

Teil II - Abschlussbericht

zum Modell- und Demonstrationsvorhaben (MuD)



Genetisches Monitoring zur Wiederansiedlung des Atlantischen Lachses im Rheingebiet (GeMoLaR)

Christian Löb, Anne Schrimpf-Alt, Thomas Schmidt,
Christopher Bridges*, Ralf Schulz

erstellt im Auftrag des Bundesministeriums für Landwirtschaft, Ernährung und Heimat
über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Gefördert durch:



Bundesministerium
für Landwirtschaft, Ernährung
und Heimat

Projektträger



Bundesanstalt für
Landwirtschaft und Ernährung

aufgrund eines Beschlusses
des Deutschen Bundestages

Förderkennzeichen: 2819BM070

Projektlaufzeit: 01.07.2020 – 30.04.2026

Berichtszeitraum: 01.07.2020 – 30.04.2026

Projektleitung:

Prof. Dr. Ralf Schulz
iES Landau, Institut für
Umweltwissenschaften
Rheinland-Pfälzische Technische
Universität Kaiserslautern-Landau

*TunaTech GmbH, Düsseldorf



Zusammenarbeit mit anderen Stellen:

Regierungspräsidium Freiburg Fischereibehörde (BW)
Regierungspräsidium Karlsruhe Fischereibehörde (BW)
Landesfischereiverband Baden-Württemberg (BW)
Regierungspräsidium Darmstadt (HE)
Landesamt für Verbraucherschutz und Ernährung (LAVE, NRW)
Lachszentrum Hasper Talsperre (NRW, RLP)
Rheinischer Fischereiverband von 1880 e.V. (NRW)
Struktur- und Genehmigungsdirektion Süd (SGD Süd, RLP)
Internationale Kommission zum Schutz des Rheins (IKSR)
Bürogemeinschaft für Fisch- und gewässerökologische Studien (BfS, HE, RLP)
Aquabios GmbH, Cordast (CH)
unio – river sciences, Bad Krozingen (BW)

Zitiervorschlag:

Löb, C., Schrimpf-Alt, A., Schmidt, T., Bridges, C., Schulz, R. (2026) Genetisches Monitoring zur Wiederansiedlung des Atlantischen Lachses im Rheingebiet (GeMoLaR). Abschlussbericht an die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung, iES Landau, Institut für Umweltwissenschaften, Rheinland-Pfälzische Technische Kaiserslautern-Landau, Landau, Deutschland, 29 S

Planung: Thomas Schmidt, Anne Schrimpf-Alt, Christopher Bridges, Christian Löb, Ralf Schulz

Bearbeitung: Christian Löb, Anne Schrimpf-Alt, Thomas Schmidt, Christopher Bridges, Ralf Schulz, Pascal Vonlanthen, Britta Wahl-Ermel und Stefan Theobald mit Zuarbeit aller auf dem Deckblatt genannten Stellen

Bericht: Christian Löb, Anne Schrimpf-Alt, Thomas Schmidt, Christopher Bridges, Ralf Schulz

Inhaltsverzeichnis

1. Einleitung	1
2. Material und Methoden	3
2.1 Untersuchungsgebiet	3
2.2 Probennahme	3
2.2.1 Lachse in Zuchtanlagen	4
2.2.2 Naturverlaichung.....	5
2.2.3 Besatzexperimente.....	5
2.3 Laboranalytik	6
2.3.1 DNA-Extraktion	6
2.3.2 Marker.....	6
2.3.3 Genotypisierung	6
2.4 Datenanalyse	6
2.4.1 Genetische Diversität.....	6
2.4.2 Herkunftszuweisung	6
2.4.3 Elternschaftszuweisung	7
2.4.4 Naturverlaichung	7
2.4.5 Besatzexperimente	7
3. Ergebnisse	8
3.1 Datengrundlage	8
3.2 Genetische Diversität der Zuchtlinien	9
3.3 Herkunftszuweisungen rückkehrender Lachse	9
3.3.1 Oberrhein	9
3.3.2 Mittel- und Niederrhein	10
3.3.3 Rheindelta	10
3.4 Elternschaftszuweisungen.....	17
3.4.1 Methodvalidierung	17
3.4.2 Rückkehrer Oberrhein	17
3.4.3 Rückkehrer Mittel- und Niederrhein	17
3.4.4 Rückkehrer Rheindelta	18
3.5 Naturverlaichung	18
3.5.1 Mittel- und Niederrhein	19
3.5.2 Oberrhein	19
3.6 Besatzexperimente Baden-Württemberg.....	20
3.7 Sonderuntersuchungen	22
3.7.1 Hybride	22

3.7.2 Museumsproben.....	22
3.7.3 Skjern-Å-Besatz	22
3.7.4 Erweiterte genetische Monitoringmethoden	23
4. Diskussion	17
4.1 Genetische Diversität der Lebendfischhaltungen	17
4.2 Herkunftszuweisungen rückkehrender Lachse	18
4.3 Elternschaftszuweisungen und Bewertung von Besatzfischanteilen	18
4.4 Aussagekraft genetischer Methoden	19
4.5 Naturverlaichung	20
4.6 Besatzexperimente	20
4.7 Sonderuntersuchungen und erweiterte Monitoringmethoden	21
4.8 Grenzen der Studie	22
4.9 Zusammenfassende Bewertung.....	23
5. Schlussfolgerungen und Empfehlungen.....	17
5.1 Erfüllung der Projektziele	17
5.2 Bewertung des Wiederansiedlungserfolgs	19
5.3 Empfehlungen für das Besatzmanagement	21
5.4 Empfehlungen für Monitoring und Datenmanagement	22
5.5 Empfehlungen für Habitat- und Gewässermanagement.....	22
5.6 Übertragbarkeit auf andere Flusssysteme	23
5.7 Gesamtfazit	23
6. Mehrwert für die Erhaltung und nachhaltige Nutzung der biologischen Vielfalt	25
Danksagung	26
Literaturverzeichnis.....	28

Anhänge

Anhang A – Abbildungen und Tabellen	A1
A-1 Naturverlaichung	A1
A-2 Besatzexperimente	A3
A-3 Referenzpopulationen für das Rheingebiet.....	A5
A-4 Ergebnisse Genetische Diversität	A5
A-5 Gruppenzuweisung der Rückkehrer zu Referenzpopulationen	A6
Rückkehrer Oberrhein	A7
Rückkehrer Nieder- und Mittelrhein	A7
A-6 Methodvalidierung	A8
A-7 Elternschaftsanalysen Rückkehrer	A8

A-8 Anteil Naturvermehrung	A10
Anhang B - Zusatzkapitel	B1
B-1 Hintergrund: Referenzpopulationen für genetische Gruppenzuweisungen	B1
B-2 Erweiterte genetische Monitoringmethoden	B7
eDNA-Analyse aus Wasserproben	B7
Individuenbezogene Probenahme im genetischen Monitoring	B9
Schonende Alternativen zur Gewebeprobenahme	B9
Schuppenproben als ergänzende genetische Datenquelle	B11
Bedeutung für zukünftige Monitoringprogramme	B11
B-3 Anwendung der Methodik des GeMoLaR-Projektes auf das Elbeinzugsgebiet	B11
B-4 Identifizierung von Hybriden von Lachs und Forelle	B15
B-5 Museumsproben	B17
B-6 Projektpräsentationen	B19
Lachstagung Landau	B19
GeMoLaR-Session im Rahmen der 21. GfI-Jahrestagung	B19
Weitere Projekt- und Ergebnispräsentationen	B19
Anhang C - Leitfaden zur Koordination eines bundesländer- und nationalstaatsgrenzen übergreifenden Netzwerkes von Besatzprojekten für den Atlantischen Lachs	C1
1. Vorwort	C1
2. Hintergrund und Ziel des Leitfadens	C1
3. Grundprinzipien eines koordinierten Lachsnetzwerkes	C2
4. Projektplanung	C2
5. Methodische Grundlage	C3
6. Rechtliche und organisatorische Anforderungen	C4
7. Projektpartner und Rollen	C4
8. Probenahme	C6
9. Probenbeschriftung und Metadaten	C7
10. Besatzexperimente	C8
11. Datenmanagement	C8
12. Kommunikation und Projektsteuerung	C9
13. Projektstart	C9
14. Häufige Fehler und Empfehlungen aus GeMoLaR	C10
15. Übertragbarkeit	C10
16. Schlussfolgerung	C11
Anhang D - Kurzfassung	D1
Anhang E – Executive summary	E1

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Anzahl analysierter Genproben im GeMoLaR-Projekt	8
Abbildung 2: Zuordnungsverteilung von Rhein-Rückkehrern zu Referenzpopulationen	10
Abbildung 3: Anteil Zuweisungen Mittelrhein-Rückkehrer zu Referenzpopulationen	11
Abbildung 4: Anteil Zuweisungen adulter Lachse im Rheindelta zu Referenzpopulationen.....	11
Abbildung 5: Anteil Fischzuchten am Gesamtückkehrerfang in Nieder- und Mittelrhein	18
Abbildung 6: Anteil natürlicher Reproduktion an Gesamtfang.....	19

Abbildungsverzeichnis Anhänge

Abbildung A1: Übersicht Rhein mit ausgewählten Zuflüssen und Probestellen.....	A1
Abbildung A2: Untersuchungsstandorte Baden-Württemberg	A3
Abbildung A3: Verteilung zugeordneter Proben zu Referenzpopulationen	A7
Abbildung A4: Verteilung zugeordneter Proben zu Referenzpopulationen	A7
Abbildung A5: Elternschaftszuweisungen Lachssmolts in der Agger	A10
Abbildung A6: Anteil Naturvermehrung Speyerbach und Wieslauter	A10
Abbildung B1: Anteil gemeinsamer Allele je Paar der Referenzpopulationen	B2
Abbildung B2: Genetische Struktur der Referenzpopulationen	B3
Abbildung B3: Struktur ermittelter genetischer Cluster	B4
Abbildung B4: Selbst-Zuordnungstest	B6
Abbildung B5: Wasserprobenahme und Extraktion von Lachs-eDNA aus Wasserproben	B7
Abbildung B6: eDNA-Ergebnisse aus dem Fluss Glass	B8
Abbildung B7: Techniken Gewebeentnahme	B9
Abbildung B8: Extraktionstechnik Fasertupfer und Schuppenanalyse.....	B10
Abbildung B9: Hybride zwischen Lachs und Forelle und Bandenmuster	B15
Abbildung B10: Alignment Mikrosatelliten Lachs x Forelle.....	B16
Abbildung B11: LDH-C1 Sequenzen von Lachs, Hybrid und Forelle.....	B16
Abbildung B12: FCA Referenzpopulationen SALSEA Merge.....	B18
Abbildung B13: Programm Lachstagung Landau Tag eins und zwei.....	B21
Abbildung B14: ProgrammLachstagung Landau Tag zwei und drei	B22
Abbildung B15: Auszug Tagungsband der 21. Gesellschaft für Ichthyologie (GfI)	B23

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Ergebnisse direkt vergleichbarer Besatzexperimente in Baden-Württemberg.....	22
---	----

Tabellenverzeichnis Anhänge

Tabelle A1: Anzahl auf Naturverlaichung untersuchter juvenilen Lachse.....	A2
Tabelle A2: Kurzcharakterisierung Untersuchungsgewässer Baden-Württemberg.....	A3
Tabelle A3: Ergebnisse der Besatzexperimente.....	A4
Tabelle A4: Gruppenzuweisungen Referenzpopulationen.....	A5
Tabelle A5: Anzahl und genetischen Diversität der Lachse in Zuchten.....	A5
Tabelle A6: Probenzahlen von Lachs-Rückkehrern nach Fangjahr und -ort.....	A6
Tabelle A7: Methodenvvalidierung der Elternschaftsanalyse.....	A8
Tabelle A8: Lachsrückkehrer an Fischaufstiegsanlagen im Oberrhein.....	A8
Tabelle A9: Besatzgewässer und Anzahl zugeordneten Lachsrückkehrer	A9
Tabelle A10: Anzahl beprobter adulter Lachse im Rheindelta	A9
Tabelle B1: Gruppenzuweisung untersuchter Elbpopulationen zu Referenzpopulationen.....	B14
Tabelle B2: Genetischen Zuordnungsanalyse Museumsproben.....	B17

1. Einleitung

Der Atlantische Lachs (*Salmo salar*) zählt zu den charakteristischen Wanderfischarten der nördlichen Hemisphäre und war historisch ein prägender Bestandteil der Flussökosysteme Mitteleuropas. Insbesondere der Rhein gehörte über Jahrhunderte zu den bedeutendsten Lachsgewässern Europas. Bis ins 19. Jahrhundert hinein wurden dort jährlich große Mengen an Lachsen gefangen, sodass die Art sowohl ökologisch als auch wirtschaftlich eine herausragende Bedeutung besaß (ICES 2015; IKSР 2004).

Mit zunehmender Industrialisierung gingen die Bestände jedoch stark zurück. Ursachen waren vor allem die Verschlechterung der Wasserqualität, der Ausbau des Rheins und seiner Zuflüsse zur Schifffahrt sowie der Bau zahlreicher Querbauwerke, die die Wanderwege der Lachse unterbrachen. Im Laufe des 20. Jahrhunderts verschwand der Atlantische Lachs aus dem Rheinsystem. Als Zeitpunkt des funktionellen Aussterbens gilt allgemein das Jahr 1958, in dem der letzte Lachs im Oberrhein gefangen wurde (IKSR 2004).

Seit den späten 1980er Jahren wurden im Rahmen international abgestimmter Programme umfangreiche Maßnahmen zur ökologischen Sanierung des Rheins und zur Wiederansiedlung des Atlantischen Lachses umgesetzt. Einen wichtigen Ausgangspunkt bildete das Programm „Lachs 2000“ der Internationalen Kommission zum Schutz des Rheins (IKSR). Neben der Verbesserung der Wasserqualität und der Wiederherstellung der Durchgängigkeit spielten gezielte Besatzmaßnahmen in geeigneten Zuflüssen eine zentrale Rolle. Erste Rückkehrer wurden bereits in den 1990er Jahren nachgewiesen und gelten als wichtiger Erfolg der bisherigen Restaurationsmaßnahmen (IKSR 2004; IKSР 2018).

Trotz dieser Fortschritte ist der langfristige Erfolg der Wiederansiedlung weiterhin nicht abschließend geklärt. Zwar werden in mehreren Zuflüssen regelmäßig juvenile Lachse nachgewiesen, und auch adulte Rückkehrer treten wieder im Rheinsystem auf. Offen bleibt jedoch, in welchem Umfang diese Fische tatsächlich aus aktuellen Besatzmaßnahmen stammen, ob sie auf natürliche Reproduktion zurückgehen oder ob es sich bei adulten Tieren teilweise um Streuner aus anderen Flusssystemen handelt. Für eine belastbare Bewertung der Wiederansiedlungsmaßnahmen reicht ein klassisches Monitoring über Fangzahlen, Sichtbeobachtungen oder Elektrofischungen daher allein nicht aus.

Hier setzen genetische Monitoringverfahren an. Durch die Analyse individueller DNA-Proben aus Flossengewebe, Schuppen oder Abstrichen können Herkunft, Verwandtschaftsverhältnisse, Anteil der besetzten Fische an Population, natürliche Reproduktion und genetische Diversität untersucht werden. Ergänzend kann Umwelt-DNA (eDNA) aus Wasserproben Hinweise auf das Vorkommen von Lachsen liefern, ohne dass

Tiere direkt gefangen werden müssen. Genetische Methoden ermöglichen damit Aussagen, die mit klassischen Erfassungsverfahren nicht oder nur eingeschränkt möglich wären.

Während bis ins Jahr 2003 auf Besatzmaterial aus diversen Zuchtstämmen mit Ursprüngen in Irland, Schottland, Frankreich und Schweden zurückgegriffen wurde, einigte man sich im Jahr 2003 darauf, zukünftig lediglich Lachse zweier genetischer Herkünfte zu besetzen. Im Oberrheingebiet werden seither nur Besatztiere aus erfolgreich aufgestiegenen Laichrückkehrern sowie Lachse des Ursprungs Loire/Allier verwendet. In Mittel- und Niederrhein hingegen werden seitdem zusätzlich zu den aus Wildfängen gewonnenen Besatzfischen Lachse der schwedischen Herkunft Ätran besetzt. Im Projektverlauf erfolgten zudem teilweise Anpassungen der Besatzstrategie, unter anderem durch die Erprobung zusätzlicher Herkünfte wie Skjern Å aus Dänemark.

Vor diesem Hintergrund wurde das Projekt GeMoLaR als Modell- und Demonstrationsvorhaben (MuD) durchgeführt. Ziel war es, durch molekulargenetische Verfahren, eine wissenschaftlich fundierte Bewertung der Wiederansiedlungsmaßnahmen des Atlantischen Lachses im Rheinsystem zu ermöglichen. Im Mittelpunkt standen die Herkunft rückkehrender Lachse, die Quantifizierung des Besatzfischanteils, der Nachweis natürlicher Reproduktion sowie die Bewertung der genetischen Diversität der eingesetzten Zuchtlinien.

Darüber hinaus sollten konkrete Managementmaßnahmen im Besatzwesen bewertet werden. Hierzu wurden unter anderem unterschiedliche Besatzstadien, Besatzzeitpunkte, genetische Herkünfte, Filialgenerationen und Aufzuchtanlagen vergleichend untersucht. Ein weiteres Ziel bestand darin, eine gemeinsame genetische Datengrundlage für das Rheinsystem aufzubauen und damit Monitoring, Datenaustausch und zukünftige Managemententscheidungen zwischen den beteiligten Institutionen in Deutschland und den angrenzenden Staaten zu verbessern.

Dem Charakter eines MuD entsprechend wurde die im Projekt entwickelte Methodik zudem auf ein weiteres großes europäisches Flusssystem übertragen. Beispielhaft erfolgte eine Anwendung auf das Elbeinzugsgebiet, in dem ebenfalls seit mehreren Jahrzehnten Programme zur Wiederansiedlung des Atlantischen Lachses umgesetzt werden. Damit konnte geprüft werden, inwieweit die im Rheinsystem etablierten genetischen Monitoringansätze auch in anderen Flussgebieten belastbare und managementrelevante Ergebnisse liefern.

Das Projekt GeMoLaR diene somit der Entwicklung und praktischen Erprobung einer evidenzbasierten Grundlage für die zukünftige Bewirtschaftung des Atlantischen Lachses. Übergeordnetes Ziel bleibt die langfristige Etablierung selbsttragender Wildpopulationen im Rhein sowie die Übertragbarkeit erfolgreicher Monitoring- und Managementansätze auf weitere Flusssysteme und Fischarten.

2. Material und Methoden

2.1 Untersuchungsgebiet

Das Untersuchungsgebiet umfasste das deutsche Rheinsystem mit relevanten Abschnitten des Ober-, Mittel- und Niederrheins sowie ausgewählten Zuflüssen, in denen Wiederansiedlungsmaßnahmen für den Atlantischen Lachs durchgeführt oder genetische Proben gewonnen wurden. Ergänzend wurden Proben aus dem niederländischen Rheindelta berücksichtigt (IKSR 2018; IKSR 2020).

Der Rhein ist mit rund 1.230 km Länge eines der bedeutendsten Flusssysteme Europas und historisch eines der wichtigsten Lachsgewässer des Kontinents (IKSR 2004; ICES 2015). Für die Untersuchung wurde das Gebiet entsprechend der heutigen Bewirtschaftungsstruktur in Oberrhein sowie Mittel-/Niederrhein gegliedert.

Zum Oberrhein zählten insbesondere die Zuflüsse Kinzig, Murg, Alb, Speyerbach und Wieslauter. Ein zentraler Kontrollstandort für aufsteigende Lachse war die Staustufe Iffezheim. Zum Mittel- und Niederrhein gehörten vor allem die Flusssysteme Sieg, Wupper, Agger, Nister und Ahr. Zusätzlich wurden Proben aus dem niederländischen Delta (u.a. Nieuwe Waterweg, Lek und Waal) einbezogen. Damit deckte das Untersuchungsgebiet die wesentlichen Bereiche des heutigen Rheinlachsprogramms vom Aufwuchsgewässer bis zur Mündung ab.

Weitere Wiederansiedlungsgewässer existieren in den französischen und schweizerischen Teilen des Rheineinzugsgebietes. Diese waren nicht direkter Bestandteil des GeMoLaR-Projektes. In einem von der IKSR beauftragten Synthesebericht (in Veröffentlichung) werden jedoch alle Erkenntnisse aus genetischen Untersuchungen an Lachsen im gesamten Rheineinzugsgebiet zusammenfassend dargestellt.

Weitere Wiederansiedlungsgewässer befinden sich in den französischen und schweizerischen Teilen des Rheineinzugsgebietes. Diese waren nicht Bestandteil des GeMoLaR-Projektes. Die Ergebnisse werden jedoch gemeinsam mit den Erkenntnissen aus diesen Gewässersystemen in einem von der IKSR beauftragten Synthesebericht (in Vorbereitung) zusammenfassend für das gesamte Rheineinzugsgebiet dargestellt.

2.2 Probennahme

Zur genetischen Untersuchung wurden sowohl in beteiligten Zuchtanlagen als auch im Freiland Gewebeproben in Form von Abstrichen und Flossenschnitten genommen. In der Regel wurde ein kleines Stück der Fett- oder Schwanzflosse gewonnen. Diese Methode ist bei

Fischen etabliert, verursacht nur geringe Beeinträchtigungen und liefert ausreichend genetisches Material für molekularbiologische Analysen (Wasko et al. 2003; FAO 2011). Da die Entnahme von Gewebeproben bei lebenden Fischen einen Eingriff im Sinne des Tierschutzrechts darstellt, wurden die erforderlichen tierschutzrechtlichen Genehmigungen bzw. Ausnahmegenehmigungen bei den jeweils zuständigen Behörden der beteiligten Bundesländer eingeholt.

Die Proben wurden unmittelbar in Gefäße mit 99% Ethanol überführt und gemeinsam mit Begleitdaten (Fangort, Datum, Totallänge, Gewicht, ggf. genetische Charge) dokumentiert. Anschließend erfolgte die Lagerung an der RPTU Kaiserslautern-Landau bei –20 °C bis zur weiteren Bearbeitung.

Ein Teil der Probenahmen erfolgte unter Einsatz der Tissue Sampling Unit (TSU, Biomark Inc.), die eine standardisierte und kontaminationsarme Gewebeentnahme ermöglicht. Ergänzend wurde die Eignung minimalinvasiver Schleimhautabstriche mittels verschiedener Tupfersysteme (Swabs) sowie die DNA-Extraktion aus Schuppenproben untersucht.

Sofern ausreichend Material vorhanden war, wurden Rückstellproben angelegt, um spätere Nachuntersuchungen zu ermöglichen.

2.2.1 Lachse in Zuchtanlagen

Um dem Untersuchungsziel gerecht zu werden, und möglichst alle wild gefangenen Besatzlachse ihren biologischen Elternpaaren zuordnen zu können, wurden die Elterntiere in allen Zuchtanlagen beprobt, die Besatzfische für das deutsche Rheingebiet bereitstellten:

- Lachszucht Obenheim – SCEA Pisciculture Saumon du Rhin
- Lachszucht Wolfstal – LFV Baden-Württemberg e.V. / WFBW gGmbH.
- Lachszucht Albaum – LAVE NRW / Zentrum für angewandte Fischerei, Fischökologie und Aquakultur (ZAFFA)
- Lachszucht Hasper Talsperre – Lachszentrum Hasper Talsperre e.V.
- Wildlachszentrum Rhein-Sieg – Stiftung Wasserlauf NRW / Rheinischer Fischereiverband von 1880 e.V., Siegburg

Soweit möglich wurden genetisch identifizierbare Chargen gebildet, um einzelne Besatzmaßnahmen im Nachgang gezielt bewerten zu können. Die jeweils zu einer Charge beitragenden Elterntiere wurden entsprechend dokumentiert.

2.2.2 Naturverlaichung

Zur Untersuchung möglicher natürlicher Reproduktion wurden im Zeitraum 2020 bis 2025 Gewebeproben juveniler Lachse aus zehn Gewässern analysiert (Tabelle A1, Abbildung A1 im Anhang). Die Proben stammten aus unterschiedlichen Erfassungszusammenhängen. In der Agger wurden abwandernde Smolts mittels stationärer Rotary Trap gefangen, wodurch dort vergleichsweise hohe Stichprobengrößen erzielt wurden. Weitere Proben stammten aus Kontrollbefischungen, Zufallsfunden oder Besatzexperimenten.

Die Bewertung der Naturverlaichung erfolgte mittels Elternschaftsanalyse. Juvenile Fische mit vollständiger oder teilweiser Zuordnung zu bekannten Elterntieren wurden als Besatznachkommen gewertet. Individuen ohne Elternnachweis wurden als potenzielle Naturbrut interpretiert. Für Jahre mit unvollständiger Elterntierbeprobung war die Aussagekraft eingeschränkt.

2.2.3 Besatzexperimente

Zur Optimierung des Lachsbesatzes in Baden-Württemberg wurden zwischen 2020 und 2024 in sechs Gewässern insgesamt elf genetisch begleitete Besatzexperimente durchgeführt (Tabelle A2, Abbildung A2 im Anhang).

Untersucht wurden insbesondere die Einflüsse von:

- Besatzstadium (Ei, Brut, Parr)
- Besatzzeitpunkt
- genetischer Herkunft (Allier- oder Rhein-Rückkehrer)
- Aufzuchtanlage
- Filialgeneration

Die Besatzfische wurden in den Zuchtanlagen Obenheim und Wolftal produziert. Bereits bei der Befruchtung wurden definierte Produktionschargen gebildet und sämtliche Elterntiere genetisch beprobt.

Im Rahmen von Kontrollbefischungen wurden Wiederfänge ebenfalls genetisch untersucht. Mittels Elternschaftsanalyse konnten diese konkreten Besatzchargen zugeordnet und der relative Besatzerfolg verschiedener Varianten verglichen werden.

2.3 Laboranalytik

2.3.1 DNA-Extraktion

Die DNA-Extraktion erfolgte im Labor der RPTU Kaiserslautern-Landau mittels Chelex-Verfahren, einem etablierten Verfahren zur Gewinnung PCR-geeigneter DNA aus biologischen Proben (Walsh et al. 1991; Sepp et al. 1994).

2.3.2 Marker

Die Mikrosatellitenanalyse ist ein genetisches Verfahren, bei dem hochvariable, kurze sich wiederholende DNA-Abschnitte untersucht werden. Aufgrund ihrer hohen Variabilität eignen sich diese Marker besonders zur Differenzierung von Populationen, Herkunftszuweisung sowie Verwandtschaftsanalysen (Beacham et al. 2006).

Es wurde das im internationalen SALSEA-Merge-Projekt etablierte Markersystem verwendet, um Vergleichbarkeit mit bestehenden europäischen Referenzdatenbanken sicherzustellen (Gilbey et al. 2017). Zusätzlich wurde der Locus SsaD486 zur Identifikation möglicher Hybride zwischen Lachs und Forelle eingesetzt (Perrier 2011).

2.3.3 Genotypisierung

Die extrahierte DNA wurde an das Unternehmen Microsynth zur Genotypisierung übermittelt. Dort erfolgte eine Multiplex-PCR mit anschließender Fragmentlängenanalyse. Durch Kalibrierung anhand von Referenzproben wurde eine zuverlässige Vergleichbarkeit mit bestehenden Datensätzen gewährleistet.

2.4 Datenanalyse

2.4.1 Genetische Diversität

Zur Bewertung der genetischen Diversität der für die Wiederansiedlung genutzten Elterntierbestände sowie ihrer Nachkommen wurden erwartete Heterozygotie (HE), Allelic Richness (AR) sowie der Inzuchtkoeffizient FIS berechnet. Die Auswertung erfolgte in R unter Verwendung etablierter populationsgenetischer Pakete.

2.4.2 Herkunftszuweisung

Zur Zuordnung einzelner Lachse zu Referenzpopulationen wurde die Software GeneClass2 verwendet (Piry et al. 2004). Grundlage bildeten populationsspezifische Allelfrequenzen aus der SALSEA-Merge-Datenbank mit 26.822 Individuen aus 282 europäischen Flüssen (Gilbey et al. 2017).

Für das Rheinsystem wurde dieser Datensatz unter Einbezug von Lachsexperten aus der Praxis im Rheingebiet auf jene Herkünfte reduziert, die in der Vergangenheit im Wiederansiedlungsprogramm verwendet wurden (Tabelle A4 im Anhang). Zusätzlich wurde eine Referenzpopulation verwendet, die im Jahr 2017 aus Lachsen des Zuchtstamms der Zuchtanlage DCV mit Ätran-Hintergrund erstellt wurde (Aquabios 2018). Individuen mit einer Zugehörigkeitswahrscheinlichkeit $\geq 80\%$ wurden als erfolgreich zugeordnet gewertet. Weiterführende Erläuterungen zur Problematik der korrekten Zuweisung sind Anhang B-1 zu entnehmen.

Um die Ergebnisse übersichtlicher zu gestalten, wurden die Populationen aus der SALSEA-Merge-Datenbank entsprechend ihrer Herkunft zu drei Gruppen (Frankreich, Irland und Skandinavien) zusammengefasst.

2.4.3 Elternschaftszuweisung

Zur Identifikation von Eltern-Nachkommen-Beziehungen wurde das Programm PASOS Version 1.0 eingesetzt (Duchesne 2005). Die Analyse basierte auf multilokalen Genotypdaten und erlaubte Zuordnungen zu einem oder beiden Elterntieren.

Als Referenzdatensatz dienten die genetischen Daten von nahezu 14.000 Elterntieren aus Deutschland sowie den Nachbarländern Frankreich und Schweiz. Um Fehlzuweisungen zu minimieren, wurden getrennte Datensätze für Oberrhein sowie Mittel-/Niederrhein verwendet.

2.4.4 Naturverlaichung

Auch zur Unterscheidung zwischen Besatzfischen und aus natürlicher Reproduktion stammender Individuen wurde die Elternschaftsanalyse eingesetzt. Juvenile Fische ohne Übereinstimmung mit bekannten Elterntieren wurden als potenzielle Naturbrut interpretiert.

2.4.5 Besatzexperimente

Grundlage bildeten 34 Besatzereignisse in Baden-Württemberg. Als abhängige Variable wurde die relative Wiederfangquote verwendet, bezogen auf eingesetzte Smoltäquivalente. Die statistische Auswertung erfolgte mit linearen Modellen und Varianzanalysen (ANOVA). Zusätzlich wurden direkt vergleichbare Experimente innerhalb desselben Gewässers und Jahres ausgewertet.

3. Ergebnisse

3.1 Datengrundlage

Im Rahmen des GeMoLaR-Projekts wurden insgesamt 15.566 genetische Proben von Atlantischen Lachsen aus dem Rheingebiet gewonnen, analysiert und ausgewertet. Den größten Anteil bildeten Proben von Elterntieren aus den Zuchtanlagen, die in den Jahren 2020 bis 2021 für die Produktion von Besatzlachsen für das deutsche Rheingebiet eingesetzt wurden (N = 11.664).

Weitere 657 Proben stammten von rückkehrenden adulten Lachsen. Zusätzlich wurden 3.117 Proben juveniler Entwicklungsstadien untersucht, darunter Smolts (N = 1.187), Parrs (N = 1.253) sowie Kontrollproben (N = 677, Abbildung 1).

Die Aussagekraft der genetischen Analysen zur Bewertung des Wiederansiedlungserfolgs hängt maßgeblich von der Anzahl verfügbarer Rückkehrer ab. Aufgrund der seit 2018 deutlich rückläufigen Rückkehrerzahlen im Rheinsystem standen während der Projektlaufzeit jedoch wesentlich weniger adulte Lachse für genetische Untersuchungen zur Verfügung als ursprünglich erwartet. Dadurch war die statistische Belastbarkeit einzelner Auswertungen, insbesondere auf Ebene einzelner Gewässer oder Besatzmaßnahmen, eingeschränkt. Dennoch erlaubte der große Umfang an Referenzproben aus den Elterntierbeständen sowie die Zusammenführung von Daten aus Deutschland, Frankreich und der Schweiz belastbare Aussagen zu übergeordneten Fragestellungen der genetischen Herkunft, Diversität und Elternschaft.

Neben den im Projekt erhobenen Daten wurden genetische Referenzdaten aus Frankreich und der Schweiz integriert. Der zum Projektende verfügbare Referenzdatensatz umfasste damit nahezu 14.000 Lachse aus der Besatztierproduktion.

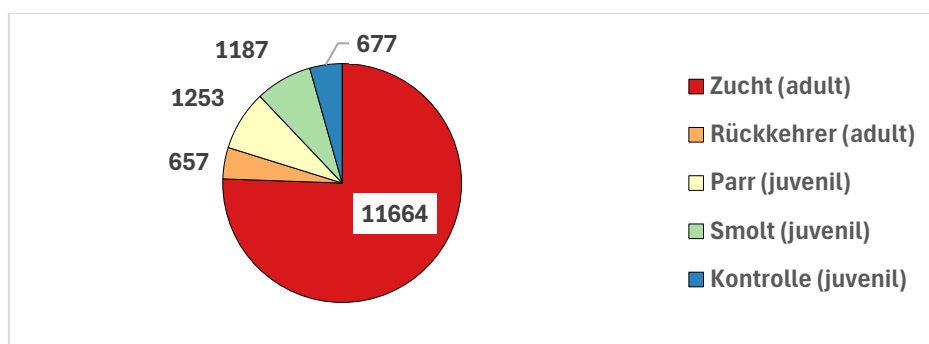


Abbildung 1: Anzahl und Aufteilung der im GeMoLaR-Projekt analysierten genetischen Proben von Atlantischen Lachsen aus dem Rheingebiet im Untersuchungszeitraum nach Stadium.

3.2 Genetische Diversität der Zuchtlinien

Die genetischen Diversitätsparameter unterschieden sich zwischen den beiden untersuchten Zuchtlinien deutlich. Insgesamt wiesen die auf dem Ätran-Stamm basierenden Linien (Nieder- und Mittelrhein) höhere Werte der erwarteten Heterozygotie (HE), der Allelic Richness (AR) sowie der mittleren Allelzahl pro Locus (A/L) auf als die Loire/Allier-basierten Linien (Oberrhein).

Bei den Ätran-basierten Linien lagen die HE-Werte überwiegend zwischen 0,79 und 0,84, die AR-Werte zwischen 1,79 und 1,84. Bei den Loire/Allier-basierten Linien lagen die HE-Werte überwiegend zwischen 0,67 und 0,71, die AR-Werte zwischen 1,67 und 1,71.

Die FIS-Werte lagen in den meisten Populationen nahe Null. Die vollständigen Ergebnisse finden sich in Tabelle A5 im Anhang.

3.3 Herkunftszuweisungen rückkehrender Lachse

Insgesamt wurden 533 rückkehrende adulte Lachse aus dem Rheingebiet genetisch untersucht. Die Proben stammten aus den Jahren 2017 bis 2025. Davon entfielen 82 Proben auf den Oberrhein und 451 Proben auf das Mittel-/Niederrheingebiet (Tabelle A6 im Anhang).

3.3.1 Oberrhein

Von den 82 untersuchten Rückkehrern aus dem Oberrheingebiet wurden 65 Individuen (79%) der Herkunft Loire/Allier zugeordnet. Jeweils fünf Tiere (5%) wurden skandinavischen bzw. irischen Herkünften zugewiesen. Sieben Individuen (9%) konnten keiner Referenzpopulation eindeutig zugeordnet werden (Abbildung 2).

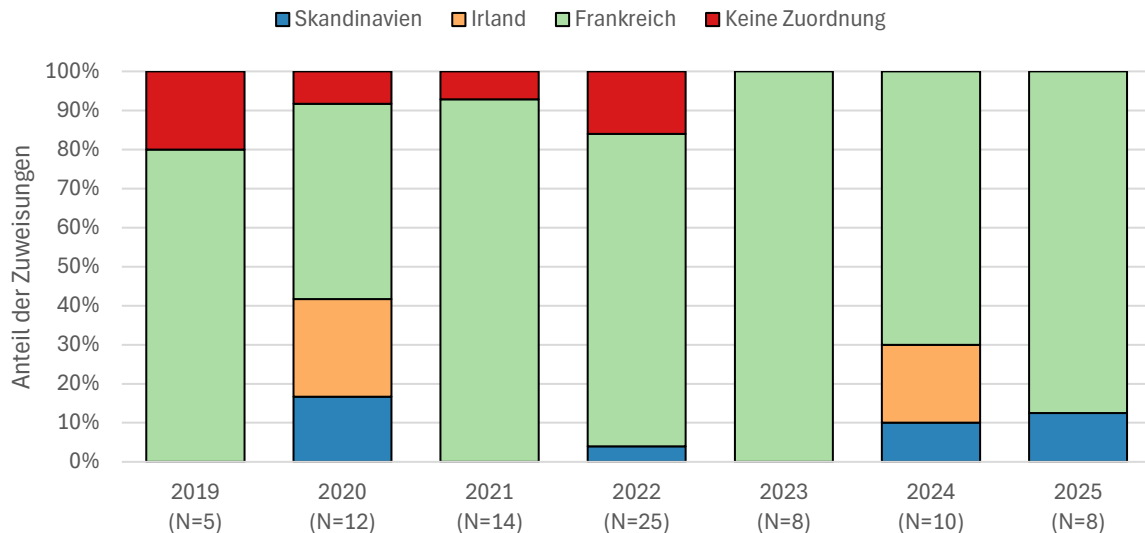


Abbildung 2: Dargestellt ist die Zuordnungsverteilung der genetischen Proben von Lachs-Rückkehrern im Oberrheingebiet (N=82) zu gruppierten Referenzpopulationen aus dem Salsea-Merge-Panel (Gilbey et al. 2018) sowie der auf dem Ätran-Stamm gegründeten Zuchtpopulation Danish Centre of Vildlaks (DVC, Aquabios 2018). Hauptsächlich handelt es sich um Rückfänge aus Iffezheim und Gambsheim (N=73). Bei den anderen Lachsen handelt es sich um Zufallsfunde. Die Proben wurden zwischen 2019 und 2025 genommen.

3.3.2 Mittel- und Niederrhein

Von den 451 untersuchten Rückkehrern aus dem Mittel-/Niederrhein wurden 166 Tiere (37%) der Referenzpopulation DCV zugeordnet. Weitere 91 Tiere (20%) entfielen auf den Ätran-Stamm. Andere skandinavische Herkünfte machten zusammen 2% aus. Irischen Referenzpopulationen wurden 13% der Tiere zugeordnet. Vier Individuen (<1%) wurden der Herkunft Loire/Allier zugewiesen. Insgesamt konnten 123 Tiere (27%) keiner Referenzpopulation eindeutig zugeordnet werden (Abbildung A3 im Anhang).

Zusammengefasst entfielen durchschnittlich 81% der erfolgreichen Zuweisungen auf skandinavische Herkünfte und 13% auf irische Herkünfte (Abbildung 3).

3.3.3 Rheindelta

Im Rheindelta wurden zwischen 2020 und 2024 insgesamt 66 adulte Lachse genetisch untersucht. Davon stammten 35 Proben aus dem Rheinsystem und 31 Proben aus der Maas.

In den südlichen Ästuaren wurden etwa 40% der Individuen skandinavischen Herkünften zugeordnet. Rund ein Drittel entfiel auf Loire/Allier, 13% auf irische Herkünfte und 17% auf nicht eindeutig zuordenbare Individuen. In den nördlichen Mündungsarmen betrug der Anteil nicht zuordenbarer Individuen 64%. Skandinavische Herkünfte machten dort 18%, irische und französische Herkünfte jeweils 9% aus. Die in der Maas beprobten Lachse wurden überwiegend französischen Referenzpopulationen zugeordnet (Abbildung 4).

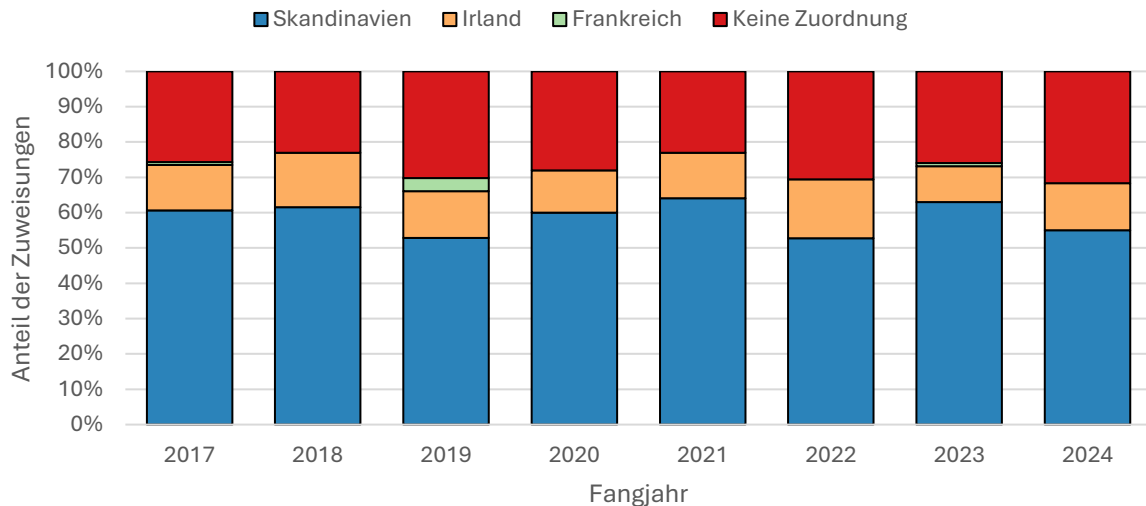


Abbildung 3: Anteil der Zuweisungen von im Mittelrhein beprobten Lachs-Rückkehrer zu gruppierten Referenzpopulationen pro Jahr. Hier wurden die Referenzpopulationen nach geografischer Nähe zu drei Großgruppen zusammengefasst. Die Gruppe Skandinavien enthält die Zuweisungen zu den Populationen DCV, Ätran, Lagan, Skjern Å und Ribe. Die Gruppe Irland umfasst alle irischen Referenzpopulationen (Erriff, Corrib, Shannon M&H, Bundorragha, Corrib). Die Gruppe Frankreich entspricht der Referenzpopulation Loire.

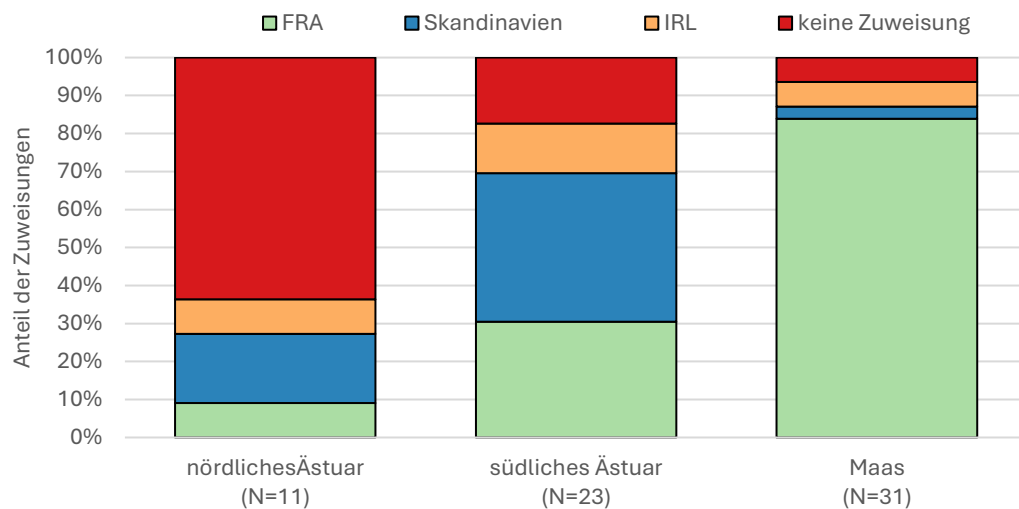


Abbildung 4: Anteil der Zuweisungen von im Rheindelta beprobten adulten Lachsen zu gruppierten Referenzpopulationen nach Fangort. Hier wurden die Referenzpopulationen nach geografischer Nähe zu drei Großgruppen zusammengefasst. Die Gruppe Skandinavien enthält die Zuweisungen zu den Populationen DCV, Ätran, Lagan, Skjern Å und Ribe. Die Gruppe Irland umfasst alle irischen Referenzpopulationen (Erriff, Corrib, Shannon M&H, Bundorragha, Corrib). Die Gruppe Frankreich entspricht der Referenzpopulation Loir

3.4 Elternschaftszuweisungen

3.4.1 Methodenvalidierung

Im Rahmen einer Methodenvalidierung wurden exemplarisch 128 Nachkommen aus definierten Besatzchargen genetisch untersucht. Mit dem reduzierten Datensatz wurden sämtliche Individuen ihren jeweiligen Elterngruppen korrekt zugeordnet. Bei Verwendung des Gesamtdatensatzes wurden 252 Elternteile korrekt identifiziert; zusätzlich traten vier weitere potenzielle Zuordnungen auf (Tabelle A7 im Anhang).

3.4.2 Rückkehrer Oberrhein

Für 78 Rückkehrer aus dem Oberrheingebiet aus den Jahren 2020 bis 2025 wurde eine Elternschaftsanalyse durchgeführt. Für 37 Individuen gelang eine Zuordnung zu dokumentierten Besatzerntieren. Die nicht sicher zuweisbaren Rückkehrer (N = 41) stammen aus Zeiten, in denen noch nicht alle Elterntiere genetisch erfasst waren oder die Zuweisungen nicht eindeutig waren.

Von den zugeordneten Rückkehrern entfielen 16 Tiere auf deutsche, 14 auf französische und vier auf Schweizer Programme (Tabelle A8 im Anhang). Das Kinzigssystem stellte mit 13 Rückkehrern den größten Einzelbeitrag (Tabelle A9 im Anhang).

Bezüglich des Besatzstadiums stammten 22 der nachgewiesenen Rückkehrer aus Parr-Besatzmaßnahmen. Jeweils fünf Tiere entfielen auf Besatzmaßnahmen mit angefütterter bzw. unangefütterter Brut.

3.4.3 Rückkehrer Mittel- und Niederrhein

Für Rückkehrer aus der Sieg wurden in den Jahren 2021 bis 2024 genetische Zuordnungen zu verschiedenen Zuchtanlagen vorgenommen. Im Jahr 2021 stammte mehr als die Hälfte der erfolgreich zugeordneten Rückkehrer aus dem Wildlachs-Zentrum Siegburg. In den Folgejahren entfielen 85 % der zugeordneten Tiere auf die Zuchtanlage Albaum und 14 % auf die Hasper Talsperre.

Für die Wupper lagen 33 genetisch untersuchte Rückkehrer aus den Jahren 2022 bis 2024 vor. Davon konnten 30 Individuen erfolgreich einer Zuchtanlage zugeordnet werden. 29 Tiere entfielen auf Albaum, ein Tier auf die Hasper Talsperre.

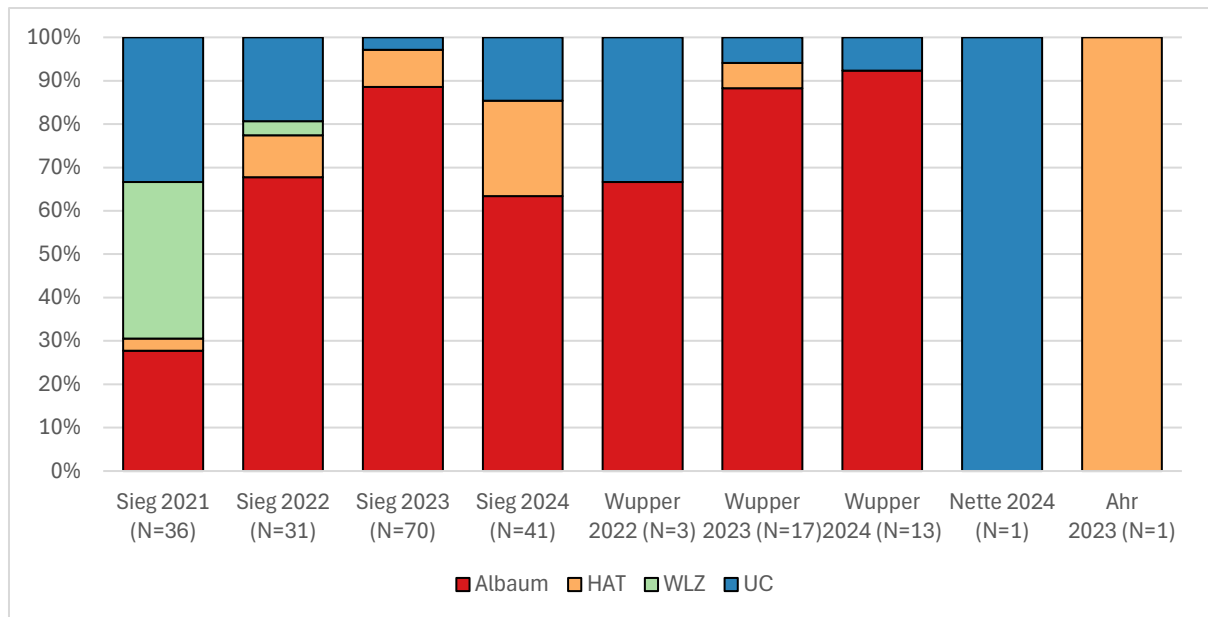


Abbildung 5: Anteil der beitragenden Fischzuchten am Gesamtfang rückkehrender Lachse im Mittel- und Niederrheingebiet in den Jahren 2021 bis 2024. HAT = Lachszucht Hasper Talsperre, WLZ = Wildlachszenrum, UC (uncollected) = Elterntiere in keiner der Zuchtanlagen identifiziert.

3.4.4 Rückkehrer Rheindelta

Im Rheindelta wurden 30 adulte Lachse (ohne Maas-Proben) mittels Elternschaftsanalyse untersucht. Für 20 Individuen gelang eine Zuordnung.

Davon entfielen 13 Tiere auf Besatzprogramme des Mittelrheins. Zehn dieser Tiere wurden der Zuchtanlage Albaum, zwei dem Wildlachs-Zentrum Siegburg und eines der Hasper Talsperre zugeordnet.

Sieben Individuen wurden französischen Zuchtanlagen zugeordnet, davon vier der Zuchtanlage in Obenheim und drei der Anlage Chanteuges. Zusätzlich konnten sechs Tiere Besatzmaßnahmen im Oberrheingebiet zugeordnet werden (Tabelle A10 im Anhang).

3.5 Naturverlaichung

Zur Untersuchung natürlicher Reproduktion wurden juvenile Lachse aus mehreren Gewässern genetisch analysiert. Die größten Stichproben lagen für die Agger (N = 795) und das Kinzigssystem (N = 742) vor (Tabelle A1 im Anhang). Die Ergebnisse zur potenziellen Naturvermehrung im deutschen Rheingebiet sind in Abbildung 6 dargestellt.

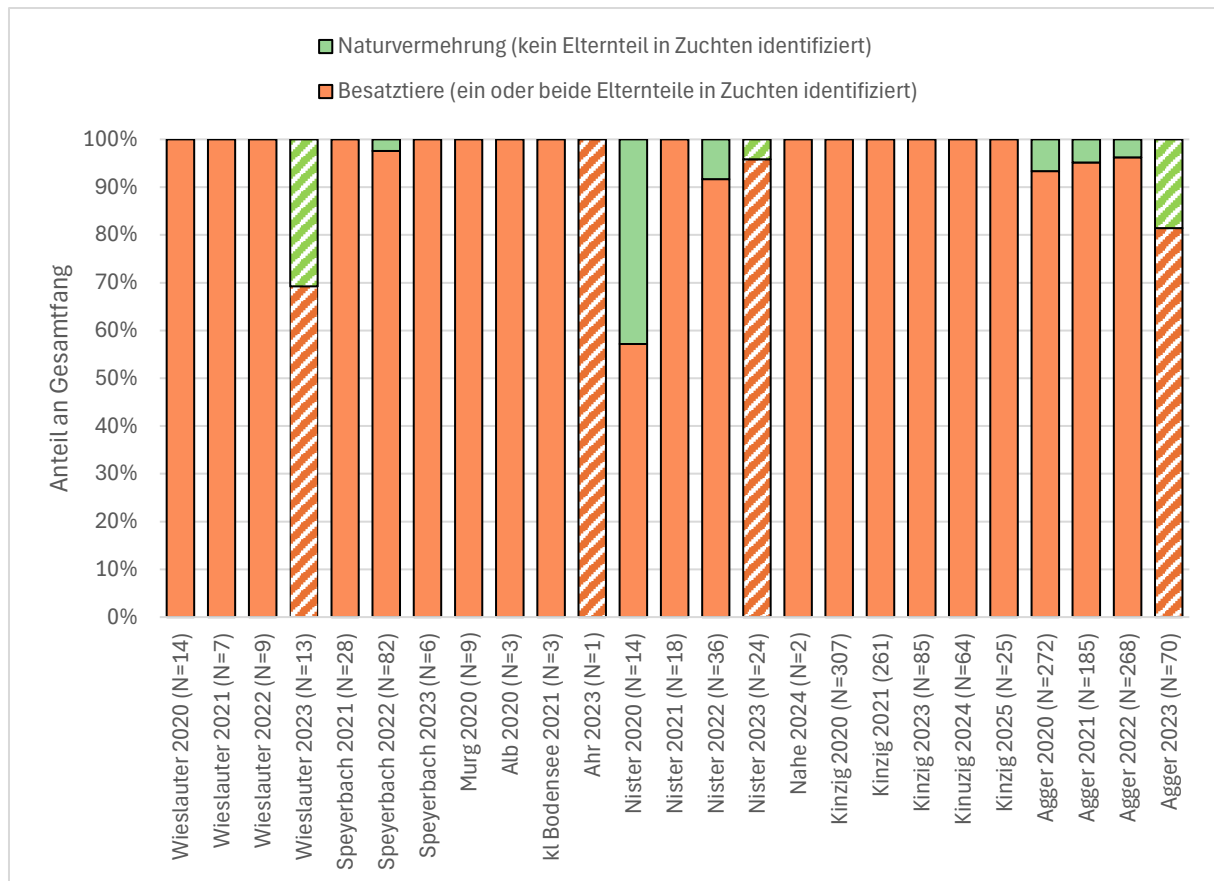


Abbildung 6: Anteile juveniler Lachse aus Besatzmaßnahmen und aus natürlicher Reproduktion an Gesamtfang pro Gewässer und Fangjahr im deutschen Rheingebiet. Schraffiert dargestellt sind die Fangjahre, für welche aufgrund fehlender genetischer Informationen von potenziellen Elterntieren der Anteil an Naturbrut nicht aussagekräftig ist.

3.5.1 Mittel- und Niederrhein

Für die Agger wurden zwischen 2020 und 2023 insgesamt 795 Smoltproben untersucht. Im Mittel wurden rund 5 % der Individuen als potenzielle Naturbrut eingestuft (Abbildung A5 im Anhang).

Aus der Nister wurden zwischen 2020 und 2023 insgesamt 92 juvenile Lachse untersucht. Im Jahr 2021 konnten alle untersuchten Individuen Besatzelterntieren zugeordnet werden. Für 2022 wurden 91%, für 2023 96% der untersuchten Tiere als Besatznachkommen identifiziert (Abbildung 6).

3.5.2 Oberrhein

Für Speyerbach (N = 116) und Wieslauter (N = 43) ergaben sich nur einzelne juvenile Lachse ohne Zuordnung zu bekannten Elterntieren (Abbildung 6, Abbildung A6 im Anhang).

Im Kinzigssystem wurden zwischen 2020 und 2025 insgesamt 742 juvenile Lachse untersucht. Sämtliche Individuen konnten Besatzmaßnahmen zugeordnet werden.

Auch in Alb (N = 4), Murg (N = 9) und Kleinem Bodensee (N = 3) wurden keine nicht zuordenbaren juvenilen Lachse festgestellt.

3.6 Besatzexperimente Baden-Württemberg

Die Ergebnisse der Besatzexperimente sind in Tabelle 1 dargestellt. Zwischen 2020 und 2024 wurden in sechs baden-württembergischen Untersuchungsgewässern insgesamt elf genetisch begleitete Besatzmaßnahmen durchgeführt. Dabei wurden die Faktoren genetische Herkunft (N = 4), Filialgeneration (N = 2), Aufzuchtanlage (N = 3), Besatzstadium (N = 5) und Besatzzeitpunkt (N = 4) miteinander verglichen. Die Zuordnung der bei den Kontrollbefischungen nachgewiesenen Lachse zu den jeweiligen Besatzchargen erfolgte mittels Elternschaftsanalyse.

Zur Analyse der Einflussfaktoren auf die Wiederfangquote wurde ein lineares Modell mit den Faktoren genetische Herkunft, Filialgeneration, Besatzmonat, Aufzuchtanlage, Besatzort (vergl. Abbildung A2 im Anhang) und Besatzjahr berechnet. Das Modell war insgesamt signifikant ($p = 0,035$) und erklärte einen wesentlichen Teil der Variation der Wiederfangquote ($R^2 = 0,67$; adj. $R^2 = 0,40$). Signifikante Effekte ergaben sich für die Faktoren genetische Herkunft (zugunsten Allier-Herkunft) und Besatzort. Für Filialgeneration, Besatzjahr, Aufzuchtanlage und Besatzmonat ergaben sich keine signifikanten Effekte.

Die Ergebnisse der direkt vergleichbaren Besatzexperimente sind in Tabelle 2 zusammengefasst. In vier Vergleichen zur genetischen Herkunft erzielten zwei Versuche höhere Wiederfangquoten für Nachkommen von Allier-Rückkehrern und zwei Versuche höhere Wiederfangquoten für Nachkommen von Rhein-Rückkehrern. In zwei Vergleichen zur Filialgeneration wies jeweils einmal die F1- und einmal die F2-Generation die höhere Wiederfangquote auf.

Von fünf Vergleichen zum Besatzstadium erzielten Brütlinge in vier Fällen die höchste relative Wiederfangquote, Augenpunkteier in einem Fall und Sommer-Parrs in keinem Fall. In vier Vergleichen zum Besatzzeitpunkt innerhalb der Parr-Versuche erzielte der spätere Besatztermin in drei Fällen höhere Wiederfangquoten als der frühere Besatz. Bei den drei Vergleichen zwischen Aufzuchtanlagen wurden zweimal höhere Wiederfangquoten für Tiere aus Wolftal und einmal für Tiere aus Obenheim ermittelt.

Tabelle 1: Ergebnisse der in den Jahren 2020 bis 2024 in den baden-württembergischen Programmgewässern durchgeführten Besatzexperimente. SMÄ = Smoltäquivalent, TL = Totallänge, S oe = Augenpunkteier, S bu = Brut unangefüttert, S bf = Brut angefüttert; S p = Lachsparr

Besatz-ort	Besatz-jahr	Datum Besatz	Besatz-stadium	Herkunft	N Besatz	SMÄ	Datum Befischung	N Wiederfang	TL [cm]	relative Rückfang- quote
Gengenbach	2020	28.04.2000	S bf	Allier F2 - Wolftal	11.000	550	15.10.2020	43	9,1	7,82
		15.07.2020	S p	Rhein F2 - Wolftal	9.300	1.550		60	9,1	3,87
	2021	11.06.2021	S p	Allier F2 - Obenheim	10.000	1.667	19.11.2021	6	11,6	0,36
		26.08.2021	S p	Allier F2 - Obenheim	7.900	1.317		81	8,5	6,15
Biberach	2020	28.04.2020	S bf	Allier F2 - Obenheim	11360	568	21.10.2020	2	9,5	0,35
		14.07.2020	S p	Rhein F2 Wolftal	8840	1473		102	9,2	6,92
	2021	04.06.2021	S p	Allier F2 - Obenheim	10.000	1667	13.11.2021	18	13,6	1,08
		28.06.2021	S p	Allier F2 - Obenheim	10.000	1667		6	11,1	0,36
	2024	28.05.2024	S bf	Rhein-F2 Wolftal	23.290	1.165	12.11.2024	18	11,0	1,55
		27.06.2024	S p	Rhein-F2 Wolftal	21.400	3.567		6	10,3	0,17
Berghaupten	2021	09.06.2021	S p	Rhein-F2 Wolftal	7.735	1.289	21.09.2021	3	9,7	0,23
		10.06.2021	S p	Rhein-F1 Obenheim	14.650	2.442		2	13,4	0,08
		20.08.2021	S p	Allier-F2 Obenheim	5.850	975		25	9,0	2,56
Halbmeil	2021	10.06.2021	S p	Allier F2 - Obenheim	13.900	2.316	22.11.2021	31	11,5	1,34
		10.06.2021	S p	Rhein F1 - Obenheim	6.550	1.092		17	8,4	1,56
		20.08.2021	S p	Allier F2 - Obenheim	7.500	1.250		41	12,9	3,28
Schiltach	2021	04.06.2021	S p	Allier F2 - Obenheim	4000	667	23.11.2021 / 22.02.2023	48/8	12,1/17,5	8,40
		20.08.2021	S p	Allier F2 - Obenheim	5000	833		50/23	7,5/17	8,76
		01.03.2021	S oe	Rhein-F2 Wolftal	5000	83		1/3	9,3/18,5	4,82
		23.07.2021	S p	Rhein-F2 Wolftal	1908	318		0/0		0,00
	2023	28.03.2023	S bu	Rhein-F2 Wolftal	14.047	351	15.02.2024 / 07.03.2025	2/0		0,57
		23.05.2023	S bf	Rhein-F2 Wolftal	12.640	632		14/1	13,5/19	2,37
		11.07.2023	S p	Rhein-F2 Wolftal	11.433	1.906		20/10	9,5/16	1,57
	2024	28.05.2024	S bf	Rhein-F2 Wolftal	14.120	706	15.02.2024	8	9,6	1,13
		25.07.2024	S p	Rhein-F2 Wolftal	12.000	2.000		4	9,5	0,20
Alb	2024	28.06.2024	S p	Rhein-F2 Obenheim	2.500	417	11.11.2024	32	9,30	7,67
		28.06.2024	S p	Allier-F2 Obenheim	2.500	417		30	9,80	7,19

Tabelle 2: Zusammenführung der Ergebnisse der direkt vergleichbaren Besatzexperimente in Baden-Württemberg. Die Chargen, für welche eine höhere relative Überlebensrate ermittelt wurde, sind fett dargestellt.

	N	Charge 1	Charge 2	Charge 3
Experimente				
genetische Herkunft	4	Allier- Rückkehrer	Rhein- Rückkehrer	
		2	2	
		F1	F2	
Filialgeneration	2	1	1	
Aufzuchtanlage	3	Wolftal	Obenheim	
		2	1	
Besatzstadium	5	Eier	Brütlinge	Parrs
		1	4	0
Besatzzeitpunkt (für Parrs)	4	früh	spät	
		1	3	

3.7 Sonderuntersuchungen

Im Projektverlauf entwickelten sich immer wieder spezielle Fragenstellungen, welche mit Möglichkeiten der genetischen Analysen untersucht wurden. Die Methoden und Ergebnisse werden im Anhang detailliert dargestellt.

3.7.1 Hybride

Im Rahmen genetischer Zusatzanalysen wurden Individuen mit Hinweisen auf Hybridisierung zwischen Atlantischem Lachs (*Salmo salar*) und Forelle (*Salmo trutta*) untersucht. Mittels kombinierter Sequenz- und RFLP-Analysen konnten hybride Individuen nachgewiesen werden. Die angewandte Methode ist im Anhang B-4 dargestellt.

3.7.2 Museumsproben

Von 20 historischen Museumsproben aus dem Rheindelta konnten bei zwei Individuen vollständige Mikrosatellitenprofile erstellt werden. Eine Probe aus dem Jahr 1869 wurde eindeutig einer französischen Herkunft zugeordnet. Die zweite Probe konnte keiner Referenzpopulation eindeutig zugewiesen werden. Die Ergebnisse sind in Anhang B-5 dargestellt.

3.7.3 Skjern-Å-Besatz

Im Projektverlauf wurde eine teilweise Umstellung des Besatzstammes in Mittel- und Niederrhein vollzogen. Um Tiere aus diesen Besatzmaßnahmen identifizieren zu können wurde mit Besatzlachsen aus dem eingesetzten Skjern-Stamm (Jahrgänge 2023 (N = 100) und 2024 (N = 80)) eine aktuelle Referenz erstellt.

In beiden untersuchten Jahrgängen wurden jeweils rund 65% der Proben der Referenzpopulation Skjern Å zugeordnet, etwa 10% irischen Referenzen und rund 20% keiner Referenzpopulation eindeutig zugewiesen. Diese Ergebnisse werden in Anhang B-1 dargestellt und diskutiert.

3.7.4 Erweiterte genetische Monitoringmethoden

Im Rahmen von Machbarkeitsstudien konnte Lachs-DNA in Wasserproben [environmental DNA (eDNA)] nachgewiesen sowie DNA aus Schleimhautabstrichen, Tupferproben und Schuppenmaterial erfolgreich extrahiert und analysiert werden. Weitergehende Informationen zu Methodik und Anwendbarkeit finden sich im Anhang B-2.

4. Diskussion

4.1 Genetische Diversität der Lebendfischhaltungen

Die Ergebnisse zeigen deutliche Unterschiede in der genetischen Diversität der im Rheinprogramm eingesetzten genetischen Herkünfte. Die auf dem schwedischen Ätran-Stamm basierenden Linien wiesen durchgehend höhere Werte der erwarteten Heterozygotie, Allelic Richness und mittleren Allelzahl pro Locus auf als die Loire/Allier-basierten Linien. Dieses Muster spricht für Unterschiede in der Gründungsgeschichte, der effektiven Populationsgröße oder im langfristigen Reproduktionsmanagement der jeweiligen Linien.

Die geringeren Diversitätswerte der Loire/Allier-basierten Linien könnten auf historische Flaschenhälse, eine kleinere Gründerbasis oder stärkere Driftprozesse zurückzuführen sein. Gleichzeitig lagen die FIS-Werte in den meisten Populationen nahe Null, sodass sich keine Hinweise auf eine flächendeckende Inzuchtproblematik ergaben. Einzelne erhöhte Werte in bestimmten Jahrgängen deuten jedoch darauf hin, dass einzelne Elterntiere einen überproportionalen Beitrag zur Nachkommenschaft geleistet haben oder dass in einzelnen Jahrgängen nur wenige, teilweise miteinander verwandte Elterntiere zur Reproduktion beigetragen haben.

Für das Besatzmanagement ist relevant, dass genetische Diversität eine wichtige Voraussetzung für Anpassungsfähigkeit darstellt, jedoch nicht allein über die Eignung einer Linie entscheidet. Neben allgemeiner Variabilität sind auch funktionelle Merkmale wie Wanderverhalten, Rückkehrzeitpunkt, Temperaturleranz oder Reproduktionserfolg im jeweiligen Flusssystem entscheidend. Die Planung der zukünftigen Besatzfischgewinnung sollte daher sowohl die Erhaltung genetischer Vielfalt als auch die biologische Eignung der eingesetzten Linien berücksichtigen.

Prioritär erscheinen eine möglichst hohe effektive Populationsgröße, die Vermeidung eines überproportionalen Fortpflanzungsbeitrags einzelner oder miteinander verwandter Elterntiere, die individuelle Erfassung sämtlicher Laichtiere sowie eine pedigree-basierte, d. h. die Verwandtschaft der Elterntiere berücksichtigende Paarungsplanung. Ergänzend kann die Kryokonservierung von Sperma erfolgreicher Rheintrückkehrer dazu beitragen, genetische Variation langfristig zu sichern und unterrepräsentierte Linien gezielt zu erhalten. Neue Testherkünfte wie Skjern Å sollten weiterhin nur wissenschaftlich begleitet und mit langfristigem Monitoring eingesetzt werden.

4.2 Herkunftszuweisungen rückkehrender Lachse

Die genetischen Herkunftszuweisungen spiegeln die regionale Besatzhistorie des Rheinsystems deutlich wider. Im Oberrhein dominierten Tiere der Herkunft Loire/Allier, während im Mittel- und Niederrhein überwiegend skandinavische Herkünfte nachgewiesen wurden. Dies zeigt, dass die lokal eingesetzten Besatzlinien auch nach Jahren noch in den Rückkehrerbeständen erkennbar sind.

Im Oberrhein bestätigt der hohe Anteil von Loire/Allier-Zuweisungen die Bedeutung dieser Linie für den dortigen Rückkehrerbestand. Da diese Herkunft genetisch vergleichsweise klar von nordwesteuropäischen Referenzen abgegrenzt ist, sind entsprechende Zuordnungen als robust einzuschätzen. Einzelne skandinavisch zugeordnete Tiere im Oberrhein sind wahrscheinlich als Streuner zu interpretieren.

Im Mittel- und Niederrhein dominierten Ätran-basierte Linien. Dies entspricht der dortigen Besatzhistorie. Zuordnungen zu weiteren skandinavischen und irischen Referenzen sind dagegen vorsichtiger zu interpretieren, da diese Populationen genetisch weniger klar voneinander abgrenzbar sind. Der hohe Anteil nicht eindeutig zuordenbarer Rückkehrer im Mittelrhein weist zudem darauf hin, dass Referenzdatenbanken regelmäßig aktualisiert und um aktuelle Genbank- und Rückkehrerbestände ergänzt werden sollten.

Die Ergebnisse aus dem Rheindelta zeigen, dass dort Lachse unterschiedlicher Herkunft zusammentreffen. Dies entspricht der Funktion des Deltas als gemeinsamer Wanderkorridor. Der hohe Anteil nicht zuordenbarer Individuen in einzelnen Delta-Bereichen deutet jedoch auf methodische Grenzen der aktuellen Referenzbasis oder auf genetisch gemischte Individuen hin.

4.3 Elternschaftszuweisungen und Bewertung von Besatzfischanteilen

Die Elternschaftsanalysen erwiesen sich als besonders leistungsfähiges Werkzeug zur Bewertung von Besatzmaßnahmen. Die Methodvalidierung zeigte eine sehr hohe Zuverlässigkeit der Zuordnungen, sofern die relevanten Elterntiere vollständig genetisch erfasst waren.

Im Oberrhein konnten Rückkehrer aus deutschen, französischen und schweizerischen Besatzprogrammen identifiziert werden. Dies unterstreicht den internationalen Charakter des Rheinlachsprogramms. Der vergleichsweise hohe Beitrag des Kinzigsystems deutet auf eine wichtige Rolle dieses Gewässers innerhalb des Oberrheinprogramms hin.

Eine direkte Bewertung der Eignung einzelner Gewässer als Wiederansiedlungsgewässer ist jedoch nur eingeschränkt möglich, solange Besatzmengen, Fangwahrscheinlichkeiten und standörtliche Unterschiede nicht vollständig berücksichtigt werden.

Im Mittel- und Niederrhein spiegeln die Elternschaftszuweisungen die Bewirtschaftungsstruktur des regionalen Besatzprogramms wider. Die zunehmende Dominanz der Zuchtanlage Albaum in späteren Fangjahren entspricht auch hier Besatzhistorie und der zeitweisen Aussetzung direkter Besatzmaßnahmen im Sieg-System. Der Rückgang nicht zuordenbarer Individuen in einzelnen Jahren zeigt zugleich, dass eine vollständige Elterntierbeprobung die Aussagekraft der Methode deutlich verbessert.

Das Rheindelta erwies sich als geeigneter überregionaler Kontrollraum, da dort Rückkehrer aus unterschiedlichen Programmgebieten nachgewiesen wurden. Die Delta-Proben können daher ergänzende Informationen über relative Beiträge verschiedener Besatzregionen liefern.

4.4 Aussagekraft genetischer Methoden

Die im Projekt eingesetzten genetischen Methoden erweitern klassische Monitoringansätze erheblich. Während Fangzahlen, Sichtbeobachtungen oder Elektrofischungen vor allem Vorkommen und Häufigkeiten abbilden, ermöglichen genetische Verfahren Aussagen zu Herkunft, Verwandtschaft, Besatzfischanteil, Naturreproduktion und genetischer Vielfalt.

Die größte Stärke liegt dabei in der Analyse robuster Muster auf Populationsebene. Die klare Trennung zwischen Loire/Allier-dominierten Oberrhein-Rückkehrern und überwiegend skandinavisch geprägten Mittel- und Niederrhein-Rückkehrern ist belastbarer als einzelne Zuordnungen zu spezifischen Referenzflüssen. Ebenso liefern Elternschaftsanalysen besonders dann verlässliche Ergebnisse, wenn die Datenbasis der eingesetzten Elterntiere vollständig ist.

Gleichzeitig beruhen Herkunftszuweisungen auf Wahrscheinlichkeiten und sind von der Qualität der Referenzdaten abhängig. Eng verwandte Populationen (siehe Anhang B-1), unvollständige Referenzdatensätze und genetisch veränderte Zuchtlinien können die Trennschärfe verringern. Auch bei der Bewertung natürlicher Reproduktion ist Vorsicht geboten: Fehlen Besatzelterntiere in der Datenbank, können Nachkommen fälschlich als Naturbrut erscheinen; bei hoher Verwandtschaft innerhalb von Besatzlinien kann Naturverlaichung dagegen unterschätzt werden.

Insgesamt besitzen die eingesetzten genetischen Verfahren eine hohe praktische Aussagekraft, sofern ihre Grenzen berücksichtigt und die Ergebnisse im Kontext der jeweiligen Besatzhistorie interpretiert werden.

4.5 Naturverlaichung

Die genetischen Analysen juveniler Lachse zeigen, dass natürliche Reproduktion im deutschen Rheinsystem im Untersuchungszeitraum nachweisbar war, insgesamt jedoch nur eine untergeordnete Rolle spielte. In den meisten Gewässern dominierten eindeutig Nachkommen aus Besatzmaßnahmen.

Die deutlichsten Hinweise auf natürliche Reproduktion ergaben sich in der Agger. Dort erscheint ein Anteil von etwa 5% Naturbrut im Zeitraum 2020 bis 2022 plausibel. Auch in der Nister ergaben sich Hinweise auf natürliche Reproduktion, jedoch weniger konsistent und bei geringerer Stichprobengröße. Für viele andere Gewässer lagen entweder nur sehr geringe Stichproben vor oder nahezu alle juvenilen Lachse konnten Besatzmaßnahmen zugeordnet werden.

Besonders im Kinzigssystem spricht die vollständige Zuordnung aller untersuchten juvenilen Lachse zu Besatzmaßnahmen dafür, dass natürliche Reproduktion im Untersuchungszeitraum keine erkennbare Bedeutung hatte. Aufgrund der großen Stichprobe besitzt dieser Befund eine vergleichsweise hohe Aussagekraft.

Die Ergebnisse verdeutlichen, dass die Etablierung selbsttragender Populationen im Untersuchungszeitraum weiterhin nicht erreicht war. Dabei ist zu berücksichtigen, dass das GeMoLaR-Projekt in eine Phase außergewöhnlich niedriger Rückkehrerzahlen fiel. Da die Zahl natürlich erzeugter Junglachse unmittelbar von der Anzahl erfolgreich zurückkehrender Laichfische abhängt, waren die Voraussetzungen für natürliche Reproduktion während der Projektlaufzeit ungünstig. Aus den Rückkehrerstatistiken der IKSР ist bekannt, dass in Jahren mit deutlich höheren Rückkehrerzahlen auch Hinweise auf eine wesentlich stärkere natürliche Reproduktion vorlagen. Die im Projekt festgestellten geringen Anteile an Naturbrut spiegeln daher wahrscheinlich sowohl die generell noch unvollständige Wiederansiedlung als auch die außergewöhnlich geringe Zahl an Laichfischen im Untersuchungszeitraum wider. Für belastbare Aussagen zur langfristigen Entwicklung der natürlichen Reproduktion ist daher ein kontinuierliches genetisches Monitoring über mehrere Rückkehrergenerationen erforderlich.

4.6 Besatzexperimente

Die Besatzexperimente in Baden-Württemberg zeigen, dass der Besatzerfolg von mehreren Faktoren beeinflusst wird. Im statistischen Gesamtmodell waren insbesondere Besatzort und genetische Herkunft mit der Wiederfangquote assoziiert. Die Bedeutung des Besatzortes weist darauf hin, dass lokale Umweltbedingungen wie Habitatstruktur, Temperaturregime, Abfluss,

Nahrungssituation, Konkurrenz oder Prädation erheblichen Einfluss auf Überleben und Wiederfang haben können.

Der Effekt der genetischen Herkunft war im Gesamtmodell nachweisbar, zeigte sich in den direkt vergleichbaren Einzelversuchen jedoch nicht konsistent. Daraus lässt sich keine generelle Überlegenheit einer Herkunftslinie ableiten.

Vielmehr dürften Herkunftseffekte stark durch Standortbedingungen und wechselnde Umweltfaktoren überlagert werden.

Deutlicher waren die Ergebnisse der Direktvergleiche zum Besatzstadium. Brütlinge erzielten in vier von fünf Vergleichen die höchsten Wiederfangquoten, während Parrs in keinem Vergleich überlegen waren. Auch beim Besatzzeitpunkt zeigten spätere Parr-Besatztermine häufiger höhere Wiederfangquoten als frühe Termine. Diese Befunde sprechen dafür, dass operative Faktoren wie Entwicklungsstadium und Besatzzeitpunkt für die Optimierung zukünftiger Maßnahmen besonders relevant sind.

Die Ergebnisse sollten jedoch vorsichtig interpretiert werden, da es sich um Feldversuche mit begrenzter Replikation und nicht vollständig balanciertem Design handelt. Wiederfangquoten sind zudem kein direkter Überlebensnachweis, sondern hängen auch von Fangwahrscheinlichkeit, Abwanderung und Zeitpunkt der Kontrollbefischung ab.

4.7 Sonderuntersuchungen und erweiterte Monitoringmethoden

Die Zusatzuntersuchungen zu Hybriden zeigten, dass deren sichere Detektion methodisch anspruchsvoll ist. Einzelne Marker reichen hierfür nicht aus; vielmehr ist eine Kombination verschiedener genetischer Verfahren erforderlich. Für ein routinemäßiges Hybridmonitoring wäre daher ein standardisiertes, mehrstufiges Verfahren sinnvoll.

Die Analyse historischer Museumsproben lieferte erste Hinweise auf die genetische Herkunft einzelner im 19. Jahrhundert im Rheindelta gefangener Lachse. Aufgrund der sehr kleinen Zahl erfolgreich analysierter Proben lassen sich daraus jedoch keine belastbaren Aussagen zur ursprünglichen genetischen Zusammensetzung der Rheinlachspopulation ableiten.

Die Untersuchungen der Skjern-Å-Besatztiere im Sieggebiet verdeutlicht, dass neue Herkünfte genetisch begleitet werden müssen. Die Zuordnung der Referenztiere zeigte, dass auch bei bekannter Herkunft nicht alle Individuen eindeutig der entsprechenden Referenzpopulation zugewiesen werden. Dies unterstreicht erneut die begrenzte Trennschärfe innerhalb nordwesteuropäischer Lachsbestände. Elternschaftsanalysen wären hier geeigneter als populationsgenetische Analysen.

Die Machbarkeitsstudien zu eDNA, Schleimhautabstrichen und Schuppenproben zeigen, dass zukünftiges genetisches Monitoring durch ergänzende Proben- und Nachweismethoden erweitert werden kann. eDNA eignet sich insbesondere für Artnachweise, während individuelle Gewebe-, Abstrich- oder Schuppenproben für Herkunfts- und Verwandtschaftsanalysen erforderlich bleiben.

4.8 Grenzen der Studie

Trotz der großen Datengrundlage bestehen mehrere Einschränkungen. Die Aussagekraft der Analysen zum Wiederansiedlungserfolg hing in hohem Maße von der Verfügbarkeit genetischer Proben rückkehrender Lachse ab. Da die Rückkehrerzahlen im Rheinsystem seit 2018 außergewöhnlich niedrig waren, standen während der Projektlaufzeit deutlich weniger adulte Lachse für genetische Untersuchungen zur Verfügung als ursprünglich erwartet. Dadurch war die statistische Belastbarkeit einzelner Auswertungen, insbesondere auf Ebene einzelner Gewässer oder Besatzmaßnahmen, eingeschränkt. Es ist davon auszugehen, dass das Projekt damit ein für die Bewertung der natürlichen Reproduktion und des Wiederansiedlungserfolgs ungünstiges Zeitfenster erfasste.

Darüber hinaus war die Probenbasis räumlich und zeitlich heterogen. Während für Gewässer wie Agger, Sieg und Kinzig große Stichproben vorlagen, waren andere Gewässer nur durch wenige Proben vertreten. Dadurch sind Vergleiche zwischen Gewässern nur eingeschränkt möglich.

Auch die Herkunftszuweisungen sind von der Vollständigkeit und Differenzierung der Referenzdaten abhängig. Besonders zwischen skandinavischen und irischen Referenzpopulationen war die Trennschärfe begrenzt. Zuordnungen auf Ebene größerer Herkunftsgruppen sind daher belastbarer als exakte Zuweisungen zu einzelnen Flüssen oder Stämmen.

Für Elternschaftsanalysen und Naturverlaichungsabschätzungen ist die vollständige Erfassung aller Besatzelterntiere entscheidend. Fehlende Elterndaten können zu einer Überschätzung natürlicher Reproduktion führen, während hohe Verwandtschaft innerhalb von Zuchtlinien zu einer Unterschätzung führen kann.

Die Besatzexperimente waren Feldversuche unter natürlichen Bedingungen. Nicht alle Einflussfaktoren konnten vollständig kontrolliert oder balanciert werden. Daher sollten die Ergebnisse als Hinweise auf relevante Managementfaktoren verstanden werden, nicht als abschließender Nachweis kausaler Zusammenhänge.

Schließlich erfassen die verwendeten Diversitätsparameter vor allem neutrale genetische Variation. Aussagen zu adaptiven Merkmalen wie Temperaturtoleranz, Krankheitsresistenz oder Wanderverhalten sind daraus nicht ableitbar.

4.9 Zusammenfassende Bewertung

Die Ergebnisse zeigen, dass genetisches Monitoring einen zentralen Beitrag zur Bewertung der Wiederansiedlung des Atlantischen Lachses im Rheinsystem leistet. Rückkehrende adulte Lachse konnten Besatzlinien zugeordnet, Anteile einzelner Genbanken und Gewässer am Rückkehreraufkommen rekonstruiert sowie Anteile natürlicher Reproduktion abgeschätzt werden.

Gleichzeitig wird deutlich, dass das Rheinlachsprogramm weiterhin stark auf Besatzmaßnahmen angewiesen ist und selbsttragende Populationen bislang nur in sehr begrenztem Umfang erkennbar sind.

5. Schlussfolgerungen und Empfehlungen

5.1 Erfüllung der Projektziele

Die im Projektantrag formulierten Zielsetzungen wurden im Rahmen des Projekts GeMoLaR in wesentlichen Teilen erreicht. Insbesondere konnte erstmals ein grenzüberschreitendes, großräumiges genetisches Monitoring für den Atlantischen Lachs im Rheinsystem etabliert werden. Dadurch wurden zentrale Wissenslücken zu Herkunft, Besatzfischanteil, natürlicher Reproduktion und zur Wirksamkeit unterschiedlicher Besatzstrategien deutlich reduziert.

Aufbau eines flächendeckenden genetischen Monitorings

Ein zentrales Anliegen des Antrags war die Etablierung eines koordinierten genetischen Monitorings über Länder- und Programmgrenzen hinweg. Dieses Ziel wurde in hohem Maße erfüllt. Im Projektverlauf wurden insgesamt mehr als 15.000 Proben genetisch analysiert, darunter Elterntiere aus Zuchten, juvenile Lachse, Smolts sowie rückkehrende adulte Tiere. Zusätzlich wurden Datensätze aus Frankreich und der Schweiz integriert. Damit entstand erstmals eine gemeinsame Datengrundlage zur Bewertung des Rheinlachsprogramms auf Ebene des gesamten Einzugsgebietes.

Ziel 1: Bewertung der Eignung verschiedener Lachsherkünfte

Die Frage, welche genetischen Herkünfte für verschiedene Rheinabschnitte besonders geeignet sind, konnte teilweise beantwortet werden. Die Herkunftsanalysen zeigten klare räumliche Muster: Im Oberrhein dominierten Rückkehrer der Linie Loire/Allier, während im Mittel- und Niederrhein überwiegend skandinavische Herkünfte (insbesondere Ätran/DCV) nachgewiesen wurden. Dies spricht dafür, dass die regional differenzierte Besatzstrategie grundsätzlich funktioniert.

Eine abschließende Bewertung der „bestgeeigneten“ Linie ist jedoch nur eingeschränkt möglich, da Rückkehrerzahlen allein nicht alle Fitnesskomponenten abbilden. Aussagen zu langfristiger Anpassung, natürlicher Reproduktion oder marinem Überleben bleiben begrenzt. Das Ziel wurde daher teilweise bis überwiegend erfüllt.

Ziel 2: Quantifizierung natürlicher Reproduktion

Dieses Ziel wurde weitgehend erreicht. Durch genetische Elternschaftsanalysen konnte bei juvenilen Lachsen erstmals systematisch unterschieden werden, ob Tiere aus Besatzmaßnahmen stammen oder potenziell natürlich reproduziert wurden. Die Ergebnisse zeigten, dass Naturverlaichung im Rheinsystem nachweisbar ist, insgesamt jedoch nur einen

geringen Anteil ausmacht. Besonders in der Agger ergaben sich belastbare Hinweise auf kontinuierliche Eigenreproduktion aus niedrigem Niveau. In den anderen Gewässern dominierten Besatznachkommen noch deutlicher.

Damit konnte die zentrale Frage nach dem Anteil natürlichen Aufkommens wesentlich besser beantwortet werden als zuvor.

Ziel 3: Evaluierung von Besatzstrategien

Auch dieses Ziel wurde in hohem Maße umgesetzt. Durch genetisch begleitete Besatzexperimente in Baden-Württemberg sowie durch Rückkehrerzuordnungen konnten unterschiedliche Strategien direkt verglichen werden. Untersucht wurden unter anderem Besatzstadium, Besatzzeitpunkt, genetische Herkunft, Filialgeneration und Aufzuchtanlage.

Die Ergebnisse zeigten insbesondere Vorteile bestimmter Besatzstadien (häufig Brütlinge) sowie teils günstige Effekte späterer Besatztermine. Gleichzeitig wurde deutlich, dass lokale Standortbedingungen einen sehr starken Einfluss auf den Erfolg besitzen. Damit liegen erstmals belastbare Grundlagen für eine evidenzbasierte Optimierung zukünftiger Besatzmaßnahmen vor.

Leider konnten in den Zuchtanlagen des Mittel- und Niederrheins, abweichend von den ursprünglichen Planungen im Projektantrag, keine genetisch unterscheidbaren Chargen gebildet werden, die eine spätere Identifizierung und Bewertung einzelner Besatzmaßnahmen ermöglicht hätten. Darüber hinaus lagen die Besatzprotokolle nicht in der hierfür erforderlichen Detailtiefe vor. Aus diesem Grund konnten für diese Bereiche des Rheingebiets keine belastbaren Bewertungen der angewandten Besatzstrategien vorgenommen werden.

Weitere Zielerreichung: Verbesserung der Zusammenarbeit

Der Antrag betonte die Notwendigkeit einer besseren Koordination zwischen den beteiligten Akteuren. Auch dieses Ziel wurde weitgehend erreicht. Das Projekt führte Daten, Proben und Fachwissen aus mehreren Bundesländern sowie von internationalen Partnern zusammen und schuf gemeinsame Standards für Probennahme, Genotypisierung und Datenauswertung.

Erstellung eines Leitfadens zur Übertragung der Projektergebnisse

Ein zentrales Ziel des Vorhabens war es, die im Projekt gewonnenen Erkenntnisse nicht nur wissenschaftlich auszuwerten, sondern auch für die praktische Umsetzung von Besatz- und Monitoringmaßnahmen nutzbar zu machen. Die im Projekt GeMoLaR gesammelten Erfahrungen haben gezeigt, dass insbesondere die Koordination zwischen verschiedenen Akteuren, Bundesländern und nationalen Ebenen eine entscheidende Voraussetzung für den Erfolg von Wiederansiedlungsmaßnahmen beim Atlantischen Lachs ist. Gleichzeitig besteht

in der Praxis ein hoher Bedarf an standardisierten Vorgehensweisen, etwa bei der Probenahme, Datenverarbeitung und genetischen Analyse, um die Vergleichbarkeit von Ergebnissen sicherzustellen.

Vor diesem Hintergrund wurde die Erstellung eines Leitfadens als wesentliches Instrument zur Wissensübertragung und Verstetigung der Projektergebnisse angesehen. Ziel war es, die im Projekt entwickelten Methoden, organisatorischen Abläufe und bewährten Praktiken strukturiert aufzubereiten und für zukünftige Projekte zugänglich zu machen. Dadurch soll es ermöglicht werden, ähnliche Vorhaben effizient zu planen, umzusetzen und weiterzuentwickeln.

Im Verlauf des Projektes wurde ein entsprechender Leitfaden erarbeitet, der die zentralen Erfahrungen und Empfehlungen zusammenfasst. Dieser richtet sich insbesondere an Behörden, Forschungseinrichtungen, Zuchtbetriebe sowie weitere Akteure im Bereich Fischerei und Naturschutz. Neben methodischen Aspekten werden auch organisatorische und kooperative Anforderungen an ein bundesländer- und grenzübergreifendes Monitoring dargestellt.

Der Leitfaden wurde im Rahmen des Abschlusses des Vorhabens fertiggestellt und ist diesem Bericht als Anhang C beigelegt. Darüber hinaus ist vorgesehen, ihn interessierten Institutionen zur Verfügung zu stellen, um eine möglichst breite Anwendung der Projektergebnisse in der Praxis zu unterstützen.

Gesamtbewertung

Zusammenfassend wurden die im Antrag formulierten Ziele überwiegend bis weitgehend erfüllt. Besonders erfolgreich war der Aufbau einer gemeinsamen genetischen Monitoringstruktur sowie die erstmalige systematische Bewertung von Besatzfischanteilen und Naturverlaichung. Teilweise offen bleiben langfristige Fragen zur optimalen Herkunftswahl, zur Selbsttragfähigkeit der Populationen sowie zu klima- und habitatbedingten Zukunftsrisiken. Das Projekt hat hierfür jedoch eine belastbare wissenschaftliche Grundlage geschaffen.

Die mehrjährige Probenlogistik, Laboranalytik, Datensicherung, länderübergreifende Koordination sowie wissenschaftliche Auswertung wären ohne Bundesförderung nicht in vergleichbarer Tiefe, räumlicher Breite und Qualität realisierbar gewesen.

5.2 Bewertung des Wiederansiedlungserfolgs

Die Wiederansiedlung des Atlantischen Lachses im Rheinsystem ist insgesamt als noch unvollständiger Erfolg zu bewerten. Einerseits belegen die untersuchten Rückkehrer, dass

adulte Lachse wieder regelmäßig in verschiedene Teilräume des Rheinsystems aufsteigen. Andererseits zeigen die Analysen juveniler Fische, dass sich selbsttragende Populationen mit regelmäßiger natürlicher Reproduktion bislang nur in Ansätzen etabliert haben.

Die genetischen Herkunftsanalysen stimmen weitgehend mit den regionalen Besatzstrategien überein. Dies zeigt, dass die eingesetzten Besatzmaßnahmen grundsätzlich zur Produktion rückkehrender adulter Fische beitragen. Gleichzeitig weisen einzelne Streuner und nicht eindeutig zuordenbare Individuen auf natürliche Wanderbewegungen, methodische Grenzen sowie genetische Austauschprozesse zwischen Teilgebieten hin.

Der entscheidende Maßstab für einen langfristigen Wiederansiedlungserfolg ist jedoch nicht allein die Rückkehr adulter Lachse, sondern die Etablierung einer dauerhaften natürlichen Reproduktion. Diese konnte im Untersuchungszeitraum nur in begrenztem Umfang nachgewiesen werden. Besonders in der Agger ergaben sich Hinweise auf eine kontinuierliche, wenn auch geringe Eigenreproduktion. In den meisten übrigen Gewässern dominierten dagegen eindeutig Besatznachkommen.

Bei der Bewertung dieser Ergebnisse ist zu berücksichtigen, dass das GeMoLaR-Projekt in einen Zeitraum mit historisch niedrigen Rückkehrerzahlen fiel. Seit 2018 sind die Rückkehrerzahlen trotz weitgehend unveränderter Besatzaktivitäten deutlich zurückgegangen. Da die natürliche Reproduktion unmittelbar von der Zahl erfolgreich zurückkehrender Laichfische abhängt, waren die Voraussetzungen für den Aufbau selbsttragender Populationen während der Projektlaufzeit ungünstig. Die Rückkehrerstatistiken der IKSr zeigen, dass in Jahren mit höheren Rückkehrerzahlen auch deutlich häufiger natürliche Reproduktion nachgewiesen wurde. Hinzu kamen in mehreren Jahren sehr niedrige Wasserstände im Rhein während der Laichwanderung, wodurch der Aufstieg in zahlreiche Nebengewässer zusätzlich erschwert wurde.

Die aktuelle Entwicklung macht deutlich, dass die Wiederansiedlung des Atlantischen Lachses weiterhin vor erheblichen Herausforderungen steht. Neben der Verbesserung der Reproduktionsbedingungen in den Nebengewässern müssen auch die Ursachen des in den letzten Jahren beobachteten Rückgangs der Rückkehrerzahlen berücksichtigt werden. Hierzu zählen insbesondere die Auswirkungen des Klimawandels, zunehmende Niedrigwasserereignisse, ein steigender Prädationsdruck sowie weiterhin bestehende Defizite bei der ökologischen Durchgängigkeit und Gewässerentwicklung. Langfristig wird der Erfolg des Rheinlachsprogramms davon abhängen, ob diese Belastungsfaktoren reduziert werden können und sich dadurch sowohl die Zahl der Rückkehrer als auch die natürliche Reproduktion nachhaltig erhöhen.

5.3 Empfehlungen für das Besatzmanagement

Die Ergebnisse zeigen, dass Besatzmaßnahmen auch künftig eine zentrale Rolle für den Erhalt und die Entwicklung der Lachsbestände im Rheinsystem spielen werden. Gleichzeitig sollte das Besatzmanagement noch stärker genetisch fundiert, datenbasiert und adaptiv ausgerichtet werden.

Ein wesentliches Ziel sollte der langfristige Erhalt der genetischen Diversität der für die Wiederansiedlung genutzten Elterntierbestände sein. Hierfür sind eine möglichst hohe effektive Populationsgröße, ein möglichst gleichmäßiger Fortpflanzungsbeitrag aller Elterntiere sowie eine vollständige genetische Erfassung der Elterntiere anzustreben. Eine individuelle Kennzeichnung aller Elterntiere und eine pedigree-basierte Paarungsplanung ermöglichen es, Verpaarungen eng verwandter Tiere zu vermeiden und die genetische Variation langfristig zu erhalten. Gleichzeitig können ungeeignete Elterntiere, beispielsweise Hybriden zwischen Atlantischem Lachs und Meerforelle, frühzeitig erkannt und von der Reproduktion ausgeschlossen werden.

Ebenso wichtig ist die Förderung genetischer Anpassungsprozesse an die Bedingungen im Rheinsystem. Rückkehrende Wildlachse sollten deshalb – soweit möglich – verstärkt in das Reproduktionsmanagement der Genbanken einbezogen werden. Gleichzeitig sollten Domestikationseffekte während der Haltung und Vermehrung möglichst gering gehalten werden. Dies umfasst insbesondere eine Begrenzung der Zahl aufeinanderfolgender Generationen unter Haltungsbedingungen sowie eine möglichst naturnahe Haltung der Elterntiere.

Die Ergebnisse der Besatzexperimente zeigen zudem, dass Besatzstadium und Besatzzeitpunkt wichtige operative Stellgrößen darstellen. In den Direktvergleichen erzielten Brütlinge wiederholt höhere Wiederfangquoten als andere Besatzstadien. Innerhalb der Parr-Versuche wurden in den meisten Fällen höhere Wiederfangquoten nach späteren Besatzterminen beobachtet. Diese Ergebnisse sollten im Rahmen weiterer standardisierter Versuche überprüft und bei zukünftigen Besatzplanungen berücksichtigt werden.

Schließlich wird empfohlen, das genetische Monitoring dauerhaft fortzuführen und eng mit dem Besatzmanagement zu verknüpfen. Nur durch die regelmäßige genetische Erfassung von Elterntieren, Besatzfischen und Rückkehrern lassen sich der Erfolg unterschiedlicher Besatzstrategien, die Entwicklung der genetischen Diversität sowie der Beitrag zur natürlichen Reproduktion langfristig bewerten und das Reproduktionsmanagement entsprechend anpassen.

5.4 Empfehlungen für Monitoring und Datenmanagement

Voraussetzung für belastbare Elternschaftsanalysen, Herkunftszuweisungen und Naturverlaichungsabschätzungen ist eine möglichst vollständige und aktuelle Referenzdatenbank.

Empfohlen wird daher für zukünftige genetische Untersuchungen:

- vollständige genetische Erfassung aller eingesetzten Besatzelterntiere,
- regelmäßige Aktualisierung der Referenzdatenbanken,
- standardisierte Beprobung von Rückkehrern,
- langfristiges Monitoring juveniler Lachse in zentralen Programmgewässern,
- Verknüpfung genetischer Daten mit Besatzmengen, Fangdaten, Habitatdaten und hydrologischen Informationen.

Besonders wichtig ist eine kontinuierliche Beprobung in Gewässern mit Hinweisen auf natürliche Reproduktion, insbesondere Agger und Nister. Gleichzeitig sollten Gewässer mit bislang fehlenden Nachweisen, aber hoher fachlicher Relevanz, weiterhin stichprobenartig untersucht werden.

Neben individuellen Gewebeproben können ergänzende Methoden wie eDNA, Schleimhautabstriche und Schuppenproben das Monitoring künftig erweitern. eDNA eignet sich insbesondere für Artnachweise und räumliche Screening-Ansätze, während individuelle Proben für Herkunfts- und Elternschaftsanalysen weiterhin unverzichtbar bleiben.

5.5 Empfehlungen für Habitat- und Gewässermanagement

Die Ergebnisse zeigen, dass Besatz allein nicht ausreicht, um selbsttragende Populationen zu etablieren. Entscheidend ist die Verbesserung natürlicher Reproduktionsbedingungen in den Programmgewässern.

Prioritär empfohlen werden:

- weitere Verbesserung der Durchgängigkeit im Hauptstrom und in Zuflüssen,
- Schutz und Entwicklung geeigneter Laichhabitats,
- Verbesserung von Jungfischhabitats,

- gezieltes Prädatorenmanagement, insbesondere in Gewässerabschnitten mit hoher Prädationsrate,
- Reduktion hydromorphologischer Belastungen,
- Berücksichtigung der Auswirkungen des Klimawandels durch Maßnahmen zur Minderung von Niedrigwasser- und Temperaturstress, beispielsweise durch die Förderung uferbegleitender Gehölze zur Beschattung, die Wiederherstellung naturnaher Gewässerstrukturen sowie – wo sinnvoll – den Rückbau von Staubereichen und anderen strukturverändernden Eingriffen,
- gezielte Priorisierung von Gewässern mit nachgewiesenem oder potenziellem Reproduktionserfolg.

Die starke Bedeutung des Besatzortes in den Besatzexperimenten zeigt, dass lokale Standortbedingungen maßgeblich über den Erfolg von Maßnahmen entscheiden. Zukünftige Besatz- und Habitatmaßnahmen sollten daher stärker gemeinsam geplant werden.

5.6 Übertragbarkeit auf andere Flusssysteme

Die Anwendung der im Rheinsystem entwickelten Methoden auf Proben aus dem Elbeinzugsgebiet zeigte, dass der GeMoLaR-Ansatz grundsätzlich auf andere Wiederansiedlungsprogramme übertragbar ist. Die Herkunftszuweisungen ergaben ein biologisch plausibles Muster und stimmten weitgehend mit der dokumentierten Besatzpraxis in der Elbe überein.

Gleichzeitig traten auch dort methodische Grenzen auf, insbesondere bei der Abgrenzung genetisch nahestehender nordwesteuropäischer Referenzpopulationen sowie bei nicht eindeutig zuordenbaren Individuen. Diese Einschränkungen entsprechen den Erfahrungen aus dem Mittel- und Niederrhein und verdeutlichen die Notwendigkeit aktueller, programmspezifischer Referenzdaten.

Insgesamt erfüllt GeMoLaR damit den Anspruch eines Modell- und Demonstrationsvorhabens. Die im Rhein entwickelte Methodik kann auch in anderen Flusssystemen managementrelevante Informationen liefern und besitzt damit einen überregionalen Mehrwert.

5.7 Gesamtfazit

Das Projekt GeMoLaR hat gezeigt, dass genetisches Monitoring ein wirksames und schonendes Instrument zur Bewertung von Wiederansiedlungsprogrammen für den

Atlantischen Lachs ist. Durch die Kombination von Herkunftsanalysen, Elternschaftsanalysen und Untersuchungen zur genetischen Diversität konnte erstmals der Beitrag einzelner Besatzmaßnahmen zum Aufkommen rückkehrender Lachse sowie der Umfang natürlicher Reproduktion im deutschen Rheinsystem umfassend quantifiziert werden. Darüber hinaus ermöglicht das genetische Monitoring, Veränderungen der genetischen Diversität frühzeitig zu erkennen und das Reproduktionsmanagement wissenschaftlich zu unterstützen.

Die Ergebnisse bestätigen, dass die Wiederansiedlungsprogramme in Deutschland gemeinsam mit den Maßnahmen in Frankreich und der Schweiz die Rückkehr des Atlantischen Lachses in das Rheinsystem ermöglichen. Gleichzeitig zeigen sie jedoch, dass das Lachsaufkommen weiterhin überwiegend auf Besatzmaßnahmen beruht und natürliche Reproduktion bislang nur in begrenztem Umfang nachgewiesen werden konnte. Der während der Projektlaufzeit beobachtete Rückgang der Rückkehrerzahlen verdeutlicht zudem, dass die Wiederansiedlung weiterhin vor erheblichen Herausforderungen steht.

Für die weitere Entwicklung sind drei Punkte von zentraler Bedeutung: Erstens sollte das genetische Monitoring als Bestandteil des Wiederansiedlungsprogramms langfristig fortgeführt werden, um Besatzmaßnahmen, Rückkehrer und natürliche Reproduktion kontinuierlich bewerten zu können. Zweitens sollten Besatz- und Reproduktionsmanagement konsequent auf Grundlage genetischer Erkenntnisse weiterentwickelt werden, um genetische Diversität zu erhalten, lokale Anpassungsprozesse zu fördern und Domestikationseffekte zu minimieren. Drittens müssen die Mortalität in allen Lebensstadien reduziert und die Lebensräume des Atlantischen Lachses weiter verbessert werden. Hierzu gehören insbesondere die Wiederherstellung der ökologischen Durchgängigkeit, die Verbesserung von Laich- und Jungfischhabitaten sowie Maßnahmen zur Minderung der Auswirkungen des Klimawandels und anderer Belastungsfaktoren.

Nur durch das Zusammenwirken eines genetisch fundierten Besatzmanagements, einer konsequenten Verbesserung der Lebensraumbedingungen und einer Reduzierung der Mortalität kann langfristig das übergeordnete Ziel erreicht werden, im Rheinsystem wieder selbsttragende Populationen des Atlantischen Lachses zu etablieren.

6. Mehrwert für die Erhaltung und nachhaltige Nutzung der biologischen Vielfalt

Das Projekt GeMoLaR leistet einen wesentlichen Beitrag zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung der biologischen Vielfalt, indem es die genetische Grundlage für die Wiederansiedlung des Atlantischen Lachses (*Salmo salar*) im Rheinsystem wissenschaftlich untersucht und bewertet. Die genetische Vielfalt stellt eine zentrale Voraussetzung für die langfristige Anpassungsfähigkeit von Populationen an sich verändernde Umweltbedingungen dar und ist damit ein wesentlicher Bestandteil der biologischen Vielfalt.

Durch die Entwicklung und Etablierung eines bundesländer- und staatsgrenzenübergreifenden genetischen Monitorings konnten erstmals Herkunft, genetische Diversität, Verwandtschaftsverhältnisse und Reproduktionserfolg von Besatzpopulationen im gesamten deutschen Rheinsystem systematisch erfasst werden. Die gewonnenen Erkenntnisse ermöglichen es, Besatzmaßnahmen nicht nur hinsichtlich ihrer Wirksamkeit, sondern auch hinsichtlich ihrer Auswirkungen auf die genetische Vielfalt zu bewerten und das Reproduktionsmanagement entsprechend anzupassen. Hierdurch können Inzucht- und Domestikationseffekte reduziert sowie die genetische Anpassungsfähigkeit der Bestände langfristig erhalten werden.

Darüber hinaus trägt das Projekt zur nachhaltigen Nutzung genetischer Ressourcen bei, indem es eine wissenschaftliche Grundlage für die Optimierung von Wiederansiedlungsprogrammen schafft. Die im Projekt entwickelten Methoden und Empfehlungen ermöglichen einen gezielteren und effizienteren Einsatz von Besatzmaßnahmen und unterstützen damit den langfristigen Aufbau selbsttragender Populationen. Gleichzeitig fördert das Projekt die enge Zusammenarbeit zwischen Wissenschaft, Behörden, Betreibern der Elterntierhaltungen und internationalen Partnern und stärkt so ein grenzüberschreitendes Management genetischer Ressourcen.

Die im Rahmen von GeMoLaR entwickelten genetischen Methoden sowie der erarbeitete Leitfaden sind zudem auf weitere Wanderfischarten und andere Artenschutzprogramme übertragbar. Das Projekt liefert damit einen Beitrag, der über die Wiederansiedlung des Atlantischen Lachses hinausgeht und die Erhaltung genetischer Ressourcen im aquatischen Naturschutz insgesamt unterstützt.

Danksagung

Das Vorhaben GeMoLaR konnte nur durch die Unterstützung zahlreicher Institutionen und Personen erfolgreich durchgeführt werden. Unser besonderer Dank gilt allen Personen und Einrichtungen, die durch ihre fachliche Unterstützung, ihr Engagement und die enge Zusammenarbeit zum Gelingen dieses Projektes beigetragen haben.

Unser besonderer Dank gilt dem Bundesministerium für Landwirtschaft, Ernährung und Heimat für die finanzielle Förderung des Vorhabens. Der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung danken wir für die fachliche und administrative Begleitung sowie die konstruktive Unterstützung während der gesamten Projektlaufzeit. Ohne diese Förderung wäre die Durchführung des Projektes in diesem Umfang nicht möglich gewesen.

Hervorzuheben ist insbesondere Dr. Pascal Vonlanthen für die fachliche Unterstützung, die umfangreichen genetischen Arbeiten in Frankreich und der Schweiz sowie für die Initiative zur Erstellung eines umfassenden Syntheseberichts zum koordinierten genetischen Monitoring des Rheinlachs, dessen Veröffentlichung in Kürze erwartet wird. Sein Einsatz hat wesentlich zur grenzüberschreitenden fachlichen Vernetzung und zum Erkenntnisgewinn beigetragen.

Ein besonderer Dank gilt der Internationale Kommission zum Schutz des Rheins, stellvertretend Dr. Laura Poinso, für die Bereitstellung einer Plattform zum regelmäßigen internationalen fachlichen Austausch über Fragen der Lachsgenetik im Rheinsystem. Dieser Dialog war für die grenzüberschreitende Abstimmung und die fachliche Einordnung der Ergebnisse von großem Wert.

Wir danken Gerhard Bartel für die maßgebliche Unterstützung bei der Planung, Organisation und Koordination der im Projekt genetisch begleiteten Besatzmaßnahmen in den baden-württembergischen Programmgewässern. Durch sein langjähriges fachliches Engagement sowie die enge Abstimmung mit den beteiligten Stellen hat er wesentlich zur erfolgreichen Durchführung der Besatzexperimente und zur praktischen Umsetzung der Projektarbeiten beigetragen.

Wir danken allen beteiligten Projektpartnern aus Verwaltung, Praxis, Fischerei, Wissenschaft und Naturschutz für die vertrauensvolle und engagierte Zusammenarbeit. Dies gilt insbesondere den beteiligten Fischereibehörden der Länder, Fachverwaltungen, Verbänden, Zuchtanlagen, Fachbüros sowie den internationalen Partnerinstitutionen im Rheingebiet.

Ebenso danken wir allen an den Probenahmen beteiligten Personen, den Fischzüchterinnen und Fischzüchtern sowie den involvierten Behörden und Einrichtungen, die durch ihre Unterstützung vor Ort, die Bereitstellung von Probenmaterial und ihre fachliche Begleitung maßgeblich zum Projekterfolg beigetragen haben.

Unser Dank gilt den zahlreichen Helferinnen und Helfern bei Probenahmen, Datenerfassung, Organisation und logistischer Unterstützung in den Programmgewässern. Ohne diese vielfach zusätzliche oder ehrenamtliche Unterstützung wäre die umfangreiche Datengrundlage des Projektes nicht möglich gewesen.

Ein besonderer Dank gilt zudem allen Mitarbeiterinnen und Mitarbeitern der beteiligten Zuchtanlagen für die Unterstützung bei der Beprobung von Elterntieren, der Bereitstellung betrieblicher Informationen sowie der praktischen Umsetzung wissenschaftlich begleiteter Maßnahmen.

Ebenso danken wir allen Kolleginnen und Kollegen an der Rheinland-Pfälzischen Technischen Universität Kaiserslautern-Landau sowie den beteiligten Einrichtungen für ihre wissenschaftliche, technische und organisatorische Unterstützung.

Die erfolgreiche Durchführung von GeMoLaR zeigt, wie wertvoll die enge Zusammenarbeit von Praxis, Verwaltung und Wissenschaft für den Schutz aquatischer Biodiversität und die Weiterentwicklung von Wiederansiedlungsprogrammen ist.

Literaturverzeichnis

- Allendorf, F. W., Luikart, G. & Aitken, S. N. (2013): *Conservation and the Genetics of Populations*. Wiley-Blackwell. Hoboken.
- Aquabios GmbH (2018): *Genetische Untersuchung der Sieglachse – DK*. Im Auftrag des Rheinischen Fischereiverbandes von 1880 e.V.
- Beacham, T. D. et al. (2006): Stock identification of Atlantic salmon using microsatellite DNA variation. *Transactions of the American Fisheries Society* 135, 146–163.
- Duchesne, P. (2005): *PASOS Version 1.0*. Laboratoire Bernatchez, Département de biologie, Université Laval.
- Ellis, J. S. et al. (2011): Standardization of a microsatellite baseline for Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) population genetic assignment. *ICES Journal of Marine Science* 68(6), 1322–1334.
- Ensing, D (2018) Genetics study on Atlantic salmon (*Salmo salar*) from the reintroduction programme on the River Rhine system in the German Federal states of Rhineland-Palatinate and Hesse 1-17.
- Gilbey, J. et al. (2018): A microsatellite baseline for genetic stock identification of European Atlantic salmon (*Salmo salar* L.). *ICES Journal of Marine Science* 75(2), 662–674.
- Goudet, J. (2005): hierfstat, a package for R to compute and test hierarchical F-statistics. *Molecular Ecology Notes* 5, 184–186.
- Gesellschaft für Ichthyologie (Gfi) (2025): 21. Jahrestagung der Gesellschaft für Ichthyologie, Landau, 09.–12. Oktober 2025. Programm und Zusammenfassungen. Verlag Natur & Wissenschaft, ISBN 978-3-96212-014-6.
- ICES (2015): *Report of the Working Group on North Atlantic Salmon (WGNAS)*. ICES CM 2015/ACOM:09. Copenhagen.
- IKSE (2005): Internationale Kommission zum Schutz der Elbe: *Lachs 2000 – Wiederansiedlungsprogramm im Elbegebiet*. Magdeburg.
- IKSR (2004): Internationale Kommission zum Schutz des Rheins: *Der Lachs kehrt zurück. Programm Lachs 2000 und Wanderfischprogramm Rhein*. Koblenz.
- IKSR (2010): Internationale Kommission zum Schutz des Rheins: *Rhein 2020 – Bericht zur ökologischen Entwicklung*. Koblenz.
- IKSR (2018): Internationale Kommission zum Schutz des Rheins: *Masterplan Wanderfische Rhein 2018 – eine Aktualisierung des Masterplans 2009*. Koblenz.
- IKSR (2025) Internationale Kommission zum Schutz des Rheins (2025): *Fortschritte bei der Umsetzung des Masterplans Wanderfische Rhein in den Jahren 2018–2023*. Fachbericht Nr. 310. Koblenz.
- Jombart, T. (2008): adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics* 24, 1403–1405.
- LfULG (2020): Sächsisches Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie, *Bericht über den Verlauf der Lachssaison Herbst 2020*. Dresden.
- McMeel, O. M., Hoey, E. M. & Ferguson, A. (2001): Partial nucleotide sequences, and routine typing by polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism, of the brown trout (*Salmo trutta*) lactate dehydrogenase, LDH-C1*90 and *100 alleles. *Molecular Ecology* 10(1), 29–34.

- Paetkau, D., Slade, R., Burden, M. & Estoup, A. (2004): Genetic assignment methods for the direct, real-time estimation of migration rate: a simulation-based exploration of accuracy and power. *Molecular Ecology* 13(1), 55–65.
- Pendas, A. M., Moran, P., Freije, J. P. & Garcia-Vazquez, E. (1994): Chromosomal mapping and nucleotide sequence of two tandem repeats of Atlantic salmon 5S rDNA. *Cytogenetics and Cell Genetics* 67(1), 31–36.
- Perrier, C., Grandjean, F., Gentil, J. L., Cherbonnel, C. & Evanno, G. (2011): A species-specific microsatellite marker to discriminate European Atlantic salmon, brown trout, and their hybrids. *Conservation Genetics Resources* 3, 131–133.
- Piry, S. et al. (2004): GENECLASS2: A software for genetic assignment and first-generation migrant detection. *Journal of Heredity* 95(6), 536–539.
- Sepp, R., Szabó, I., Uda, H. & Sakamoto, H. (1994): Rapid techniques for DNA extraction from routinely processed archival tissue for use in PCR. *Journal of Clinical Pathology* 47(4), 318–323.
- Theobald, S. (2022): *Hybridisierung von Atlantischem Lachs (Salmo salar) und Forelle (Salmo trutta) im Rheinsystem*. Unveröffentlichte Masterarbeit.
- Walsh, P. S. et al. (1991): Chelex 100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR-based typing from forensic material. *BioTechniques* 10, 506–513.
- Wasko, A. P., Martins, C., Oliveira, C. & Foresti, F. (2003): Non-destructive genetic sampling in fish. An improved method for DNA extraction from fish fins and scales. *Hereditas* 138(3), 161–165.

Anhang A – Abbildungen und Tabellen

A-1 Naturverlaichung

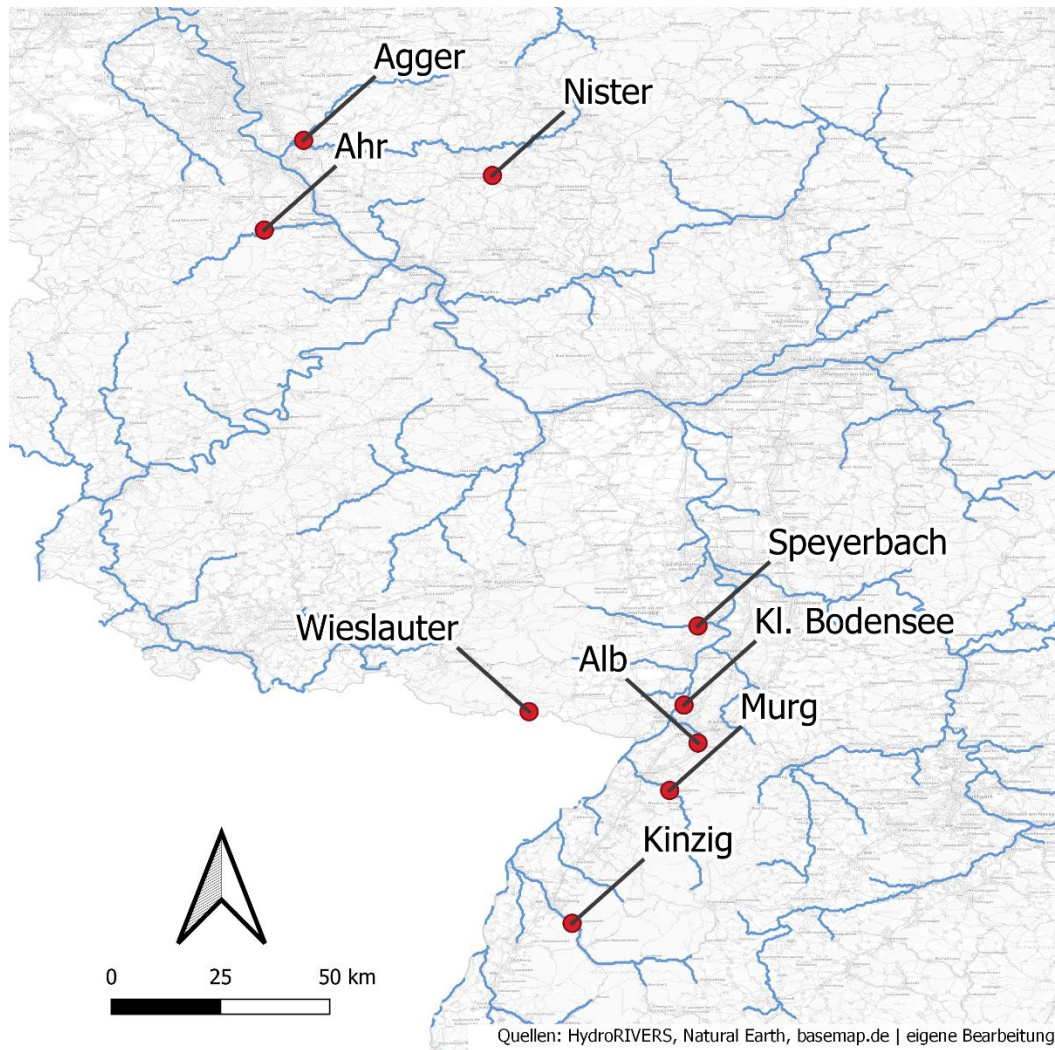


Abbildung A1: Übersicht des deutschen Rheins mit ausgewählten Zuflüssen und Probestellen, welche auf Naturvermehrung untersucht wurden. Eigene Darstellung auf Basis von HydroRIVERS, Natural Earth und basemap.de Web Raster Grau.

Tabelle A1: Anzahl der auf Naturverlaichung untersuchten juvenilen Lachse in zehn Gewässer in den Jahren 2020 bis 2025.

Gewässer	Jahr	Anzahl
Agger	2020	272
	2021	185
	2022	268
	2023	70
Nister	2020	14
	2021	18
	2022	36
	2023	24
Ahr	2023	1
Niederrhein	2021	19
Wieslauter	2020	14
	2021	7
	2022	9
	2023	13
Speyerbach	2021	28
	2022	82
	2023	6
Murg	2020	9
Kinzig	2020	307
	2021	261
	2023	85
	2024	64
	2025	25
Alb	2020	4
Kl. Bodensee	2020	3
Summe		1824

A-2 Besatzexperimente

Tabelle A2: Kurzcharakterisierung der Untersuchungsgewässer in denen in den Jahren 2021 bis 2025 genetisch gestützte Erfolgskontrollen von Lachs-Besatzmaßnahmen durchgeführt wurden.

Gewässer	Untersuchungsstrecke	Koordinaten		Fischregion	Höhenlage [m+NN]	Gefälle [‰]	Mittlere Breite [m]	MQ [m³/s]	MNQ [m³/s]
Schiltach	Schiltach	48.28097	8.35258	Untere Forellenregion	345	8	8	2,2	0,4
Kinzig	Halbmeil	48.29062	8.26558	Äschenregion	295	8	15	7,4	1,6
Kinzig	Biberach	48.33247	8.02864	Barbenregion	190	2	35	20	3,3
Kinzig	Gengenbach	48.40111	8.01335	Barbenregion	170	2	30	24,3	4
Kinzig	Berghaupten	48.41019	7.99721	Barbenregion	165	2	25	24,3	4
Alb	Karlsruhe	48.95880	8.39046	Äschenregion	115	1	9	2,4	0,8

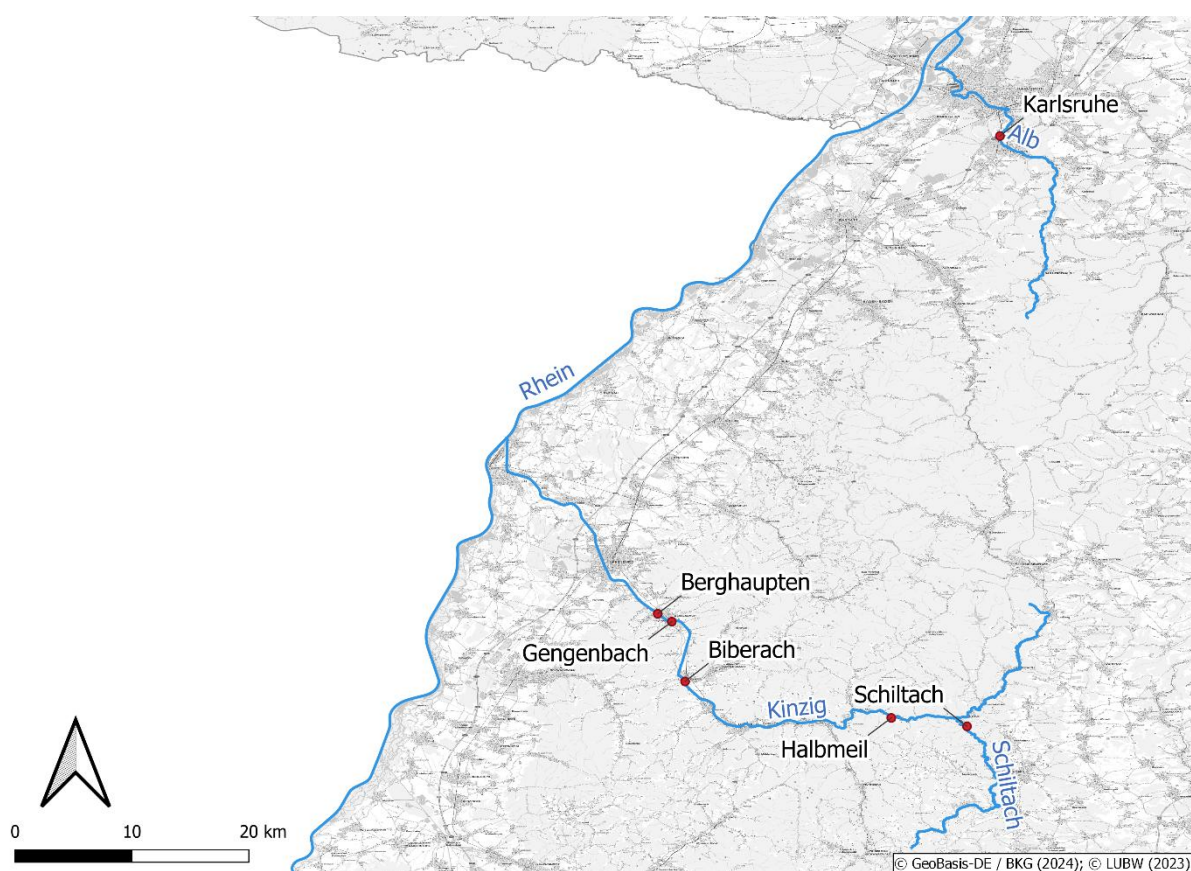


Abbildung A2: Untersuchungsstandorte entlang der Kinzig/Schiltach und der Alb in Baden-Württemberg. Kartengrundlage: © GeoBasis-DE /BKG(2024); Gewässerdaten: © LUBW (2023)

Tabelle A3: Ergebnisse der in den Jahren 2020 bis 2024 in den baden-württembergischen Programmgewässern durchgeführten Besatzexperimente. SMÄ = Smoltäquivalent, TL = Totallänge, S oe = Augenpunkteier, S bu = Brut unangefüttert, S bf = Brut angefüttert; S p = Lachsparr. Die relative Rückfangquote in % bezieht sich auf die eingesetzten Smoltäquivalenten.

Besatz-ort	Besatz-jahr	Datum Besatz	Besatz-stadium	Herkunft	N Besatz	SMÄ	Datum Befischung	N Wiederfang	TL [cm]	relative Rückfang- quote
Gengenbach	2020	28.04.2000	S bf	Allier F2 - Wolftal	11.000	550	15.10.2020	43	9,1	7,82
		15.07.2020	S p	Rhein F2 - Wolftal	9.300	1.550		60	9,1	3,87
	2021	11.06.2021	S p	Allier F2 - Obenheim	10.000	1.667	19.11.2021	6	11,6	0,36
		26.08.2021	S p	Allier F2 - Obenheim	7.900	1.317		81	8,5	6,15
Biberach	2020	28.04.2020	S bf	Allier F2 - Obenheim	11360	568	21.10.2020	2	9,5	0,35
		14.07.2020	S p	Rhein F2 Wolftal	8840	1473		102	9,2	6,92
	2021	04.06.2021	S p	Allier F2 - Obenheim	10.000	1667	13.11.2021	18	13,6	1,08
		28.06.2021	S p	Allier F2 - Obenheim	10.000	1667		6	11,1	0,36
	2024	28.05.2024	S bf	Rhein-F2 Wolftal	23.290	1.165	12.11.2024	18	11,0	1,55
		27.06.2024	S p	Rhein-F2 Wolftal	21.400	3.567		6	10,3	0,17
Berghaupten	2021	09.06.2021	S p	Rhein-F2 Wolftal	7.735	1.289	21.09.2021	3	9,7	0,23
		10.06.2021	S p	Rhein-F1 Obenheim	14.650	2.442		2	13,4	0,08
		20.08.2021	S p	Allier-F2 Obenheim	5.850	975		25	9,0	2,56
Halbmeil	2021	10.06.2021	S p	Allier F2 - Obenheim	13.900	2.316	22.11.2021	31	11,5	1,34
		10.06.2021	S p	Rhein F1 - Obenheim	6.550	1.092		17	8,4	1,56
		20.08.2021	S p	Allier F2 - Obenheim	7.500	1.250		41	12,9	3,28
Schiltach	2021	04.06.2021	S p	Allier F2 - Obenheim	4000	667	23.11.2021 / 22.02.2023	48/8	12,1/17,5	8,40
		20.08.2021	S p	Allier F2 - Obenheim	5000	833		50/23	7,5/17	8,76
		01.03.2021	S oe	Rhein-F2 Wolftal	5000	83		1/3	9,3/18,5	4,82
		23.07.2021	S p	Rhein-F2 Wolftal	1908	318		0/0		0,00
	2023	28.03.2023	S bu	Rhein-F2 Wolftal	14.047	351	15.02.2024 / 15.02.2024	2/0		0,57
		23.05.2023	S bf	Rhein-F2 Wolftal	12.640	632		14/1	13,5/19	2,37
		11.07.2023	S p	Rhein-F2 Wolftal	11.433	1.906		20/10	9,5/16	1,57
	2024	28.05.2024	S bf	Rhein-F2 Wolftal	14.120	706	15.02.2024	8	9,6	1,13
		25.07.2024	S p	Rhein-F2 Wolftal	12.000	2.000		4	9,5	0,20
Alb	2024	28.06.2024	S p	Rhein-F2 Obenheim	2.500	417	11.11.2024	32	9,30	7,67
		28.06.2024	S p	Allier-F2 Obenheim	2.500	417		30	9,80	7,19

A-3 Referenzpopulationen für das Rheingebiet

*Tabelle A4: Liste der für die Gruppenzuweisungen eingesetzten Referenzpopulationen und deren geografischen Ursprung aus der SALSEA-Merge-Datenbank. *Die Referenzpopulation DCV wurde im Jahr 2017 erstellt (Aquabios 2018).*

GeMoLaR	SALSEA-Merge							
Pop_Name_kurz	Pop_Name	Collection date	Country	River	Sample Site	Site name	Latitude	Longitude
Loi	Fra_Loi_All	2006	France	Loire (Allier)	Allier	Loire (Allier)-Site-1	46,938	3,064
Atr	Swe_Atr_Atr	10/06/2000	Sweden	Atran	Atran	Atran-Site-1	56,888	12,478
Lag	Swe_Lag_Lag	11/09/2000	Sweden	Lagan	Lagan River	Lagan-Site-1	56,548	12,948
IreCorO	Ire_Cor_Oug	28/09/2004	Ireland	Corrib	Oughterard	Corrib-Site-3	53,428	-9,326
IreCorA	Ire_Cor_Abb	02/08/2006	Ireland	Corrib	Abbert	Corrib-Site-1	53,428	-8,796
IreErrM	Ire_Err_Mai	14/07/2005	Ireland	Erriff Fishery	Main Channel	Erriff Fishery-Site-1	53,637	-9,601
IreShaM	Ire_Sha_Mul	16/08/2005	Ireland	Shannon R System	Mulcair, Bilboa	Shannon R System-Site-2	52,689	-8,302
IreShaH	Ire_Sha_Hat	01/04/2009	Ireland	Shannon R System	Parteen Hatchery	Shannon R System-Site-1	52,760	-8,470
IreBun	Ire_Bun_Hat	01/04/2009	Ireland	Bundorragha	Delphi Hatchery	Bundorragha-Site-1	53,630	-9,750
Den_Skj_Vor	Den_Skj_Vor	21/01/2004	Denmark	Skjern A	Vorgod River	Skjern A-Site-2	55,960	8,685
Den_Rib_Fla	Den_Rib_Fla	31/07/2000	Denmark	Ribe A	Flads River 2000	Ribe A-Site-1	55,333	8,667
DCV 2018*								

A-4 Ergebnisse Genetische Diversität

Tabelle A5: Übersicht über die Anzahl der ausgewerteten Elterntiere aus den Zuchten und der genetischen Diversität der Lachse. Fett dargestellt sind die jeweiligen Referenzen auf welchen die Zuchtelinien gründen. N: Anzahl untersuchter Proben je Herkunft, AR: Allelic richness, HE: erwartete Heterozygotie, A/L: Allele pro Locus, FIS: Inzuchtkoeffizient. Atr = Referenzpopulation Ätran; DCV = Referenzpopulation eines Zuchtstammes der aus Ätran-Tieren aufgebaut wurde. Loi = Referenzpopulation Loire/Allier.

Zucht	Jahr	N	A _R	H _E	A/L	F _{IS}
Albaum	2018/19	595	1,81	0,809	16,286	0,000
	2019/20	1526	1,81	0,811	17,143	0,008
	2020/21	1800	1,81	0,812	18,071	0,003
Haspe Talsperre	2012/13	35	1,81	0,806	11,214	-0,032
	2014/15	151	1,81	0,814	14,500	-0,011
	2015/16	176	1,83	0,829	17,000	0,057
	2019/20	690	1,82	0,824	18,500	0,000
	2020/21	206	1,79	0,792	14,357	0,007
	2021/22	41	1,79	0,794	11,357	0,001
Wildlachszenentrum	2017/18	117	1,82	0,823	14,571	0,000
	2019/20	51	1,84	0,843	14,357	0,155
	2020/21	24	1,82	0,823	10,857	-0,014
	2021/22	39	1,81	0,808	12,214	0,007
	2022/23	31	1,82	0,820	11,786	0,016
	2023/24	89	1,83	0,835	15,071	0,134
	2024/25	45	1,82	0,815	13,286	-0,017
Atr	2000	40	1,83	0,825	12,214	0,032
DCV*	2017	98	1,81	0,806	11,929	0,017

Chanteuge	2018/19	318	1,71	0,706	10,500	-0,017
	2019/20	152	1,70	0,695	10,071	-0,012
	2019/20	179	1,70	0,700	10,786	-0,009
	2020/21	434	1,69	0,694	11,357	0,050
Obenheim	2017/18	96	1,69	0,688	7,500	-0,031
	2018/19	83	1,67	0,669	7,643	-0,051
	2019/20					
	2020/21	249	1,67	0,670	8,429	-0,008
	2021/22	24	1,71	0,706	6,786	0,039
Wolftal	2017/18	34	1,68	0,678	7,929	-0,014
	2019/20	667	1,68	0,681	11,286	-0,004
	2020/21	302	1,68	0,680	10,071	-0,018
	2021/22	237	1,69	0,689	10,857	0,054
	2022/23	620	1,69	0,695	12,000	0,013
	2023/24	463	1,69	0,686	11,857	0,018
Loi	2006	68	1,71	0,714	10,000	0,022

A-5 Gruppenzuweisung der Rückkehrer zu Referenzpopulationen

Tabelle A6: Anzahl analysierter Proben von Lachs-Rückkehrern nach Fangjahr und -ort

Jahr der Proben- nahme	Mittelrhein					Oberrhein					
	WLZ/Sieg	Wupper	Ahr	Nette	Σ Mittelrhein	Iffezheim (Rhein)	Ingelheim (Rhein)	Elz	Kinzig	Schmuggler- meer	Σ Oberrhein
2017	117				117						
2018	13				13						
2019	51	2			53	5					5
2020	24	1			25	11				1	12
2021	39				39	11			3		14
2022	31	5			36	21	1	1	3		26
2023	89	18	1		108	7					7
2024	45	14		1	60	10					10
2025					0	8					8
Σ	409	40	1	1	451	73	1	1	6	1	82

Rückkehrer Oberrhein

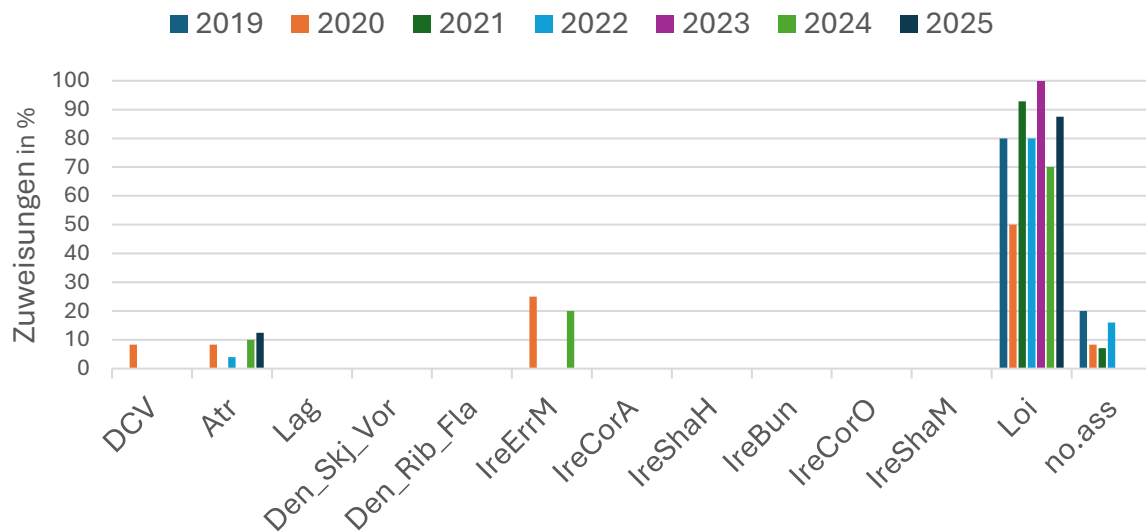


Abbildung A3: Verteilung der zugeordneten Proben zu den jeweiligen Referenzpopulationen aus dem Salsea-Merge-Panel (Gilbey et al. 2018) und der Zuchtpopulation Danish Centre of Vildlaks (DVC, Aquabios 2018). Diese Herkünfte wurden in der Vergangenheit im Rhein besetzt. Die hier gezeigten Proben stammen von Rückkehrern aus dem Oberrhein-Gebiet (N=82). Hauptsächlich handelt es sich um Rückfänge aus Iffezheim und Gamsheim (N=73). Bei den anderen Lachsen handelt es sich um Zufallsfunde. Die Proben wurden zwischen 2019 und 2025 genommen.

Rückkehrer Nieder- und Mittelrhein

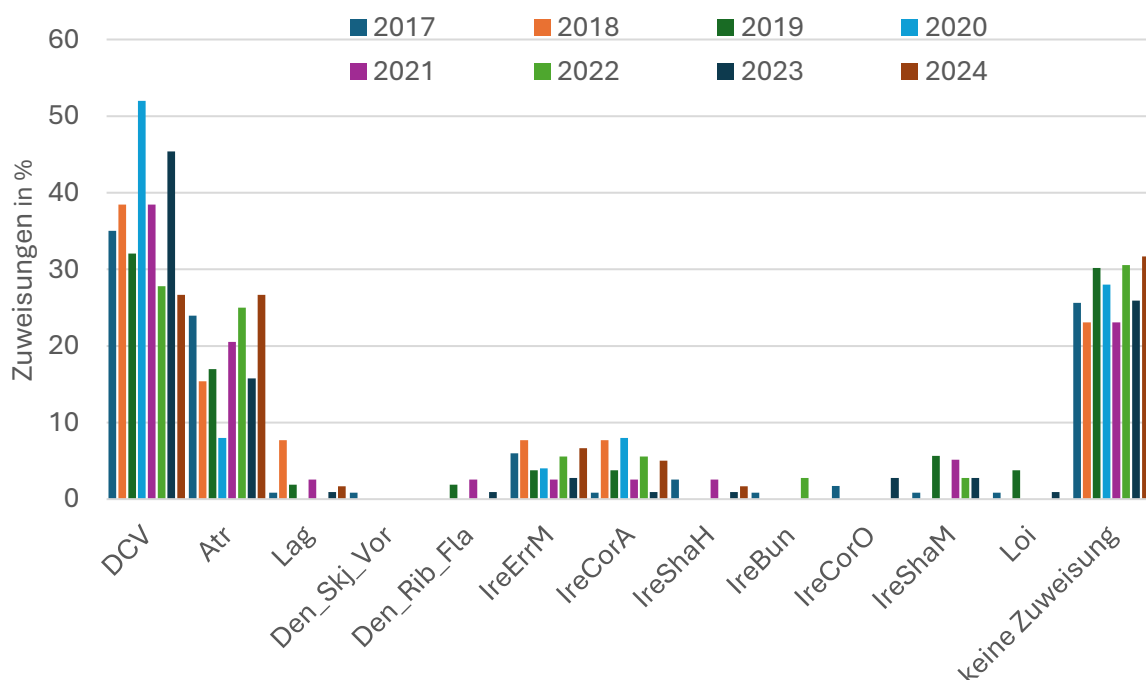


Abbildung A4: Dargestellt ist die Verteilung der zugeordneten Proben zu den jeweiligen Referenzpopulationen aus dem Salsea-Merge-Panel (Gilbey et al. 2018) und der Zuchtpopulation Danish Centre of Vildlaks (DVC, Aquabios 2018). Diese Herkünfte wurden in der Vergangenheit im Rhein besetzt. Die hier gezeigten Proben stammen von Rückkehrern aus dem Mittelrhein-Gebiet (N=451). Hauptsächlich handelt es sich um Rückfänge aus der Sieg (N=409) und Wupper (N=40). Die Proben wurden zwischen 2017 und 2024 im genommen.

A-6 Methodenvalidierung

Tabelle A7: Methodenvalidierung der Elternschaftsanalyse. Jeweils 9 bzw. 10 Lachse aus insgesamt 13 verschiedenen Besatzchargen wurden genetisch beprobt und mittels Elternschaftsanalyse den Elterntieren, die in der Zucht beprobt wurden, zugeordnet. Als mögliche Eltern wurde der zum Zeitpunkt der Durchführung gesamte Datensatz der IKS-R-Tabelle verwendet (N=10 591, Stand 2021). Insgesamt wurden 252 Elternteile korrekt identifiziert (N richtig) und 4 weitere Elternteile wurden zusätzlich zu den korrekten Eltern als weitere Möglichkeit identifiziert (Falsches Match). Zwei dieser falschen Matches sind auf mehrmalige Verwendung von Elterntieren in verschiedenen Jahren zurückzuführen.

Besatzcharge	N (Nachkommen)	Zugeordnete Elternguppen	N (richtig)	Falsches Match	N (falsch)
LZW 01	10	LZW 2019 01	20		
LZW 02	10	LZW 2019 02	19	Bieberach Befischung	1
LZW 05	10	CNS_2020	20		
LZW 07	10	LZW 2019 07	20		
LZW 08	10	LZW 2019 08	19	WFT_2018_01	1
LZW 09	10	LZW 2019 09	19	WFT_2018_01	1
LZW 14	10	LZW 2019 14	20		
LZW 15	10	LZW 2019 03, LZW 2019 04, LZW 2019 10, LZW 2019 15	20		
LZW 16	10	LZW 2019 16	20		
LZW 19/20	9	LZW 2019 19, LZW 2019 20	17	OBE_2018_B39	1
LOT 10	10	CNS_2020	20		
LOT 11	9	CNS_2019, CNS_2020	18		
LOT 16	10	CNS_2020	20		
Summe	128		252		4

A-7 Elternschaftsanalysen Rückkehrer

Tabelle A8: Anzahl der im Projekt GeMoLaR genetisch beprobten Lachsrückkehrer an den Fischaufstiegsanlagen Iffezheim und Gamsheim in den Jahren 2020 bis 2025 sowie durch Elternschaftsnachweis ermittelte Herkunft nach Ländern.

Fangjahr	N Fang	N Zuordnungen	GER	FRA	CH
2020	20	0			
2021	11	1		1	
2022	21	18	8	9	1
2023	7	7	5	2	
2024	10	9	3	2	1
2025	8	2			2
Summe	77	37	16	14	4

Tabelle A9: Nachgewiesene Besatzgewässer sowie Anzahl der zugeordneten Lachsrückkehrer aus Iffezheim und Gamsheim in den Jahren 2020 bis 2025.

Besatzgewässer	Land	N Rückkehrer
Kinzig incl. Zuflüsse	GER	13
Doller/Thur/Weiss/Lauch	FRA	4
Wiese	GER/CH	2/2
Fecht	FRA	3
Bruche	FRA	3
Vieux-Rhin	FRA	3
Wiese/Arisdörferbach/Pratteln	CH	1
Animation	FRA	1
Surb, Bünz, Wigger, Flaacherbach, SKW, Bachtalbach	CH	1
Birs	CH	1

Tabelle A10: Anzahl der im Projekt GeMoLaR genetisch beprobten adulten Lachse im Rheindelta in den Jahren 2020 bis 2025 sowie durch Elternschaftsnachweis ermittelte Herkunft nach Ländern.

Fangjahr	N Fang	N Zuordnungen	GER	FRA	CH
2020	2	2	2		
2021	8	4	1	3	
2022	1	1	1		
2023	10	7	5		
2024	6	9	5	1	
Summe	27	23	14	4	0

A-8 Anteil Naturvermehrung

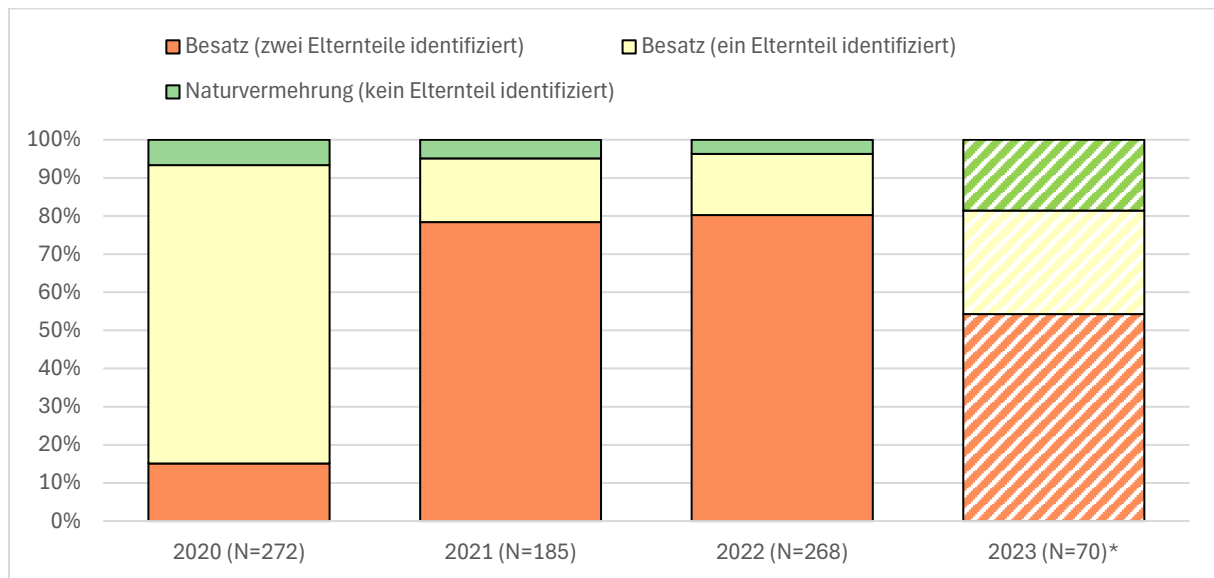


Abbildung A5: Anteil der Elternschaftszuweisungen von abwandernden Lachssmolts in der Agger bei Troisdorf von 2020 bis 2023. *Schraffiert dargestellt sind die Fangjahre für welche aufgrund fehlender genetischer Informationen von potenziellen Elterntieren der Anteil an Naturbrut möglicherweise deutlich überschätzt wird.

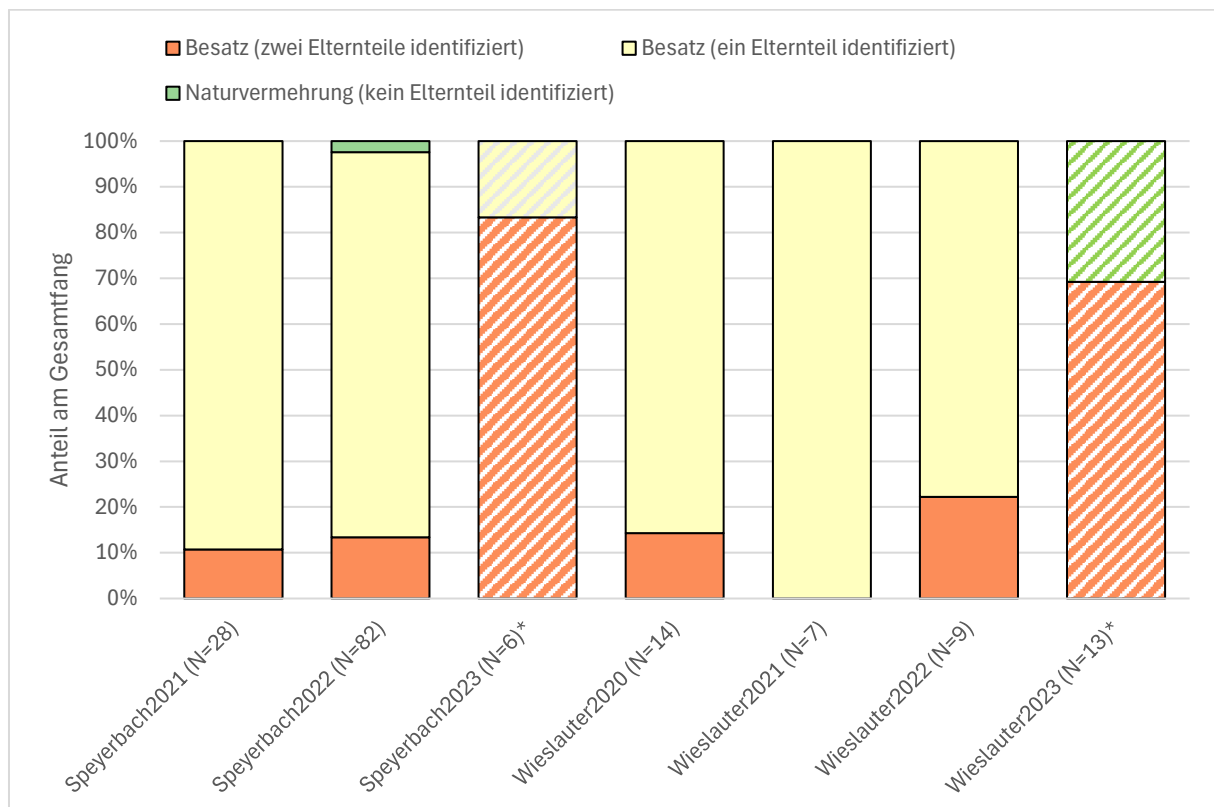


Abbildung A6: Anteil der Naturvermehrung am Gesamtfang in den Gewässersystemen Speyerbach und Wieslauter (RLP) in den Jahren von 2020 bis 2023. *Schraffiert dargestellt sind die Fangjahre für welche aufgrund fehlender genetischer Informationen von potenziellen Elterntieren der Anteil an Naturbrut möglicherweise deutlich überschätzt wird.

Anhang B - Zusatzkapitel

B-1 Hintergrund: Referenzpopulationen für genetische Gruppenzuweisungen

Im Projekt GeMoLaR wurden Gruppenzuweisungen verwendet, um den genetischen Hintergrund von Rhein-Rückkehrer anhand von bestimmten Referenzpopulationen einschätzen zu können. Die Auswahl der Referenzpopulationen erfolgte gemäß dem mit Praxispartnern und international abgestimmten Vorschlag („International Koordinierten Genetischen Monitorings“). Solche genetischen Zuweisungen einzelner Individuen zu bestimmten Gruppen (Populationen, Herkünfte, Zuchten) sind naturgemäß weniger präzise als genetische Elternschaftstests. Die Präzision genetischer Gruppenzuweisungen wird u.a. dadurch beeinflusst, wie stark die Referenzpopulationen voneinander differenziert sind. Je größer die genetische Differenzierung ist, desto präziser sind die Zuordnungen. Statistische Methoden für Gruppenzuweisungen beruhen dabei auf dem Vorkommen und den Häufigkeitsverteilungen von Allelen in den einzelnen Gruppen. Um die Ergebnisse der genetischen Gruppenzuweisungen von Rhein-Rückkehrern besser interpretieren zu können, werden daher im Folgenden wesentliche populationsgenetische Eigenschaften der verwendeten Referenzpopulationen dargestellt.

Eine grundlegende Eigenschaft im Hinblick auf die Differenzierung zwischen Populationen ist der Anteil an Allelen, die in zwei Populationen gemeinsam vorhanden sind (Abbildung B1). Dieser Anteil gemeinsamer Allele zwischen allen Paaren der Referenzpopulationen variierte zwischen 41% (Den_Rib_Fla und Loi) und 70% (Den_Rib_Fla und Den_Skj_Vor, IreCorA und IreShaM). Im Mittel aller paarweisen Vergleiche betrug der Anteil gemeinsamer Allele 57%. Es zeigte sich demnach, dass der Anteil gemeinsamer Allele erwartungsgemäß zwischen geografisch weit voneinander entfernten Populationen besonders niedrig und zwischen geografisch nahen zusammen liegenden Populationen besonders hoch ist. Die insgesamt hohen Anteile gemeinsamer Allele zwischen den Populationen erschweren deren Unterscheidbarkeit, insbesondere innerhalb geografischer „Untergruppen“ (z.B. Irische Populationen, Dänische Populationen), und weisen darauf hin, dass es in den Gruppenzuweisungen zu Unsicherheiten (d.h. niedrigen Zuweisungswahrscheinlichkeiten) kommen kann.

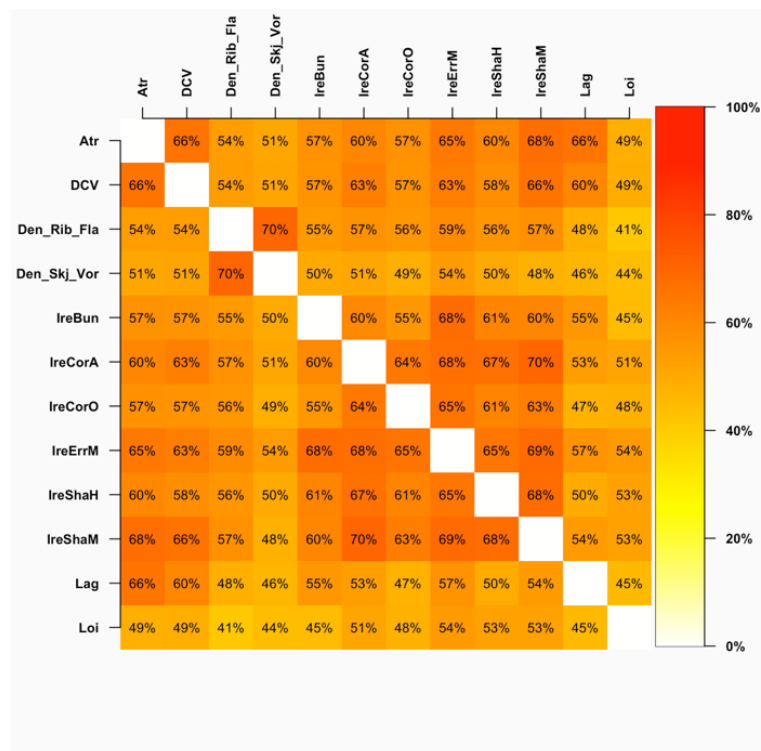


Abbildung B1: Anteil gemeinsamer Allele je Paar der Referenzpopulationen in Prozent, basierend auf dem Minimum der Allelhäufigkeit für jedes Allel und anschließend über die 14 Loci aufsummiert und gemittelt.

Die Differenzierung zwischen den Referenzpopulationen wurde mittels Diskriminanzanalysen von Hauptkomponenten untersucht. Dazu wurden zwei Ansätze verwendet. Zunächst wurden die nominellen Referenzpopulationen als *a priori* festgelegte Gruppen verwendet. Mit diesem Ansatz wird quasi die Frage gestellt: „Wie sind die festgelegten Gruppen differenziert?“ (Abbildung B2). Im zweiten Ansatz wurde vor der Diskriminanzanalyse eine Clusteranalyse (*k-means*) durchgeführt. Dabei wurden genetische Gruppen (Cluster) allein auf Grund der Allel-Daten, d.h. ohne *a priori* Informationen zur nominellen Population, gebildet. Dieser Ansatz stellt sozusagen die Fragen: „Wie viele genetische Gruppen lassen sich wie gut unterscheiden und welche Individuen gehören zu diesen Gruppen?“ (Abbildung B3).

Die Diskriminanzanalyse mit den nominellen Populationen als *a priori* festgelegten Gruppen bildete sehr deutlich die geografische Struktur der Populationen ab. Die beiden dänischen Populationen zeigten sich als am deutlichsten gegenüber allen anderen Populationen differenziert aber untereinander sehr ähnlich. Ebenso verhielt es sich mit den schwedischen Populationen (Atr, Lag) inklusive der Zucht DCV, die mit Tieren dieser Ursprünge arbeitet. Die Loire Population erschien ebenfalls gut abgegrenzt. Auch die irischen Populationen fallen zusammen, d.h. sind untereinander ähnlich und sind als gemeinsame Gruppe betrachtet relativ gut gegenüber den anderen geografischen Regionen differenziert. Zugleich zeigt sich jedoch, dass die Ähnlichkeiten innerhalb der geografischen Regionen sehr groß sind, und dass

in allen Fällen einzelne Tiere, z.T. sehr deutlich, in den Bereich anderer geografischer Regionen streuen.

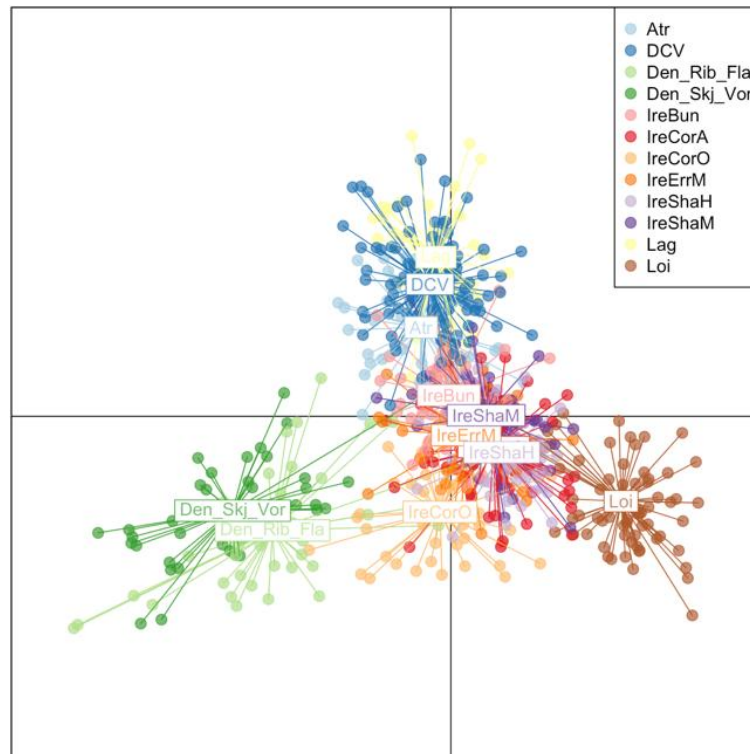


Abbildung B2: Genetische Struktur der Referenzpopulationen anhand einer Diskriminanzanalyse von Hauptkomponenten mit a priori festgelegten Gruppen (den Referenzpopulationen). Dargestellt sind die erste (x-Achse) und die zweite (y-Achse) Diskriminante. Punkte symbolisieren die einzelnen Individuen und Linien verbinden diese mit den Zentren der Gruppen. Die Referenzpopulationen sind farblich codiert.

Die Clusteranalyse zeigte, dass die Referenzpopulationen populationsgenetisch am besten mit sieben Clustern charakterisiert werden. Zwei Cluster erschienen als deutlich differenziert. Das Cluster 3 erschien am deutlichsten differenziert. Es setzte sich zudem ausschließlich aus Individuen der beiden dänischen Populationen zusammen. Jedoch wurden nicht alle Individuen aus den dänischen Populationen diesem Cluster zugeordnet. Ebenfalls deutlich differenziert erschien das Cluster 6. Es bestand fast ausschließlich aus Tieren der französischen Population. Sechs von 68 Individuen aus dieser Population wurden anderen Clustern zugeordnet. Das Cluster 4 zeigte ebenfalls eine deutlich erkennbare Differenzierung gegenüber den weiteren Clustern. Es setzte sich überwiegend aus Individuen verschiedener irischer Populationen zusammen, enthielt darüber hinaus aber auch Individuen aus den schwedischen Populationen (inkl. DCV). Die weiteren vier Cluster waren untereinander kaum differenziert und setzten sich zu unterschiedlichen Anteilen aus Individuen der irischen und der schwedischen Populationen zusammen. Auch einzelne Individuen der dänischen Populationen und der französischen Population wurden diesen Clustern zugeordnet.

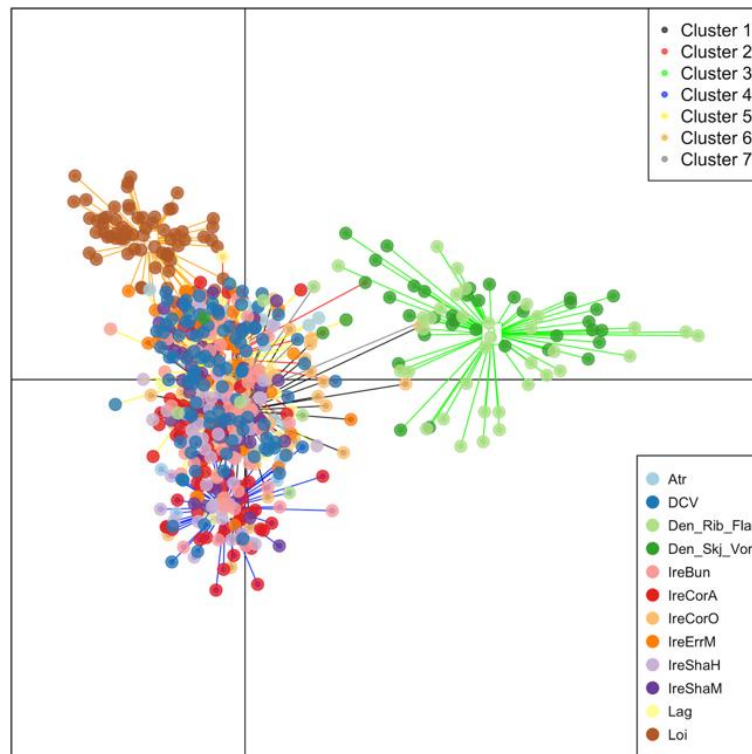


Abbildung B3: Struktur ermittelter genetischer Cluster (k-means Cluster-Analyse) anhand einer Diskriminanzanalyse von Hauptkomponenten. Dargestellt sind die erste (x-Achse) und die zweite (y-Achse) Diskriminante. Punkte symbolisieren die einzelnen Individuen. Die Färbung der Punkte zeigt die nominelle Population an. Linien verbinden diese mit den Zentren der gefundenen genetischen Cluster. Die Färbung der Linien zeigt die genetischen Cluster an.

Beide Ansätze der Diskriminanzanalyse reflektierten also sehr gut die zu erwartenden populationsgenetischen Strukturen der Referenzpopulationen. Es zeigte sich aber auch, dass keine dieser Populationen völlig von allen anderen Populationen differenziert ist. Selbst bei den sehr klar differenzierten dänischen Populationen zeigten einzelne Individuen sehr hohe genetische Ähnlichkeiten zu anderen Populationen, bzw. genetischen Clustern. Die irischen Populationen sind sich untereinander sehr ähnlich und es gibt sehr deutliche Ähnlichkeiten zwischen einigen Individuen aus irischen Populationen und einigen Individuen aus schwedischen Populationen.

Die eher hohen Anteile gemeinsamer Allele zwischen den Referenzpopulationen zeigten, dass die Möglichkeit besteht, dass einzelne Individuen zufallsbedingt Allelkombinationen aufweisen, die typischerweise in anderen Populationen, als der eigenen Herkunftspopulation auftreten. Entsprechend würden solche Individuen bei einer Gruppenzuweisung einer anderen als ihrer tatsächlichen Herkunftspopulation zugeordnet. Die Diskriminanzanalysen wiesen darauf hin, dass tatsächlich einzelne Individuen eine größere genetische Ähnlichkeit zu anderen Referenzpopulationen als zu ihrer Herkunftspopulation hatten. Darüber hinaus wurde deutlich, dass die Referenzpopulationen zum Teil wenig differenziert waren, und dass gefundene genetische Cluster die nominellen Referenzpopulationen nicht vollständig widerspiegeln. Vor dem Hintergrund dieser

Ausgangssituation wird verständlich, dass von genetischen Gruppenzuordnungen keine „100%igen“ Zuordnungen bestimmter Individuen zu genau einer Referenzpopulation zu erwarten sind.

Um diese Sachlage quantitativ zu beschreiben, wurden daher Selbst-Zuordnungstest der Referenzpopulationen durchgeführt. Das heißt, es wurden zufällig je sieben Individuen aus allen Referenzpopulationen entfernt, um dann zu prüfen, ob sie bei einer Gruppenzuordnung der tatsächlichen Referenzpopulation zugeordnet werden. Dieser Test wurde 1.000 Mal, mit jeweils neu zufällig gezogenen Individuen, wiederholt, um eine statistisch belastbare Beschreibung der Referenzpopulationen zu ermöglichen. Hierzu wurden Zuordnungstest basierend auf Diskriminanzanalysen verwendet, da eine automatisierte Berechnung der 1.000 Wiederholungen mit der Software GeneClass2 technisch nicht möglich war. Individuen, für die keine Zuordnungswahrscheinlichkeit von mindestens 60% zu einer der Referenzpopulationen in einem Test berechnet wurden, wurden mit „keine eindeutige Zuordnung“ verzeichnet. Bei über 60% Zuordnungswahrscheinlichkeit wurde die ermittelte Population verzeichnet. In Abbildung B4 sind die Ergebnisse dieser Test, gemittelt über die 1.000 Wiederholungen je Population dargestellt. „Selbst-Zuordnung“ bedeutet dabei, dass die Zuordnung zur tatsächlichen Referenzpopulationen erfolgte und „Fremd-Zuordnung“, dass eine Zuordnung zu einer anderen als der tatsächlichen Referenzpopulation erfolgte.

Die korrekten Selbst-Zuordnungen lagen zwischen 19% (IreSham) und 88% (Loi). Im Mittel über alle Populationen lagen sie bei 57%. Entsprechend waren die wenigsten Fremd-Zuordnungen für Loi (5%) und die meisten für IreSham (38%) zu verzeichnen. Das Mittel der Fremd-Zuweisungen über alle Referenzpopulationen lag bei 18%. Diese Selbst-Zuordnungstest zeigten die unter optimalen Bedingungen erwartbare Präzision der Zuordnungstests, da hier die tatsächliche Population der getesteten Individuen bekannt war. Somit lieferten diese Tests einen geeigneten Interpretationsrahmen für die Ergebnisse der Gruppenzuordnungen für Rhein-Rückkehrer. Zu beachten ist lediglich, dass die exakten prozentualen Angaben nicht notwendigerweise genau denen der Software GeneClass2 entsprechen, die auch im „International Koordinierten Genetischen Monitoring“ verwendet wurde.

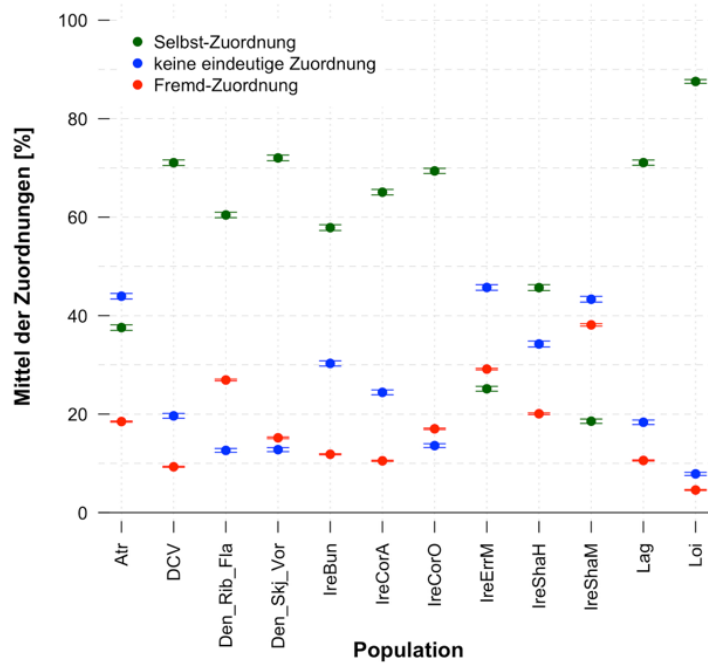


Abbildung B4: Mittel der Zuordnungen der Selbst-Zuordnungstest zu den Kategorien „Selbst-Zuordnung“, „keine eindeutige Zuordnung“ und „Fremd-Zuordnung“ je Referenzpopulation in Prozent.

B-2 Erweiterte genetische Monitoringmethoden

Das Monitoring sowie die wissenschaftliche Begleitung der Wiederansiedlungsmaßnahmen des Atlantischen Lachses im Rheinsystem erfordert neben klassischen Bestandserfassungen zunehmend den Einsatz moderner genetischer Monitoringverfahren. Während Fangstatistiken, Rückkehrerzählungen oder Elektrofischungen wichtige Informationen zur Bestandsentwicklung liefern, ermöglichen genetische Methoden eine deutlich weitergehende Bewertung von Herkunft, Verwandtschaft, Reproduktionserfolg und Wanderbewegungen einzelner Individuen.

Darüber hinaus gewinnen genetische Verfahren auch für den reinen Artnachweis im Gewässer an Bedeutung. Insbesondere die Analyse von Umwelt-DNA (eDNA) erlaubt es, das Vorkommen von Lachsen auch dort nachzuweisen, wo klassische Nachweismethoden nur eingeschränkt einsetzbar sind. Im Rahmen des GeMoLaR-Projektes wurden deshalb neben populationsgenetischen Fragestellungen auch praxisorientierte Anwendungen genetischer Monitoringmethoden untersucht.

eDNA-Analyse aus Wasserproben

Umwelt-DNA (eDNA) ein wertvolles Instrument zur Überwachung des Vorkommens von Atlantischem Lachs in Flüssen und Nebenflüssen. Organismen hinterlassen in ihrem Lebensraum genetische Spuren in Form von Hautzellen, Gewebe, Schleim usw. Diese Umwelt-DNA kann mit verschiedenen molekularen Nachweismethoden wie z.B. PCR, quantitativer PCR (qPCR) und Next-Generation-Sequencing (NGS) nachgewiesen werden.

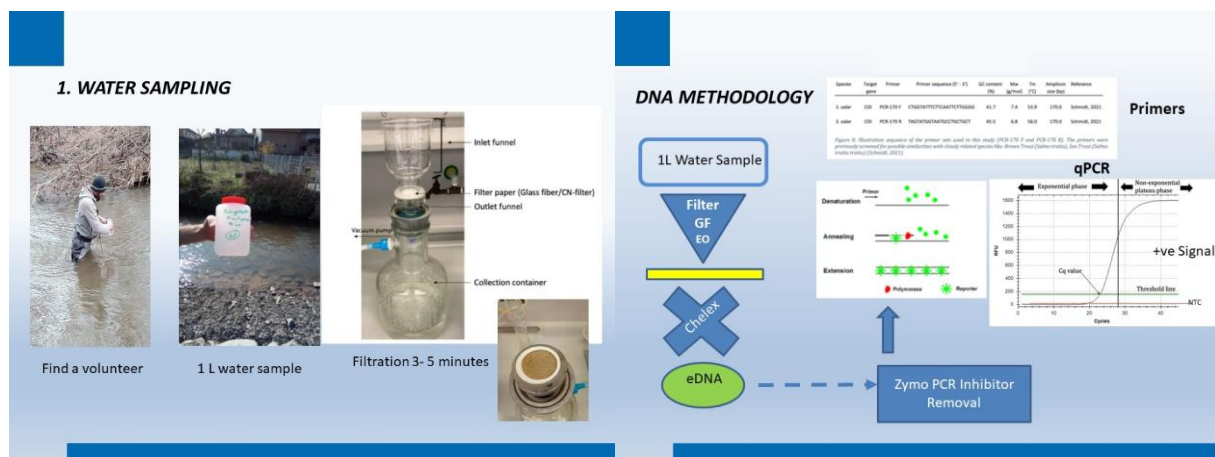


Abbildung B5: [links] veranschaulicht die Wasserprobenahme in einem kleinen Zufluss. Eine 1-Liter-Wasserprobe wird in einem sterilisierten Behälter entnommen und anschließend mittels Vakuumfiltration und einem EO-behandelten Glasfilter (43 mm Außendurchmesser) filtriert. Die so gewonnene Probe wird bis zur weiteren Verwendung in 8%igem Alkohol aufbewahrt. [rechts] zeigt ein Flussdiagramm der DNA-Methoden zur Extraktion von Lachs-eDNA aus Wasserproben und deren anschließender Analyse mittels spezifischer Primer und

In einer typischen Versuchsreihe (siehe Abbildung B5 links) wird eine 1-Liter-Wasserprobe aus einem Bach oder Fluss entnommen und ins Labor transportiert. Dort wird sie filtriert und anschließend einer CHELEX-Extraktion unterzogen (siehe Abbildung B5 rechts). Nach der Gewinnung der Umwelt-DNA (eDNA) wird diese mit einem PCR-Inhibitor-Entfernungs-kit behandelt, um die hemmende Wirkung von Huminsäure in der Probe zu eliminieren. Die Proben durchlaufen dann ein Standard-qPCR-Protokoll mit Vorwärts- und Rückwärts-Primern, die aus bekannten Sequenzen für Atlantischen Lachs bestehen. Nach Denaturierung, Annealing und Elongation mit einem Reporter-Gen wird die Signalintensität gemessen. Bei Vorhandensein von eDNA liegt ein positives Signal oberhalb der Schwellenwertlinie vor.

Typische Ergebnisse sind in Abbildung B6 [links] als Machbarkeitsnachweis im Rahmen einer internationalen Kooperation mit dem Ministerium für Umwelt, Landwirtschaft und Landwirtschaft der Isle of Man dargestellt. Die Insel verfügt über zahlreiche kleine Lachsflüsse, die von Gebirgszuflüssen gespeist werden und ein hervorragendes Beispiel für die Anwendung von eDNA-Techniken im kleinen Maßstab liefern

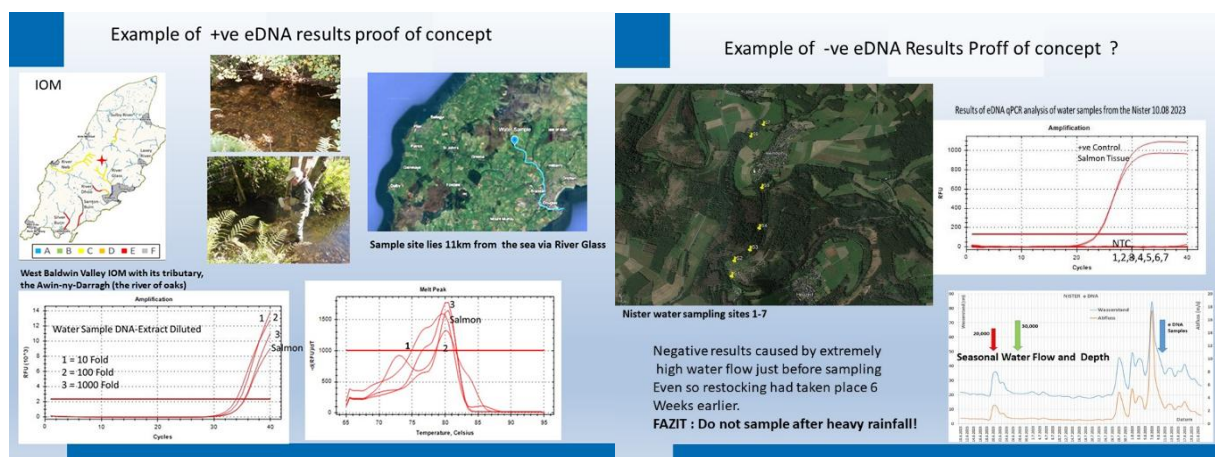


Abbildung B6: [links] Beispiel für positive eDNA-Ergebnisse aus dem Fluss Glass. Die Wasserproben wurden an einem Punkt entnommen, der etwa 11 km vom Meer entfernt liegt (siehe mittlere Fotos links in der Abbildung). Die Flüsse sind nach ihrem Vorkommen an Lachsen in den verschiedenen Entwicklungsstadien von A bis F (nicht vorhanden) eingeteilt. Die Ergebnisse der qPCR-Analyse sind in den beiden unteren Abbildungen dargestellt. [rechts] Beispiel eines negativen eDNA-Ergebnisses. Die Wasserprobenahmestellen 1 bis 7 am Fluss Mr wurden wie zuvor beschrieben genutzt, um Wasserproben zu entnehmen und diese im Labor mittels einer lachsspezifischen quantitativen PCR (qPCR) zu analysieren. Es konnten keine Hinweise auf das Vorhandensein von Lachsen gefunden werden. Diese negativen Ergebnisse wurden durch extrem hohe Wasserstände unmittelbar

Die qPCR-Analyse (untere Abbildung B6 links) zeigt, dass die eDNA-Proben selbst nach tausendfacher Verdünnung noch nachweisbar waren. Die Abbildung rechts daneben (Schmelzpeaks) hilft, die Proben als zu Atlantischem Lachs gehörig zu identifizieren.

Die Abbildung B6 [rechts] zeigt ein negatives Ergebnis der eDNA-Probenahme in der Nister in Deutschland. Hier wurden etwa sechs Wochen nach dem Besatz mit zahlreichen Jungfischen an sechs verschiedenen Stellen Wasserproben entnommen. Die in der oberen rechten Abbildung dargestellten qPCR-Messungen ergaben jedoch in keiner der Proben ein Signal, lediglich die Lachs-Kontrollprobe zeigte ein positives Signal. Negative Ergebnisse können

durch extrem hohe Strömungsgeschwindigkeiten kurz vor der Probenahme verursacht werden, die entweder zur Vertreibung der Fische oder zur Verdünnung des eDNA-Signals führten.

Diese Beispiele für Machbarkeitsstudien verdeutlichen die Notwendigkeit, bei der Entnahme von Wasserproben sorgfältig vorzugehen und die lokalen Fließgeschwindigkeiten sowie Umweltveränderungen zu berücksichtigen.

Individuenbezogene Probenahme im genetischen Monitoring

Für populationsgenetische Fragestellungen ist weiterhin die Gewinnung individueller DNA-Proben erforderlich. Im Rahmen des Projektes wurden hierzu Gewebeproben von Jungfischen, Besatzfischen, Rückkehrern sowie bei Elektrofischungen gefangenen Individuen entnommen.

Die klassische Methode besteht in der Entnahme kleiner Flossenclips, die anschließend konserviert und genetisch untersucht werden. Standardisierte Probenahmesysteme ermöglichen hierbei eine eindeutige Kennzeichnung und minimieren das Risiko von Kreuzkontaminationen (Abbildung B7).

Diese Form der Probenahme bleibt insbesondere notwendig für Herkunftszuordnungen, Verwandtschaftsanalysen, Erfolgskontrollen von Besatzmaßnahmen, genetische Diversitätsanalysen und den Aufbau langfristiger Referenzdatenbanken

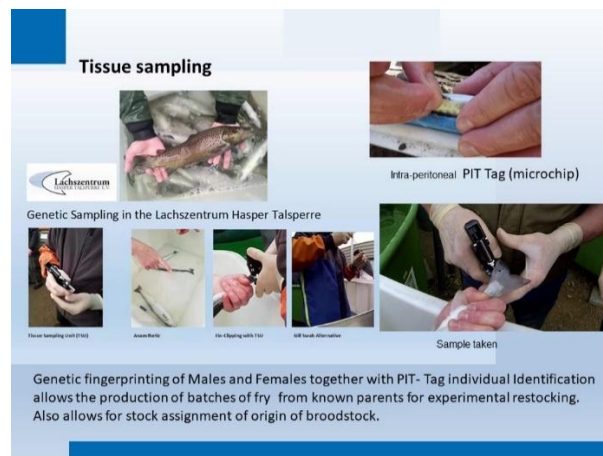


Abbildung B7: Zeigt einige der Techniken, die bei der Gewebeentnahme (TSU) von Jungfischen und Zuchttieren sowie bei der Implantation von PIT-Tags zur individuellen Erkennung angewendet werden.

Schonende Alternativen zur Gewebeprobeentnahme

Da die Entnahme von Flossengewebe insbesondere bei kleinen Jungfischen mit zusätzlichem Stress verbunden sein kann, wurden im Projekt alternative und weniger invasive Methoden untersucht. Hierzu zählten verschiedene kommerzielle Tupfer- und Abstrichsysteme zur

Gewinnung von DNA von Schleimhaut- und Kiemenoberflächen. Hierzu zählen genetische Abstrichtupfer (eNAT), die speziell für die Gewinnung von genetischem Material entwickelt und in RNA-Later gelagert wurden, bakterielle Abstrichtupfer (MSwab), die für die Gewinnung von Bakterienproben und deren Aufbewahrung in Amies-Lösung entwickelt wurden, sowie ein trockener FLOQ-Abstrichtupfer, der die DNA-Stabilität für 12 Monate bei Raumtemperatur gewährleistet.

Die Ergebnisse in Abbildung B10 [links] zeigen, dass alle drei Tupfertypen DNA aus den Kiemen der Fische adäquat gewinnen konnten. Selbst das Inkubationsmedium der bakteriellen Mswabs und eNAT-Tupfer lieferte positive Ergebnisse. Der trockene FLOQ-Tupfer, der zur Langzeitlagerung von Proben bei Raumtemperatur verwendet werden kann, lieferte ebenfalls Ergebnisse, die mit anderen Kurzzeitlagerungsmethoden vergleichbar waren. Zusammenfassend lässt sich sagen, dass die Verwendung von Tupfern, die weniger invasiv als das Abschneiden von Flossen sind, zukünftig routinemäßig im genetischen Monitoring eingesetzt werden könnte.

Die Ergebnisse in Abbildung B8 [links] zeigten, dass mit den getesteten Tupfersystemen ausreichend DNA für qPCR-Analysen gewonnen werden konnte. Auch trockene Tupfersysteme mit längerer Lagerfähigkeit erwiesen sich als praktikabel.

Diese Ergebnisse weisen darauf hin, dass Abstrichmethoden künftig eine wertvolle Ergänzung für routinemäßige Monitoringprogramme darstellen können, insbesondere wenn Jungfische untersucht werden, Stress minimiert werden soll, große Probensätze im Feld erhoben werden oder einfache Lagerung erforderlich ist.

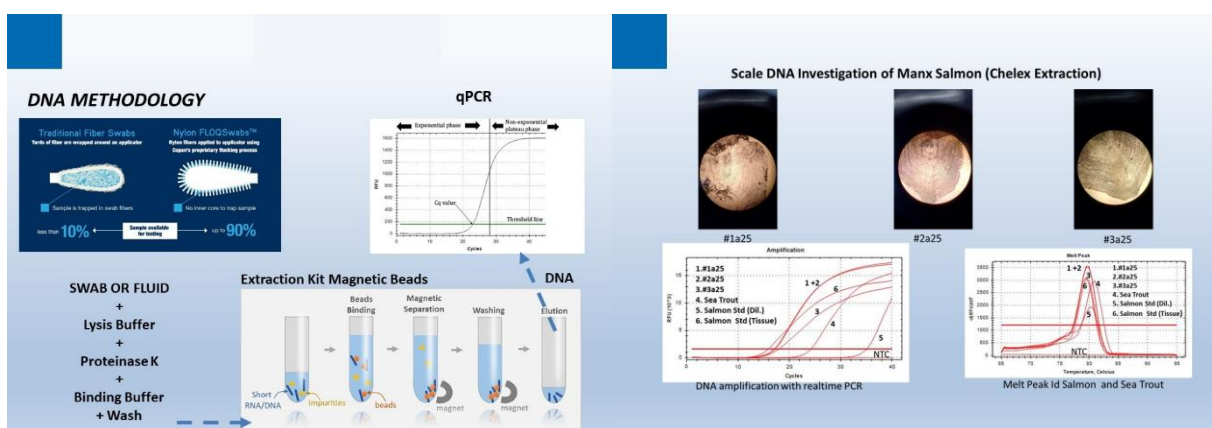


Abbildung B8: [links] Diese Abbildung veranschaulicht die Extraktionstechnik, die entweder mit dem Tupferkopf oder mit der Flüssigkeit aus dem Tupferbehälter angewendet wird. Im Mittelpunkt steht die Verwendung eines Extraktionskits mit Magnetpartikeln zur Gewinnung von DNA für die qPCR-Analyse. Moderne FLOQ-Tupfer absorbieren fast 90 % mehr als herkömmliche Fasertupfer. [rechts] zeigt drei Ergebnisse der Schuppenanalyse von zurückkehrenden Lachsen der Isle of Man, die 2025 gefangen und als Zuchttiere verwendet wurden. Die Schuppen konnten mittels Chelex-Extraktion aufgeschlossen und anschließend einer quantitativen PCR (qPCR) unterzogen werden. Die Ergebnisse wurden gleichzeitig mit Standards aus Lachsgewebe und Meerforelle verglichen.

Schuppenproben als ergänzende genetische Datenquelle

Schuppenproben werden seit vielen Jahren routinemäßig zur Altersbestimmung rückkehrender Lachse verwendet. Sie erlauben Aussagen zur Dauer der Süßwasserphase sowie zur Anzahl der Jahre im Meer vor dem Wiederaufstieg. Darüber hinaus besitzen Schuppen erhebliches Potenzial als genetische Probenquelle.

Im Rahmen des Projektes konnte in Kooperation mit internationalen Partnern vom Department of Environment, Farming and Agriculture auf der Isle of Man gezeigt werden, dass aus einzelnen Schuppen ausreichend DNA für molekulargenetische Analysen gewonnen werden kann (Abbildung B8 [rechts]). Dies eröffnet neue Möglichkeiten für aktuelle sowie historische Untersuchungen.

Besonders relevant ist dies vor dem Hintergrund zahlreicher vorhandener Archivsammlungen, die langfristige genetische Zeitreihen ermöglichen könnten.

Bedeutung für zukünftige Monitoringprogramme

Die Ergebnisse des Projektes zeigen, dass modernes genetisches Monitoring künftig auf mehreren komplementären Säulen beruhen kann:

- eDNA zum Nachweis des Vorkommens im Gewässer
- Gewebeproben zur individuellen genetischen Zuordnung
- Abstrichproben als schonende Alternative
- Schuppenproben für aktuelle und historische Analysen

Die Kombination dieser Verfahren ermöglicht ein effizienteres, tierschonenderes und wissenschaftlich robusteres Monitoring der Lachsbestände im Rheinsystem. Insbesondere im Kontext des Klimawandels, sich verändernder Wanderbedingungen und neuer Besatzstrategien gewinnen solche integrierten genetischen Ansätze weiter an Bedeutung.

B-3 Anwendung der Methodik des GeMoLaR-Projektes auf das Elbeinzugsgebiet

Ein wesentliches Ziel des GeMoLaR-Projektes bestand darin, die im Rheinsystem entwickelten genetischen Monitoringmethoden nicht nur regional anzuwenden, sondern auch ihre Übertragbarkeit auf andere Wiederansiedlungsprogramme zu prüfen. Damit sollte dem Charakter eines Modell- und Demonstrationsvorhabens Rechnung getragen werden. Als

geeignetes Referenzsystem bot sich das Elbeinzugsgebiet an, da dort vergleichbare Ausgangsbedingungen bestehen. Auch in der Elbe war der Atlantische Lachs historisch ausgestorben und wird dort seit den 1990er Jahren durch koordinierte Besatzprogramme wiederangesiedelt (IKSE 2005). In Sachsen begann 1994 das Programm *Lachs 2000*, dem sich später weitere Bundesländer anschlossen. Da keine autochthone Restpopulation mehr vorhanden war, mussten für den Neuaufbau andere europäische Herkünfte als Gründerpopulationen genutzt werden (IKSE 2005).

Dabei kamen zunächst auch irische Linien zum Einsatz. Seit Ende der 1990er Jahre werden jedoch – ähnlich wie im Mittel- und Niederrhein – vor allem nordische Herkünfte aus Westschweden (Ätran, Lagan) sowie später Skjern Å aus Dänemark (LfULG 2020).

Zur Prüfung der Übertragbarkeit wurde die im GeMoLaR-Projekt eingesetzte Methodik der genetischen Gruppenzuweisung auf Proben aus dem Elbeinzugsgebiet angewendet. Insgesamt wurden 334 genetische Proben untersucht. Davon stammten 244 Proben aus historischen Sammlungen der Jahre 2008 bis 2019, weitere 90 Gewebeproben wurden während der Projektlaufzeit neu erhoben. Die genetische Herkunft wurde anhand der auch im GeMoLaR-Projekt eingesetzten reduzierten Referenzdatenbank des SALSEA-Merge-Projektes sowie der Referenzlinie DCV bestimmt (Gilbey et al. 2018; Aquabios GmbH 2018).

Die Ergebnisse der Herkunftszuweisungen zeigten ein klares und biologisch plausibles Muster. Von allen untersuchten Proben wurden 159 Individuen (48%) schwedischen Referenzpopulationen zugeordnet. Innerhalb dieser Gruppe entfielen 44 Zuweisungen auf DCV, 46 auf Ätran und 69 auf Lagan. Weitere 78 Individuen (23%) wurden dänischen Herkünften zugewiesen, davon 68 auf Skjern Å und 10 auf Ribe Å. Zusammen entfielen damit rund 71% aller Proben auf skandinavische Herkunftsgruppen, die nachweislich im Elbsystem eingesetzt wurden (Tabelle B1).

Zusätzlich wurden 15 Individuen (4%) irischen Referenzpopulationen zugeordnet. Da irische Herkünfte im Elbeprogramm seit mehreren Jahren nicht mehr für Besatzmaßnahmen verwendet werden, sind diese Zuweisungen zurückhaltend zu bewerten. Im Verlauf des GeMoLaR-Projektes wurde die Trennschärfe zwischen irischen sowie dänischen und schwedischen Referenzpopulationen gezielt untersucht. Dabei zeigte sich sowohl in Self-assignment-Analysen als auch bei der Auswertung der Referenzdatensätze, dass diese nordwesteuropäischen Populationen genetisch nicht in allen Fällen eindeutig voneinander abgegrenzt werden können. Insbesondere zwischen irischen und skandinavischen Herkünften bestehen teilweise überlappende Allelfrequenzen, die zu Fehl- oder Nichtzuweisungen führen können. Vor diesem Hintergrund ist anzunehmen, dass ein Teil der irischen Zuordnungen eher methodisch bedingt ist und tatsächlich auf dänische oder schwedische Ursprungslinien

zurückgehen könnte (Paetkau et al. 2004; Gilbey et al. 2018). Einzelne Nachwirkungen früherer Besatzmaßnahmen können dennoch nicht vollständig ausgeschlossen werden.

Lediglich eine Probe wurde der französischen Loire/Allier-Referenz zugeordnet. Angesichts fehlender aktueller Besatzmaßnahmen mit dieser Herkunft im Elbsystem handelt es sich dabei wahrscheinlich um einen Einzelfall infolge Streunerverhaltens oder statistischer Fehlzuteilung.

Für 79 Individuen (24%) lag die Zuteilungswahrscheinlichkeit unter dem verwendeten Schwellenwert von 80%, sodass nach GeMoLaR-Kriterien keine Herkunftszuteilung vorgenommen werden konnte. Dieser Anteil ist vergleichbar mit den Untersuchungen im Mittel- und Niederrheinbereich. Ursachen können auch hier die geringe Abgrenzbarkeit der Referenzpopulationen, unvollständige Referenzdatenbanken, genetische Drift heutiger Zuchtlinien, Vermischung verschiedener Herkünfte oder bereits einsetzende lokale Anpassungsprozesse im Elbsystem sein.

Insgesamt zeigen die Ergebnisse deutlich, dass die im GeMoLaR-Projekt für das Rheinsystem entwickelte Methodik auch im Elbeinzugsgebiet belastbare und managementrelevante Aussagen ermöglicht. Die Dominanz skandinavischer Herkünfte stimmt sehr gut mit der dokumentierten Besatzpraxis überein und bestätigt damit die grundsätzliche Aussagekraft des genetischen Referenzsystems. Gleichzeitig machen irische Zuteilungen und nicht eindeutig zuteilbare Tiere die Grenzen der Methodik deutlich.

Damit erfüllt GeMoLaR in besonderem Maße die Anforderungen eines Modell- und Demonstrationsvorhabens. Die im Rhein entwickelte Methodik konnte erfolgreich in einem zweiten großen europäischen Flusssystem angewendet werden und liefert dort unmittelbar nutzbare Erkenntnisse für das Fischereimanagement. Die Ergebnisse belegen, dass genetisches Monitoring nach dem GeMoLaR-Ansatz grundsätzlich auch auf weitere Wiederansiedlungsprogramme übertragbar ist und damit einen überregionalen Mehrwert besitzt.

Tabelle B1: Genetische Gruppenzuweisung der untersuchten Elbpopulationen zu den im GeMoLaR eingesetzten Referenzpopulationen aus dem SALSEA-Merge Projekt und der Referenzpopulation DCV (Aquabios18). Proben die während der Berichtszeit genommen wurden sind fett dargestellt.

	Schweden					Irland			Shannon		Frankreich	Dänemark		
		DCV			Corrib	Corrib	Erriff	Shannon	R,			Skjern	Ribe	No
Pop	N	2018	Ätran	Lagan	Oughterard	Abbert	F	Mulcair	Parteen	Hatchery	Loire	A	A	assign. <80%
IfB10	6				1							3		2
IfB11	20	1		1			3	1				9		5
IfB12	3											3		
IfB14/15	2	1												1
IfB21	11	1									1	6	2	
Lachsbach17	10	5	2	1										2
Lachsbach20	5	3	1											1
Lachsbach22	15	7	2	1										5
Mulde12/13	3	2		1										
Nuthe12/13	20		1				1					13	3	2
Nuthe14	7	1	1									3	1	1
Nuthe16	3											3		
Pulsnitz19	30	3	9	12							1			5
SchwElster12/13	1	1												
Stepenitz12/13	22			1			1					17	1	2
Stepenitz14	13	1	1									5	3	3
Stepenitz16	5											2		3
Stepenitz17	7	1					1					4		1
Koenigsw08	6	1		2										3
Koenigsw09	18	1	3	5				2	1					6
Koenigsw10	30	1	7	15					1					6
Koenigsw11	19	4	3	5			1							6
Koenigsw12	11		2	3		1								5
Koenigsw13	8	2	1				1							4
Koenigsw23	59	8	13	22										16
N gesamt	334	44	46	69	1	1	8	3	2		2	68	10	79

B-4 Identifizierung von Hybriden von Lachs und Forelle

Die hier beschriebenen Analysen wurden weitestgehend im Rahmen der Masterarbeit von Stefan Theobald (Theobald 2022) durchgeführt. Nach Abschluss der Arbeit wurden weitere Analysen durchgeführt.

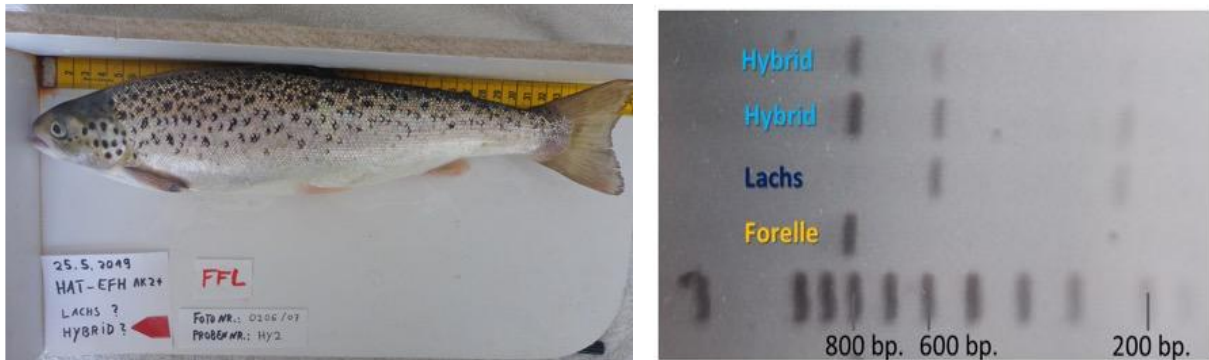


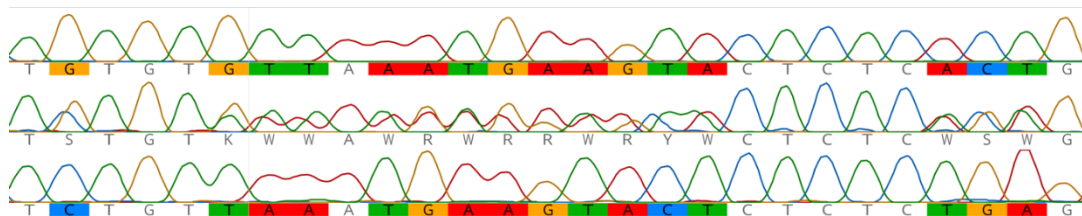
Abbildung B9: links: Hybride zwischen Lachs (*Salmo salar*) und Forelle (*Salmo trutta*). Foto: Jörg Schneider. Rechts: Auf Agarose-Gel ist das Bandenmuster von Lachs, Forelle und zwei Hybriden sichtbar, nachdem das PCR-Produkt mit dem Enzym AluI verdaut wurde. Foto: Stefan Theobald

Da das Allel 162 als typisches Forellenallel aus der Literatur bekannt ist (Perrier et al. 2011, Ensing 2018), wurden zunächst die Proben mit der Allelkombination 162/174 am Locus SSaD486 auf Hybridisierung untersucht. Jedoch hat sich durch eine Sequenzanalyse dieser Allele gezeigt, dass das Allel 162 in Form von zwei verschiedenen Haplotypen vorkommt, die sich durch mehrere Mutationen voneinander unterscheiden (Abbildung B10). Ein Haplotyp kommt natürlicherweise bei Forellen vor und ein anderer Haplotyp kommt natürlicherweise bei Lachsen vor. Durch die reine Auswertung der Mikrosatellitendaten können über dieses Allel 162 Hybride also nicht zuverlässig erkannt werden. Das Vorkommen von dem Allel 162 kann jedoch als Indiz gewertet werden, dass es sich um ein Forellen-Allel handeln könnte. Eine Sequenzierung der beiden Allele ist nötig. Dies ist bei heterozygoten Tieren auf Grund der geringen Sequenzunterschiede beider Allele jedoch sehr aufwendig. Die Banden müssen durch ein spezielles Gel aufgetrennt werden, aus dem Gel extrahiert werden und einzeln sequenziert werden. Daher wurden auch andere einfachere und günstigere Methoden ausprobiert.

Bei einem Teil der Proben mit der Allelkombination 162/174 wurde ein Abschnitt der mitochondrialen Kontrollregion (D-Loop) sequenziert. Drei Sequenzen wurden eindeutig der Forelle zugeordnet. Diese drei Proben zeigten bei der Sequenzierung der nuklearen LDH-C1 DNA (McMeel et al 2001) jedoch eine Überlagerung, die zeigt, dass bei der nuklearen DNA innerhalb einer Probe beide Haplotypen (von Forelle und Lachs) vorkamen (Abbildung B11, Mitte).



Abbildung B10: Ausschnitt von einem Alignment aus sequenzierten Mikrosatteliten-Allelen des Locus SsaD486 von Forelle (oben) und Lachs (unten). Das Allel 162 kommt bei der Forelle und beim Lachs vor. Der Sequenzabschnitt, der dem Allel 162 zu Grunde liegt, unterscheidet sich jedoch durch mehrere Mutationen. Im Bildausschnitt sind 2 Mutationen (T-G, C-T) sichtbar. Zusätzlich ist ein Ausschnitt der Sequenz vom Lachs-Allel 178 und 174 gezeigt.



Durch Literaturrecherchen und eigene Analysen hat sich herausgestellt, dass für die Detektion der Hybride eine Kombination aus verschiedenen Methoden notwendig ist. Eine geeignete und günstige Methode ist die RFLP-Methode am Gonadoliberin Hormon (Gonadotropin Releasing Hormone, GnRH) nach Gross et al (1996). Dazu wird ein 918 Basenpaar Abschnitt der nuklearen DNA zuerst mittels PCR amplifiziert und anschließend mit dem Restriktionsenzym Alul gespalten. Über das Bandenmuster auf dem Agarose-Gel kann dann bestimmt werden, ob es sich bei der Probe um eine Forelle, einen Lachs oder einen Hybriden von beiden Arten handelt (Abbildung B9 B9). Jedoch werden nicht alle Hybride mit dieser Methode erkannt und weitere Analysen sind nötig, beispielsweise die Bandenauftrennung per Agarose-Gel nach einer PCR-Amplifikation von dem DNA-Abschnitt 5S (Pendas et al. 1994).

B-5 Museumsproben

Da die genetische Zugehörigkeit der ursprünglichen Rheinlachspopulation nicht eindeutig geklärt ist, wurden in der Vergangenheit verschiedene genetische Linien im Rhein ausgesetzt (Schneider 2011). Für die vorliegende Untersuchung standen kleine Gewebeproben von 20 konservierten Lachsen aus dem Naturalis Biodiversity Center (Leiden, Niederlande) zur Verfügung, die in den Jahren 1869 und 1870 im Rheindelta gefangen worden waren.

Bei drei dieser Museumsproben konnte ein Abschnitt (12S) der mitochondrialen DNA erfolgreich sequenziert werden. In diesem Genabschnitt zeigten sich jedoch keine Unterschiede zu Individuen, die in der vorliegenden Analyse als irische, französische oder schwedische Lachse identifiziert wurden. Aus diesem Grund wurde ergänzend eine Mikrosatellitenanalyse durchgeführt.

Für zwei Proben war die Mikrosatellitenanalyse an allen 15 untersuchten Loci erfolgreich. Die gewonnenen Daten wurden mit Referenzdatensätzen nach Gilbey et al. (2018) verglichen. Hierzu wurde eine genetische Assignmentanalyse mit der Software GeneClass2 (Piry et al. 2004) durchgeführt, sowohl auf Ebene der Population (Flusssystem) als auch auf regionaler Ebene (Level 3; vgl. Gilbey et al. 2018).

Im Rahmen dieser Analyse konnte eine der beiden Proben (La_NL_40007; Oktober 1869) auf beiden Ebenen eindeutig einer französischen Herkunft zugeordnet werden (Tabelle B2). Dieses Ergebnis wurde zusätzlich durch eine faktorielle Korrespondenzanalyse mit der Software Genetix (Version 4.05; Belkhir et al. 1996) visuell bestätigt (Abbildung B12).

Tabelle B2: Ergebnis der genetischen Zuordnungsanalyse der zwei mumifizierten Lachse, die im Oktober 1869 im Niederrhein in den Niederlanden gefangen wurden. Die Analyse wurde auf Ebene der Population (Flusssystem), und der Region (Level 3, siehe Gilbey et al 2018) durchgeführt. Ab 80% wird die Zuordnung als zuverlässig angesehen, diese Zuordnungen sind fett markiert. Angegeben sind jeweils die wahrscheinlichste und die zweit wahrscheinlichste Zuordnung.

		La_NL_4004	La_NL_40007
Population	1. Zuordnung	Corrib, Abbert, Ireland	Loire, France
		79%	100%
	2. Zuordnung	DCV	---
		13%	0%
Region	1. Zuordnung	Tana	N & W France
		87%	97%
	2. Zuordnung	N Kola	White Sea
		7%	3%

Die zweite Probe (La_NL_4004) konnte keiner der berücksichtigten Referenzherkünfte eindeutig zugeordnet werden (Tabelle B2). Zuordnungen unterhalb des für das Rheingebiet festgelegten Cut-off-Wertes von 80 % wurden als „no assignment“ gewertet. In der faktoriellen Korrespondenzanalyse (FCA) gruppiert diese Probe jedoch mit den beiden dänischen Populationen Ribe Å und Skjern Å (Abbildung B12).

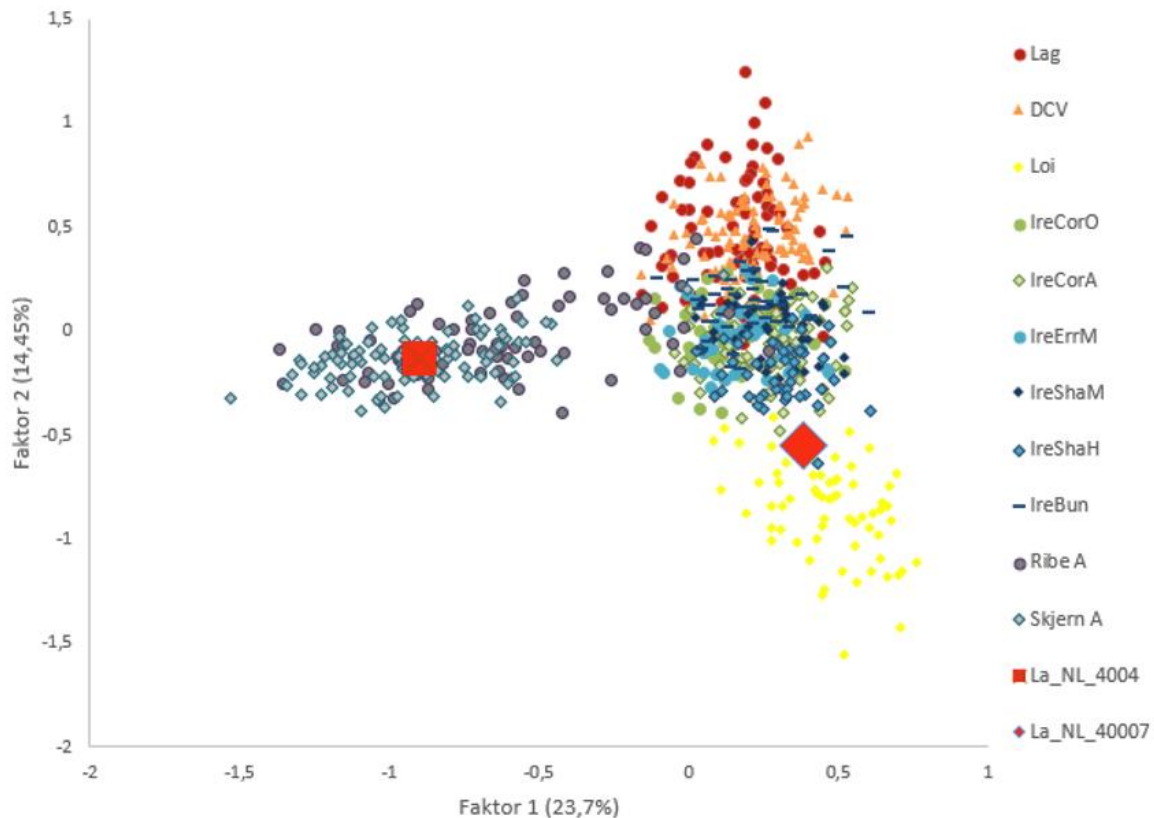


Abbildung B12: Faktorielle Korrespondenzanalyse Referenzpopulationen vom SALSEA Merge-Projekt (Gilbey et al. 2018). Jedes Symbol repräsentiert eine Lachsprobe und die Farben/Symbole die verschiedenen Herkünfte. Je größer der Abstand zwischen den Symbolen, desto unähnlicher sind die Lachse zueinander. Die großen roten Quadrate symbolisieren die beiden Museumsproben.

Es lässt sich nicht eindeutig klären, ob es sich bei den untersuchten Individuen um Lachse handelt, die sich natürlicherweise im Rhein reproduziert haben, oder ob sie als Streuner aus anderen Flusssystemen zugewandert sind. Dementsprechend könnte das Individuum mit Zuordnung zur Herkunft Loire/Allier auch einen Streuner aus dem Loire-System darstellen. Alternativ ist es möglich, dass die Probe La_NL_4004 von einem ursprünglichen Rheinlachs

abstammt, dessen genetisches Profil keiner der in der Analyse berücksichtigten Referenzpopulationen eindeutig entspricht.

Aufgrund dieser uneinheitlichen Ergebnisse ist eine eindeutige Aussage zur genetischen Zusammensetzung der ursprünglichen Rheinlachspopulation nur eingeschränkt möglich.

B-6 Projektpräsentationen

Lachstagung Landau

Vom 10.05. bis 12.05.2023 wurde ein Workshop in Form einer „Lachstagung“ durchgeführt. Insgesamt 62 Personen aus sechs Ländern nahmen daran teil. Das Programm befindet sich im Anhang (Abbildungen B13 und B14). Es gab 27 Vorträge aus sieben deutschen Bundesländern, aus der Schweiz, den Niederlanden, Belgien, Frankreich und Dänemark zu Themen, die den Lachs direkt oder indirekt betreffen. Darüber hinaus fand ein Projekttreffen vom Projekt „GeMoLaR“ mit Projektpartnern und weiteren interessierten Personen statt. Abschließend appellierte Dr. Marco Freese (Thünen-Institut für Fischereiökologie) im Rahmen von einem „Koordinierungstreffen“ an die Teilnehmer der Tagung noch besser bei der Sammlung von Daten zu Lachsbesatz und -vorkommen zusammenzuarbeiten.

Als Rahmenprogramm wurde eine zahlungspflichtige Exkursion zum Fischpass in Iffezheim, eine Zooführung und ein gemeinsames Abendessen in einem Restaurant angeboten.

Die Rückmeldungen zu der Lachstagung waren durchweg positiv. Soweit wir informiert sind, war dies die erste Lachstagung in Deutschland. Von dem intensiven Austausch haben alle Teilnehmer profitiert.

GeMoLaR-Session im Rahmen der 21. GfI-Jahrestagung

Aufgrund der Verlängerung des Projektes wurde eine weitere Abschlussveranstaltung in den Rahmen der 21. Jahrestagung der Gesellschaft für Ichthyologie (GfI) integriert.

Im Rahmen einer „GeMoLaR-Session“ wurden sieben Vorträge zu projektbezogenen Themen gebündelt. Hier wurden sowohl die abschließenden Ergebnisse des Projektes als auch darüber hinaus gehende Themen einem fachkundigen Publikum präsentiert. Das Programm dieser Session findet ist in Abbildung B15 dargestellt. Im Anschluss an die Session fanden sich die teilnehmenden Projektpartner zu einem abschließenden „work-lunch“ zusammen, in welchen projektbezogenen Themen und weitere Perspektiven diskutiert wurden.

Weitere Projekt- und Ergebnispräsentationen

Zwischenergebnisse und Fortschritte des Projektes wurden regelmäßig in den zweimal jährlich stattfindenden Online-Sitzungen der „Salmon Genetic Experts“, einer Untergruppe der

Expertengruppe Fish der IKSР sowie mehrere Male im Rahmen der Sitzungen der EG Fish selbst vorgestellt und diskutiert.

Des Weiteren wurden Projekt und Ergebnisse im Rahmen von Fachvorträgen unter anderem an folgenden Veranstaltungen/Tagungen präsentiert und diskutiert:

- 36. Jahrestagung der Deutschen Gesellschaft für Limnologie (DGL), 27. September – 01. Oktober 2021 am UFZ in Leipzig
- 25. Lahnsteiner Gespräche „Genetisches Monitoring zur Wiederansiedlung des Atlantischen Lachses im Rheingebiet“ (GeMoLaR), 03. Juni 2022
- 36th Congress of the International Society of Limnology (SIL), 7. – 10. August 2022 (Berlin)
- 18. Jahrestagung der Gesellschaft für Ichthyologie e.V. (GfI) 17.-20. November 2022 am Naturhistorischen Museum Wien
- 19. Fachtagung „Fischartenschutz & Gewässerökologie“ 24.-25.02.2023 in Jena
- 20. Sitzung des Fachausschusses „Aquatische Genetische Ressourcen“ 28. März 2023, bei der BLE in Bonn
- Lachstagung – Schutz und Management 10.-12. Mai 2023 an der RPTU in Landau
- Workshop des Bundesministeriums für Landwirtschaft, Ernährung (BMEL) zum Thema „Management and rebuilding of wild Atlantic salmon (*Salmo salar*) stocks in the river Rhine“, 21. März 2024
- 21. Jahrestagung der Gesellschaft für Ichthyologie e.V. (GfI) 09.-12. November 2025 an der RPTU in Landau

Programm Lachstagung in Landau – Schutz und Management

Mittwoch, 10.05.2023

Uhrzeit	Referent/in	Organisation	Thema
14:15	Exkursion Iffezheim (Abfahrt Bus: "Alter Messplatz", Landau, nördlicher Teil vom Parkplatz, 5 Gehminuten vom Campus entfernt.)		
18:15	Hannes Kopf	SGD Süd	Grußworte
	Einar Eg Nielsen	Technical University of Denmark	100 Jahre Lachsmangement in Dänemark. Einblick in die Populationsgenomik
ab 19:15	Get together		

Donnerstag, 11.05.2023

Uhrzeit	Referent/in	Organisation	Thema
08:00	Registrierung		
ab 08:30	Ralf Schulz	RPTU Kaiserslautern-Landau	Grußworte
	Clemens Fieseler	Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung	
	Ralf Schulz	RPTU Kaiserslautern-Landau	Fischökologie in Landau
	Anne Schimpf	RPTU Kaiserslautern-Landau	Vorstellung des Projekts GeMoLaR
09:30	Kaffeepause		
10:00	Michelle Zülch	Internationale Kommission zum Schutz des Rheins	Der Rhein und die Internationale Kommission zum Schutz des Rheins
10:20	Timo Seufert	Büro für fisch- und gewässerökologische Studien	Wiederansiedlung des Lachses in Hessen und Rheinland-Pfalz
10:40	Marie Coll	Association Saumon-Rhin	Lachsmontoring am französischen Oberrhein
11:00	Gerhard Bartl	Lachsprogramm Baden-Württemberg	Stand des Lachsprogramms in Baden-Württemberg
11:20	Karin Camara	Landesamt für Natur, Umwelt und Verbraucherschutz Nordrhein-Westfalen	Lachswiederansiedlung im Wanderfischprogramm Nordrhein-Westfalen
11:40	Armin Nemitz	Rheinischer Fischereiverband	EU-Förderprojekt Wildlachs zentrum Rhein Sieg, Nordrhein-Westfalen
12:00	Mittagessen		
13:00	Steffen Zahn	Institut für Binnenfischerei Potsdam	Elblachs 2000 Projekte – Brandenburg und Sachsen-Anhalt
13:20	Fabian Völker	Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie Sachsen	Elblachs 2000 Projekt – Sachsen
13:40	Christopher Bridges	TunaTech GmbH	Die Rolle von eDNA-Analysen bei der Überwachung von Lachserhaltung und -management
14:00	Moritz Reize	Ministerium für Umwelt, Naturschutz und Verkehr des Landes NRW	Die Zielartenvereinbarung – Maßnahmenumsetzung zur Wiederansiedlung des Lachses in NRW – Ein integrativer Ansatz
14:20	Henrik Distelrath	FishConsulting GmbH	Abwanderung von atlantischen Lachssmolts in der Aare und im Hochrhein
14:40	Christian Löb	RPTU Kaiserslautern-Landau	Sieben Jahre Monitoring: Smoltmigration und Überleben des Atlantischen Lachses in einem Nebenfluss des Oberrheins

R **TU** **P**

Rheinland-Pfälzische
Technische Universität
Kaiserslautern
Landau

GeMoLaR
GEWÄSSER-MONITORING DER INTERNATIONALEN KOMMISSION ZUM SCHUTZ DES RHEINS
DES ATLANTISCHEN LACHSES IM OBERRHEIN

Gefördert durch
 Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft
aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages

Projekträger
 Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Abbildung B13: Programm vom ersten und zweiten Tag der vom 10.05. bis 12.05.2023 in Landau durchgeführten Lachstagung

Programm Lachstagung in Landau – Schutz und Management

15:00	Kaffeepause		
15:30	Anne Schimpf	RPTU Kaiserslautern-Landau	GeMoLaR – Ergebnisse aus einem dreijährigen Besatzexperiment
15:50	Thomas Schmidt	RPTU Kaiserslautern-Landau	GeMoLaR – Daten zur potentiellen Naturverfälschung
16:30	Projekttreffen GeMoLaR oder Führung im Zoo Landau		
ab 18:30	Gemeinsames Abendessen im Restaurant Erdmännl im Zoo Landau		

Freitag, 12.05.2023

Uhrzeit	Referent/in	Organisation	Thema
08:30	Jacco van Rijssel	Wageningen University and Research	Warum erhält sich die Population des Atlantischen Lachses aus dem Rhein nicht?
08:50	Sascha Bub	RPTU Kaiserslautern-Landau	Trends der gesamten angewandten Fischtoxizität in Deutschland
09:10	Jörg Schneider	Büro für fisch- und gewässerökologische Studien	Lachs-Rückkehrerzahlen im Rhein – Probleme und Chancen
09:30	Uwe Mischke	Gesellschaft Naturforschender Freunde an der Freien Universität Berlin	Sind Europäische Weise eine Gefahr für Lachse?
09:50	Kaffeepause		
10:20	Clemens Fieseler	Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung	The North Atlantic Salmon Conservation Organization: Internationale Aspekte bei dem Management vom Atlantischen Lachs
10:40	Pascal Vonlanthen	Aquabios	Lachswiederansiedlung in der Schweiz
11:00	Jochem Hop	Rijkswaterstaat Water, Verkeer en Leefomgeving	Hochwandernde Lachse im Rhein(delta)
11:20	Michaël Ovidio	University of Liege	Rehabilitationsbemühungen für anadrome Salmoniden im Einzugsgebiet der Maas. Erfolge und zukünftige Herausforderungen
11:40	Pascal Vonlanthen	Aquabios	Übersicht koordiniertes genetisches Monitoring und erste Ergebnisse aus der Schweiz und Frankreich
12:00	Heiko Brunken	Hochschule Bremen: Angewandte Fisch- und Gewässerökologie	Der Lachs im Datennetz – GfI-Fischartenatlas und andere
12:20	Mittagessen		
13:30	Marco Freese	Thünen-Institut für Fischereiökologie	Koordinierungstreffen deutscher Lachs-Projekte: Datenerhebung für das internationale Management (ICES WGNAS) im EU-Datensammelprogramm (DCF)
15:30	Abschlusskaffee		

Freitag, 10.10.2025

8:00 Uhr Anmeldung

9:00 Uhr Eröffnung

Session 1 GeMoLaR, Rhein, Lachs und mehr

9:20 – 9:50 Uhr C. Fieseler: Fördermaßnahmen zur Erhaltung aquatischer genetischer Ressourcen im Zuständigkeitsbereich des Bundesministeriums für Landwirtschaft, Ernährung und Heimat

9:50 – 10:10 Uhr C. Löb: GeMoLaR – Genetisches Monitoring zur Wiederansiedlung des Atlantischen Lachses im Rheingebiet

10:10 – 10:30 Uhr K. Camara: Lachswiederansiedlung in Nordrhein-Westfalen

10:30 – 10:55 Uhr Pause

10:55 – 11:15 Uhr C. Bridges: "From Water Sampling to Fish Scales – Genetic Monitoring in Practice"?

11:15 – 11:35 Uhr M. Freese: Buckellachse in Europa – Biologie, Ausbreitung und eDNA-Überwachung

11:35 – 11:55 Uhr E. Boussinet: Determining the natal origin of migratory fish in the Rhine River using otolith microchemistry

11:55 – 12:10 Uhr C. Bridges: Report of an innovative three point programme for stocking of Atlantic salmon in the Faroe Islands

12:10 – 13:40 Uhr Mittagspause

Parallel: **12:30 – 13:30 Uhr GeMoLaR work lunch**

Abbildung B15: Auszug aus dem Tagungsband der 21. Tagung der Gesellschaft für Ichthyologie (GfI) an der RPTU in Landau. Dargestellt sind die Vorträge der GeMoLaR-Session am 10.10.2025 (GfI 2025).

Anhang C - Leitfaden zur Koordination eines bundesländer- und nationalstaatsgrenzen übergreifenden Netzwerkes von Besatzprojekten für den Atlantischen Lachs

Der vorliegende Leitfaden wurde im Rahmen des Projektes *GeMoLaR – Genetisches Monitoring zur Wiederansiedlung des Atlantischen Lachses im Rheingebiet* erarbeitet. Er basiert auf den im Projekt gewonnenen Erkenntnissen und Erfahrungen zur Planung, Durchführung und Auswertung von Besatz- und Monitoringmaßnahmen.

Ziel des Leitfadens ist es, praxisorientierte Empfehlungen für die Koordination eines bundesländer- und nationalstaatsgrenzen-übergreifenden Netzwerkes bereitzustellen. Dabei werden insbesondere organisatorische, methodische und kooperative Aspekte adressiert, die für eine erfolgreiche Umsetzung und Evaluierung von Besatzprojekten von zentraler Bedeutung sind.

Der Leitfaden richtet sich an Behörden, Forschungseinrichtungen, Zuchtbetriebe sowie weitere Akteure im Bereich Fischerei und Naturschutz. Er soll dazu beitragen, die im Projekt entwickelten Ansätze in die Praxis zu übertragen und zukünftige Maßnahmen zur Wiederansiedlung und zum Erhalt des Atlantischen Lachses zu unterstützen.

**Leitfaden zur Koordination eines
bundesländer- und nationalstaatsgrenzen-
übergreifenden Netzwerkes von Besatzprojekten für den
Atlantischen Lachs**

Erfahrungen aus dem MuD-Vorhaben

**Genetisches Monitoring zur Wiederansiedlung des
Atlantischen Lachses im Rheingebiet (GeMoLaR)**



Förderkennzeichen: 2819BM070

erstellt im Auftrag des Bundesministeriums für Landwirtschaft, Ernährung und Heimat
über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Gefördert durch:



Bundesministerium
für Landwirtschaft, Ernährung
und Heimat

Projektträger



Bundesanstalt für
Landwirtschaft und Ernährung

aufgrund eines Beschlusses
des Deutschen Bundestages



Impressum

Herausgeber

**RPTU Kaiserslautern-Landau
Fortstraße 7
76829 Landau in der Pfalz
Deutschland**

Autoren

**Christian Löb · Dr. Anne Schrimpf-Alt · Thomas Schmidt · Prof. Dr. Christopher Bridges ·
Prof. Dr. Ralf Schulz**

Projekt

**Genetisches Monitoring zur Wiederansiedlung des
Atlantischen Lachses im Rheingebiet (GeMoLaR) - Förderkennzeichen: 2819BM070**

Förderung

**Gefördert durch das Bundesministerium für Landwirtschaft, Ernährung und Heimat
(BMELH)**

Projektträger

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE)

Stand

7/2026 (Entwurf)

Zitiervorschlag

Löb C, Schmidt T, Schrimpf-Alt A, Schulz R (2026): Leitfaden zur Koordination eines bundesländer- und nationalstaatsgrenzen-übergreifenden Netzwerkes von Besatzprojekten für den Atlantischen Lachs. Institut für Umweltwissenschaften, RPTU Kaiserslautern-Landau, Landau.

Hinweis

Dieser Leitfaden wurde im Rahmen des Projektes GeMoLaR erstellt. Die darin enthaltenen Inhalte basieren auf den im Projekt gewonnenen Erkenntnissen und Erfahrungen. Eine Übertragung auf andere Systeme ist möglich, sollte jedoch unter Berücksichtigung der jeweiligen regionalen Gegebenheiten erfolgen.

Urheberrecht

© 2026 Institut für Umweltwissenschaften, RPTU Kaiserslautern-Landau.
Alle Rechte vorbehalten. Nachdruck, auch auszugsweise, nur mit Genehmigung der
Herausgeber gestattet.

1. Vorwort

Dieser Leitfaden wurde im Rahmen des Projekts **„Genetisches Monitoring zur Wiederansiedlung des Atlantischen Lachses im Rheingebiet“ (GeMoLaR)** entwickelt. Er fasst zentrale Erfahrungen aus der Koordination eines großräumigen, bundesländer- und staatsgrenzenübergreifenden genetischen Monitorings zusammen und soll zukünftige Lachs- und Wanderfischprojekte bei Planung, Organisation und praktischer Umsetzung unterstützen.

Der Atlantische Lachs (*Salmo salar*) ist eine anadrome Wanderfischart. Er nutzt während seines Lebens verschiedene Flussabschnitte, Zuflüsse, Mündungsbereiche und marine Lebensräume. Deshalb können Besatz- und Wiederansiedlungsprogramme nur dann belastbar bewertet werden, wenn Zuchten, Besatzgewässer, Kontrollbefischungen und Rückkehrerbeprobungen gemeinsam betrachtet werden.

Wir danken allen Projekt- und Kooperationspartnern für die konstruktive Zusammenarbeit. Unser Dank gilt außerdem dem Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft für die Förderung sowie der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung für die Projektträgerschaft.

2. Hintergrund und Ziel des Leitfadens

Der Atlantische Lachs (*Salmo salar*) war im Rhein und vielen seiner Zuflüsse ehemals eine häufige und wirtschaftlich bedeutende Fischart. Durch Wanderhindernisse, Gewässerverschmutzung und Überfischung brachen die Bestände im 19. und 20. Jahrhundert stark ein. In den 1950er Jahren galt der Lachs im Rheinsystem als ausgestorben.

Seit den 1980er Jahren wurden umfangreiche Programme zur Wiederansiedlung umgesetzt. Trotz zahlreicher Fortschritte ist das langfristige Ziel selbsttragender Wildpopulationen bislang nicht erreicht. Besatzmaßnahmen bleiben weiterhin ein wichtiger Bestandteil der Programme. Um diese Maßnahmen fachlich bewerten und verbessern zu können, ist ein koordiniertes Monitoring erforderlich.

Ziel dieses Leitfadens ist es, praxisnahe Empfehlungen für die Organisation eines solchen Netzwerks zu geben. Im Mittelpunkt stehen:

- Abstimmung zwischen Bundesländern und Anliegerstaaten im Flusseinzugsgebiet
 - Einbindung von Behörden, Genbanken, Zuchten, Verbänden und Wissenschaft
 - standardisierte Probenahme
 - genetisches Monitoring
 - Datenmanagement
 - Rückkopplung der Ergebnisse in Zucht- und Besatzpraxis
-

3. Grundprinzipien eines koordinierten Lachsnetzwerks

3.1 Flussgebiet statt Verwaltungsgrenzen

Bei Wanderfischen sollte die Planung immer auf Ebene des gesamten Einzugsgebietes erfolgen. Lachse, die in einem Zufluss besetzt wurden, können später weit entfernt als Rückkehrer, Totfund oder Beifang nachgewiesen werden. Daher sind auch Proben außerhalb des eigentlichen Besatzgebietes relevant.

3.2 Frühzeitige Einbindung aller Akteure

Alle relevanten Stellen sollten bereits in der Planungsphase eingebunden werden. Dazu gehören insbesondere:

- Fischerei- und Naturschutzbehörden
- Zuchtanlagen und Genbanken
- Angel- und Fischereiverbände
- wissenschaftliche Einrichtungen
- Betreiber von Fischpässen und Monitoringanlagen
- Fachbüros
- internationale Flussgebietskommissionen
- zuständige Ministerien und Landesämter

3.3 Einheitliche Methoden

Vergleichbare Ergebnisse sind nur möglich, wenn Proben nach einheitlichen Standards erhoben, beschriftet, gelagert und genetisch analysiert werden. Besonders wichtig sind identische genetische Marker, Kalibrierung der Labore und eine zentrale Qualitätssicherung.

3.4 Zentrale Datenhaltung

Alle relevanten Informationen zu Elterntieren, Besatzchargen, Besatzorten, Rückkehrern und Kontrollbefischungen sollten in einer gemeinsamen Datenstruktur zusammengeführt werden.

4. Projektplanung

Für die Planung eines bundesländer- oder staatsgrenzenübergreifenden Monitoringprojektes sollten **drei Jahre Vorlaufzeit** eingeplant werden.

4.1 Empfohlene Schritte vor Projektbeginn

1. Projektpartner identifizieren
2. Zielsetzung und Fragestellungen festlegen
3. Zuständigkeiten klären
4. Behörden frühzeitig informieren

5. rechtliche Anforderungen prüfen
6. Probenahmekonzept erstellen
7. genetische Methode festlegen
8. Referenzdaten und Kalibrierung vorbereiten
9. Datenstruktur entwickeln
10. Zuchten und Feldteams schulen
11. Kommunikationswege festlegen

4.2 Typische Fragestellungen

Ein koordiniertes genetisches Monitoring kann u. a. folgende Fragen beantworten:

- Welche genetischen Herkünfte tragen zu den Rückkehrern bei?
- Aus welchen Zuchtanlagen stammen rückkehrende Lachse?
- Welche Besatzgewässer leisten den größten Beitrag?
- Wie hoch ist der Anteil natürlicher Reproduktion?
- Welche Besatzstadien oder Besatzzeitpunkte sind besonders erfolgreich?
- Wie entwickelt sich die genetische Diversität der Zuchtlinien?

5. Methodische Grundlage

5.1 Genetische Marker

Für überregionale Vergleiche sollten etablierte und international anschlussfähige Markersysteme verwendet werden. Im Projekt GeMoLaR wurde ein Mikrosatelliten-System genutzt, das mit dem SALSEA-Merge-Referenzsystem kompatibel ist (Gilbey et al. 2017).

Wichtig sind:

- Verwendung gleicher Primer
- Kalibrierung der Allelgrößen
- Einbindung von Referenzproben
- Prüfung auf Fehlgenotypisierungen

5.2 Herkunftszuweisung

Mit genetischen Herkunftsanalysen kann geprüft werden, welcher Referenzpopulation oder Herkunftsgruppe ein Lachs wahrscheinlich angehört. Diese Analysen sind besonders hilfreich, um großräumige Muster zu erkennen, z. B. französische, skandinavische oder irische Herkünfte.

Die Ergebnisse sollten jedoch vorsichtig interpretiert werden, da genetisch nahe Populationen nicht immer eindeutig getrennt werden können.

5.3 Elternschaftsanalyse

Elternschaftsanalysen sind besonders wertvoll für die Bewertung von Besatzmaßnahmen. Voraussetzung ist, dass möglichst alle Elterntiere aus den Zuchten genetisch beprobt wurden. Dann können juvenile Lachse oder Rückkehrer konkreten Elterntieren, Zuchtanlagen, Besatzchargen oder Besatzgewässern zugeordnet werden.

Für Besatzexperimente sollten Zuchten nach Möglichkeit genetisch unterscheidbare Gruppen bilden, z. B.:

- frühe vs. späte Besatztermine
- Brut vs. Parr
- unterschiedliche Herkünfte
- unterschiedliche Filialgenerationen
- unterschiedliche Aufzuchtanlagen

6. Rechtliche und organisatorische Anforderungen

Vor Beginn der Probenahme müssen die rechtlichen Anforderungen im jeweiligen Bundesland bzw. Staat geprüft werden. Dies betrifft insbesondere:

- tierschutzrechtliche Anzeigen oder Genehmigungen
- fischereirechtliche Erlaubnisse
- Genehmigungen für Elektrofischungen
- Zuständigkeiten an Fischpässen, Reusen und ähnlichen Fangeinrichtungen
- Transport und Lagerung biologischer Proben
- Datenschutz und Datenweitergabe

Da sich die Verfahren zwischen Bundesländern unterscheiden können, sollte frühzeitig Kontakt mit den zuständigen Behörden aufgenommen werden. Bewährt hat sich eine schriftliche Kurzbeschreibung des Vorhabens mit Angaben zu Methode, Tierzahl, Probenart, beteiligten Personen und Untersuchungsgebiet.

7. Projektpartner und Rollen

7.1 Behörden

Behörden sind zentrale Partner, da sie Zuständigkeiten, Genehmigungen, Monitoringdaten und Kontakte zu lokalen Akteuren bündeln. Sie sollten frühzeitig in Planung und Umsetzung einbezogen werden.

Aufgaben können sein:

- Genehmigungen koordinieren
- Monitoringstellen benennen

- Probenahmen ermöglichen
- Daten zu Rückkehrern bereitstellen
- Austausch zwischen Ländern unterstützen

7.2 Zuchtanlagen

Zuchten sind für genetisches Monitoring unverzichtbar. Sie liefern die Grundlage für Elternschaftsanalysen.

Wichtige Aufgaben:

- Beprobung aller Elterntiere
- Dokumentation von Verpaarungen
- Bildung genetisch unterscheidbarer Chargen
- Dokumentation von Besatzmengen, Stadien und Besatzorten
- Rückmeldung zu Herkunft, Gesundheitszustand und Aufzuchtbedingungen

Da diese Arbeiten zeitaufwendig sein können, sollte geprüft werden, ob zusätzlicher Aufwand finanziell berücksichtigt werden kann.

7.3 Angelverbände, Vereine und Fischerei

Angelverbände und Fischereiberechtigte können wichtige Hinweise zu Fängen, Beifängen, Totfunden oder Sichtungen liefern. Sie sollten über Ziele und Vorgehen des Projektes informiert werden.

Wichtig ist eine klare Kommunikation: Auch Zufallsfunde oder unbeabsichtigte Fänge können für das Monitoring wertvoll sein.

7.4 Wissenschaftliche Einrichtungen

Wissenschaftliche Einrichtungen eignen sich besonders für:

- neutrale Koordination
- Methodenauswahl
- Labor- und Datenqualität
- genetische Auswertung
- Ergebnisinterpretation
- Berichte und Empfehlungen

7.5 Überregionale und internationale Institutionen

Bei großen Flusssystemen sollten Flussgebietsgemeinschaften und internationale Kommissionen einbezogen werden. Sie bieten geeignete Plattformen für Abstimmung, Datenaustausch und Ergebnispräsentation.

8. Probenahme

8.1 Grundsatz

Die Probenahme muss tierschonend, standardisiert und eindeutig dokumentiert erfolgen. Jede Probe ist nur so wertvoll wie die zugehörigen Metadaten.

8.2 Geeignete Probenarten

- **Elterntiere in Zuchten**

Diese Proben sind die Grundlage für Elternschaftsanalysen, Diversitätsbewertungen und Zuchtmanagement.

- **Juvenile Lachse aus Kontrollbefischungen**

Diese Proben ermöglichen Aussagen zu Besitzerfolg, Naturverlaichung und Überleben verschiedener Besatzvarianten.

- **Rückkehrer**

Rückkehrerproben sind besonders wertvoll, da diese Tiere den gesamten Lebenszyklus bis zum Wiederaufstieg erfolgreich durchlaufen haben.

- **Totfunde, Beifänge und Zufallsfänge**

Auch solche Proben sollten berücksichtigt werden, da sie Hinweise auf Herkunft, Wanderung und Besatzfischanteil liefern können.

8.3 Durchführung der Gewebeentnahme

Bewährt haben sich im GeMoLaR-Projekt drei Verfahren:

1. **Flossenclip**

Ein kleines Stück der Fett- oder Schwanzflosse wird entnommen und in Ethanol konserviert.

2. **Tissue Sampling Unit (TSU)**

Eine kleine Gewebeprobe wird mit einem Applikator entnommen und direkt in einem codierten Probengefäß konserviert.

3. **Abstrichsysteme**

Abstrich von Schleimhaut- oder Kiemenoberflächen mit verschiedenen kommerziellen Tupfer- und Abstrichsystemen

Flossenclips liefern meist ausreichend Material und ermöglichen Rückstellproben. TSU-Systeme sind standardisiert, gut handhabbar und reduzieren das Risiko von Verwechslungen.

Unabhängig von der gewählten Probenahmemethode handelt es sich bei der Entnahme von Gewebeproben an lebenden Fischen um einen tierschutzrechtlich relevanten Eingriff. Vor Beginn der Probenahmen sind daher die erforderlichen Genehmigungen bzw. Anzeigen nach den geltenden tierschutzrechtlichen Bestimmungen bei den zuständigen Behörden einzuholen. Die Probenahmen dürfen ausschließlich durch entsprechend qualifiziertes und autorisiertes Personal durchgeführt werden.

9. Probenbeschriftung und Metadaten

Jede Probe muss eindeutig beschriftet werden. Barcodes sind dringend zu empfehlen. Eine Beschriftung mit wasserlöslichen oder Ethanol-unbeständigen Stiften ist auszuschließen. Proben sollten erst dann analysiert werden, wenn ein vollständiges Protokoll vorliegt.

9.1 Mindestangaben je Probe

Für jede Probe sollten mindestens erfasst werden:

- eindeutige Proben-ID
- Datum
- Gewässer / Fundort
- Koordinaten oder genaue Ortsbeschreibung
- Probenherkunft
- Entwicklungsstadium
- Länge
- Gewicht, wenn verfügbar
- Geschlecht, wenn bestimmbar
- Fangmethode
- Name der beprobenden Person
- Kontaktperson für Rückfragen

9.2 Zusätzliche Angaben bei Zuchtproben

Bei Elterntieren und Besatzchargen sollten zusätzlich dokumentiert werden:

- Zuchtanlage
- Herkunftslinie
- Alter / Jahrgang
- Verpaarung
- genetische Gruppe / Charge
- Besatzdatum
- Besatzort
- Besatzstadium
- Besatzmenge
- besondere Aufzuchtbedingungen

10. Besatzexperimente

Für die Bewertung von Besatzstrategien sollten Experimente möglichst vorab geplant und genetisch unterscheidbar angelegt werden.

10.1 Geeignete Vergleichsfragen

- frühes vs. spätes Besatzdatum (z.B. Parr-Besatz in Juni und August)
- unterschiedliche Besatzstadien (Ei, Brütling, Parr, Smolt)
- unterschiedliche Herkunftslinien
- unterschiedliche Zuchtanlagen
- unterschiedliche Filialgenerationen
- unterschiedliche Besatzgewässer

10.2 Mindestanforderungen

Besatzexperimente sollten nur dann durchgeführt werden, wenn folgende Voraussetzungen erfüllt sind:

- vollständige Beprobung der Elterntiere
- eindeutige Zuordnung der Chargen
- genaue Besatzprotokolle
- ausreichende Wiederfang- oder Rückkehrerkontrollen
- einheitliche Auswertung
- Dokumentation von Umweltbedingungen

11. Datenmanagement

Ein zentrales Datenmanagement ist entscheidend. Empfohlen wird eine gemeinsame Datenbank oder abgestimmte Tabellenstruktur.

11.1 Wichtige Datengruppen

- Elterntierdaten
- Besatzdaten
- Rückkehrerdaten
- juvenile Proben
- genetische Ergebnisse
- Herkunftszuweisungen
- Elternschaftszuweisungen
- Habitat- und Gewässerdaten
- Fang- und Monitoringdaten

11.2 Qualitätskontrolle

Regelmäßig geprüft werden sollten:

- doppelte Proben-IDs
 - fehlende Ortsangaben
 - unklare Chargenbezeichnungen
 - fehlende Elterntiere
 - unvollständige Besatzprotokolle
 - Abweichungen zwischen Feld- und Labordaten
-

12. Kommunikation und Projektsteuerung

Ein Netzwerk funktioniert nur mit regelmäßiger Kommunikation.

Empfohlen werden:

- Auftakttreffen mit allen Partnern
- feste Kontaktpersonen je Institution
- jährliche Statusberichte
- regelmäßige Online-Sitzungen
- schnelle Rückmeldung genetischer (Zwischen-) Ergebnisse
- gemeinsame Workshops zur Interpretation
- klare Regeln zur Datennutzung

Besonders wichtig ist, Ergebnisse nicht nur wissenschaftlich auszuwerten, sondern den beteiligten Zuchten, Behörden und Praxispartnern verständlich zurückzumelden.

13. Projektstart

Ein Projekt sollte erst starten, wenn folgende Punkte geklärt sind:

- Projektpartner sind benannt
- Genehmigungen liegen vor oder sind beantragt
- Probenahmesets sind vorbereitet
- Barcodes und Datenblätter sind vorhanden
- Zuchten kennen ihre Aufgaben
- Labor und Markerpanel sind festgelegt
- Referenzdaten sind verfügbar
- Datenstruktur ist abgestimmt

- Zuständigkeiten für Rückfragen sind klar

Wichtig ist, dass die Beprobung der Elterntiere in den Zuchten möglichst im ersten Projektjahr beginnt. Ohne diese Grundlage sind spätere Elternschaftsanalysen nur eingeschränkt möglich.

14. Häufige Fehler und Empfehlungen aus GeMoLaR

Häufige Probleme

- unvollständige Elterntierbeprobung
- fehlende oder uneinheitliche Besatzprotokolle
- nicht eindeutig unterscheidbare Chargen
- unvollständige Probenmetadaten
- zu geringe Stichprobengrößen

Empfehlungen

- lieber früh einfache Standards festlegen als später Daten nachbearbeiten
 - jede Probe sofort eindeutig codieren
 - Analysen erst durchführen, wenn vollständige Protokolle vorliegen
 - Besatzchargen vorab genetisch planen
 - Zuchten eng einbinden
 - Rückkehrerbeprobung prioritär behandeln
 - Daten regelmäßig prüfen
 - Ergebnisse zeitnah kommunizieren
-

15. Übertragbarkeit

Die Erfahrungen aus GeMoLaR sind nicht nur für das Rheinsystem relevant. Der Ansatz ist grundsätzlich übertragbar auf:

- andere Lachsprogramme
- Elbe, Oder, Donau und weitere Flussgebiete
- Meerforelle
- Maifisch
- Störarten
- weitere aquatische Wiederansiedlungsprogramme

Voraussetzung ist jeweils eine Kombination aus standardisierter Probenahme, zentraler Datenhaltung, genetischer Qualitätssicherung und enger Zusammenarbeit zwischen Praxis, Verwaltung und Wissenschaft.

16. Schlussfolgerung

Die Koordination bundesländer- und staatsgrenzenübergreifender Besatzprojekte ist aufwendig, aber für Wanderfische wie den Atlantischen Lachs unverzichtbar. GeMoLaR hat gezeigt, dass genetisches Monitoring einen entscheidenden Beitrag zur Bewertung und Optimierung von Besatzmaßnahmen leisten kann.

Der Erfolg solcher Programme hängt wesentlich von fünf Punkten ab:

1. vollständige Einbindung aller relevanten Akteure
2. standardisierte Probenahme und genetische Methoden
3. vollständige Beprobung der Elterntiere
4. verlässliches Datenmanagement
5. regelmäßige Rückkopplung der Ergebnisse in Zucht, Besatz und Gewässermanagement

Damit bietet der GeMoLaR-Ansatz ein praxistaugliches Modell für zukünftige Wiederansiedlungs- und Erhaltungsprogramme wandernder Fischarten.

Anhang D - Kurzfassung

Im Rahmen des Modell- und Demonstrationsvorhabens „Genetisches Monitoring zur Wiederansiedlung des Atlantischen Lachses im Rheingebiet“ (GeMoLaR) wurde untersucht, wie erfolgreich die Wiederansiedlung des Atlantischen Lachses im Rheinsystem ist und wie sich Besatzmaßnahmen künftig verbessern lassen. Zentrale Fragestellungen betrafen die Herkunft rückkehrender Lachse, den Anteil natürlicher Reproduktion sowie die Wirksamkeit unterschiedlicher Besatzstrategien. Hierzu wurden moderne genetische Methoden eingesetzt und erstmals großräumig über Ländergrenzen hinweg mehr als 15.000 Proben aus dem deutschen Rheingebiet ausgewertet. Die Ergebnisse stehen im Einklang mit internationalen Erkenntnissen aus vergleichbaren Projekten im europäischen Kontext und unterstreichen die Bedeutung standardisierter genetischer Methoden.

Die Ergebnisse zeigen, dass Rückkehrer im Oberrhein überwiegend aus französischen Besatzlinien stammen, während im Mittelrhein vor allem skandinavische Herkünfte dominieren. Dies bestätigt grundsätzlich die Wirksamkeit regional angepasster Besatzstrategien. Gleichzeitig wurde festgestellt, dass natürliche Reproduktion bislang nur in geringem Umfang stattfindet und die Bestände weiterhin sehr stark von Besatzmaßnahmen abhängig sind. Unterschiede im Erfolg von Besatzmaßnahmen hängen insbesondere von Standortbedingungen sowie vom Besatzstadium und -zeitpunkt ab.

Die Ergebnisse haben eine hohe praktische Relevanz für das Fischereimanagement. Sie ermöglichen erstmals eine objektive Bewertung des Anteils der besetzten Fische unter Junglachsen und Rückkehrern und liefern eine wissenschaftliche Grundlage zur Optimierung zukünftiger Maßnahmen. Darüber hinaus konnte gezeigt werden, dass die entwickelten genetischen Monitoringmethoden auch auf andere Flusssysteme – beispielhaft die Elbe – übertragbar sind. Damit leistet das Vorhaben einen wichtigen Beitrag zur Weiterentwicklung europaweiter Strategien zur Wiederansiedlung wandernder Fischarten und zur Stärkung eines evidenzbasierten Gewässermanagements.



Genetic Monitoring for the Reintroduction of Atlantic Salmon in the Rhine Catchment (GeMoLaR)

-Executive summary-

Christian Löb, Anne Schrimpf-Alt, Thomas Schmidt,
Christopher Bridges, Ralf Schulz

Funding reference: 2819BM070

Project duration: 01.07.2020 – 30.04.2026

Funding body: Federal Ministry of Agriculture, Food and Regional Identity (BMLEH), Germany

Project management agency: Federal Office for Agriculture and Food (BLE)

Beneficiary: RPTU Kaiserslautern-Landau

Date: July 2026

1. Background and objectives

The Atlantic salmon (*Salmo salar*) became extinct in the Rhine River during the first half of the twentieth century as a consequence of river fragmentation, water pollution and overexploitation. Since the 1980s, extensive international restoration programmes have aimed to re-establish self-sustaining salmon populations throughout the Rhine catchment. Despite considerable progress in improving water quality and river connectivity, stocking of hatchery-reared juveniles remains essential because natural reproduction is still insufficient to maintain viable populations.

Prior to GeMoLaR, genetic monitoring had only been applied on a local scale. The main objective of the project was therefore to establish a standardized, cross-border genetic monitoring programme covering the German Rhine catchment and to integrate the results with corresponding activities in France and Switzerland. The project aimed to evaluate stocking

success, quantify natural reproduction, assess genetic diversity and provide recommendations for the genetic management of Atlantic salmon restoration programmes.

2. Project implementation

Between 2020 and 2025, more than 15,500 tissue samples from Atlantic salmon were collected and genetically analysed. The dataset included broodstock, juvenile salmon from monitoring programmes, returning adult salmon and additional reference samples from France and Switzerland. Microsatellite genotyping and parentage analyses were used to identify the origin of individual fish, assign returning salmon to specific stocking programmes and evaluate natural reproduction. In addition, genetic diversity within broodstock populations was assessed and several experimental stocking strategies were compared.

The project relied on close cooperation between federal states, hatchery operators, fisheries authorities, scientific institutions and international partners. Standardised laboratory protocols ensured the comparability of genetic data across all participating regions.

3. Main results

The project demonstrated that genetic monitoring is a powerful tool for evaluating Atlantic salmon restoration programmes. Parentage analyses enabled the successful assignment of returning salmon to individual hatcheries and stocking locations, providing, for the first time, a comprehensive assessment of the contribution of different stocking programmes to the adult salmon population in the Rhine.

The analyses confirmed that current Rhine salmon populations consist of multiple genetic origins reflecting historical and ongoing stocking practices. Most returning adults could be assigned to the expected regional stocking programmes, while only a small proportion represented straying individuals.

Genetic analyses of juvenile salmon showed that natural reproduction occurred in several tributaries but generally contributed only a small proportion of the juvenile population during the study period. At the same time, the project demonstrated that genetic diversity within broodstock populations is generally well maintained, although continued genetic management remains necessary to prevent inbreeding and preserve adaptive potential.

Experimental stocking trials indicated that stocking strategy influences juvenile survival. In particular, unfed fry frequently showed higher recapture rates than alternative stocking stages, while the timing of stocking also affected survival under certain conditions.

A major limitation of the project was the exceptionally low number of returning adult salmon observed during the project period. Since 2018, returns to the Rhine have declined

substantially despite continued stocking efforts, limiting the statistical power of some analyses and reducing opportunities to evaluate natural reproduction.

4. Conclusions and impact

GeMoLaR established the first coordinated genetic monitoring system for Atlantic salmon restoration across the German Rhine catchment. The project demonstrated that genetic monitoring provides essential information for evaluating stocking success, identifying natural reproduction, maintaining genetic diversity and supporting evidence-based management decisions.

The project also strengthened cooperation among fisheries authorities, hatchery managers and research institutions across national borders. The developed methodologies and the practical guidance document produced within the project provide a framework for future genetic monitoring programmes and are transferable to other migratory fish species and conservation programmes.

Although the long-term goal of establishing self-sustaining Atlantic salmon populations has not yet been achieved, GeMoLaR provides an important scientific basis for improving stocking strategies, conserving genetic resources and supporting the continued restoration of Atlantic salmon in the Rhine catchment. Continued genetic monitoring, combined with habitat restoration and measures to reduce mortality throughout the salmon life cycle, will be essential for achieving this objective.