

PROGETTO FIUMI

STANDARDISIERTE ERHEBUNG DER FISCHBIODIVERSITÄT IN SCHWEIZER FLIESSGEWÄSSERN

Die Biodiversität in Gewässern ist akut und stark bedroht. Um sie effektiv zu schützen, muss sie bekannt sein. Dazu sind flächendeckende, standardisierte Untersuchungen der Diversität notwendig. Ebenso sind vertiefte taxonomische Kenntnisse dringend erforderlich, um diese Diversität zu erkennen. Insbesondere Gewässerlebensräume für gefährdete Arten sollten besser geschützt und wiederhergestellt werden.

Jakob Brodersen, Ole Seehausen, Eawag und Universität Bern
Johannes Hellmann, Fornat AG
Pascal Vonlanthen, Aquabios GmbH*

RÉSUMÉ

PROGETTO FIUMI: ÉTUDE STANDARDISÉE DE LA BIODIVERSITÉ PISCICOLE DANS LES COURS D'EAU SUISSES

Aucune étude génétique ou morphologique n'avait été menée jusqu'à il y a peu pour la majorité des espèces de poissons présentes dans les cours d'eau suisses. C'est pourquoi une étude standardisée à grande échelle a été réalisée pour la première fois, dans le cadre du *Progetto Fiumi*. Au total, plus de 12 000 échantillons d'ADN, plus de 10 000 poissons entiers, plus de 5000 échantillons d'écaillés destinés à des analyses de croissance et plus de 6000 organes servant à d'autres études ont été archivés. Grâce à ces données, de premières analyses ont pu être menées sur des schémas de biodiversité piscicole dans les cours d'eau suisses. On a constaté que l'identification d'espèces réalisée sur le terrain était souvent insuffisante pour apprécier la biodiversité piscicole. Des connaissances taxonomiques approfondies sont nécessaires pour identifier clairement les espèces. Il faut donc en promouvoir l'acquisition. En outre, il est nécessaire de recourir plus souvent à une combinaison de méthodes génétiques et morphologiques. Ainsi, il sera possible d'étudier la biodiversité de manière globale et d'y déceler des changements de manière précoce. Les jeux de données acquis de cette manière doivent être rassemblés au sein d'une base de données accessible à tous.

EINLEITUNG

Die Biodiversität umfasst eine Vielzahl an Lebensräumen, Arten und Genen mitsamt ihren Wechselwirkungen [1]. Vielfältige und funktionsfähige Ökosysteme sind die Grundlage unserer Ernährung, regulieren unser Klima, liefern saubere Luft und sauberes Wasser und sind ausserdem Voraussetzung fürs mentale Wohlbefinden. Verschiedene Arten haben oftmals unterschiedliche Funktionen in einem Ökosystem. Dies erhöht die Effizienz, mit der eine Artengemeinschaft die verfügbaren Ressourcen nutzt [2]. Zudem führt eine hohe Anzahl Arten (und damit eine hohe Biodiversität) zu Redundanzen bei den Funktionen, was zu mehr Stabilität von Ökosystemleistungen führt [3, 4]. Aufgrund der zentralen geografischen Lage in Europa entwässert die Schweiz über fünf verschiedene Flusssysteme in vier Meere. Dies hat dazu geführt, dass in Schweizer Gewässern eine hohe Artenvielfalt von Fischen beheimatet ist [5]. Dies ist darauf zurückzuführen, dass in diesen Flusssystemen die Fischarten über Hunderttausende von Jahren weitgehend getrennt voneinander entstanden sind, wobei sie die Schweiz erst nach dem Rückzug der Eiszeitgletscher wieder besiedeln konnten. Doch diese Diversität ist heute stark bedroht, denn wir befinden uns momentan im sechsten weltweiten Massenaussterben von

* Kontakt: jakob.brodersen@eawag.ch

Arten. Jährlich sterben derzeit so viele Tier- und Pflanzenarten aus, wie es dies im Verlauf der Erdgeschichte nur fünf Mal gab [6]. Während die früheren Massenaussterben von Naturkatastrophen wie grossen Meteoriteneinschlägen oder Vulkanausbrüchen verursacht wurden, ist das heutige Massensterben von Menschen verursacht [6].

Der Verlust von Biodiversität führt unweigerlich zu einem für den Menschen problematischen Verlust von Ökosystemleistungen, weshalb die Erhaltung der Biodiversität eine prioritäre Aufgabe ist [7]. Die Schweiz ist mit ihrer hohen Bevölkerungsdichte, ihrer langen Geschichte der Modifizierung der natürlichen Lebensräume sowie ihrer ursprünglich hohen Artenvielfalt ein potenzieller Hotspot für den Verlust von aquatischer Biodiversität. Es ist daher wenig überraschend, dass die Schweiz von allen Industrieländern den höchsten Anteil an bedrohten Arten aufweist [8]. Allein im Verlauf des letzten Jahrhunderts sind in der Schweiz neun Fischarten ausgestorben [9], wobei die ausgestorbenen, endemischen Felchen- und Saiblingsarten noch nicht einmal berücksichtigt sind [10]. Heute (Stand 2022) gelten ganze 65% der einheimischen Fischarten entweder als ausgestorben, vom Aussterben bedroht, stark gefährdet oder verletzlich [9].

Die Biodiversität in Gewässern ist also akut und stark bedroht und muss besser geschützt werden. Um sie effektiv schützen zu können, muss sie allerdings auch bekannt sein. Ein Teil der Fischbiodiversität der Schweiz ist bis heute nicht bekannt, und so kann ihr möglicher Rückgang nicht dokumentiert werden. Durch das Wissen um lokale Eigenheiten – damit sind auch innerartliche Variationen gemeint – und die Berücksichtigung davon beim Schutz und der Bewirtschaftung kann dem weiteren Biodiversitätsverlust besser entgegengewirkt werden. Zudem erhöht eine taxonomisch genauer aufgelöste Erfassung der Diversität die Möglichkeiten für Entscheidungsträgerinnen und -träger, Naturschutzbemühungen zugunsten der am stärksten gefährdeten Arten zu priorisieren.

Bis vor Kurzem wurde der Grossteil der in Schweizer Fliessgewässern vorkommenden Fischarten nie genetisch und morphologisch untersucht. Um die Biodiversität der Fische unserer Fliessgewässer zu kennen, war daher eine flächendeckende, standardisierte Probenahme und

Untersuchung notwendig und wurde im Rahmen des *Progetto Fiumi* erstmals flächendeckend für Fliessgewässer durchgeführt. Folgende Ziele wurden verfolgt:

ERHEBUNG DER BIODIVERSITÄT

Das Hauptziel vom *Progetto Fiumi* war, die Biodiversität der Fische in den Schweizer Fliessgewässern auf allen Ebenen zu dokumentieren. Die untersuchten Ebenen umfassten Individuen, Populationen, Arten und Artgemeinschaften. Zum ersten Mal wurde versucht, die innerartliche Diversität sowie jene von nah verwandten Arten zu dokumentieren. In Bezug auf die innerartliche Diversität wurde vor allem die genetische, aber auch die morphologische Vielfalt und die Vielfalt in der Position im Nahrungsnetz erhoben. Es ging nicht darum, eine abschliessende Bewertung des Zustandes der Biodiversität in Schweizer Fliessgewässern vorzunehmen, sondern eine flächendeckende Datenerhebung durchzuführen, um Grundlagen für weitergehende Untersuchungen zu schaffen.

ERHEBUNG VON UMWELTVARIABLEN

Um die beobachtete Vielfalt schützen zu können, muss deren Zusammenhang mit den vorliegenden Umweltbedingungen verstanden werden. Aus diesem Grund wurden neben den Fisch- auch Insekten-,

Algen- sowie weitere Umweltdaten erfasst.

SAMMLUNG FÜR DIE GEGENWART UND DIE ZUKUNFT

Bis heute wurde ein Grossteil der Fischarten der Schweiz noch nicht flächendeckend morphologisch untersucht. Aufgrund der Unkenntnis, welche Methoden in Zukunft für die Erforschung der Artenvielfalt zur Verfügung stehen werden, ist heute das Sammeln von Fischen und Gewebeproben wichtig. Dieses gesammelte Material kann dann in Zukunft mit bestehenden und neuen Methoden untersucht werden. Aus diesem Grund wurde ein Teil der gefangenen Fische konserviert, ebenso wurden standardisierte Fotos genommen sowie Gewebeproben archiviert. Diese Referenzsammlung steht Wissenschaftlern für zukünftige Untersuchungen zur Verfügung.

METHODEN

STANDORTE

Während der Projektdauer von fünf Jahren (2013–2017) wurden insgesamt 324 Standorte in Fliessgewässern untersucht (Fig. 1), die ein möglichst breites Spektrum von Gewässertypen, Höhenlagen und anthropogenen Beeinflussungen abdecken (s. [11] für detaillierte Angaben).

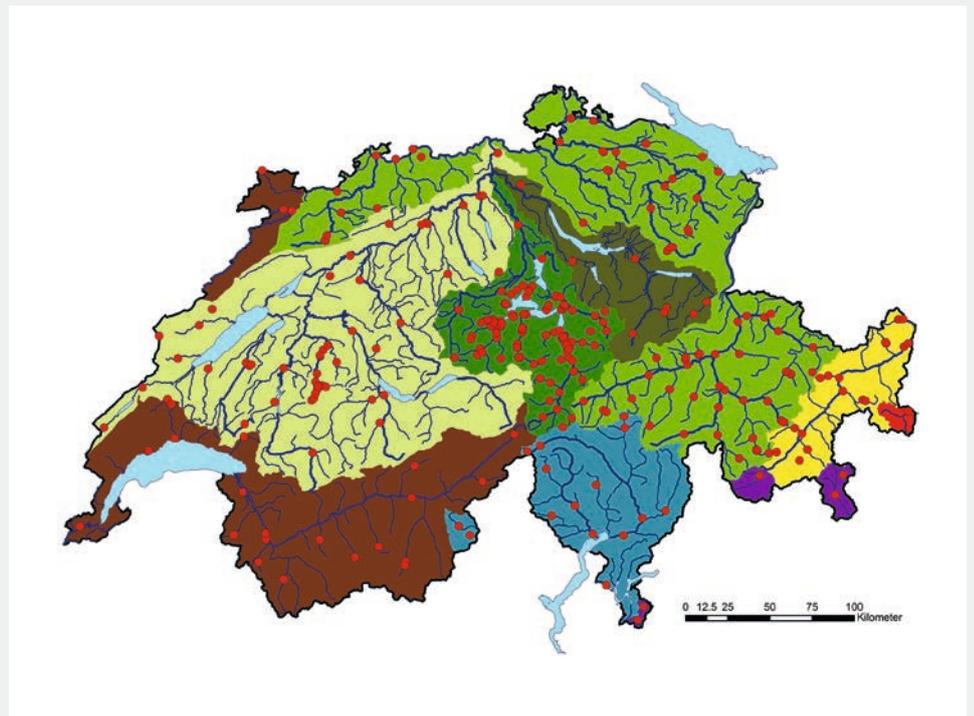


Fig. 1 Probenahmestandorte und Grosseinzugsgebiete:

Braun = Rhône, Blau = Ticino (Po), Violett = Adda (Po), Rot = Adige, Gelb = Inn, Hellgrün = Aare, Dunkelgrün = Reuss, Olivgrün = Limmat, mittleres Grün = Alpenrhein/Hochrhein (Quelle: swisstopo)

BEFISCHUNGEN

Sofern methodisch möglich, wurde eine Strecke von rund 50 bis 100 Metern quantitativ in drei Durchgängen abgefischt. Watbare, aber für zwei Anoden zu breite, stellenweise zu tiefe oder zu strömungsintensive Gewässer wurden semiquantitativ befischt (ein Durchgang, keine Sperre). Nicht watbare, grosse Flüsse wurden mit einem Boot beprobt, das mit einem Anodenrechen ausgestattet war. Dabei wurden auf einer Strecke von mehreren hundert Metern bis zu zwei Kilometern ca. zwölf Streifen ausgewählt, welche die verschiedenen Habitate in ihrer relativen Häufigkeit abdecken. Diese Streifen wurden dann elektrisch abgefischt. Bei qualitativen Befischungen schliesslich wurde gezielt nach spezifischen Arten gesucht, bzw. es werden bestimmte Habitate zum Erreichen der Stichprobengrössen gezielt befischt (Fig. 2).

GESAMMELTE PROBEN UND DATEN

Alle gefangenen Fische wurden im Feld anhand der äusseren Merkmale sofern möglich auf Artniveau bestimmt. Die Bestimmung von Individuen aus schwierigen Artengruppen müssen im Labor oder

anhand der Fotos verifiziert werden. Von jedem Standort wurden von jeder Art bis zu 30 Exemplare für die Sammlung ausgewählt und mit MS-222 euthanasiert, alle anderen Fische wurden wieder freigelassen. Individuen bedrohter Arten wurden grundsätzlich wieder freigelassen, nachdem sie betäubt, beprobt, fotografiert und vermessen wurden. Jeder für die Sammlung bestimmte Fisch wurde mehrfach fotografiert (Fig. 3) und beprobt. Des Weiteren wurden an jedem Standort diverse Umweltproben entnommen und verschiedene Umweltvariablen dokumentiert [11]: Die Fische und DNA-Proben (Flossengewebe) wurden in die Sammlung des Naturhistorischen Museums der Burgergemeinde von Bern aufgenommen und können in der permanenten Ausstellung «Wunderkammer» sogar eingesehen werden. Sämtliche verbleibenden Proben werden an der Eawag in Kastanienbaum gelagert.

AUSGEWÄHLTE ERGEBNISSE

Im Rahmen des Progetto Fiumi wurden >12 000 DNA-Proben, >10 000 ganze Fische, >5000 Schuppenproben für

Wachstumsanalysen und >6000 Organproben für weiterführende Untersuchungen archiviert. Die gesammelten Daten ermöglichen es, dass erste deskriptive Analysen über die allgemeinen Muster der Fischbiodiversität in Schweizer Fließgewässern durchgeführt werden konnten. Einige ausgewählte Ergebnisse werden in den folgenden Abschnitten vorgestellt. Die ausführlichen Ergebnisse und verfügbaren Proben können dem Progetto-Fiumi-Synthesebericht entnommen werden [11].

FESTGESTELLTE ARTENVIELFALT UND ARTGEMEINSCHAFTEN

Insgesamt wurden mehr als 50 Fischarten aus 39 Gattungen nachgewiesen. Die Anzahl gefangener Individuen der einzelnen Arten und Artengruppen sind in Figur 4. Einige wenige Arten wurden sehr häufig beobachtet, während andere nur selten in den Fängen vorkamen. Dieses Bild widerspiegelt jedoch nicht zwingend das effektive Vorkommen in der Schweiz. Denn zahlreiche untersuchte Gewässer gehören zur Forellenregion, weshalb die dortigen Fischarten möglicherweise etwas überrepräsentiert



Fig. 2 Beispiele Befischungen. Links: qualitative elektrische Befischung ohne Blocknetz an der Glogn; rechts: elektrische Befischung vom Boot mit Anodenrechen in den Mastrilser Auen.



Fig. 3 Links: Standardfoto eines Strömers (*Telestes* sp.) aus der Allaine; rechts: Küvettenfoto einer Äsche aus dem Ticino (*Thymallus* sp.).

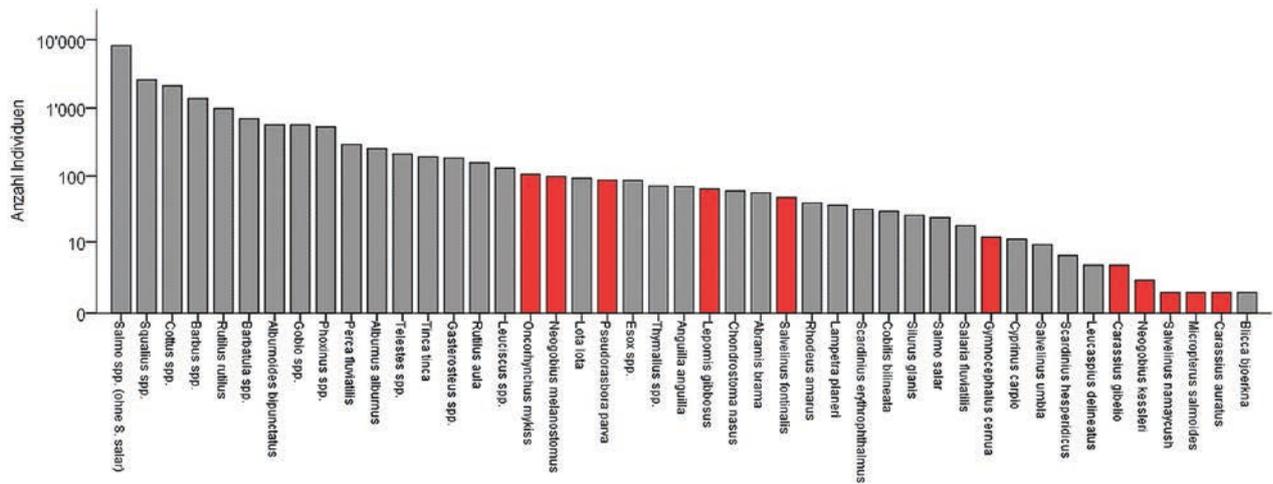


Fig. 4 Anzahl der gefangenen Fische der unterschiedlichen Arten und Artengruppen. Die y-Achse ist logarithmisch skaliert. Gattungen, in denen es Unsicherheit bei der Artbestimmung gibt, sind mit «spp.» bezeichnet und nur einmal aufgeführt, obwohl mehrere Arten gefangen wurden. «Salmo spp.» z. B. (ohne *S. salar*) ist meistens *Salmo trutta*, beinhaltet aber auch ein paar Exemplare der seltenen und stark bedrohten Arten *Salmo rhodanensis*, *S. marmorata*, *S. cenerinus* und *S. labrax*. Neozoen sind rot markiert.

sind. Bei einigen schwer bestimmbar sind Arten sind noch nicht alle Individuen im Labor untersucht worden, weshalb diese unter dem Gattungsnamen dargestellt sind (z. B. *Salmo spp.*)

Wird die Diversität gewässerspezifisch betrachtet, fällt auf, dass in vielen Gewässern nur eine geringe Artenzahl vorkommt, und in wenigen Gewässern eine hohe (Fig. 5). An 17 Standorten wurden keine Fische gefangen und an 158 Standorten nur eine Art (meistens die Atlantische Forelle, *Salmo trutta*). Nur 16 Standorte waren mit zehn Arten und mehr artenreich. Diese lagen meistens an grossen Flüssen im Flachland zwischen 230 und 470 m ü. M. oder unweit von Seen. Die grösste Artenzahl wurde in grossen, aufgestauten Flüssen vorgefunden, die ein seeähnliches Habitat aufweisen. Das bedeutet jedoch nicht, dass z. B. eingestaute Flüsse besonders wertvoll für die Fischdiversität in der Region wären. Im Gegenteil, sie können sogar als negativ angesehen werden, weil die in Staubecken vorkommenden Fischarten meist Arten sind, die in Seen häufig sind. Bedrohte Arten, die grössere zusammenhängende Flusshabitats mit stärkerer Strömung benötigen, fehlen hingegen meistens. Kleine Bäche, insbesondere in hohen Lagen, beherbergen gewöhnlich wenige und mittelgrosse Flüsse eine mittlere Anzahl Arten (Fig. 5). Bei der Betrachtung der Artgemeinschaften (Fig. 6) wurden Familien oder Gattungen als dominant definiert, wenn

40% und mehr der Fische eines Standorts diesem Taxon angehörten. Es fällt auf, dass ein Grossteil der Standorte von Forellen (meist *S. trutta*) dominiert wird. An ungefähr 20% der Standorte dominieren Gropfen oder Cypriniden. Einige Standorte werden von Arten anderer Gattungen dominiert. Des Weiteren gibt es eine Gruppe von Standorten, an denen keine Gattung vorherrschend ist.

Schweizer Fliessgewässer weisen eine Vielzahl an verschiedenen Fischgemeinschaften auf. Während einige artenarme Konstellationen sich an zahlreichen Standorten wiederholen (z. B. Atlantische Forelle und Groppe), werden spezifische artenreiche Gemeinschaften oft nur an wenigen oder einem einzigen Standort beobachtet. Von den 88 unterschiedlichen Gemeinschaften werden lediglich 14 an

BIODIVERSITÄT – DEFINITION, BEZUGSEBENEN UND DEREN RELEVANZ

Biodiversität ist ein Begriff, der uns ständig begegnet. 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 Ökosystemen bis zur genetischen Variation innerhalb einer Art. Des Weiteren wird zwischen drei verschiedenen Typen von Diversität unterschieden. Betrachtet man die Artenvielfalt auf lokaler oder regionaler Ebene, z. B. einen Bach, dann spricht man von *Alpha*(α)-Diversität. Die *Gamma*(γ)-Diversität umfasst alle vorkommenden Arten auf einer etwas grösseren Skala, z. B. der ganzen Schweiz. Schliesslich beschreibt die *Beta*(β)-Diversität, wie unterschiedlich die *Alpha*-Diversitäten zwischen Standorten sind, ob also in allen Bächen mehr oder weniger dieselben Arten vorkommen oder ob es ganz viele verschiedene Artgemeinschaften gibt.

Häufig steht auf der Agenda von Management- und Renaturierungsprojekten die Erhaltung und manchmal auch die Erhöhung der lokalen Artenvielfalt (*Alpha*-Diversität). Darüber hinaus ist es bei Biodiversitätsbewertungen aber auch wichtig, die Unterschiede zwischen Gemeinschaften (*Beta*-Diversität) zu berücksichtigen. In unterschiedlichen Gemeinschaften können die einzelnen Arten verschiedene ökologische Rollen einnehmen, denn eine einzelne Art kann von der An- oder Abwesenheit einer anderen Art stark beeinflusst werden. Eine hohe *Beta*-Diversität kann als Indikator einer hohen regionalen Diversität gesehen werden. Demgegenüber deutet eine tiefe *Beta*-Diversität darauf hin, dass die Artgemeinschaften sich sehr ähnlich sind. Dies kann eine Folge menschlicher Einflüsse sein, da regionale Unterschiede homogenisiert werden (durch Einschleppung von Arten, Landnutzung, bauliche Eingriffe am Gewässer, Wasserkraftnutzung etc.) [12].

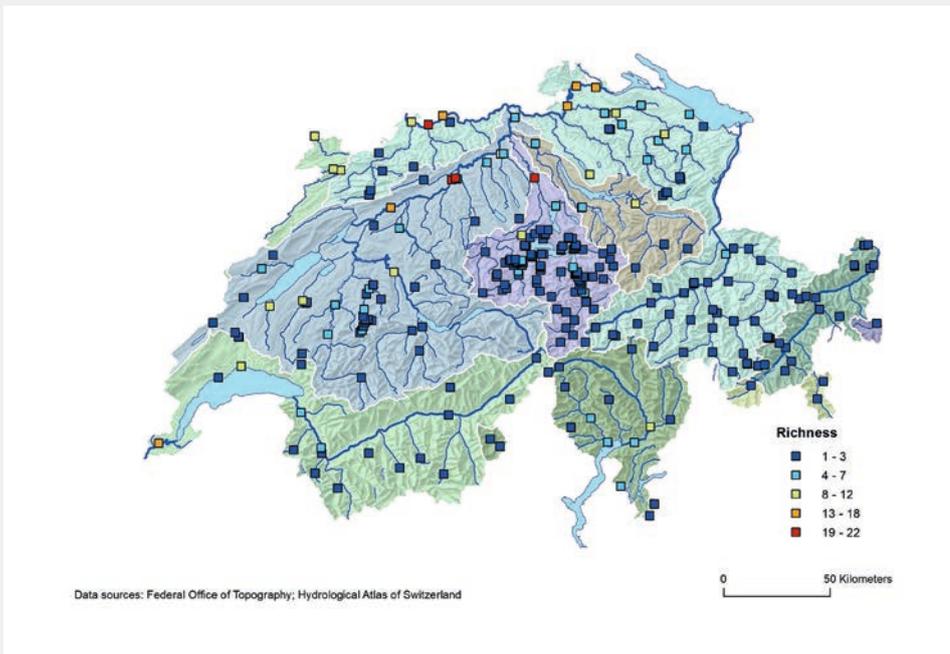


Fig. 5 Taxareichtum in den untersuchten Gewässern der Schweiz.

mehr als einem Standort vorgefunden (Fig. 7). Kleine Flüsse in hohen Lagen werden meist von Forellen oder Groppen dominiert und haben kaum Unterschiede in ihrer Artenzusammensetzung. Obwohl viele kleinere Flüsse von Natur aus artenarm sind, können sie dennoch zu einer grossen innerartlichen *Gamma*-Diversität beitragen. Hingegen weisen mittel-grosse Flüsse grundsätzlich eine höhere Variation zwischen den einzelnen Standorten, also höhere Unterschiede zwischen Gemeinschaften (*Beta*-Diversität) auf.

DIVERSITÄT INNERHALB EINIGER GATTUNGEN

Die laufenden Untersuchungen zeigen einige bisher unbekannte Muster der

Fischbiodiversität auf. So führt eine Artbestimmung ohne Berücksichtigung von detaillierten taxonomischen und genetischen Daten innerhalb mehrerer Gattungen zu fehlerhaften Artzuweisungen (siehe auch [5]). Die Ergebnisse diesbezüglich werden im Folgenden für drei Gattungen kurz dargestellt. Weitere können dem *Projet-Lac*-Synthesebericht und dem *Progetto-Fiumi*-Schlussbericht entnommen werden [11, 13].

Forellen [*Salmo spp.*]

Die Gattung der Forellen wurde mit Abstand an den meisten Standorten gefangen (Fig. 8). Die gefangenen Forellen gehören fünf verschiedenen evolutionären Linien

an [14]. Die am weitesten verbreitete und häufigste Forellenart ist die Atlantische Forelle (*Salmo trutta*), die ursprünglich in der Schweiz im Aare/Rhein- und im Genfersee-Einzugsgebiet heimisch war, heutzutage aber aufgrund anthropogener Einführungen über die gesamte Schweiz verbreitet ist [15]. Die Forellen aus dem Doubs-Einzugsgebiet gehören der Rhone-Linie oder Zebraforelle (*Salmo rhodanensis*) an. Das adriatische Einzugsgebiet wurde ursprünglich von zwei weiteren Arten, der Marmorforelle (*Salmo marmoratus*) und der norditalienischen Bachforelle (*Salmo cenerinus*), bewohnt. Die fünfte Art ist die Donau-Forelle (*Salmo labrax*). Ihr natürliches Verbreitungsgebiet liegt im Inn und seinen Zuflüssen im Engadin.

Alle Forellenarten ausser *S. trutta* stehen unter massivem Druck durch die Einführung von *S. trutta* in allen Einzugsgebieten. So ist bspw. *S. cenerinus* vom Aussterben bedroht [9], weil sie fast in ihrem gesamten Schweizer Verbreitungsgebiet komplett durch *S. trutta* verdrängt wurde. Diese Art konnte nur noch im Poschiavino und in einem Gewässer im Kanton Tessin nachgewiesen werden [13, 16].

Groppen [*Cottus spp.*]

Bis vor kurzer Zeit wurde angenommen, dass in der Schweiz nur eine Groppenart lebt: *Cottus gobio*. Anhand von genetischen Analysen ist nun bekannt, dass die Schweiz in mehreren Wellen von genetisch unterschiedlichen Linien besiedelt wurde. So gehören die Groppen von Doubs, Adriaeeinzug und Aare/

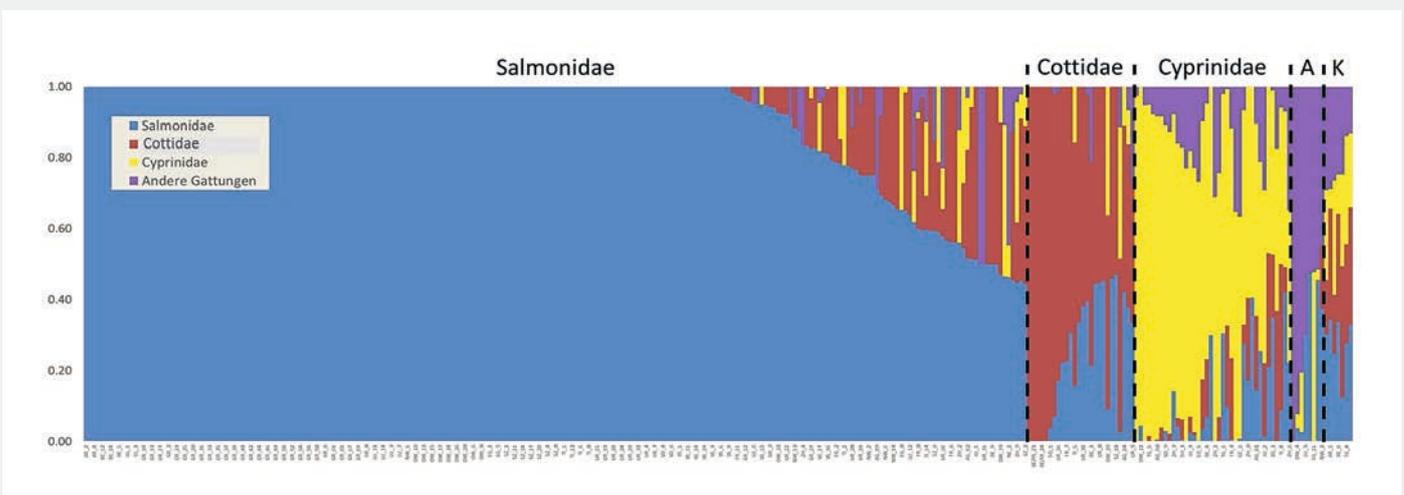


Fig. 6 Fischgemeinschaftszusammensetzung pro Standort. X-Achse: Jeder Balken ist ein Standort. Y-Achse: relative Abundanz. Bei einer relativen Abundanz von 100–40% (1–0,4 in der Y-Achse) einer Familie sind die Standorte zusammen gruppiert (A: Andere Familien dominieren die Artzusammensetzung mit mehr als 40% relativer Häufigkeit; K: Keine Familie dominiert mit relativer Häufigkeit >40%).

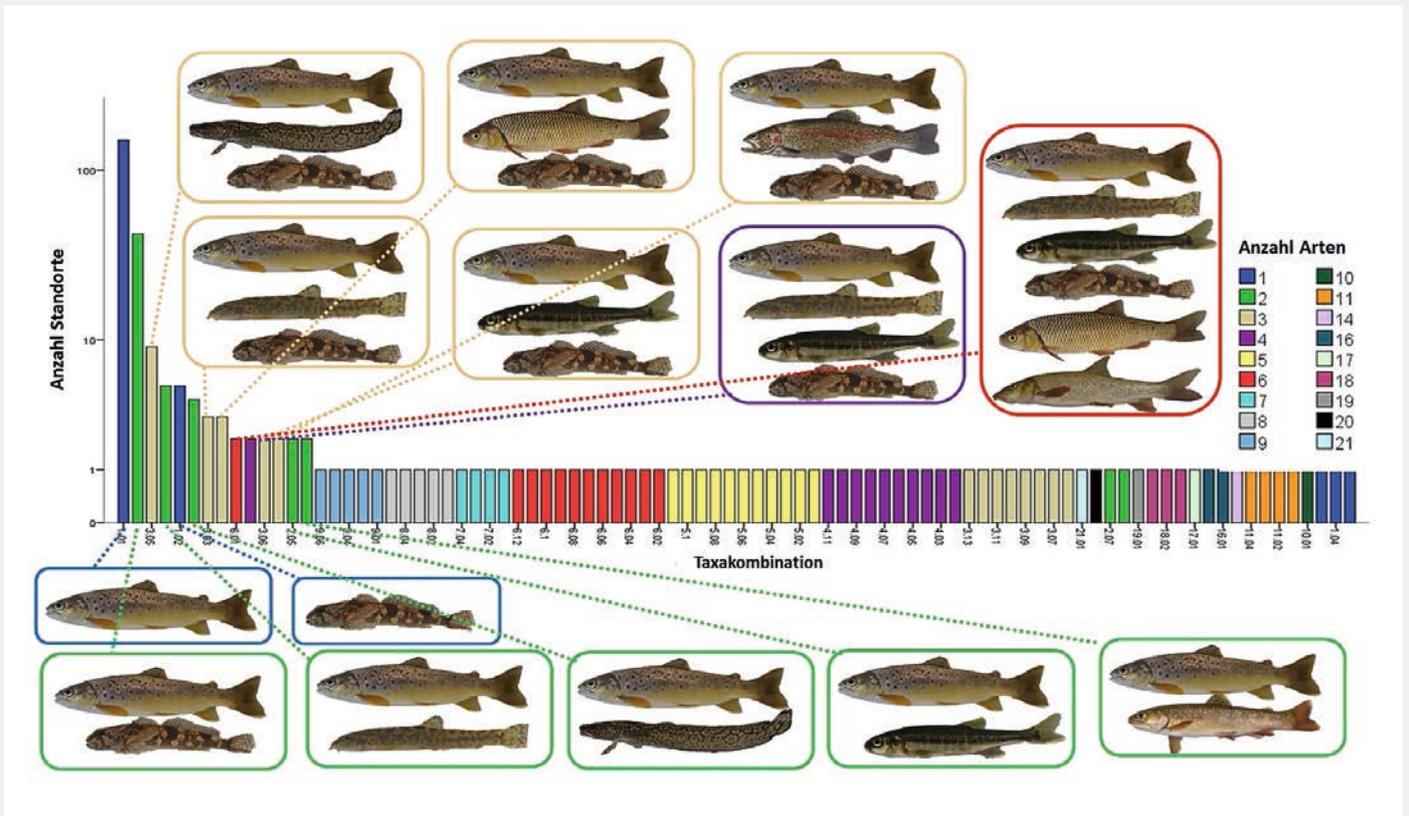


Fig. 7 Häufigkeit verschiedener Fischartengemeinschaften in den «Progetto Fiumi»-Daten. 88 verschiedene Artenkombinationen wurden festgestellt, von denen 14 (farbig umrahmte Boxen) an mehreren Standorten vorkamen. Da die Gattungen *Salmo*, *Phoxinus*, *Barbatula* und *Cottus* jeweils von mehr als einer Art vertreten sein können, von denen manchmal zwei oder drei am selben Standort vorkommen können, ist die tatsächliche Anzahl von verschiedenen Arten-gemeinschaften noch grösser als hier dargestellt. Die y-Achse verläuft auf einer logarithmischen Skala.

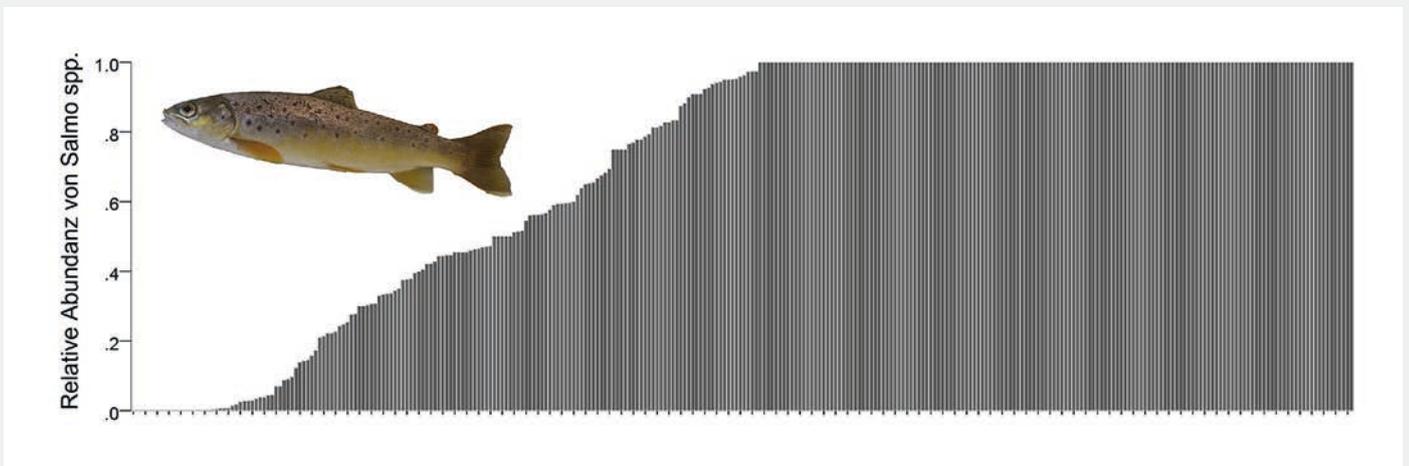


Fig. 8 Relative Abundanz (von der niedrigsten zur höchsten) von *Salmo* spp. an allen Standorten des Progetto Fiumi. Jede Säule steht für einen Standort (N=308).

Rhein zu drei genetischen Linien [17]. Ausserdem wurde das Aare/Rhein-einzugsgebiet offenbar in zwei Wellen kolonisiert, weshalb heute die Seen des Aareeinzugsgebiets von einer genetischen Linie bewohnt werden, während die Fliessgewässer desselben Einzugsgebiets unterhalb der voralpinen Seen, aber auch der Bodensee und der Genfersee, von einer anderen Linie bewohnt werden [17].¹ Auch phänotypisch

sind diese Groppentypen oftmals unterscheidbar. Ausserdem kam es bei den Seegruppen innerhalb einiger Seen im Aare-Einzugsgebiet zu ökologischer Artbildung, wobei phänotypisch und zumindest in einem Fall auch genetisch unterschiedliche Ufer- und Tiefenformen entstanden sind [17]. All diese Erkenntnisse weisen darauf hin, dass die Gewässer der Schweiz heute von mehreren unterschiedlichen Groppenarten bewohnt

werden, die nun noch taxonomisch bearbeitet werden müssen.

Bachschmerlen (*Barbatula* spp.)

Bachschmerlen wurden an vielen Standorten in allen Einzugsgebieten mit Ausnahme von Po und Etsch gefangen. Bisher

¹ Das Rhein- und das Rhone-Einzugsgebiet des Genferseebeckens waren in den letzten Jahrtausenden zwischenzeitlich miteinander verbunden.

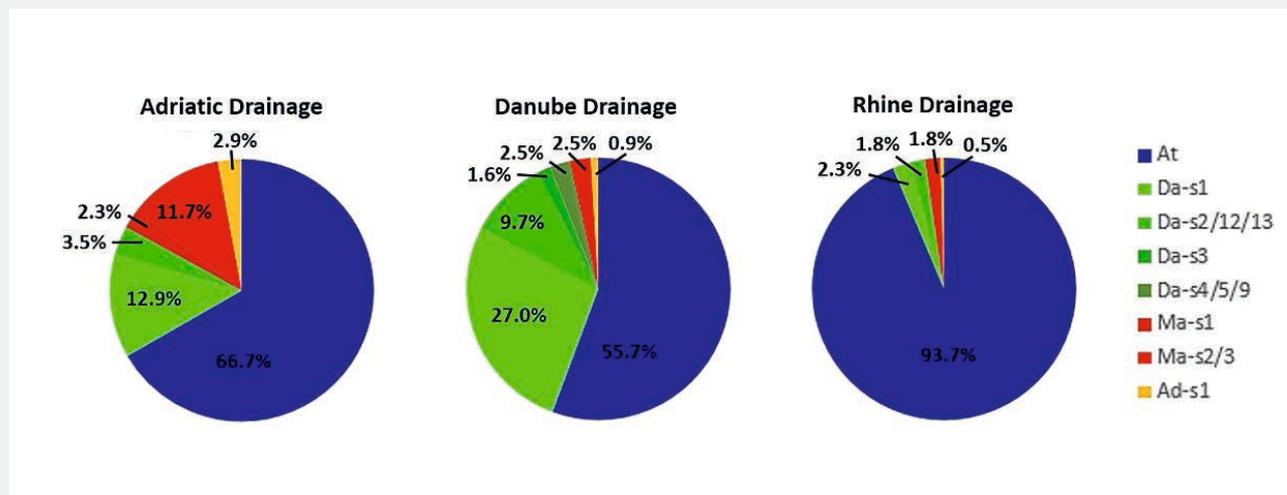


Fig. 9 Verteilung der linientypischen Haplotypen im Graubündner Adria- Donau- und Rheineinzugsgebiet.

Blau = atlantische Linie, Grün = Donaulinie, Rot= Marmorata-Linie, Gelb = adriatische Linie



Fig. 10 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 artspezifischen Phänotypen zusammenpassen (z.B.: Obwohl die mittlere Forelle den Marmorata-Haplotyp aufweist, ist der Marmorata-Phänotyp nicht erkennbar).

wurden alle Bachschmerlen der Schweiz einer Art (*Barbatula barbatula*) zugewiesen [14]. Genetische Analysen der in der Schweiz gesammelten Proben belegen nun das Vorkommen von drei differenzierten mitochondrialen Linien, die vermutlich drei verschiedenen Schmerlen-Arten angehören. Eine davon ist *B. quignardi*. Ihr Verbreitungsgebiet galt bisher als

auf den Süden Frankreichs westlich der Rhone beschränkt. Nun wurde diese Art auch im Lac de Chalain, im Genfersee [13] und in der Allaine dokumentiert. Darüber hinaus wurde in allen grossen Seen des Aare- und Limmatystems eine Schmerlen-Linie nachgewiesen, die mit *B. quignardi* verwandt ist, sich jedoch seit mehreren Millionen Jahren getrennt

von ihr entwickelt hat. Gleichzeitig wurde in allen Flüssen derselben Region, sowie in Genfersee und Bodensee, eine noch weiter entfernt verwandte Linie gefunden [13]. Deshalb muss nun auch bei den Schmerlen der Artstatus taxonomisch neu erarbeitet werden.

LOKALE FRAGESTELLUNGEN

Bündner Forellen

Nebst den schweizweiten Analysen wurden teilweise auch schon geografisch begrenzte lokale Fragestellungen bearbeitet, die für den Schutz der Biodiversität von Bedeutung sind. So wurden z.B. 722 Forellen aus verschiedenen Einzugsgebieten in Graubünden genetisch mittels mitochondrialer DNA untersucht. Die Ergebnisse zeigen, dass sämtliche Haplotypen aller in der Schweiz lebenden Forellenarten im Kanton Graubünden festgestellt wurden (Fig. 9). Der Rhein-Haplotyp dominiert dabei auch im Adria- und Donaeinzugsgebiet. Die Untersuchungen zeigen, dass im Engadin eine Vermischung der Forellenarten unterschiedlicher Linien stattgefunden hat. Dies hatte im Engadin vermutlich auch Auswirkungen auf das Erscheinungsbild der Forellen. Die Forellen weisen dort nämlich ein grösseres Spektrum an Farbmustern auf als anderswo im Kanton (Fig. 10).

Aus Grund- und Oberflächenwasser

gespeiste Bäche

Grund- und oberflächenwassergespeiste Bäche unterscheiden sich im Temperaturregime, in Fliessgeschwindigkeit, Abfluss, Substrat und Nahrungsangebot,

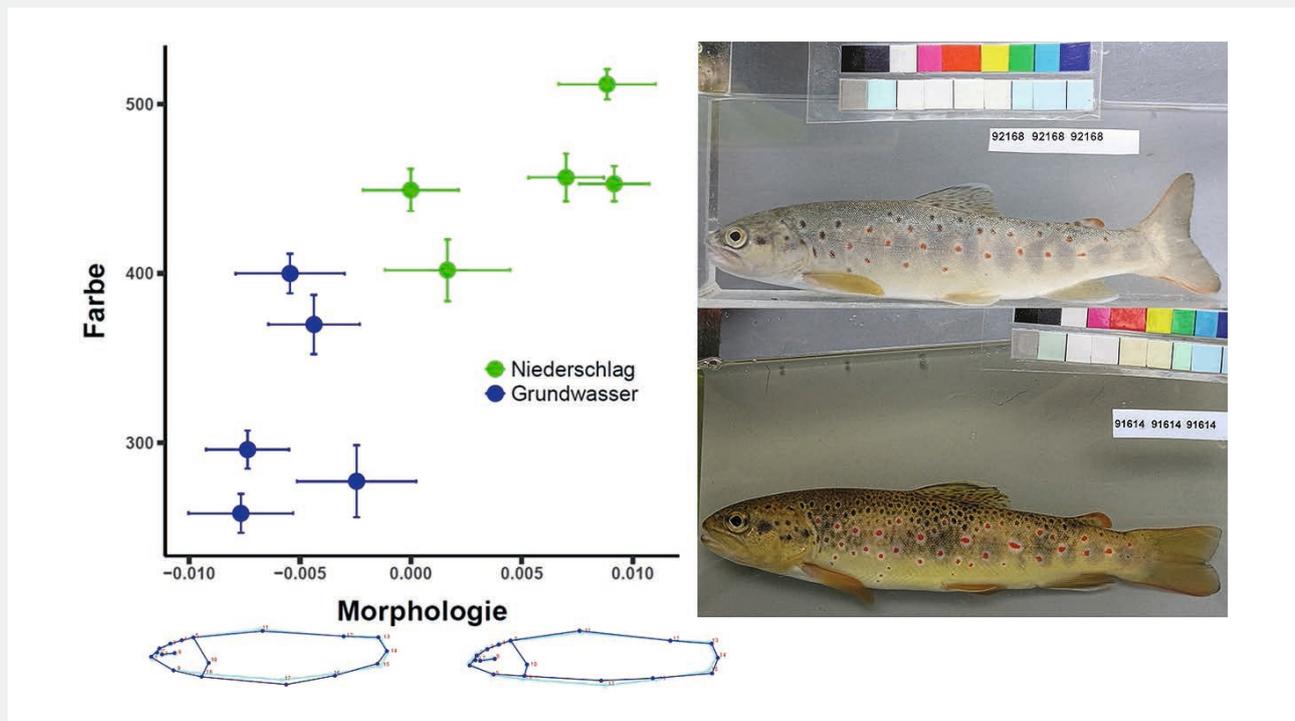


Fig. 11 Phänotypische Unterschiede bei Forellen im Vierwaldstätterseeinzugsgebiet (X-Achse: Morphologie; Y-Achse: Farbe) in Abhängigkeit vom Gewässertyp. Je höher der Farbwert, desto heller ist der Fisch. Die Punkte zeigen das Mittel eines Probenahmeortes \pm Standardabweichung. Rechts unten: Forelle aus einem Grundwasserbach (Grundwasser). Rechts oben: Forelle aus einem Oberflächenwasserbach (Niederschlag).

was zu gewässerspezifischen Anpassungen bei den vorkommenden Fischen führen kann. Deshalb wurden im Einzugsgebiet des Vierwaldstättersees in mehreren Gewässern der beiden Typen Umweltvariablen, Makroinvertebratenproben sowie genetische, morphologische, phänotypische und Mageninhaltsdaten der Fische untersucht.

In grundwassergespeisten Bächen belegen die Ergebnisse das Vorkommen von deutlich dunkleren und hochrückigeren Forellen als in oberflächenwassergespeisten Gewässern (Fig. 11) [18]. Auch Unterschiede bei der Nahrungsaufnahme zwischen Forellen aus den beiden Gewässertypen wurden gefunden. So ist der Grad individueller Spezialisierung auf bestimmte Beutetiere in grundwassergespeisten Gewässern signifikant höher als in oberflächenwassergespeisten [19]. Solche lokalen Unterschiede sind für die Bewirtschaftung wichtig und können einen deutlichen Einfluss auf die Überlebenswahrscheinlichkeit von Fischen haben [20].

Punktlose Forellen

Die waadtländischen Behörden haben im Oberlauf der Bioleyre, einem Zufluss der Broye, eine spezielle Population festgestellt, in der Forellen weder rote noch

schwarze Punkte aufweisen. Im unteren Teil des Baches kommen ausschliesslich gepunktete Forellen vor und dazwischen beide sowie intermediäre Phänotypen (Fig. 12).

Individuen verschiedener Standorte mit unterschiedlichen Phänotypen wurden genauer untersucht. Die Resultate legen nahe, dass genetische Unterschiede zwischen den punktelosen und den gepunkteten Populationen bestehen (Fig. 13). Anscheinend kommt es an Standorten, an denen beide Typen vorkommen, zu einem Genaustausch zwischen den Forellentypen. Ob sich die punktelose Population mit ihrem speziellen Phänotyp in der Bioleyre entwickelt hat oder eingeführt wurde, ist nicht abschliessend geklärt. Im Rahmen der Bewirtschaftung sollte dieser Eigenheit unbedingt Rechnung getragen werden.

Ökologische Auswirkung von Kleinwasserkraftanlagen

Aufgrund der Wasserentnahme für Kleinwasserkraftanlagen entsteht oftmals eine Restwasserstrecke mit stark reduziertem Abfluss. Die Reduktion des Abflusses und der Geschieberückhalt am Wehr haben einen starken Einfluss auf das Gewässer [21, 22] und auf die dort lebenden Organismen. Die ökologischen Auswirkungen

dieser Anlagen auf die Bewohner der Bergflüsse sind bisher allerdings nur wenig untersucht worden.

Im Herbst 2014 und 2015 wurden an acht Kleinwasserkraftanlagen (Laufwasserkraftwerke mit Restwasserstrecke) jeweils drei Standorte bezüglich ihrer Habitatbeschaffenheit, Makroinvertebratengemeinschaft und Forellenpopulation untersucht (Fig. 14). Die Ergebnisse zeigen in der Restwasserstrecke tendenziell eine geringere Dichte an sensiblen Makroinvertebraten (Eintagsfliegen, Steinfliegen und Köcherfliegen). Im Bereich der acht Kleinwasserkraftwerke waren Forellen mit einer Ausnahme die einzigen vorkommenden Fische (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 relativ zur Körperlänge in vielen der Restwasserstrecken vermindert (Fig. 14).

FAZIT

Das *Progetto Fiumi* war in erster Linie ein Feldprojekt mit dem Hauptziel, eine repräsentative Referenzsammlung von Fischarten und -populationen der Schweizer Fliessgewässer zu erstellen.

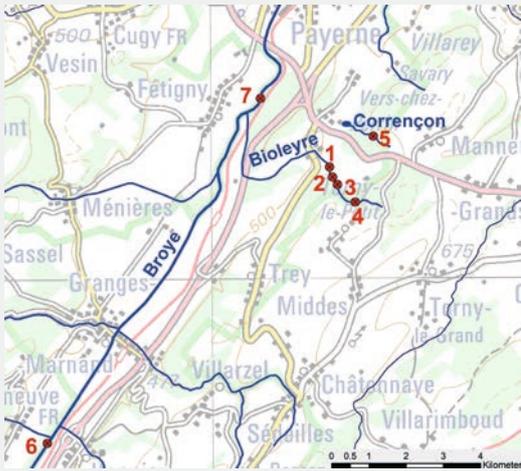


Fig. 12 Links: Übersichtskarte der Probenahmen (Quelle: swisstopo). Rechts: Phänotypen der drei Forellentypen aus der Bioleyre, oben = normal, Mitte = intermediär, unten = punktlos.

Dabei sollten möglichst viele Standorte befischt und so viele Informationen und so viele Proben wie möglich gesammelt werden. Zusammen mit den ebenfalls umfassend erhobenen Umweltdaten stellt die Sammlung eine Grundlage für zukünftige Analysen der Fischbiodiversität der Fliessgewässer dar. Diese ist in der Schweiz bereits jetzt stark bedroht und wird in Zukunft aufgrund des fortschreitenden Klimawandels und weiteren menschlichen Einflüssen noch mehr in Bedrängnis geraten.

In den letzten Jahren ist das Bewusstsein unter Fachleuten gestiegen, dass eine bessere Kenntnis der Artenvielfalt, einschliesslich der Eigenschaften von lokalen Populationen in den verschiedenen Gewässern unverzichtbar ist. Durch die genetischen Analysen des *Progetto Fiumi* und des *Projet Lac* wurde ersichtlich, dass für eine Bewertung der Fischbiodiversität die Identifizierung im Feld oftmals

unzureichend ist. Ein beträchtlicher Teil der Schweizer Fischdiversität bleibt dem taxonomisch und ökologisch ungeschulten Auge im Feld verborgen und kann nur durch sorgfältige Analysen von Phänotypen und genetischem Material im

Labor erkannt werden. Diese oberflächlich betrachtet «verborgene» Diversität betrifft Arten innerhalb vieler Gattungen (u. a. *Barbatula*, *Gobio*, *Phoxinus*, *Cottus*, *Salmo*) sowie distinkte Populationen innerhalb von Arten (z. B. die punktlosen

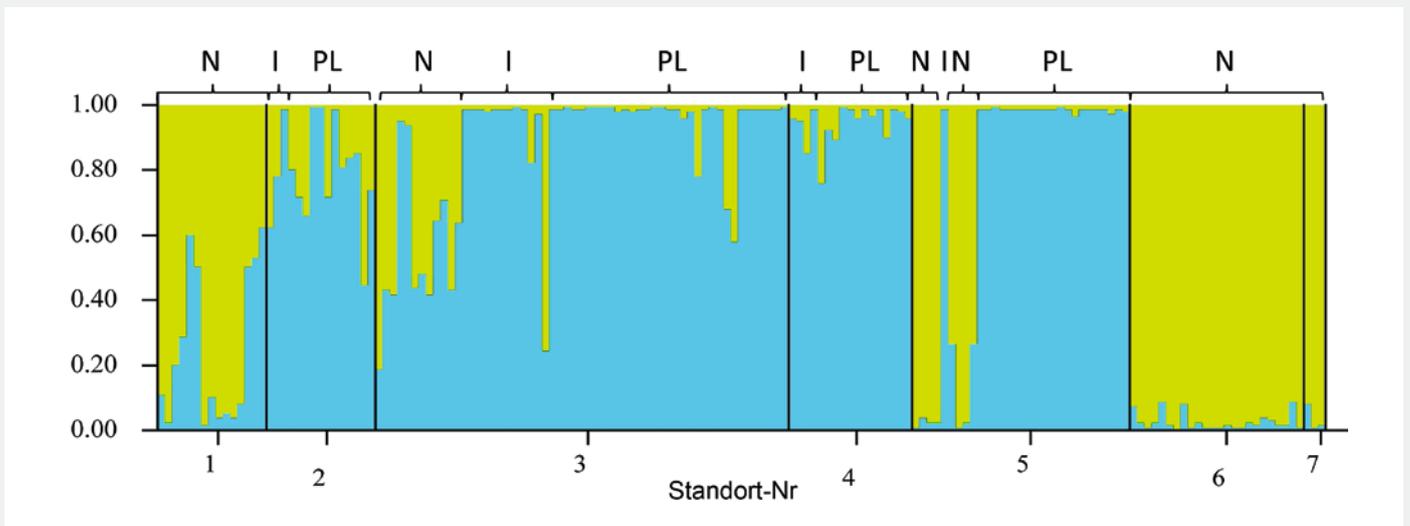


Fig. 13 «Structure» Plot der genetischen Analyse. 1-7 entspricht den Probenahmestandorten von Abb. B4.1. Jeder vertikale Balken repräsentiert ein Individuum, die Farbe gibt die Wahrscheinlichkeit der Zugehörigkeit zum jeweiligen genetischen Cluster an. Die geschweiften Klammern über dem Diagramm zeigen die Phänotypen an: N = normal, I = intermediär, PL = punktlos. Der Standort 5 (Corrençon) wurde mit punktlosen Forellen der Bioleyre besetzt.

Bachforellen der Bioleyre), aber auch spezielle Phänotypen/Genotypen innerhalb einer Population. Für die Erkennung, Vorhersage und Vermeidung von Biodiversitätsverlust bei Fischen und von Populationen mit lokalen Anpassungen sind eine verlässliche Taxonomie auf Artniveau und ein gutes Verständnis der Prozesse, die der Diversität und ihres Erhalts zugrunde liegen, unverzichtbar. Nur so kann die Vielfalt der Fische in der Schweiz hinreichend geschützt werden.

EMPFEHLUNGEN

Für die verlässliche Identifikation von Fischarten sind vertiefte taxonomische Kenntnisse dringend erforderlich. Es gilt, diese zu erhalten, wo sie bestehen, und die Schaffung von taxonomischen Fähigkeiten zu fördern. Zudem sollte vermehrt eine Kombination von genetischen und morphologischen Methoden eingesetzt werden. Nur so wird es möglich sein, die Artenvielfalt in Zukunft vollständig zu erfassen und auch Veränderungen darin frühzeitig zu erkennen. Um die zukünftige Entwicklung der Fischbiodiversität zu dokumentieren, wäre es zudem sinnvoll, alle Datensätze von standardisierten Befischungen und Sichtungen in einer öffentlich zugänglichen Datenbank zu sammeln. Ein gutes Beispiel 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.

Viele bedrohte Arten bewohnen die Gewässer des Flachlands, die stark durch anthropogene Eingriffe betroffen sind. Heute sind in der Schweiz keine Fließgewässer von nationaler Bedeutung ausgeschieden, in denen diesen seltenen und bedrohten Arten ein hohes Gewicht bei Interessenabwägung zugestanden würde. Die aktuelle energiepolitische Lage und die extreme Trockenheit im Jahr 2022 zeigt deutlich auf, dass die wenigen verbliebenen Lebensräume akut gefährdet sind und dringend geschützt werden müssen.

Schliesslich zeigen die Probenahmen und die bisherigen Ergebnisse aus dem *Progetto Fiumi*, dass ein Grossteil der

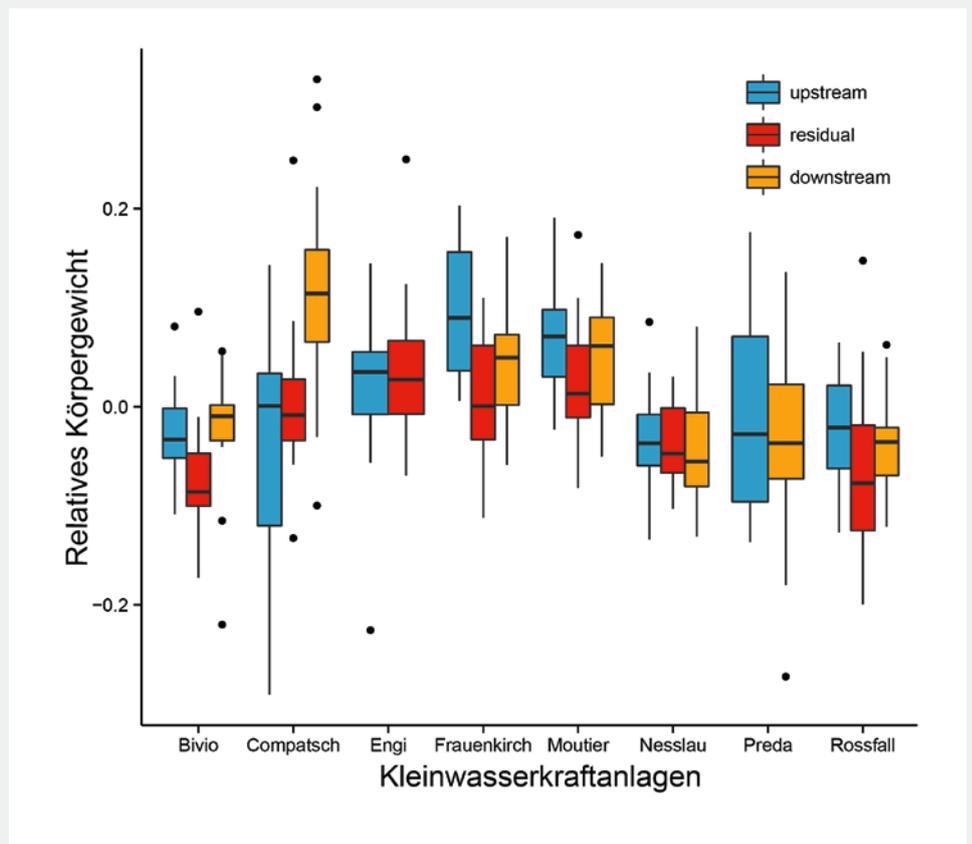
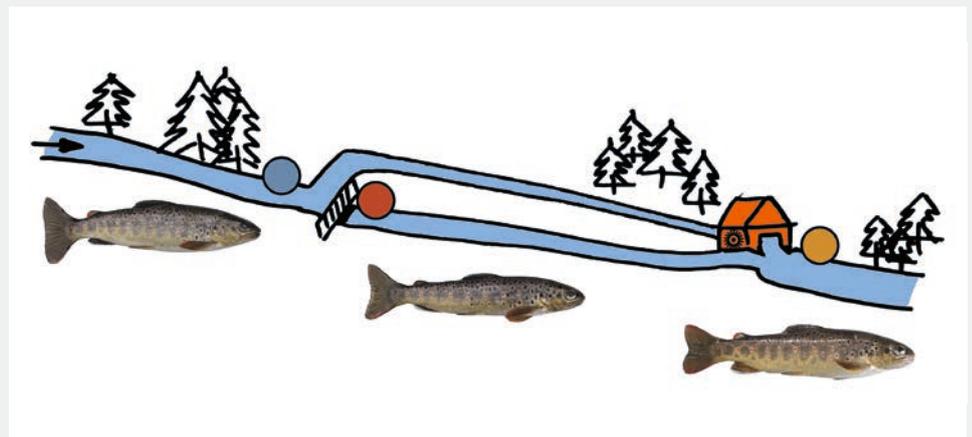


Fig. 14 Probenahmestandorte an den Kleinwasserkraftanlagen: oberhalb Wehr = Blau, Restwasserstrecke = Rot, unterhalb Wasserrückgabe = Orange; unten: relatives Körpergewicht der Forellen. (Daten wurden auf Körperlänge standardisiert; Farben entsprechen den Standorttypen).

Fischarten und insbesondere auch viele der gefährdeten Arten in den grossen Fließgewässern vorkommen. Die Fischbestände dieser Gewässer und viele der darin vorkommenden Fischarten wurden bisher in der Schweiz, im Gegensatz zu Beständen der kleineren und mittleren Fließgewässer (dieses Projekt) und der Seen (*Projet Lac*) mit wenigen Ausnahmen, nicht standardisiert untersucht. Diese Lücke sollte dringend noch geschlossen werden, um die Diversität der Fische eingehender erfassen und schützen zu können. Dabei sollte auch die innerartliche Vielfalt vergleichend

zwischen kleineren und grossen Fließgewässern erfasst werden, denn es ist denkbar, dass grosse Flüsse und kleinere Zuflüsse von unterschiedlich angepassten Varianten bewohnt werden.

BIBLIOGRAPHIE

- [1] Cardinale, B.J. et al. (2012): Biodiversity loss and its impact on humanity. *Nature*; 486: 59–67
- [2] Alexander, T.J. et al. (2017): Eutrophication-driven evolution change aquatic ecosystems? *Phil Trans R Soc B*; 372: 1–10
- [3] McCann, K.S. (2000): The diversity–stability debate. *Nature* 2000; 405: 228–233
- [4] Schindler, D.E. et al. (2010): Population diversity

- and the portfolio effect in an exploited species. *Nature*; 465: 609–612
- [5] Seehausen, O. et al. (2022): Unerwartete Artenvielfalt in Seen des Alpenraumes. *Aqua & Gas*; 64–71
- [6] Ceballos, G. et al. (2015): Accelerated modern human-induced species losses: Entering the sixth mass extinction. *Science Advances*; 1: e1400253
- [7] Schweizerischer Bundesrat (2017): Aktionsplan Strategie Biodiversität Schweiz. Bern: Bundesamt für Umwelt (BAFU), <https://www.bafu.admin.ch/bafu/de/home/themen/biodiversitaet/fach-informationen/biodiversitaetspolitik/strategie-biodiversitaet-schweiz-und-aktionsplan.html>
- [8] Gattlen, N. et al. (2017): Biodiversität in der Schweiz: Zustand und Entwicklung. Ergebnisse des Überwachungssystems im Bereich Biodiversität, Stand 2016. 1630, Bundesamt für Umwelt BAFU
- [9] Bundesamt für Umwelt (2022): Info Fauna (CSCF). Rote Liste der Fische und Rundmäuler. Gefährdete Arten der Schweiz. Umwelt-Vollzug Nr 2217; 37
- [10] Vonlanthen, P. et al. (2012): Eutrophication causes speciation reversal in whitefish adaptive radiations. *Nature*; 482: 357–362
- [11] Brodersen, J. et al. (2023): Erhebung der Fischbiodiversität in Schweizer Fließgewässern – Progetto Fiumi Schlussbericht, <https://doi.org/10.55408/eawag:30020>
- [12] Hodapp, D. et al. (2018): Spatial heterogeneity in species composition constrains plant community responses to herbivory and fertilisation. *Ecology letters* 2018; 21: 1364–1371
- [13] Alexander, T.J., Seehausen, O. (2021): «Projet Lac» synthesis report. Diversity, distribution and community composition of fish in perialpine lakes. Eawag
- [14] Kottelat, M.; Freyhof, J. (2007): Handbook of European freshwater fishes. Cornol: Publ. Kottelat
- [15] Vonlanthen, P.; Hefti, D. (2016): Genetik und Fischerei. Zusammenfassung der genetischen Studien und Empfehlungen für die Bewirtschaftung. Umwelt-Wissen 1637, Bern: BAFU
- [16] Molina, C. (2019): Caractérisation génétique des truites de rivière du Canton Tessin. CAS Poissons d'eau douce d'Europe – Ecologie et Gestion., https://m4.ti.ch/fileadmin/DT/temi/pesca/rapporti/CAS__ChristopheMolina_Caracterisation_genetique_des_truites_de_riviere_du_Canton_Tessin.pdf
- [17] Lucek, K. et al. (2018): Distinct colonization waves underlie the diversification of the freshwater sculpin (*Cottus gobio*) in the Central European Alpine region. *Journal of Evolutionary Biology* 2018; 31: 1254–1267
- [18] Dermond, P. (2019): Heritable morphological differentiation in salmonids from two distinct stream types. *Journal of fish biology*; 95: 1215–1222
- [19] Dermond, P. (2018): Environmental stability increases relative individual specialisation across populations of an aquatic top predator. *Oikos*; 127: 297–305
- [20] Araki, H. et al. (2008): Fitness of hatchery-reared salmonids in the wild. *Evolutionary applications*; 1: 342–355
- [21] Anderson, D. et al. (2015): The impacts of 'run-of-river' hydropower on the physical and ecological condition of rivers. *Water and Environment Journal*; 29: 268–276
- [22] Lange, K. et al. (2018): Multiple-stressor effects on freshwater fish: Importance of taxonomy and life stage. *Fish and Fisheries*; 19: 974–983