

„Progetto Fiumi“ Schlussbericht

Erhebung der Fischbiodiversität in Schweizer Fließgewässern


Jakob Brodersen

Johannes Hellmann

Ole Seehausen

Impressum

eawag
aquatic research

 Schweizerische Eidgenossenschaft
Confédération suisse
Confederazione Svizzera
Confederaziun svizra

Bundesamt für Umwelt BAFU
Office fédéral de l'environnement OFEV

Herausgeber

Eawag: Das Wasserforschungsinstitut des ETH-Bereichs
Überlandstrasse 133, CH-8600 Dübendorf, www.eawag.ch

Dieser Expertenbericht wurde vom Bundesamt für Umwelt (BAFU) im Rahmen des Forschungsprojekts Progetto Fiumi finanziert. Weitere Partner sind im Kapitel 7 unter «Dank» erwähnt. Für den Inhalt ist allein der Herausgeber verantwortlich.

Autoren

Jakob Brodersen, Johannes Hellmann, Ole Seehausen

Zitierung

Brodersen J., Hellmann J., Seehausen O. (2023). Erhebung der Fischbiodiversität in Schweizer Fließgewässern – Progetto Fiumi Schlussbericht
Hrsg. Eawag: Swiss Federal Institute of Aquatic Science and Technology.
<https://doi.org/10.55408/eawag:30020>

Kastanienbaum/Dübendorf, März 2023

Layout

katja@grafikvonfrauschubert.com

Fotos und Abbildungen

Alle nicht anders gekennzeichneten Fotos und Abbildungen sind Eigentum der Eawag.

Bild Titelseite

Alet (*Squalius cephalus*), auch Döbel genannt, auf ihrem Laichgrund in der Trême, einem Nebenfluss der Saane, Kanton Fribourg, Schweiz. Foto: Michel Roggo



Die Texte, die mit dem Zusatz «Eawag» gekennzeichneten Fotos sowie alle Grafiken und Tabellen unterliegen der Creative-Commons-Lizenz «Namensnennung 4.0 International». Sie dürfen unter Angabe der Quelle und Zusendung eines Belegs an medien@eawag.ch frei vervielfältigt, verbreitet und verändert werden.

Weitere Informationen zur Lizenz finden sich unter <http://creativecommons.org/licenses/by/4.0>.

Inhaltsverzeichnis

Zusammenfassung	6		
Résumé	10		
Sintesi	14		
Summary	18		
1. Einleitung	22		
1.1 Fischbiodiversität in der Schweiz	23		
1.2 Intraspezifische Diversität	23		
<i>Box 1: Neutrale und adaptive genetische Differenz</i>	24		
1.3 Bedrohung der Biodiversität	25		
1.4 Warum Progetto Fiumi?	25		
2. Projektziele	26		
2.1 Erhebung der Biodiversität und ihre Verbreitung	26		
2.2 Erhebung von Umweltvariablen	26		
2.3 Repräsentativität und Vergleichbarkeit	26		
2.4 Sammlung für die Gegenwart und die Zukunft	26		
3. Methoden	27		
<i>Box 2: Die elektrischen Befischungsmethoden kurz erklärt</i>	28		
3.1 Probenahmestandorte	29		
3.2 Gesammelte Proben und Daten	31		
3.2.1 Umweltproben	31		
3.2.2 Fische	33		
3.3 Methoden zur Untersuchung der intraspezifischen Diversität	35		
3.3.1 Phänotypische Diversität	35		
3.3.2 Diversität in Fressverhalten	35		
4. Resultate	36		
4.1 Allgemeine Erkenntnisse	36		
4.1.1 Artenvielfalt der gefangenen Fische	36		
4.1.2 Grössenverteilung der gefangenen Fische	37		
4.1.3 Vielfalt von Habitaten	38		
<i>Box 3: Ökologische Auswirkung von Kleinwasserkraftanlagen</i>	42		
4.2 Struktur des Nahrungsnetzes in Schweizer Fliessgewässern	44		
4.2.1 Terrestrischer Einfluss	44		
<i>Box 4: Untersuchung anthropogener Einflüsse auf die Struktur von Fluss-Nahrungsnetzen</i>	45		
4.2.2 Die Basis des Nahrungsnetzes	46		
4.2.3 Die Herbivoren/Primärkonsumenten	46		
4.2.4 Sekundärkonsumenten	46		
4.2.5 Die Spitze des Nahrungsnetzes	47		
4.2.6 Die Position eines Individuums im Nahrungsnetz	47		
<i>Box 5: Bachforellen in grundwasser- und oberflächenwassergespeisten Bächen</i>	48		
4.3 Aufbau und Zusammensetzung der Fischgemeinschaft	49		
4.3.1 Lokale Populationen versus gelegentliche Besucher	51		
4.3.2 Geographische Verteilungsmuster der Arten	52		
4.3.3 Genauigkeit der quantitativen Daten und Nachweiswahrscheinlichkeit	53		
4.3.4 Zeitliche Variabilität	54		
4.4 Diversität innerhalb der häufigsten Fischgattungen	55		
4.4.1 Forellen (<i>Salmo spp.</i>)	55		
<i>Box 6: Populations-genetische Untersuchung der Bündner Bachforellen</i>	58		
4.4.2 Alets (Döbel) (<i>Squalius spp.</i>)	59		
4.4.3 Groppen (<i>Cottus spp.</i>)	60		
<i>Box 7: Ökologische und genetische Diversifizierung bei Groppen oberhalb der Seen</i>	61		
4.4.4 Barben (<i>Barbus spp.</i>)	62		
4.4.5 Bachschmerlen (<i>Barbatula spp.</i>)	63		
4.4.6 Gründlinge (<i>Gobio spp.</i>)	64		
4.4.7 Schneider (<i>Alburnoides bipunctatus</i>)	65		
4.4.8 Elritzen (<i>Phoxinus spp.</i>)	66		
4.5 Arten der Roten Liste	67		
4.6 Gebietsfremde Arten	69		
4.6.1 Standortfremde Arten	72		
4.6.2 Unterschiedliche Effekte des Fischbesatzes	72		
4.7 Entwicklung genetischer Marker	73		
<i>Box 8: Punktlose Forellen</i>	74		
5. Fazit	76		
5.1 Projektziele	76		
5.2 Vor- und Nachteile der Methoden	77		
5.2.1 Kompromisse im Projekt Design: Qualitative vs. quantitative Daten	77		
5.2.1 Kompromisse im Projekt Design: Lokale Genauigkeit vs. regionale Abdeckung	77		
5.2.3 Quantitative Daten der grossen Flüsse	77		
5.3 Empfehlungen und Ausblick	77		
5.3.1 Die Zentraleuropäische Fischtaxonomie benötigt eine gründliche Überarbeitung	77		
5.3.2 Fokus auf Erkennung und Monitoring von «kryptischen» Arten	78		
5.3.3 Die Bewertung der biologischen Vielfalt sollte die Vielfalt auf verschiedenen Ebenen einbeziehen	78		
5.3.4 Typen der intraspezifischen Diversität	79		
5.3.5 Nationale Datenbank für Beprobungsbefischungen	80		
5.3.6 National standardisierte Protokolle für Fisch-Genotypisierung	80		
5.3.7 Entwicklung eines standardisierten Untersuchungsprogramms für die grössten Schweizer Flüsse	81		
6. Finanzierung	82		
7. Dank	83		
8. Quellenverzeichnis	84		
9. Anhang	86		
9.1 Artenliste	86		
9.2 Faktenblätter zu den einzelnen Standorten	87		

Zusammenfassung

Die einzigartige Fischvielfalt in Fliessgewässer-Ökosystemen in und um die Schweiz

Aufgrund der geografischen Lage in vier der wichtigsten Wassereinzugsgebieten Europas und der grossen Vielfalt an Lebensräumen weisen die aquatischen Ökosysteme der Schweiz eine aussergewöhnlich hohe Fischvielfalt auf. Diese Vielfalt ist hauptsächlich durch zwei verschiedene Prozesse entstanden, einerseits durch die Zusammenführung bereits vorhandener Vielfalt, und andererseits durch postglaziale Evolutionsprozesse. Der letztgenannte Prozess hat zu einem hohen Grad an Endemismus vor allem in den grösseren Seen des Alpenraums geführt. Diese einzigartige Vielfalt ist auf vielen verschiedenen Ebenen zu finden. Neben der Artenvielfalt beherbergen die verschiedenen Flüsse und Bäche auch eine Vielfalt an diversen Fischgemeinschaften, wobei sowohl die Unterschiede in der Artenzahl als auch in der Artenzusammensetzung zu unterschiedlichen Nahrungsnetzen und Ökosystemprozessen zwischen den Flüssen führen. Viele Fischarten weisen auch ein hohes Mass an intraspezifischer Vielfalt auf, z. B. in Bezug auf Morphologie, Physiologie, Ökologie, Lebensgeschichte und Genom. Diese intraspezifische Vielfalt ist insofern von Bedeutung, dass verschiedene Populationen möglicherweise an unterschiedliche Lebensräume angepasst sind und eine hohe genetische Vielfalt aufweisen. Letzteres ermöglicht es den einzelnen Individuen innerhalb einer Population, verschiedene Nischen zu besetzen, und es ermöglicht den Populationen, sich besser an veränderte Umweltbedingungen anzupassen.

In den letzten zehn Jahren wurden mehrere, bisher unbeschriebene Arten formal beschrieben. Diese Arten sind nicht neu entstanden, sondern schwimmen schon seit Tausenden von Jahren in Schweizer Seen und Flüssen. Mehrere von ihnen wurden zwar von Wissenschaftlern oder Fischern als eigenständig erkannt, doch fehlten formale Beschreibungen und die Bearbeitung dieser oft kryptischen Vielfalt war schwierig.

Globale Biodiversitätskrise, auch in der Schweiz

Die Welt erlebt derzeit einen raschen Verlust an biologischer Vielfalt, der oft als sechstes globales Massenaussterben bezeichnet wird. Ein erheblicher Teil dieses Verlustes an biologischer Vielfalt bleibt möglicherweise unentdeckt, weil die biologische Vielfalt der Natur noch nicht vollständig dokumentiert und verstanden ist. Die biologische Vielfalt in Süssgewässern ist besonders gefährdet. Hier wirken sehr viele Faktoren zusammen, so der Klimawandel, eingeschleppte Arten oder der Verlust von Lebensräumen und die Zerstückelung von Flüssen. Die letzten zwei Umstände hängen ihrerseits oft zusammen mit der Wasserkraftnutzung oder dem Hochwasserschutz. Die Kombination aus einer hochentwickelten Gesellschaft mit hoher Bevölkerungsdichte und einer reichen Fischvielfalt macht auch die Schweiz zu einem potenziellen globalen Hotspot des Biodiversitätsverlustes. Die Schweiz hat bereits im letzten Jahrhundert ein regionales Aussterben der meisten über das Meer wandernden Arten wie Atlantischer Lachs, Atlantischer Stör, Maifisch und Meerneunauge erlebt, was hauptsächlich auf den Bau von Barrieren auf der Wanderroute durch den Rhein zurückzuführen ist. In jüngster Zeit hat sich herausgestellt, dass ein grosser Teil der endemischen Felchenarten infolge der Eutrophierung der Seen ausgestorben ist. Es ist jedoch wahrscheinlich, dass in naher Zukunft noch mehr Arten und darüber hinaus ein erheblicher Teil der regionalen intraspezifischen Vielfalt aussterben könnten, da der Druck auf die Flussökosysteme zunimmt. Die Bekämpfung eines solchen Verlustes an biologischer Vielfalt erfordert zunächst eine Beschreibung der bestehenden biologischen Vielfalt und ein Verständnis der Umweltfaktoren, die diese bestimmen.

Ziele des Progetto Fiumi

Das Hauptziel des Progetto Fiumi war es, eine landesweite Referenzsammlung von Fischdaten und -proben sowie von Umweltdaten und -proben zu erstellen. Zusammengenommen ermöglichen diese eine Bewertung der aktuellen Fischvielfalt, ihrer Verteilung und ihres Zusammenhangs mit Umweltfaktoren in Schweizer Flüssen. Dies soll eine Dokumentation der Biodiversität über die Artenvielfalt hinaus ermöglichen und neben dem Verständnis für die phänotypische, ökologische und genetische Vielfalt auch dasjenige für die Vielfalt an Habitaten und Gemeinschaften vertiefen. Dieses fundierte Wissen soll Beraterinnen und Berater, die Wissenschaft, Fachbehörden sowie Politikerinnen und Politiker in die Lage versetzen, künftig bessere Ratschläge zu erteilen und optimale Entscheidungen für das Ökosystemmanagement und die Erhaltung der Biodiversität zu treffen.

Ergebnisse der Probenahmen

Während des Progetto Fiumi wurden mehr als 20'000 einzelne Fische aus mehr als 50 verschiedenen Fischtaxa gefangen und verarbeitet. Mit mehr als 40 % aller verarbeiteten Fische waren Forellenarten die dominierenden Taxa in der Erhebung. Forellen, sowie sieben weitere der zehn am häufigsten angetroffenen Taxa wurden als spezifische Zielgattungen für weitere Analysen ausgewählt. Bei den sieben anderen Taxa handelte es sich um fünf Cypriniden (Squalius, Barbus, Phoxinus, Gobio und Alburnoides), eine Schmerle (Barbatula) und eine Groppe (Cottus).

Die gefangenen Fische umfassten ein breites Grössenspektrum, vom 2 cm kleinen Stichling bis zum 138 cm langen Wels. Bereits anhand der Grösse lässt sich erkennen, dass die einzelnen Fische sehr unterschiedliche Rollen im Ökosystem einnehmen. Die gesamte Grössenverteilung der Fische zeigte eine allgemeine Dominanz kleinerer Individuen, wobei mehr als 50 % der gefangenen Individuen unter 10 cm und etwa 95 % kleiner als 24 cm waren. Die tatsächliche Grösse der meisten Fische kann also wesentlich geringer sein, als beispielsweise bei den Fängen von Anglern beobachtet wird.

Elf Arten, die in der Schweiz als nicht heimisch gelten, wurden an 26 der 324 untersuchten Standorten nachgewiesen. Obwohl sie an den meisten untersuchten Standorten nicht vorkommen, können nicht-heimische Fische einen grossen Anteil der lokalen Fischgemeinschaften ausmachen. Neben den nicht in der Schweiz heimischen Fischen kommen auch viele Fischarten ausserhalb ihres natürlichen Verbreitungsgebietes vor. Dies gilt insbesondere für Arten, die ursprünglich im Rhein nördlich der Alpen beheimatet waren und heute in anderen Einzugsgebieten der Schweiz, auch südlich der Alpen, zu finden sind.

Grosse räumliche Unterschiede in Taxareichtum und Zusammensetzung der Gemeinschaften

Verschiedene Fischgemeinschaften in Flüssen weisen eine unterschiedliche Anzahl von Arten auf. Dies ist zum Teil auf stochastische Prozesse zurückzuführen, wie beispielsweise der Wahrscheinlichkeit, dass es eine bestimmte Art im Laufe der Zeit an einen bestimmten Standort geschafft hat, und zum Teil auf selektive Prozesse, bei denen mehr Arten gemeinsam in grösseren Ökosystemen überleben können und verschiedene Arten an bestimmte Umgebungen angepasst sind. Dementsprechend gibt es in der Regel wenige Arten in höheren Lagen und in kleineren Flüssen, und mehr Arten in grossen Tieflandflüssen.

Die Fische wurden in Bächen von der niedrigsten Höhe in der Schweiz bis weit oberhalb der Baumgrenze in den Bergen gesammelt, was einen Höhenunterschied von mehr als 2'000 m ausmacht. Während die höchstgelegenen Standorte fast immer von Salmoniden dominiert werden, sind die tiefer gelegenen Standorte artenreicher und werden oft von Cypriniden dominiert.

Mit mehr als 50 verschiedenen Taxa ist die Zahl der möglichen Kombinationen verschiedener Mitglieder einer Gemeinschaft an einem bestimmten Standort natürlich sehr hoch. Das Vorhandensein verschiedener Arten in verschiedenen Ökosystemen ist ein Eckpfeiler für die Variation des Nahrungsnetzes zwischen verschiedenen Standorten. Im Progetto Fiumi wurden 88 verschiedene Lebensgemeinschaften erfasst. Während einige wenige Lebensgemeinschaften sehr häufig vorkamen (vor allem Forellen als Einzelgänger oder Forellen gemeinsam mit Gropfen), waren die meisten Gemeinschaften einzigartig. Offensichtlich sind solche Lebensgemeinschaften bis zu einem gewissen Grad dynamisch. Es ist daher davon auszugehen, dass in der Schweiz wohl noch deutlich mehr Kombinationen vorkommen, als im Progetto Fiumi dokumentiert wurden.

Hohe phänotypische Vielfalt innerhalb von Taxa

Es ist bekannt, dass die fünf verschiedenen Forellenarten in der Schweiz unterschiedliche Phänotypen aufweisen und dass die Forellen innerhalb und zwischen den Populationen eine grosse intraspezifische phänotypische Variation aufweisen. Das Progetto Fiumi hat einen grossen Teil dieser Vielfalt dokumentiert. Insbesondere die Forellen im Engadin (Kanton Graubünden) weisen eine hohe phänotypische Vielfalt auf. Dies ist auf das Vorkommen von vier der fünf verschiedenen Forellenarten zurückzuführen, was zum Teil eine Folge von Besatz ist. Genetische Analysen der Forellen in dieser Region haben jedoch gezeigt, dass ein hohes Mass an Hybridisierung zwischen den verschiedenen Forellenarten stattgefunden hat.

Atlantische Forellen in grundwassergespeisten Bächen hatten einen höheren Körper als ihre Artgenossen in oberflächengespeisten Bächen, die wiederum silbriger waren. Interessanterweise zeigten die Forellen in der stabileren grundwassergespeisten Umgebung einen höheren Grad an individueller Nahrungsspezialisierung. Ein kleiner Bach im Kanton Waadt enthielt zwei deutlich unterschiedliche Phänotypen von Forellen, von denen einer eine «normale» atlantische Forellenpigmentierung aufwies und der andere keine roten und schwarzen Flecken hatte. In den oberen Lagen des Baches lebte der «flecklose» Typ, in den unteren der normale Typ. In einer breiten Zone kamen aber beide Formen vor und genetische Analysen ergaben, dass die beiden Typen auch in diesen Zonen weitgehend reproduktiv voneinander isoliert blieben.

Neben den Forellen zeigten auch andere Arten interessante phänotypische Variationen innerhalb und zwischen den Standorten. Die meisten dieser phänotypischen Variationen müssen noch erforscht und erklärt werden. So ist beispielsweise noch nicht bekannt, wie viel von der Variation innerhalb der Cyprinidengattungen, durch verborgene Artenvielfalt bedingt ist.

Notwendigkeit einer aktualisierten Taxonomie innerhalb mehrerer Gattungen

Basierend auf genetischen Analysen von Individuen, die im Rahmen des Progetto Fiumi und des vorangegangenen Projekts zur Bewertung der Biodiversität von Seefischen, Projet Lac, gesammelt wurden, wurde deutlich, dass die mitteleuropäische Fischtaxonomie einer Revision bedarf. Bei mehreren Taxa, insbesondere bei den Cypriniden, stellte sich heraus, dass die Gattungen, von denen man zuvor angenommen hatte, dass sie in der Schweiz mit einer einzigen Art vertreten sind, aus mehreren verschiedenen Arten bestehen. Diese hatten oft eine unterschiedliche räumliche oder ökologische Verteilung. Die räumlichen Muster waren oft mit verschiedenen Wasserläufen verbunden, welche jeweils ein anderes Taxon beherbergten. Die Umweltmuster waren oft mit der Trennung zwischen See- und Flusspopulationen verbunden.

Die Daten aus dem Progetto Fiumi machen es nun möglich, besser zu verstehen, wie die Flüsse der Schweiz nach der letzten Eiszeit aus verschiedenen Refugien wieder besiedelt wurden und wie sich dies auf die ökologische Diversifizierung ausgewirkt hat. Es ist aber auch eine Mahnung, dass die mitteleuropäische Fischtaxonomie noch einer gründlichen Überarbeitung bedarf, um die einzigartige Fischvielfalt effektiv zu verstehen, zu bewirtschaften und zu bewahren.

Die nächsten Schritte zum Verständnis dieser Vielfalt sollten die Untersuchung der reproduktiven Isolation zwischen verschiedenen Taxa umfassen, wenn diese im gleichen Gebiet auftreten, und die Untersuchung der Populationsstruktur im Gewässernetz. Zu diesen Zwecken hat das Projektteam eine Reihe genetischer Mikrosatellitenmarker entwickelt und getestet, die für eine grosse Anzahl von Individuen verwendet werden können. Dies sollte durch genomische Analysen mit höherer Abdeckung ergänzt werden, um sowohl die genomische Vielfalt als auch die Differenzierung innerhalb und zwischen den Arten zu beschreiben.

Empfehlungen für die künftige Überwachung der biologischen Vielfalt von Fischen in Flüssen

Während das Progetto Fiumi sein Ziel erreicht hat, eine Referenzdatenbank und -sammlung für eine Vielzahl von Flusslebensräumen in der Schweiz zu erstellen, ist es nicht gelungen, die Zusammensetzung der Fischgemeinschaften, die Populationsstruktur und die biologische Vielfalt in den grössten Flüssen der Region quantitativ zu bewerten. Dies hängt vor allem mit der schlechten Funktionalität der Elektrofischung in tieferen Flüssen zusammen. Die grössten Flüsse sind einerseits die artenreichsten. Sie gehören andererseits aber auch zu den am stärksten anthropogen beeinflussten Gewässern. Es besteht daher nach wie vor ein grosser Bedarf an der Entwicklung eines standardisierten Protokolls für die Überwachung der biologischen Vielfalt von Fischen in den grossen Flüssen.

Das Progetto Fiumi hat deutlich gezeigt, dass sich die Bewertung der lokalen Fischvielfalt nicht allein auf Feldbeobachtungen stützen kann. Viele Arten sind nach wie vor kryptisch, und es ist eine Schlüsselkomponente künftiger Bewertungen der biologischen Vielfalt, diese Vielfalt zu differenzieren. Ein stärkerer Fokus auf Phänotypen und Genotypen bei der künftigen Überwachung von Fischen wird daher von entscheidender Bedeutung sein.

Es besteht einen Bedarf für eine nationale, öffentlich zugängliche Datenbank für Befischungsdaten und genetische Daten. Letzteres würde ein landesweit standardisiertes taxaspezifisches Protokoll für genetische Analysen erfordern. Zwar gibt es derzeit kein offizielles standardisiertes Protokoll für alle Taxa, doch werden die genetischen Analysen für Forellen bereits zwischen mehreren privaten Büros und Institutionen koordiniert, um einen projektübergreifenden Vergleich der genetischen Mikrosatellitendaten zu ermöglichen. Dennoch wäre es von Vorteil, offizielle Standards sowohl für Forellen als auch für andere Taxa festzulegen.

Ausblick auf die Erhaltung der Fischvielfalt in Flüssen

Nach dem Progetto Fiumi und dem Schwesterprojekt Projet Lac verfügt die Schweiz nun über eine beachtliche Menge an Daten über die Struktur ihrer Fischgemeinschaften und die Umweltvariablen, mit denen sie verbunden sind. Zudem wurden zwei einzigartige Referenzsammlungen von ganzen Exemplaren, genetischem Material und anderen Proben angelegt, die weitere Analysen der Interaktion zwischen ökologischen und evolutionären Prozessen ermöglichen, welche die einzigartige Fischvielfalt der mitteleuropäischen Region und damit der Schweiz prägen. Dieses Material steht über das Naturhistorische Museum Bern (NMBE) und die Eawag zur Verfügung. Es ist zu hoffen, dass es von Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern, Privatpersonen, Expertinnen und Experten, Behörden und weiteren intensiv genutzt wird. So kann neues Wissen und Verständnis generiert werden, das zu einer effizienteren Erhaltung der einzigartigen Fischvielfalt in den Bächen, Flüssen und Seen der Region beitragen kann.

Résumé

L’exceptionnelle diversité des poissons dans les écosystèmes des cours d’eau en Suisse et alentour

Comme ils sont situés dans quatre des plus importants bassins versants d’Europe et qu’ils jouissent d’une formidable variété d’habitats, les écosystèmes aquatiques suisses présentent une diversité de poissons exceptionnellement élevée. Historiquement, cette diversité est apparue en raison de deux processus distincts : le regroupement de la diversité existante d’une part et les processus d’évolution postglaciaires d’autre part. Ces derniers ont entraîné un fort degré d’endémisme, en particulier dans les grands lacs alpins. Cette diversité hors du commun se retrouve à de nombreux niveaux. Les divers cours d’eau abritent non seulement une grande variété d’espèces, mais aussi de communautés de poissons. Cette diversité porte aussi bien sur le nombre d’espèces que sur la composition des espèces et se traduit par des réseaux trophiques et des processus écosystémiques variés selon les cours d’eau. Quantité d’espèces de poissons présentent également une diversité intraspécifique élevée, notamment des points de vue morphologique, physiologique, écologique, ontogénique et génomique. Cette diversité intraspécifique est essentielle dans la mesure où l’on peut s’attendre à ce que différentes populations s’adaptent à différents habitats et affichent une large diversité génétique. Celle-ci permet aux individus au sein d’une population d’occuper différentes niches et aux populations de mieux s’adapter aux évolutions des conditions environnementales.

Au cours des dix dernières années, il a été possible de décrire plusieurs espèces encore non documentées. Ces dernières ne sont pas apparues nouvellement, mais sont présentes dans les lacs et les cours d’eau helvétiques depuis des millénaires. Certaines d’entre-elles avaient certes été considérées comme des espèces à part entière par des chercheurs ou des pêcheurs, mais elles n’avaient pas encore fait l’objet d’une description formelle. Par ailleurs, le traitement de certaines espèces cryptique s’est avéré difficile.

Crise de la biodiversité dans le monde, mais aussi en Suisse

Actuellement, le monde connaît un déclin rapide de la diversité biologique, qu’on appelle souvent la sixième extinction globale. Il est en outre possible qu’une part considérable des pertes passe même inaperçue, car la diversité biologique naturelle n’a pas encore été documentée de manière exhaustive, ni entièrement comprise. Un grave danger pèse en particulier sur la biodiversité en eau douce. De très nombreux facteurs sont à l’œuvre, par exemple les changements climatiques, l’introduction d’espèces ou encore la disparition des habitats ainsi que le morcellement des cours d’eau. Il n’est pas rare que ces deux derniers facteurs soient liés aux installations exploitant la force hydraulique ou aux mesures de protection contre les crues. Le fait que la Suisse abrite à la fois une société hautement développée à forte densité démographique et une grande diversité de poissons fait d’elle un hotspot mondial potentiel de perte de biodiversité.

Au siècle dernier déjà, le pays a connu une extinction régionale d’espèces, le plus souvent des espèces arrivées par la mer (p. ex. Saumon de l’Atlantique, Esturgeon, Grande alose et Lamproie marine), due essentiellement à la construction de barrières dans les couloirs de migration du Rhin. Il a récemment été observé qu’une bonne partie des corégones endémiques se sont éteints en raison de l’eutrophisation des lacs. Force est de constater qu’en raison de la pression accrue exercée sur les écosystèmes fluviaux, d’autres extinctions d’espèces sont susceptibles de se produire dans un avenir proche, de même que la diversité intraspécifique régionale pourrait enregistrer un recul considérable. On ne peut lutter contre une telle perte de diversité biologique qu’en commençant par décrire la diversité biologique existante et par comprendre les facteurs environnementaux qui l’influencent.

Objectifs du Progetto Fiumi

Le *Progetto Fiumi* vise en premier lieu à constituer une collection nationale de référence contenant des données et des prélèvements ichtyologiques et environnementaux. Globalement, une telle collection permet d’évaluer la diversité actuelle des poissons, leur répartition et les liens qu’ils entretiennent avec des facteurs environnementsaux dans les cours d’eau suisses. Le projet entend toutefois dépasser la simple documentation de la biodiversité des espèces et améliorer également les connaissances des diversités phénotypique, écologique et génétique ainsi que la compréhension de la diversité des habitats et des communautés. Les connaissances fondamentales ainsi acquises devraient servir aux conseillers, aux chercheurs, aux services spécialisés des autorités et aux acteurs politiques de formuler de meilleures recommandations à l’avenir et de prendre des décisions optimales pour la gestion des écosystèmes et la conservation de la biodiversité.

Résultats des prélèvements

Au total, plus de 20’000 poissons appartenant à plus de 50 taxons différents ont été capturés et étudiés dans le cadre du *Progetto Fiumi*. Taxons majoritaires de ce recensement, les truites représentaient plus de 40 % des poissons étudiés. Des truites ainsi que sept autres taxons parmi les dix plus fréquents rencontrés comme genres spécifiques cibles, dont cinq cyprinidés (*Squalius*, *Barbus*, *Phoxinus*, *Gobio* et *Alburnoides*), une loche franche (*Barbatula*) et un chabot (*Cottus*), ont été sélectionnés pour des analyses complémentaires.

Les poissons capturés présentaient des tailles très variables, de l’épinoche de 2 cm au silure de 138 cm. Le large éventail des tailles permet de se rendre compte que les différents poissons occupent des rôles très variés dans l’écosystème. La répartition de la taille des poissons a mis en évidence la prépondérance des petits individus : plus de 50 % des individus capturés mesuraient moins de 10 cm, et environ 95 %, moins de 24 cm. Pour la plupart des poissons, la taille réelle peut donc être considérablement plus petite que celle observée dans les prises des pêcheurs, par exemple.

Quelque onze espèces considérées comme exotiques en Suisse ont été recensées dans 26 des 324 sites passés sous revue. Bien qu’ils soient absents de la plupart des sites du projet, les poissons allogènes peuvent représenter une part considérable des communautés locales de poissons. En plus des poissons considérés comme exotiques en Suisse, le projet a recensé de nombreuses espèces de poissons en dehors de leur aire de distribution naturelle, notamment des espèces originaires du Rhin au nord des Alpes qui ont été retrouvées dans d’autres bassins versants de Suisse, également dans le sud des Alpes.

Importantes différences spatiales en matière de richesse en taxons et de composition des communautés

Les diverses communautés de poissons dans les cours d’eau se composent d’un nombre d’espèces variable. Ce constat s’explique par plusieurs facteurs, à savoir par des processus stochastiques tels que la probabilité qu’une espèce spécifique ait réussi à atteindre petit à petit un site déterminé, et par des processus de sélection au cours desquels davantage d’espèces peuvent survivre ensemble dans de grands écosystèmes et s’adapter à certaines conditions environnementales. Il s’ensuit qu’on trouve en principe peu d’espèces en altitude et dans les cours d’eau de petite taille et davantage d’espèces dans les grands cours d’eau de plaine.

Dans le cadre du projet, des poissons ont été prélevés dans des ruisseaux aux plus basses altitudes du pays jusqu’à des sites montagneux situés bien au-delà de la limite des arbres, totalisant une différence d’altitude de plus de 2’000 m. Tandis que les sites de haute altitude sont presque systématiquement dominés par les salmonidés, les sites de basse altitude comportent une plus grande diversité d’espèces, avec une domination fréquente des cyprinidés.

Avec plus de 50 taxons différents, le nombre de combinaisons de membres possibles d’une communauté dans un site spécifique est évidemment très élevé. La présence de différentes espèces dans différents écosystèmes est absolument essentielle à la diversité des réseaux trophiques entre les sites. Le *Progetto Fiumi* a recensé 88 communautés différentes. Si quelques-unes étaient très souvent représentées (avant tout des truites solitaires ou des truites associées à des chabots), la plupart étaient uniques en leur genre. De telles communautés sont, jusqu’à une certaine mesure, dynamiques. Aussi peut-on supposer que la Suisse compte un nombre bien plus élevé de combinaisons que ce que le *Progetto Fiumi* a pu documenter.

Grande variété phénotypique au sein des taxons

Il est connu que les cinq espèces de truites de Suisse ont des phénotypes variés, et que les truites présentent une grande variation phénotypique intraspécifique tant au sein que parmi des populations. Le *Progetto Fiumi* a documenté une part considérable de cette diversité. Les truites d’Engadine (GR), en particulier, affichent une grande diversité phénotypique, phénomène que l’on peut expliquer par la présence de quatre des cinq espèces de truites dans le canton, elle-même due en partie aux mesures de repeuplement. Cependant, des analyses génétiques des truites de cette région ont révélé un fort taux d’hybridation entre les différentes espèces.

Les truites atlantiques évoluant dans les ruisseaux alimentés par les eaux souterraines exhibaient un corps plus haut, mais moins argenté, que celui de mêmes truites peuplant des ruisseaux alimentés par des eaux de surface. Il est intéressant de noter que les premières, habituées à un environnement plus stable, se sont davantage spécialisées sur le plan alimentaire.

Un petit ruisseau du canton de Vaud a révélé deux phénotypes de truites sensiblement différents l’un de l’autre : le premier avec une pigmentation « normale » de truite atlantique, le second sans aucun point rouge ni noir. Les truites sans taches vivaient dans le cours supérieur du ruisseau, les autres, dans le cours inférieur. Néanmoins, les deux types de truites ont été observés dans une vaste zone intermédiaire. Les analyses génétiques ont révélé qu’ils s’y sont peu mélangés lors de la reproduction.

D’autres espèces que les truites ont présenté des variations phénotypiques intéressantes, à la fois sur un même site et entre plusieurs sites. Toutefois, ces dernières doivent pour la plupart encore faire l’objet d’études et d’explications. En effet, la mesure dans laquelle la variation phénotypique au sein des genres de cyprinidés, par exemple, est conditionnée par la diversité cachée des espèces demeure encore inconnue.

Nécessité d’actualiser la taxonomie pour plusieurs genres

Sur la base d’analyses génétiques d’individus prélevés dans le cadre du *Progetto Fiumi* et du projet précédent destiné à évaluer la biodiversité des poissons lacustres (*Projet Lac*), la nécessité d’actualiser la taxonomie des poissons d’Europe centrale est apparue clairement. En effet, il a été constaté pour plusieurs taxons, en particulier chez les cyprinidés, que les genres dont on supposait jusqu’ici qu’ils étaient représentés par une seule espèce en Suisse se composaient en réalité de plusieurs espèces différentes. Ces espèces présentaient souvent une répartition spatiale ou écologique distincte. Les schémas de répartition spatiale différaient souvent selon les cours d’eau, qui abritaient chacun un taxon spécifique. Les schémas environnementaux étaient quant à eux fréquemment liés à la séparation entre les populations des lacs et des cours d’eau.

Grâce aux données obtenues dans le cadre du *Progetto Fiumi*, il est aujourd’hui possible de mieux comprendre comment les cours d’eau suisses ont été recolonisés par des poissons issus de zones refuges après la dernière période glaciaire et quelles ont été les conséquences de ce processus sur la diversification écologique. Il s’agit aussi d’une injonction à réviser en profondeur la taxonomie des poissons d’Europe centrale de sorte qu’elle permette de réellement appréhender la diversité exceptionnelle des poissons, de l’exploiter cette diversité, mais aussi de la conserver.

Les prochaines étapes destinées à comprendre cette diversité consistent à étudier la façon dont les différents taxons s’isolent les uns des autres pour se reproduire dans une même région ainsi que la structure des populations du réseau hydrographique. Dans cette perspective, l’équipe du projet a développé puis testé toute une série de marqueurs microsatellites qui peuvent être utilisés pour un grand nombre d’individus. Cette série devrait être complétée par des analyses génomiques à plus large échelle afin de décrire à la fois la diversité génomique et la différenciation au sein des espèces et entre les espèces.

Recommandations pour surveiller à l’avenir la diversité biologique des poissons dans les cours d’eau

Si le *Progetto Fiumi* a réalisé son objectif, à savoir créer une banque de données et une collection de référence couvrant une large palette d’habitats fluviaux de Suisse, il n’a pas réussi à fournir des évaluations quantitatives en matière de communautés de poissons, de structures des populations et de diversité biologique dans les plus grands cours d’eau du pays. Le fait que la pêche électrique ne fonctionne pas bien dans les cours d’eau profonds en est la principale raison. Les plus grands cours d’eau sont certes les plus riches en espèces, mais aussi ceux qui sont le plus influencés par les activités humaines. Il existe, tout comme auparavant, un grand besoin d’élaborer un protocole standardisé afin de mieux documenter la diversité biologique des poissons dans les grands cours d’eau.

Le *Progetto Fiumi* a clairement montré que l’évaluation de la diversité locale de poissons ne peut pas se fonder uniquement sur des observations de terrain, de nombreuses espèces restantes cryptiques. Les futures évaluations doivent viser principalement à déchiffrer cette diversité biologique. Il sera donc primordial à l’avenir, dans le cadre du suivi des poissons, de mettre plus fortement l’accent sur les phénotypes et les génotypes.

Il y a lieu de mettre en place une banque de données nationale publique regroupant les données halieutiques et génétiques. Aux fins d’analyse, les données génétiques nécessiteraient un protocole spécifique aux taxons qui soit standardisé à l’échelle du pays. Bien qu’il n’existe aujourd’hui aucun protocole officiel standardisé pour tous les taxons, les analyses génétiques portant sur les truites sont déjà souvent coordonnées entre des bureaux privés et des institutions pour permettre une comparaison transversale entre les différents projets des données génétiques fournies par les marqueurs microsatellites. Il serait cependant judicieux de définir des standards officiels pour les truites et les autres taxons.

Perspectives pour conserver la diversité des poissons dans les cours d’eau

Grâce aux deux projets *Progetto Fiumi* et *Projet Lac*, la Suisse dispose désormais d’une quantité de données considérable sur la structure des communautés de poissons et sur les variables environnementales qui y sont liées. Par ailleurs, deux collections de référence uniques ont été constituées, qui comprennent des spécimens entiers, du matériel génétique et d’autres prélèvements permettant des analyses complémentaires des interactions entre les processus écologiques et évolutifs caractérisant la diversité exceptionnelle de poissons en Europe centrale et donc en Suisse. Ces collections sont disponibles auprès de l’Institut Fédéral Suisse des Sciences et Technologies de l’Eau et du Musée d’histoire naturelle de Berne. On peut espérer qu’elles soient très largement utilisées par des chercheurs, des particuliers, des experts, des autorités et d’autres personnes ou organismes. Il sera ainsi possible de créer de nouveaux savoirs et d’améliorer la compréhension actuelle et, partant, de contribuer à conserver plus efficacement la diversité de poissons exceptionnelle des cours d’eau et lacs de la région.

Sintesi

La straordinaria varietà ittica degli ecosistemi dei corsi d’acqua in Svizzera e nelle aree circostanti

Gli ecosistemi acquatici della Svizzera presentano una varietà ittica straordinariamente grande dovuta alla posizione geografica di quattro dei bacini imbriferi più importanti d’Europa e alla ricca varietà di spazi vitali. A tale ricchezza hanno concorso principalmente due processi distinti: l’unione della varietà già presente e i processi dell’evoluzione postglaciale, un fattore che ha determinato un grado elevato di endemismo in particolare nei grandi laghi dello spazio alpino. Questa straordinaria varietà è presente a molti livelli: oltre alla diversità delle specie, fiumi e torrenti ospitano anche diverse comunità ittiche le cui differenze sia nel numero di specie che nella composizione delle stesse sono all’origine di catene alimentari e processi ecosistemici diversi tra i vari fiumi. Inoltre, molte specie ittiche sono caratterizzate da una varietà intraspecifica elevata, ad esempio a livello di morfologia, fisiologia, ecologia, ontogenesi e genoma. Tale varietà riveste notevole importanza, poiché popolazioni diverse si sono probabilmente adattate a spazi vitali differenti e presentano una diversità genetica elevata. Ciò consente ai singoli individui di una popolazione di occupare nicchie diverse e alle popolazioni di adattarsi meglio alle mutate condizioni ambientali.

Negli ultimi dieci anni sono state descritte formalmente diverse specie che non lo erano ancora. Non si tratta di nuove specie, bensì di specie già presenti da millenni nei laghi e nei fiumi svizzeri. Benché molte di esse fossero già state riconosciute come specie autonome da scienziati o pescatori, mancavano le descrizioni formali e di conseguenza la varietà criptica risultava spesso difficile da considerare.

Crisi della biodiversità su scala globale e in Svizzera

Nel mondo si sta verificando una rapida perdita della biodiversità, spesso designata come sesta estinzione globale di massa. Una parte considerevole di questa perdita passerà probabilmente inosservata, dal momento che la varietà biologica della natura non è ancora documentata e compresa in modo esauriente. Particolarmente minacciata è la diversità biologica nelle acque dolci. I fattori che vi concorrono sono numerosi, ad esempio il cambiamento climatico, le specie importate, la perdita di spazi vitali e la frammentazione dei fiumi. Spesso questi ultimi due elementi sono a loro volta correlati all’utilizzo della forza idrica o alla protezione contro le piene. La combinazione tra una società altamente sviluppata con una densità demografica elevata e una ricca varietà ittica fa della Svizzera un potenziale hotspot globale della perdita di biodiversità.

Già nel secolo scorso la Svizzera ha registrato un’estinzione a livello regionale della maggior parte delle specie che migrano dalle acque salate a quelle dolci, come il salmone atlantico, lo storione atlantico, l’alosa e la lampreda di mare; tale fenomeno è riconducibile in particolare alla costruzione di barriere lungo la rotta migratoria attraverso il Reno. Negli ultimi tempi è emerso che gran parte delle specie endemiche di coregoni si è estinta in seguito all’eutrofizzazione dei laghi. Tuttavia, nel prossimo futuro un numero ancora maggiore di specie e una quota significativa della varietà intraspecifica regionale potrebbero estinguersi in seguito alla maggiore pressione esercitata sugli ecosistemi fluviali. Per lottare contro tale perdita di biodiversità è necessario per prima cosa descrivere la varietà biologica esistente e comprendere i fattori ambientali che la determinano.

Obiettivi del *Progetto Fiumi*

L’obiettivo principale del *Progetto Fiumi* era la creazione di una raccolta nazionale di riferimento di dati e campioni ittici e ambientali. Insieme, queste informazioni consentono una valutazione della varietà ittica attuale, della relativa distribuzione e della correlazione con i fattori ambientali tipici nei fiumi svizzeri, nonché di allestire una documentazione sulla biodiversità attraverso la varietà delle specie e di approfondire, oltre alla comprensione della varietà fenotipica, ecologica e genetica, anche quella relativa agli habitat e alle comunità. Questa conoscenza approfondita consentirà a consulenti, scienziati, autorità e politici di emanare in futuro raccomandazioni migliori e di prendere decisioni ottimali per la gestione degli ecosistemi e la conservazione della biodiversità.

Risultati dei campionamenti

Durante il *Progetto Fiumi* sono stati catturati e studiati più di 20’000 individui appartenenti a oltre 50 taxa ittici. Con una percentuale superiore al 40 per cento, le specie di trote rappresentavano i taxa dominanti nel rilevamento. Le trote e altri sette tra i dieci taxa più frequenti sono stati selezionati come generi target specifici da sottoporre a ulteriori analisi. Gli altri sette taxa includevano cinque ciprinidi (*Squalius*, *Barbus*, *Phoxinus*, *Gobio* e *Alburnoides*), un cobite barbatello (*Barbatula*) e uno scazzone (*Cottus*).

I pesci catturati presentavano dimensioni molto varie, dal piccolo spinarello di 2 centimetri al siluro lungo 138 centimetri. Già solamente dalla lunghezza si intuisce che i singoli pesci rivestono ruoli molto diversi all’interno dell’ecosistema. In relazione alle dimensioni si nota una generale predominanza di individui piccoli: oltre il 50 per cento degli individui catturati era di dimensioni inferiori a 10 centimetri e il 95 per cento circa di dimensioni inferiori a 24 centimetri. La grandezza effettiva della maggior parte dei pesci può quindi essere molto più piccola rispetto, ad esempio, a quanto osservato nel pescato dei pescatori.

In 26 dei 324 siti esaminati è stata riscontrata la presenza di undici specie considerate non autoctone. Pur non essendo presenti nella maggior parte dei siti esaminati, i pesci alloctoni possono costituire una parte notevole delle comunità ittiche locali. Oltre agli individui alloctoni, molte specie ittiche sono presenti al di fuori del proprio areale, in particolare alcune specie originarie del Reno a nord delle Alpi oggi diffuse in altri bacini imbriferi della Svizzera, anche a sud delle Alpi.

Grandi differenze territoriali nella varietà dei taxa e nella composizione delle comunità

Le diverse comunità ittiche fluviali sono caratterizzate da un diverso numero di specie. Ciò è dovuto in parte a processi stocastici, ad esempio la probabilità che una determinata specie sia arrivata in un determinato sito nel corso del tempo, e in parte a processi selettivi, grazie ai quali più specie insieme riescono a sopravvivere in ecosistemi di dimensioni maggiori e diverse specie si adattano ad ambienti specifici. Di conseguenza, di regola ad altitudini più elevate e nei fiumi più piccoli sono presenti meno specie, mentre nei grandi fiumi di pianura il loro numero è maggiore.

I pesci sono stati catturati in torrenti a partire dall’altitudine più bassa della Svizzera fino in montagna, ben oltre il limite della vegetazione arborea, per un dislivello di oltre 2’000 metri. Mentre i siti a quote più elevate sono quasi sempre dominati dalla presenza di salmonidi, in quelli situati più a valle la ricchezza di specie è maggiore e spesso vi dominano i ciprinidi.

Con oltre 50 taxa, il numero delle combinazioni possibili tra i membri di una comunità in un determinato sito è naturalmente molto elevato. La presenza di specie differenti in ecosistemi diversi è un elemento cardine della variazione della catena alimentare tra i vari siti. Nel *Progetto Fiumi* sono state rilevate 88 biocenosi, poche delle quali presenti con una frequenza elevata (soprattutto trote, sia come individui solitari che insieme agli scazzoni) e la maggior parte come biocenosi uniche. Evidentemente, tali biocenosi sono in certa misura dinamiche. Si deve pertanto presumere che in Svizzera il numero di combinazioni sia di gran lunga maggiore rispetto a quanto documentato nel *Progetto Fiumi*.

Elevata varietà fenotipica all’interno di taxa

È risaputo che le cinque specie di trote presenti in Svizzera hanno fenotipi diversi e che, all’interno e tra le diverse popolazioni, le trote sono caratterizzate da una grande variazione fenotipica intraspecifica. Gran parte di questa varietà è stata documentata nel *Progetto Fiumi*. In particolare in Engadina (Cantone dei Grigioni), le trote si contraddistinguono per una varietà fenotipica elevata riconducibile alla presenza di quattro delle cinque specie di trote, un fattore a sua volta dovuto in parte al ripopolamento. Dalle analisi genetiche condotte sulle trote in questa regione è tuttavia emerso che le diverse specie di trote sono l’esito di un elevato grado di ibridazione.

Le trote atlantiche presenti in torrenti alimentati da acque sotterranee hanno un corpo più lungo rispetto a quello delle specie consimili diffuse in torrenti alimentati da acque superficiali, a loro volta caratterizzate da una colorazione più argentea. È interessante notare che nell’ambiente alimentato da acque sotterranee, più stabile, le trote mostrano un grado maggiore di specializzazione alimentare individuale.

In un piccolo torrente nel Cantone di Vaud si trovano due diversi fenotipi di trote, uno dei quali presenta una pigmentazione atlantica «normale», mentre l’altro non ha macchie rosse o nere. Nella parte più alta del torrente vive il tipo «senza macchie», mentre nella parte più bassa quello normale. In una zona più estesa sono presenti entrambe le forme e dalle analisi genetiche è emerso che, anche in queste zone, i due tipi si mantengono ampiamente isolati ai fini della riproduzione.

Oltre alle trote, anche altre specie presentano variazioni fenotipiche interessanti sia all’interno che tra i vari siti. La maggior parte di queste variazioni deve ancora essere indagata e chiarita. Ad esempio, non è ancora chiaro in che misura la variazione all’interno dei generi dei ciprinidi sia dovuta alla biodiversità nascosta.

Necessità di aggiornare la tassonomia di diversi generi

Sulla base delle analisi genetiche degli individui catturati nell’ambito del *Progetto Fiumi* e del precedente *Projet Lac* relativo alla valutazione della biodiversità dell’ittiofauna lacustre, è emersa con chiarezza la necessità di rivedere la tassonomia dei pesci dell’Europa centrale. Per diversi taxa, in particolare i ciprinidi, si è riscontrato che i generi – che in passato si pensava fossero rappresentati in Svizzera da un’unica specie – in realtà sono formati da diverse specie e che queste presentano spesso una diversa distribuzione territoriale o ecologica. I modelli spaziali erano sovente associati a diversi corsi d’acqua che ospitavano un altro taxon. I modelli ambientali erano spesso correlati alla separazione tra popolazioni lacustri e popolazioni fluviali.

I dati raccolti con il *Progetto Fiumi* consentono ora di comprendere meglio le modalità di ripopolamento dei fiumi svizzeri da diversi rifugi dopo l’ultima era glaciale e le ripercussioni sulla diversificazione ecologica. Tuttavia, al contempo emerge la necessità di sottoporre la tassonomia dei pesci dell’Europa centrale a una revisione radicale che consenta di comprendere, gestire e conservare in modo efficace la straordinaria varietà ittica.

Per approfondire la conoscenza di questa varietà si dovrebbe ora procedere con un’indagine sull’isolamento riproduttivo tra i diversi taxa presenti nella medesima zona e con l’esplorazione della struttura della popolazione presente nella rete idrografica. A tal fine, il team di progetto ha sviluppato e testato una serie di marcatori genetici microsatelliti, che possono essere impiegati per un gran numero di individui. A tutto questo si dovrebbero aggiungere analisi genomiche a copertura estesa che consentano di descrivere sia la varietà genomica che la differenziazione all’interno delle specie e tra di esse.

Raccomandazioni per la sorveglianza futura della varietà biologica dei pesci nei fiumi

Pur avendo raggiunto l’obiettivo di creare una banca dati e una raccolta di dati di riferimento per una varietà di habitat fluviali in Svizzera, il *Progetto Fiumi* non è riuscito a valutare in termini quantitativi la composizione delle comunità ittiche, la struttura della popolazione e la varietà biologica presente nei fiumi più grandi del Paese. Ciò è dovuto in particolare alla scarsa funzionalità della pesca elettrica nei fiumi più profondi. Se da un lato i fiumi più grandi contengono la più ricca varietà di specie, dall’altro sono quelli che risentono maggiormente dell’impatto antropico. È pertanto estremamente necessario sviluppare un protocollo standardizzato per la sorveglianza della varietà biologica dei pesci nei grandi fiumi.

Il *Progetto Fiumi* ha mostrato chiaramente che non è possibile valutare la varietà ittica locale soltanto sulla base delle osservazioni effettuate sul campo. Dal momento che molte specie continuano a essere criptiche, un elemento chiave delle valutazioni future della varietà biologica sarà quello di differenziare tale varietà. Pertanto, ai fini della sorveglianza futura sarà fondamentale prestare maggiore attenzione ai fenotipi e ai genotipi.

È necessario disporre di una banca dati nazionale pubblica per i dati sulla pesca e i dati genetici. Questa richiederebbe un protocollo nazionale standardizzato specifico ai taxa per le analisi genetiche. Pur non esistendo al momento alcun protocollo ufficiale standardizzato per tutti i taxa, le analisi genetiche per le trote vengono già oggi coordinate tra diversi servizi privati e istituzioni al fine di consentire un confronto dei dati microsatelliti genetici nell’ambito di diversi progetti. Tuttavia, sarebbe utile definire norme ufficiali sia per le trote che per altri taxa.

Prospettive sulla conservazione della varietà ittica nei fiumi

Con la conclusione del *Progetto Fiumi* e del *Projet Lac*, la Svizzera dispone ora di una quantità considerevole di dati concernenti la struttura delle comunità ittiche presenti sul suo territorio e le variabili ambientali ad esse correlate. Inoltre, sono state create due raccolte di riferimento uniche di esemplari interi, materiale genetico e altri campioni che consentono di analizzare ulteriormente l’interazione tra processi ecologici ed evolutivi che caratterizza la straordinaria varietà ittica dell’Europa centrale e, quindi, della Svizzera. Tale materiale è a disposizione tramite il museo di storia naturale di Berna (NMBE) e l’Eawag. È auspicabile che scienziati, privati, esperti, autorità e altri interessati ne facciano un utilizzo esteso. In tal modo si potranno generare nuove conoscenze e una maggior comprensione, contribuendo così a una conservazione più efficiente della straordinaria varietà ittica presente nei torrenti, nei fiumi e nei laghi di detta regione.

Summary

The unique fish diversity in riverine ecosystems in and around Switzerland

As a consequence of its geographic location within four of Europe's major watersheds and a large amount of habitat diversity, aquatic ecosystems in Switzerland harbor an exceptionally high amount of fish diversity. This diversity has mainly been formed by two different processes, i.e. assembly of previously existing diversity and post-glacial evolutionary processes. The latter of these processes has led to a high degree of endemism in especially the larger lakes in the Alpine region. The unique diversity can be found on many different levels. Besides the diversity of species, the different rivers and streams also harbor a diversity of fish communities, where both the variation in the number of species and the composition of species result in different food webs and ecosystem processes between rivers. Many of the fish species also show a high degree of intraspecific diversity in e.g. morphology, physiology, ecology, life history and in their genome. This intraspecific diversity is important in terms of different populations potentially being adapted to different habitats and in terms of populations harboring a high genetic diversity. The latter makes the individual fish within a population able to occupy different niches and makes the populations better able to adapt to changing environmental conditions.

Over the last decade, several previously undescribed species have been described. These species are not new, but have been swimming in lakes and/or rivers for thousands of years. While several of them have been recognized as distinct by e.g. scientists or fishers, formal descriptions have been missing and management of this, often partially cryptic, diversity has been difficult.

Global biodiversity crisis, also in Switzerland

The world is currently experiencing a rapid loss of biodiversity, often referred to as the sixth global mass extinction. A substantial part of this biodiversity loss may occur undetected, because nature's biodiversity is not yet fully documented and understood. Due to the combination of a multitude of factors, linked e.g. to climate change, to habitat loss and river fragmentation, which are often associated with hydropower production or flood control, and to introduced species, biodiversity in freshwaters is especially under threat. The combination of a highly developed society with high human density and a rich fish diversity, makes also Switzerland a potential global hot-spot of biodiversity loss.

Switzerland has already during the last century experienced a regional extinction of most its ocean-migratory species, such as Atlantic salmon, Atlantic sturgeon, Allis shad and sea lamprey, which was mainly a result of construction of barriers on the migratory route through the Rhine. However, more recently, it has been revealed that a large proportion of the endemic whitefish species has gone extinct as a consequence of lake eutrophication. It is however likely that more species and additionally a substantial part of regional intraspecific diversity can go extinct in a near future, with increased pressures on fluvial ecosystems. Combatting such biodiversity loss first requires a description of existing biodiversity and an understanding of the environmental factors, which govern it.

Aims of Progetto Fiumi

The main aim of Progetto Fiumi was to create a countrywide reference collection of fish data and samples and environmental data and samples, which combined will allow for assessments of current fish diversity, its distribution and association with environmental factors in Swiss rivers. This should allow for documentation of biodiversity beyond species diversity, but also habitat-, community-, ecological-, phenotypic- and genetic diversity. With this, we aim to enable managers, consultants, politicians, scientists etc., to give better advice and take more optimal decisions for ecosystem management and biodiversity conservation in the future.

Sampling results

During Progetto Fiumi, more than 20'000 individual fish of more than 50 different fish taxa were caught and processed. With more than 40% of all processed fish, trout were the most dominating taxa in the survey. Trout and seven of the ten most abundant taxa in the surveys were chosen as specific target genera for further analyses. Among these, seven other taxa were five cyprinids (*Squalius*, *Barbus*, *Phoxinus*, *Gobio* and *Alburnoides*), a loach (*Barbatula*) and bullhead (*Cottus*).

The caught fish spanned a wide range of sizes, from 2 cm small stickleback to 138 cm long catfish. By size alone, it is clear that individual fish would occupy very different roles in the ecosystem. The overall size distribution of fish showed a general dominance of smaller individuals, with more than 50% of the caught individuals being below 10 cm and approximately 95% being smaller than 24 cm. The real size of fish may thereby be considerably lower than what is observed in e.g. anglers' catches.

Eleven species, which are recognized as non-native to Switzerland, were recorded in 26 of the 324 sampled sites. Despite of their absence at most of the investigated sites, non-native fish may still constitute a large proportion of local fish communities. In addition to the fish non-native to Switzerland, many fish species are found outside their natural distribution area within Switzerland. This is especially true for species naturally found in the Rhine drainage north of the Alps, which are now found in other drainages in Switzerland, including south of the Alps.

Large spatial variation in community richness and composition

Different river fish communities have different amount of species in them. This is partly due to stochastic processes, such as the chance that any given species have made it to a given site over time, and partly due to selective processes, where more species are able to persist together in larger ecosystems and more different species being adapted to certain environments. In concordance with this, we generally see few species at higher altitudes and in smaller rivers and more species in large lowland rivers.

Fish were collected from streams from the lowest altitude in Switzerland to well above the tree line in the mountains, spanning more than a 2'000 m altitude difference (203–2206 m.a.s.l.). While the highest altitude sites were almost always dominated by salmonids, lower altitude sites were more species rich and often dominated by cyprinids.

With more than 50 different taxa caught, the possible combinations of different community members at a given site are obviously very high. The presence of different species in different ecosystems is a cornerstone in the food web variation between sites. In Progetto Fiumi, we recorded 88 different community assemblies. While a few assemblies were very common (especially solitary presence of trout and presence of trout and bullhead only), most were unique in the collection. It is obvious that community assemblies are to some extent dynamic and that many more combinations are found in Switzerland than what was documented in Progetto Fiumi.

High phenotypic diversity within taxa

It is well known that the five different species of trout in Switzerland have different phenotypes and also that trout display a great deal of intraspecific phenotypic variation within and between populations. Progetto Fiumi documented a large part of this diversity. Especially the trout of the Engadin Region in Graubünden showed a high amount of phenotypic diversity. This can be ascribed to the presence of four of the five different trout species, which is partly a result of stocking. Genetic analyses of trout in this region showed however that there is a large degree of hybridization has occurred between the different trout species.

Atlantic trout in groundwater fed streams had deeper bodied than their conspecifics in surface water fed streams, which were on the other hand more silvery. Interestingly, in the more stable groundwater fed environment, the trout displayed a higher degree of individual diet specialization.

One small stream in Canton Vaud contained two distinct different phenotypes of trout, where one had “normal” Atlantic trout pigmentation and the other was without red and black spots. The upper sites of the streams were inhabited by the “spotless” type and the lower by the normal type. There were however a large zone, where both types occurred and genetic analyses revealed that the two types remained mostly reproductively isolated from each other, even in the zones, where both types occurred.

Also other species than trout displayed interesting phenotypic variation within and between sites. Most of this phenotypic variation still needs to be explored and explained. For example, it is still unknown how much of the variation that are associated with different less well-defined species, within especially cyprinid genera.

Need for updated taxonomy within several genera

Based on bar coding-type genetic analyses of collected individuals from Progetto Fiumi and from the preceding lake fish biodiversity assessment project, *Projet Lac*, it became obvious that the Central European fish taxonomy needs a thorough revision. For several, especially cyprinid, taxa, the genera, which had previously been expected to be present with a single species in Switzerland, turned out to be consisting of more different species. These often had different either spatial- or environmental distribution. The spatial patterns were often linked-, but excluded to different drainages. The environmental patterns were often linked to lake-river divergence.

This enables us to start understanding the colonization history of fish into rivers in the Swiss region after the last glaciation from different ice age refuges and its influence on ecological diversification. However, it also stands as a reminder that the Central European fish taxonomy still needs a thorough revision, in order to effectively understand, manage and conserve the unique fish diversity in Central European rivers.

The next steps for understanding this diversity, should include investigation of reproductive isolation between different taxa, when the lineages occur in sympatry, and to investigate population structure in the dendritic network. For these purposes, we developed and tested suites of genetic microsatellite markers, which can be used for the purpose for a large amount of individuals. This should be supplemented with higher coverage genomic analyses, to describe both genomic diversity and differentiation within- and between the species.

Recommendations on future monitoring of fish biodiversity in rivers

While Progetto Fiumi reached its goal on creating a reference database and collection across a large range of riverine habitats across Switzerland, it did not succeed in a quantitative assessment of fish community composition, population structure and biodiversity as a whole in the largest rivers of the region. This is mainly associated with the poor functionality of electrofishing in deeper rivers. These largest rivers are the most species rich, but also some of the most anthropogenic influenced. There therefore remain a large need to develop a standardized protocol for monitoring fish biodiversity in the largest deeper rivers.

Progetto Fiumi clearly showed that assessment of local fish diversity cannot be based on field observations alone. Many species remain cryptic and it is a key component of future biodiversity assessments to differentiate this diversity. Increased focus also on phenotypes and genotypes in future fish monitoring will therefore be crucial.

There is a need for a national publicly available database for survey fishing data and genetic data. The latter would require a nationally standardized taxa-specific protocol for genetic analyses. While there are no current official standardized protocol for any taxa, current genetic analyses for trout are already coordinated between multiple private offices and institutions to enable cross-project comparison of microsatellite genetic data. Still, it would be beneficial to make official standards both for trout and for other taxa.

Outlook on conservation of fish diversity in rivers

Following Progetto Fiumi and its sister project, *Projet Lac*, we now have an incredible amount of data available on the structure of fish communities in Switzerland and the environmental variables that they are associated with. Additionally, we have two unique reference collections of whole specimens, genetic material and other samples, which enables further analyses of the interaction between ecological and evolutionary processes, which shapes the unique fish diversity of the Central European region and thereby Switzerland. It is our sincere hope that this material, which is available through the Natural History Museum in Bern (NMBE) and Eawag, will be used heavily by scientists, consultants, managers, private persons etc., to generate new knowledge and understanding, which can aid more efficient conservation of the unique fish diversity in the streams, rivers and lakes of the region.

1. Einleitung

Weltweit ist die Natur unter Druck. Wegen der fortschreitenden Ausbreitung von Siedlungsflächen, Landwirtschaft und Industrialisierung ist der natürliche Lebensraum über historische Zeit immer kleiner geworden. Wir befinden uns momentan im sechsten weltweiten Massenaussterben von Arten, mit einer jährlichen Anzahl an neu ausgestorbenen Tier- und Pflanzenarten, die es nur fünf Mal in den letzten 540 Millionen Jahren gab. Während die früheren fünf Massenaussterben von Naturkatastrophen, sowie grossen Meteoriteneinschlägen oder grossen Vulkanausbrüchen verursacht wurden, ist die jetzige die erste, die von Menschen verursacht ist. Das betrifft insbesondere Arten in Süsswasser-Ökosystemen, wo eine besonders hohe Artenvielfalt im Vergleich zur Gesamtgrösse des Habitats vorkommt. Seit Beginn der Menschheit sind wir mit Süsswasser nah verbunden. Wie fast alle anderen terrestrischen Tiere sind wir von Süsswasser abhängig und haben darum unsere Siedlungen immer in der Nähe davon gegründet. Heutzutage sind Süsswasser-Ökosysteme wegen ihrer Ökosystemleistungen oder Gefahrenpräventionen, wie z.B. Hochwasserschutz, stark anthropogen beeinflusst über fast die ganze Erde. Über die letzten Jahrzehnte stieg aber zunehmend das Bewusstsein, dass etwas gegen den Arten- und Habitatverlust unternommen werden muss. Mehrere Gesetze und Massnahmen wurden seither implementiert, um die Ökosysteme wieder in einen ursprünglicheren und natürlicheren Zustand zu versetzen. Dies hat zu einer Verbesserung der Lebensraumqualität in vielen Ökosystemen im industrialisierten Teil der Welt geführt. Diese Lebensraumverbesserungen geschehen in der Annahme, dass sich dann der Zustand von be-drohten Arten ebenfalls verbessert. Obwohl es jetzt eine stärkere öffentliche Unterstützung für den Naturschutz gibt als jemals zuvor, ist es äusserst schwierig zu bewahren, was nicht gut beschrieben und oder gut verstanden ist. Gute Intentionen reichen nicht aus und können sogar zu missverstandenen Schutzmassnahmen führen, die wichtige Teile der Naturvielfalt schädigen.

Biodiversität ist ein Begriff, der uns ständig begegnet: in den Medien, in der Politik oder auch im privaten Leben. Oft wird damit die Artenvielfalt gemeint, doch der Begriff geht weit darüber hinaus. Denn Biodiversität wird definiert als die Vielfalt des Lebens auf der Erde und umfasst nicht nur die Artenvielfalt, sondern reicht von der Vielfalt an verschiedenen Ökosysteme bis zur genetischen Variation innerhalb einer Art.

Des Weiteren wird zwischen drei verschiedenen Typen von Diversität unterschieden. Betrachtet man nur die Artenvielfalt auf lokaler oder regionaler Ebene (z.B. ein Bach), dann spricht man von Alpha(α)-Diversität. Die Gamma(γ)-Diversität hingegen umfasst alle vorkommenden Arten auf einer etwas grösseren Skala, z.B. der ganzen Schweiz. Und schliesslich beschreibt die Beta(β)-Diversität, wie unterschiedlich die einzelnen Alpha-Diversitäten sind, ob also in allen Bächen mehr oder weniger dieselben Arten vorkommen, oder ob es ganz viele verschiedene Artgemeinschaften gibt (Jost 2007).

1.1 Fischbiodiversität in der Schweiz

In den Schweizer Gewässern ist eine hohe Vielfalt an Fischen beheimatet. Aufgrund der zentralen geografischen Lage in Europa wird die Schweiz über fünf verschiedene Flusssysteme in vier Meere entwässert. In diesen Flusssystemen haben sich die Fische über Hundertausende von Jahren weitgehend getrennt voneinander entwickelt, wobei sie die Schweiz erst nach dem Rückzug der Eiszeitgletscher besiedelt haben. Dies hat dazu geführt, dass in vielen Fischgattungen eigenständige, mehr oder weniger nah verwandte Arten in verschiedenen Einzugsgebieten vorkommen. Manche von diesen Arten, wie die Rotfeder (*Scardinius erythrophthalmus*) auf der nördlichen Seite der Alpen und die Schwarzfeder (*Scardinius hesperidicus*) auf der südlichen Seite der Alpen sind schon gut beschrieben worden. Über manch andere Arten, wie die Arten der Gattung Phoxinus (Palandačić et al. 2017), ist im Gegenteil sehr wenig bekannt.

Auch innerhalb eines Flusssystems (die Gewässer wurden erst nach der letzten Eiszeit vor ungefähr 10'000 Jahren wiederbesiedelt) hat sich eine grosse Vielfalt herausgebildet. Denn durch die Gebundenheit an Wasser können sich Fische nicht völlig frei bewegen und fortpflanzen. Dies begünstigt die intraspezifische Differenzierung. In einigen Fällen haben sich so eigenständige, endemische Arten entwickelt, wie z.B. die verschiedenen Felchenarten in den Schweizer Seen (Hudson et al. 2011).

In der jüngeren Vergangenheit haben sich das Verständnis für Artenvielfalt, und die Methoden und Werkzeuge zu ihrer Feststellung verbessert. Galt früher: Äsche gleich Äsche, Forelle gleich Forelle, so wissen wir heute, dass es z.B. verschiedene Forellenarten gibt und erkennen teilweise die innerartlichen Unterschiede, die zwischen- und auch innerhalb der Populationen bestehen. Denn für einige Fischarten wurden in den letzten Jahren genetische Untersuchungen durchgeführt, teils auf regionaler, teils auf gesamtschweizerischer Ebene. Die Ergebnisse für elf Arten und Artgruppen wurden in der BAFU-Publikation «Genetik und Fischerei» zusammengefasst (Vonlanthen und Hefti, 2016). Bei praktisch allen untersuchten Arten konnte eine genetische Differenzierung zwischen den Populationen festgestellt werden, teils sogar innerhalb desselben Gewässers. Einzig die Nasenpopulationen (*Chondrostoma nasus*) unterhalb des Rheinfalls weisen keine signifikante genetische Struktur auf (bis auf eine Ausnahme, die womöglich einen genetischen Flaschenhals als Ursache hat (Vonlanthen und Hefti, 2016)). Die Untersuchungen in der erwähnten Publikation sind jedoch für viele Gattungen noch nie schweizweit durchgeführt worden. Zudem wurde der Grossteil der vorkommenden Arten noch gar nicht untersucht. Als Grundlage für eine umfassendere Evaluation ist daher eine flächendeckende, standardisierte Probenahme an vielen Standorten notwendig.

1.2 Intraspezifische Diversität

In diesem Bericht ist diese innerartliche Vielfalt (intraspezifische Diversität von Genotypen und Phänotypen) ein zentrales Element, denn sie ist von enormer Bedeutung für die Natur. Die Anpassung an verschiedene Lebensräume oder an sich ändernde Umweltbedingungen, ja die Entstehung von neuen Arten wäre nicht möglich ohne die Variationen innerhalb einer Art. Die Vertreter derselben Art sind nicht alle genau gleich. Es gibt auch innerhalb derselben Population teils grosse individuelle Unterschiede in Bezug auf den Phänotyp (Körperform, Farbe, Physiologie, Verhalten), die Ökologie (Spezialisierung auf Nahrung oder Habitat) oder die Partnerwahl. Nicht alle Varianten sind dabei gleich erfolgreich im Überleben und in der Fortpflanzung. Durch geografische Barrieren oder starke Präferenzen in ebendiesen Unterschieden können Populationen reproduktiv voneinander getrennt werden. Die intraspezifische Diversität spielt auch bei Anpassungen an sich ändernde Umweltbedingungen eine wichtige Rolle: weil verschiedene Individuen unterschiedliche Merkmale haben und Individuen mit unterschiedliche Merkmale unter unterschiedliche Umweltsituationen höhere Fortpflanzungserfolge haben, erhöht die Diversität die Anpassungsfähigkeit an Umweltveränderungen und vermindert somit die Aussterbewahrscheinlichkeit einer Art (Reed & Richard 2003; Barrett & Schluter 2008).

Deshalb ist es äusserst wichtig, bei Biodiversitätserhebungen die intraspezifische Diversität nicht zu vernachlässigen (Brodersen & Seehausen 2014). Denn im Laufe der Zeit haben sich verschiedene Populationen an die jeweiligen lokalen Bedingungen angepasst. Werden solche Populationen oder nah verwandte Arten durchmisch, kann das entweder zur Verdrängung der lokalen Population oder zur Hybridisierung führen. Die dadurch entstandenen Nachkommen sind oft weniger gut angepasst und somit weniger erfolgreich als die lokal angepassten (Muhlfeld et al. 2009). Das ist aber nicht immer der Fall und besonderes in Zeiten ungünstiger Bedingungen, z.B. für die Fortpflanzung, können mache Populationen besonders gefährdet sein, Hybridisierungen einzugehen (z.B. Doenz 2021).

Box 1: Neutrale und adaptive genetische Differenz

Nicht alle Unterschiede zwischen Populationen, die bei genetischen Analysen gefunden werden, beruhen auf Adaptationen (Anpassungen) an die jeweiligen Umweltbedingungen. Denn es wird unterschieden zwischen der sogenannten *neutralen* und der *adaptiven* genetischen Differenz. Bei ersterer haben die Gene, die zu den Unterschieden führen, keine konkreten Auswirkungen auf die Fitness des Trägers unter den angegebenen Umweltbedingungen. Es spielt für das Überleben oder die Fortpflanzung keine Rolle, welches Allel (Variante des Gens) ein Individuum trägt. Die natürliche Selektion kann nicht wirken, und die Häufigkeit des Allels innerhalb der Population wird hauptsächlich durch die genetische Drift («Zufall») bestimmt. Manchmal ist der Grund dafür, dass die DNA-Abschnitte in sogenannten nicht-codierenden Regionen des Gens oder Genoms liegen (d.h. es wird kein Protein gebildet aus diesem DNA-Abschnitt). Demgegenüber ist *adaptive* genetische Differenz möglich, wenn unterschiedliche Variante eines Gens (unterschiedliche Allele) sehr wohl einen Einfluss auf die Fitness haben: die natürliche Selektion führt dazu, dass die, unter besondere Umweltbedingungen, vorteilhafte Allele mit der Zeit häufiger vorkommen in Populationen, die unter genau diese Umweltbedingungen leben.

Die Unterscheidung dieser beiden Formen der genetischen Variation ist deshalb wichtig, da ihre Analysen erstens verschiedene Interpretationen zulassen und sie zweitens nicht mit den gleichen Methoden untersucht werden können (Holderegger et al. 2006). Mithilfe neutraler Marker können beispielsweise verwandtschaftliche Beziehungen geklärt werden: Wie nah sind die verschiedenen Populationen verwandt und welche bilden eine eigene, differenzierte Gruppe? Der Grund dafür liegt gerade darin, dass die Marker nicht der Selektion unterliegen: solche Bereiche der DNA sind ungefähr der gleichen Mutationsrate ausgesetzt. Mit der Zeit häufen sich solche Mutationen und je länger zwei Populationen voneinander getrennt sind, desto klarer unterscheidbar werden sie. Zur Identifizierung von entfernt verwandten Arten bzw. zur Bestimmung engerer Verwandtschaften werden heute respektive oft DNA-Sequenzen aus den Mitochondrien (mit DNA-Barcoding) und Allelfrequenzen an Mikrosatelliten-DNA verglichen. Diese Methoden sind gut etabliert und kostengünstig. Adaptive genetische Differenzen hingegen sind aufwändiger auszumachen. Sie erfordern entweder Kenntnis über bestimmter Gene mit bestimmter Funktion (beispielsweise Gene, die mit Temperaturtoleranz, Nahrungsaufnahme oder Schutz gegen Fressfeinde assoziiert sind), oder aber es müssen grosse Teile oder sogar das gesamte Genom entschlüsselt werden. Diese Methoden sind noch relativ jung und dementsprechend teuer. Das Ausgangsmaterial ist jedoch für alle Methoden grundsätzlich dasselbe: ein Stück Gewebe reicht aus, um daraus die DNA zu extrahieren. Allerdings werden für genomische Untersuchungen deutlich grössere Mengen von Gewebe benötigt, als für DNA-Barcoding oder Mikrosatelliten.

1.3 Bedrohung der Biodiversität

Doch während wir gerade im Begriff sind, diese Vielfalt zu erkennen, zu dokumentieren und ansatzweise zu verstehen, sind wir dabei, sie aufgrund der anthropogenen Auswirkungen auf die aquatischen Ökosysteme zu verlieren: Zerstörung von Habitaten, Wanderhindernisse, veränderte Abfluss- und Geschieberegime, Wasserverschmutzung, Klimawandel, Hochwasserschutz, Invasive Arten, Überfischung oder massiver Fischbesatz für die Angelfischerei sind nur einige von vielen Faktoren, die den Fischbeständen zusetzen. Fischpopulationen sind zudem vielen dieser Stressoren gleichzeitig ausgesetzt und diese beeinflussen sich auch untereinander (Lange et al. 2018).

Die Schweiz ist, mit ihrer hohen Bevölkerungsdichte und ihrer langen Geschichte an Modifizierung der terrestrischen und aquatischen Habitate, sowie ihrer ursprünglich hohen Artenvielfalt, ein potenzieller Hotspot für den Verlust von aquatischer Biodiversität. Das heisst, dass sie einen hohen Anteil am Verlust aquatischer Biodiversität in Europa hat (Kottelat & Freyhof 2007). Während dem letzten Jahrhundert hat die Schweiz tatsächlich eine relativ hohe Anzahl ihrer endemischen Fischarten verloren. Das heisst, dass diese Arten komplett von der Erdoberfläche verschwunden sind. In einem kürzlich erschienenen Bericht (WWF 2021) sind vier der 80 als global ausgestorben gemeldeten Süsswasser-Fischarten in ihrer Verbreitung auf die Schweiz beschränkt gewesen, wobei noch zwei weitere endemische Arten des Bodensees dazukommen, welcher sich auf die Schweiz, Deutschland und Österreich aufteilt. Während eine dieser Bodensee-Arten (der Tiefensee Saibling, *Salvelinus profundus*) kürzlich wiederentdeckt wurde (Doenz & Seehausen 2020), ist die eigentliche Anzahl an ausgestorbenen endemischen Fischarten der Schweiz, wie auch im Rest der Welt, deutlich grösser als vom WWF berichtet. Dies ist die Konsequenz des Aussterbens mehrerer Felchenarten wegen der Eutrophierung der natürlicherweise oligotrophen tiefen Seen während dem letzten Jahrhundert (Vonlanthen et al. 2009; Selz et al. 2021).

Heute gelten 74 Prozent der einheimischen Fisch- und Krebsarten der Schweiz als bereits ausgestorben (Status 0) oder vom Aussterben bedroht bzw. gefährdet (Status 1–4) (Verordnung zum Bundesgesetz über die Fischerei (VBGF) 2021; Anhang 1). Um diesem Trend entgegenzuwirken, wurde und wird einiges unternommen: das Gewässerschutzgesetz wurde 2011 revidiert und verfolgt ambitionierte Ziele bezüglich Revitalisierung und Sanierung der Wasserkraft. Solche Massnahmen sind zweifelsohne notwendig und wichtig, um die Gewässer der Schweiz und deren Artenvielfalt zu schützen. Es ist dafür jedoch auch von grosser Bedeutung zu wissen, wie der Jetzt-Zustand überhaupt ist, damit Massnahmen zur Verbesserung zielgerichtet und erfolgversprechend priorisiert und umgesetzt werden können.

1.4 Warum Progetto Fiumi?

Genau hier setzt Progetto Fiumi an, mit dem Ziel, die Biodiversität der Fische in den Schweizer Fließgewässern zu dokumentieren. Die Biodiversität der Fische kommt als z.B. genetischer, morphologischer und ökologischer Diversität vor. Wichtig ist, dass dabei alle Ebenen der Biodiversität berücksichtigt werden, mit Schwerpunkten auf der Diversität von nahe verwandten Arten, deren Taxonomie häufig noch nicht gut geklärt ist, und innerartlicher Diversität. Denn durch das Wissen um lokale Eigenheiten und die Berücksichtigung davon beim Schutz und der Bewirtschaftung können Biodiversitätsverluste vermieden werden. Zusätzlich erhöht eine taxonomisch besser aufgelöste Erfassung der Diversität die Möglichkeiten für EntscheidungsträgerInnen, Naturschutzbemühungen zugunsten der einzigartigen und am stärksten gefährdeten Teile der Biodiversität zu priorisieren. Im folgenden Kapitel werden die Ziele des Projekts im Detail erläutert.

2. Projektziele

2.1 Erhebung der Biodiversität und ihre Verbreitung

Das Hauptziel von Progetto Fiumi besteht in der Erhebung der Fischbiodiversität und ihrer Verbreitung in den Schweizer Fliessgewässern. Der Begriff *Diversität* wird dabei sehr breit verstanden und beinhaltet mehrere Ebenen. Diese Ebenen können Individuen, Populationen, Arten oder Artgemeinschaften sein. In Bezug auf die intraspezifische Diversität wurde in der Einleitung vor allem die genetische Vielfalt erwähnt. Im Rahmen von Progetto Fiumi werden jedoch auch z.B. die morphologische Vielfalt und die Vielfalt in der Position im Nahrungsnetz erhoben.

2.2 Erhebung von Umweltvariablen

Um zu verstehen, weshalb diese Vielfalt so verteilt ist, wie sie ist, ist die Erhebung von Umweltvariablen unentbehrlich. Denn sie rücken die vorgefundene Biodiversität in einen Kontext, machen sie untersuch- und interpretierbar. Nur so können verlässliche Aussagen darüber gemacht werden, wie sich die Biodiversität in Zukunft verändern wird, sei es aufgrund sich ändernder Umweltbedingungen oder Management-Strategien. Es kommt relativ selten vor, dass neben den Fisch- auch Insekten-, Algen- und weitere Umweltproben im gleichen Biodiversitätsforschungsprogramm erfasst werden. Diese Informationen sind für die zukünftige Auswertung der Fischdaten jedoch absolut notwendig. Es war daher ein wichtiges Ziel von Progetto Fiumi, Umweltvariablen- und Proben von allen Standorten zu erheben, bzw. zu sammeln. Darüber hinaus sollten bereits existierende Information über die Standorte zusammengetragen werden (z.B. GIS-Daten).

2.3 Repräsentativität und Vergleichbarkeit

Bei der Standortauswahl sollte die Vielfalt der Schweizer Fliessgewässer berücksichtigt werden, so dass eine repräsentative Probenahme ermöglicht wurde. Genauere Informationen dazu sind im Kapitel «3.1 Probenahme-standorte» beschrieben. Ebenso essenziell wie die Repräsentativität sind standardisierte Methoden, damit am Ende vergleichbare Daten vorliegen. Die Probenahme-Methoden, die für Progetto Fiumi entwickelt wurden, ermöglichen es auch zukünftigen Biodiversitätserhebungen, die Vielfalt auf allen Ebenen zu dokumentieren. Dies ist ein erklärtes Ziel des Projekts: einen Standard entwickeln für zukünftige Erhebungen der Fischbiodiversität, egal, ob sie von Behörden oder privaten Ökobüros durchgeführt werden.

2.4 Sammlung für die Gegenwart und die Zukunft

Im letzten Jahrhundert sind aufgrund der Eutrophierung ca. 30 Prozent der Schweizer Felchenarten ausgestorben (Vonlanthen, Bittner et al. 2012). Dieser Verlust an Artenvielfalt konnte nur dank einer umfangreichen historischen Fichsammlung von Paul Steinmann aus der ersten Hälfte des 20. Jahrhunderts untersucht und nachgewiesen werden. Aus einer alten Schuppensammlung, in der bereits vor 80 Jahren alle Felchen auf Artniveau identifiziert wurden, konnte Felchen-DNA extrahiert und mit aktuellen Proben verglichen werden. Dies ist ein Beispiel, das zeigt, wie wertvoll und wichtig gut dokumentierte Sammlungen sein können. Aus diesem Grund wurde ein Teil der von Progetto Fiumi gefangenen Fische konserviert. In die Sammlung wurden sowohl Formalin-fixierte Fische als auch Gewebeproben für genetische und chemische/ökologische Untersuchungen aufgenommen. Diese Referenzsammlung der Fische der Schweizer Fliessgewässer soll den Forschern der Gegenwart und der Zukunft zur Verfügung stehen und dabei helfen, die Fischpopulationen und ihre Gewässer besser zu verstehen und zu schützen. In Zukunft wird diese Sammlung, zusammen mit der Fichsammlung aus dem Projet Lac und der historischen Steinmann/Eawag Sammlung, im Naturhistorischen Museum Bern untergebracht werden.

Aufgrund des grossen Datensatzes gab es bereits während der Probennahmephase Anfragen vonseiten Behörden (BAFU, Kantone) oder privater Ökobüros zu spezifischen Fragestellungen, z.B. die Datenbanken für das MSK Projekt vom BAFU, die Fischbestandsbewertungen in der Sense und im Möhlinbach. Dies zeigt, dass eine flächendeckende, einheitliche Probenahme auch für das Fischbestandsmanagement von grossem Interesse ist. Es ist erfreulich, dass diese Möglichkeiten von einigen schon vor Abschluss des Projekts wahrgenommen wurden.

3. Methoden

Im Folgenden wird erläutert, wie die Probenahmen grundsätzlich durchgeführt wurden, bevor im Detail auf die Standorte und die gesammelten Proben eingegangen wird. Die Erhebungen fanden jeweils im September und Oktober statt, da zu dieser Zeit wenig Salmonideneier im Sediment sind und der grösste Teil der natürlichen Mortalität der 0+ Fische bereits stattgefunden hat. Dazu sind die Wassertemperaturen auch niedriger als im Hochsommer und die 0+ Fische grösser, was beides schonender für die Fische ist. Erlaubte es die Grösse des Gewässers, wurde eine Strecke von rund 100m quantitativ abgefischt. Zu breite, zu tiefe oder zu strömungsintensive Gewässer wurden qualitativ befischt, wobei möglichst alle Habitate berücksichtigt wurden (Abb. 3.1A). Nicht wasserbare, grosse Flüsse wurden mit einem Boot beprobt, das mit einem Anodenrechen ausgestattet war (Abb. 3.1B). Dabei wurde die Streifenbefischungsmethode angewendet. Die gefangenen Fische wurden nach Streifen, oder bei quantitativen Erhebungen nach Durchgang, separiert gehältert. Alle Fische wurden im Feld, so gut wie möglich, bis auf Artniveau bestimmt, vermessen und gewogen. Die Bestimmung von Arten aus schwierigen Gruppen wurde später im Labor oder Anhand der Fotos noch bestätigt, bzw. konkretisiert. Anschliessend wurden von jeder Art an jedem Standort bis zu 30 Exemplare ausgewählt und für die Sammlung mit MS-222 euthanasiert, der Rest wurde freigelassen. Bedrohte oder lokal seltene Arten wurden mit MS-222 betäubt (Gerner 2018), vermessen und anschliessend wieder freigesetzt.



Abb. 3.1: Beispiele Befischungen. **A:** Qualitative elektrische Befischung ohne Blocknetz an der Glogn. **B:** Elektrische Befischung vom Boot mit Anodenrechen in den Maistriler Auen.

Box 2: Die elektrischen Befischungsmethoden kurz erklärt

- **Quantitative Befischung:** In zwei bis drei Durchgängen werden alle Fische entnommen, die gefangen werden können. Die Streckenlänge- und Breite sind bekannt, so kann eine Populationsabschätzung gemacht werden. Streckenanfang- und Ende sind mit Blocknetzen abgesperrt. Vorteil: quantitative Abschätzung der Populationsdichte. Nachteil: erheblicher Aufwand.
- **Semiquantitative Befischung:** alle Fische werden entnommen, die gefangen werden können. Nur ein Durchgang. Es wird nicht unbedingt die gesamte Gewässerbreite abgefischt und es wird nicht abgesperrt. Vorteil: Hinweis auf Abundanzen und Artverteilung auch in nicht wadtbaren, zu breiten oder zu strömungsintensiven Gewässern möglich. Nachteil: geringere Genauigkeit der Daten, Überrepräsentation grosser Fische, Unterrepräsentation einiger Arten, wie z.B. Groppen.
- **Qualitative Befischung:** es werden nicht unbedingt alle gefangenen Fische entnommen. Die Länge und Breite sind nicht bekannt, es wird nicht abgesperrt. Vorteil: geringerer Aufwand, gezielte Suche nach bestimmten Arten möglich, Erreichen einer Mindestanzahl gefangener Fische auch bei sehr geringen Dichten möglich. Nachteil: keine Abundanzdaten
- **Streifenbefischungsmethode mit dem Boot:** auf einer Strecke von mehreren hundert Metern bis zu zwei Kilometern wurden ungefähr ein Dutzend Streifen ausgewählt, die die verschiedenen Habitate in ihrer relativen Häufigkeit abdecken. Diese Streifen wurden dann, das Boot mit der Strömung treibend, elektrisch abgefischt. Je nach Habitat und Abundanz von Fischen variierte die Länge der Streifen von einigen Dutzend bis zu mehreren hundert Metern. Das elektrische Feld ist bis zu einer Wassertiefe von rund 2 m stark genug, um die Fische anzuziehen.

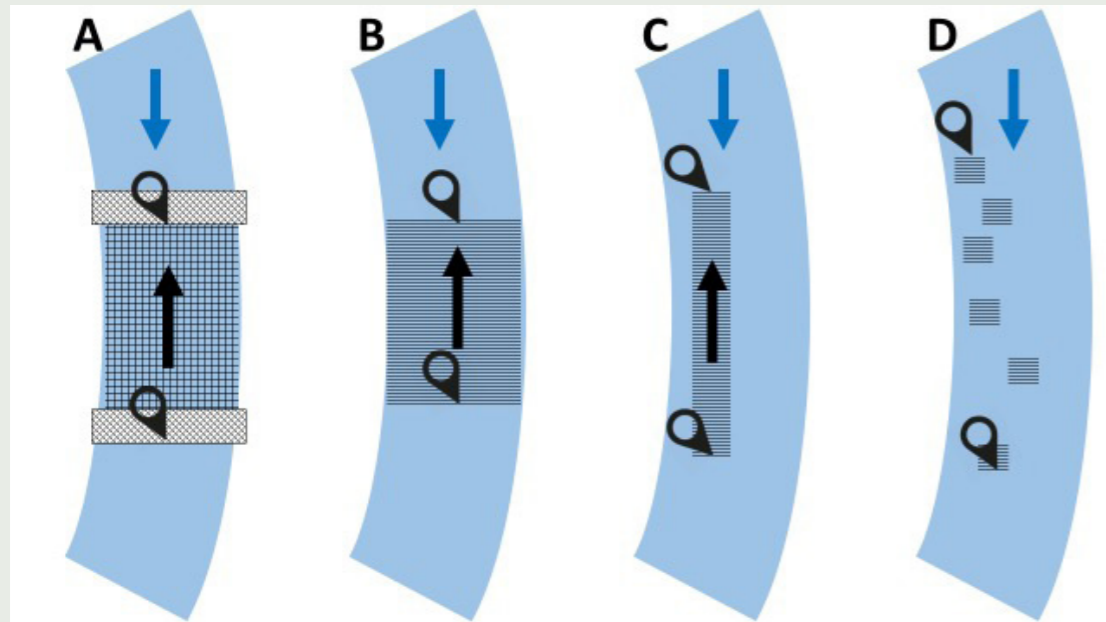


Abb. 3.2: Die elektrischen Befischungsmethoden schematisiert. **A:** Quantitative Befischung mit Blocknetzen und mindestens zwei Durchgängen. **B:** Semiquantitative Befischung ohne Blocknetze und nur einem Durchgang (gesamte Gewässerbreite gefischt). **C:** Semiquantitative Streifenbefischung ohne Blocknetze und nur einem Durchgang (nur Teil der Gewässerbreite gefischt). Entweder zu Fuss oder von Boot befischt. **D:** Qualitative Befischung. Nadelikonen zeigen Anfang und Ende der Befischung. Pfeile zeigen Fließrichtung (blau) und Befischungsrichtung (schwarz). Bei der qualitativen Befischung ist Befischungsrichtung variabel und nicht standardisiert.

3.1 Probenahmestandorte

Die Schweiz wird über fünf verschiedene Flusssysteme in vier Meere entwässert. Zudem ist sie topographisch und geologisch heterogen und die Gewässer unterscheiden sich stark bezüglich Art und Grad der menschlichen Beeinträchtigung. Um eine möglichst repräsentative Erhebung zu gewährleisten, wurden folgende Kriterien bei der Standortauswahl berücksichtigt:

- Einzugsgebiet
- Meereshöhe
- Speisung durch Grund- oder Oberflächenwasser
- Fischereiliche Nutzung
- Intensität der Landwirtschaft
- Kläranlagen / Siedlungen
- Verbauungen im und am Gewässer
- Wasserkraftnutzung
- Geschiebehalt
- Einige Standorte betreffend, im Probenahmejahr 2017: Erwartete Arten (angestrebt wurde eine möglichst komplette Artenliste für jedes Einzugsgebiet)

Progetto Fiumi dauerte insgesamt fünf Jahre, von 2013–2017. Während dieser Zeit wurden insgesamt 324¹ Standorte untersucht (Abb. 3.3). Im Jahr 2013 wurde das Pilotprojekt durchgeführt. Da sich die Eawag in Kastanienbaum LU befindet, wurden in jenem Jahr fast ausschliesslich Gewässer rund um den Vierwaldstättersee untersucht. Aus diesem Grund ist die Zentralschweiz bei den Probenahmestandorten überproportional vertreten (Tab. 3.1). Viele der Vierwaldstättersee-Zuflüsse sind alpine Gewässer, die nur Forellen und Groppen beheimaten. Der Zeitaufwand für solche Standorte ist relativ gering, so dass mehr Standorte pro Tag abgedeckt werden konnten. Die Verteilung der Standorte über die Höhenlage ist in Abb. 3.4 dargestellt.

¹ * An dieser Stelle muss erwähnt werden, dass real ungefähr 500 Befischungen durchgeführt wurden. Denn teilweise wurde an einem Standort eine quantitative und eine qualitative Befischung gemacht. Dies zum Beispiel, wenn nach dem quantitativen Fischen keine ausreichende Stichprobengrösse erreicht wurde. Auch die Daten aus den verschiedenen Streifen der Bootsbefischungen wurden für diesen Bericht in einem Standort zusammengefasst.

Tab. 3.1: Verteilung der Standorte über die Haupteinzugsgebiete in der Schweiz. Die Differenz der beiden Prozentwerte ist in der letzten Spalte angegeben und zeigt an, welche Einzugsgebiete über-, respektive untervertreten sind (Diskrepanz % = Standorte % – Fläche %).

Einzugsgebiet	# Standorte	Fläche km ²	Diskrepanz %
Rhein	80 (24.7%)	10'365 (24.6%)	0
Aare	54 (16.7%)	11'837 (28.1%)	-11
Reuss	113 (34.9%)	3'432 (8.1%)	27
Limmat	10 (3.1%)	2'406 (5.7%)	-3
Rhone	22 (6.8%)	7'102 (16.9%)	-10
Doubs	4 (1.2%)	637 (1.5%)	0
Ticino	17 (5.2%)	3'604 (8.6%)	-3
Adda	5 (1.5%)	513 (1.2%)	0
Inn	18 (5.6%)	2'094 (5.0%)	1
Adige	1 (0.3%)	130 (0.3%)	0
Total	324	42'120	

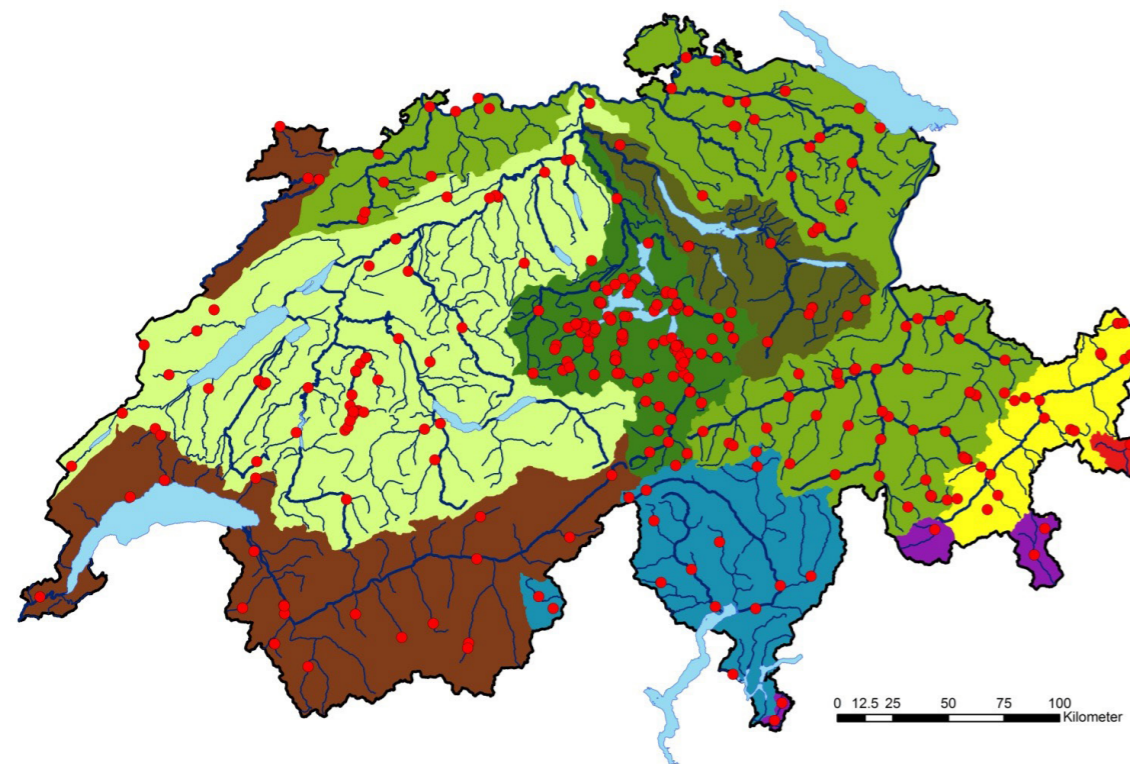


Abb. 3.3: Probenahmestandorte und Haupteinzugsgebiete: braun = Rhône, blau = Ticino, violett = Adda, rot = Adige, gelb = Inn, hellgrün = Aare, dunkelgrün = Reuss, olive = Limmat, mittleres grün = Alpenrhein / Hochrhein
Quelle: Bundesamt für Landestopographie (Art.30 Geo IV): 5704 000 000, reproduziert mit Bewilligung von swisstopo (JA100119).

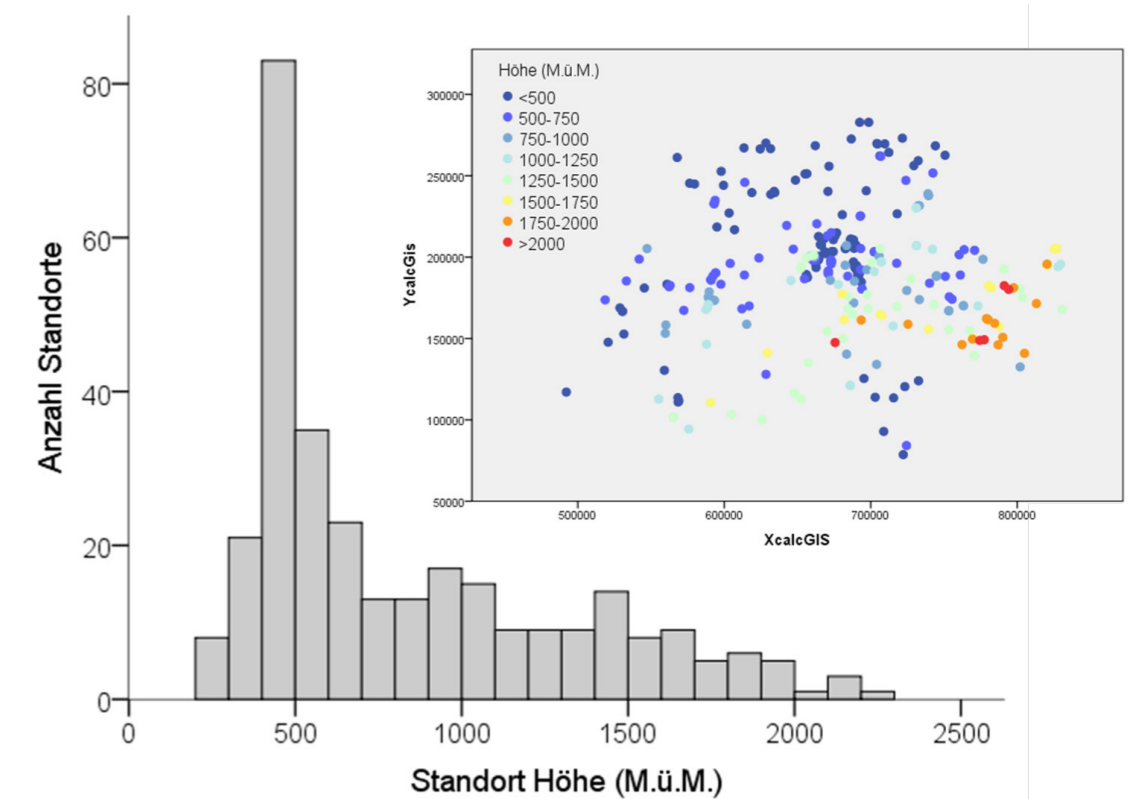


Abb. 3.4: Balken: Frequenzverteilung der Standorte nach Höhe. Punkte: geographische Verteilung der Standorte über die Schweiz

3.2 Gesammelte Proben und Daten

3.2.1 Umweltproben

An jedem Standort wurde eine Reihe von Umweltproben entnommen. Das Spektrum an Proben wurde im Laufe des Projektes etwas erweitert, die fehlenden Umweltproben der Anfangsjahre wurden im Nachhinein (2015 und 2017) noch gesammelt, so dass der Datensatz komplettiert werden konnte. Die Tabelle 2 gibt einen Überblick über Art, Anzahl und Lagerung der Proben. Die Beprobung des Makrozoobenthos erfolgte mit der sogenannten Kick-Sampling Methode (Abb. 3.5). Dabei werden an fünf Stellen im Gewässer jeweils zehn Tritte in die Gewässersohle getätigt. Die dabei aufgewirbelten Kleintiere werden in einem kleinmaschigen Netz aufgefangen. Die gepoolte Probe wird in reinem Alkohol aufbewahrt.

Des Weiteren wurden Algenproben entnommen, da Algen an der Basis des Nahrungsnetzes stehen und deshalb für ökologische Studien interessant sind. Der Algenbewuchs innerhalb des Gewässers ist aufgrund heterogener Licht- und Temperaturverhältnisse nicht überall gleich. Deshalb wurden fünf Steine von verschiedenen Standorten ausgewählt und ihr Algenbewuchs auf einer standardisierten Fläche mit einer Zahnbürste abgeschabt. Die Bürste wurde mit Wasser gespült und die Probe anschliessend tiefgefroren (Abb. 3.6).

Zur Bestimmung von verfügbarem und totalem Nährstoffgehalt wurden filtrierte und unfiltrierte Wasserproben entnommen und ebenfalls tiefgefroren.

Mit Hilfe von stabilen Isotopen von Kohlenstoff C und Stickstoff N können Struktur und Länge und Breite des Nahrungsnetzes in einem Ökosystem und individuelles Fressverhalten von Tieren untersucht werden (Layman et al. 2012). Die Resultate von solchen Analysen lassen sich zwischen Standorten jedoch nur vergleichen, wenn Referenzwerte von jedem Standort vorhanden sind. Als Referenzwerte wurden die Primärproduzenten genommen, also Algen für die aquatische und Blätter/Gräser vom Ufer für die terrestrische Primärproduktion.

Die Habitateigenschaften jedes Probenahmestandorts wurden standardisiert dokumentiert. Dabei wurden folgende Charakteristiken notiert:

- Länge der befischten Strecke
- Benetzte Breite an zehn Standorten entlang der befischten Strecke
- Tiefenprofil
- Strömungsgeschwindigkeit
- Wassertemperatur
- Elektrische Leitfähigkeit
- Beschattungsgrad der benetzten Fläche
- Sohleneigenschaften (Makrophyten, Schlamm, Sand, Kies, Geröll < 5cm, Geröll > 5cm, grosse Steine)
- Strömungseigenschaften (Riffle, Run, Wasserfall, Pool, Seichtwasser)
- Korngrößenverteilung mithilfe des Wolman pebble count (Wolman 1954)



Abb. 3.5: Links: Invertebraten-Probenahme mit der Kick-Sampling-Methode. Rechts: grosse Steinfliege (*Perla sp.*).



Abb. 3.6: Algenbewuchs-Probenahme von der Oberseite eines Steines. Die standardisierte runde Fläche wird abgeschabt.

3.2.2 Fische

Pro Fischart und Standort wurden bis zu 30 Exemplare für die Sammlung ausgewählt und anschliessend im Detail untersucht und beprobt. Bei der Auswahl wurden alle Grössenklassen und Phänotypen berücksichtigt. Von jedem der ausgewählten Exemplare wurden sowohl Standard- wie auch Küvettenfotos angefertigt (Abb. 3.7). Standardfotos werden benötigt, um die Morphologie analysieren und vergleichen zu können. Küvettenfotos dienen der Dokumentation des Phänotyps, denn sie werden vom lebenden Fisch in einer wassergefüllten Küvette gemacht. Des Weiteren wurden das Gewicht, sowie die Standard- und Totallänge von allen Fische gemessen. Falls möglich, wurden das Geschlecht und der Reifegrad bestimmt und allfällige Besonderheiten notiert.

Von jedem Fisch wurden mehrere Proben entnommen:

- Für genetische Untersuchungen die rechte Brustflosse, eingelegt in 100% analytischen Alkohol. Diese Menge an Gewebe reicht aus für viele DNA-Extraktionen. Auch für neue Methoden der Zukunft soll genügend Material verfügbar sein.
- Für die Untersuchungen der stabilen Isotopen: ungefähr 1cm³ Muskelgewebe, auf der rechten Seite, unterhalb der Rückenflosse.
- Ab 2015 Schuppenproben zur Alters- und Wachstumsbestimmung.
- Ab 2015 wurden die inneren Organe bereits im Feld entnommen und in 100% analytischem Alkohol gelagert. Dies ermöglicht eine genetische Untersuchung der Darmmikroben und der Endoparasiten, was nicht möglich ist bei Fischen, die in Formalin fixiert wurden.

Zum Schluss wurden die Fische in Formalin fixiert und später für die Langzeitlagerung in 70% Ethanol transfertiert (1. Zwei Tage unter laufendem Wasser abspülen; 2. Zwei Tage in 30%igem Ethanol aufbewahren; 3. Zwei Tage in 50%igem Ethanol aufbewahren; 4. Zwei Tage in 70%igem Ethanol aufbewahren; 5. Abschliessend in 70%igem Ethanol lagern).

Die Fische und DNA-Proben (Flossenschnitte) werden in die Sammlung des Naturhistorisches Museum in Bern aufgenommen. Sämtliche andere Proben werden an der Eawag in Kastanienbaum gelagert. Auf Anfrage (Kontakt: Jakob.Broderson@eawag.ch) können sie eingesehen oder ausgeliehen werden. Die Standortspezifische Ergebnisse aus den Befischungen sind in den Fact Sheets (Anhang zu diesem Bericht) vorhanden und den Daten wurden sowohl den jeweiligen kantonalen Behörden als auch dem Centre Suisse de Cartographie de la Faune (CSCF, Neuchâtel) übergeben.



Abb. 3.7: Links: Standard- Foto eines Strömers (*Telestes sp.*), Rechts: Küvetten-Foto einer Äsche (*Thymallus sp.*).



Abb. 3.8: Entnahme von Flossen- und Muskelproben.

Tab. 2: Gesammelte Proben, summiert von allen 324 Standorten. Die Anzahl der verschiedenen Arten von Proben ist z.T. nicht genau gleich, da unter bestimmten Umständen kleinere Flossenproben entnommen, der Fisch jedoch wieder freigelassen wurde. Die fehlenden Umweltproben aus den Jahren 2013/2014 wurden nachträglich gesammelt. Schuppen und Organe wurden ab 2015 von allen Exemplaren separat entnommen. Ausnahme: Schuppen von 0+ Fischen.

Art der Probe	Verwendungszweck	Anzahl	Lagerung	Ab Jahr
Fische				
Gesamter Fisch	Morphologie	10'102	Ethanol (70%)	2013
Flossengewebe	DNA	12'499	Ethanol (100%), -20°C	2013
Muskelgewebe	Stabile Isotopen	10'780	-20°C	2013
Schuppen, separat	Wachstum, Alter	~5'500	-20°C	2015
Organe, separat	Mageninhalt, Parasiten, Krankheiten	6'803	Ethanol (100%)	2015
Umwelt				
Makrozoobenthos	Biodiversität, Nahrungsverfügbarkeit	Alle Standorte	Ethanol (70%)	2013
Algen, Biofilm	Biodiversität, Nahrungsverfügbarkeit	Alle Standorte	-20°C	2014
Wasser, filtriert	NO ₃ ⁻ , NH ₄ ⁺ , PO ₄ ³⁻	Alle Standorte	-20°C	2014
Wasser, unfiltriert	Total Stickstoff, total Phosphor	Alle Standorte	-20°C	2014
Isotopen-Baseline aquatisch	Referenz	Alle Standorte	-20°C	2015
Isotopen-Baseline terrestrisch	Referenz	Alle Standorte	-20°C	2015

3.3 Methoden zur Untersuchung der intraspezifischen Diversität

3.3.1 Phänotypische Diversität

Die phänotypische Diversität innerhalb einer Art kann mit verschiedenen Methoden eruiert werden. Oft kommen morphologische Analysen zum Einsatz, die die Körperform vergleichen. Zum Beispiel haben Fische, die sich von grösseren Beuteobjekten ernähren, ein relativ zur Körpergrösse grösseres Maul. Oder die Körperform ist stromlinienförmiger bei Fischen, die in schnell fliessendem Wasser leben. Die Messungen können entweder direkt am konservierten Fisch (Vorteil: präzisere Messung, Nachteil: Arbeitsaufwand), oder am Standardfoto vorgenommen werden (Vorteil: schneller, Daten auch von nicht-konservierten Fischen vorhanden. Nachteil: Genauigkeit eingeschränkt, da die Vorlage nur zweidimensional ist). Lebendfärbung kann von Küvetten-Fotos ermittelt werden. Variation in der Färbung kann taxonomische und/oder ökologische Relevanz haben: Sie kann eine Anpassung an ein bestimmtes Habitat widerspiegeln, oder aber taxonomisch diagnostisch sein. Bei manchen Fischen spielt Variation im Laichkleid auch in der Partnerwahl eine Rolle.

3.3.2 Diversität in Fressverhalten

Nicht alle Individuen einer Art besetzen exakt dieselbe Nische im Ökosystem. In Bezug auf das Fressverhalten gibt es innerhalb der gleichen Art oft eine grosse Bandbreite. Es gibt Generalisten und Spezialisten, und innerhalb der Spezialisten können sich verschiedene Individuen auf verschiedene Beutetiere spezialisieren. Die Mageninhaltsanalysen geben ein kurzfristiges Abbild dieser Variation. Durch die Untersuchung der stabilen Isotopen ergibt sich hingegen ein langfristiges Bild der durchschnittlichen Ernährung jedes einzelnen Individuums.

4. Resultate

Das übergeordnete Ziel vom Progetto Fiumi, eine Referenzsammlung und eine Datenbank zu erstellen, um zukünftige Forschung über die Diversität der Fischfauna in Schweizer Fließgewässern zu erleichtern, wurde voll erreicht. Die gesammelten Daten haben uns ausserdem schon erlaubt, deskriptive Analysen über die allgemeinen Muster der Fischbiodiversität in Schweizer Fließgewässern durchzuführen. Diese Analyse präsentieren wir in den untenstehenden Abschnitten. Dabei ist wichtig zu bedenken, dass das Progetto Fiumi kein analytisches Forschungsprojekt war, und das eine abschliessende übergeordnete Bewertung des Zustandes der Biodiversität in Schweizer Fließgewässern nicht Absicht dieses Projektes war.

Mit den erhobenen Daten wurden jedoch bereits mehrere spezifische Forschungsprojekte durchgeführt. Eine Auswahl davon stellen wir in Boxen vor. Es handelt sich dabei um Kurzzusammenfassungen, die weniger die methodischen Details aufzeigen, sondern mehr eine Idee liefern sollten, wie die Daten ausgewertet werden können. Denn der Umfang des Datensatzes und die vielen verschiedenen Typen von Proben ermöglichen es, viele verschiedene Fragestellungen zu bearbeiten.

4.1 Allgemeine Erkenntnisse

4.1.1 Artenvielfalt der gefangenen Fische

Im Rahmen von Progetto Fiumi konnten mehr als 50 Fischarten aus 39 Gattungen nachgewiesen werden. Die relative Häufigkeit der gefangenen Gattungen/Arten ist in Abb. 4.1.1 dargestellt. Sie spiegelt nicht die Häufigkeit des Vorkommens in der Schweiz wider. Zum Beispiel machen Forellen und Groppen mehr als die Hälfte der gefangenen Fische aus. Dieser hohe Anteil kommt jedoch daher, dass ein beträchtlicher Teil der Standorte in der Forellenregion liegt und bedeutet nicht, dass Forellen und Groppen die häufigsten Fische der Schweiz sind.

Die beprobten Fischgemeinschaften waren am häufigsten von Forellen dominiert. Von den zehn am häufigsten gefangenen Gattungen, sind sieben Cypriniden (Abb. 4.4.1). Alle Gattungen können sowohl in Seen als auch in Flüssen gefunden werden, obwohl die meisten von den häufigsten Gattungen eher typische Flussfische sind.

Es ist sehr wichtig anzumerken, dass unsere ersten Artbestimmungen im Feld nur anhand visueller Merkmale und erwarteter Verbreitung gemacht wurden. Daher sind die Artbestimmungen noch nicht abgesichert und sollten mit einer gewissen Vorsicht gehandhabt werden. Wir wissen schon jetzt, dass einige Bestimmungen nicht korrekt sind. Zum Beispiel zeigen unsere ersten Analysen mitochondrialer DNA, dass keiner der analysierten *Phoxinus* aus Progetto Fiumi *P. phoxinus* ist. Zusätzlich ist es auch möglich, dass Arten sich miteinander hybridieren, was sich aus mitochondrialen DNA-Analysen (DNA bar codes) allein nicht erkennen lässt, aber zu Fehlbestimmungen führt (siehe Kapitel 4.4).

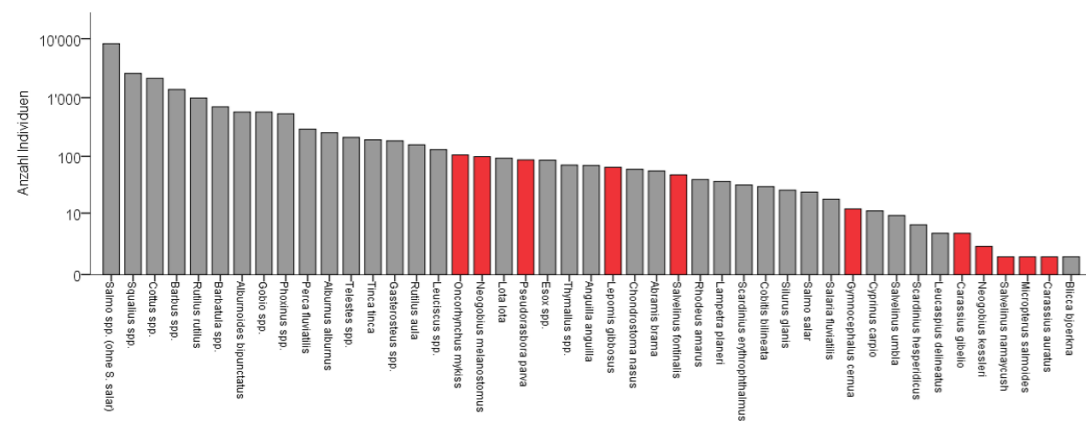


Abb. 4.1.1: Anzahl der gefangenen Fische der unterschiedlichen Gattungen und Arten. Die y-Achse ist logarithmisch skaliert. Wegen Unsicherheiten bei der Artbestimmungen sind einige Gattungen mit «spp» bezeichnet und nur einmal aufgeführt, obwohl mehrere Arten gefangen wurden. «*Salmo spp.* (ohne *S. salar*)» ist meistens *Salmo trutta*, beinhaltet aber auch *Salmo rhodanensis*, *S. marmorata*, *S. cenerinus* und *S. labrax* (genaue Artbestimmung ist hier unsicher ohne genetische Analysen). *Salmo salar* unterscheidet sich genetisch deutlich von allen anderen *Salmo*-Arten, die in der Schweiz vorkommen. Arten die in der Schweiz nicht autochthon sind, sind rot markiert (siehe Sektion 4.6). Die meisten der in der Schweiz indigenen Arten sind aber nur in gewissen Einzugsgebieten der Schweiz indigen während sie in anderen Einzugsgebieten als gebietsfremd betrachtet werden müssen (in der Grafik nicht speziell hervorgehoben).

An über 150 Standorten wurde nur eine einzige Art nachgewiesen (Abb. 4.1.2), in den meisten Fällen waren dies Forellen. Demgegenüber gab es nur 16 sehr artenreiche Standorte mit 10 Arten und mehr. An insgesamt 17 Standorten wurde kein Fisch gefangen (nicht in Grafik ersichtlich).

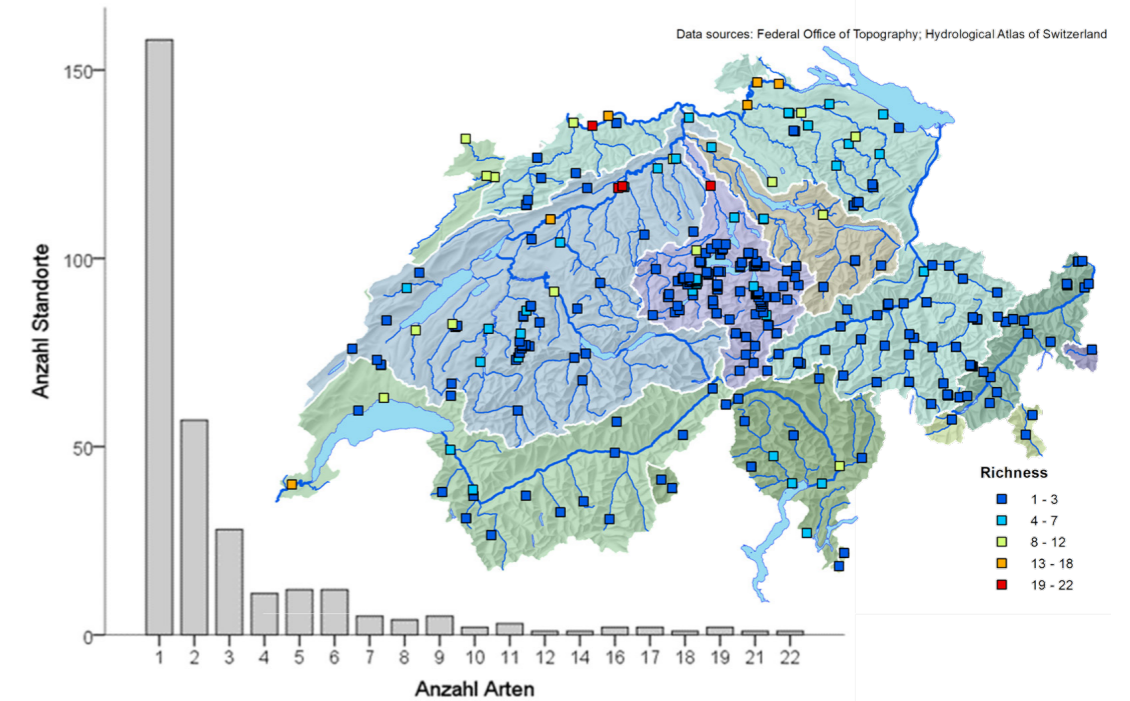


Abb. 4.1.2: Verteilung des Taxareichtums (Richness: Anzahl Arten pro Standort) über die Standorte.

4.1.2 Grössenverteilung der gefangenen Fische

Die gefangenen Fische haben ein breites Längenspektrum, von 19 mm (*Gasterosteus sp.*) bis zu 1'380 mm (*Silurus glanis*). Der schwerste Fisch ist 150'000-mal schwerer als der leichteste. Die tatsächliche Variation an individueller Biomasse in Fließgewässer-Ökosystemen ist jedoch noch viel grösser: Eine Cypriniden-Larve, die 0.01 g wiegt ist etwa 10 Millionen Mal leichter als der schwerste in der Schweiz gefangene Wels (90 kg). Dieses Grössenspektrum zeigt deutlich, dass Fische allein aufgrund ihrer Grösse sehr diverse Rollen in den Ökosystemen einnehmen können.

Die meisten in diesem Projekt gefangenen Fische sind relativ klein, mit 95% der Fische unter 265 mm (Durchschnittliche Länge = 122 mm) (Abb. 4.1.3). Cypriniden sind in kleineren Grössenklassen besonders häufig, während Forellen eine gleichmässigerere Häufigkeitsverteilung zwischen den verschiedenen Grössenklassen zeigen. Das kommt wahrscheinlich auch von den unterschiedlichen Fortpflanzungsstrategien, Cypriniden haben mehr, aber auch kleinere Eier, während Salmoniden weniger, aber dafür grössere Eier legen.

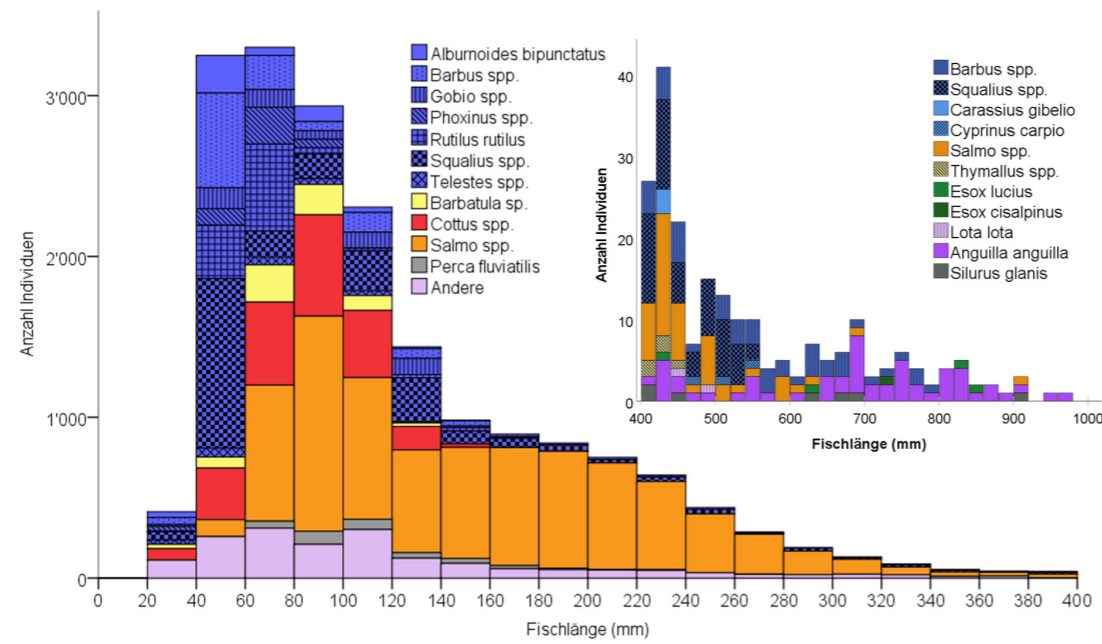


Abb. 4.1.3: Grössenverteilung (Totallänge) aller im Progetto Fiumi gefangene Fische. Arten mit Häufigkeitswerten kleiner als 1% der Gesamtanzahl der Fische sind als «Andere» zusammengefasst. Es sind nur Daten von Fischen kleiner 400 mm gezeigt. Die kleinere Abbildung zeigt artspezifische Grössenverteilungen von 400 mm bis zu 1'000 mm Grösse (drei Welse *Silurus glanis* sind grösser als 1'000 mm und dementsprechend in der Abbildung nicht dargestellt). Die Farben beziehen sich auf die verschiedenen Familien. Die häufigsten Cypriniden-Arten (Blau) sind durch verschiedene Muster dargestellt (siehe Legende in der Abbildung).

4.1.3 Vielfalt von Habitaten

Neben der grossen Vielfalt an Fischen, gibt es auch eine grosse Diversität an Lebensräumen in den Schweizer Fließgewässer-Ökosystemen. Das zeigt sich besonders in der Gewässerbite, -tiefe, Abfluss, in der Sedimentkorngrössenverteilung, in Flusshabitat- und Substrattypen, welche oft nicht voneinander unabhängig sind. Diese Variation der Lebensräume zwischen den Standorten könnte wohl teilweise die in Sektion 4.3 beschriebene Variation in den Artengemeinschaften erklären. Solche Habitatsvariation könnte auch dazu führen, dass unterschiedliche Anpassungen zwischen Populationen derselben Art an verschiedenen Standorten entstehen.

Drei der auffälligsten und wichtigsten Umweltvariablen, die sowohl innerhalb als auch zwischen Standorten variieren, sind Gewässerbite, Gewässertiefe und Fließgeschwindigkeit. In Progetto Fiumi haben wir Bäche und Flüsse mit mittleren Breiten von weniger als 1 m bis ungefähr 200m beprobt. Jedoch wurden innerhalb der befischten Strecken spezifische Breiten von 0.6m bis 550m gefunden (Rhein flussaufwärts des Kraftwerks Augst, inkl. Altrhein Wyhlen Rückstau). An den meisten beprobten Standorten haben wir die Flussbreite mehrmals der Strecke entlang gemessen. Somit konnten wir nicht nur die mittlere Breite, sondern auch einen Einblick in die Breitenvariation des Fließgewässers haben. Dies kann als Mass der lokalen Lebensraumvielfalt betrachtet werden, und als Variationskoeffizient (Coefficient of Variation, $CV = \frac{\text{Standardabweichung}}{\text{Mittelwert}}$) zum Ausdruck gebracht

werden. Ein grosser Variationskoeffizient deutet auf eine grosse Flussbreitenvariation und ein nahezu Null-Koeffizient auf wenig Flussbreitenvariation hin. Zum Beispiel, die beprobte Strecke in der kanalisierten Sarner Aa variierte nur zwischen 17.2 und 18.2m in Breite (CV: 0.02), während die befischte Strecke im Ticino am Nufenenpass zwischen 1.9 und 9.4 m in ihrer Breite variierte (CV: 0.61). Wir haben einen allgemeinen und signifikanten Zusammenhang zwischen der mittleren Flussbreite und dem Variationskoeffizienten gefunden (Abb. 4.1.4). Dieses Breitenmuster kommt vermutlich vom hohen Kanalierungsgrad der grossen Flüsse und dem generellen Mangel an hoher Breitenvariabilität bei grossen Flüssen.

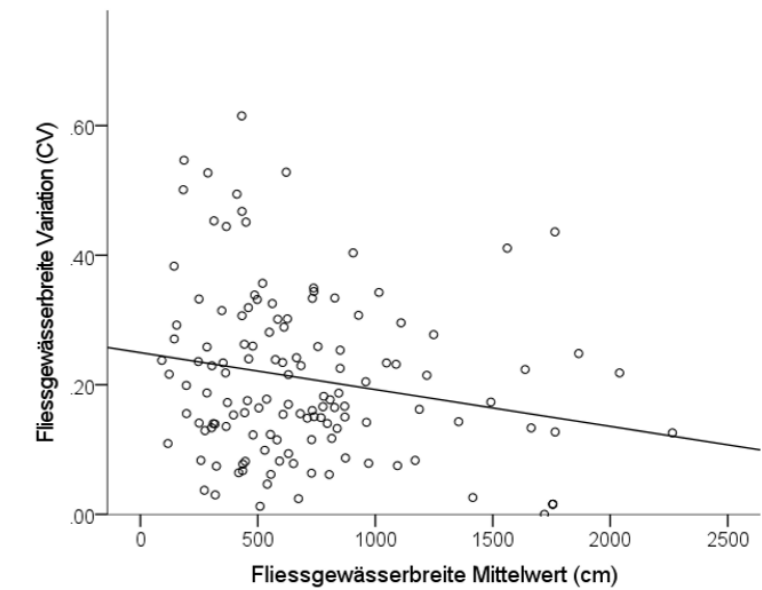


Abb. 4.1.4: Zusammenhang zwischen Fließgewässerbite und Breitenvariation (Variationskoeffizient (CV)). Es sind hier nur Fließgewässer mit mittlerer Flussbreite unter 25 m einbezogen.

Die Variation an Wassertiefe im Fluss produziert eine Vielfalt an Habitaten, die je nach Art und Lebensstadium von den Fischen aufgesucht werden. Auch die Variation in der Wassertiefe ist sehr unterschiedlich von einem beprobten Fließgewässer zum anderen (siehe Beispiele in Abb. 4.1.5). Interessanterweise zeigen Fließgewässer mit einer hohen Breitenvariabilität auch mehr Variation an Wassertiefe (Abb. 4.1.5 C).

Die Schweizer Fließgewässer unterscheiden sich stark im Vorkommen von Makrophyten (sowohl aus dem Wasser ragende als auch unter Wasser bleibende Pflanzen, ohne Algen). Ungefähr zwei Drittel der beprobten Fließgewässer haben keine Makrophyten im Wasser (Abb. 4.1.6). In den Fließgewässern mit Makrophyten sind zwischen 1% und 95% der Sohle mit Pflanzen bewachsen.

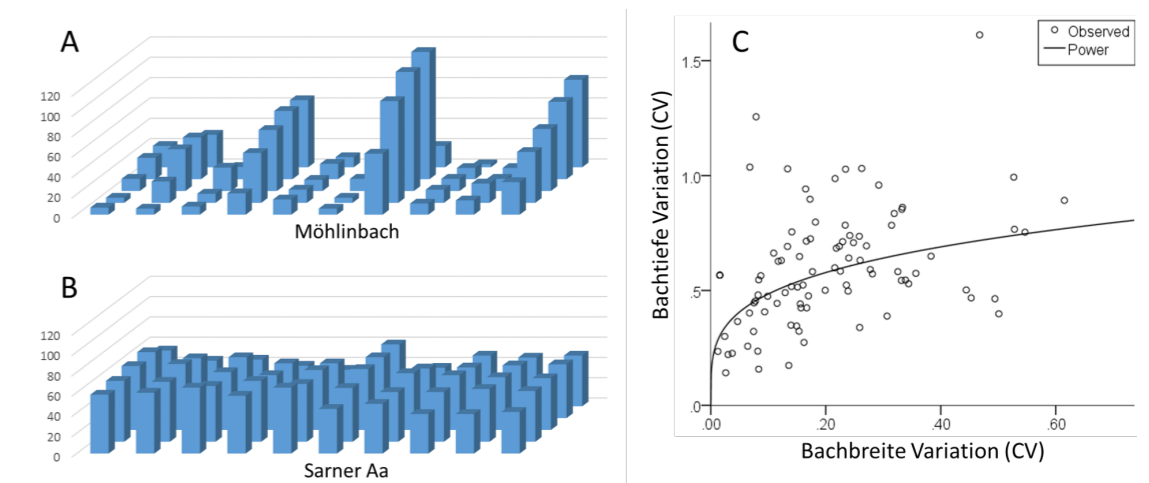


Abb. 4.1.5: Gemessene der Wassertiefen im Möhlinbach, AG (A) und in der Sarner Aa, OW (B). Die Wassertiefe wurde in jedem beprobten Fließgewässer auf zehn Transekten auf 1/6, 2/6, 3/6 (Flussmitte), 4/6 und 5/6 der Flussbreite gemessen. Man kann die viel höhere Variation an Wassertiefen im Möhlinbach im Vergleich zur Sarner Aa gut erkennen. Die Y-Achse entspricht der Wassertiefe in cm. Über alle Standorte besteht eine positive Korrelation zwischen der Variation in der Bachbreite und der Variation in der Bachtiefe (C); d.h. Bäche mit grösserer Breitenvariation haben tendenziell auch grössere Tiefenvariation.

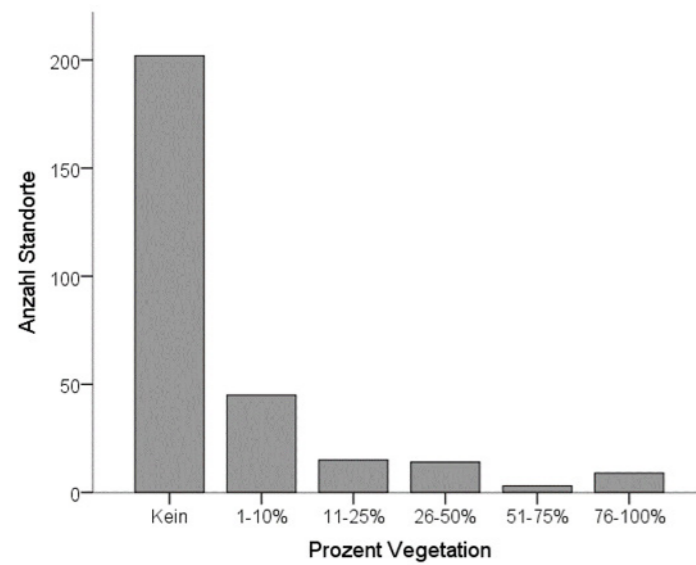


Abb. 4.1.6: Häufigkeitsverteilung der Standorte, je nach Makrophytenbewuchs der Gewässersohle in Prozent.

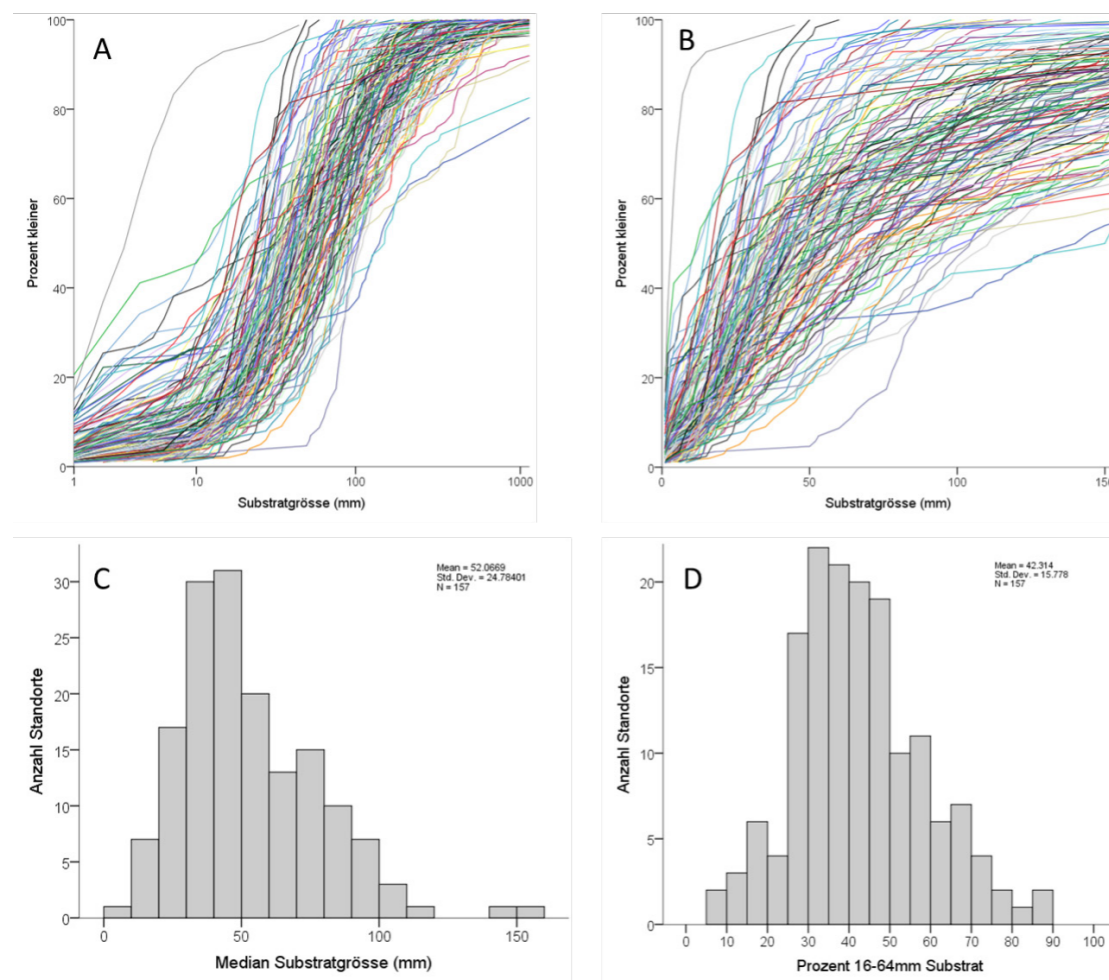


Abb. 4.1.7: Sedimenteigenschaften der 157 Standorte, wo die Korngrößenverteilung erhoben wurden. Die Tafeln A und B zeigen die kumulative Grössenverteilung der Partikel unter 1 m (Tafel A; log-Skala auf der x-Achse) und unter 150 mm (Tafel B; lineare Skala). Jede Linie entspricht einem Standort. Darauf basierend sind in der Tafel C die mediane Korngrösse und in der Tafel D der prozentuale Anteil an Körnern zwischen 16 mm und 64 mm (bevorzugte Sedimentkorngrösse zum Abblachen bei Forellen) berechnet (als Häufigkeitsverteilungen dargestellt).

Die Grössenverteilung der Substratpartikel ist ein charakteristisches Merkmal von Fließgewässern. Einerseits bestimmt diese Verteilung das verfügbare Laichhabitat für etliche Fischarten und andererseits strukturiert sie den Lebensraum der Fische und der Makroinvertebraten, von denen sich die Fische ernähren. Unter den 157 Standorten, in welchen «Wolman Pebble Counts» durchgeführt wurden, reichte der Median der Sedimentkorngrösse von 3 mm bis zu 150 mm (Abb. 4.1.7 C).

Die Grösse der Sedimentkörner, die für kieslaichende Arten zum Abblachen geeignet sind, ist abhängig von der Art und der Grösse der laichenden Weibchen, die je ortsspezifisch ihren Laichplatz auswählen. Wenn man annimmt, dass die bevorzugte Sedimentkorngrösse für das Laichen der Bachforelle und des Lachs in einer Bandbreite von 16 bis 64 mm liegt (Louhi et al. 2008), findet man heraus, dass der Anteil an geeignetem Laichsubstrat an unseren Probenahmestellen zwischen 7 und 88 % variiert (Mittelwert 42 %; Abb. 4.1.7 D). Dies gibt jedoch nicht direkt Auskunft über die Menge des tatsächlich nutzbaren Laichsubstrats, da die bevorzugten Korngrössen entweder gemeinsam mit anderen ungeeigneten Sedimenten verteilt sein können, oder auf geeigneten Haufen versammelt sein können. Auch wenn die Fläche an geeigneten Laichhabitaten bekannt wäre, wäre es unmöglich aus den Korngrössen direkt einen limitierenden Faktor abzuleiten. Beispielsweise kann es vorkommen, dass ein Fisch trotz passendem Laichsubstrat die Partikel nicht ausreichend lockern kann um eine Laichgrube auszuheben. Es ist auch bemerkenswert, dass die Dichte an Forellen in vielen Fließgewässern relativ niedrig ist. In solche Gewässer könnten wohl alle laichreife Forellen potentiell ein geeignetes Laichsubstrat finden, auch wenn es nur wenig davon gibt.

Die Variation an Lebensraumvielfalt in Schweizer Fließgewässern reflektiert, wie oben beschrieben, nur bis zu einem gewissen Grad die natürliche Vielfalt an Lebensräumen. Die vom Menschen verursachten Veränderungen der Flusshabitate, inklusive der natürlichen Abflussregime, könnten wohl alle Stufen der Nahrungskette und ihre gegenseitigen Wechselwirkungen beeinflussen (Box 3).

Box 3: Ökologische Auswirkung von Kleinwasserkraftanlagen

In der Schweiz soll etwa die Hälfte der in der Energiestrategie 2050 beschlossenen Erweiterung der Wasserkraftproduktion von 1'600 GWh mit dem Neubau von zahlreichen Kleinwasserkraftwerken abgedeckt werden (WSH-PDR 2016). Die meisten Kleinwasserkraftanlagen werden in steilen bis mittelsteilen Gewässern gebaut, da dort die Höhendifferenz zwischen Wasserentnahme und Wasserrückgabe zur Stromproduktion optimal genutzt werden kann. Aufgrund der Wasserentnahme entsteht eine Restwasserstrecke mit stark reduziertem und stabilem Abfluss. Die Reduktion des Abflusses und der Rückhalt von Geschiebe am Wehr haben einen starken Einfluss auf das Gewässer. Beispielsweise kommt es zu einer Reduktion der Abfluss- und Sedimentdynamik, sowie zu Veränderungen des Temperaturregimes (Anderson et al. 2015; Lange et al. 2018). Diese Veränderungen des Habitats haben wiederum einen Einfluss auf die dort lebenden Organismen. Allerdings sind die ökologischen Auswirkungen dieser Anlagen auf die Bergflüsse wenig untersucht und systematische Studien zu deren Einfluss auf das Habitat und die verschiedenen Komponenten des Nahrungsnetzes fehlen (Lange et al. 2018).

Im Herbst 2014 und 2015 wurden an acht Kleinwasserkraftanlagen (Laufwasserkraftwerke, installierte Turbinenleistung <3 MW) jeweils drei Probenahmestandorte bezüglich ihrer Habitatbeschaffenheit, Makroinvertebraten-gemeinschaft und Forellenpopulation untersucht (Abb. B3.1). Die acht untersuchten Flüsse gehören zu Gewässern der dritten und vierten Ordnung nach Strahler. Diese kleineren alpinen Flüsse zählen in der Schweiz zu den noch am wenigsten beeinträchtigten Gewässern.

Die Untersuchungen² haben gezeigt, dass in der Restwasserstrecke der Abfluss, die Fliessgeschwindigkeit und die Verfügbarkeit von feinem organischem Material verringert sind. Der prozentuale Anteil an Poolhabitaten und die Habitatstabilität (als Mass für eine geringere Abflussdynamik) nehmen jedoch zu. Dies hat zu einer tendenziellen Reduktion von sensitiven Makroinvertebraten (Eintagsfliegen, Steinfliegen und Köcherfliegen) geführt. An den acht Kleinwasserkraftwerken kamen fast nur Forellen vor (Ausnahme: Seesaiblinge aus dem Palpuognasee an der Anlage Preda am Albulapass). Es gab keine systematischen Unterschiede in Bezug auf die Populationsdichte der Forellen. Jedoch war das Körpergewicht relative zur Körperlänge vermindert, und damit potentiell auch das Reproduktionspotential der Populationen in den Restwasserstrecken (Abb. B3.1). Daraus ist ersichtlich, dass die Umweltbedingungen für die Forellen in den Restwasserstrecken, entweder hinsichtlich des Nahrungsangebotes oder anderer Stressfaktoren wie zum Beispiel grösserer Temperaturunterschiede, weniger ideal waren als oberhalb der Wasserentnahme oder unterhalb der Wasserrückgabe. In der Schweiz gibt es mehr als 1'318 Restwasserstrecken, welche sich über ungefähr 2'700 Flusskilometer erstrecken (ca. 4% des 65'000 km umfassenden Gewässernetzes, Stand 2006) (Uhlmann and Wehrli 2006). Daher sind weitere Untersuchungen, wie sich die verschlechterten Umweltbedingungen auf dem Wachstum, die Resilienz und die Vernetzung von Forellenpopulationen auswirken, von grosser Bedeutung.

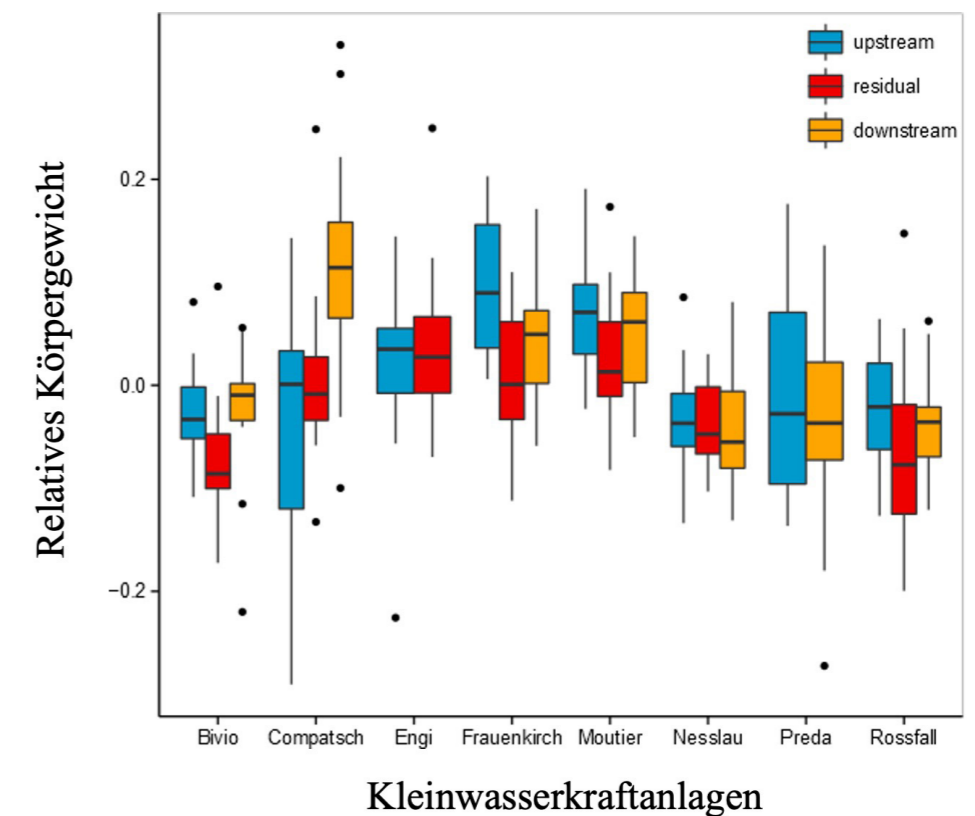
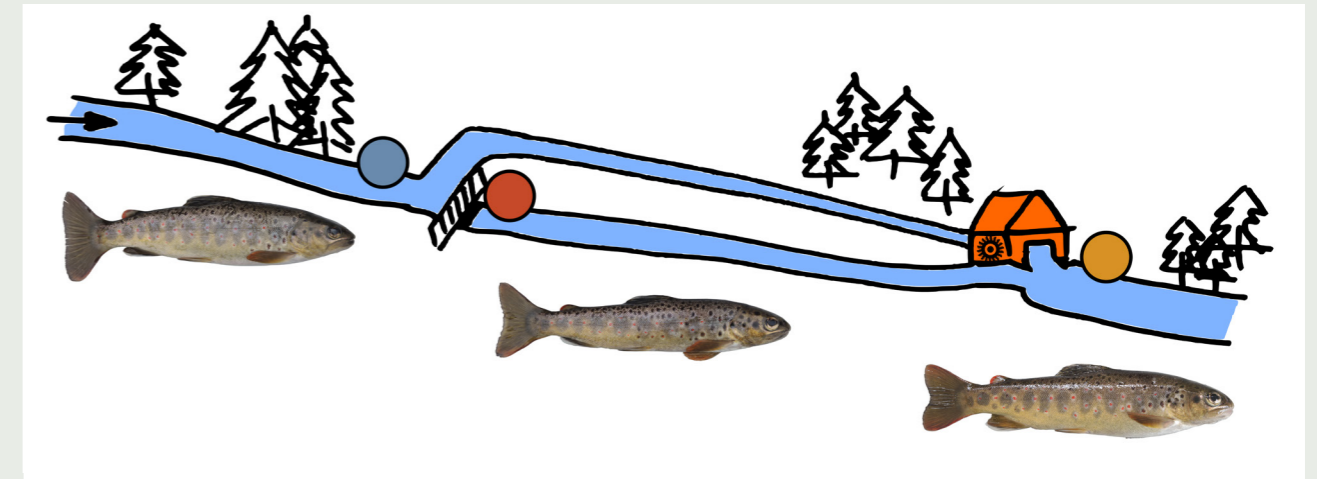


Abb. B 3.1: Oben: Probenahmestandorte an den Kleinwasserkraftanlagen: oberhalb Wehr = blauer Punkt, Restwasserstrecke = rot, unterhalb Wasserrückgabe = orange; Unten: relatives Körpergewicht der Forellen. (Daten wurden auf Körperlänge standardisiert).

² Dieses Projekt wurde finanziert durch das «SwissCompetence Center for Energy Research – Supply of Electricity» (SCCER-SoE). Das SCCER-SoE ist eines der SCCERs, einem Forschungsnetzwerk zur Förderung der Energieforschung in der Schweiz. Das Ziel des SCCER ist die Entwicklung von innovativen Lösungen zu technischen, sozialen und politischen Herausforderungen, welche sich aus den Zielen der Energiestrategie 2050 des Bundes ergeben. (Dr. Katharina Lange, Dr. Christine Weber, Dr. Jakob Brodersen).

4.2 Struktur des Nahrungsnetzes in Schweizer Fliessgewässern

Die Nahrungsnetze der Fliessgewässer bestehen aus mehreren trophischen Ebenen (Abb. 4.2.1). Die Energie fliesst von der Basis des Nahrungsnetzes, wo sie aufgefangen und in Biomasse umgewandelt wird (Photosynthese), durch mehrere trophische Ebenen bis zu den Toppredatoren. Nährstoffe nehmen den gleichen Weg und werden durch den Abbau von Organismen aller trophischen Ebenen wieder in den Kreislauf gebracht.

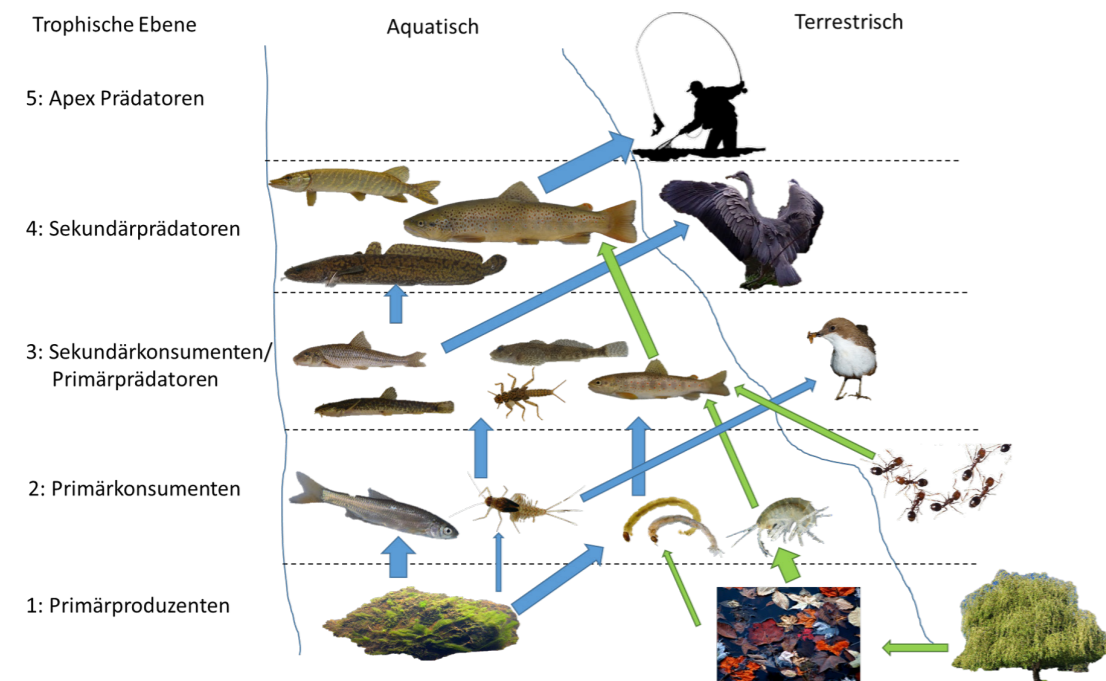


Abb. 4.2.1: Schematisches Fliessgewässer-Nahrungsnetz mit aquatischem und terrestrischem Einfluss. (Bilder: Eawag sowie Wikimedia Commons und Digital Commons (modifiziert, um den Hintergrund zu entfernen).

In diesem Kapitel geben wir einen Überblick über die generelle Struktur der Nahrungsnetze in Schweizer Fliessgewässern. Das Kapitel basiert auf Beobachtungen von Progetto Fiumi und assoziierten Studien der Eawag. Das Progetto Fiumi wurde nicht gezielt konzipiert, um die Struktur der Nahrungsnetze zu analysieren und zu evaluieren. Das im Rahmen des Projekts gesammelte Material kann aber als Basis für nachfolgende, detailliertere Analysen genutzt werden.

4.2.1 Terrestrischer Einfluss

Schweizer Fliessgewässer sind entlang ihres Verlaufes zum Grossteil in engem Kontakt mit terrestrischen Lebensräumen. Mehr als in Seen, hat der terrestrische Lebensraum einen grossen Einfluss auf die Struktur und Dynamik der Fliessgewässer-Nahrungsnetze. Die Fliessgewässer-Nahrungsnetze unterscheiden sich voneinander durch die relative Bedeutung der verschiedenen Primärproduzenten. Manche Fliessgewässer wie Bäche in offenen Landschaften (z.B. oberhalb der Baumgrenze) sind fast ausschliesslich auf die autochthone Primärproduktion des Periphytons angewiesen. Bäche in schattigen Waldgebieten beziehen ihre Energie hauptsächlich aus terrestrischer Primärproduktion in Form von Laub. Die relative Wichtigkeit dieser zwei Energie- und Nährstoffquellen für die höheren Ebenen im Nahrungsnetz ist nicht nur von ihrer relativen Biomasseproduktion bestimmt, sondern besonders von der höheren Abbaubarkeit des Periphytons, welches daher eine höhere Umsatzrate (Produktion/stehende Biomasse) hat als terrestrisches Laub.

Die Terrestrisch-Aquatische-Verbindung ist für alle trophischen Ebenen der Fliessgewässer-Nahrungskette wichtig (Abb. 4.2.1). Der relative Einfluss des terrestrischen Lebensraums variiert von einem Fliessgewässer zum anderen und ist von Umweltfaktoren abhängig, die selbst zum Teil von den menschlichen Aktivitäten beeinflusst werden (siehe Box 4).

Box 4: Untersuchung anthropogener Einflüsse auf die Struktur von Fluss-Nahrungsnetzen

Da von Progetto Fiumi über 300 Standorte beprobt wurden, ist die Bandbreite an Gewässertypen, Landnutzung in Gewässernähe, Beeinflussung durch Wasserkraft und Hochwasserschutz etc., sehr gross. Deshalb eignen sich die Daten und die gesammelten Proben gut, Aussagen über menschengemachte Einflüsse auf Flussökosysteme, deren Struktur und Funktionen zu machen. Dazu wurden im Rahmen des «Human Impact» Projekts³ die gesammelten Isotopen-Proben, GIS-basierte Landnutzungsdaten und Informationen zur Besatz- und Fischereigeschichte von Forellen verwendet. Es wurden zwei stabile Isotope untersucht, Stickstoff ¹⁵N und Kohlenstoff ¹³C. Die Analyse des Stickstoff-Isotops gibt einen Hinweis auf die Position eines Individuums innerhalb der Nahrungskette und es lassen sich Aussagen über die Länge der gesamten Kette machen. Die Länge der Nahrungskette wiederum ist ein Mass von Ökosystemfunktion (Sabo, 2010). Durch die Analyse des Kohlenstoff-Isotops erhält man Informationen darüber, aus welcher «Quelle» ein Organismus seine Biomasse aufgebaut hat. Damit kann die Frage beantwortet werden, in welchem Ausmass das Nahrungsnetz in einem Fliessgewässer von allochthoner, terrestrischer Primärproduktion abhängig ist, relative zu autochthoner Produktion innerhalb des Gewässers.

Die Ergebnisse der hier vorgestellten Analysen sind bloss vorläufige Resultate. Es wurde nur ungefähr die Hälfte der Gewässer mit einbezogen und wenige erklärende Variablen: z.B. fehlen noch die Informationen zu den einzelnen Standorten bezüglich Besatz- und Fischereigeschichte.

Die Charakteristik eines jeden Gewässers besteht aus einer Kombination von Dutzenden Umweltvariablen. Vieler dieser Variablen sind untereinander korreliert (z.B. die Meereshöhe und die durchschnittliche Wassertemperatur), weshalb sie gruppiert und zusammen analysiert werden können. Für die gegenwärtigen Analysen wurden erst alle Informationen zu den Probenahmestandorten auf diese Autokorrelationen getestet und auf 13 Gruppen von Faktoren reduziert. Die erste Analyse deutet an, dass die Länge des Nahrungsnetzes in den Schweizer Fliessgewässern hauptsächlich durch folgende Faktoren(gruppe) bestimmt wird:

- Ufer- und Flussbettmodifikationen
- Häufigkeit von Laubwald im Einzugsgebiet
- Präsenz von Auenwald
- Meereshöhe

Die Abhängigkeit von terrestrischen Ökosystemen ist in den Schweizer Bächen und Flüssen relativ hoch und die ersten Analysen deuten an, dass es durch folgende Faktoren bestimmt wird:

- Klima
- Präsenz von Auenwald
- Häufigkeit von Nadelwald im Einzugsgebiet

Die Resultate deuten an, dass nicht nur natürliche Umweltvariablen, sondern auch der menschliche Einfluss (Abholzung, Flussverbauungen) einen signifikanten Einfluss auf die Ökosystemstruktur hat.

³ Dieses Projekt wurde vom BAFU durch das Projekt «Human impacts on the community composition of Swiss rivers» finanziert. (Dr. Stephen Thomas, Dr. Jakob Brodersen).

4.2.2 Die Basis des Nahrungsnetzes

Fliessgewässer-Nahrungsnetze beziehen ihre Energie entweder aus Primärproduktion im Fluss (autochthon) oder ausserhalb des Flusses (allochthon). Die Energiezufuhr aus allochthoner Primärproduktion wird überwiegend von ins Wasser fallenden Blättern gedeckt. Die autochthonen Primärproduzenten können in drei Kategorien aufgeteilt werden: Periphyton, Phytoplankton oder Makrophyten. Von diesen drei Kategorien ist die Primärproduktion durch Periphyton in den meisten Schweizer Fliessgewässern die bedeutsamste. In den grössten Flüssen kann auch Phytoplankton-Produktion eine tragende Rolle zukommen. Da nur wenig aquatische Organismen Makrophyten fressen können, kommt die Energie dieser Primärproduzenten grösstenteils durch Zersetzer-Organismen ins Nahrungsnetz.

Die Rolle der Makrophyten variiert auch stark zwischen verschiedenen Schweizer Fliessgewässer-Ökosystemen. In den 289 Standorten, bei welchen eine Kartierung der Habitate durchgeführt wurde, variiert die Bedeckung durch Makrophyten zwischen 0% und 95%. Der Grossteil der Fliessgewässer enthält gar keine Makrophyten (Abb. 4.1.5 A). Das ist wahrscheinlich eine Konsequenz des instabilen Strömungsregimes, das typisch ist für oberflächenwassergespeiste alpine Fliessgewässer. Im Gegenteil zu den oberflächenwassergespeisten Fliessgewässern, haben die grundwassergespeisten Fliessgewässer eine höhere Dominanz an aquatischen Makrophyten, weil sie ein stabileres Strömungsregime und klares Wasser haben. Neben ihrer Rolle in der primären Produktion haben aquatische Makrophyten auch eine wichtige Funktion im Ökosystem, indem sie das Sediment stabilisieren und die strukturelle Komplexität des Lebensraums erhöhen. Dadurch verfügen Fische und Wirbellose über mehr Deckung und Versteckmöglichkeiten (Thomaz & Cunha 2010; Jeppesen et al 2012).

4.2.3 Die Herbivoren / Primärkonsumenten

Während tropische Fliessgewässer oft artenreiche herbivore Fischgemeinschaften beherbergen, gibt es in der Schweiz nur ein paar wenige auf pflanzliche Kost spezialisierte Fischarten. Nasen ernähren sich in Fliessgewässern vom Periphyton auf Steinen und adulte Rotfedern (*Scardinius spp.*) von Makrophyten, meistens in Seen. Im Allgemeinen wird die Primärproduktion in Fliessgewässern überwiegend von Makroinvertebraten konsumiert. Herbivore Makroinvertebraten und herbivore Fische nehmen im Ökosystem wegen ihres Grössenunterschieds gänzlich verschiedene Rollen ein, obwohl sie letzten Endes beide zu den Primärkonsumenten gehören. Herbivore Fische können eine Abkürzung schaffen, um Energie direkt von den Primärproduzenten zu fischfressenden Fischen zu übertragen, ohne den Energieverlust der Arten, die Makroinvertebraten fressen. Nasen und Rotfedern sind im Progetto Fiumi aber nur selten gefangen worden. Demnach scheint diese Abkürzung der Nahrungskette also nicht der häufigste Energiepfad in Schweizer Fliessgewässer-Ökosystemen zu sein.

4.2.4 Sekundärkonsumenten

Sekundärkonsumenten ernähren sich von Primärkonsumenten und werden daher auch Primärprädatoren genannt. Die meisten Fischarten sind stark auf den Konsum von Makroinvertebraten angewiesen, zumindest für eine gewisse Zeitspanne ihres Lebens. Manche Fischarten ernähren sich ihr ganzes Leben lang von Makroinvertebraten, während andere nur in den ersten Lebensstadien darauf angewiesen sind, und dann später z.B. Fische fressen. Solche Ernährungswechsel, die auftreten, wenn ein Fisch wächst und/oder älter wird, wird als ontogenetischer Ernährungswechsel bezeichnet. Bemerkenswert ist dazu, dass auch Fische, die während ihres ganzen Lebens Makroinvertebraten fressen, ontogenetische Ernährungswechsel durchführen können, wobei sie sich in verschiedenen Lebensstadien von unterschiedlichen Makroinvertebraten-Taxa ernähren. Zum Beispiel sind junge Forellen wahrscheinlich wegen ihrem kleinen Maul stark von kleinen Chironomiden abhängig, während grössere Jungtiere dazu neigen, sich mehr von z.B. Eintagsfliegenlarven zu ernähren (Aerne 2020).

In kleineren Fliessgewässern sind die meisten Fische Sekundärkonsumenten, die sich von herbivoren Makroinvertebraten, wie Chironomiden, Ephemeroptera (Eintagsfliegen) und Trichoptera (Köcherfliegen), ernähren. Da die überwiegende Mehrheit der im Progetto Fiumi gefangenen Fische relativ klein ist (siehe Abb. 2.1.3), ist zu erwarten, dass ein grosser Teil der Fische in Schweizer Fliessgewässer-Ökosystemen Sekundärkonsumenten sind. Das heisst auch, dass ein grosser Teil der Fische in Schweizer Fliessgewässern potenziell von Veränderungen in Makroinvertebraten-Abundanzen und/oder der Artenzusammensetzung der Makroinvertebraten-Gemeinschaften (z.B. durch den Gebrauch von Pestiziden, die unabsichtlich die aquatischen Insektenlarven töten, wobei Arten sich in ihrer Empfindlichkeit unterscheiden) betroffen sein können (siehe z.B. Relyea 2005). Da an den meisten Standorten Makroinvertebraten-Proben entnommen worden sind, wird es in zukünftigen Forschungsprojekten möglich sein, den Zusammenhang zwischen Makroinvertebraten-Gemeinschaften und Fischbiodiversität zu untersuchen.

4.2.5 Die Spitze des Nahrungsnetzes

Sekundärprädatoren sind die natürliche Spitze der meisten aquatischen Nahrungsnetze in der Schweiz. Die Fischarten, die zu dieser Kategorie gehören, sind entweder spezialisierte Fischfresser, wie Hechte, oder Arten wie z.B. Forellen, die gross genug werden müssen, um andere Fische zu fressen. In den meisten Schweizer Fliessgewässern gibt es keine Arten, welche reine Fischfresser sind. Das heisst, dass Fischarten mit ontogenetisch verändernder Ernährungsweise, wie die Forelle, gross genug wachsen müssen, um im Nahrungsnetz die vierte trophische Ebene, die der Sekundärprädatoren, einzunehmen (siehe auch Box 4).

Bemerkenswert ist auch, dass die trophische Ebene nicht unbedingt proportional zur Grösse des Topprädatoren ist. Als theoretisches Beispiel, ein zwei Meter langer Wels, der sich auf herbivore Nasen spezialisiert hat, ist auf der gleichen trophischen Ebene, wie eine zwei zentimeterlange Steinfliegenlarve, die sich von herbivoren Chironomidenlarven ernährt (Trophische Position, TP = 3). Ein 20 Zentimeter langer Hecht kann hingegen zwei Trophiestufen über dem Wels stehen (TP = 5), wenn er sich zum Beispiel von kleinen Forellen ernährt, die sich selbst auf räuberisch lebende Steinfliegenlarven spezialisiert haben.

Fischfressende Vögel sind auch wichtige Topprädatoren in Fliessgewässer-Ökosystemen. Sie sind für einen Energietransfer vom aquatischen zum terrestrischen Bereich verantwortlich, also genau gegengleich zum Energietransfer an der Basis des Nahrungsnetzes. Typisch für den Frassdruck durch Vögel ist, dass grosse Fische davor geschützt sind. Besonders augenscheinlich wird das im Falle des Eisvogels, der nur die kleinsten Fische fressen kann. Grössere Vögel wie Graureiher oder Kormorane können zwar grössere Fische fressen, ab einer gewissen Grösse können aber auch diese den Fischen nicht mehr nachstellen. Die Grösse gewährt Fischen in Fliessgewässern jedoch keine Zuflucht vor den Menschen, die, im Gegenteil, oft die grössten Individuen entnehmen. Dies kann zum Verlust der wertvollen, grossen, alten, fruchtbaren, weiblichen Fische führen. Diese leisten einen enormen Beitrag zur Reproduktion, da sie viele Eier legen und viel Erfahrung im Bau von Laichgruben haben. Der Verlust solcher älterer Weibchen ist gleichzeitig auch ein Verlust von Topprädatoren im Ökosystem. Solche Topprädatoren könnten auch die Ökosysteme durch Top-down-Prozesse strukturieren. Beispielsweise könnte die rasche Ausbreitung und Vermehrung von kleinen, invasiven Fischarten zum Teil eine Konsequenz der geringen Anzahl an fischfressenden Fischen in den Flusssystemen sein.

4.2.6 Die Position eines Individuums im Nahrungsnetz

Die Biodiversität bezieht auch die Diversität der Interaktionen in einem Ökosystem ein (z.B. Dyer et al. 2010). Variation in der Ernährungsweise sind innerhalb und zwischen Arten von besonders grossem Interesse, da sie einerseits die Diversität des Futtersuchverhaltens widerspiegelt, und sie andererseits die trophische Dynamik in einem Ökosystem beeinflussen. Wenn man die Ernährung eines bestimmten Fisches betrachtet, wird oftmals auf Beobachtungen der Nahrungsaufnahme einer ganzen Art zurückgegriffen, um die Futternische dieses Individuums zu beschreiben. Achtet man jedoch genau darauf, was ein Individuum tatsächlich frisst, ist es oft nur ein Bruchteil der Futternische der gesamten Art. Diese Tatsache kann entweder aufgrund der Nahrungsverfügbarkeit (nicht alle potenziellen Nahrungsmittel, die eine bestimmte Fischart fressen würde, sind gleichzeitig in einem bestimmten Fliessgewässer zu einer bestimmten Zeit des Jahres vorhanden), oder auf individuelle Spezialisierung zurückzuführen sein. Dementsprechend kann die Futternische einer Art mehrere populationsspezifische Futternischen enthalten, die selbst aus mehreren Individuen-spezifischen Futternischen bestehen. Deswegen können sich verschiedene Individuen ein und derselben Fischart auf unterschiedlichen Ebenen im Nahrungsnetz befinden.

Die trophische Position eines Individuums kann als die durchschnittliche trophische Position der aufgenommenen Biomasse plus eins definiert werden. Strikte herbivore befinden sich in Position 2, da Primärproduzenten sich per Definition in der ersten trophischen Ebene des Nahrungsnetzes befinden (Abb. 4.2.1). Die meisten Fische haben aber eine gemischte Ernährung auf verschiedenen trophischen Ebenen. Zum Beispiel kann eine Forelle herbivore Eintagsfliegenlarven und räuberische Steinfliegenlarven fressen und würde sich infolgedessen auf einer trophischen Ebene zwischen 3 und 4 befinden. Das bedeutet wiederum, dass die Struktur des Nahrungsnetzes komplexer ist, als es in der Abbildung 4.2.1 dargestellt ist.

Der Grad der individuellen Spezialisierung variiert auch zwischen Populationen, um die Komplexität dieses Themas noch zusätzlich hervorzuheben. Basierend auf den Forellen, die im Rahmen des Progetto Fiumi gesammelt wurden, haben wir beobachtet, dass die Populationen aus grundwassergespeisten Bächen einen signifikanten höheren Grad an individueller Spezialisierung aufweisen, als Populationen aus oberflächenwassergespeisten Bächen (Dermond et al. 2018; Box 5). Das kommt vermutlich daher, dass grundwassergespeiste Bäche eine höhere Ökosystem-Stabilität haben.

Box 5: Bachforellen in grundwasser- und oberflächenwassergespeisten Bächen

Diese zwei Gewässertypen unterscheiden sich erheblich in mehreren Faktoren: Grundwassergespeiste Bäche haben über das ganze Jahr eine mehr oder weniger konstante Temperatur, während die Schwankungen in oberflächenwassergespeisten Bächen viel stärker sind. Die beiden Habitatstypen unterscheiden sich auch in Fließgeschwindigkeit, Abfluss, Substrat und Nahrungsangebot, was zu spezifisch unterschiedlichen Anpassungen bei den sie bewohnenden Fischpopulationen führen kann. Grundwasser-Habitate sind grundsätzlich zeitlich stabiler als solche in einem oberflächenwassergespeisten alpinen Bach. Um auf Anpassungen an die Habitate zu testen und die damit möglicherweise einhergehende intraspezifische Differenzierung zwischen Populationen aus gegensätzlichen Habitaten, wurden Umweltvariablen (Fließgeschwindigkeit, benetzte Breite, Tiefe, Substrattyp, Strömungsregime, Temperatur), Makroinvertebratenproben, sowie genetische, morphologische, phänotypische und Mageninhalts-Daten der Fische verwendet. Die Suche nach sogenannten Phänotyp-Habitat Korrelationen ist ein zentraler Bestandteil des Konzeptes der ökologischen Diversifizierung.

Die phänotypischen Auswertungen zeigten auf, dass Forellen in grundwassergespeisten Bächen deutlich dunkler und hochrückiger sind als Forellen in oberflächenwassergespeisten Bächen, welche eher silbrig sind und eine schlanke Form haben (Abb. B5.1). Wie viele dieser Unterschiede vererbt, beziehungsweise Umwelt-induziert (plastisch) sind, müsste in kontrollierter Zucht untersucht werden. Nach Erfahrungen kantonaler Fischzuchten mit solchen Populationen scheint es, dass ein Teil der phänotypischen Variation vererbt und ein anderer Teil plastisch ist (Dermond et al. 2019).

Die Umweltstabilität der Bedingungen in den Bächen haben auch einen Einfluss auf die Ernährung der Forellen. Der Grad individueller Spezialisierung auf bestimmte Beutetiere ist in grundwassergespeisten Gewässern signifikant höher als in oberflächenwassergespeisten Bächen. In den unbeständigen, oberflächenwassergespeisten Bächen sind die Fische Generalisten, d.h. alle Individuen fressen ungefähr das, was gerade vorhanden ist. Im Vergleich dazu sind Individuen in grundwassergespeisten Bächen stärker auf verschiedene einzelne Beutetiere spezialisiert. Diese Erkenntnis wurde durch die Untersuchung der Mageninhalte gewonnen und konnte zudem durch isotopische Analysen bestätigt werden. Diese geben im Gegensatz zu den Momentaufnahmen der Mageninhalte Auskunft über die langfristige Ernährungsweise. (Dermond, et al. 2018).

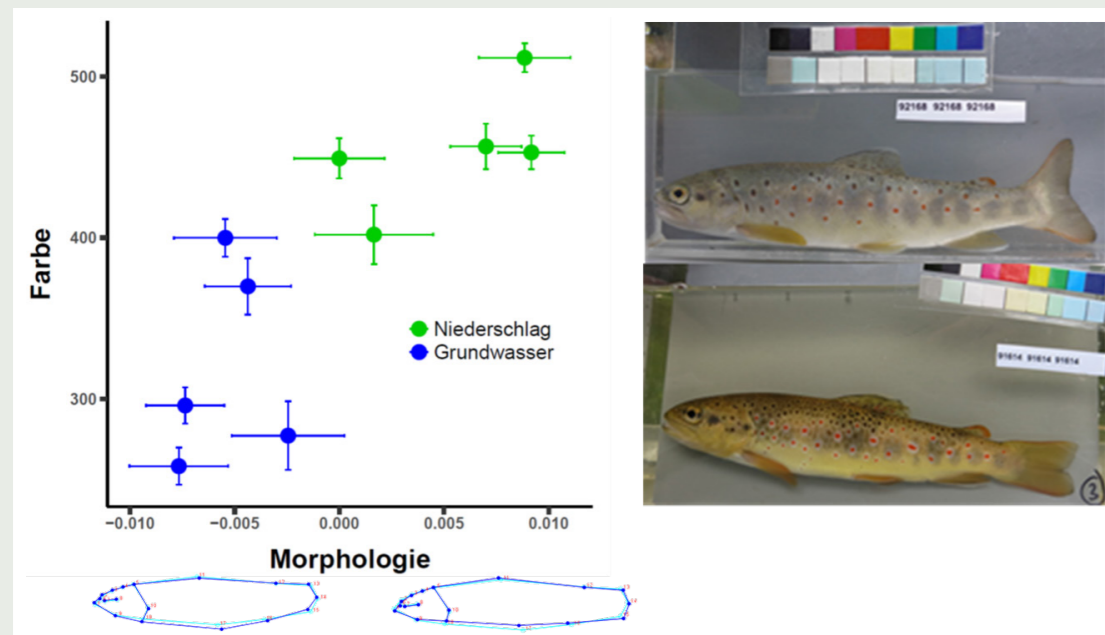


Abb. B5.1: Phänotypische Unterschiede (X-Achse: Morphologie und Y-Achse: Farbe) in Abhängigkeit des Gewässertyps. Je höher der Farbwert, desto heller ist der Fisch. Die Punkte zeigen das Mittel eines Probenahmestandorts +/- Standardabweichung. Rechts unten: Forelle aus einem Grundwasser-Bach («Grundwasser»). Rechts oben: Forelle aus einem Oberflächenwasser-Bach («Niederschlag»).

4.3 Aufbau und Zusammensetzung der Fischgemeinschaft

Die Zusammensetzung der Artgemeinschaft ist in Abb. 4.3.1 dargestellt. Es fällt wiederum auf, dass ein Grossteil der Standorte von Forellen (meist *S. trutta*) dominiert wird. An ungefähr der Hälfte der Standorte wurden ausschliesslich Forellen (überwiegend *S. trutta*), an fünf Standorten ausschliesslich Groppen (*Cottus spp.*) gefangen. An vielen Standorten machen Groppen oder Cypriniden 40% und mehr der Individuen aus und einige Standorte werden von Arten anderer Gattungen dominiert. Des Weiteren gibt es eine Gruppe von Standorten, an denen keine Gattung vorherrschend ist. Im Verlauf des Projekts wurden 8 Gattungen/Arten definiert, auf die ein spezieller Fokus gelegt wurde (*Salmo spp.*, *Cottus spp.*, *Squalius spp.*, *Barbus spp.*, *Barbatula spp.*, *Gobio spp.*, *Phoxinus spp.* und *Alburnoides bipunctatus*). Dies sind die häufigsten oder am weitesten verbreiteten Fischarten in den Flüssen der Schweiz. Für sie wurde eine ausreichende Stichprobengrösse aus allen Haupteinzugsgebieten angestrebt, um zuverlässige genetische Analysen zu Artidentifizierung und genetischer Populationsdifferenzierung machen zu können.

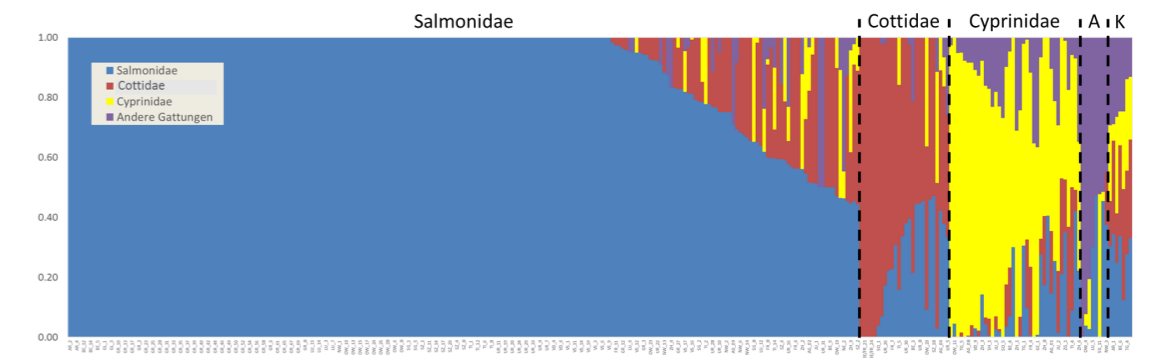


Abb. 4.3.1: Fischgemeindegzusammensetzung pro Standort: X-Achse: jeder Balken ist ein Standort. Y-Achse: relative Abundanz. Bei einer relativen Abundanz von 100%-40% (1–0.4 auf der Y-Achse) einer Art oder Familie sind die Standorte zusammen gruppiert (A: Andere Familien dominieren die Artzusammensetzung mit mehr als 40% relativer Häufigkeit; K: Keine Familie dominiert mit relativer Häufigkeit > 40%).

Prinzipiell verändert sich die Zusammensetzung der Fischgemeinschaft entlang eines Höhengradienten (Abb. 4.3.2). In tiefer gelegenen Flüssen sind Cypriniden vorherrschend, wohingegen in höher gelegenen Standorten vorwiegend Salmoniden vorkommen. Groppen dominieren in einigen Standorten, vor allem im mittleren Teil des Höhengradienten.

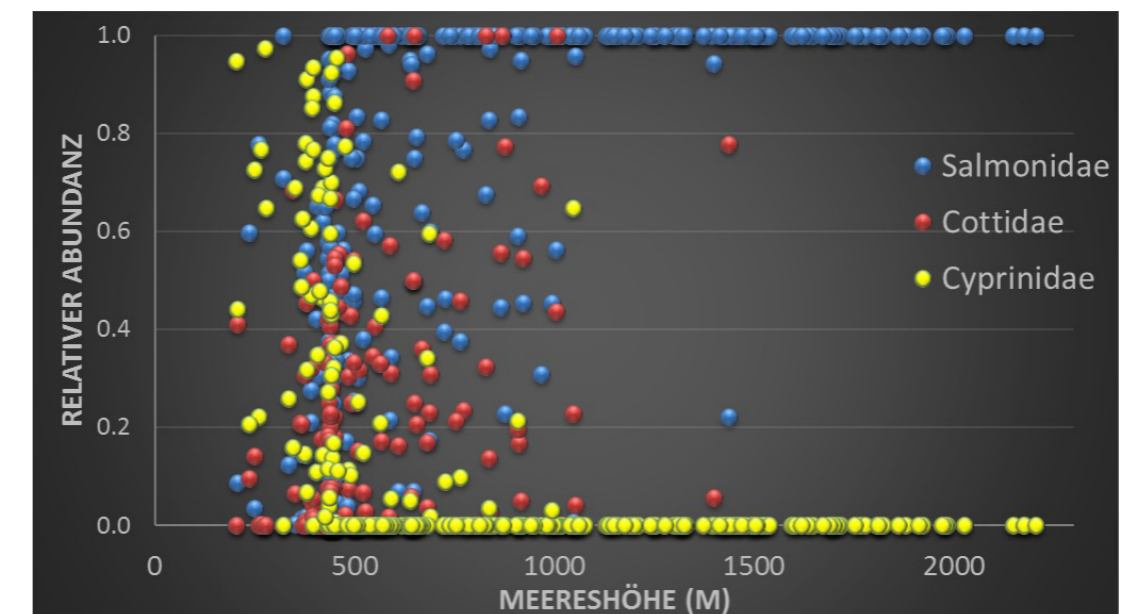


Abb. 4.3.2: Relative Häufigkeit von Salmoniden, Groppen (*Cottidae*) und Cypriniden bezogen auf die Meereshöhe des Standortes.

Da Schweizer Fliessgewässer eine grosse Struktur- und Biotopvielfalt aufweisen, sind beachtliche Unterschiede zwischen den einzelnen Fischgemeinschaften nahezu offensichtlich. Diversität innerhalb eines Standortes (Alpha-Diversität) wird durch die Anzahl der vorgefundenen Arten repräsentiert (als Richness bezeichnet) oder über verschiedene Diversitätsindices bestimmt. Ein solcher Diversitätsindex berücksichtigt neben der Anzahl von Arten auch deren relative Häufigkeiten. Wie in Abschnitt 4.1 bereits erwähnt, ist die Fischartenzahl in unterschiedlichen Schweizer Fliessgewässern äusserst verschieden, wobei speziell die Artenzusammensetzung der Fischgemeinschaft stark vom Gewässer abhängt. Wenn beispielsweise zwei verschiedene Flüsse je zwei Fischarten, die nicht die gleichen zwei sind, im selben Verhältnis beherbergen (selbe Alpha(a)-Diversität), besteht eine hohe Diversität zwischen den beiden Fischgemeinschaften (Beta(β)-Diversität). Die spezifische Artenzusammensetzung hat an einem Standort grossen Einfluss auf das lokale Nahrungsnetz und kann auch evolutionäre Prozesse beeinflussen, die durch Konkurrenzdruck um Nahrung und durch das Vorkommen von Prädatoren bedingt werden.

Schweizer Fliessgewässer weisen eine Vielzahl an verschiedenen Kombinationen von Fischarten auf. Während einige artenarme Konstellationen sich an zahlreichen Standorten wiederholen, ist dies für eine artenreiche Fischgemeinschaft eher unwahrscheinlich. Das trifft auch auf die Daten des Progetto Fiumi zu. Von den 88 unterschiedlichen Fischartengemeinschaften werden lediglich 14 an mehr als einem Standort vorgefunden (Abbildung 4.3.3).

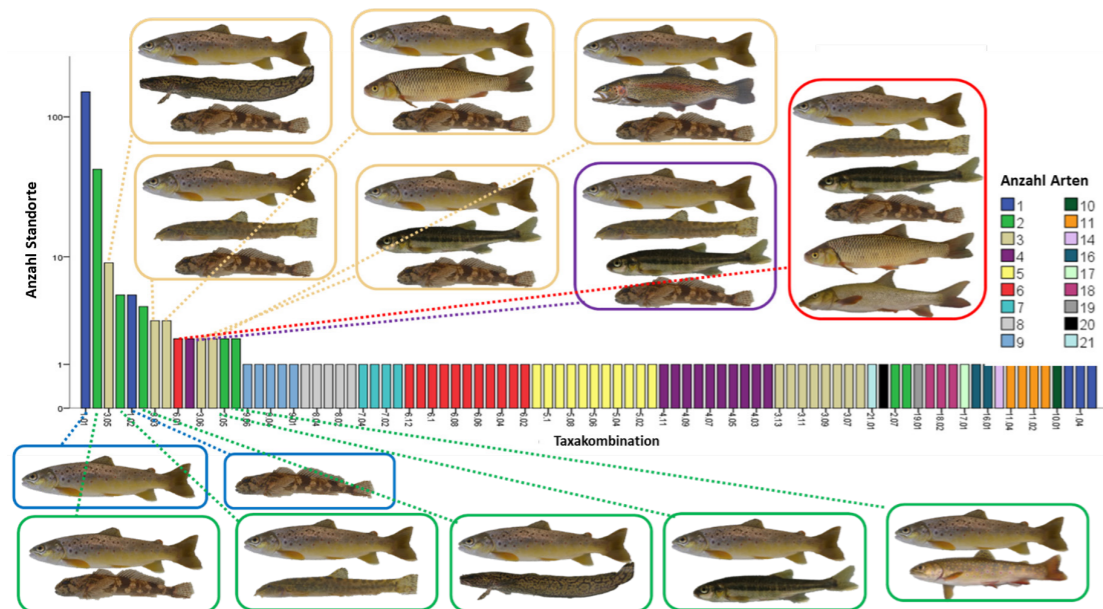


Abb. 4.3.3: Häufigkeit verschiedener Fischgemeinschaften in den Progetto-Fiumi-Daten, basierend auf der Taxakombination. 88 verschiedene Gemeinschaften wurden festgestellt, von denen 14 (siehe farbig umrahmte Boxen) an mehreren Standorten vorkamen. Da die Gattungen *Phoxinus*, *Barbatula* und *Cottus* jeweils von mehr als einer Art vertreten sein können, ist die Anzahl von verschiedenen Artengemeinschaften noch grösser. Die y-Achse verläuft auf einer logarithmischen Skala.

Die häufigste Fischgemeinschaft ist die reine Forellengemeinschaft ohne andere Taxa, die in nahezu der Hälfte der untersuchten Fliessgewässer vorgefunden wurde. Darüber hinaus gab es auch einige Gemeinschaften mit zwei oder drei Fischarten, die an mehreren Standorten vorkamen. Darunter war die Forellen-Groppen-Gemeinschaft die mit Abstand am häufigsten beobachtete Gemeinschaft, wo mehrere Taxa zusammenleben. Danach folgt die Forellen-Groppen-Trübschen-Gemeinschaft als dritthäufigste.

Obwohl über 50 verschiedene Arten aufgezeichnet wurden und viele Standorte artenarm sind, wurden nur fünf Gemeinschaften mit jeweils einem Fischarten vorgefunden. Dazu gehören Gemeinschaften mit Atlantischen Forellen, Groppen, Bachsaiblingen, Seesaiblingen und Hechten, wobei die beiden letztgenannten keine selbst-erhaltenden Flusspopulationen bilden, sondern Teil der angrenzenden Seepopulationen sind. Mit erhöhter Artenvielfalt ist zugleich eine grössere Anzahl an verschiedenen Taxakombinationen möglich. Abbildung 4.3.4 zeigt relativ wenige Gemeinschaftstypen mit zwei Taxa, jedoch gibt es mehrere mit drei, vier, fünf oder sechs Taxa. Dies ist vermutlich mit den vielen Kombinationsmöglichkeiten und der moderaten Anzahl an Standorten mit drei bis sechs Taxa zu begründen. Trotz der hohen Anzahl möglicher Taxakombinationen sehen wir eine begrenzte Anzahl von verschiedenen Fischgemeinschaften bei Taxareichtum von sieben oder mehr (siehe Abbildung 4.3.4). Dies ist auf die geringe Anzahl von Standorten mit mehr als sechs Arten zurückzuführen. Hier sind alle beobachteten Gemeinschaften einzigartig.

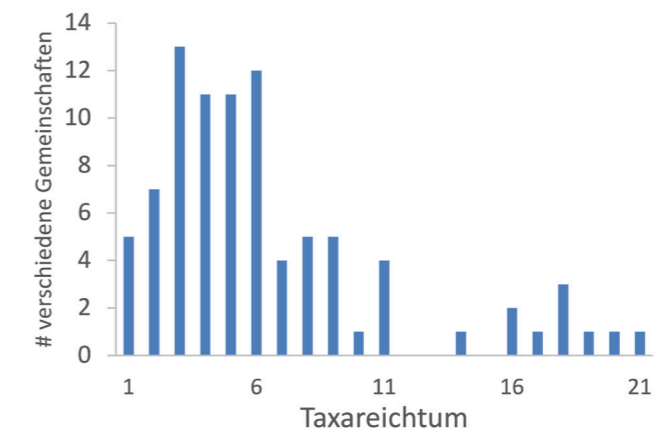


Abb. 4.3.4: Häufigkeit von unterschiedlichen Fischgemeinschaften mit Taxareichtum von 1 bis 21.

Für die Bestimmung des ökologischen Zustandes eines Fliessgewässers sollte stets die Vielfalt an verschiedenen Gemeinschaften berücksichtigt werden. Aufgrund dieser Diversität an Gemeinschaften ist die Rolle einer einzelnen Art im Ökosystem nicht immer gleich und muss daher stets in Relation zur jeweiligen Gemeinschaft stehen.

4.3.1 Lokale Populationen versus gelegentliche Besucher

Daten zur Anwesenheit und Abwesenheit von Arten (Präsenz/Absenz) sind die am häufigsten verwendeten Daten zur Beschreibung der geographischen Verbreitung einer Art. Um Auskunft über den ökologischen Aufbau einer Artengemeinschaft zu erhalten, muss zunächst definiert werden, ab wann eine Art einem Standort als «ökologisch anwesend» zugeschrieben werden kann. Dabei muss zwischen folgenden Typen unterschieden werden: 1) Die Art hat sich mit einer lokal reproduzierenden Population im Fliessgewässer etabliert; 2) Die Art wandert von ihrem Geburtsort mit saisonaler oder ontogenetischer Regelmässigkeit in ein Fliessgewässer ein; 3) Die Art ist ein mehr oder weniger zufälliger Gast (z.B. zufälliger Bewegung oder Nomadismus); 4) Die Art wurde vom Menschen eingeführt. In Schweizer Fliessgewässern gibt es alle vier dieser Vorkommstypen einer Art (siehe Abbildung 4.3.5.).

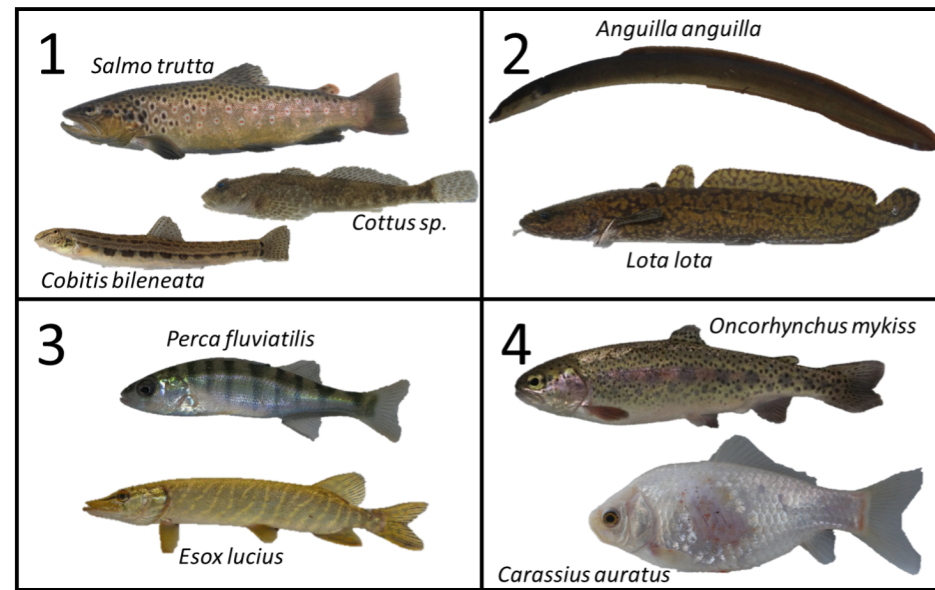


Abb. 4.3.5: Einige Beispiele der Vorkommen von Fischarten in Fließgewässern eingeteilt nach folgenden Kategorien. 1: Lokal-reproduzierende Populationen; 2: Migration von einem anderen Geburtstort in ein Fließgewässer (z.B. Aale von der Sargassosee und Trütschen von Seen); 3: Mehr oder weniger zufällige Bewegung weg von deren Ursprungsort (z.B. sind in kleineren Fließgewässern Hechte und Egli häufig nur in den Mündungsbereichen in den See zu finden); 4: Direkte Einführung vom Menschen. Alle Fische auf den Bildern wurden für das Progetto Fiumi gefangen.

Darüber hinaus gibt es verschiedenste Gründe, weshalb die gleiche Art in verschiedenen Fließgewässern gefunden werden kann und die obengenannten Kategorien sind damit nicht artspezifisch. Beispielsweise kann eine für ein Monitoring gefangene Forelle durch folgende Ursachen in diesem Gewässer sein: 1) Die Forelle gehört zu einer lokal reproduzierenden Population; 2) Die Forelle zog von ihrem kleineren Ursprungsgewässer in ein grösseres Fließgewässer aufgrund ihres Migrationskreislaufes; 3) Die Forelle landete durch Zufall dort, weil sie auf Nahrungssuche war oder ein besseres Habitat aufsuchen wollte; 4) Die Forelle wurde vom Menschen in das Fließgewässer eingesetzt.

4.3.2 Geographische Verteilungsmuster der Arten

Daten über das Vorkommen und Abwesenheit von einzelnen Arten werden in Kombination mit Umweltdaten und geografischen Daten oft für Artenverbreitungsmodelle verwendet, welche die Wahrscheinlichkeit angeben, mit der eine Art an einem Standort anzutreffen ist. Da die Entwicklung derartiger Modelle den Rahmen des Progetto Fiumi sprengen würden, wurden die Daten von einem BAFU finanzierten Eawag Projekt «Human Impacts» aufgegriffen und Verbreitungsmodelle für die sieben häufigsten Fischarten des Projekts entworfen (Caradima et al. 2020 & 2021). Die Ergebnisse zeigen, dass Wassertemperatur und Gewässermorphologie eines Habitats am öftesten in den besten Modellen für die verschiedenen Taxa inkludiert sind (Caradima et al. 2021). Des Weiteren waren räumliche Variablen, die Migrationsbarrieren und gewässermorphologische Eigenschaften des Habitats miteinander beiziehen, für die meisten Taxa von grosser Bedeutung (Caradima et al. 2021).

Die Daten des Progetto Fiumi weisen bezüglich des Artenvorkommens und der Diversität an Gemeinschaften ein bestimmtes Muster auf (siehe Abbildung 4.3.6). Forellen leben oft in artenarmen Gemeinschaften (siehe Abbildung 4.3.6). In Gemeinschaften mit zwei, drei oder vier Arten sind Forellen, mit einer Ausnahme, in jedem Fließgewässer vertreten. Die Wahrscheinlichkeit für ein Forellenvorkommen schwindet mit steigender Artenzahl in den Gemeinschaften und von den zehn artenreichsten Gemeinschaften (Artenanzahl: 14–21) wurden nur an 60% der Standorte Forellen registriert. Zum Vergleich ergaben die Befischungen bei zunehmender Artenvielfalt eine erhöhte Wahrscheinlichkeit die häufigsten Cypriniden (Alet, Barbe, Gründling, Elritze und Schneider) und auch Bachschmerlen anzutreffen. Hierbei gilt zu bemerken, dass diese Zusammenhänge nicht zwingend einer Kausalität folgen, beispielsweise wenn die Anwesenheit einer Art einen positiven oder negativen Einfluss auf eine andere Art hat. Jedoch sagen sie etwas über die Komplexität der Gemeinschaften aus, in denen die verschiedenen Arten am häufigsten leben.

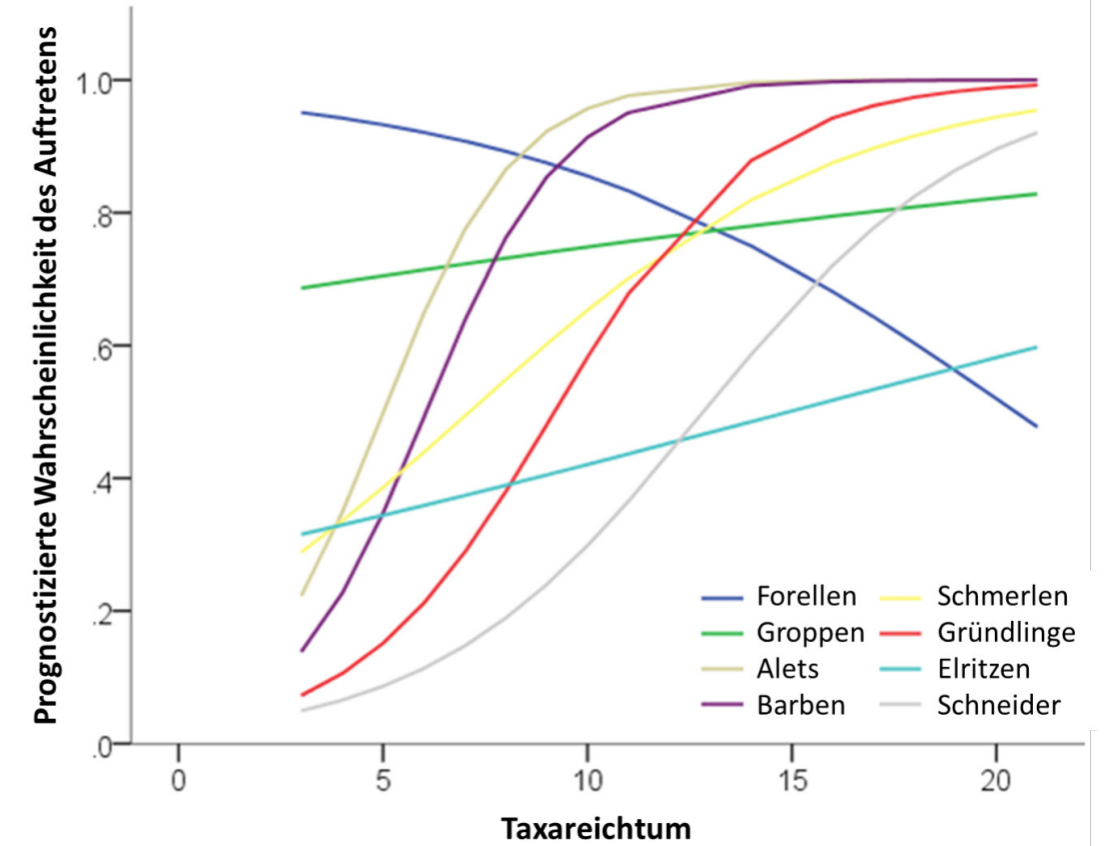


Abb. 4.3.6: Wahrscheinlichkeit des Vorkommens der acht häufigsten Taxa des Progetto Fiumi in Abhängigkeit der lokalen Artenvielfalt. Alle Regressionen mit Ausnahme die der Groppe und der Elritze sind signifikant. Wichtig hierbei: Die Regressionen wurden nur für Standorte mit mehr als drei Arten durchgeführt, was die Regressionen konservativer macht. Die Regression der Elritze wäre mit Standorten, die zwei Arten beherbergen, bereits signifikant. Auch wichtig zu beachten: Die Regression ist keine Evidenz für Kausalität.

4.3.3 Genauigkeit der quantitativen Daten und Nachweiswahrscheinlichkeit

Bei Progetto Fiumi lag der Fokus auf einer Proben- und Datensammlung, welche eine Bewertung der Schweizer Flussfisch-Biodiversität auf mehreren Ebenen ermöglichen würden. Es war jedoch aufgrund des enormen Aufwands nicht immer möglich, quantitative Untersuchungen durchzuführen, wie dies z.B. bei den NAWA Untersuchungen der Fall ist. Daraus ergibt sich ein erhöhtes Risiko, seltenere Arten nicht zu erfassen. Arten, die in einem Gewässer aus anderen Untersuchungen bekannt waren, im Projekt aber nicht gefangen wurden, wurden in unseren Auswertungen nicht berücksichtigt.

Die Wahrscheinlichkeit, dass ein Fisch in einer Studie gefangen wird, ist unmittelbar von der Anzahl an beprobten Individuen und der relativen Häufigkeit einer Art abhängig (siehe Abbildung 4.3.7). Unter der Annahme einer Zufallsverteilung einer Art und ohne Berücksichtigung eines Entnahmeeffekts, wird eine Art mit 50%iger Wahrscheinlichkeit angetroffen, wenn sie anteilmässig wenigstens 1% an der Fischgemeinschaft ausmacht und insgesamt 70 Individuen gefangen und identifiziert werden (siehe Abbildung 4.3.7).

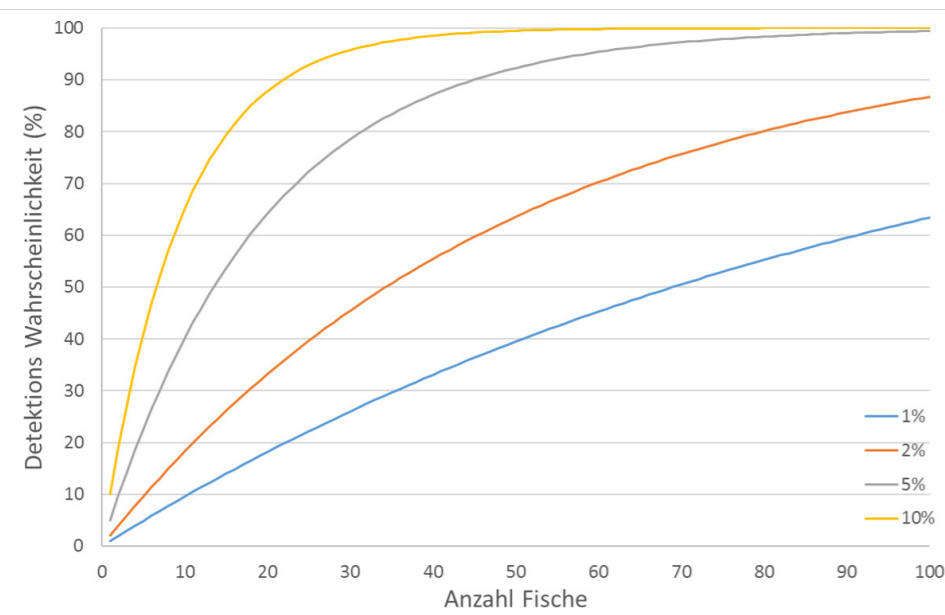


Abb. 4.3.7: Nachweiswahrscheinlichkeit einer Art abhängig von ihrer relativen Häufigkeit (1 % (blaue Linie); 2% (orange Linie); 5% (graue Linie), 10% (gelbe Linie)) und Anzahl der insgesamt gefangenen Fische (x-Achse). Die Beziehungen nehmen eine zufällige Verteilung der Fische im Lebensraum an, welche unter natürlichen Bedingungen nur selten der Fall ist.

4.3.4 Zeitliche Variabilität

Die relative Häufigkeit verschiedener Fischarten in einem Flussabschnitt ist abhängig von der Jahreszeit und variiert von Jahr zu Jahr. Da die Nachkommen der meisten Arten im Frühling schlüpfen, fällt die Individuendichte meist nach dieser Jahreszeit enorm. Das ist auf die hohe Mortalitätsrate in diesem jungen Lebensstadium zurückzuführen. Darüber hinaus besetzen Fische je nach Lebensphase und Jahreszeit unterschiedliche Habitate. Ein bemerkenswertes Beispiel hierfür ist der Alet. Im Frühling sind in den meisten kleineren Zuflüssen von Seen keine Alets anzutreffen, jedoch werden genau diese Zuflüsse im Sommer zu beliebten Laichhabitaten. Abschliessend gilt zu sagen, dass Unterschiede in der Grösse unterschiedlicher Jahrgänge oder in umweltabhängiger Mortalitätsrate zwischen unterschiedlicher Jahren, sowohl einer natürlichen Variation (z.B. heisse Sommer) als auch einer anthropogen beeinflussten Komponente (z.B. Massensterben durch Verschmutzung) unterliegen. Daher kann die Populationsdichte einer Art in einem Flussabschnitt auch zwischen mehreren Jahren beträchtlich schwanken.

Die quantitative Schätzung der relativen Artenverbreitung an verschiedenen Standorten sollte daher nicht als zeitlich fixiert, sondern als zeitspezifische Momentaufnahme der lokalen Gemeinschaftszusammensetzung gesehen werden. Es ist daher durchaus wahrscheinlich, dass eine nachfolgende Studie zu anderen Ergebnissen kommt, vor allem, wenn sie in einer anderen Jahreszeit durchgeführt wird. Die Ursachen können Zufall, Saisonalität oder auch eine Änderung der Umweltfaktoren sein.

4.4 Diversität innerhalb der häufigsten Fischgattungen

Die laufende Zusammenarbeit zwischen Eawag, Universität Bern und dem Naturhistorischen Museum Bern, unter der Leitung von Prof. Ole Seehausen und Dr. Lukas Rüber, zeigt ein ganz anderes Muster der Biodiversität bei Fischen in Schweizer Seen und Flüssen als bisher angenommen. Diese Arbeiten haben gezeigt, dass die bis anhin verwendete Taxonomie der Fische in den Flüssen und Seen der Schweiz innerhalb mehrerer Gattungen unzureichend aufgelöst und teilweise auch fehlerhaft war. Da die Schweiz sowohl ein Hotspot der Fischbiodiversität als auch des potenziellen Biodiversitätsverlusts in Europa ist, ist eine korrekte und auf Artniveau aufgelöste Taxonomie für ein erfolgreiches Biodiversitätsmanagement von grosser Bedeutung. Da das Progetto Fiumi nicht die Kapazitäten für vollständige Biodiversitätsanalysen hatte, werden wir im folgenden Abschnitt nur auf die acht häufigsten und typischsten Flussfisch-Gattungen eingehen. Neben diesen acht Gattungen ergaben genetische Analysen noch über mehrere weitere bisher unerkannte Taxa Aufschluss, beispielsweise über die Hasel (*Leuciscus spp.*: die Doubs-Linie unterscheidet sich deutlich vom Rest der Schweiz), die Strömer (*Telestes spp.*), die Äschen (*Thymallus spp.*: Im Ticino ist eine donau-stämmige Äsche weit verbreitet, während die als einheimisch angenommene *T. aeliani* nicht nachgewiesen werden konnte). Für weitere Details über die Taxonomie dieser Arten und für weiterführende Beschreibungen der acht im Folgenden diskutierten Gattungen möchten wir hier explizit auf den Projet Lac Synthese Bericht verwiesen (Alexander & Seehausen et al. 2021).

4.4.1 Forellen (*Salmo spp.*)

Die Forellen sind mit Abstand die häufigste Gattung, die im Rahmen des Progetto Fiumi gefangen wurde (siehe Abbildung 4.1.1; 4.3.1; 4.4.2). In diesem Projekt wurden beinahe in jedem Fliessgewässer Forellen gefangen. Ihr Ausbreitungsgebiet erstreckt sich über Tieflandflüsse (Zuflüsse des Lago Maggiore 203 m.ü.M.) bis zu Gebirgsbächen (max. 2'206 m.ü.M. in Flüelabach, GR) und von kleinen Rinnsalen bis zu den grössten Flüssen. Die Dichte und der relative Anteil an der Fischgemeinschaft sind generell niedriger in grossen, langsam fliessenden Tieflandflüssen und Forellen waren in den Untersuchungen des tiefer gelegenen Schweizer Rheins gar nicht anzutreffen.

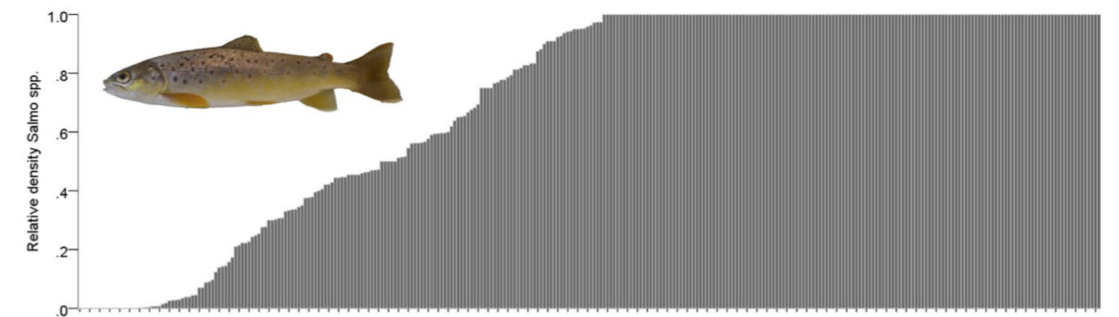
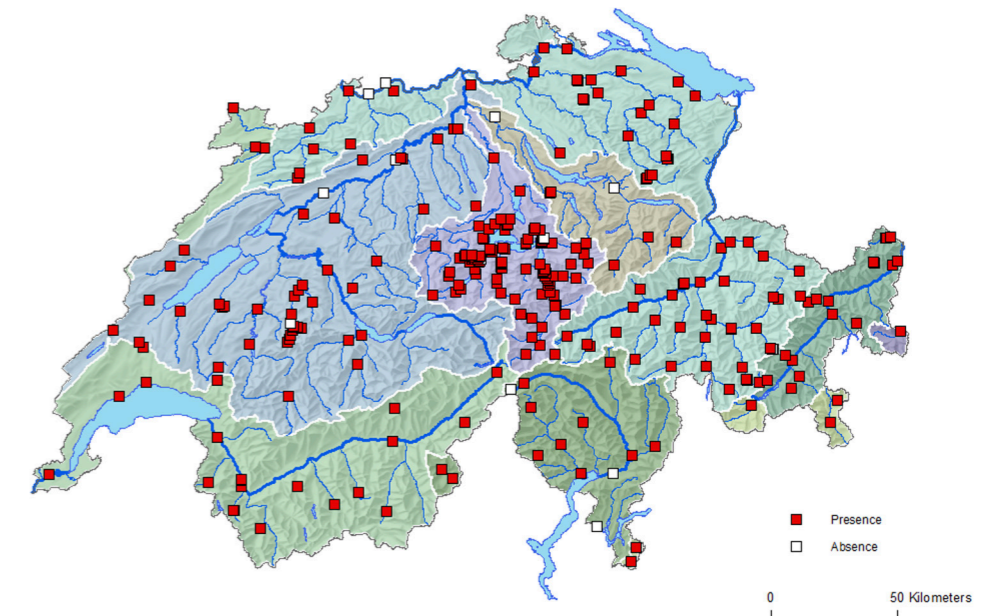


Abb. 4.4.2: Relative Abundanz (von der niedrigsten zur höchsten) von *Salmo spp.* an allen Standorten des Progetto Fiumi. Jede Säule steht für einen eigenen Standort (N=308).



Karte zum Vorkommen von *Salmo spp.* basierend auf den Daten des Progetto Fiumi.

Die Forellen in der Schweiz gehören fünf verschiedenen evolutionären Linien an, die sich in den letzten 0.5 bis 2 Millionen Jahren zu fünf eigenständigen Arten entwickelt haben (siehe Abbildung 4.4.3; Kottelat & Freyhof 2007). Die am weitesten verbreitete und häufigste Forellenart in der Schweiz, ist die Atlantische Forelle (*Salmo trutta*), welche ursprünglich in der Schweiz nur im Aare/Rhein-Einzugsgebiet, und im Genfersee und seinen Zuflüssen zu finden war, heutzutage aber aufgrund anthropogener Einführungen über die gesamte Schweiz verbreitet ist. Die ursprünglichen Forellen aus dem Doubs-Einzugsgebiet im Nordwesten der Schweiz gehören der Rhone-Linie (*Salmo rhodanensis*) an. Das Adriatische Einzugsgebiet (dazu gehören in der Schweiz die Einzugsgebiete von Ticino, Adda und Etsch) wurde ursprünglich von zwei Abstammungslinien bewohnt: die Marmorforelle (*Salmo marmoratus*) und die Norditalienische Bachforelle (*Salmo cenerinus*). Die fünfte Art ist die donautämmige *Salmo labrax*, deren natürliche Bestände im Inn und seinen Zuflüssen im Engadin vorkommen.

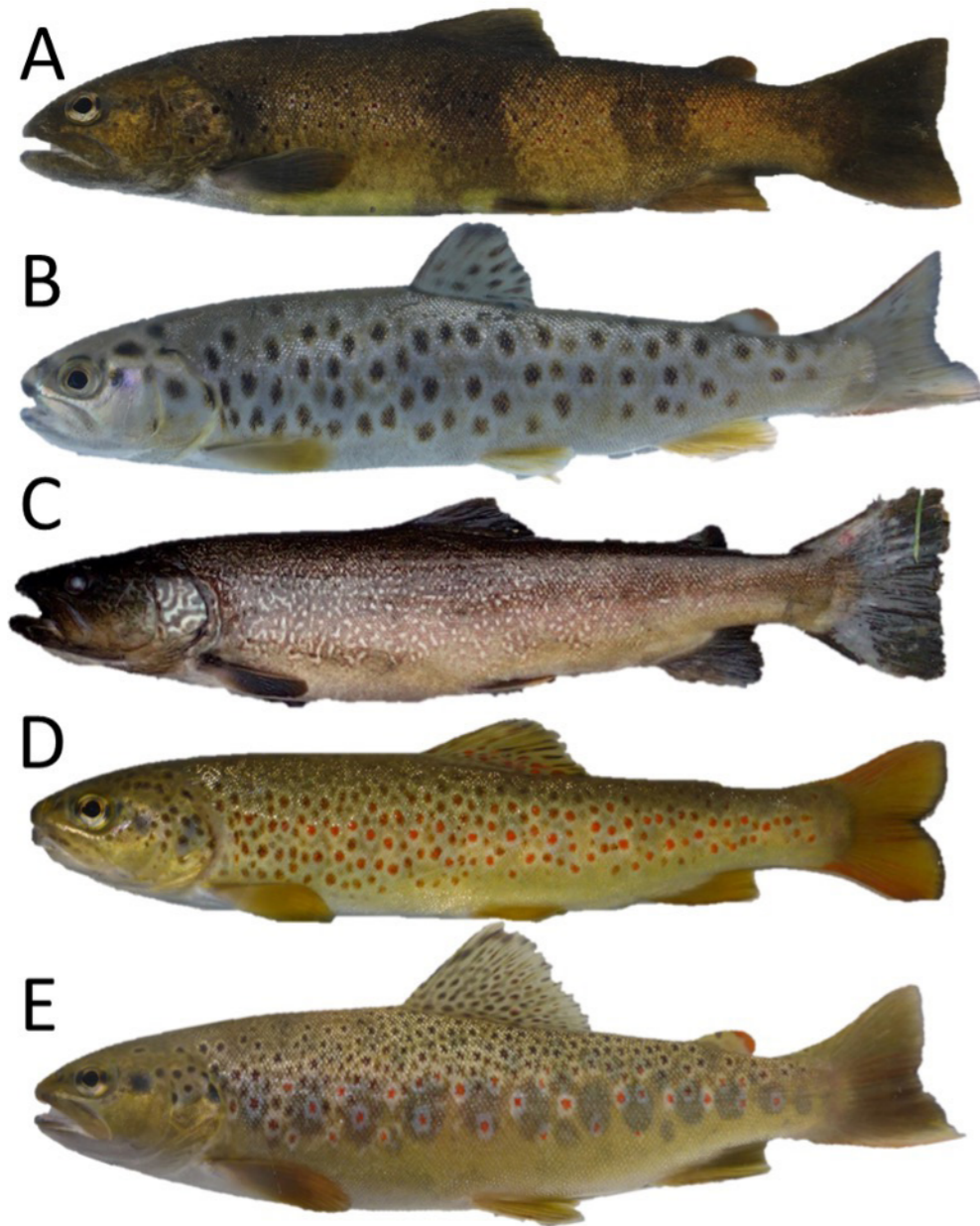


Abb. 4.4.3: Darstellung der phänotypischen Unterschiede zwischen den fünf Forellen-Linien der Schweiz. A: *Salmo rhodanensis* (Fisch gefangen im Doubs, JU); B: *Salmo labrax* (Fisch gefangen in der Susasca, GR); C: *Salmo marmoratus* (Fisch gefangen im Toce, Italien während dem Schweizer Seeforellen Projekt in Zusammenarbeit mit CNR Istituto di Ricerca sulle Acque, Italien); D: *Salmo cenerinus* (Fisch gefangen im Val da Camp, GR); E: *Salmo trutta* (Fisch gefangen in der Birs, BE).

Der derzeitige Artenschutz-Status der verschiedenen Forellenarten ist sehr unterschiedlich. *S. trutta* bleibt weit verbreitet in ihrem ursprünglichen Vorkommen und hat ihr Gebiet sogar noch ausgeweitet und ist daher auch in allen Ausbreitungsgebieten der vier anderen Arten anzutreffen. Alle anderen Arten stehen unter massivem Druck durch die Einführung der *S. trutta* in allen Schweizer Gewässern. Das hat sowohl zur Hybridisierung als auch zur Verdrängung der ursprünglichen Art geführt. Im Besonderen ist *S. cenerinus* gefährdet, die fast in ihrem gesamten Schweizer Verbreitungsgebiet von *S. trutta* komplett verdrängt wurde. Wir konnten diese Art nur noch ganz lokal im Poschiavino nachweisen (siehe auch Alexander & Seehausen 2021).

Mit den bisherigen Daten kann nicht ausgeschlossen werden, dass auch innerhalb einiger dieser fünf Abstammungslinien während oder nach der letzten Eiszeit, weitere Artenbildung begonnen hatte und es daher auch unbeschriebene jüngere Arten in der Schweiz geben mag oder gegeben hat, bevor es zur Verdrängung durch Besatzforellen kam. Das wird vor allem in und um die grösseren Seen im Engadin (siehe Box 6) erwartet, wo früher eine grosse Vielfalt an Forellen-Morphen gefunden wurde (Steinmann 1948), was heute z.T. noch der Fall ist (Vonlanthen & Periat 2014), jedoch in einem geringeren Ausmass. Dieser Rückgang an Formenvielfalt bei Forellen könnte eventuell auf den Besatz mit Seesaibling (*Salvelinus umbla*) und Amerikanischem Seesaibling (*Salvelinus namaycush*) zurückzuführen sein.

In mehreren Forellenarten kommen sowohl Wanderformen als auch als residente Formen vor. Die Wanderform der Seeforelle ist sowohl bei *S. trutta* und *S. marmoratus* bekannt (Gilbertoni et al. 2017). *S. labrax* bewohnt Seen im Engadin, wobei Unklarheit herrscht, ob diese Art dort wandert oder in den Seen laicht. Eine phänotypisch eigenständige und nicht wandernde Seeforelle existiert im Lago di Poschiavo, die nahe mit *S. marmoratus* und *S. cenerinus* verwandt ist und möglicherweise eine eigene Art bildet (Alexander & Seehausen 2021). Unter den fünf Forellenarten der Schweiz ist lediglich *S. trutta* für ihre anadrome Lebensform bekannt, die in die Nordsee ziehen würde (Meerforelle), aber heutzutage in der Schweiz als ausgestorben gilt oder ihr anadromes Verhalten abgelegt hat. Wobei im Gegensatz zum Atlantischen Lachs (*S. salar*), anadrome Forellen prinzipiell aus nur teilweise wandernden Populationen kommen, wo ein Teil der Population resident bleibt. Daher könnten ursprünglich anadrome Forellenpopulationen durchaus noch in der Schweiz existieren, jedoch ihre «Wandereigenschaft» aufgrund des Selektionsdrucks gegen wandernde Fische in der Population unter Umständen verloren haben.

Box 6: Populations-genetische Untersuchung der Bündner Bachforellen

Vor über einer halben Million Jahren haben sich die Forellen in Europa in verschiedene geographisch weitgehend isolierte Evolutionslinien aufgespalten. Im Inn im Engadin sollten Donauforellen sowie natürlich eingewanderte Atlantische Forellen vorkommen. Über Jahrzehnte wurden dort aber durch Besatzmassnahmen Marmor-, Adriatische und vor allem Atlantische Forellen eingesetzt.

Für unsere Studie wurden 722 Forellen aus verschiedenen Einzugsgebieten in Graubünden verwendet. Unsere Untersuchungen der mitochondrialen DNA dieser Proben zeigen, dass sämtliche linienspezifischen Haplotypen in allen Einzugsgebieten vorkommen (Abb. B6.1). Der Rhein-Haplotyp dominiert dabei auch im Adria- und Donau-einzugsgebiet von Graubünden. Die Untersuchungen zeigen auch, dass im Engadin tatsächlich eine Vermischung der Forellenarten unterschiedlicher Linien stattgefunden hat. Ob sich die Donauforelle und die Atlantische Forelle natürlicherweise vermischt hatten oder ob erst Besatzmassnahmen zu einer Vermischung der beiden Arten führten, bleibt offen. Eine Analyse der Farbmuster, basierend auf den Küvetten-Fotos von Forellen aus drei verschiedenen Abflusssystemen (Donau, Rhein und Po) konnte zeigen, dass die Forellen im Engadin ein grösseres Spektrum an Erscheinungsbildern aufzeigen als Forellen aus dem Rhein- oder Po-einzugsgebiet (Abb. B6.2). Der Grund für diese Vielfalt der Farbmuster der Forellen im Engadin ist möglicherweise die vorhergegangene Vermischung verschiedener Linien und somit auch der verschiedenen Erscheinungsbilder (Masterarbeit A. Stamm).

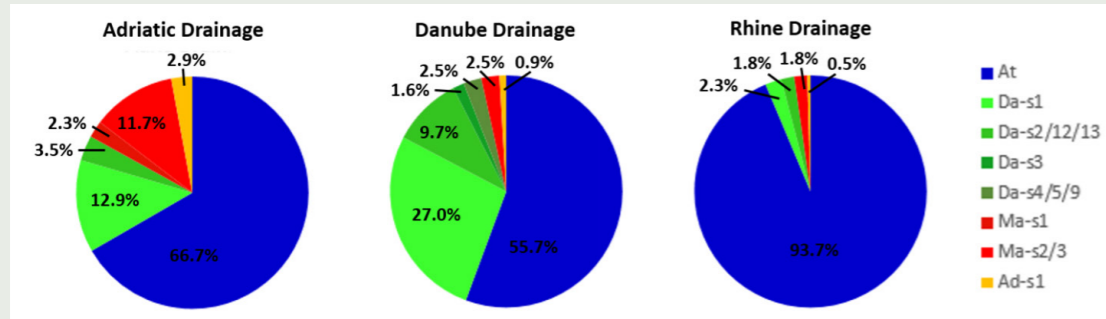


Abb. B6.1: Verteilung der linienspezifischen Haplotypen im Adria- Donau- und Rheineinzugsgebiet in Graubünden. Blau = atlantische Linie, Grün = Donaulinie, Rot = Marmorata-Linie, Gelb = adriatische Linie.



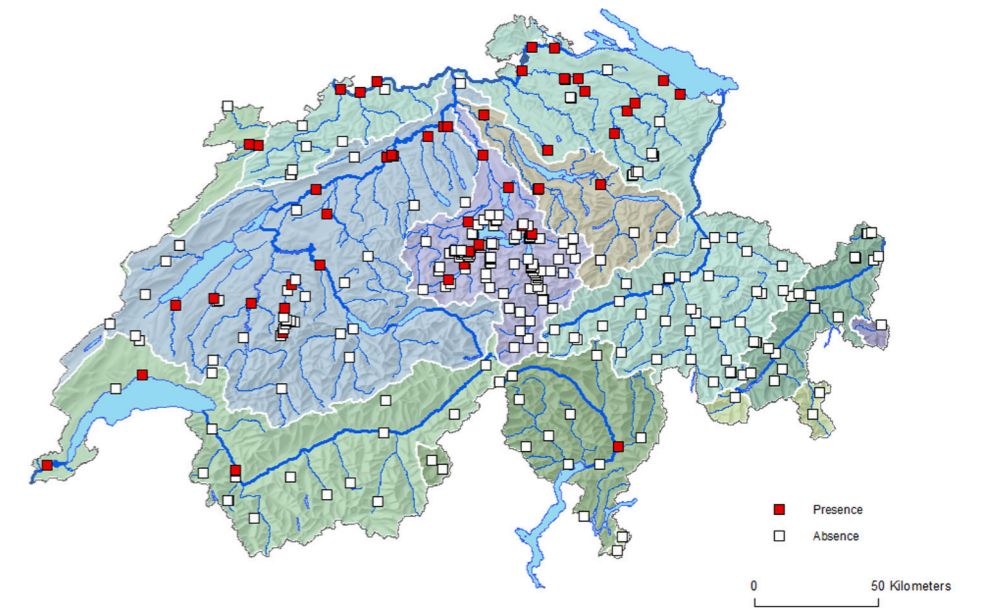
Abb. B6.2: Erscheinungsbilder dreier Forellen vom selben Standort (Inn bei Samedan). Zuordnung gemäss mitochondrialer DNA-Analysen zu folgenden Haplotypen: oben: Donau, mitte: Marmorata, unten: Atlantik. Anmerkung: Aufgrund der Hybridisierung müssen mitochondriale Haplotypen nicht unbedingt mit den linienspezifischen Phänotypen zusammenpassen (wie beispielsweise auf diesem Bild, obwohl die mittlere Forelle den Marmorata-Haplotyp aufweist, ist der Marmorata-Phänotyp nicht erkennbar).

4.4.2 Alets (Döbel) (*Squalius spp.*)

Alets sind die zweithäufigste Fischgattung in der Progetto Fiumi Studie. Dies ist vor allem auf die relativ hohen Dichten in Tieflandflüssen zurückzuführen, wo die Standorte mit relativ hoher Intensität befischt wurden. Alets wurden nur in 17% der Progetto Fiumi Standorte gefunden, kamen jedoch lokal in hohen relativen Dichten vor.



Abb. 4.4.4: Relative Abundanz (von der niedrigsten zur höchsten) von *Squalius spp.* in allen Progetto Fiumi Standorten.



Karte zum Vorkommen von *Squalius spp.* basierend auf den Daten des Progetto Fiumi.

Es gibt eine Vielzahl an *Squalius* Arten in Europa, wobei der Mitteleuropäische Alet (*Squalius cephalus*) und der Cavedano (*Squalius squalus*) in der Schweiz verbreitet sind. Das ursprüngliche Verbreitungsgebiet des Mitteleuropäischen Alets befindet sich nördlich der Alpen und das des Cavedanos südlich der Alpen. Die Mehrheit der *Squalius*-Populationen der Schweiz gehören zu *S. cephalus*. *S. squalus* ist auf das Tessin beschränkt. Allerdings wurde die Verbreitung der beiden Arten möglicherweise durch Besatz lokal vermischt. Gousskov & Vorburger (2016) fanden Hinweise auf Genfluss von *S. cephalus* in *S. squalus* im Tessin. Wir konnten der Cavedano nur an einem von 14 Standorten im Tessin nachweisen.

4.4.3 Groppen (*Cottus spp.*)

Verglichen mit dem Alet (siehe oben) waren Groppen an mehreren Standorten vertreten, aber dies waren meist artenarme, kleinere Bäche und die Intensität der Probennahme war niedrig und die absolute Anzahl der Individuen daher niedriger als beim Alet. Das relativ hohe Auftreten von Groppen kann auf die relativ häufige Beprobung in Bächen in mittleren Höhen zurückzuführen sein. Derartige Bäche sind beispielsweise häufig in der Zentralschweiz zu finden.

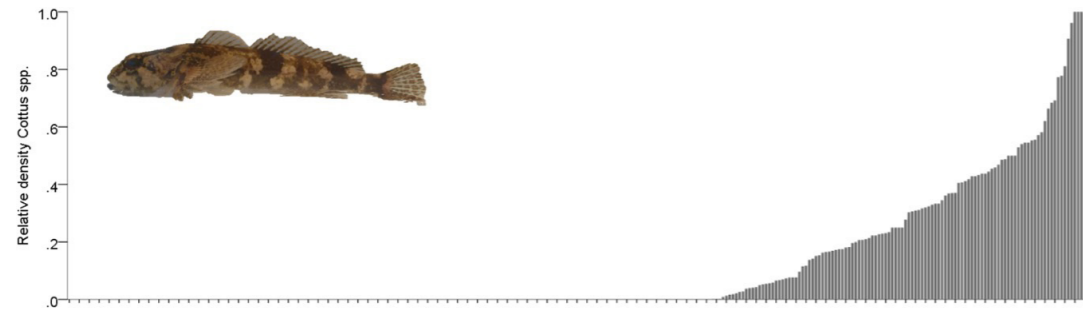
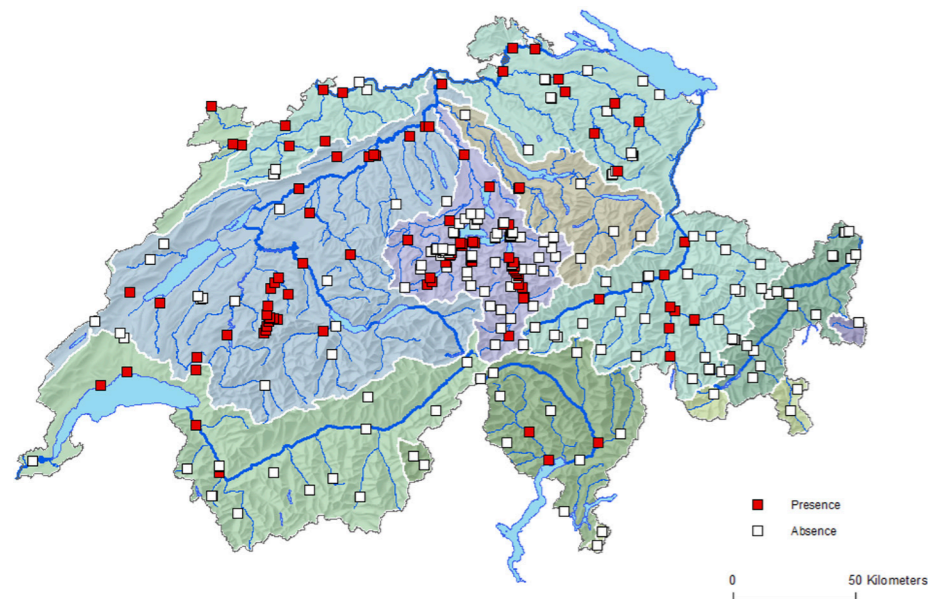


Abb. 4.4.5: Relative Abundanz (von der niedrigsten zur höchsten) von *Cottus spp.* in allen Progetto Fiumi Standorten.



Karte zum Vorkommen von *Cottus spp.* basierend auf den Daten des Progetto Fiumi.

Bis vor kurzer Zeit wurde angenommen, dass es nur eine Groppenart (*Cottus gobio*) in der Schweiz gibt. Diese Gattung wurde in den 2'000er Jahren gründlich überarbeitet, wobei mehrere neue Arten beschrieben wurden. Zwei von diesen, *C. perifretum* und *C. rhenanus*, haben Verbreitungen im Rheineinzug, welche ein potenzielles Vorkommen in der Schweiz nicht ausschliessen lassen. Neben diesen phylogenetisch älteren Arten, erscheint es als wahrscheinlich, dass sich das verbliebene Taxon *Cottus gobio* aus mehreren verschiedenen Arten zusammensetzt (Kottelat & Freyhof 2007). Sicher ist, dass die Schweiz in mehreren Wellen von genetisch distinkten Linien kolonisiert wurde. So gehören die Groppen von Doubs, Adriaeinzug und Aare/Rhein zu drei genetisch stark divergenten Linien (Lucek et al. 2018). Ausserdem wurde das Aare/Rheineinzugsgebiet offenbar in zwei Wellen kolonisiert, was sich heute darin äussert, dass die Seen des Aareinzugs von einer genetischen Linie bewohnt werden, während die Fliessgewässer im Aareinzug unterhalb der pre-alpinen Seen, aber auch Bodensee und Genfersee, die ausserhalb des Aareinzugs liegen, von einer anderen Linie bewohnt werden (Lucek et al. 2018). Auch phänotypisch sind diese Populationen oftmals deutlich unterscheidbar. Ausserdem kam es innerhalb einiger der Seen im Aareinzug zu ökologischer Artbildung bei den Seegroppen, wobei phänotypisch, und zumindest in einem Fall auch genetisch unterschiedene Littoral- und Profundal-Formen entstanden (Lucek et al. 2018). Wir sehen hier also frühe oder z.T. auch schon fortgeschrittene Stadien der Artenbildung (siehe Box 7).

Box 7: Ökologische und genetische Diversifizierung bei Groppen oberhalb der Seen

Eine Studie zur Diversifizierung bei Groppen zwischen unterschiedliche Standorte wurde im Einzugsgebiet des Vierwaldstättersees durchgeführt. Da Groppen aber eben auch im See vorkommen, wurde die Stichprobe ergänzt mit Fischen, die mithilfe von Kiemennetzen und Elektrofischerei im See gefangen wurden (Abb. B7.1). Es wurden sowohl die genetische Struktur der Populationen, als auch die Morphologie der Fische analysiert. Die Resultate zeigen, dass sich die Körperform der Fluss- und Seegroppen unterscheiden. Auch innerhalb des Sees (zwischen litoralen und profundalen Populationen) und innerhalb der Flusssysteme (zwischen Populationen aus grundwassergespeisten und oberflächenwassergespeisten Bächen) lassen sich morphologische Unterschiede ausmachen. Zudem scheinen Fluss-See Übergänge eine starke Barriere für den Genfluss darzustellen (Abb. B7.2). Seepopulationen sind sich, trotz zum Teil grosser geografischer Distanzen, genetisch näher als unmittelbar nebeneinanderliegende Fluss- und Seepopulationen. Am deutlichsten waren die genetischen Unterschiede zwischen weit entfernten Flusspopulationen, die durch den See voneinander getrennt sind (Häberli 2014). Diese Ergebnisse wurden mit der Analyse von Mikrosatellitenanalysen erzielt und sind komplementär zu den Ergebnissen populationsgenomischer Analysen von Groppenpopulationen aus allen grossen Seen im Aareinzug und den Flüssen unterhalb dieser Seen (Lucek et al. 2018). In Zukunft müsste noch untersucht werden, ob die Flussgropen aus dem oberen Teil des Aareinzugs (oberhalb der Seen) zur gleichen phylogenetischen Linie gehören wie die Groppen aus den Flüssen unterhalb der Seen oder ob sie den Seegroppen näher verwandt sind.

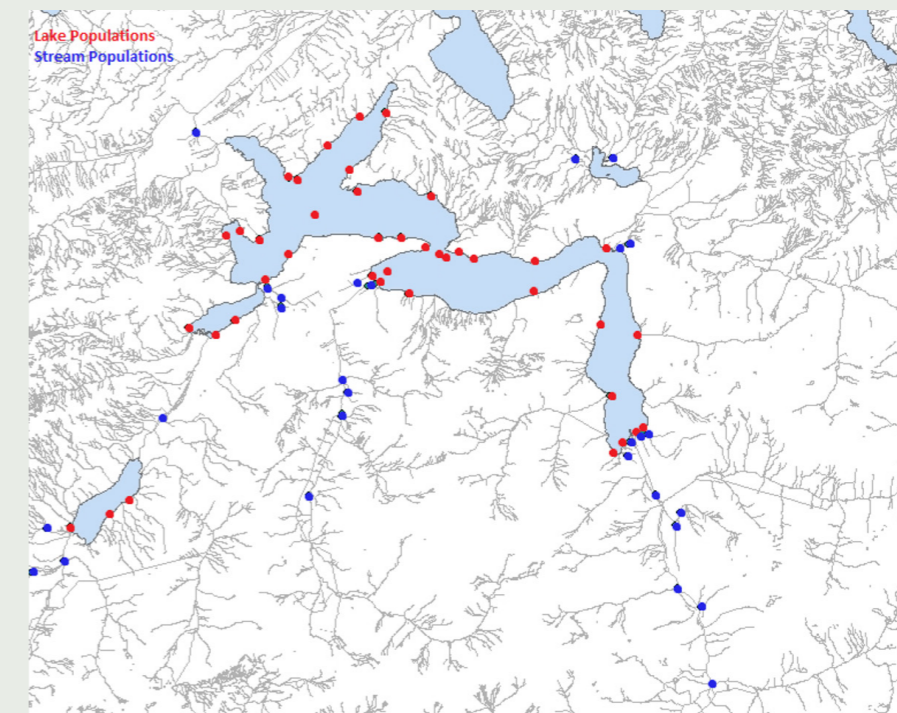


Abb. B7.1: Probenahmestandorte. Blau = Fliessgewässer, rot = See

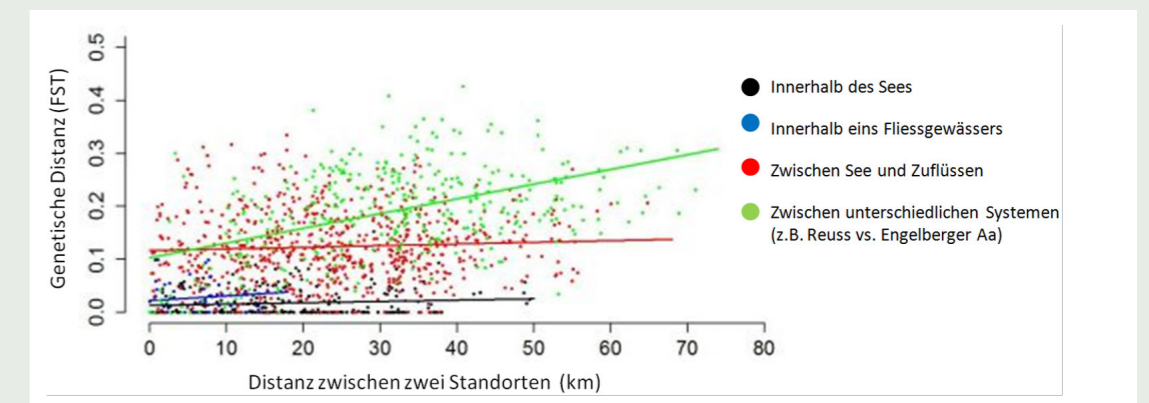


Abb. B7.2: Die genetische Distanz zwischen Groppenpopulationen aus dem Vierwaldstättersee und seinen Zuflüssen. Jeder Punkt stellt einen Vergleich zwischen zwei Populationen dar. Auf der Y-Achse lässt sich die genetische Distanz des Vergleichspaares ablesen (hohe FST-Werte = grosse genetische Distanz = wenig Genaustausch zwischen Populationen), auf der X-Achse die geographische Distanz (durchs Wasser, nicht Luftlinie).

4.4.4 Barben (*Barbus spp.*)

Barbus war die vierthäufigste Fischgattung in den Proben von Progetto Fiumi und wurde meist in den Flüssen der tieferen Lagen gefangen.

In der Schweiz wurden in dieser Gattung bislang drei Arten identifiziert, *Barbus barbus* im Rhein- und Rhone-Einzugsgebiet, *B. caninus* und *B. plebejus* im Po-Einzugsgebiet. In Europa wurden noch viele andere Arten beschrieben, aber wie bei *Squalius*, ist ihr Verbreitungsgebiet meistens weit von der Schweiz entfernt und es ist demnach unwahrscheinlich, diese in der Schweiz anzutreffen. Basierend auf den Genanalysen der Progetto Fiumi Fische, erscheint es als wahrscheinlich, dass *B. barbus* im Po-Einzugsgebiet eingeführt wurde. Andere Autoren haben ebenfalls schon vor einigen Jahren gezeigt, dass es zur Einführung von *B. barbus* in Italien kam, und die Art dort mit *B. caninus* hybridisiert. Bezüglich dem Grad der Hybridisierung und den ökologischen Interaktionen zwischen diesen Arten bedarf es weiterer Forschung.

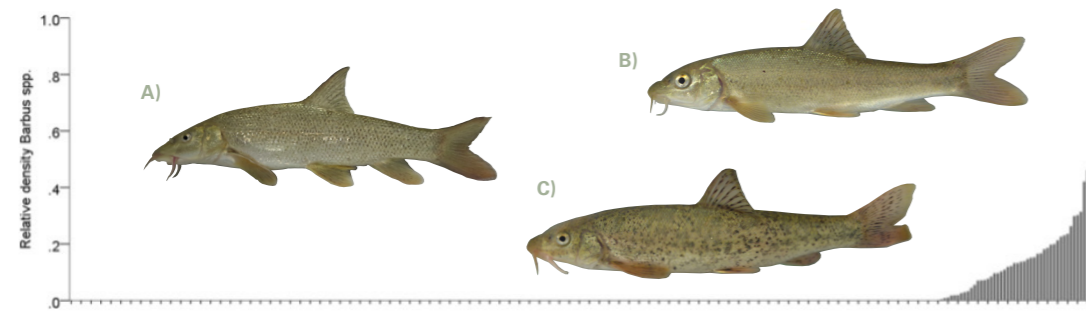
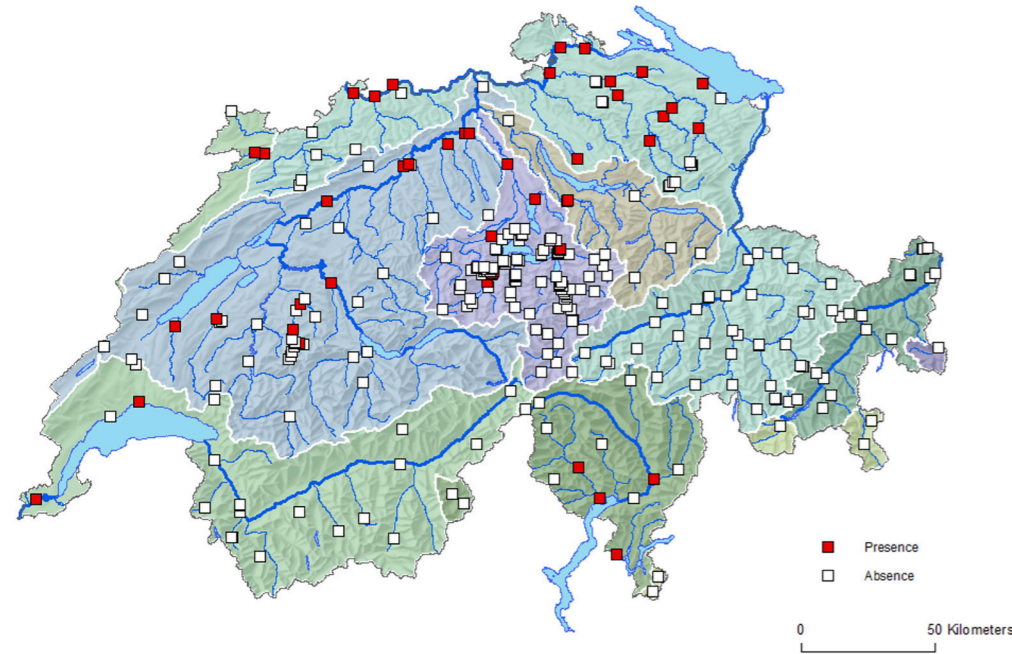


Abb. 4.4.6: Relative Abundanz (von der höchsten zur niedrigsten) von *Barbus spp.* in allen Progetto Fiumi Standorten. Die Bilder stellen A) *B. barbus*, B) *B. plebejus* und C) *B. caninus* dar.



Karte zum Vorkommen von *Barbus spp.* basierend auf den Daten des Progetto Fiumi.

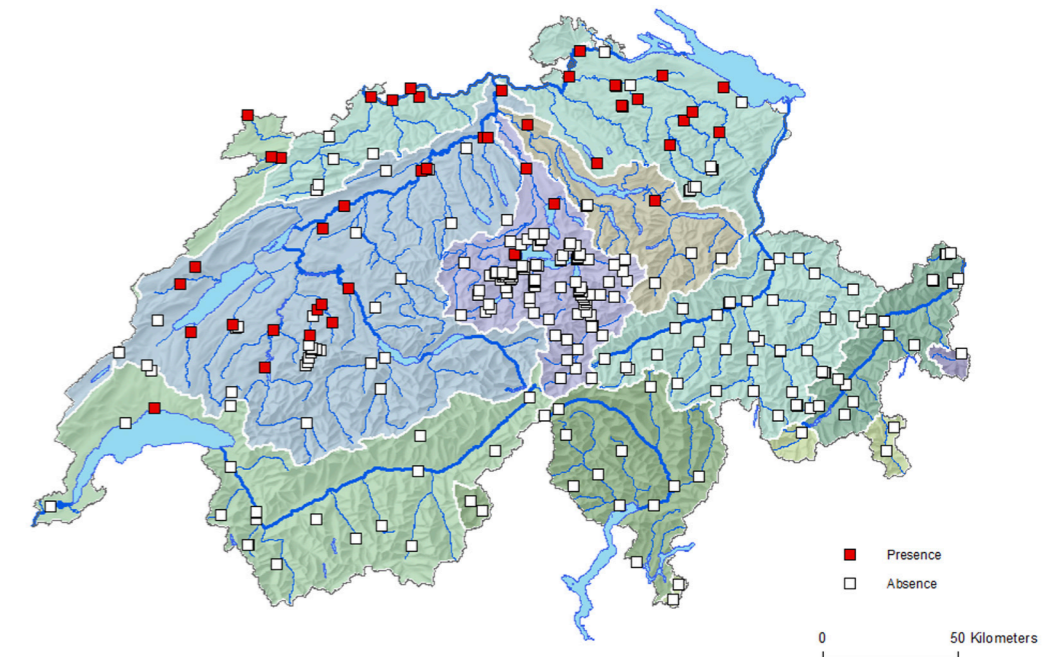
4.4.5 Bachschmerlen (*Barbatula spp.*)

Die Gattung der Bachschmerlen ist in den Progetto Fiumi Proben gut repräsentiert, an einige Standorten waren Schmerlen sogar die häufigste Art. In der Schweiz sind sie in allen Einzugsgebieten mit Ausnahme von Po und Etsch nachgewiesen worden.

Alle Bachschmerlen der Schweiz wurden bis vor kurzem als *Barbatula barbatula* identifiziert und man glaubte, dass die Verbreitungsgebiete anderer Arten relativ weit von der Schweiz entfernt sind (Kottelat & Freyhof 2007). Phylogenetische Studien der letzten Jahre haben aber gezeigt, dass *Barbatula* in Zentraleuropa aus mehreren sehr alten evolutionären Linien besteht, bei denen es sich wahrscheinlich um unerkannte «kryptische» Arten handelt (Kottelat & Freyhof 2007). Genanalysen von Bachschmerlenproben des Progetto Fiumi und des Projet Lac ergaben, dass es in der Schweiz drei eigenständige mitochondriale Linien gibt, welche höchstwahrscheinlich auf drei verschiedene Arten hindeuten. Eine davon ist *B. quignardi*. Ihr Verbreitungsgebiet wurde bisher als auf den Süden Frankreichs westlich der Rhone beschränkt angesehen, aber in unseren Projekten wurde diese Art auch im Lac de Chalain und im Genfersee (Projet Lac) und im Fluss Allaine (Progetto Fiumi) gefangen. Darüber hinaus wurden in allen grossen Seen des Aare und Limmat Systems eine Linie von *Barbatula* nachgewiesen, die mit *B. quignardi* verwandt ist, jedoch von ihr mehrere Millionen Jahre differenziert ist. Gleichzeitig wurde in allen anderen Flüssen derselben Region, sowie in Genfersee und Bodensee, welche ausserhalb des Aareinzugs liegen, eine noch weiter entfernt-verwandte Linie gefunden (Alexander & Seehausen 2021). Beide Linien koexistieren im Fluss Sense und im Zürichsee.



Abb. 4.4.7: Relative Abundanz (von der niedrigsten zur höchsten) von *Barbatula spp.* in allen Progetto Fiumi Standorten.



Karte zum Vorkommen von *Barbatula spp.* basierend auf den Daten des Progetto Fiumi.

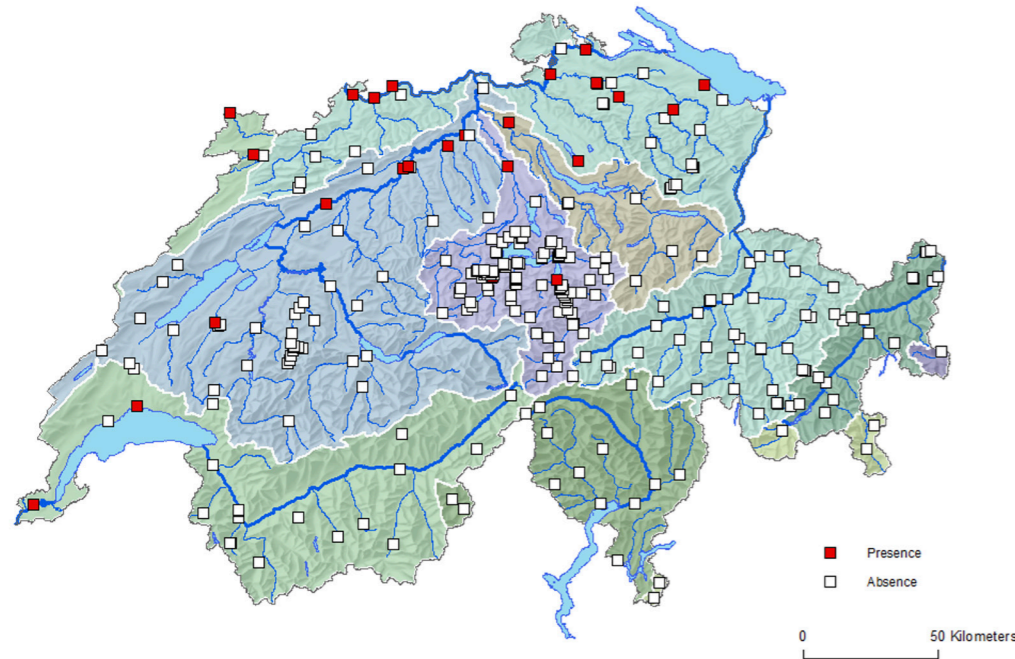
4.4.6 Gründlinge (*Gobio spp.*)

Insgesamt wurden in Rhein- und Rhone-Einzugsgebieten 570 Gründlinge gefangen, während weder im Donau- noch im Po-Einzugsgebiet Gründlinge gefangen wurden. Daten der Info Fauna (<https://lepus.unine.ch>) zeigen aber auch ein Vorkommen im Po-Einzugsgebiet, wobei zu klären bleibt, um welche Art es sich handelt. Am häufigsten waren sie in relativ langsam fließenden Tieflandflüssen auf maximal 476 m ü. M. anzutreffen.

Bis vor kurzem wurde angenommen, dass nur eine Art von Gründlingen (*Gobio gobio*) in der Schweiz vorkommt. Genanalysen von Gründlingen, gefangen im Projet Lac und im Progetto Fiumi, haben ergeben, dass im Bodensee und seinen Zuflüssen auch die Mitochondrien-Linie des Donaugründlings *G. obtusirostris* auftritt (in Sympatrie mit der Mitochondrien-Linie des *G. gobio*). Künftige Forschungsarbeit sollte sich die Frage stellen, ob die beiden Arten in genetisch getrennten Populationen in Sympatrie auftreten oder ob sie Hybridzonen in ihrem geografischen Überlappungsgebiet ausbilden. Wenn Gründlinge im Einzugsgebiet des Pos natürlicherweise vorkommen, dann sollte es sich dort um die Art *Romanogobius benacensis* handeln. Fische aus dem Po sollten also dringend untersucht werden.



Abb. 4.4.8: Relative Abundanz (von der niedrigsten zur höchsten) von *Gobio spp.* in allen Progetto Fiumi Standorten.



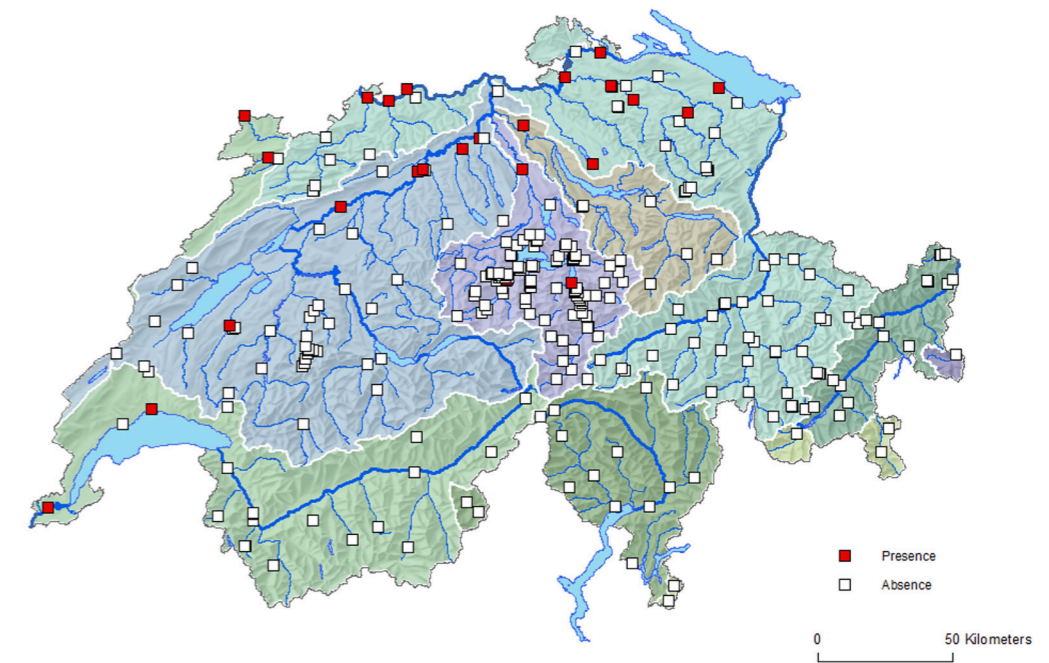
Karte zum Vorkommen von *Gobio spp.* basierend auf den Daten des Progetto Fiumi.

4.4.7 Schneider (*Alburnoides bipunctatus*)

Im Rahmen des Projekts wurden 569 Schneider im Rhein-Einzugsgebiet gefangen. Wie viele andere Cypriniden wurde der Schneider meist in grösseren Tieflandflüssen, und auf maximal 507 m ü.M. gefangen. Im Unterschied zu den meisten anderen häufigen Fischen in den Schweizer Flüssen und Bächen gibt es vom Schneider nur eine Art und soweit wir wissen auch nur eine genetische Linie in der Schweiz.



Abb. 4.4.9: Relative Abundanz (von der niedrigsten zur höchsten) von *Alburnoides bipunctatus* in allen Progetto Fiumi Standorten.



Karte zum Vorkommen von *Alburnoides bipunctatus* basierend auf den Daten des Progetto Fiumi.

4.4.8 Elritzen (*Phoxinus spp.*)

Über alle Einzugsgebiete wurden 534 Elritzen (*Phoxinus spp.*) gefangen. Nur in den Einzugsgebieten von Inn und Etsch konnten keine *Phoxinus* nachgewiesen werden. Verglichen mit anderen Cypriniden, sind Elritzen auch in grösseren Höhen anzutreffen. Im Progetto Fiumi wurden Elritzen fast bis zu 1'000 m ü. M. gefangen. Darüber hinaus existieren Elritzen auch noch in weitaus höheren Lagen, in Gebirgsseen, wo sie unter anderem versehentlich mit Köderfischen oder auch beabsichtigt als Futterfisch für Salmoniden eingeführt wurden.

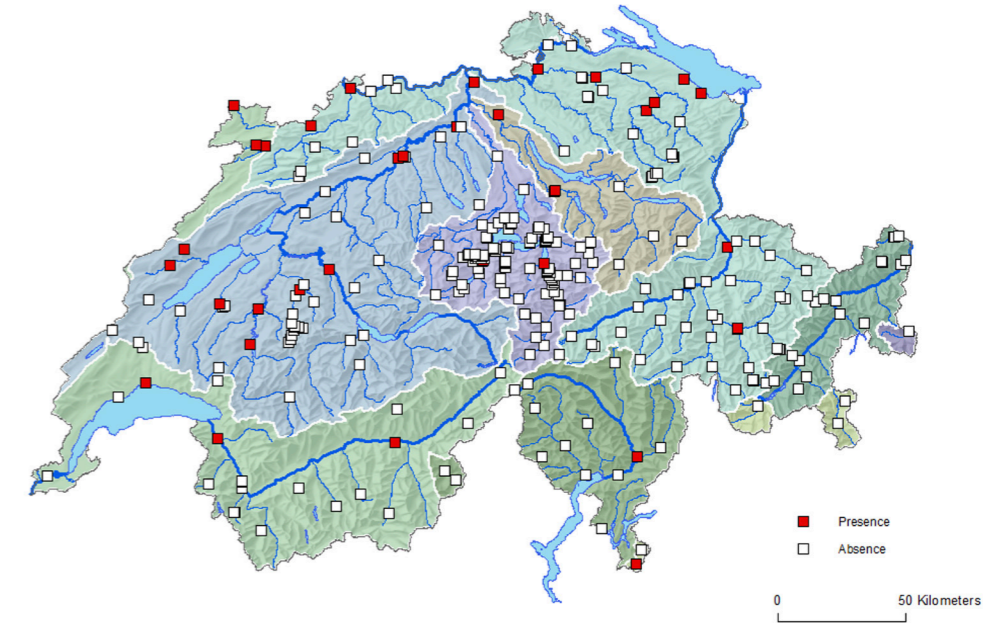


Abb. 4.4.10: Relative Abundanz (von der niedrigsten zur höchsten) von *Phoxinus spp.* in allen Progetto Fiumi Standorten.

Bis vor Kurzem wurden für die Schweiz nur zwei Elritzenarten, *P. phoxinus* und *P. lumaireul*, angenommen (Kotelat & Freyhof 2007). Laut «Info Fauna» (<https://lepus.unine.ch/>) bewohnt *P. phoxinus* alle Einzugsgebiete mit Ausnahme des Po-Einzugsgebiets, in welchem *P. lumaireul* angenommen (und daher allen Elritzennachweisen zugeordnet) wird. Jedoch zeigen genetische Analysen aller Elritzen-Populationen des Progetto Fiumi und Projet Lac, dass trotz umfangreicher Beprobung in beiden Projekten keine *Phoxinus phoxinus* gefunden wurden (Roth 2020). Entgegen den Erwartungen gehören die Elritzen drei anderen Arten an, die alle in Palandačić et al. 2017 beschrieben sind: Die französische Elritze, *P. septimaniae* wurde zuvor nur im südlichen Frankreich vermutet. Im Progetto Fiumi fanden wir diese Art aber unter anderen in der Allaine, der Birs, der Aareuse, in Zuflüssen zum Genfersee, sowie in der Aare unterhalb des Thunersees und bis zur Mündung in den Rhein, wobei sie an allen diesen Standorten die einzige oder bei weitem häufigste Elritzenart war. Ausserdem fanden wir diese Art zusammen mit der Donau-Elritze in Teilen des westlichen Aare-Einzugs (Sense, Saane) sowie im Projet Lac im Silsersee und im Lago di Poschiavo.

Die Donau-Elritze *P. csikii* war bislang nur aus dem Donau-Einzugsgebiet und vom Balkan bekannt. Die genetischen Untersuchungen von Progetto Fiumi und Projet Lac zeigen nun aber, dass dieses die am weitesten verbreitete Elritzenart des Schweizer Rhein- und Aare-Einzugs ist. Innerhalb dieser Art fanden wir zwei deutlich unterscheidbare genetische Linien, von denen die östliche im Bodenseeeinzug und der Thur vorkommt, sowie in Silsersee und Lago di Poschiavo, wobei in beiden Seen auch die französische Elritze anzutreffen ist. Die westliche Linie bewohnt die grossen sub- und prealpinen Seen des gesamten Aare-Einzugs, während sie in den Flüssen von der französischen Elritze ersetzt ist, oder aber beide Arten gemeinsam vorkommen. In Walensee und Vierwaldstättersee scheinen die westliche und die östliche Linie gemeinsam aufzutreten. Ausserhalb von Rhein und Aare-Einzug wurde die Art noch im Stockalperkanal (Wallis) und im in einem nördlichen Zufluss zum Genfersee gefunden.

Von der im Tessin erwarteten italienischen Elritze *P. lumaireul*, fanden wir nur ein einziges Tier im Ticino. Zudem wurde im südlichen Tessin (Breggia) eine unbeschriebene Art genetisch nachgewiesen, welche in der Literatur als *P. sp.* «Morella» bezeichnet wird und unter anderem in Tschechien und Deutschland (Palandačić et al. 2017) beheimatet ist. Ökologie, phänotypische Differenzierung und potenzielle Hybridisierung der Elritzen Arten sollten Gegenstand künftiger Forschung sein.



Karte zum Vorkommen von *Phoxinus spp.* basierend auf den Daten des Progetto Fiumi.

4.5 Arten der Roten Liste

Von den mehr als 50 Arten, die im Progetto Fiumi nachgewiesen wurden, fallen 17 in die drei Kategorien der bedrohten Arten (Abb. 4.5.1). Der ebenfalls gefangene Lachs (*Salmo salar*) gilt in der Schweiz als ausgestorben, weil es keine selbsterhaltende Population mehr gibt und es sich lediglich um Jungfische aus Besatz handelt. Die detaillierte Liste befindet sich im Anhang dieses Berichts. Wie bereits erwähnt, sind die Artbestimmungen noch nicht sicher und müssen daher mit einer gewissen Vorsicht gehandhabt werden.

Ähnlich wie bei nicht-heimischen Arten, ergibt sich auch bei den Rote-Liste-Arten kein einheitliches Bild bezüglich Häufigkeit und relativer Abundanz (Abb. 4.5.2). Es gibt Arten, die nur an wenigen Standorten vorkommen, dort dafür in grosser Anzahl. Andere sind nur lokal verbreitet und treten dazu noch in geringer Abundanz auf, wie zum Beispiel die Hundsbärbe *Barbus caninus*. Wieder andere Arten kommen an relativ vielen Standorten vor, teils auch in grosser Anzahl. An manchen Standorten wird von einer Art nur ein Individuum gefangen, an einem anderen Standort hingegen weit über hundert (z.B. *Alburnoides bipunctatus*).

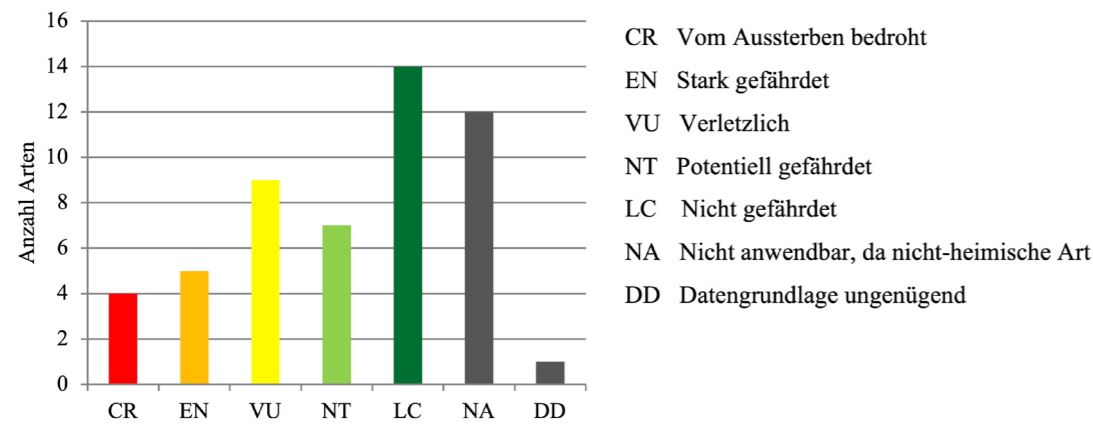


Abb. 4.5.1: Relativ Gefährdungsstatus der in Progetto Fiumi gefangenen Fischarten nach IUCN-Kriterien. Die IUCN-Kriterien entsprechen die VBGF Kriterien wie folgt: CR = 1; EN = 2; VU = 3; NT = 4 und LC = 5.

Viele der Fischarten der Fließgewässer der Schweiz sind bedroht (VBGF Anhang 1, in Kraft seit 1.1.2021). Diese Tatsache unterstreicht die Wichtigkeit von Fließgewässer-spezifischen Naturschutz-Massnahmen. Es muss in diesem Zusammenhang jedoch betont werden, dass viele Arten in Fließgewässern sowie in Seen vorkommen und einige Arten für ihren Lebenszyklus sowohl Flüsse wie auch das Meer benötigen. In diese Gruppe gehören zum Beispiel der Aal und der Lachs. Die Langdistanz-Wanderer gehörten denn auch zu den ersten, die aufgrund der Flussverbauungen und Wasserkraftanlagen in der Schweiz ausgestorben sind (Lachs, Stör, Meerforelle, Maifisch). Bei wieder anderen Arten scheint es so, dass ein Teil der Population zwischen Fließgewässern und Seen wandern. Die Forellen, bei denen wandernde Seeforellen und residente Bachforellen in der gleichen Population vorkommen, sind hier wohl das bekannteste Beispiel. Aber auch bei anderen Arten wandern einige Individuen mit einer gewissen saisonalen Regelmässigkeit zwischen Fließgewässern und Seen. Noch wissen wir jedoch relativ wenig über die Bedeutung dieser Wanderungen.

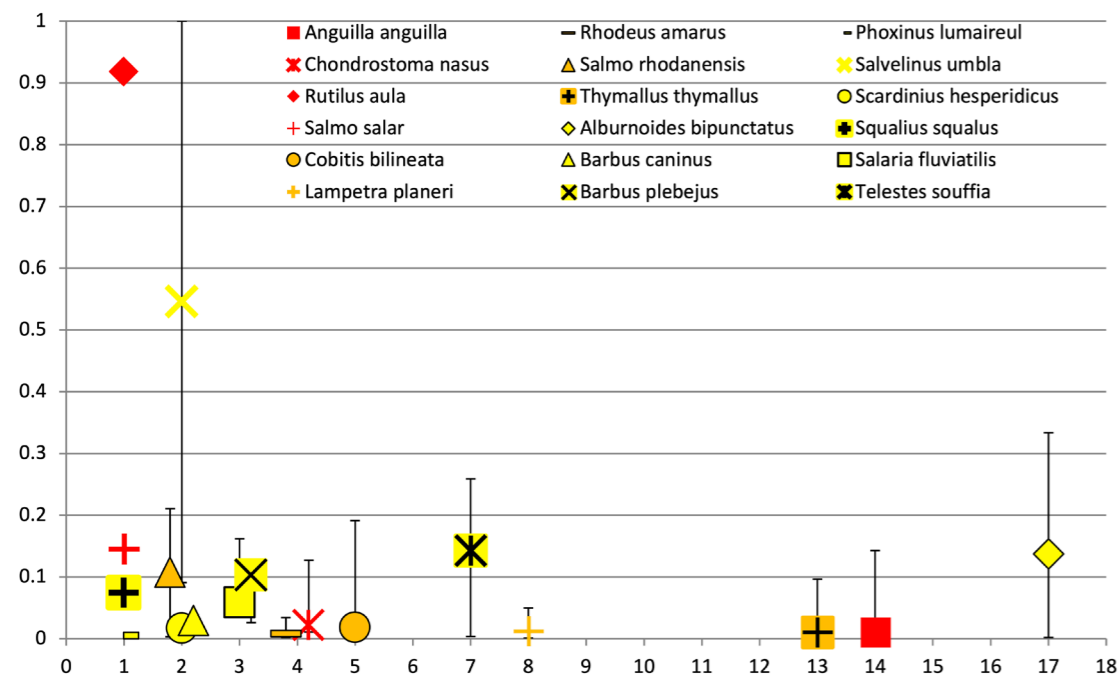


Abb. 4.5.2: Häufigkeit und relative Abundanz von Rote-Liste-Arten. Auf der x-Achse ist die Häufigkeit dargestellt, als Anzahl Standorte, an denen die Art vorkommt. Auf der y-Achse ist die relative Abundanz dargestellt, mit Median (Symbol), und maximaler und minimaler relativer Abundanz pro Standort. Für eine bessere Übersicht sind die Symbole mit gleichem x-Wert horizontal etwas versetzt dargestellt. Rote Symbole = CR, orange = EN, gelb = VU. Es ist wichtig anzumerken, dass die visuelle Artbestimmung im Feld gemacht wurde und damit nicht sicher ist (siehe Bemerkung in Text). Zum Beispiel ist der in der Graphik angezeichnete *P. lumaireul* durch molekulare Analysen schon als eine andere *Phoxinus*-Art identifiziert (siehe Kapitel 4.4).

4.6 Gebietsfremde Arten

Insgesamt wurden 11 Arten nachgewiesen, die in der Schweiz als gebietsfremd gelten, verteilt über 26 Standorte. Im Folgenden wird auf die einzelnen Arten kurz eingegangen.

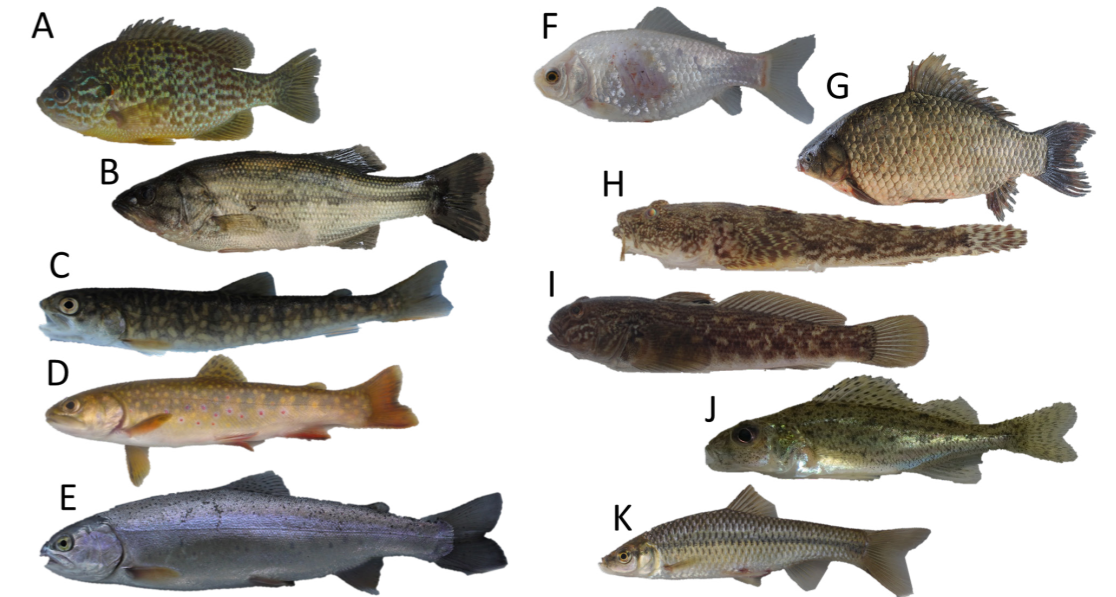


Abb. 4.6.1: In der Schweiz gebietsfremde Arten. Die Arten in der linken Spalte (A–E) stammen aus Nord Amerika. Die Arten in der rechten Spalte (F–K) stammen aus Eurasien. A: Sonnenbarsch (*Lepomis gibbosus*); B: Forellenbarsch (*Micropterus salmoides*); C: Amerikanischer Seesaibling (*Salvelinus namaycush*); D: Bachsaibling (*Salvelinus fontinalis*); E: Regenbogenforelle (*Oncorhynchus mykiss*); F: Goldfisch (*Carassius auratus*); G: Giebel (*Carassius gibelio*); H: Kesslergrundel (*Neogobius kessleri*); I: Schwarzmundgrundel (*Neogobius melanostomus*); J: Kaulbarsch (*Gymnocephalus cernua*); K: Blaubandbärbling (*Pseudorasbora parva*).

- Schwarzmundgrundel (*Neogobius melanostomus*) und Kesslergrundel (*Neogobius kessleri*): Diese beiden Arten gehören zu einer Radiation von Grundeln, die bis in rezente Zeit endemisch im Schwarzen und Kaspischen Meer und deren Zuflüssen waren. Mehrere der Arten haben in den letzten Jahrzehnten über den Rhein-Donaukanal den Rhein erreicht, und diese zwei Arten haben ihre Verbreitung inzwischen bis Basel ausgedehnt und kommen dort in sehr hohen Dichten in den Hafengebieten vor (*N. melanostomus* ist dabei viel häufiger als *N. kessleri*). Unsere Probenahmen fanden im Herbst 2016 statt. Zu diesem Zeitpunkt kamen die beiden Schwarzmeergrundeln nur bis zum Kraftwerk Rheinfelden vor. Oberhalb des Kraftwerks wurden keine Exemplare gefangen. In Abb. 4.6.2 ist ersichtlich, dass die Schwarzmeergrundeln ungefähr 20% der gefangenen Fische ausmachten. Betrachtet man jedoch nur das Habitat, in dem sie vorkommen, machen sie dort bis zu 90% aus. Der untersuchte Flussabschnitt ist stark anthropogen beeinträchtigt aufgrund der Wasserkraftanlagen.
- Sonnenbarsch (*Lepomis gibbosus*): Der nordamerikanische Sonnenbarsch wurde an neun Standorten nachgewiesen. Sieben davon befinden sich im Staubereich eines Wehrs, direkt darunter, oder in sehr langsam fließenden Gewässern. Zwei Standorte bilden die Ausnahme, nämlich die Reuss bei Bremgarten (im fließenden Bereich) und der Ticino oberhalb der Moesa-Mündung. Teilweise kommt der Sonnenbarsch in relativ hohen Dichten vor, dies jedoch nur in den seeähnlichen Habitaten.
- Regenbogenforelle (*Oncorhynchus mykiss*): Diese Art wurde an fünf Standorten nachgewiesen. Es ist bekannt, dass sich im Alpenrhein eine erfolgreich reproduzierende Population befindet. So wurden in den Mastliser Auen mehr als doppelt so viele Regenbogen- wie Bachforellen (*Salmo trutta*) gefangen, die gesamte Biomasse war sogar fünf Mal höher. In diesem Teil des Rheins etablierten sich die Regenbogenforellen und sind jetzt die lokal dominierende Art. In den übrigen Schweizer Fließgewässern sind die Bestände auf fortlaufende Besatzmassnahmen zurückzuführen. Die weiteren drei Standorte befanden sich in der Zentralschweiz, zwei davon sind unterhalb einer Fischzuchtanlage gelegen. In einem dieser Standorte waren die absoluten Fangzahlen und die Biomasse der Regenbogenforellen ebenfalls höher als die der Bachforellen.

- **Bachsaibling (*Salvelinus fontinalis*):** Diese Art stammt ebenfalls aus Nordamerika und wird in der Schweiz wie die Regenbogenforelle teilweise für die Angelfischerei ausgesetzt. Da der Bachsaibling an kälteres Wasser angepasst ist als die Bachforelle, hat er in höheren Lagen oftmals sich reproduzierende Populationen etabliert. In diesen Höhen kamen Bachforellen entweder gar nicht vor oder der Bachsaibling hatte gegenüber den Bachforellen einen Vorteil. Bachsaiblinge wurden im Rahmen von Progetto Fiumi an vier Standorten gefangen, drei davon in einer Höhe von 1'400–2'200 m.ü.M (Ticino Nufenenpass, Flüelabach Flüelapass, Grosse Schliere Schwendi). Der vierte Standort ist das Leewasser in Brunnen. An manchen Standorten sind Bachsaiblinge die dominante Art, an anderen Orten kommen sie nur in sehr geringen Dichten vor (siehe Abb. 4.6.2).
- **Kaulbarsch (*Gymnocephalus cernua*):** Das ursprüngliche Verbreitungsgebiet des Kaulbarschs reicht von Mittel-/Nord-/Osteuropa bis nach Sibirien. Bis vor einigen Jahrzehnten kam er im Rhein nur bis in den Raum Basel vor, hat danach aber sukzessive die Schweizer Gewässer des Rhein- und unteren Aare-Einzugs besiedelt. Sehr wahrscheinlich wurde die Ausdehnung der Verbreitung durch den Menschen mit verursacht (Transporte, Besatzmassnahmen). Die Meinungen, ob die Art heimisch ist oder nicht, gehen auseinander. In diesem Bericht wird sie als gebietsfremd behandelt, da sie in jedem Fall an den meisten Standorten standortsfremd ist. Der Kaulbarsch wurde an drei Standorten, jeweils in der Nähe eines Sees nachgewiesen (zwei Standorte beim Alpnachersee und einer beim Greifensee). Es wurden jeweils nur einzelne Individuen gefangen.
- **Giebel (*Carassius gibelio*):** Dieser ursprünglich aus Eurasien stammende Karpfenfisch, dessen natürliches Verbreitungsgebiet nur unzulänglich bekannt ist, ist die Schwesterart des wilden Goldfisches. Sie wurde an drei Standorten gefangen: zwei Standorte befinden sich im Staubereich eines Wehres (Aare Ruppoldingen und Rhône Verbois), einer im Rhein bei Diessenhofen. Es wurden jeweils nur einzelne Individuen gefangen.
- **Blaubandbärbling (*Pseudorasbora parva*):** Diese Art stammt aus Ost-Asien und wurde in Progetto Fiumi nur im Rhein bei Ellikon gefangen. Dort war er zusammen mit dem Schneider (*Alburnoides bipunctatus*) jedoch die meistgefangene Art.
- **Goldfisch (*Carassius auratus*):** Ein Exemplar (domestizierte Form) wurde in der Pissevache im Wallis gefangen. Diese Fische werden als Aquarien- und Teichfische gehalten und oft in natürlichen Gewässern ausgesetzt.
- **Forellenbarsch (*Micropterus salmoides*):** Dieser räuberische Sonnenbarsch ist in Nordamerika weit verbreitet, wo er bei den Anglern beliebt ist. Er lebt in stehenden oder langsam fliessenden Gewässern. In Rahmen von Progetto Fiumi wurde er nur an einem Standort nachgewiesen, in der Rhône im Staubereich der Barrage de Verbois.
- **Amerikanischer Seesaibling (*Salvelinus namaycush*):** In der Schweiz oft als «Kanadischer Seeforelle» genannt. Diese Nordamerikanische Art wurde ebenfalls für die Sportfischerei eingeführt und kommt meist in (Berg-) Seen vor. Das nachgewiesene Exemplar von Progetto Fiumi wurde im Flüelabach auf dem Flüelapass gefangen, unterhalb des Lai da la Scotta.
- **Dreistachliger Stichling (*Gasterosteus aculeatus*):** Von dieser Gattung kommen in der Schweiz mehrere Arten vor, die bis vor kurzem alle unter dem Namen *G. aculeatus* betrachtet wurden. Während der vollständig beschriebene Stichling *G. aculeatus* aber erst um 1870 aus dem östlichen Mitteleuropa über den Bodensee in die Schweiz gelangte, sind zwei separate Abstammungslinien von unbeschilderten Stichlingen (taxonomisch derzeit beide als *G. gymnurus* bezeichnet) je in einem kleinen Teil der Schweiz heimisch: eine nordwesteuropäische Linie kam bei Basel vor und eine mediterrane Linie in Zuflüssen zum Lago Maggiore (Lucek et al. 2010). Um 1870 wurde zusätzlich noch eine Abstammungslinie des unbeschilderten Stichlings aus der mittleren Rhône in den Genfersee eingeführt (Lucek et al. 2010). Die zwei Linien nordwesteuropäischer *G. gymnurus*, sowie die im Bodensee eingeführten *G. aculeatus* haben sich im Laufe der letzten 100 Jahre weit ins Schweizer Mittelland ausgedehnt und formen eine breite Hybridzone, welches zu beginnender Artbildung an mehreren Orten in der Schweiz beigetragen hat (Marques et al. 2016, 2019). Aufgrund dieser Sachlage ist unklar, ob die Hybridpopulationen von Stichlingen, welche zwischen Neuenburgersee und Zuflüssen des Bodensees weit verbreitet sind, als gebietsfremd für die Schweiz betrachtet werden sollen oder nicht. Auf jeden Fall aber sind sie an allen Standorten, ausser Basel und Lago Maggiore, standortfremd.

An den meisten von den Standorten mit mindestens einer gebietsfremden Art kam nur eine gebietsfremde Art vor. Bloss an vier Standorten wurden mindestens zwei solche Arten nachgewiesen, wovon sich drei im Staubereich eines Wehres befinden und einer direkt unterhalb eines Sees. Zusammenfassend lässt sich sagen, dass sich nicht alle gebietsfremden Arten gleich verhalten: einige Arten sind zwar in ihrer Verbreitung lokal begrenzt, kommen aber in sehr hohen Dichten vor und haben somit einen grossen Einfluss auf die Zusammensetzung der Artgemeinschaft und die interspezifische Konkurrenz. Andere sind relativ weit verbreitet, machen jedoch überall nur einen kleinen Teil der lokalen Fischgemeinschaft aus (Abb. 4.6.1). Die meisten gebietsfremden Arten kommen in Staubereichen, langsam fliessenden Gewässern oder in der Nähe von Seen vor oder werden durch Besatzmassnahmen erhalten.

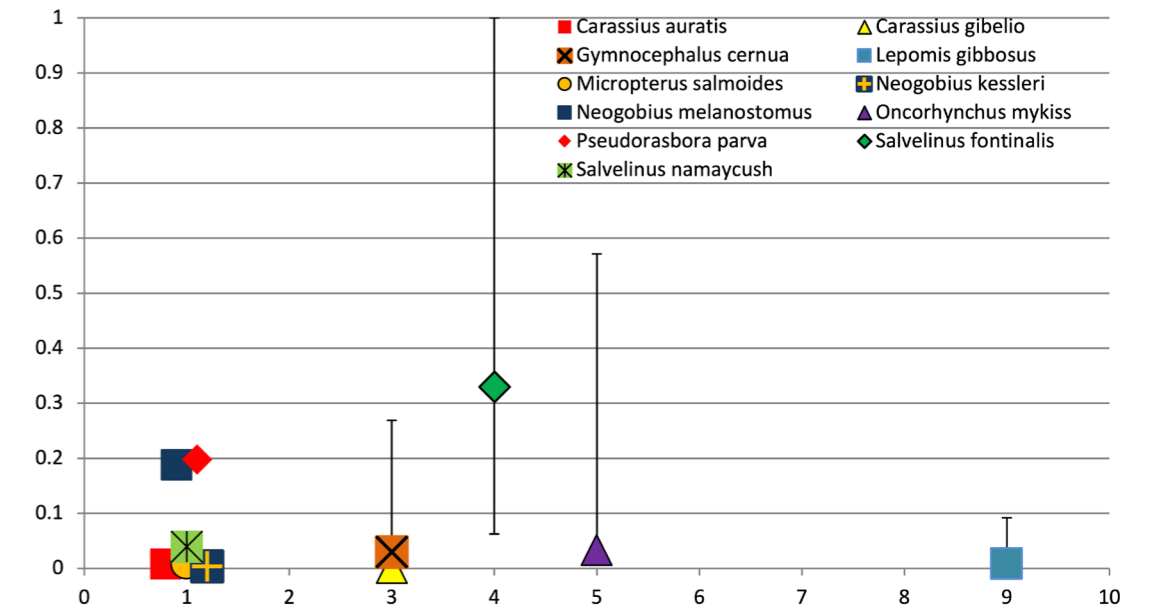


Abb. 4.6.1: Häufigkeit und relative Abundanz von gebietsfremden Arten. Auf der x-Achse ist die Häufigkeit dargestellt, als Anzahl Standorte, an dem eine Art vorkommt. Auf der y-Achse ist die relative Abundanz dargestellt, mit Median (Symbol), und maximaler und minimaler relativer Abundanz pro Standort. Für eine bessere Übersicht sind die Symbole mit gleichem x-Wert horizontal etwas auseinandergezogen.

4.6.1 Standortfremde Arten

Gebietsfremde Arten in Schweizer Fliessgewässern beschränken sich nicht auf solche Arten, die ursprünglich nicht in der Schweiz vorkamen, sondern auch viele Fischarten der Schweiz sind in Teilen der Schweiz standortfremd. Die biogeographischen Regionen sind nicht durch nationale Grenzen festgelegt. Da Fische in der Vergangenheit aber innerhalb nationaler Grenzen oftmals verschoben wurden, sind viele Fischarten jetzt in Einzugsgebieten zu finden, wo sie natürlicherweise nicht vorkamen. In Fliessgewässern ist die häufigste gebietsfremde Art wahrscheinlich die Atlantische Forelle (*Salmo trutta*), die jetzt auch im Doubs- und im Po Einzugsgebiet zahlreich auftritt und viele Standorte dort zahlenmässig dominiert (siehe auch Kapitel 4.4.1). Andere Beispiele, die im Progetto Fiumi nachgewiesen wurden, sind *Barbus barbus* und *Rutilus rutilus* im Po-Einzugsgebiet und verschiedene *Phoxinus*-Arten, die über ihr natürliches Verbreitungsgebiet hinaus verbreitet wurden. Diese und weitere Fälle wurden auch im Proje Lac-Daten dokumentiert (Alexander & Seehausen 2021).

4.6.2 Unterschiedliche Effekte des Fischbesatzes

Fischbesatz ist seit mehreren hundert Jahren auch in der Schweiz verbreitet. Heutzutage werden noch jährlich Millionen von Fischen in Aquatische Ökosysteme in der Schweiz eingesetzt. Sowohl der historische Besatz wie auch der heutige haben Einfluss auf die Fischbiodiversität in den Fliessgewässern. Diese Effekte kann man grob in vier Kategorien aufteilen:

1. Präsenz in Regionen ausserhalb vom natürlichen Ausbreitungsgebiet. Solche sind in der Schweiz schon sehr bekannt und können oft durch das Aussehen oder mit genetische Analysen der Mitochondrien DNA (z.B. sogenannte Bar Coding) identifiziert werden. Die gebietsfremden und die standortfremden Arten gehören in diese Kategorie.
2. Präsenz an Standorten innerhalb des natürlichen Ausbreitungsgebiets, die nur durch den Besatz verursacht ist. Obwohl eine Art natürlich in einem Einzugsgebiet vorkommt, heisst es nicht, dass sie doert überall vorkommt. Natürliche Wanderhindernisse verhindern, dass alle Arten überall im Einzugsgebiet vorkommen. Es ist generell sehr schwierig diesen Fall nachzuweisen.
3. Genetische Mischung von Populationen. Der Besatz von Individuen aus nicht-lokalen Populationen kann zu einer Vermischung der Populationen führen. Das passiert, wenn sich eingesetzte Individuen mit der lokalen Population fortpflanzen. Die kann potentiell zum Verlust von lokalen Anpassungen führen. Solche Effekte sind oft mit genetischen Methoden (z.B. Mikrosatelliten-Analysen) zu identifizieren.
4. Direkte Effekte von Besatz an Populationsstrukturen, z.B. der Fischdichte oder Grössenstruktur. Solche Effekte sind oft das Ziel von Besatz, d.h. die lokale Anzahl von Fischen einer Art zu erhöhen. Das heisst aber auch, dass es ein Risiko gibt, die Fischgemeinschaftsstruktur zu modifizieren. Die eingesetzten Individuen werden das lokale Nahrungsnetz als Prädatoren, als Konkurrenten oder als Beute beeinflussen.

Insgesamt können die Biodiversitätserhebungen in Progetto Fiumi vielseitig von Besatz beeinflusst worden sein. Es lag ausserhalb des Rahmens des Projekts, diese Auswirkungen zu bewerten, aber zukünftige, insbesondere genetische Analysen des gesammelten Materials werden Licht auf viele solcher Auswirkungen werfen.

4.7 Entwicklung genetischer Marker

Einige der Entdeckungen bisher unbekannter oder übersehener Arten (z.B. Kapitel 4.4), geschah zunächst durch Sequenz-Analysen von mitochondrialer DNA (sogenanntes Bar Coding). Mithilfe dieser Methode lassen sich evolutionäre Aufspaltungen erkennen, welche über lange Zeitspannen, lange vor der letzten Eiszeit, stattfanden. Mit dieser Methode lassen sich junge Arten, die z.B. am Ende der Eiszeit oder seit der Eiszeit entstanden sind (wie die Felchenarten in den Schweizer Seen) nicht unterscheiden. Der Bar Coding Abschnitt ist viel zu kurz, als dass er in so kurzer Zeit Mutationen hätte ansammeln können. Um junge Arten zu erfassen, müssten Methoden mit einer höheren Auflösung herangezogen werden. Die neue Generation der DNA-Sequenzierung (NGS) und speziell die Sequenzierung ganzer Genome erlauben die höchstmögliche Auflösung, sind aber noch recht kostenaufwendig, vor allem durch den Bedarf an speziell ausgebildeten Bioinformatikern. Aus diesem Grund erscheint es derzeit noch zu früh, um solche Methoden für Biodiversitätsmonitoring in diesem grossen Massstab einzusetzen. Bisher laufen nur Pilotprojekte in der Schweiz. Auf der anderen Seite ist die Mikrosatelliten-Analyse kostengünstig, bereits gut etabliert und die Auswertung bedarf keiner Bioinformatikkenntnisse. Zusammen mit Untersuchungen zum Phänotyp erlaubte uns die populationsgenetische Mikrosatelliten-Genotypenanalyse schon mehrere interessante neue Erkenntnisse zur Schweizer Fischbiodiversität (siehe Beispiel in Box 8). Dank populationsgenetischer Analysen können interessante Informationen nicht nur bezüglich nahe verwandter Arten, sondern auch über die Populationsstruktur innerhalb einer Art gewonnen werden.

Gerade bei Gattungen mit mehreren Arten, die äusserlich nicht ohne Weiteres identifiziert werden können, sind genetische Untersuchungen zur Identifikation auf Artebene äusserst hilfreich (z.B. *Barbus*, *Gobio*, *Phoxinus*). Für viele Arten sind solche Analysen jedoch nicht unmittelbar machbar, da noch keine genetischen Marker entwickelt wurden. Deshalb wurden für folgende Gattungen eigene Mikrosatelliten-Marker-Sets neu entwickelt oder existierende Sets angepasst: *Salmo* (21 Marker), *Cottus* (10), *Squalius* (9), *Gasterosteus* (10), *Esox* (18), *Barbatula* (5), *Phoxinus* (12) und *Gobio* (12). Diese Laborarbeiten wurden mit Hilfe der Proben aus Progetto Fiumi durchgeführt, waren jedoch nicht Teil des Projekts. Die Auswertungen der populationsgenetischen Untersuchungen sind zum gegenwärtigen Zeitpunkt noch nicht abgeschlossen, deshalb können an dieser Stelle keine Resultate vorgelegt werden. Wie oben beschrieben, wurden durch das Naturhistorische Museum Bern und die Eawag auch viele Proben von Proje Lac und Progetto Fiumi in einem DNA-Barcoding Projekt sequenziert. Durch die Kombination der beiden Methoden (Mikrosatelliten- und DNA-Barcoding) können die Individuen einer evolutionären Linie oder Art zugeordnet werden. Zudem wird ersichtlich, ob zwei Arten oder Linien miteinander hybridisieren.

Es wäre wünschenswert, wenn sich die entwickelten Markersets als Standard etablieren und von Behörden, Forschungsinstitutionen oder privaten Ökobüros in Zukunft ebenfalls verwendet werden. Dadurch wäre gewährleistet, dass verschiedene Untersuchungen vergleichbar sind und der Datenpool ständig wachsen kann.

Box 8: Punktlose Forellen

Die gesamte intraspezifische Diversität einer Art kann als die Summe aller ihrer Populationen angesehen werden. Für den Erhalt der gesamten Diversität ist es wichtig, die phänotypischen und genetischen Besonderheiten möglichst vieler dieser Populationen zu dokumentieren. Das hier vorgestellte Beispiel zeigt auf, wie solche speziellen Populationen identifiziert und dokumentiert werden können:

Durch die waadtländischen Behörden und Fischereiaufseher wurde die Eawag auf eine spezielle Population von Bachforellen aufmerksam gemacht. Diese kommt nur in der Bioleyre, einem kleinen Zufluss der Broye, vor. Im Oberlauf des Baches haben die Fische weder rote noch schwarze Punkte. Im unteren Teil des Baches kommen ausschliesslich die „normalen“ Forellen mit roten und schwarzen Punkten vor und dazwischen gibt es eine Zone, in welcher beide vorkommen, sowie intermediäre Phänotypen. Die Bioleyre wurde von uns an vier Standorten beprobt. Zusätzlich wurde ein nahegelegener Bach befischt, in den die punktlosen Forellen vor einigen Jahren eingesetzt wurden. Um herauszufinden, wer die nächsten Verwandten sind, wurden auch Forellen von zwei verschiedenen Standorten in der Broye untersucht (Abb. B 8.1). Aufgrund der Einzigartigkeit der punktlosen Forellen wurden sie nach der Vermessung, einem Foto und der Entnahme einer Flossenprobe für genetische Analysen wieder freigelassen.

Jeder Fisch wurde aufgrund des Phänotyps einer von drei Gruppen zugewiesen (viele Punkte = normal, keine Punkte = punktlos, ganz wenige Punkte = intermediär). Für die genetische Analyse spielte diese Zuteilung keine Rolle, die Information wurde erst für die Interpretation der genetischen Ergebnisse herangezogen. Insgesamt wurden 161 Forellen mithilfe von 21 Mikrosatellitenmarkern genotypisiert und anschliessend mit der Software «Structure» analysiert (Abb. B 8.2). Das robusteste Ergebnis der genetischen Populationsstruktur-Analyse ist eines bei der die Probe in zwei genetische Cluster (Gruppen) aufgeteilt wird. Diese beiden Cluster stimmen relativ gut mit den phänotypischen Gruppen überein. Die Referenz-Individuen aus der Broye sowie die Fische mit dem «normalen» Phänotyp aus Bioleyre und Corrençon werden jeweils mit einer hohen Wahrscheinlichkeit dem roten Cluster zugeordnet, während die punktlosen Forellen klar zum grünen Cluster gehören. Es gibt in beiden Gruppen jedoch einige Individuen, die nicht diesem Muster entsprechen. Vor allem an Standort 3, wo alle drei phänotypischen Gruppen vorkommen, können die meisten Individuen mit «normalem» Phänotyp keinem der beiden genetischen Cluster zugeordnet werden, es gibt dort aber sogar zwei Individuen des «normalen» Phänotyps, die genetisch ganz klar zur Gruppe der punktlosen Forellen gehören.

Die Resultate legen nahe, dass die punktlosen Forellen genetisch differenziert sind von den gepunkteten Populationen aus der Umgebung. Sehr wahrscheinlich kommt es an Standorten, wo beide Typen vorkommen, zu Hybridisierung und Genaustausch zwischen den punktlosen und den «normalen» Forellen. Dies würde erklären, weshalb z.B. einige gepunktete Forellen genotypisch zur punktlosen Gruppe zählen und umgekehrt. Ob sich diese Population mit ihrem speziellen Phänotyp in der Bioleyre entwickelt hat oder ob sie ursprünglich von einem anderen Ort stammt und hier eingeführt wurde, ist noch nicht abschliessend geklärt. Dafür müssen die Fische erst mit jenen aus der restlichen Schweiz verglichen werden. Dieses Beispiel zeigt gerade auf, wie wichtig eine schweizweite Sammlung mit genetischen Proben und Daten ist.

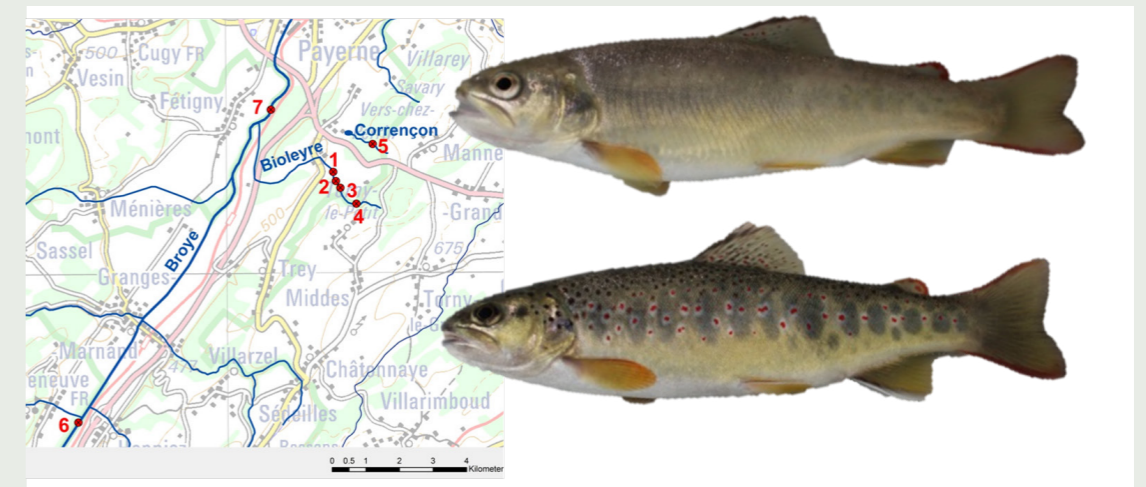


Abb. B 8.1: Links: Übersichtskarte der Probenahmen (Quelle: Bundesamt für Landestopographie (Art.30 Geo IV): 5704 000 000, reproduziert mit Bewilligung von swisstopo (JA100119)). Rechts: Phänotypen der beiden Forellentypen aus der Bioleyre.

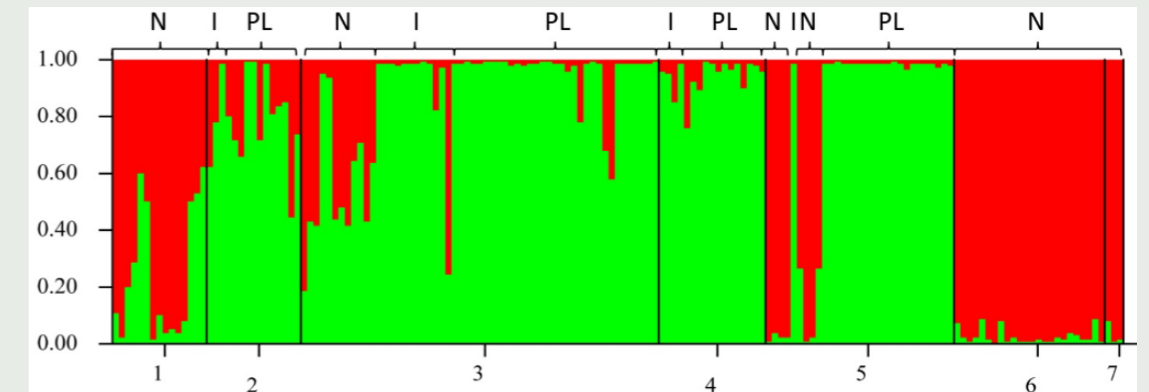


Abb. B 8.2: «Structure» Plot der genetischen Analyse. 1–7 entspricht den Probenahmestandorten von Abb. 23. Jeder vertikale Balken repräsentiert ein Individuum, die Farbe gibt die Wahrscheinlichkeit der Zugehörigkeit zum jeweiligen genetischen Cluster an. Die geschweiften Klammern oben am Diagramm zeigen die Phänotypen an: N = normal, I = intermediär, PL = punktlos.

5. Fazit

Das Progetto Fiumi wurde in erster Linie als Feldprojekt geplant, mit dem Ziel, eine Referenzsammlung von allen Fischen der Schweizer Fliessgewässer zu erstellen. Nebst konservierten Exemplaren jeder Art sollten Gewebeproben und noch weitere Proben genommen werden. Gemeinsam mit den korrespondierenden Umweltdaten, die während des Projekts an jedem Standort aufgezeichnet wurden, stellt diese Sammlung ein Grundlagedar für zukünftige, weitergehende Analysen der Fischbiodiversität der Fliessgewässer der Schweiz. In diesem Kapitel gehen wir zunächst auf die Projektziele ein, und in welchem Ausmass diese erfüllt wurden. Danach werden die Vorteile, sowie mögliche Schwierigkeiten, die in Zusammenhang mit unseren Methoden aufgetreten sind, erläutert. Abschliessend werden Empfehlungen zur zukünftigen Bewertung von Fischbiodiversität in Bächen und Flüssen abgegeben.

Eine Hauptaussage von Progetto Fiumi und den anschliessenden Analysen ist, dass eine Bewertung der Fischbiodiversität nicht auf Feldbeobachtungen allein beruhen kann. Ein Grossteil der Schweizer Fischdiversität bleibt dem Auge im Feld verborgen und kann nur durch nachfolgende, sorgfältige Analysen von genetischem Material und Phänotypen erfasst werden. Diese verborgene Diversität betrifft Arten, sowie distinkte Populationen innerhalb einer Art und spezielle Phänotypen/Genotypen innerhalb einer Population.

5.1 Projektziele

Oberstes Ziel von Progetto Fiumi war die Erhebung der Fischdiversität in den Schweizer Fliessgewässern, mit einem speziellen Fokus auf der innerartlichen Diversität. Dieses Ziel wurde erreicht: Die meisten in Flüssen und Bächen vorkommenden Fischarten konnten beprobt werden und die gewonnenen Daten sind von hoher Qualität. Durch die Ergänzung der Fischdaten und Fischsammlung durch Umweltvariablen und Umweltproben lassen sich die Fischdaten in einen ökologischen Kontext setzen und interpretieren. Im Pilotjahr 2013 wurden die Methoden entwickelt und standardisiert, danach wurden sie nicht mehr verändert, aber teilweise noch ergänzt. Dies ermöglicht die Vergleichbarkeit der gewonnenen Daten untereinander. Für die Vergleichbarkeit mit weiteren, zukünftigen Erhebungen wäre es wünschenswert, wenn diese Methoden als Standard angewendet würden. Untersuchungen der Fischbiodiversität in grösseren Flüssen müssen jedoch noch verbessert werden, mit dem Ziel eine repräsentative, standardisierte und vergleichbare Beprobung durchzuführen (siehe Sektionen 5.2.2 und 5.3.7).

Die Auswahl der Standorte erfolgte grösstenteils mithilfe von Kartenmaterial, ohne Berücksichtigung der lokalen Gegebenheiten. Dies ermöglichte eine unvoreingenommene Auswahl und spiegelt sich in der Heterogenität der Standorte wider: es wurden sehr natürliche und stark beeinträchtigte, artenreiche und vollkommen fischlose Standorte beprobt, sodass sich sehr viele verschiedene Gewässertypen in der Auswahl wiederfinden.

Für interne und externe WissenschaftlerInnen steht nun eine Sammlung mit ungefähr 50'000 Proben, mehr als 25'000 Fotos und ein reicher Datensatz zur Verfügung. Diese können für eine grosse Vielfalt von Fragen und Untersuchungen herangezogen werden. Auch hier spielt die grosse Anzahl an Standorten in allen Einzugsgebieten und ihre Heterogenität eine wichtige Rolle.

Besonders erfreulich und fruchtbar waren die Kooperationen mit Akteuren aus dem angewandten Bereich. Solche für beide Seiten vorteilhaften Kooperationen sollen und werden auch in der Zukunft weiterhin stattfinden.

5.2 Vor- und Nachteile der Methoden

5.2.1 Kompromisse im Projekt Design: Qualitative vs. quantitative Daten

Bei den Probenahmen für Progetto Fiumi wurde der Fokus auf die Dokumentation auf Stufe des einzelnen Fisches gelegt, um so allfällige Unterschiede und Besonderheiten zwischen- und innerhalb der Arten besser erkennen zu können. Von jedem Exemplar wurde so viel Information gesammelt, wie nur möglich. Im Vergleich dazu haben kantonale Behörden generell umfangreichere populationsspezifische Daten bezüglich vorkommender Arten, Populationsgrösse und Altersstruktur. Diese Erhebungen sind sehr zeit- und personalaufwändig, da eine relativ grosse Strecke abgefischt und sehr viele Fische prozessiert werden müssen. Gegenüber einer solchen standardmässigen Populationserhebung wurden bei Progetto Fiumi zwar weniger Fische pro Standort prozessiert, diese dafür aber viel umfangreicher dokumentiert.

5.2.2 Kompromisse im Projekt Design: Lokale Genauigkeit vs. regionale Abdeckung

Wie erwähnt war ein Ziel des Projekts eine repräsentative Erhebung für die gesamte Schweiz. Es wurden deshalb möglichst viele Standorte beprobt. Das ging auf Kosten der lokalen, quantitativen Genauigkeit für die Bestimmung der Populationsdichten und mit dem Risiko, dass seltene Arten nicht entdeckt werden. Dieser Kompromiss besteht möglicherweise bei jeder Bewertung von Biodiversität. Für jedes Projekt müssen, basierend auf den spezifischen Fragen, individuelle Entscheidungen getroffen werden. Da frühere und fortlaufende Monitoringprogramme von Fischgemeinschaften Daten mit relativ hoher lokaler Genauigkeit aber wenigen Standorten (z.B. NAWA Programm) generiert haben, wurde der Fokus des Progetto Fiumi früh auf eine Untersuchung einer möglichst breiten Anzahl an Standorten gelegt.

5.2.3 Quantitative Daten der grossen Flüsse

Bei Befischungen der grossen Flüsse mit der Streifenbefischungsmethode hat sich die Bestimmung der Populationsgrössen als schwierig gestaltet, da tiefere Stellen als 2 m nicht befischt werden konnten. Zudem werden grosse, kräftige Individuen oft nicht erfasst, da sie im offenen Wasser fliehen können. Um wirklich quantitative Daten zu erhalten, müssten weitere Fangmethoden mit einbezogen werden, die aber teilweise eine weitaus grössere Sterblichkeitsrate zur Folge hätten: Kiemennetze, Beach-Seining (halbkreisartig ausgelegte Netze, die ans Ufer gezogen werden) oder mit Elektrofang kombinierte Zugnetze (Trawling). Die Tatsache, dass z.B. kein einziger Zander (*Sander lucioperca*) oder auch kein adulter Brachsmen (*Abramis brama*) (beide bevorzugen offenes nicht-strukturiertes Habitat) gefangen wurde, zeigt, dass die angewendete Methode teils ein unvollständiges Bild der Artenzusammensetzung in grossen Flüssen gibt.

5.3 Empfehlungen und Ausblick

Basierend auf unseren Analysen und Beobachtungen können wir einige Empfehlungen für ein erfolgreiches Management der Fischdiversität in Schweizer Flüssen abgeben. Es soll hier noch einmal betont werden, dass das Progetto Fiumi eine neuartige Daten- und Probengrundlage für ein verbessertes Verständnis der Fischdiversität in Schweizer Flüssen liefert, welche es bisher so nie gegeben hatte.

5.3.1 Die Zentraleuropäische Fischtaxonomie benötigt eine gründliche Überarbeitung

Die Biodiversität der Fische in der Schweiz, sowie in Zentraleuropa, steht und wird auch in Zukunft, aufgrund des fortschreitenden Klimawandels, unter erhöhter Belastung stehen. Dieser Trend könnte gemeinsam mit anderen anthropogenen Stressoren schädliche Auswirkungen auf verschiedenste Bereiche der Fischdiversität haben. Durch die genetischen Analysen der im Progetto Fiumi und Proget Lac gesammelten Fische wurde ersichtlich, dass ein nicht unwesentlicher Teil der Fischdiversität innerhalb von Gattungen, zuvor entweder unzureichend oder gar falsch identifiziert wurde. Für die Bewertung, Vorhersage und Bekämpfung des Verlusts an Fischbiodiversität sind eine verlässliche Taxonomie auf Artniveau und ein gutes Verständnis der Prozesse, die der Diversität und ihres Erhalts zugrunde liegen, unverzichtbar. Mehrere Fischarten, die in der Schweiz vorkommen, sind nach wie vor nicht dokumentiert und einige sind wohl sogar noch unbeschrieben. Gerade diese müssten jedoch dokumentiert und auch ins Fischereigesetz aufgenommen werden.

5.3.2 Fokus auf Erkennung und Monitoring von «kryptischen» Arten

Einige der in der Schweiz zuvor nicht dokumentierten Arten sind den dokumentierten Arten äusserlich ähnlich (sogenannte «kryptische» oder «verborgene» Arten). Vielleicht gerade darum konnten diese Arten bisher unerkannt bleiben. Es ist zum Teil noch zu früh zu beurteilen, ob solche Arten auch präzise mit äusseren Merkmalen identifiziert werden können oder ob dafür stets genetische Analysen benötigt werden. Auf jeden Fall ist es wichtig, dass Monitoring Programme, wie das NAWA-Programm, dieser kryptischen Fischvielfalt in Zukunft Aufmerksamkeit schenken. Dies kann durch die Einbeziehung von genetischen Analysen in die Monitoring Programme erfolgen. Die meisten der in den letzten Jahren erkannten «kryptischen» Arten sind vor dem Pleistozän entstanden, also noch vor dem Beginn der letzten Eiszeit. Es sind also keine jungen Arten (im Gegensatz zu den adaptiven Radiationen der Felchen und Saiblinge) und sie sind daher oft schon mit einfachen genetischen Analysen wie dem DNA-Barcoding wenigstens grob zu identifizieren. Allerdings braucht es für die genaue Zuordnung eines Individuums dann meist noch weitere Arbeit, welche z.B. mit Mikrosatelliten-DNA machbar ist. Aus diesem Grund sind genetische Analysen für künftige Fisch-Monitorings vor allem bei Taxa bei denen «kryptische» oder schwer unterscheidbare Arten vorkommen können, unerlässlich.

Nichtsdestotrotz lässt sich ein sehr wesentlicher Teil der Fischartenvielfalt der Schweiz durch DNA-Barcoding und auch durch eDNA («Umwelt-DNA»), welche vor allem für Biomonitoring (z.B. Pawlowski et al. 2020) an Bedeutung gewinnt und auch auf DNA-Barcoding basiert, nicht erfassen. Das gilt insbesondere für die Arten, die nach der letzten Eiszeit entstanden sind, wie zum Beispiel das grosse Artenreichtum der Felchen der Schweizer Seen. Bei solch jungen Arten hat die Zeit seit der Artbildung nicht ausgereicht für die Ansammlung von diagnostischen Unterschieden in einem relativen kurzen DNA-Abschnitt, wie dem mitochondrialen Barcode. Solch junge Arten können nur durch die Genotypisierung an zahlreichen genetischen Loci identifiziert werden, wozu Mikrosatelliten oder SNPs in Betracht kommen. Für Fließgewässer sind solche nacheiszeitlichen Artenbildungsereignisse bisher erst bei Groppen identifiziert worden, bei denen die Uferzonen der grossen Seen im Aare-Einzug von einer, und die Fließgewässer von einer anderen jungen Art bewohnt werden (Lucek et al. 2018). Um mögliche weitere Fälle ausfindig zu machen, wäre ein Screening aller bisher gesammelter Fische mit den entwickelten Mikrosatelliten-Markern ein Anfang. Dieses Verfahren würde dazu noch Auskunft über die Populationsstrukturen in den Flussnetzen geben (siehe auch nächstes Kapitel).

5.3.3 Die Bewertung der biologischen Vielfalt sollte die Vielfalt auf verschiedenen Ebenen einbeziehen

Wie schon in der Einleitung dieses Berichts erwähnt wurde, kann die Artenvielfalt z.B. von Fischen in Alpha-, Beta- und Gamma-Diversität ausgewertet werden. Alpha-Diversität bezieht sich auf die Diversität innerhalb der Fischgemeinschaft eines Standortes, Beta-Diversität auf die Unterschiede («Turnover») zwischen den Fischgemeinschaften verschiedener Standorte innerhalb einer Region (z.B. Aare-Einzugsgebiet oder die gesamte Schweiz) und Gamma-Diversität auf die Gesamt-Diversität in einer definierten Region. Es gibt eine Vielzahl an verschiedenen Gründen, warum Diversität mit unterschiedlichen Massstäben gemessen wird. Gamma-Diversität spielt eine entscheidende Rolle, um Artenvielfalt auf einem globalen bzw. regionalen Raum zu evaluieren. Neben bekannten Fällen wie dem Rhonestreber oder Apron (*Zingel asper*) und der Adriatischen Forelle (*Salmo cenerinus*), die beide grosse regionale Bedeutung haben, und beide akut vom Aussterben bedroht sind, gibt es wie Progetto Fiumi und Projet Lac zeigen, viele bisher unzureichend beschriebene oder «kryptische» Arten in der Schweiz, die aussterben könnten, bevor man sie überhaupt erkennt.

Die Diversität, die häufig auf der Agenda von Management- und Renaturierungsprojekten steht, ist die lokale Artenvielfalt, die Alpha-Diversität. Dies geht prinzipiell mit einer hohen Gamma-Diversität einher und ein Artenverlust auf einer lokalen bzw. regionalen Skala würde, sofern alle anderen Parameter unverändert blieben, zu einer niedrigeren Alpha-Diversität führen. Unter den Standorten von Progetto Fiumi wurde die grösste Artenvielfalt in sehr grossen aufgestauten Flüssen vorgefunden, welche ein See-ähnliches Habitat aufweisen. Das bedeutet jedoch nicht, dass See-ähnliche Flüsse besonders wertvoll für die Fischdiversität in der Region sind. Im Gegenteil, sie kann sogar als negativ angesehen werden, wenn die vorkommenden Fischarten in Seen sowieso häufig sind und bedrohte Arten, die grössere Flusshabitats mit stärkerer Strömung und grössere zusammenhängenden Habitat brauchen, abwesend sind. Kleine Bäche und Bäche in hohen Lagen beherbergen gewöhnlich wenige Arten und mittelgrosse Flüsse hatten eine mittelhohe Anzahl an Arten. Kleine Flüsse in hohen Lagen wurden meist von Forellen oder Groppen dominiert und hatten kaum Unterschiede in ihrer Artenzusammensetzung, wenn Gemeinschaften miteinander verglichen werden. Demgegenüber bleibt zu erwähnen, dass viele kleinere Flüsse von Natur aus artenarm sind, aber dass jeder dennoch zu einer grossen innerartlichen Gamma-Diversität beitragen kann. Hingegen weisen mittelgrosse Flüsse grundsätzlich eine höhere Variation zwischen den einzelnen Gemeinschaften, also eine höhere Beta-Diversität auf (siehe Abschnitt 4.3).

Es gibt eine Vielzahl an Motiven, warum die Diversität von Gemeinschaften bei nationalen Biodiversitätsbewertungen so wichtig ist. Wenn Gemeinschaften aus unterschiedlichen Fischarten bestehen, können die Gemeinschaften auch mehr ökologische Interaktionen entwickeln. Die ökologische Rolle einer einzelnen Art kann stark von der Anwesenheit/Abwesenheit einer anderen Art beeinflusst werden. Eine hohe Beta-Diversität kann hierfür als Indikator einer hohen regionalen Diversität, auch in den ökologischen Funktionen, gesehen werden, kann aber gleichzeitig auch als Stimulator für die Entstehung oder den Erhalt von regionaler, phänotypischer und genetischer Diversität fungieren. Viele frühere und jetzige Ökosystem-Evaluationen haben sogenannte Indikator-Arten genutzt, wo das Vorkommen oder die hohe Abundanz bestimmter Arten in bestimmten Umgebungen als «hohe ökologische Qualität» bewertet wird. Dies funktioniert vielleicht bei sehr weit verbreiteten Taxa. Jedoch sind die Habitat- oder Gewässerqualität nur zwei von mehreren Faktoren, welche die Fischgemeinschaften bestimmen. Die Zusammensetzung einer lokalen Gemeinschaft ist teilweise auch das Produkt von Prozessen, die nicht auf die Lebensraumqualität zurückzuführen sind, wie z.B. die Biogeographie, die räumliche und zeitliche Variation in den Ausbreitungsmöglichkeiten, oder auch die Reihenfolge, in der Arten einen Standort nach natürlichen Störungen wiederbesiedeln. Es ist deshalb nicht immer optimal für den Biodiversitätsschutz, eine bestimmte Gemeinschaftsstruktur als Referenz für einen optimalen Zustand anzunehmen. Oft gilt es, die natürliche Vielfalt an Gemeinschaftsstrukturen zu verstehen und wertzuschätzen. Das heisst aber nicht, dass es keine Rolle spielt, welche Fischartenes in einen spezifischen Fließgewässer gibt. In den meisten Fällen sind gewisse Arten in gewissen Flusshabitats zu erwarten. Aber in anderen Fällen kann die Abwesenheit von sogenannten «Indikatorarten» ein Resultat sein von natürlicher Variation in der Artenverbreitung und zu besonderen Fischgemeinschaft-Strukturen und Ökosystemprozesse führen, die die gesamte ökologische Diversität vergrössern.

5.3.4 Typen der intraspezifischen Diversität

Neben der Diversität von Arten und Gemeinschaft, müssen wir mehr als bisher die Diversität der Genotypen und Phänotypen innerhalb von Arten dokumentieren, verstehen und beobachten. Das breite Spektrum an phänotypischer Diversität, die wir bei den gesammelten Fischen beobachten, ist ein Resultat sowohl von erblicher genetischer Variation als auch von plastischer Variation durch die individuelle nicht-vererbte Reaktion von Individuen an Umweltbedingungen. Dabei wird oft verkannt, dass auch Variation in der Veranlagung zur Plastizität eine erbliche Komponente haben kann. Der klassische Fall ist die Ausprägung eines wandernden Seeforellen-Phänotyps und eines residenten Bachforellen-Phänotyps. Die phänotypische Diversität, die ein Projekt wie Progetto Fiumi aufzeigen kann, ist weitgehend auf Variation in Morphologie und Farbe beschränkt. Jedoch ist es äusserst wahrscheinlich, dass phänotypische Variation auch in Physiologie, wie die Präferenz oder Toleranz verschiedener Temperaturregime, oder im Verhalten, wie die Wandereigenschaft oder Persönlichkeitseigenschaften, mindestens genauso wichtig sind für die Anpassung und die Anpassungsfähigkeit von Arten. Der mehrdimensionalen Betrachtung dieser Aspekte des Phänotyps, der phänotypischen Integration, sollte deshalb erhöhte Aufmerksamkeit in zukünftiger Forschung geschenkt werden.

Es ist bisher noch bei kaum einer Fischart bekannt, zu welchem Grad phänotypische Unterschiede zwischen Populationen auf lokale Anpassung zurückzuführen sind (unterschiedliche erbliche Phänotypen passen besser in unterschiedliche Umgebungen), oder auf neutrale evolutionäre Prozesse wie der genetischen Drift und Gründer-effekten, oder eben Plastizität. So wurde beispielsweise oft gezeigt (Ferguson et al. 2019), dass die individuelle Ausprägung des see-wandernden Forellen-Phänotyps, generell als Seeforelle bekannt, sowohl durch den Genotyp bestimmt sein kann (Nachkommen von wandernden Eltern werden unter sonst gleichen Bedingungen eher zur Wanderform als Nachkommen von nicht-wandernden Eltern), als auch auf Umweltfaktoren (hohe Populationsdichte fördert tendenziell die Ausbildung des wandernden Phänotyps). Im Allgemeinen ist es erstrebenswert, das Verständnis für die Bedeutung der erblichen phänotypischen Variation für Ökosystemfunktionen und die Besonderheit und Erhaltung der lokalen Populationen zu erhöhen.

Genetische Diversität ist schliesslich auch ein Nährboden für zukünftige Anpassungsmöglichkeiten wie z.B. Anpassungen an den Klimawandel. Eine höhere lokale und regionale genetische Diversität bedeutet in vielen Fällen eine erhöhte Anpassungsfähigkeit an sich ändernde zukünftige Umweltbedingungen. Solche Anpassung kann entweder durch einen grossen Pool genetischer Variation innerhalb einer Population ermöglicht werden, auf welchen die natürliche Selektion einwirken kann, oder aber durch die Existenz von Unterschieden zwischen Populationen, die dazu führen können, dass Populationen, die besser an zukünftige Umweltbedingungen angepasst sind, weniger gut angepasste Populationen ersetzen.

5.3.5 Nationale Datenbank für Beprobungsbefischungen

Obwohl das Progetto Fiumi nicht primär darauf ausgelegt war, eine breite Datenbasis von quantitativen Befischungsdaten zu schaffen und es eher auf die erste Erstellung einer Sammlung von Individuen-basierten Biodiversitätsdaten mit Vergleichssammlung ausgelegt war, wurden dennoch quantitative oder zumindest semi-quantitative Befischungsmethoden (siehe Kapitel 3) an vielen Standorten durchgeführt. Daraus entstand eine wertvolle Datensammlung für Fließgewässer im ganzen Land. Da die Standorte im Progetto Fiumi nur einmal beprobt wurden, liefern die Daten zwar eine sehr gute Aussage über die räumliche Variation, aber keine Aussage über zeitliche Variation der Fischhäufigkeiten in den Bächen und Flüssen der Schweiz. Zum Vergleich hat das NAWA-Programm quantitative Daten zu Fischgemeinschaften in hoher Qualität, aber eine beschränkte Anzahl an beprobten Standorten (~50), mit einer zeitlichen Auflösung von vier Jahren. Zusätzlich hat das NAWA Spez Programm 2019 quantitative Daten zur Fischgemeinschaft von etwa 60 kleineren Bächen zu dieser Datensammlung hinzugefügt. Ausserdem gibt es noch weitere Datenquellen für quantitative Fischgemeinschafts-Bewertungen in Schweizer Flüssen, z.B. solche von kantonalen Behörden oder auch privaten Beratungsbüros, die oft im Auftrag von Kanton oder Bund handeln.

Um ein besseres Verständnis der Ursachen und Folgen der unterschiedlichen Fischgemeinschaftsstrukturen in der Schweiz zu erhalten, wäre es sinnvoll, all diese Datensätze zu einer gemeinsamen Datenbank zu vereinen und öffentlich zugänglich zu machen. Ein Musterbeispiel für eine derartige nationale Datenbank stellt die See- und Fließgewässer-Datenbank in Schweden dar. In dieser Datenbank sind für tausende Seen und Flüsse quantitative Befischungsdaten der gesamten schwedischen Bevölkerung zugänglich. In Schweden werden nur Befischungsbewilligungen vergeben, wenn zugestimmt wird, dass die erhobenen Daten auch in diese Datenbank eingetragen werden.

5.3.6 National standardisierte Protokolle für Fisch-Genotypisierung

In den letzten Jahren ist das Bewusstsein unter Fachleuten gestiegen, dass ein besseres Verständnis der genetischen Eigenheiten von Populationen in den verschiedenen Gewässern unverzichtbar ist. Ein zentrales Anliegen dabei ist die Identifizierung sogenannter Management Units, was zu zahlreichen Untersuchungen der genetischen Populationsstruktur von Arten sowohl auf lokaler, kantonaler, als auch nationaler Ebene geführt hat (Vonlanthen und Hefti 2016). Obwohl die meisten dieser Studien Mikrosatelliten-Analysen durchgeführt haben, sind die Daten von verschiedenen Studien derselben Art nicht immer direkt miteinander vergleichbar, ausser es wurden dieselben Mikrosatelliten-Marker verwendet und sichergestellt worden ist, dass die Rohdaten miteinander kalibriert wurden. Um die Ergebnisse verschiedener lokaler Untersuchungen vergleichbar zu machen, hat Progetto Fiumi standardisierte Mikrosatelliten-Marker Sets für mehrere Arten entwickelt, welche speziell zur Erfassung der genotypischen Variation der gesamten Schweiz optimiert wurden. Wir empfehlen dringend ein regional standardisiertes Protokoll zur Charakterisierung und Beobachtung der genetischen Populationsstruktur. So ein Programm sollte auch die Anlage und ständige Weiterentwicklung einer Referenzsammlung von Gewebeprobe beinhalten. Solch eine Referenzsammlung von Individuen verschiedener Arten mit jeweils einer hohen Vielfalt an Genotypen kann als Standard für die Kalibrierung von Mikrosatellitendaten verschiedener Labors wichtig sein. Ausserdem können nur anhand solch einer Sammlung in Zukunft überhaupt verlässliche Aussagen über die Entwicklung der genetischen Vielfalt innerhalb von Arten gemacht werden, und solche Aussagen muss eigentlich jedes Land machen können.

Zudem sollten die Daten über eine zentralisierte Datenbank öffentlich zugänglich sein, damit andere Studien auf sie zugreifen können und auch ihre eigenen Ergebnisse hinzufügen können, um schlussendlich eine bessere Vergleichsbasis zu schaffen.

5.3.7 Entwicklung eines standardisierten Untersuchungsprogramms für die grössten Schweizer Flüsse

Fischmonitoring und Biodiversitätsbewertungen mittels Elektrobefischung können nicht die gesamte Artenvielfalt von grösseren Flüssen erfassen und lassen nur eine verzerrte Abschätzung der relativen Artenhäufigkeit zu. Aus diesem Grund müssen auch andere Evaluierungsmethoden wie z.B. Kiemennetze künftig in Fließgewässern eingesetzt werden. Dafür müssen wir potentiell unsere Einstellung gegenüber teilweise destruktiven Probenahmen in grösseren Flüssen verändern. Ebenso müsste auf Seiten der untersuchenden Institutionen ein erhöhtes Bewusstsein entstehen für mögliche negative Effekte auf bestimmte Arten oder Lebensräume. Tauch- oder Schnorcheluntersuchungen würden eine wichtige ergänzende Methode zur Bewertung der Biodiversität für größere Flüsse darstellen, würden jedoch keine Beobachtung der kryptischen oder genetischen Fischbiodiversität ermöglichen.

6. Finanzierung

Das Projekt wurde hauptsächlich durch das BAFU finanziert (Abteilung: Arten, Ökosysteme, Landschaften; Sektion: Lebensraum Gewässer), wofür an dieser Stelle ein herzlicher Dank ausgesprochen wird. Die Eawag steuerte eigene Mittel sowohl für den Pilot 2013, als auch für die Genotypisierungsarbeiten bei.

7. Dank

Die Durchführung dieses Projekts wäre nicht möglich gewesen ohne die Hilfe einer Vielzahl von externen Personen und Organisationen. Ein spezieller Dank gilt sowohl allen Fischereiaufsehern, Pächtern und Freiwilligen für die tatkräftige Unterstützung im Feld, als auch den kantonalen Fischereiverwaltungen für die grundsätzliche Unterstützung des Projekts, die Informationen im Vorfeld der Erhebungen und die Erteilung der Bewilligungen. Wir bedanken uns bei den Büros Aquabios, Teleos, Aquarius, Aquatica, Fornat, Fischwerk und deren Mitarbeitenden für die konstruktive, unkomplizierte Zusammenarbeit im Rahmen des NAWA-Projekts und anderen von ihnen durchgeführten Befischungen. Diego Dagani, Andreas Knutti und Susanne Haertel-Borer vom BAFU haben in vielen Diskussionen bei der Projektentwicklung unterstützend zur Seite gestanden. Das ganze Projekt hat von vielen Diskussionen innerhalb der Eawag profitiert und wir sind der ganzen Abteilung Fischökologie und Evolution sehr dankbar. Wir danken auch Lukas Rüber, Naturhistorisches Museum Bern, und Soraya Villalba, Eawag, für die Zusammenarbeit bei der Genotypisierung und Rosi Siber, Eawag, für ihre Unterstützung bei geographischen Verteilungskarten sowie Andri Bryner für die Unterstützung mit diesem Schlussbericht und der Kommunikation dazu. Letztlich einen sehr grossen Dank an alle Feld- und Laborarbeiter während des ganzen Projektes: Julian Junker, Alba Stamm, Michael Häberli, Philip Dermond, Bernhard Plachy, Stephen Thomas, Yvonne Kahlert, Alvaro Baumann y Carmona, Petra Nobs, Jonas Walker, Sergio di Michelangeli, Pamela Gumpinger, Dominique Bühler, Stephanie Koch, Florian Randegger, David Roth, Chris Haiduk, Katharina Fraunbaum, Lukas Nussbaumer, Patrick Hoffmann, Corinne Schmid, Brigitte Germann, Anna Boila, Mattias Heer, Evelin Iseli, Dominique Stalder, Melissa von Wyl, Marian Ofner und Léo Sapia und viele mehr.

8. Quellenverzeichnis

- ^[1] Aerne, L. (2020). Links between substrate structure, aquatic invertebrate communities and brown trout ecology: A case study within and among Swiss streams. MSc-thesis, Universität Zürich.
- ^[2] Alexander, T.J., & Seehausen, O. (2021). Diversity, distribution and community composition of fish in perialpine lakes – «Projet Lac» synthesis report. Eawag: Swiss Federal Institute of Aquatic Science and Technology. 282 pages. ISBN 978-3-906484-76-1.
- ^[3] Anderson, D., H. Moggridge, et al. (2015). «The impacts of run-of-river hydropower on the physical and ecological condition of rivers.» *Water and Environment Journal* **29**(2): 268–276.
- ^[4] Barrett, R. D. H. and D. Schluter (2008). «Adaptation from standing genetic variation.» *Trends in Ecology & Evolution* **23**(1): 38–44.
- ^[5] Brodersen, J. and O. Seehausen (2014). «Why evolutionary biologists should get seriously involved in ecological monitoring and applied biodiversity assessment programs.» *Evolutionary Applications* **7**(9): 968–983.
- ^[6] Caradima, B., A. Scheidegger, J. Brodersen & N. Schuwirth. Bridging mechanistic conceptual models and statistical species distribution models of riverine fish. Ecological Modelling submitted manuscript.
- ^[7] Dermond, P., S. M. Thomas, & J. Brodersen (2018). «Environmental stability increases relative individual specialisation across populations of an aquatic top predator.» *Oikos* **127**(2): 297–305.
- ^[8] Dermond, P., Sperlich, N., & Brodersen, J. (2019). Heritable morphological differentiation in salmonids from two distinct stream types. *Journal of Fish Biology*, **95**, 1215–1222.
- ^[9] Doenz, C.J. (2021). Evolutionary community assembly in postglacial fish radiations. PhD-Thesis. Universität Bern.
- ^[10] Dyer, L. A., Walla, T. R., Greeney, H. F., Stireman III, J. O., & Hazen, R. F. (2010). Diversity of interactions: a metric for studies of biodiversity. *Biotropica*, **42**, 281–289.
- ^[11] Ferguson, A., Reed, T. E., Cross, T. F., McGinnity, P., & Prodöhl, P. A. (2019). Anadromy, potamodromy and residency in brown trout *Salmo trutta*: the role of genes and the environment. *Journal of Fish Biology*, **95**(3), 692–718. Ferguson, A., Reed, T. E., Cross, T. F., McGinnity, P., & Prodöhl, P. A. (2019). Anadromy, potamodromy and residency in brown trout *Salmo trutta*: the role of genes and the environment. *Journal of Fish Biology*, **95**(3), 692–718.
- ^[12] Gerner, T. (2018). Fang, Markierung und Beprobung von freilebenden Wildtieren. Vollzugshilfe zur Überwachung der Bestände und bei Erfolgskontrollen. Bundesamt für Umwelt, Bern. Umwelt-Vollzug Nr. 1829. 52 S.
- ^[13] Gibertoni, P., Penserini, M., Esposito, S., Foglia, A., Dagani, D., Bazzoni, P., ... & Fumagalli, L. (2017). Presence of a migratory lacustrine life-history strategy in the marble trout (*Salmo marmoratus*): the case of the native trout population of lake Maggiore spawning in the Toce river (Italy). *Italian Journal of Freshwater Ichthyology*, (1).
- ^[14] Holderegger, R., Kamm, U., & Gugerli, F. (2006). Adaptive vs. neutral genetic diversity: implications for landscape genetics. *Landscape Ecology*, **21**, 797–807.
- ^[15] Hudson, A. G., Vonlanthen, P., & Seehausen, O. (2011). Rapid parallel adaptive radiations from a single hybridogenic ancestral population. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, **278**(1702), 58–66.
- ^[16] Jeppesen, E., Søndergaard, M., Søndergaard, M., & Christoffersen, K. (Eds.). (2012). The structuring role of submerged macrophytes in lakes (Vol. 131). Springer Science & Business Media.
- ^[17] Jost, L. (2007). Partitioning diversity into independent alpha and beta components. *Ecology*, **88**(10), 2427–2439.
- ^[18] Kirchhofer A., Breitenstein M, Zaugg B. 2007: Rote Liste der Fische und Rundmäuler der Schweiz. Bundesamt für Umwelt, Bern, und Schweizer Zentrum für die Kartographie der Fauna, Neuenburg.
- ^[19] Umwelt-Vollzug Nr. 0734. 64 S.
- ^[20] Kottelat, M., & Freyhof, J. (2007). Handbook of European freshwater fishes. Publications Kottelat.
- ^[21] Lange, K., P. Meier, et al. (2018). «Basin-scale effects of small hydropower on biodiversity dynamics.» *Frontiers in Ecology and the Environment* **0**(0).
- ^[22] Lange, K., A. Bruder, C. D. Matthaei, J. Brodersen and R. A. Paterson (2018). «Multiple-stressor effects on freshwater fish: Importance of taxonomy and life stage.» *Fish and Fisheries* **0**(0).
- ^[23] Layman, C. A., Araujo, M. S., Boucek, R., Hammerschlag-Peyer, C. M., Harrison, E., Jud, Z. R., ... & Bearhop, S. (2012). Applying stable isotopes to examine food-web structure: an overview of analytical tools. *Biological Reviews*, **87**, 545–562.
- ^[24] Louhi, P., Mäki-Petäys, A., & Erkinaro, J. (2008). Spawning habitat of Atlantic salmon and brown trout: general criteria and intragravel factors. *River research and applications*, **24**(3), 330–339.
- ^[25] Lucek, K., Keller, I., Nolte, A. W., & Seehausen, O. (2018). Distinct colonization waves underlie the diversification of the freshwater sculpin (*Cottus gobio*) in the Central European Alpine region. *Journal of Evolutionary Biology*.
- ^[26] Marques, D. A., Lucek, K., Sousa, V. C., Excoffier, L., & Seehausen, O. (2019). Admixture between old lineages facilitated contemporary ecological speciation in Lake Constance stickleback. *Nature communications*, **10**, 1–14.
- ^[27] Muhlfeld, C. C., S. T. Kalinowski, et al. (2009). «Hybridization rapidly reduces fitness of a native trout in the wild.» *Biology Letters*.
- ^[28] Palandačić, A., Naseka, A., Ramlar, D., & Ahnelt, H. (2017). Contrasting morphology with molecular data: an approach to revision of species complexes based on the example of European Phoxinus (Cyprinidae). *BMC evolutionary biology*, **17**(1), 184.
- ^[29] Pawlowski J., Apothéloz-Perret-Gentil L., Mächler E. & Altermatt F. 2020: Environmental DNA applications in biomonitoring and bioassessment of aquatic ecosystems. Guidelines. Federal Office for the Environment, Bern. Environmental Studies. no. 2010: 71 pp
- ^[30] Reed, D. H. and F. Richard (2003). «Correlation between Fitness and Genetic Diversity.» *Conservation Biology* **17**(1): 230–237.
- ^[31] Relyea, R. A. (2005). The impact of insecticides and herbicides on the biodiversity and productivity of aquatic communities. *Ecological Applications*, **15**, 618–627.
- ^[32] Rote Liste der gefährdeten Arten der Schweiz: Fische und Rundmäuler, BAFU 202X, noch nicht publiziert
- ^[33] Roth, Merline (2020). MSc-Thesis, Universität Bern.
- ^[34] Sabo, J. L., Finlay, J. C., Kennedy, T., & Post, D. M. (2010). The role of discharge variation in scaling of drainage area and food chain length in rivers. *Science*, **330**(6006), 965–967.
- ^[35] Steinmann, P. (1948). Schweizerische Fischkunde. Verlag H.R. Sauerländer & Co. Aarau.
- ^[36] Thomaz, S. M., & Cunha, E. R. D. (2010). The role of macrophytes in habitat structuring in aquatic ecosystems: methods of measurement, causes and consequences on animal assemblages composition and biodiversity. *Acta Limnologica Brasiliensia*, **22**(2), 218–236.
- ^[37] Uhlmann, V. and B. Wehrli (2006). Wasserkraftnutzung und Restwasser, ETH Zurich.
- ^[38] Vonlanthen, P., D. Bittner, et al. (2012). «Eutrophication causes speciation reversal in whitefish adaptive radiations.» *Nature* **482**: 357–362.
- ^[39] Vonlanthen, P. & G. Periat (2014). Untersuchung der Fischpopulation im Lago di Poschiavo und im Silsersee. Eawag.
- ^[40] Vonlanthen P., Hefti D. 2016: Genetik und Fischerei. Zusammenfassung der genetischen Studien und Empfehlungen für die Bewirtschaftung. Bundesamt für Umwelt, Bern. Umwelt-Wissen Nr. 1637: 90 S.
- ^[41] Wolman, M. Gordon. «A method of sampling coarse river bed material.» *EOS, Transactions American Geophysical Union* **35.6** (1954): 951–956.
- ^[42] WSHDPDR 2016 (2016). World small hydropower development report 2016. Vienna and Hangzhou, United Nations Industrial Development Organization and the International Center on Small Hydro Power.

9. Anhang

9.1 Artenliste

Latein	Deutsch	Gefährdungsstatus *
<i>Abramis brama</i>	Brachsmen	LC
<i>Alburnoides bipunctatus</i>	Schneider	VU
<i>Alburnus alburnus</i>	Laube	LC
<i>Anguilla anguilla</i>	Aal	CR
<i>Aspius aspius</i>	Rapfen	NA
<i>Barbatula spp.</i>	Schmerlen (drei Arten)	
<i>Barbus barbus</i>	Barbe	NT
<i>Barbus caninus</i>	Hundsbarbe	VU
<i>Barbus plebejus</i>	Tiberbarbe	VU
<i>Blicca bjoerkna</i>	Blicke	NT
<i>Carassius auratus</i>	Goldfisch	NA
<i>Carassius gibelio</i>	Giebel	NA
<i>Chondrostoma nasus</i>	Nase	CR
<i>Cobitis bilineata</i>	Dorngrundel	EN
<i>Cottus gobio</i>	Groppe	NT
<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	NT
<i>Esox cisalpinus</i>	Hecht (südl.)	DD
<i>Esox lucius</i>	Hecht	LC
<i>Gasterosteus spp.</i>	Stichlinge (mehrere Arten)	
<i>Gobio spp.</i>	Gründlinge (mehrere Arten)	
<i>Gymnocephalus cernua</i>	Kaulbarsch	LC
<i>Lampetra planeri</i>	Bachneunauge	EN
<i>Lepomis gibbosus</i>	Sonnenbarsch	NA
<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	LC
<i>Lota lota</i>	Trüsche	LC
<i>Micropterus salmoides</i>	Forellenbarsch	NA
<i>Neogobius kessleri</i>	Kesslergrundel	NA
<i>Neogobius melanostomus</i>	Schwarzgrundel	NA
<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle	NA
<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch, Egli	LC
<i>Phoxinus spp.</i>	Elritzen (mehrere Arten)	
<i>Pseudorasbora parva</i>	Blaubandbärbling	NA
<i>Rhodeus amarus</i>	Bitterling	EN
<i>Rutilus aula</i>	Rotauge (südl.)	CR
<i>Rutilus rutilus</i>	Rotauge	LC
<i>Salaria fluviatilis</i>	Cagnetta, Schleimfisch	VU
<i>Salmo rhodanensis</i>	Zebraforelle	EN
<i>Salmo salar</i>	Lachs	CR
<i>Salmo spp.</i>	Forellen (mehrere Arten)	
<i>Salvelinus fontinalis</i>	Bachsäibling	NA
<i>Salvelinus namaycush</i>	Amerikanischer Seesäibling	NA
<i>Salvelinus umbla</i>	Seesäibling	VU
<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	LC
<i>Scardinius hesperidicus</i>	Schwarzfeder	VU
<i>Silurus glanis</i>	Wels	LC
<i>Squalius cephalus</i>	Alet	LC
<i>Squalius squalus</i>	Cavedano	VU
<i>Telestes muticellus</i>	Triotto	NT
<i>Telestes souffia</i>	Strömer	VU
<i>Thymallus thymallus</i>	Äsche	EN
<i>Tinca tinca</i>	Schleie	LC

* Rote Liste 2018

CR	Vom Aussterben bedroht
EN	Stark gefährdet
VU	Verletzlich
NT	Potentiell gefährdet
LC	Nicht gefährdet
DD	Datengrundlage ungenügend

9.2 Faktenblätter zu den einzelnen Standorten

Dieser Anhang enthält Informationen zu den 308 Standorten, an denen Fische gefangen wurden. Dargestellt sind Informationen über die spezifische Lage des Standorts, über die Charakteristik der Habitats und über die Fische am Standort. Aufgrund der hohen Anzahl befishter Stellen beschränken sich die Informationen auf einen beschreibenden Überblick. Die meisten Faktenblätter enthalten jedoch einige Kommentare zu Besonderheiten der Fische, der Fischgemeinschaft oder des Standorts.

Überblick über die befishen Standorte

Kanton	Faktenblatt	Fluss	Standort	Spezifischer Standort	Haupt-Einzugsgebiet
AG	AG_01	Aabach	Niederlenz		AARE
AG	AG_02	Bünz	Möriken		AARE
AG	AG_03	Suhre	Suhr		AARE
AG	AG_04	Pfaffnern	Rothrist		AARE
AG	AG_05	Surb	Döttingen		AARE
AG	AG_06	Rhein	Kaiseraugst		RHEIN
AG	AG_07	Rhein	Rheinfelden		RHEIN
AG	AG_08	Reuss	Bremgarten		REUSS
AG	AG_09	Möhlinbach	Möhlin		RHEIN
AG/SO	AG_SO_10	Aare	Aarburg		AARE
AG/SO	AG_SO_11	Aare	Ruppoldingen		AARE
AR	AR_1	Urnäsch	Kubel		RHEIN
AR	AR_2	Urnäsch	Rosshall	upstream	RHEIN
AR	AR_3	Urnäsch	Rosshall	residual	RHEIN
AR	AR_4	Urnäsch	Rosshall	downstream	RHEIN
BE	BE_1	Kalte Sense	Sangernboden		AARE
BE	BE_10	Simme	Latterbach		AARE
BE	BE_11	Kander	unterhalb Wasserfassung	Hondrich	AARE
BE	BE_12	Engstlige	oberhalb Frutigen		AARE
BE	BE_13	Birs	Moutier	upstream	RHEIN
BE	BE_14	Birs	Moutier	residual	RHEIN
BE	BE_15	Birs	Moutier	downstream	RHEIN
BE	BE_2	Schwarzwasser	Rüschegggraben	main channel	AARE
BE	BE_3	Schwarzwasser	Schwarzwasserbrücke		AARE
BE	BE_4	Sense	Ruchmühlebrücke		AARE
BE	BE_5	Chise	Oberdiesbach		AARE
BE	BE_6	Urtenen	Schalunen		AARE
BE	BE_7	Gürbe	Kehrsatz		AARE
BE	BE_8	Saane	Gstaad		AARE
BE	BE_9	Emme	Langnau		AARE
BE/FR	BE_FR_16	Kalte Sense	Hoflandernbrücke	above barrier	AARE
BE/FR	BE_FR_17	Kalte Sense	Hoflandernbrücke		AARE
BE/FR	BE_FR_18	Sense	Zollhaus	below confluence	AARE
BE/FR	BE_FR_19	Kalte Sense	Zollhaus	above confluence	AARE
BE/FR	BE_FR_20	Sense	Guggersbachbrücke		AARE
BE/FR	BE_FR_21	Sense	Rufenen		AARE
BE/FR	BE_FR_22	Sense	Sodbachbrücke	pool right above quantitative	AARE
BE/FR	BE_FR_23	Sense	Sodbachbrücke		AARE
BE/FR	BE_FR_24	Sense/Schwarzwasser	Schwarzwassermündung	confluence	AARE
BS	BS_1	Birs	Basel		RHEIN
FR	FR_1	Rotenbach	vor Mündung		AARE

Kanton	Faktenblatt	Fluss	Standort	Spezifischer Standort	Haupt-Einzugsgebiet	Kanton	Faktenblatt	Fluss	Standort	Spezifischer Standort	Haupt-Einzugsgebiet
FR	FR_10	Saane	Fribourg		AARE	GR	GR_47	Ova da Roseg	Roseg		INN
FR	FR_11	Veveyse de Châtel	Châtel Saint-Denis		RHONE	GR	GR_49	Ova dal Fuorn	Nationalpark P7		INN
FR	FR_2	Seeweidbach	Mündung Schwarzsee		AARE	GR	GR_5	Spöl	Zerne		INN
FR	FR_3	Sodbach	Sodbachbrücke		AARE	GR	GR_50	Rombach	Mustair		ADIGE
FR	FR_4	Warme Sense	Ausfluss Schwarzsee	above barrier	AARE	GR	GR_51	Poschiavino	Li Curt		ADDA
FR	FR_5	Warme Sense	Geissalpbrücke		AARE	GR	GR_52	Val da Camp	Terzana		ADDA
FR	FR_6	Warme Sense	Mündung Rotenbach		AARE	GR	GR_53	Hinterrhein	Nufenen		RHEIN
FR	FR_7	Warme Sense	Zollhaus	above confluence, above big barrier	AARE	GR	GR_54	Moesa	Cama		TICINO
FR	FR_8	Sionge	Vuippens		AARE	GR	GR_55	Albula	Filisur	Schonstrecke	RHEIN
FR	FR_9	Broye	Semsaies		AARE	GR	GR_56	Sertigbach	Frauenkirch	upstream	RHEIN
GE	GE_1	Rhône	Barrage de Verbois		RHONE	GR	GR_57	Sertigbach	Frauenkirch	residual	RHEIN
GL	GL_1	Linth	Linthal		LIMMAT	GR	GR_58	Sertigbach	Frauenkirch	downstream	RHEIN
GL	GL_2	Mühlebach	Engi	upstream	LIMMAT	GR	GR_59	Landquart	Küblis		RHEIN
GL	GL_3	Mühlebach	Engi	residual	LIMMAT	GR	GR_6	Schmuèr	Pigniu		RHEIN
GR	GR_1	Plessur	Chur		RHEIN	GR	GR_60	Landquart	Monbiel		RHEIN
GR	GR_10	Averser Rhein	Cresta		RHEIN	GR	GR_61	Rabiusa	Safien	upstream of Powerplant	RHEIN
GR	GR_11	Vorderrhein	Selva		RHEIN	GR	GR_62	Rhein	Reichenau		RHEIN
GR	GR_12	Albula	Solis		RHEIN	GR	GR_63	Rhein	Mastrils		RHEIN
GR	GR_13	Glogn	Uors		RHEIN	GR	GR_64	Inn	Strada		RHEIN
GR	GR_14	Hinterrhein	Zillis		RHEIN	GR	GR_65	Inn	Martina		INN
GR	GR_15	Vorderrhein	Tavanasa		RHEIN	GR	GR_66	Flüelabach	Flüelapass		RHEIN
GR	GR_16	Valser Rhein	Zervraila		RHEIN	GR	GR_67	Susasca	Chant Sura		INN
GR	GR_17	Landquart	Schiers		RHEIN	GR	GR_68	Gelgia	Julierpass		RHEIN
GR	GR_19	Landquart	Neu Ganda		RHEIN	GR	GR_69	Ova dal Vallun	Julierpass		INN
GR	GR_2	Rein da Medel	Sogn Gion		RHEIN	GR	GR_7	Flembach	Trin Mulin		RHEIN
GR	GR_20	Ual da Mulin	Laax	downstream	RHEIN	GR	GR_8	Susasca	Alp Pra Dedoura		INN
GR	GR_22	Hinterrhein	Thusis		RHEIN	GR	GR_9	Rein da Cristallina	Alp Cristallina		RHEIN
GR	GR_23	Turnigla	Trin Mulin	downstream	RHEIN	JU	JU_1	Scheulte	Vicques		RHEIN
GR	GR_24	Rein da Sumvitg	Val Sumvitg		RHEIN	JU	JU_2	Allaine	Boncourt		DOUBS
GR	GR_25	Albula	Preda	upstream	RHEIN	JU	JU_3	Doubs	St-Ursanne		DOUBS
GR	GR_26	Maira	Casaccia		ADDA	JU	JU_4	Doubs	Les Ravines		DOUBS
GR	GR_27	Albula	Tiefencastel	confluence with Gelgia/Julia	RHEIN	LU	LU_1	Luzerner Reuss	Reussinsel		REUSS
GR	GR_28	Gelgia	Tiefencastel	upstream confluence with Albula	RHEIN	LU	LU_10	Würzenbach	Mündung		REUSS
GR	GR_3	Ragn da Ferrera	Innerferrara		RHEIN	LU	LU_10	Würzenbach	Risiboden		REUSS
GR	GR_30	Landwasser	Frauenkirch		RHEIN	LU	LU_11	Würzenbach	Entlebuch		REUSS
GR	GR_31	Albula	Preda	downstream	RHEIN	LU	LU_12	Kleine Emme	Sörenberg		REUSS
GR	GR_32	Albula	Preda	residual	RHEIN	LU	LU_13	Waldemme	Rain		AARE
GR	GR_33	Gelgia	Bivio	upstream	RHEIN	LU	LU_14	Ron	Willisau		AARE
GR	GR_34	Gelgia	Bivio	downstream	RHEIN	LU	LU_15	Wigger	Mündung		REUSS
GR	GR_35	Gelgia	Bivio	residual	RHEIN	LU	LU_2	Röhrlibach	Breitenacker		REUSS
GR	GR_36	Hinterrhein	Zillis		RHEIN	LU	LU_3	Scheidbächli	Pilatusmarkt		REUSS
GR	GR_37	Ova da Bernina	Brescia	nach Geschiebe- entnahme	INN	LU	LU_4	Steinibach	Ringstrasse		REUSS
GR	GR_38	Schergenbach	Compatsch	upstream	INN	LU	LU_5	Steinibach	Schöngrundstrasse		REUSS
GR	GR_39	Schergenbach	Compatsch	residual	INN	LU	LU_6	Steinibach	Schulhaus		REUSS
GR	GR_4	Gelgia	Mulegns		RHEIN	LU	LU_7	Steinibach	Mündung		REUSS
GR	GR_40	Schergenbach	Spissermühle	downstream	INN	LU	LU_8	Wiedenbach	ARA		REUSS
GR	GR_41	La Brancla	Zuort	downstream	INN	LU	LU_9	Würzenbach	Les Ponts de Martel		AARE
GR	GR_42	La Brancla	Zuort	downstream	INN	NE	NE_1	Le Bied	Travers		AARE
GR	GR_43	La Brancla	Griosch	upstream	INN	NE	NE_2	Areuse	Dallenwil		REUSS
GR	GR_44	Beverin	Spinas	downstream Station	INN	NW	NW_1	Buoholzbach	Obere Säge		REUSS
GR	GR_45	Inn	Susch		INN	NW	NW_10	Mühlebach	Stansstad		REUSS
GR	GR_46	Inn	Samedan		INN	NW	NW_11	Mühlebach	Rotzloch		REUSS
						NW	NW_12	N2 Entwässerungs- kanal	Flugfeld		REUSS
						NW	NW_13	Scheidgraben	Dallenwil		REUSS
						NW	NW_14	Steinibach	bei Humligenbach		REUSS
						NW	NW_2	Engelberger Aa	Buochs		REUSS
						NW	NW_3	Engelberger Aa			REUSS

Kanton	Faktenblatt	Fluss	Standort	Spezifischer Standort	Haupt-Einzugsgebiet	Kanton	Faktenblatt	Fluss	Standort	Spezifischer Standort	Haupt-Einzugsgebiet
NW	NW_4	Engelberger Aa	Dallenwil		REUSS	SZ	SZ_15	Schlichenden	Muotathal		REUSS
NW	NW_5	Engelberger Aa	Grafenort		REUSS			Brünnen			
NW	NW_6	Humligenbach	Wolfschiessen		REUSS	SZ	SZ_16	Seeweren	bei ARA		REUSS
NW	NW_7	Lochrütibach	Dallenwil		REUSS	SZ	SZ_17	Starzeln	Naturfreundehaus		REUSS
NW	NW_9	Luterseebach	Mettlen	below barrier	REUSS	SZ	SZ_18	Steiner Aa	Mündung		REUSS
OW	OW_1	Altibach	Kleinteil		REUSS	SZ	SZ_19	Innere Dorfbach	Gersau		REUSS
OW	OW_10	Grosse Schliere	Moosmatt		REUSS	SZ	SZ_2	Chlausenbach	Kiessammler		REUSS
OW	OW_11	Grosse Schliere	50m vor Mündung		REUSS	SZ	SZ_20	Teuffibach	Röbi		REUSS
OW	OW_12	Grosse Schliere	Schwendi Kaltbach		REUSS	SZ	SZ_3	Dorfbach	Gesslerburg		REUSS
OW	OW_13	Grosse Melchaa	Chalcheren		REUSS	SZ	SZ_4	Goldbach	Habegg-Hof		REUSS
OW	OW_14	Längenschwand-schliere	Rossstand		REUSS	SZ	SZ_5	Klosterbach	Ingenbohl		REUSS
OW	OW_15	Meisibach	Deneten		REUSS	SZ	SZ_6	Leewasser	Brunnen		REUSS
OW	OW_16	Meisibach	Meisi		REUSS	SZ	SZ_7	Leewasser	Ingenbohl		REUSS
OW	OW_17	Meisibach	Zelgwald		REUSS	SZ	SZ_8	Leewasser	Widen		REUSS
OW	OW_19	Rütibach	Bünten		REUSS	SZ	SZ_9	Muota	bei Schlichenden Brünnen		REUSS
OW	OW_2	Chaltibach	Grafenort, Herrschaftshaus		REUSS	TG	TG_1	Aach	Salmsach		RHEIN
OW	OW_20	Sarner Aa	nach Mündung von Grosse Schliere		REUSS	TG	TG_2	Chemibach	Märstetten		RHEIN
REUSS						TG	TG_3	Murg	Frauenfeld		RHEIN
OW	OW_21	Sarner Aa	Flugfeld Kägiswil		REUSS	TG	TG_4	Lauche	Matzingen		RHEIN
OW	OW_22	Sarner Aa	unter Absturz		REUSS	TG	TG_5	Rhein	Diessenhofen		RHEIN
OW	OW_23	Schibenriedbach	Giswil		REUSS	TI	TI_1	Breggia	Muggio		ADDA
OW	OW_24	Schwandschliere	Richigenmatt		REUSS	TI	TI_11	Brenno	Blenio		TICINO
OW	OW_25	Schybach	Blätz		REUSS	TI	TI_12	Verzasca	Sonogno		TICINO
OW	OW_26	Steinibach	Grund		REUSS	TI	TI_13	Canale Magadino	Cadenazzo		TICINO
OW	OW_27	Engelberger Aa	Herrenrütialp		REUSS	TI	TI_14	Ticino	La Spiaggetta		TICINO
OW	OW_28	Wängenschliere	Rossstand		REUSS	TI	TI_15	Ticino	Nufenenpass		TICINO
OW	OW_3	Kleine Schliere	FC Alpnach		REUSS	TI	TI_2	Breggia	Balerna		ADDA
OW	OW_4	Kleine Schliere	Mündung		REUSS	TI	TI_3	Tresa	Ponte Tresa		TICINO
OW	OW_5	Kleine Schliere	Neumatt		REUSS	TI	TI_4	Maggia	Locarno		TICINO
OW	OW_6	Kleine Schliere	Seewli 1		REUSS	TI	TI_5	Maggia	Someo		TICINO
OW	OW_7	Engelberger Aa	Eugeniesee		REUSS	TI	TI_6	Bavona	San Carlo		TICINO
OW	OW_8	Engelberger Aa	Mettlen		REUSS	TI	TI_7	Ticino	Ronco		TICINO
OW	OW_9	Grosse Schliere	Geissfuess		REUSS	TI	TI_8	Ribo	Valle Onsernone		TICINO
SG	SG_1	Seez	Chloster		LIMMAT	TI	TI_9	Ribo	Valle Onsernone		TICINO
SG	SG_11	Hintergraben	Benken		LIMMAT	UR	UR_1	Alpbach	Mündung		REUSS
SG	SG_2	Thur	Nesslau		RHEIN	UR	UR_10	Giessenbach	Altdorf		REUSS
SG	SG_3	Thur	Buetschwil		RHEIN	UR	UR_11	Göschener Reuss	Abfrutt		REUSS
SG	SG_4	Ijentalerbach	Nesslau	upstream	RHEIN	UR	UR_12	Hechtgraben	Reussdelta		REUSS
SG	SG_5	Ijentalerbach	Nesslau	residual	RHEIN	UR	UR_14	Isentalerbach	Mündung		REUSS
SG	SG_6	Ijentalerbach	Nesslau	downstream	RHEIN	UR	UR_15	Isentalerbach	St.Jakob		REUSS
SG	SG_7	Thur	Golfplatz		RHEIN	UR	UR_16	Jostis Gülle	Reussdelta		REUSS
SG	SG_8	Steinach	Steinach		RHEIN	UR	UR_17	Kärstelenbach	Amsteg	before confluence, downstream barrier	REUSS
SG	SG_9	Glatt	Buechental		RHEIN	UR	UR_18	Klosterbach	Müsried		REUSS
SH	SH_1	Rhein	Schaffhausen		RHEIN	UR	UR_19	Meienreuss	Hinterfeldstall		REUSS
SO	SO_1	Dünnern	Balsthal		AARE	UR	UR_2	Alpbach	Bodenberg		REUSS
SO	SO_2	Lüssel	Glashaus		RHEIN	UR	UR_20	Meienreuss	Meien		REUSS
SO	SO_3	Eichibach	Schnottwil		AARE	UR	UR_21	Ölabscheidergraben	Reussdelta		REUSS
SO	SO_4	Lützel	Kleinlützel		RHEIN	UR	UR_22	Palanggenbach	vor Mündung		REUSS
SO	SO_5	Aare	Nennigkofen		AARE	UR	UR_23	Reuss	Andermatt		REUSS
SZ	SZ_1	Äusserer Dorfbach	Acher		REUSS	UR	UR_24	Schächen	Bürglen		REUSS
SZ	SZ_10	Muota	Hinterseeberg		REUSS	UR	UR_25	Schächen	Witerschwanden		REUSS
SZ	SZ_11	Muota	Sahli	above damm	REUSS	UR	UR_26	Schützenbrunnen	Fischzucht		REUSS
SZ	SZ_12	Muota	Sahli	below damm	REUSS	UR	UR_28	Stille Reuss	Mündung		REUSS
SZ	SZ_13	Muota	Stegstuden		REUSS	UR	UR_29	Unteralpreuss	Vermigel		REUSS
SZ	SZ_14	Muota	Suwarov-Brücke		REUSS	UR	UR_3	Bockibach	Mündung		REUSS
						UR	UR_30	Urner Reuss	Amsteg	upstream Kärstelenbach	REUSS

Kanton	Faktenblatt	Fluss	Standort	Spezifischer Standort	Haupt-Einzugsgebiet
UR	UR_31	Urner Reuss	Mündung		REUSS
UR	UR_32	Urner Reuss	Mündung Stille Reuss		REUSS
UR	UR_33	Urner Reuss	Wattingen		REUSS
UR	UR_34	Vorderschächen	Ribi		REUSS
UR	UR_35	Walenbrunnen	vor Mündung		REUSS
UR	UR_4	Chienzerbach	Wängi/Hinterste Hütten		REUSS
UR	UR_5	Dorfbach	Mündung		REUSS
UR	UR_6	Etzlibach	Hinter Etzliboden		REUSS
UR	UR_7	Furkareuss	bei Realp		REUSS
UR	UR_8	Gangbach	Bötzligen		REUSS
UR	UR_9	Giessenbach	Reussdelta		REUSS
VD	VD_1	Mentue	La Mauguettaz		AARE
VD	VD_10	Corrençon	Vers-Chez-Perrin		AARE
VD	VD_11	Venoge	Denges		AARE
VD	VD_2	Aubonne	Allaman		RHONE
VD	VD_3	Venoge	Eclepens		RHONE
VD	VD_4	Nozon	Pompaples		AARE
VD	VD_5	Venoge	Eclepens		RHONE
VD	VD_6	Bioleyre	Etrabloz		AARE
VD	VD_7	Orbe	Vallorbe		AARE
VD	VD_8	Arnon	Vitebeoeuf		AARE
VD	VD_9	Broye	Payerne		AARE
VS	VS_05	Navisence	Zinal		RHONE
VS	VS_1	Dranse de Ferret	Praz de Fort		RHONE
VS	VS_10	Krummbach	Simplon Dorf		TICINO
VS	VS_11	Grosses Wasser	oberhalb Stausee		TICINO
VS	VS_12	Grossgrundkanal	Raron		RHONE
VS	VS_13	Binna	Binn		RHONE
VS	VS_14	Rotten	Oberwald		RHONE
VS	VS_15	Canal de Collonges	Collonges		RHONE
VS	VS_16	Pissevache	Vernayaz		RHONE
VS	VS_17	Rhône	Evionnaz		RHONE
VS	VS_18	Trient	Trient		RHONE
VS	VS_19	Trient Zufluss	Trient		RHONE
VS	VS_2	Printse	Planchouet		RHONE
VS	VS_3	La Vièze	Champéry		RHONE
VS	VS_4	Canal Stockalper	Vouvry		RHONE
VS	VS_6	Lonza	Blatten		RHONE
VS	VS_8	Mattervispa	Täsch		RHONE
VS	VS_9	Borgne	Les Haudères		RHONE
ZG	ZG_1	Lorze	Zug		REUSS
ZH	ZH_1	Furtbach	Otelfingen		LIMMAT
ZH	ZH_2	Ellikerbach	ARA Ellikon	upstream	RHEIN
ZH	ZH_3	Ellikerbach	ARA Ellikon	downstream	RHEIN
ZH	ZH_4	Eulach	ARA Elgg	upstream	RHEIN
ZH	ZH_5	Eulach	ARA Elgg	downstream	RHEIN
ZH	ZH_6	Mönchaltorfer Aa	Mönchaltorf		RHEIN
ZH	ZH_7	Rhein	Ellikon		RHEIN
ZH	ZH_8	Sihl	Hütten	above barrier	LIMMAT
ZH	ZH_9	Sihl	Hütten	below barrier	LIMMAT

Eawag
Überlandstrasse 133
8600 Dübendorf
Schweiz
Telefon +41 58 765 55 11
info@eawag.ch
eawag.ch