



Statusanalyse der genetischen Vielfalt von Zuchtsalmoniden in Deutschland

*Fachtag Aquakultur und Fischerei
Königswartha, 21./22.06.2022*





- Schutz, Erhaltung und **nachhaltige Nutzung** genetischer Ressourcen sind ein zentrales Ziel internationaler und nationaler Vorgaben
 - in ihrer Funktion und Vielfalt können Zuchtbestände wichtige genetische Ressourcen darstellen
- ⇒ 2005 (– 2008): Beauftragung einer Erhebungsstudie zu Zuchtbeständen in der Aquakultur in Deutschland durch das BMEL
- bundesweite Erfassung der Haupterwerbsbetriebe mit eigenen Zuchtbeständen
 - Erfassung und Dokumentation von Zuchtbeständen mit ihren spezifischen Merkmalen
 - Charakterisierung der genetischen Identität und Variabilität der Zuchtbestände, Bestimmung von Verwandtschaftsverhältnissen



- Änderung von Anzahlen und genetischer Charakteristika bei Zuchtsalmonidenbeständen im Laufe von ca. 10 Jahren Züchtungsarbeit?
- Aufweitung von Genmarkeruntersuchungen auf alle Zuchtsalmonidenbestände in Deutschland; Einbeziehung zusätzlicher Genmarker (mtDNA)
- Schaffung einer Verknüpfung zwischen genetischen Charakteristika von Wildbeständen und Zuchtbeständen (Besatzeignung?)
- unzureichende (genetische) Datenbasis zu selbstreproduzierenden Wildbeständen der Regenbogenforelle verbessern



Auftraggeber:

- BMEL / Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE)

Hauptauftragnehmer:

- Institut für Binnenfischerei e.V. Potsdam-Sacrow

Kooperationspartner:

- Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Fischerei, Starnberg
- Landwirtschaftliches Zentrum Baden-Württemberg (LAZBW) Fischereiforschungsstelle, Langenargen
- Landesamt für Natur, Umwelt und Verbraucherschutz Nordrhein-Westfalen Fachbereich 26 – Fischereiökologie, Arnsberg (Albaum)
- Sächsisches Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie Abteilung Tierische Erzeugnisse/Referat Fischerei, Königswartha
- Abt. 5 „Ökophysiologie und Aquakultur“, Leibnitz-Institut für Gewässerökologie und Binnenfischerei, Berlin

Listung von Zuchtsalmonidenbeständen nach Art und Bundesland



2017 – 2019:

Fischart	Bundesland											Gesamt
	BB	BW	BY	HE	MV	NI	NW	RP	SN	SH	TH	
Äsche		1	4	1		1						7
Bachforelle	1	8	17	3		7	6	3	2	1	4	52
Bachsaibling	1	3	10	1		3	4	0	0		2	24
Regenbogenforelle	3	10	16	3	2	20	7	3	0	1	4	69
Seeforelle		1	9			0	1		0			11
Seesaibling		0	5			0	0	0	0			5
Gesamt	5	23	61	8	2	31	18	6	2	2	10	168

Rot: Verringerung gegenüber Erhebung 2005 – 2008

Blau: Erhöhung gegenüber Erhebung 2005 - 2008

Prozentuale Veränderungen der Anzahlen an Salmonidenzuchtbeständen 2005/2008 bis 2017/2019



Gegliedert nach Fischarten:

Äsche	Keine Änderung
Bachforelle	-15 %
Bachsaibling	-4 %
Regenbogenforelle	-8 %
Seeforelle	-8 %
Seesaibling	-50 %
Über alle Arten	-12 %



- Befragung der BetriebsleiterInnen
 - Details zur züchterischen Bearbeitung (Historie, eingesetzte Populationsgrößen, Zuchtziele, Zuchtungsansätze)
 - Haltungsumwelt (Haltungsformen, Intensität)
 - Prognoseabfrage zur erwarteten Entwicklung
 - Einverständnis zu Datenveröffentlichung / Informationsaustausch
- Gewebeprobennahme für Genmarkerstudien



Seit der Erhebungsstudie 2005 – 2008 hinzugekommene Salmonidenzuchtbestände nach Art und Bundesland



Fischart	Bundesland											Gesamt
	BB	BW	BY	HE	MV	NI	NW	RP	SN	SH	TH	
Äsche			1									1
Bachforelle	1	1	1	1		3	1		1	1		10
Bachsaibling				1		2						3
Regenbogenforelle		1	2	2	1	2	2					10
Seeforelle							1					1
Seesaibling			1									1
Gesamt	1	2	5	4	1	7	4		1	1		26

Züchterische Bearbeitung



		Zutreffend für n Zuchtbestände der Arten					
Züchterische Bearbeitung	Klassifizierung	Ä n=5	Bf n=46	Bs n=14	Rf n=59	Sf n=9	Ss n=3

Bestandsalter	bis zu 10 Jahre im Betrieb	1	6	2	8	1	1
	10-20 Jahre	1	8	4	17	3	
	20-40 Jahre	3	17	5	15	3	2
	40-60 Jahre		10	2	19	1	
	über 60 Jahre		5	1			

Bestandsführung	Nutzung von Blutauffrischung	1	13	4	13	4	
	geschlossen	4	33	10	46	5	3

Maximale effektive Populationsgröße	bis zu 20 Tieren				1		1
	20-50 Tiere		3	2	18	2	
	50-100 Tiere		10	2	16	2	
	über 100 Tiere	3	29	8	23	5	1

Züchterische Bearbeitung



Züchterische Bearbeitung	Klassifizierung	Zutreffend für n Zuchtbestände der Arten					
		Ä n=5	Bf n=46	Bs n=14	Rf n=59	Sf n=9	Ss n=3

Selektionsintensität	gering (über 50 % selektiert)	3	9	3	12	2	1
	mittel (10-50 %)	1	20	4	11	2	1
	hoch (bis 10 %)		12	6	32	5	1

Vornehmliche Zuchtausrichtung (4 Nennungen möglich)	Fitness, genetische Vielfalt	5	43	12	53	9	3
	Morphologische Merkmale	2	31	4	27	5	1
	Haltungstechnolog. Eignung		22	7	34	1	2
	Mastleistung	1	20	9	36	2	1

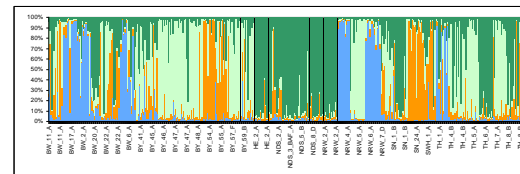
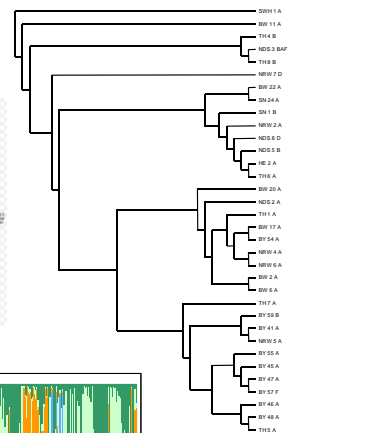
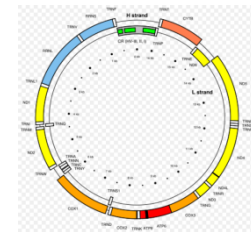
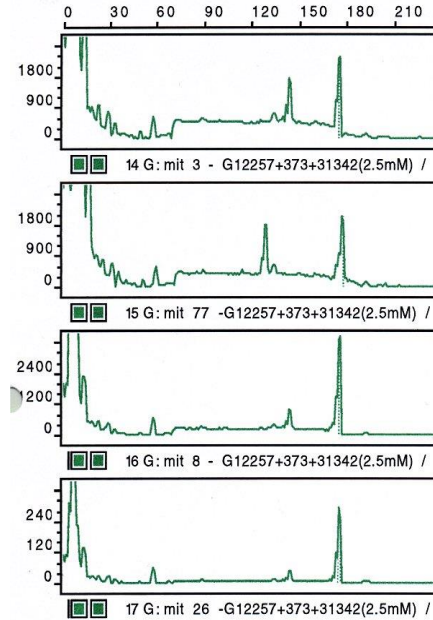
Prognose zur Entwicklung der Salmonidenzuchtbestände während der kommenden zehn Jahre



		Zutreffend für n Zuchtbestände der Arten					
Prognose		Ä n=5	Bf n=46	Bs n=14	Rf n=59	Sf n=9	Ss n=3
Bestands- entwicklung	Erhaltung	3	31	6	42	6	
	Reduzierung		2	1	1	1	
	Auflösung		2	1	6		
	Auflösung, Abgabe				1		
	Ausbau	2	11	6	9	2	3
Einsatz neuer Zuchtziele / - Zuchtmethoden			8	1	19		
Investitionen in Züchtungsarbeit		1	7	2	14		2



- DNA-Isolierung (Gewebeproben von 10-30 Fischen pro Bestand)
- Untersuchung von Allelfrequenzen anhand von 10-14 ausgewählten **Mikrosatellitenmarkern**
- Sequenzanalyse der mtDNA (**D-Loop Haplotypen**)
- genetische Charakterisierung der Laichfischbestände (Allelzahlen, erwartete / beobachtete Heterozygotie, F-Statistiken)
- Bewertung der genetischen Diversität innerhalb Arten (genetische Distanzen, Cluster-Analysen)
- Darstellung von Verwandtschaftsverhältnissen zwischen Beständen innerhalb Arten (Stammbäume)
- **Veränderungen genetischer Diversität zur Ersterhebung?**
- **Suche nach genetischer Ähnlichkeit zwischen Wildbeständen (aus anderen BLE-Erhebungen) und Zuchtbeständen**

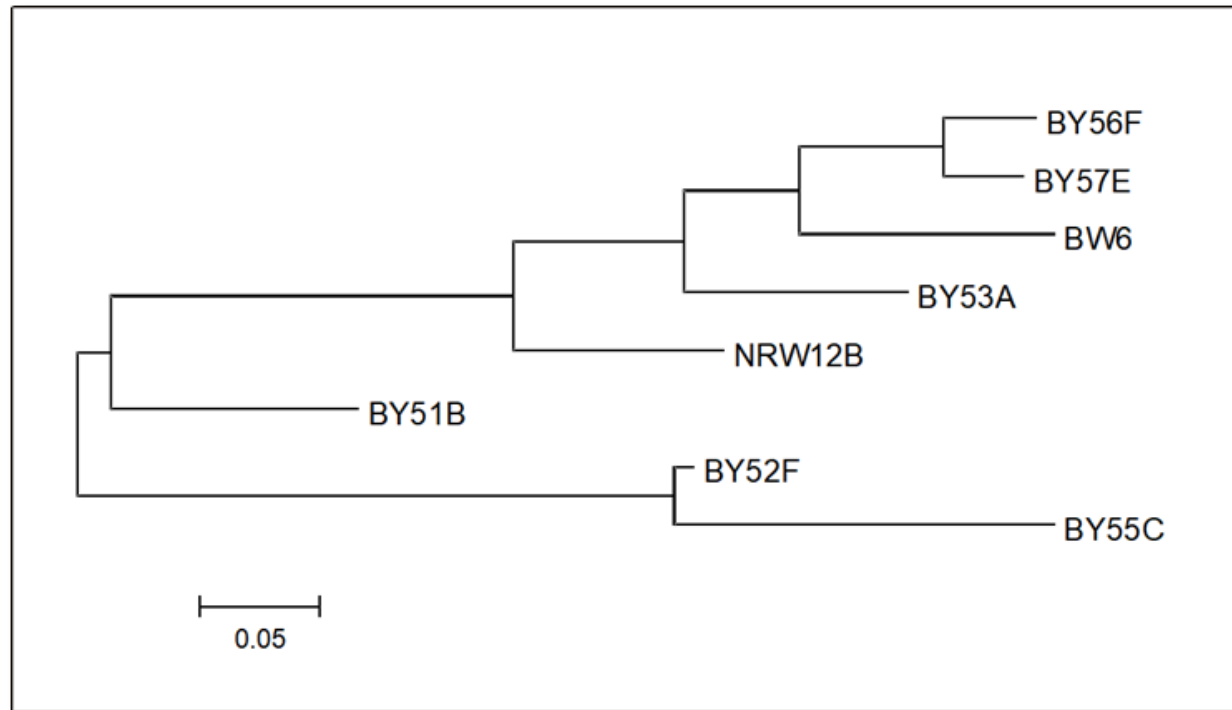


Vergleich der genetischen Variabilität in Mikrosatellitenmarkern von 13 Rf-Beständen 2005 – 2008 (alt) vs. 2017 – 2019 (neu)



		BB1A	BB1B	BW2(B)	BW15(A)	BW18(B)	BY41B	BY47B	BY51A	MV3A	NDS6B	NDS20A	NRW2C	TH7C(D)
mittlere Allelzahl	alt	5,182	6,273	5,182	3,182	6,818	6,909	5,636	4,901	3,727	5,636	5,909	5,364	6,091
	neu	4,273	6,364	5,545	5,727	5,091	5,273	6,182	5,182	3,909	5,091	4,273	4,727	5,273
		☑	≈	☑	☑	☑	☑	☑	≈	≈	☑	☑	☑	☑
beobachtete	alt	0,512	0,595	0,536	0,392	0,645	0,566	0,595	0,526	0,607	0,595	0,555	0,555	0,541
Heterozygotie	neu	0,582	0,596	0,614	0,636	0,585	0,668	0,538	0,742	0,573	0,698	0,719	0,601	0,620
Fixationsindex	alt	0,114	0,024	0,049	0,039	-0,004	0,078	0,030	-0,033	-0,096	0,024	0,062	0,062	0,133
	neu	0,027	0,006	-0,042	0,005	-0,062	-0,082	0,072	-0,114	-0,125	-0,142	-0,244	-0,034	-0,009

Neighbour-Joining-Dendrogramm nach Nei (1972;1978) untersuchter Seeforellenbestände





Beispiel: Untersuchte Seeforellenbestände

Bestand	Haplotyp							
	H1	H2	H3	H4	H2a	Iran3a	AFA2a	ATcs49a
BW 6		7		3				
BY 51B	1	1	3	1	3	1		
BY 52F	6					4		
BY 53A	3						4	
BY 55C			2			8		
BY 56F		2	6			1		1
BY 57E			7			1		2
NRW 12B			6	3		1		
Summe	10	10	24	7	3	16	4	3

Beispiel übereinstimmender Wild- und Zuchtbestände bei der Bachforelle

Spezies	Datensatz- nummer	Herkunftsgewässer	FGE	Bundesland	Haplotypen- Bezeichnung	Zuchtbestände mit übereinstimmendem Haplotypenmuster
Bachforelle	S006.02	Ilse	Weser	ST	H2 H3	BY55A
Bachforelle	S006.06	Oder (Harz)	Weser	NDS	H2 H3	BY55A
Bachforelle	S006.09	Kalte Bode	Elbe	ST	H2 H3	BY55A
Bachforelle	S006.11	Wormsgraben	Elbe	ST	H3	BW15; BY44A; SN32A
Bachforelle	S031.1	Heuschuppenhüchel	Elbe	SN	H3	NDS5A

Beprobte, potenziell selbstreproduzierende Wildbestände der Regenbogenforelle in Deutschland

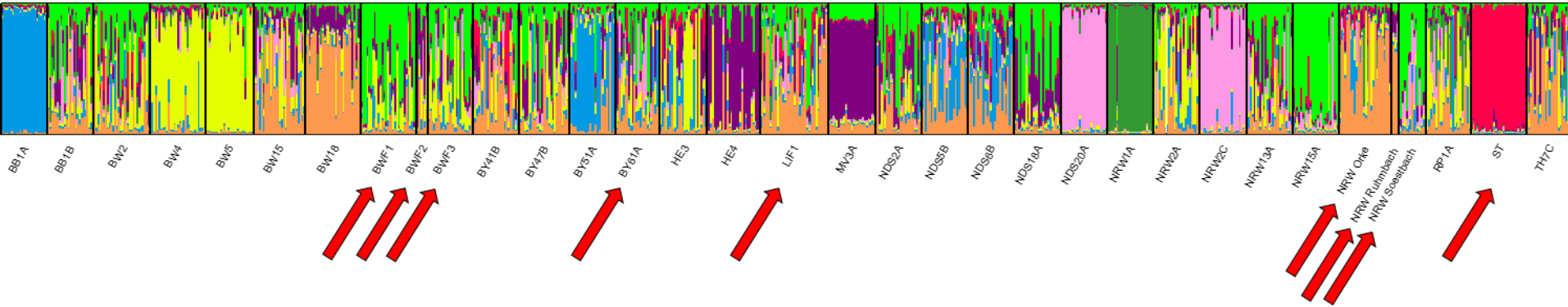


Gewässername	Bestandsmanagement	Proben (n)	Probestelle			GPS (Dezimalgrad, WGS84)	
			Gemeinde	Landkreis	Land	N:	E:
Fils	angel-fischereilich	30	Kuchen	Göppingen	BW	48.638949	9.797873
Kinzig	angel-fischereilich	6	Schiltach	Rottweil	BW	48.291788	8.349824
Rottum	angel-fischereilich	30	Ochsenhausen	Biberach	BW	48.069104	9.948549
Loisach	angel-fischereilich	24	Garmisch	Garmisch-Partenkirchen	BY	47.494328	11.084304
Glasebach	unbewirtschaftet	30	Mansfeld	Südharz	ST	51.494557	11.079369
Soestbach	unbewirtschaftet	15	Soest	Soest	NRW	51.578536	8.094435
Orke	angel-fischereilich	28	Meldebach	Hochsauerlandkreis	NRW	51.176545	8.707352
Ruhmbach	unbewirtschaftet	4	Mühlheim a.d. Ruhr	Mühlheim a.d. Ruhr	NRW	51.425089	6.904242

+ zzgl. Bestand Liechtensteiner Binnenkanal, Triesen, Liechtenstein

Clusteranalyse Regenbogenforelle (K = 8)

9 Wildbestände mit roten Pfeilen markiert



Oberlauf des den
Regenbogenforellenwildbestand ST
beherbergenden Glasebachs
(Foto: B. Kammerad)

Ergebnisverwertung: Informationen für fischereipolitische Entscheidungen



- Entwicklung von Zuchtbestandszahlen
- Entwicklung von Inzuchtraten in Abhängigkeit von der geleisteten Züchtungsarbeit (Potenzial und Grenzen von Zuchtprogrammen)
- Beurteilung genetischer Diversität und Charakteristika in D unter Einbeziehung der Salmoniden-Zuchtbestände (Gefährdung, Erhaltungsbedarf)
- Abgleich mit Wildbeständen aus anderen Erhebungsstudien (Bestandsauswahl für Besatzprogramme)
- Dokumentation genetischer Charakteristika selbstreproduzierender Wildbestände der Regenbogenforelle (Besonderheiten?)

Ergebnisverwertung: Informationen für ZüchterInnen zu ihren Beständen



Genetische Daten zum Laichfischbestand

Bestandscode:	BW 6
Fischart:	Bachforelle
Betriebsinterne Bezeichnung:	Bachforelle
Erhebungsdatum:	2018

Genetische Kennzahlen:

Mikrosatelliten:

	Mittelwert
max. beobachtete Allelzahl	14
nittlere Allelzahl	6,833
Allelreichtum	5,534
Private Allele	3
d_E	0,641
d_O	0,610
F_{IS}	0,054
F_{ST} min.	0,030
F_{ST} max.	0,097
nittlere F_{ST}	0,061

D-Loop Sequenzen:

Haplotyp	Anzahl
H2	2
H3	5
H4	3

Besatzeignung insbesondere für die Flussgebietseinheit Rhein (Bodenseeraum)

- Ableitung von Empfehlungen für die zukünftige Züchtungsarbeit
- Empfehlungen zur Besatzeignung für Flussgebietseinheiten

Interpretationshilfe für die den Zuchtbestand charakterisierenden genetischen Kennzahlen

In den Ihnen zu Ihrem Zuchtbestand beiliegenden Informationsblättern sind genetische Kennzahlen aufgeführt, bei deren Interpretation dieses Schreiben helfen soll. Bei nahezu allen Beständen wurden mtDNA-Analysen durchgeführt. Bei ausgewählten Beständen wurden zudem Mikrosatelliten-Markeruntersuchungen realisiert.

Anregungen zur zukünftigen züchterischen Bearbeitung, die aus diesen genetischen Kennzahlen abgeleitet werden können:

...
In den Infoblättern zu Ihrem Zuchtbestand ist aufgeführt, wenn er sich nach den bisher erfolgten mtDNA-Analysen ausdrücklich nicht für die Erzeugung von Besatzfischen für bestimmte Flussgebietseinheiten eignet, bzw. wenn er sich besonders für den Besatz bestimmter Flussgebietseinheiten eignet.

Literaturhinweise und weiterführende Informationen:

...

Ergebnisverwertung: Informationen für die interessierte (Fach-)Öffentlichkeit



- Einpflege der Daten in die frei zugängliche Fachdatenbank „Nationales Inventar Aquatischer Genetischer Ressourcen“ (AGRDEU)
- <https://agrdeu.genres.de/>

The screenshot shows the homepage of the AGRDEU website. At the top, there is a navigation bar with a home icon, 'STARTSEITE', a language dropdown set to 'DEUTSCH', and a search bar labeled 'Suchbegriff'. Below this is the logo of the 'Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung' and the 'Biodiversität' logo. A horizontal menu contains links for 'Nationales Inventar AqGR', 'Liste AqGR', 'Datenquellen', 'On-farm-Bestände', 'In-situ-Bestände', and 'Ex-situ-Bestände'. The main content area features a large image of orange fish eggs on the left and a green box on the right with the text 'Nationales Inventar Aquatischer Genetischer Ressourcen (AGRDEU)' and a 'MEHR' button. Below this is a section titled 'Übersicht über die Recherchemöglichkeiten in AGRDEU' with a sub-section 'Liste AqGR' containing a small image of fish and a 'ZUM ARTIKEL' button. To the right is a 'KONTAKT' section with a phone icon, contact number '(0228) 6845-3246', name 'Clemens Fieseler', address, and an 'E-MAIL SENDEN' button. At the bottom, there are small logos and a 'Datenquellen' section.



- Insgesamt Verringerung der Zahl von Salmonidenzuchtbeständen in Deutschland
- Recht hohe Fluktuation bei Bestandsauf- (und –abbau)
- Züchterische Bearbeitung ist nicht in allen Fällen optimal auf ein bestimmtes Zuchtziel ausgerichtet
- Vielfach keine, oder wenig Verringerung der genetischen Diversität durch die erfolgende züchterische Bearbeitung
- Haplotypenmuster von Zucht- und Wildbeständen in Übereinstimmung zu bringen wird durch unnatürliche Mixturen aus Linien sowohl in Zucht- als auch in Wildbeständen erschwert
- Ein genetisch außergewöhnlicher, selbstreproduzierender Wildbestand der Regenbogenforelle wurde vorgefunden

Danksagung



Bundesministerium
für Ernährung
und Landwirtschaft



Bundesanstalt für
Landwirtschaft und Ernährung

Das zugrunde liegende Projekt wurde durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) finanziert und von der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) als Auftraggeberin betreut.

(Projekt „Statusanalyse der genetischen Vielfalt von Zuchtsalmoniden in Deutschland, Aktenzeichen 314-06.01-2816BE005)

Download:

https://service.ble.de/ptdb/index2.php?detail_id=222461&site_key=141&stichw=Statusanalyse+Zuchtsalmoniden&zeilenzahl_zaebler=2

Vielen Dank auch für Ihre Aufmerksamkeit!