

## **Untersuchungen der genetischen Diversität der Bachforelle (*Salmo trutta* L.) im Nationalpark Kalkalpen – Jahr 2002**

Steven Weiss

*Centro de Estudos de Ciência Animal-ICETA; Unidade de Genética Animal e Conservação  
Campus Agrário de Vairão, R. Monte-Crasto- Vairão, 4485-661 Vila do Conde, Portugal*

### **Contact (Austria):**

e-mail: steven.weiss@uni-graz.at

tel. +316-380-5599 fax. +316 380 9875

### **Abstract**

A preliminary genetic screening of brown trout (*Salmo trutta* L.) in four Kalkalpen populations ( $N = 106$ ) demonstrated that 1 of the 4 populations contained only Danube lineage mtDNA. 32% of all individuals carried the the common north Atlantic haplotype - typical of commercial hatchery strains, whereas the nationwide study revealed 44% of 600 individuals carrying haplotype At1. Additionally, the new haplotype described in 2001 was detected again in an adjacent stream.

### **Zusammenfassung**

Im Jahr 2001 wurde der genetische Zustand von 4 Bachforellenpopulationen ( $N=106$ ) im Nationalpark Kalkalpen analysiert. Eine Populationen wurde mittels mitochondrialer DNA-Untersuchung als reiner Donaustamm identifiziert. 32% der untersuchten Fische entsprachen dem Haplotypus At1. Im Gegensatz dazu konnten 44% der Individuen bei der Untersuchung von 27 Populationen im übrigen Österreich ( $N = 600$ ) dem nordatlantischen Haplotyp zugewiesen werden, der den Hauptanteil der Besatzfische darstellt. In jeder der 27 Fließgewässerpopulationen wies mindestens ein Fisch diesen Haplotyp auf. Weiters konnte im Nationalparkgebiet der im Vorjahr als neu entdeckte Haplotyp auch in einem benachbarten Gewässer nachgewiesen werden.

### **Einleitung**

Die hier durchgeführte Untersuchung gibt aufbauend auf Analysen des Jahres 2001 weiteren Aufschluß über den genetischen Status Quo der Bachforelle *Salmo trutta* im Nationalpark Kalkalpen (siehe Weiss *et al.* 2002). Sie ergänzt somit die gesamtösterreichische Studie hinsichtlich des genetischen Zustandes der Bachforelle, bei der 27 Populationen bearbeitet wurden (Duftner *et al.*, in Druck).

Ziel dieser Arbeit war es, die Frage zu klären, ob die Bachforellen im Niklbach, Ameisbach, Holzgrabenbach und Schafgrabenbach als genetisch von Besatzfischen unbeeinflusst gelten.

Diese vier Gewässer wurden ausgewählt, da sie die Bedingungen wie z.B. unüberwindbare Hindernisse flussab und somit kein Zuzug von Besatzfischen möglich erfüllten.

Von den im Nationalparkgebiet im Jahr 2001 untersuchten 4 Populationen waren 3 Populationen dem Donaueinzugsgebiet zuzuschreiben (Weiss *et al.* 2002). Ein neuer Haplotyp aus dem Donaueinzugsgebiet konnte gefunden werden. Eine Population bestand zum grössten Teil aus Fischen des Haplotyps AT1.

### **Material und Methoden**

Mittels Elektrofischerei wurden an vier Gewässern zwischen 25 und 30 Bachforellen gefangen, deren Fettflosse geschnitten und diese in 96%-igem Alkohol fixiert, um sie später der DNA-Analyse zuzuführen. Das DNA-Genom wurde durch ein Extraktionsverfahren mit hoher Salzkonzentration isoliert und mit dem Primer H20 und L19 (Bernatchez *et al.* 1992) die komplette mitochondriale DNA Kontroll-Region über PCR-Technik (Polymerase-Ketten-Reaktion) vermehrt. Eine 464 bp lange Sequenz wurde von jeder Probe bei Verwendung des internen Primers H514 herangezogen und unter Bedingungen, die bei Weiss *et al.* beschrieben sind (in Druck), mittels eines ABI-310 automatischen Sequenzierers analysiert.

### **Resultate**

106 Bachforellen konnten im Jahr 2002 erfolgreich untersucht werden, wobei 5 Haplotypen nachgewiesen wurden. Abbildung 1-4 zeigt die Beprobungsstellen. Der Niklbach zeichnet sich an der Beprobungsstelle durch anstehenden Fels mit Steinen und geringem Anteil an Grobkies aus. Unterhalb befinden sich mehrere flussaufwärts unüberwindbare Hindernisse. Weiter flussab versetzt der Bach.

Der Ameisbach ist an der Beprobungsstelle derzeit noch über eine Forststrasse erreichbar. Anstehender Fels mit leichten Auswaschungen, die kleine Gumpen bilden, prägen den Ameisbach.

Der Holzgrabenbach besitzt als Substrat in erster Linie Steine. Unterhalb der Beprobungsstelle sind kaskadenartige nicht überwindbare Hindernisse.

Alle Beprobungsstellen liegen deutlich über 800m Seehöhe.

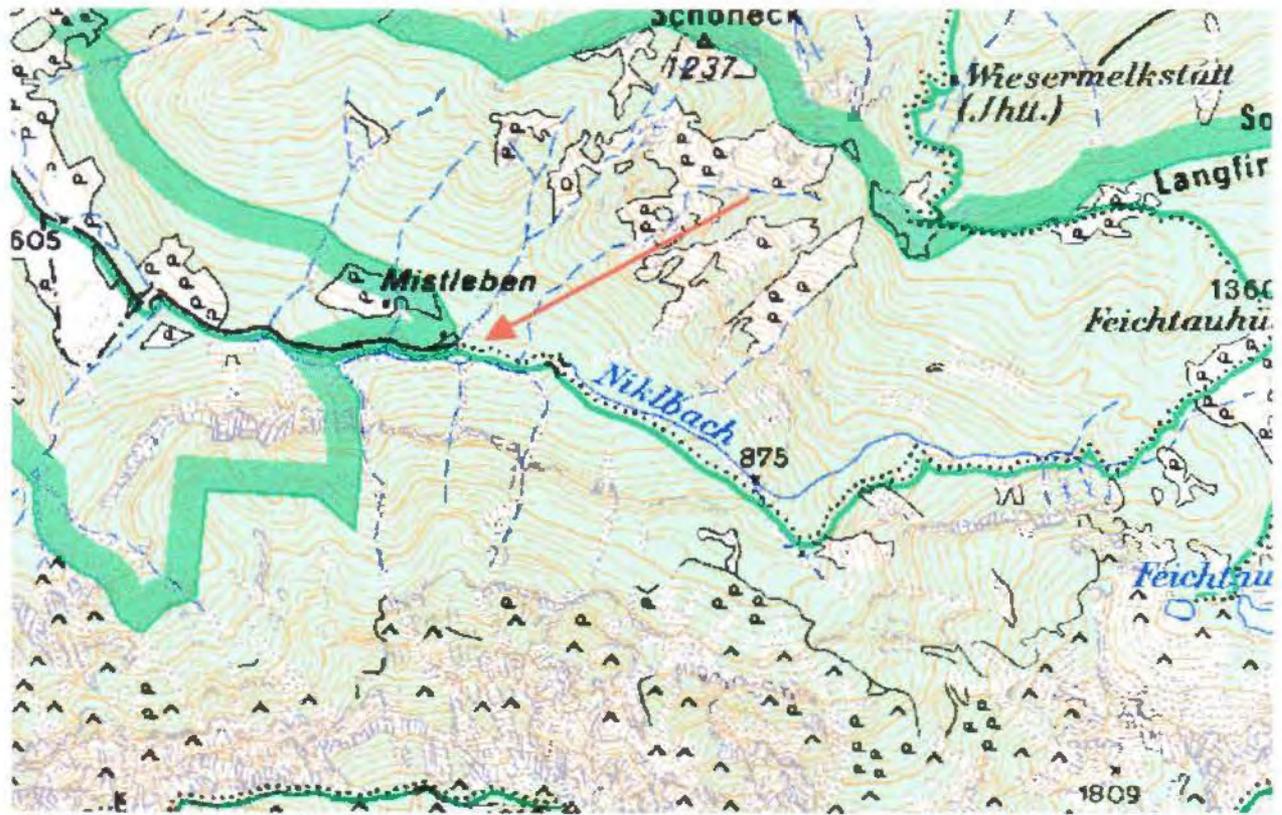


Abb. 1. Beprobungsstelle am Niklbach

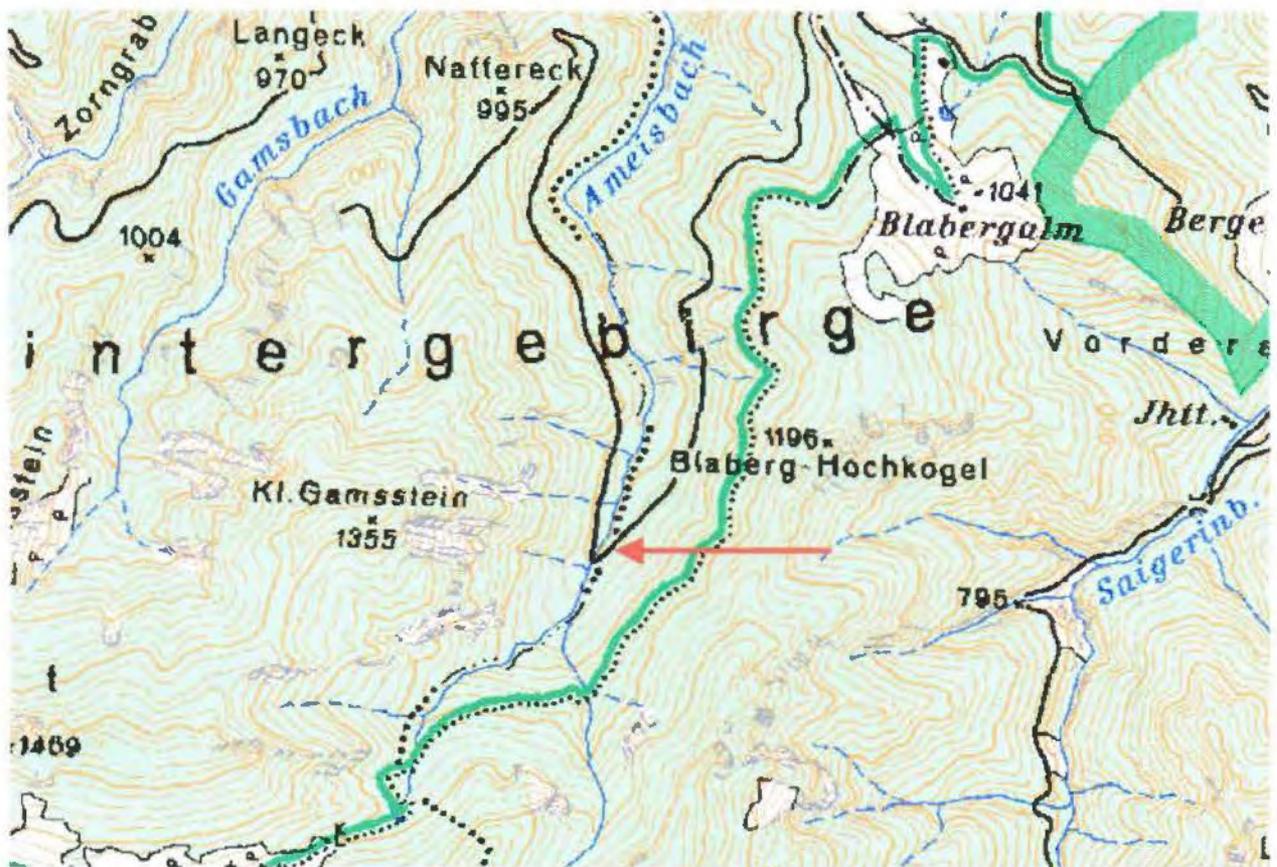


Abb. 2. Beprobungsstelle am Ameisbach



Abb.3. Beprobungsstelle am Holzgrabenbach

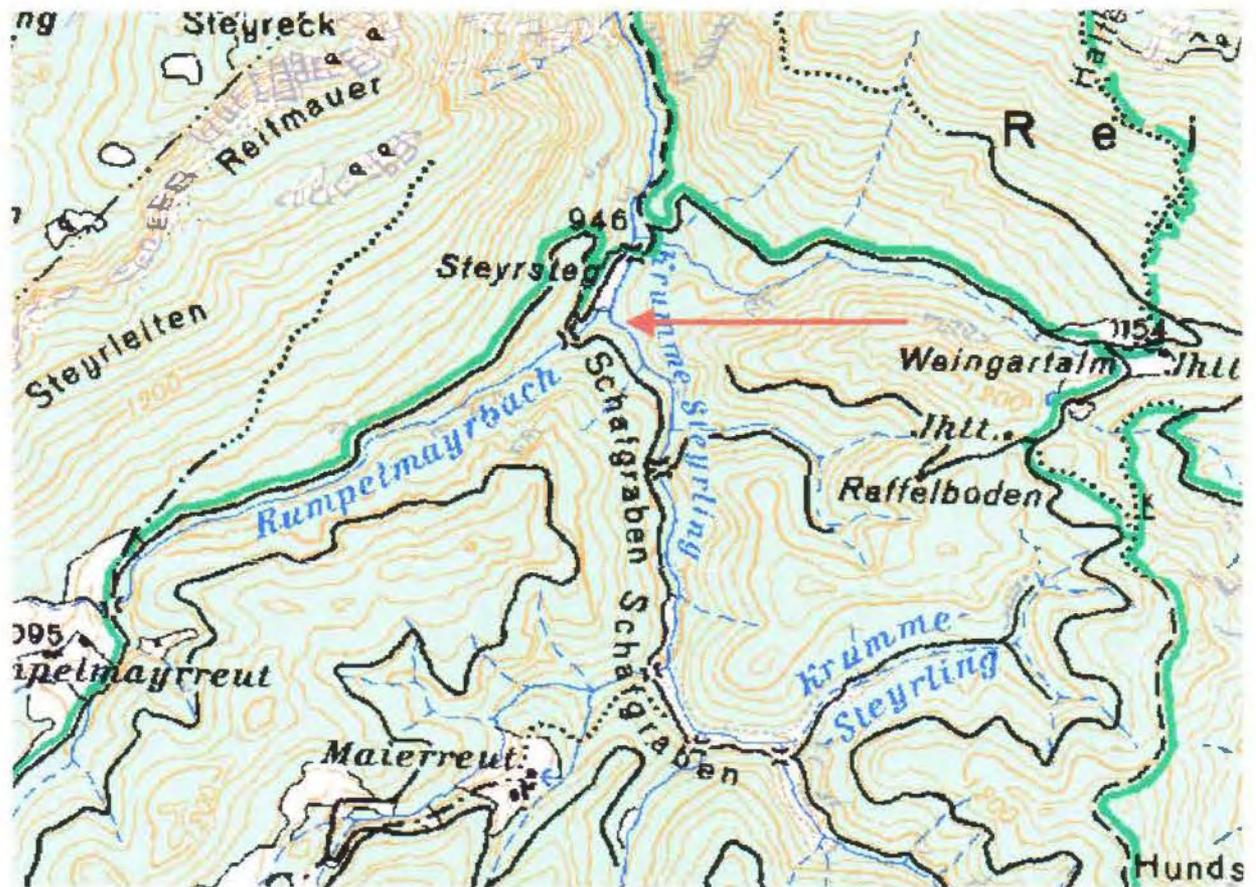


Abb.4. Beprobungsstelle am Schafgrabenbach

Der häufigste donaustämmige Haplotyp (Da1) mit 29% entspricht dem in Österreich häufigsten Donau-Haplotyp. Zum Vergleich trat dieser Typus bei 35% von 600 untersuchten Fischen auf (Weiss *et al.*, in Druck). In drei der vier untersuchten Populationen trat der Haplotypus At1 auf, während der Haplotypus At15 nur in einer Population gefunden wurde. Haplotypus At1 wurde bei 32% der Fische gefunden, At 15 nur bei 9%. Im Vergleich dazu trat in den 4 Populationen des Jahres 2001 nur bei 17% der Fische der Haplotypus At1 auf, At15 fehlte hier vollständig.

Während Da9 nur bei etwa 1% der Fische nachweisbar war, konnte dieser Haplotypus 2001 nicht gefunden werden.

In der österreichweiten Untersuchung war bisher At1 mit 44% der häufigste Haplotypus. Er wurde mit unterschiedlicher Häufigkeit in allen untersuchten österreichischen Flüssen nachgewiesen. Der Haplotypus Da22 trat dieses Mal nicht auf. Der Haplotypus Da25 war der einzige Typus im Schafgrabenbach. Dies entsprach einem Anteil von 28%.

Tabelle 1. Häufigkeiten der mtDNA Haplotypen in 4 Fließgewässern des Nationalparks Kalkalpen (Oberösterreich). Der Atlantische Haplotyp (At1, At15) ist fett dargestellt.

Population	Haplotyp					Total
	At1	At15	Da1	Da9	Da25	
Niklbach	<b>2</b>	<b>0</b>	23	0	0	25
Ameisbach	<b>25</b>	<b>0</b>	0	0	0	25
Holzgrabenbach	<b>7</b>	<b>10</b>	8	1	0	26
Schafgrabenbach	<b>0</b>	<b>0</b>	0	0	30	30
Gesamt	<b>34</b>	<b>10</b>	31	1	30	106

### Diskussion

Die Untersuchung im Jahr 2002 ergab einen grösseren Überblick über die genetische Situation der Bachforelle im Nationalparkgebiet. Es zeigte sich jedoch, dass auch bei Unüberwindbarkeit und geringer Zugänglichkeit Besatzmassnahmen getätigt worden sind.

Die Besatzfische entsprachen nicht nur dem Haplotypus At1, möglicherweise auch dem At15, der im Jahr 2001 nicht gefunden wurde.

Der 2001 neu entdeckte Haplotyp Da 25 konnte nun auch an einem weiteren Bach festgestellt werden.

Bei Gesamtbetrachtung der genetischen Situation im Nationalparkgebiet kann der Schluss gezogen werden, dass der Anteil der Populationen, die keine atlantischen Haplotypen enthalten, im Vergleich zu anderen Gebieten in Österreich hoch ist. Dies ist in erster Linie auf zwei Faktoren zurückzuführen: die Fliessgewässer mit genetisch ursprünglichen Populationen sind hoch gelegen. Da sich die Zugänglichkeit hier eher schwierig gestaltet, dürften es die

Bewirtschafter in der Vergangenheit gescheut haben, Besatzfische einzusetzen. Alle Gewässer im Nationalpark mit ursprünglichen Populationen sind dem Epirhithral zuzuschreiben, die Bachforelle war die einzig vorkommende Fischart.

Weiters steigt bei zunehmender Höhenlage auch die Wahrscheinlichkeit, natürliche unüberwindbare Hindernisse zu finden. Somit ist der Zuzug von Besatzfischen von Unterliegern unterbunden.

Es sei an dieser Stelle erwähnt, dass Vorsicht bei der Interpretation der angeführten Resultate geboten ist, vor allem was die Förderung und den Besatz von autochthonen bzw. allochthonen Bachforellenstämmen anlangt.

Es kann nicht jedes Bachforellen Individuum vom Donau-Haplotyp als autochthon und jenes vom Atlantik-Haplotyp als fremd angesehen werden. Der in dieser Studie verwandte genetische Marker dient nur als indirekter Marker auf Populationsebene. Das heißt, dass Populationen, die lediglich Donau-Haplotypen aufweisen, mit sehr hoher Wahrscheinlichkeit autochthon und nicht durch Besatz mit anderen Stämmen beeinflusst sind. Bei Nachweis von sowohl Donau- wie auch Atlantik-Haplotypen kann davon ausgegangen werden, dass eine Vermischung stattgefunden hat. Aufgrund des Mangels an Referenzdaten, und der Einschränkung, dass nur ein mütterlicher, genetischer Marker verwendet wurde, kann der individuelle Fisch nicht als ursprünglich oder verfälscht eingestuft werden.

Die genetischen Daten in dieser Untersuchung erlauben keine Aussage über Inzuchterscheinungen innerhalb jeder Population. Bei Durchführung eines Zuchtprogrammes ist aber genau dieses Wissen über den Inzucht-Zustand der Population von großer Bedeutung. Dazu werden allerdings andere genetische Marker benötigt, die bei schutzorientierten Besatzprogrammen Anwendung finden. Wesentliche Erkenntnisse über Mortalitäten und Dynamiken unvermischter, ursprünglicher Stämme fehlen derzeit auch aus dem Nationalparkgebiet. Eine Ist-Zustandserhebung der Nationalparkgewässer sollten allerdings als Start einer längerfristigen Untersuchung der Populationen dienen (Haunschmid 2000).

Als Referenzzustand im Sinne der EU-Wasserrahmenrichtlinie sind jedoch diese unverfälschten Populationen von ausserordentlichem Interesse.

Auch wenn Populationen als autochthon identifiziert werden können und keine Inzucht vorliegt, kann nicht empfohlen werden, dieses Bachforellenmaterial für ganz Österreich zu verwenden. Vielmehr sollten Besatzmaßnahmen mit solchen Tieren auf der Ebene von Einzugsgebieten oder ökologisch ähnlicher Bäche erfolgen.

In der Praxis sollte eine Population selbst im Gewässer reproduzieren, was die genetische Integrität dieser bewahrt. Wenn Besatzmaßnahmen durchgeführt werden, sollten möglichst viele adulte Bachforellen zur Zucht verwendet werden. Eine jährliche Auffrischung mit Laichfischen aus den Bächen sollte erfolgen.

Dies muss jedoch im Einklang mit dem Wissen der Bestandsdichte im Wildgewässer einhergehen (Haunschmid 2000). Das bedeutet, dass die Rekrutierung im Wildgewässer trotz Entnahme von Laichtieren gesichert bleiben muss.

### **Literatur**

Bernatchez L, Guyomard R & Bonhomme F (1992) DNA sequence variation of the mitochondrial control region among geographically and morphologically remote European brown trout (*Salmo trutta*) populations *Molecular Ecology* **1**, 161-173.

Haunschmid R. (2000) Fischbestandserhebung in den Fließgewässern des Nationalparks Kalkalpen - Jahr 2000. 49 Seiten.

Weiss S, Schlötterer C, Waidbacher H & Jungwirth M (2001) Haplotype diversity of brown trout *Salmo trutta* in tributaries of the Austrian Danube: massive introgression of Atlantic basin fish – by man or nature? *Molecular Ecology* **10**, 1241-1246

Weiss S, Linhares D & Haunschmid R (2002) Vorläufige Untersuchungen der genetischen Diversität der Bachforelle (*Salmo trutta* L.) im Nationalpark Kalkalpen (Oberösterreich). *Österreichs Fischerei* **55**, 45-49.

Duftner N, Weiss S, Medgyesy N, Sturmbauer C. (In Press) Enhanced phylogeographic information about Austrian brown trout populations derived from complete mitochondrial control region sequences. *Journal of Fish Biology* **0**, 000-000