



Baden-Württemberg
Ministerium für Ernährung,
Ländlichen Raum und Verbraucherschutz



Vielfalt im Verborgenen

Wie es um die Fische, Neunaugen und Krebse steht und wie wir sie schützen können.



Gefördert durch
Das Sonderprogramm
zur Stärkung der
biologischen Vielfalt.

Herausgeber

Ministerium für Ländlichen Raum und
Verbraucherschutz Baden-Württemberg
Kernerplatz 10
70182 Stuttgart
Tel. 0711/126 2355
E-Mail: pressestelle@mlr.bwl.de

Autoren

Samuel Roch, Mario Ferreira, Christoph
Chucholl, Jan Baer, Alexander Brinker,
Fischereiforschungsstelle B.-W. (FFS) beim
Landwirtschaftlichen Zentrum B.-W. (LAZBW)

Layout Thorsten Kirchhoff

Illustration Samuel Roch

Druckerei Druckhaus Sportflieger

Zitiervorschlag

Roch *et al.* (2025): Vielfalt im Verborgenen.
Wie es um die Fische, Neunaugen und Krebse steht
und wie wir sie schützen können. Ministerium
für Ländlichen Raum und Verbraucherschutz Baden-
Württemberg (MLR). Stuttgart. 176 S.

Bezugsquelle

Fischereiforschungsstelle
Baden-Württemberg (LAZBW)
Argenweg 50/1
88085 Langenargen
Tel. 075 43/93 08-0
E-Mail: poststelle-ffs@lazbw.bwl.de
Internet: www.lazbw.de



Druckprodukt mit finanziellem

Klimabeitrag

ClimatePartner.com/10884-2505-1001

1. Auflage

© 2025

Vorwort

Die Natur wird heute durch zahlreiche menschengemachte Einflüsse erheblich verändert. Dadurch gehen einzigartige und wertvolle Lebensräume verloren und die biologische Vielfalt nimmt schneller ab als je zuvor in der Geschichte der Menschheit. Schätzungen zufolge sind weltweit mindestens 1,2 Millionen Pflanzen- und Tierarten vom Aussterben bedroht. Auch bei uns in Baden-Württemberg ist ein deutlicher Artenverlust zu beobachten, der letztlich unsere heimischen Fisch-, Neunaugen- und Krebsarten in besonderem Maß betrifft.

Ein erklärtes Ziel der Landesregierung ist es, den Artenschutz zum Erhalt der Biodiversität gezielt voranzutreiben. In diesem Kontext werden Projekte, die zukunftsweisend die biologische Vielfalt in Baden-Württemberg stärken, seit 2018 durch das Sonderprogramm zur Stärkung der biologischen Vielfalt unterstützt. Durch dieses deutschlandweit einzigartige Programm unter Beteiligung und Zusammenarbeit des Ministeriums für Ernährung, Ländlichen Raum und Verbraucherschutz, des Ministeriums für Umwelt, Klima und Energiewirtschaft sowie des Ministeriums für Verkehr sollen wichtige Grundlagen zur Begegnung dieser dringenden Herausforderungen unserer Zeit geschaffen werden.

In diesem Rahmen wurde nun erstmals die faszinierende Vielfalt unserer heimischen Fisch-, Neunaugen- und Krebsarten genauer unter die Lupe genommen. Die vorliegende Broschüre fasst anschaulich die Ergebnisse eines mehrjährigen Projekts zusammen, in dem Fachexperten verschiedene Aspekte der aquatischen Vielfalt ausführlich untersucht haben. Neben einem umfassenden Überblick zur aktuellen Bedrohung heimischer Arten wird dabei die oft verborgene Vielfalt auf Basis neuester wissenschaftlicher Erkenntnisse und Methoden auch für fachfremde Leserinnen und Leser in verständlicher Weise dargestellt. Zudem werden konkrete Schutzkonzepte im Sinne der guten fachlichen Praxis benannt und Empfehlungen für wirkungsvolle Maßnahmen gegeben.

Darüber hinaus wird der aktuelle Zustand der aquatischen Biodiversität im Land insgesamt betrachtet. Die Bestimmung und Quantifizierung der aquatischen biologischen Vielfalt stellt eine besondere Herausforderung dar, da Flussökosysteme durch komplexe, vernetzte und stark variierende Lebensräume gekennzeichnet sind. Veränderungen führen hier nicht immer zwangsweise zu einem generellen Verlust an Biodiversität, vielmehr bieten sie für gebietsfremde, nicht heimische oder eingesetzte Fischarten häufig eine Chance zur Ausbreitung und Etablierung. Um sich der komplexen Thematik anzunähern, haben die Fachexperten daher erstmals die seit den 1980er Jahren gesammelten Fischereidaten mit den an der Fischereiforschungsstelle



entwickelten gewässerscharfen Referenz-Fischzönosen zusammengeführt und so Entwicklungen der biologischen Vielfalt ermittelt. Die in dieser Broschüre zusammengefassten Ergebnisse zeigen eindrucksvoll auf, wie stark sich die heimische Vielfalt im Land verändert hat, und sie identifizieren die wichtigsten schädigenden oder begünstigenden Einflüsse.

Die Broschüre liefert generelle Informationen zum angewandten Artenschutz in unseren heimischen Gewässern: Neben allgemeinen Empfehlungen für wirkungsvolle Schutzmaßnahmen werden zahlreiche neue Lösungswege für die wichtigsten Bedrohungen der heimischen Vielfalt aufgezeigt. Zudem wird der weitere Forschungsbedarf für verschiedene, besonders exponierte Arten klar benannt und die zukünftigen Herausforderungen für den Artenschutz herausgearbeitet.

Wenn wir die einzigartige heimische Vielfalt in unseren Bächen, Flüssen und Strömen bewahren wollen, müssen wir jetzt handeln. Die Broschüre soll Ihnen dabei helfen und Orientierung geben, sie zeigt die aktuellen Probleme auf und gibt Lösungsansätze an die Hand, wie wir unsere Gewässer resilienter gegenüber Störungen gestalten können. Ich wünsche Ihnen viel Spaß beim Entdecken der ‚Vielfalt im Verborgenen‘ und hoffe, dass Sie diese Schrift ermutigt, diese Vielfalt mit uns gemeinsam zu schützen und zu erhalten.

Peter Hauk MdL

Minister für Ernährung, Ländlicher Raum und Verbraucherschutz Baden-Württemberg



Finanzierung des Inhalts dieser Broschüre

Die in dieser Broschüre präsentierten Untersuchungen wurden durch das „Sonderprogramm zur Stärkung der biologischen Vielfalt der Landesregierung Baden-Württemberg“ gefördert. Die Erhaltung der biologischen Vielfalt ist ein wichtiges Ziel der Landesregierung von Baden-Württemberg, mit dem Ziel, dem anhaltenden Artenschwund im Land zu begegnen. Hierzu wurde seitens der Landesregierung ein breites Maßnahmenbündel initiiert. In diesem Kontext hat der Ministerrat des Landes Baden-Württemberg daher das „Sonderprogramm zur Stärkung der biologischen Vielfalt“ für die Jahre 2018 und 2019 beschlossen. Mit der Durchführung des Sonderprogramms wurden das Ministerium für Umwelt, Klima und Energiewirtschaft (UM), das Ministerium für Ernährung, Ländlichen Raum und Verbraucherschutz (MLR) und das Ministerium für Verkehr (VM) beauftragt. Mit dem Sonderprogramm werden vielgestaltige

und zukunftsweisende biodiversitätsfördernde Impulse in unserer landwirtschaftlich und forstlich geprägten Kulturlandschaft gesetzt. Ein Fachgremium aus externen, unabhängigen Sachverständigen begleitet und bewertet die Umsetzung des Sonderprogramms. Es besteht aus acht Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern, die paritätisch vom MLR und UM vorgeschlagen wurden. Des Weiteren wurden die Untersuchungen durch die „Fischereiabgabe Baden-Württemberg“ gefördert. Diese wird von jedem, der die Fischerei im Landesgebiet ausüben will, entrichtet und dem Land Baden-Württemberg zur Förderung des Fischereiwesens und der fischereilichen Forschungstätigkeit zugeführt. Das Ministerium für Ernährung, Ländlichen Raum und Verbraucherschutz entscheidet unter Beratung des Landesfischereibeirates, welche Maßnahmen und Forschungstätigkeiten hiermit gefördert werden.

Inhaltsverzeichnis

1. Einführung	8
1.1. Eine einzigartige aquatische Umwelt ist bedroht	9
1.2. Der Begriff Biodiversität und warum ihr Schutz wichtig ist	11
1.3. Biotische und abiotische Einflussfaktoren auf Fische	14
1.4. Rechtliche Grundlagen für den angewandten Artenschutz	19
2. Biologische Vielfalt ausgesuchter Fisch-, Neunaugen- und Krebsarten	22
2.1. Eine flächendeckende Bestandsaufnahme	23
2.2. Methodik	24
2.3. Äsche	32
2.4. Bachneunauge	38
2.5. Groppe	44
2.6. Karausche	50
2.7. Karpfen	56
2.8. Nase	62
2.9. Quappe	68
2.10. Rapfen	74
2.11. Schlammpeitzger	78
2.12. Steinbeißer	84
2.13. Strömer	90
2.14. Steinkrebs	96
3. Einfluss der Wirtsfischdiversität auf die Bachmuschel	102
3.1 Muschel und Fisch – eine notwendige Beziehung	103
3.2 Methodik	104
3.3 Muscheldichten und Habitatqualität	105
3.4 Relevanz der Wirtsfischdichte	105
3.5 Einfluss der Wirtsfischdiversität	109

4. Entwicklung der Fischbiodiversität in Baden-Württemberg	110
4.1 Im ständigen Wandel	111
4.2 Methodik	113
4.3 Veränderungen in der Fischartengemeinschaft	119
4.4 Entwicklung der heimischen Fischartenvielfalt	122
4.5 Abweichungen vom erwarteten Arteninventar	123
4.6 Einfluss von biotischen und abiotischen Faktoren	125
5. Gesamtbetrachtung und Ausblick	128
5.1. Einblick in eine komplexe Welt	129
5.2. Vom Monitoring zur Maßnahme	130
5.3. Besonderer Schutz für Spezialisten und lokal angepasste Bestände ist nötig	133
5.4. Verbesserung der Resilienz heimischer Gewässer	138
5.5. Neue Arten – neue Herausforderungen für den Artenschutz	142
5.6 Empfehlungen zur Prävention und zum Management von nicht heimischen Arten	146
5.7 Zurück auf Null	147
6. Anhang	148
Details Probestellen	150
Funktionelle Merkmale der berücksichtigten Fischarten	156
Literatur- und Quellenverzeichnis	162
Bildnachweis	175



1. Einführung

1.1. Eine einzigartige aquatische Umwelt ist bedroht

Baden-Württembergs Flusslandschaft zeichnet sich durch seine vielfältigen und verzweigten Fließgewässer aus, die zu den einzigartigen geografischen und ökologischen Gegebenheiten des Landes beitragen. Von kleinen Gräben über schnellfließende Wildbäche bis hin zu großen Strömen – das Land bietet einen einzigartigen Reichtum an aquatischen Lebensräumen. Im Jahr 2019 wurden 50 fischökologisch bedeutsame Gewässer (englisch: *Important Fish Areas*, IFAs) in Baden-Württemberg identifiziert [1]. Diese besitzen wichtige Vorkommen von bedeutsamen Fisch-, Neunaugen-, Krebs- und Muschelbeständen. Zudem sind sie entweder nur geringfügig durch den Menschen beeinflusst oder sie haben ein großes Entwicklungspotential. Vor allem zeigen sie eindrucksvoll die unglaubliche Vielfalt der aquatischen Fauna in Baden-Württemberg (Abb. 1.1). Die verschiedenen Einzugsgebiete sind dabei ein wesentlicher Bestandteil der aquatischen hydrologischen Systeme der Region und ermöglichen die Bildung dieser einzigartigen Artenvielfalt. Generell ist Baden-Württemberg durch zwei große Stromeinzugsgebiete geprägt: das Rhein- und das Donaueinzugsgebiet. Sie sind durch die Rhein-Donau-Wasserscheide voneinander getrennt (Abb. 1.1).

Der Rhein, einer der größten Flüsse Europas, fließt durch den westlichen Teil des Landes und umfasst ein riesiges Gebiet mit großen Nebenflüssen wie dem Neckar und dem Main. Daher wird das Rheineinzugsgebiet häufig in mehrere kleinere Einzugsgebiete aufgeteilt (Abb. 1.1). Diese Aufteilung hat nicht nur aktuelle hydrologische Hintergründe, sondern berücksichtigt auch andere Einflussgrößen. So wird das Bodenseeeinzugsgebiet, eigentlich Teil des Rheingebiets, häufig getrennt betrachtet, da der Rheinfluss ein für Fische unüberwindbares Hindernis darstellt [2]. Des Weiteren kam es während der letzten Eiszeit zu weitreichenden

Veränderungen in Baden-Württemberg. So entwässerte der Alpenrhein beispielsweise über den Bodensee ursprünglich in die Donau [3].

Das zweite große Flussgebiet in Baden-Württemberg ist das Donaueinzugsgebiet. Die Donau, der zweitlängste Fluss Europas, fließt durch den südöstlichen Teil des Landes (Abb. 1.1). Beide Einzugsgebiete, welche als Refugien und Ausbreitungskorridore für Fischarten während und nach der eiszeitlichen Phase fungierten [4], spielen eine entscheidende Rolle bei der Etablierung, Erhaltung und Förderung der biologischen Vielfalt im Land.

Fließgewässer sind komplexe aquatische Ökosysteme, die leider besonders anfällig gegenüber Störungen sind [5]. Kürzlich belegte eine globale Meta-Studie, dass bereits über 50 Prozent der weltweiten Flusseinzugsgebiete durch den Menschen negativ beeinflusst werden [6]. Aus diesem Grund wurden mehrere internationale und nationale Rahmenwerke implementiert, um den ökologischen Zustand von Gewässern zu überwachen und Sanierungsmaßnahmen zu koordinieren. In Europa geschieht dies beispielsweise durch die Wasserrahmenrichtlinie (WRRL, [7]). Die aktuellen Daten für Deutschland zeichnen ein düsteres Bild: Nach dem aktuellen Zustandsbericht der WRRL weisen derzeit nur 13 Prozent der Flüsse und 20 Prozent der Seen einen guten oder sehr guten ökologischen Zustand auf [8]. In Baden-Württemberg sind entsprechend nur 20 von 175 Wasserkörpern in einem guten oder sehr guten Zustand und 20 Prozent der Wasserkörper sind sogar in einem unbefriedigenden oder schlechten Zustand (Abb. 1.2, [9]). Aufgrund der integrierenden Eigenschaften von Fischen mit ihrer Mobilität und vergleichsweise langen Lebensdauer ist bei Fließgewässern die Bewertung der Fischfauna oft entscheidend für den Zustand des Gewässers und liefert besonders wertvolle Informationen über die Faktoren, die einen guten ökologischen Zustand verhindern.

Trotz zahlreicher Bemühungen, den Einfluss des Menschen auf die Flüsse zu minimieren und ihren



Abb. 1.1: Baden-Württembergs Flusslandschaft zeichnet sich durch seine vielfältigen und verzweigten Fließgewässer aus, die zu den einzigartigen geografischen und ökologischen Gegebenheiten des Landes beitragen. Sie werden häufig in fünf Einzugsgebiete aufgeteilt. Neben den beiden Stromeinzugsgebieten Donau und Rhein, welche durch eine Wasserscheide getrennt sind, werden den Fließgewässern rund um den Bodensee, dem Neckar und dem Main eigene Einzugsgebiete zugewiesen.

ökologischen Zustand zu verbessern, sind die heimischen Fisch- und Neunaugen-Artengemeinschaften in Deutschland zunehmend bedroht. Heute sind deutlich mehr Arten in der Roten Liste der Süßwasserfische in Deutschland als gefährdet eingestuft als noch 2009: 38 von 90 bewerteten Arten (42 Prozent) sind derzeit bedroht, im Vergleich zu 22 von 89 Arten (25 Prozent) im Jahr 2009 [10]. Darüber hinaus gelten 10 Prozent der heimischen Fisch- und Neunaugenarten als ausgestorben, und 19 Arten wurden seit 2009 in ihrer Gefährdungskategorie heraufgestuft. Weiterhin sind in Deutschland 21 nicht heimische Arten verbreitet, von denen sechs als invasiv gelten müssen [10].

Diese katastrophale Situation spiegelt sich auch in Baden-Württemberg wider. Baden-Württemberg beherbergt 59 heimische Arten. Nach der aktuellen Roten Liste für Baden-Württembergs Fische sind von den heimischen 31 strömungsliebenden Fischarten derzeit 81 Prozent (26 Arten) gefährdet und von den 26 lithophilen, also steinige und felsige Untergründe bevorzugenden Fischarten sind nur zwei nicht gefährdet [11]. Von den drei heimischen Neunaugenarten sind zwei Arten stark gefährdet (Fluss- und Meerneunauge) und eine Art gefährdet (Bachneunauge). Auch die Gefährdungssituation bei den heimischen Flusskrebsen ist alarmierend: Der Dohlenkrebs steht vor dem Aussterben, Stein- und Edelkrebs sind stark gefährdet. Insgesamt unterliegen von den heimischen Fisch-, Flusskrebs- und Neunaugenarten nur 18 Arten (30,5 Prozent, alles Fischarten) keinem Gefährdungsrisiko (Abb. 1.2).

1.2. Der Begriff Biodiversität und warum ihr Schutz wichtig ist

Biodiversität ist ein Begriff, der die Vielfalt aller lebenden Organismen auf dem Land, im Süßwasser, in den Ozeanen sowie in der Luft beschreibt. Er entstand in den 1980er Jahren während des „National Forum on BioDiversity“ in Washington DC, USA [12]. Spätestens seit der „Convention on Biological Diversity“ in Rio de Janeiro im Jahr 1992 [13] wird der Begriff regelmäßig als Synonym für Artenvielfalt verwendet. Biodiversität bedeutet jedoch nicht nur die Vielfalt unterschiedlicher Arten, sondern insbesondere auch die genetische Vielfalt innerhalb einzelner Arten sowie die Vielfalt an Biotopen und Ökosystemen.

In den letzten 20 Jahren gewann der Schutz der Biodiversität immer mehr an Bedeutung. Im Jahr 1992 wurde die Flora-Fauna-Habitat-Richtlinie (FFH-Richtlinie, [14]) vom Rat der Europäischen Union verabschiedet. Ihr Ziel ist es, durch die Erhaltung von natürlichen Lebensräumen die biologische Vielfalt zu schützen. Das darauf aufbauende System aus Schutzgebieten berücksichtigt

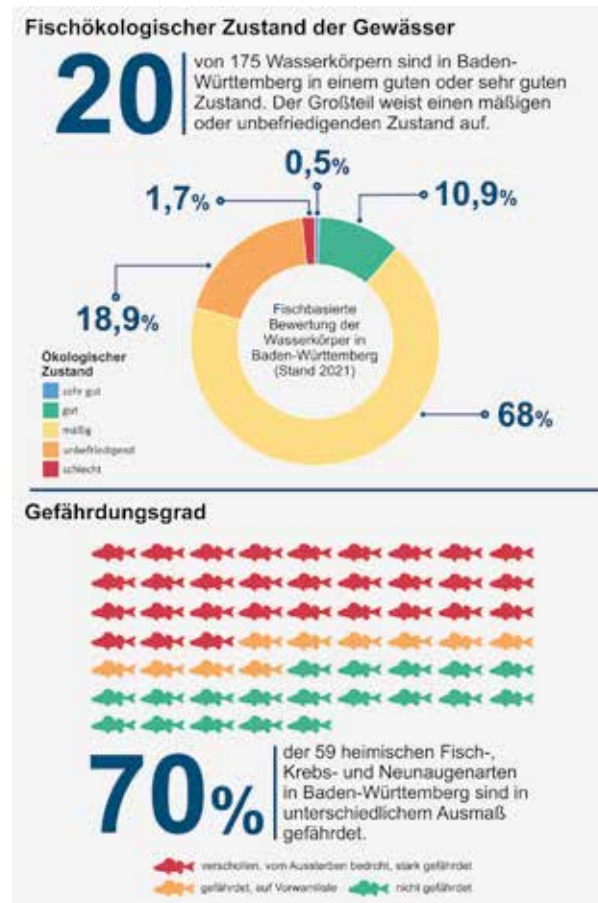


Abb. 1.2: Übersicht zum ökologischen Zustand der Gewässer in Baden-Württemberg und der Gefährdung heimischer aquatischer Arten. Die Zahlen zeichnen ein düsteres Bild: Trotz zahlreicher Bemühungen, den Einfluss des Menschen auf die Flüsse zu minimieren und ihren ökologischen Zustand zu verbessern, sind viele der heimischen Fisch-, Krebs- und Neunaugenbestände in Baden-Württemberg stark bedroht.

dabei sowohl bestimmte Lebensraumtypen als auch bestimmte gefährdete Arten. Ende des Jahres 2000 trat dann die Wasserrahmenrichtlinie (WRRL) der Europäischen Gemeinschaft in Kraft. Ziel der Richtlinie ist es, den ökologischen und chemischen Zustand in den europäischen Gewässern zu verbessern und einen zumindest guten ökologischen Zustand zu erreichen. Dabei findet regelmäßig eine Bestandsaufnahme statt, wobei unterschiedliche biologische Qualitätskomponenten berücksichtigt werden: Neben Wasserpflanzen, Algen und Kleinlebewesen spielen hier Fische eine entscheidende Rolle. Basierend auf den Ergebnissen werden anschließend Maßnahmenprogramme und Bewirtschaftungspläne erarbeitet, um den ökologischen Zustand zu verbessern. Um internationale Verpflichtungen zu erfüllen, hat die Bundesregierung für Deutschland im Jahr 2007 die „Nationale Strategie zur biologischen Vielfalt“ (NBS) erarbeitet und verabschiedet. Sie enthält Ziele zur Erhaltung und zum Schutz der Artenvielfalt, der genetischen Vielfalt und der Vielfalt der

Lebensräume. Nach Verabschiedung des globalen „Kunming-Montreal Global Biodiversity Framework“ (GBF), in dem globale Ziele zum Schutz der Biodiversität festgelegt sind, wurde die NBS im Jahr 2023 aktualisiert. In Baden-Württemberg werden Veränderungen und Gefährdungen der heimischen Arten in Roten Listen dokumentiert. Für die Fische erscheint die Rote Liste etwa alle zehn Jahre, das letzte Mal im Jahr 2014. Zudem hat die Landesregierung im Jahr 2017 ein „Sonderprogramm zur Stärkung der biologischen Vielfalt“ ins Leben gerufen. In diesem Rahmen fanden an der Fischereiforschungsstelle erstmals flächendeckende Untersuchungen zur morphometrischen und genetischen Vielfalt ausgewählter gefährdeter Fisch-, Neunaugen- und Krebsarten statt.

In der Wissenschaft gibt es unterschiedliche Möglichkeiten, die Biodiversität zu messen. Der wahrscheinlich einfachste Ansatz ist, die vorkommenden Arten auf einer bestimmten Fläche zu zählen. Die Klassifikation von Organismen in Arten wurde bereits im 18. Jahrhundert von Carl von Linné etabliert [15] und ist bis heute ein essentieller Bestandteil für Untersuchungen der biologischen Vielfalt. Wissenschaftler erkannten aber, dass nicht nur die Artanzahl (englisch: *species richness*), sondern auch die Häufigkeit der einzelnen vorkommenden Arten (englisch: *species abundance*) berücksichtigt werden muss. So kann die Artenvielfalt zwar hoch sein, aber nur von wenigen Arten dominiert sein. Heute gibt es eine Vielzahl von Diversitätsindizes, die unterschiedliche Kombinationen von Anzahl und Häufigkeit nutzen (weiterführende Details zu etablierten Indizes finden sich in Kapitel 4).

In den vergangenen Jahren wurden aber auch neue Ansätze entwickelt, Biodiversität zu quantifizieren. So etablierte sich zum Beispiel das Konzept der „funktionellen Diversität“. Hier werden bestimmten Merkmale (englisch: *traits*), welche eine Art besitzt, berücksichtigt [16]. Bei Fischen können dies zum Beispiel Habitat- und Nahrungspräferenzen, die trophische Ebene oder phänotypische Merkmale sein (Abb. 1.3 siehe auch Kapitel 4). Mit Hilfe verschiedener funktioneller Biodiversitätsindizes können die Verteilung und das Spektrum der Funktionen von Organismen in einer Artengemeinschaft oder in einem Ökosystem untersucht werden. Je mehr Organismen mit einzigartigen Merkmalen es in einem Ökosystem gibt, desto höher ist die Gesamtvielfalt.

Eine hohe Biodiversität bedeutet aber nicht immer, dass ein Lebensraum in einem guten ökologischen Zustand ist. Die Etablierung von nicht heimischen Arten oder von heimischen Arten, die ursprünglich nicht in einem Gebiet verbreitet waren (gebietsfremde Arten), führt zwar zu einer Erhöhung der Artenvielfalt, bedeutet aber auch eine Abweichung vom erwarteten natürlichen Zustand. Um diesen Zustand zu definieren, wurden für die Fische „Referenz-Fischzönosen“ entwickelt. In diesen ist festgelegt, welche Fischbestände unter weitgehend unbeeinträchtigten Bedingungen für definierte Fließgewässerabschnitte zu erwarten sind. Sie wurden *a priori* von Experten mit Hilfe einer raumbezogenen Modellierung entwickelt und dienen zum Beispiel zur fischbasierten Fließgewässerbewer-

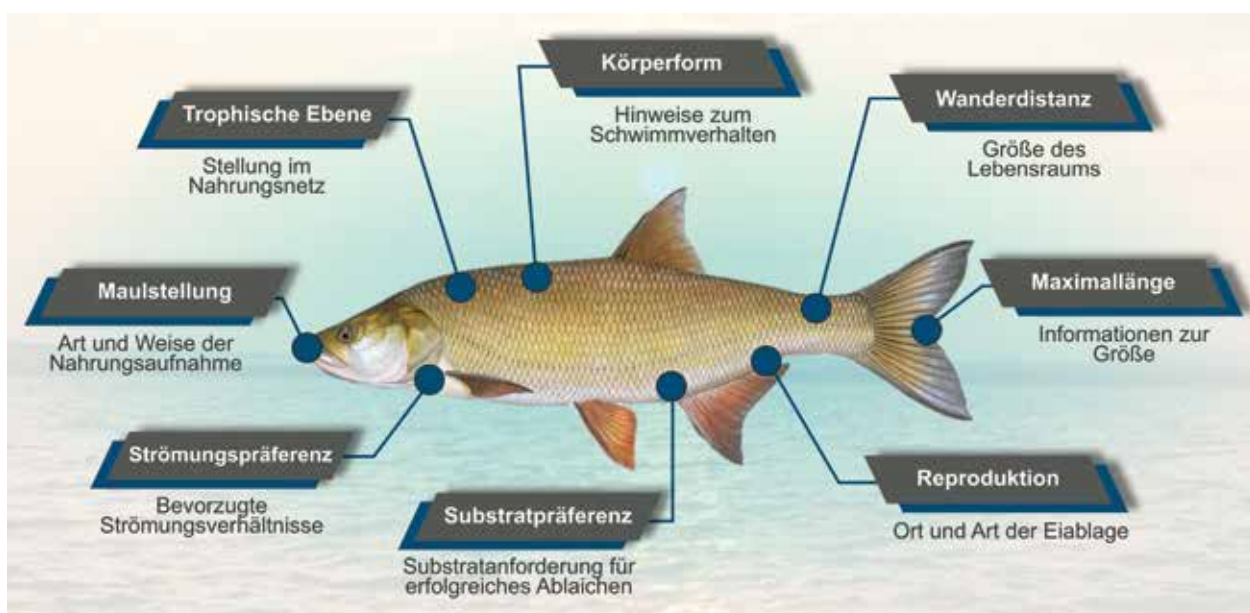


Abb. 1.3: Jede Fisch- und Neunaugenart besitzt unterschiedliche funktionelle Merkmale, welche von Habitat- und Nahrungspräferenzen, dem Wanderverhalten bis hin zu phänotypischen Ausprägungen reichen. Werden alle Merkmale gemeinsam betrachtet, so ergibt sich ein gutes Bild über die Funktion der Art in einer Gemeinschaft oder einem Ökosystem.

tung [17]. Die Referenz-Fischzönosen gelten für spezifische, nach fischökologischen Kriterien abgegrenzte Fließgewässerabschnitte, die in Bezug auf ihre natürliche strukturell-hydrologische Ausprägung definierbare Fischlebensräume darstellen. Dabei wurden Faktoren wie die zoogeografische Zuordnung, die längszonale Ausprägung des Gewässersystems und die natürlichen Muster und Grenzen der Verbreitung der Fisch- und Neunaugenarten berücksichtigt. Gerade Gebirgs- oder Quellflüsse weisen zum Beispiel eine natürlicherweise geringe Artenvielfalt auf. Es ist daher entscheidend, dass ein Referenzzustand bei der Bewertung der Biodiversität berücksichtigt wird.

Grundsätzlich ist eine naturnahe Artenvielfalt essentiell für das Überleben von Organismen und Ökosystemen. Sie spielt auch eine entscheidende Rolle in vielen Aspekten des menschlichen Lebens. So ist sie die Grundlage für viele Ökosystemleistungen wie Nahrungsmittelproduktion, Eindämmung der Klimakrise, Wasserreinigung und Bestäubung von Pflanzen [18]. Konkret erfüllt die Messung der biologischen Vielfalt von Fischen mehrere wichtige Zwecke:

- Überwachung der Intaktheit von Ökosystemen: Werden Veränderungen in der Zusammensetzung und Häufigkeit von Fischarten verfolgt, lassen sich der allgemeine Zustand aquatischer Ökosysteme überwachen und Anzeichen einer Verschlechterung erkennen.
- Identifizierung gefährdeter Arten: Durch die Bewertung der biologischen Vielfalt können Fischarten oder funktionale Gruppen von Fischen festgestellt werden, die gefährdet oder vom Aussterben bedroht sind. Darauf aufbauend können zielgerichtete Schutzkonzepte entwickelt werden.
- Steuerung der nachhaltigen Nutzung: Das Verständnis der Struktur und Dynamik von Fischpopulationen ist eine wesentliche Voraussetzung, um nachhaltige Bewirtschaftungskonzepte entwickeln zu können.
- Förderung der Resilienz von Ökosystemen: Fische spielen eine entscheidende Rolle bei der Aufrechterhaltung der Widerstandsfähigkeit und Erholung aquatischer Ökosysteme. Durch den Erhalt der biologischen Vielfalt von Fischen wird die Fähigkeit dieser Ökosysteme wesentlich verbessert, sich anzupassen und Störungen zu tolerieren.
- Unterstützung des menschlichen Wohlbefindens: Fische stellen eine wichtige Nahrungs- und Einkommensquelle dar. Aber auch die Freizeitfischerei ist von wesentlicher Bedeutung für das Wohlbefinden der Menschen.

AUF EINEN BLICK

Warum biologische Vielfalt wichtig ist

Resiliente Gewässer

- Die biologische Vielfalt der Fische ist eine entscheidende Größe für die Resilienz von aquatischen Ökosystemen
- Je resilienter ein Gewässer ist, desto widerstandsfähiger ist es gegenüber Störungen
- Resiliente Ökosysteme können sich schneller von schadhafte Ereignissen erholen und ihre Dienstleistungen erhalten

Nahrungsmittel Fisch

- Der Fischkonsum in Deutschland beträgt jährlich pro Kopf ca. 14 kg
- Fisch ist eine gesunde Eiweißquelle und enthält essentielle Spurenstoffe und Fettsäuren
- Regional gefangene Wildfische haben einen exzellenten ökologischen Fußabdruck

Angeln entspannt!

- In Deutschland gibt es über 1,6 Millionen Angler, viele genießen die Verbundenheit mit der Natur
- Der erfolgreiche Fang eines Fisches steht meist nicht im Vordergrund
- Angeln hat nachweislich eine positive Auswirkung auf die psychische Gesundheit entfällt

Regelmäßiges Monitoring

- Fische sind ein wichtiger Anzeiger für den ökologischen Zustand eines Gewässers
- Ein gesunder Fischbestand zeigt ein Ökosystem im Gleichgewicht an
- Ein landesweites und regelmäßiges Monitoring ist für die Bewertung des Zustands der Gewässer erforderlich

1.3. Biotische und abiotische Einflussfaktoren auf Fische

Welche Veränderungen in einem Gewässer stattfinden, entzieht sich meist dem direkten Blick. Es ist daher nicht verwunderlich, dass Störungen oft unbemerkt bleiben oder erst sehr spät erkannt werden. Vor allem der Mensch hat einen nachhaltigen Einfluss auf die komplexen aquatischen Lebensräume: Einflussfaktoren wie die Nutzung durch Landwirtschaft und Wasserkraft [19, 20] oder punktuelle Belastungen wie Wärmeeinleiter und Aufstauungen [21, 22] verändern meist negativ Gewässerstrukturen oder die Eigenschaften der Gewässer. Aber auch die absichtliche oder unabsichtliche Einschleppung von invasiven Arten [23, 24] und natürliche Faktoren (wie zum Beispiel Naturkatastrophen) können zu einem Verlust der heimischen Artenvielfalt führen. Hinzu kommt der fortschreitende Klimawandel, der besonders weitreichende Folgen auf den Wasserlebensraum haben kann [25, 26]. Im Folgenden werden ausgewählte Faktoren, welche die heimische Fischdiversität nachhaltig beeinflussen, genauer vorgestellt.

Klimawandel

Die durch die vermehrte Freisetzung von Treibhausgasen durch den Menschen hervorgerufene globale Erwärmung ist als ein zentrales ökologisches Problem unserer Zeit längst in das öffentliche Bewusstsein gerückt. Die heißen Sommer der letzten Jahre, die geringen Niederschläge und damit die historischen Tiefststände vieler Bäche und Flüsse in diesen Zeiträumen (Abb. 1.4) zeigen, dass der Klimawandel nicht etwa bald kommen wird, sondern bereits stattfindet.

Die deutlichsten Auswirkungen der Klimakrise sind in Fließgewässern zu beobachten: Die Wassertemperatur steigt, die Wasserstände und Fließgeschwindigkeiten gehen stark zurück. Die vorhandenen Prognosemodelle sagen darüber hinaus weitere Zunahmen der Wassertemperaturen sowie noch deutlichere Änderungen der Abflussregimes voraus. In Bezug auf letztere wird einerseits damit gerechnet, dass sich die Gesamtabflussmengen in vielen Fließgewässern insgesamt verringern und dadurch die Temperatureffekte noch verstärkt werden. Andererseits werden insbesondere im Winterhalbjahr vermehrte Starkregenereignisse erwartet, die zu höheren Hochwasseramplituden führen.

Die daraus resultierenden Konsequenzen für die Fischfauna sind im Detail noch nicht absehbar. Es ist jedoch sehr wahrscheinlich, dass sich das Lebensraumangebot für Kaltwasserarten wie die Bachforelle deutlich verringern wird und diese in ihrer Verbreitung zurückgedrängt wird. Dagegen dürften für einige wärmeliebenden Arten infolge des Klimawandels verbesserte Lebens-



Abb. 1.4: Durch die sich verschärfende Klimakrise kommt es zu immer heißeren Sommern mit geringen Niederschlägen. Das hat zur Folge, dass schon heute ganze Bach- und Flussabschnitte zeitweise komplett austrocknen können.

bedingungen entstehen, wodurch diese entsprechend begünstigt werden und sich ausbreiten. Für manche Arten wie zum Beispiel Karpfen oder Wels, die sich unter den gegenwärtigen Bedingungen bei uns im Freiland nur unregelmäßig und in wenigen Gewässern vermehren, könnten auf längere Sicht in mehr Gewässern geeignete Fortpflanzungsbedingungen entstehen. Darüber hinaus wird davon ausgegangen, dass die Einschleppung und Etablierung neuer, gebietsfremder Arten insgesamt erleichtert wird, da viele von ihnen Generalisten sind, denen die zu erwartenden Klimaänderungen entgegenkommen.

Querbauwerke

Das natürliche Kontinuum von Fließgewässern ist heute durch Sohl- und Regelungsbauwerke sowie Stauanlagen vielfach stark beeinträchtigt. Die hierdurch verursachten ökologischen Nachteile für die in Fließgewässern lebenden Fische sind bedeutend und betreffen verschiedene Aspekte ihrer Biologie.

Zunächst werden durch Querbauwerke stromauf gerichtete Wechsel und Wanderungen für Fische erschwert oder ganz verhindert. Hierdurch werden wichtige Verhaltensweisen wie das zeitweilige Aufsuchen von Laichplätzen und anderen Teilhabitaten gestört oder unterbunden, was letztlich zu Bestandsrückgängen bei Fischen führt. In manchen Fließgewässern sind entsprechende Auswirkungen bereits aufgrund niedriger Sohlschwellen

erkennbar, da diese nur für schwimmstarke Fischarten bei erhöhten Abflüssen überwindbar sind. In der Regel lässt sich hier durch eine Umgestaltung in „lückiger“ Bauweise Abhilfe schaffen, das heißt: die Sohlschwelle wird durch entsprechende Lücken und Durchlässe mit Sohlanschluss wieder passierbar gestaltet.

Höhere Querbauwerke setzen Fischaufstiegen dagegen oftmals ein generelles Ende, sofern sie nicht mit funktionsfähigen Fischaufstiegsanlagen, wie beispielsweise Fischtreppe oder Umgehungsrinne ausgestattet sind. Der Bau solcher Fischaufstiegshilfen wurde in jüngerer Vergangenheit stark vorangetrieben. Es gibt jedoch noch immer zu viele Standorte, denen es an solchen Einrichtungen fehlt oder bei denen diese aufgrund mangelhafter Bauausführungen nicht ausreichend funktionsfähig sind. Des Weiteren mildern sie das Problem nur und stellen nicht die natürliche Durchwanderbarkeit wieder her. Der Querverbau unserer Fließgewässer beeinträchtigt ihre Qualität als Fischlebensräume auch mittelbar. Sie stören den natürlichen Geschiebe- und Substrattransport und verändern das Strömungsverhalten der Gewässer.

Strukturelle Defizite

Die Struktur eines Gewässers kann durch vielfältige Faktoren verändert werden. Eingriffe in das natürliche Abflussregime und ihre ökologischen Folgen für die Fischfauna wurden bereits im Zusammenhang mit den Querbauwerken thematisiert. Maßnahmen zur Begradigung von Fließgewässern lassen sich bis ins Mittelalter zurückverfolgen, beschränkten sich aber lange auf lokale Eingriffe in Siedlungsgebieten oder das Durchstechen einzelner Flussschlingen. Begradigte Flüsse und Bäche sind stets strukturell verarmt. Die Strukturvielfalt naturnaher Fließgewässer beruht vor allem auf ihrer hohen Diversität bei den Strömungen, Tiefen, Breiten und Substraten, die eine direkte Folge der gewundenen Linienführung und des Zusammenspiels der hydraulischen Kräfte an Gleit- und Prallufern ist. Fließgewässerabschnitte mit geradem Verlauf weisen dagegen ein gleichförmig laminares Abflussgeschehen sowie kaum variierende Tiefen- und Breitenverhältnisse auf. Darüber hinaus ist ihr Sohlsubstrat je nach Strömung gewöhnlich deutlich von einer einheitlichen Größenfraktion geprägt. Fischarten, die abwechslungsreiche Gewässerstrukturen benötigen, finden unter solch veränderten Bedingungen keinen Lebensraum mehr. In den Fischbeständen begradigter Gewässerabschnitte dominieren daher oftmals wenige besonders anpassungsfähige Arten.

Auch natürliche Ufer tragen zur strukturellen Gesamtausstattung von Fließgewässern entscheidend bei. In naturnahen Fließgewässern mit unreguliertem Ab-

flussgeschehen unterliegen sie ständigen Wechselwirkungen mit den Strömungskräften und werden dabei fortlaufend geformt und umgestaltet. In unseren Breiten sind Fließgewässerufer von Natur aus meist mit Gehölzen bewachsen, die an die feuchten Standortbedingungen angepasst sind. Dieser Gehölzsaum stabilisiert die Ufer und bietet Fischen Unterstände durch ins Wasser ragende Wurzeln und überhängendes Astwerk. Im Zusammenwirken mit den hydraulischen Kräften entstehen Aus- und Unterspülungen von unterschiedlicher Größe und Tiefe, die als Unterstände und Ruhebereiche für Fließgewässerfische von großer Bedeutung sind. Die an den Ufern abgetragenen Substrate werden zudem andernorts im Gewässer wieder als Feinsedimentbänke abgelagert. Diese erfüllen ebenfalls wichtige ökologische Funktionen. Auch die Beschattung der Gewässer ist ein bedeutender Faktor, der mit der Klimakrise immer wichtiger wird.

Überbaute, in Rohren verlegte oder in Betonverschalungen gezwängte Fließgewässerabschnitte finden sich häufig in Siedlungsbereichen, aber auch als Folge von Flurbereinigungsmaßnahmen in vielen Wasserläufen, die landwirtschaftliche Nutzflächen durchqueren. Die betroffenen Gewässerbereiche haben infolge der Eingriffe ihre ursprüngliche Strukturausstattung in aller Regel weitgehend verloren und sind daher als dauerhafter Lebensraum für die meisten Fischarten oft kaum noch nutzbar.



Abb. 1.5: Durch die Einlagerung von Feinsedimenten in Verbindung mit chemischen und biologischen Prozessen kommt es zur einer Verfüllung und Verfestigung der Gewässersohle (Kolmation). Dadurch wird dieses Substrat von Ei- und Juvenilstadien vieler Fische nicht mehr genutzt werden.

Feinsedimente gelangen beispielsweise durch Niederschläge, die zu Hochwasser oder Uferabbrüchen führen, natürlicherweise in Gewässer. In heutiger Zeit unterliegen sehr viele Gewässer allerdings unnatürlich hohen Einträgen von Feinsedimenten, die häufig durch eine verstärkte Bodenerosion aus benachbarten land-

und forstwirtschaftlich genutzten Flächen verursacht werden. Überhöhte Feinsedimentfrachten können aber auch im Rahmen der Gewässerbewirtschaftung entstehen, beispielsweise infolge von Stauraumspülungen oder durch das Entleeren von Hochwasserrückhaltebecken.

In Fließgewässern führt die Feinsedimentbelastung sehr häufig zur Kolmation (Abb. 1.5). Hierunter wird eine Verfestigung der Gewässersohle verstanden, die durch die Einlagerung der Feinsedimentpartikel in Verbindung mit chemischen und biologischen Prozessen zustande kommt. In der Folge wird das natürliche Lückensystem der Gewässersohle im Volumen reduziert und deutlich schlechter von Wasser durchströmt. Auch die Sauerstoffversorgung des Lückensystems verschlechtert sich. Sofern außerdem noch organisches Material eingetragen wird, können CO_2 , Nitrit und Ammoniak gebildet werden, so dass ein lebensfeindliches Milieu entsteht. Die Gewässersohle und ihr Lückensystem erfüllen sehr wichtige ökologische Funktionen, insbesondere für die Ei- und Juvenilstadien vieler Fische, die durch Kolmation stark beeinträchtigt werden. Außerdem weisen kolmatierte Gewässersohlen gegenüber unbeeinträchtigten Sohlsubstraten eine reduzierte Besiedelung mit Wirbellosen auf. Für Fließgewässerfische verschlechtert sich hierdurch eine ihrer wichtigsten Nahrungsgrundlagen. Darüber hinaus ist auch die im Lückensystem erfolgende Entwicklung der Eier und Dottersackbrut kieslaichender Fischarten in kolmatierten Substraten aufgrund der ungünstigeren Sauerstoffversorgung eingeschränkt. Für diesbezüglich anspruchsvollere Arten kann die Gewässersohle als Laich- und Entwicklungssubstrat sogar völlig unbrauchbar werden. Entsprechende Bestandseinbrüche bei den betroffenen Arten sind dann die unweigerliche Folge.

Landnutzung

Ein großer Anteil der landwirtschaftlichen und städtischen Nutzung von Flächen in der Umgebung von Gewässern ist in der Regel mit einer geringeren Lebensraumqualität der aquatischen Lebensräume verknüpft. Wie bereits angesprochen sind heute viele Fließgewässerufer über weite Bereiche gehölzfrei oder zum Schutz vor Erosion umfangreich durch Baumaßnahmen gesichert. Neben dem Hochwasserschutz von Siedlungen, Verkehrswegen sowie Industrieflächen führte die Neuordnung landwirtschaftlicher Nutzflächen im Rahmen von Flurbereinigungen zur Begradigung und zum naturfernen Ausbau vieler Fließgewässer. Hiervon waren insbesondere auch viele Kleingewässer betroffen, die im Zuge der betreffenden Maßnahmen nicht selten sogar verdolt wurden. Die weitgehende Entwässerung der Flussauen

war darüber hinaus auch eine Sekundärfolge der nahezu flächendeckend vorgenommenen Flussbegradigungen. Die Entwässerungen nahmen im Laufe der Zeit so stark zu, dass Feuchtgebiete mit intaktem Wasserhaushalt sehr selten geworden sind.

Durch angrenzende landwirtschaftliche Flächen kann es auch zu hohen Nährstoffeinträgen kommen. Quellnahe Wasserläufe sind besonders gefährdet, da ihr Wasser natürlicherweise besonders sauber, nährstoffarm und oft sauerstoffreich ist. Aufgrund der geringen Abflussmengen kann zudem bereits eine vergleichsweise geringe Nährstoffzufuhr zur Eutrophierung führen. In der Folge werden Vorgänge ausgelöst, die normalerweise nicht zu beobachten sind. Häufig kommt es zum Beispiel zu verstärktem Algenaufwuchs auf der für Fischarten der Oberläufe besonders wichtigen Gewässersohle, die dadurch in ihrer ökologischen Funktionsfähigkeit erheblich beeinträchtigt werden kann. Generell sind die Fischarten der Gewässeroberrläufe vergleichsweise stark abhängig von den dortigen nährstoffarmen Verhältnissen und reagieren deshalb empfindlicher auf eine Erhöhung der Nährstoffkonzentration als Arten der größeren Fließgewässer.

Einige Fließgewässer unterliegen des Weiteren Brauchwasserentnahmen, die insbesondere der Bewässerung von landwirtschaftlichen Kulturen im Sommer oder der Beregnung von Nassholzlagerern dienen. Die dabei an der einzelnen Entnahmestelle abgeleiteten Wassermengen sind gemessen am Gesamtabfluss in der Regel verhältnismäßig gering, können aber dennoch problematisch sein.

So wird zum Beispiel Wasser zur Bewässerung landwirtschaftlicher Anbauflächen naturgemäß genau dann vermehrt entnommen, wenn die Wasserführung des betreffenden Fließgewässers aufgrund sommerlicher Trockenperioden bereits stark reduziert und die Wassertemperatur erhöht ist. Die für Teile der Fischfauna ohnehin schon extremen Bedingungen werden durch die Wasserentnahme also weiter verschärft. Hinzu kommt, dass in Regionen, wo Kulturen im Sommer bewässert werden müssen, oftmals an mehreren Stellen über eine längere Gewässerstrecke Wasserentnahmen stattfinden und dadurch kumulative Auswirkungen auftreten.

Nicht heimische Arten

Aufgrund des seit 1979 durch das baden-württembergische Fischereigesetz faktisch bestehenden Besatzverbots erfolgten im Rahmen der fischereilichen Bewirtschaftung von Gewässern in den letzten 40 Jahren keine gezielten Ansiedlungsversuche von nicht einheimischen Arten mehr. Dennoch wurden im gleichen Zeitraum mit zunehmender Tendenz weitere nicht



Abb. 1.6: Der Stichling ist im Bodensee gebietsfremd, verbreitete sich jedoch Ende 1950er Jahre im gesamten See. Grund dafür ist wahrscheinlich, dass der beliebte Aquarienfisch absichtlich oder unabsichtlich im Einzugsgebiet des Sees ausgesetzt wurde.

heimische Fisch- und Flusskrebsarten in unsere Gewässer eingeschleppt. Eine wesentliche Ursache dieser Entwicklung sind die im Rahmen des zunehmend globalisierten Handels angestiegenen Waren- und Verkehrsströme. Sie gingen mit einem Ausbau bestehender und der Schaffung neuer Einschleppungspfade für gebietsfremde Arten einher. Für Fisch- und Flusskrebsarten lassen sich drei Hauptpfade benennen, die auch jeweils mit Beispielen belegt werden können: Erstens der Bau von modernen Binnenschiffahrtsstraßen über die natürlichen Verbreitungsgrenzen der Arten (Wasserscheiden) hinweg und der damit ermöglichte unnatürliche Zugang sowie Schiffsverkehr. Zweitens die deutliche Zunahme des Angebots an nicht heimischen Arten für die Aquaristik oder für Gartenteiche sowie ihr erleichteter Erwerb (Abb. 1.6). Und drittens die erleichterten Bezugs- und Liefermöglichkeiten von Besatzmaterial aus weit entfernten Regionen und Ländern. Da die genannten Pfade schwer zu kontrollieren und noch schwerer trockenzulegen sind, ist über sie leider auch die künftige Einschleppung weiterer nicht heimischer Arten wahrscheinlich.

Wie bereits thematisiert kann nicht nur die Ausbreitung von nicht heimischen Arten weitreichende Folgen haben, auch die Ausbreitung von Arten über ihr natürliches Siedlungsgebiet hinaus kann höchst problematisch sein. Derartige gebietsfremde Arten können ein Ökosystem komplett auf den Kopf stellen. Der Begriff „gebietsfremde Arten“ wird heute jedoch allgemein für Arten benutzt, „...die durch direkter oder indirekter Mitwirkung des Menschen in ein Gebiet außerhalb ihres natürlichen Verbreitungsgebiets gelangt sind und dort wild leben oder gelebt haben“ [27]. Damit vereint der Begriff sowohl nicht heimische (invasive) Arten als auch heimische Arten, die aufgrund menschlichen Mit-

wirkens außerhalb ihres natürlichen Verbreitungsgebietes vorkommen. Zur besseren Unterscheidung dieser beiden Gruppen werden im Folgenden die beiden Begriffe „nicht heimisch“ und „gebietsfremd“ weiterhin getrennt verwendet.

Fraßdruck

Eine Ursache, die sowohl lokal als auch zum Teil landesweit mit zur Gefährdung heimischer Arten beiträgt, ist der steigende Fraßdruck (Prädation) durch fischfressende Vögel. Insbesondere die Prädation durch Kormorane stellt ein ernstes Problem dar.

Landesweit führten der Anstieg der Kormoranbestände und damit der gewachsene Fraßdruck zu einem Rückgang vor allem der Äsche. Er ist mitverantwortlich dafür, dass diese Art heute als stark gefährdet eingestuft werden muss. Die Äsche ist besonders leicht für den Kormoran zu erbeuten, da sie sich vorwiegend in den offenen Fließgewässerbereichen aufhält und kaum Unterstände nutzt. Hinzu kommt, dass die für den Artenhalt wichtigen Laichtiere eine besonders leichte Beute sind und überproportional gut vom Kormoran erbeutet werden. Äschen stehen in der Laichzeit in Gumpen in der Nähe von flach überströmten Kiesbänken, die sie zum Ablachen aufsuchen. Aber auch andere Fischarten leiden verstärkt unter dem gestiegenen Fraßdruck. In vielen Gewässern umfasst das Nahrungsspektrum der opportunistisch jagenden Kormorane dabei auch seltene, gefährdete und geschützte Fischarten.

Weitere Einflussfaktoren

Ähnlich wie bei den Nährstoffen haben die in den zurückliegenden Jahrzehnten forcierten Gewässerreinhaltemaßnahmen auch bei Schadstoffen und Toxinen dazu geführt, dass Direkteinleitungen in unsere Gewässer zunehmend und deutlich zurückgegangen sind. Dennoch stellt die Belastung durch solche Substanzen noch immer ein ernstzunehmendes ökologisches Problem in vielen Gewässern dar. Zum einen finden sich dort teilweise noch Altlasten in nicht unbeträchtlicher Konzentration. Zum anderen gelangen ihre Emissionen nach wie vor auch diffus – beispielsweise über die Luft oder Oberflächenabflüsse – in Gewässer.

Gewässer werden in der Regel nicht nur fischereilich genutzt, sondern dienen parallel anderen Formen der Freizeit- und Erholungsnutzung. Problematisch für die Fischfauna können diese Nutzungen immer dann sein, wenn sie ein gewässerverträgliches Maß überschreiten oder sensible biologische Vorgänge bei Fischen erheblich stören. Die Möglichkeiten derartiger Beeinträchtigungen sind vielfältig, verringerte Wasserqualität oder Störungen in Rückzugsräumen gehören insbesondere dazu.

Tab. 1.1: Artspezifische Schonzeiten und Mindestmaße für Baden-Württemberg, die dem Fischereiausübenden bindend vorgeben, welche Fisch-, Krebs- und Muschelarten er zu welchen Zeiten fangen und sich aneignen darf.

Art	Erlaubter Befischungszeitraum												Schonzeit	Mindestmaß
	Jan	Feb	Mär	Apr	Mai	Jun	Jul	Aug	Sep	Okt	Nov	Dez		
Aal (Rhein)													15.09. – 01.03.	50 cm
Aland													01.04. – 31.05.	25 cm
Äsche													01.02. – 30.04.	30 cm
Bach-, Flussforelle													01.10. – 28.02.	25 cm*
Bachsaibling													01.10. – 28.02.	–
Barbe													01.05. – 15.06.	40 cm
Edelkrebs (Männchen)													01.10. – 31.12.	12 cm
Edelkrebs (Weibchen)													01.10. – 10.07.	12 cm
Felchen													15.10. – 10.01.	30 cm
Hecht													15.02. – 15.05.	50 cm
Hecht (Main)													01.02. – 30.04.	50 cm
Huchen (Donau und Gewässer-System)													01.02. – 31.05.	70 cm
Karpfen													keine	35 cm
Nase													15.03. – 31.05.	35 cm
Quappe (Trüsche)													01.11. – 28.02.	30 cm
Rapfen (Donau und Gewässer-System)													01.03. – 31.05.	40 cm
Regenbogenforelle													01.10. – 28.02.	–
Schleie													15.05. – 30.06.	25 cm
Seeforelle													01.10. – 28.02.	50 cm
Seesaibling													01.10. – 28.02.	25 cm
Zander													01.04. – 15.05.	45 cm
Zander (Main)													01.02. – 30.04.	50 cm

ganzjährig geschont: Bitterling, Dohlenkrebs, Europäischer Stör, Finte, Flussmuschel (komplette Gattung), Flussperlmuschel (komplette Gattung), Frauenerfling, Groppe, Atlantischer Lachs, Maifisch, Meerforelle, Neunaugen (alle), Schlammpeitzger, Schneider, Schrätzer, Steinbeißer, Steinkrebs, Streber, Strömer, Teichmuschel (komplette Gattung), Wandermaräne (Nordseeschnäpel), Zährte, Zingel. * Mindestmaß Bach-, Flussforelle: Fließgew. 800 m. ü. NN: 20 cm, Hochrhein: 35 cm.

Die gewerbliche Binnenschifffahrt übt nachhaltige mittelbare und unmittelbare Einflüsse auf Fließgewässer als Fischlebensräume aus. Ein mittelbarer Einfluss entsteht insbesondere durch die Rolle der Binnenschiffe als Transportvektor für nicht heimische Fischarten, die im Ballastwasser oder in Form von Gelegen, die an Bordwänden anhaften, eingeschleppt und verbreitet werden. Die daraus resultierenden ökologischen Gefährdungspotenziale gehen über die Schifffahrtsstraßen selbst hinaus, da sich die betreffenden Arten selbständig in nicht schiffbare Gewässer ausbreiten können. Der unmittelbare Einfluss der Binnenschifffahrt umfasst verschiedene Aspekte, die direkt mit dem Schifffahrtsbetrieb zusammenhängen. Zum einen bedingt dieser eine Reihe von naturfernen Ausbaumaßnahmen, die zwangsläufig mit dem Verlust von Gewässerstrukturen verbunden sind, die für Fische relevant sind. Darüber hinaus müssen die Fahrrinnen von Schifffahrtsstraßen funktionstüchtig gehalten werden, was mancherorts mit regelmäßigen Ausbaggerungsarbeiten verbunden ist, bei denen umfangreiche Mengen an Sohlsubstrat mitsamt der darin enthaltenen Lebewelt entnommen werden.

1.4. Rechtliche Grundlagen für den angewandten Artenschutz

Das Fischereirecht in Baden-Württemberg

Wildlebende Fischbestände unterliegen seit jeher der fischereilichen Nutzung durch den Menschen, wobei bestimmte Arten in relevanten Mengen entnommen wurden und werden (Abb. 1.7). Die hierdurch bedingten Schutzerfordernisse für Fische werden durch das baden-württembergische Fischereirecht geregelt, dessen wichtigste Instrumente das Fischereigesetz für Baden-Württemberg (FischG, [28]) und die Landesfischereiverordnung zur



Abb. 1.7: Unsere heimischen Gewässer werden seit jeher fischereilich genutzt. In Baden-Württemberg ist diese Nutzung gesetzlich geregelt. Dadurch wird sichergestellt, dass die Fischereiausübung nachhaltig, ökologisch verträglich und gewässerangepasst ausgeführt wird.



Abb. 1.8: Der Bodensee wird bereits seit Jahrtausenden fischereilich genutzt. Dabei gibt es sowohl für den Obersee als auch für den Untersee, eigenständige Rechtsgrundlagen welche detaillierte Vorschriften zum Fang bestimmter Fischarten und zum Einsatz von Fischereigerätschaften enthalten.

Durchführung des Fischereigesetzes im Land (LFischVO, [29]) sind. Die Inhalte dieser Rechtsgrundlagen können an dieser Stelle naturgemäß nicht vollumfänglich beleuchtet werden. Einige wichtige Aspekte werden nachfolgend jedoch etwas weiter ausgeführt.

Ein wesentliches Ziel, das mit dem Fischereigesetz für Baden-Württemberg verfolgt wird, ist es, eine insgesamt nachhaltige, ökologisch verträgliche und gewässerangepasste Fischereiausübung sicherzustellen. Dementsprechend verpflichtet das Fischereigesetz unter anderem zu einer Fischereiausübung nach dem Grundsatz, die im und am Wasser lebende Tier- und Pflanzenwelt einschließlich ihrer Lebensgemeinschaften und Lebensstätten nicht mehr als notwendig zu beeinträchtigen. Weiterhin verpflichtet das Fischereigesetz dazu, *„einen der Größe und der Beschaffenheit des Gewässers sowie dem Umfang des Fischereirechts entsprechenden Fischbestand zu erhalten und zu hegen“* und hierzu auch Besatzmaßnahmen vorzunehmen, soweit dies erforderlich ist (die sogenannte Hegepflicht). Unter welchen Bedingungen und in welchem Umfang Besatzmaßnahmen im Sinne des Fischereigesetzes erforderlich sind, muss dabei genauestens geprüft werden. Dabei sind mehrere fachliche Aspekte zu berücksichtigen, welche in Baer et al. 2007 [30] detailliert ausgeführt sind. Der Besatz mit nicht heimischen Fischarten, der erstmalige Einsatz heimischer Fischarten in fischfreie Gewässer und der Besatz mit ganzjährig geschonten Fischarten bedürfen generell einer behördlichen Erlaubnis.

Das Fischereigesetz für Baden-Württemberg enthält auch Regelungen, die Fischbestände vor Beeinträchtigungen durch anderweitige Eingriffe und Nutzungsformen im Gewässer schützen sollen. Zum einen geschieht dies durch Vorschriften, welche die Schäden minimieren

AUF EINEN BLICK

Rechtliche Grundlagen**Gesetzlich geregelt**

- ▶ Die Schutzerfordernisse für Fische werden durch das baden-württ. Fischereirecht geregelt
- ▶ Die wichtigsten Instrumente sind das Fischereigesetz Baden-Württemberg (FischG) und die Landesfischereiverordnung zur Durchführung des Fischereigesetzes (LFischVO)

Erhalt und Schutz der Fischbestände

- ▶ Die LFischVO enthält artspezifische Schonzeiten und Mindestmaße
- ▶ Diese Vorgaben sind für den Fischereiausübenden bindend
- ▶ Leitbild ist die Sicherstellung, dass Fische ihr Fortpflanzungspotential ausschöpfen können

Bedrohte Arten

- ▶ Zahlreiche gefährdete und in ihrem Fortbestand bedrohte Arten sind ganzjährig geschont
- ▶ Der Besatz ganzjährig geschonter Arten muss von der Fischereibehörde genehmigt werden

Weitergehendes Recht

- ▶ Neben dem Fischereirecht gibt es weitere nationale und internationale gesetzliche Regelungen, die dem spezifischen Schutz einzelner Arten dienen
- ▶ Das dem Fischereirecht übergeordnete Tierschutz- und Naturschutzrecht muss bei der fischereilichen Ausübung unbedingt beachtet werden

und ausgleichen sollen, die durch Anlagen zur Wasserentnahme oder Triebwerke hervorgerufen werden können. Wer Anlagen in einem Gewässer errichtet, die den Wechsel der Fische verhindern oder erheblich beeinträchtigen, hat zum Ausgleich Fischwege oder sonstige für den Fischwechsel geeignete Einrichtungen auf eigene Kosten anzulegen, zu betreiben und zu unterhalten.

Die Landesfischereiverordnung enthält weitergehende Bestimmungen zum Erhalt und Schutz der Fischbestände. An vorderster Stelle sind hier artspezifische Schonzeiten und Mindestmaße zu nennen, die dem Fischereiausübenden bindend vorgeben, welche Fischarten er zu welchen Zeiten fangen und sich aneignen darf (Tabelle 1.1). Diese Regelungen sorgen dafür, dass die betreffenden Arten ihre Geschlechtsreife erreichen und ihr Fortpflanzungspotenzial ausschöpfen können. Zahlreiche gefährdete oder in ihrem Fortbestand bedrohte Fischarten sind durch die Landesfischereiverordnung ganzjährig geschont und damit faktisch jeglichem Zugriff durch die Fischerei entzogen.

Mehrere Bestimmungen der Landesfischereiverordnung tragen ferner Erfordernissen zur Seuchenprophylaxe und zum Schutz heimischer Fischbestände vor gebietsfremden, nicht heimischen oder nicht standortgerechten Fischarten Rechnung. So dürfen Fische mit Krankheitsanzeichen oder einem erkennbaren Parasitenbefall nicht ausgesetzt werden. Gleiches gilt für Fische, die genetisch verändert wurden oder die durch Kreuzung verschiedener Arten entstanden sind. Darüber hinaus gilt:

- Aale dürfen nicht in Fließgewässer der Forellen- und Äschenregion sowie in Gewässer mit selbsterhaltenden Beständen einheimischer Flusskrebse ausgesetzt werden;
- Regenbogenforellen und Bachsaiblinge dürfen nicht in die Zuflüsse des Bodensee-Obersees ausgesetzt werden;
- Fischarten dürfen nicht in eine fischereibiologische Gewässerregion ausgesetzt werden, in der sie nicht standortgerecht sind (das heißt zum Beispiel kein Karpfenbesatz in der Forellenregion);
- Fischarten der Gewässersysteme Donau und Rhein, die im jeweils anderen Gewässersystem natürlicherweise nicht vorkommen, dürfen nur in ihrem natürlichen Gewässersystem ausgesetzt werden (das heißt zum Beispiel kein Aalbesatz im Donauesystem);
- gefangene Fische, die entgegen der vorgenannten Bestimmungen widerrechtlich ausgesetzt wurden, sowie nicht einheimische Fische, für die weder ein Schonmaß noch eine Schonzeit festgesetzt sind, müssen angelandet und dürfen nicht in das Gewässer zurückgesetzt werden.

Durch die Besatzverbote wird einerseits verhindert, dass Fischarten legal in Gewässertypen ausgesetzt werden können, die als Lebensraum für sie nicht geeignet sind. Ein noch wichtigerer Zweck dieser Verbote ist allerdings der Schutz gewässerstämmiger Fischbestände vor nachteiligen ökologischen Folgen, die bekanntermaßen mit dem Einbringen von nicht heimischen, gebietsfremden oder standortfremden Fischen verbunden sein können.

Beispielsweise treten die in Baden-Württemberg eingebürgerten nordamerikanischen Salmoniden mit den heimischen Forellenformen in Konkurrenz um Lebensräume und Laichgebiete. In ungünstigen Fällen kann dies dazu führen, dass letztere zurückgedrängt werden. In den Zuflüssen des Bodensee-Obersees, die als Laichgebiete und Jungfischhabitate für die stark gefährdete und in Baden-Württemberg natürlicherweise auf das Bodenseegebiet beschränkte Seeforelle fungieren, wird diese Konkurrenz durch ein Besatzverbot für Regenbogenforellen und Bachsaiblinge minimiert.

Der Bodensee (Abb. 1.8) selbst stellt in Bezug auf die Fischereiausübung ein Rechtsgebiet dar, in dem das baden-württembergische Fischereirecht nur eingeschränkt gilt. Schon- und Schutzbestimmungen für die Bodenseefischarten sind daher in eigenständigen Rechtsgrundlagen festgehalten. Dies sind die für den Bodensee-Obersee einschließlich des Überlinger Sees geltende Bodenseefischereiverordnung (BodFischVO, [31]) und die für den Bodensee-Untersee und Seerhein geltende Unterseefischereiordnung (FischVtrG, [32]). Beide enthalten sehr ins Detail gehende Vorschriften zum Fang bestimmter Fischarten und zum Einsatz von Fischereigeräten. Diese wurden in den zurückliegenden Jahren immer wieder an die Fischbestandsentwicklungen im Bodensee angepasst.

Spezifischer Fischartenschutz

Eine Reihe von Fisch- und Neunaugenarten sowie die ebenfalls dem Fischereirecht unterliegenden Flusskrebse und Großmuschelarten (Abb. 1.9) stellen vergleichsweise spezifische Ansprüche an ihre Lebensumwelt, die insbesondere in naturnahen und strukturreichen Gewässern mit unbeeinträchtigter Wasserqualität erfüllt werden. In unserer heutigen, anthropogen überformten Gewässerlandschaft sind die Lebensbedingungen für diese Arten häufig nicht mehr optimal oder sogar unzureichend. Sie kommen daher nur noch in mehr oder weniger ausgedehnten Restgebieten ihrer ursprünglichen Siedlungsareale vor und entwickeln darin oftmals nur noch dünne Bestände. Manche Gewässer haben essentielle fischökologische Funktionen infolge menschlicher Einflüsse nahezu ganz verloren, so dass hiervon abhängige Arten über weite Bereiche verschwunden oder an den Rand des Aussterbens gelangt sind. Ein Beispiel ist die durchweg stark beeinträchtigte Längsdurchgängigkeit in den traditionellen Aufstiegsrouten der anadromen oder katadromen Wanderfischarten. Sie war maßgeblich für deren Niedergang verantwortlich.

Eine weitere und sich in jüngerer Vergangenheit zunehmend kritisch entwickelnde Gefährdung für heimische Fischbestände resultiert aus der fortschreitenden



Abb. 1.9: Rein rechtlich gehören Großmuscheln wie die Bachmuschel (oben) und Krebse wie der Steinkrebs (unten) zu den Fischen. Aufgrund der spezifischen Ansprüche dieser Arten wurden sie in verschiedenen nationalen und internationalen gesetzlichen Regelungen aufgegriffen.

Verbreitung von nicht heimischen Arten, die bei uns keine natürlichen Vorkommen haben. Solche Arten gelangten in den zurückliegenden drei Jahrzehnten über neue Einschleppungspfade vermehrt nach Europa und ihre Nachweise in freien Gewässern nahmen im selben Zeitraum stetig zu. Einige dieser „Neubürger“ wie die pontokaspischen Grundeln gelten als Invasoren, die unsere Gewässer nicht nur rasch und effektiv besiedeln, sondern dabei auch einen erheblichen Verdrängungsdruck auf heimische Arten ausüben.

Aus den beschriebenen Befunden resultieren spezifische Erfordernisse für den Schutz und für Fördermaßnahmen sowohl für einzelne Arten als auch für die heimische Fischfauna insgesamt. Diese sind durch das Fischereirecht nicht mehr ausreichend abgedeckt und wurden daher in anderen internationalen und nationalen gesetzlichen Regelungen aufgegriffen. Dazu zählen die bereits erwähnte FFH-Richtlinie, aber auch die EU-Aalverordnung (Verordnung (EG) Nr. 1100/2007) und die EU-Verordnung zu invasiven gebietsfremden Arten (Verordnung (EU) Nr. 1143/2014).



2. Biologische Vielfalt ausgesuchter Fisch-, Neunaugen- und Krebsarten

2.1. Eine flächendeckende Bestandsaufnahme

Bisher fehlt eine landesweite Untersuchung zur phänotypischen (Erscheinungsbild) und genetischen (Erbgut) Vielfalt der heimischen Fische, Neunaugen und Flusskrebse in Baden-Württemberg völlig. Der Grund dafür ist, dass gerade genetische Analysen allgemein sehr aufwendig sind. Die technologischen Verbesserungen bei statistischen und molekulargenetischen Methoden in den letzten Jahren haben jedoch Kosten und Aufwand reduziert, wodurch diese zunehmend auch im angewandten Artenschutz verwendet werden können. Natürlich gibt es gerade bei einem großen artenreichen und komplexen Gebiet wie Baden-Württemberg trotzdem Einschränkungen. So ist es praktisch nicht umsetzbar, dass alle vorkommenden Arten oder sämtliche Bestände einer Art im Land beprobt und analysiert werden. Die im Folgenden präsentierten Erkenntnisse sind daher gezielt ausgewählte und besonders aussagekräftige Betrachtungen des Ist-Zustandes. Zudem zeigen sie exemplarisch das Potential solcher Untersuchungen auf und liefern essentielle Grundlagen für weitere Untersuchungen. Die Auswahl der Arten erfolgte entweder aufgrund der starken Gefährdung und des nur noch isolierten, inselhafte Vorkommens der Art oder aufgrund einer konkreten Fragestellung zum genetischen Status (Details dazu finden sich in den jeweiligen Kapiteln der einzelnen Arten).

Grundsätzlich ist ohne die Kenntnisse zur phänotypischen und genetischen Vielfalt ein nachhaltiger Schutz der Biodiversität, gerade vor dem Hintergrund der aktuellen Gefährdungsdynamik (siehe Kapitel 1.3), nicht möglich. Speziell im Bereich des angewandten Artenschutzes stellt sich häufig die Frage, aus welchen Spenderpopulationen Fische, Neunaugen, Krebse oder Muscheln für Wiederbesiedlungsmaßnahmen gewonnen werden können. Ein aktuelles Beispiel ist die Jagst, die

nach dem katastrophalen Fischsterben 2015 (Abb. 2.1) nicht gezielt mit Nasen (*Chondrostoma nasus*) aus dem benachbarten Kocher besetzt werden konnte. Obwohl dort noch intakte Nasenbestände und somit gute Spenderpopulationen vorhanden waren, konnte man diese aufgrund des Risikos einer Verfälschung der lokalen



Abb. 2.1: Im Jahr 2015 kam es in der Jagst aufgrund eines Löschwasserunfalls zu einem massiven Fischsterben (oben). Zur Wiederbesiedlung der Nase konnte nicht auf Bestände aus anderen Gewässern in der Region zurückgegriffen werden, da keine Informationen zur genetischen Anpassung der Art für Baden-Württemberg verfügbar waren. Stattdessen mussten aufwendige Aufzuchtprogramme durchgeführt werden (unten).

Fischfauna nicht zum Besatz nutzen. Im konkreten Fall mussten daher aufwendige Aufzuchtprogramme mit den letzten verbliebenen Nasen der Jagst durchgeführt werden. Grund dafür war eine unzureichende Datenlage über die lokale genetische Anpassung der Nase in Baden-Württemberg. Durch das vorliegende Projekt wissen wir heute, dass die Nasen aus dem Kocher hätten genutzt werden können und so schnell und effektiv hätte gehandelt werden können.

Ziel der Untersuchungen war es zudem, eine erste gute Datenlage für konkrete Schutzkonzepte im Sinne der guten fachlichen Praxis zu schaffen [1]. Dazu zählt insbesondere die Bildung von Bewirtschaftungseinheiten auf Basis einer genetischen und morphometrischen Charakterisierung. Eine Herausforderung ist dabei die Abwägung zwischen dem Schutz von genetisch einzigartigen Populationen und dem Erhalt der genetischen Diversität innerhalb einer Art [2]. Bei fragmentierten Populationen (egal ob durch natürliche Hindernisse oder den Menschen) kann es zu einer genetischen Differenzierung und damit zur Entstehung genetisch einzigartigen Populationen kommen. Sind diese Populationen jedoch sehr klein oder völlig isoliert, so besteht die Gefahr, dass sie aufgrund von Inzuchtprozessen genetisch



Abb. 2.2: In Fließgewässern werden Probenahmen in der Regel mit Hilfe einer elektrischen Befischung durchgeführt. Diese Methode schädigt die Fische nicht und es können gezielt Fische entnommen werden, die für die Untersuchungen benötigt werden.

verarmen [3]. Dies kann zum Verlust von Fitness oder im Extremfall zum Verlust der ganzen Population führen.

2.2. Methodik

In der aktuellen Studie wurden genetische und morphometrische Analysemethoden ausgewählt, welche sich bereits seit Jahrzehnten in der Wissenschaft bewährt haben. Lange Zeit waren vor allem genetische Untersuchungen sehr kosten- und zeitaufwendig, da geeignete Marker für die einzelnen Arten erst entwickelt und getestet werden mussten. Daher beschränkten sich solche Untersuchungen meist auf Modellorganismen oder es wurde nur eine kleine Probenanzahl analysiert. Heute gibt es für viele Arten geeignete genetische Marker. Dank der technologischen Verbesserungen bei statistischen und molekulargenetischen Analysemethoden reduzieren sich Kosten und Aufwand, wodurch diese Methoden zunehmend auch im angewandten Artenschutz verwendet werden können [4]. Ein weiterer Vorteil ist, dass die Ergebnisse mit denen anderer Studien vergleichbar sind. Gerade bei genetischen Analysen können so Vergleiche zwischen verschiedenen geographischen Gebieten gezogen werden. Im Folgenden werden die genutzten Methoden vorgestellt und Interpretationshilfen für die gewonnenen Ergebnisse zu Verfügung gestellt.

Probenahme

Die Untersuchung umfasste 12 Fisch-, Neunaugen- und Krebsarten. Für die Auswahl der Probestellen wurden die Daten des Fischartenkatasters (FIKA) der Fischereiforschungsstelle Baden-Württemberg genutzt. Es wurde für jede der Zielarten überprüft, an welchen Gewässerabschnitten in den Jahren 2013 bis 2015 mehr als 15 Individuen bei wissenschaftlichen Befischungen gefangen wurden. Diese Abschnitte wurden anschließend für eine Probenahme im Rahmen des Projekts vorgemerkt, da so eine entsprechend ausreichend hohe Individuenstärke zu erwarten war. Zudem wurden ausgewählte Bestände in die Probenahme aufgenommen, die als besonders schützenswert eingestuft sind. Die Befischungen wurden zwischen 2018 und 2021 ausgeführt. In der Regel fand eine standardisierte elektrische Befischung der Gewässerabschnitte statt (Abb. 2.2). Dabei wurden, wenn möglich, 25 Individuen pro Gewässerabschnitt und Art beprobt. Nach dem fachgerechten Töten wurden die Totallänge und das Nassgewicht bestimmt. Die Tötung erfolgte im Rahmen der rechtlichen Vorgaben des Tierschutzgesetzes (TierSchG) und der Tierschutz-Versuchstierverordnung (TierSchVersV) in Bezug auf Methodik und Sachkunde. Anschließend wurde ein standardisiertes Foto erstellt und ein Flossenschnitt für die genetischen Analysen ge-

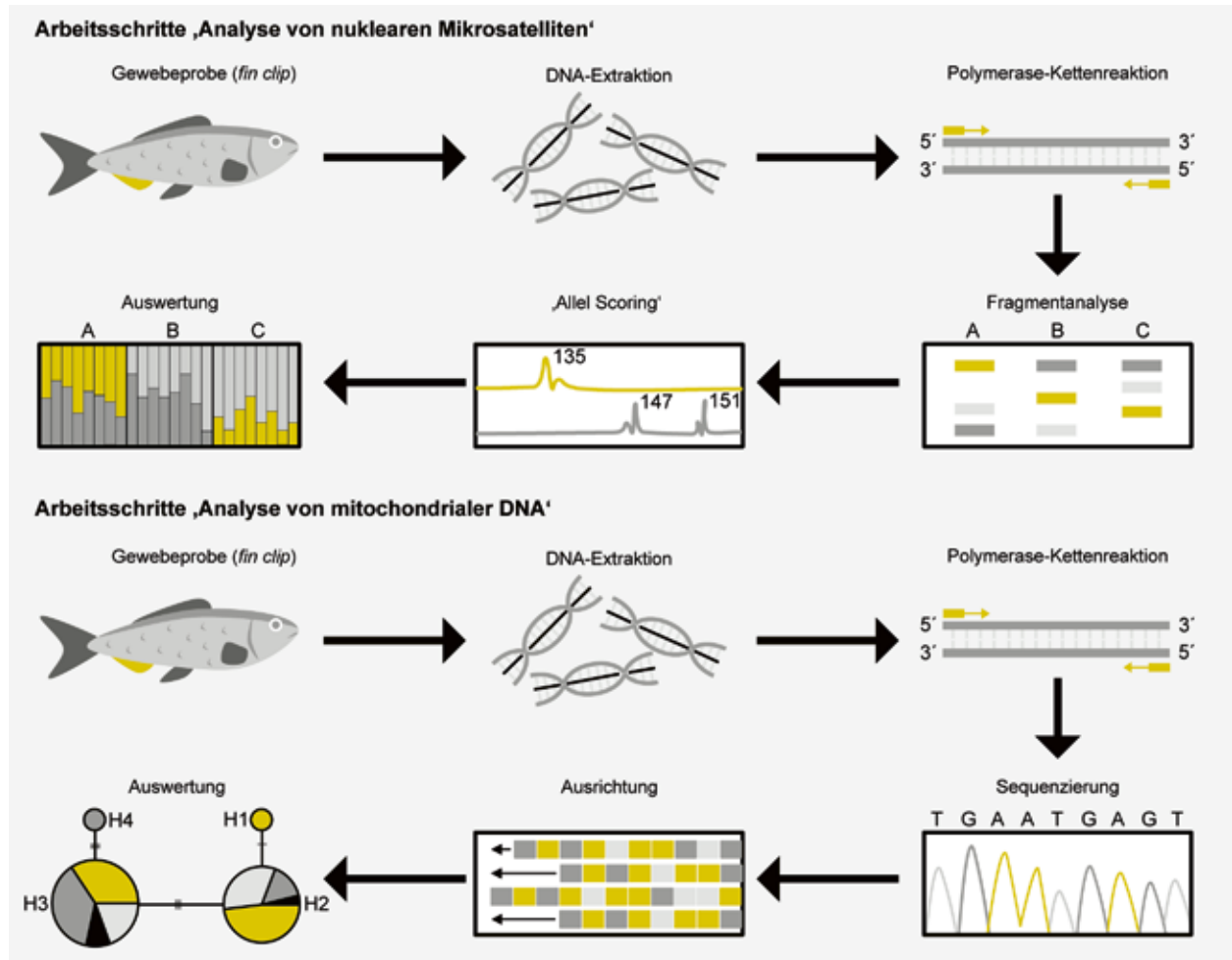


Abb. 2.4: Übersicht zu den Arbeitsschritten der genetischen Analyse von Fisch-, Neunaugen- und Krebsproben. Heute gibt es kommerzielle Anbieter, welche die Laborarbeiten übernehmen und gegebenenfalls auch die bioinformatischen Arbeitsschritte im Auftrag durchführen.

nommen. Eine Übersicht zu den Probestellen findet sich in Abb. 2.3. Genaue Informationen können für jede Art in den entsprechenden Kapiteln entnommen werden. Insgesamt wurden 185 Gewässerabschnitte befischt und 2412 Individuen beprobt.

Genetische Analyse von mitochondrialer DNA

Weitere in der Wissenschaft regelmäßig verwendete genetische Marker sind Regionen der mitochondrialen DNA (mtDNA). Die mtDNA wird nur mütterlicherseits vererbt. Sie ist grundsätzlich gut für Studien zur stammesgeschichtlichen Entwicklung einer Art geeignet, da sie eine langsamere Evolutionsrate als nukleare Mikrosatelliten besitzen und eine einfache genetische Struktur aufweisen [5]. Zudem wurden die meisten Neunaugen-, Fisch- und Krebsarten bereits mtDNA-Marker etabliert, was den Aufwand und die Kosten einer Analyse reduziert. Ähnlich wie bei Mikrosatelliten wird in einem ersten Schritt die DNA aus den Ge-

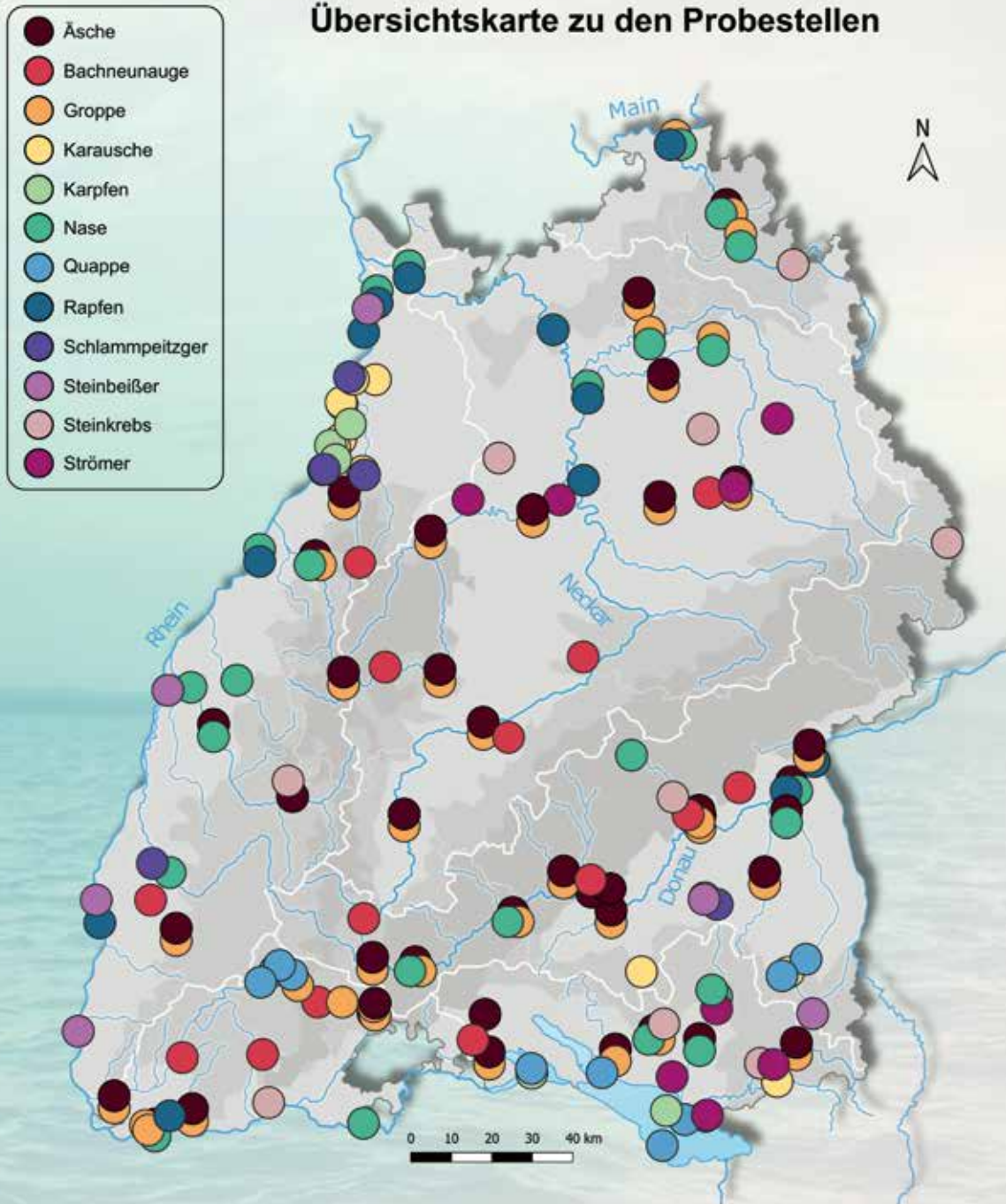
webeproben extrahiert (Abb. 2.4). Anschließend findet mit Hilfe von passenden Primern (Startpunkten für DNA-Synthese) und einer Polymerase-Kettenreaktion (englisch: *Polymerase Chain Reaction*, PCR) die Vervielfältigung der gewünschten Marker statt. Die Sequenzierung erfolgt über eine Kettenabbruch-Synthese nach Sanger [6]. So kann die Abfolge der Nukleotide bestimmt werden. Zum Abschluss müssen die Sequenzen für alle Individuen korrekt ausgerichtet und auf Fehler überprüft werden.

Bei der Auswertung werden die gewonnenen genetischen Sequenzen zwischen den einzelnen Individuen verglichen. Individuen, welche die gleiche Sequenz aufweisen, bilden einen gemeinsamen sogenannten Haplotypen, also eine Variante einer Gensequenz auf ein und demselben Chromosom [7]. Je mehr Unterschiede sich zwischen einzelnen Sequenzen finden, desto mehr Haplotypen ergeben sich. Daraus entsteht ein Haplotyp-Netzwerk (Abb 2.5). In diesem ist sofort erkennbar, welche Individuen aus einer Population einen bestimmten

Äsche  Lateinischer Name: <i>Thymallus thymallus</i> Gefährungskategorie: Stark gefährdet EU-Schutzstatus: Anhang V, FFH-Richtlinie Lebensraum: Struktur- und sauerstoffreiche Fließgewässer Anzahl Probestellen: 40	Bachneunauge  Lateinischer Name: <i>Lampetra planeri</i> Gefährungskategorie: Gefährdet EU-Schutzstatus: Anhang II, FFH-Richtlinie Lebensraum: Vorwiegend fließende Gewässer Anzahl Probestellen: 14	Groppe  Lateinischer Name: <i>Cottus gobio</i> Gefährungskategorie: Vorwamliste EU-Schutzstatus: Anhang II, FFH-Richtlinie Lebensraum: Strömungs- und sauerstoffreiche Fließgewässer Anzahl Probestellen: 39
Karausche  Lateinischer Name: <i>Carassius carassius</i> Gefährungskategorie: Vom Aussterben bedroht EU-Schutzstatus: Keiner Lebensraum: Strömungsarme Gewässer Anzahl Probestellen: 12	Karpfen  Lateinischer Name: <i>Cyprinus carpio</i> Gefährungskategorie: Nicht gefährdet EU-Schutzstatus: Keiner Lebensraum: Langsam fließende und stehende Gewässer Anzahl Probestellen: 5	Nase  Lateinischer Name: <i>Chondrostoma nasus</i> Gefährungskategorie: Stark gefährdet EU-Schutzstatus: Keiner Lebensraum: Strömungs-geprägte Fließgewässer Anzahl Probestellen: 26
Quappe  Lateinischer Name: <i>Lota lota</i> Gefährungskategorie: Stark gefährdet EU-Schutzstatus: Keiner Lebensraum: Kühle fließende und stehende Gewässer Anzahl Probestellen: 8	Rapfen  Lateinischer Name: <i>Leuciscus aspilus</i> Gefährungskategorie: Vom Aussterben bedroht EU-Schutzstatus: Anhang II und V, FFH-Richtlinie Lebensraum: Größere Fließgewässer Anzahl Probestellen: 12	Schlammpeitzger  Lateinischer Name: <i>Misgurnus fossilis</i> Gefährungskategorie: Vom Aussterben bedroht EU-Schutzstatus: Anhang II, FFH-Richtlinie Lebensraum: Langsam fließende und stehende Gewässer Anzahl Probestellen: 5
Steinbeißer  Lateinischer Name: <i>Cobitis sp.</i> Gefährungskategorie: Vom Aussterben bedroht EU-Schutzstatus: Anhang II, FFH-Richtlinie Lebensraum: Langsam fließende und stehende Gewässer Anzahl Probestellen: 6	Steinkrebs  Lateinischer Name: <i>Austropotamobius torrentium</i> Gefährungskategorie: Stark gefährdet EU-Schutzstatus: Anhang II* und V, FFH-Richtlinie Lebensraum: Vorwiegend Fließgewässer Anzahl Probestellen: 9	Strömer  Lateinischer Name: <i>Telestes souffia</i> Gefährungskategorie: Stark gefährdet EU-Schutzstatus: Anhang II, FFH-Richtlinie Lebensraum: Schnell fließende, strukturreiche Fließgewässer Anzahl Probestellen: 8

Abb. 2.3: Übersicht zu allen genetisch und phänotypisch untersuchten Fisch-, Neunaugen- und Krebsarten. Wichtige Informationen wie Gefährdungs- und Schutzstatus der Arten sind zusammengefasst dargestellt. Die Positionen der einzelnen Probestellen für jede Art sind durch Punkte auf der Karte markiert. Details zu allen Stellen finden sich in den jeweiligen Kapiteln zu den einzelnen Arten.

Übersichtskarte zu den Probestellen



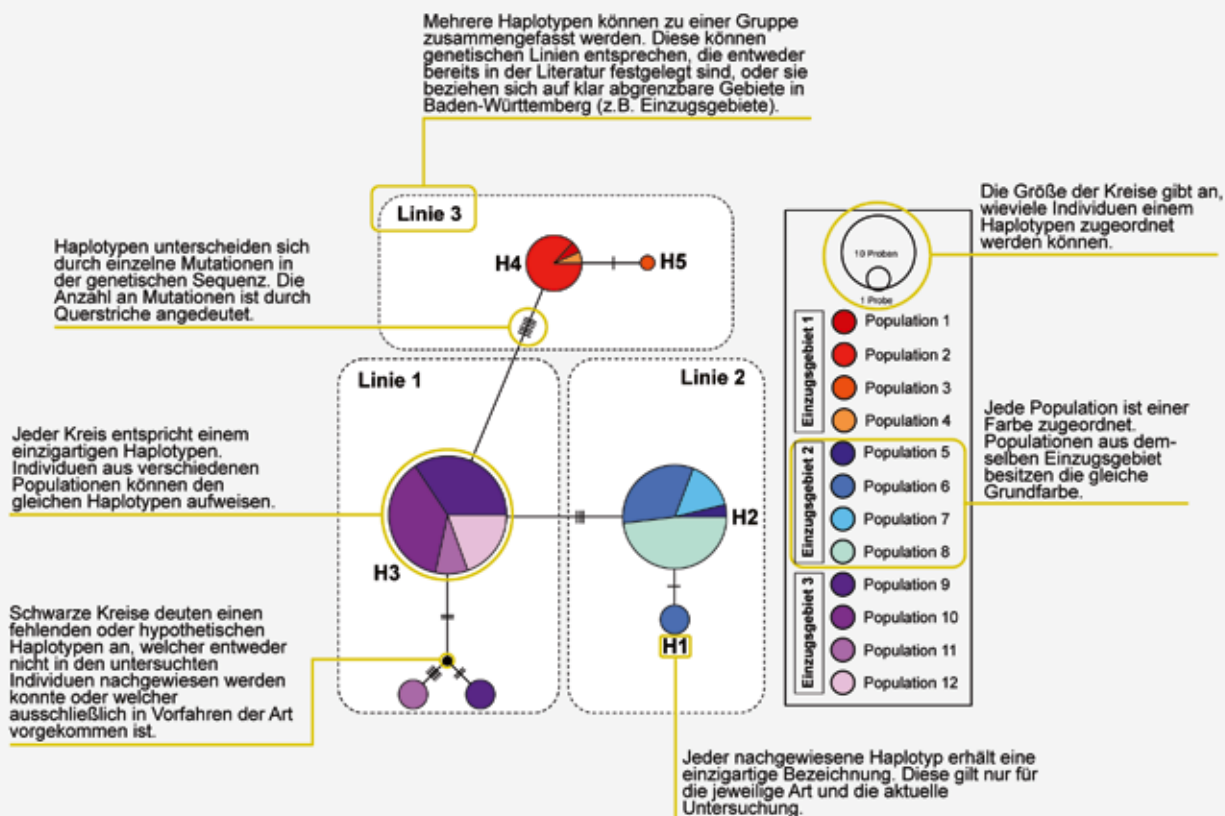
>90

Gewässer wurden im Rahmen der Untersuchungen beprobt. In einigen größeren Flüssen gab es mehrere Probestellen entlang ihres Verlaufs.

2412

Fische, Neunaugen und Krebse wurden genetisch und morphometrisch analysiert. Dazu wurden alle Individuen fotografiert und es wurde eine Gewebeprobe entnommen.

Interpretation Haplotypen-Netzwerk



Interpretation Structure Plot

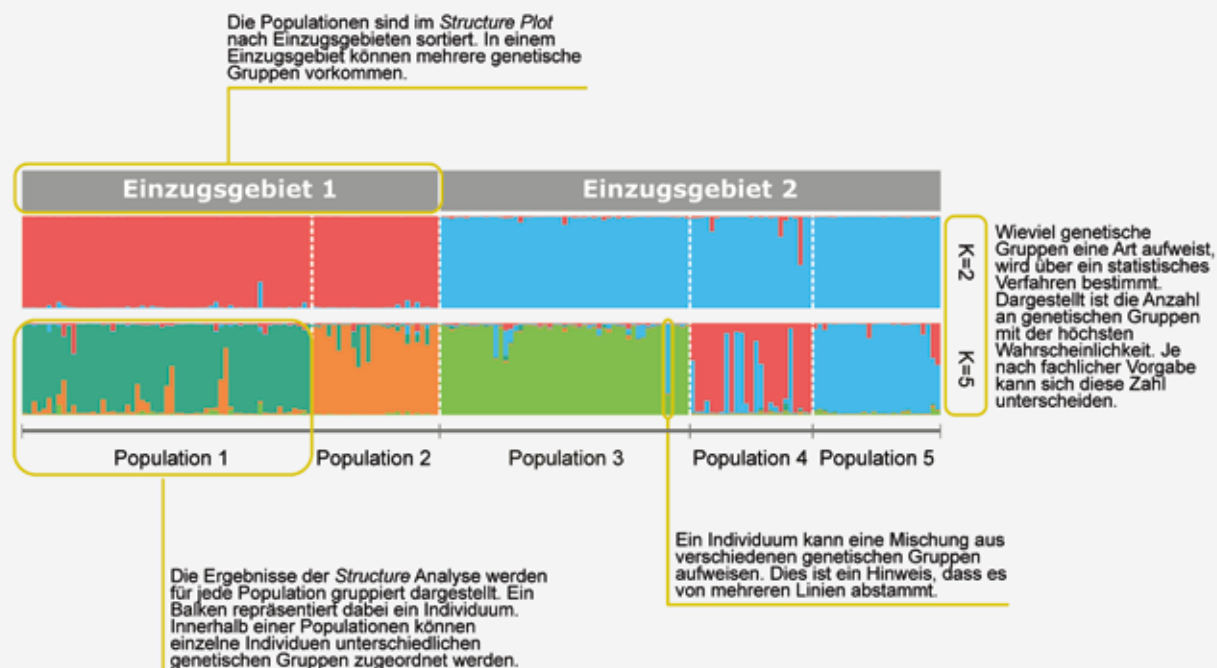


Abb. 2.5: Interpretationshilfe der Ergebnisse der genetischen Analysen bei den Fischen, Neunaugen und Krebsen. Dargestellt sind beispielhaft ein Haplotypen-Netzwerk (oben), basierend auf der Analyse mitochondrialer DNA, und ein Structure Plot (unten), basierend auf nuklearen Mikrosatelliten. Die Bedeutung der einzelnen Elemente werden einzeln erläutert.

Haplotypen aufweisen und wie stark sich die Haplotypen voneinander unterscheiden. Bestimmte mtDNA Marker können auch für die Artbestimmung genutzt werden. Dazu vergleicht man die genetischen Sequenzen mit bereits vorhandenen Daten aus der Literatur.

Genetische Analyse von Mikrosatelliten-Markern

Für die genetische Analyse wurde unter anderem auf das etablierte System der nuklearen Mikrosatelliten zurückgegriffen. Mikrosatelliten sind kurze DNA-Sequenzen, welche sich an einer bestimmten Position des Chromosoms, dem sogenannten Locus, mehr oder wenig häufig wiederholen [8]. Variationen in der Länge dieser Sequenzen können genutzt werden, um geographisch getrennte Populationen innerhalb einer Art miteinander zu vergleichen und Informationen über ihre genetische Vielfalt zu erhalten [9]. Passende Mikrosatelliten-Marker wurden für jede Art aus der Literatur entnommen. Um eine genetische Analyse durchzuführen, wird zunächst die DNA aus den Gewebeproben extrahiert (Abb. 2.4). Anschließend können über eine PCR und den entsprechenden Primern die gewünschten Mikrosatelliten-Marker vervielfältigt werden. Anschließend wird die Länge der synthetisierten Fragmente ermittelt. Die gewonnenen Daten können nun mit Hilfe von statisti-

schen Methoden analysiert und so die einzelnen Populationen einer Art verglichen werden.

Die Erkenntnisse, welche durch die Analyse von Mikrosatelliten gewonnen werden können, sind vielfältig: Sie ermöglichen Untersuchungen zur Abstammung, zum Genfluss oder zur genetischen Verarmung innerhalb einer Population. Im Kontext des angewandten Artenschutzes wird vor allem der Verwandtschaftsgrad zwischen Populationen analysiert. So können datenbasierte Bewirtschaftungseinheiten gebildet werden (siehe Kapitel 2.1). Häufig werden für diesen Zweck sogenannte *Structure plots* erstellt (Abb. 2.5). Eine Software ordnet basierend auf den jeweiligen einzelnen Allelhäufigkeiten einzelne Individuen einer oder mehreren genetischen Gruppen zu. Welche Anzahl an genetischen Gruppen am wahrscheinlichsten ist, wird über ein statistisches Verfahren bestimmt. Anzumerken ist hier, dass es sich um eine Annäherung an die realen Verhältnisse handelt. Abhängig davon, welche und wie viele Mikrosatelliten verwendet werden, kann sich die wahrscheinlichste Anzahl an genetischen Gruppen ändern. Die Ergebnisse müssen daher immer kritisch betrachtet und mit anderen genetischen Analysen abgeglichen werden.

Mikrosatelliten können auch dazu verwendet werden, um indirekt die Anzahl an vorhandenen Chromosomensätzen zu bestimmen (Ploidiegrad). Normalerweise

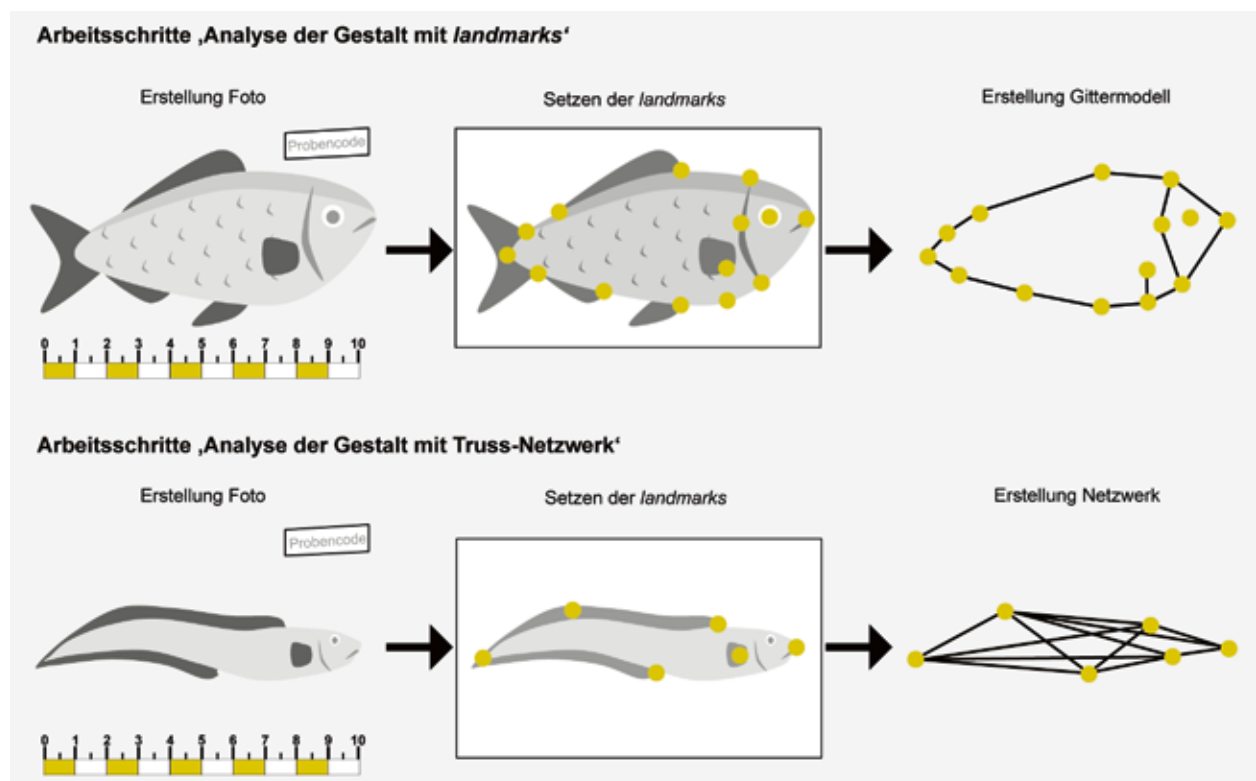


Abb. 2.6: Übersicht zu den Arbeitsschritten der phänotypischen Analyse mit Hilfe von *landmarks* (oben) und linearer Messung mit Hilfe eines Truss-Netzwerks (unten). Für beide Ansätze werden standardisierte Aufnahmen der Fische benötigt. Auch Unterschiede in der Gestalt aufgrund der Größe der Fische (allometrische Effekte) müssen bei beiden Methoden berücksichtigt werden.

besitzen Fische, Neunaugen und Krebse wie auch der Mensch zwei Chromosomensätze, sie sind also diploid. Durch die Hybridisierung zweier Arten kann es jedoch zum Beispiel passieren, dass ein Individuum mehr als zwei Chromosomensätze aufweist [10]. Solche polyploiden Tiere weisen in der Regel mehr als zwei Allele auf einem Locus auf, was sich bei der Analyse von Mikrosatelliten dann zeigt.

Phänotypische Analyse

In der Wissenschaft gibt es verschiedene Möglichkeiten, phänotypische Ausprägungen bei Fischen zu messen und zu vergleichen. Im aktuellen Projekt wurde die so genannte *landmark*-Methode (*landmark* = charakteristischer oder markanter Punkt): Sie ermöglicht über ein etabliertes optisches Verfahren eine Reihe von markanten Punkten innerhalb der Körperform der Fische festzuhalten und in Relation zueinander (innerhalb einer Art) zu setzen [11]. In einem ersten Schritt werden klar identifizierbare Punkte ermittelt, welche meist die wichtigsten phänotypischen Merkmale beinhalten, zum Beispiel die Position der Flossenansätze, des Auges, der Kiemenöffnung und andere. Durch die Verbindung dieser Punkte wird ein vereinfachtes Modell der Körpersilhouette (im Folgenden „Gestalt“ genannt) für alle Individuen erstellt.

Um eine *landmark*-Analyse durchzuführen, werden standardisierte Aufnahmen der Fische benötigt (Abb. 2.6). Dabei muss sichergestellt werden, dass alle Individuen in der gleichen Position und bei gleichen Lichtverhältnissen fotografiert werden. Über ein digitales Verfahren können die *landmarks* gesetzt und anschließend Störgrößen (unter anderem Abstand zwischen Kamera und Fisch, Position des Fisches) herausgerechnet werden. Über statistische Methoden ist es dann möglich, verschiedene Populationen miteinander zu vergleichen und morphometrische Unterschiede zu visualisieren.

Die Ergebnisse können anschließend mit Daten aus der genetischen Analyse abgeglichen werden. Dabei muss immer auch berücksichtigt werden, dass die Größe eines Individuums Einfluss auf seine Gestalt haben kann (allometrischer Effekt). Viele Tiere verändern ihre äußeren Merkmale während des Wachstums [12]. Auch bei Fischen kann dies der Fall sein, beispielsweise wenn bestimmte Merkmale erst nach der juvenilen Phase fertig ausgeprägt sind. Da es selten möglich ist, Fische genau desselben Alters und derselben Größe zu beproben, müssen diese potentiellen allometrischen Effekte bei der Auswertung berücksichtigt werden. Einige Arten weisen des Weiteren einen Geschlechtsdimorphismus auf, das heißt: Männchen und Weibchen unterscheiden sich grundsätzlich in ihrer Gestalt. Ist dies der Fall, so müs-

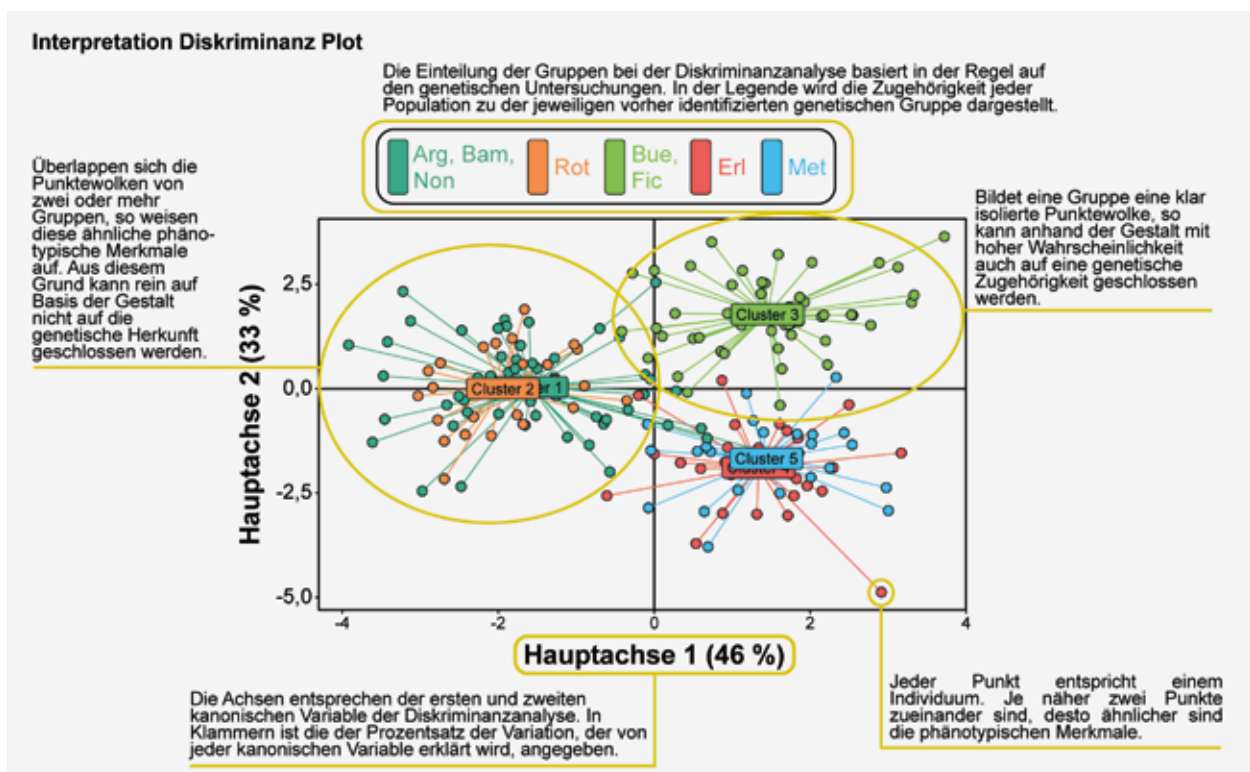


Abb. 2.7: Interpretationshilfe der phänotypischen Analysen. Dargestellt ist beispielhaft ein Streudiagramm, basierend auf einer Diskriminanzanalyse. Die Einteilung der einzelnen Gruppen erfolgte in der Regel auf den Ergebnissen der genetischen Analysen. So kann überprüft werden, ob auf Basis der Gestalt auf die genetische Herkunft geschlossen werden kann. Die Bedeutung der einzelnen Elemente ist im Detail beschrieben.

sen die Geschlechter getrennt untersucht oder das Geschlecht als Faktor in der statistischen Auswertung mit einbezogen werden.

Bei Arten, die nur sehr wenige markante Punkte aufweisen, muss auf klassische lineare Messungen zurückgegriffen werden. Ein Beispiel dafür sind juvenile Bachneunaugen: Diese Art ist als voll ausgebildetes, adultes Individuen kaum sinnvoll zu beproben. Der Grund dafür ist, dass ihr Lebenszyklus zum großen Teil aus verschiedenen juvenilen Stadien besteht. Diese werden auch Querder genannt. An diesen Stadien sind jedoch bestimmte Merkmale wie Augenhöhle oder Flossenansätze noch nicht oder kaum ausgeprägt. Daher ist bei diesen Stadien eine klassische *landmark*-Analyse nicht möglich. Ähnlich verhält es sich bei der Quappe. Auch bei dieser Art fehlt eine ausreichende Anzahl von klar identifizierbaren Merkmalen. Um eine ausreichend große Anzahl an linearen Messungen zu generieren, kann eine *Truss*-Analyse durchgeführt werden [13]. Diese Methode nutzt eine reduzierte Anzahl an *landmarks* als Grundlage. Darauf aufbauend werden lineare Messungen zwischen den verschiedenen Bezugspunkten berechnet (Abb. 2.6). Auch bei diesem Ansatz müssen allometrische Effekte vor einem Vergleich verschiedener Individuen herausgerechnet werden.

Da aufgrund der komplexen Körperform von Flusskrebsen keine *landmark*-Analyse möglich ist, müssen bei dieser Art auch klassische lineare Messungen genutzt werden [14]. Insgesamt wurden bei den gefangenen Individuen 22 Messungen, basierend auf Literaturangaben, durchgeführt [15, 16]. Steinkrebse, die beschädigte Körperteile aufwiesen oder sich frisch gehäutet hatten, wurden von der Analyse ausgeschlossen.

Um die Ergebnisse der phänotypischen Analyse mit Daten aus der genetischen Analyse abzugleichen, kann auf eine Diskriminanzanalyse zurückgegriffen werden (Abb. 2.7). Dazu werden die Individuen einer Art den zuvor identifizierten genetischen Gruppen zugeordnet. Ein statistisches Verfahren nutzt die Informationen zur Gestalt und Gruppenzugehörigkeit und ordnet jedes Individuum in einem zweidimensionalen Koordinatensystem an. Je näher zwei Punkte zueinander stehen, desto ähnlicher sind sie in ihrer Gestalt. Gibt es zwischen zwei genetischen Gruppen klare Unterschiede in der Gestalt, so kann aufgrund der phänotypischen Merkmale auf die genetische Gruppe geschlossen werden. Dies kann für den angewandten Artenschutz wichtig sein, da nicht jeder Bestand genetisch untersucht werden kann.

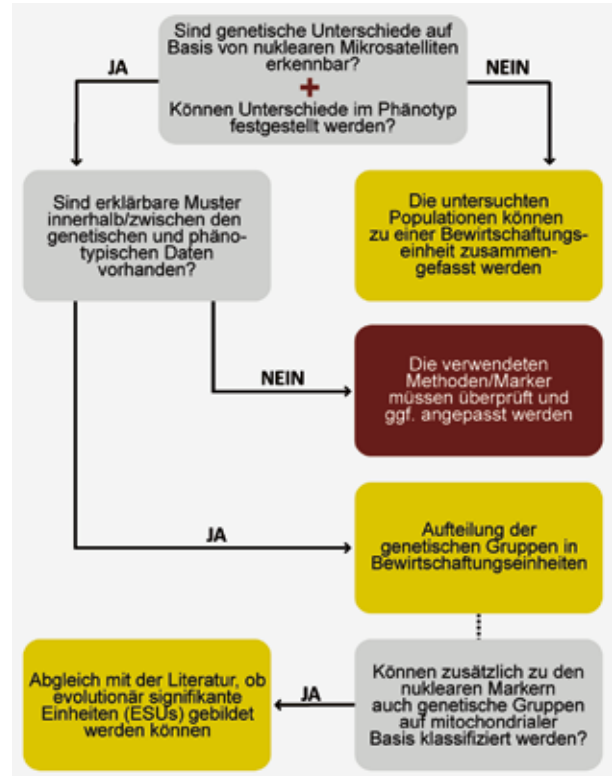


Abb. 2.8: Entscheidungsdiagramm, auf dessen Basis Bewirtschaftungseinheiten oder evolutionär signifikante Einheiten gebildet werden können. Es werden sowohl genetische als auch phänotypische Unterschiede zwischen Populationen einer Art berücksichtigt.

Nutzung der Erkenntnisse für den angewandten Artenschutz

Um Einheiten für eine Bewirtschaftung zu definieren, muss eine Reihe von Kriterien berücksichtigt werden (Abb. 2.8). Grundsätzlich stehen hier mehrere Konzepte zur Auswahl: Werden genetische Unterschiede, zum Beispiel auf Basis von nuklearen Mikrosatelliten-Markern, zwischen Populationen gefunden, so können diese konkrete Bewirtschaftungseinheiten definieren [17]. Über die parallele Analyse von phänotypischen Merkmalen kann dann weiter überprüft werden, ob diese Einheiten auch ohne genetisches Hintergrundwissen von Bewirtschaftern identifiziert werden können. Um auch die historischen Populationsstrukturen und Ausbreitungswege mit in die Bewertung aufnehmen zu können, fließen die Ergebnisse von Analysen der mitochondrialen DNA mit in die Betrachtung ein [18]. Bestätigen sich auch hier genetisch abgrenzbare Gruppen, so ist die Bildung von evolutionär signifikanten Einheiten („Evolutionary Significant Unit“, ESU) möglich [19, 20].



Äsche (*Thymallus thymallus*)

Verbreitung und Gefährdung

Die Äsche ist typischerweise in sauberen sowie struktur- und sauerstoffreichen Fließgewässern mit überwiegend kiesiger Sohle zu Hause, die eine kräftige, aber nicht mehr turbulente Strömung aufweisen. Überdies bevorzugen Äschen kühle Wassertemperaturen, können dabei jedoch eine länger anhaltende moderate Erwärmung auf über 20 °C tolerieren. Höhere Bestandsdichten finden sich oftmals in kleinen Flüssen mit gut ausgeprägter, flutender Wasservegetation, die den Fischen Unterstände und Beschattung bietet. Seepopulationen der Äsche sind Ausnahmen und in erster Linie aus nordeuropäischen Gewässern bekannt. Ein unverkennbares Merkmal der Äsche ist ihre segelartig vergrößerte Rückenflosse, die im Anglerjargon zutreffend als „Fahne“ bezeichnet wird (Abb. 2.9). Sie wird beim Männchen größer als beim Weibchen und kann daher zur Geschlechtsbestimmung herangezogen werden. Zur Laichzeit nimmt die Fahne eine charakteristische Färbung in rötlichen und dunklen Tönen an.

In Baden-Württemberg entwickelten sich die Äschenbestände in jüngerer Vergangenheit uneinheitlich. Im Do-

nausystem – dem nach wie vor bedeutendsten Siedlungsraum – waren die Nachweise insgesamt rückläufig. Noch deutlichere Rückgänge waren im Elz-Dreisam-System zu verzeichnen. In den Oberrheinzufüssen Kinzig, Murg und Alb, in Enz und Nagold sowie im oberen Neckar wurden regelmäßig Äschen nachgewiesen. Allerdings verbesserte sich die Datenlage zu den Äschenvorkommen in den Oberrheinzufüssen deutlich. Teilweise beruhen die positiven Entwicklungen auf längerfristig angelegten Besatzkonzepten, die erfolgreich verliefen und zur Bildung selbsterhaltender Äschenvorkommen führten.

Einer genaueren Betrachtung bedarf das Kocher-Jagst-Gebiet, in dem Äschen kaum bestandsbildend vertreten sind. Dieser Befund ist deshalb bemerkenswert, weil viele der betreffenden Fließgewässer eine überdurchschnittliche Qualität aufweisen und wichtige Bestände anderer sensibler Flussfischarten beherbergen. Mit Blick auf die außerdem bekannten historischen Quellen liegt deshalb der Schluss nahe, dass bestimmte natürliche Gegebenheiten des Kocher-Jagst-Gebiets der Äsche wenig zusagen.

AUF EINEN BLICK **Asche**

Genetische Vielfalt

- ▶ Zwei heimische Linien im Land identifiziert.
- ▶ Verbreitung der genetischen Linien unabhängig vom Einzugsgebiet.
- ▶ Nachweis gebietsfremder Äschenlinien in einzelnen Populationen.
- ▶ Insgesamt komplexe genetische Vielfalt aufgrund natürlicher Ausbreitungsgeschichte und Besatz.

Phänotypische Vielfalt

- ▶ Keine klaren Unterschiede in Gestalt und Färbung zwischen den Populationen.
- ▶ Deutliche größenabhängige (allometrische) Effekte.
- ▶ Ein verlässlicher Rückschluss von Gestalt auf Genetik ist nicht möglich.

Handlungsempfehlungen

- ▶ Keine Bildung von Bewirtschaftungseinheiten darstellbar.
- ▶ Besatzmaßnahmen ausschließlich durch lokale Bestände.
- ▶ Absolute Vermeidung gebietsfremder Linien.
- ▶ Besonderer Schutz von Populationen mit einzigartiger genetischer Vielfalt (Seckach, Neckarhauptstrom, Donauzuflüsse, Radolfzeller Ach).
- ▶ Fehlende genetische Informationen für einzelne Gebiete, jedoch auch dort einzigartige Vielfalt erwartet.

Übersichtskarte

Bewirtschaftungseinheiten

Keine Bildung von Bewirtschaftungseinheiten möglich. Lokale Bestände sollten für Maßnahmen genutzt werden.

Besondere Populationen

- Nagold (bei Nagold)
- Neckar (bei Biringen)
- Neckar (bei Epfendorf)
- Seckach
- Biau
- Lauchert
- Wutach (bei Blumegg)
- Wiese
- Radolfzeller Ach (bei Bohlingen)



Symbole

- Untersuchte Populationen
- 📍 Gebietsfremde Linien nachgewiesen, nicht als Spenderpopulation verwenden
- 🌿 Besonders schützenswert aufgrund einzigartiger genetischer Vielfalt
- ❓ Keine genetischen Informationen
- 🌳 Verbreitung Äsche

Alles in allem bleibt die Äsche in Baden-Württemberg weit hinter ihrem natürlichen Siedlungspotenzial zurück. Insbesondere viele kleinere Fließgewässer, die zu ihren historischen Wohngewässern gehören, weisen heute oftmals keine Äschenvorkommen mehr auf. In den übrigen Fällen sind die Bestände oft lückenhaft, schwach oder umfassen nur noch einen sehr begrenzten Gewässerabschnitt. Insgesamt ist die baden-württembergische Gesamtpopulation dadurch stark fragmentiert.

Als Fischart mit vergleichsweise spezifischen Mindestansprüchen an die strukturellen und strömungsdynamischen Eigenschaften ihrer Wohngewässer reagiert die Äsche empfindlich auf entsprechende Beeinträchtigungen. Auch die Fortpflanzung ist bei Äschen ein besonders sensibler Vorgang, der in einer Reihe von Gewässern eingeschränkt sein dürfte, weil es an funktionsfähigen Laichplätzen mit ausreichend sauberen Kiesen mangelt. Die in jüngerer Vergangenheit in vielen Äschengewässern angestiegene Feinsedimentbelastung wirkt sich diesbezüglich besonders nachteilig aus.

Aufgrund ihrer Lebensweise ist die Äsche besonders stark von der Prädation durch Kormorane betroffen. Die



Abb. 2.9: Zur Laichzeit nimmt die segelartig vergrößerte Rückenflosse von männlichen Äschen eine rötliche bis dunkle Färbung an. Im März und April beanspruchen die Männchen ein Laichrevier auf überströmten sauberen Kiesbänken und verteidigen dieses aggressiv gegen Konkurrenten.

Rote Liste der Süßwasserfische Deutschlands führt aus, dass Kormorane wesentlich zum Rückgang der Art beigetragen haben (Freyhof, 2009). In Baden-Württemberg ist der Einfluss der stark gestiegenen Prädation durch Kormorane an verschiedenen Gewässern dokumentiert. Im Nagold wurde seit dem Auftreten des Kormorans im Winter 1996/97 ein massiver Rückgang des Äschenbestands im Abschnitt Unterreichenbach bis Pforzheim beobachtet, einem Bereich mit hoher Strukturvielfalt, zahlreichen Laichplätzen und geeigneten Habitaten für Jungfische [21]. Auch in der Donau ging die Zunahme an Kormoran-Wintergästen in den 1990er Jahren mit einer starken Abnahme des Äschenbestands einher. Das zeigte sich unter anderem bei den Fängen der Freizeitfischer im Abschnitt Sigmaringen bis Munderkingen, die von etwa 16 Äschen pro Hektar nach dem Auftauchen des Kormorans ab Mitte der 1990er Jahre auf weniger als 3 Äschen pro Hektar zurückgingen [22]. Fischbestandsuntersuchungen in der Donau im Zeitraum 2011 bis 2014 bestätigen, dass gute Äschendichten fast nur noch in Stadtgebieten gefunden werden, wo Kormorane aufgrund ihrer Scheu nicht oder nur vereinzelt jagen [23]. Vergleichbare Ergebnisse belegen die langjährigen Begleituntersuchungen zur Kormoranverordnung [24].

Die Fragmentierung der baden-württembergischen Äschenvorkommen in voneinander isolierte Teilpopulationen von teilweise kritischer Größe birgt weiteres Gefährdungspotenzial, da sie einzelne Bestände gegenüber lokalen schädlichen Umwelteinflüssen deutlich anfälliger macht. Der fortschreitende Klimawandel wirkt sich ebenfalls negativ auf die Äschenvorkommen im Land aus. Zum einen wurden von mehreren Flüssen während der lang anhaltenden Hitzeperioden in den zurückliegenden Sommern immer wieder von massiven Äschensterben berichtet (zum Beispiel im Hochrhein 2003 und 2018), zum anderen trockneten teilweise kleinere Flüsse oder Flussabschnitte aus und verringerten so den verfügbaren Lebensraum für die Äsche (zum Beispiel 2018 Dreisam, Argen, Glotter und andere).

Als bedeutsame Zielart für die Angelfischerei wird die Äsche regelmäßig besetzt, etwa um Rekrutierungsdefizite und Fraßverluste auszugleichen [1]. Es muss dabei befürchtet werden, dass aufgrund fehlender Informationen zur genetischen Vielfalt die Auswahl der Spenderpopulationen oft willkürlich erfolgt. Eine genetische Charakterisierung der heimischen Äschenbestände ist daher insbesondere für zukünftige Bewirtschaftungsmaßnahmen von hoher Relevanz.

Probenahme

Leider war es nicht möglich, an allen ursprünglich geplanten Probestellen eine ausreichende Anzahl an Äschen

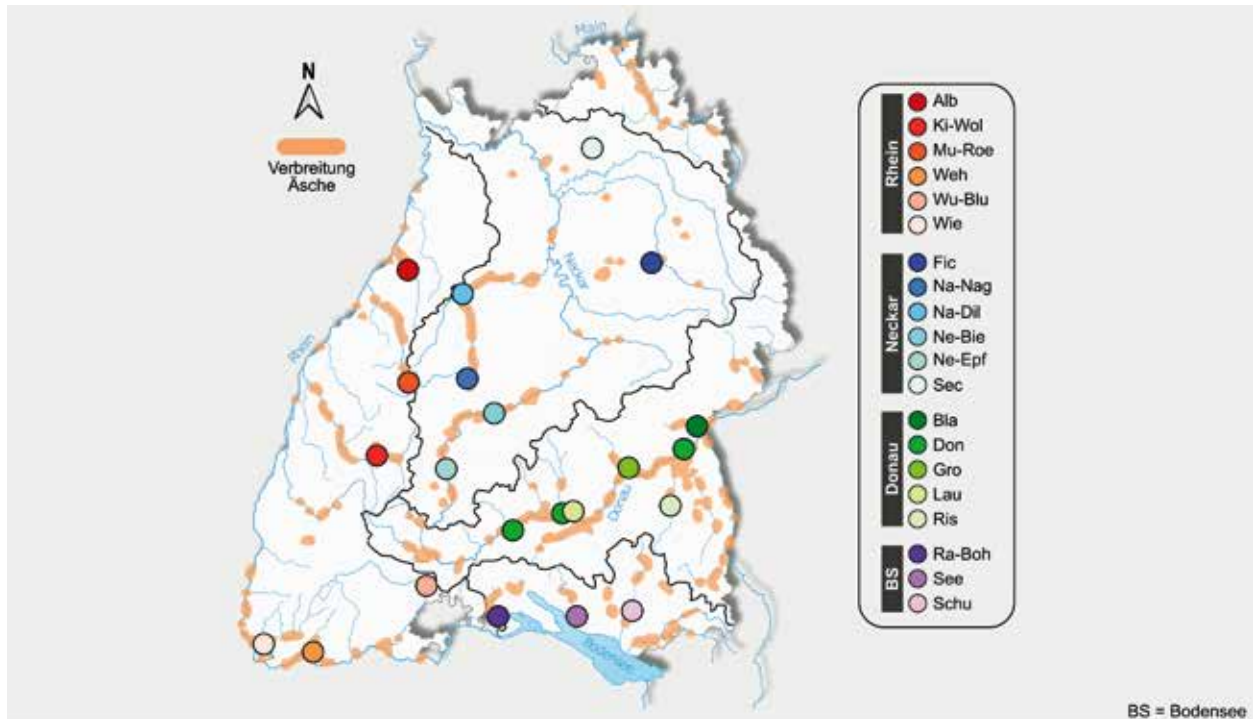


Abb. 2.10: Übersicht zur Lage der einzelnen Probenahmestellen für die genetische und morphometrische Analyse der Äsche. Jede beprobte Population ist durch ihre Farbe und die Abkürzung des Gewässernamens eindeutig identifizierbar. Details zu den beprobten Gewässerabschnitten finden sich in Tabelle 2.1.

Tab. 2.1: Übersicht zu den untersuchten Populationen der Äsche in Baden-Württemberg.

Einzugsgebiet	Gewässer	Abkürzung	n	Nassgewicht [g]	Totallänge [cm]
Rhein	Alb	Alb	17	86,1 ± 107,3	18,7 ± 8,9
	Kinzig (bei Wolfach)	Ki-Wol	9	112,7 ± 91,9	22,5 ± 8,8
	Murg (bei Röt)	Mu-Roe	12	187,8 ± 289,9	22,7 ± 11,5
	Wehra	Weh	5	123,8 ± 18,6	24,7 ± 1,3
	Wiese	Wie	3	125,7 ± 138,1	21,5 ± 7,8
	Wutach (bei Blumegg)	Wu-Blu	15	-	-
Neckar	Fichtenberger Rot	Fic	7	112,5 ± 71,8	23,3 ± 5,5
	Nagold (bei Nagold)	Na-Nag	25	260,8 ± 96,4	31,2 ± 3,6
	Nagold (bei Dillweißenstein)	Na-Dil	10	102,3 ± 103,5	20,6 ± 7,8
	Neckar (bei Bieringen)	Ne-Bie	25	76,6 ± 93,6	19,7 ± 4,8
	Neckar (bei Epfendorf)	Ne-Epf	25	251,2 ± 133,0	29,5 ± 7,6
	Seckach	Sec	25	273,0 ± 205,7	29,0 ± 8,9
Donau	Blau	Bla	13	198,5 ± 235,9	22,7 ± 3,4
	Donau (bei Fridingen)	Don	4	21,5 ± 38,3	10,1 ± 6,7
	Donau (bei Erbach)	Don	6	241,2 ± 146,6	27,6 ± 6,4
	Donau (bei Sigmaringen)	Don	7	3,1 ± 0,4	7,4 ± 0,3
	Große Lauter	Gro	5	367,0 ± 364,9	25,7 ± 17,2
	Lauchert	Lau	6	2,5 ± 1,0	6,9 ± 1,0
	Riss	Ris	4	140,5 ± 221,1	21,5 ± 11,4
Bodensee	Radolfzeller Aach (bei Bohlingen)	Ra-Boh	14	17,9 ± 3,5	13,6 ± 0,9
	Schussen	Schu	4	22,5 ± 6,5	15,0 ± 1,2
	Seefelder Aach	See	8	143,9 ± 210,2	21,0 ± 9,4

zu fangen. Nach Aussage der Pächter vor Ort war dies oftmals die Folge eines hohen Prädationsdrucks durch Kormorane. Von den 40 zur Beprobung vorgesehenen Populationen konnten nur 20 genetisch und 14 morphometrisch charakterisiert werden (Abb. 2.10). Die Individuen aus der Donau bei Fridingen, Erbach und Sigmaringen wurden zu einer Population zusammengefasst. Das Gewicht der untersuchten Äschen reichte von 1,0 bis 793,1 Gramm, die Totallängen lagen zwischen 5,2 und 44,3 Zentimetern (Tabelle 2.1)

Genetische und phänotypische Vielfalt

Die genetische Analyse auf Basis der mitochondrialen DNA zeigte, dass zwei genetische Äschenlinien in Baden-Württemberg verbreitet sind: Eine Linie, die vorwiegend im Donaueinzugsgebiet nördlich der Alpen (Donaulinie) zu finden ist, und eine, die hauptsächlich in Zentraleuropa beziehungsweise im Rheineinzugsgebiet (Rheinlinie) vorkommt (Abb. 2.11). Bei den Populationen aus dem Donaueinzugsgebiet fanden sich sowohl Haplotypen der Donaulinie als auch der Rheinlinie, wobei in den Populationen der Blau und der Lauchert die Donaulinie dominierte. Lediglich in den Populationen der Wutach und der Riss wurde ausschließlich die Donaulinie nachgewiesen. Auch in Äschen aus der Fichtenberger Rot, der Murg (bei Röt) und der Schussen konnten beide genetischen Linien nachgewiesen werden. Ein einzelnes Individuum aus der Nagold (bei Dillweissenstein) gruppierte sich auch zur Donaulinie (Abb. 2.11). Die restlichen untersuchten Populationen gehörten in der Regel zur Rheinlinie der Äsche. Dabei wurden für die Populationen aus dem Neckar, der Seckach und der Radolfzeller Ach (bei Böhlingen) mehrere einzigartigen Haplotypen gefunden. Für Europa sind noch weitere genetische Linien bekannt, die jedoch in der Regel nicht in den untersuchten Populationen nachgewiesen werden konnten. Eine Ausnahme bildeten einzelne Individuen aus der Wiese und der Nagold (bei Nagold). Dort konnte ein Haplotyp nachgewiesen werden, der hohe Ähnlichkeit zu Haplotypen aus der Rhone aufweist (Abb. 2.11).

Die genetische Analyse auf Basis der nuklearen Mikrosatelliten-Marker zeichnete ein komplexes Bild: So spalteten sich die Populationen aus der Wutach, der Blau, der großen Lauter und der Lauchert deutlich von den restlichen Populationen ab und bildeten damit einen eigenen Genotyp (Abb. 2.12). Auch die Populationen aus dem Neckar und der Seckach bildeten jeweils einen eigenständigen Genotyp. Aufgrund der klaren genetischen Unterschiede wurden die restlichen Populationen getrennt von den oben genannten untersucht. In dieser genetischen Grobeinheit konnten fünf weitere

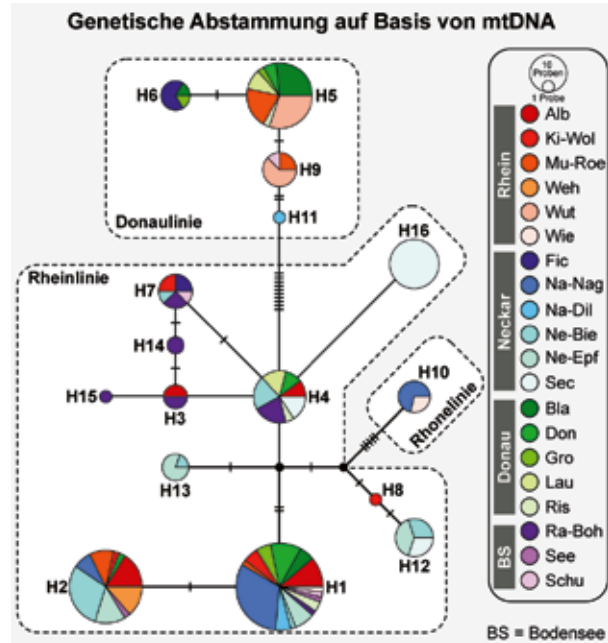


Abb. 2.11: Darstellung eines Haplotypen-Netzwerks für die Äsche, welches alle untersuchten Individuen einzelnen identifizierten Haplotypen zuordnet. Die Analyse basiert auf den untersuchten mitochondrialen DNA (mtDNA). Unterschiede in der genetischen Sequenz zwischen den Haplotypen sind durch Querstriche auf den Verbindungslinien angedeutet. Die Herkunft der zugeordneten Individuen ist farblich markiert.

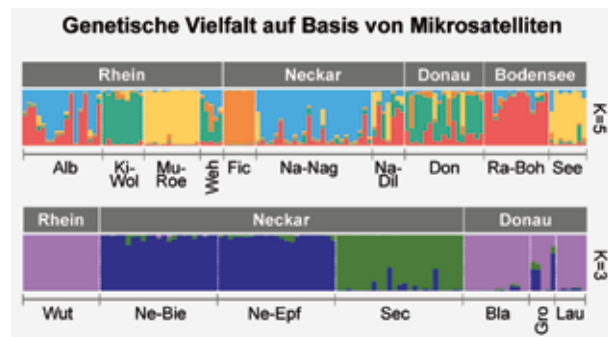


Abb. 2.12: Darstellung der Ergebnisse der *Structure* Analyse für die Äsche mit der berechneten optimalen Anzahl genetischer Gruppen (K). Die Analyse basiert auf den untersuchten nuklearen Mikrosatelliten. Die Zugehörigkeit der untersuchten Individuen zu den einzelnen genetischen Gruppen ist farblich markiert.

Genotypen identifiziert werden. Dabei wurden einzelne Genotypen unabhängig vom Einzugsgebiet in mehreren Populationen nachgewiesen oder es wurden Mischungen aus verschiedenen Genotypen festgestellt.

Die morphometrische Analyse lieferte keine klaren Unterschiede zwischen den untersuchten Populationen hinsichtlich der Gestalt (Abb. 2.13). Grund waren vor allem stark ausgeprägte allometrische Effekte, welche typisch für die Art sind. Lediglich der nachgewiesene

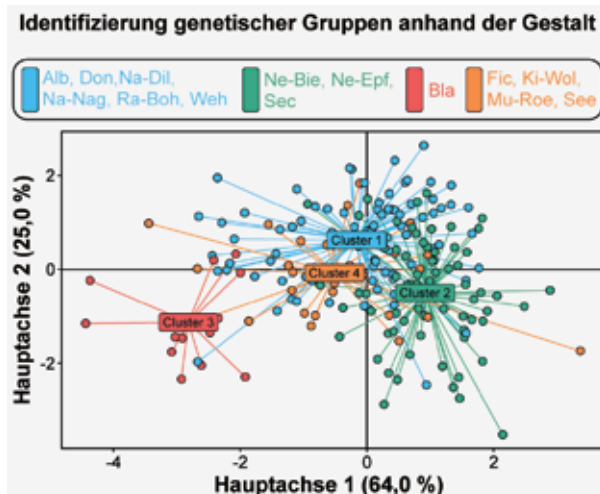


Abb. 2.13: Darstellung der Ergebnisse der Diskriminanzanalyse für die Äsche in einem Streudiagramm. Die Analyse basiert auf den morphometrischen Messungen. Die Gruppenzuordnung wurde von den zuvor etablierten genetischen Gruppen (das heißt Cluster) abgeleitet. Die einzelnen Gruppen sind unterschiedlich gefärbt. Der Prozentsatz der Variation, der von jeder Achse des Diagramms ausgeht, ist in Klammern mit der Achsenbeschriftung dargestellt.

Genotyp aus der Blau unterschied sich in der Gestalt von den restlichen Genotypen. Daher ist eine verlässliche Unterscheidung der Populationen oder genetischen Gruppen auf Grundlage der Gestalt bei der Äsche nicht möglich.

Bewirtschaftungseinheiten und Handlungsempfehlungen

Die aktuellen Untersuchungen konnten zeigen, dass zwei genetische Äschenlinien in Baden-Württemberg verbreitet sind. Die Ableitung von Bewirtschaftungseinheiten gestaltet sich bei der Art trotzdem als schwierig, da regelmäßig beide Linien in Populationen unabhängig vom Einzugsgebiet nachgewiesen werden konnten. Vor allem im Donaeinzugsgebiet, aber auch in einzelnen Populationen des Rhein- und Bodenseegebiets war sowohl die Donau- als auch die Rheinlinie vertreten. Unklar bleibt, welche Rolle der Besatz und die natürliche Vermischung der unterschiedlichen Linien in Baden-Württemberg gespielt haben:

Es ist bekannt, dass es in Europa in der Vergangenheit immer wieder zum Kontakt von verschiedenen Äschenlinien gekommen ist, wofür historische Verbindungen zwischen den Einzugsgebieten verantwortlich gemacht werden. Ein Beispiel dafür ist die Wutach. Sie war nach-eiszeitlich noch mit der Donau verbunden, was somit heute, als rechtsseitiger Hochrheinzufluss, das Auftreten der Donaulinie in diesem Flussgebiet erklärt. Aber auch der Besatz von Äschen fremder Herkunft beziehungs-

weise das Transferieren von verschiedenen Linien über Gewässersysteme hinweg muss als Ursache für die Vermischung angesehen werden. So konnte eine Studie aus dem nördlichen Einzugsgebiet des Adriatischen Meers bestimmte Haplotypen von geographisch weit entfernten Linien (Donau- und Atlantiklinien) nachweisen, was nicht auf eine natürliche Besiedlung zurückgeführt werden kann [25]. Es zeigte sich, dass seit Ende der 1970er Jahren regelmäßig Äschen aus bayrischen Gewässern für Besatzmaßnahmen in Italien verwendet wurden. Dies verdeutlicht das grundsätzliche Problem von unregulierem Besatz, da die Gefahr besteht, dass Spenderpopulationen aus geographisch weit entfernten Gewässersystemen stammen oder dass Zuchtbetriebe auf Basis von nicht heimischen Linien Besatzmaterial produzieren. Dies kann nicht nur zur Vermischung von ehemals getrennten Linien, sondern auch zum Verlust der genetischen Vielfalt und der Fitness der Tiere führen [26].

Umso wichtiger ist es, dass Äschenpopulationen, die aktuell noch unbeeinflusst vom Besatz sind und möglicherweise sogar eine einzigartige genetische Vielfalt aufweisen, unter besonderen Schutz gestellt werden. Aus diesem Grund gelten die Populationen aus der Seckach, dem Neckar, den Donauzuflüssen und der Radolfzeller Ach bei Bohlingen als besonders schützenswert. Auch in Regionen, wie zum Beispiel dem südlichen Donaeinzugsgebiet oder der Oberrheinebene, aus denen es aktuell keine genetischen Informationen gibt, wird eine Verbreitung von einzigartigen Genotypen erwartet. Für Besatzmaßnahmen wird daher die Nutzung von lokalen Beständen empfohlen. Bei der Etablierung neuer Zuchtbestände müssen die aktuellen Erkenntnisse berücksichtigt werden. Für das Donaeinzugsgebiet sollten zum Beispiel getrennte Bestände für den Hauptstrom und die nördlichen Zuflüsse genutzt werden. Populationen, welche die Rhonelinie der Äsche aufweisen, sollten für solche Maßnahmen nicht genutzt werden. Um eine nachhaltige Erholung der Äschenvorkommen in Baden-Württemberg herbeizuführen, müssen die Bemühungen zur ökologischen Aufwertung der Fließgewässer fortgesetzt und die bestehenden Gefährdungsursachen weiter minimiert werden. Neben der Beseitigung von Wanderhindernissen kommt der Wiederherstellung einer naturnahen Strömungsdynamik und der damit einhergehenden Strukturvielfalt eine Schlüsselstellung zu. Auch müsste der hohe Fraßdruck durch Kormorane deutlich verringert sowie Maßnahmen gefunden werden, welche die Auswirkungen des fortschreitenden Klimawandels in Äschengewässern abmildern.



Bachneunauge (*Lampetra planeri*)

Verbreitung und Gefährdung

Anders als es der Name vermuten lässt, besiedelt das Bachneunauge neben Bächen auch Flüsse und kann sogar in Stillgewässern mit Fließgewässeranbindung anzutreffen sein. Das Bachneunauge ist nahe mit dem Flussneunauge verwandt und ähnelt diesem in Biologie und Ökologie. Im Unterschied zum Flussneunauge wandern Bachneunaugen jedoch nach der Metamorphose nicht ins Meer ab. Stattdessen verbleiben die ab Spätsommer im Wasser erscheinenden Tiere in der Nähe ihrer Aufwuchshabitate. Infolge der Metamorphose verliert der Verdauungstrakt des Bachneunauges seine Funktion. Es nimmt deshalb bis zur Fortpflanzung im darauffolgenden Frühjahr (März bis Mai) keine Nahrung mehr auf.

Zum Laichen versammeln sich Bachneunaugen auf überströmten, sauberen Kiessubstraten und können dort mitunter in hoher Zahl beim Laichgeschäft beobachtet werden. Zuvor werden häufig Gruben angelegt, indem einzelne Kiesel mit Hilfe des Saugmauls abtransportiert werden. Nach dem Ablachen sterben die Tiere. Erwachsene Bachneunaugen werden vom Flussneunauge durch

die geringere Körperlänge (bis zu etwa 20 Zentimetern), die zusammengewachsenen Rückenflossen und die verkümmerte Bezahnung der Saugscheibe unterschieden (Abb. 2.14). Als Larvenstadien (Querder) sind beide Arten dagegen anhand optischer Merkmale nicht differenzierbar. Zudem überschneiden sich in ganz Europa ihre Verbreitungsgebiete. Bereits im 19. Jahrhundert wurde deshalb vermutet, dass es sich beim Bachneunauge um einen im Binnenbereich stationär gewordenen und als Adulttier nicht mehr parasitär lebenden Abkömmling des Flussneunauges handeln könnte, der mit diesem eine gemeinsame Art bildet [27]. Diese Vermutung erhielt weiteren Auftrieb, nachdem Weissenberg (1925) [28] erstmals die Möglichkeit der Hybridisierung zwischen Bach- und Flussneunaugen nachwies und Lauterborn (1926) [29] daraufhin von gemeinsamen Laichaktivitäten im Oberrheingebiet berichtete. Eine Hybridisierung an sich ist kein Beleg dafür, dass es sich nicht um zwei unterschiedliche Arten handelt. Bach- und Flussneunaugen scheinen aus evolutionärer Sicht allerdings relativ langsam auseinander zu driften [30]. Genetische Studien

AUF EINEN BLICK **Bachneunauge**

Genetische Vielfalt

- Geringe genetische Vielfalt auf Basis der mitochondrialen DNA.
- Aber hohe genetische Vielfalt auf Basis der nuklearen Mikrosatelliten.
- Unklar, ob Ergebnisse auf natürliche Standorttreue oder auf die Fragmentierung der Gewässer zurückzuführen sind.

Phänotypische Vielfalt

- Lediglich juvenile Bachneunaugen (Querder) konnten untersucht werden.
- Keine klaren Unterschiede in Gestalt und Färbung zwischen den Populationen.
- Ein verlässlicher Rückschluss von Gestalt auf Genetik ist nicht möglich.

Handlungsempfehlungen

- Keine Bildung von Bewirtschaftungseinheiten darstellbar.
- Besatzmaßnahmen sollten nur innerhalb eines Fluss- oder Bachsystems erfolgen.
- Besonderer Schutz ausgewählter Populationen aufgrund einzigartiger genetischer Vielfalt (Aischbach, Große Lauter, Lauchert).
- Population aus der Radolfzeller Ach gilt als besonders schützenswert, da es sich um die einzige Bachneunaugepopulation im Bodenseegebiet handelt.
- Das Bachneunauge ist ganzjährig geschont (§1 Abs. 2 LFischVO), daher bedarf jeglicher Besatz der Genehmigung der Fischereibehörde (§8 Abs. 3 LFischVO).

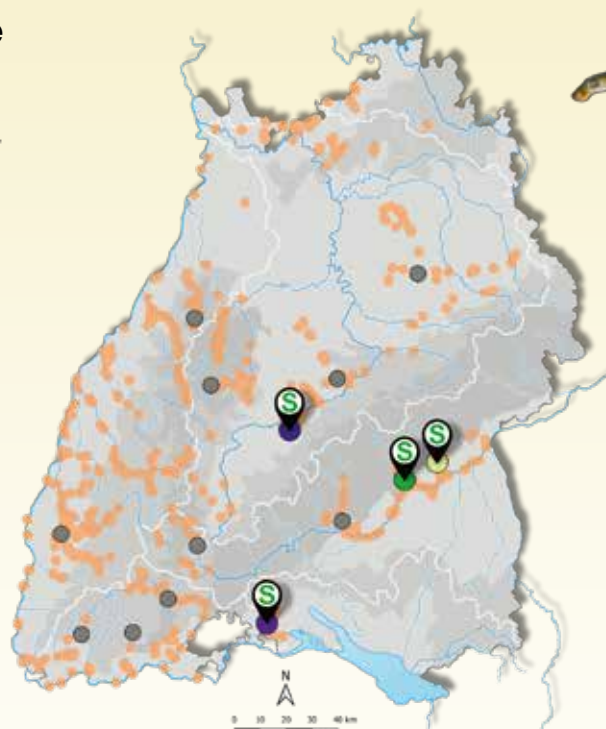
Übersichtskarte

Bewirtschaftungseinheiten

Keine Bildung von Bewirtschaftungseinheiten möglich. Lokale Bestände sollten für Maßnahmen genutzt werden.

Besondere Populationen

- Aischbach
- Große Lauter
- Schmiech
- Radolfzeller Ach



Symbole

- Untersuchte Populationen
- Besonders schützenswert aufgrund einzigartiger genetischer Vielfalt
- ? Keine genetischen Informationen
- Verbreitung Äsche



belegen jedoch, dass Fluss- und Bachneunaugen unterschiedliche Gensequenzen aufweisen („Privatallele“) und man daher von zwei klar getrennten Arten sprechen muss [31].

Gute Bachneunaugenlebensräume sind gekennzeichnet durch ein Nebeneinander von wenig belasteten Feinsedimenten für die Querder und sauberen Kiessubstraten, die zur Fortpflanzung geeignet sind. Insbesondere in vielen größeren Fließgewässern entstanden diesbezüglich im Laufe des 19. und 20. Jahrhunderts sehr ungünstige Lebensbedingungen. Vielerorts wurden Bachneunaugen daher in die Mittel- und Oberläufe der Fließgewässer zurückgedrängt. Der Verbreitungsschwerpunkt der Art liegt heute im Schwarzwald und in der angrenzenden Rheinebene. Bedeutende Bachneunaugenbestände finden sich auch im Odenwald sowie in der Donau und ihren linksseitigen Zuflüssen stromab von Sigmaringen. Wie bereits in historischer Zeit scheint das Bachneunauge in die rechtsseitigen Donauzuflüsse dagegen nicht vorzudringen. Die Gründe hierfür sind unbekannt. Im Neckarsystem sind die verbliebenen Bestände inselartig zerstreut. Aus dem Bodenseesystem ist nur eine einzige Population aus der Radolfzeller Aach bekannt. Diese könnte auf eine vorübergehende nach-eiszeitliche Verbindung zwischen dem Donau- und dem Bodenseesystem zurückgehen und wäre in diesem Fall eine eigenständige Besonderheit.

Die im 20. Jahrhundert eingetretenen Rückgänge der Bachneunaugenbestände waren vor allem die Folge stofflicher Belastungen und naturferner Ausbaumaßnahmen in den Lebensräumen. Die verbliebenen Vorkommen waren in den letzten zwei Jahrzehnten allerdings stabil. Zahlreiche Bestände sind aufgrund ihrer geringen Größe und starken Isolation im Fortbestand dennoch gefährdet. Hinsichtlich der Wasser- und Sedimentqualität wären viele verwaiste Wohngewässer des Bachneunauges heute wieder als Lebensraum geeignet. Nach wie vor defizitäre Gewässerstrukturen und das Fehlen von Ursprungspopulationen in der näheren Nachbarschaft erschweren oder verhindern jedoch häufig eine Wiederbesiedlung. Lokal bildeten sich in der Vergangenheit immer wieder hohe Querderdichten in künstlich angelegten Sedimentfängen. Diese können hervorragende Ersatzbiotopie für verloren gegangene natürliche Habitate darstellen. Durch ihre Räumung im Rahmen von Unterhaltungsmaßnahmen kam es in der Vergangenheit mehrfach zu schwerwiegenden Eingriffen in Lokalpopulationen des Bachneunauges, die sich in der Folge nur langsam erholten.

Aktuell gibt es keinerlei Informationen, wie sich die genetische und phänotypische Vielfalt der Bachneunaugen in Baden-Württemberg gestaltet. Solche Informationen sind jedoch notwendig, um zum Beispiel die Wiederbesiedlung von ehemals defizitären Gewässern zu unterstützen.



Abb. 2.14: Bachneunaugen besitzen wie ihre nahen Verwandten, die Flussneunaugen, ein mit unzähligen Hornzähnen ausgestattetes Maul. Dieses wird jedoch nicht dazu genutzt, um sich an Fischen festzusaugen und sich so von ihnen parasitär zu ernähren. Stattdessen sind die Zähne verkümmert und das erwachsene Tier nimmt gar keine Nahrung mehr auf.

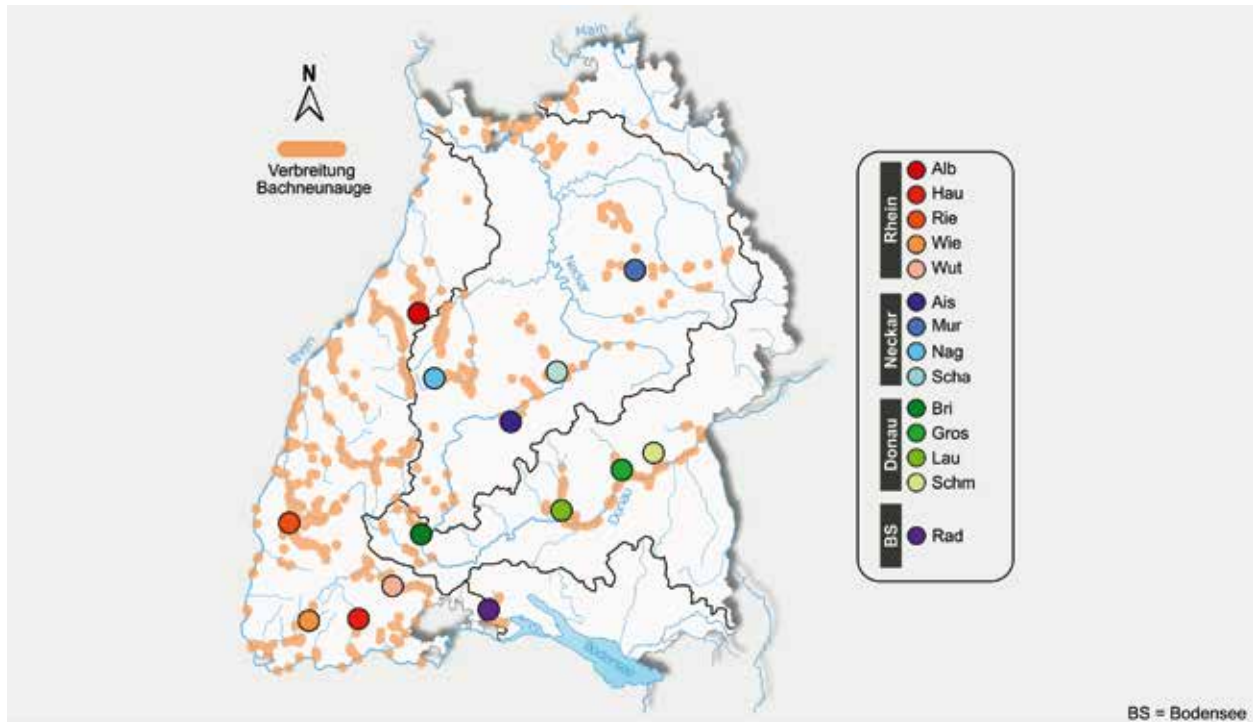


Abb. 2.15: Übersicht zur Lage der einzelnen Probenahmestellen für die genetische und morphometrische Analyse des Bachneunauges. Jede beprobte Population ist durch ihre Farbe und die Abkürzung des Gewässernamens eindeutig identifizierbar. Details zu den beprobten Gewässerabschnitten finden sich in Tabelle 2.2.

Tab. 2.2: Übersicht zu den untersuchten Populationen des Bachneunauges in Baden-Württemberg.

Einzugsgebiet	Gewässer	Abkürzung	n	Nassgewicht [g]	Totallänge [cm]
Rhein	Alb	Alb	26	2,6 ± 0,7	11,1 ± 1,4
	Hauensteiner Murg	Hau	24	4,6 ± 1,9	15,1 ± 1,8
	Riedgraben	Rie	26	1,7 ± 0,6	10,0 ± 1,1
	Wiese	Wie	26	2,4 ± 1,0	12,1 ± 1,6
	Wutach	Wut	23	3,1 ± 1,1	12,7 ± 1,6
Neckar	Aischbach	Ais	26	4,1 ± 1,6	12,7 ± 2,0
	Murr	Mur	26	4,4 ± 2,5	13,1 ± 2,3
	Nagold	Nag	26	3,1 ± 0,8	11,5 ± 0,8
	Schaich	Scha	26	2,2 ± 1,4	10,3 ± 2,2
Donau	Brigach	Bri	26	9,6 ± 2,6	17,1 ± 1,3
	Große Lauter	Gro	26	2,7 ± 1,8	10,9 ± 2,7
	Lauchert	Lau	26	3,8 ± 1,1	12,5 ± 1,4
	Schmiech	Schm	26	4,2 ± 1,2	13,9 ± 1,1
Bodensee	Radolfzeller Aach	Rad	19	2,4 ± 2,6	9,7 ± 3,9

Probenahme

Insgesamt wurden an 14 Probestellen Befischungen auf Bachneunaugen durchgeführt. An allen Probestellen wurden mehr als 15 Individuen gefangen (Abb. 2.15). Von 352 gefangenen Bachneunaugen waren 11 adulte Tiere, die restlichen im Querder-

Stadium. Das Gewicht der untersuchten Bachneunaugen reichte von 0,2 bis 15,6 Gramm, die Totallängen lagen zwischen 4,8 und 20,0 Zentimeter (Tabelle 2.2). Bei den morphometrischen Untersuchungen wurden ausschließlich die Querder berücksichtigt.

Genetische und phänotypische Vielfalt

Bei Betrachtung der Ergebnisse auf Basis der mitochondrialen DNA zeigte sich, dass die meisten Populationen in Baden-Württemberg unabhängig vom Einzugsgebiet den gleichen Haplotypen besaßen (Abb. 2.16). Ausnahmen bildeten die Populationen aus der Großen Lauter und der Lauchert (Donaeinzugsgebiet) sowie aus dem Aischbach (Neckareinzugsgebiet). Diese wiesen einen einzigartigen Haplotypen auf, welcher im restlichen Land nicht nachgewiesen wurde. Die Unterschiede zwischen den beiden dominanten Haplotypen lag jedoch bei nur einer Substitution.

Die genetische Analyse auf Basis der verwendeten nuklearen Mikrosatelliten-Marker zeigte hingegen eine vergleichsweise hohe genetische Vielfalt bei den untersuchten Bachneunaugenpopulationen (Abb. 2.17). Dabei bildeten die meisten Bestände aus dem Rhein- und Neckareinzugsgebiet jeweils eine isolierte Gruppe. Einzelne Populationen, wie beispielsweise Bachneunaugen aus der Wiese (Rheineinzugsgebiet), Radolfzeller Aach (Bodenseeeinzugsgebiet) und Lauchert (Donaeinzugsgebiet) wichen jedoch von diesem Muster ab und zeigten unabhängig vom Einzugsgebiet eine hohe genetische Ähnlichkeit. Auch die Population aus der Brigach (Donaeinzugsgebiet) wies eine höhere genetische Ähnlichkeit zu Populationen aus dem Rheineinzugsgebiet auf als zu anderen, näher gelegenen Populationen aus dem Donaeinzugsgebiet. Möglicherweise ist dieses Phänomen jedoch auf Genotypisierungsfehler zurückzuführen, da einzelne Loci in der Analyse vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht abwichen. Daher wurden diese speziellen Loci von der weiteren Analyse ausgeschlossen. Dadurch verringerte sich die Anzahl an Mikrosatelliten-Markern, was Einfluss auf die Erfassbarkeit von genetischen Unterschieden gehabt haben könnte.

Im Gegensatz zu den genetischen Daten ergab die morphometrische Analyse keine klaren Unterscheidungsmerkmale zwischen den untersuchten Bachneunaugenpopulationen. Selbst bei einer reduzierten Anzahl von Genotypen zeigte sich bei der Diskriminanzanalyse eine deutliche Überlappung (Abb. 2.18). Damit konnte kein klarer Zusammenhang zwischen Genetik und Gestalt hergestellt werden.

Bewirtschaftungseinheiten und Handlungsempfehlungen

Insgesamt können basierend auf den vorliegenden Ergebnissen keine abschließenden Empfehlungen zur Bildung von Bewirtschaftungseinheiten beim Bachneunauge gegeben werden. Die genetischen Analysen lieferten zwar Hinweise auf eine große genetische Vielfalt, die als schützenswert angesehen werden muss, es konnte jedoch

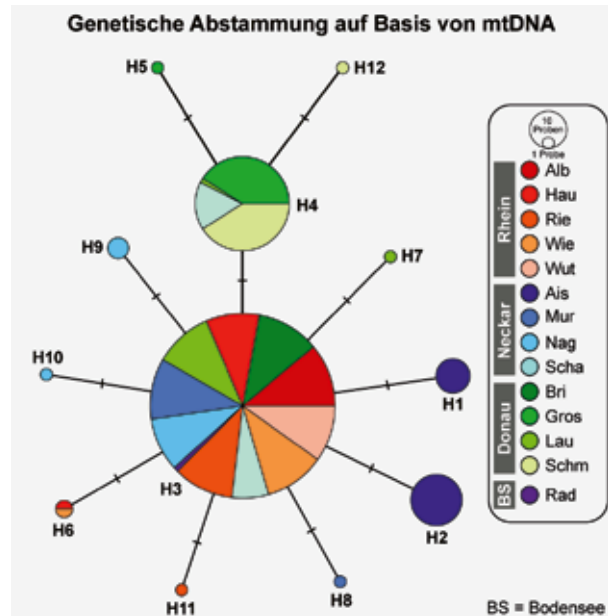


Abb. 2.16: Darstellung eines Haplotypen-Netzwerks für das Bachneunauge, welches alle untersuchten Individuen einzelnen identifizierten Haplotypen zuordnet. Die Analyse basiert auf den untersuchten mitochondrialen DNA (mtDNA). Unterschiede in der genetischen Sequenz zwischen den Haplotypen sind durch Querstriche auf den Verbindungslinien angedeutet. Die Herkunft der zugeordneten Individuen ist farblich markiert.

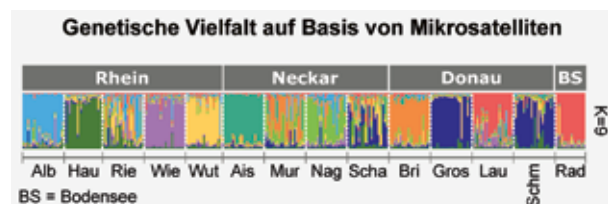


Abb. 2.17: Darstellung der Ergebnisse der *Structure* Analyse für das Bachneunauge mit der berechneten optimalen Anzahl genetischer Gruppen (K). Die Analyse basiert auf den untersuchten nuklearen Mikrosatelliten. Die Zugehörigkeit der untersuchten Individuen zu den einzelnen genetischen Gruppen ist farblich markiert.

nicht geklärt werden, ob diese Vielfalt aufgrund der Standorttreue der Bachneunaugen entstanden ist oder ob der Ausbau der Gewässer zu einer Fragmentierung der Bestände führt. Grundsätzlich scheint in Baden-Württemberg aber eine einzelne Bachneunaugenlinie verbreitet zu sein, wobei Populationen aus der Großen Lauter und der Lauchert (Donaeinzugsgebiet) sowie aus dem Aischbach (Neckareinzugsgebiet) einen eigen Haplotypen auswiesen und sich dadurch genetisch am stärksten von den restlichen Populationen unterschieden. Diese Bestände sind für die genetische Vielfalt des Bachneunauges besonders wertvoll und sollten daher besonders geschützt werden. Ähnliche Ergebnisse wurden für Bachneunaugenbestände im Vereinigten Königreich gefunden [32]. Dort zeigten sich geringe genetische Unter-

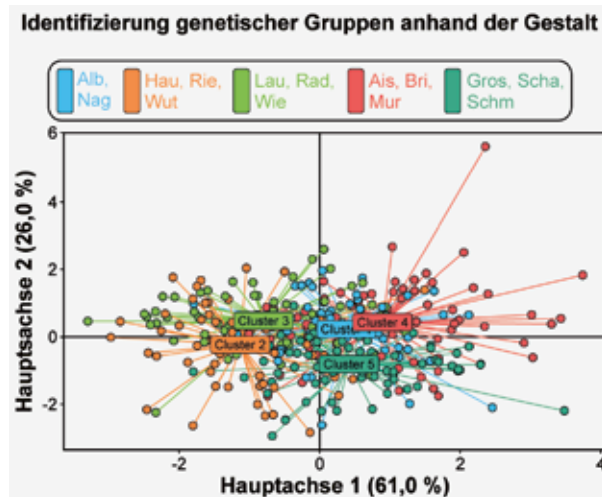


Abb. 2.18: Darstellung der Ergebnisse der Diskriminanzanalyse für das Bachneunauge in einem Streudiagramm. Die Analyse basiert auf den morphometrischen Messungen. Die Gruppenzuordnung wurde von den zuvor etablierten genetischen Gruppen (das heißt: Cluster) abgeleitet. Die einzelnen Gruppen sind unterschiedlich gefärbt. Der Prozentsatz der Variation, der von jeder Achse des Diagramms ausgeht, ist in Klammern mit der Achsenbeschriftung dargestellt.

schiede auf mtDNA Basis, während nukleare Marker auf eine hohe Diversität hindeuteten. Aber auch Unterschiede auf mtDNA Basis bei räumlich naheliegenden Popu-

lationen sind bei dieser Art möglich, wie eine Studie mit Bachneunaugenpopulationen aus portugiesischen Flüssen zeigte.

Klare phänotypische Unterschiede zwischen den unterschiedlichen nachgewiesenen Genotypen wurden nicht gefunden. Ein Grund dafür könnte sein, dass in dem aktuellen Projekt ausschließlich die juvenilen Stadien (Querder) morphometrisch analysiert wurden (Abb. 2.19). Diese besitzen nur wenige eindeutig identifizierbare Merkmale, wodurch keine klassische Landmark-Analyse möglich war. Untersuchungen zur Gestalt und zählbare Strukturen bei adulten Bachneunaugen könnten hier wichtige zusätzliche Informationen zur phänotypischen Vielfalt liefern.

Im Hinblick auf das Management muss auf Grundlage der vorliegenden Daten empfohlen werden, Bachneunaugen im Rahmen von Bewirtschaftungsmaßnahmen nur innerhalb eines Fluss-beziehungsweise Bachsystems aus möglichst nah gelegenen Spenderpopulationen umzusiedeln. Die Population aus der Radolfzeller Ach sollte unter besonderen Schutz gestellt werden, da es sich um den einzigen Bachneunaugenbestand im Bodensee-einzugsgebiet handelt. Trotz historisch bedingter Abwesenheit der Art in diesem Gebiet scheint sich hier über die Donau eine Population etabliert zu haben.



Abb. 2.19: Die juvenilen Stadien der Bachneunaugen, auch Querder genannt, besitzen nur wenige eindeutig identifizierbare äußere Merkmale. Aus diesem Grund sind morphometrische Untersuchungen bei diesen Stadien nur begrenzt möglich. Auch können juvenile Bachneunaugen optisch nicht vom nah verwandten Flussneunauge unterschieden werden.



Groppe (*Cottus gobio*)

Verbreitung und Gefährdung

Die Groppe, oftmals auch als Mühlkoppe bezeichnet, ist ein bis zu etwa 15 Zentimeter lang werdender Grundfisch, der vor allem saubere, strömungs- und sauerstoffreiche Fließgewässer bewohnt. Sie benötigt ein gut strukturiertes Gewässerbett mit kiesigem bis steinigem Sohlsubstrat. In der Literatur wird die Art oft als Bewohner der sommerkühlen Oberläufe charakterisiert. Typischerweise erreicht sie dort ihre höchsten Individuendichten. In den quellnahen Bereichen mit geringer Wasserführung ist die Groppe zusammen mit der Bachforelle häufig die einzig noch vertretene Fischart. Sie besiedelt aber auch größere Fließgewässer bis weit in die Niederungen hinein, sofern diese über geeignete Sohlsubstrate verfügen. In gut mit Sauerstoff versorgten Seen mit steinigem Grund können Groppen ebenfalls Bestände entwickeln. Vorkommen sind sogar in einigen stark ausgesüßten Brackwasserbereichen der Ostsee bekannt. Die Groppe verbringt ihr Leben vollständig auf dem Gewässergrund und besitzt keine Schwimmblase. Während ihrer Ruhephasen versteckt sie sich gerne unter

oder zwischen Steinen. In der übrigen Zeit hält sie sich vorzugsweise in der Strömung auf.

Bei den mitteleuropäischen Groppenbeständen wurden in jüngerer Vergangenheit verschiedene morphologische und genetische Variationen beschrieben, die nach dem phylogenetischen Artenkonzept als eigenständige Arten abgegrenzt werden. Hierbei handelt es sich um die Rheingroppe (*Cottus rhenanus*) und die Schelde- oder Stachelgroppe (*Cottus perifretum*). Im Freiland sind Groppen und Rheingroppen optisch nicht zuverlässig voneinander zu unterscheiden. Die Stachelgroppe wird anhand der rauen Haut ihrer Körperflanken von der Groppe unterschieden. Aktuell sind keine verlässlichen Daten zur Verbreitung dieser Arten in Baden-Württemberg verfügbar. Es wird aber vermutet, dass Hybride der Rheingroppe (*Cottus rhenanus*) und Scheldegroppe (*Cottus perifretum*) im Rhein bis nach Karlsruhe vordringen sind [33, 34].

Die baden-württembergischen Groppenvorkommen verteilen sich bis heute über das gesamte Landesgebiet. Gleichwohl wird die Art nicht mehr in allen Gewässern,

AUF EINEN BLICK **Groppe**

Genetische Vielfalt

- ▶ Sehr große genetische Vielfalt, sowohl innerhalb als auch zwischen den Populationen.
- ▶ Komplexes System von einzigartigen Haplotypen und Genotypen, unabhängig vom Einzugsgebiet.
- ▶ Hinweise, dass die Fragmentierung der Gewässer zu weiterer genetischer Isolierung führt.
- ▶ Nachweis von gebietsfremden hybriden Groppenarten in einem Rheinzufuss (Murg bei Rotenfels).

Phänotypische Vielfalt

- ▶ Keine morphometrische Analyse möglich, da standardisierte Aufnahmen bei der Art sehr schwierig sind.

Handlungsempfehlungen

- ▶ Keine Bildung von Bewirtschaftungseinheiten darstellbar.
- ▶ Für Besatzmaßnahmen sollten ausschließlich lokale Bestände genutzt werden.
- ▶ Durchgängigkeit in Flusssystemen mit isolierten Groppenbeständen muss wiederhergestellt werden, um eine genetische Verarmung zu verhindern.
- ▶ Untersuchungen zur Ausbreitung der gebietsfremden hybriden Groppen im Oberrhein angezeigt.
- ▶ Verlässliche Artunterscheidung bei der Groppe wohl nur durch spezifische genetische Marker möglich.
- ▶ Die Groppe ist ganzjährig geschont (§1 Abs. 2 LFischVO), daher bedarf jeglicher Besatz der Genehmigung der Fischereibehörde (§8 Abs. 3 LFischVO).

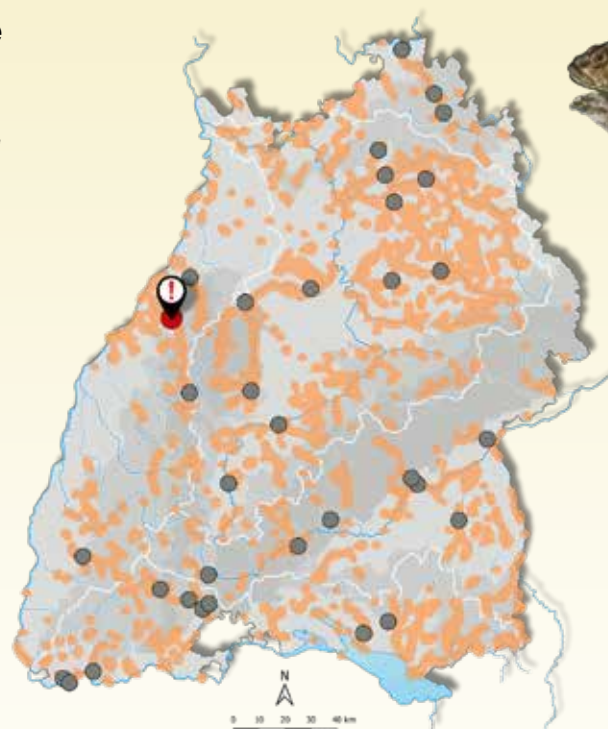
Übersichtskarte

Genetische Großeinheiten

Keine Bildung von Bewirtschaftungseinheiten möglich. Lokale Bestände sollten für Maßnahmen genutzt werden.

Besondere Populationen

- Murg (bei Rotenfels)



Symbole

- Untersuchte Populationen
- Gebietsfremde Linien nachgewiesen, nicht als Spenderpopulation verwenden
- Verbreitung Groppe

die aufgrund ihrer strukturellen Rahmenbedingungen geeignete Lebensräume darstellen, vorgefunden. So zeigen sich beispielsweise größere Siedlungslücken in Teilen Oberschwabens und des Schwarzwaldes. In manchen Gewässern – wie etwa der Rems – tritt die Groppe darüber hinaus nicht in einer dem Lebensraum entsprechenden Individuendichte und Bestandsstruktur in Erscheinung.

Dichte und gut ausgeprägte Groppenbestände finden sich insbesondere in den Bächen des Odenwaldes und im Südschwarzwald, in den Flusssystemen Tauber, Kocher, Jagst und Enz, im oberen Neckargebiet sowie in den kies- und steingepägten Zuflüssen der Donau und des Bodensees. Eine vergleichsweise dünne oder lückenhafte Groppenbesiedlung herrscht dagegen in den großen Flüssen des Landes vor. Sofern die Groppe in diesen Gewässern überhaupt noch vorkommt, besiedelt sie diese oftmals nur noch abschnittsweise bestandsbildend.

In der Oberrheinebene waren Groppen bis vor einigen Jahren nur noch an wenigen Stellen und in sehr geringer Zahl im Raum Karlsruhe sowie im Restrhein nördlich von Basel nachweisbar. Durch die Einwanderung der ponto-kaspischen Grundelarten wurden diese Bestände höchstwahrscheinlich verdrängt [35].

Die Empfindlichkeit der Groppe gegenüber Verschlechterungen der Wasserqualität führte in den Zeiten hoher Belastungen durch Einleitungen und Einträge zu

starken Bestandsrückgängen und in vielen Fließgewässern sogar zum völligen Verschwinden der Art. Darüber hinaus wurden die Groppenbestände auch durch Strukturverluste beeinträchtigt, die im Zuge des teilweise naturfernen Gewässerausbaus eintraten. Insgesamt wurde die Art in die von derartigen Einflüssen nicht so stark betroffenen Oberläufe der Fließgewässer verdrängt.

Mit der sich wieder verbessernden Wasserqualität im Zuge der Gewässerreinhaltemaßnahmen konnte die Groppe viele Lebensräume allmählich wiederbesiedeln. Dort, wo eine Wiederbesiedlung nicht erfolgte, scheitert sie überwiegend an starken hydromorphologischen Beeinträchtigungen, unter denen viele Gewässer noch immer leiden. Vielerorts wird eine Zuwanderung überdies durch Querbauwerke erschwert oder unterbunden. Von Groppen können selbst niedrige Sohlschwellen, die für schwimmkräftigere Fischarten kein wesentliches Migrationshindernis darstellen, nicht ohne weiteres überwunden werden. Bei manchen Fließgewässern ist unklar, warum sie trotz geeigneter struktureller Bedingungen und guter Wasserqualität nicht besiedelt werden, obwohl in Zuflüssen Groppenbestände ansässig sind. Im Rhein wird die Groppe höchstwahrscheinlich durch die konkurrenzstärkeren Schwarzmeergrundeln verdrängt.

Um einer möglichen weiteren Fragmentierung entgegenzuwirken beziehungsweise um den Bedarf der Wiederherstellung der Durchgängigkeit exemplarisch

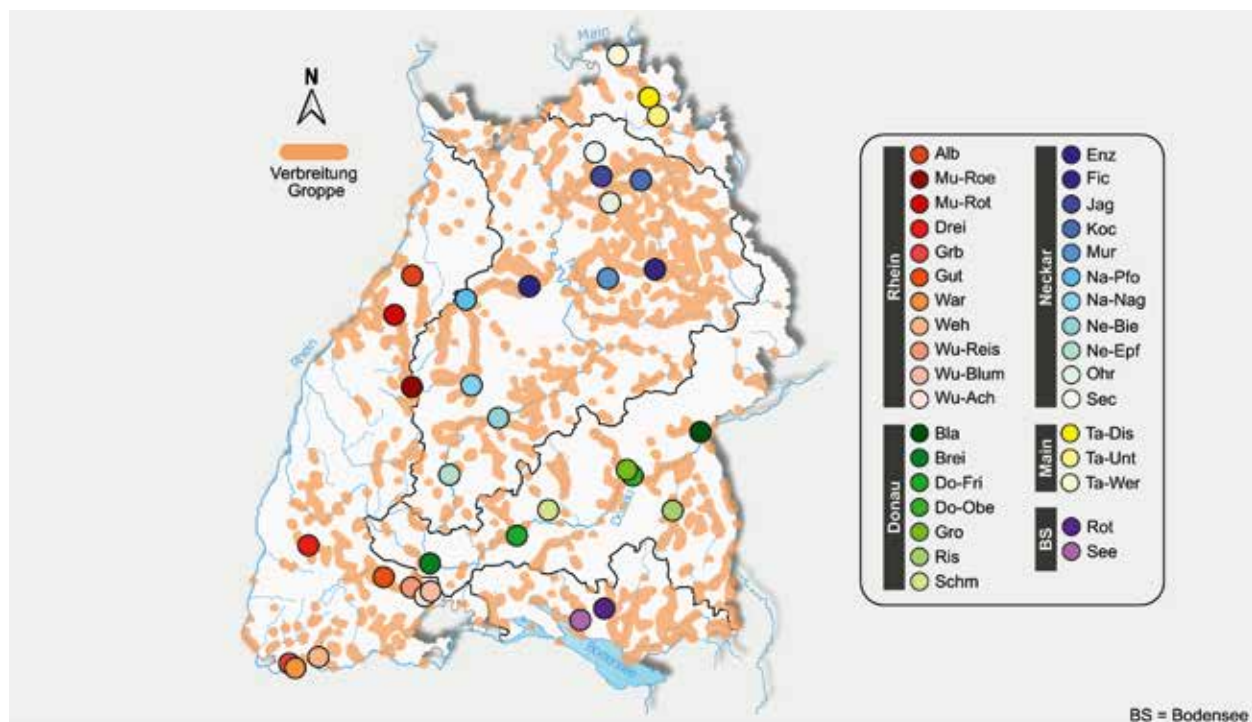


Abb. 2.20: Übersicht zur Lage der einzelnen Probenahmestellen für die genetische und morphometrische Analyse der Groppe. Jede beprobte Population ist durch ihre Farbe und die Abkürzung des Gewässernamens eindeutig identifizierbar. Details zu den beprobten Gewässerabschnitten finden sich in Tabelle 2.3.

Tab. 2.3: Übersicht zu den untersuchten Populationen der Groppe in Baden-Württemberg.

Einzugsgebiet	Gewässer	Abkürzung	n	Nassgewicht [g]	Totallänge [cm]
Rhein	Alb	Alb	25	5,4 ± 2,5	7,5 ± 1,1
	Dreisam	Dre	18	8,7 ± 4,3	8,5 ± 1,2
	Großbach	Gross	7	18,1 ± 10,6	10,2 ± 1,9
	Gutach	Gut	21	9,0 ± 4,1	8,8 ± 1,3
	Murg (bei Röt)	Mu-Roe	25	4,7 ± 4,0	7,1 ± 1,9
	Murg (bei Rotenfels)	Mu-Rot	13	3,5 ± 1,5	6,5 ± 1,1
	Warmbach	War	10	13,4 ± 10,1	9,2 ± 2,0
	Wehra	Weh	14	8,0 ± 2,6	8,5 ± 0,9
	Wutach (bei Achdorf)	Wu-Ach	9	7,8 ± 2,9	8,4 ± 0,9
	Wutach (bei Blumegg)	Wu-Blu	21	6,9 ± 3,3	8,1 ± 1,3
	Wutach (bei Reisingen)	Wu-Rei	21	8,4 ± 3,5	8,7 ± 1,2
Neckar	Enz	Enz	25	5,8 ± 3,7	7,7 ± 1,4
	Fichtenberger Rot	Fic	25	9,0 ± 4,2	8,5 ± 1,0
	Jagst	Jag	5	-	-
	Kocher	Koc	18	3,2 ± 1,3	6,5 ± 0,9
	Murr	Mur	25	5,5 ± 2,4	7,6 ± 1,1
	Nagold (bei Nagold)	Na-Nag	16	10,8 ± 6,0	9,5 ± 1,5
	Nagold (Bei Dillweißenstein)	Na-Dil	25	10,3 ± 3,5	9,7 ± 0,9
	Neckar (bei Beringen)	Ne-Bie	25	6,6 ± 3,4	8,0 ± 1,1
	Neckar (bei Epfendorf)	Ne-Epf	25	9,3 ± 3,6	9,1 ± 1,1
	Ohrn	Ohr	25	7,4 ± 2,9	8,4 ± 1,3
Main	Seckach	Sec	25	9,9 ± 3,4	9,3 ± 1,0
	Tauber (bei Distelhausen)	Ta-Dis	24	3,0 ± 2,0	5,8 ± 1,6
	Tauber (bei Unterballbach)	Ta-Unt	7	3,7 ± 4,9	5,9 ± 2,1
	Tauber (bei Wertheim)	Ta-Wer	5	2,5 ± 1,6	5,4 ± 1,7
Donau	Blau	Bla	6	9,2 ± 3,5	8,5 ± 1,1
	Breg	Bre	10	12,5 ± 8,1	9,3 ± 1,9
	Donau (bei Fridingen)	Do-Fri	5	8,6 ± 8,8	8,3 ± 2,3
	Donau (bei Obermarchtal)	Do-Obe	5	14,8 ± 3,4	10,2 ± 0,7
	Große Lauter	Gro	16	7,9 ± 3,2	8,0 ± 0,9
	Riss	Ris	8	12,0 ± 5,9	7,7 ± 1,1
	Schmeie	Schme	25	11,2 ± 3,7	8,9 ± 0,8
Bodensee	Rotach	Rota	17	14,1 ± 6,0	10,4 ± 1,3
	Seefelder Aach	See	5	4,4 ± 1,1	7,0 ± 0,6

aufzuzeigen, ist eine genetische beziehungsweise morphometrische Analyse relevanter Bestände wichtig. Des Weiteren ist bis heute nicht geklärt, ob in den heimischen Beständen genetische und morphologische Variationen vorkommen. In Mitteleuropa gibt es mehrere, teilweise deutlich voneinander differenzierte evolutionäre Entwicklungslinien der Groppe [36]. Deren Verbreitungsgrenzen liegen vermutlich zum Teil in Baden-Württemberg.

Probenahme

Insgesamt wurde an 39 Probestellen Befischungen auf Gropen durchgeführt. An fünf Probestellen wurden keine oder nur einzelne Individuen gefangen. Daher konnten lediglich 34 Populationen genetisch untersucht werden (Abb. 2.20). Das Gewicht der untersuchten Gropen reichte von 0,4 bis 33,8 Gramm, die Totallängen lagen zwischen 3,1 und 14,3 Zentimetern (Tabelle 2.3).

Genetische und phänotypische Vielfalt

Die auf der mitochondrialen DNA basierende Analyse zeigte eine außergewöhnliche genetische Vielfalt bei der Groppe auf. Insgesamt wurden 49 einzigartige Haplotypen in Baden-Württemberg identifiziert (Abb. 2.21). Vor allem im Neckareinzugsgebiet konnte eine große Anzahl an einzigartigen Haplotypen nachgewiesen werden, was auf eine hohe genetische Vielfalt innerhalb der Populationen schließen lässt. Es zeigten sich aber auch klare Unterschiede zwischen den Populationen. So wiesen Individuen aus dem Hochrhein-, südlichen Oberrhein- und Bodenseegebiet sowie aus Zuflüssen der Donau Haplotypen auf, die im restlichen Untersuchungsgebiet nicht nachgewiesen werden konnten.

Auch die Analyse der nuklearen Mikrosatelliten-Marker ergab eine hohe genetische Vielfalt der Groppe in Baden-Württemberg. Es konnte eine klare Aufspaltung der untersuchten Groppenpopulationen in drei genetische Großgruppen identifiziert werden. Die erste Gruppe bildeten Populationen aus dem Main-, dem Neckar- und dem mittleren Oberrheineinzugsgebiet. Die zweite Gruppe bestand aus Populationen des südlichen Oberrhein- und Donaugebiets. Die Populationen aus dem Hochrhein- und dem Bodenseegebiet bildeten die dritte Gruppe. Aufgrund der großen genetischen Unterschiede wurden in den weiteren Analysen die drei Gruppen getrennt betrachtet. Im Main-, Neckar- und Oberrheineinzugsgebiet bildeten die meisten Populationen aus einem Gewässersystem einen eigenen Genotyp aus (Abb. 2.22). Eine Ausnahme zeigte sich bei den Populationen aus dem Kocher, der Nagold und dem Neckar: Diese wiesen eine Mischung aus verschiedenen Genotypen auf, unterschieden sich jedoch untereinander nur gering.

Der größte genetische Unterschied wurde bei Gropen aus der Fichtenberger Rot beobachtet. Diese spaltete sich deutlich von den restlichen Populationen ab. Auch im südlichen Oberrhein- und Donaugebiet konnten mehrere Genotypen identifiziert werden. Selbst in einzelnen Flusssystemen wie etwa dem Gutach-Wutach-System konnten genetische Unterschiede zwischen den untersuchten Populationen festgestellt werden (Abb. 2.22). Interessanterweise wiesen die Populationen aus der Dreisam und der Gutach den gleichen Genotypen auf, obwohl die Gewässer zu unterschiedlichen Einzugsgebieten gehören. Im Donaueinzugsgebiet konnten sowohl im Hauptstrom als auch in den Zuflüssen mehrere Genotypen identifiziert werden (Abb. 2.22). Im Hochrhein- und Bodenseegebiet wiesen bis auf die Populationen aus dem Warmbach und dem Großbach, die geographisch nah beieinanderliegen, alle Populationen einen einzigartigen Genotypen auf.

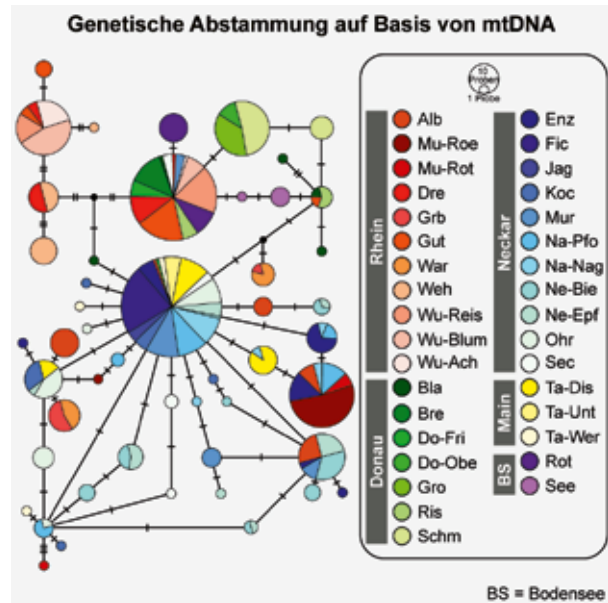


Abb. 2.21: Darstellung eines Haplotypen-Netzwerks für die Groppe, welches alle untersuchten Individuen einzelnen identifizierten Haplotypen zuordnet. Die Analyse basiert auf den untersuchten mitochondrialen DNA (mtDNA). Unterschiede in der genetischen Sequenz zwischen den Haplotypen sind durch Querstriche auf den Verbindungslinien angedeutet. Die Herkunft der zugeordneten Individuen ist farblich markiert.

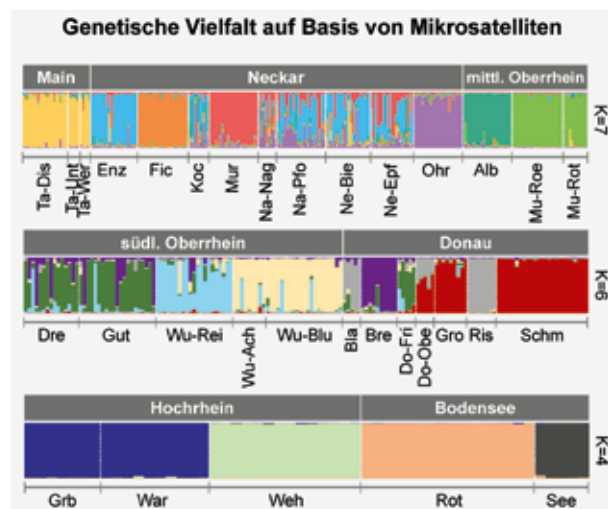


Abb. 2.22: Darstellung der Ergebnisse der *Structure* Analyse für die Groppe mit der berechneten optimalen Anzahl genetischer Gruppen (K). Die Analyse basiert auf den untersuchten nuklearen Mikrosatelliten. Die Zugehörigkeit der untersuchten Individuen zu den einzelnen genetischen Gruppen ist farblich markiert.

Um zu überprüfen, welche Groppenart in Baden-Württemberg verbreitet ist, wurde die mitochondriale DNA der beprobten Individuen mit Sequenzen aus der Literatur verglichen. Sechs Individuen aus der Murg (bei Rotenfels) wiesen Haplotypen der Schelde- beziehungsweise Rheingruppe auf (Abb. 2.23), die restlichen konnten eindeutig der Groppe im engeren Sinne zugeordnet

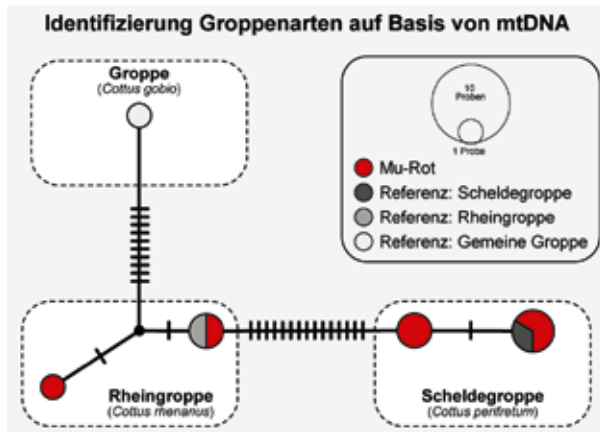


Abb. 2.23: Darstellung eines Haplotypen-Netzwerks für die Groppe, welches genetisch auffällige Individuen aus der Murg (bei Rot) unterschiedlichen Referenz-Haplotypen von bekannten Groppenarten zuordnet. Die Analyse basiert auf den untersuchten mitochondrialen DNA (mtDNA). Unterschiede in der genetischen Sequenz zwischen den Arten sind durch Querstriche auf den Verbindungslinien angedeutet. Die einzelnen Groppenarten sind unterschiedlich farblich markiert.

werden. Unterschiede auf Basis der nuklearen Mikrosatelliten konnten bei dieser Population zwischen den verschiedenen Groppenarten nicht gefunden werden.

Aufgrund der rundlichen Körperform der Groppen gestaltete sich die Erstellung einer standardisierten Aufnahme für die morphometrische Analyse als sehr schwierig. Versuche, die Fische mit Hilfe eines Gestells korrekt zu positionieren, erwiesen sich als nicht zuverlässig. Aus diesem Grund wurde bei der Groppe auf eine morphometrische Analyse verzichtet.

Bewirtschaftungseinheiten und Handlungsempfehlungen

Die genetische Vielfalt scheint bei der Groppe in Baden-Württemberg sowohl innerhalb der Populationen als auch zwischen den Populationen hoch zu sein. Dies war bei dieser Art zu erwarten, da die Groppe eine schwimmschwache Art ist, die sich meist nur wenige 100 Meter von ihrem angestammten Habitat entfernt. Ihre Ausbreitung wird zudem durch die große Anzahl an Querbauwerken in Baden-Württembergs Fließgewässern erschwert. Schon Hindernisse von mehr als 20 Zentimeter Höhe können von der Groppe nicht mehr überwunden werden. Die Ergebnisse liefern erste Hinweise, dass es durch die Fragmentierung der Gewässer zu einer genetischen Isolierung von Groppenbeständen gekommen ist. So konnten zum Beispiel im Gutach-Wutach-System unterschiedliche Genotypen identifiziert werden, obwohl die untersuchten Populationen lediglich zwischen 9 und 14 Kilometer auseinanderlagen. Die Ergebnisse unterstützen aber auch europaweite Untersuchungen, die zeigen, dass bereits voreiszeitlich eine Ausbreitung

der Groppe in Zentraleuropa stattgefunden hat. Dies könnte auch erklären, warum bestimmte Groppenlinien und Genotypen unabhängig von den heutigen Einzugsgebieten in bestimmten Teilen Baden-Württembergs zu finden sind. Aufgrund der extrem hohen genetischen Vielfalt können bei der Groppe keine Bewirtschaftungseinheiten gebildet werden. Für Besatzmaßnahmen sollten ausschließlich lokale Bestände verwendet werden. Gleichzeitig zeigen die Ergebnisse, dass die fehlende Durchgängigkeit der Gewässer auf schwimmschwache Fischarten signifikante Auswirkungen haben kann. Um eine genetische Verarmung zu verhindern, muss die Zahl der Querbauwerke drastisch reduziert werden.

Die mitochondriale DNA wurde auch dazu verwendet, um zu überprüfen, welche Groppenarten in Baden-Württemberg verbreitet sind. Der Großteil der untersuchten Groppen konnte eindeutig der Art *C. gobio* zugeordnet werden. Einzelne Tiere aus der Murg (bei Rotenfels) wiesen jedoch Haplotypen der Schelde- und Rheingruppe auf. Ursprünglich war die Scheldegruppe unter anderem im Flusssystem der Schelde verbreitet (Nordseezufluss, fließt zum Großteil durch Belgien), während die Rheingruppe in den Zuflüssen des Mittel- und Niederrheins vorkommt [33]. Die beiden Arten sind jedoch bekannt dafür, Hybriden auszubilden, welche sich im Gegensatz zu den Elternarten im Hauptstrom des Rheins etablieren können und sich so stromaufwärts ausbreiten. Das Vorkommen von Haplotypen beider Arten in der Murg lässt auf eine hybride Population schließen, da die mitochondriale DNA nur mütterlicherseits weitervererbt wird.

Unklar ist, ob sich die Rheingruppe und Scheldegruppe beziehungsweise deren Hybride auch in anderen Zuflüssen des baden-württembergischen Rheins oder im Hauptstrom selber etablieren konnten. Aufgrund von fehlender Probestellen im aktuellen Projekt im Rheinstrom selber und in anderen Rheinzufüssen können erst weitere Untersuchungen den Ausbreitungshintergrund dieser Arten klären. Erschwerend kommt dabei jedoch hinzu, dass die Groppe im Rhein kaum noch zu finden ist, da diese durch invasive Grundeln heute nahezu vollständig verdrängt wurde. Die Informationen zur Verbreitung der heimischen und gebietsfremden Arten werden aber in Zukunft von hoher Relevanz sein, da im Rahmen der FFH-Richtlinie die einzelnen Groppenarten zukünftig getrennt berücksichtigt werden sollen [37]. Gerade für die Rheingruppe gibt es Angaben aus der Literatur, dass diese im Rheingebiet bis Mannheim und im Mainezugsgebiet natürlich verbreitet ist. Aktuelle Nachweise gibt es jedoch nicht, wodurch keine Aussagen über ihre Verbreitung in Baden-Württemberg getroffen werden können.



Karausche (*Carassius carassius*)

Verbreitung und Gefährdung

Die Karausche ist eine Fischart stehender und strömungsarmer, meist sehr pflanzenreicher Gewässer. Sie zeichnet sich durch eine außerordentlich starke Widerstandsfähigkeit gegenüber widrigen Umweltbedingungen aus, die unter den heimischen Fischarten nur noch vom Schlammpeitzger übertroffen wird. Karauschen können daher dauerhafte und individuenreiche Populationen in Gewässern bilden, die für die meisten anderen Fischarten lebensfeindlich sind. Sie finden sich beispielsweise – mitunter als einzige Fischart – in schlecht mit Sauerstoff versorgten, organisch belasteten Tümpeln und Gräben oder in sehr flachen Kleingewässern, die sich im Sommer stark erwärmen und im Winter fast komplett durchfrieren. In Mooren dringt sie in Torfstiche, Restseen und dauerhafte Wasseransammlungen vor, die für andere Fischarten bereits zu sauer sind. Karauschen können selbst ein nahezu vollständiges Austrocknen ihrer Lebensräume eine Zeit lang überdauern, indem sie sich in den Schlamm eingraben und in eine Trockenstarre verfallen, bei der alle Stoffwechselvor-

gänge auf das lebensnotwendige Minimum reduziert werden.

Trotz ihrer Anpassungsfähigkeit ist die Karausche eine ziemlich konkurrenzschwache Art. Sobald sie ihren Lebensraum mit anderen Fischarten teilen muss, bildet sie oftmals nur schwache Bestände aus oder wird mitunter sogar ganz zurückgedrängt. Sie ist somit ein Spezialist bestimmter Extremlebensräume, die kaum von Konkurrenzfischarten besiedelt werden. Hierzu gehören beispielsweise nur temporär an das fließende Hauptgerinne angebundene Auetümpel, Gewässer in Feucht- und Sumpfgebieten sowie nährstoffreiche kleine Stillgewässer. Karauschen sind relativ langlebig und können unter optimalen Bedingungen auf mehr als 50 Zentimeter heranwachsen. Gerade in den von ihr besiedelten Extremlebensräumen bleiben sie aber üblicherweise kleiner als 20 Zentimeter (Abb 2.24).

Die Karausche ist heute eine in ihrer Verbreitung stark zurückgedrängte Fischart mit sehr zerstreuten Vorkommen und überwiegend isolierten Populationen. Sie war in der jüngeren Vergangenheit nur noch in wenigen

AUF EINEN BLICK **Karausche**

Genetische Vielfalt

- Es wurden zwei heimische Linien identifiziert.
- Vermischung der beiden genetischen Linien in einer einzelnen Population (Königssee).
- Fehlende genetische Informationen für das Neckargebiet.
- Zu geringe Datentiefe für das Bodenseegebiet für abschließende Einschätzung.

Phänotypische Vielfalt

- Klare Unterschiede in der Gestalt, sowohl zwischen den Populationen als auch den beiden identifizierten genetischen Linien.
- Rückschluss von der Gestalt auf die Genetik bei der Art grundsätzlich möglich.

Handlungsempfehlungen

- Bildung von zwei Bewirtschaftungseinheiten für die Karausche.
- Aufgrund der prekären Situation sind jedoch alle bekannten Bestände ausnahmslos schützenswert.
- Für zukünftige Besatzmaßnahmen Etablierung von Spenderpopulationen beider genetischen Linien.
- Karauschen unbekannter genetischer Herkunft vor Besatz genetisch charakterisieren.
- Weitere Untersuchungen im Neckar- und Bodenseegebiet, um die landesweite Verbreitung der beiden Karauschenlinien abschließend einschätzen zu können.

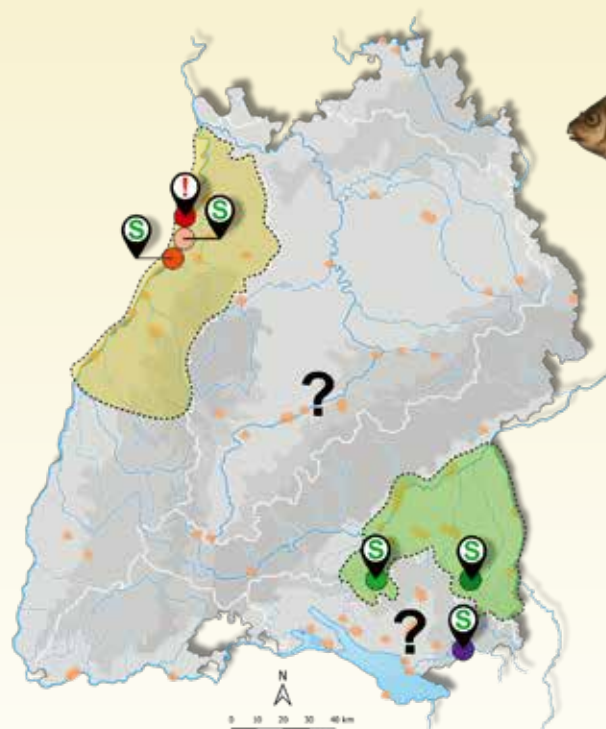
Übersichtskarte

Bewirtschaftungseinheiten

- Einheit 1
- Einheit 2

Besondere Populationen

- Königssee
- Schleienlöcher-Süd
- Kaisersklamm
- Stuttgarter See
- Tiefenbach
- Schwarzensee



Symbole

- Untersuchte Populationen
- ! Genetische Vermischung nachgewiesen, nicht als Spenderpopulation verwenden
- S Besonders schützenswert aufgrund des isolierten Vorkommens der Art
- ? Keine genetischen Informationen
- A Verbreitung Äsche

der für sie typischen Lebensräume nachweisbar. Beispielsweise deutlich wird dies durch die Ergebnisse einer 2012 bis 2014 durchgeführten Untersuchung in 77 Gewässern der nordbadischen Oberrheinaue, die explizit der Überprüfung der dortigen Karauschenbestände diente. Hierbei wurde die Art nur noch in drei Stillgewässern vorgefunden, wobei nur in einem Fall eine adäquate Besiedlungsdichte festgestellt wurde [38].

Außerhalb der Oberrheinebene sind Karauschenvorkommen insbesondere für mehrere Altwässer der Donau, einige Kleinseen und Weiher im Raum Bodensee/Oberschwaben sowie Gräben und Torfstiche verschiedener Feucht- und Mooregebiete belegt. Vereinzelt wurde die Art auch in abgelegenen Kleingewässern wiederentdeckt, die im Zuge der Erstellung von FFH-Managementplänen auf Vorkommen geschützter Amphibienarten überprüft wurden. Wenngleich die aktuellen Verbreitungsdaten zur Karausche wesentlich belastbarer sind als noch im Vergleichszeitraum 1985 bis 2000 [39], ist nach wie vor davon auszugehen, dass ein relevanter Teil der gemeldeten Nachweise – insbesondere aus Fließgewässern – auf Verwechslungen mit dem Giebel beruht. Die betreffenden Meldungen wurden dennoch in die Verbrei-

tungskarte integriert, sofern sie aufgrund ergänzender Kenntnisse nicht als hinreichend unwahrscheinlich verifizierbar waren.

Die Bestände der Karausche wurden in Baden-Württemberg aufgrund von Verwechslungen mit dem Giebel lange Zeit deutlich überschätzt. Die inzwischen unstrittig starke Bedrohung und damit einhergehende Seltenheit der Art ist auf verschiedene, teils jahrzehntelange Entwicklungen und ungünstige Einflüsse zurückzuführen. Am gravierendsten wirkten sich sicherlich die starken Lebensraumverluste aus, die bereits im Zuge des naturfernen Fließgewässerausbaus in den Flussauen und durch die Entwässerung vieler Feuchtgebiete eintraten. Als konkurrenzschwacher Spezialist konnte die Karausche diese Defizite kaum durch die Besiedlung neu entstandener Baggerseen und anderer künstlicher Stillgewässer kompensieren.

Die verbliebenen Lebensräume der Karausche unterlagen im Laufe der Zeit zusätzlichen Beeinträchtigungen. So leistet die stark eingeschränkte Überschwemmungsdynamik in den Flussauen einer Verlandung dortiger Kleingewässer Vorschub, die damit auf Dauer als Wohngewässer ebenfalls verloren gehen. In Verbindung mit verlängerten Wasseraustauschzeiten



Abb. 2.24: Obwohl die Karausche einerseits sehr widerstandsfähig gegen ungünstige Lebensumstände ist, ist sie andererseits sehr konkurrenzschwach. Daher bildet sie in Baden-Württemberg aufgrund von Lebensraumverlust und der Ausbreitung gebietsfremder Arten nur noch isoliert in wenigen Stillgewässern und Gräben größere Bestände aus. In den verbliebenen Verbreitungsgebieten macht insbesondere der Giebel der Karausche den Lebensraum streitig.

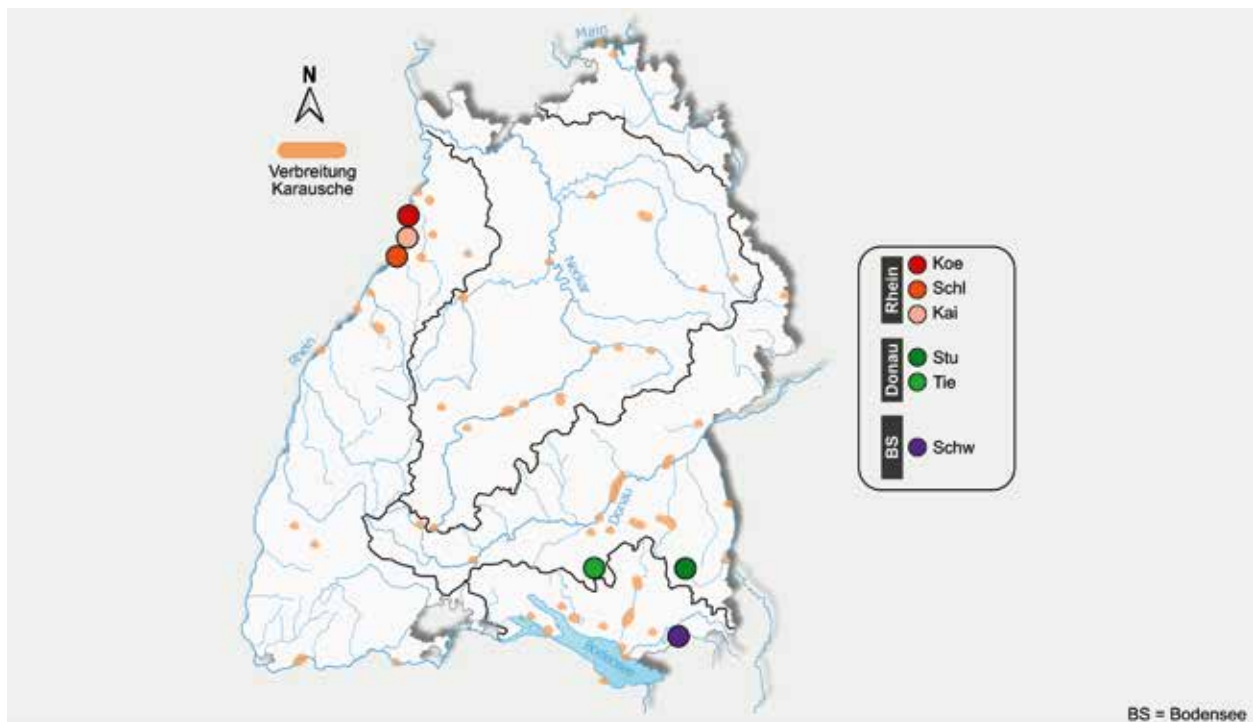


Abb. 2.25: Übersicht zur Lage der einzelnen Probenahmestellen für die genetische und morphometrische Analyse der Karausche. Jede beprobte Population ist durch ihre Farbe und die Abkürzung des Gewässernamens eindeutig identifizierbar. Details zu den beprobten Gewässerabschnitten finden sich in Tabelle 2.4.

Tab. 2.4: Übersicht zu den untersuchten Populationen der Karausche in Baden-Württemberg.

Einzugsgebiet	Gewässer	Abkürzung	n	Nassgewicht [g]	Totallänge [cm]
Rhein	Königssee	Koe	14	37,5 ± 24,0	12,0 ± 2,3
	Kaisersklamm	Kai	1	11,0	8,2
	Schleienlöcher-Süd	Schl	25	29,2 ± 16,5	11,8 ± 2,0
Donau	Stuttgarter See	Stu	15	14,8 ± 37,1	7,5 ± 3,5
	Tiefenbach	Tie	25	6,5 ± 5,8	6,5 ± 2,0
Bodensee	Schwarzensee	Schw	25	36,7 ± 70,1	8,9 ± 5,8

können sich insbesondere auch organische Einträge sehr viel ungünstiger auswirken, da diese beispielsweise auf längere Sicht zur Rückentwicklung von Wasserpflanzenbeständen und damit von Laichsubstraten für die Karausche führen können. Ähnlich negative Folgen haben großflächige Entkrautungs- und Unterhaltungsmaßnahmen in Gräben, die mancherorts noch immer zur Routine gehören.

Besonders für das Oberrheingebiet wird als weiterer möglicher Gefährdungsfaktor die Einschleppung invasiver gebietsfremder Fisch- und Flusskrebsarten diskutiert. Der Giebel steht ebenfalls im Verdacht, in besonderem Maße als Lebensraumkonkurrent der Karausche in Erscheinung zu treten und verstärkt zu ihrem Rückgang beizutragen. Aktuell wird der Status des Giebels in Deutschland grundsätzlich in Frage gestellt

[40]. Aufgrund fehlender historischer Nachweise und der großen Ähnlichkeit zur Karausche geht man heute davon aus, dass es sich beim Giebel um eine nicht heimische Art handelt (siehe Kapitel 5.5 für mehr Details). In diesem Kontext stellen die zahlreichen Angebote angeblicher Karauschen als Köder- und Besatzfische ein nicht zu unterschätzendes Problem dar, da sich gezeigt hat, dass es sich dabei in Wahrheit nicht selten um Giebel handelt.

Genetische Analysen sind ideal, um eine Verwechslung beider Arten zu vermeiden. Zudem ist bisher unklar, wie sich die genetische Vielfalt bei der Karausche darstellt und ob zum Beispiel verschiedene genetische Karauschenlinien in Baden-Württemberg verbreitet sind. Die gewonnenen Informationen können auch für zukünftige Wiederbesiedlungsmaßnahmen genutzt werden.

Probenahme

In einer ersten Befischungsrunde wurden an elf Probestellen Befischungen auf Karauschen durchgeführt. An sechs Probestellen wurden keine oder nur einzelne Individuen gefangen. Bei den Probestellen handelte es sich vor allem um Gewässer im Rheingebiet bei Karlsruhe, die im Rahmen von Wiederbesiedlungsmaßnahmen in den Jahren 2013 bis 2015 mit Karauschen besetzt wurden. In einer weiteren Befischungsrunde wurden fünf der ursprünglich untersuchten Gewässer erneut befischt. Lediglich in dem Gewässer Kaisersklamm konnten sechs weitere Individuen gefangen werden, welche in der aktuellen Analyse jedoch nicht berücksichtigt wurden. In der zweiten Befischungsrunde wurde zusätzliche eine zwölfte Probestelle befischt, leider ohne Erfolg. Insgesamt wurden sieben Populationen genetisch und morphometrisch analysiert (Abb. 2.25). Das Gewicht der untersuchten Karauschen reichte von 1,0 bis 274,0 Gramm, die Totallängen lagen zwischen 3,7 und 23,5 Zentimetern (Tabelle 2.4).

Genetische und phänotypische Vielfalt

Die genetische Analyse der mitochondrialen DNA konnte einen klaren Unterschied zwischen Populationen aus dem Rheineinzugsgebiet und Populationen aus dem Bodensee- beziehungsweise Donaueinzugsgebiet feststellen (Abb. 2.26). Es ist daher davon auszugehen, dass Baden-Württemberg von einer mitteleuropäischen Linie und einer Linie, die ausschließlich im Donaueinzugsgebiet verbreitet ist, besiedelt wurde. Eine Ausnahme bildete der Königsee, in dem Individuen beider Linien nachgewiesen werden konnten. Die Analyse der nuklearen Mikrosatelliten-Marker ergab zudem, dass mehrere Genotypen im Donau- und Bodenseeeinzugsgebiet vorhanden waren. Überraschenderweise wiesen die Populationen aus dem Schwarzensee und dem Tiefenbach den gleichen Genotyp auf, obwohl sie aus unterschiedlichen Einzugsgebieten stammen (Abb. 2.27). Auch die Populationen aus den Schleienlöchern-Süd und dem Königsee wiesen jeweils einen eigenen Genotyp auf.

Des Weiteren konnten die genetischen Unterschiede auch in Bezug auf die Gestalt der Karauschen bestätigt werden. Dabei unterschieden sich Fische aus dem Königsee im Vergleich zu Individuen aus den Schleienlöchern-Süd teilweise deutlich in ihrer Rücken- und Bauchwölbung. Aber auch zwischen den Populationen aus der Oberrheinebene und den Populationen aus dem Donau- beziehungsweise Bodenseeeinzugsgebiet fanden sich Unterschiede in der Gestalt. So wiesen Karauschen aus der Oberrheinebene einen deutlich kleineren Kopf und eine stärkere Bauchwölbung auf. Karauschen sind bekannt dafür, dass sie ihre Gestalt stark an unterschied-

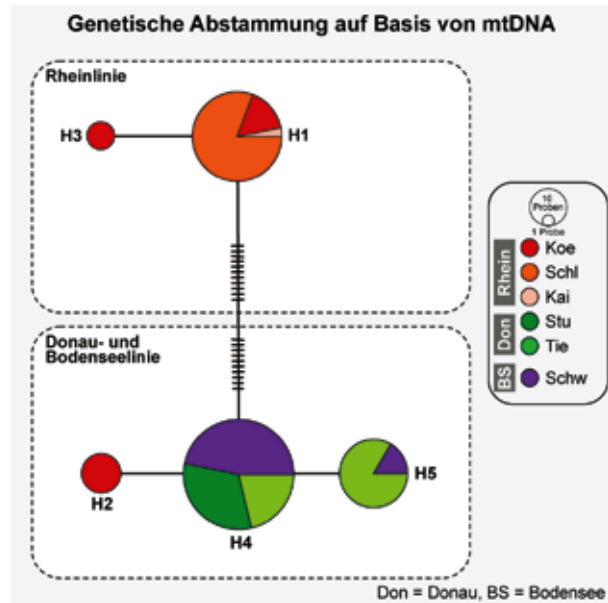


Abb. 2.26: Darstellung eines Haplotypen-Netzwerks für die Karausche, welches alle untersuchten Individuen einzelnen identifizierten Haplotypen zuordnet. Die Analyse basiert auf den untersuchten mitochondrialen DNA (mtDNA). Unterschiede in der genetischen Sequenz zwischen den Haplotypen sind durch Querstriche auf den Verbindungslinien angedeutet. Die Herkunft der zugeordneten Individuen ist farblich markiert.

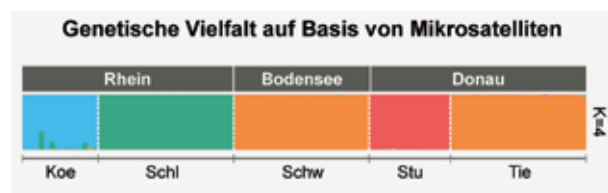


Abb. 2.27: Darstellung der Ergebnisse der *Structure* Analyse für die Karausche mit der berechneten optimalen Anzahl genetischer Gruppen (K). Die Analyse basiert auf den untersuchten nuklearen Mikrosatelliten. Die Zugehörigkeit der untersuchten Individuen zu den einzelnen genetischen Gruppen ist farblich markiert.

liche Umweltfaktoren anpassen können. In Anwesenheit von Raubfischen können sie zum Beispiel eine deutlich hochrückigere Körpferform aufweisen [41]. Bilden Karauschen hingegen hohe Bestandsdichten aus, so ist ihre Gestalt häufig gedrungen und sie werden nicht so groß. Die Diskriminanzanalyse zeigte deutlich voneinander isolierte Gruppen bei Berücksichtigung der genetischen Unterschiede (Abb. 2.28). Dies könnte sich in der Praxis als vorteilhaft erweisen und schnelle Umsetzungsergebnisse herbeiführen, da die morphometrische Analyse aufwendige genetische Analysen zur Bestimmung der Karauschenlinien ersetzen könnte und so Zeit und Geld einspart. Ob jedoch auch hybride Bestände beider genetischer Linien damit verlässlich nachgewiesen werden können, müsste zumindest in einer weiteren Studie überprüft werden.

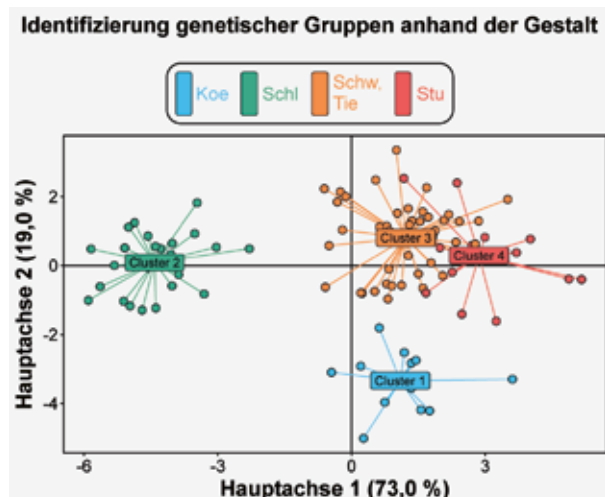


Abb. 2.28: Darstellung der Ergebnisse der Diskriminanzanalyse für die Karausche in einem Streudiagramm. Die Analyse basiert auf den morphometrischen Messungen. Die Gruppenzuordnung wurde von den zuvor etablierten genetischen Gruppen (das heißt: Cluster) abgeleitet. Die einzelnen Gruppen sind unterschiedlich gefärbt. Der Prozentsatz der Variation, der von jeder Achse des Diagramms ausgeht, ist in Klammern mit der Achsenbeschriftung dargestellt.

Bewirtschaftungseinheiten und Handlungsempfehlungen

Auf Basis der genetischen und morphometrischen Ergebnisse ist bei der Karausche eine Einteilung der untersuchten Bestände in zwei Bewirtschaftungseinheiten möglich. Die erste Einheit umfasst Populationen aus der Oberrheinebene. Für Wiederbesiedlungsmaßnahmen in diesem Gebiet sollten Individuen aus dem Königssee vorerst nicht genutzt werden. Hier scheint es durch Besatz in der Vergangenheit zu einer Vermischung beider genetischer Linien gekommen zu sein. Die zweite Einheit bilden Populationen aus dem Donaeinzugsgebiet. Die aktuellen Ergebnisse deuten darauf hin, dass auch im Bodenseegebiet die Donaulinie vorkommt. Hier sollten aber weitere Populationen genetisch untersucht werden, um sicherzustellen, dass diese Linie im gesamten Gebiet verbreitet ist und nicht nur in einzelnen Gewässern vorkommt. Aufgrund des inselartigen Vorkommens der Karausche in Baden-Württemberg sollten auch kleine Populationen aus anderen Landesteilen mit in die Untersuchung aufgenommen werden. Grundsätzlich sollten Gewässerbewirtschafter bei Besatzmaßnahmen aufgrund der großen genetischen Unterschiede zwischen den beiden genetischen Karauschenlinien zukünftig unbedingt die vorliegenden Bewirtschaftungseinheiten berücksichtigen.

Da die Karausche zu den Arten gehört, welche in Baden-Württemberg vom Aussterben bedroht sind, sind alle noch vorhandenen Bestände unbedingt schützens-

wert. Eigentlich ist die Karausche gegenüber widrigen Umweltbedingungen wie beispielsweise niedrigen Sauerstoffkonzentrationen und erhöhten Wassertemperaturen tolerant und kann daher auch in strömungsarmen, verkrauteten Altarmen oder verlandeten Stillgewässern vorkommen. Jedoch erweist sich die Karausche gegenüber anderen Fischarten als sehr konkurrenzschwach. Vor allem der Giebel, der ein ähnliches Habitat bevorzugt, steht im Verdacht, die Karausche zunehmend zu verdrängen. Aber auch wasserbauliche Eingriffe und der damit verbundene Lebensraumverlust führten zu einem starken Rückgang der Art.

In den vergangenen Jahren gab es daher bereits große Anstrengungen, die verbliebenen Karauschenbestände in Baden-Württemberg zu ermitteln und Karauschen wieder in geeigneten Habitaten anzusiedeln. Die aktuellen Ergebnisse zeigen jedoch, dass die Wiederbesiedlungsmaßnahmen in der Oberrheinebene nicht erfolgreich waren (Abb. 2.29). Lediglich im Kaisersklamm bei Eggenstein-Leopoldshafen konnten noch einzelne Karauschen nachgewiesen werden. In den restlichen Gewässern scheint sich die Karausche nicht etabliert zu haben oder die Bestände sind in der Zwischenzeit wieder erloschen. Von drei weiteren Gewässern in diesem Gebiet, die 2017 noch stabile Karauschenbestände aufwiesen (Pfaffenloch, Schleienlöcher-Süd, Königssee), konnten nur noch in dem Schleienlöcher-Süd und dem Königssee Karauschen gefangen werden. Die Situation scheint sich somit für die bedrohte Art dramatisch weiter zu verschärfen. Aus diesem Grund sollten für beide Bewirtschaftungseinheiten dringend Spenderpopulationen für zukünftige Wiederbesiedlungsmaßnahmen etabliert werden. Es wird jedoch empfohlen, dass bisher nicht untersuchte Karauschenbestände vor ihrer Nutzung als Spenderpopulation genetisch charakterisiert werden.



Abb. 2.29: Der Altarm „Kaisersklamm“ des Rheins bei Eggenstein ist mit seiner dichten Ufer- und Wasservegetation ideal für Karauschen geeignet.



Karpfen (*Cyprinus carpio*)

Verbreitung und Gefährdung

Der Karpfen ist Namensgeber für die größte zoologische Familie der deutschen Süßwasserfischfauna – die Karpfenartigen (*Cyprinidae*) – und gehört damit bereits nominell zu den bekannteren Fischarten. Vielen ist der Karpfen überdies aus der klassischen Teichwirtschaft geläufig, wo er seit Jahrhunderten kultiviert wird. Sein Aussehen hat sich dabei durch Zucht erheblich verändert (Abb. 2.30). So hat die ursprüngliche Wildform ein langgestrecktes Erscheinungsbild und einen vollständig beschuppten Körper. Die verschiedenen Zuchtformen weisen dagegen einen gedrungeneren bis deutlich hochrückigen Körperbau auf. Ihr Schuppenkleid kann vollständig erhalten (Schuppenkarpfen), mehr oder weniger verkümmert (Zeil- und Spiegelkarpfen) oder komplett zurückgebildet sein (Nackt- oder Lederkarpfen). Mit den Koi-Karpfen wurden in den letzten Jahrzehnten zudem japanische Zierformen des Karpfens sehr populär und vermehrt in Europa verbreitet.

Karpfen können stehende und langsam bis moderat abfließende Gewässer unterschiedlicher Art besiedeln,

wobei die Wildform gegenüber den Zuchtformen als strömungstoleranter gilt. Am wohlsten fühlen sich Karpfen in warmen, weichgründigen Stillgewässern mit gut ausgeprägten Wasserpflanzenbeständen. In für sie günstigen Lebensräumen können Karpfen Rekordlängen von über einem Meter und ein Gewicht von 35 Kilogramm und mehr erreichen. Die Fortpflanzung erfolgt im Mai und Juni und erfordert wie auch die Entwicklung der Eier und Brut anhaltende Mindestwassertemperaturen von etwa 18 °C. In vielen Fällen pflanzen sich die betroffenen Karpfenbestände deshalb nur unregelmäßig fort, wenn die Witterung für sie außergewöhnlich günstig ist. Mancherorts entstehen funktionsfähige Karpfenlaichplätze auch auf temporär überschwemmten Flächen, die sich im Frühjahr rascher als das eigentliche Gewässerlitoral erwärmen können. Es gibt aber auch immer wieder Berichte, dass Wildformen des Karpfens bereits bei niedrigeren Temperaturen von etwa 16 °C bereits erfolgreich ablaichen können.

Der Karpfen gilt als Fischart asiatischen Ursprungs, der lediglich im Donausystem nach Mitteleuropa vordrang. Tatsächlich wurden in frühgeschichtlichen Ausgrabungs-

AUF EINEN BLICK **Karpfen**

Genetische Vielfalt

- Erste Hinweise, dass Wild- und Zuchtformen des Karpfens genetisch unterscheidbar sind.
- Verwendete Marker zeigen jedoch auch geographische Einflüsse.
- Große genetische Vielfalt bei der Analyse der mitochondrialen DNA.
- Unklar, welche genetischen Linien im Land heimisch sind.

Phänotypische Vielfalt

- Teilweise klare Unterschiede in Gestalt und Farbe zwischen den identifizierten genetischen Gruppen.
- Hinweise auf größenabhängige (allometrische) Effekte.
- Sowohl Umwelt als auch Herkunft mit Einfluss auf die Gestalt.

Handlungsempfehlungen

- Weitere Untersuchungen in der Fläche sind zur Entkopplung genetischer, geographischer und morphologischer Unterschiede nötig.
- Verwendung weiterführender Sequenzierungsmethoden (*next generation sequencing*) zur Beantwortung der Fragestellung sinnvoll.
- Aufnahme weiterer Karpfenpopulationen (vor allem aus dem Donaueinzugsgebiet) in die Analyse.
- Der Karpfen gilt als Gewinner der Klimakrise, daher wird empfohlen, den Karpfenbesatz mit Zuchtformen aus Vorsorge grundsätzlich einzustellen.
- Konkrete Handlungsempfehlungen zum Schutz des Wildkarpfens erst nach Abschluss weiterer Untersuchungen möglich.

Übersichtskarte

Bewirtschaftungseinheiten

Keine Bildung von Bewirtschaftungseinheiten möglich. Weitere Untersuchungen müssen abgewartet werden.

Besondere Populationen

- Zu- und Nebenflüsse des Rheins
- Albkanal
- Klärwerkskanal bei Karlsruhe
- Bodensee-Obersee
- Bodensee-Untersee



Symbole

- Untersuchte Populationen
- Hinweis auf gebietsfremde genetische Linien
- ? Keine genetischen Informationen
- Verbreitung Karpfen



stätten des baden-württembergischen Donaugebiets bei Sigmaringen und Ehingen fossile Knochen von Karpfen nachgewiesen, die auf ein Alter von 5.000 bis 10.000 Jahren datieren. Weitere Funde wurden in bronzezeitlichen Federseesiedlungen gemacht, sie sind etwa 3.500 Jahre alt [42]. Auch in jungpleistozänen Schichten des Neckargebietes wurden fossile Fischfragmente entdeckt, die als Karpfenreste gedeutet wurden [43]. Diese Zuordnung ist aber mit so großen Unsicherheiten behaftet, dass sie als Indiz für jungpleistozäne Karpfenvorkommen im Neckargebiet nicht aussagekräftig sind [44].

In Baden-Württemberg ist der Karpfen somit lediglich im Einzugsgebiet der Donau autochthon. Spätestens mit dem Aufblühen der Teichwirtschaft im Mittelalter – und damit bereits vor rund 1000 Jahren – wurde er aber im gesamten Landesgebiet angesiedelt. In den Quellen des 19. Jahrhunderts werden sowohl nicht reproduzierende als auch selbsterhaltende Karpfenvorkommen für verschiedene Landesgewässer beschrieben. Nach Klunzinger (1881) [45] umfassten die Vorkommen „hochrückige und gestrecktere Formen, ohne dass man sie artlich oder auch nur örtlich scharf trennen“ konnte. In Altarmen und Altwässern vieler baden-württembergischer Flüsse pflanzten sich Karpfen offenbar häufiger erfolgreich fort, wodurch sie zerstreut auch in den jeweiligen Hauptgerinnen anzutreffen waren [45, 46]. Reproduktive Karpfenbestände waren ferner im Bodensee, Federsee und in anderen Stillgewässern Oberschwabens bekannt. Vielerorts wurden darüber hinaus Karpfen in Teichen gezüchtet.

Im Laufe des 20. Jahrhunderts verlor der Karpfen in Baden-Württemberg als Speisefisch in der Teichwirtschaft fast vollständig an Bedeutung. Gleichzeitig entwickelte er sich jedoch zu einer der beliebtesten Zielarten der Angelfischerei. Die heutige Verbreitung des Karpfens ist daher stark durch Besatzmaßnahmen geprägt. Vor allem in Stillgewässern, aber auch in aufgestauten und strömungsreduzierten Fließgewässerabschnitten werden angelfischereilich genutzte Karpfenbestände zahlreich gehegt. Aufgrund fehlender oder unzureichender Fortpflanzungsmöglichkeiten sind viele von ihnen nur durch fortlaufenden Nachbesatz aufrechtzuerhalten. Mehrheitlich gehören die heute im Freiland nachgewiesenen Karpfen den diversen Zuchtformen an. Besonders in Fließgewässern finden sich hin und wieder aber auch langgestreckte Individuen, die optisch dem ursprünglichen Wildkarpfen entsprechen oder sehr nahekommen. Ob diese Tiere Nachkommen von Restbeständen der Wildform sind oder ob es sich um besetzte Fische handelt, die diesem Typus entsprechen, ist derzeit unklar. Aufgrund der in jüngerer Vergangenheit stetig gestiegenen Beliebtheit von Koi-Karpfen nehmen auch deren Freilandnachweise tendenziell zu. Noch treten

Koi-Karpfen in freien Gewässern aber nach wie vor eher selten und als Einzeltiere auf.

Die selbständige Aufrechterhaltung der baden-württembergischen Karpfenbestände hing lange Zeit entscheidend von den Reproduktionsbedingungen in seinen Lebensräumen ab. In den meisten baden-württembergischen Gewässern ließen die klimatischen und hydromorphologischen Gegebenheiten nur eine eingeschränkte Fortpflanzung zu. Überdies gingen in den Flussauen zahlreiche Karpfenlaichhabitate durch die ab der zweiten Hälfte des 19. Jahrhunderts forcierten Flussregulierungen verloren. Karpfen werden jedoch sehr wahrscheinlich von dem fortschreitenden Klimawandel profitieren, da immer mehr Gewässer im Frühjahr Temperaturen aufweisen, die für die Vermehrung des Karpfens benötigt werden. Die Karpfenbestände des



Abb. 2.30: In vielen Gewässern können immer wieder zwei Formen des Karpfens angetroffen werden. Die Wildform wird anhand einer Reihe äußerlicher Merkmalen von der Zuchtform unterschieden. Dabei wird als entscheidendes Merkmal in der Regel die Ausprägung der Rücken- und Bauchwölbung genannt.

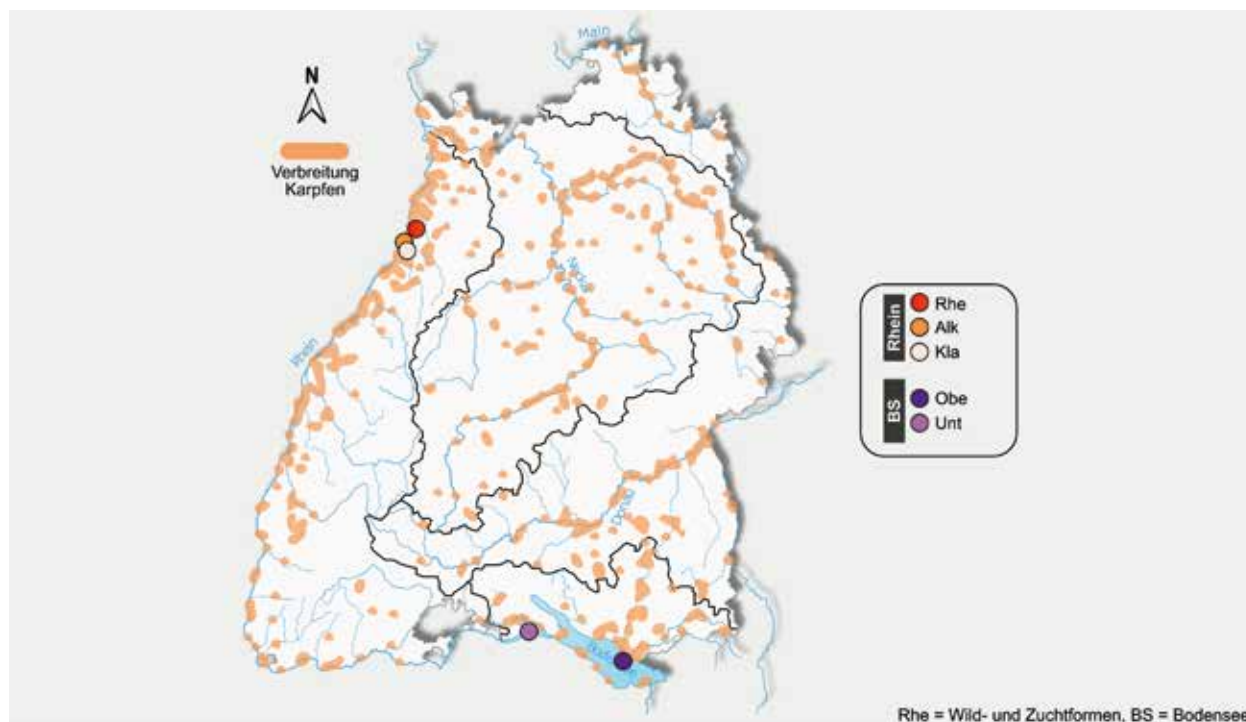


Abb. 2.31: Übersicht zur Lage der einzelnen Probenahmestellen für die genetische und morphometrische Analyse des Karpfens. Jede beprobte Population ist durch ihre Farbe und die Abkürzung des Gewässernamens eindeutig identifizierbar. Details zu den beprobten Gewässerabschnitten finden sich in Tabelle 2.5.

Tab. 2.5: Übersicht zu den untersuchten Populationen des Karpfens in Baden-Württemberg.

Einzugsgebiet	Gewässer	Abkürzung	n	Nassgewicht [g]	Totallänge [cm]
Rhein	verschiedene Stellen des Rheins bzw. in Zu- und Nebenflüssen	Wild	27	6321,2 ± 2689,7	73,0 ± 14,5
		Zucht	14	6880,7 ± 2428,6	73,2 ± 13,0
		Hybrid	4	6596,5 ± 4396,1	69,9 ± 21,2
	Albkanaal	Alk	22	-	-
	KW-Hauptsammelkanal	Kla	13	-	-
Bodensee	Bodensee Obersee	Ober	25	150,7 ± 84,5	20,3 ± 3,6
	Bodensee Untersee	Unter	25	95,5 ± 67,5	18,2 ± 4,2

Bodensees können als Beispiel dienen: Nach dem warmen Frühjahr 2003 wurden extrem hohe Karpfendichten festgestellt, ebenso nach den sehr warmen Jahren 2016 und 2018.

Trotz dieser Voraussetzungen ist der Karpfen in seinem Fortbestand aktuell nicht gefährdet. Existenz und Verbreitung der Zuchtformen gehen seit jeher ausschließlich auf menschliche Aktivitäten zurück. Die autochthone Wildpopulation blieb von den über Jahrhunderte erfolgten Besatzmaßnahmen höchstwahrscheinlich nicht unbeeinflusst und dürfte zumindest teilweise in ihrer originären genetischen Ausprägung bereits vor langer Zeit verloren gegangen sein. Wissenschaftliche Untersuchungen zur genetischen Vielfalt, der Verbreitung unter-

schiedlicher Formen und systematische phänotypische Charakterisierungen gibt es bisher nicht. Eine systematische Untersuchung hierzu kann klären, ob erstens beim Karpfen ein Zusammenhang zwischen etablierten genetischen Markern und dem Phänotyp hergestellt werden kann, zweitens auch heute noch Wildformen des Karpfens in Baden-Württemberg identifiziert werden können oder es drittens durch den regelmäßigen Besatz zu einer genetischen Überformung der Wildform gekommen ist.

Probenahme

Insgesamt wurden fünf Karpfenpopulationen bei der genetischen und morphometrischen Analyse berücksichtigt (Abb. 2.31). Eine Gruppe umfasste verschiedene Stellen

des Rheins bei Karlsruhe beziehungsweise dessen Zu- und Nebenflüsse, die nicht einzeln aufgeführt sind. Bei dieser Gruppe lag der Fokus auf der Unterscheidung möglicher Wild- und Zuchtformen des Karpfens. An zwei weiteren Stellen des Rheingebiets wurden Jungkarpfen beprobt. Die dritte Gruppe umfasste Karpfen aus dem Obersee und dem Untersee des Bodensees. Das Gewicht der untersuchten Karpfen reichte von 24,9 bis 12.938 Gramm, die Totallängen lagen zwischen 12,4 und 99,6 Zentimetern (Tabelle 2.5). Für die Karpfen aus dem Klärwerkskanal Karlsruhe und dem Albkanal lagen keine Informationen zum Gewicht und zur Länge vor. Des Weiteren waren für diese beiden Populationen keine Aufnahmen für eine morphometrische Analyse verfügbar. Einzelne Spiegelkarpfen, die im Rahmen der durchgeführten Befischungen gefangen wurden, wurden unabhängig von der Probestelle als eigenständige Gruppe berücksichtigt.

Genetische und phänotypische Vielfalt

Um sich der Fragestellung zu nähern, ob es in Baden-Württemberg Wild- und Zuchtformen des Karpfens gibt, wurden in einem ersten Schritt die 45 Karpfen aus dem Rhein und seinen Zuflüssen bei Karlsruhe genetisch und morphometrisch charakterisiert. Die Analyse der nuklearen Mikrosatelliten-Marker konnte zwei Genotypen identifizieren, wobei die meisten Individuen klar einem Genotyp zugeordnet werden konnten und nur einzelne Fische eine Mischung aus beiden Genotypen aufwiesen (Daten nicht gezeigt). Basierend auf einer ersten Charakterisierung der Gestalt wurden die beiden Genotypen einer möglichen Wildform und einer Zuchtform zugeordnet. Individuen, welche beide Genotypen aufwiesen, wurden als hybride Form klassifiziert.

Im nächsten Schritt fand die genetische Analyse aller beprobten Populationen statt. Bei der Analyse der mitochondrialen DNA konnte eine überraschend hohe genetische Vielfalt festgestellt werden (Abb. 2.32). In allen Populationen konnte ein dominanter Haplotyp nachgewiesen werden. Auch Spiegelkarpfen wiesen diesen Haplotypen auf. Einzelne Individuen wiesen jedoch Haplotypen auf, die sich durch fünf Substitutionen oder mehr von diesem dominanten Haplotypen unterschieden. Erste Vergleiche mit verfügbaren Sequenzen aus der Literatur zeigten, dass diese jeweils zu 99 Prozent japanischen, chinesischen und usbekischen Karpfenlinien ähnelten (Daten nicht gezeigt).

Bei der Analyse der nuklearen Mikrosatelliten-Marker war die genetische Vielfalt deutlich geringer (Abb. 2.33). Während die zuvor gebildeten Populationen der Wild- und Zuchtformen aus dem Rheingebiet wieder jeweils einen Genotyp ausbildeten, wiesen die Jungfische aus den Rheinkanälen eine Mischung aus den

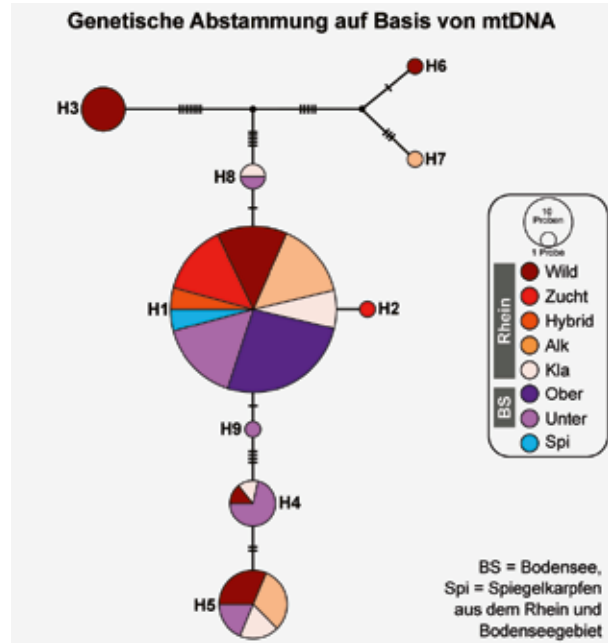


Abb. 2.32: Darstellung eines Haplotypen-Netzwerks für den Karpfen, welches alle untersuchten Individuen einzelnen identifizierten Haplotypen zuordnet. Die Analyse basiert auf den untersuchten mitochondrialen DNA (mtDNA). Unterschiede in der genetischen Sequenz zwischen den Haplotypen sind durch Querstriche auf den Verbindungslinien angedeutet. Die Herkunft der zugeordneten Individuen ist farblich markiert.

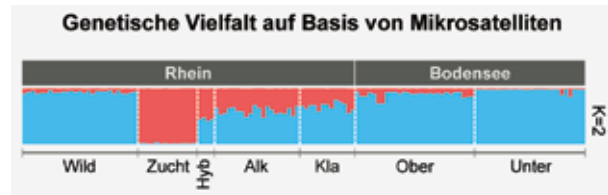


Abb. 2.33: Darstellung der Ergebnisse der *Structure* Analyse für den Karpfen mit der berechneten optimalen Anzahl genetischer Gruppen (K). Die Analyse basiert auf den untersuchten nuklearen Mikrosatelliten. Die Zugehörigkeit der untersuchten Individuen zu den einzelnen genetischen Gruppen ist farblich markiert.

beiden Genotypen. Die Populationen aus dem Bodensee zeigten den gleichen Genotypen wie die Wildform. Bei einer Erhöhung der Clusteranzahl in der *Structure*-Analyse bildeten jedoch die Karpfen aus dem Bodensee einen eigenen Genotyp aus. Es ist daher zu befürchten, dass Mikrosatelliten nicht dazu geeignet sind, verschiedene Karpfenformen zu identifizieren, da sie vor allem genetische Unterschiede aufgrund von geographischen Distanzen aufzuzeigen scheinen.

Die auf Basis von Landmarks durchgeführte morphometrische Analyse fand mit Hilfe der Diskriminanzanalyse bei einem Teil der Karpfen passend zum Genotypen Unterschiede in der Gestalt (Abb. 2.34). Die Population aus dem Bodensee bildete jedoch eine klar isolierte Gruppe. Zudem kam es zu einer teilweisen

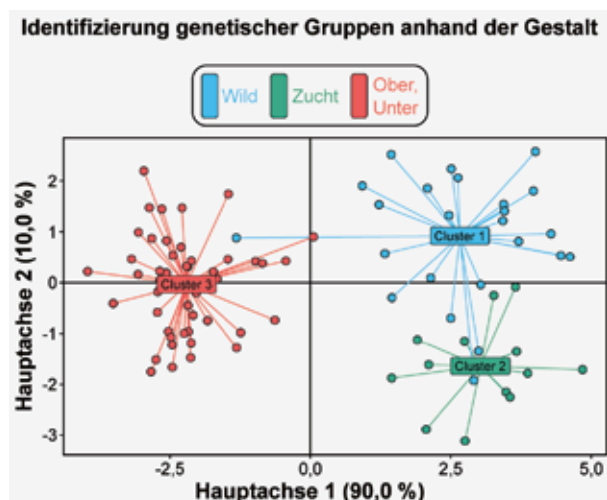


Abb. 2.34: Darstellung der Ergebnisse der Diskriminanzanalyse für den Karpfen in einem Streudiagramm. Die Analyse basiert auf den morphometrischen Messungen. Die Gruppenzuordnung wurde von den zuvor etablierten genetischen Gruppen (das heißt: Cluster) abgeleitet. Die einzelnen Gruppen sind unterschiedlich gefärbt. Der Prozentsatz der Variation, der von jeder Achse des Diagramms ausgeht, ist in Klammern mit der Achsenbeschriftung dargestellt.

Überlappung bei den Wild- und Zuchtpopulationen. Erschwert wurde die morphometrische Analyse durch allometrische Effekte.

Bewirtschaftungseinheiten und Handlungsempfehlungen

Trotz seiner großen Relevanz in der Angelfischerei ist über die genetische Vielfalt des Karpfens in Baden-Württemberg nur sehr wenig bekannt. Fest steht, dass er in großen Teilen des Landes ursprünglich nicht heimisch war und sich erst mit Etablierung der Teichwirtschaft im Mittelalter großflächig ausbreitete. Die aktuellen Ergebnisse liefern erste vielversprechende Hinweise, dass ein Zusammenhang zwischen Genetik und Phänotyp bei einzelnen Populationen des Karpfens in Baden-Württemberg besteht, man also anhand der Form den Typus Wild- oder Zuchtkarpfen unterscheiden kann. Zudem zeigt die überraschend große genetische Vielfalt auf Basis von mitochondrialen Markern eine potentielle Möglichkeit, Wildformen des Karpfens zu identifizieren.

Es wird vermutet, dass die Vorfahren des heute bekannten Karpfens ursprünglich in den Einzugsgebieten des Schwarzen Meers, der Kaspischen See und des Aralsees vorkamen und sich nach Osten bis nach Sibirien und China und nach Westen bis zur Donau ausgebreitet haben. Daher ist nicht auszuschließen, dass das Vorkommen dieser Linien in Baden-Württemberg ein Indiz für eine immer noch verbreitete Wildform des Karpfens ist. Es ist aber auch durchaus denkbar, dass es sich bei den nachgewiesenen genetischen Linien um Zierformen fernöstlicher

Karpfen handelt, die in den Gewässern ausgesetzt wurden und sich mit bereits vorhandenen Karpfenbeständen vermischten. Weitergehende Untersuchungen sind hier jedoch zwingend notwendig. Nur wenn es möglich ist, die Wildform genetisch klar zu definieren, kann abschließend bewertet werden, ob die Gestalt ein geeignetes Mittel zur Identifizierung der Form ist.

Mit Hilfe der im aktuellen Projekt verwendeten genetischen Marker konnte nicht abschließend geklärt werden, ob es zu einer genetischen Überformung des Karpfens gekommen ist. Die geringe genetische Vielfalt bei den nuklearen Mikrosatelliten-Markern lässt dies aber befürchten. Auch hierzu sind weitere vertiefende Untersuchungen nötig, wobei neue Sequenziermethoden (*next generation sequencing*) die Anzahl an untersuchten Loci des Genoms drastisch erhöhen könnte. Mit solchen Daten wäre es dann grundsätzlich möglich, geographische Unterschiede und die genetische Basis für die Unterschiede in der Gestalt zu entkoppeln. Zudem sollten weitere Karpfenpopulationen, vor allem aus dem Donaueinzugsgebiet, mit in die Analyse aufgenommen werden. Bisher ist nämlich unklar, wie sich die Wildform des Karpfens genetisch überhaupt darstellt. Der Karpfen gilt im Donaueinzugsgebiet als natürlich verbreitet und es ist nicht auszuschließen, dass noch Vorkommen von ursprünglichen, von Besatz unbeeinflussten Karpfenpopulation im Donaueinzugsgebiet existieren. Eine weiterführende Untersuchung läuft bereits.

Die morphometrische Analyse hat zudem gezeigt, dass wahrscheinlich nicht nur die Genetik Einfluss auf die Gestalt hat. Umweltbedingte Veränderungen und allometrische Effekte, welche bei Cypriniden häufig ausgeprägt sind, überdecken wohl zumindest teilweise Unterschiede zwischen den Karpfenformen. Solche Effekte können bei Fischen nur selten herausgerechnet werden, da sie sich meist in unterschiedlicher Weise in den einzelnen Populationen manifestieren.

Da der Karpfen als Gewinner der Klimakrise gilt, muss grundsätzlich der regelmäßige Besatz von Zuchtformen des Karpfens überdacht werden. Bestände, die sich bisher nur durch Besatzmaßnahmen erhalten konnten, können sich durch die steigenden Temperaturen im Frühjahr möglicherweise zukünftig dort durch eigenständige Reproduktion etablieren. Dies wiederum würde bedeuten, dass sich gebietsfremde genetische Linien in den heimischen Gewässern unkontrolliert ausbreiten und so Wildformen des Karpfens verdrängen. Es wird daher empfohlen, den Karpfenbesatz mit Zuchtformen des Karpfens landesweit einzustellen. Konkrete Handlungsempfehlungen zum Schutz einer möglichen Wildform des Karpfens können erst erarbeitet werden, wenn die aktuell laufenden Untersuchungen abgeschlossen sind.



Nase (*Chondrostoma nasus*)

Verbreitung und Gefährdung

Ihren Namen verdankt die Nase ihrer charakteristischen, wulstartig verdickten Schnauzenspitze. Sie ist ein Bewohner strömungsgeprägter, strukturreicher Flüsse und großer Bäche, die über kiesige bis steinige Sohlsubstrate und eine gute Wasserqualität verfügen. Ihre Lebensräume überschneiden sich stark mit der Barbe, wobei die Nase etwas weiter als diese in die Oberläufe vordringt. Münden ihre Fließgewässerlebensräume in Seen, kann die Nase hin und wieder auch in diesen zu finden sein, sofern dort die Wasserqualität ihren Ansprüchen genügt und kiesige oder steinige Grundsubstrate vorhanden sind. Nasen erreichen Körperlängen von bis zu 60 Zentimetern und zeigen für Fische dieser Größe ein ungewöhnlich stark ausgeprägtes Schwarmverhalten. In gut entwickelten Beständen finden sie sich mitunter zu riesigen Schwärmen zusammen, die sich über die gesamte Gewässerbreite erstrecken können. In ihrer Ernährung ist die Nase auf das Abweiden des auf Steinen und anderen Hartsubstraten befindlichen Algenaufwuchses spezialisiert, den sie mit ihren scharfkantigen, stark ver-

hornten Lippen von der Unterlage abschabt (Abb 2.35). Dabei hinterlassen die Fische charakteristische Fraßspuren, die an gut einsehbaren Stellen mitunter auch vom Gewässerufer aus zu erkennen sind. Grundbewohnende Wirbellose, Detritus und Teile von höheren Wasserpflanzen runden das Nahrungsspektrum ab.

Die weite Verbreitung der Nase, ihre große Häufigkeit und ihre riesigen Schwärme gehören in Baden-Württemberg seit langem der Vergangenheit an. Ihr Vorkommen ist heute im Wesentlichen auf wenige größere Fließgewässer beschränkt: den Rhein, den Main mit Tauber, den Neckar mit Kocher und Jagst sowie die Donau. Im nördlichen Oberrhein kann allerdings seit wenigen Jahren eine deutliche Zunahme an Nasen registriert werden: Hier gehört die Nase zu den Arten, die an den großen Zählstationen in Iffezheim und Gamsheim am häufigsten registriert werden. Seit 2014 wurden in Iffezheim beispielsweise jährlich zwischen 4.000 und 19.000 Individuen gezählt (bei Gesamtzahlen von 40.000 bis 50.000 Tieren). In vielen anderen Flüssen ist die Besiedlung dagegen eher dünn und lückenhaft.

AUF EINEN BLICK Nase

Genetische Vielfalt

- ▶ Hohe genetische Vielfalt innerhalb der Populationen, geringe Vielfalt zwischen den Populationen.
- ▶ Einzigartige Genotypen lediglich im Donau- und Bodenseegebiet.
- ▶ Hinweise, dass die Art durch Besatz geprägt ist.
- ▶ Nachweis gebietsfremder Nasenlinien in einzelnen Populationen.

Phänotypische Vielfalt

- ▶ Keine klaren Unterschiede in Gestalt und Farbe zwischen den Populationen.
- ▶ Starke größenabhängige (allometrische) Effekte bei der Art.
- ▶ Ein verlässlicher Rückschluss von Gestalt auf Genetik ist nicht möglich.

Handlungsempfehlungen

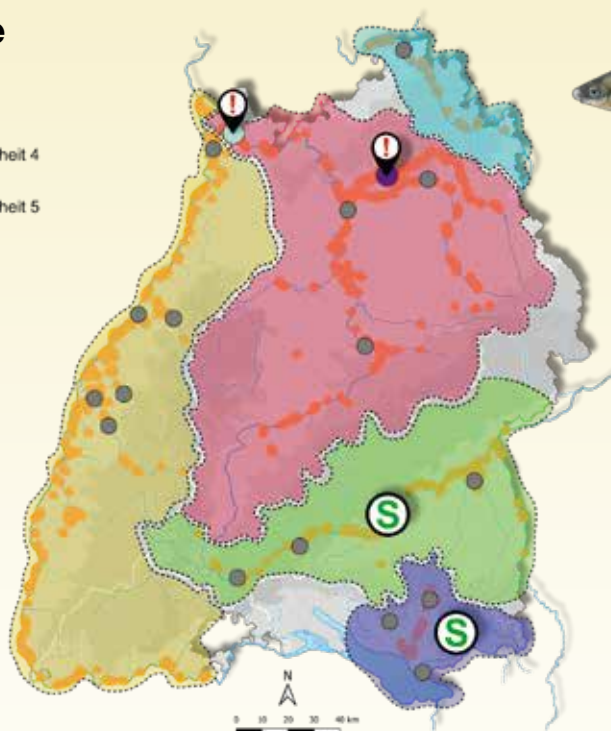
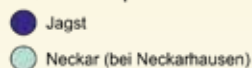
- ▶ Aufgrund großer genetischer Vielfalt innerhalb der Populationen Bildung der Bewirtschaftungseinheiten auf Basis der Einzugsgebiete.
- ▶ Die Populationen aus den Einzugsgebieten Donau und Bodensee sind aufgrund hoher genetischer Vielfalt besonders schützenswert.
- ▶ Bei der Neugründung von Populationen sollten nur Nasen aus demselben Einzugsgebiet genutzt werden.
- ▶ Kein Besatz mit gebietsfremden Linien (Jagst, Neckar bei Neckarhausen).
- ▶ Keine abschließende Bewertung der genetischen Beeinflussung heimischer Bestände durch Besatz möglich.

Übersichtskarte

Bewirtschaftungseinheiten



Besondere Populationen



Symbole

-  Untersuchte Populationen
-  Gebietsfremde Linien nachgewiesen, nicht als Spenderpopulation verwenden
-  Besonders schützenswert aufgrund einzigartiger genetischer Vielfalt
-  Keine genetischen Informationen
-  Verbreitung Nase

Um der negativen Entwicklung entgegenzusteuern, wurden in den letzten 15 Jahren verstärkt Besatzmaßnahmen mit Nachzuchten aus den entsprechenden Besatzgewässern sowie parallel strukturverbessernde Maßnahmen in den entsprechenden Flüssen durchgeführt. So war beispielsweise die Nase in der Schussen bis zur Jahrtausendwende lediglich durch einen Einzelfund belegt. Sie wurde nun nach mehreren erfolgten Besatz- und Revitalisierungsmaßnahmen dort mehrfach und in Einzelfällen auch in höherer Zahl nachgewiesen. Eine ähnliche Entwicklung war im Neckarabschnitt zwischen Stuttgart und Heilbronn, im Neckargebiet oberhalb von Tübingen und in der Tauber festzustellen. Es bleibt jedoch abzuwarten, ob dieser Trend dauerhaft anhält und im besten Fall sogar auf weitere Gewässerbereiche übergreift.

Die Bestandseinbrüche und Lebensraumverluste, welche die Nase im Laufe des 20. Jahrhunderts erfuhr und die sie bis heute nur unvollständig ausgleichen konnte, gehen auf die gleichen Ursachen zurück wie bei der Barbe: eine bis in die 1980er Jahre anhaltende allgemein hohe Schad- und Nährstoffbelastung der Fließgewässer sowie ein bis in unsere Zeit über weite Bereiche naturferner und teilweise undurchgängiger Ausbau vieler Lebensräume. Aufgrund der hohen Ansprüche, wel-

che die Nase in Bezug auf einige Umweltparameter an ihre Lebensräume stellt, waren die bei ihr im Zuge der umgesetzten Gewässerreinhaltemaßnahmen eingetretenen Bestandserholungen sehr viel schwächer ausgeprägt als bei der Barbe. Fachleute sehen einen biologischen „Flaschenhals“ insbesondere in der Fortpflanzungsbiologie der Nase, die durch die aktuell vorherrschenden Rahmenbedingungen häufig empfindlich gestört wird. Die benötigten stark überströmten Laichhabitate mit guter Substratqualität sind in den in ihrer natürlichen Dynamik stark reduzierten Fließgewässerlandschaften unserer Zeit Mangelware. In den Zuflüssen der Hauptlebensräume gelegene Laichgründe sind überdies zum großen Teil nicht oder nicht mehr ausreichend angebunden. Zudem unterliegen manche der noch vorhandenen Laichhabitate einer tendenziell zunehmenden Belastung durch Feinsedimenteinträge, wodurch ihre ökologische Funktionsfähigkeit herabgesetzt werden kann.

Die flächendeckenden genetischen und phänotypischen Untersuchungen bei der Nase können nun erstmals die genetische Ausstattung der Nasenbestände aufzeigen beziehungsweise einen Überblick ihrer landesweiten Differenzierung liefern. Zudem können die erhobenen Daten bereits laufende und zukünftige Besatzmaßnahmen unterstützen.



Abb. 2.35: Nasen weiden mit ihrem verständigen Maul und den verhornten „Lippen“ den Algenbewuchs vom steinigen Gewässergrund ab. Das macht sie zu wichtigen Landschaftspflegern unter Wasser, da sie eine Überwucherung des steinigen Substrats verhindern und so das Laichbett für viele Fischarten frei halten. Die Fraßspuren der Nase können teilweise im Gewässer mit dem bloßen Auge entdeckt werden.

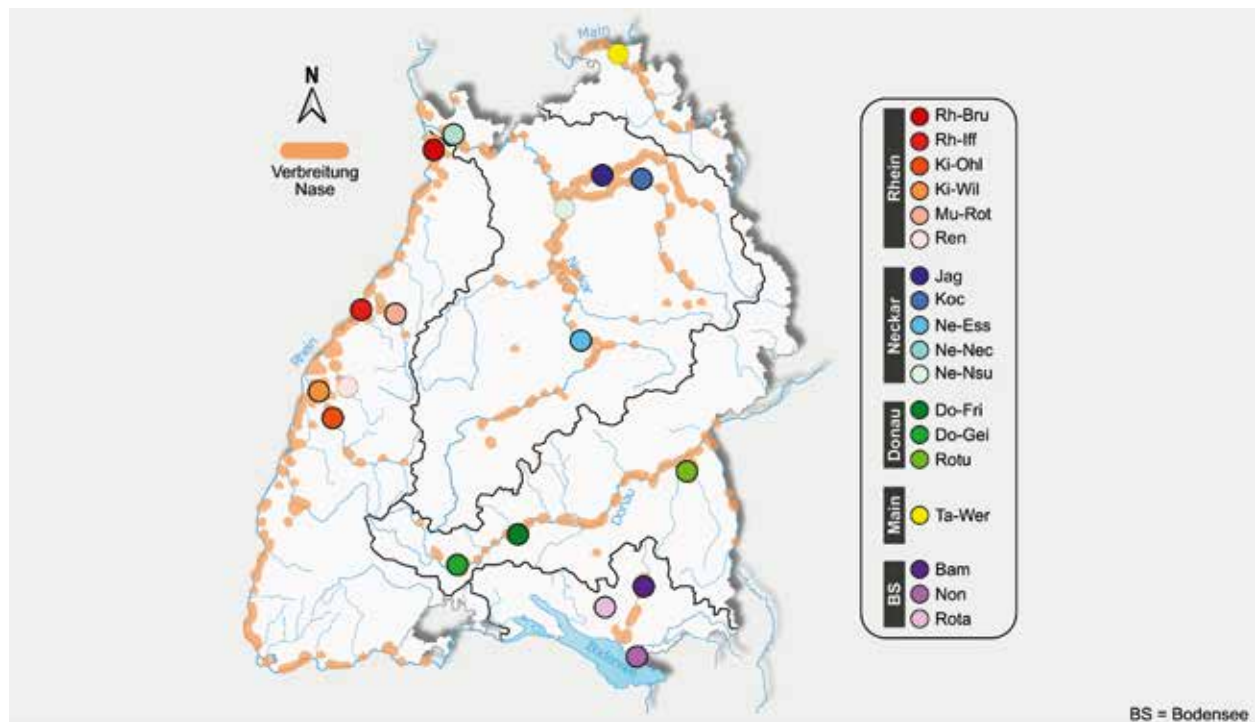


Abb. 2.36: Übersicht zur Lage der einzelnen Probenahmestellen für die genetische und morphometrische Analyse der Nase. Jede beprobte Population ist durch ihre Farbe und die Abkürzung des Gewässernamens eindeutig identifizierbar. Details zu den beprobten Gewässerabschnitten finden sich in Tabelle 2.6.

Tab. 2.6: Übersicht zu den untersuchten Populationen der Nase in Baden-Württemberg.

Einzugsgebiet	Gewässer	Abkürzung	n	Nassgewicht [g]	Totallänge [cm]
Rhein	Kinzig (bei Ohlsbach)	Ki-Ohl	4	6,5 ± 2,4	8,7 ± 1,2
	Kinzig (bei Willstätt)	Ki-Wil	19	180,7 ± 235,0	23,6 ± 9,7
	Murg	Mu-Rot	23	1363,8 ± 193,4	48,2 ± 2,0
	Rench	Ren	25	1021,0 ± 247,0	45,5 ± 7,6
	Rhein (bei Brühl)	Rh-Bru	25	149,8 ± 456,6	14,9 ± 10,6
	Rhein (bei Iffezheim)	Rh-Iff	23	888,5 ± 339,9	41,4 ± 3,7
Neckar	Jagst	Jag	25	351,6 ± 235,6	32,4 ± 6,1
	Kocher	Koc	21	773,3 ± 391,3	40,6 ± 6,5
	Neckar (bei Esslingen)	Ne-Ess	14	781,6 ± 454,4	41,0 ± 7,7
	Neckar (bei Neckarhausen)	Ne-Nec	9	41,3 ± 11,6	17,0 ± 1,5
	Neckar (bei Neckarsulm)	Ne-Nsu	13	463,4 ± 646,2	21,5 ± 21,5
Main	Tauber (bei Wertheim)	Ta-Wer	25	645,9 ± 345,3	38,2 ± 8,6
Donau	Donau (bei Fridingen)	Do-Fri	8	335,1 ± 298,9	29,3 ± 9,6
	Donau (bei Erbach)	Do-Erb	1	544,0	36,0
	Donau (Geisingen)	Do-Gei	6	443,7 ± 185,3	33,6 ± 4,6
	Rottum	Rotu	3	960,7 ± 40,1	45,3 ± 1,5
Bodensee	Bampfen	Bam	18	220,8 ± 486,6	23,8 ± 3,1
	Nonnenbach	Non	3	6,9 ± 2,4	10,3 ± 1,3
	Rotach	Rota	7	208,9 ± 299,0	24,8 ± 10,2

Probenahme

Insgesamt wurde an 26 Probestellen Befischungen auf Nasen durchgeführt. An acht Probestellen wurden keine oder nur einzelne Individuen gefangen (Abb. 2.36). Für die Analysen wurden Nasen aus der Donau bei Fridingen, Erbach und Geisingen zu einer Population zusammengefasst. Das Gewicht der untersuchten Nasen reichte von 1,9 bis 2.164,6 Gramm, die Totallängen lagen zwischen 4,4 und 54,0 Zentimetern (Tabelle 2.6).

Genetische und phänotypische Vielfalt

Die Analyse der mitochondrialen DNA zeigte eine überraschend hohe genetische Vielfalt innerhalb einiger Populationen (Abb. 2.38). So konnte vor allem bei Populationen aus dem Donau- und Bodenseeeinzugsgebiet eine Reihe von einzigartigen Haplotypen identifiziert werden. Im Rhein-, Main- und Neckareinzugsgebiet dominierten zwei Haplotypen. Aber auch hier wurden bei einzelnen Individuen einzigartige Haplotypen nachgewiesen. Zwei Individuen aus dem Neckar bei Neckarhausen und der Jagst wiesen Haplotypen auf, die sich durch elf Substitutionen oder mehr von den anderen Haplotypen unterschieden. Erste Vergleiche der molekularen Sequenzen lieferten Hinweise, dass es sich bei dem Individuum aus dem Neckar um einen Vertreter der nah verwandten Art *Chondrostoma angorese*, der sogenannten Schwarzmeer-Nase (heimisch in der Türkei) handelt (Daten nicht gezeigt). Der Haplotyp des Individuums aus der Jagst hingegen ähnelte zu über 99 Prozent einer Nasenlinie aus dem Nahen Osten.

Die genetische Analyse auf Basis der nuklearen Mikrosatelliten-Marker hingegen zeigte eine geringe genetische Diversität auf (Abb. 2.37). Klare Unterschiede konnten nur zwischen den Populationen aus dem Donau- beziehungsweise Bodenseeeinzugsgebiet und den anderen Einzugsgebieten festgestellt werden. Ausnahmen bildeten einzelne Populationen mit einer Mischung aus den beiden identifizierten Genotypen (Neckar bei Esslingen, Schussenzufluss Bampfen). Populationen, die eine hohe geographische Nähe aufwiesen (zum Beispiel die bereits angesprochenen Kocher und Jagst) zeigten keine größeren genetischen Unterschiede.

Auch bei der morphometrischen Analyse konnten nur geringe Unterschiede in der Gestalt zwischen den identifizierten Genotypen festgestellt werden. Die Diskriminanzanalyse zeigte eine hohe Überlappung der drei untersuchten Gruppen (Abb. 2.39). Zudem waren klare allometrische Effekte zu erkennen, welche einen signifikanten Effekt auf die Gestalt der Nasen hatte. Dieser konnte leider nicht korrigiert werden, da er sich zwischen den einzelnen Populationen unterschied.

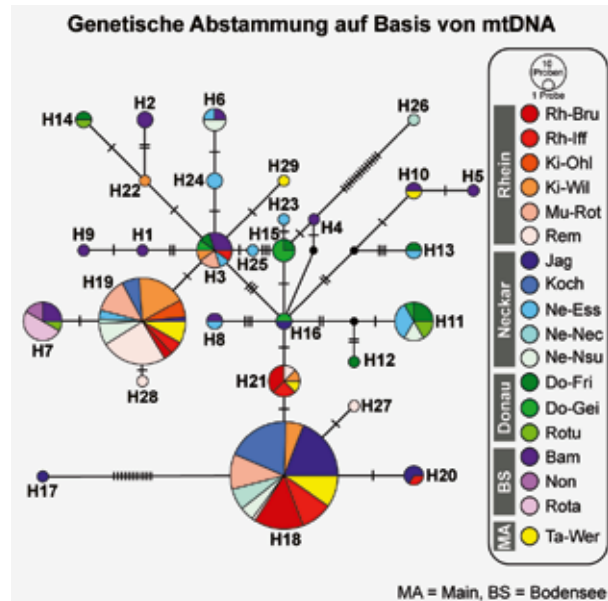


Abb. 2.37: Darstellung eines Haplotypen-Netzwerks für die Nase, welches alle untersuchten Individuen einzelnen identifizierten Haplotypen zuordnet. Die Analyse basiert auf den untersuchten mitochondrialen DNA (mtDNA). Unterschiede in der genetischen Sequenz zwischen den Haplotypen sind durch Querstriche auf den Verbindungslinien angedeutet. Die Herkunft der zugeordneten Individuen ist farblich markiert.

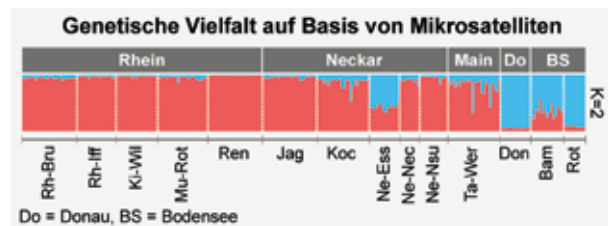


Abb. 2.38: Darstellung der Ergebnisse der Structure Analyse für die Nase mit der berechneten optimalen Anzahl genetischer Gruppen (K). Die Analyse basiert auf den untersuchten nuklearen Mikrosatelliten. Die Zugehörigkeit der untersuchten Individuen zu den einzelnen genetischen Gruppen ist farblich markiert.

Bewirtschaftungseinheiten und Handlungsempfehlungen

Die genetische Analyse konnte zwar für die Nase eine hohe Diversität innerhalb einiger Populationen aufzeigen, zwischen den Populationen waren jedoch nur geringe genetische Unterschiede erkennbar. Eine Ausnahme bildeten die Populationen aus dem Donau- und Bodenseeeinzugsgebiet, die sich klar von den restlichen Populationen aus anderen Einzugsgebieten unterschieden. Es kann daraus geschlossen werden, dass in diesen Gebieten ein hoher Genfluss zwischen den Populationen herrscht, zumindest solange die Wanderung der Fische nicht eingeschränkt ist. Dieser Rückschluss entspricht auch der Biologie der Nase, da sie Laichwanderungen

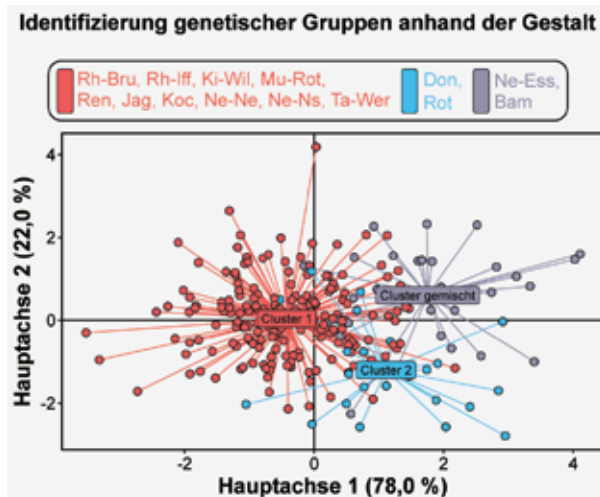


Abb. 2.39: Darstellung der Ergebnisse der Diskriminanzanalyse für die Nase in einem Streudiagramm. Die Analyse basiert auf den morphometrischen Messungen. Die Gruppenzuordnung wurde von den zuvor etablierten genetischen Gruppen (das heißt: Cluster) abgeleitet. Die einzelnen Gruppen sind unterschiedlich gefärbt. Der Prozentsatz der Variation, der von jeder Achse des Diagramms ausgeht, ist in Klammern mit der Achsenbeschriftung dargestellt.

von teilweise über 100 Kilometern unternimmt und somit weiträumig ein Genaustausch stattfinden kann. Eine Aufteilung in kleinräumige genetische Einheiten, im Gegensatz zu kaum wandernden Arten wie Groppe oder Strömer, war daher auch nicht zu erwarten.

Diese Erkenntnisse sollten bei zukünftigen Besatzmaßnahmen berücksichtigt werden, sie können das Bestandsmanagement der Art verbessern. Beispielsweise kann nun die Empfehlung ausgesprochen werden, bei Bedarf Nasen aus der Kocher für den Bestand stützende Maßnahmen in die Jagst umzusetzen. Ein ähnliches Ergebnis zeigte sich bei der Untersuchung von Schweizer Nasenbeständen. Auch hier konnte eine weiträumige Aufteilung in vier Managementeinheiten für die gesamte Schweiz erfolgen [47]. Allerdings scheint dort die Zahl an einzigartigen Haplotypen deutlich niedriger zu sein. Weitergehende phylogentische Studien mit feineren genetischen Marken sind nötig, um zu überprüfen, ob die in Baden-Württemberg vorkommenden Haplotypen einzigartig sind. Bis dahin sollten die Einzugsgebiete als Bewirtschaftungseinheiten für die Nase definiert werden. Gerade im Donau- und Bodenseeeinzugsgebiet wurde eine große genetische Vielfalt innerhalb der Populationen nachgewiesen. Zum Erhalt dieser Vielfalt wird ein erhöhter Schutz der Bestände in diesen Gebieten empfohlen.

Die Ergebnisse zeigen aber auch, dass der Besatz von Nasen mit unbekannter Herkunft möglicherweise zur Ausbreitung von nicht heimischen Arten oder Nasenli-

nien in Teilen von Baden-Württemberg geführt hat. Unklar ist jedoch, ob es sich bei den gebietsfremden Linien um rein lokale Vorkommen handelt und ob es zur Hybridisierung mit lokalen Nasenlinien gekommen ist, wie das schon in anderen Teilen Europas nachgewiesen wurde [48]. Nasen werden in Baden-Württemberg immer wieder im Rahmen von Bewirtschaftungsmaßnahmen besetzt. Dies führte wohl in einzelnen Gewässern zu einer Vermischung der beiden in Baden-Württemberg verbreiteten genetischen Linien. Zukünftig sollte daher bei Besatzmaßnahmen und der Neugründung von Populationen darauf geachtet werden, dass im Rhein-Main-Neckar-Gebiet keine Nasen aus dem Donau-Bodensee-Gebiet verwendet werden, wie auch umgekehrt. Voraussetzung für den Erfolg von Wiederbesiedlungsmaßnahmen ist jedoch, dass in den betreffenden Gewässern gute hydromorphologischen Bedingungen für die Art wiederhergestellt werden. Entscheidend sind hierbei die Entwicklung einer höheren Strukturvielfalt sowie die Initiierung eines ausreichend dynamischen Abflussgeschehens und Sohlsubstrattransports. Durch die Verbesserung der Fließgewässerdurchgängigkeit und Anbindung von Zuflüssen könnte zudem die Einwanderung in ehemalige Nasengewässer mit guten Siedlungsvoraussetzungen begünstigt werden. Darüber hinaus würde ein Schutz der Nasen vor übermäßiger Prädation durch Kormorane die Bestände nachhaltig stärken, dies insbesondere dann, wenn sich die Nasen auf Laichwanderung befinden oder auf ihren Laichplätzen aufhalten (Abb. 2.40).

Morphometrische Untersuchungen sind zur Identifizierung gebietsfremder Linien wohl nicht geeignet, da die aktuellen Ergebnisse nur geringe Gestaltunterschiede zwischen den genetischen Gruppen aufzeigen.



Abb. 2.40: Nasen unternehmen lange Wanderungen, um die passenden Laichplätze zu erreichen. Dort angekommen versammeln sie sich in großen Schwärmen und laichen innerhalb weniger Tage ab.



Quappe (*Lota lota*)

Verbreitung und Gefährdung

Die Quappe, in Baden-Württemberg regional auch als Aalrutte, Rutte, Trüsche und unter weiteren Namen bekannt, ist der einzige Vertreter der Dorschartigen, der das Süßwasser besiedelt. Sie ist sowohl in Fließgewässern als auch in sauerstoffreichen Seen mit guter Wasserqualität zu finden. In Fließgewässern dringt sie bis in die sommerkühlen Oberlaufregionen vor, besiedelt aber auch die übrigen Fließgewässerregionen bis in die Brackwasserbereiche, sofern diese ein gut strukturiertes Gewässerbett aufweisen. Seen mit sauerstoffreichem, kaltem Tiefenwasser beherbergen oftmals besonders starke Quappenbestände. In derartigen Gewässern können die Fische noch in großen, weitgehend lichtlosen Wassertiefen anzutreffen sein.

Quappen zeigen eine relativ starke Bindung an den Gewässergrund. Tagsüber bleiben sie in der Regel versteckt, um in der Dämmerung ihre nächtliche Streif- und Nahrungszüge zu beginnen. Dabei fressen sie vorwiegend grundbewohnende Wirbellose, hin und wieder auch Laich. Mit zunehmender Größe stellen Quappen vermehrt Fi-

schen nach, wobei ihnen in erster Linie Kleinfische in Grundnähe zum Opfer fallen. Sehr große Individuen ernähren sich nahezu ausschließlich räuberisch (Abb. 2.41). Im Gegensatz zu den meisten anderen Fischarten gilt die Quappe als ausgesprochen aktiv bei niedrigen Wassertemperaturen, während sie im Hochsommer nur wenig aktiv ist und das Fressen sogar ganz einstellen kann. In manch älteren Werken wurde sie deshalb auf völlig überzogene und ungerechtfertigte Weise als Laichräuber der winterlaichenden Salmoniden verteufelt.

Die Quappe ist selbst ein Winterlaicher und benötigt Wassertemperaturen von um die vier °C, um sich erfolgreich fortpflanzen zu können. Sie laicht von November bis März. Zum Ablaichen bilden die Fische Knäuel mit sich umeinander windenden Fischleibern. Die Eier werden üblicherweise ins flache grundnahe Freiwasser abgegeben. Sie enthalten eine Ölkugel, die für Auftrieb sorgt, weshalb die Eier mit der Strömung mitgetragen werden, bis sie in strömungsgeschützten Bereichen auf den Gewässergrund absinken. Quappenweibchen produzieren etwa 700.000 Eier pro Kilogramm Körpergewicht. Dies

AUF EINEN BLICK Quappe

Genetische Vielfalt

- Zwei heimische Linien im Land identifiziert.
- Westeuropäische Linie im Rheingebiet verbreitet, eurasische Linie im Donaugebiet.
- Vorkommen beider Linien im Bodensee aufgrund natürlicher historischer Besiedlung.
- Nachweise von mehreren einzigartigen Genotypen innerhalb der Linien.

Phänotypische Vielfalt

- Klare Unterschiede in Gestalt und Farbe, sowohl zwischen den Populationen als auch zwischen den beiden identifizierten Genotypen.
- Rückschluss von Gestalt auf Genetik grundsätzlich möglich.

Handlungsempfehlungen

- Es bilden sich drei Bewirtschaftungseinheiten für die Quappe.
- Keine genetischen Informationen für das mittlere Oberrhein- und Neckargebiet, einzigartige Vielfalt wird jedoch erwartet.
- Einflüsse durch vergangene Besatzmaßnahmen sind bei der Art wahrscheinlich.
- Aufgrund ihrer prekären Situation sind alle bekannten Quappenbestände unbedingt schützenswert.
- Lokale Zuchtbestände sollten vor der weiteren Nutzung genetisch charakterisiert werden.
- Für Besatz- und Wiederbesiedlungsmaßnahmen im Oberrhein- und Neckargebiet ausschließlich lokale Populationen verwenden.

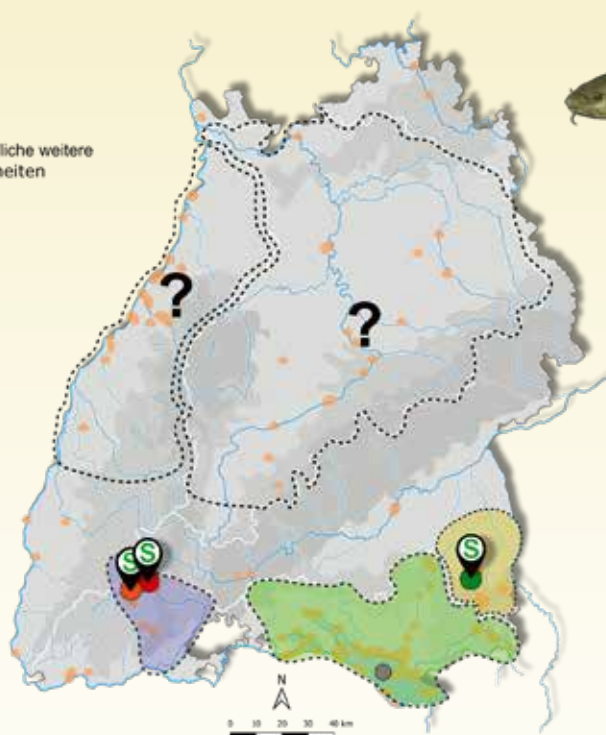
Übersichtskarte

Bewirtschaftungseinheiten

- Einheit 1
- Einheit 2
- Einheit 3
- mögliche weitere Einheiten

Besondere Populationen

- Gutach
- Seebach
- Mühlbach und Wurzacher Ach



Symbole

- Untersuchte Populationen
- Besonders schützenswert aufgrund einzigartiger genetischer Vielfalt
- ? Keine genetischen Informationen
- Verbreitung Quappe

ist die höchste Eizahl unter den heimischen Süßwasserfischen, was auf hohe Verlustraten im Laufe der Ei- und Jungfischentwicklung schließen lässt.

Die Larven schlüpfen abhängig von der Wassertemperatur nach fünf bis zehn Wochen. In ihrer ersten Lebensphase halten sie sich nach der Füllung ihrer Schwimmblase nahe der Wasseroberfläche auf und ernähren sich von Plankton. Nach der Umwandlung zum Jungfisch nimmt die Quappe eine bodenorientierte Lebensweise an und hält sich in Flachwasserzonen von Fließgewässern und Seen auf. Junge Quappen wachsen relativ schnell und erreichen oft noch im ersten Lebensjahr Körperlängen von etwa 10 Zentimetern. Erwachsene Tiere können in optimalen Lebensräumen auf Längen von über einem Meter heranwachsen. In Gewässern unserer Breiten haben jedoch Individuen, die größer als 50 Zentimeter sind, bereits Seltenheitswert.

In den Fließgewässern Baden-Württembergs sind die Quappenvorkommen landesweit auf sehr geringe Restbestände zusammengeschrunpft. Die Entwicklung der Art verlief dort bis in die jüngere Vergangenheit hinein negativ. So waren Quappen noch Ende der 1980er Jahre im gesamten Hoch- und Oberrhein, in den Unterläufen einiger Oberrheinzuflüsse sowie in Teilabschnitten der Donau und ihrer Zuflüsse regelmäßig nachzuweisen. Aus dem Main/Tauber-Gebiet und dem gesamten Neckarsystem

war die Art bereits damals weitgehend verschwunden. In allen genannten Gewässern waren Quappen in den letzten 20 Jahren nur noch vereinzelt nachweisbar. Während die Funde im Hoch- und Oberrhein noch auf natürliche Fortpflanzung in sehr begrenztem Umfang zurückgehen, sind sie in der Donau und im Neckargebiet sehr wahrscheinlich in erster Linie auf Wiederansiedlungsversuche mit Besatzfischen zurückzuführen. Im Bodensee blieb der Quappenbestand bis in unsere Zeit stabil. Auch in Teilabschnitten einiger Bodenseezuflüsse kommen Quappen noch in selbsterhaltenden Beständen vor. Damit stellt das Bodenseegebiet das letzte großräumig besiedelte Rückzugsareal der Quappe in Baden-Württemberg dar. Darüber hinaus existieren nach derzeitigem Kenntnisstand nur noch mindestens drei sehr kleinräumige Gebiete mit gut entwickelten, reproduzierenden Populationen: die Wasserläufe im Wurzacher Ried und dessen nahem Umland, der Titisee mit dessen Zu- und Ablauf sowie der Schluchsee.

Die Ursachen für die trotz einer flächendeckend deutlich verbesserten Wasserqualität in den Fließgewässern bis heute stark defizitären Bestände der Quappe sind nicht im Detail geklärt. Es wird jedoch vermutet, dass die Fortpflanzung der hierzu in der entsprechenden Jahreszeit auf dauerhaft niedrige Wassertemperaturen angewiesenen Quappe in den heutigen, von Wärmeein-



Abb. 2.41: Als einziger Vertreter der dorschartigen Fische im Süßwasser ernährt sich die Quappe mit zunehmender Größe immer häufiger von kleinen Fisch. Ansonsten stehen vor allem die Wirbellosen auf dem Speiseplan – hin und wieder auch von Fischlaich. Dabei fungiert die Leber der Quappe als wichtiger Energiespeicher. Hier hat eine Quappe sich einen jungen Barsch geschnappt.

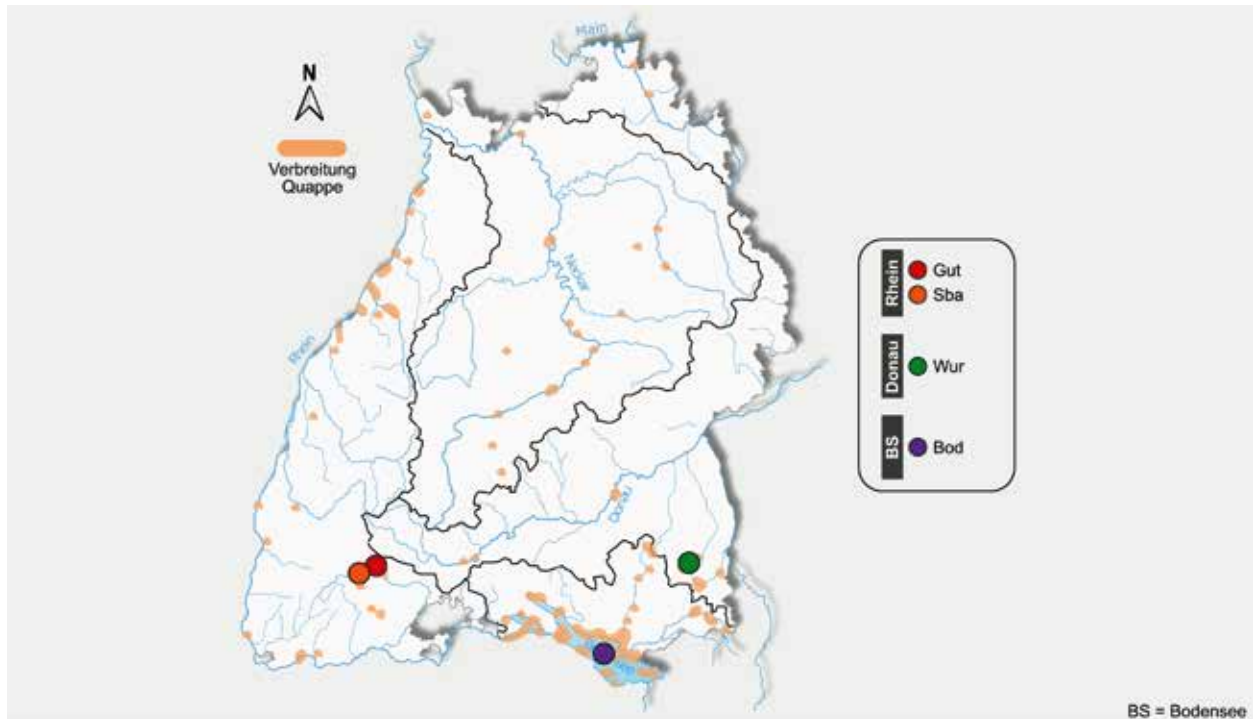


Abb. 2.42: Übersicht zur Lage der einzelnen Probenahmestellen für die genetische und morphometrische Analyse der Quappe. Jede beprobte Population ist durch ihre Farbe und die Abkürzung des Gewässernamens eindeutig identifizierbar. Details zu den beprobten Gewässerabschnitten finden sich in Tabelle 2.7.

Tab. 2.7: Übersicht zu den untersuchten Populationen der Quappe in Baden-Württemberg.

Einzugsgebiet	Gewässer	Abkürzung	n	Nassgewicht [g]	Totallänge [cm]
Rhein	Gutach (bei Scheuerhof)	Gut	10	155,2 ± 137,1	27,1 ± 8,2
	Gutach (bei Titisee-Neustadt)	Gut	2	-	37,0 ± 11,3
	Langenordnachmündung	Gut	10	153,4 ± 110,6	27,1 ± 6,4
	Seebach	Sba	18	-	31,3 ± 6,0
Donau	Mühlbach	Wur	17	117,6 ± 51,1	26,2 ± 3,4
	Wurzacher Ach	Wur	3	-	24,4 ± 4,2
Bodensee	Bodensee-Obersee	Bod	34	203,7 ± 166,4	30,6 ± 7,0
Zuchtbestand	Besatzfischzucht Möhnesee	Moe	20	-	-

leitungen und warmen Wintern beeinflussten Fließgewässern nur noch sehr eingeschränkt funktioniert. Bis in die 1970er Jahre trugen auch unangemessene Bewirtschaftungsmethoden zum Rückgang der Quappe bei. Fälschlicherweise galt sie lange als Bruträuber, der in Salmonidenbeständen großen Schaden anrichtet. Daher wurde sie mit allen verfügbaren fischereilichen Mitteln dezimiert und insbesondere aus manchen kleinen Fließgewässern nach und nach ganz verdrängt. Aussagen zur genetischen Bestandsstruktur sind daher für zukünftige Hilfsprogramme für die Quappe, zum Beispiel für Umsetzmaßnahmen oder Nachtzuchtprojekte, von hoher landesweiter Bedeutung.

Probenahme

Insgesamt wurden an acht Probestellen Befischungen auf Quappen durchgeführt, wobei sich drei davon an verschiedenen Stellen der Gutach und Langenordnachmündung bei Titisee-Neustadt befanden (Abb. 2.42). Diese wurden in der Analyse zu einer Population zusammengefasst. Auch Individuen aus dem Mühlbach und der Wurzacher Ach bei Bad Wurzach wurden zu einer Population zusammengefasst. Die Proben aus dem Bodensee stammen von verschiedenen Stellen des Bodensee-Obersees. Am Untersee wurde nur ein Individuum gefangen, das nicht in die Analyse aufgenommen wurde. Zusätzlich wurden 20 Quappen aus der Zuchtanlage

Möhnesee mit in die Untersuchung aufgenommen. Das Gewicht der untersuchten Quappen reichte von 25,1 bis 772,0 Gramm, die Totallängen lagen zwischen 16,1 und 48,5 Zentimetern (Tabelle 2.7). Es muss jedoch berücksichtigt werden, dass bei 32 von 94 untersuchten Individuen keine Angaben zum Gewicht vorlagen. Des Weiteren lagen bei 30 Individuen keine Informationen zur Totallänge vor.

Genetische und phänotypische Vielfalt

Durch die Analyse der mitochondrialen DNA konnten in Baden-Württemberg zwei genetische Linien identifiziert werden (Abb. 2.43). Die Populationen aus dem Seebach und der Gutach gehören zur westeuropäischen beziehungsweise atlantischen Linie von Quappen. Die Populationen aus dem Mühlbach und der Wurzacher Ach gruppieren sich zur eurasischen Linie, die vor allem im Einzugsgebiet der Donau verbreitet ist. Im Bodensee konnten beide Linien zufällig über den See verteilt nachgewiesen werden, womit bereits durchgeführte Studien bei dieser Art bestätigt werden konnten. Auffällig war zudem die hohe Zahl von einzigartigen Haplotypen in der Bodenseepopulation, welche bei anderen Populationen nicht nachgewiesen werden konnten (Abb. 2.43). Die Quappen aus der Zuchtanlage Möhnesee gruppieren sich in der Analyse der mtDNA interessanterweise größtenteils zur eurasischen Linie, wobei zwei Tiere der westeuropäischen Linie zugeordnet werden konnten.

Auch die genetische Analyse auf Basis der nuklearen Mikrosatelliten-Marker konnte klare Unterschiede zwischen den untersuchten Quappenpopulationen aufzeigen (Abb. 2.44). Dabei bildeten die Populationen aus der Gutach und dem Seebach einen eigenständigen Genotyp aus. Quappen aus dem Wurzacher Gebiet unterschieden sich zudem genetisch klar von den restlichen untersuchten Populationen. Die Bodenseepopulation und die Fische aus der Zuchtanlage Möhnesee bildeten jeweils einen weiteren Genotyp aus.

Die morphometrische Analyse gestaltete sich bei der Quappe schwierig, da die Art nur wenige eindeutig identifizierbare Merkmale besitzt. Aus diesem Grund konnte keine klassische Landmark-Analyse durchgeführt werden. Trotzdem konnten mit Hilfe des verwendeten TRUSS-Netzwerks Unterschiede in der Gestalt zwischen den im aktuellen Projekt untersuchten Populationen festgestellt werden. Unterschiede ergaben sich dabei vor allem bei der Position der Flossenansätze. Unter Berücksichtigung der genetischen Ergebnisse konnten die Quappen mit Hilfe der Diskriminanzanalyse in drei Gruppen eingeteilt werden: Eine Gruppe bildeten die Populationen aus der Gutach und dem Seebach, die beiden anderen Gruppen bildeten die Populationen

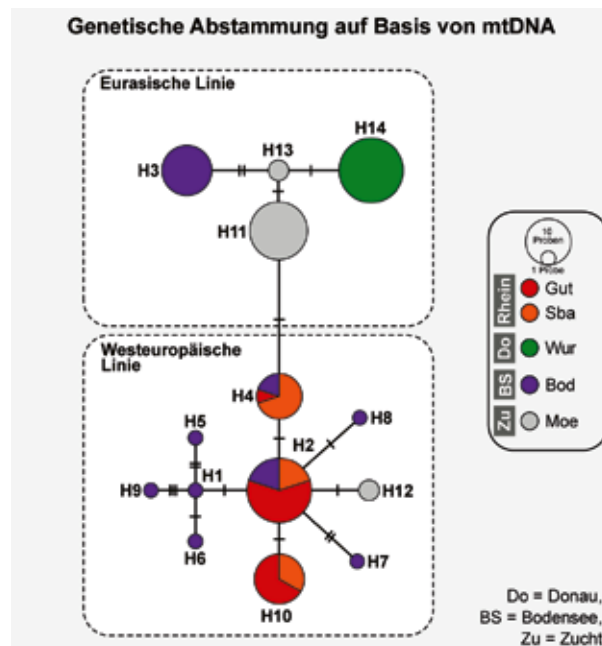


Abb. 2.43: Darstellung eines Haplotypen-Netzwerks für die Quappe, welches alle untersuchten Individuen einzelnen identifizierten Haplotypen zuordnet. Die Analyse basiert auf den untersuchten mitochondrialen DNA (mtDNA). Unterschiede in der genetischen Sequenz zwischen den Haplotypen sind durch Querstriche auf den Verbindungslinien angedeutet. Die Herkunft der zugeordneten Individuen ist farblich markiert.

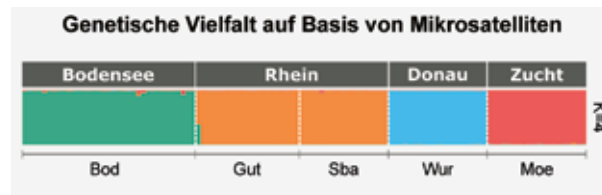


Abb. 2.44: Darstellung der Ergebnisse der *Structure* Analyse für die Quappe mit der berechneten optimalen Anzahl genetischer Gruppen (K). Die Analyse basiert auf den untersuchten nuklearen Mikrosatelliten. Die Zugehörigkeit der untersuchten Individuen zu den einzelnen genetischen Gruppen ist farblich markiert.

aus dem Bodensee und dem Wurzacher-Aach-Gebiet (Abb. 2.45). Damit scheint die morphometrische Analyse grundsätzlich ein geeignetes Mittel zu sein, um den Genotyp von bisher nicht genetisch charakterisierten Quappenbeständen effektiv zu ermitteln.

Bewirtschaftungseinheiten und Handlungsempfehlungen

In Baden-Württemberg konnten zwei in Europa weit verbreitete Quappenlinien nachgewiesen werden. Der Vergleich mit bereits aus der Literatur bekannten genetischen Sequenzen zeigte aber, dass einige der gefundenen Haplotypen einzigartig und daher besonders wertvoll für die genetische Vielfalt der Art sind. Auf Basis

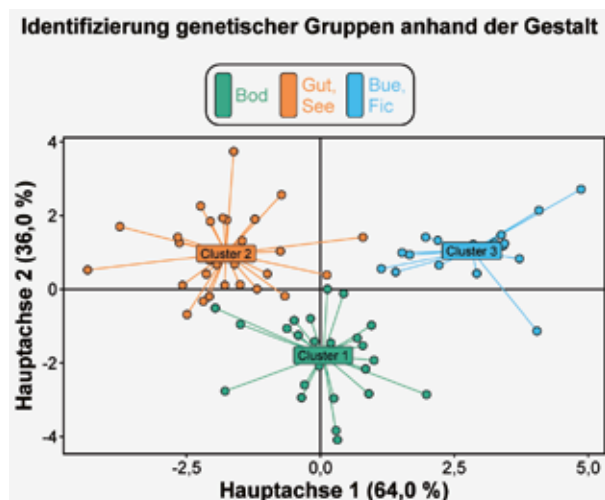


Abb. 2.45: Darstellung der Ergebnisse der Diskriminanzanalyse für die Quappe in einem Streudiagramm. Die Analyse basiert auf den morphometrischen Messungen. Die Gruppenzuordnung wurde von den zuvor etablierten genetischen Gruppen (das heißt: Cluster) abgeleitet. Die einzelnen Gruppen sind unterschiedlich gefärbt. Der Prozentsatz der Variation, der von jeder Achse des Diagramms ausgeht, ist in Klammern mit der Achsenbeschriftung dargestellt.

der genetischen und morphometrischen Ergebnisse ist bei der Quappe eine Einteilung der untersuchten Bestände in drei Bewirtschaftungseinheiten möglich. Die erste Einheit umfasst die Populationen aus dem Seebach und der Gutach, eine weitere bilden die Populationen aus dem Mühlbach und der Wurzacher Ach. Die dritte Bewirtschaftungseinheit umfasst den Bodensee und seine Zuflüsse. Morphometrische Untersuchungen können bei der Zuordnung zu einer Population genutzt werden.

Aufgrund der zurückgehenden Quappenbestände in der Oberrheinebene wurde in den letzten Jahren ein Wiederansiedlungsprojekt durchgeführt. Dazu wurden Tiere aus einer Zucht des Ruhrverbands am Möhnesee verwendet. Der dortige Laichfischbestand gründet sich auf eine Wildfischpopulation der Lippe, einem Nebenfluss des Rheins in Nordrhein-Westfalen. Aktuell ist nicht bekannt, welche genetischen Linien in den unmittelbaren Zuflüssen des Rheins in Baden-Württemberg natürlich verbreitet waren. Es wird aber erwartet, dass die westeuropäische Linie vorkommt. Da bei den Zuchtfischen die eurasische Linie dominierte, wird empfohlen, eine lokale Spenderpopulation für das Rheineinzugsgebiet zu etablieren.

Andere im Land verfügbare Zuchtbestände der Quappe sollten vor deren Nutzung genetisch charakterisiert werden. Auch für das Neckargebiet fehlen aktuell noch genetische Informationen. Aufgrund von Bewirtschaftungsmaßnahmen in den letzten Jahren ist jedoch zu befürchten, dass dort verbliebene oder wieder aufgebaute Bestände stark durch den Besatz dominiert sind.

Lokale Genotypen, die sich aufgrund des isolierten Vorkommens der Quappe möglicherweise gebildet haben, könnten dadurch verloren gegangen sein. Es wird daher empfohlen, wenn möglich in diesen Gebieten, immer lokale Bestände für Besatzmaßnahmen zu verwenden.

Es wird erwartet, dass die Bestände der Quappe in ganz Baden-Württemberg weiter zurückgehen. Vor allem die höheren Wassertemperaturen im Winter werden dafür verantwortlich gemacht, da die Quappe Temperaturen von vier °C oder weniger für eine erfolgreiche Fortpflanzung benötigt. Neben einem Schwinden des ehemals sehr starken Bestands im Bodensee (Abb. 2.46) sind nur noch wenige stabile Bestände im Land bekannt, die sich isoliert im Donau- und Rheineinzugsgebiet befinden. Besonders die starken Rückgänge im Hoch- und Oberrhein lassen befürchten, dass die Art in naher Zukunft aus weiten Teilen ganz Baden-Württembergs verschwindet.

Aus diesem Grund sollten alle verbliebenen Quappenbestände unter strengen Schutz gestellt werden. Sie sind genetisch sehr einzigartig und ihr Verlust würde die genetische Vielfalt der Art unwiderruflich verringern. Für Wiederbesiedlungsmaßnahmen sollte zumindest die Verbreitung der beiden nachgewiesenen genetischen Linien der Quappe berücksichtigt werden. Aufgrund der unsicheren Verbreitung dieser Linien in weiteren Teilen des Landes würde aber die Etablierung von lokalen Spenderpopulationen das Risiko einer Vermischung verringern.



Abb. 2.46: Die Quappenbestände befinden sich in einer gefährlichen Abwärtsspirale. Unter anderem ist aktuell ein starker Rückgang bei der bisher stabilen und produktiven Bodensee-population zu verzeichnen.



Rapfen (*Leuciscus aspius*)

Verbreitung und Gefährdung

Der seit 2010 unter dem Artnamen *Leuciscus aspius* geführte Rapfen ist – abgesehen von seiner frühen Juvenilphase – der einzige echte Raubfisch unter den heimischen Cypriniden und dadurch eine Besonderheit. Er lebt in den größeren, mit einem Freiwasserbereich versehenen Flüssen, die er von den strömungsreichen Mittelläufen bis zur Brackwasserregion besiedelt. Typischerweise ist er auch in den an diese Lebensräume angebundenen Altarmen und Seitengewässern zu finden. Darüber hinaus sind auch Bestände in Seen bekannt, die durch Fließgewässer gespeist werden.

Als Räuber ist der Rapfen ein Einzelgänger, der seiner Beute bevorzugt im oberflächennahen Freiwasser nachstellt. In erster Linie erbeutet er Fische, hin und wieder aber auch Amphibien und andere Wasserwirbeltiere. Im Gegensatz dazu scharen sich juvenile Rapfen in ihrem ersten Lebensjahr gerne in Gruppen zusammen, zu denen sich mitunter auch andere Cypriniden ähnlicher Größe gesellen. In dieser Lebensphase ernähren sich die Fische noch größtenteils von driftenden Wirbellosen und

Anfluginsekten, um mit zunehmender Größe dann aber mehr und mehr auf Fische als Nahrung umzusteigen.

In unseren Breiten pflanzen sich Rapfen von April bis Juni fort. Als Laichgründe dienen überströmte Kiessubstrate, die oftmals stromaufwärts oder abseits der Hauptlebensräume liegen, so dass die Laichtiere vor der eigentlichen Fortpflanzung entsprechende Laichzüge durchführen. In Seen steigen Rapfen zur Fortpflanzung in die Zuflüsse auf. Große Rogner können deutlich über 100.000 Eier ablegen, die auf dem Kiessubstrat oder am Pflanzenaufwuchs haften bleiben. Die Jungfische schlüpfen meist nach etwa zwei bis drei Wochen und suchen zunächst strömungsarme Gewässerbereiche auf. Sie wachsen relativ schnell und können nach einem Jahr eine Länge von etwa 15 Zentimeter erreichen. Als Jungfisch ähnelt der Rapfen der Laube. Bei etwas genauerer Betrachtung unterscheidet er sich von dieser durch seine kürzere Afterflosse, die kleineren Schuppen, aber vor allem durch das große Raubfischmaul jedoch relativ deutlich. Wie viele Cypriniden neigt der Rapfen außerdem dazu, sich mit verwandten Arten zu kreuzen. Besonders häufig wird eine Hybridisierung mit dem Aland beobachtet.

AUF EINEN BLICK **Rapfen**

Genetische Vielfalt

- ▶ Nicht genügend Individuen verfügbar für eine detaillierte Analyse.
- ▶ Die wenigen Individuen aus dem Rhein-, Neckar- und Maingebiet zeigten eine geringe genetische Vielfalt.
- ▶ Keine genetischen Informationen aus der Donau, Ausbreitungsgeschichte der Art im Land daher immer noch unklar.

Phänotypische Vielfalt

- ▶ Nicht genügend Individuen verfügbar für eine vollständige Analyse.
- ▶ Keine Aussagen zur phänotypischen Vielfalt des Rapfens möglich.

Handlungsempfehlungen

- ▶ Keine Bildung von Bewirtschaftungseinheiten darstellbar.
- ▶ Großflächige stammesgeschichtliche Studien zu dieser Fischart fehlen, was eine Interpretation der aktuellen Ergebnisse weiter erschwert.
- ▶ Weitere Untersuchungen sind nötig, um die genetische Vielfalt des Rapfens flächendeckend zu charakterisieren
- ▶ Proben aus dem Donaueinzugsgebiet (gegebenenfalls auch aus den Nachbarländern) müssen bei zukünftigen genetischen Analysen berücksichtigt werden.

Übersichtskarte

Bewirtschaftungseinheiten

Keine Bildung von Bewirtschaftungseinheiten möglich. Lokale Bestände sollten für Maßnahmen genutzt werden.

Besondere Populationen

Probenanzahl für die meisten untersuchten Populationen zu gering für abschließende Einschätzung.



Symbole

- Untersuchte Populationen
- ? Keine genetischen Informationen
- Verbreitung Rapfen

Die Entwicklung der Rapfenbestände in Baden-Württemberg verlief in den zurückliegenden drei Jahrzehnten eher ungewöhnlich. Noch bis etwa 1990 war der Rapfen eine Art, die aus dem Landesgebiet nahezu verschwunden und über Jahrzehnte hinweg nur durch sehr spärliche Einzelfunde belegt war. Ab Mitte der 1990er Jahre nahmen die Vorkommen dann zunächst im Oberrhein und kurz darauf auch im Neckar und Main stark zu. Die Art breitete sich in diesen Flüssen gleichzeitig immer weiter aus und hatte zur Jahrtausendwende den untersten Hochrheinabschnitt und im Neckar den Raum Stuttgart erreicht. Besonders im nördlichen Oberrhein, dem unteren Neckar und im Main bildeten sich zunehmend stärkere Bestände. Das ursprüngliche Hauptverbreitungsgebiet im unteren baden-württembergischen Donaunraum blieb von dieser Entwicklung ausgenommen. Von dort sind bis zum Jahr 2000 nur wenige Individuen aus Donaualtwassern bei Ulm dokumentiert. Seit 2000 war im Rheineinzugsgebiet keine wesentliche Ausweitung des Siedlungsgebiets mehr zu beobachten. In den bereits besiedelten Gewässern entwickelten sich die Bestände allerdings weiterhin gut, so dass der Rapfen heute im

nordbadischen Oberrhein, im Main und im untersten Neckarabschnitt ein ausgesprochen häufiger Raubfisch ist. Im Mittellauf des Neckars und im südbadischen Oberrhein ist er ebenfalls verbreitet, tritt aber nicht ganz so regelmäßig und häufig auf. In der unteren Donau werden Rapfen seit einigen Jahren immer regelmäßiger nachgewiesen. Offenbar gelingt es der Art dort mehr und mehr, sich Teile ihres historischen Verbreitungsgebiets zurückzuerobern. Bislang kann auf eine Besiedlung geschlossen werden, die stromauf etwa bis zur Rissmündung reicht. Die betreffenden Bestandsstärken sind allerdings sehr gering und nicht mit denen des Rheinsystems vergleichbar.

Es ist bis heute nicht geklärt, welche Faktoren die beschriebene Expansion des Rapfens im Rheinsystem ausgelöst und in der Folge so stark begünstigt haben, dass es zu einer Besiedlung kam, die das historische Areal deutlich übersteigt. Immer wieder wurde die Entwicklung auf Besatzmaßnahmen zurückgeführt. Diese kommen zwar als „Initialzündung“ für die eingetretene Expansionswelle in Betracht, erklären aber nicht deren Geschwindigkeit und Ausmaß. Die Gründe für die erst sehr viel später eingetretene Bestandserholung im baden-württembergischen Donaueinzugsgebiet sind ebenfalls nicht vollständig verstanden. Das im Vergleich zum Rheinsystem deutlich niedrigere Niveau, auf dem sich diese positive Entwicklung bewegt, hat eine wesentliche Mitursache allerdings in einer durch Ausleitungen über weite Strecken verringerten Wasserführung der Donau, die zu Verlusten von Freiwasserbereichen geführt hat, die der Rapfen benötigt.

Die Ausbreitung des Rapfens im Rheinsystem wurde anfangs sehr kritisch beobachtet, da negative Auswirkungen auf andere Fischarten befürchtet wurden. Wie sich herausgestellt hat, war diese Befürchtung weitgehend unbegründet. Die aktuellen genetischen Untersuchungen hatten zum Ziel, eine wesentliche fachliche Frage zu klären: Erfolgte die Ausbreitung des Rapfens über den Rhein-Main-Donau-Kanal oder gehörte der Rapfen schon immer zur natürlichen Fischfauna des Rheins, was früher jedoch übersehen wurde? Die Ergebnisse wären zudem eine wichtige Basis für den zukünftigen Schutz und Entwicklung dieser Art.

Probenahme

Insgesamt wurden an zwölf Probestellen Befischungen auf Rapfen durchgeführt. An sieben Probestellen wurden keine, an drei weiteren Stellen nur zwischen einem und fünf Individuen gefangen. Es konnten keine Rapfen aus dem Donaueinzugsgebiet gefangen werden. Damit ließen sich nur vier Populationen genetisch untersuchen (Abb. 2.47). Das Gewicht der untersuchten Rapfen



Abb. 2.47: Übersicht zur Lage der einzelnen Probenahmestellen für die genetische und morphometrische Analyse des Rapfens. Jede beprobte Population ist durch ihre Farbe und die Abkürzung des Gewässernamens eindeutig identifizierbar. Details zu den beprobten Gewässerabschnitten finden sich in Tabelle 2.8.

Tab. 2.8: Übersicht zu den untersuchten Populationen des Rapfens in Baden-Württemberg.

Einzugsgebiet	Gewässer	Abkürzung	n	Nassgewicht [g]	Totallänge [cm]
Rhein	Rhein (bei Breisach)	Rh-Bre	1	7,0	10,5
	Rhein (bei Iffezheim)	Rh-Iff	25	226,2 ± 53,9	53,9 ± 3,1
Neckar	Neckar (bei Neckarhausen)	Ne-Nec	5	9,4 ± 3,5	11,0 ± 1,3
	Neckar (Mundelsheim)	Ne-Mun	1	13,0	12,3
Main	Tauber	Ta-Wer	1	2,0	6,3

reichte von 6,0 bis 1.790,0 Gramm, die Totallängen lagen zwischen 9,5 und 61,8 Zentimetern (Tabelle 2.8).

Genetische und phänotypische Vielfalt

Aufgrund des geringen Fangerfolgs von Rapfen im Donaueinzugsgebiet und anderen Probestellen war eine ausführliche genetische Analyse im aktuellen Projekt nicht möglich. Die Analyse der mitochondrialen DNA von Rapfen aus dem Rhein und einzelnen Fischen aus der Tauber und dem Neckar wiesen einen dominanten Haplotypen auf (Abb. 2.48).

Auch für die morphometrische Analyse war die Probenanzahl zu gering. Aus diesem Grund können keine Aussagen zu den phänotypischen Unterschieden beim Rapfen in Baden-Württemberg gemacht werden.

Bewirtschaftungseinheiten und Handlungsempfehlungen

Aufgrund des geringen Fangerfolgs von Rapfen im Donaueinzugsgebiet und anderen Regionen war eine ausführliche genetische Analyse im aktuellen Projekt nicht möglich. Obwohl der Rapfen in der Donau als heimisch gilt und die Bestände dort in den letzten Jahren nach Beobachtungen und Berichten von Anglern leicht zugenommen haben sollen, beschränken sich seine Nachweise meist auf Einzelfunde [49]. Grund dafür ist wahrscheinlich seine für Karpfenfische ungewöhnliche Lebensweise als Einzelgänger mit einem relativ großen Aktionsradius [50, 51]. Gerade in größeren Flusssystemen kann er deshalb durch Standardbefischungsmethoden wie die Elektrofischerei nicht verlässlich gefangen werden.

Für den Rapfen ist es daher leider aktuell nicht möglich, konkrete Handlungsempfehlungen zu erarbeiten und Bewirtschaftungseinheiten zu bilden. Zudem konnte die Frage nicht geklärt werden, ob die steigenden Bestände des Rapfens im Rhein-, Neckar- und Main-einzugsgebiet auf eine erst relativ kürzlich stattgefundene Ausbreitung über den Main-Donau-Kanal zurückzuführen ist oder ob die Art zur natürlichen Fischfauna dieser Gebiete gehört. Im Rhein-, Neckar und Main-einzugs-

gebiet zeigten sich nur sehr geringe genetische Unterschiede. Es ist aktuell daher nicht davon auszugehen, dass Baden-Württemberg von mehreren genetischen Linien des Rapfens besiedelt wurde. Bisher fehlen jedoch grundsätzlich großflächige phylogenetische Studien zu dieser Fischart, was eine Zuordnung der gefundenen Haplotypen und somit die Interpretation der Ergebnisse weiter erschwert. Trotzdem dienen die im aktuellen Projekt gewonnenen Daten als wichtige Grundlage für zukünftige Untersuchungen. Dabei sollten besondere Anstrengungen unternommen werden, um Proben aus dem Donaueinzugsgebiet zu gewinnen. Alternativ oder ergänzend könnten Proben aus dem bayrischen Donau-gebiet für vergleichende genetische Analysen herangezogen werden.

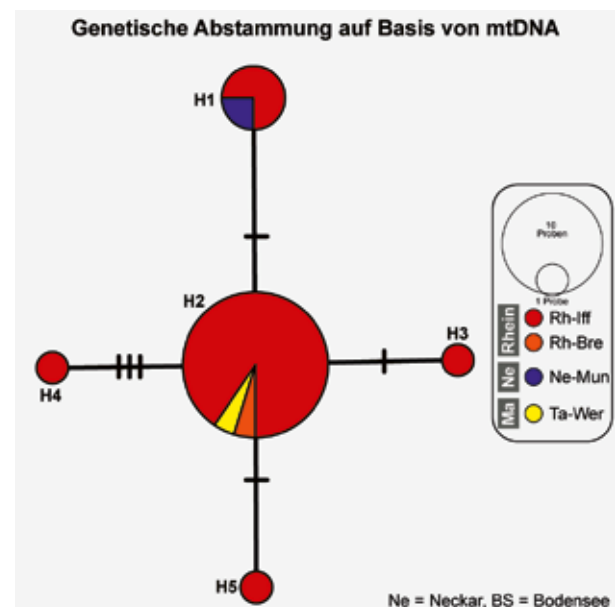


Abb. 2.48: Darstellung eines Haplotypen-Netzwerks für den Rapfen, welches alle untersuchten Individuen einzelnen identifizierten Haplotypen zuordnet. Die Analyse basiert auf den untersuchten mitochondrialen DNA (mtDNA). Unterschiede in der genetischen Sequenz zwischen den Haplotypen sind durch Querstriche auf den Verbindungslinien angedeutet. Die Herkunft der zugeordneten Individuen ist farblich markiert.



Schlammpeitzger (*Misgurnus fossilis*)

Verbreitung und Gefährdung

Wie sein Name bereits verrät, ist der Schlammpeitzger vorzugsweise in schlammigen Gewässern beheimatet und daher eine typische Fischart der Feuchtgebiete und Auen. Seine Lebensräume weisen nicht selten eine nur geringe Wassertiefe auf und sind oftmals dicht mit Wasserpflanzen bewachsen. Im Sommer erwärmen sie sich mitunter stark und unterliegen Sauerstoffzehrungen, in deren Folge ein für die meisten Fischarten lebensbedrohliches Milieu entstehen kann. Viele von Schlammpeitzgern besiedelte Gewässer fallen überdies zeitweise trocken (Abb. 2.49). Der Fisch verfügt daher über diverse physiologische Anpassungen, die ihm ein Überleben unter solchen Bedingungen ermöglichen: So kann der Schlammpeitzger bis zu 63 Prozent des benötigten Sauerstoffs über die Haut aufnehmen und 92 Prozent des gebildeten Kohlendioxids über die Haut abgeben [52]. Darüber hinaus ist er zur akzessorischen Darmatmung fähig. Dabei schluckt er atmosphärische Luft, um den darin enthaltenen Sauerstoff über eine gut durchblutete Schleimhaut im Enddarm aufzunehmen. Der Luftüber-

schuss wird über die Kloake wieder ausgeschieden. Mit Hilfe ihrer Haut- und Darmatmung können Schlammpeitzger ihren Sauerstoffbedarf vollständig decken und so ein längeres Trockenfallen ihres Lebensraumes überdauern, indem sie sich in den feuchten Untergrund eingraben.

Die Nahrung des Schlammpeitzgers besteht vorwiegend aus Wirbellosen, die er insbesondere vom Gewässergrund erbeutet. Sie wird durch Detritus und Pflanzenteile ergänzt. Die Fortpflanzung findet von April bis Juni statt und wird von einem charakteristischen Laichspiel begleitet, bei dem beide Geschlechter heftig umherschwimmen. Die klebrigen Eier werden von den Weibchen portionsweise über Tage oder sogar Wochen hinweg an Wasserpflanzenbeständen abgelegt. Aus ihnen schlüpfen nach etwa einer Woche Larven, die zunächst fadenartige Außenkiemen aufweisen, die sich innerhalb der ersten zwei Lebenswochen zurückbilden. Schlammpeitzger können Körperlängen von etwa 30 Zentimeter erreichen und werden damit deutlich größer als Schmerlen und Steinbeißer, von denen

AUF EINEN BLICK Schlammpeitzger

Genetische Vielfalt

- Insgesamt geringe genetische Vielfalt.
- Unterschiede lediglich zwischen Populationen aus dem Rhein- und dem Donauegebiet.
- Die aktuell verwendeten Marker nicht geeignet zur vertiefenden Charakterisierung der genetischen Vielfalt des Schlammpeitzgers.

Phänotypische Vielfalt

- Nur geringe Unterschiede in Gestalt und Farbe zwischen den Populationen.
- Einfluss von Umweltfaktoren wahrscheinlich.
- Kein verlässlicher Rückschluss von Gestalt auf Genetik.

Handlungsempfehlungen

- Es bilden sich zwei Bewirtschaftungseinheiten für den Schlammpeitzger.
- Zukünftige Untersuchungen sollten sensitivere genetische Marker nutzen.
- Aufgrund der prekären Situation beim Schlammpeitzger sind alle bekannten Bestände unbedingt schützenswert.
- Besonderer Schutz vor allem für den Bestand im Donauegebiet, da einziger stabiler Bestand im Einzugsgebiet.
- Es gibt aktuell keine Hinweise auf asiatische Schlammpeitzgerarten im Land.
- Der Schlammpeitzger ist ganzjährig geschont (§1 Abs. 2 LFischVO), daher bedarf jeglicher Besatz der Genehmigung der Fischereibehörde (§8 Abs. 3 LFischVO).

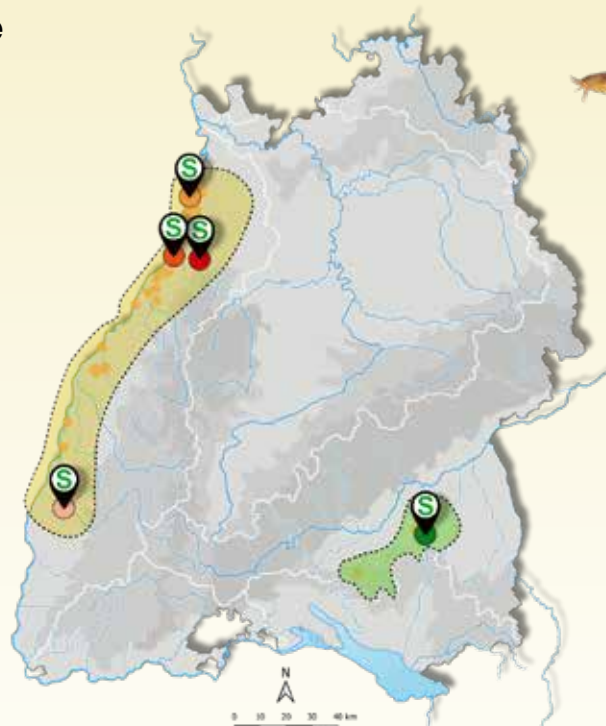
Übersichtskarte

Bewirtschaftungseinheiten

- Einheit 1
- Einheit 2

Besondere Populationen

- Alte Bach
- Ackerheckgraben
- Gießgraben
- Stockfeldgraben
- Flossgraben



Symbole

- Untersuchte Populationen
- Besonders schützenswert aufgrund des isolierten Vorkommens der Art
- Verbreitung Schlammpeitzger

sie sich außerdem durch ihre zehn Barteln unterscheiden. Männliche und weibliche Tiere sind gut anhand ihrer Brustflossen zu identifizieren. Diese sind beim Männchen deutlich größer und weisen einen verdickten zweiten Flossenstrahl auf.

Bestandbildende Vorkommen des Schlammpeitzgers sind heute nur noch in Teilen der Oberrheinebene sowie in Grabensystemen in der Nähe von Freiburg und des Federseegebiets bekannt. Darüber hinaus wurde vor einigen Jahren ein Einzeltier im Andelsbach nachgewiesen, dessen Herkunft ungeklärt ist. Obwohl sich das Verbreitungsareal des Schlammpeitzgers in der nordbadischen Oberrheinebene stark mit dem des Steinbeißers überschneidet, sind beide Arten dort nur selten in denselben Gewässern zu finden. Schlammpeitzger besiedeln nahezu ausschließlich kleinere Altwasser sowie Gräben und grabenähnliche Wasserläufe, die typischerweise stark verschlammte sind. Der Steinbeißer bevorzugt demgegenüber deutlich organisch weniger belastete Lebensräume. In Gräben, die über spezifisch eingerichtete Monitoringstrecken in den zurückliegenden Jahren mehrmals auf ihre Schlammpeitzgervorkommen überprüft wurden, waren stark schwankende Individuendichten festzustellen. Die Ursachen dafür sind ungeklärt. Insgesamt muss festgehalten werden,

dass die Bestandssituation des Schlammpeitzgers als nach wie vor äußerst kritisch zu bezeichnen ist. Er muss weiterhin unter den „vom Aussterben bedrohten“ Fischarten Baden-Württembergs eingruppiert werden.

Das in der Vergangenheit eingetretene Ausmaß der Bestandsrückgänge ist beim Schlammpeitzger angesichts der unvollständigen Datenlage zur ursprünglichen Verbreitung der Art schwer abzuschätzen. Die Tatsache, dass ein Großteil der wenigen historisch überlieferten Vorkommen heute nicht mehr existiert, weist jedoch auf starke Lebensraumverluste hin. Diese waren eine Folge der Trockenlegung von Feuchtgebieten und der tiefgreifenden Veränderungen in den Flussauen. Die Art konnte nur sehr eingeschränkt auf andere Gewässer ausweichen, da geeignete Ersatzlebensräume nahezu ausschließlich in Form von wenigen Grabensystemen entstanden. Gräben bewohnende Schlammpeitzgerpopulationen unterliegen in vielen Fällen zudem zeitweiligen Gefährdungen durch Unterhaltungs- und Pflegemaßnahmen, die mit Sohlräumungen oder Entkrautungsmaßnahmen verbunden sind.

Hinsichtlich der Erhaltungsmaßnahmen, die für die im Land verbliebenen Schlammpeitzgervorkommen erforderlich sind, gilt folgende Maxime: Die



Abb. 2.49: Der Schlammpeitzger ist sehr anpassungsfähig und kann selbst in Gewässern überleben, die zeitweise trockenfallen. Dazu besitzt er verschiedene physiologische Anpassungen, durch die er Sauerstoff über die Haut und den Darm aufnehmen kann. Aufgrund der Geräusche bei der Sauerstoffaufnahme über den Darm an der Luft bekam der Schlammpeitzger die Spitznamen „Furzgrundel“ oder „Piepaal“.

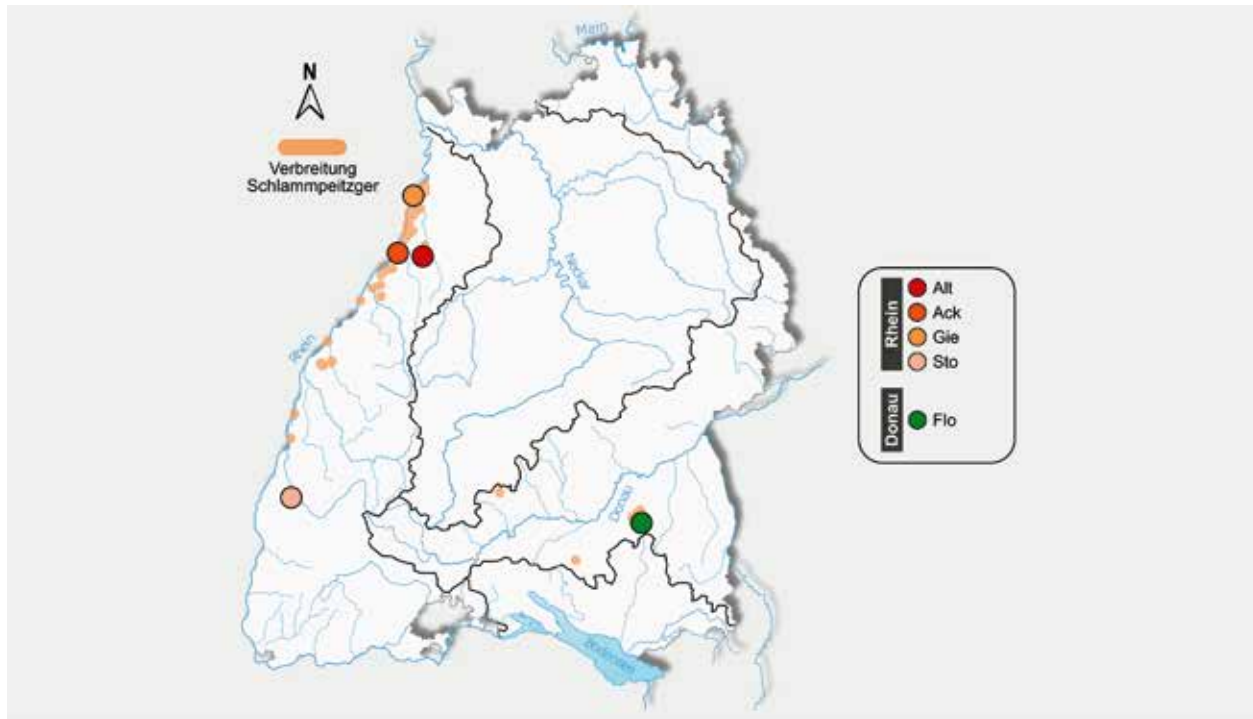


Abb. 2.50: Übersicht zur Lage der einzelnen Probenahmestellen für die genetische und morphometrische Analyse des Schlammpeitzgers. Jede beprobte Population ist durch ihre Farbe und die Abkürzung des Gewässernamens eindeutig identifizierbar. Details zu den beprobten Gewässerabschnitten finden sich in Tabelle 2.9.

Tab. 2.9: Übersicht zu den untersuchten Populationen des Schlammpeitzgers in Baden-Württemberg.

Einzugsgebiet	Gewässer	Abkürzung	n	Nassgewicht [g]	Totallänge [cm]
Rhein	Alte Bach	Alt	19	24,7 ± 10,4	17,6 ± 2,1
	Ackerheckgraben	Ack	25	19,6 ± 9,9	16,6 ± 2,8
	Stockfeldgraben	Sto	25	13,8 ± 5,7	14,9 ± 1,9
	Gießgraben	Gie	6	4,9 ± 0,4	9,6 ± 0,4
Donau	Flossgraben	Flos	25	10,9 ± 3,8	13,6 ± 1,5

Lebensräume müssen konsequent vor nachteiligen Einflüssen bewahrt werden. Unvermeidliche Eingriffe sollten auf das unbedingt erforderliche Minimum reduziert und möglichst außerhalb der Laichzeit durchgeführt werden. Der Schlammpeitzger könnte darüber hinaus von neuerdings vermehrt umgesetzten oder in Planung befindlichen Wiedervernässungsmaßnahmen in Feuchtgebieten profitieren. Hierfür bedarf es in den meisten wiedervernässten Gebieten eines Initialbesatzes der Art. Die aktuellen Untersuchungen ermöglichen nun erstmalig die innerartliche Diversität des Schlammpeitzgers genauer zu untersuchen. Die gewonnenen Informationen bilden dann zum Beispiel eine wichtige Grundlage für zukünftige Wiederansiedlungsprojekte.

Probenahme

Insgesamt wurden an fünf Probestellen Befischungen auf Schlammpeitzger durchgeführt (Abb. 2.50). Bis auf eine Probestelle wurden jeweils mehr als 15 Individuen gefangen. Das Gewicht der untersuchten Schlammpeitzger reichte von 4,2 bis 57,6 Gramm, die Totallängen lagen zwischen 8,8 und 22,5 Zentimetern (Tabelle 2.9).

Genetische und phänotypische Vielfalt

Insgesamt waren die genetischen Unterschiede zwischen den Populationen eher gering (Abb. 2.51). Die Analyse der mitochondrialen DNA zeigte, dass ein einziger Haplotyp in allen untersuchten Populationen dominierte. Auffallend war jedoch, dass vor allem im Alten Bach und im Ackerheckgraben Haplotypen vorkamen, die einzig-

artig waren. Die Ergebnisse lassen darauf schließen, dass es in Baden-Württemberg zu einer raschen Ausbreitung einer einzelnen Schlammpeitzgerlinie kam.

Bei den Mikrosatelliten-Markern waren Unterschiede zwischen den Einzugsgebieten nur dann zu erkennen, wenn der Ort der Probenahme in der Analyse berücksichtigt wurde (Abb. 2.52). Es scheinen sich also seit der Besiedlung genetisch einzigartige Genotypen vor allem in den Gewässern der Oberrheinebene zu entwickeln, welche jedoch noch nicht stark ausgeprägt sind. Schwierigkeiten bei der genetischen Analyse selber könnten ein zusätzlicher Grund für die insgesamt schwache genetische Differenzierung sein. Es konnten im aktuellen Projekt nur sechs der ursprünglich elf geplanten Mikrosatelliten-Marker beim Schlammpeitzger verwendet werden. Der Grund dafür ist, dass ein Teil der in der Literatur verfügbaren Marker ursprünglich für die nah verwandten Arten *Cobitis biwae* und *Misgurnus anguillicaudatus* etabliert wurde. Es kann daher nicht ausgeschlossen werden, dass genetische Unterschiede mit der reduzierten Zahl an Markern nicht erfasst werden konnten.

Bei der morphometrischen Analyse wurde ein klarer Geschlechtsdimorphismus festgestellt, der bereits aus der Literatur bekannt ist. Insgesamt waren die Unterschiede in der Gestalt der Schlammpeitzger eher gering und beschränkten sich vor allem auf den Schwanzansatz. Dabei waren die Unterschiede zwischen den Populationen bei den weiblichen Tieren deutlicher ausgeprägt. Unklar ist aktuell noch, wie stark sich Gewässerbedingungen wie beispielsweise Wasserströmung oder gelöster Sauerstoff auf die Gestalt der Schlammpeitzger auswirken. Obwohl die Diskriminanzanalyse grundsätzlich zeigen konnte, dass die Gestalt eine Möglichkeit zur Bestimmung genetischer Gruppen ermöglicht (Abb. 2.53), sind hier vertiefende Untersuchungen nötig. Daher wird aktuell vor der Nutzung von phänotypischen Informationen zur Bestimmung des Genotyps abgeraten.

Bewirtschaftungseinheiten und Handlungsempfehlungen

Auf Basis der genetischen und morphometrischen Ergebnisse ist beim Schlammpeitzger eine Einteilung der untersuchten Bestände in zwei Bewirtschaftungseinheiten möglich. Die erste Einheit umfasst Populationen aus dem Rheineinzugsgebiet, die andere Populationen aus dem Donaeinzugsgebiet. Aufgrund des isolierten Vorkommens der Art ist jedoch nicht auszuschließen, dass die genetische Vielfalt bei dieser Art in Wirklichkeit größer ist. Schwierigkeiten bei den aktuell verwendeten nuklearen Mikrosatelliten sowie eine aus der Literatur bekannte Konservierung genetischer Regionen sind womöglich für die geringe genetische Differenzierung verantwortlich. So

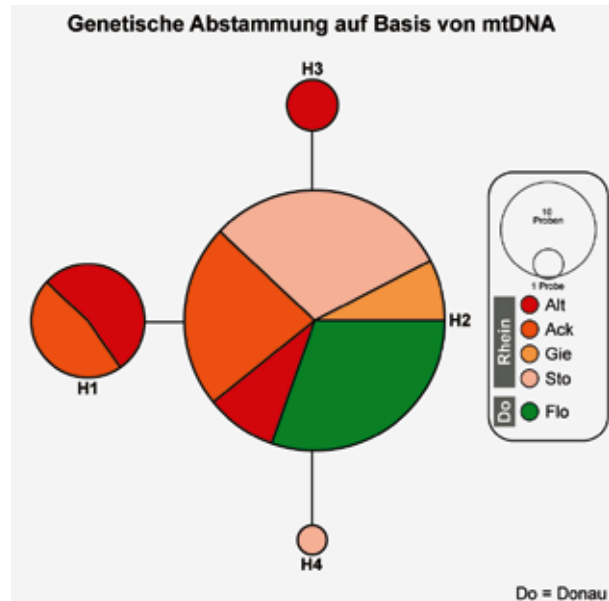


Abb. 2.51: Darstellung eines Haplotypen-Netzwerks für den Schlammpeitzger, welches alle untersuchten Individuen einzelnen identifizierten Haplotypen zuordnet. Die Analyse basiert auf den untersuchten mitochondrialen DNA (mtDNA). Unterschiede in der genetischen Sequenz zwischen den Haplotypen sind durch Querstriche auf den Verbindungslinien angedeutet. Die Herkunft der zugeordneten Individuen ist farblich markiert.

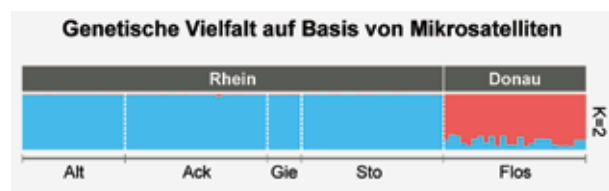


Abb. 2.52: Darstellung der Ergebnisse der Structure Analyse für den Schlammpeitzger mit der berechneten optimalen Anzahl genetischer Gruppen (K). Die Analyse basiert auf den untersuchten nuklearen Mikrosatelliten. Die Zugehörigkeit der untersuchten Individuen zu den einzelnen genetischen Gruppen ist farblich markiert.

wird vermutet, dass die Möglichkeit, bei geringen Sauerstoffverhältnissen zu überleben, zu einer verringerten Mutationsrate gerade bei der mitochondrialen DNA geführt hat [53]. Um zukünftig die genetische Vielfalt verlässlich zu charakterisieren, müssen sensitivere Marker verwendet werden. Hinweise auf das Vorkommen anderer Schlammpeitzgerarten, wie zum Beispiel des nicht heimischen ostasiatischen Schlammpeitzgers (*Misgurnus anguillicaudatus*), wurden nicht gefunden.

Aufgrund der prekären Bestandssituation beim Schlammpeitzger wird unabhängig von den aktuellen Ergebnissen für alle noch vorkommenden Bestände ein besonderer Schutz empfohlen. Der Schlammpeitzger gilt in Baden-Württemberg als „vom Aussterben bedroht“, da bestandsbildende Vorkommen nur noch an

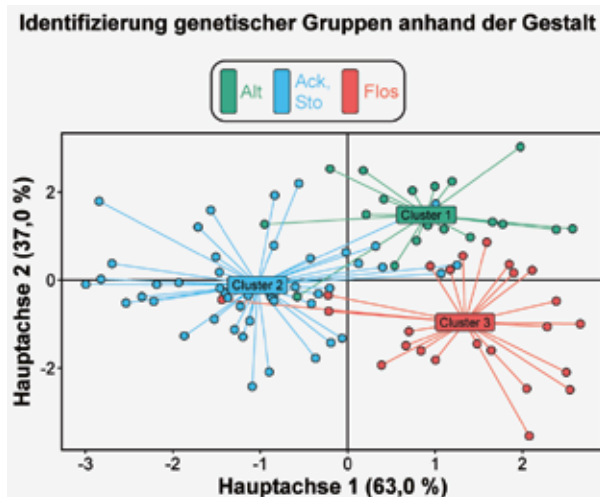


Abb. 2.53: Darstellung der Ergebnisse der Diskriminanzanalyse für den Schlammpeitzger in einem Streudiagramm. Die Analyse basiert auf den morphometrischen Messungen. Die Gruppenzuordnung wurde von den zuvor etablierten genetischen Gruppen (das heißt: Cluster) abgeleitet. Die einzelnen Gruppen sind unterschiedlich gefärbt. Der Prozentsatz der Variation, der von jeder Achse des Diagramms ausgeht, ist in Klammern mit der Achsenbeschriftung dargestellt.

wenigen Stellen zu finden sind. Von den fünf im Projekt untersuchten Populationen stammten drei aus Gräben der Oberrheinebene (Alte Bach, Ackerheckgraben, Gießgraben), eine aus einem Graben in der Nähe von Freiburg (Stockfeldgraben) und eine aus dem Federseegebiet (Flossgraben). Vor allem das Verschwinden der heute noch vorhandenen Restpopulationen im Federsee-

gebiet muss verhindert werden, da dieses mit dem Verlust der gesamten Donaupopulation gleichzusetzen ist und zum Verlust einer wertvollen genetischen Ressource beim Schlammpeitzger führen würde.

Da die Art in Anhang II der FFH-Richtlinie gelistet ist, müssen insbesondere die verbliebenen Lebensräume vor Eingriffen und anderen negativen Einflüssen geschützt werden. Aufgrund der Trockenlegung von zahlreichen Feuchtgebieten in der Vergangenheit (Abb. 2.54) gelten Grabensysteme heute als wichtige Ersatzlebensräume für den Schlammpeitzger. Gerade im Bereich von landwirtschaftlichen Nutzflächen sind solche Kleingewässer jedoch besonders anfällig gegenüber Störungen. So kann der Eintrag von stofflichen Belastungen oder der Eingriff durch Unterhaltungsmaßnahmen zum Verlust eines ganzen Bestandes führen. Zur Erhaltung der genetischen Vielfalt beim Schlammpeitzger sollte bei Wiederansiedlungsmaßnahmen ausschließlich Besatzmaterial aus der unmittelbaren Umgebung verwendet werden oder, wenn nicht anders möglich, die zwei oben genannten Verbreitungsgebiete berücksichtigt werden. Neu entdeckte Bestände, vor allem außerhalb der bekannten Verbreitungsgebiete, sollten genetisch untersucht und mit den Daten aus dem aktuellen Projekt abgeglichen werden. Aufgrund der geringen Populationsgröße und ihres isolierten Vorkommens besteht grundsätzlich die Gefahr, dass es durch Inzucht zu einer Schwächung der Fitness kommt. Ein regelmäßiges Monitoring und weitere genetische Untersuchungen sind daher unerlässlich.



Abb. 2.54: Schlammpeitzger kommen vor allem in kleinen, unscheinbaren Gräben und Bächen mit üppiger Unterwasservegetation vor. Seine isolierten, oft unbekannten Bestände sind vor allem durch die Trockenlegung von Feuchtgebieten und Grabenräumungsmaßnahmen bedroht.



Steinbeißer (*Cobitis* sp.)

Verbreitung und Gefährdung

Der Steinbeißer ist eine nur etwa 10 Zentimeter lang werdende Schmerlenart und damit der kleinste heimische Vertreter dieser Gruppe. Er kommt hauptsächlich in träge bis mäßig strömenden und mit sandig bis schlammigen Sohlsubstraten ausgestatteten Fließgewässern aller Art vor, die er bis in die Brackwasserregion hinein besiedelt. Hin und wieder ist er darüber hinaus auch in stehenden Gewässern mit lockeren Feinsedimenten zu finden. Vor allem tagsüber verbergen sich die Fische oft, indem sie sich so in den Untergrund eingraben, dass nur noch der Kopf sichtbar bleibt. Unter den Augen befindet sich je ein doppelspitziger, beweglicher Dorn, der ihm seinen Zweitnamen „Dorngrundel“ eingetragen hat. Wenn sie nicht eingegraben sind, nehmen Steinbeißer oft eine charakteristische Ruhestellung mit steif abgestützten Brustflossen und aufgerichtetem Kopf auf dem Gewässergrund ein, den sie generell nur selten verlassen. Sie gehen vornehmlich nachts auf Nahrungssuche. Dabei nehmen die Fische feines Grundsubstrat auf, um daraus Wirbellose und fressbares organisches

Material zu filtrieren. Die nicht fressbaren mineralischen Anteile werden über die Kiemenspalten und das Maul wieder ausgestoßen. Die Art pflanzt sich vorwiegend von April bis Juni fort. Die Fische setzen ihren Laich bevorzugt in dichten Wasserpflanzenbeständen ab, greifen zur Not aber auch auf andere Substrate zurück. Die Eiablage der Weibchen erfolgt in mehreren Portionen und kann sich über Zeiträume von wenigen Tagen bis zu etwa drei Wochen hinziehen.

Wird der Sauerstoff im Wasser knapp, ist der Steinbeißer zu einer akzessorischen Darmatmung wie der verwandte Schlammpeitzger in der Lage. Diese Fähigkeit ist allerdings nicht so weit entwickelt wie beim Schlammpeitzger, so dass Steinbeißer länger anhaltende Phasen mit widrigen Sauerstoffverhältnissen nicht überdauern können. Früher ging man davon aus, dass alle Steinbeißer in Deutschland der Art *Cobitis taenia* angehören. Doch 2001 fand man in Berlin Steinbeißer, die eine abweichende Chromosomenzahl aufwiesen und somit einer anderen Art, dem Donausteinbeißer *Cobitis elongatoides*, angehören müssen (Bohlen, 2002). Das Interessante daran ist,

AUF EINEN BLICK **Steinbeißer**

Genetische Vielfalt

- Es wurden drei Steinbeißerarten im Land nachgewiesen.
- Der nicht heimische Südliche Steinbeißer breitet sich im südlichen Rheingebiet aus.
- Im Oberrhein dominieren hybride Populationen vom Gemeinen Steinbeißer und Donausteinbeißer.
- Nachweise von hybriden Populationen.

Phänotypische Vielfalt

- Die drei Steinbeißerarten zeigten abgrenzbare Unterschiede in ihrer Gestalt.
- Klare Abgrenzung des Gemeinen Steinbeißers möglich.
- Der Südliche Steinbeißer ist sicher durch einen zweiten Punkt am Schwanzflossenansatz optisch abgrenzbar.

Handlungsempfehlungen

- Aufgrund des komplexen Verbreitungsbildes der Arten keine Bildung von Bewirtschaftungseinheiten darstellbar.
- Vertiefende genetische Untersuchungen müssen klären, welche Arten hybridisieren.
- Populationen im Donaueinzugsgebiet sollten unter besonderen Schutz gestellt werden, da es sich um die letzten Bestände in diesem Gebiet handelt.
- Für die Erhaltung der Art ist der Lebensraumschutz essentiell.
- Jeglicher Besatz ohne genetische Charakterisierung sollte unterlassen werden.
- Der Steinbeißer ist ganzjährig geschont (§1 Abs. 2 LFischVO), daher bedarf jeglicher Besatz der Genehmigung der Fischereibehörde (§8 Abs. 3 LFischVO).

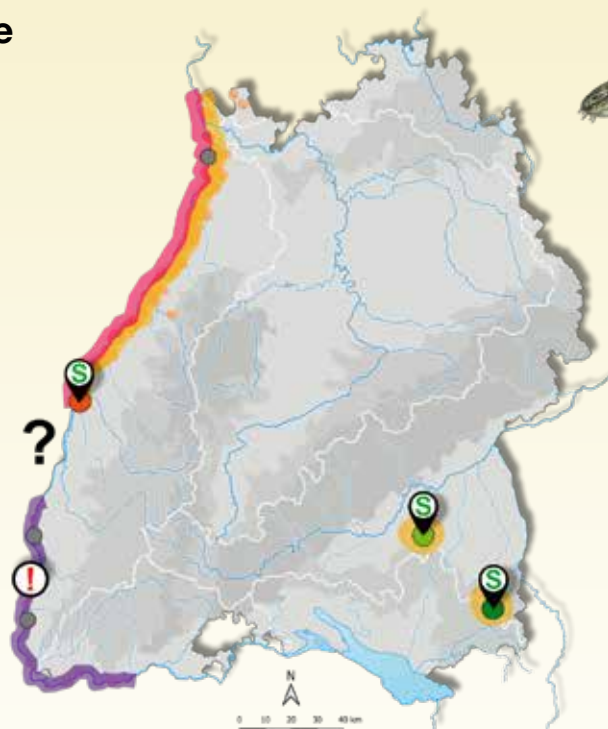
Übersichtskarte

Verbreitung Steinbeißerarten

- Gemeiner Steinbeißer
- Donausteinbeißer
- Südlicher Steinbeißer

Besondere Populationen

- Rhein bei Kehl
- Ellerazhofer Bach
- Kanzach



Symbole

- Untersuchte Populationen
- ! Gebietsfremde Art nachgewiesen, nicht als Spenderpopulation verwenden
- S Besonders schützenswert aufgrund des isolierten Vorkommens und einzigartiger genetischer Vielfalt
- ? Unklare Verbreitung der heimischen und nicht heimischen Arten in der Kontaktzone
- Verbreitung Steinbeißer

dass auch Hybriden (Kreuzungen) zwischen den beiden Arten existieren. Diese wiederum pflanzen sich, ähnlich wie der Giebel, über Gynogenese fort (sie benötigen also Fremdsperma nur für eine erste Initialisierung der Eientwicklung, schließen aber das Erbgut des Männchens nicht mit ein). Die Nachkommen sind damit als Klone anzusehen und ausschließlich weiblich. In manchen Teilen Deutschlands findet man daher Steinbeißerbestände, die aus reinrassigen Steinbeißern und aus rein weiblichen Hybridtieren bestehen. In Sachsen sollen beispielsweise die meisten der Bestände aus diesen Konstellationen zusammengesetzt sein und dabei von den Hybriden, also den Weibchen, dominiert werden [54].

Die wichtigsten Vorkommen des Steinbeißers im Land finden sich in der nordbadischen Rheinniederung. Die dortigen Bestände entwickelten sich in den zurückliegenden Jahren positiv. Anders als bis zur Jahrtausendwende, wo die Art nahezu ausschließlich in Rheinseitengewässern nachgewiesen war, werden Steinbeißer bei Elektrofischungen inzwischen regelmäßig und mitunter auch in größerer Zahl im Hauptstrom nachgewiesen. Gleiches gilt sogar für einige sehr naturferne Bereiche wie den Industriehafen Mannheim. Darüber hinaus dehnte sich das Verbreitungsgebiet der Art langsam, aber stetig nach Süden aus. Inzwischen hat der Steinbeißer auch den Hochrhein bis etwa zur Wutachmündung erreicht, wo er zuvor unbekannt war. Gleichzeitig gibt es seit 2016 einzelne Sichtungen des nicht heimischen Südlichen Steinbeißers (*Cobitis bilineata*) im Hochrhein

und in Nebengewässern des südlichen Oberrheins. Es ist somit nicht auszuschließen, dass es sich bei den neu etablierten Beständen in diesem Gebiet um nicht heimische Arten handelt. Die Art lässt sich durch einen zweiten Punkt auf dem Ansatz der Schwanzflosse gut von anderen Steinbeißerarten in diesem Gebiet unterscheiden (Abb. 2.52).

Aus dem übrigen Landesgebiet waren in den zurückliegenden zwei Jahrzehnten nur zwei weitere Vorkommen im Federseerauslauf und in einem Feuchtgebiet bei Leutkirch bekannt. Die jüngsten Nachweise aus dem Federseegebiet datieren allerdings aus dem Jahr 2006. Sie konnten nach einem dortigen Fischsterben im Frühjahr 2008 trotz intensiver und über mehrere Jahre hinweg betriebener Nachforschungen leider nicht mehr bestätigt werden. Obwohl angesichts der schlecht zugänglichen und schwierig zu befischenden Gewässer noch Hoffnung besteht, ist unklar, ob der Federseebestand noch existiert. Auch über die Bestandsstruktur der Steinbeißer in Baden-Württemberg ist wenig bekannt. Ob beispielsweise auch der Donausteinbeißer oder Bestände mit Hybriden existieren, ist bisher weitgehend unerforscht.

Über das Ausmaß der Bestandsrückgänge, die durch Gewässerverschmutzungen, naturferne Ausbaumaßnahmen und sonstige Beeinträchtigungen in der Vergangenheit beim Steinbeißer hervorgerufen wurden, können aufgrund der unklaren historischen Verbreitung nur Mutmaßungen angestellt werden. Die wenigen aus dem württembergischen Landesteil überlieferten histo-

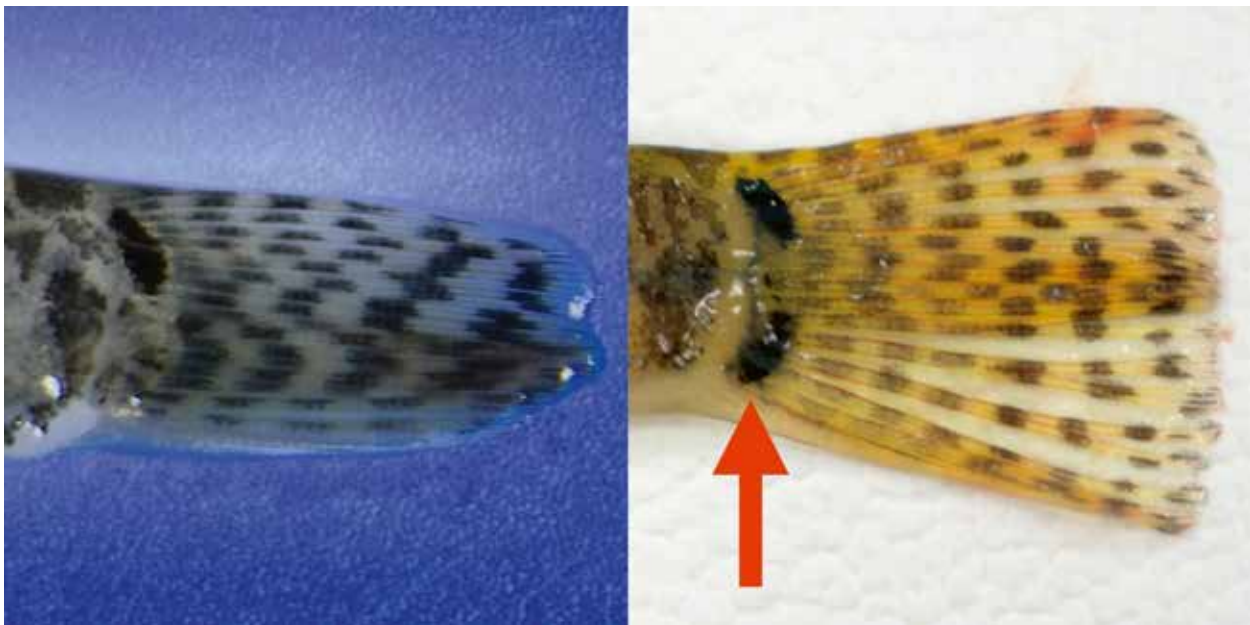


Abb. 2.52: Bisher ging man davon aus, dass lediglich der Gemeine Steinbeißer (*Cobitis taenia*) in Baden-Württemberg verbreitet ist. Im Jahr 2019 konnte jedoch erstmals der Südliche Steinbeißer (*Cobitis bilineata*) im südlichen Oberrhein nachgewiesen werden. Man erkennt ihn an den zwei Punkten am Schwanzstiel (rechts). Arten wie der Gemeine Steinbeißer weisen an dieser Stelle nur einen einzelnen schwarzen Punkt auf (links).

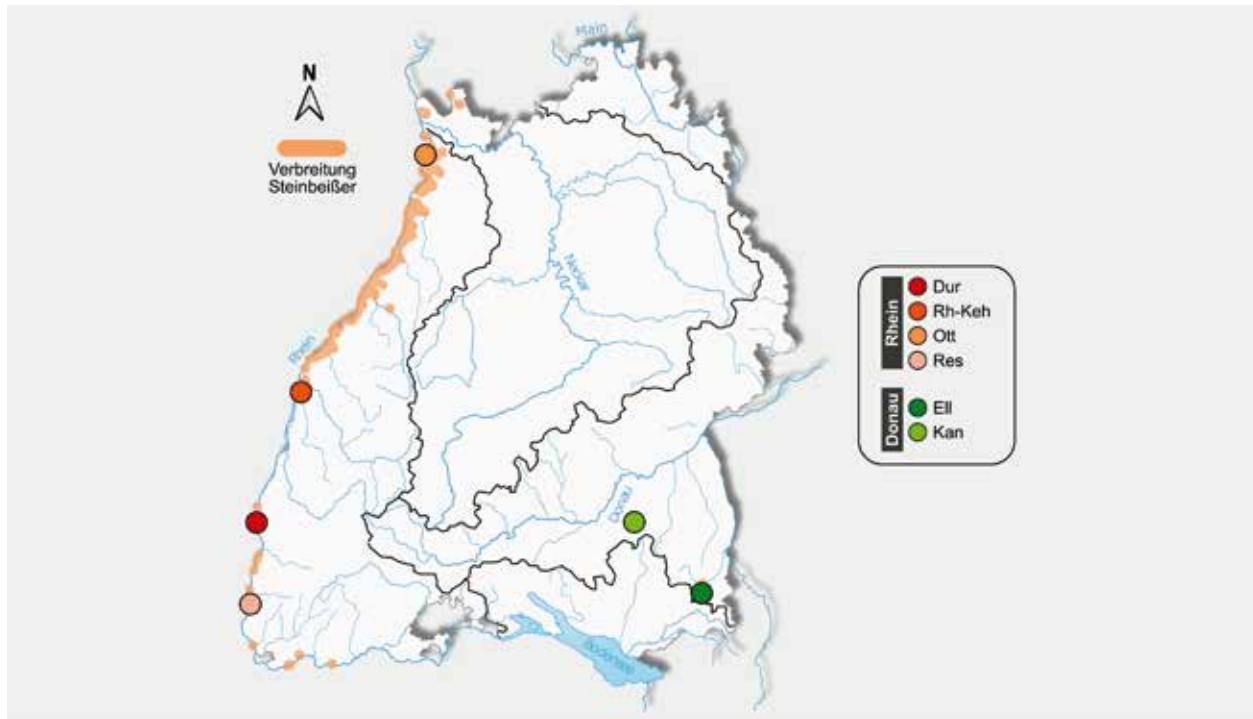


Abb. 2.56: Übersicht zur Lage der einzelnen Probenahmestellen für die genetische und morphometrische Analyse des Steinbeißers. Jede beprobte Population ist durch ihre Farbe und die Abkürzung des Gewässernamens eindeutig identifizierbar. Details zu den beprobten Gewässerabschnitten finden sich in Tabelle 2.10.

Tab. 2.10: Übersicht zu den untersuchten Populationen des Steinbeißers in Baden-Württemberg.

Einzugsgebiet	Gewässer	Abkürzung	n	Nassgewicht [g]	Totallänge [cm]
Rhein	Durchgehender Altrheinzug	Dur	18	$1,8 \pm 0,9$	$7,2 \pm 1,2$
	Otterstädter Altrhein	Ott	25	$5,3 \pm 1,4$	$10,7 \pm 1,1$
	Restrhein	Res	9	-	$8,6 \pm 1,4$
	Rhein bei Kehl	RH-Keh	25	$3,2 \pm 2,0$	$8,4 \pm 1,5$
Donau	Ellerazhofer Bach	Ell	25	$4,4 \pm 1,0$	$10,2 \pm 0,9$
	Kanzach	Kan	7	$7,8 \pm 2,5$	$11,2 \pm 0,6$

rischen Bestände konnten mit Ausnahme der Federseevorkommen in unserer Zeit allerdings nicht mehr bestätigt werden. Über die Anforderungen des Steinbeißers an seine Lebensräume ist zu wenig bekannt, um genaue Ursachen für seine Ausbreitung im Rhein benennen zu können. Vieles deutet jedoch darauf hin, dass die Art von einer guten Wasserqualität profitiert. Möglicherweise wirkt sich diese nicht unmittelbar aus, sondern begünstigt Sekundäreffekte wie beispielsweise die Entwicklung dichter Wasserpflanzenbestände oder eine bessere Qualität der Feinsubstrate. Trotz der positiven Situation im Oberrheingebiet unterliegen manche der dortigen Steinbeißerbestände immer wieder Schädigungen durch großflächige Mähaktionen der Unterwasservegetation, die im Rahmen von Hochwasservorsorge-

maßnahmen erfolgen. Auch Grabenpflegemaßnahmen, die mit umfangreichen Substratentnahmen verbunden sind, führen in manchen Lebensräumen zu Beeinträchtigungen. Im Donausystem ist der Steinbeißer akut in seinem Fortbestand bedroht, da seine dortigen Vorkommen anscheinend auf ein einziges, sehr kleines Gebiet zusammengeschmolzen sind.

Sichtungen des Südlichen Steinbeißers und bekannte Besiedlungswege der Gattung *Cobitis* deuten darauf hin, dass mehrere Steinbeißerarten oder sogar deren Hybridkomplexe in Baden-Württemberg verbreitet sind. Die landesweite genetische und phänotypische Charakterisierung der Steinbeißerbestände kann hier erstmals Klarheit schaffen. Zudem kann überprüft werden, wie sich die Situation im Donaueinzugsgebiet aktuell darstellt.

Probenahme

Insgesamt wurden an sechs Probestellen Befischungen auf Steinbeißer durchgeführt (Abb. 2.56). An zwei Probestellen wurden zwischen sechs und 15 und an vier Probestellen mehr als 15 Individuen gefangen. Das Gewicht der untersuchten Steinbeißer reichte von 0,6 bis 12 Gramm, die Totallängen lagen zwischen 4,8 und 12,8 Zentimetern (Tabelle 2.10). Es muss jedoch berücksichtigt werden, dass bei den untersuchten Individuen aus dem Restrhein keine Angaben zum Gewicht vorlagen. Im Donaueinzugsgebiet konnten im Auslauf des Federsees (Kanzach) nach einem Fischsterben 2008 erstmals wieder Steinbeißer nachgewiesen werden.

Genetische und phänotypische Vielfalt

Da einige Hinweise nahelegten, dass mehrere Steinbeißerarten in Baden-Württemberg vorkommen, wurden die Daten der mitochondrialen DNA zur Artenbestimmung verwendet. Insgesamt wurden drei mütterliche Haplotypen von Steinbeißerarten identifiziert, darunter der Gemeine Steinbeißer (*C. taenia*), der Donausteibeißer (*C. elongatoides*) und der Südliche Steinbeißer (*C. bilineata*) (Abb. 2.57). Der weiter stromab im Rheinsystem vorkommende Don-Steinbeißer (*C. tanaitica*) wurde nicht nachgewiesen.

Im südlichen Oberrheingebiet (Restrhein und Durchgehender Altrheinzug) wurde ausschließlich der Südliche Steinbeißer nachgewiesen (Abb. 2.57). Die Mikrosatelliten-Marker zeigten, dass es sich im Durchgehenden Altrheinzug teilweise um Hybride handelte (Tabelle 2.11). Mit welcher Art der Südliche Steinbeißer dort hybridisiert, konnte nicht abschließend geklärt werden. Bei der Population im Rhein bei Kehl handelte es sich um den Gemeinen Steinbeißer, wobei keine Hinweise auf eine Hybridisierung gefunden wurden (Abb. 2.57, Tabelle 2.11). Bei der Population im Otterstädter Altrhein konnten sowohl polyploide Individuen des Donausteibeißers als auch diploide Individuen des Gemeinen Steinbeißers nachgewiesen werden. Es ist daher davon auszugehen, dass die beiden Arten dort hybridisieren. Des Weiteren konnte im Otterstädter Altrhein ein einzelnes Individuum des Südlichen Steinbeißers nachgewiesen werden.

Sowohl in der Kanzach als auch im Ellerazhofer Bach bei Leutkirch wurden mit Hilfe der genetischen Analyse polyploide und diploide Individuen des Donausteibeißers identifiziert (Abb. 2.57, Tabelle 2.11). Auch hier muss davon ausgegangen, dass es sich bei den polyploiden Tieren um Hybride handelt. Mit welcher weiteren Art diese gebildet werden, ist leider nicht bekannt.

Bei der morphometrischen Analyse wurden die drei nachgewiesenen Steinbeißerarten verglichen. Bei der

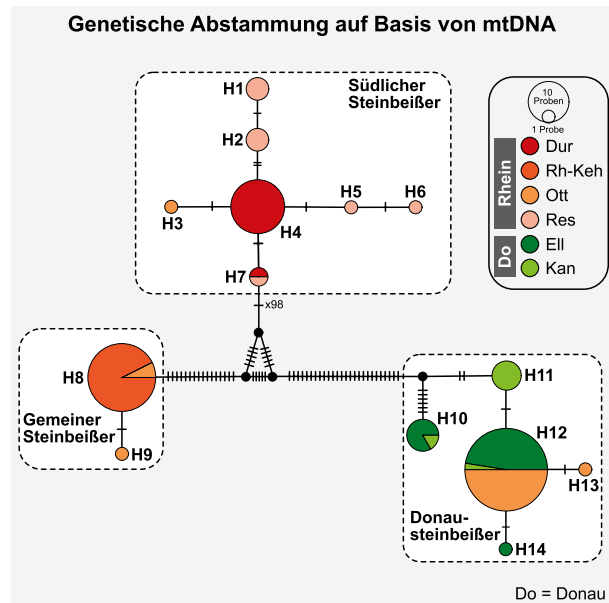


Abb. 2.57: Darstellung eines Haplotypen-Netzwerks für den Steinbeißer, welches alle untersuchten Individuen einzelnen identifizierten Haplotypen zuordnet. Die Analyse basiert auf den untersuchten mitochondrialen DNA (mtDNA). Unterschiede in der genetischen Sequenz zwischen den Arten sind durch Querstriche auf den Verbindungslinien angedeutet. Die Herkunft der zugeordneten Individuen ist farblich markiert. Die nachgewiesenen Haplotypen wurden mit Hilfe der Literatur bekannten Steinbeißerarten zugeordnet.

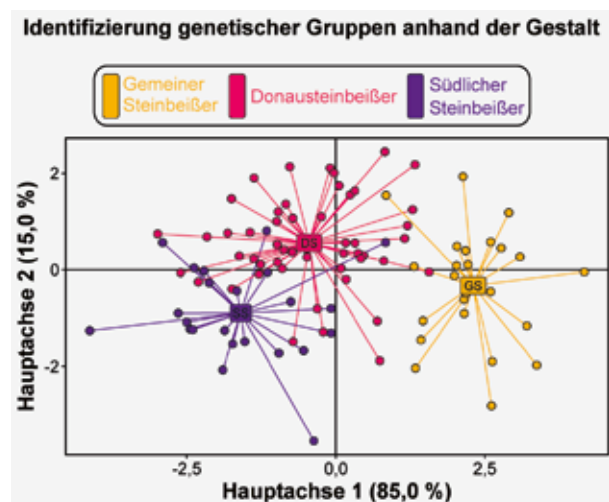


Abb. 2.58: Darstellung der Ergebnisse der Diskriminanzanalyse für den Steinbeißer in einem Streudiagramm. Die Analyse basiert auf den morphometrischen Messungen. Die Gruppenzuordnung wurde von den zuvor identifizierten Steinbeißerarten abgeleitet. Die einzelnen Gruppen sind unterschiedlich gefärbt. Der Prozentsatz der Variation, der von jeder Achse des Diagramms ausgeht, ist in Klammern mit der Achsenbeschriftung dargestellt.

Diskriminanzanalyse bildete der Gemeine Steinbeißer größtenteils eine klar abgegrenzte Gruppe (Abb. 2.58). Auch der Donausteibeißer und der Südliche Steinbeißer bildeten zwei Gruppen, welche sich jedoch teilweise überschneiden. Weitere Untersuchungen müssen zeigen,

Tab. 2.11: Anzahl der polyploiden Individuen in jeder beprobten Steinbeißerpopulation auf Basis der nuklearen Mikrosatelliten. Die Anwesenheit von polyploiden Tieren deutet auf das Vorkommen von Hybriden an.

Herkunft	n	Südlicher Steinbeißer		Gemeiner Steinbeißer		Donausteinbeißer		Status
		diploid	polyploid	diploid	polyploid	diploid	polyploid	
Ott	25	0	1	3	0	0	21	hybrid
Rh-Keh	25	0	0	25	0	0	0	reinrassig
Dur	18	8	10	0	0	0	0	hybrid
Res	9	9	0	0	0	0	0	reinrassig
Kan	7	0	0	0	0	1	6	hybrid
Ell	25	0	0	0	0	5	20	hybrid

ob auf Basis der Gestalt auf die Steinbeißerart geschlossen werden kann.

Bewirtschaftungseinheiten und Handlungsempfehlungen

In der Vergangenheit wurden alle Steinbeißer in Baden-Württemberg dem Gemeinen Steinbeißer zugeordnet. Die aktuellen Ergebnisse zeigen jedoch ein wesentlich komplexeres Bild. Entlang des mittleren und nördlichen Oberrheins scheinen hybride Populationen aus Gemeinem Steinbeißer und Donausteinbeißer weit verbreitet zu sein, was durch eDNA Analysen bestätigt werden konnte. Eine Ausnahme bildete die Population im Rhein bei Kehl. Hier wurden lediglich diploide Individuen des Gemeinen Steinbeißers nachgewiesen, was die Population besonders schützenswert macht.

Im südlichen Oberrhein und Hochrhein scheint ausschließlich der Südliche Steinbeißer verbreitet zu sein. Einzelne Sichtungen der Art gab es dort seit 2016, nun konnte aber ihre Etablierung in diesem Gebiet erstmals eindeutig bestätigt werden. Zusätzliche eDNA Analysen haben zudem gezeigt, dass diese Art auch im Hochrhein vorkommt. Hinweise auf andere Steinbeißer fand man in diesem Gebiet nicht. Der Südliche Steinbeißer wurde bisher nur in einigen Seen in der Schweiz nördlich der Alpen und in Teilen von Frankreich, Italien, Slowenien und Kroatien beschrieben [55, 56, 57]. Es wird vermutet, dass eine natürliche Verbreitung über das Aare-System stattgefunden hat, wo der Südliche Steinbeißer ursprünglich nicht verbreitet war. Aus diesem Grund muss der Südliche Steinbeißer auch in Baden-Württemberg als nicht heimisch angesehen werden. Wie weit er sich im Rhein stromab und gegebenenfalls über Baden-Württemberg hinaus ausgebreitet hat, müssen weitere Untersuchungen zeigen. Ein einzelnes Exemplar konnte im aktuellen Projekt im Otterstädter Altrhein (südlich von Mannheim) nachgewiesen werden. Ansonsten gibt es aktuell keine Hin-

weise auf eine Etablierung im nördlichen Oberrhein. Vor allem in der Kontaktzone der verschiedenen Steinbeißerarten im Oberrhein sollte zukünftig ein regelmäßiges Monitoring durchgeführt werden.

Im Donaueinzugsgebiet konnten in den letzten 20 Jahren nur zwei Steinbeißerbestände identifiziert werden. Ein Bestand befindet sich in einem Feuchtgebiet bei Leutkirch, der zweite im Auslauf des Federsees. Dieser galt eigentlich nach einem Fischsterben 2008 jedoch als erloschen. Die aktuellen Untersuchungen zeigen, dass der Bestand in sehr geringer Bestandsgröße überlebt hat. Beide Populationen wiesen eine Mischung diploider und polyploider Individuen des Donausteinbeißers auf. Mit welcher Art die Steinbeißer im Donaueinzugsgebiet hybridisieren, ist nicht bekannt. Unabhängig davon sollten die beiden untersuchten Bestände im Donaueinzugsgebiet unter besonderen Schutz gestellt werden, da diese die einzigen verbliebenen Vorkommen in diesem Gebiet darstellen.

Im Rahmen der FFH-Richtlinie müssen künftig die einzelnen Steinbeißerarten getrennt voneinander berücksichtigt werden. Der Südliche Steinbeißer unterliegt in seinem natürlichen Verbreitungsgebiet auch den Schutzbestimmungen der Richtlinie. Diese erstrecken sich aber nicht auf das Vorkommen in Baden-Württemberg, da die Art hier gebietsfremd ist.

Weitere vertiefende Studien zur Ausbreitung der Arten sind nötig, um die Bestandsituation des Steinbeißers möglichst vollständig zu verstehen. Morphometrische Untersuchungen könnten bei der Identifizierung der Art helfen. Vor allem der Gemeine Steinbeißer und der Donausteinbeißer sind mit bloßem Auge praktisch nicht zu unterscheiden, da artspezifische Merkmale fehlen. Weitere Details zur genetischen Vielfalt und der Verbreitung des Steinbeißers in Baden-Württemberg finden sich in der Publikation: „Endangered spined loach *Cobitis* species in Southwest Germany: A complex network of native, hybrid and newly emerged populations“ [58].



Strömer (*Telestes souffia*)

Verbreitung und Gefährdung

Der infolge der letzten systematischen Anpassungen nun unter dem Namen *Telestes souffia* geführte Strömer ist ein Bewohner sauberer, strukturreicher und schnellfließender Regionen in kleinen bis mittelgroßen Fließgewässern. Er stellt vergleichsweise spezifische Ansprüche an die Hydromorphologie seiner Lebensräume. Sein natürliches Verbreitungsareal umfasst nur ein relativ kleines Gebiet westlich, nördlich und östlich der Alpen. Auf der Alpensüdseite und auf dem Balkan leben weitere, nah verwandte Unterarten in teilweise nur kleinen und isolierten Populationen. Nach dem derzeit akzeptierten phylogenetischen Artkonzept handelt es sich bei ihnen um eigenständige Arten. Die Lebensweise älterer Strömer ist geprägt von wechselseitigen Auf- und Abflüssen in strömungsreichen Nahrungsgründen und deutlich strömungsärmeren Ruhezeiten, die sich meist in tiefen Auskolkungen oder ähnlichen Strukturen befinden (Abb. 2.59). Die Jungfische benötigen flachere Bereiche mit nicht zu starker Strömung und besiedeln deshalb auch gerne Grabensysteme und andere langsam

fließende Gerinne in großer Zahl, sofern diese an die Hauptlebensräume angebunden und mit ausreichend sauerstoffreichem Wasser versorgt sind.

Während ihrer aktiven Phase im Frühjahr, Sommer und Herbst finden sich Strömer meist nur zu kleineren Trupps zusammen. In ihren Winterquartieren werden sie dagegen oftmals in Schwärmen angetroffen, die aus Hunderten von Individuen bestehen. Das ganze Jahr über vergesellschaftet sich der nur selten über 20 Zentimeter messende Fisch überdies gerne mit anderen Cyprinidenarten von ähnlicher Größe wie beispielsweise dem Schneider oder der Hasel. Strömer ernähren sich vor allem von Wirbellosen, die sie aus der Drift erbeuten, auf der Gewässersohle aufstöbern oder von der Wasseroberfläche aufnehmen.

Das Verbreitungsgebiet des Strömers in Baden-Württemberg ist im Laufe des 20. Jahrhunderts stark zusammengeschmolzen. Seine heutigen Vorkommen weisen nur noch im östlichen Bodenseesystem eine halbwegs geschlossene Besiedlungsstruktur auf, im übrigen Landesgebiet sind sie dagegen stark fragmentiert. Gleich-

AUF EINEN BLICK **Strömer**

Genetische Vielfalt

- Zwei genetische Strömerlinien im Land identifiziert.
- Genetische Linien durch die Rhein-Donau-Wasserscheide getrennt.
- Vermischung beider Linien in einer Population nachgewiesen.
- Aufspaltung der Populationen links- und rechtsseitig des Neckars auf Basis der nuklearen Mikrosatelliten.

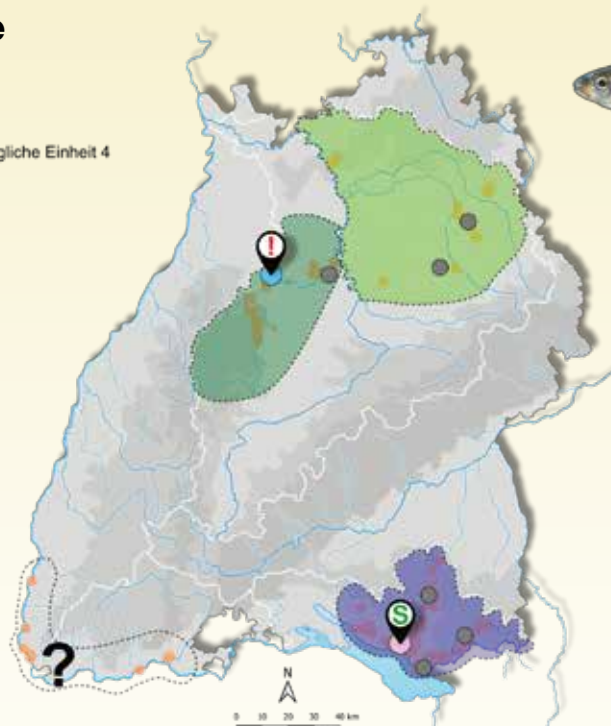
Phänotypische Vielfalt

- Klare Unterschiede in der Gestalt sowohl zwischen den Populationen als auch den identifizierten Genotypen.
- Starke größenabhängige (allometrische) Effekte bei der Art.
- Rückschluss von der Gestalt auf die Genetik scheint grundsätzlich möglich.

Handlungsempfehlungen

- Es bilden sich drei Bewirtschaftungseinheiten für den Strömer.
- Populationen mit gemischten genetischen Linien sollten für Besatzzwecke nicht genutzt werden (Erlenbach).
- Besonderer Schutz der Populationen aus der Rotach aufgrund einzigartiger genetischer Vielfalt.
- Der Strömer ist ganzjährig geschont (§1 Abs. 2 LFischVO), daher bedarf jeglicher Besatz der Genehmigung der Fischereibehörde (§8 Abs. 3 LFischVO).
- Keine genetischen Informationen für das Hochrhein- und das südliche Oberrheingebiet, einzigartige Vielfalt wird jedoch erwartet.

Übersichtskarte



Symbole

- Untersuchte Populationen
- ! Genetische Vermischung nachgewiesen, nicht als Spenderpopulation verwenden
- S Besonders schützenswert aufgrund einzigartiger genetischer Vielfalt
- ? Keine genetischen Informationen
- Verbreitung Strömer

zeitig stellen die besiedelten Bodenseezuflüsse die letzten Refugien dar, in denen der Strömer zumindest in strukturreicheren Abschnitten noch regelmäßig häufiger nachgewiesen wird. Trotz der insgesamt kritischen Gesamtsituation zeigten sich die verbliebenen Strömerbestände in den zurückliegenden zwei Jahrzehnten vergleichsweise stabil. Im Neckarsystem konnten dabei im Zuge von Untersuchungen zum FFH-Monitoring insbesondere die Kenntnisse zu den Vorkommen verbessert und in der Konsequenz sogar einige weitere Restbestände wiederentdeckt werden.

Erfreulich ist auch der Trend im Restrhein, wo sich die Nachweise von Strömern seit einigen Jahren verstetigten. Die Entwicklung lässt sich mit der Neuansbindung der Kander in Verbindung bringen, die dadurch als Lebensraum für Strömer erschlossen wurde. Beobachtungen deuten ferner darauf hin, dass durch die Maßnahme auch ein funktionsfähiges Laichhabitat im Mündungsbereich der Kander geschaffen wurde. Es bleibt allerdings abzuwarten, ob es zu einer nachhaltigen Erholung des Strömerbestands im Restrhein kommt. Abzuwarten bleibt auch, wie sich die Strömerbestände in den Flüssen entwickeln werden, die durch die fortschreitende Klimakrise in zunehmender Regelmäßigkeit von längeren Niedrigwasserständen betrof-

fen sind. Es ist zu befürchten, dass Teilbestände oder ganze Populationen unwiderruflich verloren gehen. Generell werden die Anzahl und Ausdehnung der geeigneten Siedlungsareale des Strömers im Zuge der Klimakrise deutlichen Veränderungen unterworfen sein.

Der starke Rückgang der baden-württembergischen Strömervorkommen vollzog sich sehr wahrscheinlich bereits im ersten Drittel des 20. Jahrhunderts. Er war die Folge von Einleitungen, naturfernen Ausbaumaßnahmen und Querverbau, denen ein Großteil der betreffenden Lebensräume in immer stärkerem Maße unterlag. Im Ballungsraum Stuttgart, dessen Fließgewässernetz ursprünglich zu den Hauptverbreitungsgebieten des Strömers gehörte, waren die resultierenden Beeinträchtigungen und Strukturverluste naturgemäß besonders gravierend. Sie konnten bis heute nicht ausreichend minimiert werden. Restvorkommen des Strömers konnten sich deshalb fast ausschließlich in Fließgewässern ländlicher Regionen halten, die von den genannten Einflüssen weniger stark betroffen waren.

Diese Bestände sind außerhalb des Bodenseegebiets allerdings durchweg isoliert, von kleinräumiger Ausdehnung und dürften teilweise bereits eine kritische Individuenzahl erreicht haben. Hierdurch entstehen zusätzliche Gefährdungsrisiken, da schon kurzfristig wirksame



Abb. 2.59: Während der Sommermonate liebt und benötigt der Strömer Verstecke aus Pflanzen, Wurzeln oder Vertiefungen im Fließgewässer (Gumpen). Die gesellige Art kann aber auch regelmäßig zusammen mit anderen Fischarten angetroffen werden. Aufgrund seiner geringen Größe wird der Strömer dadurch leicht mit anderen karpfenartigen Fischen verwechselt. Im Winter sammelt er sich in sogenannten Winterquartieren. Dort harrt der Strömer zu Hunderten während der kalten Jahreszeit aus.

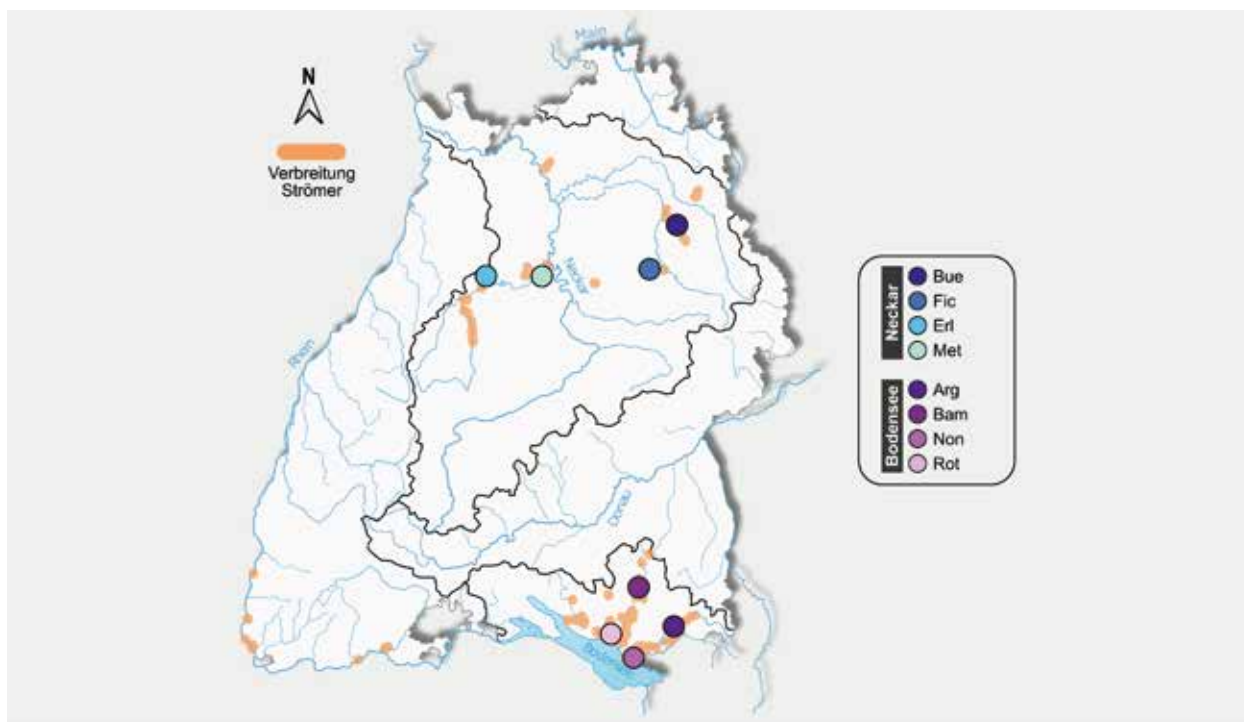


Abb. 2.60: Übersicht zur Lage der einzelnen Probenahmestellen für die genetische und morphometrische Analyse des Strömers. Jede beprobte Population ist durch ihre Farbe und die Abkürzung des Gewässernamens eindeutig identifizierbar. Details zu den beprobten Gewässerabschnitten finden sich in Tabelle 2.12.

Tab. 2.12: Übersicht zu den untersuchten Populationen des Strömers in Baden-Württemberg.

Einzugsgebiet	Gewässer	Abkürzung	n	Nassgewicht [g]	Totallänge [cm]
Neckar	Bühler	Bue	25	$18,8 \pm 12,0$	$12,9 \pm 3,3$
	Erlenbach	Erl	26	$14,5 \pm 4,8$	$12,9 \pm 1,3$
	Fichtenberger Rot	Fic	26	$37,7 \pm 14,2$	$16,4 \pm 1,8$
	Metter	Met	26	$13,2 \pm 3$	$12,6 \pm 0,9$
Bodensee	Argen	Arg	26	$4,0 \pm 3,3$	$7,7 \pm 2,1$
	Bampfen	Bam	26	$18,5 \pm 12,1$	$13,0 \pm 2,9$
	Nonnenbach	Non	7	$13,7 \pm 18,4$	$10,7 \pm 3,6$
	Rotach	Rot	26	$23,2 \pm 7,5$	$14,4 \pm 1,5$

lokale Belastungen zu vollständigen Bestandsverlusten führen können, die nachfolgend nicht mehr ohne weiteres durch eine selbständige Wiederbesiedlung zu kompensieren sind. Größere Bedeutung für die Strömervorkommen im Land wird zukünftig sicherlich auch der stattfindende Klimawandel besitzen. Schon jetzt sind viele Strömerhabitate von Niedrigwasserständen oder gar Austrocknungen betroffen.

Die genetische und phänotypische Charakterisierung der heimischen Strömerbestände können nun erstmals die Vielfalt des Strömers aufzeigen. Damit bilden sie die Grundlage für zukünftige Bewirtschaftungsmaßnahmen.

Probenahme

Insgesamt wurde im Neckar- und Bodenseeeinzugsgebiet an acht Probestellen Befischungen auf Strömer durchgeführt. An einer Probestelle wurden sieben, an den restlichen Probestellen mehr als 15 Individuen gefangen (Abb. 2.60). Das Gewicht der untersuchten Strömer reichte von 0,9 bis 82,2 Gramm, die Totallängen lagen zwischen 5,4 und 21,2 Zentimetern (Tabelle 2.12).

Genetische und phänotypische Vielfalt

Bei der Betrachtung der mitochondrialen DNA wurden klare Unterschiede zwischen den Einzugsgebieten nachgewiesen (Abb. 2.61). Ein Großteil der Strömer aus dem Bodenseeeinzugsgebiet gruppierte sich zu

einem Haplotyp. Einzelne Individuen bildeten jedoch einen eigenen Haplotyp. Strömer aus dem Neckareinzugsgebiet gruppieren sich in der Regel zu zwei weiteren größeren Haplotypen, wobei auch hier einzelne Individuen einen eigenen Haplotypen bildeten. Interessanterweise besaß ein Teil der Individuen aus der Rotach einen einzigartigen Haplotypen, welcher in anderen Populationen des Bodenseeeinzugsgebiets nur sehr vereinzelt nachgewiesen wurde. Die Population aus dem Erlenbach wies eine Mischung aus zwei Haplotypen auf. Dabei war der eine Haplotyp im Neckareinzugsgebiet weit verbreitet, der andere hingegen war einzigartig, unterschied sich jedoch nur in einer Mutation von dem im Bodensee verbreiteten Haplotypen (Abb. 2.61).

Die genetische Analyse auf Basis von nuklearen Mikrosatelliten-Markern ergab erneut klare genetische Unterschiede zwischen den Strömerpopulationen aus dem Bodensee- und Neckareinzugsgebiet. Bei genauerer Betrachtung der beiden Einzugsgebiete bildete die Population aus der Rotach trotz geographischer Nähe zu anderen Populationen im Bodenseeeinzugsgebiet einen eigenen Genotyp (Abb. 2.62). Im Neckareinzugsgebiet konnten klare genetische Unterschiede zwischen den Populationen in den rechtsseitigen (Bühler und Fichtenberger Rot) und linksseitigen (Erlenbach und Metter) Zuflüssen des Neckars festgestellt werden. Strömer aus dem Erlenbach wiesen zudem zwei Genotypen auf, die entweder getrennt oder als Hybriden nachgewiesen werden konnten (Abb. 2.62).

Die morphometrischen Untersuchungen wurden durch einen starken allometrischen Effekt erschwert, da dieser einen signifikanten Einfluss auf die Gestalt der Strömer hatte. Dieser konnte leider nicht korrigiert werden, da er sich zwischen den einzelnen Populationen unterschied. Aber auch die Herkunft hatte einen statistisch signifikanten Einfluss. Die Ergebnisse der Diskriminanzanalyse, basierend auf den zuvor etablierten genetischen Unterschieden, zeigten klare Unterschiede in der Gestalt zwischen den Populationen aus dem Bodenseeeinzugsgebiet und den Neckarpopulationen (Abb. 2.63). Auch innerhalb des Neckareinzugsgebiets bildeten sich zwei klar abgegrenzte Gruppen zwischen den Populationen linksseitig und rechtsseitig des Neckars. Dies lässt den Schluss zu, dass die morphometrischen Unterschiede genetisch und nicht durch phänotypische Plastizität aufgrund von Umwelteinflüssen entstanden sind. Es ist damit grundsätzlich möglich, über die Gestalt der Strömer auf die genetische Herkunft zu schließen. Der Einfluss der Größe der Fische muss jedoch dabei berücksichtigt werden.

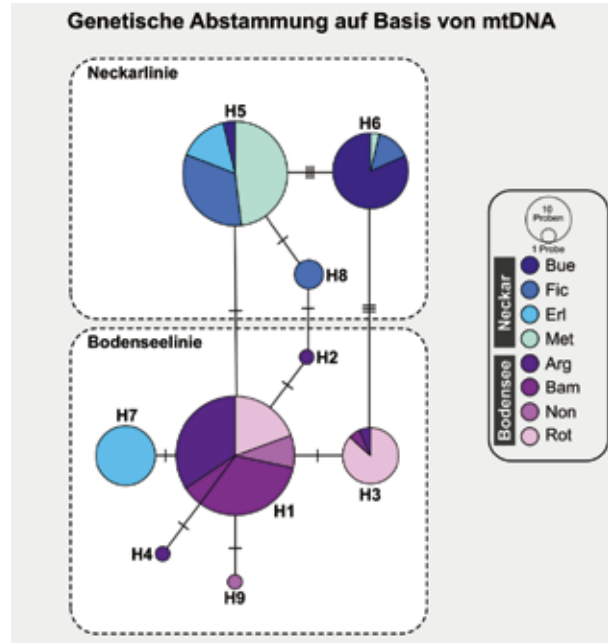


Abb. 2.61: Darstellung eines Haplotypen-Netzwerks für den Strömer, welches alle untersuchten Individuen einzelnen identifizierten Haplotypen zuordnet. Die Analyse basiert auf den untersuchten mitochondrialen DNA (mtDNA). Unterschiede in der genetischen Sequenz zwischen den Haplotypen sind durch Querstriche auf den Verbindungslinien angedeutet. Die Herkunft der zugeordneten Individuen ist farblich markiert.

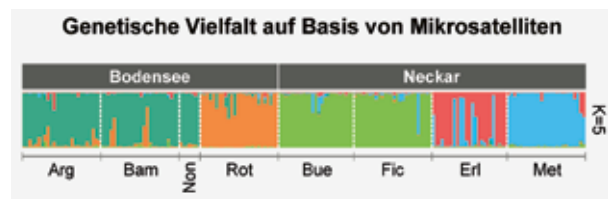


Abb. 2.62: Darstellung der Ergebnisse der *Structure* Analyse für den Strömer mit der berechneten optimalen Anzahl genetischer Gruppen (K). Die Analyse basiert auf den untersuchten nuklearen Mikrosatelliten. Die Zugehörigkeit der untersuchten Individuen zu den einzelnen genetischen Gruppen ist farblich markiert.

Bewirtschaftungseinheiten und Handlungsempfehlungen

In Baden-Württemberg scheint das inselartige Vorkommen des Strömers zu genetisch und phänotypisch einzigartigen Populationen geführt zu haben. Auf Basis der genetischen und morphometrischen Ergebnisse ist beim Strömer eine Einteilung der untersuchten Bestände in drei Bewirtschaftungseinheiten möglich. Die erste Einheit umfasst die Populationen aus dem Bodenseeeinzugsgebiet. Besonders schützenswert ist dabei die Population aus der Rotach (Abb. 2.64), da diese eine einzigartige genetische Vielfalt aufweist. Weitere Untersuchungen müssen klären, ob die genetische Isolierung dieses Bestandes auf anthropogene Einflussfaktoren wie etwa die Fragmentierung des Gewässers durch Querbauwerke

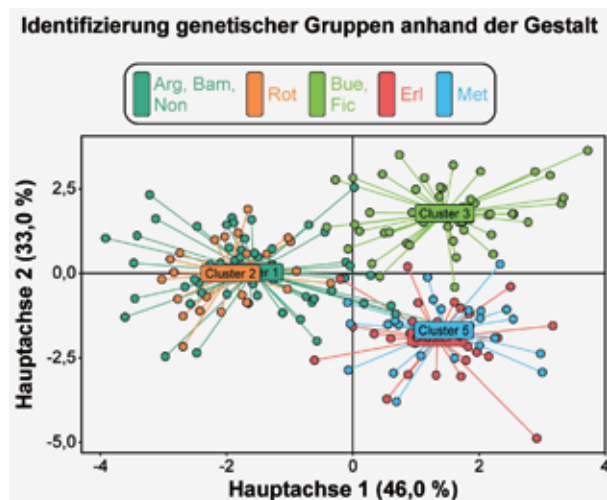


Abb. 2.63: Darstellung der Ergebnisse der Diskriminanzanalyse für den Strömer in einem Streudiagramm. Die Analyse basiert auf den morphometrischen Messungen. Die Gruppenzuordnung wurde von den zuvor etablierten genetischen Gruppen (das heißt: Cluster) abgeleitet. Die einzelnen Gruppen sind unterschiedlich gefärbt. Der Prozentsatz der Variation, der von jeder Achse des Diagramms ausgeht, ist in Klammern mit der Achsenbeschriftung dargestellt.

zurückzuführen sind. Die beiden anderen Einheiten bilden jeweils die Populationen links- und rechtseitig des Neckars. Hier sollten Individuen aus dem Erlenbach, einem linksseitigen Neckarzufluss, vorerst nicht für Wiederansiedlungsmaßnahmen genutzt werden. Unklar ist nämlich, ob es hier zu einer Vermischung von Strömerlinien aus den beiden Einzugsgebieten gekommen ist. Regelmäßig bewirken bei Fischen gut gemeinte Wiederansiedlungsmaßnahmen eine Vermischung von ehemals natürlich getrennten Beständen, was häufig zum Verlust

der genetischen Vielfalt führt und die Resilienz einer Art bedroht. Gewässerbewirtschafteter sollten daher bei Besatzmaßnahmen mit Strömern zukünftig unbedingt die vorliegenden Bewirtschaftungseinheiten berücksichtigen. Ist unklar, zu welcher Bewirtschaftungseinheit ein Strömerbestand gehört, so können morphometrische Untersuchungen eine Zuordnung unterstützen.

Grundsätzlich sollte der Schutz des Strömers landesweit weiter vorangetrieben werden. Der Strömer ist heute vor allem aufgrund des menschlichen Einflusses auf die Gewässer und durch die Folgen des Klimawandels stark gefährdet. In Deutschland ist die Bestandssituation als kritisch anzusehen, da außer an zwei Stellen in Bayern nur noch in Baden-Württemberg stabile Bestände zu finden sind. Aber auch hier verschärft sich die Situation zunehmend, da trotz leichter Zunahme an Nachweisen der Strömer nur inselartig vorkommt.

Erfreulicherweise konnten im Nonnenbach, der aufgrund des Hitzesommers 2018 teilweise komplett austrocknete, noch einzelne Strömer nachgewiesen werden. Die sich zuspitzende Klimakrise wird aber sicherlich die Situation beim Strömer weiter verschärfen. In der neuen Roten Liste Deutschlands wird der Strömer daher derzeit als „vom Aussterben bedroht“ eingestuft. Bei der letzten Aktualisierung der Roten Liste 2009 wurde er noch zwei Gefährdungskategorien geringer gelistet, also nur als „gefährdet“. Für das Hochrhein- und das südliche Oberrheingebiet, in denen in den letzten Jahren nur noch einzelne Strömer nachgewiesen werden konnten, gibt es aktuell keine genetischen Informationen. Basierend auf den aktuellen Ergebnissen kann jedoch davon ausgegangen werden, dass auch hier sich ein eigenständiger Genotyp entstanden ist.

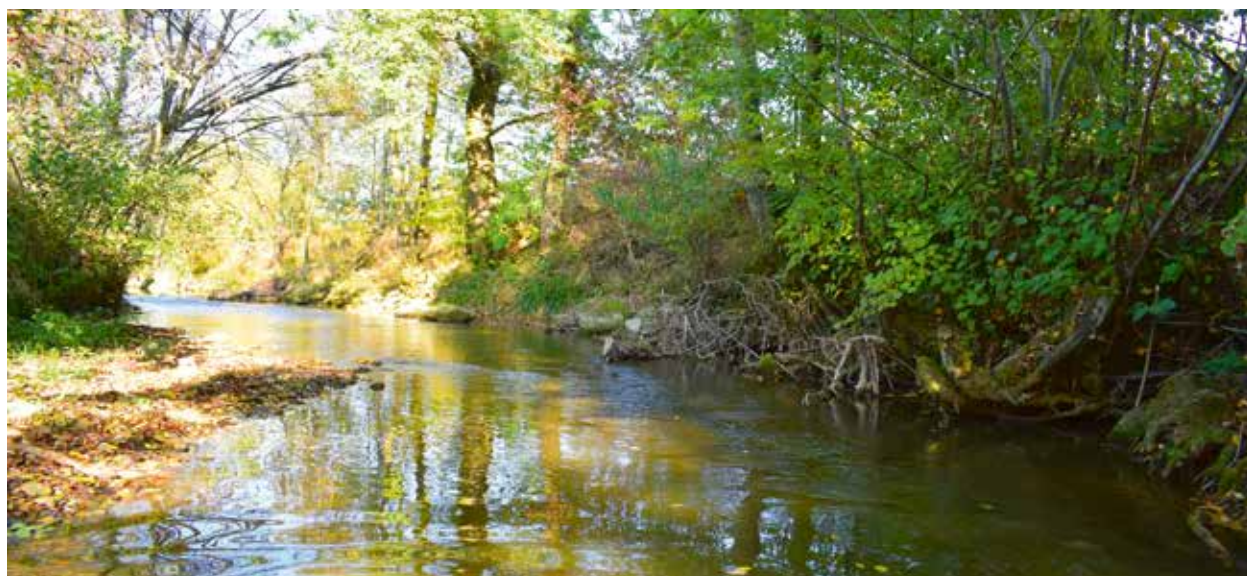


Abb. 2.64: In der Rotach, einem Zufluss des Bodensees, findet der Strömer noch einen naturnahen Lebensraum vor. Der Fluss ist geprägt durch strömungsreiche Bereiche, Ruhezone und zahlreiche Unterstände. Aufgrund der einzigartigen genetischen Vielfalt ist der Strömerbestand in der Rotach als besonders schützenswert einzuordnen.



Steinkrebs (*Austropotamobius torrentium*)

Verbreitung und Gefährdung

Steinkrebse waren wirtschaftlich unbedeutend und wurden kaum besetzt. Die aktuelle Verbreitung wird daher als ursprünglich betrachtet. Die Art kommt im gesamten Donausystem bis Rumänien, auf der Balkanhalbinsel von Slowenien bis Griechenland und im oberen und mittleren Rheinsystem einschließlich des Mains und der Mosel vor. Die nördlichsten Nachweise im Rheinsystem stammen aus dem Siebengebirge in Nordrhein-Westfalen. Jüngere Funde in Tschechien und Sachsen sprechen dafür, dass der Steinkrebs auch Teile des südlichen Elbesystems natürlicherweise besiedelt hat. Er wurde kürzlich auch von zwei Fundorten aus dem Einzugsgebiet des Marmarameeres im europäischen Teil der Türkei beschrieben, wo er natürlicherweise vorkommt. Der Steinkrebs besiedelt in Mitteleuropa überwiegend sommerkühle, saubere Fließgewässer mit steinigem Substrat, in größeren Höhenlagen aber auch Uferzonen stehender Gewässer. Die Temperaturen seiner Wohngewässer liegen auch im Sommer oft deutlich unter 20 °C, wobei aber kurzfristige Temperaturspitzen bis 25 °C ertragen

werden. In Südosteuropa wie in Montenegro kann man ihn auch in größeren, naturbelassenen und unbelasteten Flüssen finden. In Baden-Württemberg besiedelt der Steinkrebs typischerweise kleinere, strukturreiche Fließgewässer und Gewässeroberläufe mit guter bis sehr guter Wasserqualität in Höhenlagen zwischen 160 und 700 Metern ü. NN. Von diesem Lebensraum leitet sich der Name „Bachkreb“ ab.

Daneben war der Steinkrebs früher bei uns auch vereinzelt in Flüssen bis etwa 15 Metern Breite zu finden. Auch im Bodensee war er im Uferbereich nahe der Mündung einiger Zuflüsse und im Konstanzer Trichter verbreitet. Viele Nachweise aus größeren Fließgewässern konnten in den letzten Jahren aber nicht mehr bestätigt werden. Auch aus dem Bodensee existieren auf baden-württembergischer Seite kaum noch aktuelle Nachweise. Das Vorkommen im Bereich des Konstanzer Trichters ist sehr wahrscheinlich durch einen Ausbruch der Krebspest erloschen, deren Erreger durch Kamberekrebse eingeschleppt wurde. Steinkrebse kommen in Fließgewässern oft in geringem Abstand zur Quelle vor und ver-

AUF EINEN BLICK **Steinkrebs**

Genetische Vielfalt

- Geringe genetische Vielfalt auf Basis der mitochondrialen DNA.
- Mischung verschiedener Genotypen unabhängig vom Einzugsgebiet im Hinblick auf die nuklearen Mikrosatelliten.
- Stärkste genetische Unterschiede zwischen den beiden untersuchten Populationen im Rheingebiet.

Phänotypische Vielfalt

- Keine klaren Unterschiede in Gestalt und Farbe zwischen den Populationen.
- Einflüsse von Umweltfaktoren auf die Gestalt sind wahrscheinlich.
- Ein verlässlicher Rückschluss von Gestalt auf Genetik ist nicht möglich.

Handlungsempfehlungen

- Keine Bildung von Bewirtschaftungseinheiten darstellbar.
- Hinweise auf Fragmentierungseffekte in einzelnen Beständen, jedoch keine Hinweise auf Besatzeffekte.
- Fehlende genetische Informationen für das südliche Neckargebiet und nördliche Donauegebiet.
- Nutzung von lokalen Beständen für Besatzmaßnahmen empfohlen (zum Beispiel durch das Umsetzen von eiertragenden Weibchen).
- Die Nutzung von Besatzmaterial aus anderen Regionen muss unbedingt mit den Behörden abgestimmt werden.
- Aufgrund der prekären Situation beim Steinkrebs sind alle bekannten Bestände unbedingt schützenswert.

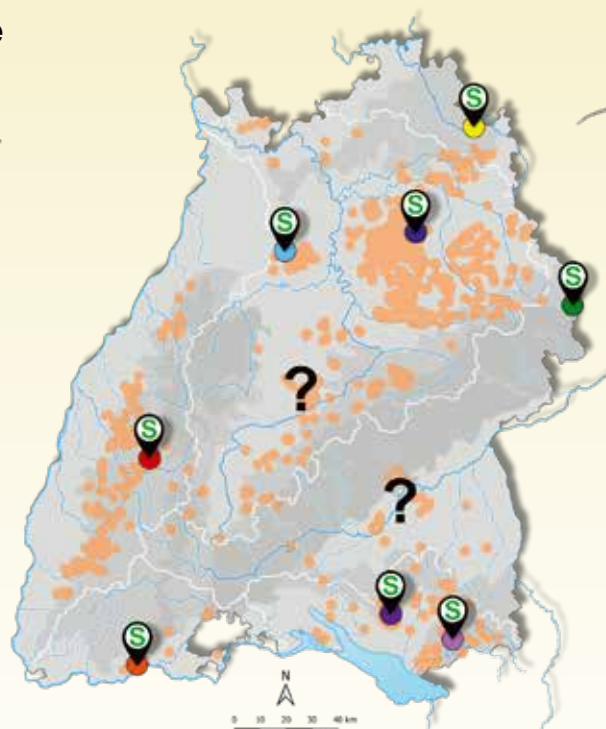
Übersichtskarte

Bewirtschaftungseinheiten

Keine Bildung von Bewirtschaftungseinheiten möglich. Lokale Bestände sollten für Maßnahmen genutzt werden.

Besondere Populationen

- Gelbach
- Schürlebach
- Ohm
- Zaber
- Goldbach
- Rotach
- Tobelbach
- Vorbach



Symbole

- Untersuchte Populationen
- Besonders schützenswert aufgrund extremer Gefährdung durch invasive Arten, Klimakrise und weitere menschliche Einflüsse
- ? Keine genetischen Informationen
- Verbreitung Steinkrebs

schwinden meist abrupt mit den ersten angrenzenden Siedlungen oder intensiv genutzten landwirtschaftlichen Flächen.

Der Steinkrebs ist wie alle Flusskrebse überwiegend nachtaktiv und hält sich tagsüber in bereits vorhandenen oder selbstgegrabenen Verstecken auf. Dabei werden sowohl locker aufliegende Steine am Gewässergrund als auch überhängende Uferbereiche und Wurzelgeflechte genutzt. Die Größe eines Verstecks korreliert mit der Größe des bewohnenden Krebses, so dass sich große Tiere häufig unter großen Steinen zurückziehen. In geeignetem Substrat können Steinkrebse verzweigte Gangsysteme graben und sogenannte „Krebsburgen“ anlegen. Im Winterhalbjahr graben sich die Tiere häufig tief in die Uferböschung oder den Gewässergrund ein und verlassen diese Verstecke erst wieder im Frühjahr. In dieser Zeit kann man Steinkrebse auch paarweise in den Verstecken antreffen (Abb. 2.65). Steinkrebse werden meistens erst im dritten Lebensjahr geschlechtsreif und können bis zehn Jahre alt werden. Die Weibchen tragen verhältnismäßig wenige große Eier – an größeren Tieren können bis zu 120 Eier gefunden werden. Die Jungtiere schlüpfen im Mai oder Juni.

Der Steinkrebs kommt in Baden-Württemberg besonders im Schwarzwald und im Alpenvorland in Ober-

schwaben sowie im Bereich des Schwäbisch-Fränkischen Waldes und des Hohenloher Landes vor. Auch im Albvorland und im Schönbuch südlich und nördlich des oberen Neckars sind Verbreitungszentren vorhanden. In den letzten Jahren sind regional zahlreiche Populationen erloschen. Die vorhandenen Bestände sind meist klein und isoliert und gelten daher als stark gefährdet. Der Steinkrebs ist deshalb in der Roten Liste in der Kategorie 2 eingestuft.

Wie alle heimischen Krebsarten sind auch die Bestände des Steinkrebsses heute durch eine Vielzahl von Einflüssen gefährdet. Aufgrund der hohen Nutzungsansprüche des Steinkrebsses führen unter anderem wasserbauliche Maßnahmen, Gewässerverschmutzungen und die Austrocknung von Gewässern zum Verlust vieler natürlicher Lebensräume. Auch die Ausbreitung von nicht heimischen und meist invasiven Krebsarten verdrängt den Steinkrebs zunehmend aufgrund von interspezifischer Konkurrenz aus seinem ursprünglichen Verbreitungsgebiet. Hinzu kommt, dass invasive Arten wie beispielsweise der Signalkrebs Überträger der Krebspest sind. Eine Infektion der heimischen Krebsarten bedeutet meist die unmittelbare vollständige Auslöschung des Bestandes, da diese keinerlei Abwehrmechanismen entwickelt haben. Neben der Wiederherstellung von Le-



Abb. 2.65: Mit maximal neun Zentimetern ist der Steinkrebs die kleinste europäische Flusskrebse. Er besitzt wie die meisten Flusskrebse kräftige Scheren, die besonders bei den Männchen eindrucksvoll ausgeprägt sind. Anders als vielleicht vermutet, werden sie aber kaum zum Beuteerwerb eingesetzt. Sie dienen vielmehr als Waffe bei innerartlichen Streitigkeiten, zum Graben oder zur Abwehr von Fressfeinden.

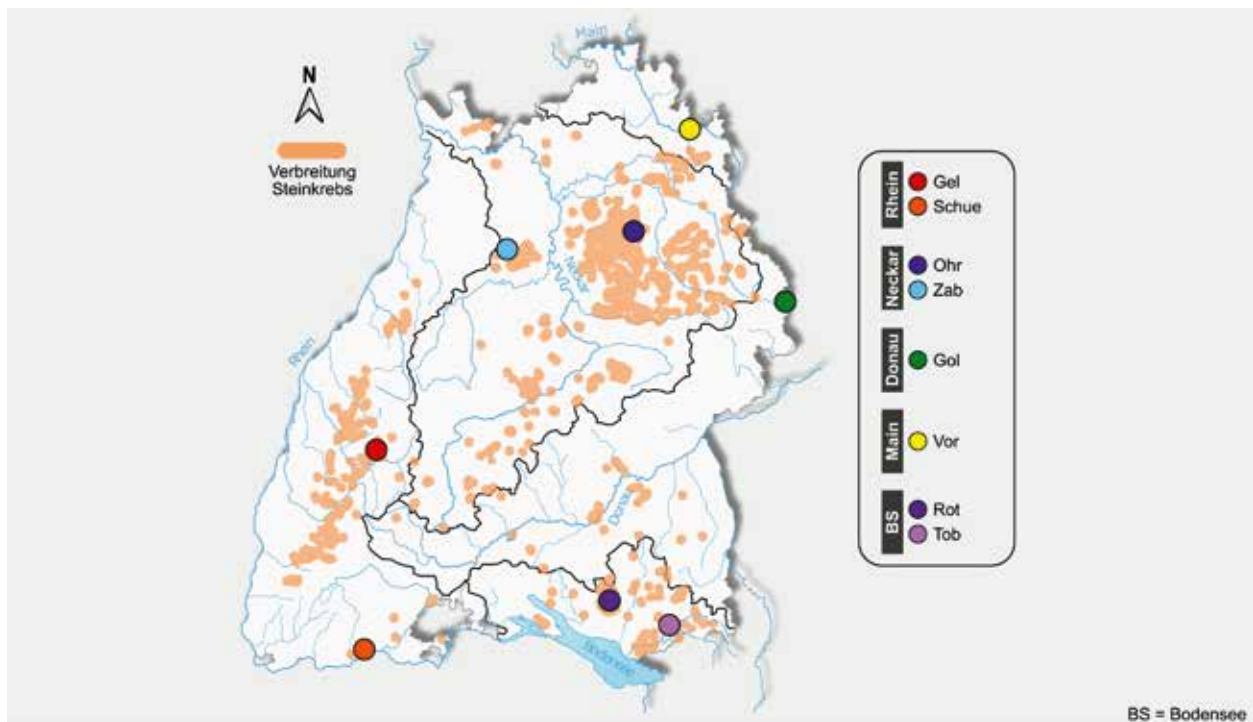


Abb. 2.66: Übersicht zur Lage der einzelnen Probenahmestellen für die genetische und morphometrische Analyse des Steinkrebse. Jede beprobte Population ist durch ihre Farbe und die Abkürzung des Gewässernamens eindeutig identifizierbar. Details zu den beprobten Gewässerabschnitten finden sich in Tabelle 2.13.

Tab. 2.13: Übersicht zu den untersuchten Populationen des Steinkrebse in Baden-Württemberg.

Einzugsgebiet	Gewässer	Abkürzung	n	Totallänge [cm]
Rhein	Gelbach	Gel	22	7,3 ± 0,8
	Schürlebach	Schue	22	6,6 ± 0,6
Neckar	Ohrn	Ohr	13	6,8 ± 0,5
	Zaber	Zab	25	7,1 ± 0,9
Main	Vorbach	Vor	22	6,9 ± 0,6
Donau	Goldbach	Gol	25	6,7 ± 0,5
Bodensee	Rotach	Rot	25	6,8 ± 0,5
	Tobelbach	Tob	25	7,5 ± 0,9

bensräumen und der Krebspestprophylaxe ist die Wiederansiedlung von Steinkrebsen in geeignete Gewässer eine weitere Möglichkeit zum Schutz der Art.

Bisher gibt es jedoch keinerlei Informationen über die genetische und phänotypische Vielfalt des Steinkrebse in Baden-Württemberg. So ist zum Beispiel unklar, ob sich Steinkrebse aus dem Bodenseeraum von ihren verwandten Vertretern aus dem Hochrheingebiet unterscheiden oder ob Besatzeinflüsse bereits zu einer Verschmelzung ehemals getrennter Populationen geführt haben. Über die Untersuchung ausgewählter Steinkrebsbestände können hier wichtige Grundlagen beispielsweise für Wiederbesiedlungsprojekte erarbeitet werden.

Probenahme

Insgesamt wurde an neun Probestellen Befischungen auf Steinkrebse durchgeführt. An einer Probestelle wurden keine, an den restlichen Probestellen mindestens 15 Individuen gefangen (Abb. 2.66). Die Totallänge der untersuchten Steinkrebse reichte von 5,6 bis 9,2 Zentimetern (Tabelle 2.13).

Genetische und phänotypische Vielfalt

Die genetische Analyse auf Basis der mitochondrialen DNA konnte einen dominanten Haplotypen identifizieren, der in allen untersuchten Steinkrebspopulationen vertreten war (Abb. 2.67). Nur vereinzelt wiesen

Individuen einen einzigartigen Haplotypen auf. Auch die Analyse der nuklearen Mikrosatelliten-Marker zeigte eher geringe genetische Unterschiede zwischen den untersuchten Populationen (Abb. 2.68). Vor allem die Populationen aus dem Donau- und Bodenseeeinzugsgebiet bildeten mehr oder weniger eine Gruppe, wobei eine Mischung aus mehreren Genotypen beobachtet werden konnte. Auffallend war jedoch der klare genetische Unterschied der Populationen aus dem Schürlebach (Hochrheingebiet) und dem Gelbach (Oberrheingebiet), trotz Zugehörigkeit zum selben Einzugsgebiet (Rhein) und eher geringer Fließgewässerdistanz.

Für eine morphometrische Charakterisierung wurden 22 lineare Messungen durchgeführt. Wie erwartet zeigten sich klare Unterschiede zwischen den Geschlechtern, weshalb diese bei der weiteren Analyse getrennt betrachtet wurden. Bei den männlichen Steinkrebsen waren die morphologischen Unterschiede zwischen den untersuchten Populationen sehr gering. Bei den Weibchen wiesen die Populationen aus dem Goldbach und der Ohrn eine abweichende Gestalt im Vergleich zu den restlichen Populationen auf. Verantwortlich für die Unterschiede in der Gestalt zwischen den untersuchten Populationen schienen bei beiden Geschlechtern vor allem Unterschiede in der Breite und Höhe des Abdomens sowie bei der Form der Scheren zu sein. Die durchgeführte Diskriminanzanalyse auf Basis von genetischen Unterschieden zeigte keine klare Gruppenbildung (Abb. 2.69).

Bewirtschaftungseinheiten und Handlungsempfehlungen

Maßnahmen zum Schutz des Steinkrebses umfassen unter anderem die gezielte Abschottung der Lebensräume gegenüber der Einwanderung invasiver Arten durch sogenannte Krebsperren, das heißt eine absichtliche Isolation der Vorkommen sowie die Wiederansiedlung in geeigneten und geschützten Gewässern [59]. Beide Strategien erfordern Informationen über die genetische Ausstattung und deren Verbreitung im Land, um die innerartliche Vielfalt des Steinkrebses nicht zu gefährden. Generell wiesen die untersuchten Steinkrebspopulationen in Baden-Württemberg eine eher geringe genetische Vielfalt auf. Es konnte lediglich eine dominante Steinkrebslinie identifiziert werden. Ein ähnliches Bild zeigte sich bei einer Studie, welche Populationen aus Deutschland, Österreich und der Schweiz genetisch charakterisierte [60]. Damit kann davon ausgegangen werden, dass Baden-Württemberg nacheiszeitlich von einer einzelnen Steinkrebslinie besiedelt wurde. Die nuklearen Mikrosatelliten-Marker konnten regelmäßig eine Mischung aus mehreren Genotypen innerhalb einer Population finden.

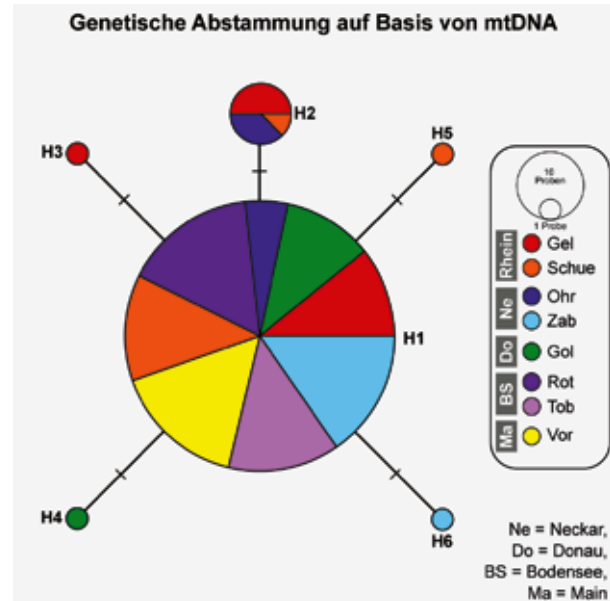


Abb. 2.67: Darstellung eines Haplotypen-Netzwerks für den Steinkrebs, welches alle untersuchten Individuen einzelnen identifizierten Haplotypen zuordnet. Die Analyse basiert auf den untersuchten mitochondrialen DNA (mtDNA). Unterschiede in der genetischen Sequenz zwischen den Haplotypen sind durch Querstriche auf den Verbindungslinien angedeutet. Die Herkunft der zugeordneten Individuen ist farblich markiert.

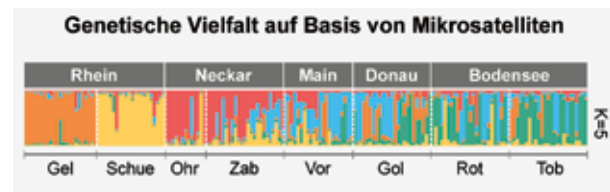


Abb. 2.68: Darstellung der Ergebnisse der Structure Analyse für den Steinkrebs mit der berechneten optimalen Anzahl genetischer Gruppen (K). Die Analyse basiert auf den untersuchten nuklearen Mikrosatelliten. Die Zugehörigkeit der untersuchten Individuen zu den einzelnen genetischen Gruppen ist farblich markiert.

Ausnahmen bildeten die Populationen aus dem Schürlebach und dem Gelbach, die sich untereinander und von anderen Populationen deutlich unterschieden. Hier scheint innerhalb des Rheineinzugsgebiets eine Barriere zu existieren, welche zu einer genetischen Diversifizierung der Steinkrebsbestände geführt hat. Möglicherweise hat eine frühe postglaziale Besiedlung des südbadischen Raums durch den Dohlenkrebs (*Austropotamobius pallipes*) eine direkte Verbindung der Steinkrebsvorkommen im Hoch- und Oberrhein verhindert. Beide Arten konkurrieren um dieselben Lebensräume und mehrere Studien sowie die rezente Verbreitung deuten auf einen möglichen Konkurrenzausschluss hin, wobei der Dohlenkrebs dominant zu sein scheint (abgesehen von sehr quellenahen Gewässerstrecken).

Auf Basis der genetischen Ergebnisse konnten für den Steinkrebs keine Bewirtschaftungseinheiten defi-

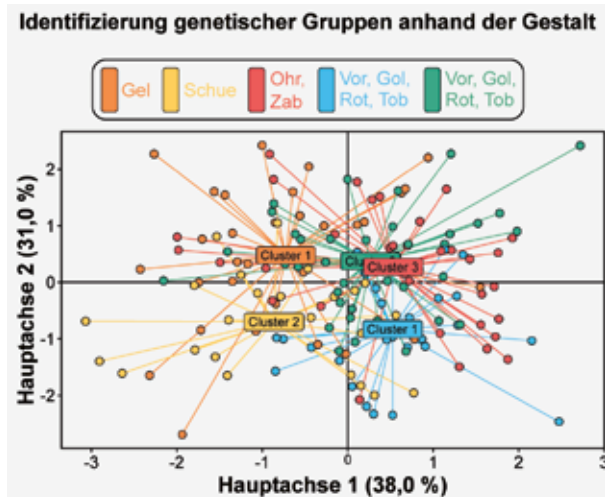


Abb. 2.69: Darstellung der Ergebnisse der Diskriminanzanalyse für den Steinkrebs in einem Streudiagramm. Die Analyse basiert auf den morphometrischen Messungen. Die Gruppenzuordnung wurde von den zuvor etablierten genetischen Gruppen (das heißt: Cluster) abgeleitet. Die einzelnen Gruppen sind unterschiedlich gefärbt. Der Prozentsatz der Variation, der von jeder Achse des Diagramms ausgeht, ist in Klammern mit der Achsenbeschriftung dargestellt.

niert werden. Es wird daher, wenn möglich, die Nutzung von lokalen Beständen für Besatzmaßnahmen empfohlen. Eine Möglichkeit dazu ist zum Beispiel das Umsetzen von eiertragenden Weibchen. Jedoch müssen einige Voraussetzungen vor der Durchführung von Besatzmaßnahmen beachtet werden. Detaillierte Informationen dazu finden sich im Leitfaden „Der Schutz der

Flusskrebse“ des Ministeriums für Ländlichen Raum und Verbraucherschutz Baden-Württemberg [59]. Sind keine lokalen Bestände verfügbar, so muss die Nutzung von Besatzmaterial aus anderen Regionen unbedingt mit den Behörden abgestimmt und die Maßnahme wissenschaftlich begleitet werden. Aktuell laufende wissenschaftliche Untersuchungen und Schutzprojekte können möglicherweise weiterführende Informationen zur genetischen Struktur und Vielfalt der heimischen Krebse.

Die morphometrische Analyse ergab starke Unterschiede in der Gestalt zwischen den Geschlechtern, aber nur geringe Unterschiede zwischen den Populationen. Ähnliche Ergebnisse wurden bereits in einer Studie aus Österreich gefunden. Es ist jedoch bekannt, dass Krebse eine große phänotypische Plastizität aufweisen, wobei auch Umwelteinflüsse eine wichtige Rolle spielen können. In diese Richtung deutet auch der Befund, dass sich die (wenigen) vorgefundenen morphometrischen Unterschiede nicht mit genetischen Differenzierungen in Deckung bringen lassen und daher nicht für die Identifizierung von genetischen Gruppen geeignet sind.

Unabhängig von den aktuellen Ergebnissen gilt für alle noch intakten Steinkrebsbestände ein besonderer Schutz. Die Art ist durch nicht heimische Krebsarten extrem gefährdet (Abb. 2.70). Zusammen mit naturfernem Gewässerverbau, Schad- und Nährstoffeinträgen sowie zunehmend auch der Klimakrise kommt es landesweit zu einer drastisch, fortschreitenden Bestandserosion des Steinkrebsses.



Abb. 2.70: Wie alle heimischen Flusskrebse ist der Steinkrebs vor allem durch invasive nordamerikanische Krebsarten und die von diesen übertragene Krebspest bedroht. Die invasiven Arten, allen voran der Signalkrebs, sind aggressiver und immun gegen den pilzähnlichen Erreger. Wo sie sich ausbreiten, verschwindet der Steinkrebs.



3. Einfluss der Wirtsfischdiversität auf die Bachmuschel

3.1. Muschel und Fisch – eine notwendige Beziehung

Die Bachmuschel (*Unio crassus*) war ursprünglich die häufigste Großmuschelart in den baden-württembergischen Fließgewässern. Ihr Verbreitungsschwerpunkt liegt in der Oberrheinebene und im Alpenvorland. Dort besiedelt sie schmale Gräben und kleine Bäche, kann aber auch an den Gewässerrändern von größeren Flüssen vorkommen. Bachmuscheln benötigen eine gute Wasserqualität und sauerstoffreiches Wasser. Zudem muss das Sohlsubstrat sandig oder feinkiesig und gut durchströmt sein. Als Filtrierer ernährt sie sich von suspendiertem organischem Material.

Bachmuscheln besitzen einen komplexen Lebenszyklus (Abb. 3.1): Zur Fortpflanzung nehmen die Weibchen der Bachmuschel im Frühling die Spermien der Männchen über das Atemwasser auf. Die in den Kiemen gelagerten Eier werden dadurch befruchtet. Die geschlüpften Muschellarven, auch Glochidien genannt, werden ins Wasser abgegeben und müssen dort innerhalb weniger Tage einen geeigneten Wirt finden. Als Wirt kommen verschiedene Fischarten in Frage: Döbel, Elritze, Groppe und Stichling sind sehr gut für die Entwicklung der Glochidien geeignet und gelten daher als primäre Wirtsarten (Abb. 3.2). Arten wie Bachforelle, Barsch, Blaubandbärbling, Hasel, Rotaugen und Schneider können grundsätzlich auch als Wirt genutzt werden, werden aber als Sekundärwirte angesehen [1]. Die Glochidien parasitieren an den Kiemen der Fische und reifen dort zur Jungmuschel heran. Nach etwa einem Monat sind die jungen Bachmuscheln in der Lage, selbstständig zu filtrieren. Sie graben sich für mehrere Jahre in feines Sediment ein. Anschließend leben sie nah an der Oberfläche des Gewässerbodens, wobei meist nur die Atemöffnung sichtbar ist. Bachmuscheln sind nach etwa drei bis vier Jahren geschlechtsreif.

Infolge massiver Bestandsrückgänge ist die Bachmuschel inzwischen akut vom Aussterben bedroht. Neben

mangelnder Wasserqualität, dem naturfernen Ausbau der Gewässer und dem Klimawandel gilt der Rückgang der lokalen Wirtsfischbestände als eine der wichtigsten Gefährdungsursachen. Jüngere Untersuchungen in Bayern konnten den entscheidenden Einfluss der lokalen Fischfauna auf funktionierende Bachmuschelvorkommen aufzeigen. Insbesondere wenn die Dichte primärer Wirtsfischarten hoch ist, wirkt sich dies positiv auf die erfolgreiche Rekrutierung von Bachmuscheln aus [2]. Vergleichbare systematische Untersuchungen existierten in Baden-Württemberg bislang nicht. Dieses Wissensdefizit verhindert, dass wirksame Schutzkonzepte entwickelt werden, insbesondere da die Bedeutung verschiedener Wirtsfischarten regional variiert. Um sich der Thematik anzunähern, werden neben Daten zur Fischfauna auch detaillierte Informationen zu den Muschelbeständen wie zum Beispiel Altersaufbau, Bestands- und Dichteabschätzung benötigt. Mit dem gewonnenen Wissen können praxisnahe Empfehlungen zur fisch-

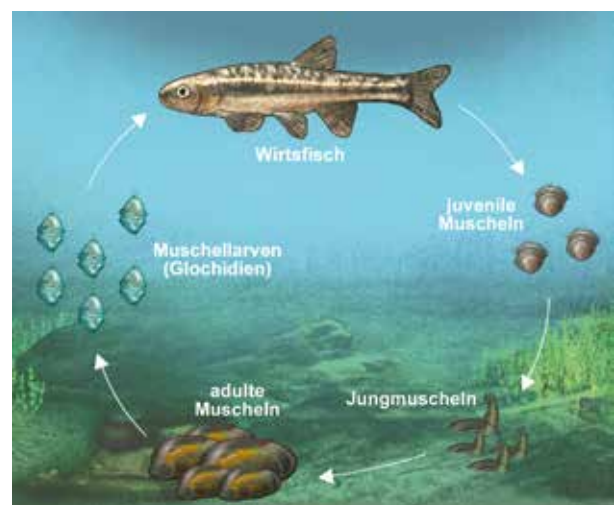


Abb. 3.1: Der Lebenszyklus der Bachmuschel ist komplex und umfasst ein parasitäres Stadium, wobei die Muschellarven (Glochidien) als Parasiten an den Kiemen verschiedener Fischarten schmarotzen.

ökologischen Aufwertung defizitärer Muschelgewässer erarbeitet werden. Dadurch wird nicht nur der Erhalt vom Aussterben bedrohter Muschelbestände unterstützt, gleichzeitig kann auch ein Beitrag zum Schutz ökologisch wertvoller Kleinfischarten geleistet werden.

3.2. Methodik

Probenahme

Um den Einfluss der Wirtsfischdiversität auf die heimische Bachmuschel zu untersuchen, wurden Zusammensetzung und Dichte der Fischarten „funktionierender“ (reproduzierender) und „nicht funktionierender“ (überalterter) Bachmuschelgewässer vergleichend betrachtet (nach Stoeckl *et al.* 2015 [2]). Als „funktionierende“ Bachmuschelgewässer werden Gewässer gezählt, die eine aktive Reproduktion des Muschelbestandes mit einem Anteil juveniler Muscheln von mehr als 20 Prozent aufweisen. Für die Erhebungen zu den Bachmuschelbeständen wurden die Erfassungsgrundlagen des FFH-Monitorings genutzt. In jedem Gewässer wurden etwa 5 Prozent der besiedelten Strecken durch Transekte untersucht [3]. Auf den Transekten wurden jeweils alle lebenden Bachmuscheln mit verschiedenen verfügbaren Nachweismethoden (visuell, Abtasten des Gewässerbodens und Graben im Sediment) erfasst. Der visuelle Nachweis erfolgte durch Abschreiten des Gewässerabschnitts und die Identifikation von Muscheln mit Hilfe

eines Sichtkastens. Zudem wurde der Bodengrund an geeigneten Stellen mit den Händen abgetastet, und es wurde teilweise gezielt nach Muscheln gegraben beziehungsweise das Sediment durchsiebt. Diese Methodik stellt sicher, dass alle Individuen in einem Transekt erfasst werden. Alle festgestellten Individuen wurden vermessen und in Altersklassen eingeteilt.

Insgesamt wurden sechs Gewässer untersucht (Abb. 3.3). Um die Vergleichbarkeit zu gewährleisten, besaßen alle Gewässer eine ähnliche Ökomorphologie und wiesen eine Breite von weniger als drei Meter auf. Jedes Gewässer wurde auf Basis des FFH-Bewertungsschlüssels in Bezug auf Habitat und Beeinträchtigungen bewertet [4]. Eine Übersicht zu den einzelnen untersuchten Gewässern findet sich in Tabelle 3.1. Für die Analyse wurden zudem Daten aus acht weiteren Gewässern berücksichtigt, die im Rahmen des regulären FFH-Bachmuschelmonitorings der Landesanstalt für Umwelt Baden-Württemberg (LUBW) erhoben wurden.

Für das Wirtsfischmonitoring wurden drei Abschnitte in einem Gewässer auf jeweils mindestens 50 Meter Länge befischt, wobei sich die Probestellen jeweils innerhalb des Gewässerabschnitts für das Bachmuschelmonitoring befanden. Vor Beginn der Befischung wurden die beiden Enden der Befischungstrecken mit Netzen blockiert, um zu verhindern, dass Fische in den Abschnitt eindringen oder ihn verlassen. Anschließend wurden die Fische in zwei aufeinanderfolgenden elektrischen

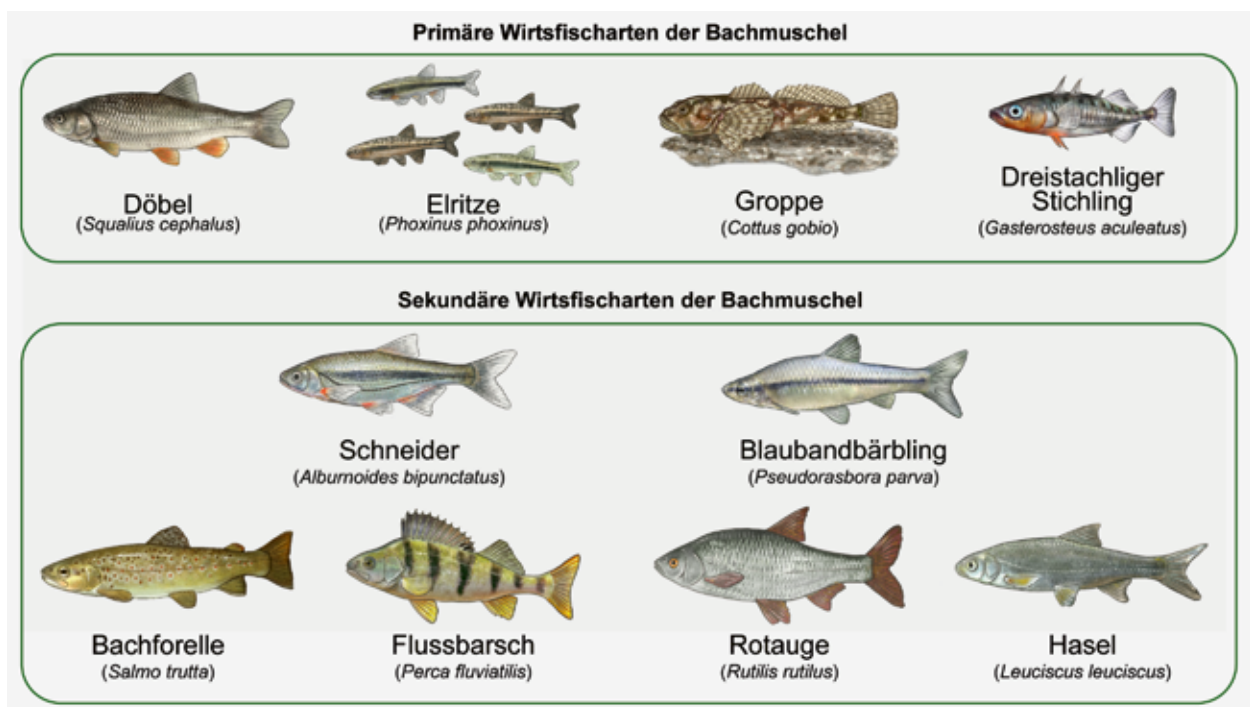


Abb. 3.2: Die Wirtsfische der Bachmuschel werden in primäre und sekundäre Arten aufgeteilt. Primäre Arten sind am besten für das Überleben der Glochidien und deren Entwicklung zur Jungmuschel geeignet. Sekundäre Wirtsarten sind grundsätzlich auch als Wirt geeignet, die Überlebensrate und das Wachstum der Muschellarven ist hier jedoch in der Regel geringer.

Befischungen entnommen (*removal capture* mit zwei Durchgängen). Gefangene Fische wurden auf Artniveau bestimmt, ihre Anzahl in Längenklassen mit 5-Zentimeter-Schritten eingeteilt und die Tiere dann in belüfteten Behältern zwischengehält. Nach Abschluss der Befischung wurden sie wieder in das Gewässer zurückgesetzt. Das Monitoring der Wirtsfischbestände fand in insgesamt 13 Gewässern statt (Tabelle 3.1). Neben den sechs Gewässern, in denen auch ein Bachmuschelmonitoring durchgeführt wurde, wurden auch sieben Gewässer aus dem regulären FFH-Monitoring der LUBW befischt. Von einem Gewässer wurden die Fischdaten von einer WRRL-Befischung abgeleitet.

Auswertung der Daten

Für jeden Muschelbestand wurden im Rahmen des Monitorings folgende Parameter erhoben: geschätzte Populationsgröße (Anzahl Individuen), Muscheldichte pro laufendem Meter, Anteil an juvenilen Bachmuscheln (in Prozent) sowie die Populationsstruktur (Altersverteilung). Die Abschätzung der Populationsgröße berücksichtigt für jedes Transekt neben der Anzahl nachgewiesener Muscheln auch die Erfassbarkeit und leitet daraus eine Schätzung für den Gesamtbestand ab. Die Muscheldichte bezieht sich auf die zusammenhängend besiedelte Strecke, das heißt: nicht besiedelte Teilstrecken wurden nicht in die Berechnung einbezogen. Als Jungtiere wurden Muscheln mit einem Alter von bis zu fünf Jahren definiert. Muscheln werden im Durchschnitt 15 bis 20 Jahre alt, können im Einzelfall aber auch deutlich länger leben [5].

Die Bachmuschelbestände wurden anschließend in die zwei Kategorien „nicht funktionierend“ und „funktionierend“ eingeteilt. Die in den Bachmuschelgewässern nachgewiesenen Fischarten wurden für die weitere Analyse in Primär- und Sekundärwirte sowie weitere Arten klassifiziert [1]. Dabei wurden nur die primären und sekundären Arten in der Analyse berücksichtigt. Für jedes Bachmuschelgewässer wurde aus den drei befischten Untersuchungsstrecken die mittlere Dichte pro Wirtsfischart berechnet (Individuen pro 100 Meter).

Für die statistische Analyse wurde die Wirtsfischdichte zwischen funktionierenden und nicht funktionierenden Bachmuschelgewässern verglichen. Ergänzend wurde der Zusammenhang von Muschel- und Wirtsfischdichte analysiert, respektive der Zusammenhang von Anteil juveniler Muscheln und Wirtsfischdichte. Auch der Einfluss der Wirtsfischvielfalt, repräsentiert durch den Shannon Index zur Messung der Diversität der Arten, auf die Bachmuschelbestände wurde untersucht. Zur besseren Annäherung an die Normalverteilungsvoraussetzung wurden die Daten vor der statistischen Analyse transformiert.

AUF EINEN BLICK

Bestandsaufnahme von Bachmuscheln

Unter strenger Beobachtung

- Die Bachmuschel gehört zu den in der FFH-Richtlinie berücksichtigten Großmuschelarten
- Aufgrund ihrer Gefährdung müssen spezielle Schutzgebiete ausgewiesen werden
- Die Bestandsentwicklung im Land muss regelmäßig untersucht und bewertet werden.

Überraschend agil

- Bachmuscheln verbleiben nicht ihr ganzes Leben an einer Stelle, sondern bewegen sich aktiv
- Sie können auf Veränderungen im Gewässer reagieren und in andere Bereiche ausweichen
- Auch graben sich Bachmuscheln bei niedrigen Temperaturen tief ins Sediment

Fingerspitzengefühl nötig

- Um die Bachmuscheldichte in einem Gewässer zu bestimmen, ist Handarbeit nötig
- Mit Hilfe von Sichtkästen, durch Abtasten des Gewässerbodens und durch Graben im Sediment werden in regelmäßigen Abständen die Muscheln erfasst

Räumliche Verteilung

- Im Fluss sind die Bachmuscheln nicht gleichmäßig verteilt
- Häufig sind einzelne Bereiche oder längere Abschnitte für die Tiere ungeeignet
- Verbreitungslücken von mehreren hundert Meter sind nicht ungewöhnlich

Tab. 3.1: Populationsparameter für Bachmuschelbestände und Dichte von Wirtsfischarten in ausgewählten Gewässern. Die mit Sternchen markierten Populationen wurden im Rahmen des regulären FFH-Monitorings der Bachmuschel untersucht.

Population	Kat ^a	Anzahl	Muschel- dichte [Ind./m]	Muschel- dichte [Ind./m ²]	Jungtiere	Primäre Wirtsfisch- dichte [n/100 m]	Sekundäre Wirtsfisch- dichte [n/100 m]
Allens. Mühlbach*	NF	2147	0,5	0,23	1 %	34	9
Brunnisach*	NF	2000	0,6	0,21	14 %	39	9
Dachbach*	NF	2500	0,8	0,66	5 %	50	17
Durlesbach	F	6409	3,7	1,71	29 %	139	3
Edelbach*	NF	9000	1,6	1,81	8 %	76	0
Erlenbach*	F	23600	1,2	0,48	28 %	131	22
Eschach-System*	F	4080	0,2	0,13	46 %	331	9
Gronach	NF	60	0,6	0,24	0 %	229	5
Guntenbach	NF	780	1,1	0,83	10 %	12	2
Kummerbach*	F	13500	6,5	11,07	70 %	829	8
Neugraben	F	1198	0,3	0,26	91 %	163	34
Schellengraben	F	21978	7,3	6,1	69 %	113	0
Soppenbach*	F	3400	4,5	4,98	24 %	219	1
Weissach	NF	0	0	0	0 %	0	21

^a Kategorie: NF = Nicht funktionierender Muschelbestand (Jungtieranteil <20 %), F = funktionierender Muschelbestand (Jungtieranteil >20 %).

3.3. Muscheldichten und Habitatqualität

Bis auf die Weissach wiesen alle Gewässer, in denen eine Vollerfassung durchgeführt wurde, einen Muschelbestand auf (Tabelle 3.1). Die geschätzten Populationsgrößen in den Gewässern mit Muschelbeständen reichten von 60 bis 21.978 Individuen. Die Muscheldichte lag zwischen 0,6 und 7,3 Individuen pro laufendem Meter. Der Anteil an Jungtieren unterschied sich zwischen den Gewässern teilweise deutlich und betrug 0 bis 69 Prozent. Folgerichtig waren auch bei der Altersstruktur deutliche Unterschiede zwischen den Bachmuschelgewässern erkennbar. Während in den Bachmuschelpopulationen aus dem Neugraben und Schellengraben so gut wie alle Altersklassen nachgewiesen werden konnten, dominierten in den Populationen aus dem Durlesbach, der Gronach und dem Guntenbach Bachmuscheln mit einem Alter von unter fünf Jahren. Die Bewertung der Gewässer in Bezug auf Habitat und Beeinträchtigungen fiel trotz vorheriger strenger Auswahl der Probestellen sehr unterschiedlich aus. Lediglich der Guntenbach und der Schellengraben wiesen ein hervorragendes Muschelhabitat auf. Der Neugraben und die Weissach sind dagegen durch eine mittlere bis schlechte Habitatqualität gekennzeichnet. In allen untersuchten Gewässern waren bestimmte Beeinträchtigungen zu erkennen. Vor allem waren nur Neugraben und Weissach vollständig durchgängig.

Basierend auf dem Anteil der Jungtiere wurden die sechs vollständig untersuchten Bachmuschelbäche sowie acht Gewässer mit Muschelaten der LUBW und parallel erhobenen Fischdaten in die Kategorien „funktionierend“ (N = 7) und „nicht funktionierend“ (N = 7) eingeteilt (Tabelle 3.1).

3.4. Relevanz der Wirtsfischdichte

Das Wirtsfischmonitoring fand in allen 14 Gewässern geeignete Wirtsarten für die Bachmuschel. Dabei gehörten über 90 Prozent der gefangenen Fische zu den primären Wirtsfischarten, die in allen Gewässern bis auf die Weissach nachgewiesen wurden (Abb. 3.3). Dominierend waren vor allem Elritzen, welche abgesehen von der Brunnisach in allen Gewässern vorkamen. Döbel wurden in einigen, Groppen und Stichlinge nur in vereinzelten Gewässern nachgewiesen. Bei den sekundären Wirtsfischarten dominierte die Bachforelle, die bis auf den Edelbach und Schellengraben in allen Gewässern vorkam (Abb. 3.3). Die Fischarten Schneider, Hasel, Rotaugen und Blaubandbärbling wurden nur in vereinzelten Gewässern, der Flussbarsch in keinem Gewässer gefangen.

Beim Vergleich der Dichte primärer Wirtsfische zwischen funktionierenden und nicht funktionierenden Bachmuschelgewässern zeigte sich über den gesamten Datensatz hinweg ein statistischer Unterschied, wobei die Dichte in funktionierenden Gewässern höher lag

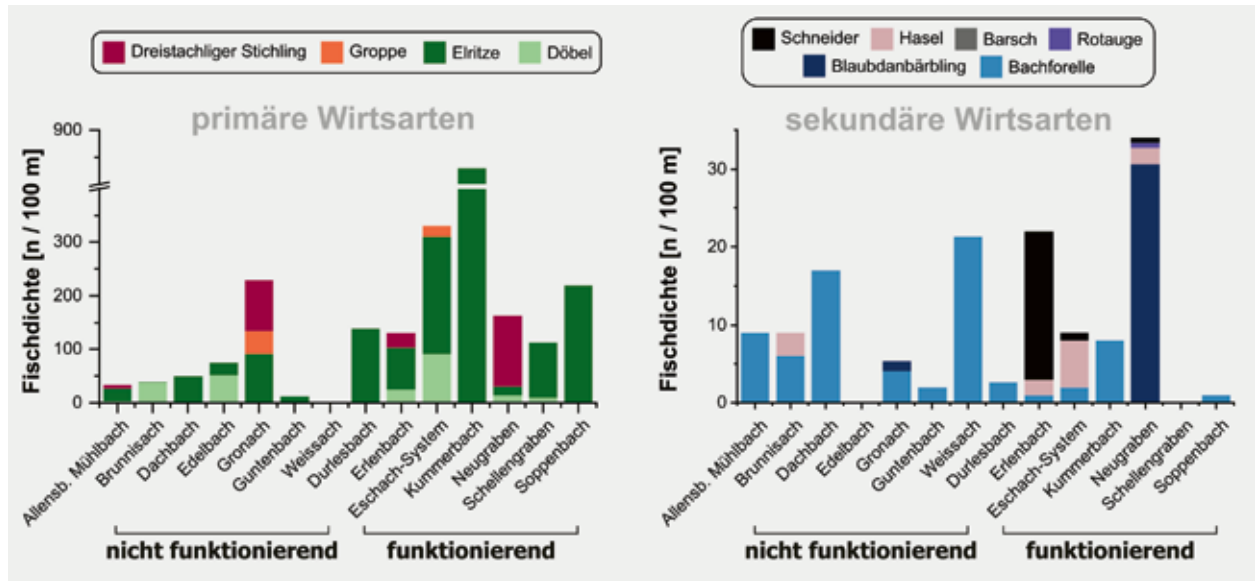


Abb. 3.3: Ergebnisse des Wirtsfischmonitorings, aufgeteilt nach Fischart, Wirtsfischeignung und Zustand des im Gewässer vorkommenden Muschelbestands. Funktionierende Bestände wiesen einen Jungtieranteil von mehr als 20 % auf. In nicht funktionierenden Beständen lag der Anteil unter diesem Wert.

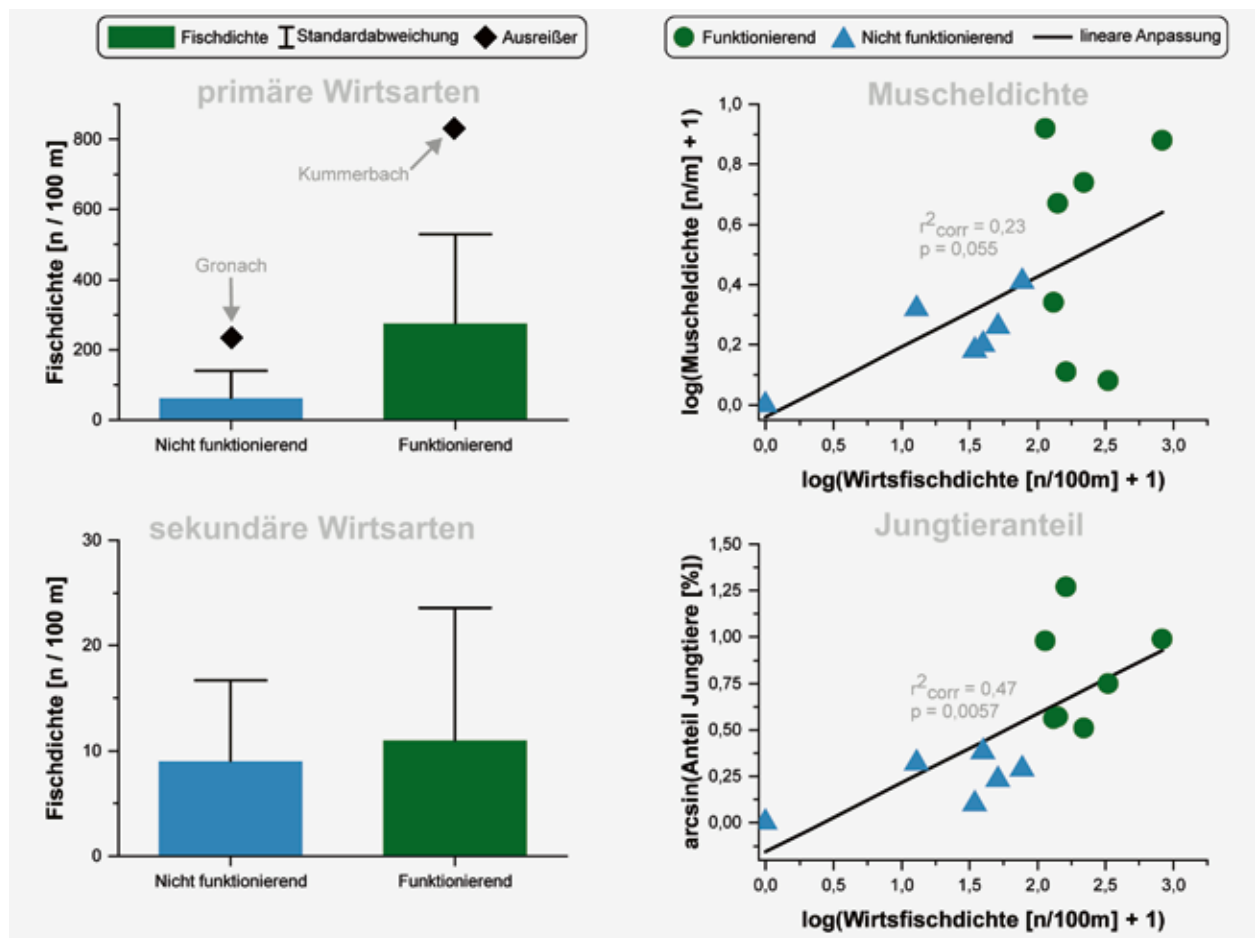


Abb. 3.4: Vergleich von Bachmuschel- und Wirtsfischbeständen in funktionierenden und nicht funktionierenden Bachmuschelgewässern. Dargestellt sind die mittlere Fischdichte von primären und sekundären Wirtsarten (links) sowie Streudiagramme, die den Zusammenhang Wirtsfischdichte und Muschelaufkommen zeigen (rechts). Zur besseren Vergleichbarkeit wurden die Daten transformiert. Das Bestimmtheitsmaß (r^2) und der Signifikanzwert (p) geben an, wie groß der lineare Zusammenhang ist, beziehungsweise, ob dieser statistisch signifikant ist. Ein p -Wert kleiner als 0,05 bedeutet einen statistisch signifikanten Zusammenhang.

AUF EINEN BLICK

Essentielle Bedeutung der Wirtsfischbestände

Relevanz der Wirtsfischdichte

- ▶ Die grundsätzliche Anwesenheit von Wirtsfischarten alleine reicht nicht aus, damit sich ein Muschelbestand erhalten kann
- ▶ Entscheidend für einen funktionierenden Muschelbestand ist die Dichte der primären Wirtsfischarten
- ▶ Besonders entscheidend ist die primäre Wirtsfischdichte für den Jungtieranteil der Muscheln

Einfluss der Wirtsfischdiversität

- ▶ Gewässer, die nur wenige, aber für die Bachmuschel gut geeignete Wirtsfischarten aufwiesen, zeigten die höchsten Muschel-dichten
- ▶ Eine große Fischartenvielfalt ist damit von untergeordneter Rolle für die Muscheln
- ▶ Eine hohe Dichte von sekundären oder ungeeigneten Arten kann die Wahrscheinlichkeit eines Kontakts mit einem primären Wirt verringern

Wirtsartenschutz ist Bachmuschel-schutz

- ▶ Die Ergebnisse unterstreichen die essenzielle Bedeutung intakter, abundanter Wirtsfischbestände für den Erhalt der Bachmuschel
- ▶ Maßnahmen zum Schutz der Bachmuschel müssen die Fischfauna stärker in den Fokus rücken
- ▶ Vor allem die Habitatansprüche primärer Wirtsfischarten müssen zukünftig stärker berücksichtigt werden

(Abb. 3.4). Auffällig waren die hohen Wirtsfischdichten in der Gronach (nicht funktionierend) und dem Kumberbach (funktionierend). Nachforschungen ergaben, dass in der Gronach nach einem Fischsterben Wirtsfische besetzt wurden (C. Günter, pers. Mitteilung). Ein Zusammenhang zwischen Muschel- und Fischbestand kann in diesem Fall somit nicht verlässlich untersucht werden. Aus diesem Grund wurde das Gewässer in weiteren Analysen ausgeschlossen. Nach Ausschluss der Gronach war der Unterschied in der Dichte primärer Wirtsfische zwischen funktionierenden und nicht funktionierenden Bachmuschelgewässern deutlich stärker ausgeprägt. Die Dichte der sekundären Wirtsfische unterschied sich nur geringfügig zwischen funktionierenden und nicht funktionierenden Bachmuschelgewässern (Abb. 3.4).

Muschel- und Wirtsfischdichte wiesen einen positiven Zusammenhang auf, wobei mit steigender primärer Wirtsfischdichte auch die Muscheldichte tendenziell anstieg (Abb. 3.4). Dieser Trend war jedoch statistisch nicht signifikant. Der Grund dafür ist wohl, dass bei drei der sieben untersuchten funktionierenden Bachmuschelgewässern die Muscheldichte trotz hoher Wirtsfischdichte relativ gering war. Der Jungtieranteil der Muschelbestände zeigte hingegen einen deutlich positiven, statistisch signifikanten Zusammenhang mit der Wirtsfischdichte.

Damit ergab sich bei den aktuellen Muschel- und Fischdaten aus den 14 ausgewählten Gewässern insgesamt eine hohe Übereinstimmung zwischen dem Vorkommen der Bachmuschel und ihren primären Wirtsfischarten. Dieser Effekt wurde erwartet, da die Bachmuschel und ihre Wirtsfische ähnliche Lebensraumansprüche aufweisen [1]. Aus evolutionärer Sicht ist das nur folgerichtig, da die Glochidien der Bachmuschel für ihre Entwicklung obligatorisch auf Wirtsfische angewiesen sind und eine Spezialisierung auf die im selben Lebensraum vorkommenden Fischarten die Überlebenschancen maximiert. Gleichzeitig zeigt die Auswertung, dass allein die An- oder Abwesenheit von spezifischen Wirtsfischarten nicht zwischen funktionierenden und nicht funktionierenden Muschelbeständen diskriminiert. Entscheidend scheint vielmehr die Dichte aller primären Wirtsfischarten zu sein. So erklärt die mittlere Dichte der primären Wirtsfischarten annähernd die Hälfte der Varianz im Anteil der Jungmuscheln (Abb. 3.4). Für einen heterogenen Freilanddatensatz, der unweigerlich mehrere, oftmals auch unberücksichtigte Einflussfaktoren abbildet, ist das ein bemerkenswert deutliches Signal, das auf einen tatsächlichen starken Zusammenhang hindeutet.

Ein annähernd gleicher statistischer Zusammenhang wurde interessanterweise von Stoeckl *et al.* (2015) [2] in bayrischen Bachmuschelgewässern ermittelt, was in

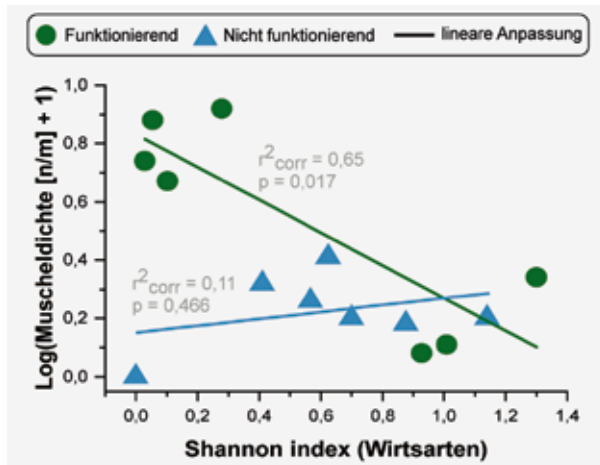


Abb. 3.5: Streudiagramm, welches den Zusammenhang der Diversität der Wirtsfischarten (repräsentiert durch den Shannon Index der primären und sekundären Wirtsarten) und der Funktionalität der Bachmuschelbestände zeigt. Zur besseren Vergleichbarkeit wurden die Daten transformiert. Bei den funktionierenden Bachmuschelgewässern (Jungtieranteil >20 %) wurde ein statistischen signifikanter Zusammenhang festgestellt (grüne Linie).

der Zusammenschau mit den nun vorliegenden Daten aus Baden-Württemberg für einen robusten, generellen Funktionszusammenhang spricht. Dabei wiesen alle funktionierenden Bachmuschelgewässer grundsätzlich Wirtsfischdichten von über 130 Individuen pro 100 Meter oder höher auf, während die Dichten in nicht funktionierenden Gewässern deutlich unter diesem Wert lagen (Tabelle 3.1). Zukünftige Untersuchungen müssen zeigen, ob es sich bei dieser „Grenze“ um eine Mindestdichte handelt, die benötigt wird, um einen gesunden Bachmuschelbestand zu erhalten.

Dennoch müssen die Ergebnisse korrelativer Freilanduntersuchungen vorsichtig interpretiert werden, vor allem wenn Kausalzusammenhänge betrachtet werden sollen. So zeigten die Untersuchungen zur Habitatqualität zahlreiche Beeinträchtigungen für die Bachmuschel auf. Solange eine kritische Bestandsdichte nicht unterschritten wird, ist für die langfristige Überlebensfähigkeit von Bachmuschelbeständen aber vor allem eine erfolgreiche Jungtierrekrutierung von Bedeutung. Und diese wird offensichtlich stark von der Wirtsfischdichte geprägt.

3.5. Einfluss der Wirtsfischdiversität

Neben der Dichte wurde auch der Einfluss der Wirtsfischdiversität auf die Muschelbestände untersucht. Überraschenderweise war in funktionierenden Bachmuschelgewässern die Muscheldichte deutlich höher, wenn die Fischvielfalt gering war und lediglich einzelne primäre Wirtsarten das Gewässer dominierten (Abb. 3.5). In nicht funktionierenden Bachmuschelgewässern hingegen hatte die Wirtsfischdiversität keinen Einfluss auf die

Dichte der Bachmuscheln. Auch ein Zusammenhang zwischen der Diversität der Wirtsarten und dem Anteil an Jungtieren der Bachmuscheln wurde nicht gefunden. Studien zur Flussperlmuschel (*Margaritifera margaritifera*) konnten zeigen, dass mit steigendem Fischartenreichtum die Biomasse und Dichte von Wirtsfischarten in einem Gewässer sinkt [6]. Flussperlmuscheln benötigen als Wirt jedoch Salmoniden wie die Bachforelle, und der beobachtete Zusammenhang wurde auf Veränderungen des Lebensraums und der Etablierung von weniger spezialisierten Arten zurückgeführt. Bei der Bachmuschel sind die primären Wirtsarten bis auf die Groppe Generalisten, sodass andere Faktoren für den Zusammenhang von Wirtsfischdiversität und Muscheldichte eine Rolle spielen müssen.

Eine Erklärung könnte die Art und Weise sein, wie Glochidien einen Wirt finden: Sie erreichen nämlich ihre Wirte ausschließlich passiv durch die Wasserströmung [7]. Wenn viele sekundäre oder überhaupt nicht als Wirt geeignete Arten anwesend sind, kann dies dazu führen, dass der Kontakt von Glochidien und primärem Wirt weniger wahrscheinlich wird und sich dadurch weniger Muscheln im Gewässer entwickeln können. Aus diesem Grund haben Bachmuscheln wohl eine faszinierende Methode entwickelt, wie sie die Glochidien im Wasser verteilen und potentielle Wirte anlocken. Sie zeigen im Frühjahr ein bemerkenswertes Verhalten, indem sie sich zum Bachufer bewegen, bevor sie in regelmäßigen Abständen lange Wasserstrahlen zurück in den Bach schleudern. So soll die Wahrscheinlichkeit des Anhaftens an einen geeigneten Wirt erhöht werden [8].

Die Ergebnisse unterstreichen damit erneut die essenzielle Bedeutung intakter Wirtsfischbestände für den Schutz der Bachmuschel. Dabei ist nicht eine große Fischartenvielfalt entscheidend, ob sich ein Bestand erhalten kann, sondern vor allem die Dichte der primären Wirtsarten im Gewässer. Maßnahmen zum Erhalt und zur Entwicklung der noch verbliebenen Muschelbestände sollten daher noch mehr als bisher die Fischfauna in den Fokus rücken. Dabei müssen vor allem die Habitatansprüche der primären Wirtsfischarten der Bachmuscheln berücksichtigt werden. Fischökologisch begründete Lebensraumaufwertungen und die Stärkung der natürlichen Klimaresilienz der Gewässer, indem beispielsweise beschattende Ufergehölze zugelassen und gefördert werden, sind dabei zentrale Möglichkeiten, um hohe Wirtsfischdichten und damit auch eine nachhaltig hohe Überlebensfähigkeit der Bachmuschelbestände zu begünstigen. Zudem muss die Durchgängigkeit der Bachmuschelgewässer sichergestellt werden. Nur so ist es möglich, dass nach Störungen Wirtsfische wieder in die Bachmuschelgewässer einwandern können.



4. Entwicklung der Fischbiodiversität in Baden-Württemberg

4.1. Im ständigen Wandel

Die Bedrohung der heimischen biologischen Vielfalt erhöht den Druck auf Behörden und Interessengruppen, ihre Schutzanstrengungen zu erhöhen und effektive Maßnahmen zu entwickeln, um die aquatische Biodiversität zu erhalten und zu erhöhen. Dies ist jedoch eine besondere Herausforderung bei Flussökosystemen, die durch komplexe, vernetzte und stark variierende Lebensräume gekennzeichnet sind (Abb. 4.1). In den gemäßigten Breiten hängen die Anzahl an vorkommenden Arten und ihre mengenmäßige Zusammensetzung erheblich von der Flussgröße ab [1]. Kleine Flüsse weisen im Allgemeinen eine geringe Artenvielfalt auf und befinden sich hauptsächlich in abgelegenen Regionen mit geringen menschlichen Einflüssen [2, 3]. In großen Flüssen wie Rhein und die Donau findet sich hingegen natürlicherweise ein großer Artenreichtum. Gerade solche Gewässer sind aber durch menschliche Aktivitäten, invasive Arten und Klimawandel meist besonders stark beeinträchtigt [4–6]. Zudem spielt die Vernetzung von Gewässern eine entscheidende Rolle für ihr ökologisches Funktionieren, da Fische etwaigen Störungen nicht ein-

fach über den Landweg ausweichen können. All diese oft negativen Faktoren führen dazu, dass sich die aquatische Biodiversität in einem ständigen Wandel befindet. Um diese Veränderungen zu quantifizieren und belastbare Informationen über einschränkende Umweltfaktoren zu identifizieren, müssen systematische Untersuchungen durchgeführt werden. Trotz guter Datenlage fehlten solche Untersuchungen in Baden-Württemberg bisher.

Daneben gibt es jedoch noch ein weiteres grundlegendes Problem: Veränderungen in aquatischen Ökosystemen führen nicht immer zwangsweise zu einem generellen Verlust an Biodiversität, sondern bieten dann Chancen für gebietsfremde, nicht heimische oder besetzte Fischarten, die sich häufig als Generalisten gut in neuen Lebensräumen einnisten können [7–9]. Klassische Messungen der Biodiversität, bei denen alle Arten und Individuen als gleichwertig betrachtet werden, können die Verdrängung lokaler Arten durch nicht heimische Arten entsprechend nicht erfassen [10]. Ein erster Lösungsansatz der letzten Jahrzehnte war eine Konzentration auf funktionale Diversitätsmaße, die zusätzlich die Merkmale der vorhandenen Arten berücksichtigen



Abb. 4.1: Baden-Württemberg besitzt eine einzigartige und stark variierende Flusslandschaft, die von kleinen Quellbächen und Gräben bis hin zu großen Flüssen und Strömen reicht.

und Aufschluss über Veränderungen in der Struktur von Fischgemeinschaften geben können [11, 12].

Ihre Aussagekraft hängt jedoch stark von den ausgewählten Merkmalen ab [13] und berücksichtigt oft keine zoogeografischen Faktoren oder auch nicht das historische Vorkommen von Arten in einer Region. Bewertungen des ökologischen Zustandes von Gewässern, beispielsweise im Rahmen von Erhebungen zur Wasserrahmenrichtlinie (WRRL) der EU, vergleichen jedoch den Grad der Abweichung der Fischgemeinschaft von einem erwarteten natürlichen Zustand, wobei eine hohe Abweichung einen schlechten ökologischen Zustand aufzeigt [14]. Wenn es das Ziel des Artenschutzes ist, einen Zustand wieder herzustellen, wie er natürlicherweise unter minimalen anthropogenen Einflüssen zu erwarten ist, dann reicht es nicht aus, sich ausschließlich auf Maßnahmen zur Erhöhung der biologischen Vielfalt und zur Wiederherstellung der Ökosystemfunktionen zu konzentrieren.

Um sich der oben dargestellten komplexen Thematik anzunähern, wurden nun erstmals die seit den 1980er Jahren gesammelten Fischereidaten mit den an

der Fischereiforschungsstelle entwickelten gewässerscharfen Referenz-Fischzönosen zusammengeführt und die biologische Vielfalt über drei aussagekräftige Zeiträume ermittelt. Dabei wurden nicht nur die Artenzahlen und ihre Häufigkeiten, sondern auch verschiedene funktionale Gruppen von Fisch- und Neunaugenarten berücksichtigt. Zur Quantifizierung der Biodiversität wurde neben etablierten Indizes auch ein ganz neuer Index entwickelt, der gezielt den Referenzzustand in einem Gewässer berücksichtigt. In einem darauf aufbauenden Schritt wurden die gewonnenen Daten mit biotischen und abiotischen Faktoren verknüpft und so schädigende oder begünstigende Einflüsse auf die landesweite Biodiversität untersucht. Die gewonnenen Erkenntnisse sind entscheidend für zukünftige Schutzanstrengungen, denn sie zeigen, welche Einflussfaktoren konkret die biologische Vielfalt verändern. Des Weiteren können die im Projekt erarbeiteten relevanten Einflussgrößen die Basis für Prognosemodelle bilden, die es wiederum ermöglichen, die Entwicklungen beispielsweise von Klimaänderungen und invasiven Arten wirksamer vorherzusagen.

Tab. 4.1: Überblick über die funktionalen Merkmale, die den Fisch- und Neunaugenarten in Baden-Württemberg zugeordnet wurden. Siehe Tabelle S2 im Anhang für die individuelle Klassifizierung der einzelnen Arten. Die mit Sternchen markierten Merkmale wurden ausschließlich für heimische Arten bestimmt, die nicht regelmäßig besetzt werden und die sich mit gängigen Methoden gut fangen lassen.

Merkmal	Beschreibung
Herkunft	Ist die Art einheimisch oder nicht heimisch (ja, nein)
Besatz	Wird die Art regelmäßig und flächendeckend im Rahmen von Hegemaßnahmen regelmäßig besetzt (ja, nein)
Fängigkeit	Kann die Art mit gängigen Befischungsmethoden verlässlich gefangen werden (ja, nein)
Typ*	Handelt es sich bei der Art um einen Spezialisten oder Generalisten (nach Futuyma & Moreno, 1988)
Wanderdistanz*	Welche Wanderdistanzen legt die Art zurück (kurz, mittel-kurz, mittel, mittel-lang, lang)
Wandertyp*	Für Mittellang- und Langdistanzwanderer: Zu welchem Wandertyp gehört die Art (keine ausgedehnte Wanderung, wandert nur innerhalb von Süßgewässern, wandert zwischen Süß- und Salzwässern)
Strömungspräferenz*	Bevorzugtes Habitat der Art (indifferent, bevorzugt stehende Gewässer, bevorzugt fließende Gewässer)
Substratpräferenz*	Bevorzugtes Substrat einer Art für die Fortpflanzung (divers, bevorzugt steiniges Substrat, bevorzugt Wasserpflanzen)
Trophische Ebene*	Ernährungsgewohnheiten einer Art (omnivor, invertivor, inverti-piscivor, piscivor, Filtrierer)
Fischregionsindex*	Artspezifischer, gewichteter Durchschnitt der Wahrscheinlichkeit des Vorkommens einer Art in einer bestimmten lotischen Region (nach Schmutz et al., 2000)
Resilienz*	Die Fähigkeit einer Art, sich nach einer Störung zu erholen (gering, mittel, hoch)
Körperform*	Allgemeine Körperform der Art (spindelförmig, länglich, aalartig)
Maximale Standardlänge*	Die maximale Länge, die eine Art erreichen kann
Mundstellung*	Position des Mundes der Art (unterständig, endständig, oberständig)

4.2. Methodik

Das Fischartenkataster und die Referenz-Fischzönosen

Als Grundlage der Untersuchung der landesweiten Biodiversitätsentwicklung diente das baden-württembergische Fischartenkataster (FIAKA). Es handelt sich dabei um eine Datenbank, welche die Fisch-, Neunaugen- und Krebsfauna Baden-Württembergs dokumentiert. Das FIAKA wurde offiziell 1983 als digitale Datenbank eingerichtet und seitdem stetig weiterentwickelt und angepasst. Es umfasst aktuell über 6.600 Gewässer, mehr als 23.000 Probestellen und fast 26.000 Befischungen. Die Datenaufnahme erfolgt dabei protokollorientiert und beinhaltet unter anderem die Zeit, den Ort, die Fangmethoden und gegebenenfalls Gewässerparameter der Befischungsstrecke.

Für die Erstellung eines historischen Referenzdatensatzes wurden die verfügbaren Referenz-Fischzönosen für baden-württembergische Gewässer genutzt. In diesen ist festgelegt, welche Fischbestände unter weitgehend unbeeinträchtigten Bedingungen für definierte Fließgewässerabschnitte zu erwarten sind. Sie wurden a priori von Experten mit Hilfe eines raumbezogenen-modellbasierten Ansatzes festgelegt und dienen beispielsweise zur fischbasierten Fließgewässerbewertung [15]. Die Referenz-Fischzönosen gelten jeweils für nach fischökologischen Kriterien abgegrenzte Fließgewässerabschnitte, die in Bezug auf ihre natürliche strukturell-hydrologische Ausprägung definierbare Fischlebensräume darstellen. Dabei wurden Faktoren wie die zoogeografische Zuordnung, die längszonale Ausprägung des Gewässersystems und die natürlichen Verbreitungsmuster- und -grenzen der Fisch- und Neunaugenarten berücksichtigt.

Auswahl relevanter Fischarten

In einem ersten Schritt wurden alle relevanten Fisch- und Neunaugenarten für Baden-Württemberg identifiziert und die Arten jeweils verschiedenen Kategorien und funktionalen Gruppen zugeordnet (Tabelle 4.1). Juvenile, adulte und nicht spezifizierte Neunaugen wurden zu einer Gruppe zusammengefasst. Juvenile Fische (0+) wurden in der Analyse berücksichtigt, ihre Abundanz jedoch auf ein Individuum gesetzt. Dadurch sollte sichergestellt werden, dass punktuell große Mengen gefangener Jungfische die Daten nicht verfälschen. Insgesamt wurden 67 Arten in der Analyse berücksichtigt. Eine Übersicht zu allen Arten und deren Kategorisierung findet sich im Anhang (Tabelle S2).

AUF EINEN BLICK

Verknüpfung von Langzeit- und Referenzdaten

Messung der biologischen Vielfalt

- ▶ Langzeitdaten erlauben es, die Veränderungen der biologischen Vielfalt heimischer Fisch- und Neunaugenarten systematisch zu untersuchen
- ▶ Für eine funktionierende Analyse müssen die Daten vereint und aufbereitet werden
- ▶ Für die Messung der biologischen Vielfalt stehen eine Reihe von Diversitätsindizes zu Verfügung

Abweichung vom erwarteten natürlichen Zustand

- ▶ Klassische Diversitätsindizes berücksichtigen keinen Referenzzustand
- ▶ Entwicklung eines neuen Index, der das natürliche Arteninventar unter weitgehend ungestörten Bedingungen einbezieht
- ▶ Dieser neue Abweichungsindex misst, wie stark eine entsprechende Fischartengemeinschaft von dem natürlichen Zustand abweicht

Vielfältige Einflüsse

- ▶ Es ist wichtig, Einflussfaktoren, die auf die biologische Vielfalt wirken, zu identifizieren
- ▶ Die wichtigen abiotischen Faktoren beinhalten hydrologische Größen, Strukturveränderungen, bioklimatische Einflüsse und Landnutzung
- ▶ Wichtige biotische Einflüsse waren die Anzahl und der relative Anteil nicht heimischer Arten sowie ihre relative Häufigkeit

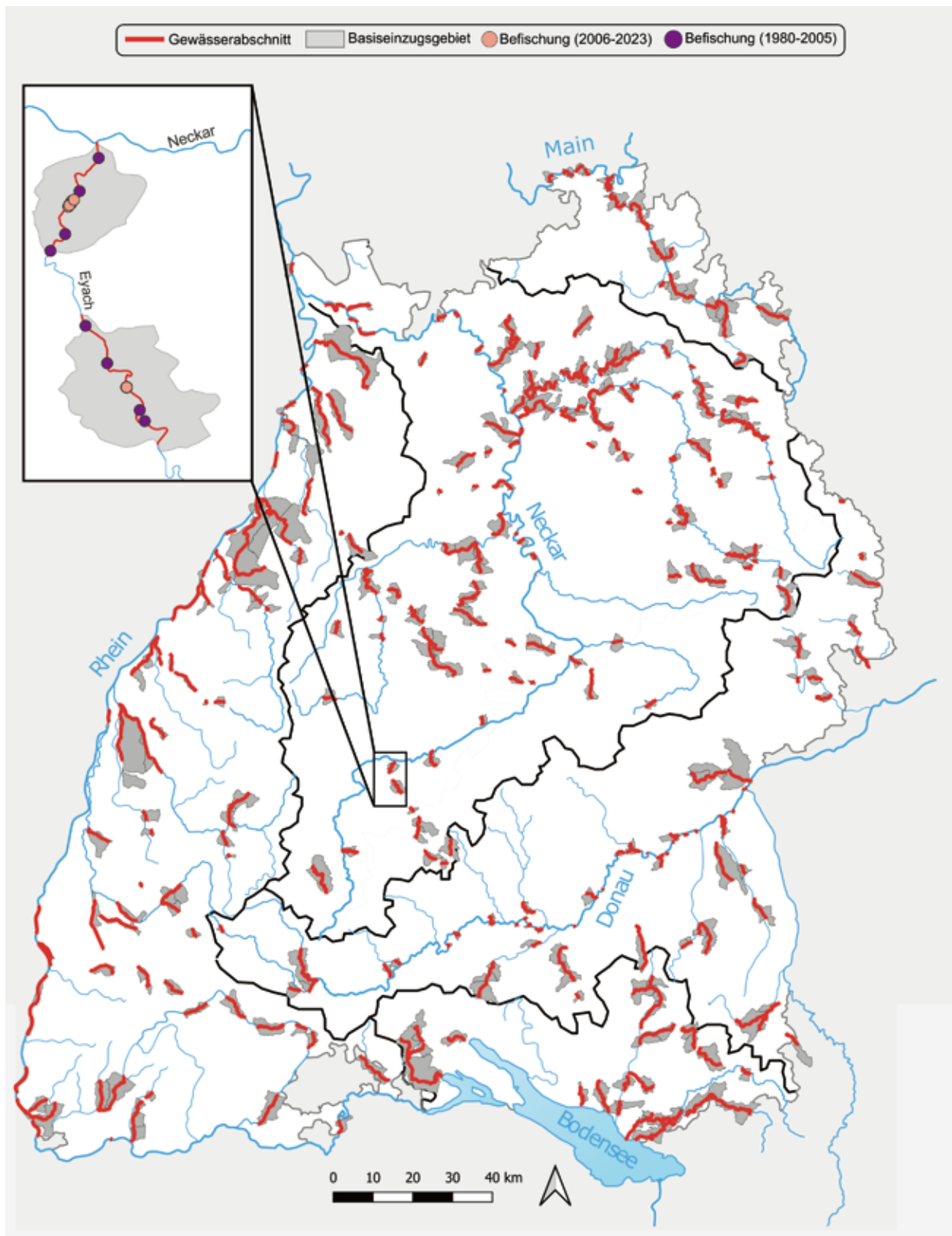


Abb. 4.2: Übersichtskarte zu den berücksichtigten Gewässerabschnitten. Jeder Gewässerabschnitt ist durch sein Basis-einzugsgebiet begrenzt und enthält Daten zur Referenz-Fischzönose sowie zu Befischungen aus den Zeiträumen 1980 bis 2005 und 2006 bis 2023. Insgesamt wurden 390 Abschnitte berücksichtigt.

Auswahl der Gewässer und Gewässerabschnitte

Für die Analyse wurden ausschließlich Fließgewässer berücksichtigt. Diese beinhalteten sowohl natürliche (zum Beispiel Flüsse, Bäche, Altwasser) als auch künstliche (zum Beispiel Kanäle, Gräben) Gewässer. Eine weitere Voraussetzung war, dass die Daten mit Hilfe einer Elektrofischerei erhoben wurden. Dies schloss auch Kombinationsbefischungen aus Elektrofischerei und Netzfischerei ein.

Für die Auswahl der Gewässerabschnitte wurden die Fließgewässer basierend auf den Basiseinzugsgebieten des Amtlichen Digitalen Wasserwirtschaftlichen Gewässernetzes (AWGN) in Abschnitte eingeteilt (Abb. 4.2). Innerhalb dieser Abschnitte wurden anschließend folgende Voraussetzungen geprüft: Sind Daten zur Referenz-Fischzönose für den Gewässerabschnitt vorhanden und gibt es im Gewässerabschnitt mindestens eine Befischung vor und nach dem Jahr 2006? Befischungen ohne Informationen zur Anzahl an gefangenen Individuen und/oder ohne Angaben zur Befischungslänge wurden von der weiteren Analyse ausgeschlossen. So konnten abschließend 390 Gewässerabschnitte identifiziert werden, welche die genannten Voraussetzungen erfüllten (Abb. 4.2).

Erstellung und Zusammenführung der Daten

Zur Erstellung des historischen Referenzdatensatzes wurden auf Basis der verfügbaren Referenz-Fischzönozen prozentuale Anteile am Gesamtbestand für jede Art und jeden Gewässerabschnitt berechnet. Für die FIAKA-Datensätze wurden zwei Zeiträume definiert: 1980 bis 2005 und 2006 bis 2023. Diese wurden vorrangig aufgrund der Qualität und Quantität der verfügbaren Daten gewählt. Bis 2005 stammten die Befischungsdaten größtenteils aus Fangstatistiken der Regierungspräsidien, Umfragen bei Sport- und Berufsfischereivereinigungen und Projekten [16]. Ab dem Jahr 2006 stieg die Zahl an routinemäßigen Befischungen stark an. Grund dafür war vor allem das regelmäßige Monitoring im Rahmen der WRRL [17] und der FFH-Richtlinie [18]. Damit verbesserte sich auch die Qualität der Daten: Bedingt durch die Anforderungen der beiden Richtlinien wurden elektrische Befischungen standardisiert durchgeführt und enthielten systematische Informationen zu den vorkommenden Größenklassen der Fische [15].

Für die beiden aktuellen Zeiträume wurde innerhalb eines Gewässerabschnittes für jede Befischung und Fisch- und Neunaugenart die Anzahl an Individuen durch die Befischungslänge geteilt und mit 100 multipliziert (englisch: catch per unit effort, CPUE), um den

fischereilichen Aufwand zu berechnen. Gab es innerhalb eines Jahres mehrere Befischungen, so wurde der Median des CPUE berechnet. Im nächsten Schritt wurde für die beiden Zeiträume erneut der Median des CPUE berechnet. Auf Basis dieser Daten wurde des Weiteren der prozentuale Anteil für jede Art und jeden Gewässerabschnitt bestimmt (CPUE der Art geteilt durch den Gesamt-CPUE). Alle gewonnenen Daten wurden abschließend für die weitergehenden Analysen zusammengeführt.

Zur Berechnung von Biodiversitäts-Indizes

Zur Bestimmung der Biodiversität in der Biologie wurden die gängigen, in der Ökologie etablierten Biodiversitätsindizes berechnet [19]. Diese berücksichtigen auf unterschiedliche Weise die Anzahl an vorkommenden Arten und die Individuenhäufigkeit pro Art. Weiterhin können bestimmte funktionelle Merkmale bei solchen Indizes berücksichtigt werden. Für die aktuelle Untersuchung wurden folgende Biodiversitätsmetriken berechnet:

- Artenreichtum (S). Dies ist ein Maß für die Anzahl an nachgewiesenen Arten. Eigenschaft: Je höher der Wert, desto mehr Arten kommen in einem Gewässerabschnitt vor.
- Äquität (J). Sie zeigt an, wie häufig oder selten Individuen einer Art vorkommen. Eigenschaft: Je höher der Wert, desto gleichmäßiger sind die Individuenzahlen zwischen den Arten verteilt.
- Shannon-Index (H). Ein weit verbreiteter Biodiversitätsindex, der sowohl die Artenanzahl als auch deren Häufigkeit beziehungsweise die Dominanz einzelner Arten berücksichtigt. Eigenschaft: Ein höherer Wert bedeutet eine größere Diversität in einem Gewässerabschnitt.
- Rao's quadratische Entropie (RaoQ). Ein spezieller Index, der die funktionelle Biodiversität misst und dabei sowohl die Häufigkeit der vorkommenden Arten in einem Gewässerabschnitt als auch deren funktionelle Merkmale kombiniert (Tabelle 4.1). Eigenschaft: Je höher der Wert, desto stärker unterscheiden sich die vorkommenden Arten in ihren Merkmalen.

Es gibt zahlreiche weitere Biodiversitätsindizes, die intrinsische Vor- und Nachteile besitzen und teilweise sehr komplex aufgebaut sind. Zudem weisen sie eine unterschiedliche Sensitivität gegenüber seltenen Arten auf. Allen ist jedoch gemeinsam, dass sie keinen Referenzzustand berücksichtigen und dementsprechend auch nicht heimische Arten – losgelöst von ihrer Sonderstellung – wie normale Arten behandeln. Daher wurde ein neuer weiterführender Index entwickelt, der gezielt das Arteninventar unter weitgehend ungestörten Bedingun-

gen einbezieht. Grundlage waren die bereits vorgestellten Referenz-Fischzönosen. Zur Berechnung dieses Artenabweichungsindex (SDev) wurde zuerst bestimmt, welche der unter natürlichen Bedingungen erwarteten Arten heute in einem Gewässerabschnitt nicht mehr vorkommen. Anschließend wurde die Zahl an Arten, die heute vorkommen, aber ursprünglich nicht im Gewässerabschnitt verbreitet waren, addiert (Abb. 4.3). Der Index SDev spiegelt damit das Ausmaß wider, in dem eine Fischartengemeinschaft von einem erwarteten natürlicheren Zustand abweicht.

Ableitung von biotischen und abiotischen Einflussfaktoren

Um die Auswirkungen von Umweltfaktoren auf die Artenvielfalt von einheimischen Fischen und Neunaugen zu untersuchen, wurden für jeden Flussabschnitt potenzielle Einflussvariablen auf der Grundlage verfügbarer Datensätze abgeleitet. Die Variablen wurden in die Kategorien „hydrologische Einflüsse“, „Gewässermodifikationen“, „bioklimatische Einflüsse“, „Landnutzung“ und „biotische Einflüsse“ eingeteilt (Abb. 4.4). Zu den hydrologischen Variablen gehören:

- Gewässerordnung (gemäß der Definition von Strahler [20, 21])
- mittlere Höhenlage
- mittlere Steigung
- mittlere kumulative Abflussfläche
- Interaktion zwischen der Gewässerordnung und der mittleren Höhenlage

Diese Faktoren sind bekannt dafür, einen Einfluss auf die Biodiversität aquatischer Arten zu haben, da sie entweder ein Maß für die Gewässergröße sind oder rele-

vante geographische Informationen repräsentieren. Aus diesem Grund müssen sie in den Analysen berücksichtigt werden, obwohl sie nicht von vordergründigem Interesse sind.

Einflüsse durch Gewässermodifikationen umfassten folgende Faktoren:

- Anzahl an Querbauwerke
- kombinierte Höhe aller vorkommenden Querbauwerke
- Median der Gewässerstruktur nach dem Feinverfahren
- Spannweite der Gewässerstruktur nach dem Feinverfahren

Die Gewässerstruktur nach dem Feinverfahren charakterisiert anhand von 15 Parametern die morphologischen Gegebenheiten in einem Gewässerabschnitt [22]. Basierend auf diesen Parametern wird ein siebenstufiger Index berechnet, der die Abschnitte in unterschiedliche Zustandsklassen einteilt. Die Klassen reichen von „unverändert“ bis zu „vollständig verändert“.

Um den Einfluss des Klimas auf die Biodiversität zu untersuchen, wurde eine Reihe von etablierten bioklimatischen Variablen ausgewählt. Diese können von verfügbaren monatlichen Durchschnitts-, Höchst- und Mindesttemperaturen sowie Niederschlagswerten abgeleitet werden. Folgende bioklimatischen Variablen wurden berücksichtigt:

- bio1: Mittlere Jahrestemperatur der Luft
- bio3: Isothermie der Luft (mittlere monatliche Temperaturspanne / Jahres-Temperaturspanne * 100)
- bio4: Temperatur-Saisonalität der Luft (Standardabweichung * 100)
- bio7: Jahres-Temperaturspanne (Maximumtemperatur des wärmsten Monats – Minimumtemperatur des kältesten Monats)
- bio12: Mittlerer Jahresniederschlag
- bio15: Niederschlags-Saisonalität (Standardabweichung * 100)

Für Baden-Württemberg wurden in den Jahren 2009 und 2010 detaillierte Karten erstellt, die basierend auf Satellitendaten die Landnutzung in einer Auflösung von 30x30 Meter aufzeigen. Dabei wird zwischen 15 Landnutzungsklassen unterschieden: dichte Siedlung, Industrie, lockere Siedlung, Ackerbau, Wein-/Obstplantage, Streuobst, vegetationslos, Intensivgrünland, Extensivgrünland, Nadelwald, Laubwald, Mischwald, Windwurf, Wasserflächen, Feuchtflächen. Um die Anzahl an Faktoren zu reduzieren, wurden basierend auf den Landnutzungsklassen drei Umweltgradienten mit Hilfe von statistischen Methoden abgeleitet:

- Bewaldungsgrad: Gradient von Wald zu anderen Landnutzungen
- Urbane Nutzung: Gradient von ländlichen zu städtischen Gebieten

	Referenz	Aktuell	S _{Dev} Index
Szenario 1			1 -1 Art
Szenario 2			1 +1 Art
Szenario 3			3 -1 Art +2 Arten
Szenario 4			4 -2 Arten +2 Arten

Abb. 4.3: Unterschiedliche Beispiele, welche die Berechnung des Abweichungsindex SDev veranschaulichen. Der Index beschreibt die Abweichung zum erwarteten Arteninventar in einem Gewässerabschnitt. Dabei werden also nicht nur der Verlust von Arten im Vergleich zur Referenz-Fischzönose berücksichtigt, sondern auch heimische Arten, die sich in dem jeweiligen Gewässerabschnitt neu etabliert haben.

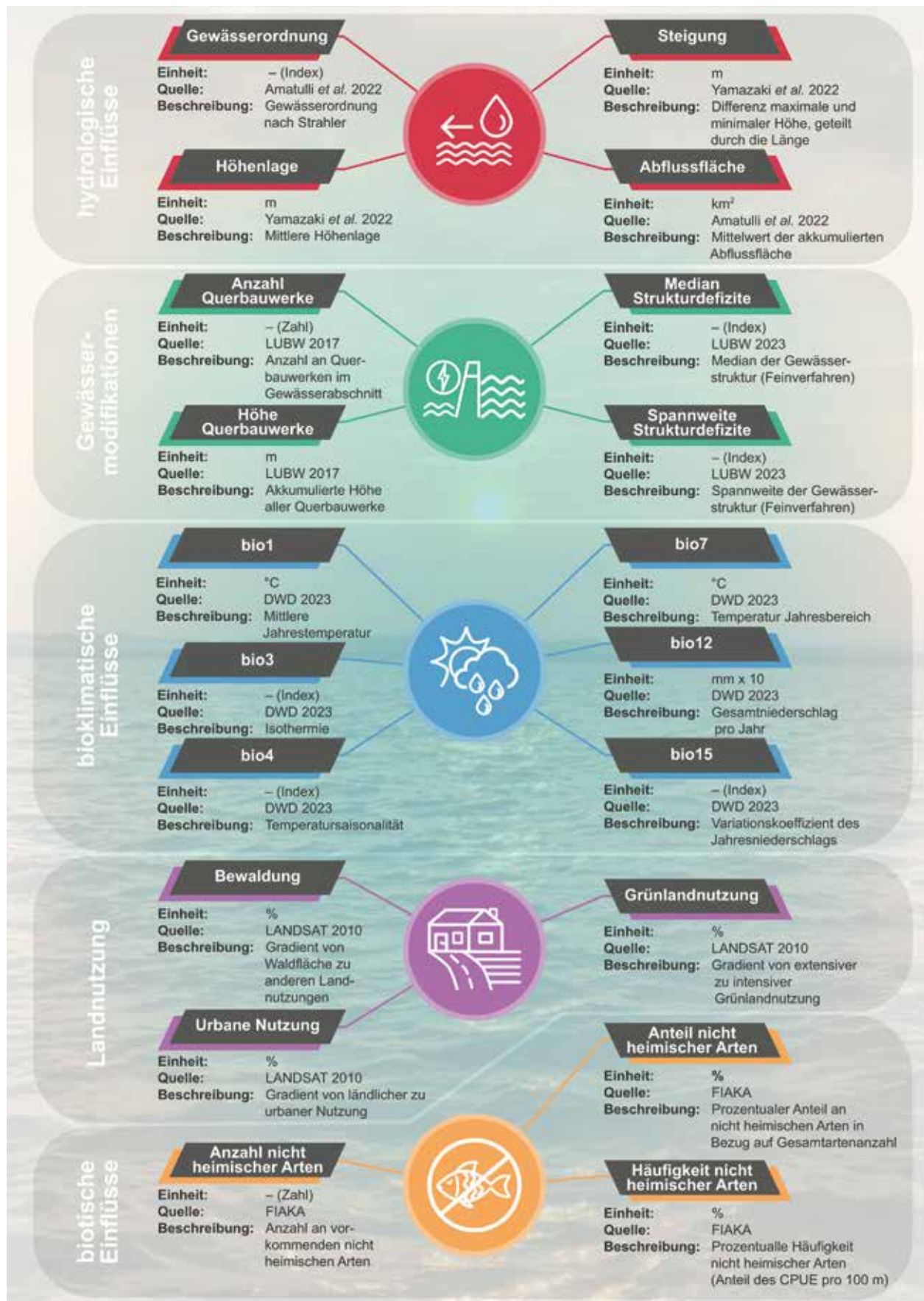


Abb. 4.4: Bei der Analyse der Auswirkungen von biotischen und abiotischen Einflussfaktoren auf die aquatische Vielfalt wurden zahlreiche Variablen berücksichtigt. Dabei wurden die einzelnen Faktoren in die Kategorien hydrologische Einflüsse, Gewässermodifikationen, bioklimatische Einflüsse, Landnutzung, biotische Einflüsse eingeteilt (von oben nach unten).

- Grünlandnutzung: Gradient von extensiver zu intensiver Grünlandnutzung

Bei den biotischen Einflüssen wurden folgende Faktoren berücksichtigt:

- Anzahl nicht heimischer Arten
- Anteil nicht heimischer Arten in Bezug auf die Gesamtzahl an vorhandenen Arten
- relative Häufigkeit nicht heimischer Arten im Verhältnis zum gesamten CPUE

Der Einfluss von weiteren biotischen Faktoren auf die Biodiversität, wie zum Beispiel fischfressende Räuber, sind anhand zahlreicher Fallbeispiele zu erwarten [23]. Leider zeigten vorhergehende Analysen, dass die aktuell verfügbaren Daten nicht die benötigte Qualität für diese weiterführenden Analysen aufweisen. So fehlen zum Beispiel für die Untersuchung von Effekten des Kormorans gewässerscharfe Häufigkeitsdaten der Vögel.

Auswertung der gewonnenen Datensätze

In einem ersten Schritt wurde untersucht, wie sich der Anteil der am häufigsten vorkommenden Arten zwischen den drei Zeiträumen (Referenz, 1980 bis 2005, nach 2005 bis 2023) verändert hat. Dazu wurde berechnet, wie häufig eine Art jeweils in den 390 berücksichtigten Gewässerabschnitten vorkommt. Für den Vergleich der Biodiversitätsindizes wurden ausschließlich heimische Arten berücksichtigt. Nicht heimische Arten, regelmäßig besetzte Arten und Arten mit geringer Fängigkeit wurden von den Analysen ausgeschlossen. Der Vergleich der drei Zeiträume und die gefundenen Unterschiede wurden statistisch überprüft. Um Veränderungen für verschiedene funktionale Gruppen von Fisch- und Neunaugen zu untersuchen, wurde die mittlere Anzahl an Fisch- und Neunaugenarten pro Gewässerabschnitt getrennt nach Typus, Wanderdistanz, Strömungspräferenz und Substratpräferenz aufgetragen und die prozentuale Veränderung zwischen den Zeiträumen „Referenz“ und „2006 bis 2023“ berechnet. Die Analyse wurde anschließend mit der mittleren Häufigkeit der unterschiedlichen funktionalen Gruppen wiederholt.

Um Zusammenhänge zwischen der aktuell festgestellten biologischen Vielfalt (Zeitraum 2006 bis 2023) mit den ausgewählten Einflussfaktoren zu untersuchen, wurde eine Reihe von mathematischen Modellen entwickelt. Aufgrund der großen Anzahl an Einflussfaktoren

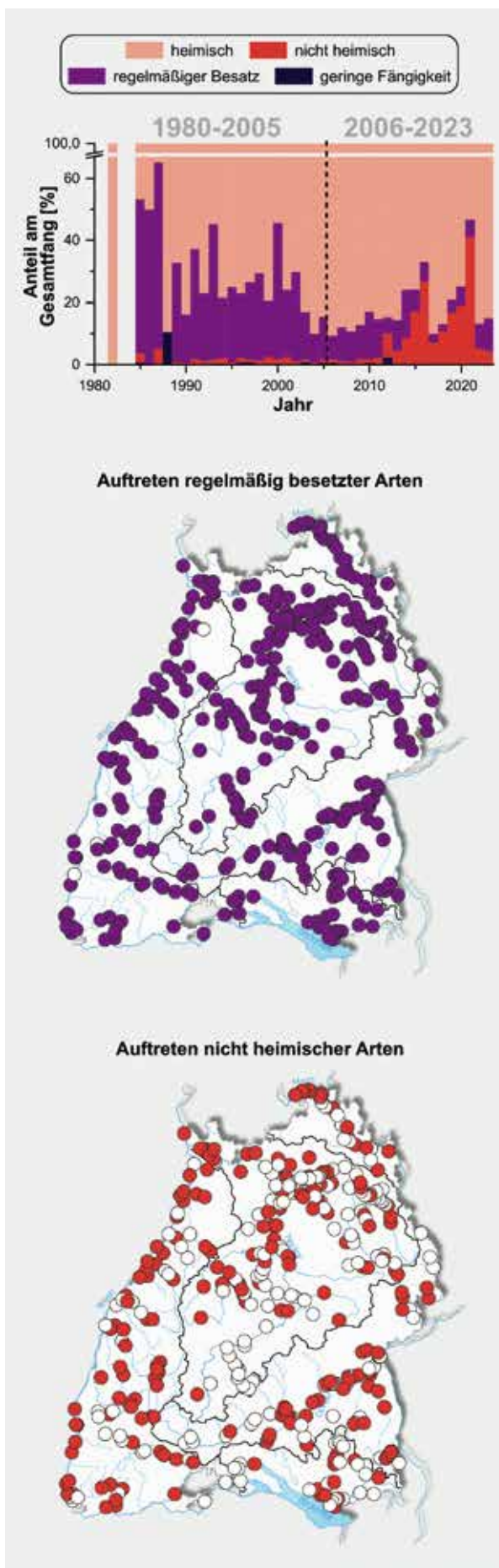


Abb. 4.5: Anteil von regelmäßig besetzten und nicht heimischen Arten sowie Arten mit geringer Fängigkeit in Bezug auf den Gesamtfang innerhalb des gesamten Untersuchungszeitraums (oben). In praktisch allen untersuchten Gewässerabschnitten wurden eine oder mehrere regelmäßig besetzte Arten nachgewiesen (Mitte) und in circa der Hälfte der Abschnitte kam mindestens eine nicht heimische Art vor (unten).

wurde ein schrittweiser Ansatz gewählt. Für jede Gruppe von Variablen (hydrologische Einflüsse, Gewässermodifikationen, bioklimatische Einflüsse, Landnutzung, biotische Einflüsse) wurden zunächst Teilmodelle erstellt und aus diesen das qualitativ beste Modell ermittelt. Für das finale Modell wurden unterschiedliche Kombinationen der zuvor ermittelten Teilmodelle getestet. Auch hier wurde aus den zahllosen Modellen über objektive mathematische Kriterien (Akaike Informationskriterium, [24]) das qualitativ beste Modell ausgewählt. Dies erlaubte eine mathematisch begründete Einschätzung, welche Einflussfaktoren einen Einfluss auf die unterschiedlichen Diversitätsmetriken haben.

4.3. Veränderungen in der Fischartengemeinschaft

Eine erste Betrachtung der Daten aus den beiden aktuellen Zeiträumen zeigt eindrücklich, dass es sich bei einem relevanten Teil der heute vorkommenden Fischfauna um nicht heimische Arten handelt oder um Arten, die regelmäßige Unterstützung durch Besatz erfahren (Abb. 4.5). Im Zeitraum 1980 bis 2006 gehörte im Durchschnitt ungefähr ein Viertel der nachgewiesenen Fischarten zu dieser letzteren Gruppe. Wenn man den gesamten aktuellen Betrachtungszeitraum berücksichtigt, wurden in praktisch allen untersuchten Gewässerabschnitten (98 Prozent) mindestens eine Art nachgewiesen, die regelmäßig besetzt wird. Dies bedeutet jedoch nicht, dass an allen Gewässerabschnitten tatsächlich Besatzmaßnahmen stattfinden. Ein Fischbesatz findet in der Regel zur Erhaltung gefährdeter Bestände statt, wird oft aber auch im Rahmen der Bewirtschaftung fischereilich genutzter Bestände eingesetzt, um einen dem Gewässer angemessenen Ertrag zu erhalten [25]. Vereinzelt wird aber auch besetzt, um den Fangerfolg der Angler gezielt zu steigern. Besatz bedeutet dabei auch immer eine gewisse Gefahr für die lokale Fischartengemeinschaft, sei es durch die Übertragung von Krankheiten oder die unbeabsichtigte Einführung nicht heimischer Arten [26, 27]. Außerdem zeigen die aktuellen genetischen Untersuchungen, dass durch den Besatz fremde Gene in die heimischen Gewässer gelangen können, wodurch es zur Vermischung oder Verdrängung etablierter genetischer Linien kommt [28]. Grundsätzlich bedeutet ein regelmäßiger Besatz nicht immer eine Steigerung des Ertrags. Er ist zum Beispiel wirkungslos, wenn im Gewässer eine natürlich gute Rekrutierung stattfindet [29]. Es sollte daher genau abgewogen werden, ob und welche Besatzmaßnahmen sinnvoll sind und welche Spenderpopulationen genutzt werden (siehe Kapitel 2).

Während der Anteil an regelmäßig besetzten Arten im Zeitraum 2006 bis 2023 zurückging, nahm der An-

AUF EINEN BLICK

Im ständigen Wandel

Durch den Menschen geprägt

- Die heutige Artengemeinschaft ist stark durch nicht heimische und regelmäßig besetzte Arten geprägt
- Im Zeitraum 1980 bis 2006 gehörte ungefähr ein Viertel der gefangenen Fischarten zu den besetzten Arten
- Während der Anteil an besetzten Arten im Zeitraum 2006 bis 2023 zurückging, nahm der Anteil nicht heimischer Arten deutlich zu
- Ein Vergleich der heutigen Situation mit einem Referenzzustand kann nur sinnvoll ohne Besatz und nicht heimischer Arten erfolgen

Starker Rückgang der biologischen Vielfalt

- Die klassischen Diversitätsindizes zeigen, dass die heutige Fischvielfalt im Vergleich zu früher deutlich abgenommen hat
- Betroffen sind alle Arten, besonders jedoch die „Spezialisten“
- Spezialisten sind Arten, die besondere Ansprüche an ihr Habitat haben, sei es die Durchgängigkeit der Fließgewässer für Wanderungen, ein spezielles Substrat für die Fortpflanzung oder bestimmte Fließgeschwindigkeiten
- Die stärksten Rückgänge in der Verbreitung wurden für die Quappe, die Äsche und die Nase festgestellt

teil an nachgewiesenen nicht heimischen Arten deutlich zu (Abb. 4.5). Dabei konnte im gesamten aktuellen Betrachtungszeitraum in mehr als der Hälfte der berücksichtigten Gewässerabschnitte mindestens eine nicht heimische Art nachgewiesen werden. In einzelnen Jahren machte der Anteil an gefangenen nicht heimischen Individuen bis zu 40 Prozent des Gesamtfangs aus. Insgesamt konnten 11 verschiedene Arten nachgewiesen werden, die in Baden-Württemberg natürlicherweise nicht vorkamen.

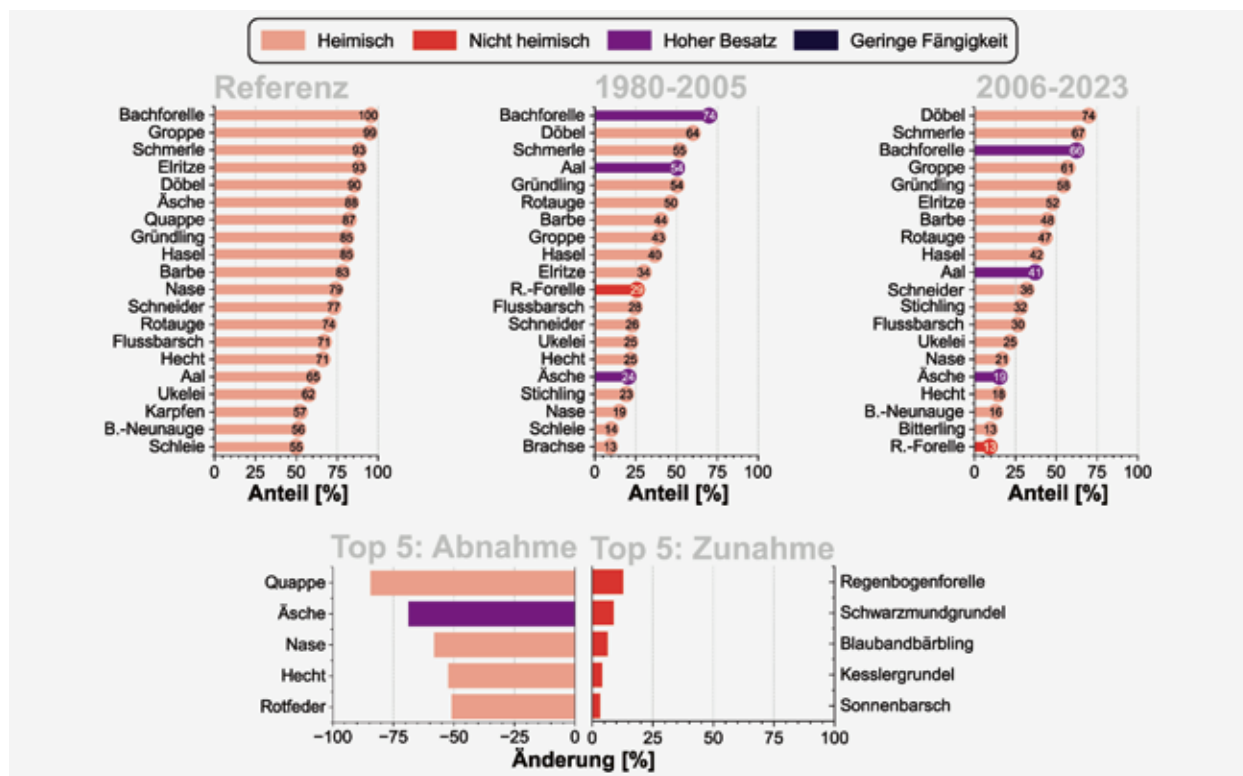


Abb. 4.6: Veränderungen im Vorkommen von Fisch- und Neunaugenarten in den Zeiträumen 1980 bis 2005 und 2006 bis 2023 im Vergleich zur Referenz. Dargestellt ist der Anteil an Gewässerabschnitten, in denen eine Art in Bezug auf alle 390 untersuchten Gewässerabschnitte nachgewiesen wurde (oben). Zudem sind jeweils diejenigen fünf Arten gezeigt, die zwischen dem Referenzzeitraum und 2006 bis 2023 die stärkste Änderung in ihrem Vorkommen aufwiesen (unten). Die Arten sind je nach Einstufung ihrer Herkunft, Umfang des Besatzes und Fängigkeit unterschiedlich farblich markiert.

Die Ausbreitung von nicht heimischen aquatischen Arten ist ein drängendes und weltweit zu beobachtendes Phänomen [30]. Oft entwickeln sich diese Arten zudem invasiv, da sie schwerwiegende oder unumkehrbare ökologische Veränderungen verursachen [31, 32]. So kam es beispielsweise nach ersten Nachweisen im Jahr 2006 zu einer starken Ausbreitung von pontokaspischen Grundeln [33, 34]. Vor allem im Rhein- und Neckareinzugsgebiet bildeten diese schnell Massenbestände aus und verdrängten dabei heimische Fischarten. Im Bodensee kann seit 2012 ein massenhaftes Vorkommen des gebietsfremden dreistachligen Stichlings (*Gasterosteus aculeatus*) im Freiwasser beobachtet werden [35]. Aufgrund von zwischenartlicher Konkurrenz und der Prädation von Larven und Eiern hat der Stichling einen nachhaltig negativen Einfluss auf die Felchenbestände [36, 37]. Dadurch steht die einstmal wichtige Binnenfischerei vor dem Zusammenbruch, und das pelagische Ökosystem als Ganzes ist verändert. Wie schon thematisiert, führt auch die Ausbreitung von invasiven Krebsarten in Baden-Württemberg zu einem starken Rückgang heimischer Krebsbestände [38]. Die ausgewählten Beispiele zeigen, dass die Verbreitung von invasiven Arten

dramatische Folgen für die Biodiversität, aber auch für die Fischerei haben kann [39, 40].

In den 390 berücksichtigten Gewässerabschnitten dominierten im Referenzzeitraum die Arten Bachforelle, Groppe, Schmerle, Elritze und Döbel, die in 90 Prozent oder mehr der Abschnitte vorkamen (Abb. 4.6). Im Zeitraum 1980 bis 2005 war der Anteil an Nachweisen dieser Arten insgesamt deutlich geringer. So war zum Beispiel die Bachforelle zwar immer noch die am häufigsten vorkommende Art, wurde jedoch nur noch in 74 Prozent der Gewässerabschnitte nachgewiesen. Der regelmäßige Bachforellenbesatz hat hier womöglich eine stärkere Abnahme verhindert. In diesen Fällen ist aber zu bedenken, dass dies eine künstliche Situation darstellt und es bei einem Besatz-Stopp ohne natürliche Rekrutierung zu einem Einbruch des Bestands kommen kann. Besatzmaßnahmen ist es wohl auch zu verdanken, dass im Zeitraum 1980 bis 2005 der Aal die vierthäufigste Art in den berücksichtigten Gewässerabschnitten war.

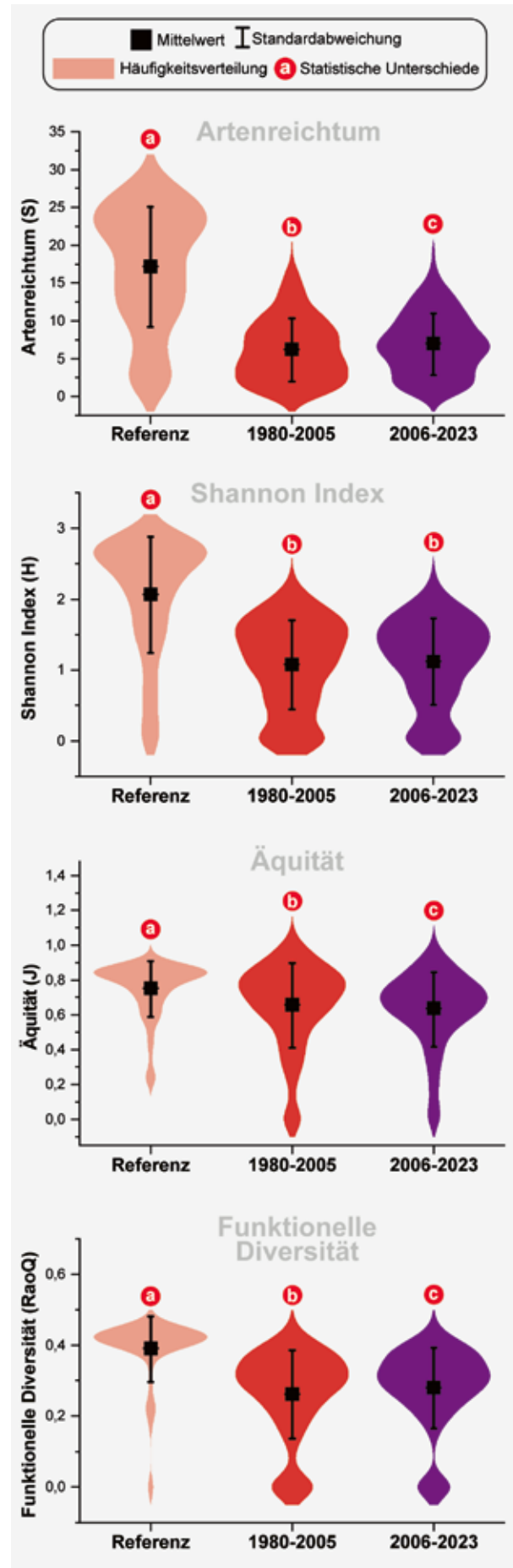
Ein deutlich stärkerer Rückgang zwischen den beiden Zeiträumen war bei einigen ehemals weit verbreiteten Arten zu erkennen. So lag zum Beispiel der Anteil bei der Quappe im Referenzzeitraum noch bei 87 Prozent,

im Zeitraum 1980 bis 2005 nur noch bei 13 Prozent. Damit gehört sie heute nicht mehr zu den 20 am häufigsten vorkommenden Arten in Baden-Württemberg. Zu den am stärksten rückläufigen Arten gehören neben der Quappe auch die Äsche und die Nase (Abb. 4.6). Überraschenderweise lag auch der Rückgang bei Rotfeder und Hecht bei ungefähr 50 Prozent und damit an Stelle vier und fünf des Top-5 *Rankings*. Bei diesen Fischen handelt es sich um typische Begleitarten, die in einem erwarteten natürlichen Zustand zwar häufig, aber in geringen Dichten vorkommen sollten. Dadurch besteht die Gefahr, dass solche Arten bei Routinebefischungen nicht gefangen, sondern übersehen werden, aber trotzdem im Gewässer vorkommen.

Die Ergebnisse zeigen auch klare Veränderungen in der Fischartenzusammensetzung in den letzten 40 Jahren auf (Abb. 4.6). Im Zeitraum 2006 bis 2023 dominierten Kleinfischarten wie Schmerle und Gründling die Fischbestände in Baden-Württemberg. Auch Arten wie Groppe und Elritze waren wieder häufiger vertreten. Grund dafür könnten Anpassungen in den Besatzstrategien gewesen sein [41], wodurch es zu einer Abnahme beim Vorkommen bestimmter Arten wie zum Beispiel Bachforelle, Regenbogenforelle und Aal gekommen ist. Aber auch erste Erfolge der ansteigenden Schutz- und Wiederherstellungsmaßnahmen in den letzten Jahrzehnten könnten zu einer Erholung einzelner Fischbestände geführt haben [42].

Eine wirkliche Zunahme beim Vorkommen konnte allerdings lediglich bei nicht heimischen Fischarten festgestellt werden. Vor allem die Regenbogenforelle wird heute regelmäßig in Baden-Württemberg angetroffen. Sie ist eigentlich im Nordpazifikraum natürlich verbreitet, wird aber seit dem Ende des 19. Jahrhunderts in unsere heimischen Gewässer regelmäßig besetzt. Regenbogenforellen stehen in Konkurrenz zu den heimischen Bachforellen, insbesondere infolge von Nahrungskonkurrenz und – aufgrund der späteren Laichzeit – der Ausräumung des Laichgrunds der Bachforelle. Lange Zeit glaubte man, dass sich die Regenbogenforelle in unseren Gewässern nicht erfolgreich reproduzieren kann. Heute weiß man aber, dass es durchaus selbstreproduzierende Bestände in Baden-Württemberg gibt.

Abb. 4.7: Violinplots klassischer Biodiversitätsindizes für die Zeiträume 1980 bis 2005 und 2006 bis 2023 sowie der historischen Referenz, die für die Messung der biologischen Vielfalt verwendet werden. Es wurden 36 heimische Fischarten berücksichtigt. Gezeigt sind der Artenreichtum (S), der Shannon Index (H), die Äquität (J) und die funktionelle Diversität (RaoQ). Unterschiedliche Buchstaben geben einen statistisch signifikanten Unterschied zwischen den Zeiträumen an.



4.4. Entwicklung der heimischen Fischartenvielfalt

Wie die vorangegangenen Auswertungen zeigen, ist die heutige Fischartengemeinschaft in Baden-Württemberg stark von nicht heimischen und regelmäßig besetzten Arten geprägt. Um die heutige Biodiversität mit einem erwarteten natürlichen Zustand vergleichen zu können, müssen diese Arten daher ausgeschlossen werden. Es besteht ansonsten die Gefahr, dass ein verfälschtes Bild bei den Entwicklungen der heimischen Fischartenvielfalt entsteht. Für Bewertungskonzepte wie die EU-WRRL stellt der Umstand, dass Gewässer als solche nicht zwischen heimischen Arten und nicht heimischen Arten unterscheiden können, eine grundsätzliche Herausforderung dar. Die Bewertung der ökologischen Funktion kann nämlich nicht mehr – oder kaum noch – über die biologische Vielfalt erfolgen, wie dies klassischerweise getan wurde. Stattdessen mussten neuartige Verfahren entwickelt werden, die mit Hilfe einer erarbeiteten Referenz und komplexer Bewertungssysteme eine fischbasierte ökologische Zustandsbewertung erlauben [15]. Von der weiteren Auswertung wurden auch Arten ausgeschlossen, die mit Standardbefischungsmethoden kaum gefangen wurden. Auch hier besteht die Gefahr, dass es durch die systematische Unterrepräsentierung dieser Arten in den Befischungsdaten zu einer Verfälschung der Ergebnisse kommt. Damit wurden noch 36 der insge-

samt 67 relevanten Fisch- und Neunaugenarten in Baden-Württemberg berücksichtigt.

Die Ergebnisse zeigten einen dramatischen Rückgang der einheimischen Fisch- und Neunaugenvielfalt im Vergleich des Referenzzeitraums zum Zeitraum 1980 bis 2005: Der Artenreichtum ging um 64 Prozent, der Shannon Index um 48 Prozent und die funktionelle Biodiversität um 33 Prozent zurück (Abb. 4.7). Diese Verluste bestätigen den globalen Rückgang der aquatischen Biodiversität und die Zunahme der Anzahl bedrohter Arten [43, 44]. Bei der Äquität war die Abnahme zwar geringer, es konnten jedoch im Zeitraum 1980 bis 2005 zahlreiche Gewässerabschnitte identifiziert werden, in denen einzelne Arten stark dominierten. Erfreulicherweise zeigte die Auswertung keinen weiteren Rückgang der biologischen Vielfalt im Zeitraum 2006 bis 2023. Im Gegenteil stiegen der Artenreichtum um 12 Prozent, der Shannon-Index um 4 Prozent und die funktionelle Vielfalt um 7 Prozent im Vergleich zum Zeitraum 1980 bis 2005 an. Dies kann auf das wachsende Problembewusstsein und die verstärkten Bemühungen zur Erhaltung und Wiederherstellung der biologischen Vielfalt in aquatischen Ökosystemen zurückgeführt werden [45, 46].

Hierbei ist aber zu berücksichtigen, dass die geringere Menge und Qualität der Daten vor 2006 zu einer Verzerrung der Ergebnisse führen können. Eine Studie aus Bayern zeigte jedoch bei landesweiten Untersuchungen

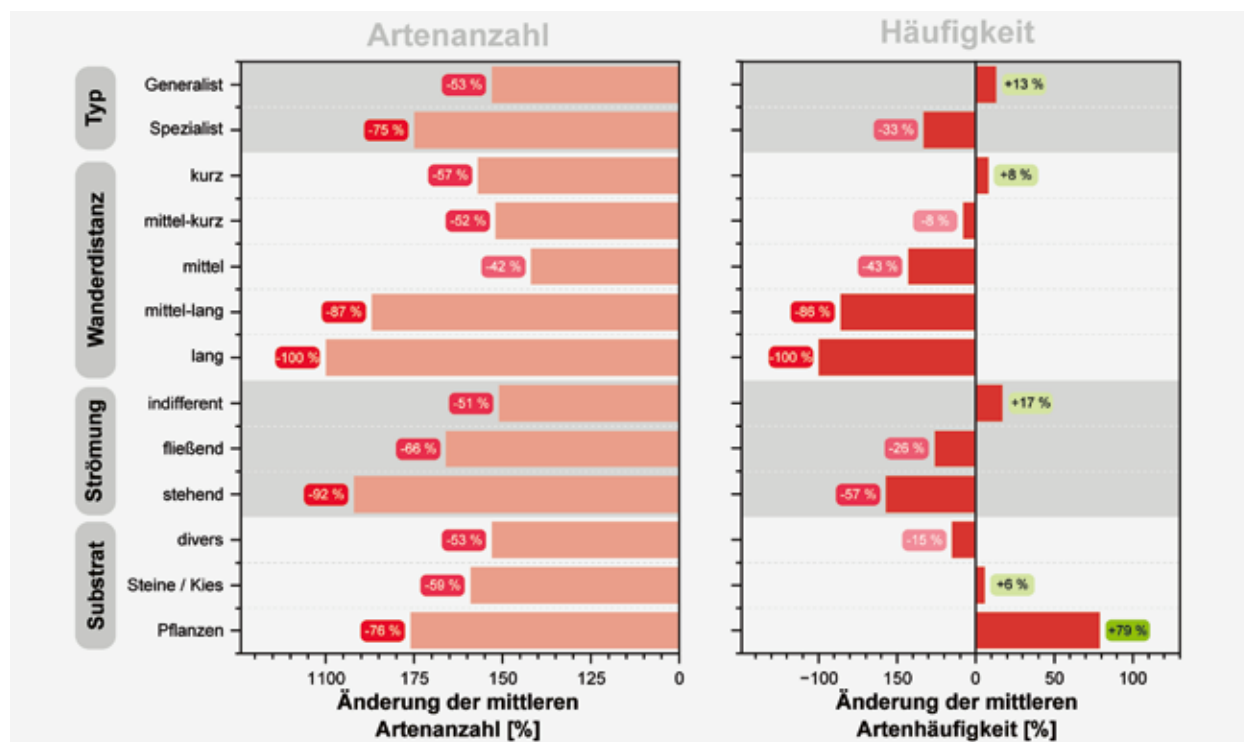


Abb. 4.8: Unterschiede in der mittleren Artenzahl (links) und der mittleren relativen Häufigkeit (rechts) pro Gewässerabschnitt für ausgewählte funktionelle Gruppen von Fischen und Neunaugen. Die Prozentzahlen geben die Veränderung zwischen den Daten der Referenz und des Zeitraums 2006 bis 2023 an.

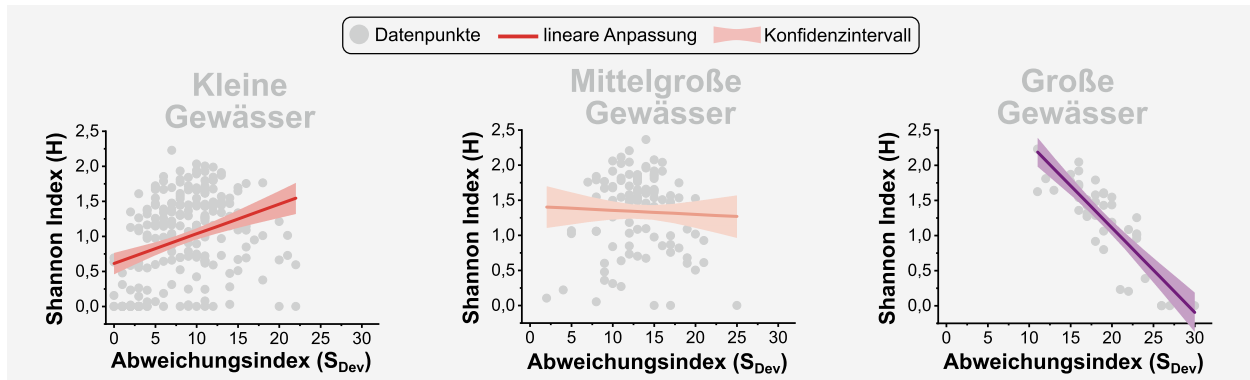


Abb. 4.9: Zusammenhang zwischen etablierten Biodiversitätsindizes und dem neu entwickelten Abweichungsindex S_{Dev} . Zur Veranschaulichung des Zusammenhangs ist die lineare Anpassung mit ihren Konfidenzintervallen dargestellt.

zur Veränderung der biologischen Vielfalt bei Fischen vergleichbare Ergebnisse [47]. Die grundsätzliche Erkenntnis hier ist, dass der Verlust der aquatischen Vielfalt in unserer Ökoregion also bereits vor den aktuellen Untersuchungszeiträumen stattgefunden hat, also bevor systematische Erhebungen verfügbar waren. Insbesondere die Veränderung und Fragmentierung der Flussstruktur [48] und die früher auch entscheidende chemische und organische Belastung der Flüsse [49] liegen in der Regel mehrere Jahrzehnte bis Jahrhunderte zurück. Während versucht wird, diese Veränderungen zumindest teilweise rückgängig zu machen, kommen neue Einflussfaktoren wie beispielsweise der Klimawandel und die starke Zunahme fischfressender Tiere in den letzten Jahrzehnten neu hinzu. Diese müssen als dynamisch angesehen werden und sie sind aktuell ein wesentlicher Grund, warum sich die Fischartenvielfalt nicht stärker erholt.

Eine genauere Untersuchung der Veränderung der Diversität unter Berücksichtigung verschiedener funktioneller Gruppen ergab, dass die Spezialisten unter den Arten besonders stark von dem beobachteten Rückgang betroffen waren (Abb. 4.8). Im Mittel ging die Anzahl an Spezialisten pro Gewässerabschnitt um 75 Prozent zurück. Arten, die längere Wanderdistanzen zurücklegen, kamen in den untersuchten Gewässerabschnitten im Vergleich zur Referenz nur noch selten vor und zeigten auch in ihrer Häufigkeit einen dramatischen Rückgang. Wie bereits mehrmals thematisiert blockieren landesweit künstliche Querbauwerke Wanderrouten und hindern Fische effektiv am Auf- oder Abstieg [30, 50]. Wasserkraftwerke zur Energiegewinnung können zudem aufgrund ihrer Bauweise zu einem erheblichen Verlust bei wandernden Fischarten führen [51, 52]. Eine Langdistanzwanderart, die Meerforelle, wurde in keiner der berücksichtigten Gewässerabschnitte mehr nachgewiesen. Ähnliche Rückgänge waren für diejenigen Fischar-

ten zu beobachten, die eine fließende Strömung benötigen. Durch die Degradation und Fragmentierung der Fließgewässer sind für diese Arten geeignete Habitate oft nicht mehr vorhanden oder nicht erreichbar [53]. Im Gegensatz dazu wurden im Vergleich zur Referenz Arten extrem häufiger, die Pflanzen für ihre Fortpflanzungsaktivitäten benötigen. Dies ist ein weiterer Beleg dafür, dass naturferner Gewässerausbau zu weitreichenden Veränderungen im hydrologischen Regime der Fließgewässer und zum Verlust geeigneter Lebensräume für viele spezialisierte Arten führt [53, 54]. Arten, die nur geringe Ansprüche an ihr Habitat stellen, können hingegen von solchen Veränderungen profitieren. Daher ist es für eine fundierte Einschätzung der Entwicklungen der heimischen Fischartenvielfalt nötig, wie hier erstmals geschehen, das heimische Fischarteninventar unter weitgehend ungestörten Bedingungen stärker zu berücksichtigen.

4.5. Abweichungen vom erwarteten Arteninventar

Der neu entwickelte Abweichungsindex S_{Dev} ermöglicht es, Veränderungen im Arteninventar in großen und komplexen Flusssystemen systematisch zu untersuchen. Die aktuellen Analysen zeigen, dass der Grad der Abweichung von einem erwarteten natürlichen Zustand stark von der Gewässergröße abhängt. Bei kleinen Gewässern, die natürlicherweise eine geringe Artenvielfalt ausweisen, bedeutet ein Anstieg der Biodiversität zwangsläufig eine stärkere Abweichung vom erwarteten Arteninventar (Abb. 4.9). Wie bereits thematisiert führen hier Veränderungen im Ökosystem unter anderem zu der Etablierung von Arten, die bisher in den Gewässern nicht verbreitet waren. Sie können die neu entstandenen Nischen nutzen und zudem ursprünglich verbreitete Arten verdrängen. Schutzmaßnahmen in kleinen Flüssen sollten daher nicht das Ziel haben, die natürlicherweise niedrige Biodiversität zu erhöhen, sondern sich auf die Wieder-

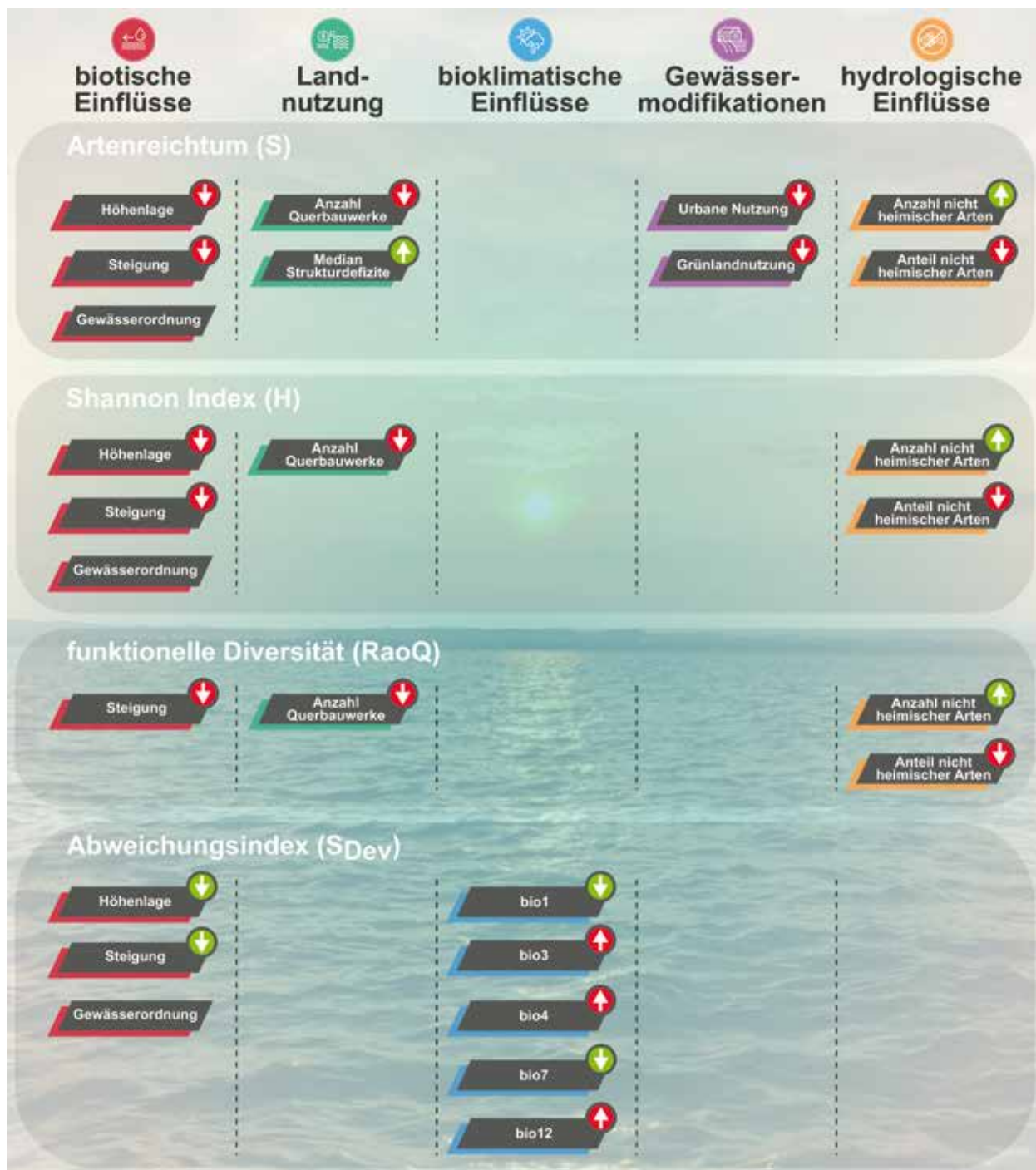


Abb. 4.10: Einfluss von biotischen und abiotischen Faktoren auf ausgewählte Biodiversitätsindizes und den neu entwickelten Abweichungsindex SDev. Es sind ausschließlich Faktoren dargestellt, die einen statistisch signifikanten Einfluss auf den jeweiligen Index im finalen Modell hatten. Pfeile geben an, ob sich der Faktor positiv oder negativ auf die biologische Vielfalt auswirkt. Details zu den einzelnen Variablen finden sich in Abb. 4.4.

herstellung von Bedingungen konzentrieren, die für die ursprünglich vorhandenen Arten geeignet sind.

Genau entgegengesetzt verhalten sich Biodiversität und Abweichungsindex in großen Flüssen (Abb. 4.9). Umso geringer die Artenvielfalt war, desto größer war die Abweichung vom erwarteten Arteninventar. In großen Flüssen ist die Artenvielfalt natürlicherweise hoch.

Die starke Beeinträchtigung durch den Menschen führt aber dazu, dass sich die Fischartenzusammensetzung drastisch ändert und viele Arten keinen geeigneten Lebensraum mehr finden oder erreichen können. In diesen Flüssen würden Erhaltungsmaßnahmen, welche die Fischvielfalt im Allgemeinen verbessern, auch dazu beitragen, die Fischartengemeinschaft näher an ihren

historischen Zustand heranzuführen. Eine Studie aus Österreich konnte dies bereits in der Praxis demonstrieren. Schmutz *et al.* (2014) [55] zeigten, dass allgemeine Sanierungsmaßnahmen der Donau zu einem Anstieg des Artenreichtums führten und gleichzeitig die Fischartenzusammensetzung näher an die historische natürliche Fischartengemeinschaft rückten. Leider sind Renaturierungsmaßnahmen in größeren Fließgewässern oft eine enorme technische und finanzielle Herausforderung, zudem stehen der Einfluss von Klimakrise und fischfressenden Vögeln den Maßnahmen oft entgegen [56, 57].

Die Interpolation des Abweichungsindex S_{Dev} auf das ganze Landesgebiet ermöglichte es, Regionen zu identifizieren, in denen die Fischartengemeinschaften gehäuft vom erwarteten natürlichen Zustand abweichen. Neben der Rheinebene mit ihren zahlreichen Rheinzufüssen wurden zum Beispiel erhöhte Abweichungen vermehrt im Donau- und Bodenseeeinzugsgebiet festgestellt. Für die Planung von Artenschutzmaßnahmen könnte dieser Ansatz zukünftig eine Möglichkeit bieten, besonders naturferne Regionen oder Flusssysteme zu identifizieren. Solche Hotspots könnten dann priorisiert untersucht und saniert werden. Entscheidend für erfolgreiche Maßnahmen ist jedoch, die Ursachen und Faktoren zu identifizieren, die zu einem Verlust oder zu einer Veränderung der Artenvielfalt führen.

4.6. Einfluss von biotischen und abiotischen Faktoren

Neben einem besseren Verständnis der Interaktionen der Fischfauna mit der Umwelt sowie der Nutzung von Erkenntnissen zu Renaturierungsmaßnahmen und angewandtem Artenschutz können die Identifizierung und Quantifizierung von Einflussfaktoren eine Grundlage für die mathematische Vorhersage künftiger Entwicklungen bieten [58, 59]. Mit Hilfe von Modellierungen ist es so möglich, einen Einblick in das komplexe Zusammenspiel dieser Einflüsse mit der biologischen Vielfalt zu bekommen. Solche Modellierungen sind jedoch ein anspruchsvolles Unterfangen [60]. Fließgewässerökosysteme sind komplexe Systeme, bei denen oft die notwendigen Daten nicht vorhanden oder in ihrer zeitlichen und räumlichen Auflösung zu ungenau sind, um direkte Zusammenhänge herzustellen [61]. Die Wahl des Maßstabs und die verfügbare räumlich-zeitliche Auflösung sowie die Vollständigkeit der berücksichtigten Faktoren sind mögliche Ursachen für Ungenauigkeiten und im negativen Fall für systematische Fehler, wodurch womöglich wichtige Einflüsse übersehen und Faktoren überbewertet oder falsch bewertet werden [62]. Daher müssen die verfügbaren Daten vor ihrer Auswertung unbedingt aufwendig aufbereitet, Fehler eliminiert sowie

Schwächen berücksichtigt und die Daten dann zusammengeführt werden.

In der aktuellen Untersuchung wurde in jahrelanger Detailarbeit eine Vielzahl verschiedener relevanter Einflussfaktoren berücksichtigt. Diese wirkten sich unterschiedlich stark auf die einzelnen Diversitätsmaße aus. Wie erwartet zeigten hydrologische Faktoren wie Steigung, Höhenlage oder Gewässerordnung einen Einfluss auf den Artenreichtum, den Shannon Index, die funktionelle Diversität und den Abweichungsindex (Abb. 4.10). In den gemäßigten Zonen sinkt die biologische Vielfalt mit der Höhenlage und Fließgeschwindigkeit des Gewässers [63]. Zudem hängt, wie bereits diskutiert, die Biodiversität von der Gewässergröße ab. Da diese Zusammenhänge bekannt sind, müssen hydrologische Faktoren bei der Erstellung von Modellen berücksichtigt werden. Damit wird verhindert, dass diese Einflüsse das Ergebnis der statistischen Analyse verzerren.

Die Anzahl der Querbauwerke in einem Flussabschnitt wirkte sich signifikant negativ auf den Artenreichtum, den Shannon Index und die funktionale Diversität aus, nicht jedoch auf den Abweichungsindex (Abb. 4.10). Künstlich errichtete Dämme und andere Barrieren verhindern die Bewegung von Fischen [30, 50] und fragmentieren Flusssysteme. Dies führt zum Verlust an Lebensraum, verändert die Hydrologie und verstärkt die genetische Isolation [64–66]. Solche drastischen Veränderungen im aquatischen Ökosystem führen unweigerlich zu Veränderungen der Fischartengemeinschaft und schlimmstenfalls zum Verlust von Arten [67]. Mit über einer Million Querbauwerken in europäischen Flüssen [68] ist die Verbesserung der Durchgängigkeit von Gewässersystemen eine der größten Herausforderungen für die Erhaltung aquatischer Arten [69, 70]. Das Thema wird immer dringlicher, da der fortschreitende Klimawandel die aktiven Ausweichwanderungen von Organismen immer notwendiger machen wird [71, 72]. Dabei ist es wichtig, dass nicht nur große Querbauwerke in Betracht gezogen werden. Consuegra *et al.* (2021) [73] konnten zeigen, dass die Beseitigung kleinerer Hindernisse der Erholung der Fischartenvielfalt mehr zugute kommen kann als der Fokus auf einzelne große Staudämme.

Klimatische Änderungen, vertreten durch bioklimatische Variablen, wirkten sich klar auf den Abweichungsindex aus, aber nur in geringem Maße auf andere Diversitätsmetriken. Dabei waren Variablen, die Temperaturschwankungen erfassen (Isothermie, Temperatur-Saisonalität, Jahres-Temperaturspanne, siehe Kapitel 4.2) besonders relevant. Die meisten einheimischen Fischarten zeigen einen an saisonale Temperaturmuster angepassten Lebenszyklus [74, 75]. So kann beispielsweise eine niedrige Wassertemperatur im Winter ein

wichtiges Signal für die Fortpflanzungsaktivität sein und sogar für Arten wie die Quappe für eine erfolgreiche Fortpflanzung zwingend erforderlich sein [76, 77]. Eine Veränderung der jahreszeitlichen Temperaturzyklen kann zum Verlust geeigneter Lebensräume für bestimmte Fischarten führen, während sich Lebensräume für tolerantere Arten öffnen [78, 79]. Dies hat zur Folge, dass sich der Artenreichtum an sich vielleicht nicht ändert, es aber zu einer Abweichung vom erwarteten Arteninventar kommt. Während dies wenig bis keine Auswirkungen auf die lokale biologische Vielfalt hat, ist diese Homogenisierung von Fischartengemeinschaften für die Erhaltung der globalen biologischen Vielfalt von integraler Bedeutung [80].

Im Allgemeinen geht ein langfristiger Anstieg der Wassertemperatur mit einer grundlegenden Veränderung der Fischartengemeinschaften einher. Eine Studie von Basen et al. (2022) [71] konnte zeigen, dass der Klimawandel zu einer erheblichen Umverteilung der Fischlebensräume im aktuellen Untersuchungsgebiet führen wird, wovon insbesondere an Kaltwasser angepasste Arten betroffen sind. Gleichzeitig wird erwartet, dass die Erwärmung zu einer Ausbreitung anderer Arten führen wird [71, 81]. Eine regelmäßige Überwachung, sei es durch Temperaturmessungen oder Befischungen, muss daher eine Priorität sein, um Veränderungen frühzeitig zu erkennen [82]. Aber auch generell müssen unsere Fließgewässer besser auf die klimatischen Veränderungen vorbereitet werden. Die Ausweitung der lateralen und longitudinalen Vernetzung von Flüssen, die Beschattung und der Grundwasserschutz mit der Wiederherstellung von Flussökosystemen sind wichtige Maßnahmen, um die Widerstandsfähigkeit von Fließgewässern zu erhöhen [83–85]. Solche Maßnahmen stehen jedoch häufig im Konflikt mit der menschlichen Nutzung der Flächen rund um ein Gewässer. Diese Nutzung kann jedoch auch direkte Folgen für die Fischartengemeinschaft haben.

In den aktuellen Untersuchungen wirkte sich die Landnutzung ausschließlich auf den Artenreichtum und nicht auf andere Diversitätsmetriken aus (Abb. 4.10). Dabei zeigte sich ein negativer Zusammenhang zwischen Artenreichtum und der urbanen Nutzung sowie der intensiven Bewirtschaftung von Grünland. Ein hoher Anteil an landwirtschaftlicher und städtischer Nutzung in der Umgebung von Gewässern wird in der Regel mit einer geringeren Qualität der aquatischen Lebensräume in Verbindung gebracht [86]. Weijters *et al.* (2009) [87] führten eine Literaturrecherche durch und stellten fest, dass eine Verringerung der naturnahen Landnutzung um 10 Prozent in einem Einzugsgebiet zu einem Verlust von fast 6 Prozent der einheimischen Fisch- und Makro-

AUF EINEN BLICK

Biodiversität in komplexen Systemen

Biodiversität und Gewässergröße

- Der neu entwickelte Abweichungsindex war besonders effektiv, um die Veränderungen der Fischartengemeinschaft in großen und komplexen Flusssystemen zu untersuchen
- In kleinen Gewässern war eine große biologische Vielfalt meist gleichbedeutend mit einer starken Abweichung vom natürlichen Zustand
- Maßnahmen in kleineren Flüssen und Bächen sollte sich auf die Wiederherstellung geeigneter Bedingungen des ursprünglichen Arteninventars konzentrieren
- In großen Flüssen und Strömen hingegen bedeutet eine große biologische Vielfalt auch eine geringere Abweichung vom erwarteten Arteninventar
- Maßnahmen zur Verbesserung der Artenvielfalt in großen Gewässern ermöglichen die Rückkehr des ursprünglichen Arteninventars und stärken die Resilienz

Statische und dynamische Einflüsse

- Klassische Diversitätsindizes wie Artenreichtum zeigen vor allem Effekte von Querbauwerken und nicht heimischen Arten an
- Bioklimatische Veränderungen wirken sich deutlich auf die Abweichung vom erwarteten natürlichen Zustand aus
- Durch die Kombination aktueller Fischerei- und historischer Referenzdaten können dynamische Umwelteinflüsse identifiziert werden, die sich nicht zwangsläufig auf die Biodiversität als solche auswirken, aber dennoch zu wichtigen Veränderungen in Fischgemeinschaften führen

invertebratenarten führt. Das Ausmaß und die Art und Weise, wie die Landnutzung die Biodiversität in einem Flusssystem beeinflusst, kann jedoch variieren und muss oft regionsspezifisch untersucht werden [88, 89]. Zahlreiche Studien zeigen, dass der Schutz und die Wieder-

herstellung der natürlichen Uferzone wichtige Ansätze sind, um den Nährstoff- und Sedimenteintrag zu verringern und die Lebensraumstruktur in Fließgewässern zu verbessern [86, 90, 91].

Ein weiterer Faktor, der einen starken Einfluss auf die biologische Vielfalt hat, sind nicht heimische Arten (Abb. 4.10). Die Ausbreitung nicht heimischer Arten ist ein weltweit zunehmendes Phänomen, das häufig mit einem Rückgang der Häufigkeit heimischer Arten einhergeht [92, 93]. Betrachtet man die reine Anzahl an nicht heimischen Arten, die in einem Gewässerabschnitt vorkommen, so wurde zunächst ein positiver Zusammenhang mit dem Artenreichtum, dem Shannon Index und der funktionellen Diversität festgestellt. Eine Erklärung dafür könnte sein, dass das gemeinsame Auftreten mehrerer nichtheimischer Arten auf große Fließgewässer beschränkt war, die im Allgemeinen einen hohen Artenreichtum aufweisen, der durch die strukturelle Komplexität dieser Lebensräume unterstützt wird [94]. Gleichzeitig wird es durch die vielfältigen menschlichen Aktivitäten wahrscheinlicher, dass nicht heimische Arten eingeschleppt werden [95, 96]. Ein Beispiel dafür ist die Ausbreitung mehrerer pontokaspischer Grundeln seit dem Jahr 2006, die bisher ausschließlich Massenpopulationen in den großen Hauptflüssen wie Rhein und Neckar ausbildeten und zusätzlich lediglich in den unteren Abschnitten von Nebenflüssen zu finden sind [34]. In kleineren Fließgewässern etablieren sich in der Regel nur einzelne nicht heimische Arten.

Daher scheint die Anzahl an vorkommenden nicht heimischen Arten als Einflussfaktor nicht unbedingt geeignet. Ein besseres Maß ist hier der Anteil an nicht heimischen Arten in Bezug auf die Gesamtzahl an vorkommenden Arten. Dominierten nicht heimische Arten eine Fischartengemeinschaft, so führte dies zu einem Rückgang der Biodiversität. Die Einführung gebietsfremder Arten, ob beabsichtigt oder unbeabsichtigt, kann eine Reihe von Auswirkungen auf ein aquatisches Ökosystem haben [97]. Erfolgreiche nicht heimische Arten sind oft toleranter gegenüber schlechter Wasserqualität und neigen zu einer generalistischen Lebensweise [39, 98]. Insbesondere in anthropogen überformten Gewässern, die durch den Klimawandel beeinflusst sind, können nicht heimische Arten ursprünglich verbreitete Arten verdrängen. Diese Arten müssen dann als invasiv betrachtet werden, da der allmähliche Verlust von spezialisierten Nischen zu einem starken Rückgang der einheimischen Fischbestände führen kann [99, 100]. Aufgrund des starken Einflusses scheint das Management invasiver Arten für die Wiederherstellung der historischen Artenzusammensetzung unerlässlich. Die gezielte Entfernung von Arten ist jedoch eine schwierige Aufgabe und meist nur

in kleinen oder geschlossenen Gewässern möglich [101]. Häufig wird vorgeschlagen, Barrieren einzusetzen, um die Ausbreitung invasiver Arten zu verhindern. Doch ihre ökologischen Auswirkungen sind nur unzureichend untersucht, so dass solche Maßnahmen nur in ausgewählten Fällen erwogen werden sollten [102].

Insgesamt belegen die aktuellen Ergebnisse den enormen Wert von Langzeitdaten für den angewandten Artenschutz. Mit Hilfe solcher Daten können nicht nur Veränderungen der biologischen Vielfalt über längere Zeiträume systematisch untersucht, quantifiziert und mathematisch ausgewertet werden, sie machen es auch möglich, die konkreten Ursachen für die beobachteten Veränderungen zu erforschen. Damit sind sie die Grundlage von Prognosemodellen. Entscheidend für die Beurteilung, ob eine Fischgemeinschaft von dem abweicht, was sie unter ungestörten Bedingungen sein könnte, sind Referenzdatensätze. Diese sollten zukünftig bei Messungen der biologischen Vielfalt stärker berücksichtigt werden, da sie entscheidende Informationen über den erwarteten natürlichen Zustand eines Gewässers enthalten. Mit der Entwicklung neuer Modellierungsansätze, welche die Erstellung von Referenzdaten zum Beispiel mit Hilfe von Verbreitungsmodellen ermöglichen [103, 104], verbindet sich die Hoffnung, dass der Artenschutz in Zukunft gezielter erfolgen kann. Obwohl die Herausforderungen nicht geringer werden, geben die aktuellen Ergebnisse Anlass zu vorsichtigem Optimismus, dass der in den letzten Jahrzehnten zu beobachtende Verlust an biologischer Vielfalt eingedämmt werden kann. Die Hoffnung ist auch, dass künftige Erhaltungsmaßnahmen lokale Fischartengemeinschaften langfristig schützen und damit den guten oder sehr guten ökologischen Status der Gewässer wiederherstellen können.



5. Gesamtbetrachtung und Ausblick

5.1. Einblick in eine komplexe Welt

Die aktuellen Untersuchungen belegen eindrucksvoll, dass unsere heimischen Gewässer eine bemerkenswerte biologische Vielfalt aufweisen. Fische, Neunaugen, Krebse und Muscheln haben sich seit Jahrtausenden an die äußerst vielfältigen lokalen Begebenheiten in Baden-Württemberg angepasst und sind häufig hochspezialisiert für ihr jeweiliges Habitat. Durch den Menschen veränderten sich jedoch die Ökosysteme rasant. Die aquatische Fauna, die eine entscheidende Rolle für den Nährstoffkreislauf, die Dynamik des Nahrungsnetzes und die Regulierung der Wasserqualität spielt, ist durch diese menschlichen Eingriffe heute stark bedroht. Systematische Untersuchungen fehlten lange Zeit, vermutlich unter anderem auch aufgrund des verborgenen Vorkommens dieser Tiere. In den letzten Jahrzehnten stieg das Bewusstsein rund um den Schutz der aquatischen Biodiversität an. Man erkannte, dass die Situation gerade für die wasserlebenden Organismen besonders prekär ist, da diese hololimnischen, also ständig im Wasser lebenden Arten nicht in der Lage sind, Störungen in ihrem Lebensraum so einfach auszuweichen, wie das bei Land- und insbesondere bei Flugtieren der Fall ist.

Für den erfolgreichen Schutz ist es von essentieller Bedeutung, Veränderungen in der aquatischen biologischen Vielfalt mit guter Präzision und Regelmäßigkeit zu beobachten. Nur so kann gewährleistet werden, dass die noch vorhandene Vielfalt für zukünftige Generationen erhalten bleibt und dass Maßnahmen ergriffen werden können, welche die Ökosysteme in einen natürlicheren und damit resilienten Zustand zurückführen. Die aktuellen Untersuchungen präsentieren verschiedene Ansätze zur Messung der Biodiversität unter Zuhilfenahme etablierter Methoden sowie neu entwickelter Konzepte. Die gewonnenen Erkenntnisse tragen dabei nicht nur zu einem verbesserten Verständnis der komplexen Thematik bei, sondern bilden auch eine wichtige Grundlage für den konkreten Schutz der aquatischen biologischen

Vielfalt. Entscheidend ist, dass die Ergebnisse in politische Maßnahmen und zukünftige Schutzstrategien integriert werden. Dabei sollte neben dem Bestreben, den erwarteten natürlichen Zustand herzustellen, ein besonderes Augenmerk auf den Schutz besonders gefährdeter funktioneller Gruppen von Fischen gelegt werden. Außerdem gilt es, die Widerstandsfähigkeit der Gewässer gegenüber Störungen grundsätzlich zu verbessern.

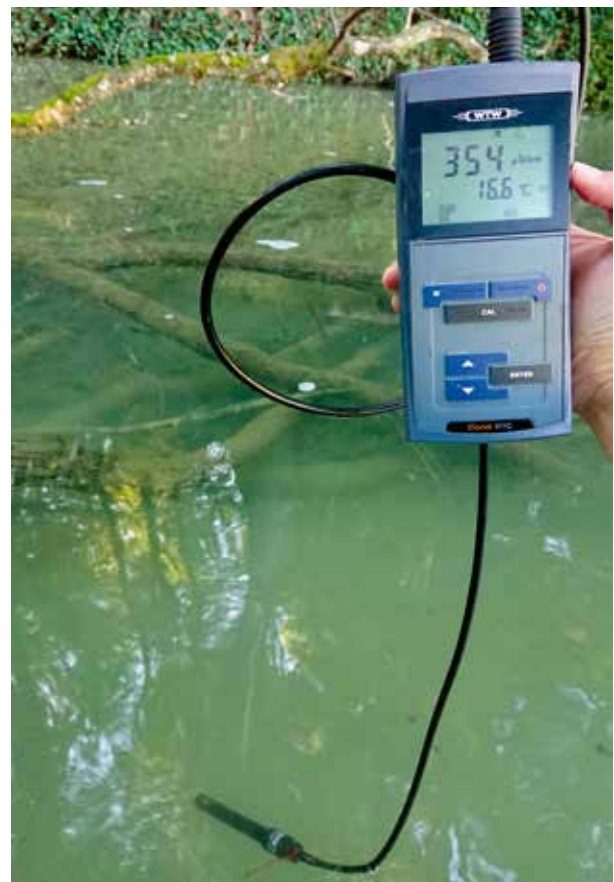


Abb. 5.1: Gewässerabschnittsscharfe Langzeitdaten wie zum Beispiel die Wassertemperatur sind essentiell, um die Einflüsse von abiotischen Faktoren auf die aquatische Fauna zu untersuchen. Leider gibt es für viele wichtige physikalische Größen noch kein flächendeckendes Messnetz.

5.2. Vom Monitoring zur Maßnahme

Langzeitdaten als essentielle Grundlage

Langzeitdaten sind ein unverzichtbares Instrument für Untersuchungen zur Veränderung der heimischen Diversität. Nur durch die kontinuierliche Erfassung und Auswertung von Daten über längere Zeiträume hinweg können die Auswirkungen menschlicher Eingriffe verlässlich aufgezeigt sowie die wichtigen Einflussfaktoren sowohl in positiver als auch negativer Hinsicht identifiziert werden. Für Baden-Württembergs Fische, Neunaugen und Krebse werden sämtliche Nachweise seit mehr als 40 Jahren zentral in das Fischartenkataster eingepflegt und dort gesammelt. Der Wert dieser Daten für den Schutz der aquatischen Vielfalt wird in den aktuellen Untersuchungen augenscheinlich.

Leider fehlen für viele wichtige Einflussfaktoren Langzeitdaten und/oder gewässerscharfe Daten. So gibt es zum Beispiel bis heute kein flächendeckendes Messnetz, welches physikalische Gewässerinformationen wie etwa die Temperatur in baden-württembergischen Gewässern misst oder zumindest belastbar abschätzt (Abb. 5.1). Um den Einfluss des Klimawandels zu untersuchen, muss deshalb auf aufwendige Modellierungen zurückgegriffen werden, die immer eine intrinsische Unsicherheit mit sich bringen. Des Weiteren sind oft Daten zwar grundsätzlich vorhanden, diese werden aber nicht zentral gesammelt oder sind für Wissenschaftler nicht zugänglich.

Besonders gravierend im Kontext der Fische sind solche Wissenslücken im Hinblick auf die Verteilung und den Einfluss von fischfressenden Räubern. Gerade der Kormoran führt in vielen Gewässern zu einem dramatischen Rückgang der Fischbestände. Seit zwei Jahr-



Abb. 5.2: Das Kormoranvorkommen hat in den letzten Jahrzehnten stark zugenommen. Heute sind sie nicht nur seltene Wintergäste, sondern bilden auch große Sommerbestände aus. Das hat dramatische Auswirkungen auf die heimischen Fischbestände.

zehnten nimmt der Bestand an Kormoranen im Land stetig zu: Heute befinden sich im Winter rund 10.000 Kormorane an unseren Gewässern [1]. Sie sind damit, im Gegensatz zu den 1970er und 1980er Jahren, keine seltenen Wintergäste mehr. In Baden-Württemberg wurden bis vor etwa 25 Jahren niemals Kormoranbruten beobachtet. Heute brüten hier mehr als 1.776 Paare [2]. Durch diese Zunahme bleiben auch immer mehr Vögel im Sommer im Land. Der Sommerbestand wurde für 2022 auf rund 8.800 Individuen geschätzt (Abb. 5.2). In den Gewässern, die verstärkt vom Kormoran zur Nahrungsaufnahme aufgesucht werden, kommt es zu typischen Schadbildern wie beispielsweise zu hohen Zahlen an Fischen mit Verletzungen durch Kormoranschnäbel. Zudem finden sich deutlich verringerte Individuendichten bei den bestandsprägenden Fischarten, wobei die Verluste am größten bei Individuen mit Körperlängen

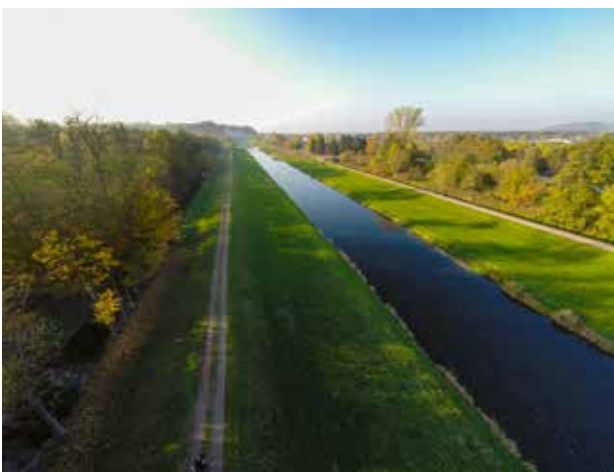


Abb. 5.3: Durch Renaturierungs- und Revitalisierungsprogramme wie hier an der Elz können vom Menschen stark veränderte Gewässer (links) wieder in einen natürlicheren Zustand zurückgeführt werden (rechts). Dies hat in der Regel auch einen positiven Effekt auf die Fischdiversität. Für die Planung solcher Maßnahmen müssen jedoch eine Reihe von Faktoren berücksichtigt werden (siehe Fließtext).

von 15 bis 35 Zentimeter sind. In vielen Gewässern umfasst das Nahrungsspektrum der Kormorane dabei auch seltene, gefährdete und geschützte Fischarten. Gewässerscharfe Daten zum Vorkommen des Kormorans fehlen aber bisher, wodurch die Auswirkungen des Kormoranfraßes trotz der sehr guten Fischdaten in Baden-Württemberg nicht systematisch ausgewertet werden können.

Langzeitdaten bilden auch die Grundlage für erfolgreiche Revitalisierungsprogramme und Schutzstrategien. Der heutige Kenntnisstand zur Lebensweise, zu den Habitatansprüchen und zur Verbreitung von aquatischen Organismen beruht auf regelmäßig durchgeführten Untersuchungen in den letzten Jahrzehnten [3]. Auch zur Überprüfung der Wirksamkeit einer Maßnahme ist ein regelmäßiges Monitoring nötig. Eine vom Umweltbundesamt beauftragte Studie zeigte, dass lediglich bei 77 von 227 berücksichtigten Renaturierungsprojekten eine Erfolgskontrolle durchgeführt wurde [4]. Es ist daher entscheidend, dass bereits vorhandene Monitoring-Programme ausgeweitet und neue Programme etabliert werden. Wichtig ist zudem, dass Maßnahmen am und im Gewässer die von Langzeitdaten abgeleiteten Erkenntnisse bestmöglich berücksichtigen.

Renaturierungen planen – aber richtig

Renaturierungs- und Revitalisierungsmaßnahmen haben das Ziel, durch den Menschen veränderte Gewässer wieder in einen natürlicheren Zustand zu führen (Abb. 5.3). Dabei müssen bei der Planung viele unterschiedliche Faktoren in Betracht gezogen werden. In Bezug auf die Fischdiversität sollte zum Beispiel das Besiedlungspotential eines Gewässerabschnitts unbedingt stärker als bisher berücksichtigt werden. Untersuchungen zeigen, dass die Wiederbesiedlung eines restaurierten Fließgewässers durch Fische stark davon abhängt, wie hoch die Artenvielfalt mit Einwanderungsmöglichkeiten in der Region ist [5]. Eine Renaturierung kann also nur dann die Vielfalt effektiv steigern, wenn ausreichend Arten für eine Neubesiedlung in der Umgebung vorkommen und diese auch die Möglichkeit besitzen, die renaturierten Abschnitte zu erreichen. Gerade bei stark fragmentierten Gewässern ist dies in der Regel nicht gegeben, so dass eine Wiederbesiedlung dann ohne Besatzmaßnahmen nur langsam oder gar nicht stattfindet [6]. Besatzmaßnahmen sollten jedoch immer die zweite Wahl sein, da die Gefahr besteht, dass Krankheitserreger oder andere krankmachende Faktoren (zum Beispiel Parasiten) oder auch unerwünschte genetische Linien eingeschleppt werden.

Wie die aktuellen Untersuchungen zudem zeigen, ist es vor allem in kleineren Gewässern wichtig, dass die Habitatansprüche der dort natürlicherweise vor-

kommenden Arten stärker berücksichtigt werden. Allgemeine Maßnahmen zur Stärkung der Fischartenvielfalt können zwar dazu führen, dass sich die Biodiversität in diesen Gewässerabschnitten erhöht, der ökologische Zustand muss sich dadurch aber nicht zwangsweise verbessern, da die Fischartengemeinschaft möglicherweise immer noch vom Referenzzustand abweicht. Die Verfügbarkeit von Referenzdaten in einem Flusssystem ist hier entscheidend.



Abb. 5.4: Flüsse, die sich noch in einem natürlichen Zustand befinden (wie hier die Wutach), werden häufig als Referenz für andere Gewässer herangezogen. Jedoch führen auch hier Einflüsse wie der Klimawandel möglicherweise bereits zu einer Veränderung in der Fischartengemeinschaft. Daher sollten, wenn möglich, gewässerabschnittsscharfe Referenz-Fischzö-nosen entwickelt werden.

Für Baden-Württemberg wurden solche Referenz-Fischzö-nosen bereits entwickelt, sie werden aber bisher vor allem im Kontext der WRRL zur Bewertung des ökologischen Zustands eines Gewässers verwendet [7, 8]. Die Nutzung dieser Informationen haben im Vergleich zu anderen Ansätzen einen großen Vorteil: Damit wird verhindert, dass sogenannte shifting baselines entstehen, dass sich also der Referenzzustand immer weiter an eine künstliche, durch den Menschen veränderte Situation annähert. Dies kann zum Beispiel passieren, wenn man vermeintlich ungestörte Lebensräume als Referenz definiert, die rezente Artengemeinschaft also schon viele gebietsfremde oder invasive Arten beherbergt (Abb. 5.4). Dynamische Einflüsse wie der Klimawandel unterstützen diesen Trend mit schon weitreichenden Veränderungen, da oft nicht die heimischen Spezialisten, sondern eingewanderte Generalisten unter diesen neuen Bedingungen konkurrenzstärker sind. Natürlich ist es nur selten möglich, den natürlichen Zustand eines Gewässers vollständig wiederherzustellen. Dennoch sollte unbedingt versucht werden, sich diesem Ziel unter Berücksichtigung aller verfügbaren Informationen bestmöglich anzunähern.

Besatz nach guter fachlicher Praxis

Nicht immer kann sich ein Fischbestand nach einer Störung von allein wieder erholen. Über gezielte fischereiliche Besatzmaßnahmen kann die Wiederherstellung eines natürlichen Fischarteninventars unterstützt werden. Zudem würden manche Arten ohne Besatz in weiten Teilen des Landes fehlen (Abb. 5.5). Der gezielte Besatz von Fischen darf jedoch kein „Allheilmittel“ sein und sollte ausschließlich nach guter fachlicher Praxis ausgeführt werden. Grundsätzlich müssen dabei immer die rechtlichen Rahmenbedingungen beachtet werden (siehe Kapitel 1.4). Vor allem ist wichtig, dass der Besatz von nicht heimischen Arten grundsätzlich verboten ist und ganzjährig geschonte Arten nur mit behördlicher Erlaubnis besetzt werden dürfen. Des Weiteren ist es vor der Durchführung einer Maßnahme immer wichtig, eine Reihe von Voraussetzungen zu beachten [9].



Abb. 5.5: Manche Arten würden heute ohne regelmäßigen Besatz in weiten Teilen Baden-Württembergs fehlen. Aufgrund des starken Gewässerverbaus ist es beispielsweise dem Aal heute nicht mehr möglich, die Oberläufe von Flüssen zu erreichen. Besatzmaßnahmen ist es zu verdanken, dass er auch heute noch großflächig anzutreffen ist und seine natürlichen Aufwuchshabitate nutzen kann.

Um eine erfolgreiche und ökologisch sinnvolle Besatzplanung zu gewährleisten, ist es unerlässlich, sowohl den Zustand des Gewässers als auch seinen aktuellen Fischbestand genau zu kennen. Dabei spielen zahlreiche Faktoren eine Rolle:

- **Gewässertyp:** Ob ein Gewässer natürlich oder künstlich entstanden ist, beeinflusst seine Eigenschaften und somit auch die darin lebenden Fischarten.
- **Gewässerstruktur:** Geografische Lage, Tiefe, Strömung, Wasserqualität und die Zusammensetzung des Gewässergrundes sind entscheidend dafür, ob sich ein Gewässer für bestimmte Fischarten eignet.
- **Fischbestand:** Die aktuelle Zusammensetzung und Anzahl der Fische im Gewässer geben Aufschluss über die bestehenden ökologischen Verhältnisse.

- **Ökologische Zusammenhänge:** Alle Lebewesen in einem Gewässer sind miteinander verbunden. Veränderungen in einem Bereich wie beispielsweise der Gewässerstruktur haben Auswirkungen auf das gesamte Ökosystem.

Besonders künstlich angelegte Gewässer stellen eine Herausforderung dar, da ihre Bedingungen oft stark schwanken und sie sich durch menschliche Eingriffe schnell verändern können. Jedes künstliche Gewässer muss daher individuell betrachtet werden.

Damit die eingesetzten Fische überleben, sich erfolgreich fortpflanzen und so den Bestand stärken können, müssen sie folgende bestimmte Anforderungen erfüllen:

- **Gesundheit:** Die Fische müssen frei von Krankheiten sein und aus Betrieben stammen, die regelmäßig tierärztlich überwacht werden.
- **Vitalität:** Die Fische sollten fit und widerstandsfähig sein und sich schnell an ihre neue Umgebung anpassen können.
- **Altersgerechte Größe und Kondition:** Die Größe und der Allgemeinzustand der Fische müssen zu ihrem Alter und zum Lebensraum passen.
- **Anatomische Merkmale:** Die Fische müssen körperlich unversehrt sein und typische Merkmale ihrer Art aufweisen (Abb. 5.6).
- **Genetische Identität:** Die Fische sollten möglichst genetisch dem ursprünglichen Bestand des Gewässers entsprechen.

Gerade der letzte Punkt der genetischen Integrität wurde lange Zeit in der Praxis stark vernachlässigt. Die Folgen konnten die aktuellen genetischen Untersuchungen klar aufzeigen. Bei Arten wie Äsche oder Nase finden sich heute beispielsweise genetische Linien in Baden-Württemberg, die sich nicht auf natürliche Weise ausgebreitet haben können. Dadurch besteht die Gefahr, dass es zu



Abb. 5.6: Für das Überleben von Besatzfischen ist es entscheidend, dass die Fische frei von Krankheiten und körperlich unversehrt sind. Verletzungen wie hier gezeigt verringern die Chance, dass sich die besetzten Fische erfolgreich fortpflanzen und so den Bestand stärken können.

einer genetischen Vermischung kommt und die einzigartige und gut angepasste genetische Vielfalt verloren geht. Dieser Verlust ist in der Regel irreversibel und bedeutet immer auch eine Abnahme der heimischen biologischen Vielfalt. Aus diesem Grund sollte die genetische Identität unbedingt stärker in die Besatzplanungen integriert werden. Für viele der aktuell untersuchten Arten ist es nun aufgrund der vorliegenden Untersuchungen möglich, entweder konkrete Bewirtschaftungseinheiten zu definieren oder Gründe für die Nutzung von lokalen Beständen aufzuzeigen. Diese Empfehlungen können direkt in die Praxis umgesetzt werden.

Das Besetzen von Gewässern mit Fischen kann neben genetischen Einflüssen auch direkte und indirekte Auswirkungen auf das Ökosystem haben. Direkte Auswirkungen können sich in Form von Konkurrenz um Ressourcen (wie Nahrung und Lebensraum) oder Prädation äußern. Indirekte Effekte ergeben sich beispielsweise aus Veränderungen der Wasserqualität durch erhöhte Trübung oder den Eintrag von Pathogenen. Weitere ausführliche Informationen zur guten fachlichen Praxis fischereilicher Maßnahmen findet sich in der Schriftenreihe des Verbandes Deutscher Fischereiverwaltungsbeamter und Fischereiwissenschaftler e.V., Heft 14 [9].

5.3. Besonderer Schutz für Spezialisten und lokal angepasste Bestände ist nötig

Viele Verlierer und wenige Gewinner

Während in Baden-Württemberg insgesamt ein klarer Rückgang der Biodiversität im Vergleich zum erwarteten natürlichen Zustand festgestellt wurde, zeigten die aktuellen Untersuchungen auch, dass bestimmte funktionelle Gruppen besonders stark von diesen Veränderungen betroffen sind. Arten, die auf eine möglichst reichhaltige und strukturelle Ausstattung ihrer Lebensräume angewiesen sind, fehlen heute in vielen Fließgewässern oder weisen nur noch eine niedrige Häufigkeit auf. Überproportional betroffen sind überdies Arten, die in ihrem Lebenszyklus unterschiedliche Teilhabitate über größere räumliche Entfernungen hinweg nutzen, wobei die hierzu erforderlichen Wanderungen oder Wechsel aufgrund von menschlichen Eingriffen unterbunden sind (Abb. 5.7). Insbesondere aufgrund dieser Defizite sind heute alle heimischen Lang- und Mitteldistanzwanderer entweder ausnahmslos verschwunden, vom Aussterben bedroht, stark gefährdet oder gefährdet [10]. Es gibt jedoch auch Gruppen, die von den allgemeinen Ausbaumaßnahmen unserer Gewässer profitierten und heute sogar stärkere Bestände als historisch erfasst entwickelten. In erster Linie handelt es sich hierbei um anpassungsfähige



Abb. 5.7: Fischarten mit spezifischen Ansprüchen an ihr Habitat wie der Atlantische Lachs (oben) sind besonders stark von den Veränderungen der heimischen Gewässer betroffen. Andere Arten wie der Döbel (unten) können hingegen profitieren, da sie anpassungsfähiger sind und weniger spezifische Ansprüche besitzen.

ge Generalisten mit wenig spezifischen Ansprüchen an ihre Lebensumwelt sowie um Arten, denen die eingetretenen Veränderungen entgegenkamen (Abb. 5.7). Diese Arten, zum Beispiel Brachsen, Döbel, Flussbarsch oder Rotaugen, sind in Baden-Württemberg heute ausnahmslos nicht gefährdet [10].

Fragmentierung der Fließgewässer

Die Fragmentierung der heimischen Gewässer muss als eine der entscheidenden Ursachen für die starken Abweichungen vom erwarteten natürlichen Zustand noch einmal klar genannt werden. Wie bereits ausführlich diskutiert, ist der aktive Fischaufstieg und -abstieg in den meisten baden-württembergischen Flusssystemen heute nicht oder nur sehr eingeschränkt möglich. Der Querverbau unserer Fließgewässer beeinträchtigt ihre Qualität als Fischlebensräume aber auch mittelbar. Besonders relevant sind die durch Querbauwerke verursachten Störungen des natürlichen Geschiebe- und Substrattransports. Insbesondere größere Stauhaltungen stellen regelrechte Substratfallen dar, in denen das Geschiebe zu großen Teilen abgelagert wird. In den stromab gele-



Abb. 5.8: Ausleitungskraftwerke entnehmen einem Fluss viel Wasser zur Stromerzeugung. Im Mutterbett des Fließgewässers entsteht eine Ausleitungsstrecke, die nur noch einen Bruchteil der ursprünglichen Wassermenge enthält. Die Bewohnbarkeit dieser Strecken für Fische ist dadurch oft verändert oder nicht mehr möglich.

genen Bereichen kommt es in der Folge zu einem Nachschubmangel. Es ist dann in der Regel so, dass lockere Kiesbänke, die unter anderem als Laichplätze für verschiedene Fließgewässerfischarten eine wichtige ökologische Funktion erfüllen, nicht mehr im erforderlichen Umfang neu gebildet werden.

Größere Stauhaltungen führen allerdings noch zu weiteren ökologischen Problemen. Da die Strömung in ihnen fast vollständig zum Erliegen kommt, werden sie zu einem thermischen Wanderhindernis, das oft von rheophilen, also strömungsliebenden Fischarten gemieden wird. Dies trägt damit zur Fragmentierung ihrer Bestände bei. In Staubereichen kommt es aufgrund der eingeschränkten Fließgeschwindigkeiten zudem zu einer starken Sonnenexposition, was eine deutliche Verstärkung der Klimawandeleffekte bedeutet. Nicht zuletzt können in Stauhaltungen Stoffkreisläufe vergleichbar wie in Seen in Gang gesetzt werden, die in Fließgewässern normalerweise nicht zu beobachten sind.

Aus fischökologischer Sicht stellen Wasserkraftanlagen Querbauwerkstandorte mit erheblichen zusätzlichen Gefährdungspotenzialen dar. Diese sind in erster Linie Verluste an Lebensräumen und Funktionen in Fließgewässern infolge von Wasserausleitungen sowie Schädigungen der Fische durch den Turbinenbetrieb. Der Umstand, dass Fische in die Zuleitungen von Wasserkraftanlagen gelangen und in der Folge durch die Turbinen verletzt oder getötet werden können, betrifft alle Kraftwerkstypen. Vorgeschaltete Rechen, die unter anderem dazu dienen, derartige Schädigungen zu verhindern, haben sich in der Vergangenheit aufgrund zu großer Stabweiten und hydraulischer Mängel vielfach als wenig wirksam herausgestellt. Die bei Fischen tatsäch-

lich auftretenden Schädigungs- und Mortalitätsraten sind unterschiedlich. Neben dem eingesetzten Turbinentyp, der Betriebsweise und den vorhandenen Schutzvorkehrungen hängen sie insbesondere von der Größe und Gestalt der jeweiligen Fischart ab.

Besonders gravierende Auswirkungen waren in der Vergangenheit bei den Beständen diadromer, also zwischen Süß- und Salzwasser wechselnder Wanderfischarten und hier allen voran beim Aal zu verzeichnen. Diese Arten sind bei ihren über lange Distanzen erfolgenden Abwanderungen aus dem Binnenbereich ins Meer teilweise zur Passage zahlreicher Wasserkraftanlagen gezwungen. Hierbei kommt es zwangsläufig zu kumulativen Schädigungseffekten. Weit verbreitet sind so genannte Ausleitungskraftwerke. Das zur Stromerzeugung genutzte Wasser wird hier dem Fließgewässer über einen Kanal oder eine Druckleitung entnommen und nach der energetischen Nutzung weiter stromab wieder zugeleitet. Im Mutterbett des Fließgewässers entsteht eine sogenannte Ausleitungsstrecke, in der lediglich ein im Rahmen des wasserrechtlichen Verfahrens festgelegter Restwasserabfluss verbleibt. Infolge der verringerten Wasserführung werden die natürlichen Strömungs- und Tiefenverhältnisse und damit letztlich auch die Bewohnbarkeit der Ausleitungsstrecke für Fische verändert oder in manchen Fällen ganz unmöglich (Abb. 5.8).

Fische schützen, Auf- und Abstieg ermöglichen

Das Wissen über funktionsfähige Problemlösungen zum Fischschutz und der Durchgängigkeit von Wasserkraftanlagen hat sich in jüngerer Vergangenheit deutlich weiterentwickelt. Fischschutz- und Wandereinrichtungen lassen sich heute so gestalten, dass sie in vielen Fällen einen stark verbesserten Schutz für Fische gewährleisten, ohne dabei mit Nachteilen für den Anlagenbetrieb verbunden zu sein (Abb. 5.9). Bislang konnte allerdings nur ein geringer Bruchteil der betreffenden Wasserkraftanlagen in Baden-Württemberg mit entsprechenden Schutzsystemen und Wanderhilfen ausgestattet werden. Es besteht somit noch ein erheblicher Nachrüstungsbedarf. Gleichzeitig ist durch die beschriebenen Vorkehrungen der ebenfalls erforderliche Schutz von Klein- und Jungfischbeständen nach wie vor nicht wirksam möglich. Auch für Anlagen mit größerem Ausbauräumen konnten noch keine umfassend befriedigenden Lösungen gefunden werden. Nach aktuellem Wissenstand können folgende Maßnahmen ergriffen werden, um die Durchgängigkeit von Querbauwerken in unseren Gewässern zu verbessern:

- Rückbau von Querbauwerken: Noch bestehende Querbauwerke, die heute keinen vorrangigen Nut-

zungszwecken mehr dienen, sollten ohne Ausnahmen beseitigt werden.

- **Fischaufstiegshilfen:** Fischwanderhilfen wie Fischtreppen, Umgehungsgerinne und Fischlifte sollten auf Basis aktueller wissenschaftlicher Erkenntnisse und unter Einbeziehung von Fischexperten geplant und realisiert werden.
- **Fischschutz und Abstieghilfen:** Funktionsfähige Lösungen sind an Standorten mit einem Ausbaudurchfluss bis zu etwa 50 Kubikmetern pro Sekunde mit Rechen von 10 bis 15 Millimeter Stabweite realisierbar [11]. Durch Kombination mit modernen Bypass-Anlagen lässt sich hierbei auch der Fischabstieg optimieren.
- **Mindestwasserregelungen:** Diese müssen grundsätzlich ökologisch verträglicher gestaltet werden. Aktuelle gesetzliche Vorgaben [12] sind schon Minimalwerte, die unbedingt eingehalten und kontrolliert werden müssen.

Der Einfluss von Querbauwerken auf die genetische Vielfalt von Fischen wurde bereits durch zahlreiche Studien belegt. Gerade bei schwimmschwachen Arten kommt es zur Isolierung von Beständen und dadurch zur genetischen Verarmung [13]. Ein eindrückliches Beispiel ist der stark gefährdete Streber (*Zingel streber*) im Donaueinzugsgebiet. Durch die starke Fragmentierung



Abb. 5.9: Um die Durchgängigkeit von Wasserkraftanlagen für Fische zu verbessern, werden diese mit Fischwanderhilfen ausgestattet. Bisher besitzt jedoch nur ein geringer Teil der Anlagen in Baden-Württemberg solche Systeme.

der Donau sind die heute noch vorkommenden Streberbestände praktisch vollständig voneinander isoliert und weisen nur noch extrem geringe Populationsgrößen auf [14]. Ähnliche Hinweise konnten in den aktuellen Untersuchungen für die Groppe gefunden werden. Auch hier wurden innerhalb einzelner Flusssystemen selbst bei nahe benachbarten Populationen mit Wanderhindernissen klare genetische Unterschiede festgestellt. Die Gefahr besteht somit auch hier, dass es in den lokalen Beständen zu einer genetischen Verarmung kommt.

Bei einer geringen genetischen Vielfalt und kleinen Populationsgrößen steigt das Risiko von Inzucht, was zu einer Abnahme der Fitness der Nachkommen führen kann. Inzuchtdepression äußert sich unter anderem in reduzierter Fruchtbarkeit, erhöhter Sterblichkeit und einer allgemeinen Schwächung des Bestands. Mit abnehmender genetischer Vielfalt wird es für eine Art zudem schwieriger, sich an veränderte Umweltbedingungen wie Klimawandel, Wasserverschmutzung oder veränderter Nahrungsverfügbarkeit anzupassen. Daher ist es entscheidend, dass die genetische Vielfalt, die sich über Jahrtausende in Baden-Württemberg entwickelt hat, besonders geschützt wird.

Querbauwerke verhindern jedoch nicht nur die Wanderung innerhalb eines Gewässers, sie können auch zu schweren Verletzungen oder zum Tod von Fischen und anderen aquatischen Organismen führen. Dabei hängt der Verletzungsgrad von der Art der verwendeten Wasserkraftturbine ab [15]. In den letzten Jahren wurden daher „fischfreundliche“ Turbinen entwickelt, welche die Gefahr von Verletzungen durch Schaufelschlag, schnelle Druckänderungen und Scherspannung verringern sollen. Eine großangelegte Studie konnte jedoch zeigen, dass diese vermeintlich innovativen Lösungen immer noch zu einer Mortalität von über 60 Prozent bei Fischen führen [16]. Bei der am weitesten verbreiteten Turbinenart (Kaplan-Turbine) lag die Mortalität sogar bei über 80 Prozent. Diese neuen Typen von Wasserkraftanlagen führten auch nicht zu der versprochenen Verbesserung der Lebensraumbedingungen im Bereich der Anlagen für strömungsliebende Fischarten [17]. Es ist daher in Zukunft unbedingt notwendig, die Vor- und Nachteile von Wasserkraftanlagen sorgfältig abzuwägen, da sie einen erheblichen Einfluss auf das aquatische Ökosystem haben.

Lokal angepasst und einzigartig

Für zwölf ausgewählte bedrohte Fisch-, Neunaugen- und Krebsarten wurden in der aktuellen Untersuchung auf Basis der verfügbaren Literatur genetische Marker etabliert und wichtige Erkenntnisse zu verbreiteten genetischen Linien und Genotypen abgeleitet. Darüber hinaus haben sich während der Auswertung weiterge-

hende Fragestellungen ergeben. Nicht immer konnten alle relevanten baden-württembergischen Bestände einer Art genetisch und phänotypisch untersucht werden. Zudem sind für einzelne Arten genetische Methoden mit höherer Auflösung (zum Beispiel molekulare Marker wie SNPs, *next generation sequencing*) als hier verwendet nötig, um die genetische Vielfalt weitergehend zu untersuchen. Im Folgenden werden für die genetisch charakterisierten Arten noch ungeklärte Forschungsfragen benannt. Diese sollten in zukünftigen Studien unbedingt berücksichtigt werden.

Äsche: Bei der Äsche führten sowohl historisch bedingte Ausbreitungswege als auch der langjährige Besatz augenscheinlich zur Vermischung verschiedener genetischer Linien. Daher sollten für Besatzzwecke nur noch lokale Bestände genutzt werden. Um eine weitere Vermischung zu vermeiden, sollten bereits etablierte Zuchtbestände genetisch charakterisiert werden. Bisher fehlen zudem genetische Informationen aus den südlichen Donauzuflüssen und den Zuflüssen des Oberrheins. Ob sich, wie in anderen Regionen auch, hier einzigartige Genotypen entwickelt haben, sollten weitergehende Untersuchungen klären.

Bachneunauge: In Baden-Württemberg scheint eine einzelne genetische Linie des Bachneunauges verbreitet zu sein. Trotzdem weisen die untersuchten Bachneunaugen klare genetische Unterschiede zwischen den untersuchten Beständen auf. Zukünftige Untersuchungen sollten klären, ob das isolierte Vorkommen zu einer genetischen Verarmung bei dieser Art führt. Zudem sollte der Zustand besonders schützenswerter Bestände wie zum Beispiel in der Radolfzeller Ach regelmäßig überprüft werden, um den Verlust dieser einzigartigen Bestände zu verhindern.

Groppe: Die aktuellen genetischen Untersuchungen lieferten erste Hinweise, dass eine gebietsfremde Hybridlinie der Groppe in Baden-Württemberg vorkommt. Weitergehende Untersuchungen müssen klären, ob sich diese in anderen Zuflüssen des Rheins oder im Hauptstrom selber etabliert haben (Abb. 5.10). Dazu sind weiterführende Monitoring-Programme im nördlichen Rheingebiet nötig. Generell müssen weitere Untersuchungen zur genetischen Diversität der Groppe klären, welche Groppenformen unter anderem im Maingebiet verbreitet sind. Dazu sollten jedoch geeignete genetische Marker für die Unterscheidung der Formen verwendet werden, zum Beispiel bestimmte diagnostische SNPs, welche für die Arten bereits entwickelt wurden [18].

Karausche: Karauschen stammen in Baden-Württemberg von zwei klar unterscheidbaren genetischen Linien ab. Durch Besatzmaßnahmen scheint es in der Vergangenheit in einzelnen Gewässern bereits zu einer



Abb. 5.10: Weitere Untersuchungen sind zur Klärung der Verbreitung der unterschiedlichen nachgewiesenen Groppenarten nötig. Eine Herausforderung sind dabei die geringen äußerlichen Unterschiede sowie die komplexen genetischen Verwandtschaftsbeziehungen zwischen den einzelnen Arten.

Vermischung der Linien gekommen zu sein. Daher sollten für zukünftige Maßnahmen unbedingt Spenderpopulationen etabliert werden. Wenn möglich sollte dabei nicht nur die genetische Linie, sondern auch das Einzugsgebiet berücksichtigt werden. Aufgrund der insgesamt prekären Situation bei der Karausche sollten weitergehende Untersuchungen zur Verbesserung der Datenlage zudem weitere Bestände in Baden-Württemberg identifizieren und genetisch charakterisieren. Gerade im Neckar- und Bodenseeeinzugsgebiet gibt es immer wieder Hinweise, dass in Kleinstgewässern noch Karauschenbestände vorkommen. Bei bereits vorhandenen Nachweisen sollte überprüft werden, ob es sich wirklich um Karauschen handelt. Leider wird diese Art immer wieder mit den gebietsfremden Giebeln verwechselt. Um eine weitere Vermischung der genetischen Linien zu verhindern, müssen kommerzielle Zuchtbestände genetisch untersucht und möglicherweise deren Verbreitung eingeschränkt werden. Es verdichten sich die Hinweise, dass Giebel die Karauschen verdrängen. Konkurrenzstudien sind hier nötig, um die Verdrängungsmechanismen zu klären und so mögliche Managementansätze zu liefern.

Karpfen: Das Vorkommen unterschiedlicher Karpfenformen in Baden-Württemberg wurde lange diskutiert, bisher jedoch nicht systematisch untersucht. Die aktuellen Ergebnisse geben zwar erste vielversprechende Hinweise, dass genetische und phänotypische Wild- und Zuchtformen des Karpfens vorhanden sind. Weitergehende Untersuchungen sind jedoch nötig, um den Effekt geographischer Unterschiede und die genetische Basis für die beobachteten Unterschiede in der Gestalt zu entkoppeln. Ein bereits laufendes Projekt setzt hier

bereits an und nutzt genetische Ansätze mit höherer Auflösung sowie Proben aus allen Einzugsgebieten Baden-Württembergs. Zukünftige Untersuchungen sollten zudem klären, ob der Anstieg der Wassertemperatur im Kontext der Klimakrise zur Etablierung von Zuchtbeständen führt, die ehemals auf den Besatz durch den Menschen angewiesen waren.

Nase: Die Nasen in Baden-Württemberg weisen eine hohe genetische Vielfalt innerhalb ihrer jeweiligen Populationen auf. Zwischen den untersuchten Beständen waren die Unterschiede jedoch eher gering. Grund dafür ist wahrscheinlich, dass es bei der Nase als Langdistanzwanderer regelmäßig zum genetischen Austausch gekommen ist. Weitergehende Untersuchungen sollten klären, ob durch die Fragmentierung der Gewässer dieser Austausch unterbrochen ist und es dadurch zukünftig zu einer stärkeren genetischen Aufspaltung kommt. Zudem ist noch nicht geklärt, wie stark der Besatz zu einer Vermischung von genetischen Linien geführt hat. Auch hier sind genetische Methoden mit höherer Auflösung nötig, um diese Forschungsfragen zu klären.

Quappe: Der Besatz von Quappen zu Wiederansiedlungszwecken wird in Baden-Württemberg regelmäßig praktiziert. Oft ist jedoch nicht klar, woher genau das Besatzmaterial stammt. Daher sollten kommerzielle Zuchtbestände unbedingt vor dem Besatz genetisch charakterisiert werden. Des Weiteren sollten die bereits durchgeführten Besatzmaßnahmen systematisch kartiert und deren Spenderpopulationen identifiziert werden. Aufgrund des isolierten Vorkommens der Art und ihrer großen genetischen Vielfalt ist es zudem wichtig, weitere Quappenbestände zu ermitteln und genetisch zu charakterisieren. Aktuell ist zum Beispiel nicht bekannt, welche der verbreiteten Quappenlinien in der Oberrheinebene oder in den Bodenseezuflüssen vorkommen.

Rapfen: Die genetische Herkunft der zunehmenden Rapfenbestände im Neckar- und Rheingebiet konnte aufgrund fehlender Proben aus dem Donauegebiet leider nicht festgestellt werden. Weitergehende Untersuchungen sind hier also dringend angezeigt. Dabei sollten zusätzliche Anstrengungen betrieben werden, um Rapfen aus der Donau zu erhalten. Auch andere natürlich verbreitete Bestände in Deutschland sollten in diesen Analysen berücksichtigt werden. Insgesamt fehlen für den Rapfen flächendeckende systematische genetische Studien.

Schlammpeitzger: Trotz der starken Isolation der heute noch vorkommenden Schlammpeitzgerbestände zeigten die aktuellen Untersuchungen nur geringe genetische Unterschiede zwischen den einzelnen Populationen auf. Möglicherweise liegt dies an der Auswahl der genetischen Marker. Weitergehende Untersuchungen sollten daher

genetische Methoden mit höherer Auflösung nutzen, um die genetische Vielfalt des Schlammpeitzgers in Baden-Württemberg besser zu charakterisieren.

Steinbeißer: In Baden-Württemberg kommen drei Steinbeißerarten vor, die sich regelmäßig hybridisieren. Weitergehende Untersuchungen müssen mit geeigneten genetischen Methoden klären, welche Arten diese Hybridkomplexe bilden. Die Ausbreitung des nicht heimischen südlichen Steinbeißers muss genauestens beobachtet werden, da heimische Arten vor allem in der Kontaktzone verdrängt werden könnten (Abb. 5.11). Im Donaueinzugsgebiet sollten Anstrengungen unternommen werden, geeignete Gewässer für eine Wiederbesiedlung des Steinbeißers zu identifizieren. Die verbliebenen Populationen im Donauegebiet könnten hier als Spenderpopulationen dienen. Hier könnten staatlich geführte Aufzuchtprogramme als Stütze dienen.

Steinkrebs: Beim Steinkrebs fehlen immer noch genetische Informationen aus wichtigen Verbreitungsgebieten wie zum Beispiel dem südlichen Neckargebiet oder dem Gebiet nördlich der Donau. Bemühungen zur Vermehrung von Steinkrebsen in Baden-Württemberg, sollten die neuen Erkenntnisse berücksichtigen. Generell sollten möglichst lokale Spenderpopulationen identifiziert und genutzt werden. Wo das nicht möglich ist, können Wiederansiedlungen angesichts der rasch fortschreitenden Bestandsverluste im Einzelfall auch nach dem Vorsorgeprinzip erfolgen. Aktuell noch laufende Untersuchungen zur Genetik des Steinkrebsses werden voraussichtlich weitere Einblicke liefern.

Strömer: Für den Strömer konnten klare genetische Gruppen definiert werden, die sich stark an den Einzugsgebieten orientierten. Für den Hoch- und Oberrhein gibt es bisher keine Informationen. Weitergehende Untersuchungen sollten in dieser Region daher überprüfen, ob dort noch stabile Strömerbestände vorkommen und diese gegebenenfalls genetisch charakterisieren.



Abb. 5.11: Der Südliche Steinbeißer muss in Baden-Württemberg als nicht heimisch angesehen werden. Ob sich die Art weiter im Oberrhein ausbreitet, müssen zukünftige Untersuchungen zeigen. Es besteht nämlich die Gefahr, dass heimische Steinbeißerarten verdrängt werden.

Bei den aktuell untersuchten Fisch-, Neunaugen- und Krebsarten handelt es sich um eine Auswahl an besonders gefährdeten Arten. Es gibt jedoch noch weitere Arten, die derzeit in Baden-Württemberg nicht ausreichend genetisch charakterisiert sind. So ist zum Beispiel unklar, welche Gründlingsarten im Donau-einzugsgebiet verbreitet sind. Im angrenzenden Bayern kommt neben dem Gemeinen Gründling (*Gobio gobio*) auch der Donau-Stromgründling (*Romanogobio vladykovi*) vor (Abb. 5.12). Diese Art wird regelmäßig im Großraum Ulm zusammen mit dem Gemeinen Gründling nachgewiesen. Daher ist es nicht unwahrscheinlich, dass der Donau-Stromgründling auch in Baden-Württemberg verbreitet ist [19]. Phänotypische Unterschiede zwischen den Arten, wie etwa unterschiedliche Punktreihen an den Flossen, unterschiedliche Bartellängen und Struktur der Schuppen, sind zwar beschrieben, werden in der Praxis jedoch häufig nicht erkannt. Systematische genetische Analysen könnten hier Klarheit zur Verbreitung der Gründlingsarten schaffen. Auch von Elritzen weiß man heute, dass mehrere Arten in Europa verbreitet sind. Neben der Gemeinen Elritze (*Phoxinus phoxinus*) ist unter anderem die Donau-Elritze (*Phoxinus csikii*) in Deutschland, Österreich, Schweiz und Frankreich nachgewiesen worden. In der Schweiz zeigten genetische Untersuchungen im



Abb. 5.12: Aktuell ist für Baden-Württemberg nicht bekannt, ob neben dem Gemeinen Gründling (oben) auch der Donau-Stromgründling (unten) im Donau-einzugsgebiet vorkommt. Die optischen Unterschiede zwischen den Arten sind für das ungeschulte Auge nur schwer zu erkennen.

Rahmen von *Project Lac*, dass *Phoxinus phoxinus* dort wohl noch nie vorkam und andere Arten natürlich verbreitet sind [20]. Eine erste Charakterisierung von Elritzen aus dem Bodensee konnte beide oben genannten Elritzenarten nachweisen (Julia Gaye-Siessegger, pers. Kommunikation). Es ist also noch völlig unklar, welche Arten in Baden-Württemberg verbreitet sind. Flächendeckende Untersuchungen sollten daher Elritzenbestände aus verschiedenen Regionen genetisch und phänotypisch charakterisieren.

5.4. Verbesserung der Resilienz heimischer Gewässer

Neben der Fragmentierung der Gewässer durch Querbauwerke und der Ausbreitung invasiver Arten hat die sich zuspitzende Klimakrise bereits heute weitreichende Auswirkungen auf die aquatische Biodiversität. Die Situation wird sich in naher Zukunft noch weiter verschärfen. Fische sind wechselwarme Organismen, ihre Lebensvorgänge werden daher grundlegend von der Wassertemperatur beeinflusst. Die zu erwartenden Veränderungen der aquatischen Welt, besonders die der Wassertemperatur und Wasserverfügbarkeit, werden sich vielfältig und zumeist negativ auf die heimischen Fischarten auswirken. Die Anforderungen an die Wassertemperatur sind für jede Fischart spezifisch und unterscheiden sich auch teilweise drastisch zwischen ihren Entwicklungsstadien. Fische haben sich im Laufe von Millionen Jahren optimal an die zeitlichen und räumlichen Gegebenheiten in ihrem Lebensraum angepasst. Durch den raschen Wandel der Umweltparameter innerhalb von nur wenigen Jahrzehnten drohen ihnen jetzt Veränderungen, auf die sie nicht schnell genug oder gar nicht reagieren können (Abb. 5.13).

Klimaveränderungen werden sich zudem auf die Ausbreitung und Häufigkeit von bekannten und neuen Fischkrankheiten auswirken. Neben den Auswirkungen auf die physikalisch-chemischen Parameter der Gewässer wird der Klimawandel insbesondere die Wasserverfügbarkeit direkt beeinflussen. Durch eine reduzierte Wasserführung in zunehmenden und längeren Trockenphasen wird sich die Durchgängigkeit und Vernetzung von Gewässern verringern. Nur wenn Gewässer ausreichend passierbar und vernetzt sind, können Fische bei akutem Hitzestress kühlere Rückzugsräume in Oberläufen, tieferen Gewässerabschnitten oder von Grundwassereinflüssen geprägte Stellen aufsuchen, um kurzfristige Wärmebelastungen zu vermeiden [21, 22]. Langfristig wird erwartet, dass sich die Fischregionen des aquatischen Lebensraumes im Zuge der globalen Erwärmung flussaufwärts verschieben werden. Die ursprünglichen Lebensräume werden daher in Zukunft oftmals

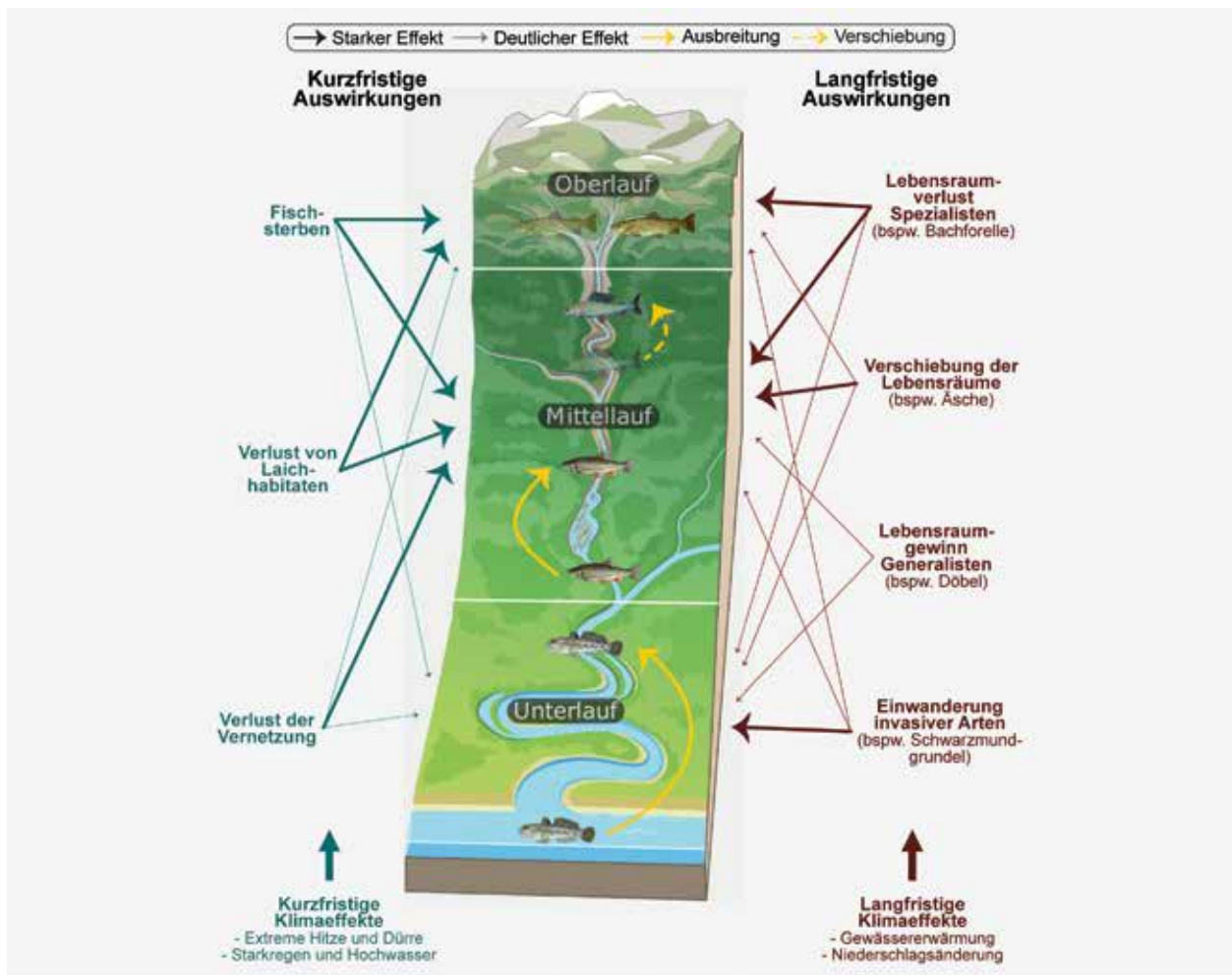


Abb. 5.13: Die Klimakrise hat vielschichtige und komplexe Auswirkungen auf Fischbestände. Sie können entlang des Gewässerlaufs variieren und können grob in kurzfristige Wetterphänomene (links) und langfristig wirkende Veränderungen (rechts) aufgeteilt werden. Verändert nach Basen et al. 2022 [54].

nicht mehr optimal geeignet sein und insbesondere für kälteliebende Fischarten werden sich die Lebensräume verschlechtern. Auf der anderen Seite werden wärmetolerante Generalisten eine Ausweitung geeigneter Lebensräume vorfinden.

Kurzfristig werden im aquatischen Lebensraum neue Artenzusammensetzungen und Konkurrenzsituationen entstehen. Diese können zu erhöhter Diversität führen, sind dabei aber auch vergleichsweise instabil und können schnell in Dominanzsituationen umkippen, wenn beispielsweise neue Prädatoren wie der Wels den Lebensraum überprägen [23]. Um die Widerstandsfähigkeit von Fließgewässern gegenüber den klimatischen Veränderungen zu verbessern, muss das natürliche Anpassungspotenzial der Lebensräume bewahrt oder wiederhergestellt werden. Die im Folgenden vorgestellten Maßnahmen können zudem sicherstellen, dass die biologische Vielfalt unserer heimischen Gewässer auch in Zukunft noch erhalten bleibt.

Beschattung kleiner Gewässer

Für kleine Fließgewässer stellt bereits die direkte Sonneneinstrahlung einen bedeutenden Wärmeeintrag dar. Dieser lässt sich verringern, wenn die Ufer mit standorttypischen Bäumen und Sträuchern bepflanzt werden. Die Kronendecke beschattet die Gewässer, wodurch der Wärmeeintrag deutlich reduziert wird. Besonders bei kleineren Gewässern kann dies schon auf einer kurzen Fließstrecke von wenigen hundert Metern dazu führen, dass die Wassertemperatur bis zu 4 °C abgesenkt wird und Temperaturspitzen gekappt werden [22, 23]. Somit trägt eine konsequente Beschattung der Fließgewässer wesentlich zum Gewässer- und Fischartenschutz bei und mildert die Folgen des Klimawandels stark ab. Eine naturnahe Gewässerstruktur mit hoher Tiefenvarianz, also einer Abfolge von tiefen und flachen Bereichen, trägt ebenfalls dazu bei, den Temperaturstress zu mildern. Die damit einhergehende Vielfalt an Substraten und Strömungen

erhöht zudem den Sauerstoffeintrag in die Gewässer und puffert damit den Sauerstoffmangel in heißen Phasen ab.

Staubereiche und temperatursteigernde Einleitungen vermeiden

Im Fließgewässerverlauf verbreitert sich das Gewässerbett. Der Einfluss des Ufers verringert sich, die Beschattung wird weniger effizient. Hier erfolgt oftmals ein weiterer Eintrag von Wärme in Staubereichen, in denen das Wasser länger verweilt, weil die Fließgeschwindigkeit abnimmt (Abb. 5.14). Dadurch erwärmt sich das Wasser im Staubereich stärker, was dort und stromab zu einer Wärmebelastung für Fische führt. Es ist daher sinnvoll, künstliche Staubereiche oder künstliche Aufweitungen so weit wie möglich aufzulösen, um den Abfluss der Gewässer zu normalisieren. Auch müssen temperatursteigernde Einleitungen (zum Beispiel durch Kläranlagen oder Nutzwasser) insbesondere in kleinere Gewässer zukünftig deutlich kritischer betrachtet und hinterfragt werden. Kühle Grundwassereinträge können gerade im Sommer wichtige Rückzugsbereiche für Fische schaffen, um thermischen Belastungen auszuweichen. Hier ist der Erhalt des Grundwasserpegels von entscheidender Bedeutung. Jede zusätzliche Erwärmung sollte jedoch grundsätzlich vermieden werden, um die Wärmelast nicht noch weiter zu steigern.

Gewässerrandstreifen erhalten

Für die Funktionalität des Gewässers ist es zusätzlich wichtig, neben dem direkten Uferbereich auch einen Gewässerrandstreifen zu schaffen und dafür zu sorgen, dass die rechtlich geforderte wirksame Breite von mindestens zehn Metern zwischen landwirtschaftlicher Nutzfläche und dem Gewässer auch eingehalten wird [26]. Gewässerrandstreifen mit standorttypischer Bepflanzung halten bei Starkregen den Eintrag von Partikeln und Nährstoffen effektiv zurück. Zusätzlich schaffen sie ein



Abb. 5.14: Neben der Fragmentierung von Fließgewässern führen Querbauwerke zur Entstehung von Staubereichen. In diesen kommt es aufgrund der langsameren Fließgeschwindigkeit zu einer verstärkten Erwärmung des Wassers.



Abb. 5.15: Regenrückhaltebecken können verhindern, dass im Sommer bei Starkregenereignissen erwärmtes Wasser in die Fließgewässer gelangt. Viele der heute bereits vorhandenen Becken müssen aber für zukünftige Extremwettersituationen angepasst werden.

kühles Mikroklima (siehe oben) und bieten vielen Arten über und unter Wasser einen Lebensraum. Untergetauchte Wurzeln standorttypischer Laubgehölze sind beispielsweise essenzielle Unterstände für Jungfische und Krebse, die auch bei Starkregenabflüssen stabil bleiben und Schutz vor Räubern und abrasiven Strömungskräften bieten.

Rückhaltebecken für Starkregenereignisse

Für den Fall von Starkregenereignissen müssen Gewässer durch Regenrückhaltebecken vor übermäßigem Eintrag von ausgeschwemmten Stoffen (Erosion, Düngereintrag) geschützt werden. Diese müssen den regionalen Klimaprognosen angepasst werden und für zukünftige Extremwettersituationen ausgelegt sein. Neben den Einträgen von Stoffen können sommerliche Starkregen aber auch das Gewässer erwärmen, wenn sie über erhitzten Oberflächen wie Straßen und Siedlungsflächen niedergehen und dann direkt in die Flüsse abfließen. Auch hier würde ein Abpufferung der direkten Abflussmengen helfen, zusätzliche sehr starke lokale Aufwärmungen zu vermindern.

Vernetzung gewährleisten

Gut vernetzte Gewässer erlauben und begünstigen Ausweichbewegungen der Fische, denn Zuflüsse führen meist kühleres Wasser als die Hauptarme. Außerdem kühlt das Wasser des Zuflusses auch das Hauptgewässer zumindest in unmittelbarer Mündungsnähe ab. Deshalb ist gerade bei Niedrigwasserphasen eine Anbindung von kleineren Zuflüssen nötig, um den Lebensraum funktionstüchtig zu halten und den Fischen die Möglichkeit zu geben, übermäßig warme Bereiche zu meiden. Aber auch bei Laichwanderungen können natürliche und künstliche Abstürze, Staubereiche oder fehlende Lockströmungen insbesondere bei niedrigen Abflüssen

kung mit dem Gewässer, seiner Sohle und dem Grundwasser. Maßnahmen, um natürliche Auenökosysteme durch eine Deichrückverlegung, das Wiedervernässen von Auengewässern oder die Reaktivierung von Altarmen und ehemaliger Flussschlingen (Mäander) wieder zu etablieren, bieten hier einen natürlichen Hochwasserschutz. Zudem ermöglichen sie eine gute Vernetzung von Lebensräumen. Ohne natürlichen Hochwasserschutz und den Bau von Retentionsflächen wird es im Zuge des Klimawandels zwangsweise zu Struktur- und Lebensraumverlusten kommen, da Hochwasserereignisse, wie in letzter Zeit zu beobachten war, immer häufiger und stärker auftreten werden. Ähnliches kennt man schon von der Wasserkraftnutzung im alpinen Raum („Schwall-Sunk“). Daher ist ein naturnaher Hochwasserschutz zu fördern, um unsere Gewässer langfristig zu schützen.

5.5. Neue Arten – neue Herausforderungen für den Artenschutz

Wie werden Arten definiert?

Aufgrund der rasch voranschreitenden Entwicklung von genetischen Analysemethoden ist es heute möglich, auch großflächige Untersuchungen bei Fischen und anderen

aquatischen Organismen durchzuführen, um so zum Beispiel deren historische Verbreitungswege zu erforschen. Auch für den Artenschutz liefern solche Untersuchungen wertvolle Erkenntnisse: Neben der Bildung von Bewirtschaftungseinheiten können Informationen und Hinweise zum Geschlecht, zur Populationsgröße und -struktur, zum Einfluss von Besatzeffekten sowie zu Inzuchtdepressionen oder zu Krankheiten gewonnen werden [28]. Regelmäßig führen solche Untersuchungen aber auch dazu, dass aufgrund neuer genetischer Erkenntnisse eine einzelne Art in zwei oder mehrere Arten aufgeteilt wird. Umgekehrt kann es dazu kommen, dass ehemals getrennte Arten zu einer einzigen zusammengefasst werden.

In diesem Zusammenhang wird oft die Frage aufgeworfen, wie der Begriff „Art“ überhaupt definiert wird beziehungsweise wie in der Wissenschaft zwei Arten voneinander abgegrenzt werden. Leider gibt es unter den Forschern keinen Konsens darüber: Heute existieren über 20 verschiedene Artkonzepte, die sich teilweise deutlich voneinander unterscheiden [29]. Lange Zeit dominierte das „biologische Artkonzept“ (engl.: *biological species concept*). Es besagt, dass Populationen einer Art in der Lage sein müssen, sich fortzupflanzen, ohne dass dies negative Auswirkungen auf das Überleben der

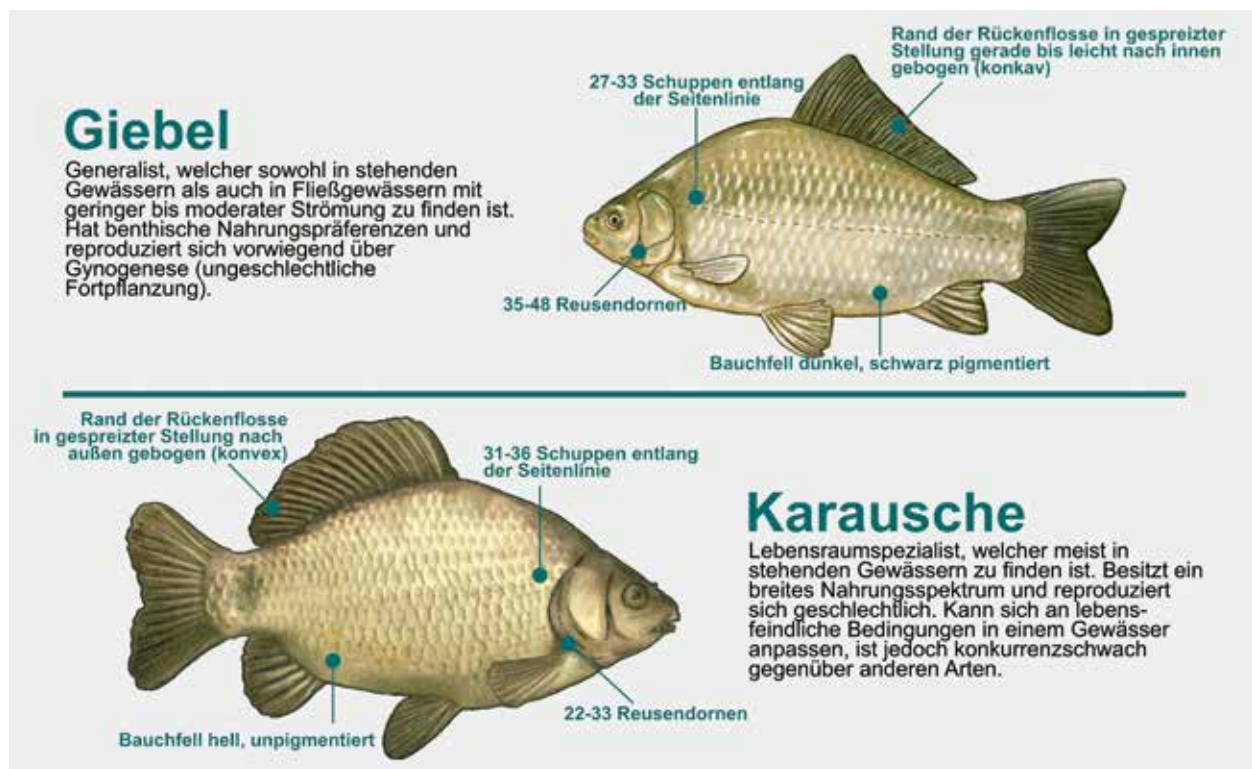


Abb. 5.17: Im Freiland werden Karauschen und Giebel regelmäßig verwechselt. Es gibt jedoch eine Reihe von Merkmalen, mit deren Hilfe eine Unterscheidung möglich ist. Die meisten gelten jedoch als unsicher, da sie von Umwelteinflüssen verändert werden können. Die Untersuchung des Bauchfells ist eine sichere Methode zur Unterscheidung der Arten, die Tiere müssen dafür jedoch getötet werden.

weiteren Nachkommen hat (Abb. 5.16). Ist dies nicht gegeben, so handelt es sich um zwei verschiedene Arten, wobei äußerliche Merkmale eine untergeordnete Rolle spielen. Heute setzen sich jedoch immer mehr phylogenetische Artkonzepte (engl.: *phylogenetic species concepts*) durch. Diese definieren Arten als eine Gruppe von Lebewesen, die von einem gemeinsamen Vorfahren abstammen und einzigartige Merkmale oder eine einzigartige Kombination von Merkmalen besitzen. Zwei Arten besitzen damit sowohl eine gemeinsame als auch eine einzigartige Evolutionsgeschichte (Abb. 5.16).

Bei den berücksichtigten Merkmalen handelt es sich in der Regel um genetische Unterschiede, wodurch die Fortpflanzung zwischen Arten immer noch grundsätzlich möglich ist. Mit neuen genetischen Analysemethoden können heute jedoch selbst kleinste Unterschiede im Genom entdeckt werden. Dadurch besteht die Gefahr, dass es zu einer übermäßigen Aufspaltung einer Art kommt [30]. Für den angewandten Artenschutz können phylogenetische Artkonzepte zur Herausforderung werden, vor allem wenn die äußerlichen Unterschiede zwischen nah verwandten Arten nicht vorhanden oder nur sehr gering sind. Eine Unterscheidung ist dann nämlich im Freiland nicht verlässlich möglich und die Gefahr einer Fehlbestimmung ist hoch. Genetische Untersuchungen zur sicheren Artbestimmung sind dann zwingend nötig, bedeuten aber einen wesentlichen Mehraufwand. Zudem ist es praktisch nicht möglich, alle Bestände einer Art flächendeckend zu untersuchen. Damit besteht immer eine gewisse Unsicherheit zur Verbreitung der Arten und eine vernünftige Bewirtschaftung ist nur schwer möglich.

Kryptische Arten in Baden-Württemberg

Die aktuellen Untersuchungen liefern mit dem Steinbeißer ein eindruckliches Beispiel für die Herausforderungen, mit denen der angewandte Artenschutz konfrontiert ist. Die durchgeführten genetischen Analysen konnten klar zeigen, dass nicht nur eine, sondern drei Steinbeißerarten in Baden-Württemberg verbreitet sind. Damit bildet der Steinbeißer in Baden-Württemberg einen Artkomplex aus. Die beiden heimischen Steinbeißerarten lassen sich aber anhand von phänotypischen Merkmalen praktisch nicht unterscheiden. Zudem bilden sie regelmäßig Hybride, was die Zuordnung zu einer Art zusätzlich verkompliziert. Unklar ist daher, wie die neuen Erkenntnisse im zukünftigen Management berücksichtigt werden. In Österreich zum Beispiel wird in der Roten Liste der Fische aufgrund der unklaren Verbreitung der verschiedenen Arten nur der Gattungsname *Cobitis* aufgeführt [31]. Ein ähnlicher Ansatz wäre auch für Baden-Württemberg denkbar, da beide Arten (und deren Hy-



Abb. 5.18: Karauschen können in ihrer Körpergestalt sehr variabel sein. Sie weisen zum Beispiel in Anwesenheit von Raubfischen eine eher hochrückige Form auf (oben). Andere Umweltfaktoren führen wiederum dazu, dass manche Karauschenbestände eine flache Rückenwölbung besitzen (unten).

bride) die gleichen Lebensraumanprüche besitzen und damit grundsätzlich auch denselben Schutz benötigen. Eine vergleichbare Situation wie beim Steinbeißer wird auch bei der Elritze erwartet. Wie bereits diskutiert, ist davon auszugehen, dass mehrere Elritzenarten in Baden-Württemberg verbreitet sind und einen Artkomplex bilden. Der angewandte Artenschutz sollte aber auch hier auf Gattungsebene operieren, da eine Unterscheidung ohne genetische Analysen nicht möglich ist.

Es gibt noch weitere Arten, die beim angewandten Artenschutz zu Schwierigkeiten in Bezug auf die Artbestimmung führen. Die vom Aussterben bedrohte Karausche ist äußerlich nur sehr schwer vom Giebel zu unterscheiden (Abb. 5.17). Dadurch werden Giebelbestände vermutlich immer wieder als Karauschenvorkommen gemeldet. Da die Karausche stehende Gewässer wie kleine Seen, Tümpel oder Gräben bevorzugt, muss beispielsweise davon ausgegangen werden, dass es sich bei den Nachweisen in Fließgewässern in Wirklichkeit um Giebel handelt. Damit ist die Verbreitung der beiden Arten in Baden-Württemberg mit einer gewissen Unsicherheit verbunden. Der Status des Giebels wird zudem heute grundsätzlich in Frage gestellt. Die Rote Liste der Fische Deutschlands gruppiert ihn in der aktuellen Version zu den nicht heimischen Arten. Grund dafür ist eine

zunehmende Anzahl von Hinweisen, dass historische Autoren fälschlicherweise verschiedene ökologische Formen der Karausche als unterschiedliche Arten definierten [32]. Der heute weit verbreitete Giebel soll erst Mitte des 19. Jahrhunderts in Mitteleuropa eingeführt worden sein. Bezeichnenderweise erwähnt Marcus Élisier Bloch, der den Giebel als erstes als eigene Art für Deutschland beschrieben hat, ein klares Unterscheidungsmerkmal zwischen Karausche und Giebel nicht [33]: die unterschiedliche Färbung des Bauchfells. Auch Autoren wie Carl von Siebold zweifelten schon früh die Artaufteilung nach Bloch an [34]. Stattdessen argumentierten sie überzeugend, dass es sich beim Giebel lediglich um eine Teichform der Karausche handeln müsse.

Wie die aktuellen Untersuchungen zeigen, können Karauschen ihre Körpergestalt variabel an unterschiedliche Umweltbedingungen anpassen (Abb. 5.18). So bilden Karauschenbestände zum Beispiel bei Anwesenheit von Raubfischen eine hochrückige Körperform aus [35]. Auch Faktoren wie Gewässergröße und -beschaffenheit können einen Einfluss auf deren Gestalt haben. Es ist also durchaus denkbar, dass lediglich die Karausche in Baden-Württemberg natürlich verbreitet war und der Giebel als nicht heimisch klassifiziert werden muss. Wann genau er sich in Baden-Württemberg etablierte, kann wohl nie eindeutig geklärt werden. In der zoologischen Sammlung des Stuttgarter Naturkundemuseums finden sich Giebelpräparate aus dem Jahr 1851 (pers. Mitteilung Ronald Fricke). Damit scheint die Verbreitung zumindest vor dem von Freyhof *et al.* (2023) [32] angegebenen Zeitraum passiert zu sein. Giebelbestände finden sich heute zerstreut über das gesamte Landesgebiet verteilt. Aufgrund der starken Konkurrenz mit der Karausche müsste daher überlegt werden, ob für den



Abb. 5.19: Der Rheinfall bei Schaffhausen ist mit Ausnahme des Aals eine natürliche Ausbreitungsbarriere. Er verhindert, dass invasive Arten wie die Schwarzmundgrundel auf natürlichem Wege in das oberhalb gelegene Bodenseeeinzugsgebiet einwandern können.



Abb. 5.20: Der Sonnenbarsch wurde bereits vor über 100 Jahren nach Deutschland eingeschleppt. Heute kommt er in vielen Gewässern in Baden-Württemberg vor. Als wärmeliebender Fisch könnte er sich aufgrund der fortschreitenden Klimakrise zukünftig weiter ausbreiten und heimische Fischarten verdrängen.

Giebel eine Entnahmepflicht eingeführt werden soll. Dies ist bereits laut §2 der Landesfischereiverordnung für andere nicht heimische Arten [36] und würde dem Schutz der Karausche zu Gute kommen.

Ausbreitung nicht heimischer Arten

Generell stellen nicht heimische, teilweise invasive Arten eine Herausforderung für den angewandten Artenschutz dar. In der aktuellen Roten Liste Deutschlands werden 21 etablierte nicht heimische Arten aufgeführt [32]. Somit haben sich sieben neue Arten seit dem Jahr 2009 in Deutschland etabliert. Für Baden-Württemberg sind immerhin 16 nicht heimische und invasive Arten bekannt [19]. Wie bereits in den aktuellen Untersuchungen aufgezeigt, haben diese Arten oft einen nachhaltigen Einfluss auf die heimische Biodiversität, sei es durch interspezifische Konkurrenz, Prädation, Hybridisierung, Krankheitsübertragung oder negative Auswirkungen auf das Ökosystem insgesamt [37].

Vor allem die Ausbreitung der pontokaspischen Grundeln im Rhein und im Neckar haben in den letzten Jahrzehnten zu einem erheblichen Konkurrenzdruck auf heimische Arten geführt, wobei die Schwarzmundgrundel das höchste Gefährdungspotential für die lokale biologische Vielfalt aufweist. Obwohl sich ihre Ausbreitung in den letzten Jahren etwas verlangsamt hat, ist zu erwarten, dass sich das Vorkommen der Schwarzmundgrundel weiter ausdehnt. Es wird vor allem eine Einschleppung in den Bodensee befürchtet [19]. Im Hochrhein ist diese Art bereits zu finden, wo sie sich stetig weiter in Richtung Bodensee ausbreitet. Eine natürliche Einwanderung in den See wird dann nur noch durch den Rheinfall verhindert (Abb. 5.19). Durch die Sport- und Freizeitschifffahrt könnte es aber passieren, dass bei-

spielsweise Eier von Gewässern mit Grundelbeständen in den Bodensee eingeschleppt werden. Bundesweite Konzepte zur Eindämmung der invasiven pontokaspischen Grundeln gibt es bisher nicht, da sie nicht in der „Liste invasiver gebietsfremder Arten von unionsweiter Bedeutung“ (Unionsliste) aufgeführt sind. Die Liste ist Teil einer EU-Verordnung, welche die Präventionsmaßnahmen und das Management bestimmter nicht heimischer Arten regelt [38].

Es ist nicht auszuschließen, dass sich weitere Grundelarten in den nächsten Jahren in Baden-Württemberg etablieren. So konnte im Jahr 2022 das erste Mal im Oberrhein die Flussgrundel (*Neogobius fluviatilis*) nachgewiesen werden. Auch sie gehört zu den pontokaspischen Grundeln, ist nah verwandt mit der Schwarzmundgrundel und besitzt ein ähnlich großes Ausbreitungspotential [39]. Im Donaueinzugsgebiet scheint sich die Amurgrundel (*Percottus glenii*) bereits etabliert zu haben. Die eigentlich in Asien natürlich vorkommende Art ist seit dem Jahr 2003 in einzelnen bayerischen Teichzuchten zu finden. Im Jahr 2013 wurden erste Exemplare außerhalb dieser Teiche entdeckt [40]. Ohne Präventivmaßnahmen wird befürchtet, dass sich diese Art in der oberen Donau unkontrolliert ausbreitet.

Andere nicht heimische Arten wurden schon vor mehr als einem Jahrhundert in unsere heimischen Gewässer eingeschleppt. Längst hat man sich an den Anblick von Regenbogenforelle, Sonnenbarsch und Co. gewöhnt. Der Sonnenbarsch (*Lepomis gibbosus*) ist natürlich in den USA und Kanada verbreitet und wurde Ende des 19. Jahrhundert von dort nach Deutschland eingeführt (Abb. 5.20). Als beliebter Zierfisch gelangte er wohl von kleinen Privat- und Parkteichen in das Freiland [19]. Als wärmeliebende Art findet man ihn heute vor allem im Oberrheingebiet. Aber auch im mittleren Neckarraum, an den Ufern des Bodensees und in einigen Zuflüssen des Sees ist der Sonnenbarsch zu finden. Mit der fortschreitenden Klimakrise wird erwartet, dass sich die Art in Baden-Württemberg weiter ausbreitet [41]. Kommt es zur Entwicklung hoher Bestände, tritt der Sonnenbarsch in starke Nahrungskonkurrenz zu heimischen Fischarten [42]. Zusammen mit anderen Störgrößen wie zum Beispiel dem Kormoran oder der Eutrophierung kann es dazu kommen, dass die gesamte Fischartenvielfalt in einem Gewässer verloren geht. Eine wirksame Bekämpfung des Sonnenbarsches ist wohl nur über die aufwendige Trockenlegung des Gewässers möglich [43].

Obwohl sich das Bewusstsein gegenüber der Einschleppung von nicht heimischen Arten sowohl bei Fischzüchtern als auch in der Öffentlichkeit deutlich verbessert hat, kommt es auch heute noch zur illegalen Aussetzung

von nicht heimischen Arten in die Natur. So werden zum Beispiel immer wieder Goldfische (*Carassius auratus*), die nah verwandt mit Karausche und Giebel sind, und Koi-Karpfen (spezielle Zuchtformen des Karpfens) in baden-württembergischen Gewässern gefangen (Abb. 5.21). Solche Nachweise gelten bisher als Einzelfälle, stellen aber trotzdem eine Gefahr für die heimische Fischfauna dar. Gerade im Falle der beiden genannten Beispiele kann es zur Hybridisierung mit heimischen Arten kommen, was eine Bedrohung für die genetische Integrität und somit auch für die lokalen genetischen Anpassungen der einheimischen Arten darstellt [44].



Abb. 5.21: Aquarium- und Teichfische wie der Goldfisch (*Carassius auratus*) werden auch heute noch illegal in unsere heimischen Gewässer ausgesetzt. Aufgrund der nahen Verwandtschaft des Goldfisches zur Karausche und zum Giebel kann es zur Hybridisierung der Arten kommen. Dies wiederum bedeutet eine Gefährdung der lokalen genetischen Vielfalt.

Aber auch Arten, die besonders für Angler von großem Interesse sind, aber nicht in unsere Gewässer gehören, werden immer wieder bewusst ausgesetzt. Ein Beispiel ist der Forellenbarsch (*Micropterus salmoides*), der regelmäßig Längen um die 70 Zentimeter erreicht und für seine „Kampfeslust“ an der Angel bekannt ist. Bereits Ende des 19. Jahrhunderts wurden Anstrengungen unternommen, diese Art in Deutschland zu etablieren, zum Glück ohne Erfolg [39]. Trotzdem gibt es immer wieder Belege dafür, dass Forellenbarsche auch heute noch absichtlich in heimische Gewässer eingebracht werden. Nachweise finden sich beispielsweise in Brandenburg und in Sachsen, aber auch im südlichen Oberrheingebiet bei Freiburg soll es etablierte Populationen geben [32]. Zudem berichten Angler immer wieder von Fängen des Forellenbarsches beziehungsweise des nah verwandten Schwarzbarsches (*Micropterus dolomieu*) im Bodensee. Wissenschaftlich bestätigt werden konnte dies bisher nicht. Es kann aber nicht ausgeschlossen werden, dass solche Nachweise in den nächsten Jahren zunehmen werden.

5.6. Empfehlungen zur Prävention und zum Management von nicht heimischen Arten

Die Bedeutung von invasiven nicht heimischen Arten im Hinblick auf die Gefährdung der heimischen biologischen Vielfalt ist inzwischen auf nationaler und internationaler Ebene erkannt. Basierend auf der EU Verordnung zur Bekämpfung invasiver Arten (EU VO Nr. 1143/2014) und dem Bundesnaturschutzgesetz (BNatSchG) wurden allgemeine Handlungsempfehlungen entwickelt, welche die Grundlage zur Erfüllung von bestehenden Richtlinien und Strategien zum Schutz der Biodiversität bilden [37].

Vorsorge

Die Vorsorge gilt als wichtigstes Mittel, um die Etablierung von nicht heimischen Arten zu verhindern. Neben der Durchsetzung der Regelungen zur Einfuhr und Verbreitung (siehe § 40 Abs. 1 BNatSchG) ist die Sensibilisierung der Öffentlichkeit und Interessenvertreter des Handels und der Nutzung dieser Tiere ein wichtiges Instrument für den angewandten Artenschutz. Zudem werden naturschutzfachliche Invasivitätsbewertungen für diejenigen Arten empfohlen, die bereits nach Deutschland eingeführt und unter anderem in Fischzuchten gehalten oder im Aquarienhandel vertrieben werden. Solche Arten haben sich bisher zwar noch nicht in der Natur etabliert, könnten jedoch zukünftig nach einer unbeabsichtigten Freisetzung zu einem ökologischen Problem werden.

Früherkennung und Sofortmaßnahmen

Sollte es zu einem Auftreten einer nicht heimischen Art gekommen sein, so ist eine rechtzeitige Früherkennung entscheidend, um eine größere Ausbreitung zu verhindern (siehe § 40 Abs. 3 Satz 1 BNatSchG). Daher wird ein Frühwarnsystem empfohlen, das einzelne Beobachtungen und Hinweise zentral sammelt und die Invasivität bewertet. Basierend auf den gesammelten Erkenntnissen können Sofortmaßnahmen entwickelt werden, welche die vollständige Beseitigung der nicht heimischen Art aus der Natur zum Ziel haben sollten. Solche Maßnahmen haben meistens jedoch nur eine Chance, wenn die invasive Art kleinräumig und in abgeschlossenen Gewässern verbreitet ist.

Kontrollmaßnahmen

Hat sich eine nicht heimische Art bereits großräumig ausgebreitet, so müssen Kontrollmaßnahmen ergriffen werden, die eine weitere Ausbreitung verhindern oder den

Schaden der Verbreitung mindern (siehe § 40 Abs. 3 Satz 2 BNatSchG). Dabei müssen die Maßnahmen für jede Art spezifisch entwickelt und fachlich geprüft werden, wobei die Verhältnismäßigkeit zwischen Erfolg und Aufwand abgewogen werden sollte. In der Regel ist das Management von großräumig verbreiteten invasiven Arten nur für den Schutz bestimmter Regionen sinnvoll, zum Beispiel um bestimmte bedrohte heimische Arten oder besonders wertvolle Lebensräume zu schützen. In bestimmten Fällen kann auch der Einbau von ökologischen Sperren (zum Beispiel beim Krebschutz, Abb. 5.22) eine Ausbreitung in noch nicht betroffene Gebiete verhindern. Auch wenn die Art im betroffenen Gebiet aktuell keine weitreichenden Auswirkungen auf das Ökosystem hat, muss die Möglichkeit einer Schädigung anderer Gebiete bei einer fortschreitenden Ausbreitung berücksichtigt werden.

Monitoring

Flächendeckende Daten zur Ausbreitung von nicht heimischen Arten sind entscheidend, um die negativen Folgen abschätzen und gegebenenfalls weiterführende Maßnahmen zum Schutz der biologischen Vielfalt ergreifen zu können. Daher muss die Erfassung aktueller Entwicklungen ausgeweitet werden (siehe § 40 Abs. 2 BNatSchG). Gerade Arten, die sich aufgrund der fortschreitenden Klimakrise verstärkt ausbreiten werden, müssen durch großräumiges und regelmäßiges Monitoring genau beobachtet werden.



Abb. 5.22: Krebssperrern dienen als Ausbreitungsbarrieren zur Eindämmung von invasiven Flusskrebsen. Sie schützen den Lebensraum heimischer Krebsbestände vor der Invasion durch gebietsfremde Arten und der von ihnen übertragenen Krebspest.

5.7. Zurück auf Null

In manchen Fällen ist aufgrund menschlicher Eingriffe oder der Etablierung invasiver Arten der Fischbestand eines Gewässers so stark vom erwarteten natürlichen Zustand entfernt, dass durch gängige Bewirtschaftungsmaßnahmen eine Rückführung nicht mehr möglich ist. Gerade in abgeschlossenen Gewässern kann es zu einer kompletten Auslöschung der ursprünglichen Fischartengemeinschaft kommen, da keine Möglichkeiten einer Wiederbesiedlung durch angrenzende Gewässer existieren. Hier ermöglicht nur eine vollständige Eliminierung des Fischbestandes und ein Neuaufbau einer natürlichen Artengemeinschaft die Wiederherstellung des ursprünglichen Zustands. Solche drastischen Maßnahmen sind unter Umständen auch nötig, wenn eine neue invasive Art lokal in einem Gebiet entdeckt wird und eine Ausbreitung in angrenzende Gewässer verhindert werden muss.

Eine Möglichkeit, den Fischbestand komplett zu entfernen, ist das Trockenlegen eines Teichs oder eines anderen stehenden Gewässers (Abb. 5.23). Das Wasser wird dazu kontrolliert abgelassen und die Fische werden entnommen. Voraussetzung dafür sind bauliche Abflussmöglichkeiten, welche in der Regel nur in künstlich angelegten Gewässern vorhanden sind. Um zu verhindern, dass Larven oder Eier einer Art im Restwasser oder Substrat überleben, muss das gesamte Wasser entfernt und das Gewässer idealerweise für längere Zeit trocken gehalten werden [45]. In der Praxis scheint die Methode vor allem bei einer einzelnen Anwendung nur bedingt für die komplette Entfernung von invasiven Arten geeignet zu sein [46]. In manchen Ländern wird daher für die komplette Eliminierung einer invasiven Art häufig die Trockenlegung mit einer chemischen Behandlung kombiniert [47].

Die am weitesten verbreitete und am besten untersuchte Chemikalie zur Entfernung eines kompletten Fischbestands ist *Rotenon* [45]. Das in der EU nicht zugelassene natürliche Gift wird aus Wurzeln der Tubawurzel (*Paraderris elliptica*) gewonnen. Es ist für kiemenatmende Arten, also auch für Fische, tödlich und hat keine langfristigen negativen Auswirkungen auf die Wasserqualität, das Phytoplankton oder das Zooplankton [48]. Amphibien, Vögel und Säugetiere sind nicht besonders sensitiv gegenüber dem Gift und erleiden keinerlei Schaden, wenn *Rotenon* in normalen Konzentrationen angewendet wird. Bei wirbellosen Wassertieren ist die Empfindlichkeit gegenüber *Rotenon* sehr unterschiedlich, obwohl die meisten Arten resistenter als Fische sind [49]. Die Chemikalie ist instabil im Wasser und baut sich selbständig bei Anwesenheit von Licht und Sauerstoff innerhalb weniger

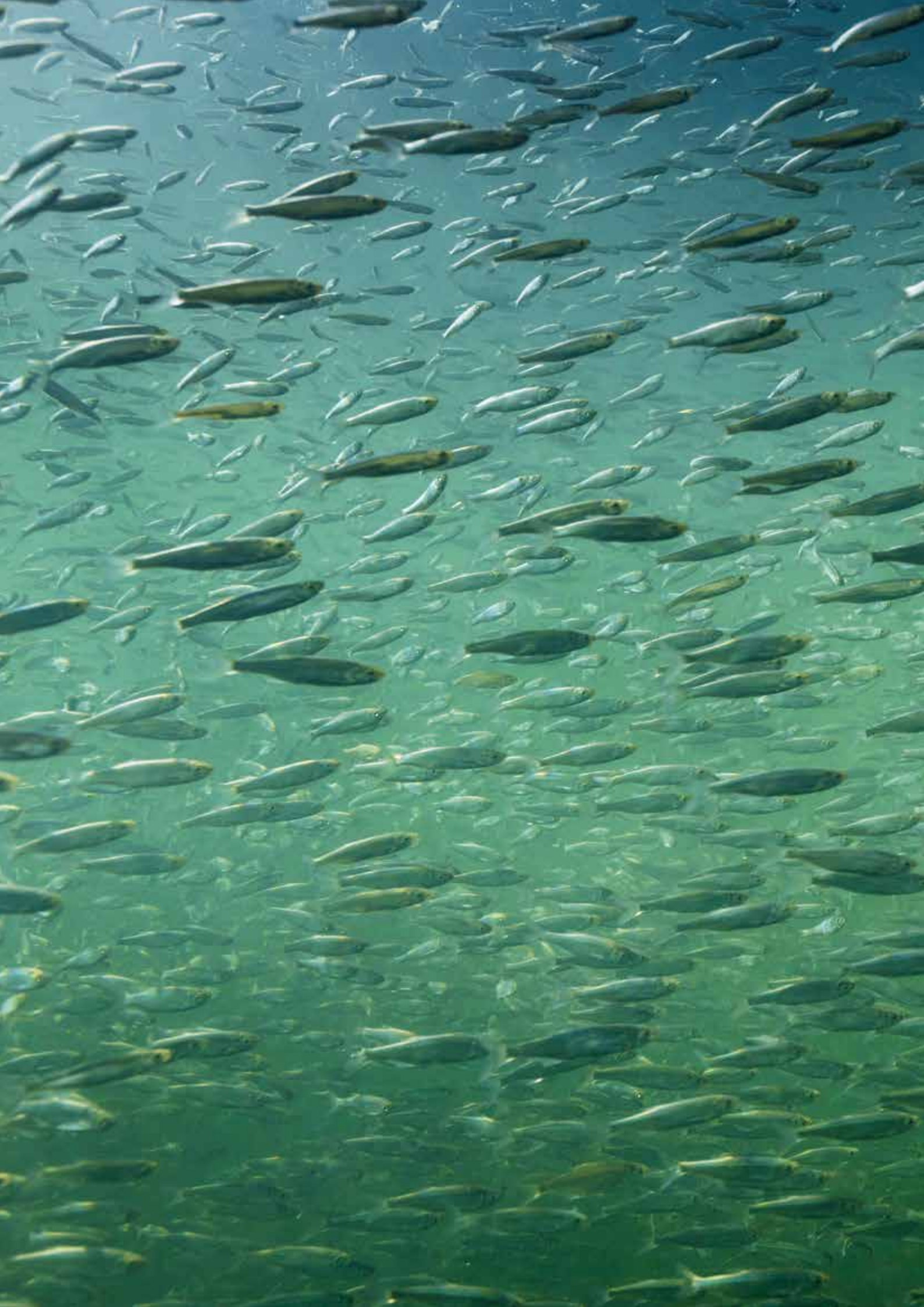


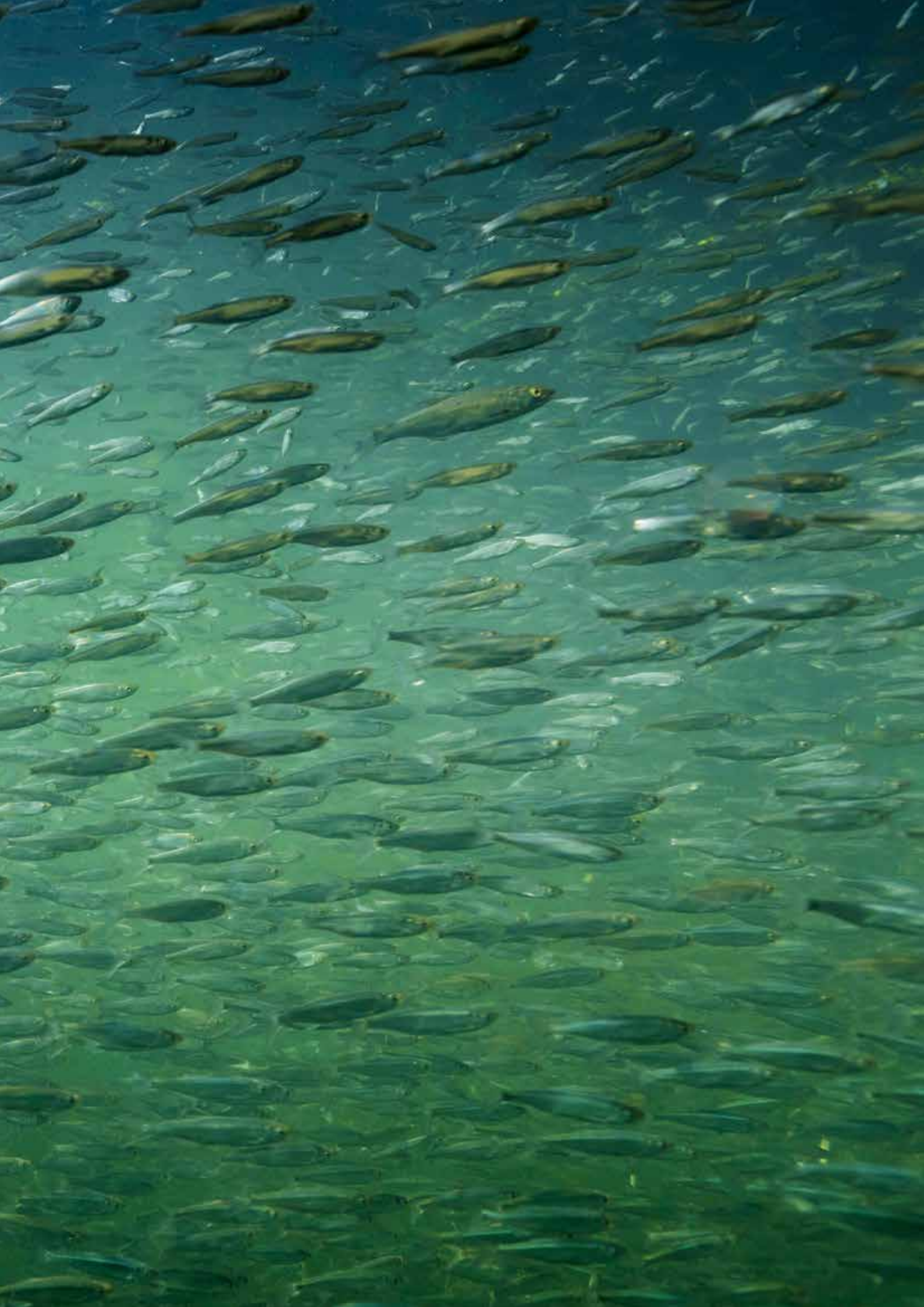
Abb. 5.23: Das Wasser in kleinen stehenden Gewässern wie beispielsweise Teichen kann häufig abgelassen und der gesamte Fischbestand dadurch abgefischt werden. Um sicherzustellen, dass keine Eier oder Larven im Gewässer verbleiben, sollte es für längere Zeit trocken gehalten werden. Anschließend kann der Fischbestand neu aufgebaut werden.

Tage ab, wobei die Wassertemperatur eine wichtige Rolle spielt [50].

In Deutschland ist *Rotenon* aufgrund fehlender toxikologischer Studien seit 1987 nicht mehr als Insektizid zugelassen. Seit 2008 darf die Chemikalie EU-weit nicht mehr verwendet werden (Entscheidung der Kommission vom 10. April 2008; 2008/317/EG). In Ländern wie Norwegen, Südafrika oder der USA hingegen wird *Rotenon* regelmäßig dazu benutzt, um unerwünschte Fischbestände oder nicht heimische Arten zu kontrollieren und so den Lebensraum für bedrohte oder verdrängte Arten wiederherzustellen [49]. Zahlreiche Studien belegen die Effektivität einer chemischen Behandlung. So konnte eine Studie zum Beispiel zeigen, dass sich die Wasserqualität eines Sees nach der vollständigen Entfernung von Karpfen und dem Aufbau einer natürlichen Artengemeinschaft signifikant verbesserte [51]. In über 40 amerikanischen Seen konnte nach einer chemischen Behandlung mit *Rotenon* der natürlich verbreitete Bachsaibling wieder etabliert werden [52]. Hier hatten nicht heimische und gebietsfremde Arten dazu geführt, dass die Saiblingsbestände extrem abgenommen hatten.

Der Einsatz von Chemikalien zur Entfernung eines Fischbestandes ist jedoch nur in speziellen Situationen möglich. Die Gewässer müssen in sich abgeschlossen sein und sollten nur eine bestimmte Größe oder Tiefe aufweisen [49]. Zudem bedeuten solche Maßnahmen, egal ob Trockenlegen oder der Einsatz von Chemikalien, einen massiven Eingriff in das Ökosystem. Aus diesem Grund werden solche Eingriffe gerade in der Öffentlichkeit als sehr kritisch angesehen [53]. Ungeachtet dessen sollten solche Ansätze im angewandten Artenschutz nicht vollständig außer Acht gelassen werden.





Details Probestellen

Tab. S1: Detaillierte Informationen zu den der einzelnen Probenahmestellen für die genetische und morphometrische Analyse von 12 ausgewählten Fisch-, Neunaugen- und Krebsarten. Zahlen in Klammern geben die Anzahl an Proben bei Nachbefischungen an.
■ Ausreichend Individuen für die Analysen vorhanden. ■ nicht genügend Individuen, Probestelle wurde von den Analysen ausgeschlossen.

Fischart	Ein- zugsge- biet	Ge- wässer	Ge- markung	Koordinaten ^b [RW/HW]	Abkür- zung	n ^a	Nassge- wicht [g] ± STABW	Total- länge [cm] ± STABW
Äsche (Thymallus Thymallus)	Rhein	Alb	Karlsruhe	3455546 / 5425069	Alb	17	86,1 ± 107,3	18,7 ± 8,9
		Dreisam	Freiburg	3414121 / 5317545	Dre	0	-	-
		Kinzig	Ohlsbach	3423319 / 5367816	Ki-Ohl	0	-	-
		Kinzig	Wolfach	3442812 / 5351492	Ki-Wol	9	112,7 ± 91,9	22,5 ± 8,8
		Murg	Röt	3455371 / 5380659	Mu-Roe	12	187,8 ± 289,9	22,7 ± 11,5
		Murg	Rotenfels	3448386 / 5409396	Mu-Rot	2	210,2 ± 12,2	29,1 ± 0,1
		Rhein	Rheinfelden	3408901 / 5269299	Rh-Rhe	1	2,0	6,1
		Wehra	Ölfingen	3418131 / 5273065	Weh	5	123,8 ± 18,6	24,7 ± 1,3
		Wiese	Lörrach	3398819 / 5276237	Wie	3	125,7 ± 138,1	21,5 ± 7,8
		Wutach	Achdorf	3462681 / 5298099	Wu-Ach	0	-	-
		Wutach	Blumegg	3463148 / 5299073	Wu-Blu	15	-	-
	Neckar	Enz	Oberriexingen	3502134 / 5420751	Enz	0	-	-
		Fichten- berger Rot	Fichtenberg	3552266 / 5427536	Fic	7	112,5 ± 71,8	23,3 ± 5,5
		Murr	Backnang	3533444 / 5423941	Mur	0	-	-
		Nagold	Nagold	3479144 / 5381319	Na-Nag	25	260,8 ± 96,4	31,2 ± 3,6
		Nagold	Dillweißens- tein	3476844 / 5415536	Na-Dil	10	102,3 ± 103,5	20,6 ± 7,8
		Neckar	Bieringen	3489810 / 5368333	Ne-Bie	25	76,6 ± 93,6	19,7 ± 4,8
		Neckar	Epfendorf	3470336 / 5345716	Ne-Epf	25	251,2 ± 133,0	29,5 ± 7,6
		Ohrn	Unterohrn- Stackenhofen	3534314 / 5454119	Ohr	0	-	-
		Seckach	Adelsheim	3528271 / 5474181	Sec	25	273,0 ± 205,7	29,0 ± 8,9
	Main	Tauber	Distelhausen	3549880 / 5495975	Ta-Dis	0	-	-
	Donau	Ablach	Rulfingen	3521425 / 5321937	Abl	0	-	-
		Blau	Ulm	3570312 / 5362733	Bla	13	198,5 ± 235,9	22,7 ± 3,4
		Breg	Hüfingen	3462550 / 5310383	Bre	3	80,0 ± 25,7	20,7 ± 1,9
		Donau	Fridingen	3497220 / 5321421	Do-Fri	4	21,5 ± 38,3	10,1 ± 6,7
		Donau	Erbach	3565926 / 5353648	Do-Erb	6	241,2 ± 146,6	27,6 ± 6,4
		Donau	Geisingen	3473082 / 5309279	Do-Gei	0	-	-
		Donau	Obermarchtal	3543370 / 5345339	Do-Obe	0	-	-
		Donau	Sigmaringen	3516586 / 5327973	Do-Sig	7	3,1 ± 0,4	7,4 ± 0,3
		Große Lauter	Lauterbach	3543144 / 5346617	Gro	5	367,0 ± 364,9	25,7 ± 17,2
		Lauchert	Hitzkofen	3521192 / 5328811	Lau	6	2,5 ± 1,0	6,9 ± 1,0
		Riss	Biberach	3559307 / 5331455	Ris	4	140,5 ± 221,1	21,5 ± 11,4
		Rottum	Laupheim	3564693 / 5346561	Rotu	0	-	-
		Schmeie	Storzingen	3509732 / 5331648	Schme	1	2,0	6,1

Fischart	Ein- zugsge- biet	Ge- wässer	Ge- markung	Koordinaten ^b [RW/HW]	Abkür- zung	n ^a	Nassge- wicht [g] ± STABW	Total- länge [cm] ± STABW
Äsche (<i>Thymallus</i> <i>Thymallus</i>)	Boden- see	Radolf- zeller Aach	Volkertshau- sen	3490292 / 5297811	Ra-Vol	3	261,0 ± 406,2	24,6 ± 16,4
		Radolf- zeller Aach	Bohlingen	3491373 / 5287044	Ra-Boh	14	17,9 ± 3,5	13,6 ± 0,9
		Rotach	Urnau	3532011 / 5292386	Rot	0	-	-
		Schussen	Oberzell	3543269 / 5290375	Schu	4	22,5 ± 6,5	15,0 ± 1,2
		Seefelder Aach	Grasbeuren	3522489 / 5287793	See	8	143,9 ± 210,2	21,0 ± 9,4
		Untere Argen	Neumühle		Arg	2	-	-
Bachneunauge (<i>Lampetra</i> <i>planeri</i>)	Neckar	Aischbach	Dettingen	3496123 / 5366086	Ais	26	4,1 ± 1,6	12,7 ± 2,0
		Murr	Hausen	3545642 / 5426396	Mur	26	4,4 ± 2,5	13,1 ± 2,3
		Nagold	Grömbach	3465664 / 5383412	Nag	26	3,1 ± 0,8	11,5 ± 0,8
		Schaich	Neuenhaus	3514542 / 5385916	Scha	26	2,2 ± 1,4	10,3 ± 2,2
	Rhein	Alb	Herrenalb	3459344 / 5409204	Alb	26	2,6 ± 0,7	11,1 ± 1,4
		Hauens- teinergr Murg	Unterkutterau	3435434 / 5287919	Hau	24	4,6 ± 1,9	15,1 ± 1,8
		Riedgra- ben	March-Neu- ershausen	3407808 / 5325980	Rie	26	1,7 ± 0,6	10,0 ± 1,1
		Wiese	Atzenbach	3415639 / 5287169	Wie	26	2,4 ± 1,0	12,1 ± 1,6
		Wutach	Göschweiler	3449036 / 5300835	Wut	23	3,1 ± 1,1	12,7 ± 1,6
	Donau	Brigach	Marbach	3460399 / 5321453	Bri	26	9,6 ± 2,6	17,1 ± 1,3
		Große Lauter	Reichenstein	3540444 / 5346990	Gro	26	2,7 ± 1,8	10,9 ± 2,7
		Lauchert	Jungnau	3516390 / 5330952	Lau	26	3,8 ± 1,1	12,5 ± 1,4
		Schmiech	Allmendingen	3553057 / 5353724	Schm	26	4,2 ± 1,2	13,9 ± 1,1
	Boden- see	Radolf- zeller Aach	Singen	3487309 / 5291523	Rad	19	2,4 ± 2,6	9,7 ± 3,9
Groppe (<i>Cottus gobio</i>)	Rhein	Alb	Karlsruhe	3455546 / 5425069	Alb	25	5,4 ± 2,5	7,5 ± 1,1
		Dreisam	Freiburg	3414121 / 5317545	Dre	18	8,7 ± 4,3	8,5 ± 1,2
		Großbach	Degerfelden	3406547 / 5270453	Gross	7	18,1 ± 10,6	10,2 ± 1,9
		Gutach	Kappel	3444110 / 5304880	Gut	21	9,0 ± 4,1	8,8 ± 1,3
		Murg	Röt	3455371 / 5380659	Mu-Roe	25	4,7 ± 4,0	7,1 ± 1,9
		Murg	Rotenfels	3448386 / 5409396	Mu-Rot	13	3,5 ± 1,5	6,5 ± 1,1
		Warmbach	Rheinfelden	3407255 / 5269302	War	10	13,4 ± 10,1	9,2 ± 2,0
		Wehra	Ölfingen	3418131 / 5273065	Weh	14	8,0 ± 2,6	8,5 ± 0,9
		Wiese	Lörrach	3398819 / 5276237	Wie	1	7,0	8,1
		Wutach	Achdorf	3462681 / 5298099	Wu-Ach	9	7,8 ± 2,9	8,4 ± 0,9
		Wutach	Blumegg	3463148 / 5299073	Wu-Blu	21	6,9 ± 3,3	8,1 ± 1,3
		Wutach	Reiselfingen	3455088 / 5300821	Wu-Rei	21	8,4 ± 3,5	8,7 ± 1,2
	Neckar	Enz	Oberriexingen	3502134 / 5420751	Enz	25	5,8 ± 3,7	7,7 ± 1,4
		Fichten- berger Rot	Fichtenberg	3552266 / 5427536	Fic	25	9,0 ± 4,2	8,5 ± 1,0
		Jagst	Widdern	3530919 / 5464594	Jag	5	-	-
		Kocher	Ingelfingen	3546649 / 5463074	Koc	18	3,2 ± 1,3	6,5 ± 0,9
		Murr	Backnang	3533444 / 5423941	Mur	25	5,5 ± 2,4	7,6 ± 1,1

Fischart	Ein- zugsge- biet	Ge- wässer	Ge- markung	Koordinaten ^b [RW/HW]	Abkür- zung	n ^a	Nassge- wicht [g] ± STABW	Total- länge [cm] ± STABW
Groppe (<i>Cottus gobio</i>)	Neckar	Nagold	Nagold	3479144 / 5381319	Na-Nag	16	10,8 ± 6,0	9,5 ± 1,5
		Nagold	Dillweißens- tein	3476844 / 5415536	Na-Dil	25	10,3 ± 3,5	9,7 ± 0,9
		Neckar	Bieringen	3489810 / 5368333	Ne-Bie	25	6,6 ± 3,4	8,0 ± 1,1
		Neckar	Epfendorf	3470336 / 5345716	Ne-Epf	25	9,3 ± 3,6	9,1 ± 1,1
		Ohrn	Unterohrn- Stackenhofen	3534314 / 5454119	Ohr	25	7,4 ± 2,9	8,4 ± 1,3
	Main	Seckach	Adelsheim	3528271 / 5474181	Sec	25	9,9 ± 3,4	9,3 ± 1,0
		Tauber	Distelhausen	3549880 / 5495975	Ta-Dis	24	3,0 ± 2,0	5,8 ± 1,6
		Tauber	Unterballbach	3553379 / 5488669	Ta-Unt	7	3,7 ± 4,9	5,9 ± 2,1
		Tauber	Wertheim	3537314 / 5512967	Ta-Wer	5	2,5 ± 1,6	5,4 ± 1,7
	Donau	Ablach	Rulfingen	3521425 / 5321937	Abl	0	-	-
		Blau	Ulm	3570312 / 5362733	Bla	6	9,2 ± 3,5	8,5 ± 1,1
		Breg	Hüfingen	3462550 / 5310383	Bre	10	12,5 ± 8,1	9,3 ± 1,9
		Donau	Fridingen	3497220 / 5321421	Do-Fri	5	8,6 ± 8,8	8,3 ± 2,3
		Donau	Geisingen	3473082 / 5309279	Do-Gei	0	-	-
		Donau	Obermarchtal	3543370 / 5345339	Do-Obe	5	14,8 ± 3,4	10,2 ± 0,7
		Große Lauter	Lauterbach	3543144 / 5346617	Gro	16	7,9 ± 3,2	8,0 ± 0,9
		Riss	Biberach	3559307 / 5331455	Ris	8	12,0 ± 5,9	7,7 ± 1,1
		Schmeie	Storzingen	3509732 / 5331648	Schme	25	11,2 ± 3,7	8,9 ± 0,8
	Boden- see	Radolf- zeller Aach	Bohlingen	3491373 / 5287044	Ra-Boh	1	4,0	6,5
		Rotach	Urnau	3532011 / 5292386	Rota	17	14,1 ± 6,0	10,4 ± 1,3
		Seefeld der Aach	Grasbeuren	3522489 / 5287793	See	5	4,4 ± 1,1	7,0 ± 0,6
		Untere Argen	Neumühle	3567160 / 5289346	Arg	3	8,0 ± 1,0	8,7 ± 0,5
Karassche (<i>Carassius carassius</i>)	Rhein	Pfaffen- loch	Rheinsheim	3457784 / 5454346	Pfa	0	-	-
		Nena- bendfeld	Rheinsheim	3454777 / 5448681	Nen	0	-	-
		Königssee	Liedolsheim	3455029 / 5448209	Koe	14	37,5 ± 24,0	12,0 ± 2,3
		Kaiser- sklamm	Eggenstein	3454697 / 5439574	Kai	1	11,0	8,2
		Schlei- enlöcher- Süd	Karlsruhe	3450439 / 5432049	Schl	25	29,2 ± 16,5	11,8 ± 2,0
		Kellers- loch	Eggenstein- Leopoldshafen	3453177 / 5437604	Kel	0	-	-
		Untersrut- see	Karlsruhe	3460121 / 5431692	Unt	0	-	-
		NGS Frank- reich-Wie- sental	Wiesental	3463246 / 5454277	NGS	0	-	-
		Graben	Kappel	3544524 / 5326564	Gra	0	-	-
	Donau	Stuttgarter See	Bad Wurzach	3565160 / 5308196	Stu	15	14,8 ± 37,1	7,5 ± 3,5
		Tiefen- bach	Burgweiler	3528929 / 5308323	Tie	25	6,5 ± 5,8	6,5 ± 2,0

Fischart	Ein- zugsge- biet	Ge- wässer	Ge- markung	Koordinaten ^b [RW/HW]	Abkür- zung	n ^a	Nassge- wicht [g] ± STABW	Total- länge [cm] ± STABW
	Boden- see	Schwarz- ensee	Niederwangen	3562417 / 5281238	Schw	25	36,7 ± 70,1	8,9 ± 5,8
Karpfen (<i>Cyprinus carpio</i>)	Rhein	verschiedenen Stellen des Rheins, bzw. in Zu- und Nebenflüssen			Wild	27	6321,2 ± 2689,7	73,0 ± 14,5
					Zucht	14	6880,7 ± 2428,6	73,2 ± 13,0
					Hybrid	4	6596,5 ± 4396,1	69,9 ± 21,2
		Albkanal	Karlsruhe	3452190 / 5438083	Alk	22	-	-
		KW- Haupt- sammel- kanal	Karlsruhe	3453440 / 5434585	Kla	13	-	-
	Boden- see	Bodensee Obersee	Langenargen	3539332 / 5271524	Ober	25	150,7 ± 84,5	20,3 ± 3,6
		Bodensee Untersee	Gundholzen	3501884 / 5283273	Unter	25	95,5 ± 67,5	18,2 ± 4,2
Nase (<i>Chondrostoma nasus</i>)	Rhein	Elz	Teningen	3412607 / 5332768	Elz	0	-	-
		Kinzig	Ohlsbach	3423319 / 5367816	Ki-Ohl	4	6,5 ± 2,4	8,7 ± 1,2
		Kinzig	Willstätt	3417776 / 5378436	Ki-Wil	19	180,7 ± 235,0	23,6 ± 9,7
		Murg	Rotenfels	3448386 / 5409396	Mu-Rot	23	1363,8 ± 193,4	48,2 ± 2,0
		Rench	Stadelhofen	3429111 / 5380199	Ren	25	1021,0 ± 247,0	45,5 ± 7,6
		Rhein	Brühl	3463659 / 5474694	Rh-Bru	25	149,8 ± 456,6	14,9 ± 10,6
		Rhein	Hohentengen	3460305 / 5270964	Rh-Hoh	1	-	-
		Rhein	Iffezheim	3434694 / 5410966	Rh-Iff	25	888,5 ± 339,9	41,4 ± 3,7
	Neckar	Rhein	Rheinfelden	3408901 / 5269299	Rh-Rhe	0	-	-
		Jagst	Widdern	3530919 / 5464594	Jag	25	351,6 ± 235,6	32,4 ± 6,1
		Kocher	Ingelfingen	3546649 / 5463074	Koc	21	773,3 ± 391,3	40,6 ± 6,5
		Neckar	Esslingen	3526477 / 5361697	Ne-Ess	14	781,6 ± 454,4	41,0 ± 7,7
		Neckar	Neckarhausen	3471533 / 5480856	Ne-Nec	9	41,3 ± 11,6	17,0 ± 1,5
		Neckar	Neckarsulm	3515680 / 5451219	Ne-Nsu	13	463,4 ± 646,2	21,5 ± 21,5
	Main	Tauber	Distelhausen	3549880 / 5495975	Ta-Dis	1	-	-
		Tauber	Unteralbach	3553379 / 5488669	Ta-Unt	2	-	-
		Tauber	Wertheim	3537314 / 5512967	Ta-Wer	25	645,9 ± 345,3	38,2 ± 8,6
	Donau	Donau	Fridingen	3497220 / 5321421	Do-Fri	8	335,1 ± 298,9	29,3 ± 9,6
		Donau	Erbach	3565926 / 5353648	Do-Erb	1	544,0	36,0
		Donau	Geisingen	3473082 / 5309279	Do-Gei	6	443,7 ± 185,3	33,6 ± 4,6
		Rottum	Laupheim	3564693 / 5346561	Rotu	3	960,7 ± 40,1	45,3 ± 1,5
	Boden- see	Bampfen	Schachen	3547460 / 5300663	Bam	18	220,8 ± 486,6	23,8 ± 3,1

Fischart	Ein- zugsge- biet	Ge- wässer	Ge- markung	Koordinaten ^b [RW/HW]	Abkür- zung	n ^a	Nassge- wicht [g] ± STABW	Total- länge [cm] ± STABW
Nase (<i>Chondrostoma nasus</i>)	Boden- see	Krum- mensbach	Blitzenreute	3546272 / 5303815	Kru	0	-	-
		Nonnen- bach	Kressbronn	3544720 / 5272690	Non	3	6,9 ± 2,4	10,3 ± 1,3
		Rotach	Urnau	3532011 / 5292386	Rota	7	208,9 ± 299,0	24,8 ± 10,2
		Schussen	Oberzell	3543269 / 5290375	Schu	1	-	-
Quappe (<i>Lota lota</i>)	Rhein	Gutach	Scheuerhof	3438521 / 5308656	Gu- Sche	10	155,2 ± 137,1	27,1 ± 8,2
		Gutach	Titisee-Neu- stadt	3442660 / 5307612	Gu-Tit	2	-	37,0 ± 11,3
		Lang- enordnach	Titisee-Neu- stadt	3439611 / 5309913	Lan	10	153,4 ± 110,6	27,1 ± 6,4
		Seebach	Bruderhalde	3434940 / 5305727	Sba	18	-	31,3 ± 6,0
	Donau	Mühlbach	Dietmanns	3569490 / 5311398	Mue	17	117,6 ± 51,1	26,2 ± 3,4
		Wurzacher Ach	Haasen	3563605 / 5307328	Wur	3	-	24,4 ± 4,2
	Boden- see	Bodensee	Obersee	3534062 / 5265474 3539611 / 5271871 3519200 / 5283440	Bod	34	203,7 ± 166,4	30,6 ± 7,0
		Bodensee	Untersee	3501799 / 5284475	Bo-Unt	1	-	-
Rapfen (<i>Leuciscus aspius</i>)	Rhein	Fischzucht	Zuchtanlage Möhneseesee	-	Moe	20	-	-
		Rhein	Brühl	3463659 / 5474694	Rh-Bru	0		
		Rhein	Breisach	3395281 / 5320368	Rh-Bre	1	7,0	10,5
		Rhein	Iffezheim	3434694 / 5410966	Rh-Iff	25	226,2 ± 53,9	53,9 ± 3,1
		Rhein	Ketsch	3460347 / 5465897	Rh-Ket	0		
		Rhein	Schwörstadt	3412509 / 5272782	Rh- Schw	0		
	Neckar	Neckar	Diedesheim	3507146 / 5466580	Ne-Die	0		
		Neckar	Neckarhausen	3471533 / 5480856	Ne-Nec	5	9,4 ± 3,5	11,0 ± 1,3
		Neckar	Mundelsheim	3514649 / 5429471	Ne-Mun	1	13,0	12,3
		Neckar	Neckarsulm	3515680 / 5451219	Ne-Nsu	0		
	Main	Tauber	Wertheim	3537314 / 5512967	Ta-Wer	1	2,0	6,3
	Donau	Donau	Erbach	3565926 / 5353648	Do-Erb	0	-	-
		Donau	Ulm-Wiblingen	3571455 / 5360140	Do-Ulm	0	-	-
		Donau	Illermündung	3571542 / 5360155	Do-III	0	-	-
Schlamm- peitzger (<i>Misgurnus fossilis</i>)	Rhein	Alte Bach	Karlsruhe	3460547 / 5430803	Alt	19	24,7 ± 10,4	17,6 ± 2,1
		Acker- heck-gra- ben	Karlsruhe	3450673 / 5432175	Ack	25	19,6 ± 9,9	16,6 ± 2,8
		Stockfeld- graben	Riegel	3408269 / 5335028	Sto	25	13,8 ± 5,7	14,9 ± 1,9
		Gießgra- ben	Phillipsburg	3456851 / 5454925	Gie	6	4,9 ± 0,4	9,6 ± 0,4
	Donau	Flossgra- ben	Buchau	3547594 / 5324948	Flos	25	10,9 ± 3,8	13,6 ± 1,5

Fischart	Ein- zugsge- biet	Ge- wässer	Ge- markung	Koordinaten ^b [RW/HW]	Abkür- zung	n ^a	Nassge- wicht [g] ± STABW	Total- länge [cm] ± STABW
Steinbeißer (<i>Cobitis sp.</i>)	Rhein	Durch- gehender Altrhein- zug	Breisach	3394417 / 5326000	Dur	18	1,8 ± 0,9	7,2 ± 1,2
		Otterstäd- ter Altrhein	Brühl	3461450 / 5471732	Ott	25	5,3 ± 1,4	10,7 ± 1,1
	Rhein	Restrhein	Bad Bellingen	3389958 / 5293658	Res	9	-	8,6 ± 1,4
		Rhein bei Kehl	Kehl	3412074 / 5377713	RH-Keh	25	3,2 ± 2,0	8,4 ± 1,5
	Donau	Ellerazho- fer Bach	Herlazhofen	3571174 / 5297992	Ell	25	4,4 ± 1,0	10,2 ± 0,9
		Kanzach	Bad Buchau	3544375 / 5326171	Kan	7	7,8 ± 2,5	11,2 ± 0,6
Strömer (<i>Leuciscus souffia</i>)	Boden- see	Bampfen	Schachen	3547460 / 5300663	Bam	26	18,5 ± 12,1	13,0 ± 2,9
		Nonnen- bach	Kressbronn	3545151 / 5272994	Non	7	13,7 ± 18,4	10,7 ± 3,6
		Rotach	Bunkhofen	3536497 / 5282445	Rot	26	23,2 ± 7,5	14,4 ± 1,5
		Untere Argen	Karbach-Her- fatz	3561500 / 5285457	Arg	26	4,0 ± 3,3	7,7 ± 2,1
	Neckar	Bühler	Unterschef- fach	3562446 / 5444713	Bue	25	18,8 ± 12,0	12,9 ± 3,3
		Erlenbach	Otisheim	3486100 / 5424712	Erl	26	14,5 ± 4,8	12,9 ± 1,3
		Fichten- berger Rot	Fichtenberg	3551837 / 5427747	Fic	26	37,7 ± 14,2	16,4 ± 1,8
		Metter	Bietigheim	3508711 / 5424631	Met	26	13,2 ± 3	12,6 ± 0,9
Steinkrebs (<i>Austropotamo- bius torrentium</i>)	Neckar	Ohrn	Unterstein- bach	3544069 / 5442109	Ohr	13	-	6,8 ± 0,5
		Zaber	Zaberfeld	3493729 / 5434949	Zab	25	-	7,1 ± 0,9
	Rhein	Gelbach	Oberwolfach	3441707 / 5355341	Gel	22	-	7,3 ± 0,8
		Schürle- bach	Dogern	3436929 / 5276068	Schue	22	-	6,6 ± 0,6
	Main	Vorbach	Weikersheim	3566359 / 5482614	Vor	22	-	6,9 ± 0,6
	Donau	Goldbach	Trochtelfingen	3604363 / 5414133	Gol	25	-	6,7 ± 0,5
		Große Lauter	Indelhausen	3536690 / 5351375	Gro	0	-	-
	Boden- see	Rotach	Wolketsweiler	3534447 / 5295471	Rot	25	-	6,8 ± 0,5
		Tobelbach	Amtzell	3558244 / 5285758	Tob	25	-	7,5 ± 0,9

Funktionelle Merkmale der berücksichtigten Fischarten

Tab. S2 Funktionelle Merkmale der berücksichtigten Fisch- und Neunaugenarten. Die Merkmale wurden aus regionsspezifischer Literatur und fishbase.org entnommen.

FRI = Fischregionsindex. ■ nicht heimische Arten, ■ Arten mit geringer Fängigkeit, ■ regelmäßig besetzte Arten, ■ heimische Arten, welche für die vertiefenden Analysen verwendet wurden.

Name	Fachname	Herkunft	Besatz	Fängigkeit	Typ	Wander- distanz	Wandertyp	
Brachse / Blei	<i>Abramis brama</i>	heimisch	nein	gut	Generalist	kurz	keine Wan- derung	
Ukelei / Laube	<i>Alburnus alburnus</i>	heimisch	nein	gut	Generalist	kurz	keine Wan- derung	
Schneider	<i>Alburnoides bipunctatus</i>	heimisch	nein	gut	Generalist	kurz	keine Wan- derung	
Maifisch	<i>Alosa alosa</i>	heimisch	nein	schlecht	Spezialist			
Zwergwels	<i>Ameiurus spp.</i>	nicht heimisch	nein	gut	Spezialist			
Aal	<i>Anguilla anguilla</i>	heimisch	ja	gut	Spezialist			
Schmerle	<i>Barbatula barbatula</i>	heimisch	nein	gut	Generalist	kurz	keine Wan- derung	
Barbe	<i>Barbus barbus</i>	heimisch	nein	gut	Generalist	mittel	keine Wan- derung	
Güster	<i>Abramis bjo- erkna</i>	heimisch	nein	gut	Generalist	kurz	keine Wan- derung	
Karausche	<i>Carassius carassius</i>	heimisch	nein	gut	Spezialist	kurz	keine Wan- derung	
Giebel	<i>Carassius gibelio</i>	heimisch	nein	gut	Generalist	kurz	keine Wan- derung	
Nase	<i>Chondrostoma nasus</i>	heimisch	nein	gut	Spezialist	mittel-lang	potamo- drom	
Südlicher Stein- beißer	<i>Cobitis bili- neata</i>	nicht heimisch	nein	gut	Spezialist			
Steinbeißer	<i>Cobitis taenia</i>	heimisch	nein	gut	Spezialist	kurz	keine Wan- derung	
Groppe / Mühl- koppe	<i>Cottus gobio</i>	heimisch	nein	gut	Spezialist	kurz	keine Wan- derung	
Goldfisch	<i>Carassius auratus</i>	nicht heimisch	ja	gut	Generalist			
Graskarpfen	<i>Ctenopharyn- godon idella</i>	nicht heimisch	nein	gut	Generalist			
Karpfen	<i>Cyprinus carpio</i>	heimisch	ja	schlecht	Generalist			
Koi-Karpfen	<i>Cyprinus rubrofus- cus</i>	nicht heimisch	nein	gut	Generalist			
Hecht	<i>Esox lucius</i>	heimisch	nein	gut	Generalist	kurz	keine Wan- derung	
Dreistachliger Stichling, Binnen- form	<i>Gasterosteus aculeatus</i>	heimisch	nein	gut	Generalist	mittel-kurz	keine Wan- derung	
Gründling	<i>Gobio gobio</i>	heimisch	nein	gut	Generalist	kurz	keine Wan- derung	
Kaulbarsch	<i>Gymnocephalus cernua</i>	heimisch	nein	gut	Generalist	kurz	keine Wan- derung	
Schrätzer	<i>Gymnocephalus schraetser</i>	heimisch	nein	gut	Spezialist	kurz	keine Wan- derung	
Huchen	<i>Hucho hucho</i>	heimisch	ja	gut	Spezialist			

	Strömungs- präferenz	Substrat- präferenz	Trophische Ebene	FRI	Resilienz	Körperform	Maximal- länge	Mundstel- lung
	indifferent	Divers	omnivor	7	gering	fusiform	82	inferior
	indifferent	Divers	omnivor	6,58	mittel	fusiform	25	superior
	rheophil	lithophil	invertivor	5,58	mittel	fusiform	18,5	terminal
	indifferent	Divers	invertivor	5,25	mittel	fusiform	21	inferior
	rheophil	lithophil	invertivor	6,08	gering	fusiform	120	inferior
	indifferent	phytophil	omnivor	7	gering	fusiform	45,5	inferior
	stagnophil	phytophil	omnivor	6,83	mittel	fusiform	64	terminal
	indifferent	Divers	omnivor	6,75	mittel	fusiform	46,6	terminal
	rheophil	lithophil	herbivor	5,83	mittel	fusiform	50	terminal
	rheophil	phytophil	invertivor	6,5	mittel	elongated	13,5	inferior
	rheophil	Divers	invertivor	4,71	mittel	fusiform	18	terminal
	indifferent	phytophil	piscivor	6,58	gering	elongated	137	terminal
	indifferent	phytophil	omnivor	7,17	hoch	fusiform	11	terminal
	indifferent	Divers	invertivor	5,83	mittel	fusiform	21	inferior
	indifferent	Divers	invertivor	7,58	mittel	fusiform	25	terminal
	rheophil	lithophil	invertivor	6,33	gering	fusiform	30	terminal

Name	Fachname	Herkunft	Besatz	Fängigkeit	Typ	Wander- distanz	Wandertyp	
Tigerfisch	<i>Hydrocynus goliath</i>	nicht heimisch	nein	gut	Spezialist			
Silberkarpfen	<i>Hypophthalmichthys molitrix</i>	nicht heimisch	ja	gut	Generalist			
Flussneunauge	<i>Lampetra fluviatilis</i>	heimisch	nein	schlecht	Spezialist			
Bachneunauge	<i>Lampetra planeri</i>	heimisch	nein	gut	Spezialist	kurz	keine Wan- derung	
Sonnenbarsch	<i>Lepomis gibbosus</i>	nicht heimisch	ja	gut	Generalist			
Rapfen	<i>Aspius aspius</i>	heimisch	nein	schlecht	Generalist			
Moderlieschen	<i>Leucaspis delineatus</i>	heimisch	nein	gut	Generalist	kurz	keine Wan- derung	
Aland / Nerfling	<i>Leuciscus idus</i>	heimisch	nein	gut	Generalist	kurz	keine Wan- derung	
Hasel	<i>Leuciscus leuciscus</i>	heimisch	nein	gut	Generalist	mittel-kurz	keine Wan- derung	
Quappe / Rutte	<i>Lota lota</i>	heimisch	nein	gut	Spezialist	mittel-lang	potamo- drom	
Forellenbarsch / Schwarzbarsch	<i>Micropterus salmoides</i>	nicht heimisch	ja	gut	Spezialist			
Schlammpeitzger	<i>Misgurnus fossilis</i>	heimisch	nein	schlecht	Spezialist			
Flussgrundel	<i>Neogobius fluviatilis</i>	nicht heimisch	nein	gut	Generalist			
Schwarzmund- grundel	<i>Neogobius melanostomus</i>	nicht heimisch	nein	gut	Generalist			
Regenbogenforelle	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	nicht heimisch	ja	gut	Spezialist			
Barsch / Fluss- barsch	<i>Perca fluviatilis</i>	heimisch	nein	gut	Generalist	kurz	keine Wan- derung	
Meerneunauge	<i>Petromyzon marinus</i>	heimisch	nein	schlecht	Spezialist			
Elritze	<i>Phoxinus phoxinus</i>	heimisch	nein	gut	Generalist	kurz	keine Wan- derung	
Kesslergrundel	<i>Ponticola kessleri</i>	nicht heimisch	nein	gut	Generalist			
Marmorgrundel	<i>Oxyeleotris marmorata</i>	nicht heimisch	nein	gut	Generalist			
Blaubandbärbling	<i>Pseudorasbora parva</i>	nicht heimisch	ja	gut	Generalist			
Zwergstichling	<i>Pungitius pungitius</i>	nicht heimisch	nein	gut	Spezialist			
Bitterling	<i>Rhodeus amarus</i>	heimisch	nein	gut	Spezialist	kurz	keine Wan- derung	
Donau-Strom- gründling	<i>Romanogobio vladkovii</i>	nicht heimisch	nein	gut	Generalist			
Rotaugen / Plötze	<i>Rutilus rutilus</i>	heimisch	nein	gut	Generalist	kurz	keine Wan- derung	
Frauennerfling	<i>Rutilus pigus virgo</i>	heimisch	nein	gut	Spezialist	kurz	keine Wan- derung	
Bachforelle	<i>Salmo trutta fario</i>	heimisch	ja	gut	Spezialist			

	Strömungs- präferenz	Substrat- präferenz	Trophische Ebene	FRI	Resilienz	Körperform	Maximal- länge	Mundstel- lung
	rheophil	lithophil	Filterierer	4,58	gering	eel-like	20,5	inferior
	stagnophil	phytophil	omnivor	6,75	mittel	fusiform	9	superior
	rheophil	Divers	omnivor	6,83	gering	fusiform	85	terminal
	indifferent	lithophil	omnivor	5,75	mittel	fusiform	40	inferior
	rheophil	lithophil	inverti-pi- scivor	6,17	gering	elongated	152	terminal
	indifferent	Divers	inverti-pi- scivor	6,92	gering	fusiform	60	terminal
	indifferent	lithophil	invertivor	5	mittel	fusiform	14	terminal
	indifferent	Divers	omnivor	6,5	gering	fusiform	11,2	inferior
	indifferent	lithophil	omnivor	6,83	mittel	fusiform	50,2	terminal
	rheophil	lithophil	invertivor	5,83	gering	fusiform	40	inferior

Name	Fachname	Herkunft	Besatz	Fängigkeit	Typ	Wander- distanz	Wandertyp	
Seeforelle	<i>Salmo trutta lacustris</i>	heimisch	nein	gut	Spezialist	mittel-lang	potamo- drom	
Lachs, Atlantischer	<i>Salmo salar</i>	heimisch	ja	gut	Spezialist			
Meerforelle	<i>Salmo trutta trutta</i>	heimisch	nein	gut	Spezialist	lang	anadrom	
Seesaibling	<i>Salvelinus umbla</i>	heimisch	ja	gut	Spezialist			
Bachsaibling	<i>Salvelinus fontinalis</i>	nicht heimisch	ja	gut	Spezialist			
Zander	<i>Sander lucio-perca</i>	heimisch	ja	gut	Generalist			
Rotfeder	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	heimisch	nein	gut	Generalist	kurz	keine Wan- derung	
Wels	<i>Silurus glanis</i>	heimisch	nein	gut	Generalist	kurz	keine Wan- derung	
Döbel / Aitel	<i>Leuciscus cephalus</i>	heimisch	nein	gut	Generalist	kurz	keine Wan- derung	
Strömer	<i>Telestes souffia</i>	heimisch	nein	gut	Spezialist	mittel-kurz	keine Wan- derung	
Äsche	<i>Thymallus thymallus</i>	heimisch	ja	gut	Spezialist			
Schleie	<i>Tinca tinca</i>	heimisch	nein	gut	Generalist	kurz	keine Wan- derung	
Zährte	<i>Vimba vimba</i>	heimisch	nein	gut	Spezialist	kurz	keine Wan- derung	
Streber	<i>Zingel streber</i>	heimisch	nein	gut	Spezialist	mittel-kurz	keine Wan- derung	
Zingel	<i>Zingel zingel</i>	heimisch	nein	gut	Spezialist	kurz	keine Wan- derung	

	Strömungs- präferenz	Substrat- präferenz	Trophische Ebene	FRI	Resilienz	Körperform	Maximal- länge	Mundstel- lung
	rheophil	lithophil	invertivor	4,33	mittel	fusiform	140	terminal
	rheophil	lithophil	invertivor	5	mittel	fusiform	140	terminal
	stagnophil	lithophil	omnivor	6,92	gering	fusiform	61,7	superior
	indifferent	phytophil	piscivor	6,92	gering	elongated	273	terminal
	indifferent	lithophil	omnivor	5,83	mittel	fusiform	60	terminal
	rheophil	lithophil	invertivor	5,42	mittel	elongated	25	terminal
	stagnophil	phytophil	omnivor	6,92	mittel	fusiform	70	terminal
	rheophil	lithophil	invertivor	6,58	gering	fusiform	50	inferior
	rheophil	lithophil	invertivor	5,83	mittel	elongated	22	inferior
	rheophil	lithophil	invertivor	6,25	gering	elongated	48	inferior

Literatur- und Quellenverzeichnis

1. Einführung

1. Chucholl, C., Baer, J. und Brinker, A. (2019). Fischökologisch bedeutsame Gewässer in Baden-Württemberg. Ministerium für Ländlichen Raum und Verbraucherschutz Baden-Württemberg, Stuttgart.
2. Gouskov, A., Reyes, M., Wirthner-Bitterlin, L. und Vorburger, C. (2016). Fish population genetic structure shaped by hydroelectric power plants in the upper Rhine catchment. *Evolutionary Applications* 9, 394–408.
3. Preusser, F. (2008). Characterisation and evolution of the River Rhine system. *Netherlands Journal of Geosciences - Geologie en Mijnbouw* 87, 7–19.
4. Jardim De Queiroz, L., Doenz, C. J., Altermatt, F., Alther, R., Borko, Š., Brodersen, J., Gossner, M. M., Graham, C., Matthews, B., McFadden, I. R., Pellissier, L., Schmitt, T., Selz, O. M., Villalba, S., Rüber, L., Zimmermann, N. E. und Seehausen, O. (2022). Climate, immigration and speciation shape terrestrial and aquatic biodiversity in the European Alps. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 289, 20221020.
5. Dudgeon, D., Arthington, A. H., Gessner, M. O., Kawabata, Z., Knowler, D. J., Lévêque, C., Naiman, R. J., Prieur-Richard, A., Soto, D., Stiassny, M. L. J. und Sullivan, C. A. (2006). Freshwater biodiversity: importance, threats, status and conservation challenges. *Biological Reviews* 81, 163–82.
6. Su, G., Logez, M., Xu, J., Tao, S., Villéger, S. und Brosse, S. (2021). Human impacts on global freshwater fish biodiversity. *Science* 371, 835–8.
7. European Council. (2000). Directive 2000/60/EC of the European Parliament and of the Council of 23 October 2000 establishing a framework for community action in the field of water policy. European Council, Brussels, Belgium.
8. BMUV/UBA. (2022). Water Framework Directive – The status of German waters 2021. Progress and Challenges. Umweltbundesamt, Dessau-Roßlau, Germany.
9. Gaye-Siessegger, J., Dußling, U. und Brinker, A. (2021). Fischbasierte ökologische Bewertung von Fließgewässern gemäß Wasserrahmenrichtlinie (WRRL) in Baden-Württemberg. Fischereiforschungsstelle Baden-Württemberg beim Landwirtschaftlichen Zentrum Baden-Württemberg (LAZBW), Langenargen, Deutschland.
10. Freyhof, J., Bowler, D., Broghammer, T., Friedrichs-Manthey, M., Heinze, S. und Wolter, C. (2023). Rote Liste und Gesamtartenliste der sich im Süßwasser reproduzierenden Fische und Neunaugen (Pisces et Cyclostomata) Deutschlands. *Naturschutz und Biologische Vielfalt* 170, 1–63.
11. Baer, J., Blank, S., Chucholl, C., Dußling, U. und Brinker, A. (2014). Die Rote Liste für Baden-Württembergs Fische, Neunaugen und Flusskrebse. Ministerium für Ländlichen Raum und Verbraucherschutz Baden-Württemberg, Stuttgart.
12. Wilson, E. O. (1988). *Biodiversity*. National Academies Press, Washington.
13. United Nations. (1992). *Convention on Biological Diversity*. United Nations Organization, Rio de Janeiro.
14. Council Directive 92/43/EEC. (1992). Council Directive of 21.5.1992 on the conservation of natural habitats and of wild fauna and flora (OJ EU no. L 206, of 22.7.1992).
15. Beierkuhnlein, C. (2003). Der Begriff Biodiversität. *Nova Acta Leopoldina* 87, 51–71.
16. Schleuter, D., Daufresne, M., Massol, F. und Argillier, C. (2010). A user's guide to functional diversity indices. *Ecological Monographs* 80, 469–84.
17. Dußling, U. (2009). Handbuch zur fiBS. Schriftenreihe des Verbandes Deutscher Fischereiverwaltungsbeamter und Fischereiwissenschaftler e.V., Heft 15, Offenbach, Germany.
18. Mace, G. M., Norris, K. und Fitter, A. H. (2012). Biodiversity and ecosystem services: a multilayered relationship. *Trends in Ecology & Evolution* 27, 19–26.
19. Gracey, E. O. und Verones, F. (2016). Impacts from hydropower production on biodiversity in an LCA framework—review and recommendations. *The International Journal of Life Cycle Assessment* 21, 412–28.
20. Weijters, M. J., Janse, J. H., Alkemade, R. und Verhoeven, J. T. A. (2009). Quantifying the effect of catchment land use and water nutrient concentrations on freshwater river and stream biodiversity. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems* 19, 104–12.
21. Turgeon, K., Turpin, C. und Gregory-Eaves, I. (2019). Dams have varying impacts on fish communities across latitudes: a quantitative synthesis. *Ecology Letters* 22, 1501–16.

22. de Vaate, A. bij, Breukel, R. und van der Velde, G. (2006). Long-term Developments in Ecological Rehabilitation of the Main Distributaries in the Rhine Delta: Fish and Macroinvertebrates. *Hydrobiologia* 565, 229–42.
 23. Cambray, J. A. (2003). Impact on indigenous species biodiversity caused by the globalisation of alien recreational freshwater fisheries. *Hydrobiologia* 500, 217–30.
 24. Nehring, S. (2005). International shipping - a risk for aquatic biodiversity in Germany. *NeoBiota* 125–43.
 25. Malhi, Y., Franklin, J., Seddon, N., Solan, M., Turner, M. G., Field, C. B. und Knowlton, N. (2020). Climate change and ecosystems: threats, opportunities and solutions. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences* 375, 20190104.
 26. Palmer, M. A., Lettenmaier, D. P., Poff, N. L., Postel, S. L., Richter, B. und Warner, R. (2009). Climate Change and River Ecosystems: Protection and Adaptation Options. *Environmental Management* 44, 1053–68.
 27. Nehring, S., Essl, F. und Rabitsch, W. (2015). Methodik der naturschutzfachlichen Invasivitätsbewertung für gebietsfremde Arten: Version 1.3. Bundesamt für Naturschutz, Bonn.
 28. FischG. (1979). Fischereigesetz für Baden-Württemberg (FischG) Vom 14. November 1979.
 29. LFischVO. (1998). Verordnung des Ministeriums Ländlicher Raum zur Durchführung des Fischereigesetzes für Baden-Württemberg (Landesfischereiverordnung - LFischVO) Vom 3. April 1998.
 30. Baer, J., George, V., Hanfland, S., Lemcke, R., Meyer, L. und Zahn, S. (2007). Gute fachliche Praxis fischereilicher Besitzmaßnahmen, Vol. 14. Verband Deutscher Fischereiverwaltungsbeamter und Fischerwissenschaftler e.V., Offenbach, Germany.
 31. BodFischVO. (1997). Verordnung des Ministeriums Ländlicher Raum über die Fischerei im Bodensee (Bodenseefischereiverordnung - BodFischVO) Vom 18. Dezember 1997.
 32. FischVtrG. (1992). Gesetz zu dem Vertrag zwischen dem Land Baden-Württemberg und der Schweizerischen Eidgenossenschaft über die Fischerei im Untersee und Seerhein (Untersee-fischereiordnung) in der Fassung vom 24. November 1992.
- 2. Biologische Vielfalt ausgesuchter Fisch-, Neunaugen- und Krebsarten**
1. Baer, J., George, V., Hanfland, S., Lemcke, R., Meyer, L. und Zahn, S. (2007). Gute fachliche Praxis fischereilicher Besitzmaßnahmen, Vol. 14. Verband Deutscher Fischereiverwaltungsbeamter und Fischerwissenschaftler e.V., Offenbach, Germany.
 2. Coleman, R. A., Weeks, A. R. und Hoffmann, A. A. (2013). Balancing genetic uniqueness and genetic variation in determining conservation and translocation strategies: a comprehensive case study of threatened dwarf galaxias, *Galaxiella pusilla* (Mack) (Pisces: Galaxiidae). *Molecular Ecology* 22, 1820–35.
 3. Ralls, K., Ballou, J. D., Dudash, M. R., Eldridge, M. D. B., Fenster, C. B., Lacy, R. C., Sunnucks, P. und Frankham, R. (2018). Call for a Paradigm Shift in the Genetic Management of Fragmented Populations: Genetic management. *Conservation Letters* 11, e12412.
 4. Guichoux, E., Lagache, L., Wagner, S., Chaumeil, P., Léger, P., Lepais, O., Lepoittevin, C., Malausa, T., Revardel, E., Salin, F. und Petit, R. J. (2011). Current trends in microsatellite genotyping. *Molecular Ecology Resources* 11, 591–611.
 5. Moore, W. S. (1995). Inferring Phylogenies from mtDNA Variation: Mitochondrial-Gene Trees Versus Nuclear-Gene Trees. *Evolution* 49, 718.
 6. Sanger, F., Nicklen, S. und Coulson, A. R. (1977). DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 74, 5463–5467.
 7. Zhang, R., Jia, G. und Diao, X. (2023). gene-HapR: an R package for gene haplotypic statistics and visualization. *BMC Bioinformatics* 24, 199.
 8. Selkoe, K. A. und Toonen, R. J. (2006). Microsatellites for ecologists: a practical guide to using and evaluating microsatellite markers. *Ecology Letters* 9, 615–29.
 9. Pritchard, J. K., Stephens, M. und Donnelly, P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155, 945–59.
 10. Comber, S. C. L. und Smith, C. (2004). Polyploidy in fishes: patterns and processes. *Biological Journal of the Linnean Society* 82, 431–42.
 11. Park, P. J., Aguirre, W. E., Spikes, D. A. und Miyazaki, J. M. (2013). Landmark-Based Geometric Morphometrics: What Fish Shapes Can Tell Us about Fish Evolution. *Proceedings of the Association for Biology Laboratory Education* 34, 361–71.

12. Bravi, R., Ruffini, M. und Scalici, M. (2013). Morphological variation in riverine cyprinids: a geometric morphometric contribution. *Italian Journal of Zoology* 80, 536–46.
13. Strauss, R. E. und Bookstein, F. L. (1982). The Truss: Body Form Reconstructions in Morphometrics. *Systematic Zoology* 31, 113.
14. Berger, C., Štambuk, A., Maguire, I., Weiss, S. und Füreder, L. (2018). Integrating genetics and morphometrics in species conservation - A case study on the stone crayfish, *Austropotamobius torrentium*. *Limnologica* 69, 28–38.
15. Maguire, I., Marn, N. und Klobučar, G. (2017). Morphological evidence for hidden diversity in the threatened stone crayfish *Austropotamobius torrentium* (Schränk, 1803) (Decapoda: Astacoidea: Astacidae) in Croatia. *Journal of Crustacean Biology* 37, 7–15.
16. Sint, D., Dalla Via, J. und Füreder, L. (2005). Morphological Variations in *Astacus* L. and *Austropotamobius pallipes* (Lereboullet) populations. *Bulletin Français de la Pêche et de la Pisciculture* 637–52.
17. Palsboll, P., Berube, M. und Allendorf, F. (2007). Identification of management units using population genetic data. *Trends in Ecology & Evolution* 22, 11–6.
18. Fraser, D. J. und Bernatchez, L. (2001). Adaptive evolutionary conservation: towards a unified concept for defining conservation units. *Molecular Ecology* 10, 2741–52.
19. Casacci, L. P., Barbero, F. und Balletto, E. (2014). The “Evolutionarily Significant Unit” concept and its applicability in biological conservation. *Italian Journal of Zoology* 81, 182–93.
20. Moritz, C. (1994). Defining “Evolutionarily Significant Units” for conservation. *Trends in Ecology & Evolution* 9, 373–5.
21. Parey, K. (2009). Datenreihe über Fangerträge und Untersuchungsergebnisse von der Nagold. Nicht öffentlicher Bericht. Regierungspräsidium Karlsruhe, Karlsruhe.
22. Wurm, K. (2012). Limnologische Untersuchung zum Rückgang der fischereilichen Erträge in der Donau zwischen Sigmaringen und Ehingen. Untersuchungszeitraum 2002 - 2012. Unveröff. Gutachten i. A. der Fischereibehörde am Regierungspräsidium Tübingen.
23. Matzinger, M. (2017). Zustand, Schutz und Bewirtschaftung der Donaufischbestände in Baden-Württemberg. Fischereiforschungsstelle Baden-Württemberg, Langenargen.
24. Gaye-Siessegger, J., Billmann, H.-P., Blank, S. und Brinker, A. (2017). Bericht zur Vergrämung von Kormoranen im Winter 2015/16 mit ausführlicher Darstellung der Ergebnisse der Begleituntersuchungen. Fischereiforschungsstelle Baden-Württemberg, Langenargen.
25. Meraner, A. und Gandolfi, A. (2012). Phylogeography of European grayling, *Thymallus thymallus* (Actinopterygii, Salmonidae), within the Northern Adriatic basin: evidence for native and exotic mitochondrial DNA lineages. *Hydrobiologia* 693, 205–21.
26. Araki, H. und Schmid, C. (2010). Is hatchery stocking a help or harm? *Aquaculture* 308, S2–11.
27. Wajgel. (1883). Die Zusammenziehung der zwei Arten *Petromyzon* (*P. planeri* und *P. fluviatilis*) in Eine. *Verhandlungen der Zoologisch-Botanischen Gesellschaft in Wien* 33, 311–20.
28. Weissenberg, R. (1925). Fluß- und Bachneunaugen *Lampetra fluviatilis* L. und *Lampetra planeri* BLOCH, ein morphologisch-biologischer Vergleich. *Zoologischer Anzeiger* 63, 293–306.
29. Lauterborn, R. (1926). Das Laichen des Flußneunauges (*Lampetra planeri* L.) in den Seitengewässern des Oberrheins. *Zoologischer Anzeiger* 48 (5/6), 142–6.
30. Rougemont, Q., Gaigher, A., Lasne, E., Côte, J., Coke, M., Besnard, A.-L., Launey, S. und Evanno, G. (2015). Low reproductive isolation and highly variable levels of gene flow reveal limited progress towards speciation between European river and brook lampreys. *Journal of Evolutionary Biology* 28, 2248–63.
31. Mateus, C. S., Stange, M., Berner, D., Roesti, M., Quintella, B. R., Alves, M. J., Almeida, P. R. und Salzburger, W. (2013). Strong genome-wide divergence between sympatric European river and brook lampreys. *Current Biology* 23, R649–R650.
32. Bracken, F. S. A., Hoelzel, A. R., Hume, J. B. und Lucas, M. C. (2015). Contrasting population genetic structure among freshwater-resident and anadromous lampreys: the role of demographic history, differential dispersal and anthropogenic barriers to movement. *Molecular Ecology* 24, 1188–204.
33. Nolte, A. W., Freyhof, J., Stemshorn, K. C. und Tautz, D. (2005). An invasive lineage of sculpins, *Cottus* sp. (Pisces, Teleostei) in the Rhine with new habitat adaptations has originated from hybridization between old phylogeographic groups. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 272, 2379–2387.

34. Rösch, H. (2013). Die Liaison der Kauzeköpp. *MaxPlanckForschung* 4.2013, 56–63.
35. Baer, J., Hartmann, F. und Brinker, A. (2017). Invasion strategy and abiotic activity triggers for non-native gobiids of the River Rhine. *PLOS ONE* 12, e0183769.
36. Freyhof, J., Kottelat, M. und Nolte, A. W. (2005). Taxonomic diversity of European *Cottus* with description of eight new species (Teleostei: Cottidae). *Ichthyological Exploration of Freshwaters* 16, 107–72.
37. DG Environment. (2023). Reporting under Article 17 of the Habitats Directive: Guidelines on concepts and definitions – Article 17 of Directive 92/43/EEC, Reporting period 2019-2024. Europäische Umweltagentur (EEA), Brüssel.
38. Haberbosch, R. (2017). Die Fischart Karausche – ein Spezialist für Flussauen. Landesfischereiverband Baden-Württemberg e.V., Stuttgart.
39. Dußling, U. und Berg, R. (2001). Fische in Baden-Württemberg. Ministerium für Ländlichen Raum und Verbraucherschutz Baden-Württemberg, Stuttgart.
40. Freyhof, J., Bowler, D., Broghammer, T., Friedrichs-Manthey, M., Heinze, S. und Wolter, C. (2023). Rote Liste und Gesamtartenliste der sich im Süßwasser reproduzierenden Fische und Neunaugen (Pisces et Cyclostomata) Deutschlands. *Naturschutz und Biologische Vielfalt* 170, 1–63.
41. Holopainen, I. J., Aho, J., Vornanen, M. und Huuskonen, H. (1997). Phenotypic plasticity and predator effects on morphology and physiology of crucian carp in nature and in the laboratory. *Journal of Fish Biology* 50, 781–98.
42. Torke, W. (1998). Fische aus jungpleistozänen und holozänen Siedlungsplätzen in Baden-Württemberg. *Jahreshefte der Gesellschaft für Naturkunde in Württemberg* 154, 231–59.
43. Böttcher, R. (1994). Niedere Wirbeltiere (Fische, Amphibien, Reptilien) aus dem Quartär von Stuttgart. *Stuttgarter Beiträge zur Naturkunde, Serie B* 215, 1–75.
44. Böhme, G. (1997). Fossile Fischfaunen aus dem jüngeren Känozoikum Deutschlands. Quartär – Internationales Jahrbuch zur Erforschung des Eiszeitalters und der Steinzeit 47/48, 113–38.
45. Klunzinger, C. B. (1881). Die Fische in Württemberg, faunistisch-biologisch betrachtet, und die Fischereiverhältnisse daselbst. *Jahreshefte des Vereins für Vaterländische Naturkunde in Württemberg* 37, 172–324.
46. Günther, A. (1853). Die Fische des Neckars. *Jahreshefte des Vereins für Vaterländische Naturkunde in Württemberg* 9, 225–360.
47. Hudson, A. G., Vonlanthen, P. und Seehausen, O. (2014). Population structure, inbreeding and local adaptation within an endangered riverine specialist: the nase (*Chondrostoma nasus*). *Conservation Genetics* 15, 933–51.
48. Costedoat, C., Pech, N., Salducci, M.-D., Chappaz, R. und Gilles, A. (2005). Evolution of mosaic hybrid zone between invasive and endemic species of Cyprinidae through space and time. *Biological Journal of the Linnean Society* 85, 135–55.
49. Dußling, U., Baer, J., Gaye-Siessegger, J., Blank, S. und Brinker, A. (2018). Das große Buch der Fische Baden-Württembergs. Ministerium für Ländlichen Raum und Verbraucherschutz Baden-Württemberg, Stuttgart.
50. Fredrich, F. (2003). Long-term investigations of migratory behaviour of asp (*Aspius aspius* L.) in the middle part of the Elbe River, Germany: Migration of asp in the Elbe River. *Journal of Applied Ichthyology* 19, 294–302.
51. Kottelat, M. und Freyhof, J. (2007). *Handbook of European Freshwater Fishes*. Publications Kottelat, Cornol, Switzerland.
52. Fiedler, K. (1991). *Lehrbuch der speziellen Zoologie. Bd. II Wirbeltiere, Teil 2 Fische*. Gustav Fischer Verlag, Jena.
53. Bohlen, J., Šlechtová, V., Doadrio, I. und Ráb, P. (2007). Low mitochondrial divergence indicates a rapid expansion across Europe in the weather loach, *Misgurnus fossilis* (L.). *Journal of Fish Biology* 71, 186–94.
54. Bohlen, J. (2010). Genetische Untersuchung von Steinbeißern aus ausgewählten Gewässern Sachsens 2010. Ergebnisbericht. Sächsisches Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie, Dresden, Germany.
55. Alexander, T. und Seehausen, O. (2021). Diversity, distribution and community composition of fish in perialpine lakes. “Projet Lac” synthesis report. Eawag, Dübendorf, Switzerland.
56. Buj, I., Mustafić, P., Čaleta, M., Marčić, Z., Ivić, L., Žalac, S., Zanella, D., Karlović, R., Horvatić, S. und Raguž, L. (2021). Peculiar occurrence of *Cobitis bilineata* Canestrini, 1865 and *Sabanejewia larvata* (De Filippi, 1859) (Cobitidae, Actinopteri) in the Danube River basin in Croatia. *Fundamental and Applied Limnology* 194, 201–13.

57. Perdices, A., Bohlen, J. und Doadrio, I. (2008). The molecular diversity of adriatic spined loaches (Teleostei, Cobitidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 46, 382–90.
58. Roch, S., Bartolin, P., Vonlanthen, P., Baer, J., Grundmüller, S., Epp, L. S. und Brinker, A. (2023). Endangered spined loach *Cobitis* species in Southwest Germany: A complex network of native, hybrid and newly emerged populations. *Fisheries Management and Ecology* 30, 269–83.
59. Chucholl, C. und Brinker, A. (2017). Der Schutz der Flusskrebse - ein Leitfaden. Ministerium für Ländlichen Raum und Verbraucherschutz Baden-Württemberg, Stuttgart.
60. Schubart, C. D. und Huber, M. G. J. (2006). Genetic Comparisons of German Populations of the Stone Crayfish, *Austropotamobius Torrentium* (Crustacea, Astacidae). *Bulletin Français de la Pêche et de la Pisciculture* 1019–28.

3. Einfluss der Wirtsfischdiversität auf die Bachmuschel

1. Inoue, K., Stoeckl, K. und Geist, J. (2017). Joint species models reveal the effects of environment on community assemblage of freshwater mussels and fishes in European rivers. *Diversity and Distributions* 23, 284–96.
2. Stoeckl, K., Taeubert, J. und Geist, J. (2015). Fish species composition and host fish density in streams of the thick-shelled river mussel (*Unio crassus*) – implications for conservation. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems* 25, 276–87.
3. Pfeiffer, M. und Nagel, K. O. (2010). Strategien und Methoden für die Erfassung von Bachmuscheln (*Unio crassus*), Schauen, tasten, graben. *Naturschutz und Landschaftsplanung* 6, 171–9.
4. BfN. (2018). Bewertungsschemata für die Bewertung des Erhaltungsgrades von Arten und Lebensraumtypen als Grundlage für ein bundesweites FFH-Monitoring. Teil I: Arten nach Anhang II und IV der FFH-Richtlinie (mit Ausnahme der marinen Säugetiere). Stand Oktober 2017. Bundesamt für Naturschutz, Bonn.
5. Hochwald, S. (2001). Plasticity of Life-History Traits in *Unio crassus*. In *Ecology and Evolution of the Freshwater Mussels Unionoida* Ecological Studies Vol 145 (Ed.: G. Bauer und K. Wächtler), 127–41. Springer Berlin Heidelberg, Berlin, Heidelberg.
6. Geist, J., Porkka, M. und Kuehn, R. (2006). The status of host fish populations and fish species richness in European freshwater pearl mussel (*Margaritifera margaritifera*) streams. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems* 16, 251–66.
7. Taeubert, J., Gum, B. und Geist, J. (2012). Host-specificity of the endangered thick-shelled river mussel (*Unio crassus*, Philipsson 1788) and implications for conservation. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems* 22, 36–46.
8. Aldridge, D. C., Brian, J. I., Ćmiel, A., Lipińska, A., Lopes-Lima, M., Sousa, R., Teixeira, A., Zając, K. und Zając, T. (2023). Fishing for hosts: Larval spurring by the endangered thick-shelled river mussel, *Unio crassus*. *Ecology* 104, e4026.

4. Entwicklung der Fischbiodiversität in Baden-Württemberg

1. Goldstein, R. M. und Meador, M. R. (2004). Comparisons of Fish Species Traits from Small Streams to Large Rivers. *Transactions of the American Fisheries Society* 133, 971–83.
2. Bierschenk, A. M., Mueller, M., Pander, J. und Geist, J. (2019). Impact of catchment land use on fish community composition in the headwater areas of Elbe, Danube and Main. *Science of The Total Environment* 652, 66–74.
3. Richardson, J. (2019). Biological Diversity in Headwater Streams. *Water* 11, 366.
4. Best, J. und Darby, S. E. (2020). The Pace of Human-Induced Change in Large Rivers: Stresses, Resilience, and Vulnerability to Extreme Events. *One Earth* 2, 510–4.
5. Blum, M. D. (2022). Large River Systems and Climate Change. In *Large Rivers: Geomorphology and Management*, Second Edition. 916–57. Wiley-Blackwell.
6. Schäfer, R. B., Von Der Ohe, P. C., Kühne, R., Schüürmann, G. und Liess, M. (2011). Occurrence and Toxicity of 331 Organic Pollutants in Large Rivers of North Germany over a Decade (1994 to 2004). *Environmental Science & Technology* 45, 6167–74.
7. Clavel, J., Julliard, R. und Devictor, V. (2011). Worldwide decline of specialist species: toward a global functional homogenization? *Frontiers in Ecology and the Environment* 9, 222–8.
8. Marvier, M., Kareiva, P. und Neubert, M. G. (2004). Habitat Destruction, Fragmentation, and Disturbance Promote Invasion by Habitat Generalists in a Multispecies Metapopulation. *Risk Analysis* 24, 869–78.

9. Olden, J. D., Kennard, M. J., Leprieur, F., Tedesco, P. A., Winemiller, K. O. und García-Berthou, E. (2010). Conservation biogeography of freshwater fishes: recent progress and future challenges. *Diversity and Distributions* 16, 496–513.
10. Mouchet, M. A., Villéger, S., Mason, N. W. H. und Mouillot, D. (2010). Functional diversity measures: an overview of their redundancy and their ability to discriminate community assembly rules. *Functional Ecology* 24, 867–76.
11. Laliberté, E. und Legendre, P. (2010). A distance-based framework for measuring functional diversity from multiple traits. *Ecology* 91, 299–305.
12. Schleuter, D., Daufresne, M., Massol, F. und Argillier, C. (2010). A user's guide to functional diversity indices. *Ecological Monographs* 80, 469–84.
13. Májeková, M., Paal, T., Plowman, N. S., Bryndová, M., Kasari, L., Norberg, A., Weiss, M., Bishop, T. R., Luke, S. H., Sam, K., Le Bagousse-Pinguet, Y., Lepš, J., Götzenberger, L. und De Bello, F. (2016). Evaluating Functional Diversity: Missing Trait Data and the Importance of Species Abundance Structure and Data Transformation. *PLOS ONE* 11, e0149270.
14. BMUV/UBA. (2022). Water Framework Directive – The status of German waters 2021. Progress and Challenges. Federal Environment Agency, Dessau-Roßlau, Germany.
15. Dußling, U. (2009). Handbuch zur fBS. Schriftenreihe des Verbandes Deutscher Fischereiverwaltungsbeamter und Fischereiwissenschaftler e.V., Heft 15, Offenbach, Germany.
16. Blank, S. (1993). FBild 2.0 - Ein Programm zur Dokumentation der erfaßten Fischartenbestände von Baden-Württemberg. Fischereiforschungsstelle Baden-Württemberg, Langenargen, Deutschland.
17. WHG. (2010). Gesetz zur Ordnung des Wasserhaushalts (Wasserhaushaltsgesetz – WHG) vom 31. Juli 2009, zuletzt geändert durch Artikel 12 des Gesetzes vom 11. August 2010. BGBl. Teil I, Nr. 51, S. 2585ff. und S. 1163.
18. Europäischer Rat. (1992). Richtlinie 92/43/EWG des Rates vom 21. Mai 1992 zur Erhaltung der natürlichen Lebensräume sowie der wildlebenden Tiere und Pflanzen. Amtsblatt der Europäischen Gemeinschaften L 206, 0007–0050.
19. Morris, E. K., Caruso, T., Buscot, F., Fischer, M., Hancock, C., Maier, T. S., Meiners, T., Müller, C., Obermaier, E., Prati, D., Socher, S. A., Sonnemann, I., Wäschke, N., Wubet, T., Wurst, S. und Rillig, M. C. (2014). Choosing and using diversity indices: insights for ecological applications from the German Biodiversity Exploratories. *Ecology and Evolution* 4, 3514–24.
20. Strahler, A. N. (1952). Hypsometric (area-altitude) analysis of erosional topology. *Geological Society of America Bulletin* 63, 1117.
21. Strahler, A. N. (1957). Quantitative analysis of watershed geomorphology. *Eos, Transactions American Geophysical Union* 38, 913–20.
22. LAWA. (2000). Gewässerstrukturgütekartierung in der Bundesrepublik Deutschland – Verfahren für kleine und mittelgroße Fließgewässer. Länderarbeitsgemeinschaft Wasser, Schwerin.
23. Gaye-Siessegger, J., Schumann, M., Baer, J., Roch, S., Ittner, L. und Brinker, A. (2023). Massive Fish Kill After the Discharge of Artificial Fertilizer into a Species Rich River in Southwestern Germany: a Conservation Case Study. *Water, Air, & Soil Pollution* 234, 623.
24. Akaike, H. (1973). Information Theory and an Extension of the Maximum Likelihood Principle. In *Proceedings of the 2nd International Symposium on Information Theory* (Ed.: N. Petrov und F. Csaki), 267–81. Akademiai Kiado, Budapest.
25. Cowx, I. G. (1994). Stocking strategies. *Fisheries Management and Ecology* 1, 15–30.
26. Davies, G. D., Gozlan, R. E. und Robert Britton, J. (2013). Can accidental introductions of non-native species be prevented by fish stocking audits? *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems* 23, 366–73.
27. Pastorino, P., Pizzul, E., Menconi, V., Bertoli, M., Mugetti, D., Mignone, W. und Prearo, M. (2019). Fish stocking and health risk: a neglected threat for aquatic biodiversity? *Frontiers in Marine Science Conference Abstract: XVI European Congress of Ichthyology*.
28. Klütsch, C. F. C., Maduna, S. N., Polikarpova, N., Forfang, K., Aspholm, P. E., Nyman, T., Eiken, H. G., Amundsen, P. und Hagen, S. B. (2019). Genetic changes caused by restocking and hydroelectric dams in demographically bottlenecked brown trout in a transnational subarctic riverine system. *Ecology and Evolution* 9, 6068–81.
29. Baer, J. und Brinker, A. (2010). The response of a brown trout stocks and perception of anglers to cessation of brown trout stocking. *Fisheries Management and Ecology* 17, 157–64.

30. Arthington, A. H., Dulvy, N. K., Gladstone, W. und Winfield, I. J. (2016). Fish conservation in freshwater and marine realms: status, threats and management. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems* 26, 838–57.
31. Magliozzi, C., Tsiamis, K., Vigiak, O., Deriu, I., Gervasini, E. und Cardoso, A. C. (2020). Assessing invasive alien species in European catchments: Distribution and impacts. *Science of The Total Environment* 732, 138677.
32. Sala, O. E., Stuart Chapin, F. Iii, Armesto, J. J., Berlow, E., Bloomfield, J., Dirzo, R., Huber-Sanwald, E., Huenneke, L. F., Jackson, R. B., Kinzig, A., Leemans, R., Lodge, D. M., Mooney, H. A., Oesterheld, M., Poff, N. L., Sykes, M. T., Walker, B. H., Walker, M. und Wall, D. H. (2000). Global Biodiversity Scenarios for the Year 2100. *Science* 287, 1770–4.
33. Baer, J., Hartmann, F. und Brinker, A. (2017). Invasion strategy and abiotic activity triggers for non-native gobiids of the River Rhine. *PLOS ONE* 12, e0183769.
34. Gaye-Siessegger, J., Bader, S., Haberbosch, R. und Brinker, A. (2022). Spread of invasive Ponto-Caspian gobies and their effect on native fish species in the Neckar River (South Germany). *Aquatic Invasions* 17, 207–23.
35. Eckmann, R. und Engesser, B. (2019). Reconstructing the build-up of a pelagic stickleback (*Gasterosteus aculeatus*) population using hydro-acoustics. *Fisheries Research* 210, 189–92.
36. Roch, S., von Ammon, L., Geist, J. und Brinker, A. (2018). Foraging habits of invasive three-spined sticklebacks (*Gasterosteus aculeatus*) – impacts on fisheries yield in Upper Lake Constance. *Fisheries Research* 204, 172–80.
37. Rösch, R., Baer, J. und Brinker, A. (2017). Impact of the invasive three-spined stickleback (*Gasterosteus aculeatus*) on relative abundance and growth of native pelagic whitefish (*Coregonus wartmanni*) in Upper Lake Constance. *Hydrobiologia* in Press.
38. Chucholl, C. (2016). The bad and the super-bad: prioritising the threat of six invasive alien to three imperilled native crayfishes. *Biological Invasions* 18, 1967–88.
39. Gallardo, B., Clavero, M., Sánchez, M. I. und Vilà, M. (2016). Global ecological impacts of invasive species in aquatic ecosystems. *Global Change Biology* 22, 151–63.
40. Lovell, S. J., Stone, S. F. und Fernandez, L. (2006). The Economic Impacts of Aquatic Invasive Species: A Review of the Literature. *Agricultural and Resource Economics Review* 35, 195–208.
41. Baer, J., George, V., Hanfland, S., Lemcke, R., Meyer, L. und Zahn, S. (2007). Gute fachliche Praxis fischereilicher Besatzmaßnahmen. Vol. 14, Verband Deutscher Fischereiverwaltungsbeamter und Fischerwissenschaftler e.V., Offenbach, Germany.
42. Geist, J. und Hawkins, S. J. (2016). Habitat recovery and restoration in aquatic ecosystems: current progress and future challenges: *Aquatic restoration*. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems* 26, 942–62.
43. Pereira, H. M., Leadley, P. W., Proença, V., Alkemade, R., Scharlemann, J. P. W., Fernandez-Manjarrés, J. F., Araújo, M. B., Balvanera, P., Biggs, R., Cheung, W. W. L., Chini, L., Cooper, H. D., Gilman, E. L., Guénette, S., Hurtt, G. C., Huntington, H. P., Mace, G. M., Oberdorff, T., Revenga, C., Rodrigues, P., Scholes, R. J., Sumaila, U. R. und Walpole, M. (2010). Scenarios for Global Biodiversity in the 21st Century. *Science* 330, 1496–501.
44. Vörösmarty, C. J., McIntyre, P. B., Gessner, M. O., Dudgeon, D., Prusevich, A., Green, P., Glidden, S., Bunn, S. E., Sullivan, C. A., Liermann, C. R. und Davies, P. M. (2010). Global threats to human water security and river biodiversity. *Nature* 467, 555–61.
45. Cosquer, A., Raymond, R. und Prevot-Julliard, A.-C. (2012). Observations of Everyday Biodiversity: a New Perspective for Conservation? *Ecology and Society* 17, 2.
46. Rands, M. R. W., Adams, W. M., Bennun, L., Butchart, S. H. M., Clements, A., Coomes, D., Entwistle, A., Hodge, I., Kapos, V., Scharlemann, J. P. W., Sutherland, W. J. und Vira, B. (2010). Biodiversity Conservation: Challenges Beyond 2010. *Science* 329, 1298–303.
47. Mueller, M., Pander, J. und Geist, J. (2018). Comprehensive analysis of >30 years of data on stream fish population trends and conservation status in Bavaria, Germany. *Biological Conservation* 226, 311–20.
48. Smith, B. und Chadwick, M. (2017). Restoration of Rivers and Streams. In *Routledge Handbook of Ecological and Environmental Restoration* (Ed.: S. K. Allison und S. D. Murphy). Routledge, London, New York.
49. Karthe, D., Chiffard, P., Cyffka, B., Menzel, L., Nacken, H., Raeder, U., Sommerhäuser, M. und Weiler, M. (2017). Water research in Germany: from the reconstruction of the Roman Rhine to a risk assessment for aquatic neophytes. *Environmental Earth Sciences* 76, 549, s12665-017-6863–7.

50. Liermann, C. R., Nilsson, C., Robertson, J. und Ng, R. Y. (2012). Implications of Dam Obstruction for Global Freshwater Fish Diversity. *BioScience* 62, 539–48.
51. Knott, J., Mueller, M., Pander, J. und Geist, J. (2023). Bigger than expected: Species- and size-specific passage of fish through hydropower screens. *Ecological Engineering* 188, 106883.
52. Pracheil, B. M., DeRolph, C. R., Schramm, M. P. und Bevelhimer, M. S. (2016). A fish-eye view of riverine hydropower systems: the current understanding of the biological response to turbine passage. *Reviews in Fish Biology and Fisheries* 26, 153–67.
53. Aarts, B. G. W., Van Den Brink, F. W. B. und Nienhuis, P. H. (2004). Habitat loss as the main cause of the slow recovery of fish faunas of regulated large rivers in Europe: the transversal floodplain gradient. *River Research and Applications* 20, 3–23.
54. Franklin, P., Dunbar, M. und Whitehead, P. (2008). Flow controls on lowland river macrophytes: A review. *Science of The Total Environment* 400, 369–78.
55. Schmutz, S., Kremser, H., Melcher, A., Jungwirth, M., Muhar, S., Waidbacher, H. und Zauner, G. (2014). Ecological effects of rehabilitation measures at the Austrian Danube: a meta-analysis of fish assemblages. *Hydrobiologia* 729, 49–60.
56. Cowx, I. G. (2003). Interactions between fish and birds: implications for management. Fishing News Books, Oxford.
57. Stoffers, T., Collas, F. P. L., Buijse, A. D., Geerling, G. W., Jans, L. H., Van Kessel, N., Verreth, J. A. J. und Nagelkerke, L. A. J. (2021). 30 years of large river restoration: How long do restored floodplain channels remain suitable for targeted rheophilic fishes in the lower river Rhine? *Science of The Total Environment* 755, 142931.
58. Keyl, F. und Wolff, M. (2008). Environmental variability and fisheries: what can models do? *Reviews in Fish Biology and Fisheries* 18, 273–99.
59. Maire, A., Buisson, L., Canal, J., Rigault, B., Boucault, J. und Laffaille, P. (2015). Hindcasting modelling for restoration and conservation planning: application to stream fish assemblages. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems* 25, 839–54.
60. Mota-Ferreira, M. R. (2021). Modelling biodiversity patterns and processes to support conservation in stream networks. Ph.D. Thesis, Faculdade de Ciências da Universidade do Porto, Portugal.
61. Wang, H.-H. und Grant, W. E. (2019). Systems, models, and modeling. In *Ecological Modeling: An Introduction to the Art and Science of Modeling Ecological Systems* Vol. 31 (Ed.: H.-H. Wang und W. E. Grant), 3–20.
62. Domisch, S., Jähnig, S. C., Simaika, J. P., Kuemmerlen, M. und Stoll, S. (2015). Application of species distribution models in stream ecosystems: The challenges of spatial and temporal scale, environmental predictors and species occurrence data. *Fundamental and Applied Limnology* 186, 45–61.
63. Santoul, F., Soulard, A., Figuerola, J., Céréghino, R. und Mastrorillo, S. (2004). Environmental Factors Influencing Local Fish Species Richness and Differences between Hydroregions in South-Western France. *International Review of Hydrobiology* 89, 79–87.
64. Brinker, A., Chucholl, C., Behrmann-Godel, J., Matzinger, M., Basen, T. und Baer, J. (2018). River damming drives population fragmentation and habitat loss of the threatened Danube streber (Zingel streber): Implications for conservation. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems* 28, 587–99.
65. Crook, D. A., Lowe, W. H., Allendorf, F. W., Erős, T., Finn, D. S., Gillanders, B. M., Hadwen, W. L., Harrod, C., Hermoso, V., Jennings, S., Kilada, R. W., Nagelkerken, I., Hansen, M. M., Page, T. J., Riginos, C., Fry, B. und Hughes, J. M. (2015). Human effects on ecological connectivity in aquatic ecosystems: Integrating scientific approaches to support management and mitigation. *Science of The Total Environment* 534, 52–64.
66. Rolls, R. J., Stewart-Koster, B., Ellison, T., Faggetter, S. und Roberts, D. T. (2014). Multiple factors determine the effect of anthropogenic barriers to connectivity on riverine fish. *Biodiversity and Conservation* 23, 2201–20.
67. Alexandre, C. M. und Almeida, P. R. (2010). The impact of small physical obstacles on the structure of freshwater fish assemblages. *River Research and Applications* 26, 977–94.
68. Belletti, B., Garcia de Leaniz, C., Jones, J., Bizzi, S., Börger, L., Segura, G., Castelletti, A., van de Bund, W., Aarestrup, K., Barry, J., Belka, K., Berkhuisen, A., Birnie-Gauvin, K., Bussettini, M., Carolli, M., Consuegra, S., Dopico, E., Feierfeil, T., Fernández, S., Fernandez Garrido, P., Garcia-Vazquez, E., Garrido, S., Giannico, G., Gough, P., Jepsen, N., Jones, P. E., Kemp, P., Kerr, J., King, J., Łapińska, M., Lázaro, G., Lucas,

- M. C., Marcello, L., Martin, P., McGinnity, P., O’Hanley, J., Olivo del Amo, R., Parasiewicz, P., Pusch, M., Rincon, G., Rodriguez, C., Royte, J., Schneider, C. T., Tummers, J. S., Vallesi, S., Vowles, A., Verspoor, E., Wanningen, H., Wantzen, K. M., Wildman, L. und Zalewski, M. (2020). More than one million barriers fragment Europe’s rivers. *Nature* 588, 436–41.
69. Garcia De Leaniz, C. und O’Hanley, J. R. (2022). Operational methods for prioritizing the removal of river barriers: Synthesis and guidance. *Science of The Total Environment* 848, 157471.
 70. O’Hanley, J. R. (2011). Open rivers: Barrier removal planning and the restoration of free-flowing rivers. *Journal of Environmental Management* 92, 3112–20.
 71. Basen, T., Ros, A., Chucholl, C., Oexle, S. und Brinker, A. (2022). Who will be where: Climate driven redistribution of fish habitat in southern Germany. *PLOS Climate* 1, e0000006.
 72. Heino, J., Virkkala, R. und Toivonen, H. (2009). Climate change and freshwater biodiversity: detected patterns, future trends and adaptations in northern regions. *Biological Reviews* 84, 39–54.
 73. Consuegra, S., O’Rourke, R., Rodriguez-Barreto, D., Fernandez, S., Jones, J. und Garcia de Leaniz, C. (2021). Impacts of large and small barriers on fish assemblage composition assessed using environmental DNA metabarcoding. *Science of The Total Environment* 790, 148054.
 74. Hokanson, K. E. F. (1977). Temperature Requirements of Some Percids and Adaptations to the Seasonal Temperature Cycle. *Journal of the Fisheries Research Board of Canada* 34, 1524–50.
 75. Varpe, Ø. (2017). Life History Adaptations to Seasonality. *Integrative and Comparative Biology* 57, 943–60.
 76. Mann, R. H. K. (1996). Environmental requirements of European non-salmonid fish in rivers. *Hydrobiologia* 323, 223–35.
 77. Shuter, B. J., Finstad, A. G., Helland, I. P., Zweimüller, I. und Hölker, F. (2012). The role of winter phenology in shaping the ecology of freshwater fish and their sensitivities to climate change. *Aquatic Sciences* 74, 637–57.
 78. Comte, L., Olden, J. D., Tedesco, P. A., Ruhi, A. und Giam, X. (2021). Climate and land-use changes interact to drive long-term reorganization of riverine fish communities globally. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 118, e2011639118.
 79. Wehrly, K. E., Wiley, M. J. und Seelbach, P. W. (2003). Classifying Regional Variation in Thermal Regime Based on Stream Fish Community Patterns. *Transactions of the American Fisheries Society* 132, 18–38.
 80. Buisson, L. und Grenouillet, G. (2009). Contrasted impacts of climate change on stream fish assemblages along an environmental gradient. *Diversity and Distributions* 15, 613–26.
 81. Buisson, L., Thuiller, W., Lek, S., Lim, P. und Grenouillet, G. (2008). Climate change hastens the turnover of stream fish assemblages. *Global Change Biology* 14, 2232–48.
 82. Palmer, M. A., Lettenmaier, D. P., Poff, N. L., Postel, S. L., Richter, B. und Warner, R. (2009). Climate Change and River Ecosystems: Protection and Adaptation Options. *Environmental Management* 44, 1053–68.
 83. Broadmeadow, S. B., Jones, J. G., Langford, T. E. L., Shaw, P. J. und Nisbet, T. R. (2011). The influence of riparian shade on lowland stream water temperatures in southern England and their viability for brown trout. *River Research and Applications* 27, 226–37.
 84. McCluney, K. E., Poff, N. L., Palmer, M. A., Thorp, J. H., Poole, G. C., Williams, B. S., Williams, M. R. und Baron, J. S. (2014). Riverine macrosystems ecology: sensitivity, resistance, and resilience of whole river basins with human alterations. *Frontiers in Ecology and the Environment* 12, 48–58.
 85. Timpane-Padgham, B. L., Beechie, T. und Klinger, T. (2017). A systematic review of ecological attributes that confer resilience to climate change in environmental restoration. *PLOS ONE* 12, e0173812.
 86. Allan, J. D. (2004). Landscapes and Riverscapes: The Influence of Land Use on Stream Ecosystems. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics* 35, 257–84.
 87. Weijters, M. J., Janse, J. H., Alkemade, R. und Verhoeven, J. T. A. (2009). Quantifying the effect of catchment land use and water nutrient concentrations on freshwater river and stream biodiversity. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems* 19, 104–12.
 88. Radinger, J., Hölker, F., Horký, P., Slavík, O., Dendoncker, N. und Wolter, C. (2016). Synergistic and antagonistic interactions of future land use and climate change on river fish assemblages. *Global Change Biology* 22, 1505–22.

89. Utz, R. M., Hilderbrand, R. H. und Raesly, R. L. (2010). Regional differences in patterns of fish species loss with changing land use. *Biological Conservation* 143, 688–99.
 90. Pusey, B. J. und Arthington, A. H. (2003). Importance of the riparian zone to the conservation and management of freshwater fish: a review. *Marine and Freshwater Research* 54, 1.
 91. Vidon, P. G., Welsh, M. K. und Hassanzadeh, Y. T. (2019). Twenty Years of Riparian Zone Research (1997–2017): Where to Next? *Journal of Environmental Quality* 48, 248–60.
 92. Fitzgerald, D. B., Tobler, M. und Winemiller, K. O. (2016). From richer to poorer: successful invasion by freshwater fishes depends on species richness of donor and recipient basins. *Global Change Biology* 22, 2440–50.
 93. Hermoso, V., Clavero, M., Blanco-Garrido, F. und Prenda, J. (2011). Invasive species and habitat degradation in Iberian streams: An analysis of their role in freshwater fish diversity loss. *Ecological Applications* 21, 175–88.
 94. Smokorowski, K. E. und Pratt, T. C. (2007). Effect of a change in physical structure and cover on fish and fish habitat in freshwater ecosystems – a review and meta-analysis. *Environmental Reviews* 15, 15–41.
 95. Havel, J. E., Kovalenko, K. E., Thomaz, S. M., Amalfitano, S. und Kats, L. B. (2015). Aquatic invasive species: challenges for the future. *Hydrobiologia* 750, 147–70.
 96. Leuven, R. S. E. W., Van Der Velde, G., Baijens, I., Snijders, J., Van Der Zwart, C., Lenders, H. J. R. und Bij De Vaate, A. (2009). The river Rhine: a global highway for dispersal of aquatic invasive species. *Biological Invasions* 11, 1989.
 97. Thomaz, S. M., Kovalenko, K. E., Havel, J. E. und Kats, L. B. (2015). Aquatic invasive species: general trends in the literature and introduction to the special issue. *Hydrobiologia* 746, 1–12.
 98. Lorenzoni, M., Mearelli, M. und Ghetti, L. (2006). Native and exotic fish species in the Tiber River watershed (Umbria - Italy) and their relationship to the longitudinal gradient. *Bulletin Français de la Pêche et de la Pisciculture* 19–44.
 99. Córdova-Tapia, F., Contreras, M. und Zambrano, L. (2015). Trophic niche overlap between native and non-native fishes. *Hydrobiologia* 746, 291–301.
 100. Yalçın Özdilek, Ş., Partal, N. und Jones, R. I. (2019). An invasive species, *Carassius gibelio*, alters the native fish community through trophic niche competition. *Aquatic Sciences* 81, 29.
 101. Britton, J. R., Gozlan, R. E. und Copp, G. H. (2011). Managing non-native fish in the environment. *Fish and Fisheries* 12, 256–74.
 102. Jones, P. E., Tummers, J. S., Galib, S. M., Woodford, D. J., Hume, J. B., Silva, L. G. M., Braga, R. R., Garcia De Leaniz, C., Vitule, J. R. S., Herder, J. E. und Lucas, M. C. (2021). The Use of Barriers to Limit the Spread of Aquatic Invasive Animal Species: A Global Review. *Frontiers in Ecology and Evolution* 9, 611631.
 103. Labay, B., Cohen, A. E., Sissel, B., Hendrickson, D. A., Martin, F. D. und Sarkar, S. (2011). Assessing Historical Fish Community Composition Using Surveys, Historical Collection Data, and Species Distribution Models. *PLoS ONE* 6, e25145.
 104. Pont, D., Logez, M., Carrel, G., Rogers, C. und Haidvogel, G. (2015). Historical change in fish species distribution: shifting reference conditions and global warming effects. *Aquatic Sciences* 77, 441–53.
- 5. Gesamtbetrachtung und Ausblick**
1. Landtag Baden-Württemberg. (2010). Schutz der heimischen Fischbestände vor Kormoranen. Drucksache 14/6089. Stuttgart.
 2. LUBW. (2023). Landesweite Brutbestandserfassung 2022 im Auftrag der LUBW Landesanstalt für Umwelt Baden-Württemberg. LUBW Landesanstalt für Umwelt Baden-Württemberg, Karlsruhe.
 3. UBA. (2014). Strategien zur Optimierung von Fließgewässer-Renaturierungsmaßnahmen und ihrer Erfolgskontrolle. Umweltbundesamt, Dessau-Roßlau.
 4. UBA. (2020). Unsere Bäche und Flüsse. renaturieren – entwickeln – naturnah unterhalten. Umweltbundesamt, Dessau-Roßlau.
 5. Stoll, S., Kail, J., Lorenz, A. W., Sundermann, A. und Haase, P. (2014). The Importance of the Regional Species Pool, Ecological Species Traits and Local Habitat Conditions for the Colonization of Restored River Reaches by Fish. *PLoS ONE* 9, e84741.
 6. Gaye-Siessegger, J., Schumann, M., Baer, J., Roch, S., Ittner, L. und Brinker, A. (2023). Massive Fish Kill After the Discharge of Artificial Fertilizer into a Species Rich River in Southwestern Germany: a Conservation Case Study. *Water, Air, & Soil Pollution* 234, 623.
 7. BMUV/UBA. (2022). Water Framework Directive – The status of German waters 2021. Progress and Challenges. Federal Environment Agency, Dessau-Roßlau, Germany.

8. Bouleau, G. und Pont, D. (2015). Did you say reference conditions? Ecological and socio-economic perspectives on the European Water Framework Directive. *Environmental Science & Policy* 47, 32–41.
9. Baer, J., George, V., Hanfland, S., Lemcke, R., Meyer, L. und Zahn, S. (2007). Gute fachliche Praxis fischereilicher Besitzmaßnahmen. Vol. 14. Verband Deutscher Fischereiverwaltungsbeamter und Fischerwissenschaftler e.V., Offenbach, Germany.
10. Baer, J., Blank, S., Chucholl, C., Dußling, U. und Brinker, A. (2014). Die Rote Liste für Baden-Württembergs Fische, Neunaugen und Flusskrebse. Ministerium für Ländlichen Raum und Verbraucherschutz Baden-Württemberg, Stuttgart.
11. LUBW (2016). Handreichung Fischschutz und Fischabstieg an Wasserkraftanlagen. Landesanstalt für Umwelt, Messungen, und Naturschutz Baden-Württemberg, Karlsruhe.
12. LUBW (2019). Mindestwasserführung - Handlungsanleitung zur Festlegung und Überwachung des Mindestabflusses. Landesanstalt für Umwelt, Messungen, und Naturschutz Baden-Württemberg, Karlsruhe.
13. Coleman, R. A., Gauffre, B., Pavlova, A., Beheregaray, L. B., Kearns, J., Lyon, J., Sasaki, M., Leblois, R., Sgro, C. und Sunnucks, P. (2018). Artificial barriers prevent genetic recovery of small isolated populations of a low-mobility freshwater fish. *Heredity* 120, 515–32.
14. Brinker, A., Chucholl, C., Behrmann-Godel, J., Matzinger, M., Basen, T. und Baer, J. (2018). River damming drives population fragmentation and habitat loss of the threatened Danube streber (Zingel streber): Implications for conservation. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems* 28, 587–99.
15. Pracheil, B. M., DeRolph, C. R., Schramm, M. P. und Bevelhimer, M. S. (2016). A fish-eye view of riverine hydropower systems: the current understanding of the biological response to turbine passage. *Reviews in Fish Biology and Fisheries* 26, 153–67.
16. Mueller, M., Knott, J., Pander, J. und Geist, J. (2022). Experimental comparison of fish mortality and injuries at innovative and conventional small hydropower plants. *Journal of Applied Ecology* 59, 2360–72.
17. Knott, J., Mueller, M., Pander, J. und Geist, J. (2024). Habitat quality and biological community responses to innovative hydropower plant installations at transverse in-stream structures. *Journal of Applied Ecology* 61, 606–20.
18. Nolte, A. W., Freyhof, J., Stemshorn, K. C. und Tautz, D. (2005). An invasive lineage of sculpins, *Cottus* sp. (Pisces, Teleostei) in the Rhine with new habitat adaptations has originated from hybridization between old phylogeographic groups. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 272, 2379–87.
19. Dußling, U., Baer, J., Gaye-Siessegger, J., Blank, S. und Brinker, A. (2018). Das große Buch der Fische Baden-Württembergs. Ministerium für Ländlichen Raum und Verbraucherschutz Baden-Württemberg, Stuttgart.
20. BAFU / info fauna. (2022). Rote Liste der Fische und Rundmäuler. Gefährdete Arten der Schweiz. Bundesamt für Umwelt (BAFU), info fauna (CSCF), Ittigen, Schweiz.
21. Pottinger, T. G. (2008). The Stress Response in Fish-Mechanisms, Effects and Measurement. In *Fish Welfare* (Ed.: E. J. Branson), 32–48. Wiley-Blackwell.
22. Melcher, A., Pletterbauer, F., Kremser, H. und Schmutz, S. (2013). Temperaturansprüche und Auswirkungen des Klimawandels auf die Fischfauna in Flüssen und unterhalb von Seen. *Österreichische Wasser- und Abfallwirtschaft* 65, 408–17.
23. National Geographic. (2021). Welse: Taubenfressende Invasoren schaden Europas Flüssen. <https://www.nationalgeographic.de/tiere/2021/01/welse-taubenfressende-invasoren-schaden-europas-fluesen>
24. Moosmann, L., Schmid, M. und Wüest, A. (2005). Einfluss der Beschattung auf das Temperaturregime der Orbe. Eawag, Eidgenössische Anstalt für Wasserversorgung, Abwasserreinigung und Gewässerschutz, Dübendorf, Schweiz.
25. Freisenberger, L. und Windisch, U. (2020). Beschattende Wirkung von Ufergehölzen auf das Temperaturregime in Fließgewässern am Beispiel der Diète. *Wasserwirtschaft* 6/2020.
26. WBW. (2015). Gewässerrandstreifen in Baden-Württemberg. WBW Fortbildungsgesellschaft für Gewässerentwicklung mbH, LUBW, Karlsruhe.
27. BMU. (2009). Auenzustandsbericht - Flussauen in Deutschland. Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz und Reaktorsicherheit, Berlin.
28. Allendorf, F. W., Luikart, G. und Aitken, S. N. (2013). Conservation and the genetics of populations. Wiley-Blackwell, Chichester.
29. De Queiroz, K. (2007). Species Concepts and Species Delimitation. *Systematic Biology* 56, 879–86.

30. Frankham, R., Ballou, J. D., Dudash, M. R., Eldridge, M. D. B., Fenster, C. B., Lacy, R. C., Mendelson, J. R., Porton, I. J., Ralls, K. und Ryder, O. A. (2012). Implications of different species concepts for conserving biodiversity. *Biological Conservation* 153, 25–31.
31. Wolfram, G. und Mikschi, E. (2007). Rote Liste der Fische (Pisces) in Österreich. Rote Liste gefährdeter Tiere Österreichs, Teil 2. Grüne Reihe des BM für Land- und Forstwirtschaft.
32. Freyhof, J., Bowler, D., Broghammer, T., Friedrichs-Manthey, M., Heinze, S. und Wolter, C. (2023). Rote Liste und Gesamtartenliste der sich im Süßwasser reproduzierenden Fische und Neunaugen (Pisces et Cyclostomata) Deutschlands. *Naturschutz und Biologische Vielfalt* 170, 1–63.
33. Bloch, M. E. (1782). D. Marcus Elieser Bloch's, ausübenden Arztes zu Berlin ... *Oeconomische Naturgeschichte der Fische Deutschlands*. Auf Kosten des Verfassers und in Commission bei dem Buchhändler Hr. Hesse, Berlin.
34. von Siebold, C. T. E. (1863). *Die Süßwasserfische von Mitteleuropa*. Engelmann, Leipzig.
35. Haberbosch, R. (2017). *Die Fischart Karausche – ein Spezialist für Flussauen*. Landesfischereiverband Baden-Württemberg e.V., Stuttgart.
36. LFischVO. (1998). Verordnung des Ministeriums Ländlicher Raum zur Durchführung des Fische-reigesetzes für Baden-Württemberg (Landesfische-reiverordnung - LFischVO) vom 3. April 1998.
37. Nehring, S., Essl, F. und Rabitsch, W. (2015). Methodik der naturschutzfachlichen Invasivitäts-bewertung für gebietsfremde Arten: Version 1.3 ; unter Verwendung von Ergebnissen aus den F+E-Vorhaben FKZ 806 82 330, FKZ 3510 86 0500 und FKZ 3511 86 0300 und FKZ 3514 86 0200. Bundesamt für Naturschutz, Bonn.
38. Europäisches Parlament. (2014). Verordnung (EU) Nr. 1143/2014 des Europäischen Parla-ments und des Rates vom 22. Oktober 2014 über die Prävention und das Management der Einbrin-gung und Ausbreitung invasiver gebietsfremder Arten.
39. Nehring, S., Rabitsch, W., Kowarik, I. und Essl, F. (2015). Naturschutzfachliche Invasivitäts-bewertungen für in Deutschland wild lebende gebietsfremde Wirbeltiere: unter Verwendung von Ergebnissen aus den F+E-Vorhaben FKZ 806 82 330, FKZ 3510 86 0500 und FKZ 3511 86 0300. Bundesamt für Naturschutz, Bonn- Bad Godesberg.
40. Nehring, S. und Steinhof, J. (2015). First records of the invasive Amur sleeper, *Perccottus glenii* Dybowski, 1877 in German freshwaters: a need for realization of effective management measures to stop the invasion. *BioInvasions Records* 4, 223–32.
41. Britton, J. R., Cucherousset, J., Davies, G. D., Godard, M. J. und Copp, G. H. (2010). Non-native fishes and climate change: predic-ting species responses to warming temperatures in a temperate region. *Freshwater Biology* 55, 1130–41.
42. Dußling, U. und Berg, R. (2001). *Fische in Baden-Württemberg*. Ministerium für Ländlichen Raum und Verbraucherschutz Baden-Württem-berg, Stuttgart.
43. Wiesner, C. (2010). *Gebietsfremde Fische in Deutschland und Österreich und mögliche Aus-wirkungen des Klimawandels: Ergebnisse aus dem F+E-Vorhaben FKZ 806 82 330*. BfN, Bonn- Bad Godesberg.
44. Hänfling, B., Bolton, P., Harley, M. und Carval-ho, G. R. (2005). A molecular approach to detect hybridisation between crucian carp (*Carassius car-assius*) and non-indigenous carp species (*Carassi-us* spp. and *Cyprinus carpio*). *Freshwater Biology* 50, 403–17.
45. Slipke, J. W. und Sammons, S. M. (2012). Pond renovation. In *Small Impoundment Management in North America* (Ed.: J. Wesley Neal and D. W. Willis), 235–50. American Fisheries Society, Bethesda, USA.
46. Rytwinski, T., Taylor, J. J., Donaldson, L. A., Britton, J. R., Browne, D. R., Gresswell, R. E., Lintermans, M., Prior, K. A., Pellatt, M. G., Vis, C. und Cooke, S. J. (2019). The effectiveness of non-native fish removal techniques in freshwater ecosystems: a systematic review. *Environmental Reviews* 27, 71–94.
47. Britton, J. R., Brazier, M., Davies, G. D. und Chare, S. I. (2008). Case studies on eradicating the Asiatic cyprinid *Pseudorasbora parva* from fishing lakes in England to prevent their riverine dispersal. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems* 18, 867–76.
48. Mischke, C. C., Richardson, B. M., Wise, D. J. und Tiwari, A. (2023). Rotenone Has Little Effect on Water Quality, Phytoplankton, Zoo-plankton, or Macroinvertebrates in Aquaculture Nursery Ponds. *North American Journal of Aquaculture* 85, 64–73.

49. Ling, N. (2003). Rotenone- a review of its toxicity and use for fisheries management. Department of Conservation, Wellington, New Zealand.
50. Gilderhus, P. A., Allen, J. L. und Dawson, V. K. (1986). Persistence of Rotenone in Ponds at Different Temperatures. *North American Journal of Fisheries Management* 6, 129–30.
51. Huser, B. J., Bajer, P. G., Kittelson, S., Christenson, S. und Menken, K. (2022). Changes to water quality and sediment phosphorus forms in a shallow, eutrophic lake after removal of common carp (*Cyprinus carpio*). *Inland Waters* 12, 33–46.
52. Cailteux, R. L., L. DeMong, B. J. Finlayson, W. Horton, W. McClay, R. A. Schnick, und C. Thompson (Editoren) (2001). Rotenone in fisheries: are the rewards worth the risks? *American Fisheries Society, Trends in Fisheries Science and Management* 1, Bethesda, Maryland.
53. Simberloff, D. (2002). Today Tiritiri Matangi, tomorrow the world! Are we aiming too low in invasives control? In *Turning the Tide: The Eradication of Invasive Species* (Ed.: C. R. Veitch und M. N. Clout), 4–12.
54. Basen, T., Chucholl, C. und Brinker, A. (2022). Auf schmalem Grad° - Die Zukunft unserer Fische in der Klimakrise. Analysen, Vorhersagen, Handlungsmöglichkeiten. Ministerium für Ernährung, Ländlichen Raum und Verbraucherschutz Baden-Württemberg, Stuttgart.

Bildnachweis

- Bartl, Gerhard/RPF: S. 140 (Abb. 5.14)
- Becker, Andreas: S. 10 (Abb. 1.1, Fichtenberger Rot),
S. 10 (Abb. 1.1, Gießgraben), S. 15 (Abb. 1.5),
S. 95 (Abb. 2.64)
- bruev/iStock: S. 128 (Flusslandschaft)
- Chucholl, Christoph: S. 21 (Abb. 1.9, unten), S. 96
(Steinkrebs), S. 101 (Abb. 2.70)
- Colley, Paul/iStock: Cover, S. 32 (Äsche)
- Diekmann, Markus/LAVES: S. 132 (Abb. 5.5)
- Düregger, Alexander: S. 67 (Abb. 2.40)
- FFS: S. 10 (Abb. 1.1, Seebach), S. 17 (Abb. 1.6),
S. 19 (Abb. 1.7), S. 19 (Abb. 1.8), S. 24
(Abb. 2.2), S. 52 (Abb. 2.25), S. 86 (Abb. 2.52,
links und rechts), S. 111 (Abb. 4.1, links), S. 111
(Abb. 4.1, rechts), S. 129 (Abb. 5.1), S. 130
(Abb. 5.2), S. 132 (Abb. 5.6), S. 135 (Abb. 5.9),
S. 136 (Abb. 5.10), S. 137 (Abb. 5.11), S. 146
(Abb. 5.22)
- Frei, H.: S. 133 (Abb. 5.7, unten)
- Frei, H./Alamy Stock Foto/Arco: S. 70 (Abb. 2.41)
- Granzotto, Stephane /Nature Picture Library: Cover
und S. 22 (Wels und Karpfen)
- Haberbosch, Ralf: S. 55 (Abb. 2.29)
- Hamer, Robert: S. 74 (Rapfen)
- Hartl, Andreas: S. 144 (Abb. 5.20), S. 145 (Abb. 5.21)
- Hartl, Andreas/blickwinkel: Cover und S. 148/149
(Fischschwarm), Cover (Steinkrebs), S. 21 (Abb.
1.9, oben), S. 98 (Abb. 2.65), S. 102 (Bachmu-
schel mit Elritzen), S. 147 (Abb. 5.23)
- Hartl, Andreas/Okapia: S. 84 (Steinbeißer)
- Hartmann, Frank/RPK: S. 10 (Abb. 1.1, Oberrhein),
S. 134 (Abb. 5.8)
- Heinz, Frank/Alamy Stock Foto: S. 140 (Abb. 5.15)
- Herder, Jelger/Buiten-Beeld: Cover und S. 68 (Quap-
pe), Cover und S. 78 (Schlammpeitzger), S. 38
(Bachneunauge), S. 43 (Abb. 2.19)
- HHelene/Alamy Stock Foto: S. 4 (Artenvielfalt)
- Hlasek, Josef Lubomir: S. 80 (Abb. 2.49), S. 138
(Abb. 5.12, unten und oben)
- Hopkins, Cindy Miller /Alamy Stock Foto/Danita
Delimont: S. 10 (Abb. 1.1, Tauber)
- Jännerwein, Guido: S. 131 (Abb. 5.4)
- Kaiser, Thomas: S. 8 (Rheinauen)
- Kleiner, Achim/dreamstime.com: S. 14 (Abb. 1.4)
- Köhler, Oliver: S. 23 (Abb. 2.1, unten und oben)
- Lietzmann, Jörg/Tauchsportclub Friedrichshafen: S. 73
(Abb. 2.46)
- Mathieu, Bruno/Biosphoto: S. 34 (Abb. 2.9)
- Mayer, Markus/Alamy Stock Foto: S. 1 (Zeichnung
Äsche)
- Merkel, Mario: Cover und S. 50 (Karausche), S. 56
(Karpfen)
- Pfleiderer, Johannes: S. 90 (Strömer)
- Ratschan, Clemens: Cover und S. 44 (Groppe), S. 40
(Abb. 2.14), S. 92 (Abb. 2.59), S. 143 (Abb. 5.18,
unten und oben)
- Rohrbach, Christa: Cover, S. 62 (Nase)
- Ruf, Dieter/RPF: S. 130 (Abb. 5.3, links und rechts)
- Schmieder, Benjamin: S. 10 (Abb. 1.1, Untere Argen)
- Schroeder, Michael/Alamy Stock Foto: S. 83
(Abb. 2.54)
- Tannenberg, Stefan: S. 64 (Abb. 2.35)
- Thonhofer, Joachim: S. 111 (Abb. 4.1, Mitte)
- Toon, Ann & Steve/Alamy Stock Foto/robertharding:
S. 133 (Abb. 5.7, oben)
- travelimages/Alamy Stock Foto: S. 144 (Abb. 5.19)
- Troschel, Julius: S. 10 (Abb. 1.1, Kinzig)
- volkerpreusser/Alamy Stock Foto: S. 10 (Abb. 1.1,
Donau)
- Wild Wonders of Europe/Maitland/Nature Picture
Library: S. 110 (Fischschwarm)
- Wurm, Karl: S. 10 (Abb. 1.1, Breg)

Danksagung

Ohne die Unterstützung zahlreicher Personen wäre die Erstellung dieser Broschüre nicht möglich gewesen. Besonders gedankt wird allen aktuellen und ehemaligen Mitarbeitern der Fischereiforschungsstelle des Landes Baden-Württemberg, die durch ihre Expertise zur inhaltlichen Qualität der Broschüre maßgeblich beigetragen haben. Den Fischereireferenten der baden-württembergischen Regierungspräsidien Uwe Dußling, Dominik Geray, Felix Hertenberger und Frank Hartmann, sowie Jasminca Behrmann-Godel vom Ministerium für Ernährung, Ländlichen Raum und Verbraucherschutz Baden-Württemberg (MLR) danken wir für die Unterstützung bei der Umsetzung des Projekts und die wertvollen Beiträge während der Erstellung der Broschüre. Den Herren Klaus Zintz und Reinhard Brinker sei für die gewissenhafte sprachliche Überarbeitung und Lektorarbeit gedankt. Bei Herrn Siegfried Blank bedanken wir uns für die Unterstützung bei der Kuration und Vereinheitlichung der verwendeten Datensätze. Herzlich bedanken möchten wir uns auch bei Thorsten Kirchhoff, der mit seiner Besonnenheit und Kreativität jede Herausforderung bei der Gestaltung dieser Broschüre bewältigte.

Abschließend möchten wir uns bei Thijlbert Strubelt und Peter Dehus bedanken. Beide erkannten in Ihrer Funktion als Fischereireferenten am MLR schon früh die große Relevanz einer natürlichen biologischen Vielfalt als Voraussetzung für gesunde Fischbestände im Land. So hatten sie schon damals die Vision, die genetische Vielfalt der heimischen Fischarten systematisch zu untersuchen. Durch ihr Engagement und ihre Voraussicht legten sie damit den Grundstein für die aktuellen Untersuchungen.

Die Erarbeitung eines Datensatzes der hier vorliegenden Tiefe für ein naturräumlich komplexes und großes Flächenland, wie Baden-Württemberg, kann nicht ohne tatkräftige und auch finanzielle Unterstützung erfolgen. Hier bedanken wir uns herzlich für die Förderung durch „das Sonderprogramm zur Stärkung der biologischen Vielfalt“, sowie allen baden-württembergischen Fischern.