

# **Besatzerfolgskontrolle der 0<sup>+</sup> und 1<sup>+</sup> Forellen in Zürichsee-Zuflüssen und genetische Untersuchungen der Seeforellen im Gewässersystem Zürichsee, Linthkanal, Walensee und Glarner Linth**

**Bericht 2021**



## Impressum

### Auftraggeber

Kanton Zürich  
Baudirektion  
Amt für Landschaft und Natur  
Fischerei- und Jagdverwaltung  
Eschikon 28, 8315 Lindau

### Auftragnehmer

ZHAW Zürcher Hochschule für Angewandte Wissenschaften  
Department Life Sciences und Facility Management  
Institut für Umwelt und Natürliche Ressourcen  
Forschungsgruppe Umweltgenomik und Systembiologie  
Einsiedlerstrasse 31, 8820 Wädenswil

### Autoren

Nicola Rhyner, nicola.rhyner@zhaw.ch; Marilena Palmisano, marilena.palmisano@zhaw.ch

### Zitiervorschlag

Rhyner, N., & Palmisano, M. (2021). Besitzerfolgskontrolle der 0<sup>+</sup> und 1<sup>+</sup> Forellen in Zürichsee-Zuflüssen und genetische Untersuchungen der Seeforellen im Gewässersystem Zürichsee, Linthkanal, Walensee und Glarner Linth. ZHAW Zürcher Fachhochschule für Angewandte Wissenschaften.

### Titelbild

Forelle des Muttertierstamms in der kantonalen Fischzuchtanlage Stäfa © N. Rhyner

### Danksagung:

Unser Dank gilt dem Personal der Fischereiverwaltung des Kantons Zürich für die Unterstützung der vorgängigen Masterarbeit und der darauffolgenden Auftragsvergabe, sowie den Fischereifachstellen der Kantone St. Gallen und Glarus für die Unterstützung und die Proben. Wir bedanken uns beim kantonalen Fischereiaufseher Arno Filli und seinem Team, sowie den Pächtern vom Hornbach/Werenbach, Beugenbach und Meilibach, für Ihre breitwillige Unterstützung im Feld. Des Weiteren bedanken wir uns bei der Gruppe Flussfischökologie des eidgenössischen Wasserforschungsinstituts Eawag, besonders bei Dr. Jakob Brodersen und Dr. Oliver Selz, für die Verwendung derer Primer und Laborprotokolle und für den Erhalt von Proben aus dem Zürichsee.

---

## Zusammenfassung

Die Seeforelle als süsswasserwandernde Form der Atlantischen Forelle (*Salmo trutta*) wird gemäss roter Liste der gefährdeten Arten in der Schweiz als stark gefährdet (EN/2) eingestuft, was hauptsächlich durch Habitatdefizite und Wanderhindernisse verursacht wird. Im Zürichsee sind ihre jährlichen Laichwanderungen in die Zuflüsse durch diese Defizite stark beeinträchtigt und daher wird die Seeforelle von der Fischerei- und Jagdverwaltung des Kantons Zürich (FJV) mit gezielten Besatzmassnahmen gefördert. Der Fokus liegt heutzutage auf Brüttingsbesatz in den Zuflüssen. Der grösste Teil dieser Brütlinge entstammt einer Bewirtschaftung mit Muttertieren und wird, wenn immer möglich, mit Besatzmaterial von Wildfischen aus dem Laichfischfang ergänzt.

Die FJV wollte im Rahmen ihres Monitorings erstmals den Erfolg dieses Brüttingsbesatzes über zwei Jahresklassen überprüfen. Deshalb wurde im ersten Jahr der Anteil dieser Muttertierstamm-Besatzfische in der Sömmerlings-Altersklasse (0<sup>+</sup>) in drei Zuflüssen genetisch bestimmt und im Jahr darauf das Gleiche in sieben Zuflüssen für die Jährlings-Altersklasse (1<sup>+</sup>) wiederholt. Dabei wurden in der 0<sup>+</sup> Altersklasse durchschnittlich die Hälfte der untersuchten Individuen als Besatzfische identifiziert, während es bei der 1<sup>+</sup> Altersklasse im darauffolgenden Jahr noch ungefähr 38 Prozent waren.

Die genetische Vielfalt des Muttertierstamms war tiefer als in allen untersuchten «Wildpopulationen» in den Zürichsee-Zuflüssen. Obwohl mit diesem Monitoring keine abschliessenden Aussagen über additive Effekte des Brüttingsbesatzes auf die adulten Forellen in diesen Zuflüssen getroffen werden können, ist der Erhalt der genetischen Vielfalt, gerade bei Bewirtschaftung mit einem Muttertierstamm, von grosser Bedeutung. Ein Ausdünnen dieser genetischen Vielfalt schwächt eine Population durch verminderte Anpassungsfähigkeit auf zukünftige Veränderungen, was dem Ziel von Besatzmassnahmen nicht gerecht wird.

Weiter wurden die Proben aus den Zürichsee-Zuflüssen mit Seeforellen aus dem Zürichsee-Linthkanal-Walensee-Glarus System auf genetische Strukturen im Gewässersystem analysiert. Dabei konnte Genfluss im System nachgewiesen werden und es waren keine klaren Auftrennungen zwischen Walensee, Linth und Linthkanal zu beobachten. Es wurden in dieser Studie rund ein Fünftel bis ca. die Hälfte der Zürichsee-Seeforellen diesen Genotypen zugeordnet, wo sie folglich ausserhalb der Laichperiode sympatrisch mit Individuen aus den Zuflüssen des Zürichsees vorkommen. Die Zürichsee-Zuflüsse liessen sich differenzieren und wiesen untereinander schwache bis mittlere genetische Unterschiede auf.

---

## Inhaltsverzeichnis

<b>1</b>	<b>Einleitung</b> .....	<b>1</b>
1.1	Hintergrund .....	1
1.2	Auftrag und Fragestellung .....	2
<b>2</b>	<b>Methoden</b> .....	<b>4</b>
2.1	Vorgehen für die Besitzerfolgskontrollen .....	4
2.1.1	Vorgehen 0 <sup>+</sup> Besitzerfolg, Winter 2018/2019 .....	5
2.1.2	Vorgehen 1 <sup>+</sup> Besitzerfolg, Winter 2019/2020 .....	6
2.2	Vorgehen für die Analysen von Seeforellen im gesamten Gewässersystem.....	7
2.3	Labor und Datenanalyse.....	8
2.3.1	Laborprotokoll .....	8
2.3.2	Datenauswertung .....	9
<b>3</b>	<b>Ergebnisse und Diskussion</b> .....	<b>11</b>
3.1	Basisanalysen .....	12
3.2	Besitzerfolg 0 <sup>+</sup> Altersklasse .....	13
3.3	Besitzerfolg 1 <sup>+</sup> Altersklasse .....	16
3.4	Genetische Strukturen im gesamten Gewässersystem .....	17
<b>4</b>	<b>Schlussfolgerungen</b> .....	<b>20</b>
4.1	Besitzerfolg.....	21
4.2	Fischbesatz und Erhalt der genetischen Vielfalt .....	22
4.3	Verwandtschaftsbeziehungen im gesamten Gewässersystem.....	23
<b>5</b>	<b>Literaturverzeichnis</b> .....	<b>24</b>

---

# 1 Einleitung

## 1.1 Hintergrund

Fischpopulationen werden in der Schweiz oftmals durch Besatzmassnahmen in unterschiedlichen Formen und Strategien bewirtschaftet. Der sogenannte Kompensationsbesatz spielt dabei eine zentrale Rolle. Dieser kompensiert die negativen Auswirkungen von Lebensraumdefiziten auf die natürliche Reproduktion von Fischbeständen. Als süsswasserwandernder Ökotyp der Atlantischen Forelle ist die Seeforelle in der Schweiz stark gefährdet (Kirchhofer et al., 2007) und ist im Zürichsee durch viele Lebensraumdefizite beeinträchtigt. Sie wird daher durch die Fischerei- und Jagdverwaltung des Kantons Zürich (FJV) mit Besatzmassnahmen gezielt gefördert (Hertig, 2018).

Die Seeforelle lebt im Freiwasser des Zürichsees, wo sie zu beachtlicher Grösse heranwachsen kann und eine fischereilich attraktive Fischart darstellt. Zwischen November und Januar steigt sie als migrierender Fisch für die Reproduktion vom See in die Zuflüsse ein. Ähnlich wie der Lachs steuert die Seeforelle für ihre Laichwanderungen wieder ihr Geburtsgewässer an, wo sie zusammen mit den residenten Bachforellen auf kiesigem Substrat laicht. Es handelt sich bei Seeforellen und Bachforellen jedoch nicht um verschiedene Arten, sondern um verschiedene Lebensformen innerhalb der gleichen Forellenpopulation (Dodson et al., 2013; Jonsson & Jonsson, 2011). Alle Jungfische verbringen ihre erste Lebenszeit im Fliessgewässer (Klemetsen et al., 2003; Kottelat & Freyhof, 2007), bevor ein Teil von ihnen im Frühjahr als sogenannte Smolts in den See abwandert. Dies tritt in den Zürichsee-Zuflüssen mit einem Alter von ca. einem bis drei Jahren ein, bevor sie dann innerhalb weniger Jahre im See zu geschlechtsreifen Seeforellen heranwachsen (Hertig, 2018).

Die Lebensraumproblematik in den Zuflüssen des Zürichsees manifestiert sich in mehreren Bereichen dieses speziellen Lebenszyklus und ein Grossteil dieser Beeinträchtigungen ist direkt auf anthropogene Eingriffe zurückzuführen. So verursachen bauliche Massnahmen und Begradigungen zu Zwecken des Hochwasserschutzes und Landgewinns vielerorts eine Beeinträchtigung der Gewässerdurchgängigkeit. Ein Einstieg in die Zuflüsse ist, wenn überhaupt, oftmals nur bei erhöhten Abflussmengen möglich (Hertig, 2018).

Rückhaltebecken und Geschiebesammler können ein Geschiebedefizit verursachen, was die Verfügbarkeit von geeignetem, kiesigem Laichsubstrat stark vermindert. Aber auch nach erfolgter natürlicher Reproduktion sind die geschlüpften Jungforellen auf Habitats mit Rückzugs- und Versteckmöglichkeiten angewiesen. Der ökomorphologische Zustand vieler Zuflüsse ist durch Begradigungen und Verbauungen jedoch oft beeinträchtigt. Fehlender Uferbewuchs und

verminderter Schattenwurf reduzieren wichtige Jungfischhabitats und können die Wassertemperaturen in der warmen Jahreszeit überdurchschnittlich ansteigen lassen.

Die FJV hat die Bewirtschaftungsstrategie der Seeforelle innerhalb der letzten 20 Jahre mehrmals geändert und verfolgt aktuell zwei Ansätze. Einerseits werden jedes Jahr Laichfischfänge durchgeführt und die Laichtiere in der kantonalen Fischzuchtanlage in Stäfa gestreift. Im Frühjahr werden die geschlüpften Brütlinge vor der ersten Futteraufnahme zur Sicherstellung der genetischen Integrität wieder in den Zufluss eingesetzt, wo die Laichtiere entnommen wurden. Zusätzlich wird ein Muttertierstamm gehalten, mit dessen Brut primär Bäche mit nicht funktionierendem Aufstieg besetzt werden und meistens nur die Abwanderung in den See möglich ist. Das Besatzmaterial aus den Laichfischfängen (hauptsächlich im Hornbach/Werenbach in der Stadt Zürich) wird jedoch auch mit Brütlingen aus dem Muttertierstamm ergänzt. Dieser Muttertierstamm in der kantonalen Fischzuchtanlage Stäfa entspricht dabei der F1-Generation aus Seeforellen, die aus Laichfischfängen im Hornbach und dem Küssnachter Dorfbach entstammen. Diese Muttertiere werden jährlich abgestreift und deren Brut ebenfalls jeweils im Frühjahr eingesetzt. Es werden innerhalb der Muttertierstammes aber keine Rückkreuzungen mit Nachkommen der Elterntiere durchgeführt.

Die FJV will mit diesen Besatzmassnahmen in den Zuflüssen die Jungfischdichten erhöhen und somit einen Emigrationsdruck in den See induzieren. Eine erhöhte Anzahl aufsteigender Laichtiere konnte jedoch bis im Jahr 2018 nicht festgestellt werden (Hertig, 2018).

## 1.2 Auftrag und Fragestellung

Die FJV hält im Seeforellenmanagementkonzept 2018-2026 fest, dass der Besatz mit Forellenbrütlingen mit geeigneten Monitorings zu überprüfen ist (Hertig, 2018). Da die Mortalität von Besatzbrütlingen im ersten Sommer nach dem Einsetzen am höchsten eingeschätzt wird, sollte in einer ersten Phase das Überleben dieser Besatzbrütlinge über den ersten Sommer untersucht werden.

Diese Untersuchungen wurden im Rahmen einer Masterarbeit an der ZHAW durchgeführt, in welcher in drei Zuflüssen der Anteil der Besatzfische in der 0<sup>+</sup>-Altersklasse bestimmt werden sollte (Rhyner, 2019). Nebst dieser Fragestellung wurde während der Kontrollbefischungen (zur Abschätzung der Anzahl aufsteigender Seeforellen) im gleichen Jahr aus mehreren Zuflüssen subadulte/adulte Bachforellen und aufsteigende Seeforellen genetisch untersucht, um einen Einblick in die genetischen Strukturen zwischen den Zürichsee-Zuflüssen zu erhalten und um die genetische Vielfalt dieser Zuflüsse zu bestimmen.

Aufbauend auf den Resultaten von Rhyner (2019), wurde das Projekt im darauffolgenden Jahr

weitergeführt und das Augenmerk diesmal auf die 1<sup>+</sup> Altersklasse gelegt, um den Anteil der Besatzfische eineinhalb Jahre nach dem Einsetzen zu untersuchen. Die Besatzerfolgskontrolle wurde hier auf die Zuflüsse im Zürichsee erweitert, in welchen während der Masterarbeit nur subadulte und adulte Bachforellen untersucht wurden. Nebst diesen Besatzerfolgskontrollen in den Zürichsee-Zuflüssen wurden uns von den Fischereibehörden des Kantons Glarus und St. Gallen sowie der Eawag zusätzliche Seeforellen-Proben von verschiedenen Standorten im Zürichsee-Linthkanal-Walensee-Glarus System zugestellt, um einen Einblick in die genetischen Strukturen dieses Systems zu erhalten.

Daraus liessen sich zwei übergeordnete Teilbereiche mit folgenden Fragestellungen definieren:

- Besatzerfolgskontrollen der 0<sup>+</sup> und 1<sup>+</sup> Forellen in Zürichsee-Zuflüssen
  - Zu welchem proportionalen Anteil lassen sich die Besatzfische aus dem Muttertierstamm innerhalb der Gesamtsömmerlingszahl (0<sup>+</sup> Fische) ein halbes Jahr nach Besatz nachweisen?
  - Zu welchem proportionalen Anteil lassen sich die Besatzfische aus dem Muttertierstamm innerhalb der Gesamtjährlingszahl (1<sup>+</sup> Fische) eineinhalb Jahre nach Besatz nachweisen?
  - Wie gross ist die genetische Diversität der Forellen in den Zuflüssen um den Zürichsee im Vergleich zum Muttertierstamm?
  
- Genetische Strukturen im Gewässersystem Zürichsee, Linthkanal, Walensee und Glarner Linth
  - Welche genetischen Strukturen sind zwischen den Seeforellen im Zürichsee, Linthkanal, Walensee und der Glarner Linth bzw. dem Rütelibach zu finden?



## 2 Methoden

### 2.1 Vorgehen für die Besatzerfolgskontrollen

Für die Besatzerfolgskontrollen wurden die acht Zürichsee-Zuflüsse Hornbach/Werenbach (Hb), Dorfbach Küsnacht (DK), Dorfbach Erlenbach (DE), Dorfbach Meilen (DM), Beugenbach (Bb), Feldbach Hombrechtikon (FH), Meilibach (Mb), Aabach Horgen (AH) und der Muttertierstamm (MTS) in der kantonalen Fischzuchtanlage Stäfa berücksichtigt (Abbildung 1). Für die Besatzerfolgskontrollen wurden im ersten Projektjahr 0<sup>+</sup> Fische aus dem Hornbach, Beugenbach und Meilibach untersucht und aus Hb, DK, DE, DM, Bb, FH, Mb zusätzlich subadulte/adulte Bachforellen in die Analyse miteinbezogen. Im zweiten Projektjahr wurde die Erfolgskontrolle innerhalb der 1<sup>+</sup> Fische, abgesehen vom Beugenbach, auf alle in der Abbildung 1 ersichtlichen Zuflüsse erweitert.

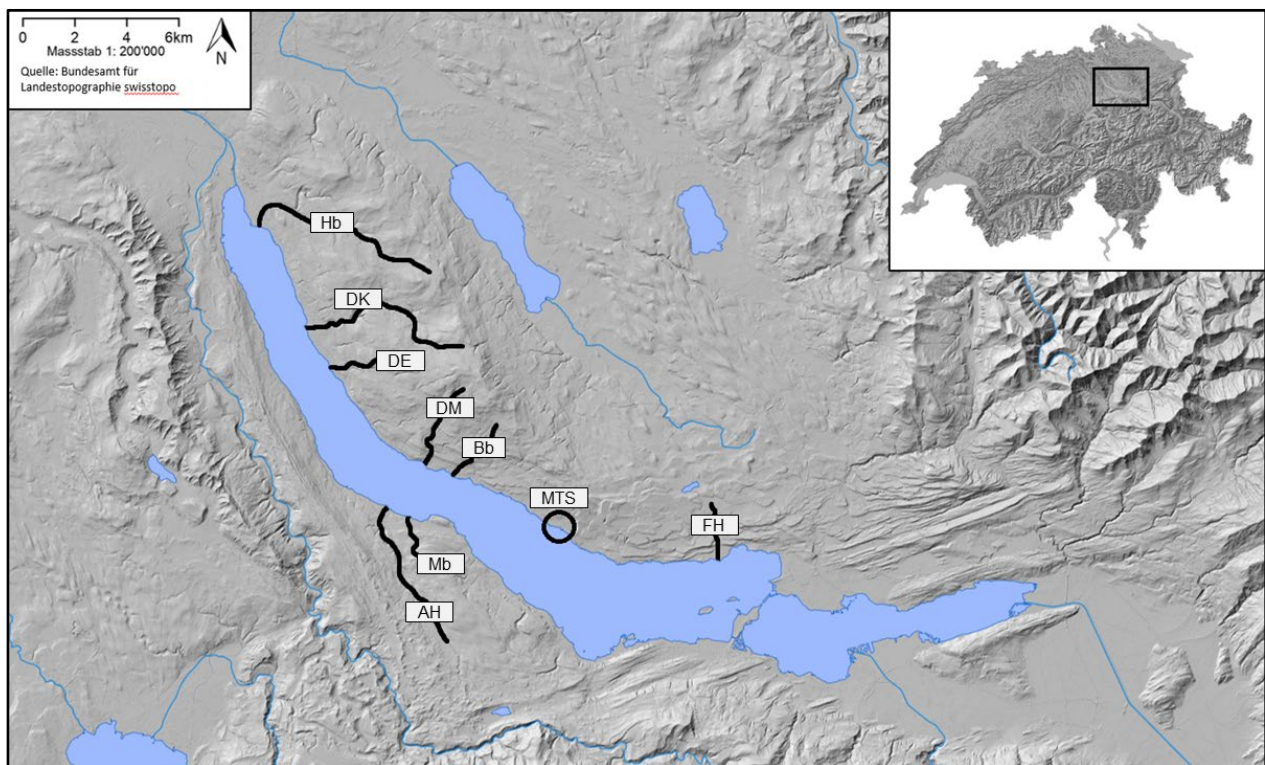


Abbildung 1: Untersuchte Zürichsee-Zuflüsse. Hornbach/Werenbach (Hb), Dorfbach Küsnacht (DK), Dorfbach Erlenbach (DE), Dorfbach Meilen (DM), Beugenbach (Bb), Feldbach Hombrechtikon (FH), Meilibach (Mb), Aabach Horgen (AH), Muttertierstamm (MTS).

Zusammenfassend sind in Tabelle 1 alle Standorte mit Informationen zu deren Seeforellenaufstieg und Besatz zu finden. Zudem ist die Anzahl Proben pro Projektjahr und Altersklasse, respektive Ökotyp, dargestellt. Die Zuflüsse Hornbach und Beugenbach wurden für die Untersuchungen jeweils in Bachabschnitte aufgeteilt. Dies spielt vor allem im Hornbach eine Rolle, wo in den ersten 400 Metern nach der Mündung (hier Hb1 genannt) jedes Jahr aufsteigende Laichtiere nachgewiesen werden. Ein weiterer Aufstieg zu den Abschnitten Hb2 (47°21'34"N 8°33'55"E) und



Hb3 (47°21'25"N 8°34'27"E) wird jedoch durch die betonierte Sohle des Hornbaches, beginnend bei der Bellerivestrasse, verunmöglicht. Die Laichfischfänge im Hornbach finden dementsprechend nur im Abschnitt 1 statt. Detailliertere Informationen zu den zürcherischen Zürichsee-Zuflüssen und deren Seeforellenvorkommen sind dem Managementplan von Hertig (2018) zu entnehmen. Bei den Proben handelte es sich hauptsächlich um Gewebeproben (wenige mm<sup>2</sup> bis 1 cm<sup>2</sup> Flossengewebe), die mit einer aufsteigenden Probennummer versehen und bis zur Analyse in reinem Ethanol bei 4 °C im Kühlschrank gelagert wurden.

Tabelle 1: Übersicht über die Standorte und Anzahl Forellen die pro Alterskategorie und Ökotyp in beiden Projektjahren gesammelt wurden.

Standort	Aufstieg	Besatz	Winter 18/19			Winter 19/20		
			0+	Adulte	Seeforellen	1+	Adulte	Seeforellen
<b>Hornbach/Werenbach (Hb)</b>								
<i>Abschnitt 1 (Hb1)</i>	ja	Wild & MTS	35	20	13	36	-	30
<i>Abschnitt 2 (Hb2)</i>	nein	MTS	34	7	-	17	-	-
<i>Abschnitt 3 (Hb3)</i>	nein	MTS	35	15	-	-	-	-
<b>Dorfbach Küsnacht (DK)</b>	ja	MTS	-	27	2	48	-	1
<b>Dorfbach Erlenbach (DE)</b>	ja	MTS	-	14	-	26	-	-
<b>Dorfbach Meilen (DM)</b>	vereinzelt	MTS	-	31	-	34	-	-
<b>Beugenbach (Bb)</b>								
<i>Abschnitt 1 (Bb1)</i>	nein	MTS	35	21	-	-	-	-
<i>Abschnitt 2 (Bb2)</i>	nein	MTS	35	24	-	-	-	-
<b>Feldbach Hombrechtikon (FH)</b>	ja	MTS	-	21	-	30	-	11
<b>Meilibach (Mb)</b>	vereinzelt	MTS	37	20	-	29	-	-
<b>Aabach Horgen (AH)</b>	vereinzelt	MTS	-	-	-	16	-	2
<b>Muttertierstamm (MTS)</b>	-	-	-	48	-	-	103	-

### 2.1.1 Vorgehen 0+ Besatzerfolg, Winter 2018/2019

Im Herbst 2018 wurden 48 Tiere des Muttertierstamms (26 Rogner und 22 Milchner) in der kantonalen Fischzuchtanlage in Stäfa ZH in kleinen Gruppen von jeweils einigen wenigen Tieren zusammen gestreift und dabei von jedem Tier eine Probe entnommen. Die Nachkommen dieser Elterntiere wurden in der kantonalen Fischzuchtanlage ausgebrütet und im Frühjahr vor der ersten Futteraufnahme im Hornbach (n = ca. 38'000), Beugenbach (n = ca. 8'000) und Meilibach (n = ca. 8'000) eingesetzt.

Im Oktober 2018 wurden in diesen drei Gewässern durch die Fischereiverwaltung mittels elektrischer Befischung Sömmerlinge (0+) beprobt. Die Fische wurden auf dem Feld anhand ihrer Totallänge und der Abundanz als Sömmerling oder als subadult/adult klassifiziert. Diese Altersklassenzuweisung wurde a posteriori mittels Längenhistogramm aus den Daten aller gefangenen Individuen verifiziert (Abbildung 2).

Da im 2018 keine Brut von weiteren Muttertierstamm-Fischen in diese Zuflüsse eingesetzt wurde,

konnte der Besitzerfolg per Abstammungsanalyse überprüft werden. Demensprechend sind Sömmerlinge, die nicht einem Elternpaar aus diesen 48 Muttertierstamm-Fischen zugeordnet werden können, per Ausschlussverfahren als Nachwuchs aus natürlicher Reproduktion zu betrachten.

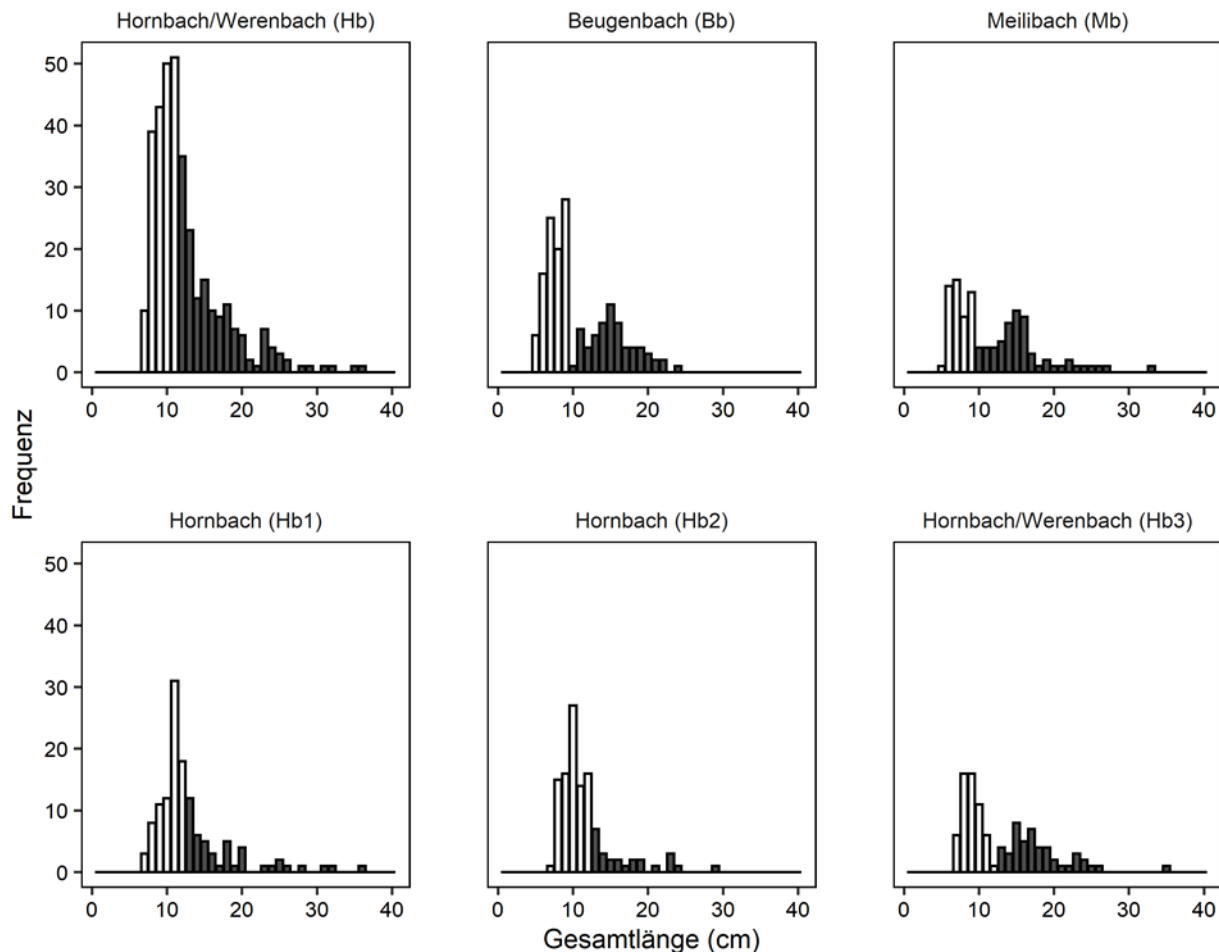


Abbildung 2: Längenhistogramme von allen im Hornbach/Werenbach (Hb), Beugenbach (Bb) und Meilibach (Mb) gemessenen Forellen im ersten Projektjahr. Die drei Bachabschnitte Hb1, Hb2 und Hb3 sind zusätzlich auch separat dargestellt. Forellen innerhalb der weissen Längenspannen wurden als Sömmerlinge klassifiziert.

### 2.1.2 Vorgehen 1<sup>+</sup> Besitzerfolg, Winter 2019/2020

Um das Besitzerfolgsmonitoring im Winter 2019/2020 auf die Jährlings-Altersklasse zu erweitern, wurden während der Laichfisch-Kontrollbefischungen in den Zürichsee-Zuflüssen gezielt nur noch die Fische beprobt, die mit grosser Wahrscheinlichkeit zur 1<sup>+</sup> Altersklasse gehören. Die Kategorisierung in Altersklassen wurde auf dem Feld vom Fachpersonal der FJV vorgenommen und stützte sich auch auf die Längenhistogramme aus dem vorherigen Jahr. Es ist in Einzelfällen denkbar, dass einzelne schnell wachsende 0<sup>+</sup>-, respektive langsam wachsende 2<sup>+</sup> Individuen fälschlicherweise als 1<sup>+</sup> Fische klassifiziert wurden. Zusätzlich wurden weitere 103 Fische des Muttertierstamms beprobt, um die Anzahl an Referenztieren zu erhöhen.

## 2.2 Vorgehen für die Analysen von Seeforellen im gesamten Gewässersystem

Für die Analysen der genetischen Strukturen zwischen den Seeforellen aus dem Einzugsgebiet des Zürichsees wurden Proben aus dem Zürichsee, Linthkanal, Walensee und der Glarner-Linth bzw. wenige Proben aus Rütelibach und Rauti berücksichtigt (Abbildung 3). Diese Gewässersysteme sind zwischen dem Limmatwehr beim Ausfluss des Zürichsees und einem Wehr in der Glarner Linth frei durchgängig. Das gesamte Gewässersystem liegt auf den Gebieten der vier Kantone Zürich, Glarus, Schwyz und St. Gallen.

Für die genetischen Analysen wurden vom Kanton St. Gallen 37 Proben aus dem Walensee (Berufs- und Anglerfischerfänge aus dem Sommer 2020), zusammen mit 19 historischen Schuppenproben von Laichfischfängen im Linthkanal aus den 1980er Jahren, zur Verfügung gestellt. Vom Kanton Glarus waren es 71 Proben aus den Laichfischfängen im 2019 (Glarner Linth  $n = 56$ , Rütelibach  $n = 13$ , Rauti  $n = 2$ ) und von der Abteilung Fischökologie und Evolution der Eawag wurden uns zusätzlich 31 Proben von Seeforellen aus dem Zürichsee übergeben, welche im Sommer 2020 für deren nationales Seeforellenprojekt gesammelt wurden.

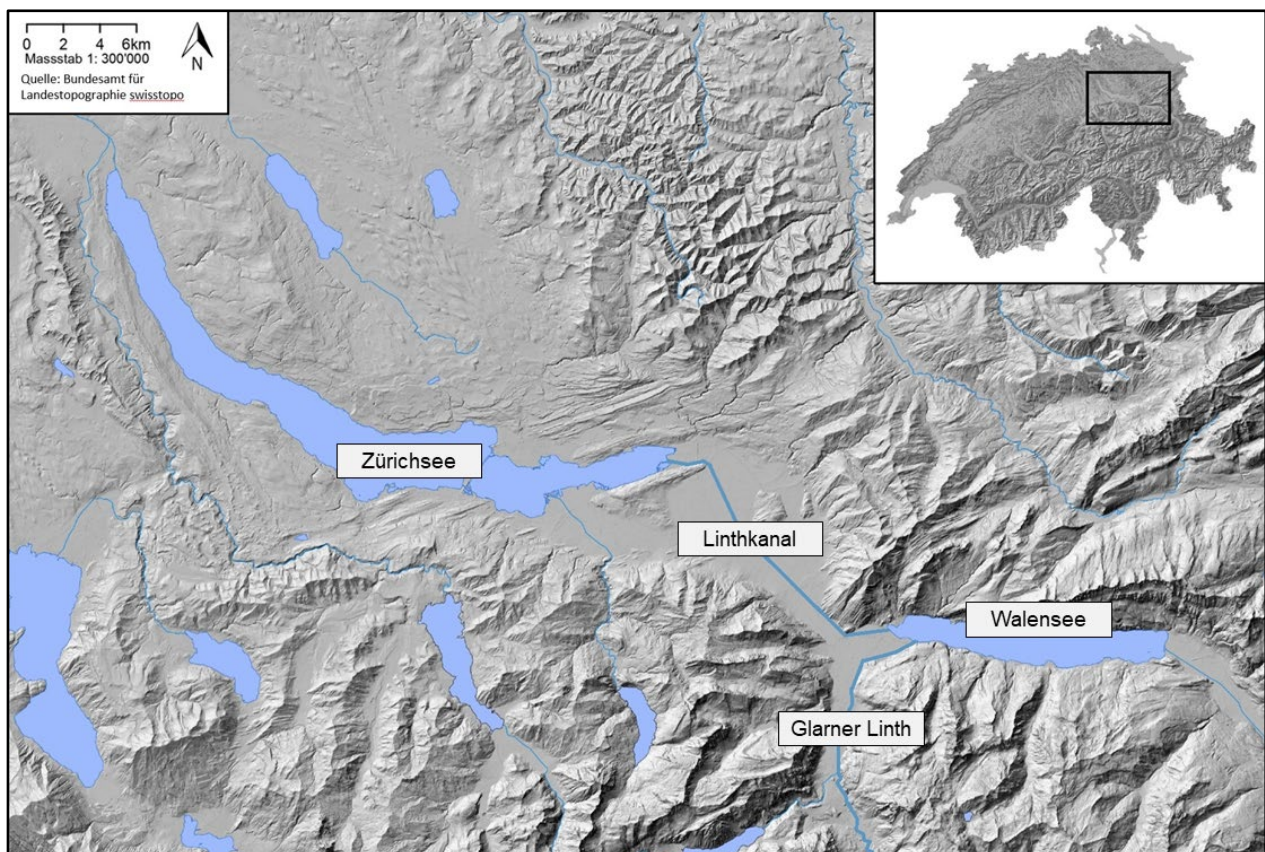


Abbildung 3: Karte des Untersuchungsgebiets für die Analysen der genetischen Strukturen im Gewässersystem Zürichsee, Linthkanal, Walensee, Glarner Linth.

## 2.3 Labor und Datenanalyse

Als genetische Marker dienen in dieser Studie Mikrosatelliten. Dabei handelt es sich um nichtcodierende DNA-Abschnitte im Erbgut, die keinen evolutionären Selektionsprozessen unterliegen und rein zufällig weitervererbt werden. Dieser Fakt macht sie für solche Untersuchungen zu geeigneten genetischen Markern. Mikrosatelliten bestehen aus kurzen, repetitiven DNA-Sequenzen einiger wenigen Basenpaaren und sehen beispielsweise aus den zwei Basen C und A mit sechs Repetitionen wie folgt aus: 5' CACACACACACA 3'. Diese repetitive Abfolge führt zu hohen Mutationsraten, was wiederum dazu führt, dass zwischen Individuen und Populationen viele unterschiedliche Ausprägungen resp. Längen vorkommen können. Diese verschiedenen Ausprägungen nennt man Allele. Da Forellen einen zweifachen Chromosomensatz besitzen, kommt folglich jeder Mikrosatellit auch zweimal pro Individuum vor. Dabei können zwei gleiche Allele (homozygot) oder zwei unterschiedliche Allele (heterozygot) vorliegen.

### 2.3.1 Laborprotokoll

Die DNA wurde aus den Gewebeproben mit einem modifizierten Chelex/Proteinase K Protokoll (Estoup et al., 1996) extrahiert, welches uns von der Abteilung Fischökologie und Evolution der Eawag zur Verfügung gestellt wurde. Dabei wurde ca. 1 mm<sup>2</sup> Gewebe getrocknet und anschliessend mit 150 µl Chelex Lösung [0.05 mg/ml], 10 µl TE-buffer und 5 µl Proteinase K [10 mg/ml] vermischt und für 2 h bei 55 °C, gefolgt von 10 min bei 99 °C, inkubiert. Für die historischen Schuppenproben aus der Linth wurde auf eine DNA-Extraktion mit dem kommerziell erhältlichen Macherey-Nagel NucleoSpin Tissue Kit zurückgegriffen. Dafür wurden ca. 10 bis 15 Schuppen mit 180 µl T1-Puffer und 25 µl Proteinase K für 5 h bei 55°C inkubiert und anschliessend gemäss Herstellerprotokoll die DNA extrahiert und aufgereinigt.

Um für die spätere Analyse der Mikrosatelliten genug Material zu haben, muss die DNA jeder Probe zunächst mittels Polymerase-Kettenreaktion (PCR) vervielfältigt werden. Die insgesamt 20 Mikrosatelliten-Marker wurden für die Vervielfältigung in drei separate PCR-Sets aufgeteilt. Die verwendeten Marker in Set 1 (Str15, Str73, Ssa100, Ssa197, SsoSL417, SSa85) und Set 2 (Str591, SL438, Str60, Str543, Str85) sind in der wissenschaftlichen Literatur publiziert (Estoup et al., 1993; Giger et al., 2006; O'Reilly et al., 1996; Presa & Guyomard, 1996; Slettan et al., 1995, 1996), während die neun Marker in Set 3 von der Abteilung Fischökologie und Evolution der Eawag entwickelt wurden und uns für dieses Projekt zur Verfügung gestellt wurden.

Um einen Mikrosatelliten mittels PCR zu vervielfältigen, braucht es jeweils zwei Primer. Dabei handelt es sich um kurze DNA-Abschnitte, die sich vor und hinter dem Mikrosatelliten an die DNA anlagern und dem Polymerasen-Enzym als Startpunkt für die Synthese eines neuen DNA-Stranges

dienen. Jeweils einer dieser zwei Primer wurde mit einem Fluoreszenzfarbstoff markiert. Das Reaktionsvolumen einer PCR setzte sich aus 2.5 µl Qiagen Multiplex PCR Kit, 0.75 µl der unverdünnten DNA, 1.75 µl Reinstwasser und 0.115, 0.14, oder 0.15 µl Primermix jeweils für Set 1, 2, oder 3 zusammen. Die PCR-Reaktionen wurden in einem Sensoquest-Labcycler durchgeführt und beinhalteten für die Sets 1 & 2 folgendes Temperatur-Zeit-Profil: Initiale Denaturierung für 15 min bei 94 °C, gefolgt von 35 Zyklen mit jeweils 30 s bei 94 °C, 90 s bei 54 °C und 90 s bei 72 °C. Abgeschlossen wurde die PCR mit einer finalen Elongation von 30 min bei 60 °C. Für Set 3 wurde folgendes Profil verwendet: 95 °C bei 15 min, gefolgt von jeweils 35 Zyklen mit 30 s bei 95 °C, 45 s bei 56 °C und 45 s bei 72 °C. Ebenfalls wurde anschliessend eine finale Elongation von 30 min bei 72 °C durchgeführt.

Die PCR-Produkte wurden zwischen 1:5 und 1:10 v/v mit Reinstwasser verdünnt und 0.9 µl dieser Verdünnung mit 9 µl Hi-Di™ Formamid (Applied Biosystems Inc.) und 0.075 µl LIZ 600 Längenstandard (GeneScan™ 600 LIZ™ dye Size Standard v2.0, Applied Biosystems Inc.) vermischt, denaturiert und mittels Kapillarelektrophorese auf einem 3500 Genetic Analyzer (Applied Biosystems Inc.) ihrer Länge nach aufgetrennt und visualisiert. Die Identifizierung der Mikrosatelliten-Allele wurde mit der Software Genemapper v. 5.0 (Applied Biosystems Inc.) automatisch durchgeführt und manuell verifiziert. Aufgrund schlechter Resultate wurden die Marker Str15 und Str85 von der weiteren Analyse ausgeschlossen. Für eine kleine Anzahl an Proben wurde die PCR und die Kapillarelektrophorese wiederholt, um die Reproduzierbarkeit der Genotypisierung zu verifizieren.

### 2.3.2 Datenauswertung

Die erhobenen Daten wurden mit gängigen Populationsgenetik-Programmen ausgewertet. Für die Basisanalysen wurden mit GENEPOP 4.7 (Raymond & Rousset, 1995), Fstat 2.9.4 (Goudet, 1995, 2003) und GenAlEx 6.5 (Peakall & Smouse, 2006) die Anzahl Allele, die allelic richness, die erwartete und beobachtete Heterozygotie und die Inzuchtkoeffizienten für jede Gruppe berechnet. Für diese Analysen wurden jeweils alle Individuen eines Standortes oder einer Probengruppe zusammengenommen. Im Hornbach Abschnitt 1 und Feldbach war dies auch für die Seeforellen und Bachforellen der Fall.

Mit Hilfe dieser Basisanalysen wird die Qualität der Daten für die weiteren Analysen überprüft und weiter können auch biologische Muster in den Daten erkannt werden. Für die Analyse mit genetischen Markern muss auch deren Unabhängigkeit geprüft werden. Sind zwei Mikrosatelliten nämlich physisch nahe auf dem Erbgut, werden sie wahrscheinlich nicht mehr unabhängig voneinander vererbt und es könnte nur einer für die Analysen verwendet werden. Dies wurde in

der Masterarbeit von Rhyner (2019) geprüft und keine Hinweise auf eine solche Abhängigkeit gefunden.

Für die genetische Differenzierung zwischen den Standorten wurde ebenfalls Fstat 2.9.4 verwendet. Mit den Programmen Structure 2.3.4 (Pritchard et al., 2000), Structure Harvester 0.6.94 (Earl & vonHoldt, 2012) und Clumpak (Kopelman et al., 2015) wurden die genetischen Strukturen analysiert und visualisiert. Die Besitzerfolgskontrolle mittels Abstammungsanalyse wurde in Cervus 3.0.7 (Kalinowski et al., 2007) berechnet. Genauere Angaben zu den analysierten Parametern und deren Bedeutung werden jeweils direkt in den Resultaten erläutert.



### 3 Ergebnisse und Diskussion

Insgesamt konnten die Proben von 986 Individuen erfolgreich genotypisiert und für die Analysen berücksichtigt werden. Die DNA aus den historischen Schuppenproben aus dem Linthkanal war stark fragmentiert, was bei so alten Proben zu erwarten war. Obwohl dies bei wenigen Mikrosatelliten zu Ausfällen führte, konnten die Proben für die Analyse verwendet werden. Ein Teil der Probengruppen aus den Zürichsee-Zuflüssen wurde in beiden Projektjahren untersucht, weshalb der Datensatz als Erstes auf identische Genotypen überprüft wurde, was 20 Treffer ergab (Tabelle 2). Davon waren zwölf Muttertierstamm-Individuen, was insofern nicht überrascht, da der Muttertierstamm in beiden Jahren beprobt wurde. Es wurde jeweils nur ein Duplikat für die weiteren Analysen berücksichtigt.

Interessanterweise wurden vier Seeforellen aus dem Feldbach im vorherigen Jahr schon als adulte Bachforellen im gleichen Gewässer beprobt. Das spricht dafür, dass diese Forellen schon nach einem Sommer im See wieder in den gleichen Zufluss aufgestiegen sind. Ebenfalls konnte eine 24 cm grosse Bachforelle im Beugenbach einen Monat später im Dorfbach Meilen nachgewiesen werden. Ähnliches wurde im Hornbach Abschnitt 1 aufgezeigt, wo ein aufsteigender Seeforellen-Milchner beprobt wurde, welcher einen Monat nach dem Abstreifen und Einsetzen im See bei der kantonalen Fischzuchtanlage Stäfa im Feldbach Hombrechtikon erneut als Aufsteiger nachgewiesen wurde.

Tabelle 2: Individuen, deren Genotyp zweifach im Datensatz vorhanden war, sind jeweils auf einer Linie dargestellt. Die Duplikate aus dem Muttertierstamm werden hier nicht dargestellt.

Individuum 1			Individuum 2		
Standort	Typ	Probenahme	Standort	Typ	Probenahme
Feldbach	Seeforelle	20.12.2019	Hornbach Hb1	Seeforelle	22.11.2019
Feldbach	Seeforelle	20.12.2019	Feldbach	Bachforelle	08.12.2018
Feldbach	Seeforelle	20.12.2019	Feldbach	Bachforelle	08.12.2018
Feldbach	Seeforelle	20.12.2019	Feldbach	Bachforelle	08.12.2018
Meilibach	1 <sup>+</sup>	20.12.2019	Meilibach	0 <sup>+</sup>	17.10.2018
Meilibach	1 <sup>+</sup>	20.12.2019	Meilibach	0 <sup>+</sup>	17.10.2018
Beugenbach	Bachforelle	16.10.2018	Dorfbach Meilen	Bachforelle	08.12.2018

### 3.1 Basisanalysen

Eine grosse genetische Vielfalt einer Population wird durch viele genetische Ausprägungen (Allele) und einer hohen Heterozygotie (zwei unterschiedliche Ausprägungen eines Allels) charakterisiert. Da die durchschnittliche Anzahl an gefundenen Allelen pro Probengruppe jedoch auch abhängig von deren Stichprobengrösse ist, wird für die Interpretation das stichprobenkorrigierte Diversitätsmass  $A_r$  (engl. allelic richness) verwendet. Wie in Tabelle 3 ersichtlich, reichten die Werte dieser allelic richness von 3.50 bis 5.41, während die erwartete Heterozygotie ( $H_e$ ) zwischen 0.57 bis 0.71 und die beobachtete Heterozygotie ( $H_o$ ) zwischen 0.58 bis 0.68 lag. Mit dem Hardy-Weinberg Gleichgewicht (HWE) wurde die Abweichung von der erwarteten Heterozygotie berechnet und auf deren Signifikanz überprüft ( $p$ -HWE). Weiter wurde der Inzuchtkoeffizient  $F_{IS}$  mit dem dazugehörigen  $p$ -Wert berechnet.

Ersichtlich ist, dass der Muttertierstamm die tiefste allelic richness aller Probengruppen aufweist und daher eine tiefere genetische Vielfalt als die Forellen in den Zuflüssen hat (Tabelle 3). Diese Eigenschaft ist mit grösster Wahrscheinlichkeit auf einen Flaschenhalseffekt durch die geringe Anzahl Gründertiere des Muttertierstamms zurückzuführen. Weiter sind der Muttertierstamm und der Aabach Horgen durch einen negativen  $F_{IS}$ -Wert charakterisiert, was auf einen Überschuss an Heterozygotie hinweist. Dies kann z.B. durch das Vermischen komplett standortfremder Individuen (sog. Auszucht) verursacht werden. Ebenfalls kann aber auch ein rezenter Flaschenhalseffekt in Frage kommen (Cornuet & Luikart, 1996).

Ein positiver  $F_{IS}$ , wie er bei den meisten anderen Probengruppen beobachtet werden kann, deutet auf eine nicht komplett zufällige Verpaarung innerhalb einer Population hin. Gründe dafür sind zum Beispiel Inzucht (daher auch Inzuchtkoeffizient) oder aber, wenn die Population substrukturiert ist. Des Weiteren können auch Mutationen im Primerabschnitt dazu führen, dass ein Mikrosatellit nicht von der PCR vervielfältigt wird. Somit würde er bei der Analyse fehlen (sogenannte Nullallele) und die Heterozygotie unterschätzt werden. Keine dieser Ursachen kann mit Sicherheit ausgeschlossen werden.

Die meisten der Hardy-Weinberg Equilibrium Tests und  $F_{IS}$ -Werte haben einen Signifikanzwert kleiner als  $p = 0.05$  (Tabelle 3). Ein solches Resultat kam also zu 95 % nicht zufällig zustande, was meistens als Grenze zur Signifikanz verwendet wird. Es muss hier angemerkt werden, dass diese Tests von einer «idealen» Population mit rein zufallsbedingter Verpaarung ausgehen. Abweichungen weisen demnach darauf hin, dass die Voraussetzungen einer idealen Population nicht erfüllt sind, was z.B. bei einem Muttertierstamm nicht überrascht. Dementsprechend ist davon auszugehen, dass sich diese Abweichungen auch in den Zuflüssen, wo teilweise hohe Anteile an Besatzfischen nachgewiesen wurden (siehe Kapitel 3.2 und 3.3), bemerkbar machen.

Die Resultate solcher Tests sind insofern wertvoll, weil sie Abweichungsmuster in den Daten aufzeigen können.

Tabelle 3: Basisanalysen.  $n$  entspricht der Stichprobengrösse;  $N_a$  der durchschnittlichen Anzahl Allele pro Locus;  $A_r$  dem stichprobenkorrigierten Diversitätsmass der durchschnittlichen Anzahl Allele pro Locus;  $H_o$  steht für die beobachtete- und  $H_e$  für die erwartete Heterozygotie mit dem dazugehörigen Signifikanzwert  $p$  HWE;  $F_{IS}$  entspricht dem Inzuchtkoeffizienten, ebenfalls mit Signifikanzwert  $p$  Fis. NS = nicht signifikant.

Standort	$n$	$N_a$	$A_r$	$H_o$	$H_e$	$p$ HWE	$F_{IS}$	$p$ $F_{IS}$
MTS Stäfa	138	4.61	3.50	0.60	0.57	<0.05	-0.045	<0.05
Hb1	133	9.61	4.97	0.67	0.67	<0.05	0.006	NS
Hb2	58	7.56	4.42	0.61	0.63	<0.05	0.029	NS
Hb3	50	8.89	5.41	0.68	0.71	<0.05	0.051	<0.05
Bb	112	8.39	4.71	0.62	0.66	<0.05	0.064	<0.05
Mb	81	7.72	4.74	0.65	0.66	<0.05	0.027	<0.05
DM	64	7.17	4.21	0.60	0.63	<0.05	0.043	<0.05
DK	78	9.67	5.06	0.66	0.68	<0.05	0.029	<0.05
DE	38	6.78	4.49	0.61	0.63	<0.05	0.041	<0.05
FH	58	8.83	5.26	0.64	0.69	<0.05	0.074	<0.05
AH	18	4.06	3.65	0.67	0.60	<0.05	-0.108	<0.05
Linthkanal (1980)	19	5.61	4.44	0.58	0.60	NS	0.033	NS
Seeforellen Kt. Glarus	71	8.28	4.52	0.63	0.63	NS	0.009	NS
Walensee	37	8.06	4.97	0.60	0.66	<0.05	0.093	<0.05
Zürichsee	31	7.56	4.78	0.60	0.66	<0.05	0.095	<0.05

### 3.2 Besitzerfolg 0<sup>+</sup> Altersklasse

In allen drei untersuchten Zürichsee-Zuflüssen wurden Sömmerlinge als Nachkommen des Muttertierstamms nachgewiesen. Für die Analyse wurden zwei verschiedene methodische Vorgehensweisen in *Cervus* verfolgt. Zuerst wurden alle Individuen, deren genetische Information nicht zu 100 Prozent zwei Elterntieren zugewiesen werden konnte, als Besatzfische ausgeschlossen (Methode A). Von 203 Sömmerlingen wurden dabei 100 Tiere (49 %) als Nachkommen des Muttertierstamms identifiziert. Für die einzelnen Zuflüsse betrug die Anzahl Besatzfische 70 % im Meilibach (24/34), 55 % im Beugenbach (38/69) und 38 % im Hornbach (38/100) (Abbildung 4).

Diese strikte «Ausschlussmethode» ist jedoch auf eventuelle Fehler bei der Genotypisierung anfällig. Ein falsch identifiziertes Allel würde nämlich dazu führen, dass ein Individuum nicht (mehr) als Besatzfisch erkannt wird. Dementsprechend sollten diese Ergebnisse konservativ betrachtet werden. In einer zweiten Methode (B) wurden mögliche Fehler und auch populationsgenetische Faktoren in der Zuweisung der Sömmerlinge berücksichtigt. Diese Analyse unterteilt die Resultate zusätzlich in einen 80 %- und einen 95 % Vertrauensbereich. Wie erwartet stieg die Anzahl an nachgewiesenen Besatzfischen mit dieser Methode auf 60 % und es wurden

122 von 203 Sömmerlingen (60 %) als Nachkommen des Muttertierstamms identifiziert. Pro Zufluss betragen die Zuweisungen diesmal 79 % im Meilibach (27/34), 65 % im Beugenbach (45/69) und 53 % im Hornbach (53/100). Die Proportionen der Anzahl nachgewiesener Besatzfische zwischen den untersuchten Bächen blieb jedoch zwischen den Zuflüssen konsistent (Abbildung 4). Da vereinzelte Fehler in der Genotypisierung nicht komplett auszuschliessen sind, werden die Resultate dieser Analyse als verlässlicher eingeschätzt.

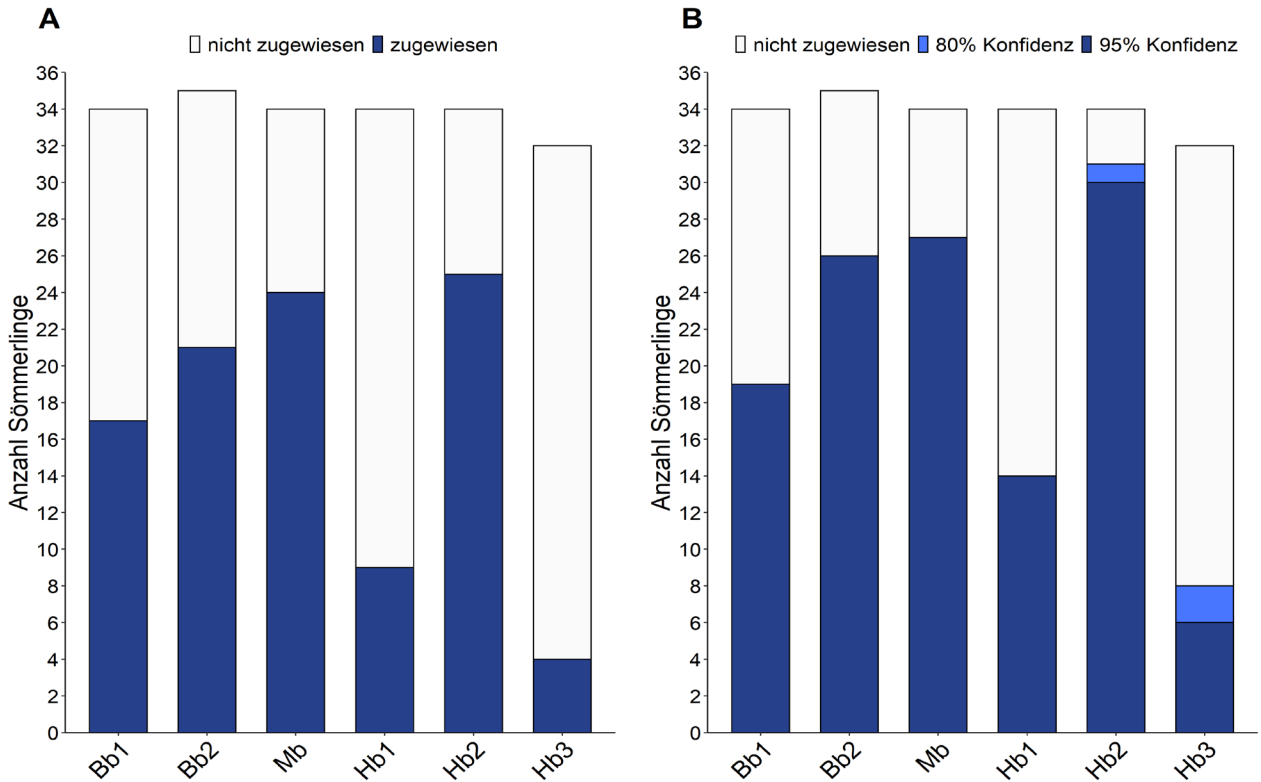


Abbildung 4: Die Proportionen an Besatzfischen innerhalb der Sömmerlings-Altersklasse in den drei untersuchten Zuflüssen Beugenbach (Bb), Meilibach (Mb) und Hornbach (Hb). Methode A folgte dem strikten Ausschlussverfahren, während Methode B Unsicherheiten in den Daten berücksichtigt und die Resultate in zwei Konfidenzbereiche aufteilt.

Zwischen den untersuchten Zürichsee-Zuflüssen wurden demnach grosse Unterschiede in der Anzahl identifizierter Besatzfische beobachtet. Im Abschnitt 2 vom Hornbach konnten mit beiden Analysemethoden viele Besatzfische gefunden werden, während im Vergleich dazu im Abschnitt 3 ein Grossteil der untersuchten Sömmerlinge aus natürlicher Reproduktion stammt. Interessanterweise weisen die Forellen aus diesem Abschnitt auch eine grössere genetische Vielfalt auf, als dies in den meisten anderen untersuchten Gewässern der Fall ist (siehe Tabelle 3). Dies könnte ein Zeichen dafür sein, dass die Muttertierstammfische die genetische Vielfalt in den anderen Abschnitten verringern, falls sich die Besatzfische auch erfolgreich an der natürlichen Rekrutierung beteiligen sollten.

Im Hornbach Abschnitt 1 werden nebst den Muttertierstamm-Brütlingsen auch Nachkommen der

Wildfänge aus dem Laichfischfang eingesetzt (siehe Tabelle 1). Drei Besatzfische im Hornbach Abschnitt 1 konnten als Nachkommen solcher Wildfänge identifiziert werden. Es muss jedoch erwähnt werden, dass nicht von allen Wildfängen während des Laichfischfangs der Saison 2018/2019 eine Probe vorhanden war und deshalb nicht alle möglichen Elterntiere in der Analyse berücksichtigt werden konnten.

Die Resultate dieser Abstammungsanalyse wurden mit dem Programm Structure verifiziert. Structure analysiert die Allelfrequenzen, also das Vorkommen einzelner Allele im Vergleich zur Gesamtanzahl aller Allele, und teilt die Individuen in verschiedene genetische Gruppen (K) ein. Die Resultate einer Structure-Analyse werden als Balkendiagramme visualisiert, wobei jeder Balken einem Individuum entspricht und dessen Gruppenzugehörigkeit farblich dargestellt wird. In einer Structure-Analyse werden normalerweise mehrere K's getestet und anschliessend mit der Software Structure Harvester das statistisch plausibelste K eruiert.

In dieser Analyse präsentierte sich der Muttertierstamm als orange Gruppe mit einzelnen dunkelgrünen Individuen und hebt sich klar von den adulten und subadulten Fischen, die innerhalb der untersuchten Zuflüsse beprobt wurden, ab (Abbildung 5). Mit diesen Daten lässt sich jedoch keine Aussage zum Besitzerfolg mit dem aktuellen Muttertierstamm bei den adulten Altersklassen treffen, da die Brütlinge dieses Muttertierstamms zum ersten Mal im Jahr vor den Untersuchungen eingesetzt wurden. Hingegen liess sich die Anzahl an Besatzfischen in der 0+ Altersklasse mit der Structure-Analyse visuell bestimmen und die Resultate stimmen mit der quantitativen Elternschaftanalyse in Abbildung 4 überein.

K=5

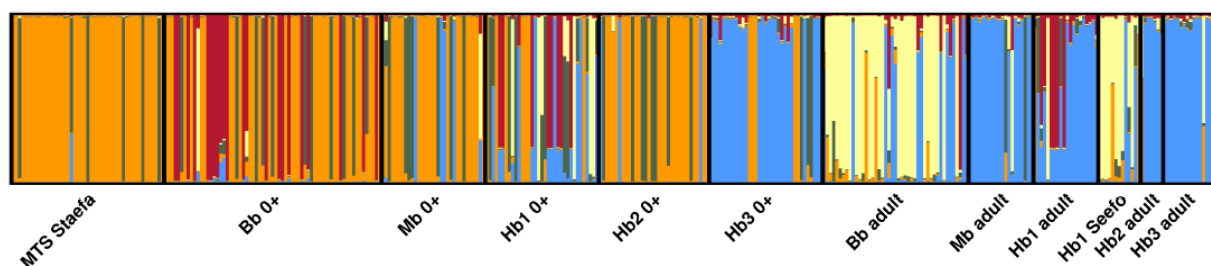


Abbildung 5: Structure-Analyse mit den gleichen Daten wie für die Abstammungsanalyse verwendet. Zusätzlich wurden die genotypisierten, adulten Forellen aus den untersuchten Gewässern miteinbezogen. Jeder Balken repräsentiert ein Individuum, dessen prozentuale Zugehörigkeit an einer der K=5 Gruppen farblich dargestellt ist.

### 3.3 Besatzerfolg 1+ Altersklasse

Wie in Abbildung 5 ersichtlich, war die Anzahl an nachgewiesenen 0+ Besatzfischen zwischen der Structure-Analyse und der Abstammungsanalyse mit Cervus konsistent. Dies war für das Abschätzen der Anzahl Besatzfische innerhalb der 1+ Altersklasse im darauffolgenden Jahr wichtig, da die Untersuchungen auf mehrere Zuflüsse erweitert wurden und nicht mehr alle potentiellen Muttertierstamm-Elterntiere beprobt wurden, was für eine Abstammungsanalyse mit Cervus nötig wäre. Eine Structure-Analyse konnte jedoch in allen Zuflüssen Besatzfische nachweisen (Abbildung 6 & Tabelle 4). Bei der Interpretation der Resultate ist jedoch zu beachten, dass die Farben der ermittelten Gruppen K, abgesehen vom Muttertierstamm, nicht mehr den Farben in Abbildung 5 entsprechen.

K=5

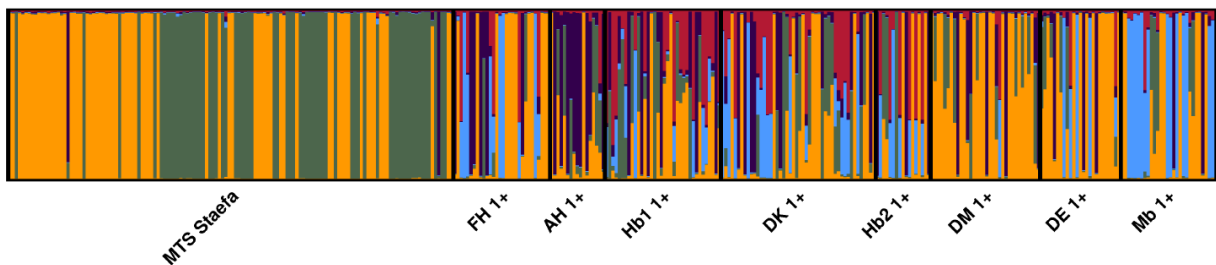


Abbildung 6: Structure-Analyse mit dem Muttertierstamm und den 1+ Fischen in Zürichsee-Zuflüssen. Jeder Balken repräsentiert ein Individuum, dessen prozentuale Zugehörigkeit an einer der K=5 Gruppen farblich dargestellt ist.

Die Zusammensetzung des Muttertierstamms war nicht mehr vergleichbar mit der kleineren Probenanzahl in Abbildung 5. Die Ursache für dieses Resultat bleibt unklar. Möglicherweise gibt es innerhalb des Muttertierstammes genetisch bedingte Unterschiede in der Laichreife, da die Beprobungen während der Abstreifungen in den zwei Projektjahren in unterschiedlichen Monaten stattgefunden hatten. Ein rein zufälliger Probenahme-Effekt ist bei dieser Stichprobenanzahl eher unwahrscheinlich. Die proportionalen Anteile der Besatzfische in der 1+ Altersklasse wurden visuell erfasst und sind in Tabelle 4 dargestellt.

Tabelle 4: Ermittelter Anteil Besatzfische innerhalb der 1+ Altersklasse und Vergleich zur 0+ Altersklasse im Jahr zuvor. Die Zuflüsse DK, DE, DM, FH und AH wurden im ersten Monitoringjahr nicht berücksichtigt.

Gewässer	1+ Anteil	0+ Anteil
Hornbach Abschnitt 1 (Hb1)	20%	30%
Hornbach Abschnitt 2 (Hb2)	40%	80%
Dorfbach Küsnacht (DK)	30%	-
Dorfbach Erlenbach (DE)	60%	-
Dorfbach Meilen (DM)	60%	-
Feldbach Hombrechtikon (FH)	40%	-
Meilibach (Mb)	30%	70%
Aabach Horgen (AH)	30%	-



### 3.4 Genetische Strukturen im gesamten Gewässersystem

Zuerst wurden die Seeforellenproben aus dem gesamten Gewässersystem, zusammen mit den Proben aus den Besatzerfolgskontrollen, mit Structure analysiert. Für diese Analyse wurden die 0<sup>+</sup> Fische aus den Besatzmonitorings nicht berücksichtigt, da diese Altersklasse durch die im darauffolgenden Jahr untersuchten 1<sup>+</sup> Individuen repräsentiert wurde.

Für die Analyse wurde ein  $K = 6$  als plausibelste Anzahl genetischer Einheiten ermittelt (Abbildung 7). Die Zürichsee-Zuflüsse sind teils klar differenziert. Hier ist einerseits der Einfluss von stationären Bachforellen zu berücksichtigen, andererseits ist nicht auszuschliessen, dass genetische Unterschiede in den Zuflüssen auch durch unterschiedlich erfolgreiche Besatzmassnahmen und Besatzstrategien in der Vergangenheit zustande kamen. Da die adulten Bachforellen aus den Zürichsee-Zuflüssen aber zeitlich bedingt nicht vom vorliegenden Muttertierstamm abstammen konnten (von welchem erst im Jahr vor den Untersuchungen erstmals Brut eingesetzt wurde), müsste diese Hypothese mit Proben des vorherigen Muttertierstammes erhärtet werden. Dies war jedoch aufgrund fehlender Gewebeproben nicht möglich.

Zwischen den Proben aus dem Walensee, den Glarner Fliessgewässern sowie den historischen Proben aus dem Linthkanal liessen sich hingegen keine ausgeprägten Unterschiede feststellen. Ein heterogeneres Bild zeigte sich jedoch bei den Eawag-Proben von Seeforellen aus dem Zürichsee, was in Abbildung 8 noch besser erkennbar ist.

K=6

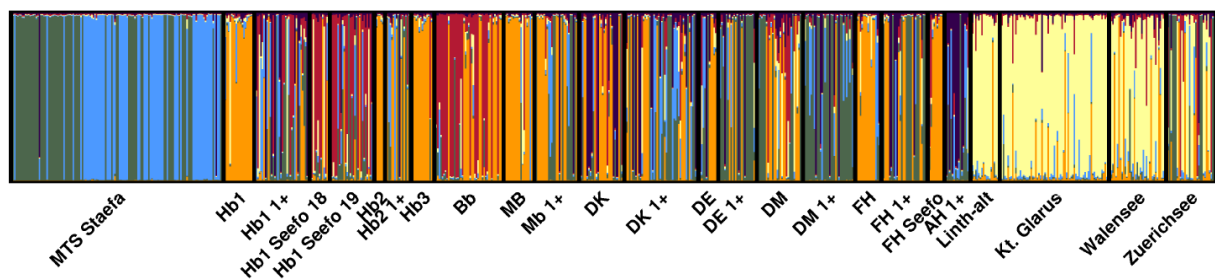


Abbildung 7: Structure-Analyse mit Proben aus den Zuflüssen um den Zürichsee, dem Muttertierstamm und von Seeforellen aus dem Walensee, Zürichsee, Kanton Glarus und dem Linthkanal. Jeder Balken repräsentiert ein Individuum, dessen prozentuale Zugehörigkeit an einer der K=6 Gruppen farblich dargestellt ist.

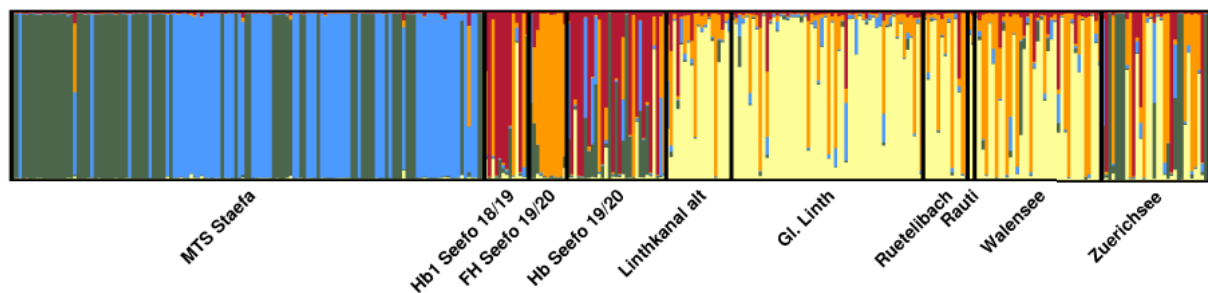
In Abbildung 8 sind die Resultate einer weiteren Structure-Analyse dargestellt, in welcher nur die Probengruppen von Seeforellen im gesamten Gewässersystem berücksichtigt wurden und die Proben aus dem Kanton Glarus auf die drei einzelnen Fliessgewässer aufgeteilt sind. Auch hier ist ersichtlich, dass die Seeforellen aus den Glarner Fliessgewässern und die Individuen der historischen Proben bei  $K=5$  sehr ähnlich zueinander sind. Das Gleiche gilt für die Proben aus dem Walensee, was jedoch nicht überrascht, da die Seeforellen aus dem Walensee während der

Laichperiode in diese Fließgewässer einsteigen. Erst bei  $K=6$  spalten sich einige «violette Individuen» in der Glarner Linth ab, ein erklärbares Muster konnte jedoch anhand der vorliegenden Proben nicht gefunden werden. Zbinden (2018) beschreibt in seinen ähnlichen Untersuchungen jedoch hauptsächlich zwei verschiedene Genotypen in der Glarner Linth.

Auch unter den Proben aus dem Zürichsee scheinen sich zwischen ca. einem Fünftel und der Hälfte diesen Genotypen zuzuordnen. Dies stützt die Annahme, dass es zwischen dem Einzugsgebiet des Walensees bzw. dem Linthkanal und dem Zürichsee Migration gibt, siehe auch Schneider (2000). Inwiefern die «orangenen Genotypen», die ebenfalls im Feldbach Hombrechtikon vorhanden sind, zusammenhängen, bleibt jedoch unklar. Interessanterweise kann ungefähr ein weiteres Drittel der Seeforellen im Zürichsee dem Muttertierstamm zugeordnet werden.

Die Seeforellen aus dem Hornbach sind über beide Projektjahre vergleichbar. Im zweiten Jahr können jedoch ebenfalls ca. 20 % der Individuen dem Muttertierstamm zugeordnet werden. Dies könnte insofern erklärbar sein, dass es im ersten Jahr noch zu früh war für Rückkehrer aus dem aktuellen Besatzmaterial.

$K=5$



$K=6$

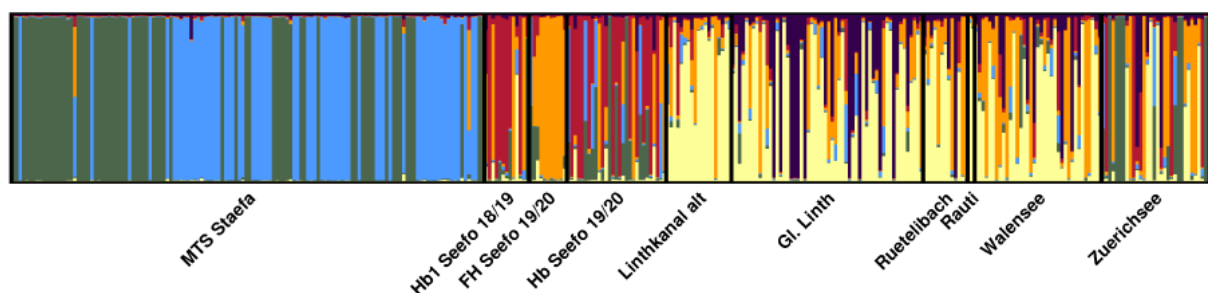


Abbildung 8: Structure-Analyse mit dem Muttertierstamm und Seeforellen aus dem Hornbach, Feldbach, Walensee, Zürichsee, Kanton Glarus und Linthkanal. Jeder Balken repräsentiert ein Individuum, dessen prozentuale Zugehörigkeit an einer der  $K$  Gruppen farblich dargestellt ist.

Die genetische Differenzierung zwischen Populationen wird häufig über den  $F_{ST}$ -Wert gemessen, welcher anhand von Unterschieden in den Allelfrequenzen zwischen Populationen einen Wert von 0 (die Populationen sind identisch) bis 1 (die Populationen sind komplett unterschiedlich) annimmt. Man spricht von schwacher genetischer Differenzierung bei  $F_{ST} < 0.05$ , mässiger

Differenzierung bei  $F_{ST} < 0.15$ , starker Differenzierung bei  $F_{ST} < 0.25$  und sehr starker Differenzierung bei  $F_{ST} > 0.25$  (Vonlanthen & Hefti, 2016).

Tabelle 5: Paarweise  $F_{ST}$ -Werte zwischen den Probengruppen mit dazugehöriger Signifikanz (Signifikanzniveau 0.05, Bonferroni-korrigiert zu 0.0006). Signifikante Werte sind grau eingefärbt, NS = nicht signifikant.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1 MTS	-	*	*	*	*	*	*	*	NS	*	*	*	*
2 Bb	0.068	-	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
3 Mb	0.076	0.030	-	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
4 Hb	0.040	0.015	0.018	-	NS	*	*	*	*	*	*	*	NS
5 DK	0.032	0.022	0.018	0.002	-	NS	*	*	NS	*	*	*	NS
6 DE	0.030	0.031	0.028	0.014	0.009	-	NS	NS	*	*	*	*	NS
7 DM	0.021	0.030	0.037	0.015	0.008	0.003	-	*	NS	*	*	*	NS
8 FH	0.052	0.023	0.013	0.011	0.009	0.013	0.017	-	*	*	*	*	*
9 AH (1+)	0.020	0.053	0.056	0.031	0.020	0.021	0.010	0.034	-	NS	*	*	NS
10 Linth alt	0.074	0.058	0.075	0.052	0.056	0.071	0.062	0.058	0.078	-	NS	*	*
11 Kt. Glarus	0.052	0.055	0.068	0.038	0.045	0.061	0.052	0.054	0.059	0.022	-	NS	*
12 Walensee	0.049	0.032	0.052	0.025	0.029	0.042	0.037	0.040	0.047	0.014	0.002	-	*
13 Zürichsee	0.021	0.027	0.041	0.014	0.011	0.015	0.004	0.020	0.011	0.034	0.026	0.013	-

Werden für die Berechnungen von paarweisen  $F_{ST}$ -Werten die gleichen Proben wie in Abbildung 7 verwendet, jedoch alle Individuen eines Zuflusses zusammengenommen, reicht das Spektrum der  $F_{ST}$ -Werte zwischen den Zürichsee-Zuflüssen von 0.002 (DK/Hb) bis 0.056 (AH/Mb) und beträgt im Mittel 0.021. Die meisten dieser Werte sind signifikant und zeigen, dass zwischen den Zürichsee-Zuflüssen schwache bis mässige genetische Unterschiede vorliegen, was mit den Resultaten ähnlicher Studien vergleichbar ist (Vonlanthen et al., 2017). Etwas grösser fallen die Werte zwischen den Zuflüssen und dem Muttertierstamm aus ( $\emptyset F_{ST}$  0.041), welcher bis auf den Aabach Horgen gegenüber allen Standorten genetisch differenziert ist. Für letzteren lagen jedoch nur Proben von 1<sup>+</sup> Fische in geringer Stichprobenanzahl vor, weshalb dieses Resultat mit Vorsicht zu interpretieren ist.

Zwischen den Seeforellen aus dem Walensee und den Glarner Linth war der  $F_{ST}$  nicht signifikant. Das Gleiche gilt für die historischen Proben aus dem Linthkanal und der Glarner Seeforellen. Dies deckt sich teils mit den Resultaten ähnlicher Studien über die Genetik von Forellen im Kanton Glarus (Zbinden, 2018) und im ganzen Gewässersystem (Schneider, 2000).

Es ist jedoch wichtig anzumerken, dass sich der  $F_{ST}$ -Wert bedingt für die Differenzierung von Seeforellen-Probengruppen eignet, die ausserhalb der Laichperiode im Stillgewässer gesammelt werden (wie hier im Zürichsee & Walensee). Vielmehr setzt sich der Seeforellenbestand eines Sees nämlich aus möglicherweise differenzierten Forellenpopulationen der einzelnen Seezuflüsse zusammen.

## 4 Schlussfolgerungen

Mit den Untersuchungen können die zu Beginn formulierten Fragestellungen demnach folgend beantwortet werden:

- **Besatzerfolgskontrollen der 0<sup>+</sup> und 1<sup>+</sup> Forellen in Zürichsee-Zuflüssen**
  - Zu welchem proportionalen Anteil lassen sich Besatzfische aus dem Muttertierstamm innerhalb der Gesamtsommerlingszahl (0<sup>+</sup> Fische) ein halbes Jahr nach Besatz nachweisen?  
*Durchschnittlich wurden in den drei Zuflüssen je nach Methode 49, respektive 60 Prozent der 0<sup>+</sup> Fische als Nachkommen des Muttertierstamms identifiziert.*
  - Zu welchem proportionalen Anteil lassen sich Besatzfische aus dem Muttertierstamm innerhalb der Gesamtjährlingszahl (1<sup>+</sup> Fische) eineinhalb Jahre nach Besatz nachweisen?  
*Durchschnittlich wurden in den untersuchten Zuflüssen 38 Prozent der 1<sup>+</sup> Fische als Nachkommen des Muttertierstammes identifiziert, wobei die Anzahl zwischen den Zuflüssen zwischen 20 bis 60 Prozent variierte.*
  - Wie gross ist die genetische Diversität der Forellen in den Zuflüssen um den Zürichsee im Vergleich zum Muttertierstamm?  
*Die Basisanalysen ergaben, dass der Muttertierstamm eine geringere genetische Vielfalt als die Forellen in den Zürichsee-Zuflüssen aufweist.*
- **Genetische Strukturen im Gewässersystem Zürichsee, Linthkanal, Walensee und Glarner Linth**
  - Welche genetischen Strukturen sind zwischen den Seeforellen des Zürichsees, Linthkanals, Walensees und der Glarner Linth bzw. dem Rütelibach zu finden?  
*Die Structure-Analyse zeigte Genfluss im System und es konnte mit den vorliegenden Analysen keine Auftrennung zwischen dem Walensee, dem Linthkanal und den Glarner Zuflüssen nachgewiesen werden. Die Zürichsee-Zuflüsse hingegen lassen sich differenzieren und weisen untereinander schwache bis mittlere genetische Differenzierung auf.*

## 4.1 Besatzerfolg

In den beiden Monitoringjahren wurden teilweise hohe Proportionen an Besatzfischen innerhalb der 0<sup>+</sup> und der 1<sup>+</sup> Altersklasse nachgewiesen. Es kann jedoch mit den vorliegenden Resultaten keine abschliessende Aussage getroffen werden, ob diese Besatzmassnahmen einen additiven Effekt auf die adulten Altersklassen in diesen Zuflüssen haben. In einer ähnlichen Studie wurde gezeigt, dass sich Besatzmassnahmen durchaus in hohen Proportionen an Besatzfischen innerhalb der Jungfische widerspiegeln, diese Anteile jedoch über die Zeit stark abnimmt (Kreienbühl & Vonlanthen, 2019). Die Anzahl Besatzfische wurde in dieser Studie nur an drei Standorten über beide Probejahre analysiert. Dabei konnte an allen drei Standorten ein Rückgang in der Anzahl an Besatzfischen beobachtet werden (siehe Tabelle 4). Idealerweise wird der Erfolg von Kompensationsbesatzmassnahmen über mehrere Alterskohorten und Jahre evaluiert, da z.B. auch ein schweres Winterhochwasser die natürliche Reproduktion eines einzelnen Jahrgangs beeinträchtigen kann.

Ein Lebensraum kann nur eine bestimmte Anzahl an Individuen einer Art aufnehmen, was auch als maximale Tragfähigkeit (engl. carrying capacity) bekannt ist. Diese Tragfähigkeit wird für die adulten Altersklassen kleiner, was zu innerartlicher Konkurrenz um die «freien Plätze» im Lebensraum führen kann. Dabei ist es möglich, dass Besatzfische in solchen Prozessen den besser angepassten Wildfischen unterliegen und oft niedrigere Überlebenschancen haben (Araki et al., 2008; Spalinger & Hefti, 2018).

Entgegen dem erwünschten Additionseffekt von Kompensationsbesatz können bei Besatzmassnahmen auch unerwünschte Substitutionseffekte auftreten. Hierbei würden Besatzfische die Wildfische «ersetzen», was nicht der Sinn von Besatzmassnahmen ist. Ob der Besatz mit Brütlingen vom Muttertierstamm in den Zürichsee-Zuflüssen Substitutionseffekte verursacht, kann jedoch mit den Untersuchungsmethoden in diesem Monitoring nicht erfasst werden, was im Umkehrschluss auch dazu führt, dass additive Effekte nicht zweifelsfrei bestätigt werden können. Es wurde jedoch gezeigt, dass bei Jungforellen ein Aufenthalt von nur wenigen Tagen in einem Gewässer zu einem kompetitiven Vorteil in der Verteidigung ihres Territoriums gegenüber später eingesetzten Fischen führt (Johnsson & Forser, 2002), was im vorliegenden Fall zumindest in der juvenilen Altersklasse für einen kompetitiven Vorteil von Brütlingen aus natürlicher Reproduktion sprechen würde.

## 4.2 Fischbesatz und Erhalt der genetischen Vielfalt

Eine grosse genetische Vielfalt ist der evolutionäre Grundbaustein einer Population, um sich zukünftigen Veränderungen anzupassen. Entsprechend wichtig ist der Erhalt dieser genetischen Vielfalt bei Besatzmassnahmen (Spalinger & Hefti, 2018). Denn auch wenn Besatzmassnahmen einen additiven Effekt auf eine Population haben, sollte dabei nicht die genetische Vielfalt der verbleibenden Population ausgedünnt werden. Es muss aber nicht nur die genetische Vielfalt an sich erhalten bleiben, sondern spezifisch die Vielfalt, die sich in der zu bewirtschaftenden Population vorfindet. In der Praxis wird dies oftmals mit lokalen Muttertieren oder Wildfängen und Besatz innerhalb definierter Bewirtschaftungseinheiten umgesetzt.

Die genetischen Analysen in Kapitel 3.1 zeigen, dass der Muttertierstamm eine geringere genetische Vielfalt als die «wilden» Populationen in den Zuflüssen aufweist. Da die Besatzerfolgskontrolle in den Zuflüssen teilweise eine hohe Anzahl an Jungfischen aus Besatz nachgewiesen hat, bleibt die Frage offen, wie die genetische Vielfalt dieser Forellenpopulationen vor der Bewirtschaftung mit diesem Muttertierstamm ausgesehen hat.

Wie in Abschnitt 3.1 erwähnt, kann die geringere genetische Vielfalt des Muttertierstammes auf die kleine Anzahl Seeforellen-Gründertiere (Elterntiere des heutigen Muttertierstammes) und einen damit verursachten Flaschenhalseffekt zurückgeführt werden. Da Seeforelle und Bachforelle im gleichen Gewässer eine Einheit formen (Hertig, 2018; Hindar et al., 1991), kann bei der Bewirtschaftung mit einem Muttertierstamm auf Bach- und Seeforellen zurückgegriffen werden und dem Verlust der genetischen Vielfalt durch eine genügend hohe Anzahl Muttertiere in gleichem Geschlechterverhältnis, d.h. mind. 25 Tiere beiden Geschlechts mit idealerweise möglichst vielen Paarungskombinationen, entgegengewirkt werden (Spalinger & Hefti, 2018).

Abschliessend muss festgehalten werden, dass Kompensationsbesatz nur als Überbrückung grundlegender Probleme eines Fischbestandes angesehen werden soll. In den untersuchten Zuflüssen handelt es sich bei diesen Problemen hauptsächlich um Lebensraumdefizite und Beeinträchtigungen der natürlichen Reproduktion. Gerade bei Populationen mit migrierenden Individuen sind durchgängige Gewässersysteme wichtig. Von entsprechend hoher Bedeutung ist die Lebensraumaufwertung und die Wiederherstellung der Gewässerdurchgängigkeit in diesen Zuflüssen, während hingegen allfällige Besatzmassnahmen laufend auf deren Wirksamkeit überprüft und angepasst werden sollten.



### 4.3 Verwandtschaftsbeziehungen im gesamten Gewässersystem

Die Analysen der genetischen Strukturen im gesamten Gewässersystem unter Kapitel 3.4 zeigen, dass zwischen den Forellen in den Zuflüssen des Zürichsees teils grössere genetische Strukturen zu beobachten sind, als sie zwischen den Seeforellen-Probengruppen im Einzugsgebiet gefunden wurden. Es muss jedoch erwähnt werden, dass die historischen Proben aus dem Linthkanal nicht wie die restlichen Proben erst kürzlich gesammelt wurden. Die geringen genetischen Strukturen ausserhalb des Zürichsees und die tiefen  $F_{ST}$ -Werte zeigen Genfluss im System auf, wie er auch in den ähnlichen Untersuchungen von Schneider (2000) beschrieben wurde.

Wie in den Ergebnissen erwähnt, muss in den Zuflüssen des Zürichsees der Einfluss von residenten, stationären Bachforellen berücksichtigt werden. Ebenfalls ist es denkbar, dass unterschiedlichste Besatzstrategien und Besatzerfolge in der Vergangenheit zu solch mosaikartigen genetischen Strukturen führten. Dass ein Teil der Seeforellen aus dem Zürichsee zu den Genotypen aus dem Walensee bzw. den untersuchten Glarner Gewässern zugeordnet werden, stützt die Annahme von Hertig (2018), dass die vergleichsweise kleinen Zuflüsse des Zürichsees möglicherweise nur einen beschränkten Anteil zum Seeforellenbestand im Zürichsee beitragen und dort sympatrisch mit Seeforellen aus den Glarner Gewässern bzw. dem Linthkanal vorkommen. Die Zuflüsse des Zürichsees sind im gesamten System jedoch als separate Einheit bzw. Einheiten zu betrachten.

Umfangreichere Studien, wie das laufende nationale Seeforellenprojekt der Eawag, können für ein gezieltes, interkantonales Fischereimanagement dieser Forellenpopulationen weitere wichtige und feinstrukturierte Erkenntnisse zu den Populationsstrukturen und saisonalen Dynamiken in diesem Gewässersystem liefern, was für das Ausscheiden von gegebenenfalls zufluss-/einzugsgebietsspezifischen Bewirtschaftungseinheiten nützlich ist.

Es muss auch hier erwähnt sein, dass für eine gezielte und nachhaltige Förderung der Seeforellenbestände im gesamten Gewässersystem das Augenmerk auf die Aufwertung der Lebensräume in den Fliessgewässern und der dort stattfindenden, natürlichen Rekrutierung zu legen ist.

## 5 Literaturverzeichnis

- Araki, H., Berejikian, B. A., Ford, M. J., & Blouin, M. S. (2008). SYNTHESIS: Fitness of hatchery-reared salmonids in the wild: Fitness of hatchery fish. *Evolutionary Applications*, *1*(2), 342–355.
- Cornuet, J. M., & Luikart, G. (1996). Description and Power Analysis of Two Tests for Detecting Recent Population Bottlenecks from Allele Frequency Data. *Genetics*, *144*(4), 2001–2014.
- Dodson, J. J., Aubin-Horth, N., Thériault, V., & Páez, D. J. (2013). The evolutionary ecology of alternative migratory tactics in salmonid fishes. *Biological Reviews*, *88*(3), 602–625.
- Earl, D. A., & vonHoldt, B. M. (2012). STRUCTURE HARVESTER: A website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conservation Genetics Resources*, *4*(2), 359–361.
- Estoup, A., Largiader, C., Perrot, E., & Chourrout, D. (1996). Rapid one-tube DNA extraction for reliable PCR detection of fish polymorphic markers and transgenes. *Molecular Marine Biology and Biotechnology*, *5*(4), 295–298.
- Estoup, A., Presa, P., Krieg, F., Vaiman, D., & Guyomard, R. (1993). (CT)<sub>n</sub> and (GT)<sub>n</sub> microsatellites: A new class of genetic markers for *Salmo trutta* L. (brown trout). *Heredity*, *71*(5), 488–496.
- Giger, T., Excoffier, L., Day, P. J. R., Champigneulle, A., Hansen, M. M., Powell, R., & Largiadèr, C. R. (2006). Life history shapes gene expression in salmonids. *Current Biology*, *16*(8), 281–282.
- Goudet, J. (1995). FSTAT (Version 1.2): A Computer Program to Calculate F-Statistics. *Journal of Heredity*, *86*(6), 485–486.
- Goudet, J. (2003). *FSTAT (Version 2.9.4): A program to estimate and test population genetics parameters*. Available from <https://www2.unil.ch/popgen/softwares/fstat.htm>. Updated from Goudet [1995].
- Hertig, A. (2018). *Seeforellen-Management im Kanton Zürich Konzept 2018-2026*. Kanton Zürich, Baudirektion, Amt für Landschaft und Natur, Fischerei- und Jagdverwaltung.
- Hindar, K., Jonsson, B., Ryman, N., & Ståhl, G. (1991). Genetic relationships among landlocked, resident, and anadromous Brown Trout, *Salmo trutta* L. *Heredity*, *66*(1), 83–91.
- Johnsson, J. I., & Forser, A. (2002). Residence duration influences the outcome of territorial conflicts in brown trout (*Salmo trutta*). *Behavioral Ecology and Sociobiology*, *51*(3), 282–286.
- Jonsson, B., & Jonsson, N. (2011). *Ecology of Atlantic Salmon and Brown Trout: Habitat as a template for life histories*. Springer Netherlands.
- Kalinowski, S. T., Taper, M. L., & Marshall, T. C. (2007). Revising how the computer program cervus accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Molecular Ecology*, *16*(5), 1099–1106.

- Kirchhofer, A., Breitenstein, M., & Zaugg, B. (2007). *Rote Liste der Fische und Rundmäuler in der Schweiz*. Rote Liste der Fische und Rundmäuler der Schweiz. Bundesamt für Umwelt, Bern, und Schweizer Zentrum für die Kartographie der Fauna, Neuenburg. Umwelt-Vollzug Nr. 0734.
- Klemetsen, A., Amundsen, P.-A., Dempson, J. B., Jonsson, B., Jonsson, N., O'Connell, M. F., & Mortensen, E. (2003). Atlantic salmon *Salmo salar* L., brown trout *Salmo trutta* L. and Arctic charr *Salvelinus alpinus* (L.): A review of aspects of their life histories. *Ecology of Freshwater Fish*, 12(1), 1–59.
- Kopelman, N. M., Mayzel, J., Jakobsson, M., Rosenberg, N. A., & Mayrose, I. (2015). Clumpak: A program for identifying clustering modes and packaging population structure inferences across K. *Molecular ecology resources*, 15(5), 1179–1191.
- Kottelat, M., & Freyhof, J. (2007). *Handbook of European freshwater fishes*. Kottelat, Cornol, Switzerland and Freyhof, Berlin, Germany.
- Kreienbühl, T., & Vonlanthen, P. (2019). *Besatzmassnahmen mit Forellen—Markierungsversuche 2013 bis 2019 im Kanton Aargau*. ECQUA. Auftraggeber: Kanton Aargau, Departement Bau, Verkehr und Umwelt, Abteilung Wald, Sektion Jagd und Fischerei, Aarau.
- O'Reilly, P. T., Hamilton, L. C., McConnell, S. K., & Wright, J. M. (1996). Rapid analysis of genetic variation in Atlantic salmon (*Salmo salar*) by PCR multiplexing of dinucleotide and tetranucleotide microsatellites. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 53(10), 2292–2298.
- Peakall, R., & Smouse, P. E. (2006). GENALEX 6: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*, 6(1), 288–295.
- Presa, P., & Guyomard, R. (1996). Conservation of microsatellites in three species of salmonids. *Journal of Fish Biology*, 49(6), 1326–1329.
- Pritchard, J. K., Stephens, M., & Donnelly, P. (2000). Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics*, 155(2), 945–959.
- Raymond, M., & Rousset, F. (1995). GENEPOP (version 1.2): Population genetics software for exact tests and ecumenicism. *J. Heredity*, 86(3), 248–249.
- Rhyner, N. (2019). *Using Microsatellite Markers to Assess Post-Stocking Survival and Genetic Structure of Atlantic Trout (Salmo trutta L.) in a Pre-Alpine Water System*. Masterarbeit. ZHAW Zürcher Hochschule für Angewandte Wissenschaften.
- Schneider, B. (2000). *Structure of a Brown Trout (Salmo trutta L.) Population in a Pre-Alpine Water System: Relationship Between Genetics and Ecology*. Dissertation. Universität Zürich.
- Slettan, A., Olsaker, I., & Lie, Ø. (1995). Atlantic salmon, *Salmo salar*, microsatellites at the SSOSL25, SSOSL85, SSOSL311, SSOSL417 loci. *Animal Genetics*, 26(4), 281–282.

- Slettan, A., Olsaker, I., & Lie, Ø. (1996). Polymorphic Atlantic salmon, *Salmo salar* L., microsatellites at the SSOSL438, SSOSL439 and SSOSL444 loci. *Animal Genetics*, 27(1), 57–58.
- Spalinger, L., & Hefti, D. (2018). *Nachhaltiger Fischbesatz in Fliessgewässern. Rahmenbedingungen und Grundsätze*. Bundesamt für Umwelt, Bern. Umwelt-Wissen Nr. 1823.
- 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.
- Vonlanthen, P., Kreienbühl, T., & Schmid, C. (2017). *Populationsgenetische Untersuchungen der Forellen im Kanton Aargau*. Aquabios GmbH, Auftraggeber: Kanton Aargau, Departement Bau, Verkehr und Umwelt, Sektion Jagd und Fischerei, Aarau.
- Zbinden, A. (2018). *Die Seeforellen im Einzugsgebiet vom Walensee*. Abschlussarbeit Certificate of Advanced Studies (CAS) in Süswasserfische Europas. ZHAW Zürcher Hochschule für Angewandte Wissenschaften.