

Köbsch, C.; Krenek, S.; Schiller, T. und Berendonk, T. U. 2019: Erfassung der genetischen Variabilität von Äschen-Wildpopulationen (*Thymallus thymallus*) in NRW als Grundlage für die Entwicklung geeigneter Managementstrategien zur nachhaltigen Bestandsentwicklung in NRW. Unveröffentlichter Abschlussbericht, 92 S., Auftraggeber: Bezirksregierung Düsseldorf, Dez. 51, Obere Fischereibehörde Dr. N. Scheiffhacken, U. Hasselberg, Finanzierung aus Fischschadensmittel § 40 LFischG NRW

Deutsche Kurzfassung

Erfassung der genetischen Variabilität von Äschen-Wildpopulationen (*Thymallus thymallus*) in NRW als Grundlage für die Entwicklung geeigneter Managementstrategien zur nachhaltigen Bestandsentwicklung in NRW.

Christoph Köbsch, Sascha Krenek, Thomas Schiller und Thomas U. Berendonk

Aufgrund stark zurückgehender Bestände der Äsche in ganz Deutschland und den damit einhergehenden Forderungen nach Kompensation dieser Verluste durch Besatzmaßnahmen sind Informationen zur genetischen Diversität dringend erforderlich, um zukünftig geeignete Schutz- und Bewirtschaftungsmaßnahmen konzipieren zu können. Entsprechend wurde in dem vorliegenden Projekt die genetische Variabilität von Wildpopulationen und Zuchtstämmen der Äsche (*Thymallus thymallus*) in Nordrhein-Westfalen (NRW) erfasst. Insgesamt konnten in den Jahren 2016-2018 zwölf Wildpopulationen aus den drei Flussgebietseinheiten (FGEs) Maas, Rhein und Weser sowie fünf Zuchtstämme mit einer potenziellen Bedeutung als Besatzquelle analysiert werden. Zudem konnte ein nichtinvasives Verfahren mittels forensischer Abstriche zur DNA-Gewinnung für die Äsche etabliert werden. Die genetische Analyse der Populationen erfolgte über Sequenz- und RFLP-Analyse mitochondrialer DNA sowie Mikrosatellitenmarker. Von insgesamt 535 Proben konnten für 506 Individuen aus 17 Herkünften die genetischen Daten erfasst werden. Die Analyse der mitochondrialen DNA ergab, dass der Großteil der beobachteten Varianz (63-76 % in Abhängigkeit vom Markersystem) durch die genetische Variation zwischen Flussgebietseinheiten erklärt wird. Die Resultate der Mikrosatelliten-Analysen zeigten eine vergleichsweise geringe Diversität der Populationen bei gleichzeitig hoher genetischer Differenzierung. Die geschätzte genetische Differenzierung zwischen den untersuchten Populationen erklärt etwa 39 % der beobachteten genetischen Varianz, während die meiste Variation (ca. 61 %) durch Unterschiede zwischen Individuen innerhalb der Populationen erklärt wird. Trotzdem können die Populationen zwischen den untersuchten Flussgebieten mit Hilfe der genutzten mitochondrialen und nukleären Marker gut voneinander abgegrenzt werden. Auch innerhalb derselben Flussgebietseinheiten und selbst zwischen nah benachbarten Populationen konnte eine signifikante genetische Differenzierung auf der Basis paarweiser F_{ST} -Werte beobachtet werden. Aus diesem Grund empfiehlt sich eine kleinräumige Bewirtschaftung auf Fließgewässerebene. Besatzprogramme sollten mit möglichst vielen Individuen aus dem zu stützenden Bestand selbst aufgelegt werden und nur in begründeten Ausnahmefällen und nach Prüfung der genetischen Struktur der Populationen auf benachbarte Gewässer desselben Einzugsgebiets zurückgreifen. Nur einer der untersuchten Zuchtstämmen eignet sich hinsichtlich seiner genetischen Struktur für Besatzmaßnahmen in untersuchten Wildpopulationen.