

HECHTGENETIK KANTON AARGAU

Populationsgenetische Untersuchung und Erfolgskontrolle von Besatzmassnahmen



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

Auftragnehmer

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

EAWAG
Fischökologie und Evolution
Seestrasse 79
6047 Kastanienbaum
<http://www.eawag.ch>

Titelbild

Hecht in einem Stehgewässer Foto © Michel Roggo

Autoren

Pascal Vonlanthen: p.vonlanthen@aquabios.ch
Alba Stamm: alba_stamm@hotmail.com

Zitiervorschlag: Vonlanthen, P., Stamm, A. 2018. Hechtgenetik Kanton Aargau – Populationsgenetische Untersuchung und Erfolgskontrolle von Besatzmassnahmen. Aquabios GmbH/EAWAG, 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, der EAWAG und allen Beteiligten Fischern für die Entnahme der zahlreichen Proben, Jakob Brodersen und Philine Feulner für die Rückmeldungen zu einem ersten Berichtsentwurf.

Inhaltsverzeichnis

1	ZUSAMMENFASSUNG	4
2	EINLEITUNG	5
2.1	FISCHRÜCKGANG, BESATZ UND GENETISCHE VIELFALT	5
2.2	BEWIRTSCHAFTUNG DES HECHTS IM KANTON AARGAU	6
2.3	VERBREITUNG UND BIOLOGIE DES HECHTS	6
2.4	FRAGESTELLUNG UND AUFTRAG	7
3	METHODISCHES VORGEHEN	9
3.1	PROBENAHEME	9
3.2	ALTERSBESTIMMUNG	10
3.3	MARKIERUNG BESATZFISCHE	10
3.4	LABOR	11
3.5	FISCHFANGSTATISTIKEN	12
4	RESULTATE	13
4.1	ALTERSBESTIMMUNG	13
4.2	POPULATIONSGENETIK	14
4.3	ERFOLGSKONTROLLE BESATZ	18
4.4	KONSEQUENZ VON HECHTBESATZSTOPPS IN ANDEREN KANTONEN	20
5	SCHLUSSFOLGERUNG	22
6	LITERATURVERZEICHNIS	23
7	ANHANG	25
7.1	LISTE DER GENUTZTEN MIKROSATELLITEN-MARKER	25
7.2	BASIS-ANALYSEN	26

1 Zusammenfassung

Der anthropogene Druck auf unsere Gewässer ist immens. An den Fischen geht dies nicht spurlos vorbei. So sind die Bestände vieler Fischarten in den letzten Jahrzehnten in vielen Gewässern stark zurückgegangen. Gewisse Arten wie der Hecht weisen zwar keinen Rückgang auf, sind aber je nach Gewässer einem starken Befischungsdruck ausgesetzt. Zudem beeinflussen wechselnde Umweltbedingungen während der Fortpflanzungszeit möglicherweise den Erfolg der natürlichen Fortpflanzung. Um den möglichen Konsequenzen dieser Einflüsse entgegenzuwirken wird an gewissen Gewässern versucht, die Hechtpopulationen durch Fischbesatz zu stützen.

Von einer fischereilichen Bewirtschaftung, die ungeachtet der Herkunft von Besatzfischen praktiziert wird, geht jedoch eine Bedrohung für die genetische Integrität und möglicherweise auch für die Fitness der lokalen Bestände aus. Das Ziel einer nachhaltigen Bewirtschaftung der Fischbestände muss daher nebst der Sicherung des Bestands auch sein, die genetischen Eigenschaften einer lokal angepassten Population zu erhalten.

Es stellte sich die Frage, ob es zwischen Hechten der verschiedenen Gewässer (Hallwilersee, Aare, Rhein, Reuss und Limmat) genetische Unterschiede gibt. Zudem stellte sich die Frage, wie gross der Anteil Hechte in den einzelnen Populationen ist, die aus dem Besatz stammen, und welche Rückschlüsse sich daraus über den Erfolg der Besatzmassnahmen ziehen lassen.

Die Auswertung der genetischen Daten zeigen, dass sich die Hechte aus den verschiedenen Gewässern im Kanton Aargau genetisch signifikant unterscheiden. Daher sollte in Zukunft auf einen Besatz der grossen Flüsse (Aare, Rhein, Reuss, Limmat) mit Hechten aus dem Hallwilersee verzichtet werden. Zudem wird empfohlen, auch in Fliessgewässern möglichst auf grossräumige Verschiebungen von Hechten zu verzichten. Dies im Sinne einer lokalen und nachhaltigen Bewirtschaftung der Fischbestän-

de. Folgende Bewirtschaftungseinheiten sollten berücksichtigt werden:

1. Hallwilersee
2. Flüsse
 - Aare
 - Reuss
 - Rhein
 - Limmat

Bei der Identifikation des Ursprungs der Hechte aus Flüssen konnten keine Hechte gefunden werden, die von den Besatzmassnahmen aus dem Hallwilersee stammten. Die bisher getätigten Besatzmassnahmen von Hechten in Flüssen müssen daher als nicht ertragssteigernd eingestuft werden.

Demgegenüber überleben die besetzten Hechte im Hallwilersee gut. Ca. 55% der untersuchten Individuen stammten von den Besatzmassnahmen ab. Ihr Anteil am Bestand nimmt aber mit der Zeit leicht ab. Aufgrund des Resultats kann jedoch nicht beurteilt werden, ob der Besatz zu einer Erhöhung des Hechtbestands beiträgt oder nicht. Es ist anzunehmen, dass auch im Hallwilersee dichteabhängige Prozesse den Bestand regulieren und nicht nur die Anzahl Jungfische, die in das System gelangen. Ob der Besatz tatsächlich zur Erhöhung des Bestands führt, kann nur nachgewiesen werden, wenn der Besatz für einige Jahre sistiert wird und die Entwicklung des Bestands im See überwacht wird.

Eine Abklärung der Hechtbewirtschaftung in anderen Schweizer Seen hat diesbezüglich ergeben, dass sich die Hechtfangzahlen in den meisten Seen nicht negativ verändert haben, seit Laichfischfang und Besatzmassnahmen aufgegeben wurden. In Anbetracht der Tatsache, dass Naturverlaichung im Hallwilersee nachgewiesen wurde, und dass die Uferhabitate im See in einem recht naturnahen Zustand sind und ausreichend Laichhabitate aufweisen, wird empfohlen den Hechtbesatz im Hallwilersee für 5 Jahre zu sistieren und die Entwicklung des Hechtbestands im Hallwilersee zu beobachten.

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, die Wasserqualität und den Klimawandel entsteht, ist immens. An den Fischen geht dies nicht spurlos vorbei. So sind die Bestände vieler Arten, wie z.B. der Forelle oder der Äsche in den letzten Jahrzehnten in vielen Gewässern stark zurückgegangen. Andere Fischarten wie der Hecht weisen keinen Rückgang auf, in gewissen Gewässern nehmen die Fangzahlen sogar zu. Sie sind aber je nach Gewässer einem recht starken Befischungsdruck ausgesetzt. Zudem beeinflussen wechselnde Umweltbedingungen während der Fortpflanzungszeit im Frühling möglicherweise den Erfolg der natürlichen Fortpflanzung des Hechts.

Um den möglichen Konsequenzen dieser Einflüsse entgegenzuwirken, wird in verschiedenen Schweizer Gewässern versucht, die Hechtpopulationen durch Fischbesatz zu stützen. Es wird davon ausgegangen, dass die Populationsgrößen der natürlichen oder durch die Fischerei verursachten schwankenden Jahrgangsstärken durch diesen Besatz stabilisiert werden und allenfalls die fehlende natürliche Reproduktion kompensiert wird [1]. Der Erfolg solcher Besatzmassnahmen variiert stark [2–4]. Darüber hinaus werden nach und nach auch die negativen Auswirkungen erkannt, die der Besatz auf die Fitness, die genetische Vielfalt und auf die Erhaltung von lokalen Anpassungen der Populationen haben kann [5–9]. Das Bundesamt für Umwelt (BAFU) hat aufgrund dieser Erkenntnisse einen Leitfaden publiziert, der eine Aufzuchtpraxis vorschlägt, die zu einer Minimierung dieser negativen Auswirkungen führen soll [5]. Die Auswirkungen der künstlichen Verpaarung und der Selektion innerhalb einer Zucht können jedoch nur marginal eliminiert werden.

Die genetische Vielfalt der lebenden Organismen bildet gemeinsam mit der Artenvielfalt und der Vielfalt der Ökosysteme, einen der drei Grundpfeiler für die globale Biodiversität. Es ist erwiesen, dass die genetische Vielfalt für das Überleben einer Art eine entscheidende Rolle spielt [10]. 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 [11, 12]. 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 [10]. 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 (Verlust von lokaler Anpassung) zu erwarten, die sich auf die Überlebensfähigkeit (Fitness) der Population auswirken.

Von einer fischereilichen Bewirtschaftung, die ungeachtet der Herkunft von Besatzfischen praktiziert wird, geht demnach eine Bedrohung für die genetische Integrität und möglicherweise auch für die Fitness der lokalen Bestände aus [11]. Das Ziel einer nachhaltigen Bewirtschaftung der Fischbestände muss daher sein, die genetischen Eigenschaften einer lokal angepassten Population zu erhalten.

2.2 Bewirtschaftung des Hechts 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 demnach auch einen Fisch-

einsatz von standortgerechten Besatzfischen vor. Die Fischereifachstelle des Kantons Aargau nahm bisher an, dass es sich bei den Hechten im Kanton Aargau um eine einzige Population handelt, nämlich die des Rheineinzugsgebietes.

In der Schweiz liegen bisher keine genetischen Studien über die Verwandtschaft der Hechtpopulationen aus verschiedenen Gewässern vor. Daher stehen auch keine Informationen zur Verfügung, die eine biologisch sinnvolle Einteilung in Bewirtschaftungseinheiten ermöglicht. Gemäss internationalen Studien sind die genetischen Unterschiede bei nah gelegenen Seen eher gering [6], bei weiter entfernten isolierten Seen jedoch teilweise sehr gross [7].

In der Praxis wurde der Laichfischfang für Hechte im Kanton Aargau ausschliesslich im Hallwilersee durchgeführt. Die Hechte wurden im Frühjahr hauptsächlich mit Reusen gefangen und anschliessend gestreift. Die daraus gewonnenen Hechtbrütlinge wurden im Hallwilersee, im Rhein, in der Limmat, in die Reuss und in die Aare ausgesetzt (insbesondere in Staubereichen). Inwiefern die besetzten Hechte aus dem Hallwilersee in den Flüssen überleben konnten war unklar und teilweise umstritten.

2.3 Verbreitung und Biologie des Hechts

Das natürliche Verbreitungsgebiet des Hechts umfasst annähernd die gesamte Nordhemisphäre [13, 14]. Der Hecht kommt sowohl in stehenden, als auch in fliessenden Gewässern vor, meidet aber kühle Gewässer. In der Schweiz kommt er hauptsächlich in Seen, Weihern, Stauhaltungen und grösseren Flüssen wie Rhein, Aare und Limmat vor.

Der Hecht ist ein räuberischer Fisch, der sich schon in jungem Alter piscivor, d.h. von Beutefischen, ernährt. Die bevorzugten Lebensräume sind struk-

turierte Uferzonen (Abbildung 2-1). Sie können aber auch im Pelagial von grösseren Seen auf Beutejagd gehen. Die Fortpflanzung findet im Frühling in Bereichen mit geringer Wassertiefe oder überschwemmten Riedwiesen statt (Abbildung 2-1). Die haftenden Eier werden dabei auf Pflanzen abgelegt. Die Jungfische schlüpfen bereits nach ca. 10-15 Tagen Inkubationszeit. Hechte können über 30 Jahre alt und mehr als 1.5m lang werden. Sie sind insbesondere für die Angelfischerei eine beliebte Zielart.



Abbildung 2-1. Links: die Fortpflanzung findet in seichten Gewässerbereichen auf Vegetation statt. Rechts: Der Hecht mag strukturierte Habitate um seinen Beutetieren aufzulauern. Fotos © Michel Roggo



Abbildung 2-2. Hecht aus einem Schweizer Gewässer. Foto © Michel Roggo

2.4 Fragestellung und Auftrag

Folgende Fragestellungen standen im Fokus dieser Arbeit:

- Gibt es zwischen Hechten der verschiedenen Gewässer (Hallwilersee, Aare, Rhein, Reuss und Limmat) im Kanton Aargau genetische Unterschiede (kantonale Übersicht)?
- Sind die Hechte aus dem Hallwilersee für Besatzmassnahmen in den grossen Flüssen, bezogen auf die Gesetzgebung und das Besatzkonzept, in den jeweiligen Gewässern geeignet?

- Können Konsequenzen der bisherigen Besatzmassnahmen auf die Genetik der lokalen Hechtpopulationen festgestellt werden?
- Welche lokalen Bewirtschaftungseinheiten sollten aufgrund der genetischen Ergebnisse im Kanton Aargau ausgeschieden werden?
- Wie gross ist der Anteil Hechte in den einzelnen Populationen, die aus dem Besatz stammen und welche Rückschlüsse lassen sich daraus über den Erfolg der Besatzmassnahmen ziehen?
- Wie entwickeln sich die Fangzahlen in anderen Seen mit Besatzstopp?



Abbildung 2-3. Hecht der in der aquatischen Vegetation eines Sees seinen Beutetieren auflauert. Foto © Michel Roggo

3 Methodisches Vorgehen

3.1 Probenahme

Die genetischen Proben wurden vom Kanton (Fischereiaufseher, Angelfischer, Berufsfischer) und von der EAWAG (Progetto Fiumi) gesammelt. Insgesamt wurden von 732 Hechten Proben entnommen (Tabelle 3-1). Davon stammten 577 aus dem Hallwilersee, wovon 248 in den Jahren 2014 und 2015 als Elterntiere für die Aufzucht von Hechten dienten.

Aus der Aare stammten 47 Proben, aus der Reuss 27, aus dem Rhein 67 und aus dem Baldeggersee 13 Proben. Aus der Limmat standen leider keine Proben für die Untersuchung zur Verfügung. Von 395 Hechten wurde das Alter bestimmt. 528 Hechte wurden genetisch analysiert.

Tabelle 3-1. Im Rahmen dieser Studie untersuchte Anzahl Proben der Aare, der Limmat, der Reuss, des Rheins sowie des Hallwilersees und des Baldeggersees.

Gewässer	Revier, Fangort	Anzahl Proben	Anzahl Altersbestimmung	Anzahl Genetik
Aare	6	1	1	1
Aare	18	15	15	15
Aare	Aarburg un. KW	1		1
Aare	Frey-Kanal	3		3
Aare	OW KW Rüchlig Aarau	1		1
Aare	Ruppoldingen ob. KW - EAWAG	25	25	25
Aare	Schatzmann Aare	1	1	1
Baldeggersee		13		13
Hallwilersee	215	92	65	28
Hallwilersee	216	179	83	120
Hallwilersee	217	306	151	225
Limmat	RW KW Schiffmühle	1		1
Reuss	651	17	17	17
Reuss	653 - Bei Spinnerei Kunz Gebenstorf	1	1	1
Reuss	653- Bei Schiessanlage Gebenstorf	1	1	1
Reuss	Bremgarten - EAWAG	4	4	4
Reuss	Schatzmann	1	1	1
Reuss	Schatzmann Reuss Gebenstorf	3	3	3
Rhein	5	7	7	7
Rhein	6	13	3	13
Rhein	9	9	9	9
Rhein	10	2	2	2
Rhein	Kaiseraugst	1		1
Rhein	KW Rheinfelden, Aufstiegsgewässer	4		4
Rhein	KW Albruck-Dogern, UG Wehr link	2		2
Rhein	KW Rheinfelden Aufstiegsgewässer DE	15		15
Rhein	KW Rheinfelden Schlitzpass CH	4		4
Rhein	Rhein Los 8	1	1	1
Rhein	Rhein Los 9	5	5	5
Rhein	Rheinkraftwerk Albruck-Dogern	2		2
Rhein	Stauraum KW Rheinfelden, Standort 10	1		1
Rhein	Zurzach Badi	1		1
Total		732	395	528

3.2 Altersbestimmung

Die Altersbestimmung der Hechte wurde durch das Departement Bau, Verkehr und Umwelt, Abteilung Wald, Sektion Jagd und Fischerei, des Kantons Aargau vorgenommen. Die Resultate wurden für diesen Bericht zur Verfügung gestellt.

Um das Alter zu bestimmen, wurden die einzelnen Schuppen gereinigt und unter einem Schuppenlesegerät begutachtet. Die Anzahl sichtbarer Jahresringe wurde für die Altersbestimmung herangezogen.



Abbildung 3-1. Schuppe eines 85.7cm langen Hechts. Dieser Fisch war wahrscheinlich 5-jährig (5+).

3.3 Markierung Besatzfische

Um die Besatzfische von den Wildfischen zu unterscheiden, wurden die eingesetzten Fische "genetisch" markiert. Dazu wurden der genetische Fingerabdruck von allen 2014 und 2015 verwendeten Elterntieren bestimmt. Die Nachkommen dieser Elterntiere wurden dann als Besatzfische verwendet. Bei den Erfolgskontrollen in den Jahren nach dem Besatz wurden den potentiellen Besatzfischen aus dem Gewässer ebenfalls Gewebeproben entnommen. Mit diesen Proben konnte der genetische Fingerabdruck der Fische bestimmt werden. Die direkten Nachkommen der Zuchtfische konnten danach mit Vaterschaftstests den jeweiligen Elterntieren zugewiesen werden.

Die genetische Zuweisung via Vaterschaftsanalyse wurde für Hechte, die aufgrund der Altersanalysen den Kohorten 2014 und 2015 angehörten und theoretisch aus den Besatzmassnahmen von 2014 und 2015 stammen könnten, durchgeführt.

3.4 Labor

3.4.1 Auswahl der Marker

Um die genetischen Unterschiede und Verwandtschaften zwischen verschiedenen Populationen oder Arten zu prüfen, werden häufig so genannte Mikrosatelliten angewandt. Diese sind für populationsgenetische Untersuchungen nützlich, da sie selektiv meistens neutral sind und eine hohe Mutationsrate aufweisen, sodass sie auch rezente Ereignisse im Genom reflektieren können. In der vorliegenden Studie wurden 18 solcher Mikrosatelliten-Loci untersucht. Da das Genom der Hechte diploid ist, kommen alle Mikrosatellitenloci zweimal im Genom vor. Man nennt jede einzelne dieser Kopien ein Allel. Mit der Information über die Verteilung dieser Allele in den verschiedenen Populationen kann überprüft werden, ob sie sich genetisch voneinander unterscheiden oder nicht. Auch Vaterschaftsanalysen beruhen auf diesen Daten.

Bei der Auswahl der Marker wurde darauf geachtet, dass diese genügend vielfältig sind. Die Informatio-

nen zu den einzelnen Markern können aus den Originalpublikationen entnommen werden (siehe Tabelle in Anhang 7.1). Nach der Markerauswahl mussten die DNS-Amplifikationsprotokolle (Polymerase Kettenreaktion, PCR) etabliert werden. Dazu wurde die Funktionalität der Primer getestet. In einem zweiten Schritt wurde ein Multiplex-PCR-Protokoll entwickelt. Dabei wurden die verschiedenen Primerpaare [15] in einer PCR-Reaktion zusammen verstärkt. Dies konnte durch die Anwendung von unterschiedlichen Fluoreszenzmarkierungen an den Primersequenzen erreicht werden. So entstanden folgende multiplex Sätze mit den entsprechenden Farben: Multiplex Satz 1: Elu76, Eluc040 und EL20 (grün); PkB47, Eluc002 und EL17 (blau); Eluc045 und B304 (rot); B24 (gelb). Multiplex Satz 2: Elu76, B451 und Eluc033 (grün); Elu19, EmaD12a und EL01 (blau); EluB108INRA (rot); Pkb16 (gelb).

3.4.2 DNS-Extraktion, Polymerase-Kettenreaktion (PCR) und Sequenzieren

Die Desoxyribonukleinsäure (DNS) wurde aus kleinen Flossenstückproben mit einer Chelexmethode extrahiert. Dabei wird ein kleines Fischgewebestück in einer Chelex-Lösung und Proteinase K bei 55°C während zwei Stunden verdaut und danach zentrifugiert, um Geweberückstände zu eliminieren. Die verbleibende Lösung wird für die Polymerase-Kettenreaktion (PCR) verwendet.

Die PCR der DNS wurde in einem Reaktionsvolumen von 5µl mit den folgenden Inhaltsstoffen durchgeführt: 2.5µl QIAGEN Multiplex PCR Master mix, 1.75µl ddH₂O, 0.6µl DNS und 0.15l Primer mix. Das PCR-Profil beginnt mit der Denaturierung der DNS bei 95°C für 15 Minuten, gefolgt von 35 Zyklen von 30 Sekunden bei 94°C, 90 Sekunden bei 58°C, 90 Sekunden bei 72°C und endet mit einem Zyklus

von 10 Minuten bei 72°C. Die Identifikation der Mikrosatelliten-Allele wurde anhand der Fragmentanalysesoftware GeneMapper 4.0 (Applied Biosystems International) durchgeführt.

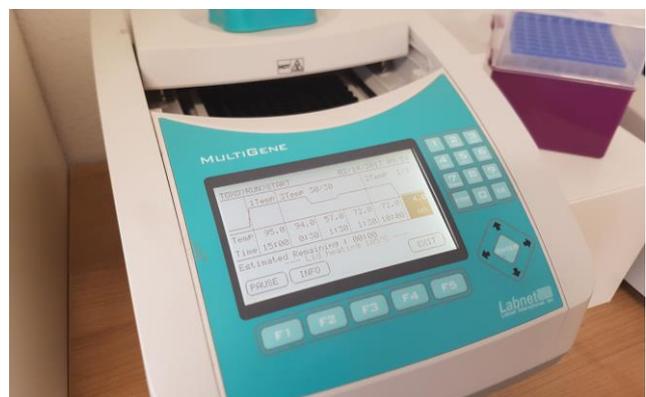


Abbildung 3-2. PCR-Maschine, die für die Amplifizierung der DNS benutzt wird.

3.4.3 Genetische Analysen

Für statistische Auswertungen wurden folgende gängige populationsgenetischen Programme verwendet: GENEPOP [15] (Berechnung von H_A , H_O und Fishers Exact-Test), FSTAT [16] (Berechnung von A_R , A_N , F_{IS}), STRUCTURE (Individuelle Populationszuweisung) [17], ARLEQUIN (F_{ST} , Linkage Disequilibrium)

[18] und CERVUS (Vaterschaftsanalyse) [19]. Falls sinnvoll und notwendig wurde die Funktionsweise einer Analyse oder eines Tests direkt in den Resultaten besprochen. Einige Probenahme-Standorte wurden für gewisse statistische Analysen wegen zu kleiner Stichprobengrößen ausgeschlossen.

3.5 Fischfangstatistiken

In gewissen Kantonen wurden bereits Hechtbesatzstopps umgesetzt. Um Erkenntnisse darüber zu gewinnen, wie sich die Hechtfänge nach einem Besatzstopp entwickeln, wurden daher die Kantone Zürich, Bern, Freiburg, Waadt, St. Gallen und

Schwyz sowie die IBKF angeschrieben und gebeten Fischfangstatistiken und Besatzzahlen ihrer Seen zu Verfügung zu stellen. Die Entwicklung der Fangzahlen vor und nach dem Besatzstopp wurde ausgewertet.



Abbildung 3-3. Kapitale Hechte sind eine gesuchte Beute für Angelfischer. Foto © Michel Roggo

4 Resultate

4.1 Altersbestimmung

Gemäss den Altersbestimmungen waren die 10-40cm grossen Hechte hauptsächlich 1- und 2-jährige Hechte (Abbildung 4-1, Abbildung 4-2). Ab 40-60cm ist der Anteil 3+-Hechte recht gross. Bei den 50-70cm grossen Hechten war der Anteil an 4+-Fischen am höchsten.

Klar ersichtlich ist die zunehmende Länge der Hechte mit dem Alter (Abbildung 4-2). Sie scheinen in den Flüssen etwas rascher zu wachsen als im Hallwilersee. Der Unterschied beträgt bei 4+-Hechten 6-10 cm und bleibt danach in etwa konstant (Abbildung 4-3).

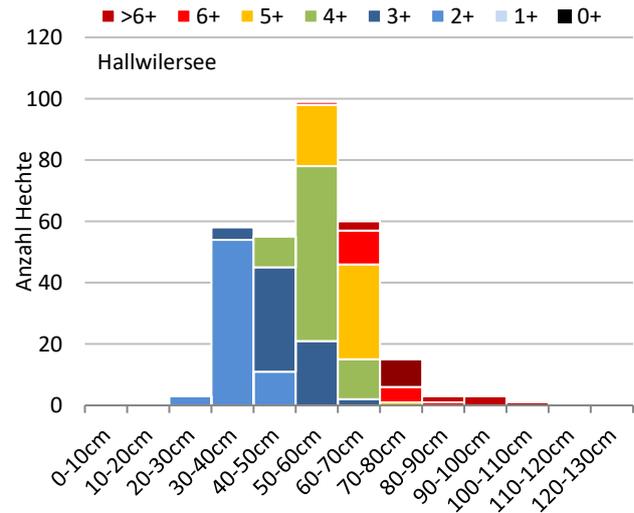
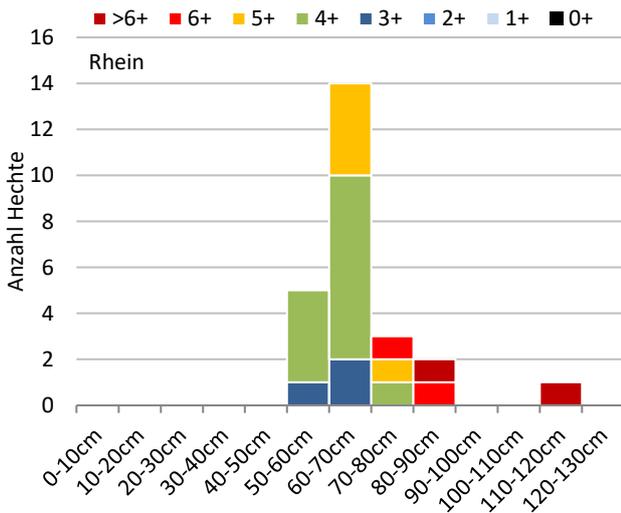
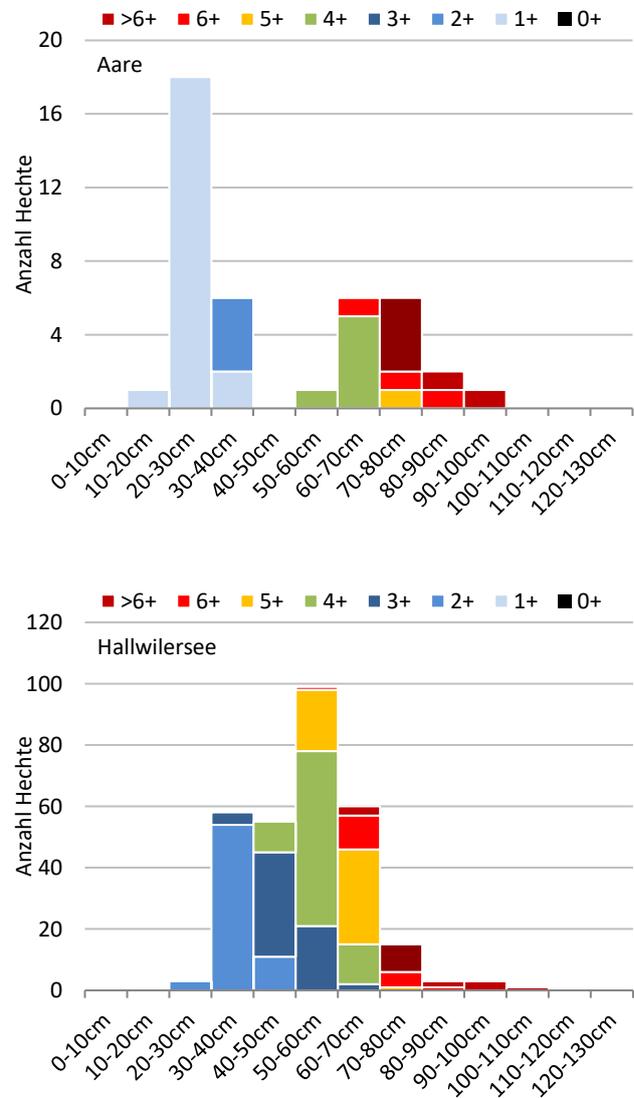
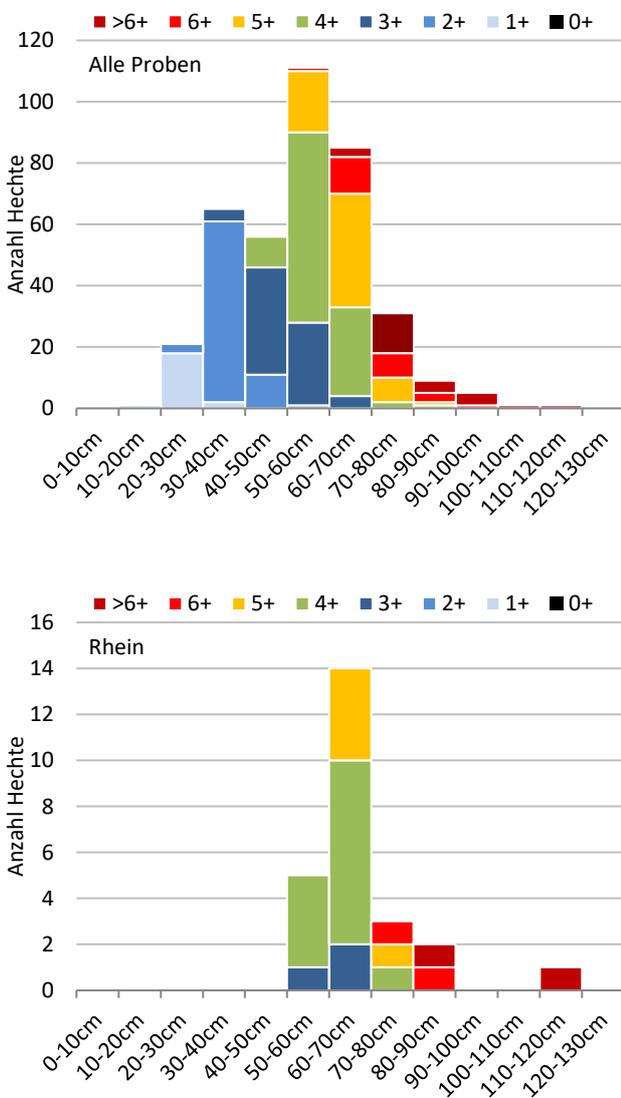


Abbildung 4-1. Alters- und Längenverteilung der Hechte, für die das Alter bestimmt werden konnte.

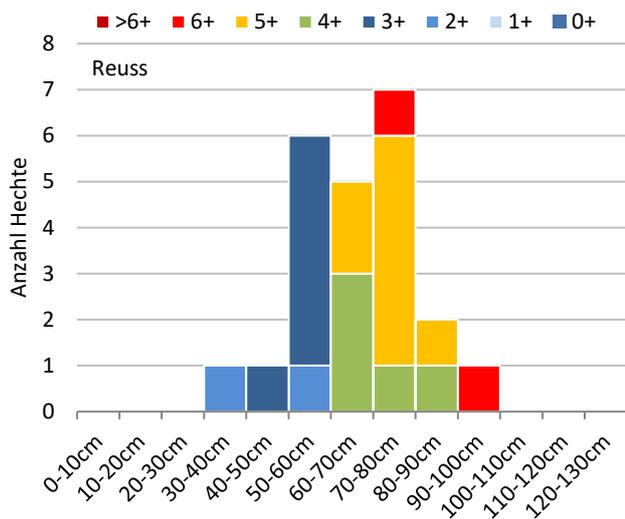


Abbildung 4-2. Alters- und Längenverteilung der Hechte, für die das Alter bestimmt werden konnte.

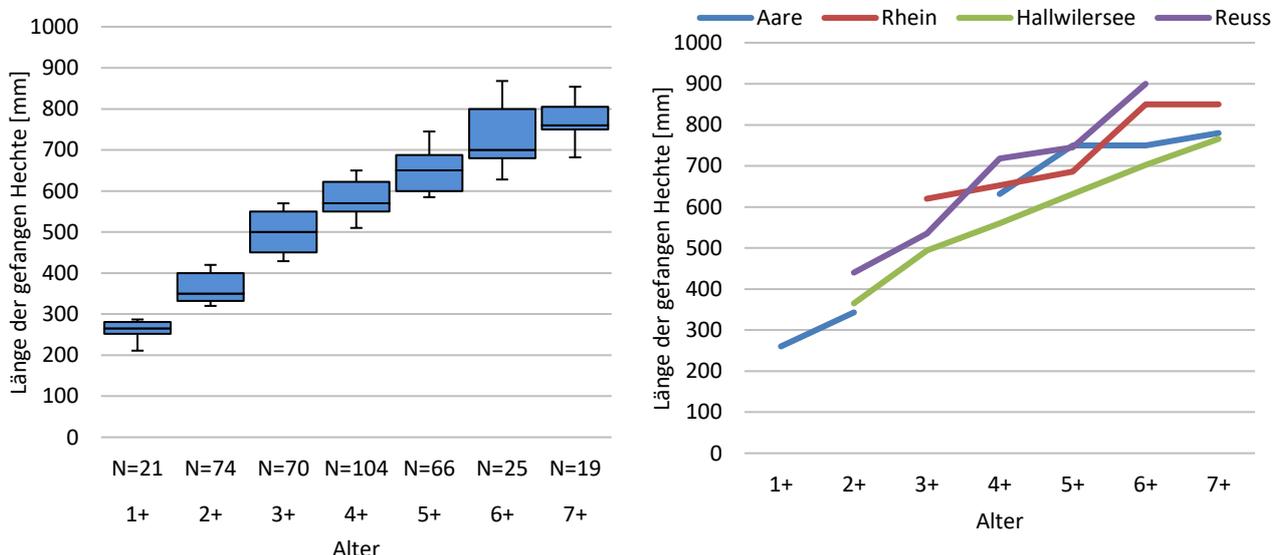


Abbildung 4-3. Wachstumskurve der Hechte im Kanton Aargau (links alle Proben, rechts getrennt nach Gewässer).

4.2 Populationsgenetik

4.2.1 Gibt es zwischen Hechten der verschiedenen Gewässer (Hallwilersee, Aare, Rhein, Reuss und Limmat) im Kanton Aargau genetische Unterschiede (kantonale Übersicht)?

Das meistangewandte Mass für die genetische Differenzierung zwischen Populationen ist der F_{ST} -Wert (oder F_{ST} -Index). Dieser kann Werte zwischen 0 (keine Differenzierung) und 1 (vollständig verschieden) annehmen. Die F_{ST} -Werte wurden im Programm ARLEQUIN v. 3.1 berechnet [18].

Die Resultate zeigen, dass zwischen den verschiedenen Hechtpopulationen meistens signifikante genetische Unterschiede vorliegen (Tabelle 4-1). Insbesondere die genetischen Unterschiede zwischen Hechten aus dem Hallwilersee und solchen aus der Aare, dem Rhein und der Reuss sind recht hoch (F_{ST} -Wert zwischen 0.033 und 0.094) und jeweils hochsignifikant. Zwischen den drei Fließge-

wässerpopulationen sind die Werte tiefer (F_{ST} -Werte zwischen 0.012 und 0.028) aber die Unterschiede sind nach wie vor signifikant.

Interessant ist, dass auch zwischen den verschiedenen Hechtprobenahmen im Hallwilersee signifikante Unterschiede beobachtet werden konnten. Die F_{ST} -Werte sind im Vergleich mit den Flusspopulationen zwar tiefer (F_{ST} -Werte zwischen 0.002 bis 0.034), was auf einen geringeren Genfluss hinweist, aber die Unterschiede sind trotzdem oft signifikant.

Wie dieses überraschende Resultat erklärt werden kann ist unklar. Auffallend ist, dass die Hallwilerseepopulationen einen Heterozygotenüberschuss aufweisen (also mehr heterozygote Genotypen als dies im Hardy-Weinberg-Gleichgewicht erwartet werden würde, vgl. Anhang). Auch konnten viele Abweichungen vom "Linkage Equilibrium" beobachtet werden. Verschiedene Hypothesen können herangezogen werden, um ein solches Resultat erklären zu können. So könnte ein Besatz mit Hechten von ausserhalb des Sees diese Ergebnisse erklären. Aber auch eine echte genetische Differenzierung zwischen zwei oder mehr Hechtpopulationen wäre theoretisch möglich. Schliesslich sind auch Artefakte

Tabelle 4-1. F_{ST} -Werte, die zwischen Hechten aus den verschiedenen Standorten/Befischungen beobachtet wurden. Die Hintergrundfarbe entspricht der Höhe der F_{ST} -Werte (Blau= tiefe Werte; Rot= hohe Werte). Oberhalb der Diagonalen sind die p-Werte angegeben: *:p<0.05; **:p<0.01; ***:p<0.001; n.s.: nicht signifikant.

Population		N	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	HW Elterntiere 216 2014	65	-	***	***	***	***	***	***	***	n.s.	***	***	***
2	HW Elterntiere 217 2014	40	0.026	-	***	**	***	**	*	n.s.	n.s.	***	***	***
3	HW Elterntiere 216 2015	30	0.012	0.018	-	**	*	n.s.	***	***	n.s.	***	***	***
4	HW Elterntiere 217 2015	112	0.019	0.005	0.008	-	**	*	**	**	n.s.	***	***	***
5	HW 215 2014-2017	28	0.018	0.023	0.008	0.013	-	*	***	***	n.s.	***	***	***
6	HW 216 2016+2017	25	0.014	0.009	0.002	0.005	0.008	-	**	***	n.s.	***	***	***
7	HW 217 2016	50	0.026	0.005	0.017	0.005	0.025	0.011	-	*	*	***	***	***
8	HW 217 2017	23	0.028	0.002	0.021	0.009	0.034	0.016	0.008	-	*	***	***	***
9	Baldeggersee	13	-0.001	0.008	-0.001	0.006	0.004	-0.005	0.013	0.01	-	***	***	***
10	Reuss	27	0.084	0.078	0.069	0.072	0.094	0.068	0.081	0.074	0.073	-	***	***
11	Rhein	67	0.053	0.051	0.045	0.045	0.059	0.04	0.056	0.056	0.043	0.017	-	***
12	Aare	47	0.049	0.033	0.042	0.035	0.052	0.037	0.039	0.039	0.036	0.028	0.012	-

in den genetischen Daten als Möglichkeit nicht auszuschliessen. Dies obwohl die Prüfung der Datenqualität nicht in diese Richtung hinweisen (z.B. Ausschluss von Loci mit signifikant erhöhten Linkage Disequilibrium ergab dasselbe Resultat).

Demgegenüber weisen die Populationen in den Flüssen ein Homozygotenüberschuss auf. Letzteres könnte durch einen Wahlhund-Effekt verursacht worden sein. Dies ist der Fall, wenn mehrere genetisch leicht differenzierte Populationen beprobt wurden, was in den durch Wehre fragmentierten Gewässern eher wahrscheinlich ist, da auch die Proben von unterschiedlichen Standorten stammen.

Insgesamt kann mit Sicherheit festgehalten werden, dass sich die Hechte aus den verschiedenen Gewässern im Kanton Aargau genetisch signifikant unterscheiden. Der genetische Unterschied zwischen Hallwilersee und Baldeggersee kann aufgrund der zu kleinen Stichprobengrösse der Hechte aus dem Baldeggersee nicht beurteilt werden. Wieso sich die Hechte innerhalb des Hallwilersees genetisch unterscheiden kann nicht beantwortet werden und müsste vertieft untersucht werden.

4.2.2 Sind die Hechte aus dem Hallwilersee für Besatzmassnahmen in den grossen Flüssen, bezogen auf die Gesetzgebung und das Besatzkonzept, in den jeweiligen Gewässern geeignet?

Der Kanton Aargau strebt eine lokale Bewirtschaftung der Fischpopulationen an. Diese bezweckt, dass lokale Anpassungen erhalten bleiben, und versucht die möglichen negativen Auswirkungen von Besatzmassnahmen zu minimieren. Nach diesem Grundsatz sollten Gewässer nur dann zusammen bewirtschaftet werden, wenn keine oder kaum natürliche Einschränkungen des Genflusses vorliegen.

Die zwischen dem Hallwilersee und den grossen Flüssen beobachteten F_{ST} -Werte weisen auf einen deutlich reduzierten Genfluss zwischen diesen Populationen hin (Abbildung 4-4). Mit bis zu 0.094 sind die beobachteten genetischen Unterschiede teilweise sogar gross.

Daher sollte in Zukunft auf einen Besatz der grossen Flüsse (Aare, Rhein, Reuss, Limmat) mit Hechten aus dem Hallwilersee verzichtet werden.

Zwischen den Flüssen sind die genetischen Unterschiede deutlich kleiner (Abbildung 4-4), aber nach wie vor signifikant. Inwiefern diese Signifikanz durch natürliche Isolationsmechanismen (z.B. das Wanderverhalten der Hechte) oder durch die zahlrei-

chen schwer überwindbaren Wehre zu begründen ist, kann nicht beurteilt werden.

Trotzdem wird empfohlen, auch in Fließgewässern möglichst auf grossräumige Verschiebungen von Hechten zu verzichten. Dies im Sinne einer lokalen und nachhaltigen Bewirtschaftung der Fischbestände.

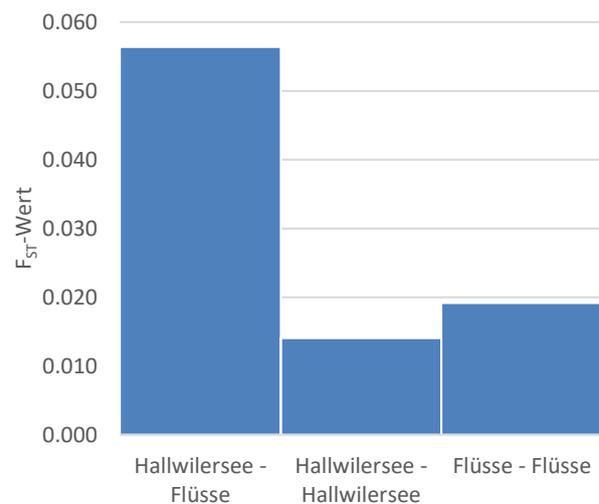


Abbildung 4-4. Mittelwert der zwischen den einzelnen Proben gemessenen genetischen Unterschiede (F_{ST} -Werte).

4.2.3 Können Konsequenzen der bisherigen Besatzmassnahmen auf die Genetik der lokalen Hechtpopulationen festgestellt werden?

Aufbauend auf den vorgängig beschriebenen Erkenntnissen stellt sich die Frage, ob überhaupt einzelne in den letzten Jahren besetzte Hechte in den Gewässern überleben konnten und ob eine genetische Durchmischung der wilden Populationen mit den eingesetzten Hechten nachweisbar ist. Um dies zu klären, wurden die Daten aller Individuen in einer STRUCTURE Analyse [17] zusammengefasst und untersucht. Mit dieser Analyse kann die Anzahl genetischer Gruppen, die sich voneinander unterscheiden, bestimmt werden. Die einzelnen Individuen werden dann anhand der genetischen Information den einzelnen Gruppen zugeteilt.

Die Analyse ergab, dass insgesamt zwei genetische Einheiten unterschieden werden können ($K=2$).

Hechte aus diesen beiden Einheiten lassen sich ziemlich gut dem Hallwilersee und den Flüssen Aare, Rhein und Reuss zuordnen (Abbildung 4-5). Einzelne Fische in den Flüssen werden dabei ganz oder teilweise dem Hallwilersee zugewiesen (blaue Balken auf der rechten Seite). Da auch im Hallwilersee Hechte der Flusspopulation zugewiesen werden (orange Balken auf der linken Seite) wird vermutet, dass ein Grossteil der Fehlzuweisungen auf fehlende Power der Analyse zurückzuführen ist und nicht auf den Besatz von standortfremden Fischen.

Demzufolge kann festgehalten werden, dass keine offensichtlichen rezente genetische Konsequenzen des Besatzes sichtbar sind. Es kann aber nicht ausgeschlossen werden, dass der langjährige Besatz

sich durch eine schleichende Introgression (genetische Vermischung) von Genen ausgewirkt haben könnte. Eine solche ist mit dieser Analyse und anhand der verfügbaren Proben nicht feststellbar. Dazu wären historische Proben notwendig.

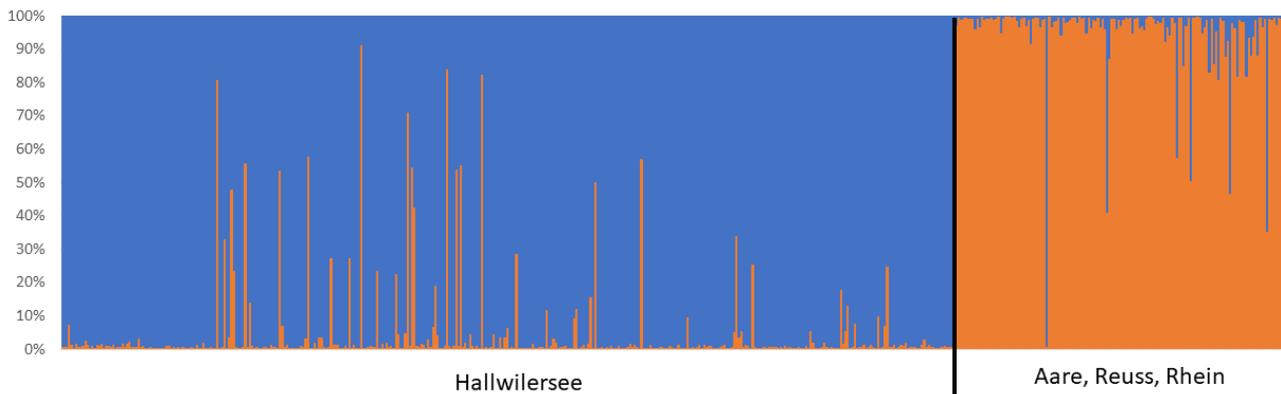


Abbildung 4-5. Resultate der Zuweisungsanalyse für zwei hypothetische Populationen (K=2). Die verschiedenen genetischen Gruppen, die identifiziert wurden, sind in unterschiedlichen Farben dargestellt. Jeder vertikale Balken entspricht einem Individuum. Je einfarbiger ein Balken ist desto wahrscheinlicher gehört dieses Individuum zu dieser Population.

4.2.4 Welche lokalen Bewirtschaftungseinheiten sollten aufgrund der genetischen Ergebnisse im Kanton Aargau ausgeschieden werden?

Die individuelle Zuweisungsanalyse (Abbildung 4-5) konnte zwei genetische Einheiten identifizieren. Die einzelnen Hechtproben konnten dabei einerseits den Flüssen Aare, Reuss sowie Rhein und andererseits dem Hallwilersee zugeordnet werden.

Zusätzliche Hinweise lassen auch innerhalb dieser beiden Populationen noch weitere Substruktur vermuten. Insbesondere die Populationen der Flüsse sind signifikant genetisch voneinander verschieden, weshalb diese möglichst getrennt bewirtschaftet werden sollten, selbst wenn derzeit nicht klar ist, ob diese genetischen Unterschiede eines natürlichen (Wanderungsverhalten) oder anthropogenen (Wanderhindernisse) Ursprungs sind.

Für die Limmat liegen zwar keine Proben vor. Aufgrund der vorliegenden Ergebnisse ist jedoch anzu-

nehmen, dass sich auch die Limmathechte genetisch leicht von den Hechten der anderen Gewässer unterscheiden dürften. Die Limmat sollte daher ebenfalls getrennt bewirtschaftet werden.

Basierend auf diesen Ausführungen und im Hinblick auf eine lokale und nachhaltige Bewirtschaftung der Hechte werden für den Kanton Aargau folgende Bewirtschaftungseinheiten (Abbildung 4-6) vorgeschlagen:

1. Hallwilersee
2. Flüsse
 - a. Aare
 - b. Reuss
 - c. Rhein
 - d. Limmat

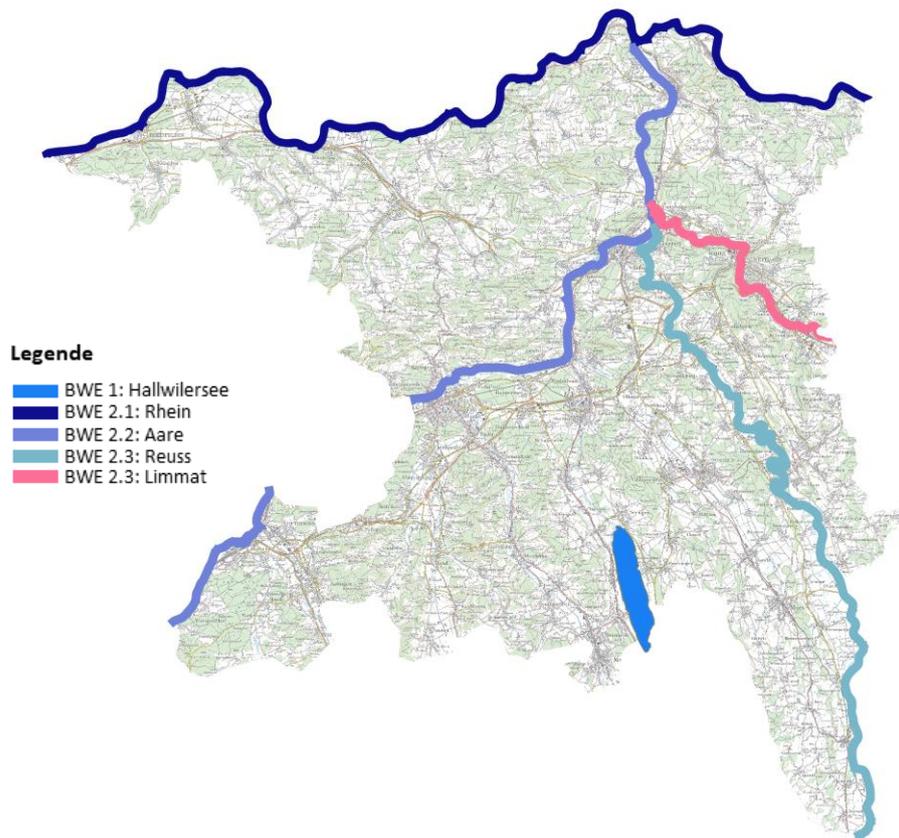


Abbildung 4-6. Bewirtschaftungseinheiten, die aufgrund von genetischen Daten definiert wurden.

4.3 Erfolgskontrolle Besatz

4.3.1 *Wie gross ist der Anteil Hechte in den einzelnen Populationen, die aus dem Besatz stammen und welche Rückschlüsse lassen sich daraus über den Erfolg der Besatzmassnahmen ziehen?*

Aus dem Hallwilersee produzierte Junghechte werden im See selbst und in den Flüssen Aare, Rhein und Reuss ausgesetzt. Bis heute ist unbekannt, ob die Besatzfische in diesen Gewässern überleben und wenn ja, wie hoch ihr Anteil am Fang bzw. in der Population ist. 2014 und 2015 wurde von allen für die Erzeugung von Besatzfischen verwendeten Elterntieren eine Gewebeprobe entnommen. Diese wurde im Rahmen dieser Studie genetisch charakterisiert. Anhand dieses genetischen Fingerabdrucks der Elterntiere konnten die Jungfische, die 2016 und 2017 in den Besatzgewässern gefangen wurden (als zwei und dreijährige Hechte), mittels einer Vaterschaftsanalyse den Elterntieren zugewiesen werden.

Die Resultate zeigen zwei sehr unterschiedliche Bilder. In den Flüssen stammte keine der 39 Proben, von den Besatzmassnahmen ab (Tabelle 4-2). Es konnten also keine Besatzhechte in den Flüssen nachgewiesen werden.

Aus diesen Zahlen kann geschlossen werden, dass in Flüssen kaum Hechte von den Besatzmassnahmen aus den Hallwilerseekohorten von 2014 und 2015 stammen. Diese Besatzmassnahmen müssen daher als nicht ertragssteigernd eingestuft werden.

Tabelle 4-2. Resultate der Vaterschaftsanalyse. In der Spalte "Nachweisen Eltern" sind die Resultate für alle analysierten Proben zusammengestellt. In der Spalte "Nachweisen Eltern richtiger Jahrgang" wurden nur die positiven Individuen gezählt, die laut Altersbestimmung der richtigen Kohorte entsprachen.

Gewässer	Anzahl untersuchte Proben	Anzahl Proben ausrichtiger Kohorte gemäss Altersanalyse	Nachweise Eltern		Nachweise Eltern richtiger Jahrgang	
			N	%	N	%
Aare	47	25	0	0.0%	0	0.0%
Baldegger/Sempachersee	13	0	-	-	-	-
Hallwilersee	126	95	60	63.2%	53	55.8%
Limmat	1	0	-	-	-	-
Reuss	27	11	0	0.0%	0	0.0%
Rhein	67	3	0	0.0%	0	0.0%
Gesamtergebnis	281	134	-	-	-	-

Anders im Hallwilersee: bei 53 (55.8%) der insgesamt 95 Proben konnte zumindest ein Elternteil ermittelt werden (Tabelle 4-2, Alle LOD Werte > 6). Es stammten also etwas mehr als die Hälfte der gefangenen Hechte von den Besatzmassnahmen ab.

Es stellt sich nun die Frage welche Schlussfolgerungen aus diesen Zahlen bzgl. des Erfolges der Besatzmassnahmen im Hallwilersee getroffen werden können. Die Schwierigkeit besteht darin, dass durch diesen Markierungsversuch nicht nachgewiesen werden kann, ob die aus Besatz stammenden Fische sich zu dem vorhandenen Bestand addieren [2, 20]. Dies ist nur dann der Fall, wenn keine starke innerartliche Konkurrenz vorhanden ist, was laut Einschätzung von Experten [2] bei Fischen, wenig wahrscheinlich ist. Sie vermuten eher, dass die besetzten Fische in der Regel der innerartlichen Konkurrenz mit wilden Artgenossen ausgesetzt werden, was bei Hechten in Deutschland bereits nachgewiesen werden konnte [20]. Dies kann kurzfristig zu einer Erhöhung des Bestands von Jungfischen führen, aber nicht zu einem signifikant höheren nutzbaren Bestand (kein höherer Ertrag).

Inwiefern dichteabhängige Prozesse im Gange sind, kann indikativ überprüft werden, indem der Anteil markierter Fische über einen längeren Zeitraum untersucht wird (mindestens zwei Mal). Nimmt der Anteil an markierten Fischen mit der Zeit ab, dann ist davon auszugehen, dass innerartliche Konkurrenz vorliegt. Dieser Rückschluss ist aber nur dann

möglich, wenn Besatzfische einen Fitnessnachteil aufweisen. Kann eine solche Abnahme nachgewiesen werden, oder führt das Markierungsexperiment zu einem Resultat, dass keine eindeutigen Rückschlüsse zulässt, dann sollte ein Experiment mit Besatzverzicht durchgeführt werden, um den realen Besatzerfolg ermitteln zu können.

Ein leichter Rückgang ist im Hallwilersee zwischen den Jahrgängen 2+ und 3+ zu erkennen (Abbildung 4-7). Es ist deshalb möglich, dass dichteabhängige Selektionsprozesse eine Rolle spielen. Ob diese Abnahme real ist oder nicht, und um sicher zu gehen, dass Besatzfische gegenüber natürlichen Nachkommen in direkter Konkurrenz Nachteile haben und damit weniger gut überleben, müssten noch weitere ältere Hechte von den beiden Besatzjahrgängen untersucht werden.

Die Resultate des Markierungsversuchs lassen den Schluss zu, dass Besatzhechte im Hallwilersee nach den Besatzmassnahmen gut überleben. Ihr Anteil am Bestand nimmt mit der Zeit allerdings leicht ab. Aufgrund des Resultats kann nicht beurteilt werden, ob der Besatz zu einer Erhöhung des Hechtbestands beiträgt oder nicht.

Es ist anzunehmen, dass auch im Hallwilersee dichteabhängige Prozesse den Bestand regulieren und nicht, bzw. nicht nur die Anzahl Jungfische die anfangs in das System gelangen. Letzteres wurde bereits in Deutschland für Hechte in einem ste-

henden Gewässer nachgewiesen [20]. Mit einer gewissen Sicherheit kann dies aber nur überprüft werden, wenn der Besatz für einige Jahre sistiert wird und die Entwicklung des Bestands im See überwacht wird.

In Anbetracht der Tatsache, dass eine signifikante Naturverlaichung nachgewiesen wurde, dass die Uferhabitate im See in einem recht naturnahen Zustand sind und ausreichend Laichhabitate aufweisen [21], erscheint ein solcher Versuch ohne grosse Risiken in Form von einem Rückgang der Fangzahlen möglich zu sein. Der Laichfischfang der Berufsfischer und die damit einhergehenden Umsätze würden allerdings entfallen.

4.4 Konsequenz von Hechtbesatzstopps in anderen Kantonen

Wenn der Besatz sich positiv auf den Fischbestand auswirkt wird erwartet, dass die Fangzahlen nach einem Besatzstopp zurückgehen. Aus sieben Seen, in denen ein Hechtbesatzstopp erfolgte, konnten Fangstatistiken ausgewertet werden (Tabelle 4-3, Abbildung 4-8). Diese zeigen in fünf Gewässern keine Änderung der Fangzahlen (Greifensee, Greyerzersee, Lauerzersee, Schiffenensee, Schwarzsee). Im Bodensee nahmen die Fangzahlen nach dem Besatzstopp deutlich zu, im Pfäffikersee etwas ab.

Tabelle 4-3. Angabe zum Jahr in dem der Besatz jeweils aufgegeben wurde.

Gewässer	Kein Besatz mehr seit:
Bodensee	1999
Greifensee	2010
Lac de la Gruyère	2009
Lauerzersee	2015
Pfäffikersee	2010
Schiffenensee	2006
Schwarzsee	1998
Zürichsee	2018
Bielersee	2015
Thunrsee	2015
Brienzersee	2015

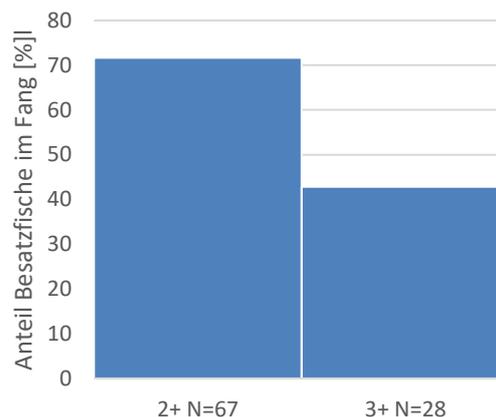


Abbildung 4-7. Anteil 2- und 3-jähriger Hechte, die aus Besatzmassnahmen stammen.

Im Kanton Bern wurde aus Spargründen der Hechtbesatz ab dem Jahr 2015 in allen Gewässern eingestellt. Insofern ist die Zeit noch zu kurz, um gesicherte Aussagen machen zu können. Im Zürichsee ergab die Auswertung von Besatz und Fang eine negative Korrelation [22]. Daher wurde beschlossen seit 2018 keinen Besatz mehr durchzuführen. Im Neuenburgersee, Murtensee und Walensee wurde der Besatz beibehalten. Dies, um den Laichfischfang der Berufsfischer zu ermöglichen und das Knowhow zu erhalten (Auskünfte: Michael Kugler und Frédéric Hofmann). Im Genfersee wird seit 1985 kein Besatz mehr durchgeführt, die Fänge haben sich in dieser Zeit positiv entwickelt, was mit positiven Veränderungen der Umweltbedingungen in Zusammenhang gebracht wird (pers. Mitteilung Frédéric Hofmann).

Insgesamt zeigen die Besatzstoppversuche beim Hecht keinen systematischen Einbruch der Fangzahlen. Sogar in den durch starke Wasserstandsschwankungen beeinträchtigten Stauseen (Greyerzersee und Schiffenensee) sind Anglerfänge nach dem Besatzstopp stabil geblieben.

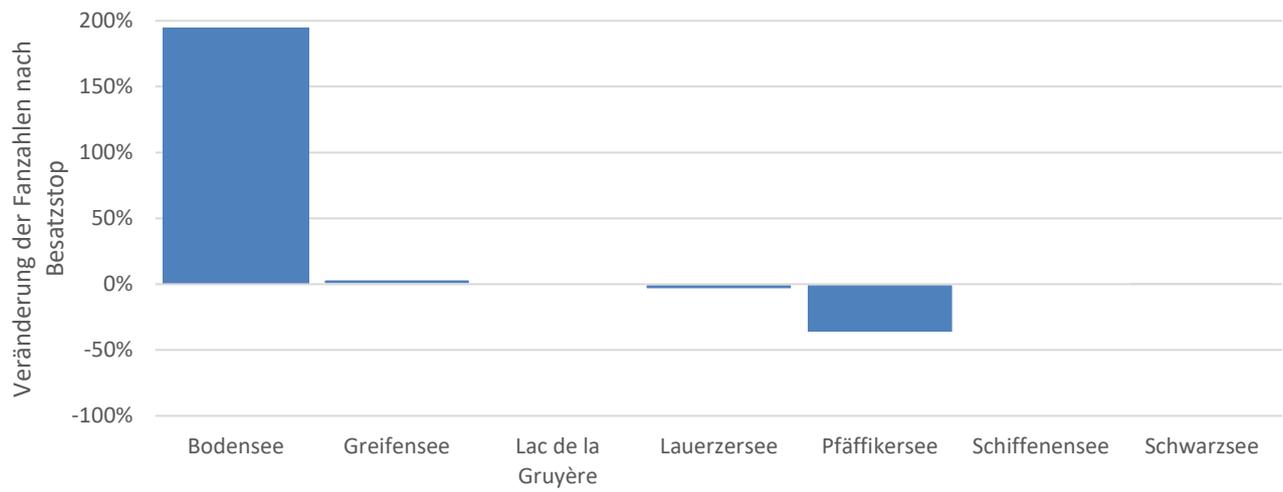


Abbildung 4-8. Veränderung der Fangzahlen seit Besatzstop (in % der vorher gefangen Anzahl Hechte).

5 Schlussfolgerung

Die anfangs gestellten Fragen können zusammenfassend wie folgt beantwortet werden:

- Gibt es zwischen Hechten der verschiedenen Gewässer (Hallwilersee, Aare, Rhein, Reuss und Limmat) im Kanton Aargau genetische Unterschiede (kantonale Übersicht)?
→ **Ja, es können signifikante Unterschiede festgestellt werden.**
- Sind die Hechte aus dem Hallwilersee für Besatzmassnahmen in den grossen Flüssen, bezogen auf die Gesetzgebung und das Besatzkonzept, in den jeweiligen Gewässern geeignet?
→ **Nein, die Flusshechte unterscheiden sich genetisch teilweise stark von den Hallwilerseehechten. Auf einen Besatz der grossen Flüsse (und/oder anderer Gewässer) mit Besatzmaterial aus dem Hallwilersee sollte verzichtet werden.**
- Können Konsequenzen der bisherigen Besatzmassnahmen auf die Genetik der lokalen Hechtpopulationen festgestellt werden?
→ **Nein, es sind keine offensichtlichen genetischen Konsequenzen des Besatzes sichtbar. Es kann aber nicht ausgeschlossen werden, dass sich der langjährige Besatz durch eine schleichende Introgression von Genen teils ausgewirkt haben könnte.**
- Welche lokalen Bewirtschaftungseinheiten sollten aufgrund der genetischen Ergebnisse im Kanton Aargau ausgeschieden werden?
→ **Der Hallwilersee sollte eigenständig bewirtschaftet werden. Zudem wird empfohlen, auch die grossen Flüsse gewässerspezifisch zu bewirtschaften.**
- Wie gross ist der Anteil Hechte in den einzelnen Populationen, die aus dem Besatz stammen und welche Rückschlüsse lassen sich daraus über den Erfolg der Besatzmassnahmen ziehen?
→ **In den Flüssen konnten keine Besatzfische nachgewiesen werden. Der Besatz scheint also nicht erfolgreich zu sein. Im Hallwilersee liegt der Anteil im Durchschnitt bei ca. 55% nimmt aber mit dem Alter der Hechte ab, was vermuten lässt, dass wilde Fische gegenüber Besatzfischen überlegen sind und dass dichteabhängige Prozesse eine Rolle spielen. Eine gesicherte Aussage über den Erfolg des Besatzes im Sinne einer Ertragssteigerung, ist anhand dieses Resultats jedoch nicht möglich. Es wird daher empfohlen, im Rahmen eines Versuchs während mindestens fünf Jahren auf Hechtbesatz zu verzichten und den Bestand zu überwachen. Der Laichfischfang der Berufsfischer und die damit einhergehenden Umsätze würden dadurch allerdings entfallen.**
- Wie entwickeln sich die Fangzahlen in anderen Seen mit Besatzstopp?
→ **Es kann kein systematischer Einbruch der Fangzahlen festgestellt werden. Der Hechtbestand konnte sich demnach in den Seen mit Besatzstopp in der Regel halten.**

6 Literaturverzeichnis

1. Gmünder, R. 2002. *Erfolgskontrolle zum Fischbesatz in der Schweiz*. MITTEILUNGEN ZUR FISCHEREI NR. 71. Bern: Bundesamt für Umwelt.
2. Eckmann, R., M. Kugler, and C. Ruhle. 2007. Evaluating the success of large-scale whitefish stocking at Lake Constance. In *Biology and Management of Coregonid Fishes - 2005*, ed. M. Jankun, P. Brzuzan, P. Hliwa, and M. Luczynski, 60:361–368. Advances in Limnology. Stuttgart: E Schweizerbart'sche Verlagsbuchhandlung.
3. Araki, H., and C. Schmid. 2010. Is hatchery stocking a help or harm? Evidence, limitations and future directions in ecological and genetic surveys. *Aquaculture* 308: 2–11.
4. Steffens, W. 1995. Yield and stocking of vendace (*Coregonus albula*) in northeast Germany. *ERGEBNISSE DER LIMNOLOGIE* 46: 405–412.
5. Largiader, C. R., and D. Hefti. 2002. *Genetische Aspekte des Schutzes und der nachhaltigen Bewirtschaftung von Fischarten*. MITTEILUNGEN ZUR FISCHEREI NR. 73. Bern: Bundesamt für Umwelt.
6. Cattaneo, F., K. Winkler, D. Grimardias, H. Persat, and S. Weiss. 2011. *Caractérisation génétique des populations d'ombre commun (Thymallus thymallus) de Suisse et France transfrontalière*.
7. Vonlanthen, P., Y. Marbach, and O. Seehausen. 2010. *Genetische Differenzierung der Äschen im Kanton St. Gallen*. Kastanienbaum: EAWAG.
8. Milot, E., C. Perrier, L. Papillon, J. J. Dodson, and L. Bernatchez. 2013. Reduced fitness of Atlantic salmon released in the wild after one generation of captive breeding. *Evolutionary Applications* 6: 472–485.
9. Frankham, R., J. D. Ballou, and D. A. Briscoe. 2002. *Introduction to Conservation Genetics*. Cambridge,: Cambridge University Press.
10. Vrijenhoek, R. C. 1994. Genetic diversity and fitness in small populations. *Conservation Genetics* 68: 37–53.
11. Pinter, K., G. Unfer, B. Lundsgaard-Hansen, and S. Weiss. 2017. Besatzwirtschaft in Österreich und mögliche Effekte auf die innerartliche Vielfalt der Bachforellen. *Österreichs Fischerei* 70: 15–33.
12. Darwin, Charles. 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.
13. Zaugg, B., P. Stucki, J. C. Pedroli, and A. Kirchhofer. 2003. *Fauna Helvetica - Pisces Atlas*. Neuchâtel: CSCF/SZKF.
14. Kottelat, M., and J. Freyhof. 2007. *Handbook of European Freshwater Fishes*. Cornol, Switzerland: Publications Kottelat.
15. Rousset, F. 2008. GENEPOP'007: a complete re-implementation of the GENEPOP software for Windows and Linux. *Molecular Ecology Resources* 8: 103–106.
16. Goudet, J. 2001. FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3).
17. Pritchard, J. K., M. Stephens, and P. Donnelly. 2000. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics* 155: 945–959.
18. Excoffier, L., and H. E. L. 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: 564–567.
19. Kalinowski, S. T., M. L. Taper, and T. C. Marshall. 2007. Revising how the computer program cervus accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Molecular Ecology* 16: 1099–1106.
20. Guillerault, N., D. Hühn, J. Cucherousset, R. Arlinghaus, and C. Skov. 2018. Stocking for Pike Population Enhancement. In *Biology and Ecology of Pike*, ed. C. Skov and P. A. Nilsson. London: CRC Press.
21. Vonlanthen, P., G. Périat, O. Seehausen, and T. Alexander. 2014. *Artenvielfalt und Zusammensetzung der Fischpopulation im Hallwilersee*. Kastanienbaum: EAWAG.
22. Hertig, A. 2017. *Management der Fisch- und Krebsbestände der Zürcher Gewässer Pachtperiode 2018 – 2026*. Zürich: Kanton Zürich Baudirektion Amt für Landschaft und Natur Fischerei- und Jagdverwaltung.
23. Miller, L. M., and A.R. Kapuscinski. 1997. Historical Analysis of genetic variation reveals low effective population size in a northern pike (*Esox lucius*). *Population Genetics*: 1249–1258.

24. Wang, J., C. Wang, L. Qian, Y. Ma, X. Yang, Z. Jeney, and S. Li. 2011. Genetic characterization of 18 novel microsatellite loci in northern pike (*Esox lucius* L.). *Genetics and Molecular Biology* 34: 169–172.
25. Eschbach, E., and S. Schöning. 2013. Identification of high-resolution microsatellites without a priori knowledge of genotypes using a simple scoring approach. *Methods in Ecology and Evolution* 4: 1076–1082.
26. Aguilar, A., J.D. Banks, K.F. Levine, and R.K. Wayne. 2005. Population genetics of northern pike (*Esox lucius*) introduced into Lake Davis, California. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 62: 1589–1599.
27. Miller, L. M., and A. R. Kapuscinski. 1996. Microsatellite DNA markers reveal new levels of genetic variation in northern pike. *Transactions of the American Fisheries Society* 125: 971–977.
28. Sloss, B.L., R.P. Franckowiak, and E.L. Murphy. 2008. Development of new microsatellite loci and multiplex reactions for muskellunge (*Esox masquinongy*). , 8, 811–813. *Molecular Ecology Resources* 8: 811–813.
29. Launey, S., F. Krieg, J. Morin, and J. La Roche. 2003. Five new microsatellite markers for northern pike (*Esox lucius*). *Molecular Ecology Notes* 3: 366–368.

7 Anhang

7.1 Liste der genutzten Mikrosatelliten-Marker

Marker	Forward primer sequence	Reverse primer sequence	Range	N Alleles	Reference
Elu76	ACCACATTCCACATCTGATGG	AATCCCTTATTCTGACCCTGC	139-191	13	Miller & Kapuscinski, 1997 [23]
Eluc040	CAGGATGAGAAGCAAGTGTG	TGTTCTCCAGAACCATGGTG	227-267	15	Wang et al., 2011 [24]
EL20	CCAAAGCCAGTTGATGCTAAG	CTCAAAGTGTGCCTCACACAA	173-399	36	Eschbach & Schöning, 2013 [25]
Pkb47	CCAAACAGCAGATTAGTTGG	CTGCAAGAGTACAAAAGGACA	124-168	14	Eschbach & Schöning, 2013 [25]
Eluc002	TGATGACACTGTCCGTGTGT	AGCCATCTGTTCTGCAA	229-265	19	Wang et al., 2011 [24]
EL17	GTGCTTTTGGGTACAATCAATG	TTTACCAAATACCTGGTCTCA	310-356	15	Eschbach & Schöning, 2013 [25]
Eluc045	AGCATCAGGGAGTAGTTGCA	CAGGTAAGCGTCCAGGTAAG	128-162	13	Wang et al., 2011 [24]
B304	CCTTCAGATCAGTAATGTCAGC	AGGTCAGTGAGGACAGAGGT	232-344	26	Aguilar et al., 2005 [26]
B24	TGAAATTCACCTGTTGTGTCTG	GTCCGCTGTTGACCTTTT	130-222	20	Aguilar et al., 2005 [26]
Elu87	AGCACTGCCACACATGACGTG	CCAGCTGCCTCAGATTGCTCCCC	135-155	9	Miller & Kapuscinski, 1996 [27]
B451	CTGGATCACTGTCTCTTTTCTG	GAGAGGGTGAGAACACCAGT	179-329	34	Aguilar et al., 2005 [26]
Eluc033	CCAGCTCAGGTGTAAGTAAA	ATGGCAACAGCAGCCTCCT	348-374	12	Wang et al., 2011 [24]
Elu19	CATCATGAACATTCAGACGC	GAGATGCTAATTCATCCACTG	120-132	6	Miller & Kapuscinski, 1997 [23]
Ema D12a	CGTATGAACAGTAGGTTTTGTCTG	GATAGGCACAATCCACCATC	176-260	21	Sloss et al., 2008 [28]
EL01	CAGCACTATCCAAAGGCGTAG	TCTTCCACCGTTATCATCACA	311-343	13	Eschbach & Schöning, 2013 [25]
EluB108INRA	TCATCAGAAACATGACTGCTTG	GCACACGGCGATATTATCC	132-142	7	Launey et al., 2003 [29]
Pkb16	TGCGTCAATCATCCGTAT	AGCAAAGTGTCAATTTCTCAGT	157-291	30	Eschbach & Schöning, 2013 [25]
EL02	ACACATGCGTCTACAAGCACA	CCTCCCTGGCATAACGTCTTAC	177-217	17	Eschbach & Schöning, 2013 [25]

7.2 Basis-Analysen

Population		N	HO	HE	p-value	AN	AR	FIS	P-value	Linkage disequilibrium
1	HW Elterntiere 216 2014	65	0.65	0.61	<0.001	6.8	5.3	-0.057	<0.01	82 (30.1%)
2	HW Elterntiere 217 2014	40	0.66	0.63	<0.01	7.4	5.7	-0.054	<0.01	40 (14.7%)
3	HW Elterntiere 216 2015	30	0.68	0.66	0.0611	7.2	5.7	-0.027	0.1488	31 (11.4%)
4	HW Elterntiere 217 2015	112	0.63	0.64	<0.001	9.1	5.9	0.011	0.1902	75 (27.6%)
5	HW 215 2014-2017	28	0.60	0.60	0.2386	6.3	5.2	0.005	0.4537	31 (11.4%)
6	HW 216 2016+2017	25	0.64	0.63	0.5808	6.9	5.9	-0.031	0.1338	18 (6.6%)
7	HW 217 2016	50	0.68	0.66	<0.05	7.2	5.4	-0.028	0.0745	68 (25%)
8	HW 217 2017	23	0.74	0.67	0.0589	6.6	5.8	-0.103	<0.001	26 (9.6%)
9	Baldeggersee	13	0.67	0.64	0.9191	5.5	5.5	-0.048	0.1243	5 (1.8%)
10	Reuss	27	0.70	0.73	0.6347	10.5	8.0	0.043	<0.05	15 (5.5%)
11	Rhein	67	0.73	0.74	<0.001	15.0	8.9	0.024	<0.05	31 (11.4%)
12	Aare	47	0.70	0.71	<0.001	11.8	7.9	0.017	0.1412	40 (14.7%)
Total			0.67	0.66		8.4	6.3	-0.021		462 (14.1%)