestandesschätzung von 2014 ergab zwischen 86'000 und 135'000 Individuen. Es ist der (bei Weitem) grösste Fließwasser-Bestand der Schweiz. Es ist daher anzunehmen, dass der höchste Inzuchtkoeffizient keine Auswirkung auf der Fitness der Population hat. Weitere Bestandeseinbrüche, die den höheren Inzuchtkoeffizient erklären könnten, sind nicht bekannt (wie z. B. Wasserverschmutzungen oder Austrocknen).

Der Bestand in der Suhre ist nach einer Periode des Niedergangs bis 2003 fast erloschen. Bei einer Bestandesaufnahme im 2003 konnten nur einige sehr alte Tiere gefunden werden (Vicentini 2009). Nachdem die Wasserqualität des Sempachersees verbessert wurde (Seebelüftung, Phosphatkonzentration gesenkt), wurde eine Erholung des Bestandes festgestellt. Im 2015 wurde eine weitere Bestandesaufnahme durchgeführt (Carlevaro & Vicentini 2015), die bestätigt hat, dass die Fortpflanzung wieder funktioniert. Es ist aber weiterhin ein sehr kleiner Bestand (einige Hundert Individuen). Eine Suche nach *Uc* im Sempachersee im 2016 (Carlevaro et al. 2016) ergab mit nur einer gefundenen *Uc* sehr bescheidene Resultate. Eine Ausbreitung des Bestandes der Suhre in den Sempachersee ist aber weiterhin möglich.

Die negativen Inzuchtkoeffizienten der Populationen im Mühlbach (CMB), Gasenzenbach (CGZ), Rhein bei Tössegg (CTE) und Furtbach (CFB) weisen auf Auszucht hin und deuten darauf hin, dass sie sich in einem genetisch sehr guten Erhaltungszustand befinden.

Populationen mit **Privatallelen** (A_P) sind: Seegraben (CSG) mit 3 Privatallelen, Walensee (CWR) mit 2 Privatallelen sowie Rhein bei Tössegg (CTE) und Suhre (CSE) mit jeweils 1 Privatallel.

4.2 Genetische Differenzierung

Die Analyse der **genetischen Differenzierung** hat ergeben, dass die drei Populationen im Gasenzenbach, Mühlbach und Alten Rhein bei Diepoldsau eine Einheit bilden. Dies ergibt sich wahrscheinlich aus ihrer geographischen Lage. Alle drei Bestände befinden sich oberhalb des Bodensees, d. h. sind von allen anderen Beständen etwas isoliert.

Uc galt im Rhein als weitgehend verschollen. Man wurde auf *Uc* auf der Schweizer Seite im 2015 aufmerksam, als ein Fischer bei Kaiserstuhl AG auf mehrere Muscheln stiess und diese von Heinrich Vicentini bestimmen liess. Es handelt sich um einen kleinen Bestand. Im 2018 wurde ein weiterer Bestand bei der Tössegg wiederentdeckt. Es handelt sich hier um einen grösseren und vitalen Bestand mit grösseren Dichten, der sich von der Einmündung der Töss

bis nach Flaach erstreckt. Auch auf der gegenüberliegenden Rhein-Seite wurden einige Uc gefunden.

Die genetischen Analysen haben nun ergeben, dass die zwei Rhein-Bestände untereinander sehr ähnlich sind und dass sie nicht vom Seegraben stammen. Das heisst, dass es sich hier eher um Restbestände einer einzigen Population handelt, die unentdeckt blieben. In den letzten Jahren haben sie günstigere Bedingungen gefunden und konnten sich wieder ausbreiten. Welches die ausschlaggebenden Faktoren für diese Zunahme sind (Wasserqualität, Wirtsfische etc.), ist unbekannt. Weitere Restpopulationen sind bei der Mündung der Wutach auf deutscher Seite beobachtet worden (pers. Mitt. Michael Pfeiffer). Vermutlich stehen auch diese Rheinpopulationen denjenigen weiter flussaufwärts genetisch näher als der Seegraben-Population.

Auffallend ist ebenfalls die Tatsache, dass die zwei See-Populationen (Walensee und Vierwaldstättersee) eng miteinander verwandt sind und sich teilweise genetisch von fast allen übrigen Fliessgewässer-Populationen unterscheiden. Ob das allerdings dem See-Habitat zuzuschreiben ist oder z. B. an der Kolonisierungsgeschichte liegt, kann man nicht ermitteln.

5 Massnahmen

5.1 Schutzstatus

Gemäss den Ergebnissen der genetischen Analysen und den vor Ort herrschenden Umweltfaktoren verfügen alle zehn untersuchten Bestände über gute Überlebenschancen und tragen zur genetischen Vielfalt in der Schweiz bei. Alle Bestände haben daher höchste Schutzpriorität. **Der Schutz dieser Bestände ist dem der eventuell durch Wiederbesiedlungsmassnahmen neu entstandenen Bestände übergeordnet.**

Aufgrund der genetischen Diversität sind die Bestände bei Kaiserstuhl, Tössegg, Furtbach sowie im Gasenzenbach und Mühlbach besonders schützenswert.

Für die Schweiz sind auch die Bestände mit Privatallelen (Seegraben, Rhein bei Tössegg, Suhre und Walensee) besonders schützenswert.

Die wenigen Muschelschalen vom Mostbach und Aabach konnten (noch) nicht in die Analyse einbezogen werden.

5.2 Management-Einheiten

Aufgrund der genetischen Differenzierung zu allen anderen Beständen ist die Population im Seegraben innerhalb der Schweiz als eigene Management-Einheit zu betrachten.

Wegen ihrer genetischen Ähnlichkeit stellen auch die Populationen im Gasenzenbach, im Mühlbach und im Alten Rhein bei Diepoldsau eine eigene Gruppe dar.

Aufgrund der deutlichen genetischen Distanz zu den meisten Fliessgewässer-Populationen, sollten die See-Populationen als eine eigene Management-Einheit betrachtet werden.

5.3 Bestandeskontrollen

Bekannte Bestände sollen in ein Monitoringprogramm aufgenommen werden, in dem ihre Verbreitung und ggf. die Bestandesgrösse und Vitalität (Bestandesstruktur) regelmässig kontrolliert werden (alle 5 bis 10 Jahre).

Darüber hinaus sollen nach und nach Wissenslücken gefüllt werden in dem Gewässer kontrolliert werden, wo eine spontane Wiederbesiedlung oder eine Ausbreitung potentiell stattfinden kann: z. B: Gewässer mit erloschenen Beständen, wo die Wasserqualität sich deutlich verbessert hat oder wo die Fischgängigkeit wiederhergestellt worden ist. Im Rhein könnte zum Beispiel eine koordinierte Suche an geeigneten D- und CH-Uferabschnitten ein besseres Bild der Verbreitung von Uc geben (dies wäre z.B. im Abschnitt bei Rheinau nützlich). Daraus soll ein wirkungsvoller Artenschutz resultieren.

5.4 Massnahmen für Wiederbesiedlungs- und Zuchtprogramme

Wiederbesiedlungen können folgendermassen erfolgen:

- *Natürliche Wiederbesiedlungen*: durch Verbesserung der Wasserqualität und Vernetzung für Wirtsfische können Bestände neue Gewässer besiedeln. Restpopulationen (wie im Rhein) können sich bei verbesserten Bedingungen ebenfalls wieder ausbreiten.
- *Aussetzen einer Startpopulation*: Aussetzen von mehreren Dutzend Adult-Tieren in einem Gewässer. Problematisch ist hier die Tatsache, dass die meisten Uc-Bestände sehr klein sind (einige Hundert Individuen) und durch die Entnahme von mehreren Dutzend Individuen geschwächt werden können. Darüber hinaus kann man nicht im Voraus mit Sicherheit sagen, ob eine Startpopulation überleben wird bzw. ob die Fortpflanzung im neuen Gewässer funktioniert, da nicht alle Parameter, die zum Erfolg führen, untersucht und bekannt sind (Sediment, Wasserqualität, Wirtsfische etc.). Der Besatz mit gezüchteten Muscheln ist deshalb weniger problematisch.
- *Besatz von infizierten Fischen*: Es ist eine sehr schonende Methode für die Bestände, aus denen man die Weibchen nur wenige Wochen/Tage entnimmt und dann wieder aussetzt. Die Erfolgchancen beim Besatz mit Wirtsfischen sind aber ebenfalls bescheiden, da das Jungmuschel-Wachstum von einer Vielzahl von Faktoren anhängt, die noch nicht genau bekannt sind (siehe oben). Erfolgskontrollen können erst einige Jahre später über den Erfolg Bescheid geben. Zudem können die eingesetzten Fische in ungeeignete Gewässer abwandern, bevor die Jungmuscheln abgefallen sind. Es müssten Methoden angewandt werden, um das Abwandern der Fische zu verhindern (Käfige z. B.).
- *Aufzucht von Jungmuscheln*: Auch hier werden die Weibchen nur einige Wochen für die Wirtsfisch-Infizierung entnommen. Der Aufwand für die Zucht ist jedoch beträchtlich, vor allem die Startinvestitionen (Material) und der Aufwand für die Aufzucht. Wie jede Zucht, ist diese auch mit Risiken behaftet (Totalausfälle), aber die Freisetzung von 1-Jährigen Muscheln kann ihre Überlebenschancen in der Natur erhöhen. Wie oben erklärt, ist auch hier ungewiss, ob im neuen Lebensraum alle Bedingungen für die Fortpflanzung gegeben sind.

5.5 Grundsätze für Wiederbesiedlungsprogramme

Für die Wiederbesiedlungen ist zentral, die Zielgewässer sorgfältig auszuwählen und insbesondere auf das Vorhandensein von Wirtsfischen und auf die Wasserqualität (extensive Nutzungen im Einzugsgebiet, keine Einleitungen) zu achten.

Bei Nachzuchtprogrammen soll zudem die genetische Identität einer Population erhalten bleiben: Hier die wichtigsten Regeln:

- Für die Unterstützung einer bestehenden Population sollten Individuen aus derselben Population für Zuchtprogramme oder Besatz mit infizierten Fischen benutzt werden.

- Für Wiederbesiedlungsprogramme sollten Tiere aus benachbarten Einzugsgebieten verwendet werden (siehe unten).
- Wenn die Bestände zu klein sind oder wenn das Risiko, trüchtige Weibchen für die Zucht während der Fortpflanzungszeit zu «entbehren», zu gross ist, können auch Hybridisierungen stattfinden (siehe unten).
- Muscheln aus Seen (Walen-, Vierwaldstättersee) sind aus genetischer Sicht nicht geeignet für die Ansiedlung in Fliessgewässern (grosse genetische Distanz zwischen Fliessgewässer- und See-Populationen). Die Hybridisierung zwischen Fliessgewässer- und See-Populationen soll vermieden werden. In Perioden, als die Bachmuscheln noch weit verbreitet waren, gab es natürlicherweise diese Hybridisierung.

Für die Auswahl der Muttertiere ist folgendes zu beachten:

- Ähnlichkeit (geringe F_{ST} -Werte): Es sollten Tiere aus Beständen mit geringen F_{ST} -Werten ausgewählt werden. Für die Wiederbesiedlung in den Seen (Vierwaldstättersee und Walensee) ist es beispielsweise auf jeden Fall ratsam, nur See-Populationen zur Zucht zu verwenden, wenn die nachgezüchteten, juvenilen Tiere in einem anderen See angesiedelt werden sollen.
- Zugehörigkeit zu einem Cluster (keine Mischung von Clustern): die Tiere aus dem Rheintal (Gasenzenbach, Mühlbach und Alter Rhein) z. B. sind sehr nahe verwandt und können somit untereinander zur Nachzucht verwendet werden. Die Tiere vom Seegraben bilden eine eigene Einheit und können daher nur für Wiederbesiedlungen im Wutach-Einzugsgebiet verwendet werden.

5.6 Koordinationsmassnahmen und Konzept

Zurzeit werden in den Kantonen AG, BE, SG und ZH Zuchtprogramme durchgeführt.

Für eine bessere Koordination (Informationsaustausch, reibungslose Anfragen bzgl. Nutzung von Muttertieren) der Kantone müsste eine **Koordinationsstelle** aufgebaut werden. Diese Funktion kann von einem der kantonalen Ämter übernommen werden oder aber vom BAFU. Die Koordinationsstelle ist zuständig für die Sammlung folgender Informationen:

- Dokumentation über die Wiederbesiedlungsstrategien in den jeweiligen Kantonen: Umsiedlung, Fischbesatz, Zucht
- Dokumentation über die Herkunft bzw. Umsiedlung von Muttertieren
- Genetische Datenbank (Zusammenarbeit mit SwissBOL (<http://www.swissbol.ch/>))

Die zentralisierte Sammlung der Daten, z. B. bei info Fauna, ermöglicht allen Kantonen, schnell und unkompliziert auf die Daten zuzugreifen.

Darüber hinaus kann die Koordinationsstelle unterstützende Funktionen bei der Aufstellung von Monitorings- oder Zuchtprogrammen übernehmen. Dabei sollen alle involvierten Kantone oder die Kantone, die Zucht oder Wiederbesiedlungen planen, von den Erfahrungen der Anderen profitieren (Wer macht was, Know-how-Transfer, Unterstützung).

Ferner ist es notwendig, ein generelles **Konzept** für die Erhaltung, Nachzucht und Erfolgskontrolle in der Schweiz zu entwickeln. Dabei sollen Elterntiere individuell markiert und charakterisiert und die genetische Konstitution der nachgezüchteten/ausgewilderten Jungmuscheln überprüft werden. Das ist ein wichtiger Bestandteil der Erfolgskontrolle.

6 Ausblick und Fazit

Diese Ergebnisse bilden die Grundlage für künftige Zucht- und Wiederbesiedlungsprogramme in der Schweiz.

Die Analysen haben ergeben, dass in der Schweiz nur eine Art vorkommt, es aber zwei «conservation units» (Seegraben, Rheintal) gibt und dass sich die See-Populationen von den Fluss-Populationen deutlich unterscheiden.

Aus den Ergebnissen kann man auch entnehmen, dass die Rhein-Populationen sich von den Uc des Seegrabens deutlich unterscheiden. Das deutet darauf hin, dass die Vernetzung zwischen Rhein und Seegraben nicht gegeben ist, und dass es sich wohl um neu entdeckte Restbestände handelt, die heute wieder vital sind. Ob die Vernetzung zwischen den zwei Populationen im Rhein gegeben ist (Kraftwerk), bleibt unklar. Eine weitere (natürliche) Barriere bildet der Bodensee, der die Bestände im Alpen-Rheintal von allen anderen isoliert.

Ferner sind wichtige Informationen über die genetische Konstitution und Diversität gesammelt worden, die in die jeweiligen Artenschutz- und Förderprogramme einfließen müssen.

Dabei soll aber weiterhin in die Erhaltung und Verbesserung der Habitate, insbesondere die Wasserqualität und die Bedingungen für die Wirtsfische (Habitat-Qualität, Vernetzung) investiert werden. Die Bestände sollen sich mittelfristig auch ohne Fremdeinwirkung entwickeln. Unter günstigen Lebensraumbedingungen können die Wiederbesiedlungen als «Startpopulation» für die natürliche Ausbreitung in grösseren Einzugsgebieten dienen.

Die Bekämpfung der Bisamratten, zumindest in den Bachmuschel-Gewässern, wird eine Daueraufgabe sein, die man nicht der Natur überlassen kann.

Anhänge

Anhang 1: Geist, J., Stoeckle, B., Bayerl, H. & Kühn, R. (2020): Genetische Charakterisierung von Bachmuschel-Populationen (*Unio crassus*) aus der Schweiz. Forschungsbericht, S. 1–18.

Anhang 2: Q&A Kantone

Literatur

BAFU (2011): Liste der Nationalen Prioritären Arten. Arten mit nationaler Priorität für die Erhaltung und Förderung, Stand 2010. Bundesamt für Umwelt, Bern. Umwelt-Vollzug-Nr. 1103.

Carlevaro, A., Stucki, P., Vicentini, H. (2016): Bestandeskontrolle Bachmuscheln (*Unio crassus*) im Sempachersee. Im Auftrag des lawa, Kanton Luzern. Unveröffentlicht.

Carlevaro, A., Vicentini, H. (2015): Bestandesschätzung Bachmuscheln (*Unio crassus*) in der Suhre in Oberkirch. Im Auftrag des lawa, Kanton Luzern. Unveröffentlicht.

Feind, S., Geist, J., Kuehn, R. (2018): Glacial perturbations shaped the genetic population structure of the endangered thick-shelled river mussel (*Unio crassus*, Philipsson 1788) in Central and Northern Europe. *Hydrobiologia*, 810: 177–189.

Geist, J., Kuehn, R. (2005): Genetic diversity and differentiation of central European freshwater pearl mussel (*Margaritifera margaritifera* L.) populations: implications for conservation and management. *Molecular Ecology* 14: 425–439.

Henle, C. (2015): Wie gross ist die genetische Vielfalt bei den Aargauer Steinkrebsen? UMWELT AARGAU Nr. 69.

Rüetschi, J., Stucki, P., Müller, P., Vicentini, H., Claude, F. (2012): Rote Liste Weichtiere (Schnecken und Muscheln). Gefährdete Arten der Schweiz, Stand 2010. Bundesamt für Umwelt, Bern und Schweizer Zentrum für die Kartografie der Fauna, Neuenburg. Umwelt-Vollzug Nr. 1216.

Vicentini, H. (2009): Artenschutzprogramm Bachmuschel (*Unio crassus*) für den Kanton Luzern. Im Auftrag des uwe, Kanton Luzern.

Vicentini, H. (2014): Bachmuscheln (*Unio crassus*) im Seegraben. Bestandesaufnahme 2014. Unveröffentlicht.

Vonlanthen, P., Hefti, D. (2016): Genetik und Fischerei. Zusammenfassung der genetischen Studien und Empfehlungen für die Bewirtschaftung. Bundesamt für Umwelt, Bern. Umwelt-Wissen Nr. 1637.

Wright, S. (1978): Evolution and the Genetics of Populations. University of Chicago Press.