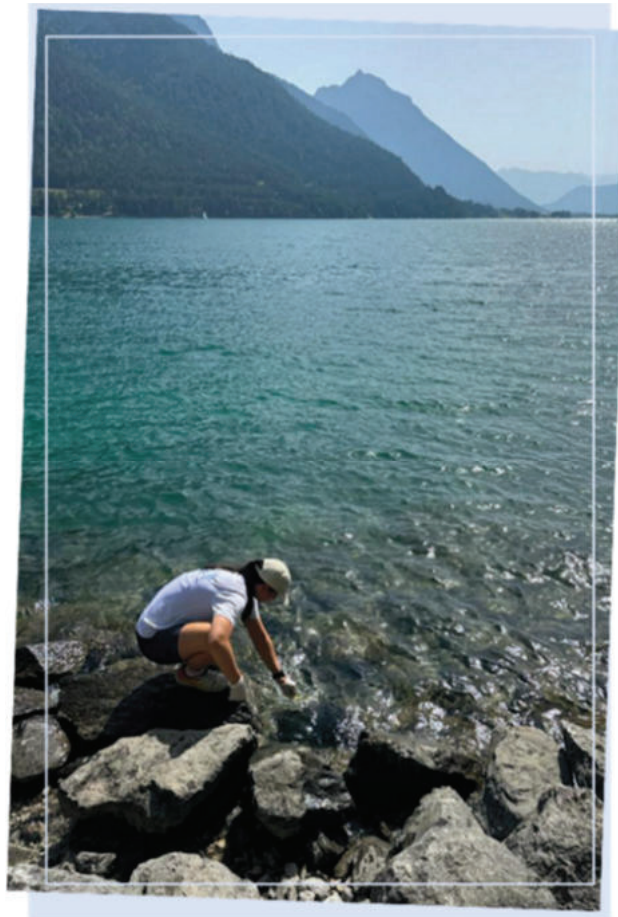


Erfassung von Fisch-, Krebs-, Muschel- und Wasserpflanzenarten in ausgewählten Tiroler Seen mittels Detektion von eDNA in Wasserproben



Durchgeführt von: **Sinsoma GmbH**

Beauftragt vom: **Amt der Tiroler Landesregierung, Abteilung Wasserwirtschaft**

Dieses Projekt wird durch den Biodiversitätsfonds des Bundesministeriums für Klimaschutz, Umwelt, Energie, Mobilität, Innovation und Technologie gefördert.

Gefördert durch

 **Bundesministerium**
Klimaschutz, Umwelt,
Energie, Mobilität,
Innovation und Technologie



**Finanziert von der
Europäischen Union**
NextGenerationEU



Ansprechpersonen Sinsoma:

Dr. Corinna Wallinger (corinna.wallinger@sinsoma.com)

Dr. Karin Wastian (karin.wastian@sinsoma.com)

Probennahme und Labor: Carolin Strutzmann, MSc.; Mag. Janine Leitner; Julia Wagner, MSc.; Christiane Zeisler, MSc.; Rainer Fantur, MSc.; Tobias Wallinger; Anja Ekblad, BSc.; Anna Mutti, MSc.

Bioinformatik: Julia Wagner, MSc., Anna Mutti, MSc.

Berichterstellung: Dr. Karin Wastian, Dr. Corinna Wallinger

Zitiervorschlag:

Sinsoma GmbH 2024: Erfassung von Fisch-, Krebs-, Muschel- und Wasserpflanzenarten in ausgewählten Tiroler Seen mittels Detektion von eDNA in Wasserproben, Bericht im Auftrag des Amtes der Tiroler Landesregierung, 157 Seiten

Inhaltsverzeichnis

1. Hintergrund und Zielsetzung	5
2. Methodischer Ansatz	6
Details zur Probenahme	6
Details zur Extraktion der eDNA aus gefilterten Wasserproben	7
Details zur Detektion bzw. Identifikation der eDNA auf Artniveau	7
3. Ergebnisse für ausgewählte Tiroler Seen	10
3.1 Badensee Mieming	11
3.2 Fernsteinsee	14
3.3 Piburger See	17
3.4 Natterer See	20
3.5 Brennersee	24
3.6 Lanser See	27
3.7 Möserer See	28
3.8 Obernberger See	32
3.9 Wildsee	35
3.10 Baggersee Roßau	38
3.11 Badensee Going	41
3.12 Badeteich Brixen	43
3.13 Badensee Kirchberg	46
3.14 Gieringer Weiher	48
3.15 Lauchsee Fieberbrunn	51
3.16 Piller See	55
3.17 Schwarzsee	59
3.18 Berglsteiner See	62
3.19 Buchsee	65
3.20 Hechtsee	68
3.21 Hintersteiner See	72
3.22 Krummsee	76
3.23 Moorstrandbad Kirchbichl	80
3.24 Reintaler See	83
3.25 Reither See	86
3.26 Stimmersee	89

3.27 Thiersee.....	92
3.28 Walchsee	97
3.29 Badensee Ried	102
3.30 Badeteich Ladis	105
3.31 Tristacher See.....	108
3.32 Blindsee.....	111
3.33 Haldensee.....	114
3.34 Heiterwanger See.....	117
3.35 Plansee	121
3.36 Urisee.....	127
3.37 Vilsalpsee	130
3.38 Achensee.....	134
3.39 Weißlahn.....	141
3.40 Schlitterer See	144
4. Zusammenfassung.....	148
Anhänge	149
Tabellen- & Abbildungsverzeichnis	153
Literatur	156

1. Hintergrund und Zielsetzung

Die Analyse von DNA-Spuren, welche Organismen an ihre Umgebung abgeben, sogenannter Umwelt-DNA (environmental DNA, **eDNA**), hat sich in den letzten Jahren zu einem effizienten und verlässlichen Werkzeug im Monitoring von aquatischen Lebensräumen entwickelt. eDNA kann aus Umweltproben wie Wasser extrahiert werden und ermöglicht eine nicht invasive Bestimmung der darin vorkommenden Arten.

So erlauben eDNA-Analysen eine wetter- und tageszeitenunabhängige Beprobung und bei gleichem Personal- und Zeitaufwand können damit deutlich mehr Gewässer beprobt werden als mit herkömmlichen Methoden. Darüber hinaus hängt ein Nachweis eines Taxons nicht vom Lebensstadium des Organismus (Ei, Larve, adultes Tier) oder der Expertise des Beprobenden ab. Ein zusätzlicher Vorteil ist die Möglichkeit, verschiedene Organismengruppen (Tiere, Pflanzen, Pilze, Bakterien) aus ein und derselben Probe zu bestimmen, was zu einer enormen Reduktion des Umfangs von Feldarbeiten führen kann.

Um eDNA analysieren zu können, wird die Wasserprobe in der Regel filtriert, sodass sich die eDNA auf dem Filter konzentriert. In der jüngeren Vergangenheit hat sich das Filtrieren durch eingekapselte Einwegfilter als Methode der Wahl durchgesetzt. Dies verhindert effektiv eine Kreuzkontamination (Übertragung) der DNA einzelner Proben untereinander. Auch im vorliegenden Auftrag wurde eDNA in den Gewässern basierend auf **Filterproben** analysiert.

Grundsätzlich kann bei den molekularen Detektionsmethoden zwischen zwei Verfahren unterschieden werden: dem diagnostischen Ansatz, bei dem gezielt nach der DNA einzelner oder mehrerer Arten gesucht wird, und dem **Metabarcoding**, anhand dessen das Artenspektrum von Organismengruppen identifizieren werden kann. Jede dieser Methoden hat Vor- und Nachteile. So eignen sich diagnostische Ansätze aufgrund ihrer hohen Sensitivität und Spezifität sehr gut, um gezielt nach seltenen oder verborgen lebenden Arten sowie bspw. geschützten oder invasiven Arten (Neobiota). Ein Metabarcoding hingegen ermöglicht die **Charakterisierung ganzer Organismengemeinschaften im Überblick**, birgt jedoch das Risiko, dass das eDNA-Signal sehr häufiger Arten jenes von seltenen Arten überdeckt, und das Vorkommen der Spezies mit geringer Individuenzahl dadurch übersehen wird.

Das vorliegende Projekt präsentiert eine umfassende Erhebung der aquatischen Fauna und Flora, nämlich der **Fisch-, Krebs-, Muschel- und Wasserpflanzenarten**, in **40 ausgewählten Tiroler Seen mittels Metabarcoding**. Die Kenntnis über das Vorkommen bzw. Fehlen von Arten ist eine wesentliche Grundlage, um die Biodiversität zu erfassen, zu erhalten und zu fördern sowie langfristige Zustände und Trends bewerten und eine Bewirtschaftung der Seen entsprechend gestalten zu können. Anhand der generierten Artenlisten kann die Verbreitung einerseits von wirtschaftlich relevanten Arten und andererseits von seltenen und gefährdeten Spezies sowie aquatischer Neobiota abgeleitet werden.

2. Methodischer Ansatz

Im August 2023 (zwischen dem 07.08. und 31.08.2023) wurden aus jedem der beauftragten Gewässer **Wasserproben** an verschiedenen Probenstellen filtriert und die auf den Filtern anhaftende **eDNA** anschließend extrahiert und mittels **Metabarcoding** identifiziert. Die Anzahl der Proben je Gewässer war abhängig von der Größe des Sees bzw. von der jeweiligen Uferlänge. Seen mit einer Uferlänge unter 3 km wurden an drei Stellen mit für das Gewässer unterschiedlichen charakteristischen Uferstrukturen beprobt. Bei Seen mit einer Uferlänge über 3 km wurde innerhalb eines jeden Kilometers entlang der Uferlinie eine Probe genommen um ein möglichst repräsentatives Bild für die Artenzusammensetzung zu erhalten. Von einer Beprobung tieferer Wasserschichten wurde in diesem Projekt abgesehen, da dadurch der Einsatz eines Bootes erforderlich geworden wäre und somit der Beprobungsaufwand enorm gestiegen wäre.

Die molekulare Analyse beinhaltete die Extraktion der eDNA aus den gefilterten Wasserproben sowie die Detektion und Identifikation dieser DNA auf Artniveau mittels Metabarcoding. **Zielarten** waren sämtliche Arten der Gruppen **Fische und Neunaugen, Krebse** und **Muscheln**, die in Europa heimisch oder eingebürgert sind oder als Neozoa vorkommen, sowie die in der EU-Verordnung zu **invasiven gebietsfremden** Arten geführten **Wasserpflanzen** sogenannter Neophyta (siehe Anhang, Tabelle B).

Die molekularen Analysen erfolgten in einem Speziallabor für molekulare Diagnostik der Sinsoma GmbH mit getrennten Laboren für Prä- und Post-PCR. Interne Kontrollstandards wurden bereits im Feld nach der Filtration sowie vor der Extraktion jeder Probe beigegeben, um ggf. eine nicht sachgemäße Probennahme, eine fehlgeschlagene DNA-Extraktion bzw. eine Inhibition der PCR, welche eine Vervielfältigung der vorhandenen eDNA verhindern würde, feststellen zu können. Bei allen 167 analysierten Proben in diesem Projekt konnte dies jedoch ausgeschlossen werden. Die DNA-Extraktion und PCR erwiesen sich als erfolgreich, da in jeder der Probe DNA von mindestens einer Organismengruppe detektiert wurde.

Details zur Probenahme

Die Probennahme wurde mittels Sinsoma-eDNA-Beprobungskit durchgeführt. An jeder Probenstelle wurde mit Hilfe eines Einweg-Plastikbeutels an mehreren Stellen Wasser entnommen. Diese integrierten Proben wurden anschließend mittels einer Akku-Peristaltikpumpe (Solinst Modell 410, Georgetown, Canada) oder Vampire Probensammler (Buerkle™ 5327-1000, Bad Bellingen, Deutschland) durch einen Kapselfilter filtriert (eDNA Dual Filter Capsule, Sylphium, Groningen, Niederlande) (Abb. A und B). Das filtrierte Volumen betrug in fast allen Fällen 1,5 L (Ausnahme: URI-03 [1,4 L] und MOO-01 sowie WEI-01 und WIE-03 [1,3 L]). Die so gewonnene eDNA wurden durch Zugabe einer Pufferlösung stabilisiert und konserviert. Während aller Arbeitsschritte wurden Einweghandschuhe getragen und ausschließlich Einwegmaterialien verwendet, um das Risiko einer Kreuzkontamination von eDNA zwischen den einzelnen Probenstellen zu verhindern. Abschließend wurden die Filter bei 4-8 °C in Kühlboxen in das Labor der Sinsoma GmbH geliefert.



Abbildung A: Akku-Peristaltikpumpe (Solinst Modell 410) und eDNA Dual Filter Capsule (Sylphium) zur automatisierten Beprobung von eDNA



Abbildung B: Filtration mittels dem Buerkle™ Vampire Probensammler im Feld

Details zur Extraktion der eDNA aus gefilterten Wasserproben

Nach einer Inkubation der Proben für 12 Stunden im Thermoschrank bei 56 °C (Lysis) wurde für die DNA-Extraktion ein Extraktionsroboter (Kingfisher™ Flex, Thermo Fisher Scientific) unter Verwendung des BioSprint 96 DNA Blood Kit (Qiagen, Hilden, Deutschland) und des Protokolls des Herstellers eingesetzt.

Details zur Detektion bzw. Identifikation der eDNA auf Artniveau

Um einen Überblick über das Artenspektrum der vier ausgewählten Organismengruppen zu erhalten, wurde ein Metabarcoding durchgeführt. Bei dieser Methode wird, im Gegensatz zum DNA-Barcoding, bei dem immer nur die DNA eines einzelnen Zielorganismus vervielfältigt, gelesen und identifiziert wird, eine Vielzahl von DNA-Barcodes gleichzeitig gelesen (sog. Next Generation Sequencing, NGS).

In einem ersten Schritt wurde ein spezifisches DNA-Fragment, welches bei den verschiedenen Arten unterschiedlich ausgeprägt ist, vervielfältigt (DNA-Barcode) und somit bestimmt, ob die jeweilige Probe eDNA der Zielgruppen enthält. Für jede der vier Gruppen wurden dafür speziell optimierte molekulare Nachweissysteme (PCR basierend auf gruppenspezifischen Primerpaaren) eingesetzt. Fische wurden mit für mitteleuropäische Fischarten (inkl. Neunaugen) optimierten MiFish-Primern detektiert, welche auf den Genabschnitt 12S abzielen (Miya et al. 2015). Das Nachweissystem für Flusskrebse beruht auf einem eigens inhouse-validiertem Assay (Genabschnitt 16S). Auch der Nachweis der Muscheln erfolgte mit eigenen Primern für Unionidae, Dreissenidae, Sphaeriidae & *Corbicula* (Genabschnitt 16S) und jener der Wasserpflanzen mit Primern, welche auf den Abschnitt ITS2 abzielen.

Die verwendete PCR-Chemie war der Qiagen Multiplex PCR Kit (Qiagen) für die PCR-Assays der Tiergruppen sowie für die Pflanzen-PCR der Type-it Mutation Detect PCR Kit (Qiagen). Die amplifizierten DNA-Fragmente aller vier Ansätze wurden im Anschluss für das NGS vorbereitet (Library Preparation) und auf der Illumina Plattform NextSeq2000 (P1, PE300) sequenziert. Die generierten DNA-Sequenzen wurden bioinformatisch verarbeitet, d.h. durch Algorithmen sortiert und mit den öffentlich zugänglichen Sequenzdatenbanken Genbank® NCBI und BOLD Systems den verschiedenen Artgruppen Fische und Neunaugen, Muscheln, Krebse und Pflanzen zugeordnet. Als sicherer Nachweis für die DNA einer Art gelten Detektionen von DNA-Sequenzen, welche zu 99% mit jenen dieser Art in den Datenbanken übereinstimmen und darüber hinaus mindestens 1% der generierten DNA-Sequenzen in der jeweiligen Probe ausmachen. DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro Probenstelle und Zielgruppe) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise und werden gesondert ausgewiesen.

Grundsätzlich ist die Zuordnung auf Artenebene mittels Metabarcoding immer auch hinsichtlich der Plausibilität kritisch zu hinterfragen. Für einzelne heimische Arten kann es vorkommen, dass zum Zeitpunkt des Abgleichs noch keine DNA-Sequenzen für den untersuchten Genabschnitt in den öffentlich zugänglichen Datenbanken verfügbar sind. Beim Einsatz des Algorithmus, welcher die Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in den Proben mit jenen in der Sequenzdatenbank vergleicht, werden in solchen Fällen die nächst verwandten Arten aus derselben Gattung angezeigt, allerdings mit einer vergleichsweise geringeren Übereinstimmung (%ID ≤98%). Dies gilt es bei der Interpretation der Daten zu beachten. Diese vermeintlichen „Nachweise“ nicht heimischer Arten sind in der Praxis dahingehend zu interpretieren, dass es sich hierbei mit hoher Wahrscheinlichkeit um Nachweise der verwandten heimischen Arten handelt.

Während ein eDNA-Nachweis eindeutig für das Vorkommen einer bestimmten Art spricht, bedeutet ein Nichtnachweis nicht zwingend, dass das Vorkommen dieser Art völlig auszuschließen ist. Es ist durchaus möglich, dass es sich um eine Falsch-Negative Probe handelt. Das heißt für Vertreter der hier gewählten Zielgruppen Fische und Neunaugen, Muscheln, Krebse, invasive Wasserpflanzen könnte es sein, dass an einer Probenstelle keine Nachweise detektiert werden, weil z.B. nur sehr wenige Individuen im Gewässer sind oder diese sich über einen längeren Zeitraum nur in tieferen Lagen aufgehalten haben. Wenn sich dann im See aufgrund der hohen Sommertemperaturen eine Schichtung ausgebildet hat und in der Folge kaum Durchmischung stattfindet, gelangen DNA-Spuren von Arten, welche sich in den tieferen Schichten aufhalten, kaum oder nur in sehr geringen Mengen in die Uferbereiche, an denen beprobt worden ist. Ebenso können solche Falsch-Negative darin begründet sein, dass die Dominanz einzelner Arten dazu führt, dass Arten mit vergleichsweise geringeren Dichten „übersehen“ werden. Beim Metabarcoding gibt es eine definierte Anzahl an Analyseplätzen pro Durchlauf für die Sequenzierung. Die DNA-Moleküle, welche einen Platz auf der Platte erhalten, werden vervielfältigt und auch gelesen. Wenn hier eine Dominanz der eDNA von einzelnen Arten vorherrscht und von anderen vergleichsweise nur wenige DNA-Spuren vorhanden sind, dann

kann es dazu kommen, dass der überwiegende Teil der Plätze an die dominanten Arten geht und die wenigen DNA-Moleküle von Spezies, welche sich eher außerhalb der beprobten Bereiche aufhalten, nicht erfasst und damit auch nicht detektiert werden.

Für optimale Ergebnisse empfehlen sich wiederholte Probennahmen übers Jahr verteilt und ggf. eine gezielte Nachsuche mittels diagnostischer Nachweise nach bestimmten Arten, von denen man weiß, dass sie sich eher in tiefen Schichten aufhalten bzw. nur wenige Individuen vertreten sind. Zu bedenken ist auch, dass eine solche Fischbestandsanalyse anhand von eDNA immer nur eine Momentaufnahme ist und wir hiermit einen rein qualitativen Nachweis erhalten (nachgewiesen/nicht nachgewiesen). Auch wenn die Anzahl an Sequenzen innerhalb einer Probe einen möglichen Aufschluss über die Menge an eDNA liefern kann, so ist zu berücksichtigen, dass diese Menge nur unter sehr bestimmten Voraussetzungen auch mit der Individuenzahl korrelieren kann (Thalinger *et al.* 2019). Die Menge an eDNA im Freiwasser wird neben der Zahl an Individuen von zahlreichen Faktoren beeinflusst, sowohl bei der Abgabe (z.B. durch die Biologie, die Größe, das Alter aber auch die Aktivität und die Fitness der Tiere) als auch durch physikalische Parameter wie die Entfernung zur „DNA-Quelle“, die Fließgeschwindigkeit, Turbulenzen oder Trübstoffführung sowie natürliche Abbauprozesse im Gewässer.

In den nachfolgend im Bericht enthaltenen Tabellen sind alle Nachweise der tierischen Organismen aus den gewählten Zielgruppen für jeden See dargestellt – einmal aufgeschlüsselt nach Probenstellen und einmal zusammenfassend für den gesamten See. In den Tabellen sind sowohl gesicherte als auch ungesicherte Nachweise von eDNA enthalten. Dies ist beim Lesen der Tabellen zu berücksichtigen und für die Interpretation dieser Tabellen sollte daher die Plausibilisierung der Ergebnisse für jeden See herangezogen werden. Im Rahmen dieses Auftrags wurde auch nach invasiven Pflanzen gesucht, da jedoch in keiner der Proben solche detektiert werden konnten, gibt es auch keine Tabellen zu den Pflanzen.

Vereinzelte wurden Amphibien-Sequenzen mit dem Nachweissystem für Fische detektiert. Dies kann manchmal auftreten, wenn wenig Ziel-DNA in der Probe ist, sodass die Primer auch auf die DNA von verwandten Tiergruppen ausweichen können (sowohl Fische als auch Lurche sind Wirbeltiere). Amphibien waren nicht als Zielgruppe in dieser Studie enthalten, u.a. auch weil der Zeitraum der Beprobung für diese Tiergruppe nicht geeignet ist. Für eine Erhebung der Amphibien empfehlen wir gegebenenfalls eine gezielte Nachsuche mittels eines für Amphibien spezifischen Metabarcoding-Ansatzes im Frühling, da sich in der Laichzeit die meisten Individuen in den Gewässern aufhalten und damit ausreichend eDNA in den Gewässern zu erwarten ist.

3. Ergebnisse für ausgewählte Tiroler Seen

Insgesamt wurden im August 2023 167 Filterproben aus 40 stehenden Gewässern entnommen, wobei es sich um mindestens drei Wasserproben pro See handelte. Der überwiegende Teil wurde vom Ufer aus entnommen, am Achensee kam jedoch auch ein Boot zum Einsatz.

Tabelle A: Liste der 40 ausgewählten Seen mit der jeweiligen Uferlänge und der daraus resultierenden Anzahl von genommenen Filterproben

Bezirk	Gemeinde	Gewässer-ID*	Gewässername	KURZ	Uferlänge [m]	Proben
IM	Mieming	T1783R1	Badesee Mieming	BSM	872	3
IM	Nassereith	T5040R1	Fernsteinsee	FER	3544	4
IM	Oetz	T5401R1	Piburger See	PIB	1986	3
IL	Natters	T1993R1	Natterer See	NAT	936	3
IL	Gries	T2121R1	Brennersee	BRE	1043	3
IL	Lans	T2261R1	Lanser See	LAN	622	3
IL	Telfs	T1830R1	Möserer See	MOE	970	3
IL	Obernberg	T2291R1	Obernberger See	OBE	1919	3
IL	Seefeld	T1537R1	Wildsee	WIL	1654	3
I	Innsbruck	T2312R1	Baggersee Roßau	BGR	763	3
KB	Going	T4228R1	Badesee Going	BSG	296	3
KB	Brixen	T3570R1	Badeteich Brixen	BTB	409	3
KB	Kirchberg	T4159R1	Badesee Kirchberg	BSK	486	3
KB	Reith	T4090R1	Gieringer Weiher	GIE	1.393	3
KB	Fieberbrunn	T4300R1	Lauchsee Fieberbr.	LAU	811	3
KB	St. Ulrich	T4483R1	Piller See	PIL	4558	5
KB	Kitzbühel	T4183R1	Schwarzsee	SCW	2466	3
KU	Breitenbach	T3181R1	Berglsteiner See	BER	621	3
KU	Kramsach	T3184R1	Buchsee	BUC	867	3
KU	Kufstein	T3784R1	Hechtsee	HEC	2631	3
KU	Scheffau	T3663R1	Hintersteiner See	HIN	3575	4
KU	Kramsach	T3185R1	Krummsee	KRU	1746	3
KU	Kirchbichl	T3577R1	Moorst.b. Kirchbichl	MOO	438	3
KU	Kramsach	T3182R1	Reintaler See	REN	3533	4
KU	Reith	T3009R1	Reither See	REI	473	3
KU	Langkampfen	T3643R1	Stimmersee	STI	865	3
KU	Thiersee	T3774R1	Thiersee	THI	2008	3
KU	Walchsee	T3935R1	Walchsee	WAL	5207	6
LA	Ried	T4545R1	Badesee Ried	BSR	637	3
LA	Ladis	T4553R1	Badeteich Ladis	BTL	325	3
LZ	Amlach	T883R1	Tristacher See	TRI	1193	3
RE	Biberwier	T1721R1	Blindsee	BLI	3784	4
RE	Grän	T968R1	Haldensee	HAL	3896	4
RE	Heiterwang	T1479R1	Heiterwanger See	HEI	6133	7
RE	Breitenwang	T1462R1	Plansee	PLA	16118	17
RE	Reutte	T1468R1	Urisee	URI	1288	3
RE	Tannheim	T1023R1	Vilsalpsee	VIL	3733	4
SZ	Achenkirch	T1643R1	Achensee	ACH	20565	21
SZ	Terfens	T2419R1	Weisslahn	WEI	623	3
SZ	Schlitters	T2533R1	Schlitterer See	SCL	412	3
Gesamtzahl an Proben						167

*Angaben gemäß TIRIS

3.1 Badesee Mieming

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
IM	Mieming	872	BSM-01, -02, -03	31.08.2023

Lage der Probenstellen



Abbildung 1: *Badesee Mieming*

Artenliste je Probestelle

Tabelle 1.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen BSM-01, -02, -03
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq. pro PS und ZG), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (Σ Seq. pro PS und ZG). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt)

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	BSM-01	<i>Alburnus chalcoides</i>	Mairenke	94,74	227258	51,27	443248
	BSM-01	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,31	126136	28,46	443248
	BSM-01	<i>Gobio gobio</i>	Gründling	99,4	53814	12,14	443248
	BSM-01	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	99,39	29418	6,64	443248
	BSM-01	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube	95,82	5168	1,17	443248
	BSM-01	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	95,86	808	0,18	443248
	BSM-01	<i>Esox</i> sp.	Hecht	99,86	413	0,09	443248
	BSM-01	<i>Alburnus</i> sp.	Laube	95,43	139	0,03	443248
	BSM-01	Leuciscidae	Weißfische	94,92	94	0,02	443248
Muscheln	BSM-01	<i>Musculium lacustre</i>	Häubchenmuschel	99,07	71281	100	71281

Gesamte Artenliste Badesee Mieming

Tabelle 1.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Badesee Mieming
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Fische	<i>Esox lucius</i>	Hecht
	<i>Gobio gobio</i>	Gründling
	<i>Tinca tinca</i>	Schleie
	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube
	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling
Muscheln	<i>Musculium lacustre</i>	Häubchenmuschel

Plausibilisierung

Im Badesee Mieming wurde eDNA von Fischen und einer Muschelart identifiziert, wobei alle Nachweise aus einer Probe stammen (BSM-01).

Bei den Nachweisen von eDNA des Hechts fanden sich sehr viele DNA-Sequenzen, welche eindeutig *E. lucius* zugeordnet wurden, darüber hinaus gab es aber auch ein „Nachrauschen“ von Sequenzen, welche aufgrund ihrer minderen Qualität nur mehr der Gattung zugeordnet werden konnten.

Bei dem vermeintlichen Nachweis der Seelaube *Alburnus chalcoides* (Tab. 1.1) könnte es sich um DNA-Sequenzen handeln, welche der Laube (*A. alburnus*) zuzuordnen sind. Dafür spricht auch der geringe Grad an Übereinstimmung mit den DNA-Sequenzen von *A. chalcoides* aus den Referenzdatenbanken von 94,7% (%ID). Dies gilt auch für jene Sequenzen, welche nur mehr der Gattung *Alburnus* zugeordnet werden konnten. Neben den gut erhaltenen und damit auch gut lesbaren DNA-Sequenzen findet man auch immer Bruchstücke oder durch natürliche Abbauprozesse beschädigte Moleküle, welche eine eindeutige Zuordnung auf Artniveau nicht erlauben. Darüber hinaus besteht die Möglichkeit, dass es sich bei den detektierten Sequenzen um DNA des Moderlieschens (*Leucaspis delineatus*) handelt. Moderlieschen und junge Seelauben können leicht verwechselt werden, sodass ein Fehler bei der Artbestimmung und folglich für den Eintrag in der Sequenzdatenbank nicht ausgeschlossen werden kann.

Bei der Interpretation des Nachweises von eDNA von *Leuciscus* sp. sowie der Leuciscidae mit einer verhältnismäßig geringen Übereinstimmung von 95,9% für die Gattung und 94,9% für die Familie (Tab. 1.1) gibt es zwei mögliche Rückschlüsse: in Anbetracht der übrigen Analyse-

ergebnisse handelt es sich hierbei am Wahrscheinlichsten um DNA-Sequenzen der Laube (*A. alburnus*), welche ebenfalls zur Familie der Leuciscidae gehört und die aufgrund ihres Qualitätsmangels (bedingt durch natürliche Abbauprozesse der freien DNA in der Wassersäule) fälschlicherweise der Gattung *Leuciscus* statt *Alburnus* zugeordnet worden sind. Es ist jedoch auch nicht völlig auszuschließen, dass diese eDNA-Spuren auf ein Vorkommen der Hasel (*L. leuciscus*) oder des Nerflings (*L. idus*) deuten, welche ebenfalls der Familie der Leuciscidae angehören.

Vom Badesee Mieming liegen Informationen zum Fischbestand vor, die im Zuge von Bestandsbergungen bei Seeabsenkungen erhoben wurden (mündliche Mitteilung Wolfgang Mark). Dabei wurden im Jahr 2016 die Fischarten Hecht, Schleie, Gründling, Moderlieschen und Karpfen sowie die Gemeine Teichmuschel festgestellt. Aktuelle Bestandszahlen liegen keine vor, es ist jedoch nach wie vor von einem vitalen Moderlieschenbestand im Badesee auszugehen (mündliche Mitteilung Wolfgang Mark und Martin Schletterer).

3.2 Fernsteinsee

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
IM	Nassereith	3544	FER-01, -02, -03, -04	29.08.2023

Lage der Probenstellen



Abbildung 2: Fernsteinsee

Artenliste je Probestelle

Tabelle 2.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen FER-01 – 04
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (Σ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Krebse	FER-01	<i>Trichoniscus pusillus</i>	Zwergassel	98,48	456	100	456
Fische	FER-01	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,41	55300	66,24	83489
	FER-01	<i>Cottus gobio</i>	Koppe	99,31	28178	33,75	83489
	FER-01	<i>Cottus rhenanus</i>	Rheingroppe	100	11	0,01	83489
Muscheln	FER-01	Sphaeriidae	Kugelmuscheln	98,82	65097	65,57	99281
	FER-01	<i>Pisidium nitidum</i>	Glänzende Erbsenmuschel	100	34184	34,43	99281
Fische	FER-02	<i>Cottus gobio</i>	Koppe	99,7	131967	48,91	269812
	FER-02	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle	99,38	84075	31,16	269812
	FER-02	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	99,36	35219	13,05	269812
	FER-02	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,42	18551	6,88	269812
Fische	FER-03	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	99,89	143939	55,65	258636
	FER-03	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle	99,32	114697	44,35	258636
Fische	FER-04	<i>Cottus gobio</i>	Koppe	99,92	77093	47,58	162016
	FER-04	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle	99,42	35499	21,91	162016
	FER-04	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	99,41	20744	12,8	162016
	FER-04	<i>Salvelinus</i> sp.	Saibling	99,41	19414	11,98	162016
	FER-04	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,43	9220	5,69	162016
	FER-04	<i>Cottus rhenanus</i>	Rheingroppe	100	20	0,01	162016
	FER-04	Salmonidae	Lachsartige	100	16	0,01	162016
	FER-04	<i>Salvelinus namaycush</i>	Amerikanischer Seesaibling	100	10	0,01	162016
Muscheln	FER-04	<i>Euglesa personata</i>		99,15	101433	71,66	141540
	FER-04	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel	98,56	40107	28,34	141540

Gesamte Artenliste Fernsteinsee

Tabelle 2.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Fernsteinsee
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Fische	<i>Cottus gobio</i>	Koppe
	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle
	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze
	<i>Salvelinus</i> sp.	Saibling
Muscheln	<i>Euglesa personata</i>	Quell-Erbсенmuschel
	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel
	<i>Pisidium nitidum</i>	Glänzende Erbsenmuschel

Plausibilisierung

Im Fernsteinsee wurde eDNA von Fischen und Muscheln identifiziert. Bei den Krebsen wurde nur eine Landassellart (*Trichoniscus pusillus*) detektiert, jedoch keine aquatischen Krebstiere.

Bei dem vermeintlichen Nachweis der Rheinkoppe *Cottus rhenanus* (Tab. 2.1) dürfte es sich aller Wahrscheinlichkeit nach um DNA-Sequenzen handeln, welche von der heimischen Koppe (*Cottus gobio*) stammen, für welche bislang jedoch noch keine Einträge für den 12S-Genabschnitt in der Referenzdatenbank vertreten sind. Dies gilt auch für jene Sequenzen, welche nur der Gattung *Cottus* zugeordnet werden konnten. Neben den gut erhaltenen und damit auch gut lesbaren DNA-Sequenzen finden sich immer auch Bruchstücke oder durch natürliche Abbauprozesse beschädigte Moleküle, welche eine eindeutige Zuordnung auf Artniveau nicht erlauben. Dasselbe trifft auch für die Nachweise, welche der Gattung *Salmo* zugewiesen worden sind, zu: diese stammen von der Bachforelle. Es finden sich hier zahlreiche Sequenzen, welche eindeutig als *S. trutta* identifiziert wurden und ein „Nachrauschen“ von Sequenzen, welche aufgrund ihrer minderen Qualität nur mehr auf Gattungsniveau zugeordnet werden können.

Ein ähnliches „Nachrauschen“ des eDNA-Signals ist bei den Muscheln zu beobachten: Neben den DNA-Sequenzen, welche eindeutig den beiden Arten *Pisidium subtruncatum* und *P. nitidum* zuzuordnen waren, fanden sich auch welche, die nur mehr auf Vertreter aus deren Familie (Sphaeriidae) schließen ließen.

Die Detektion für eDNA aus der Gattung *Salvelinus* lässt sich als Nachweis für das Vorkommen von Saiblingen interpretieren. Zwar kann man die beiden Arten *S. umbla* und *S. fontinalis*

molekular auf dem gewählten Genabschnitt 12S nicht voneinander unterscheiden, jedoch ist nur *S. umbla* in Österreich heimisch. Der vermeintliche Nachweis des Amerikanischen Salblings *S. namaycush* ist entweder auf Besatz oder auf einen Fehler/eine Fehlbestimmung im Eintrag in der Referenzdatenbank zurückzuführen und wird daher als Nachweis von *Salvelinus* sp. gewertet.

Bei der Interpretation des Nachweises von eDNA von *Phoxinus* sp. ist zu berücksichtigen, dass es sich um Detektionen der Elritze aus dem Artenkomplex rund um *P. phoxinus* handeln dürfte, aus dem 13 genetische Linien als eigene Arten gelten (Vgl. Elritzenprojekt des NHM Wien <https://elritzen.at/projekt>). Genetische Untersuchungen haben gezeigt, dass außer *P. phoxinus* noch mindestens drei weitere Arten dieser Gattung in österreichischen Gewässern leben, nämlich *P. csikii*, *P. lumaireul* und *P. marsilii* (<https://www.abol.ac.at/project/phoxinus>).

3.3 Piburger See

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
IM	Oetz	1986	PIB-01, -02, -03	23.08.2023

Lage der Probenstellen



Abbildung 3: Piburger See

Artenliste je Probestelle

Tabelle 3.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen PIB-01, -02, -03
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (Σ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt)

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	PIB-01	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel	99,29	91615	33,64	272346
	PIB-01	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	99,38	63530	23,33	272346
	PIB-01	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,32	60691	22,28	272346
	PIB-01	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,3	56500	20,75	272346
	PIB-01	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	98,3	10	0	272346
Fische	PIB-02	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel	99,89	242126	99,3	243830
	PIB-02	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	99,43	874	0,36	243830
	PIB-02	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	100	830	0,34	243830
Fische	PIB-03	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,77	80016	32,49	246292
	PIB-03	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	99,36	62884	25,53	246292
	PIB-03	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,37	37374	15,17	246292
	PIB-03	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle	99,07	32067	13,02	246292
	PIB-03	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel	99,3	16514	6,71	246292
	PIB-03	<i>Rhodeus amarus</i>	Bitterling	99,31	10843	4,4	246292
	PIB-03	<i>Sander lucioperca</i>	Zander	99,94	6229	2,53	246292
	PIB-03	<i>Rhodeus</i> sp.	Bitterling	100	274	0,11	246292
	PIB-03	<i>Oncorhynchus</i> sp.		98,71	81	0,03	246292
	PIB-03	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	100	10	0	246292
Muscheln	PIB-03	<i>Anodonta cygnea</i>	Große Teichmuschel	99,59	92715	100	92715

Gesamte Artenliste Piburger See

Tabelle 3.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Piburger See
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau))

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Fische	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel
	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch
	<i>Tinca tinca</i>	Schleie
	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder
	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle
	<i>Sander lucioperca</i>	Zander
	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling
	<i>Rhodeus amarus</i>	Bitterling
	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen
Muscheln	<i>Anodonta cygnea</i>	Große Teichmuschel

Plausibilisierung

In den drei Proben vom Piburger See wurde eDNA von Fischen und Muscheln identifiziert.

Bei den DNA-Sequenzen, welche der Gattung *Sander* zugeordnet werden konnten (in PIB-03), ist davon auszugehen, dass es sich um einen Nachweis für den Zander (*S. lucioperca*) handelt. Jene Nachweise, welche der Gattung *Leuciscus* und auch der Art *L. leuciscus* zugewiesen worden sind (in PIB-02), lassen auf ein Vorkommen der Hasel (*L. leuciscus*) deuten. Allerdings ist diese Art nahe verwandt mit dem Nerfling (*L. idus*). Die beiden Spezies der Gattung *Leuciscus* unterscheiden sich nur durch ein einziges Basenpaar auf dem Genabschnitt 12S. Bei einer %ID unter 100% kann daher zwischen den beiden Arten nicht eindeutig unterschieden werden.

In PIB-03 finden sich zahlreiche Sequenzen, welche eindeutig als Regenbogenforelle *Oncorhynchus mykiss* identifiziert wurden und ein „Nachrauschen“ von Sequenzen, welche aufgrund ihrer minderen Qualität nur mehr auf die Gattung zugeordnet werden können. Neben den gut erhaltenen und damit auch gut lesbaren DNA-Sequenzen finden sich immer auch Bruchstücke oder durch natürliche Abbauprozesse beschädigte Moleküle, welche eine eindeutige

Zuordnung auf Artniveau nicht mehr erlauben. Ein ähnliches „Nachrauschen“ des eDNA-Signals ist beim Bitterling zu beobachten: neben den DNA-Sequenzen, welche eindeutig der Art *Rhodeus amarus* zuzuordnen war, fanden sich auch welche, die nur mehr auf die Gattung *Rhodeus* schließen ließen. Aufgrund ihrer speziellen Fortpflanzungsbiologie ist diese Fischart auf das Vorkommen bestimmter Muschelarten angewiesen, wie z.B. der ebenfalls detektierten Großen Teichmuschel (*Anodonta cygnea*).

3.4 Natterer See

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
IL	Natters	936	NAT-01, -02, -03	07.08.2023

Lage der Probenstellen



Abbildung 4: Natterer See

Artenliste je Probestelle

Tabelle 4.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen NAT-01, -02, -03
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG ($\sum$ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt)

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	Wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	NAT-01	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,38	206916	72,38	285855
	NAT-01	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle	98,9	31758	11,11	285855
	NAT-01	<i>Ctenopharyngodon idella</i>	Graskarpfen	98,84	20438	7,15	285855
	NAT-01	<i>Hypophthalmichthys</i> sp.	Karpfen	99,22	10808	3,78	285855
	NAT-01	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle	99,38	4916	1,72	285855
	NAT-01	<i>Hypophthalmichthys nobilis</i>	Marmorkarpfen	99,88	4530	1,58	285855
	NAT-01	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	98,94	3283	1,15	285855
	NAT-01	<i>Hypophthalmichthys molitrix</i>	Silberkarpfen	98,27	1780	0,62	285855
	NAT-01	Cyprinidae	Karpfenfische	96,43	1184	0,41	285855
	NAT-01	<i>Oncorhynchus</i>		98,41	210	0,07	285855
	NAT-01	<i>Carassius</i> sp.	Goldfisch/Giebel	94,44	32	0,01	285855
	NAT-01	<i>Musculium lacustre</i>	Häubchenmuschel	98,86	121629	86,42	140737
Muscheln	NAT-01	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel	98,31	11708	8,32	140737
	NAT-01	<i>Euglesa casertana</i>	Gemeine Erbsenmuschel	96,94	6785	4,82	140737
	NAT-01	<i>Musculium</i> sp.	Häubchenmuschel	96,96	303	0,22	140737
	NAT-01	<i>Pisidium obtusale</i>	Aufgeblasene Erbsenmuschel	95,65	236	0,17	140737
	NAT-01	<i>Sphaerium solidum</i>	Dickschalige Kugelmuschel	93,94	76	0,05	140737
	NAT-01	<i>Sphaerium solidum</i>	Dickschalige Kugelmuschel	93,94	76	0,05	140737
Fische	NAT-02	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,33	146591	44,91	326420
	NAT-02	<i>Hypophthalmichthys</i> sp.	Karpfen	99,22	77729	23,81	326420
	NAT-02	<i>Ctenopharyngodon idella</i>	Graskarpfen	99,02	48674	14,91	326420
	NAT-02	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle	98,95	34388	10,53	326420
	NAT-02	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	99,29	12270	3,76	326420
	NAT-02	<i>Hypophthalmichthys molitrix</i>	Silberkarpfen	98,88	4102	1,26	326420
	NAT-02	Cyprinidae	Karpfenfische	96,3	1299	0,4	326420
	NAT-02	<i>Hypophthalmichthys nobilis</i>	Marmorkarpfen	97,74	1157	0,35	326420
	NAT-02	<i>Oncorhynchus</i> sp.		98,2	94	0,03	326420
	NAT-02	<i>Carassius</i> sp.	Goldfisch/Giebel	95,49	20	0,01	326420
Muscheln	NAT-02	<i>Musculium lacustre</i>	Häubchenmuschel	99,1	99847	82,24	121414
	NAT-02	Sphaeriidae	Kugelmuscheln	98,67	18682	15,39	121414
	NAT-02	<i>Euglesa casertana</i>	Gemeine Erbsenmuschel	97,74	2605	2,15	121414
	NAT-02	<i>Pisidium obtusale</i>	Aufgeblasene Erbsenmuschel	96,6	280	0,23	121414
Krebse	NAT-03	<i>Asellus aquaticus</i>	Wasserassel	99,29	156	100	156
Fische	NAT-03	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle	98,89	229169	47,35	483947
	NAT-03	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle	99,28	148901	30,77	483947
	NAT-03	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle	99,41	57101	11,8	483947
	NAT-03	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	98,16	20350	4,21	483947
	NAT-03	<i>Ctenopharyngodon idella</i>	Graskarpfen	99,1	17109	3,54	483947
	NAT-03	<i>Oncorhynchus</i> sp.		98,44	4509	0,93	483947
	NAT-03	<i>Salvelinus fontinalis</i>	Bachsaibling	99,39	3130	0,65	483947
	NAT-03	<i>Hypophthalmichthys molitrix</i>	Silberkarpfen	99,21	2893	0,6	483947
	NAT-03	Salmonidae	Lachsartige	97,86	471	0,1	483947
	NAT-03	<i>Salvelinus</i> sp.	Saibling	98,35	240	0,05	483947
	NAT-03	<i>Hypophthalmichthys nobilis</i>	Marmorkarpfen	98,32	45	0,01	483947
	NAT-03	<i>Hypophthalmichthys</i> sp.	Karpfen	93,82	18	0	483947
	NAT-03	<i>Hypophthalmichthys</i> sp.	Karpfen	93,82	18	0	483947
Muscheln	NAT-03	<i>Musculium lacustre</i>	Häubchenmuschel	98,93	157213	100	157213

Gesamte Artenliste Natterer See

Tabelle 4.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Natterer See
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau))

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Fische	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen
	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle
	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle
	<i>Ctenopharyngodon idella</i>	Graskarpfen
	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle
	<i>Hypophthalmichthys molitrix</i>	Silberkarpfen
	<i>Hypophthalmichthys nobilis</i>	Marmorkarpfen
	<i>Salvelinus</i> sp.	Saibling
	<i>Carassius</i> sp.	Goldfisch/Giebel
Muscheln	<i>Musculium lacustre</i>	Häubchenmuschel
	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel
	<i>Euglesa casertana</i>	Gemeine Erbsenmuschel
	<i>Pisidium obtusale</i>	Aufgeblasene Erbsenmuschel
	<i>Sphaerium solidum</i>	Dickschalige Kugelmuschel

Plausibilisierung

Im Natterer See wurde eDNA von Fischen, Krebsen und Muscheln identifiziert. Unter den Krebstieren fand sich eDNA der Wasserassel jedoch von keinem der Zehnfüßkrebse (Decapoda).

Bei den DNA-Sequenzen, welche nur der Gattung *Carassius* zugeordnet werden konnten (in NAT-02), handelt es sich aller Wahrscheinlichkeit nach um jene vom Goldfisch oder dessen Wildform, dem Giebel (*C. gibelio*). Unter den Cypriniden fand sich darüber hinaus neben eDNA des Karpfens *Cyprinus carpio* auch welche von Silber-, Marmor- und Graskarpfen.

Die Detektion für eDNA aus der Gattung *Salvelinus* und von *S. fontinalis* lässt sich als Nachweis für das Vorkommen von Saiblingen interpretieren. Leider kann man die beiden Arten *S. umbla* und *S. fontinalis* molekular auf dem gewählten Genabschnitt 12S nicht voneinander unterscheiden. Höchstwahrscheinlich handelt es sich hierbei um den Bachsaibling *S. fontinalis*, der häufig zusammen mit der Regenbogenforelle besetzt wird.

In den Proben sind zahlreiche Sequenzen, welche eindeutig als Regenbogenforelle *Oncorhynchus mykiss* identifiziert wurden und ein „Nachrauschen“ von Sequenzen, welche

aufgrund ihrer minderen Qualität nur mehr auf Gattungsniveau zugeordnet werden können. Neben den gut erhaltenen und damit auch gut lesbaren DNA-Sequenzen finden sich immer auch Bruchstücke oder durch natürliche Abbauprozesse beschädigte Moleküle, welche eine eindeutige Zuordnung auf Artniveau nicht mehr erlauben. Ein ähnliches „Nachrauschen“ des eDNA-Signals ist bei der Bachforelle und dem Saibling zu beobachten: neben den DNA-Sequenzen, welche eindeutig den Arten *Salmo trutta* und *Salvelinus fontinalis* zuzuordnen waren, fanden sich auch welche, die nur mehr auf die Gattungen *Salmo* oder *Salvelinus* bzw. überhaupt nur mehr auf die Familie der Salmonidae schließen ließen. Dieses Muster finden wir auch beim Nachweis von eDNA des Silber- und Marmorkarpfen aus der Gattung der *Hypophthalmichthys*.

Auch bei den Muscheln gab es neben den DNA-Sequenzen, welche eindeutig den Arten *Pisidium subtruncatum* und *P. obtusale* zuzuordnen waren, auch welche, die nur mehr auf Vertreter aus deren Familie (Sphaeriidae) schließen ließen.

Neben den Zielorganismen wurde auch eDNA des Bergmolchs (*Ichthyosaura alpestris*) nachgewiesen, was darauf schließen lässt, dass diese Art im Natterer See ebenfalls vorkommt. Gelegentlich können die Primer auch auf eDNA verwandter Tiergruppen ausweichen (sowohl Fische als auch Lurche sind Wirbeltiere). Amphibien waren aber nicht als Zielgruppe in dieser Studie enthalten. Für eine repräsentative Erhebung der Amphibien empfehlen wir eine gezielte Nachsuche mittels eines für Amphibien spezifischen Metabarcoding-Ansatzes während der Laichzeit, zu der sich die meisten Individuen in den Gewässern aufhalten.

3.5 Brennersee

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
IL	Gries	1043	BRE-01, -02, -03	07.08.2023

Lage der Probenstellen



Abbildung 5: Brennersee

Artenliste je Probestelle

Tabelle 5.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen BRE-01, -02, -03
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probestelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG ($\sum$ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt)

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	BRE-01	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle	99,91	219260	61,99	353684
	BRE-01	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,4	132595	37,49	353684
	BRE-01	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	98,53	1829	0,52	353684
Fische	BRE-02	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,36	65590	28,98	226331
	BRE-02	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	99,37	61622	27,23	226331
	BRE-02	<i>Cottus gobio</i>	Koppe	99,37	54847	24,23	226331
	BRE-02	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle	99,42	33310	14,72	226331
	BRE-02	<i>Phoxinus phoxinus</i>	Elritze	98,86	4174	1,84	226331
	BRE-02	<i>Coregonus</i> sp.	Renke	99,07	3892	1,72	226331
	BRE-02	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle	99,29	2687	1,19	226331
	BRE-02	<i>Salmo salar</i>	Atlantischer Lachs	96,14	121	0,05	226331
	BRE-02	Salmonidae	Lachsartige	98,82	35	0,02	226331
	BRE-02	<i>Oncorhynchus</i> sp.		98,79	24	0,01	226331
	BRE-02	<i>Cottus rhenanus</i>	Rheingroppe	100	18	0,01	226331
	BRE-02	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel	92,09	11	0	226331
Muscheln	BRE-02	<i>Euglesa personata</i>		98,75	35663	47,5	75078
	BRE-02	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel	98,57	29646	39,49	75078
	BRE-02	<i>Euglesa casertana</i>	Gemeine Erbsenmuschel	99,18	9769	13,01	75078
Krebse	BRE-03	<i>Trichoniscus pusillus</i>	Zwergassel	98,48	174	100	174
Fische	BRE-03	<i>Cottus gobio</i>	Koppe	99,36	114437	43,4	263698
	BRE-03	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	99,37	77004	29,2	263698
	BRE-03	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle	99,41	42704	16,19	263698
	BRE-03	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,38	26663	10,11	263698
	BRE-03	<i>Coregonus</i> sp.	Renke	99,3	2134	0,81	263698
	BRE-03	<i>Phoxinus phoxinus</i>	Elritze	98,85	526	0,2	263698
	BRE-03	<i>Salmo salar</i>	Atlantischer Lachs	95,73	108	0,04	263698
	BRE-03	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle	99,53	80	0,03	263698
	BRE-03	<i>Cottus rhenanus</i>	Rheingroppe	100	42	0,02	263698
Muscheln	BRE-03	<i>Euglesa personata</i>		98,82	55985	62,09	90169
	BRE-03	<i>Euglesa casertana</i>	Gemeine Erbsenmuschel	99,08	27377	30,36	90169
	BRE-03	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel	99,04	6807	7,55	90169

Gesamte Artenliste Brennersee

Tabelle 5.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Brennersee
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau))

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Fische	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle
	<i>Cottus gobio</i>	Koppe
	<i>Coregonus</i> sp.	Renke
	<i>Phoxinus phoxinus</i>	Elritze
	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle
	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel
Muscheln	<i>Euglesa personata</i>	Quell-Erbsenmuschel
	<i>Euglesa casertana</i>	Gemeine Erbsenmuschel
	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel

Plausibilisierung

Im Brennersee wurde eDNA von Fischen und Muscheln identifiziert. Unter den Krebstieren wurde nur eine Landassellart (*Trichoniscus pusillus*) detektiert, jedoch keine aquatischen Krebse.

Bei dem vermeintlichen Nachweis der Rheingroppe *Cottus rhenanus* (Tab. 5.1) dürfte es sich aller Wahrscheinlichkeit nach um DNA-Sequenzen handeln, welche eigentlich von der heimischen Koppe (*Cottus gobio*) stammen, für welche bislang noch keine Einträge für den Genabschnitt 12S in der Referenzdatenbank vertreten sind. Dies gilt auch für jene DNA-Sequenzen, welche nur der Gattung *Cottus* zugeordnet werden konnten.

Bei der Interpretation des Nachweises von eDNA von *Phoxinus* sp. und *P. phoxinus* ist zu berücksichtigen, dass es sich um Detektionen der Elritze aus dem Artenkomplex *P. phoxinus* handeln dürfte, aus dem 13 genetische Linien als eigene Arten gelten (Vgl. Elritzenprojekt des NHM Wien <https://elritzen.at/projekt>). Genetische Untersuchungen haben gezeigt, dass außer *P. phoxinus* noch mindestens drei weitere Arten in österreichischen Gewässern leben, nämlich *P. csikii*, *P. lumaireul* und *P. marsilii* (<https://www.abol.ac.at/project/phoxinus>).

In den Proben sind zahlreiche Sequenzen, welche eindeutig als Regenbogenforelle *Oncorhynchus mykiss* identifiziert wurden und ein „Nachrauschen“ von Sequenzen, welche aufgrund ihrer minderen Qualität nur mehr auf Gattungsniveau zugeordnet werden können. Neben den gut erhaltenen und damit auch gut lesbaren DNA-Sequenzen finden sich immer auch

Bruchstücke oder durch natürliche Abbauprozesse beschädigte Moleküle, welche eine eindeutige Zuordnung auf Artniveau nicht erlauben. Ein ähnliches „Nachrauschen“ des eDNA-Signals ist bei der Bachforelle zu beobachten: neben den DNA-Sequenzen, welche eindeutig der Art *Salmo trutta* zuzuordnen war, fanden sich auch welche, die nur mehr auf die Gattungen *Salmo* bzw. überhaupt nur mehr auf Salmonidae schließen ließen. Für die vermeintlichen Nachweise von Lachs (*S. salar*) gibt es zwei mögliche Erklärungen: theoretisch könnten die DNA-Spuren von Lachs über einen Fremdeintrag in das Gewässer gelangt sein. Aller Wahrscheinlichkeit nach handelt es sich jedoch hierbei um eine fehlerhafte Zuordnung von beeinträchtigten DNA-Molekülen von *S. trutta*. Darauf ist insbesondere aufgrund der verhältnismäßig geringen Übereinstimmung von 96,1% (BRE-02) bzw. 95,7% (BRE-03) mit den DNA-Sequenzen von *S. salar* in der Referenzdatenbank zu schließen (Tab. 5.1).

3.6 Lanser See

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
IL	Lans	622	LAN-01, -02, -03	07.08.2023

Lage der Probenstellen



Abbildung 6: Lanser See

Plausibilisierung

Im Lanser See fanden sich zum Zeitpunkt dieser Erhebung in keiner der drei analysierten Filterproben DNA-Spuren von Fischen, Krebsen oder Muscheln und auch keine von invasiven Wasserpflanzen. Dies widerspricht der Tatsache, dass in diesem Gewässer regelmäßig Karpfen

beobachtet werden. Es wäre zu erwarten, dass sich die eDNA dieser Fische auch in den Filterproben wiederfindet. Das vorliegende Ergebnis für den Lanser See ist daher nicht plausibel.

Intensiver Badebetrieb, wie er im Lanser See stattfindet, führt erfahrungsgemäß dazu, dass sich die Tiere überwiegend in tieferen Schichten aufhalten. Es ist anzunehmen, dass der See aufgrund der hohen Sommertemperaturen eine Schichtung aufwies und wenig Durchmischung der Wassersäule stattfand, sodass nur sehr geringe Mengen an DNA-Spuren in die Uferbereiche gelangten, an denen beprobt wurde. Darüber hinaus ist bekannt, dass in diesem See immer wieder Algenblüten von Cyanobakterien auftreten. Diese können auch eine raschere Verstopfung der Filter zur Folge haben, weshalb weniger Volumen filtriert werden kann, was wiederum die Wahrscheinlichkeit für positive Nachweise reduziert. Der deutliche Nachweis von Pappeln und Weiden weist darauf hin, dass zahlreiche Flugfrüchte dieser Baumarten im Wasser getrieben sind, welche ebenfalls einen rascheren Schluss der Filterporen begünstigen würden.

Überdies ist die Wasseroberfläche in den Sommermonaten oft mit Schlieren versehen, was auf Rückstände von Sonnencremes und ähnlichem schließen lässt. Mitunter können sich diese Substanzen z.T. hemmend auf die PCR ausgewirkt haben. Dasselbe mag auch für einen hohen Gehalt an Tanninen gelten, welche für einen Moorsee charakteristisch sind.

3.7 Möserer See

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
IL	Telfs	970	MOE-01, -02, -03	29.08.2023

Lage der Probenstellen



Abbildung 7: Möserer See

Artenliste je Probestelle

Tabelle 7.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen MOE-01, -02, -03
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (Σ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Krebse	MOE-01	<i>Astacus astacus</i>	Edelkrebs	99,34	80865	100	80865
	MOE-01	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	99,91	126350	50,52	250087
Fische	MOE-01	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,4	56097	22,43	250087
	MOE-01	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,28	39609	15,84	250087
	MOE-01	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,36	16479	6,59	250087
	MOE-01	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,41	10522	4,21	250087
	MOE-01	<i>Leuciscus sp.</i>	Hasel/Nerfling	98,39	474	0,19	250087
	MOE-01	Cyprinidae	Karpfenfische	96,02	381	0,15	250087
	MOE-01	Leuciscidae	Weißfische	96,15	63	0,03	250087
	MOE-01	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	98,29	39	0,02	250087
	MOE-01	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	100	38	0,02	250087
	MOE-01	<i>Esox sp.</i>	Hecht	100	35	0,01	250087
Muscheln	MOE-01	<i>Anodonta cygnea</i>	Große Teichmuschel	100	171756	88,52	194028
	MOE-01	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel	99,42	22272	11,48	194028
Krebse	MOE-02	<i>Astacus astacus</i>	Edelkrebs	98,39	549457	100	549457
Fische	MOE-02	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,38	174822	64,14	272555
	MOE-02	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,37	54315	19,93	272555
	MOE-02	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	98,33	30824	11,31	272555
	MOE-02	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,4	10363	3,8	272555
	MOE-02	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	99,42	1874	0,69	272555
	MOE-02	<i>Leuciscus sp.</i>	Hasel/Nerfling	97,86	230	0,08	272555
	MOE-02	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	99,87	66	0,02	272555
	MOE-02	<i>Esox sp.</i>	Hecht	100	28	0,01	272555
	MOE-02	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	98,29	17	0,01	272555
	MOE-02	Leuciscidae	Weißfische	95,43	16	0,01	272555
Muscheln	MOE-02	<i>Anodonta cygnea</i>	Große Teichmuschel	100	187887	83,36	225385
	MOE-02	<i>Pisidium nitidum</i>	Glänzende Erbsenmuschel	99,01	26101	11,58	225385
	MOE-02	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel	98,46	7740	3,43	225385
	MOE-02	<i>Euglesa casertana</i>	Gemeine Erbsenmuschel	99,51	3652	1,62	225385
	MOE-02	<i>Pisidium sp.</i>	Erbsenmuschel	96,21	5	0	225385
Krebse	MOE-03	<i>Astacus astacus</i>	Edelkrebs	99,93	8044	99,9	8052
	MOE-03	<i>Sida crystallina</i>		94,12	8	0,1	8052
Fische	MOE-03	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,35	113796	43,76	260051
	MOE-03	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,29	103481	39,79	260051
	MOE-03	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,39	21573	8,3	260051
	MOE-03	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,41	16684	6,42	260051
	MOE-03	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	99,75	4243	1,63	260051
	MOE-03	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	100	79	0,03	260051
	MOE-03	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	98,29	54	0,02	260051
	MOE-03	<i>Esox sp.</i>	Hecht	100	50	0,02	260051
	MOE-03	Leuciscidae	Weißfische	96,17	46	0,02	260051
	MOE-03	<i>Leuciscus sp.</i>	Hasel/Nerfling	97,46	45	0,02	260051
Muscheln	MOE-03	<i>Anodonta cygnea</i>	Große Teichmuschel	99,59	146150	89,88	162597
	MOE-03	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel	99,05	16447	10,12	162597

Gesamte Artenliste Möserer See

Tabelle 7.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Möserer See
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau))

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Krebse	<i>Astacus astacus</i>	Edelkrebs
Fische	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch
	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder
	<i>Tinca tinca</i>	Schleie
	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen
	<i>Esox lucius</i>	Hecht
	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling
	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen
Muscheln	<i>Anodonta cygnea</i>	Große Teichmuschel
	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel
	<i>Pisidium nitidum</i>	Glänzende Erbsenmuschel
	<i>Euglesa casertana</i>	Gemeine Erbsenmuschel

Plausibilisierung

Im Möserer See wurde eDNA von Fischen, Krebsen und Muscheln identifiziert. Unter den Krebstieren fand sich eDNA eines Ruderfußkrebses und des Edelkrebses. Da es sich bei den Ruderfußkrebsen um keine Zehnfußkrebs (Decapoda) handelt, wurden diese aus der Gesamtartenliste (Tab. 7.2) gestrichen.

Jene Nachweise, welche der Gattung *Leuciscus* und auch der Art *L. leuciscus* zugewiesen worden sind, lassen auf ein Vorkommen der Hasel (*L. leuciscus*) deuten. Allerdings ist diese Art nahe verwandt mit dem Nerfling (*L. idus*). Die beiden Spezies der Gattung *Leuciscus* unterscheiden sich nur durch ein einziges Basenpaar auf dem Genabschnitt 12S. Bei einer %ID unter 100% kann daher zwischen den beiden Arten nicht eindeutig unterschieden werden.

In den Proben sind zahlreiche Sequenzen, welche eindeutig als Hecht *Esox lucius* identifiziert wurden und ein „Nachrauschen“ von Sequenzen, welche aufgrund ihrer minderen Qualität nur mehr auf die Gattung zugeordnet werden können. Neben den gut erhaltenen und damit auch gut lesbaren DNA-Sequenzen finden sich immer auch Bruchstücke oder durch natürliche

Abbauprozesse beschädigte Moleküle in der freien Wassersäule, welche eine eindeutige Zuordnung auf Artniveau nicht mehr erlauben. Ein ähnliches „Nachrauschen“ des eDNA-Signals ist bei den Muscheln zu beobachten: neben den DNA-Sequenzen, welche eindeutig den Arten *Pisidium subtruncatum* und *P. nitidum* zuzuordnen waren, gab es auch welche, die nur auf die Gattung schließen ließen (Tab. 7.1).

Gemäß dem Bericht zu den fischereilichen Untersuchungen am Möserer See von 2011 wurde dort ebenfalls bereits der Edelkrebs nachgewiesen. Bei einem Metabarcoding gibt es eine definierte Anzahl an Analyseplätzen pro Durchlauf für die Sequenzierung. Die DNA-Moleküle auf der Platte werden vervielfältigt und auch gelesen (sequenziert). Wenn hier eine Dominanz der eDNA von einzelnen Arten vorherrscht und von anderen vergleichsweise nur wenige DNA-Spuren vorhanden sind, dann kann es dazu kommen, dass der überwiegende Teil der Plätze an die dominanten Arten geht und die wenigen DNA-Moleküle von Spezies, welche sich eher außerhalb der beprobten Bereiche aufhalten, nicht erfasst und damit auch nicht detektiert werden.

3.8 Obernberger See

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
IL	Obernberg	1919	OBE-01, -02, -03	07.08.2023

Lage der Probenstellen



Abbildung 8: Obernberger See

Artenliste je Probestelle

Tabelle 8.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen OBE-01, -02, -03
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (Σ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	OBE-01	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,83	135657	76,21	178000
	OBE-01	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	99,3	17596	9,89	178000
	OBE-01	<i>Phoxinus phoxinus</i>	Elritze	98,7	15093	8,48	178000
	OBE-01	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle	99,24	5077	2,85	178000
	OBE-01	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle	99,43	3344	1,88	178000
	OBE-01	<i>Salvelinus</i> sp.	Saibling	99,34	1217	0,68	178000
	OBE-01	<i>Oncorhynchus</i> sp.		99,4	16	0,01	178000
Fische	OBE-02	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,79	237913	72,46	328339
	OBE-02	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	99,27	53230	16,21	328339
	OBE-02	<i>Phoxinus phoxinus</i>	Elritze	98,66	27896	8,5	328339
	OBE-02	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle	99,43	6966	2,12	328339
	OBE-02	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle	99,21	2316	0,71	328339
	OBE-02	<i>Oncorhynchus</i> sp.		99,4	18	0,01	328339

Gesamte Artenliste Obernberger See

Tabelle 8.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Obernberger See
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Fische	<i>Phoxinus phoxinus</i>	Elritze
	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle
	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle
	<i>Salvelinus</i> sp.	Saibling

Plausibilisierung

Im Obernberger See wurde in zwei von drei Proben eDNA von Fischen nachgewiesen aber nicht von Muschel- oder Krebsarten.

In den Proben finden sich zahlreiche Sequenzen, welche eindeutig als Regenbogenforelle *Oncorhynchus mykiss* identifiziert wurden und ein „Nachrauschen“ von Sequenzen, welche aufgrund ihrer minderen Qualität nur mehr der Gattung zugeordnet werden können. Neben den gut erhaltenen und damit auch gut lesbaren DNA-Sequenzen finden sich immer auch Bruchstücke oder durch natürliche Abbauprozesse beschädigte Moleküle, welche eine eindeutige Zuordnung auf Artniveau nicht erlauben. Ein ähnliches „Nachrauschen“ des eDNA-Signals ist bei der Bachforelle zu beobachten: Neben den DNA-Sequenzen, welche eindeutig der Art *Salmo trutta* zuzuordnen war, fanden sich auch welche, die nur mehr auf die Gattung *Salmo* schließen ließen.

Bei der Interpretation des Nachweises von eDNA von *Phoxinus* sp. ist zu berücksichtigen, dass es sich um Detektionen der Elritze aus dem Artenkomplex *P. phoxinus* handeln dürfte, aus dem 13 genetische Linien als eigene Arten gelten (Vgl. Elritzenprojekt des NHM Wien <https://elritzen.at/projekt>). Genetische Untersuchungen haben gezeigt, dass außer *P. phoxinus* noch mindestens drei weitere Arten in österreichischen Gewässern leben, nämlich *P. csikii*, *P. lumaireul* und *P. marsilii* (<https://www.abol.ac.at/project/phoxinus>).

Die Detektion von eDNA aus der Gattung *Salvelinus* lässt sich als Nachweise für das Vorkommen von Saiblingen interpretieren (*S. umbla*).

3.9 Wildsee

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
IL	Seefeld	1654	WIL-01, -02, -03	29.08.2023

Lage der Probenstellen



Abbildung 9: Wildsee

Artenliste je Probestelle

Tabelle 9.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen WIL-01, -02, -03
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG ($\sum$ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Krebse	WIL-01	<i>Trichoniscus pusillus</i>	Zwergassel	97,73	27	100	27
Fische	WIL-01	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,92	77019	58,58	131467
	WIL-01	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,27	51529	39,2	131467
	WIL-01	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	98,97	2216	1,69	131467
	WIL-01	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	99,96	424	0,32	131467
	WIL-01	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,31	244	0,19	131467
	WIL-01	<i>Esox sp.</i>	Hecht	96,09	35	0,03	131467
Muscheln	WIL-01	<i>Sphaerium corneum</i>	Gemeine Kugelmuschel	98,55	74863	58,79	127350
	WIL-01	<i>Euglesa milium</i>	Viereckige Erbsenmuschel	99,51	27523	21,61	127350
	WIL-01	<i>Euglesa globularis</i>	Sumpf-Erbsenmuschel	99,09	13521	10,62	127350
	WIL-01	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel	98,35	8849	6,95	127350
	WIL-01	<i>Euglesa casertana</i>	Gemeine Erbsenmuschel	96,16	2438	1,91	127350
	WIL-01	<i>Sphaerium solidum</i>	Dickschalige Kugelmuschel	97,42	93	0,07	127350
	WIL-01	Sphaeriidae	Kugelmuscheln	94,18	52	0,04	127350
	WIL-01	<i>Pisidium sp.</i>	Erbsenmuschel	95,28	6	0	127350
	WIL-01	<i>Sphaerium sp.</i>	Kugelmuschel	93,46	5	0	127350
Fische	WIL-02	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	98,45	167576	78,7	212939
	WIL-02	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	99,27	25781	12,11	212939
	WIL-02	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,24	16912	7,94	212939
	WIL-02	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,69	2541	1,19	212939
	WIL-02	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	99,85	84	0,04	212939
	WIL-02	<i>Esox sp.</i>	Hecht	99,85	45	0,02	212939
Muscheln	WIL-02	<i>Sphaerium corneum</i>	Gemeine Kugelmuschel	98,8	108829	79,46	136968
	WIL-02	<i>Euglesa casertana</i>	Gemeine Erbsenmuschel	96,54	27623	20,17	136968
	WIL-02	<i>Sphaerium solidum</i>	Dickschalige Kugelmuschel	96,87	516	0,38	136968
Fische	WIL-03	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,35	147685	44,15	334483
	WIL-03	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	100	121458	36,31	334483
	WIL-03	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,67	51684	15,45	334483
	WIL-03	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	99,06	9870	2,95	334483
	WIL-03	<i>Salmo sp.</i>	Lachs/Bachforelle	99,38	1764	0,53	334483
	WIL-03	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle	98,76	1453	0,43	334483
	WIL-03	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,36	416	0,12	334483
	WIL-03	<i>Esox sp.</i>	Hecht	97,9	119	0,04	334483
	WIL-03	<i>Oncorhynchus</i>		97,59	12	0	334483
	WIL-03	Salmonidae	Lachsartige	98,25	10	0	334483
	WIL-03	<i>Sphaerium corneum</i>	Gemeine Kugelmuschel	98,64	109329	80,45	135894
Muscheln	WIL-03	<i>Euglesa globularis</i>	Sumpf-Erbsenmuschel	98,97	12469	9,18	135894
	WIL-03	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel	99,1	11074	8,15	135894
	WIL-03	<i>Pisidium obtusale</i>	Aufgeblasene Erbsenmuschel	99,06	3022	2,22	135894

Gesamte Artenliste Wildsee

Tabelle 9.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Wildsee
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Fische	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch
	<i>Esox lucius</i>	Hecht
	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotauge
	<i>Tinca tinca</i>	Schleie
	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen
	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle
	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle
Muscheln	<i>Sphaerium corneum</i>	Gemeine Kugelmuschel
	<i>Euglesa casertana</i>	Gemeine Erbsenmuschel
	<i>Euglesa milium</i>	Viereckige Erbsenmuschel
	<i>Euglesa globularis</i>	Sumpf-Erbsenmuschel
	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel
	<i>Pisidium obtusale</i>	Aufgeblasene Erbsenmuschel
	<i>Sphaerium solidum</i>	Dickschalige Kugelmuschel

Plausibilisierung

Im Wildsee wurde eDNA von Fischen und Muscheln identifiziert. Bei den Krebsen wurde nur eine Landasselart (*Trichoniscus pusillus*) detektiert, jedoch keine aquatischen Krebstiere.

In den Proben finden sich zahlreiche Sequenzen, welche eindeutig als Regenbogenforelle *Oncorhynchus mykiss* identifiziert wurden und ein „Nachrauschen“ von Sequenzen, welche aufgrund ihrer minderen Qualität nur mehr auf Gattungsniveau zugeordnet werden können. Neben den gut erhaltenen und damit auch gut lesbaren DNA-Sequenzen finden sich immer auch Bruchstücke oder durch natürliche Abbauprozesse beschädigte Moleküle, welche eine eindeutige Zuordnung auf eine Art nicht erlauben. Ein ähnliches „Nachrauschen“ des eDNA-Signals ist beim Hecht (*Esox lucius*) zu beobachten: Neben den DNA-Sequenzen, welche eindeutig der Art *E. lucius* zuzuordnen waren, fanden sich auch welche, die nur mehr auf die Gattung *Esox* schließen ließen.

Auch bei den Muscheln gab es neben den DNA-Sequenzen, welche eindeutig den Arten *Pisidium subtruncatum* und *P. obtusale* bzw. *Sphaerium solidum* zuzuordnen waren, auch welche, die nur auf die jeweilige Gattung schließen ließen (Tab. 9.1).

Neben den Zielorganismen wurde auch eDNA des Bergmolchs (*Ichthyosaura alpestris*) nachgewiesen, was darauf schließen lässt, dass diese Art im Wildsee ebenfalls vorkommt. Gelegentlich können die Primer auch auf verwandte Tiergruppen ausweichen (sowohl Fische als auch Lurche sind Wirbeltiere). Amphibien waren aber nicht als Zielgruppe in dieser Studie enthalten. Für eine repräsentative Erhebung der Amphibien empfehlen wir eine gezielte Nachsuche mittels eines für Amphibien spezifischen Metabarcoding-Ansatzes in der Laichzeit, zu der sich die meisten Individuen in den Gewässern aufhalten.

3.10 Baggersee Roßau

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
I	Innsbruck	763	BGR-01, -02, -03	07.08.2023

Lage der Probenstellen

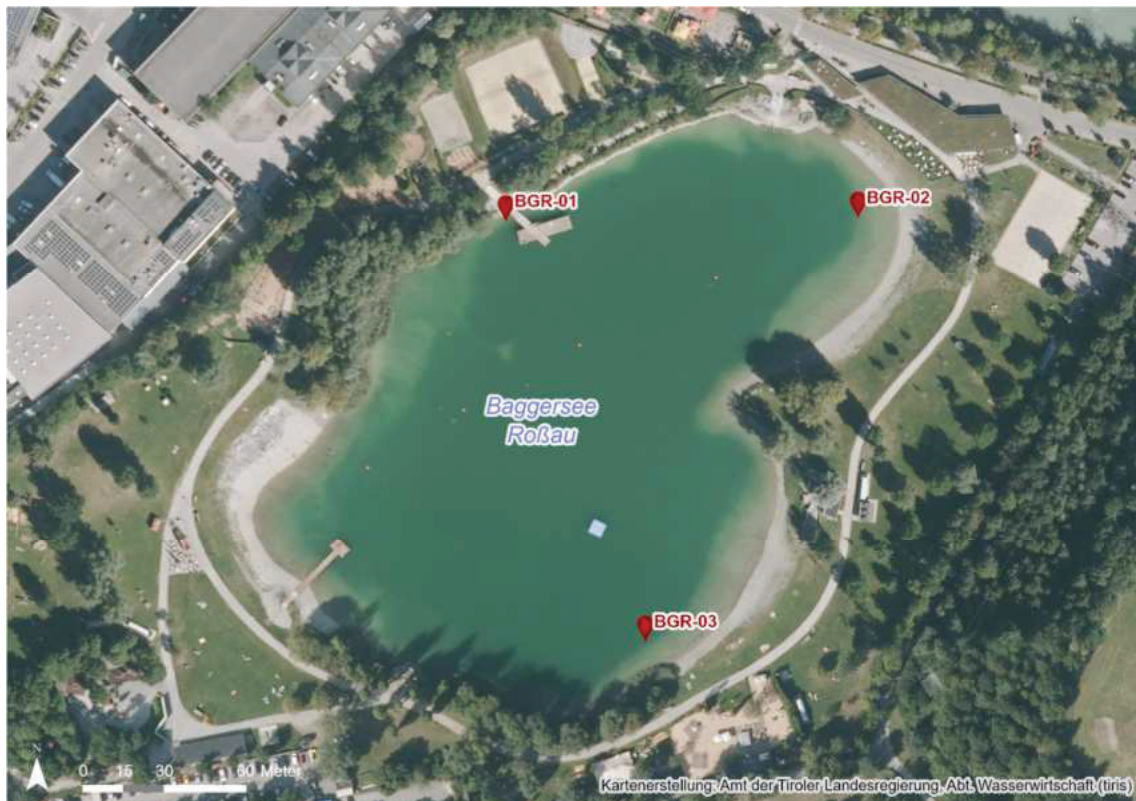


Abbildung 10: Baggersee Roßau

Artenliste je Probestelle

Tabelle 10.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen BGR-01, -02, -03
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (Σ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Krebse	BGR-02	<i>Astacus leptodactylus</i>	Galizischer Sumpfkrebs	99,23	14396	100	14396
Fische	BGR-02	<i>Lepomis gibbosus</i>	Sonnenbarsch	98,51	263347	61,36	429167
	BGR-02	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube	99,92	165820	38,64	429167

Gesamte Artenliste Baggersee Roßau

Tabelle 10.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Baggersee Roßau
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Krebse	<i>Astacus leptodactylus</i>	Galizischer Sumpfkrebs
Fische	<i>Lepomis gibbosus</i>	Sonnenbarsch
	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube

Plausibilisierung

Im Baggersee Roßau wurde nur in einer Probe eDNA nachgewiesen (BGR-02). Diese stammte von Fischen und Krebsen. Jene von Krebsen wurde als Galizischer Sumpfkrebs *Astacus leptodactylus* identifiziert.

In den Proben finden sich eDNA-Nachweise für die Laube und den nicht heimischen Sonnenbarsch. Diese invasive Spezies stellt eine Konkurrenz um Nahrung und Lebensraum für heimische Arten in den Gewässern dar und stört damit das Gleichgewicht des Ökosystems.

Gemäß dem Bericht zu den fischereilichen Untersuchungen am Baggersee Rossau wurden dort 2023 acht Fischarten und eine Krebsart festgestellt (Mark 2023). Das waren neben der Laube, dem Sonnenbarsch und dem Galizischen Sumpfkrebs noch weitere: der Hecht, der Zander, der Aitel, die Schleie, das Rotaugen und der Flussbarsch. Bei einem Metabarcoding gibt es eine definierte Anzahl an Analyseplätzen pro Durchlauf für die Sequenzierung. Die DNA-Moleküle auf der Platte werden vervielfältigt und auch gelesen (sequenziert). Wenn hier eine Dominanz der eDNA von einzelnen Arten vorherrscht und von anderen vergleichsweise nur wenige DNA-Spuren vorhanden sind, dann kann es dazu kommen, dass der überwiegende Teil der Plätze an die dominanten Arten geht und die wenigen DNA-Moleküle in der Wassersäule von niedersteten Spezies nicht erfasst und damit auch nicht detektiert werden. Dies kann man beim Massenaufreten einzelner Fischarten wie im gegenständlichen Fall der Laube und dem Sonnenbarsch beobachten.

Überdies handelt es sich beim Baggersee Roßau um ein Gewässer mit Badebetrieb. Intensiver Badebetrieb führt erfahrungsgemäß dazu, dass sich Fische vorwiegend in tieferen Schichten aufhalten. Es ist anzunehmen, dass der See aufgrund der hohen Sommertemperaturen eine Schichtung aufwies und wenig Durchmischung der Wassersäule stattfand. Damit gelangt nur wenig eDNA aus tieferen Schichten nach oben und in die Uferbereiche, wo die Proben genommen wurden. Darüber hinaus ist bekannt, dass der Baggersee immer wieder mit Algenblüten zu kämpfen hat. Diese können auch eine raschere Verstopfung der Filter zur Folge haben, weshalb weniger Volumen filtriert werden kann, was wiederum die Wahrscheinlichkeit für positive Nachweise von eDNA reduziert. Die Wasseroberfläche des Baggersees ist in den Sommermonaten oft mit Schlieren versehen, was auf Rückstände von Sonnencremes und ähnlichen Kosmetikprodukten schließen lässt. Mitunter können sich diese Substanzen z.T. hemmend auf die PCR ausgewirkt haben. Für den Baggersee Roßau empfiehlt sich daher eine Wiederholung der Probennahme zu einem anderen Zeitpunkt.

3.11 Badesee Going

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
KB	Going	296	BSG-01, -02, -03	10.08.2023

Lage der Probenstellen

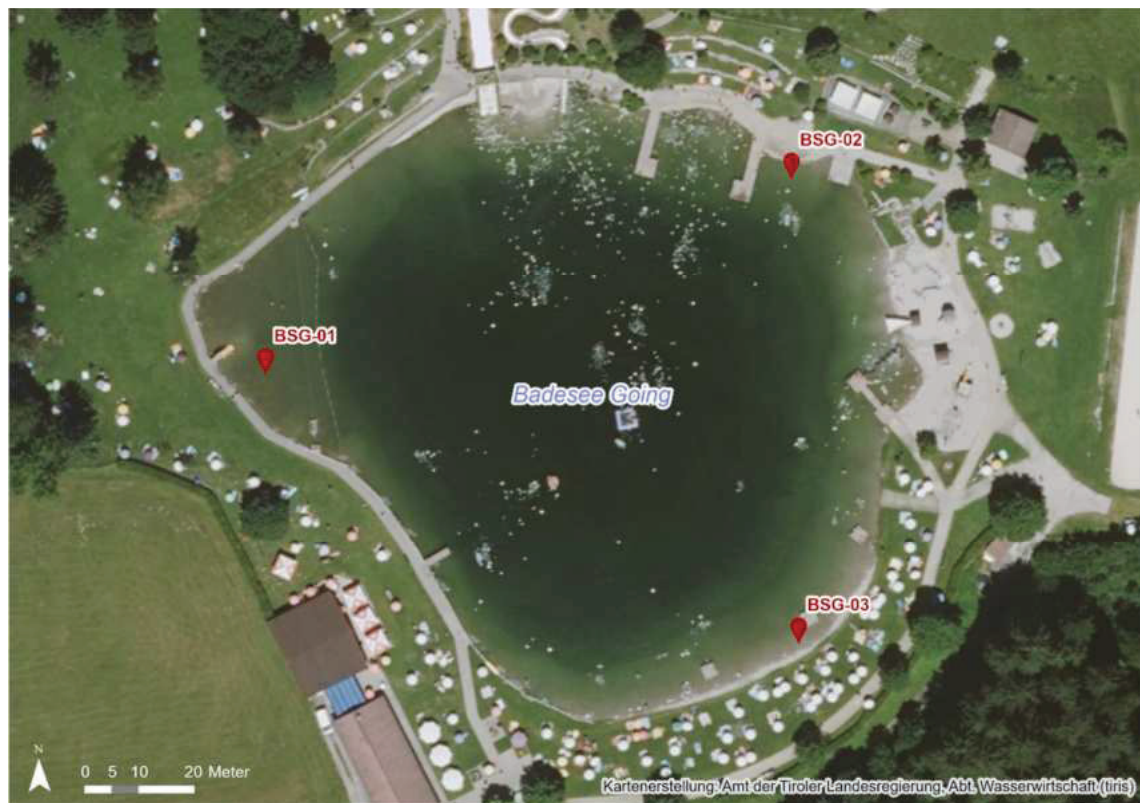


Abbildung 11: *Badesee Going*

Artenliste je Probestelle

Tabelle 11.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen BSG-01, -02, -03
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (Σ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt)

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	BSG-01	<i>Ctenopharyngodon idella</i>	Graskarpfen	98,54	171872	100	171872
Fische	BSG-02	<i>Ctenopharyngodon idella</i>	Graskarpfen	99,44	1241	100	1241

Plausibilisierung

Im Badensee Going wurde eDNA von nur einer Fischart in zwei der drei Filterproben detektiert (Tab. 11.1). Die detektierten Graskarpfen dürften durch Besatzmaßnahmen in den See gelangt sein, um das Aufkommen von Wasserpflanzen und Algen zu reduzieren.

Aufgrund des Nachweises von nur dieser einen Art wurde auf die Darstellung in einer weiteren Tabelle (gesamte Artenliste) verzichtet.

3.12 Badeteich Brixen

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
KB	Brixen	409	BTB-01, -02, -03	10.08.2023

Lage der Probenstellen



Abbildung 12: Badeteich Brixen

Artenliste je Probestelle

Tabelle 12.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen BTB-01, -02, -03
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (Σ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	BTB-01	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,94	155174	93,29	166335
	BTB-01	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle	99,32	5754	3,46	166335
	BTB-01	<i>Ctenopharyngodon idella</i>	Graskarpfen	99,4	5120	3,08	166335
	BTB-01	Cyprinidae	Karpfenfische	96,93	287	0,17	166335
Krebse	BTB-02	<i>Polyphemus pediculus</i>	Raub-Wasserfloh	98,73	18626	100	18626
Fische	BTB-02	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,93	154043	70,79	217616
	BTB-02	<i>Ctenopharyngodon idella</i>	Graskarpfen	99,25	34303	15,76	217616
	BTB-02	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle	99,36	28331	13,02	217616
	BTB-02	Cyprinidae	Karpfenfische	96,59	833	0,38	217616
	BTB-02	<i>Oncorhynchus</i> sp.		96,67	106	0,05	217616
Fische	BTB-03	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,39	110438	81,63	135286
	BTB-03	<i>Ctenopharyngodon idella</i>	Graskarpfen	98,97	22624	16,72	135286
	BTB-03	Cyprinidae	Karpfenfische	96,5	1270	0,94	135286
	BTB-03	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle	99,9	954	0,71	135286

Gesamte Artenliste Badeteich Brixen

Tabelle 12.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Badeteich Brixen
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Fische	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen
	<i>Ctenopharyngodon idella</i>	Graskarpfen
	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle

Plausibilisierung

Im Badeteich Brixen wurde eDNA von Fischen gefunden. In BTB-02 wurde darüber hinaus eDNA von Krebsen detektiert (Tab. 12.1). Da es sich beim Raub-Wasserfloh um keinen Zehnfußkrebs (Decapoda) handelt, wurde dieser aus der Gesamtartenliste gestrichen (Tab. 12.2).

In den Proben finden sich zahlreiche Sequenzen, welche eindeutig als Regenbogenforelle *Oncorhynchus mykiss* identifiziert wurden und ein „Nachrauschen“ von Sequenzen, welche aufgrund ihrer minderen Qualität nur mehr auf Gattungsniveau zugeordnet werden können. Neben den gut erhaltenen und damit auch gut lesbaren DNA-Sequenzen finden sich immer auch Bruchstücke oder durch natürliche Abbauprozesse beschädigte Moleküle, welche eine eindeutige Zuordnung auf eine Art nicht erlauben. Ein ähnliches „Nachrauschen“ des eDNA-Signals ist bei den Karpfenartigen zu beobachten: neben den DNA-Sequenzen, welche eindeutig den Arten *Cyprinus carpio* und *Ctenopharyngodon idella* zuzuordnen waren, fanden sich auch welche, die nur mehr auf die Familie der Cypriniden schließen ließen.

3.13 Badesee Kirchberg

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
KB	Kirchberg	486	BSK-01, -02, -03	10.08.2023

Lage der Probenstellen



Abbildung 13: *Badesee Kirchberg*

Artenliste je Probestelle

Tabelle 13.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen BSK-01, -02, -03
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (Σ Seq). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt)

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	BSK-01	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle	99,35	244715	65,48	373730
	BSK-01	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	99,35	129015	34,52	373730
Fische	BSK-02	<i>Salmo labrax</i>	Schwarzmeerforelle	100	259402	66,1	392450
	BSK-02	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle	99,37	99459	25,34	392450
	BSK-02	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	98,88	33589	8,56	392450
Fische	BSK-03	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle	99,4	89114	75,8	117563
	BSK-03	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	99,42	28449	24,2	117563

Gesamte Artenliste Badeteich Brixen

Tabelle 13.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Badensee Kirchberg
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Fische	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle

Plausibilisierung

Im Badesee Kirchberg wurde in allen drei Proben eDNA von der Bachforelle detektiert.

In den Proben finden sich zahlreiche Sequenzen, welche eindeutig als Bachforelle *Salmo trutta* identifiziert wurden. Bei dem vermeintlichen Nachweis der Schwarzmeerforelle *S. labrax* (Tab. 13.1) dürfte es sich um DNA-Sequenzen handeln, welche eigentlich ebenfalls *S. trutta* zuzuordnen sind. Bei der Schwarzmeerforelle handelt es sich um eine nahe verwandte Art der Bachforelle, jedoch kommen diese Populationen nicht in Mitteleuropa sondern im Einzugsgebiet des nördlichen Schwarzen Meeres und in Flüssen in der Türkei vor. Da der Grad an Übereinstimmung mit den DNA-Sequenzen von *S. labrax* aus den Referenzdatenbanken bei 100% liegt (Tab. 13.1; %ID) ist davon auszugehen, dass es sich hierbei um eine Fehlbestimmung in der Referenzdatenbank handelt. Neben den gut erhaltenen und damit auch gut lesbaren DNA-Sequenzen findet man immer auch Bruchstücke oder durch natürliche Abbauprozesse beschädigte Moleküle, welche eine eindeutige Zuordnung auf Artniveau nicht erlauben, sondern in diesem Fall nur mehr der Gattung *Salmo* zugeordnet werden konnten.

3.14 Gieringer Weiher

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
KB	Reith	1.393	GIE-01, -02, -03	10.08.2023

Lage der Probenstellen



Abbildung 14: Gieringer Weiher

Artenliste je Probestelle

Tabelle 14.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen GIE-01, -02, -03
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (Σ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Krebse	GIE-01	<i>Asellus aquaticus</i>	Wasserassel	100	239	100	239
Fische	GIE-01	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,09	166529	62,73	265453
	GIE-01	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,89	73651	27,75	265453
	GIE-01	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,36	19459	7,33	265453
	GIE-01	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,72	4030	1,52	265453
	GIE-01	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	98,06	718	0,27	265453
	GIE-01	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube	98,88	713	0,27	265453
	GIE-01	Leuciscidae	Weißfische	97,22	217	0,08	265453
	GIE-01	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	97,73	116	0,04	265453
	GIE-01	<i>Esox</i> sp.	Hecht	100	20	0,01	265453
Muscheln	GIE-01	<i>Anodonta anatina</i>	Gemeine Teichmuschel	99,98	134024	85,75	156299
	GIE-01	<i>Anodonta</i> sp.	Teichmuschel	99,97	11472	7,34	156299
	GIE-01	<i>Musculium lacustre</i>	Häubchenmuschel	99,42	7306	4,67	156299
	GIE-01	<i>Anodonta cygnea</i>	Große Teichmuschel	99,27	1426	0,91	156299
	GIE-01	<i>Euglesa casertana</i>	Gemeine Erbsenmuschel	98,91	1105	0,71	156299
	GIE-01	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel	99,49	929	0,59	156299
	GIE-01	<i>Musculium</i> sp.	Häubchenmuschel	96,68	37	0,02	156299
Muscheln	GIE-03	<i>Musculium lacustre</i>	Häubchenmuschel	98,94	55	100	55

Gesamte Artenliste Gieringer Weiher

Tabelle 14.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Arten im Gieringer Weiher
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Fische	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder
	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch
	<i>Esox lucius</i>	Hecht
	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen
	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling
	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube
Muscheln	<i>Anodonta anatina</i>	Gemeine Teichmuschel
	<i>Musculium lacustre</i>	Häubchenmuschel
	<i>Anodonta cygnea</i>	Große Teichmuschel
	<i>Euglesa casertana</i>	Gemeine Erbsenmuschel
	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel

Plausibilisierung

Im Gieringer Weiher wurde eDNA von Fischen, Krebsen und Muscheln identifiziert. Da es sich bei der Wasserassel um keinen Vertreter der Zehnfußkrebse (Decapoda) handelt, wurde diese aus der Gesamtartenliste gestrichen (Tab. 14.2).

In den Proben sind zahlreiche Sequenzen, welche eindeutig als Hecht *Esox lucius* identifiziert wurden und ein „Nachrauschen“ von Sequenzen, welche aufgrund ihrer minderen Qualität nur mehr der Gattung *Esox* zugeordnet werden können. Neben den gut erhaltenen und damit auch gut lesbaren DNA-Sequenzen finden sich immer auch Bruchstücke oder durch natürliche Abbauprozesse beschädigte Moleküle in der freien Wassersäule, welche eine eindeutige Zuordnung auf Artniveau nicht mehr erlauben. Ein ähnliches „Nachrauschen“ des eDNA-Signals ist bei den Muscheln zu beobachten: Neben den DNA-Sequenzen, welche eindeutig den Arten *Anodonta anatina* bzw. *Musculium lacustre* zuzuordnen waren, gab es auch welche, die nur auf die jeweilige Gattung schließen ließen (Tab. 14.1).

Bei der Interpretation des Nachweises von eDNA von *Leuciscus* sp. sowie der Leuciscidae mit einer verhältnismäßig geringen Übereinstimmung von 98,06% für die Gattung und 97,2% für die Familie (Tab. 14.1) gibt es folgende mögliche Rückschlüsse: in Anbetracht der Analyseergebnisse deuten diese Nachweise auf ein Vorkommen der Hasel (*L. leuciscus*) hin. Diese Fischart ist jedoch sehr nahe verwandt mit dem Nerfling (*L. idus*), sodass sich die beiden Arten der Gattung

Leuciscus nur durch ein einziges Basenpaar auf dem Genabschnitt 12S unterscheiden. Bei einer %ID unter 100% kann daher zwischen den beiden Arten nicht eindeutig unterschieden werden.

3.15 Lauchsee Fieberbrunn

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
KB	Fieberbrunn	811	LAU-01, -02, -03	30.08.2023

Lage der Probenstellen



Abbildung 15: Lauchsee Fieberbrunn

Artenliste je Probestelle

Tabelle 15.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen LAU-01, -02, -03
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (Σ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	LAU-01	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,95	71312	29,78	239432
	LAU-01	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	98,5	54984	22,96	239432
	LAU-01	<i>Hypophthalmichthys</i>	Karpfen	99,36	29487	12,32	239432
	LAU-01	<i>Gymnocephalus cernua</i>	Kaulbarsch	98,82	22852	9,54	239432
	LAU-01	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	99,33	21514	8,99	239432
	LAU-01	<i>Abramis brama</i>	Brachse	99,37	19588	8,18	239432
	LAU-01	<i>Sander lucioperca</i>	Zander	99,39	6839	2,86	239432
	LAU-01	<i>Esox</i> sp.	Hecht	100	4081	1,7	239432
	LAU-01	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,18	3889	1,62	239432
	LAU-01	<i>Hypophthalmichthys molitrix</i>	Silberkarpfen	99,16	2085	0,87	239432
	LAU-01	<i>Ctenopharyngodon idella</i>	Graskarpfen	98,95	1266	0,53	239432
	LAU-01	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,39	930	0,39	239432
	LAU-01	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	99,95	231	0,1	239432
	LAU-01	<i>Hypophthalmichthys nobilis</i>	Marmorkarpfen	98,97	143	0,06	239432
	LAU-01	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	98,16	113	0,05	239432
	LAU-01	Cyprinidae	Karpfenfische	96,77	61	0,03	239432
	LAU-01	Leuciscidae	Weißfische	97,34	39	0,02	239432
	LAU-01	<i>Chondrostoma nasus</i>	Nase	97,17	18	0,01	239432
Muscheln	LAU-01	<i>Anodonta anatina</i>	Gemeine Teichmuschel	99,19	139895	96,7	144668
	LAU-01	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel	98,71	3566	2,46	144668
	LAU-01	<i>Euglesa personata</i>		99,01	1061	0,73	144668
	LAU-01	<i>Anodonta</i>	Teichmuschel	99,12	146	0,1	144668
Muscheln	LAU-02	<i>Anodonta anatina</i>	Gemeine Teichmuschel	99,59	160555	100	160555
Fische	LAU-03	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,42	18225	49,54	36791
	LAU-03	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,4	11999	32,61	36791
	LAU-03	<i>Gymnocephalus cernua</i>	Kaulbarsch	98,97	2278	6,19	36791
	LAU-03	<i>Hypophthalmichthys</i>	Karpfen	99,37	1927	5,24	36791
	LAU-03	<i>Abramis brama</i>	Brachse	99,36	1126	3,06	36791
	LAU-03	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	99,99	597	1,62	36791
	LAU-03	<i>Ctenopharyngodon idella</i>	Graskarpfen	99,1	572	1,55	36791
	LAU-03	<i>Esox lucius</i>	Hecht	100	51	0,14	36791
	LAU-03	Cyprinidae	Karpfenfische	96,8	16	0,04	36791
Muscheln	LAU-03	<i>Anodonta anatina</i>	Gemeine Teichmuschel	99,56	153041	98,76	154967
	LAU-03	<i>Anodonta</i>	Teichmuschel	99,38	1926	1,24	154967

Gesamte Artenliste Lauchsee Fieberbrunn

Tabelle 15.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Lauchsee Fieberbrunn
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Fische	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch
	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen
	<i>Gymnocephalus cernua</i>	Kaulbarsch
	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotauge
	<i>Abramis brama</i>	Brachse
	<i>Sander lucioperca</i>	Zander
	<i>Esox lucius</i>	Hecht
	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder
	<i>Hypophthalmichthys molitrix</i>	Silberkarpfen
	<i>Ctenopharyngodon idella</i>	Graskarpfen
	<i>Tinca tinca</i>	Schleie
	<i>Hypophthalmichthys nobilis</i>	Marmorkarpfen
	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling
	<i>Chondrostoma nasus</i>	Nase
Muscheln	<i>Anodonta anatina</i>	Gemeine Teichmuschel
	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel
	<i>Euglesa personata</i>	Quell-Erbsenmuschel

Plausibilisierung

Im Lauchsee wurde eDNA von Fischen und Muscheln identifiziert, wobei in Probe LAU-02 nur eDNA der Gemeinen Teichmuschel nachgewiesen wurde.

Bei den DNA-Sequenzen, welche der Gattung *Sander* zugeordnet werden konnten (in LAU-01), ist davon auszugehen, dass es sich um einen Nachweis für den Zander (*S. lucioperca*) handelt. In den Proben sind zahlreiche Sequenzen, welche eindeutig als Hecht *Esox lucius* identifiziert wurden und ein „Nachrauschen“ von Sequenzen, welche aufgrund ihrer minderen Qualität nur mehr auf Gattungsniveau zugeordnet werden können. Neben den gut erhaltenen und damit auch

gut lesbaren DNA-Sequenzen finden sich immer auch Bruchstücke oder durch natürliche Abbauprozesse beschädigte Moleküle in der freien Wassersäule, welche eine eindeutige Zuordnung auf Artniveau nicht mehr erlauben. Ein ähnliches „Nachrauschen“ des eDNA-Signals ist bei den Karpfenartigen zu beobachten: neben den DNA-Sequenzen, welche eindeutig den Arten *Cyprinus carpio* und *Hypophthalmichthys molitrix* zuzuordnen waren, fanden sich auch welche, die nur mehr auf die Gattung *Hypophthalmichthys* oder nur die Familie der Cypriniden schließen ließen. Ebenso bei den Muscheln gab es neben den DNA-Sequenzen, welche eindeutig den Arten *Anodonta anatina* zuzuordnen waren, auch welche, die nur mehr der Gattung zuzuordnen waren (Tab. 15.1).

Die Nachweise von eDNA von *Leuciscus* sp. sowie der Leuciscidae mit einer verhältnismäßig geringen Übereinstimmung von 98,2% für die Gattung und 97,3% für die Familie (Tab. 15.1) deuten wahrscheinlich auf ein Vorkommen der Hasel (*L. leuciscus*) oder des sehr nahe verwandten Nerflings (*L. idus*) hin. Die beiden Arten der Gattung *Leuciscus* unterscheiden sich nur durch ein einziges Basenpaar auf dem Genabschnitt 12S. Bei einer %ID unter 100% kann daher zwischen den beiden Arten nicht eindeutig differenziert werden.

Die Nase ist ein typischer Flussfisch und kann auf natürlichen Weg kaum in dieses Gewässer gelangen. Dasselbe gilt für den Kaulbarsch, welcher typischerweise eine Art von großen Flüssen ist. Das Vorkommen dieser Arten im Lauchsee durch Besatz kann nicht ausgeschlossen werden. Allerdings ist aufgrund der geringen Übereinstimmung mit der DNA-Sequenz in der Referenz-Datenbank von 97,7% der Nachweis nicht als gesichert zu werten (Tab. 15.1). Zur Klärung der Tatsache würde sich eine gezielte Nachsuche mit einem diagnostischen PCR-Ansatz, welcher spezifisch für *Chondrostoma nasus* oder *Gymnocephalus cernua* ist, empfehlen.

3.16 Piller See

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
KB	St. Ulrich	4558	PIL-01, -02, -03, -04, -05	30.08.2023

Lage der Probenstellen

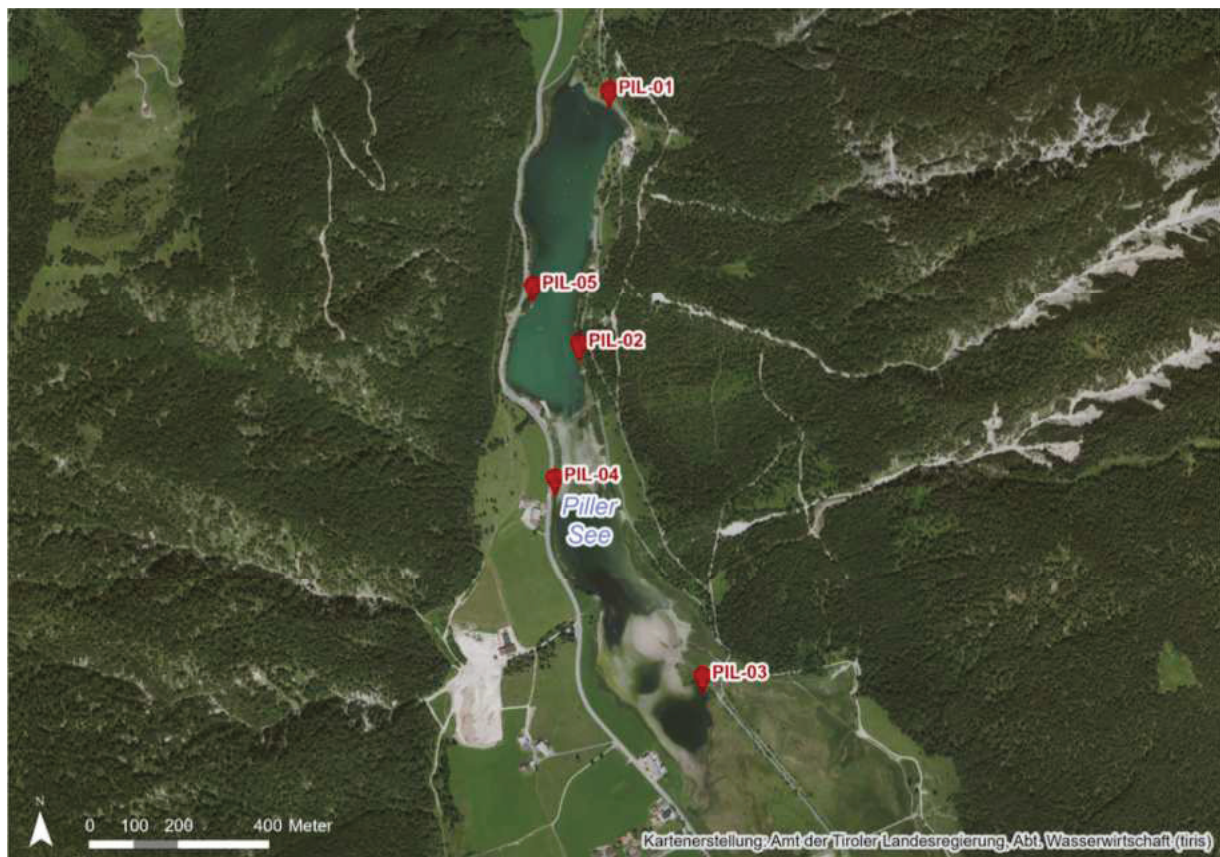


Abbildung 16: Piller See

Artenliste je Probestelle

Tabelle 16.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen PIL-01 – 05
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (Σ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	PIL-01	<i>Phoxinus csikii</i>		98,52	129043	35,2	366564
	PIL-01	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	99,29	63278	17,26	366564
	PIL-01	<i>Cottus</i> sp.	Koppe	99,37	59582	16,25	366564
	PIL-01	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle	98,66	51512	14,05	366564
	PIL-01	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel	99,03	25714	7,01	366564
	PIL-01	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	98,34	18673	5,09	366564
	PIL-01	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle	99,38	16608	4,53	366564
	PIL-01	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle	99,33	1795	0,49	366564
	PIL-01	<i>Oncorhynchus</i> sp.		99	236	0,06	366564
	PIL-01	<i>Salmo salar</i>	Atlantischer Lachs	91,76	50	0,01	366564
	PIL-01	<i>Cottus rhenanus</i>	Rheingroppe	100	30	0,01	366564
	PIL-01	Salmonidae	Lachsartige	98,24	23	0,01	366564
	PIL-01	<i>Squalius</i> sp.	Weißfisch	97,14	20	0,01	366564
Muscheln	PIL-01	<i>Pisidium nitidum</i>	Glänzende Erbsenmuschel	98,82	95543	76,72	124534
	PIL-01	<i>Euglesa casertana</i>	Gemeine Erbsenmuschel	97,85	28991	23,28	124534
Fische	PIL-02	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,26	143778	48,91	293965
	PIL-02	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle	98,62	56791	19,32	293965
	PIL-02	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle	99,37	33947	11,55	293965
	PIL-02	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	99,12	27170	9,24	293965
	PIL-02	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel	98,76	17063	5,8	293965
	PIL-02	<i>Cottus</i> sp.	Koppe	99,36	12886	4,38	293965
	PIL-02	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle	98,91	1518	0,52	293965
	PIL-02	<i>Salvelinus namaycush</i>	Amerikanischer Seesaibling	99,37	414	0,14	293965
	PIL-02	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	98,93	294	0,1	293965
	PIL-02	<i>Squalius</i> sp.	Weißfisch	97,14	32	0,01	293965
	PIL-02	<i>Salvelinus</i> sp.	Saibling	99,41	32	0,01	293965
	PIL-02	<i>Phoxinus phoxinus</i>	Elritze	94,19	26	0,01	293965
	PIL-02	<i>Oncorhynchus</i> sp.		99,39	14	0	293965
Muscheln	PIL-02	<i>Pisidium nitidum</i>	Glänzende Erbsenmuschel	99,15	60124	58,24	103227
	PIL-02	Sphaeriidae	Kugelmuscheln	98,72	24160	23,4	103227
	PIL-02	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel	98,14	11169	10,82	103227
	PIL-02	<i>Euglesa casertana</i>	Gemeine Erbsenmuschel	98,88	7774	7,53	103227
Krebse	PIL-04	<i>Trichoniscus pusillus</i>	Zwergassel	98,48	21469	100	21469
Fische	PIL-04	<i>Phoxinus csikii</i>		99,48	144165	63,31	227715
	PIL-04	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel	99,36	66045	29	227715
	PIL-04	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	98,2	17505	7,69	227715
Fische	PIL-05	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	99,35	143540	49	292950
	PIL-05	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,28	88321	30,15	292950
	PIL-05	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle	98,85	33845	11,55	292950
	PIL-05	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel	99,25	12370	4,22	292950
	PIL-05	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle	99,46	8759	2,99	292950
	PIL-05	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,34	6115	2,09	292950
Muscheln	PIL-05	<i>Pisidium nitidum</i>	Glänzende Erbsenmuschel	99,05	44384	42,84	103610
	PIL-05	Sphaeriidae	Kugelmuscheln	98,63	37850	36,53	103610
	PIL-05	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel	98,96	21376	20,63	103610

Gesamte Artenliste Piller See

Tabelle 16.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Piller See
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Fische	<i>Phoxinus phoxinus</i>	Elritze
	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle
	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel
	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle
	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen
	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle
	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder
	<i>Salvelinus</i> sp.	Saibling
	<i>Cottus gobio</i>	Koppe
Muscheln	<i>Pisidium nitidum</i>	Glänzende Erbsenmuschel
	<i>Euglesa casertana</i>	Gemeine Erbsenmuschel
	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel

Plausibilisierung

Im Pillersee wurde eDNA von Fischen, Krebsen und Muscheln identifiziert. Da es sich bei der Zwergassel um keinen Zehnfüßkrebs (Decapoda) sondern um eine landlebende Assel handelt, wurde diese aus der Gesamtartenliste gestrichen (Tab. 16.2).

Bei dem vermeintlichen Nachweis der Rheingroppe *Cottus rhenanus* (Tab. 16.1) dürfte es sich aller Wahrscheinlichkeit nach um DNA-Sequenzen handeln, welche von der heimischen Koppe (*Cottus gobio*) stammen, für welche bislang jedoch noch keine Einträge für den 12S-Genabschnitt in der Referenzdatenbank vertreten sind. Dies gilt auch für jene Sequenzen, welche nur der Gattung *Cottus* zugeordnet werden konnten. Neben den gut erhaltenen und damit auch gut lesbaren DNA-Sequenzen finden sich immer auch Bruchstücke oder durch natürliche Abbauprozesse beschädigte Moleküle, welche eine eindeutige Zuordnung auf Artniveau nicht erlauben. Das Phänomen ist auch bei anderen Arten zu sehen: so sind in den Proben zahlreiche Sequenzen, welche eindeutig als Regenbogenforelle *Oncorhynchus mykiss* identifiziert wurden und ein „Nachrauschen“ von Sequenzen, welche aufgrund ihrer minderen Qualität nur mehr auf Gattungsniveau zugeordnet werden können. Gleiches gilt für den Aitel und die Bachforelle: Neben den DNA-Sequenzen, welche eindeutig den Arten *Squalius cephalus* und *Salmo trutta*

zuzuordnen waren, fanden sich auch welche, die nur mehr auf die Gattungen *Squalius* bzw. *Salmo* schließen ließen. Auch bei den Muscheln gab es neben den DNA-Sequenzen, welche eindeutig den Arten *Pisidium nitidum* und *Pisidium subtruncatum* zuzuordnen waren, auch welche, die nur auf die Familie der Kugelmuscheln (Sphaeridae) schließen ließen (Tab. 16.1).

Für den vermeintlichen Nachweis von Lachs (*S. salar*) in Probe PIL-01 gibt es zwei mögliche Erklärungen. Theoretisch könnten die DNA-Spuren von Lachs über einen Fremdeintrag in das Gewässer gelangt sein. Aller Wahrscheinlichkeit nach handelt es sich jedoch hierbei um eine fehlerhafte Zuordnung von beeinträchtigten DNA-Molekülen von *S. trutta*. Darauf ist insbesondere aufgrund der verhältnismäßig geringen Übereinstimmung von 91,8% mit den DNA-Sequenzen von *S. salar* in der Referenzdatenbank zu schließen (Tab. 16.1).

Die Detektion für eDNA aus der Gattung *Salvelinus* lässt sich als Nachweis für das Vorkommen von Saiblingen interpretieren (*S. umbla* und/oder *S. fontinalis*). Ein Vorkommen des Amerikanischen Seesaiblings *S. namaycush* durch Besatz ist dabei nicht auszuschließen. Da aber auch ein Fehler/eine Fehlbestimmung im Eintrag der Referenzdatenbank nicht ausgeschlossen werden kann, wird diese Detektion nur als Nachweis einer Saiblingsart und somit als *Salvelinus sp.* gewertet.

Bei der Interpretation des Nachweises von eDNA von *Phoxinus* sp. ist zu berücksichtigen, dass es sich um Detektionen der Elritze aus dem Artenkomplex rund um *P. phoxinus* handeln dürfte, aus dem 13 genetische Linien als gültige Arten gelten (Vgl. Elritzenprojekt des NHM Wien <https://elritzen.at/projekt>). Genetische Untersuchungen haben gezeigt, dass außer *P. phoxinus* noch mindestens drei weitere Arten dieser Gattung in österreichischen Gewässern leben, nämlich *P. csikii*, *P. lumaireul* und *P. marsilii* (<https://www.abol.ac.at/project/phoxinus>).

3.17 Schwarzsee

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
KB	Kitzbühel	2466	SCW-01, -02, -03	10.08.2023

Lage der Probenstellen

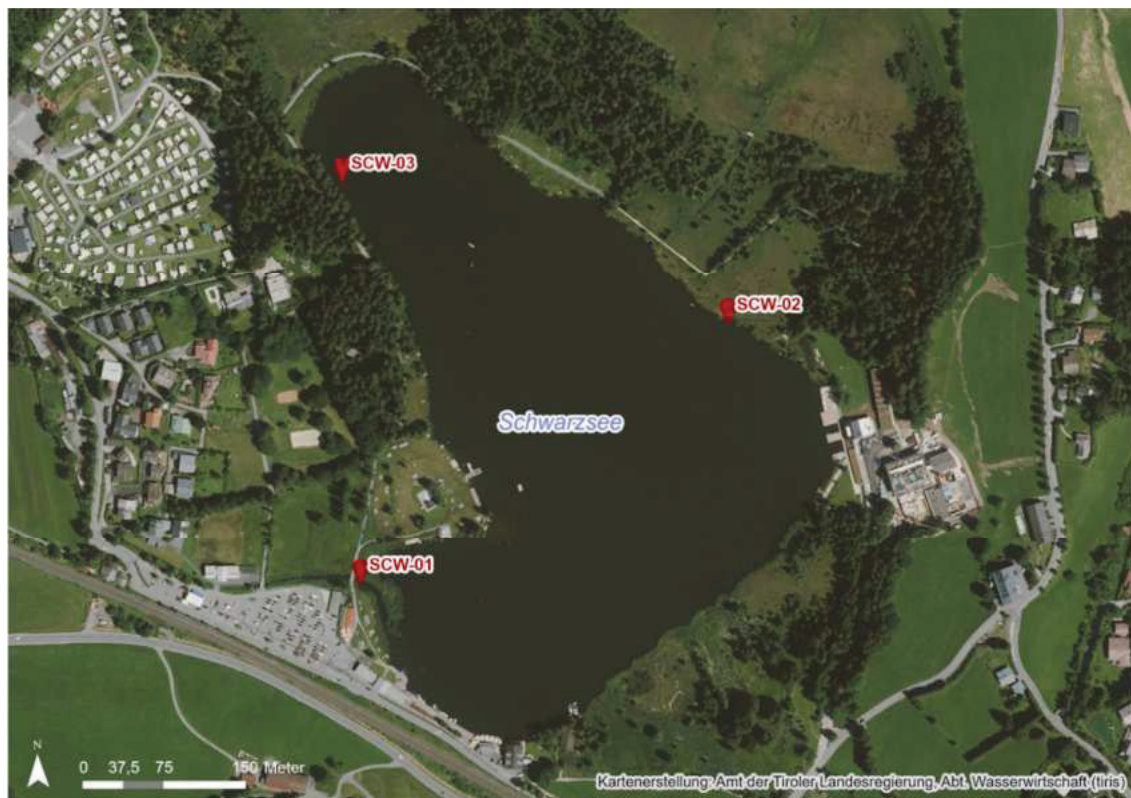


Abbildung 17: Schwarzsee

Artenliste je Probestelle

Tabelle 17.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen SCW-01, -02, -03
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (Σ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	SCW-02	<i>Blicca bjoerkna</i>	Güster	99,49	109422	38,3	285721
	SCW-02	<i>Abramis brama</i>	Brachse	99,39	72006	25,2	285721
	SCW-02	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,46	40988	14,35	285721
	SCW-02	<i>Hypophthalmichthys nobilis</i>	Marmorkarpfen	98,84	35258	12,34	285721
	SCW-02	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,41	14947	5,23	285721
	SCW-02	<i>Sander lucioperca</i>	Zander	99,4	6674	2,34	285721
	SCW-02	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	99,95	5449	1,91	285721
	SCW-02	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,22	730	0,26	285721
	SCW-02	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	100	65	0,02	285721
	SCW-02	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	98,32	53	0,02	285721
	SCW-02	<i>Carassius</i> sp.	Goldfisch/Giebel	96,34	49	0,02	285721
	SCW-02	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube	99,93	43	0,02	285721
	SCW-02	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	98,29	21	0,01	285721
	SCW-02	<i>Esox lucius</i>	Hecht	100	16	0,01	285721
Muscheln	SCW-02	<i>Anodonta cygnea</i>	Große Teichmuschel	99,59	87609	100	87609
Muscheln	SCW-03	<i>Anodonta cygnea</i>	Große Teichmuschel	100	19	100	19

Gesamte Artenliste Schwarzsee

Tabelle 17.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Schwarzsee
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Fische	<i>Blicca bjoerkna</i>	Güster
	<i>Abramis brama</i>	Brachse
	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch
	<i>Hypophthalmichthys nobilis</i>	Marmorkarpfen
	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen
	<i>Sander lucioperca</i>	Zander
	<i>Tinca tinca</i>	Schleie
	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder
	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen
	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling
	<i>Carassius</i> sp.	Goldfisch/Giebel
	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube
	<i>Esox lucius</i>	Hecht
Muscheln	<i>Anodonta cygnea</i>	Große Teichmuschel

Plausibilisierung

Im Schwarzsee wurde eDNA von Fischen und Muscheln identifiziert. In Probe SCW-01 fanden sich keine Spuren von eDNA der ausgewählten Organismengruppen.

Bei den DNA-Sequenzen, welche der Gattung *Sander* zugeordnet werden konnten (in SCW-02), ist davon auszugehen, dass es sich um einen Nachweis für den Zander (*S. lucioperca*) handelt. Die Nachweise von eDNA von *Leuciscus* sp. sowie *L. leuciscus* mit einer verhältnismäßig geringen Übereinstimmung von 98,2% deuten auf ein Vorkommen der Hasel oder des sehr nahe verwandten Nerflings (*L. idus*) hin. Die beiden Arten der Gattung *Leuciscus* unterscheiden sich nur durch ein einziges Basenpaar auf dem Genabschnitt 12S. Bei einer %ID unter 100% kann daher zwischen den beiden Arten nicht eindeutig differenziert werden.

Bei den DNA-Sequenzen, welche nur der Gattung *Carassius* zugeordnet werden konnten (in SCW-02), handelt es sich aller Wahrscheinlichkeit nach um jene vom Goldfisch oder dessen Wildform, dem Giebel (*Carassius gibelio*).

3.18 Bergsteiner See

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
KU	Breitenbach	621	BER-01, -02, -03	16.08.2023

Lage der Probenstellen



Abbildung 18: Bergsteiner See

Artenliste je Probestelle

Tabelle 18.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen BER-01, -02, -03
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (Σ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	BER-01	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,38	31783	34,83	91248
	BER-01	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,29	30588	33,52	91248
	BER-01	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,27	28254	30,96	91248
	BER-01	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	99,43	623	0,68	91248
Krebse	BER-02	<i>Polyphemus pediculus</i>	Raub-Wasserfloh	98,73	1770	100	1770
Fische	BER-02	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	100	128250	43,91	292090
	BER-02	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,35	83854	28,71	292090
	BER-02	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,29	42674	14,61	292090
	BER-02	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,38	32156	11,01	292090
	BER-02	<i>Hypophthalmichthys</i> sp.	Karpfen	99,26	3213	1,1	292090
	BER-02	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	99,59	1069	0,37	292090
	BER-02	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	98,25	602	0,21	292090
	BER-02	<i>Esox</i> sp.	Hecht	99,68	134	0,05	292090
	BER-02	Leuciscidae	Weißfische	96,67	72	0,02	292090
	BER-02	<i>Hypophthalmichthys nobilis</i>	Marmorkarpfen	96,9	48	0,02	292090
	BER-02	Cyprinidae	Karpfenfische	96,02	18	0,01	292090
Fische	BER-03	<i>Hypophthalmichthys</i> sp.	Karpfen	99,36	35271	27,7	127351
	BER-03	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,37	34583	27,16	127351
	BER-03	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,98	24939	19,58	127351
	BER-03	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,94	18243	14,32	127351
	BER-03	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,36	13315	10,46	127351
	BER-03	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	98,61	493	0,39	127351
	BER-03	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	99,43	380	0,3	127351
	BER-03	<i>Hypophthalmichthys nobilis</i>	Marmorkarpfen	99,89	78	0,06	127351
	BER-03	Leuciscidae	Weißfische	96,83	22	0,02	127351
	BER-03	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	98,29	17	0,01	127351
	BER-03	<i>Esox</i> sp.	Hecht	99,4	10	0,01	127351

Gesamte Artenliste Berglsteiner See

Tabelle 18.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Berglsteiner See
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Fische	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch
	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen
	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen
	<i>Esox lucius</i>	Hecht
	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder
	<i>Tinca tinca</i>	Schleie
	<i>Hypophthalmichthys nobilis</i>	Marmorkarpfen
	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling

Plausibilisierung

Im Berglsteiner See wurde eDNA von Fischen und Krebsen identifiziert. Da es sich beim Raubwasserfloh um keinen Vertreter der Zehnfüßkrebse (Decapoda) handelt, wurde dieser aus der Gesamtartenliste gestrichen (Tab. 18.2).

In den Proben sind zahlreiche Sequenzen, welche eindeutig als Hecht *Esox lucius* identifiziert wurden und ein „Nachrauschen“ von Sequenzen, welche aufgrund ihrer minderen Qualität nur mehr auf die Gattung zugeordnet werden können. Neben den gut erhaltenen und damit auch gut lesbaren DNA-Sequenzen finden sich immer auch Bruchstücke oder durch natürliche Abbauprozesse beschädigte Moleküle in der freien Wassersäule, welche eine eindeutige Zuordnung auf Artniveau nicht mehr erlauben. Ein ähnliches „Nachrauschen“ des eDNA-Signals ist bei den Karpfenartigen zu beobachten: neben den DNA-Sequenzen, welche eindeutig den Arten *Cyprinus carpio* und *Hypophthalmichthys nobilis* zuzuordnen waren, fanden sich auch welche, die nur mehr auf die Gattung *Hypophthalmichthys* oder die Familie der Karpfenartigen (Cyprinidae) schließen ließen.

Die Nachweise von eDNA von *Leuciscus leuciscus*, *Leuciscus* sp. sowie der Leuciscidae mit einer verhältnismäßig geringen Übereinstimmung von 98,3% für die Art und 96,7% (BER-02) bzw. 98,6% und 96% (BER-03) für die Familie (Tab. 18.1) deuten wahrscheinlich auf ein Vorkommen der Hasel (*L. leuciscus*) oder des sehr nahe verwandten Nerflings (*L. idus*) hin. Die beiden Arten der Gattung *Leuciscus* unterscheiden sich nur durch ein einziges Basenpaar auf dem Genabschnitt 12S. Bei einer %ID unter 100% kann daher zwischen den beiden Arten nicht eindeutig differenziert werden.

Bei den DNA-Sequenzen, welche nur der Gattung *Carassius* zugeordnet werden konnten (in SCW-02), handelt es sich aller Wahrscheinlichkeit nach um jene vom Goldfisch oder dessen Wildform, dem Giebel (*Carassius gibelio*).

3.19 Buchsee

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
KU	Kramsach	867	BUC-01, -02, -03	16.08.2023

Lage der Probenstellen



Abbildung 19: Buchsee

Artenliste je Probestelle

Tabelle 19.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen BUC-01, -02, -03
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG ($\sum$ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	BUC-01	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,34	40620	34,61	117349
	BUC-01	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,32	28431	24,23	117349
	BUC-01	<i>Abramis brama</i>	Brachse	99,16	21453	18,28	117349
	BUC-01	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99	19857	16,92	117349
	BUC-01	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,4	2795	2,38	117349
	BUC-01	<i>Anguilla anguilla</i>	Aal	99,39	1764	1,5	117349
	BUC-01	Leuciscidae	Weißfische	96,27	694	0,59	117349
	BUC-01	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube	99,04	520	0,44	117349
	BUC-01	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	98,05	472	0,4	117349
	BUC-01	<i>Ctenopharyngodon idella</i>	Graskarpfen	99,08	435	0,37	117349
	BUC-01	<i>Carassius</i> sp.	Goldfisch/Giebel	96,07	118	0,1	117349
	BUC-01	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	98,29	93	0,08	117349
	BUC-01	<i>Silurus glanis</i>	Europäischer Wels	100	48	0,04	117349
	BUC-01	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	99,89	35	0,03	117349
	BUC-01	<i>Chondrostoma nasus</i>	Nase	97,17	14	0,01	117349
Muscheln	BUC-01	<i>Dreissena polymorpha</i>	Wandermuschel	98,93	97522	67,63	144192
	BUC-01	<i>Anodonta cygnea</i>	Große Teichmuschel	100	46670	32,37	144192
Fische	BUC-03	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,38	36308	40,88	88814
	BUC-03	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,11	19221	21,64	88814
	BUC-03	<i>Abramis brama</i>	Brachse	99,26	12514	14,09	88814
	BUC-03	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,39	10651	11,99	88814
	BUC-03	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,32	7829	8,82	88814
	BUC-03	<i>Anguilla anguilla</i>	Aal	99,43	1312	1,48	88814
	BUC-03	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube	99,66	229	0,26	88814
	BUC-03	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	98,01	217	0,24	88814
	BUC-03	Leuciscidae	Weißfische	96,22	215	0,24	88814
	BUC-03	<i>Ctenopharyngodon idella</i>	Graskarpfen	99,35	153	0,17	88814
	BUC-03	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	98,29	85	0,1	88814
	BUC-03	<i>Silurus glanis</i>	Europäischer Wels	100	46	0,05	88814
	BUC-03	<i>Carassius</i> sp.	Goldfisch/Giebel	96	20	0,02	88814
	BUC-03	<i>Esox</i> sp.	Hecht	100	14	0,02	88814
Muscheln	BUC-03	<i>Anodonta cygnea</i>	Große Teichmuschel	99,59	87915	86,21	101975
	BUC-03	<i>Dreissena polymorpha</i>	Wandermuschel	98,92	14060	13,79	101975

Gesamte Artenliste Buchsee

Tabelle 19.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Buchsee
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Fische	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch
	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder
	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen
	<i>Abramis brama</i>	Brachse
	<i>Esox lucius</i>	Hecht
	<i>Anguilla anguilla</i>	Aal
	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube
	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling
	<i>Ctenopharyngodon idella</i>	Graskarpfen
	<i>Carassius</i> sp.	Giebel/Goldfisch
	<i>Silurus glanis</i>	Europäischer Wels
	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen
	<i>Chondrostoma nasus</i>	Nase
Muscheln	<i>Anodonta cygnea</i>	Große Teichmuschel
	<i>Dreissena polymorpha</i>	Wandermuschel

Plausibilisierung

Im Buchsee wurde eDNA von Fischen und Muscheln identifiziert, wobei in Probe BUC-02 keine eDNA der gewählten Organismengruppen nachgewiesen wurde.

In den Proben sind zahlreiche Sequenzen, welche eindeutig als Hecht *Esox lucius* identifiziert wurden und ein „Nachrauschen“ von Sequenzen, welche aufgrund ihrer minderen Qualität nur mehr auf die Gattung zugeordnet werden können. Neben den gut erhaltenen und damit auch gut lesbaren DNA-Sequenzen finden sich immer auch Bruchstücke oder durch natürliche Abbauprozesse beschädigte Moleküle in der freien Wassersäule, welche eine eindeutige Zuordnung auf eine Art nicht mehr erlauben.

Die Nachweise von eDNA von *Leuciscus* sp. sowie der Leuciscidae mit einer verhältnismäßig geringen Übereinstimmung von 98% für die Gattung und 96,2% für die Familie (Tab. 19.1) deuten auf ein Vorkommen der Hasel (*L. leuciscus*) oder des sehr nahe verwandten Nerflings (*L. idus*) hin. Die beiden Arten der Gattung *Leuciscus* unterscheiden sich nur durch ein einziges Basenpaar auf dem Genabschnitt 12S. Bei einer %ID unter 100% kann daher zwischen den beiden Arten nicht eindeutig differenziert werden.

Die Nase ist ein typischer Flussfisch und kann auf natürlichen Weg kaum in dieses Gewässer gelangen. Ein Vorkommen im Buchsee durch Besatz kann jedoch nicht ausgeschlossen werden. Allerdings ist aufgrund der geringen Übereinstimmung mit der DNA-Sequenz in der Referenz-Datenbank von 97,2% der Nachweis nicht als gesichert zu werten (Tab. 19.1). Zur Klärung der Tatsache würde sich eine gezielte Nachsuche mit einem diagnostischen PCR-Ansatz, welcher spezifisch ist für *Chondrostoma nasus* empfehlen.

Im Buchsee war zudem eDNA der invasiven Wandermuschel *Dreissena polymorpha* zu finden. Es handelt sich dabei um eine sehr konkurrenzstarke Art, die in Massen vorkommen und heimische Arten verdrängen kann.

3.20 Hechtsee

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
KU	Kufstein	2631	HEC-01, -02, -03	22.08.2023

Lage der Probenstellen



Abbildung 20: Hechtsee

Artenliste je Probestelle

Tabelle 20.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen HEC-01, -02, -03
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (Σ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	HEC-01	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,07	90211	34,7	259991
	HEC-01	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel	99,36	65786	25,3	259991
	HEC-01	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,31	65008	25	259991
	HEC-01	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,27	17030	6,55	259991
	HEC-01	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,38	14966	5,76	259991
	HEC-01	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	98,36	3093	1,19	259991
	HEC-01	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube	99,12	3034	1,17	259991
	HEC-01	Leuciscidae	Weißfische	96,56	396	0,15	259991
	HEC-01	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	99,14	304	0,12	259991
	HEC-01	<i>Squalius</i> sp.	Weißfisch	97,71	92	0,04	259991
	HEC-01	<i>Esox</i> sp.	Hecht	100	71	0,03	259991
Muscheln	HEC-01	<i>Dreissena polymorpha</i>	Wandermuschel	99,98	32133	100	32133
Krebse	HEC-02	<i>Asellus aquaticus</i>	Wasserassel	98,57	168	100	168
Fische	HEC-02	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,71	165597	53,45	309813
	HEC-02	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,34	79482	25,65	309813
	HEC-02	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel	99,79	28523	9,21	309813
	HEC-02	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube	99,17	20469	6,61	309813
	HEC-02	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,31	13568	4,38	309813
	HEC-02	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	98,5	1769	0,57	309813
	HEC-02	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	98,66	203	0,07	309813
	HEC-02	Leuciscidae	Weißfische	96,54	202	0,07	309813
Muscheln	HEC-02	<i>Dreissena polymorpha</i>	Wandermuschel	99,62	48094	100	48094
Fische	HEC-03	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,82	219151	54,21	404276
	HEC-03	<i>Leuciscus idus</i>	Nerfling	98,45	131411	32,51	404276
	HEC-03	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel	99,37	22908	5,67	404276
	HEC-03	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,36	15684	3,88	404276
	HEC-03	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube	99,17	8628	2,13	404276
	HEC-03	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,29	3853	0,95	404276
	HEC-03	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	98,07	2289	0,57	404276
	HEC-03	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	98,85	244	0,06	404276
	HEC-03	Leuciscidae	Weißfische	97,3	95	0,02	404276
	HEC-03	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	100	13	0	404276
	HEC-03	<i>Dreissena polymorpha</i>	Wandermuschel	99,36	52384	100	52384

Gesamte Artenliste Hechtsee

Tabelle 20.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Arten im Hechtsee
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Fische	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder
	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch
	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel
	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen
	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube
	<i>Esox lucius</i>	Hecht
	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling
	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotauge
Muscheln	<i>Dreissena polymorpha</i>	Wandermuschel

Plausibilisierung

Im Hechtsee wurde eDNA von Fischen, Krebsen und Muscheln identifiziert. Da es sich bei der Wasserassel um keinen Zehnfußkrebse (Decapoda) handelt, wurde dieser aus der Gesamtartenliste gestrichen (Tab. 20.2).

In den Proben sind zahlreiche Sequenzen, welche eindeutig als Hecht *Esox lucius* bzw. Aitel *Squalius cephalus* identifiziert wurden und ein „Nachrauschen“ von Sequenzen, welche aufgrund ihrer minderen Qualität nur mehr auf das jeweilige Gattungsniveau zugeordnet werden können. Neben den gut erhaltenen und damit auch gut lesbaren DNA-Sequenzen finden sich immer auch Bruchstücke oder durch natürliche Abbauprozesse beschädigte Moleküle in der freien Wassersäule, welche eine eindeutige Zuordnung auf Artniveau nicht mehr erlauben.

Die Nachweise von eDNA von *Leuciscus* sp. sowie der Leuciscidae mit einer verhältnismäßig geringen Übereinstimmung von 98% für die Gattung und 97% für die Familie (Tab. 20.1) deuten auf ein Vorkommen der Hasel (*L. leuciscus*) oder des sehr nahe verwandten Nerflings (*L. idus*) hin. Die beiden Arten der Gattung *Leuciscus* unterscheiden sich nur durch ein einziges Basenpaar auf dem Genabschnitt 12S. Bei einer %ID unter 100% kann daher zwischen den beiden Arten nicht eindeutig differenziert werden.

Angaben und Fotos verschiedener Fischereiforen zufolge kommen im Hechtsee neben den detektierten Arten auch die Renke, der Zander und der Wels vor (z.B. <https://hechtsee-fischen.jimdo-free.com/> und <https://www.fischereiverein-tyrol.at/unsere-gewasser/hechtsee/>).

Mögliche Ursachen für den fehlenden Nachweis von Zander und Wels dürften darin begründet liegen, dass es sich hierbei um Arten handelt, welche sich überwiegend in den tieferen Zonen von Gewässern aufhalten. Auch die Renken ziehen in den heißen Sommermonaten tiefere, kühle Wasserschichten vor. Der Hechtsee ist mit 57 m der tiefste der sechs Seen westlich von Kufstein. Es ist anzunehmen, dass der See aufgrund der hohen Temperaturen im August eine Schichtung aufwies und wenig Durchmischung der Wassersäule stattfand. Dadurch kann auch kaum oder nur sehr wenig eDNA dieser Fischarten an die Oberfläche und in die Bereiche der Ufer gelangen, an denen beprobt wurde.

Bei einem Metabarcoding gibt es eine definierte Anzahl an Analyseplätzen pro Durchlauf für die Sequenzierung. Die DNA-Moleküle auf der Platte werden vervielfältigt und auch gelesen (sequenziert). Wenn hier eine Dominanz der eDNA von einzelnen Arten vorherrscht und von anderen vergleichsweise nur wenige DNA-Spuren vorhanden sind, dann kann es dazu kommen, dass der überwiegende Teil der Plätze an die dominanten Arten geht und die wenigen DNA-Moleküle von Spezies, welche sich eher außerhalb der beprobten Bereiche aufhalten, nicht erfasst und damit auch nicht detektiert werden.

Zu erwähnen ist überdies, dass im Hechtsee eDNA der invasiven Wandermuschel *Dreissena polymorpha* zu finden war. Es handelt sich dabei um eine sehr konkurrenzstarke Art, die in Massen vorkommen und heimische Arten verdrängen kann.

3.21 Hintersteiner See

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
KU	Scheffau	3575	HIN-01, -02, -03, -04	30.08.2023

Lage der Probenstellen

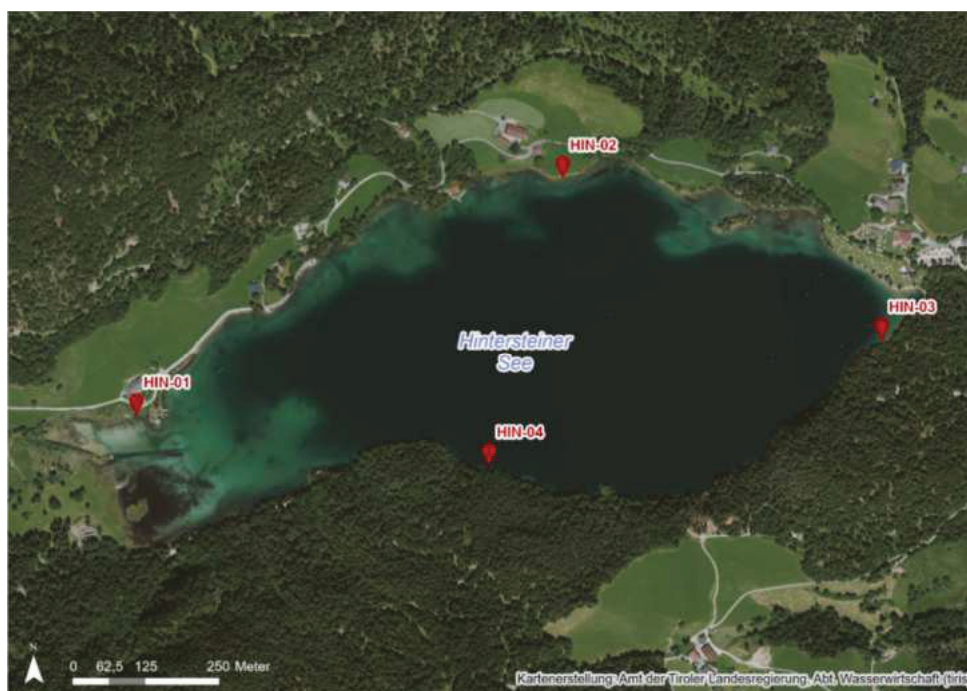


Abbildung 21: Hintersteiner See

Artenliste je Probestelle

Tabelle 21.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen HIN-01 – 04
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (Σ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	HIN-01	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	98,82	61527	90,27	68156
	HIN-01	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,2	4419	6,48	68156
	HIN-01	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	98,78	780	1,14	68156
	HIN-01	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	97,71	757	1,11	68156
	HIN-01	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	97,98	579	0,85	68156
	HIN-01	Leuciscidae	Weißfische	98,29	73	0,11	68156
	HIN-01	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube	97,84	21	0,03	68156
Muscheln	HIN-01	Sphaeriidae	Kugelmuscheln	98,98	81352	60,46	134547
	HIN-01	<i>Pisidium nitidum</i>	Glänzende Erbsenmuschel	99,05	53195	39,54	134547
Fische	HIN-02	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle	99,27	151107	75,37	200493
	HIN-02	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,37	27731	13,83	200493
	HIN-02	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	99,22	10441	5,21	200493
	HIN-02	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,17	8226	4,1	200493
	HIN-02	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	95,54	1969	0,98	200493
	HIN-02	Leuciscidae	Weißfische	94,53	667	0,33	200493
	HIN-02	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	97,48	352	0,18	200493
Muscheln	HIN-02	<i>Euglesa casertana</i>	Gemeine Erbsenmuschel	97,52	74095	44,1	168032
	HIN-02	<i>Anodonta</i> sp.	Teichmuschel	99,66	57378	34,15	168032
	HIN-02	<i>Pisidium nitidum</i>	Glänzende Erbsenmuschel	99	22451	13,36	168032
	HIN-02	<i>Anodonta anatina</i>	Gemeine Teichmuschel	99,94	14108	8,4	168032
Krebse	HIN-03	<i>Astacus astacus</i>	Edelkrebs	99,23	33029	100	33029
Fische	HIN-04	<i>Salvelinus</i> sp.	Saibling	99,35	183395	76,92	238429
	HIN-04	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,36	35781	15,01	238429
	HIN-04	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,26	16941	7,11	238429
	HIN-04	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	97,48	934	0,39	238429
	HIN-04	<i>Salvelinus namaycush</i>	Amerikanischer Seesaibling	99,41	698	0,29	238429
	HIN-04	Salmonidae	Lachsartige	99,1	596	0,25	238429
	HIN-04	<i>Oncorhynchus</i> sp.		95,4	34	0,01	238429
	HIN-04	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	97,71	31	0,01	238429
	HIN-04	<i>Perca</i> sp.	Flussbarsch	90,12	19	0,01	238429

Gesamte Artenliste Hintersteiner See

Tabelle 21.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Hintersteiner See
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Krebse	<i>Astacus astacus</i>	Edelkrebs
Fische	<i>Salvelinus</i> sp.	Saiblinge
	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle
	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder
	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch
	<i>Tinca tinca</i>	Schleie
	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling
	<i>Phoxinus phoxinus</i>	Elritze
	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle
	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube
Muscheln	<i>Pisidium nitidum</i>	Glänzende Erbsenmuschel
	<i>Euglesa casertana</i>	Gemeine Erbsenmuschel
	<i>Anodonta anatina</i>	Gemeine Teichmuschel

Plausibilisierung

Im Hintersteiner See wurde eDNA von Fischen, Muscheln und vom Edelkrebs identifiziert. Letzterer war der einzige tierische Nachweis in der Probe HEC-03.

Die Detektion für eDNA aus der Gattung *Salvelinus* lässt sich als Nachweis für das Vorkommen von Saiblingen interpretieren (*S. umbla* und/oder *S. fontinalis*). Ein Vorkommen des Amerikanischen Seesablings *S. namaycush* kann nicht ausgeschlossen werden, könnte aber auch auf eine Fehlbestimmung in der Referenzdatenbank zurückzuführen sein. Dieser Nachweis wird daher ebenfalls nur als Nachweis einer Saiblingsart und somit als *Salvelinus* sp. gewertet.

In HIN-04 finden sich zahlreiche Sequenzen, welche eindeutig als Flussbarsch *Perca fluviatilis* identifiziert wurden und ein „Nachrauschen“ von Sequenzen, welche aufgrund ihrer minderen Qualität nur mehr auf Gattungsniveau zugeordnet werden können. Neben den gut erhaltenen und

damit auch gut lesbaren DNA-Sequenzen finden sich immer auch Bruchstücke oder durch natürliche Abbauprozesse beschädigte Moleküle, welche eine eindeutige Zuordnung auf Artniveau nicht mehr erlauben. Ein ähnliches „Nachrauschen“ des eDNA-Signals ist bei den Muscheln zu beobachten: neben den DNA-Sequenzen, welche eindeutig der Art *Anodonta anatina* bzw. *Pisidium nitidum* zuzuordnen waren, gab es auch welche, die nur auf die Gattung *Anodonta* bzw. die Familie der Sphaeridae schließen ließen (Tab. 20.1).

Bei den DNA-Sequenzen, welche der Gattung *Oncorhynchus* zugeordnet werden konnten (in HIN-04), ist davon auszugehen, dass es sich um einen Nachweis für die Regenbogenforelle (*O. mykiss*) handelt.

Bei der Interpretation des Nachweises von eDNA von *Phoxinus* sp. ist zu berücksichtigen, dass es sich um Detektionen der Elritze aus dem Artenkomplex rund um *P. phoxinus* handeln dürfte, aus dem 13 genetische Linien als eigene Arten gelten (Vgl. Elritzenprojekt des NHM Wien <https://elritzen.at/projekt>). Genetische Untersuchungen haben gezeigt, dass außer *P. phoxinus* noch mindestens drei weitere Arten dieser Gattung in österreichischen Gewässern leben, nämlich *P. csikii*, *P. lumaireul* und *P. marsilii* (<https://www.abol.ac.at/project/phoxinus>).

Entsprechend dem Fischbestandsbericht vom Hintersteiner See von Gassner *et al.* (2003) wurde im vorliegenden Projekt eDNA der Bachschmerle *Barbatula barbatula* nachgewiesen, welche bei einer späteren Erhebung von 2011 fehlte (BAW 2011). Bei den früheren Fischbestands-erhebungen wurde neben den detektierten Arten auch die Rotfeder gefangen.

Bei einem Metabarcoding gibt es eine definierte Anzahl an Analyseplätzen pro Durchlauf für die Sequenzierung. Die DNA-Moleküle auf der Platte werden vervielfältigt und auch gelesen (sequenziert). Wenn hier eine Dominanz der eDNA von einzelnen Arten vorherrscht und von anderen vergleichsweise nur wenige DNA-Spuren vorhanden sind, dann kann es dazu kommen, dass der überwiegende Teil der Plätze an die dominanten Arten geht und die wenigen DNA-Moleküle von Spezies, welche sich eher außerhalb der beprobten Bereiche aufhalten, nicht erfasst und damit auch nicht detektiert werden.

3.22 Krummsee

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
KU	Kramsach	1746	KRU-01, -02, -03	16.08.2023

Lage der Probenstellen



Abbildung 22: Krummsee

Artenliste je Probestelle

Tabelle 22.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen KRU-01, -02, -03
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (Σ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	KRU-01	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,38	112011	61,2	183023
	KRU-01	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,38	34101	18,63	183023
	KRU-01	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,68	14195	7,76	183023
	KRU-01	<i>Abramis brama</i>	Brachse	99,33	13600	7,43	183023
	KRU-01	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,39	7602	4,15	183023
	KRU-01	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	97,61	793	0,43	183023
	KRU-01	<i>Esox</i> sp.	Hecht	99,41	453	0,25	183023
	KRU-01	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	98,29	148	0,08	183023
	KRU-01	Leuciscidae	Weißfische	95,72	120	0,07	183023
Muscheln	KRU-01	<i>Dreissena polymorpha</i>	Wandermuschel	99,61	109607	99,25	110434
	KRU-01	<i>Anodonta cygnea</i>	Große Teichmuschel	100	827	0,75	110434
Fische	KRU-02	<i>Abramis brama</i>	Brachse	99,32	81289	32,71	248477
	KRU-02	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,32	55971	22,53	248477
	KRU-02	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,37	46343	18,65	248477
	KRU-02	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,38	30142	12,13	248477
	KRU-02	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,3	19278	7,76	248477
	KRU-02	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	99,05	8260	3,32	248477
	KRU-02	<i>Ctenopharyngodon idella</i>	Graskarpfen	99,23	4828	1,94	248477
	KRU-02	<i>Esox</i> sp.	Hecht	99,4	950	0,38	248477
	KRU-02	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	97,78	670	0,27	248477
	KRU-02	Leuciscidae	Weißfische	96,04	241	0,1	248477
	KRU-02	<i>Carassius</i> sp.	Goldfisch/Giebel	96	160	0,06	248477
	KRU-02	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	98,29	107	0,04	248477
	KRU-02	<i>Silurus glanis</i>	Europäischer Wels	100	95	0,04	248477
	KRU-02	<i>Chondrostoma nasus</i>	Nase	97,17	93	0,04	248477
	KRU-02	Cyprinidae	Karpfenfische	96,35	31	0,01	248477
	KRU-02	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	100	19	0,01	248477
Muscheln	KRU-02	<i>Dreissena polymorpha</i>	Wandermuschel	99,61	115179	91,92	125303
	KRU-02	<i>Anodonta cygnea</i>	Große Teichmuschel	100	6469	5,16	125303
	KRU-02	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel	99,1	3655	2,92	125303
Fische	KRU-03	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,31	83558	42,2	198009
	KRU-03	<i>Leuciscus idus</i>	Nerfling	98,43	46842	23,66	198009
	KRU-03	<i>Abramis brama</i>	Brachse	99,33	39221	19,81	198009
	KRU-03	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,39	18613	9,4	198009
	KRU-03	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,35	8536	4,31	198009
	KRU-03	Leuciscidae	Weißfische	96,58	946	0,48	198009
	KRU-03	<i>Carassius</i> sp.	Goldfisch/Giebel	95,45	167	0,08	198009
	KRU-03	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	97,43	76	0,04	198009
	KRU-03	<i>Esox</i> sp.	Hecht	100	50	0,03	198009
Muscheln	KRU-03	<i>Dreissena polymorpha</i>	Wandermuschel	99,6	83570	100	83570

Gesamte Artenliste Krummsee

Tabelle 22.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Krummsee
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Fische	<i>Esox lucius</i>	Hecht
	<i>Abramis brama</i>	Brachse
	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen
	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch
	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder
	<i>Tinca tinca</i>	Schleie
	<i>Ctenopharyngodon idella</i>	Graskarpfen
	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling
	<i>Carassius</i> sp.	Goldfisch/Giebel
	<i>Silurus glanis</i>	Europäischer Wels
	<i>Chondrostoma nasus</i>	Nase
	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen
Muscheln	<i>Dreissena polymorpha</i>	Wandermuschel
	<i>Anodonta cygnea</i>	Große Teichmuschel
	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel

Plausibilisierung

Im Krummsee wurde in den drei Filterproben eDNA von Fischen und Muscheln identifiziert.

In den Proben sind zahlreiche Sequenzen, welche eindeutig als Hecht *Esox lucius* identifiziert wurden und ein „Nachrauschen“ von Sequenzen, welche aufgrund ihrer minderen Qualität nur mehr auf die Gattung zugeordnet werden können. Neben den gut erhaltenen und damit auch gut lesbaren DNA-Sequenzen finden sich immer auch Bruchstücke oder durch natürliche Abbauprozesse beschädigte Moleküle in der freien Wassersäule, welche eine eindeutige Zuordnung auf Artniveau nicht mehr erlauben. Dasselbe Phänomen ist auch bei den Karpfenartigen zu beobachten: neben den DNA-Sequenzen, welche eindeutig den Arten *Cyprinus carpio* und *Ctenopharyngodon idella* zuzuordnen waren, fanden sich auch welche, die nur mehr auf die Familie der Cypriniden schließen ließen.

Die Nachweise von eDNA von *Leuciscus* sp. sowie der Leuciscidae mit einer verhältnismäßig geringen Übereinstimmung von 98% für die Gattung und 96,6% für die Familie (Tab. 22.1) deuten auf ein Vorkommen des Nerflings (*L. idus*, 98,4%) oder der sehr nahe verwandten Hasel (*L. leuciscus*, 98,2%) hin. Die beiden Arten der Gattung *Leuciscus* unterscheiden sich nur durch ein einziges Basenpaar auf dem Genabschnitt 12S. Bei einer %ID unter 100% kann daher zwischen den beiden Arten nicht eindeutig differenziert werden.

Die Nase ist ein typischer Flussfisch und kann auf natürlichen Weg kaum in dieses Gewässer gelangen. Ein Vorkommen im Krummsee durch Besatz kann nicht ausgeschlossen werden. Allerdings ist aufgrund der geringen Übereinstimmung mit der DNA-Sequenz in der Referenz-Datenbank von 97,2% der Nachweis nicht als gesichert zu werten (Tab. 22.1). Zur Klärung der Tatsache würde sich eine gezielte Nachsuche mit einem diagnostischen PCR-Ansatz, welcher spezifisch für *Chondrostoma nasus* ist, empfehlen.

Bei den DNA-Sequenzen, welche nur der Gattung *Carassius* zugeordnet werden konnten (in KRU-02), handelt es sich aller Wahrscheinlichkeit nach um jene vom Goldfisch oder dessen Wildform, dem Giebel (*Carassius gibelio*).

Zu erwähnen ist überdies, dass im Krummsee eDNA der invasiven Wandermuschel *Dreissena polymorpha* zu finden war. Es handelt sich dabei um eine sehr konkurrenzstarke Art, die in Massen vorkommen und heimische Arten verdrängen kann.

3.23 Moorstrandbad Kirchbichl

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
KU	Kirchbichl	438	MOO-01, -02, -03	10.08.2023

Lage der Probenstellen



Abbildung 23: Moorstrandbad Kirchbichl

Artenliste je Probestelle

Tabelle 23.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen MOO-01, -02, -03
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG ($\sum$ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	MOO-01	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,91	133188	71,52	186215
	MOO-01	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	99,09	25129	13,49	186215
	MOO-01	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,37	24292	13,05	186215
	MOO-01	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,17	2054	1,1	186215
	MOO-01	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	96,77	1183	0,64	186215
	MOO-01	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	98,25	257	0,14	186215
	MOO-01	<i>Esox</i> sp.	Hecht	98,41	75	0,04	186215
	MOO-01	Leuciscidae	Weißfische	96,01	37	0,02	186215
Muscheln	MOO-01	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel	98,87	55962	100	55962
Krebse	MOO-02	<i>Porcellio scaber</i>	Kellerassel	94,02	608	100	608
Fische	MOO-02	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,41	183918	73,02	251886
	MOO-02	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,35	32722	12,99	251886
	MOO-02	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	99,05	30944	12,28	251886
	MOO-02	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	96,74	2273	0,9	251886
	MOO-02	Leuciscidae	Weißfische	96,51	917	0,36	251886
	MOO-02	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,52	720	0,29	251886
	MOO-02	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	97,71	280	0,11	251886
	MOO-02	<i>Esox</i> sp.	Hecht	99,02	112	0,04	251886
Muscheln	MOO-02	<i>Anodonta cygnea</i>	Große Teichmuschel	100	68744	53,31	128960
	MOO-02	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel	99,24	60216	46,69	128960
Fische	MOO-03	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,42	121235	57,26	211711
	MOO-03	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	99,31	66052	31,2	211711
	MOO-03	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,35	22344	10,55	211711
	MOO-03	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	96,79	1087	0,51	211711
	MOO-03	Leuciscidae	Weißfische	95,82	730	0,34	211711
	MOO-03	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	97,68	100	0,05	211711
	MOO-03	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	98,29	84	0,04	211711
	MOO-03	<i>Esox</i> sp.	Hecht	100	79	0,04	211711
Muscheln	MOO-03	<i>Anodonta anatina</i>	Gemeine Teichmuschel	99,95	62432	44,84	139231
	MOO-03	<i>Anodonta cygnea</i>	Große Teichmuschel	99,99	46087	33,1	139231
	MOO-03	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel	99,1	30712	22,06	139231

Gesamte Artenliste Moorstrandbad Kirchbichl

Tabelle 23.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Moorstrandbad Kirchbichl
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen
und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Fische	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch
	<i>Tinca tinca</i>	Schleie
	<i>Esox lucius</i>	Hecht
	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling
	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder
Muscheln	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel
	<i>Anodonta cygnea</i>	Große Teichmuschel
	<i>Anodonta anatina</i>	Gemeine Teichmuschel

Plausibilisierung

Im Moorstrandbad Kirchbichl wurde eDNA von Fischen, Krebstieren und Muscheln identifiziert. Da es sich bei der landlebenden Kellerassel um keinen Zehnfüßkrebs (Decapoda) handelt, wurde diese aus der Gesamtartenliste gestrichen (Tab. 23.2).

In den Proben sind zahlreiche Sequenzen, welche eindeutig als Hecht *Esox lucius* identifiziert wurden und ein „Nachrauschen“ von Sequenzen, welche aufgrund ihrer minderen Qualität nur mehr auf Gattungsniveau zugeordnet werden können. Neben den gut erhaltenen und damit auch gut lesbaren DNA-Sequenzen finden sich immer auch Bruchstücke oder durch natürliche Abbauprozesse beschädigte Moleküle in der freien Wassersäule, welche eine eindeutige Zuordnung auf Artniveau nicht mehr erlauben.

Die Nachweise von eDNA von *Leuciscus* sp. sowie der Leuciscidae mit einer verhältnismäßig geringen Übereinstimmung von ca. 97% für die Gattung und ca. 96% für die Familie (Tab. 23.1) deuten wahrscheinlich auf ein Vorkommen der Hasel (*L. leuciscus*) oder des sehr nahe verwandten Nerflings (*L. idus*) hin. Die beiden Arten der Gattung *Leuciscus* unterscheiden sich nur durch ein einziges Basenpaar auf dem Genabschnitt 12S. Bei einer %ID unter 100% kann daher zwischen den beiden Arten nicht eindeutig differenziert werden.

3.24 Reintaler See

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
KU	Kramsach	3533	REN-01, -02, -03, -04	16.08.2023

Lage der Probenstellen

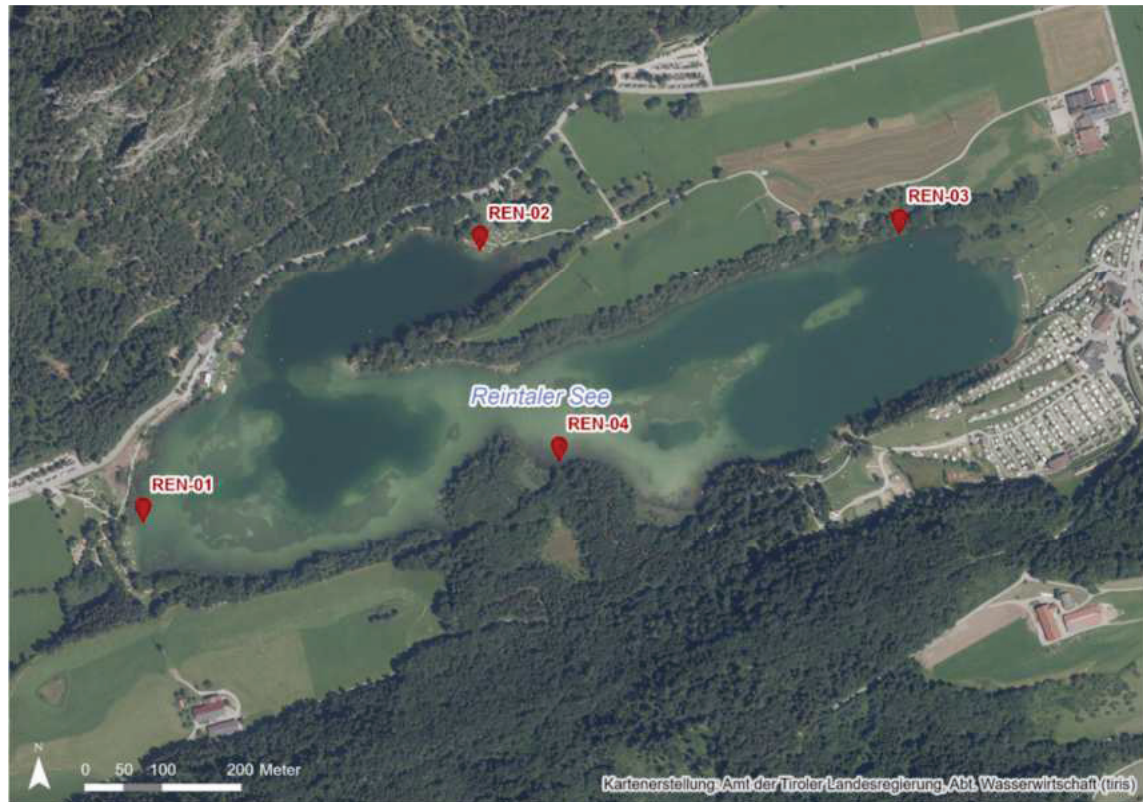


Abbildung 24: Reintaler See

Artenliste je Probestelle

Tabelle 24.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen REN-01 – 04
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (Σ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	REN-01	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,43	231918	76,15	304544
	REN-01	<i>Abramis brama</i>	Brachse	99,38	70143	23,03	304544
	REN-01	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	97,83	829	0,27	304544
	REN-01	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	97,75	673	0,22	304544
	REN-01	Leuciscidae	Weißfische	96,42	444	0,15	304544
	REN-01	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	98,28	425	0,14	304544
	REN-01	<i>Carassius</i> sp.	Goldfisch/Giebel	95,64	112	0,04	304544
Muscheln	REN-01	<i>Dreissena polymorpha</i>	Wandermuschel	99,61	15794	100	15794
Fische	REN-03	<i>Leuciscus idus</i>	Nerfling	97,03	260389	81,67	318840
	REN-03	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,28	56564	17,74	318840
	REN-03	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	97,16	890	0,28	318840
	REN-03	Leuciscidae	Weißfische	98,29	818	0,26	318840
	REN-03	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	97,73	136	0,04	318840
	REN-03	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube	98,01	22	0,01	318840
	REN-03	<i>Alburnus chalcoides</i>	Mairenke	97,71	21	0,01	318840
Fische	REN-04	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,44	167189	88,57	188768
	REN-04	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,4	21183	11,22	188768
	REN-04	Leuciscidae	Weißfische	96,97	225	0,12	188768
	REN-04	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	97,89	131	0,07	188768
	REN-04	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	98,29	40	0,02	188768

Gesamte Artenliste Reintaler See

Tabelle 24.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Reintaler See
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Fische	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen
	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder
	<i>Abramis brama</i>	Brachse
	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling
	<i>Carassius</i> sp.	Goldfisch/Giebel
	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube
Muscheln	<i>Dreissena polymorpha</i>	Wandermuschel

Plausibilisierung

Im Reintaler See wurde in den drei Filterproben eDNA von Fischen und Muscheln identifiziert.

Bei dem vermeintlichen Nachweis der Seelaube *Alburnus chalcoides* (Tab. 24.1) dürfte es sich um DNA-Sequenzen handeln, welche eigentlich der Laube (*A. alburnus*) zuzuordnen sind. Dafür spricht auch der geringe Grad an Übereinstimmung mit den DNA-Sequenzen von *A. chalcoides* aus den Referenzdatenbanken von 97,7% (%ID). Neben den gut erhaltenen und damit auch gut lesbaren DNA-Sequenzen findet man auch immer Bruchstücke oder durch natürliche Abbauprozesse durch natürliche Abbauprozesse beschädigte Moleküle, welche eine eindeutige Zuordnung auf Artniveau nicht erlauben bzw. fälschlicherweise einer nahe verwandten Art zugeordnet werden.

Die Nachweise von eDNA von *Leuciscus* sp. sowie der Leuciscidae mit einer verhältnismäßig geringen Übereinstimmung von 97% für die Gattung und 98% für die Familie (Tab. 24.1) deuten wahrscheinlich auf ein Vorkommen der Hasel (*L. leuciscus*) oder des sehr nahe verwandten Nerflings (*L. idus*) hin. Die beiden Arten der Gattung *Leuciscus* unterscheiden sich nur durch ein einziges Basenpaar auf dem Genabschnitt 12S. Bei einer %ID unter 100% kann daher zwischen den beiden Arten nicht eindeutig differenziert werden.

Bei den DNA-Sequenzen, welche nur der Gattung *Carassius* zugeordnet werden konnten (in REN-01), handelt es sich aller Wahrscheinlichkeit nach um jene vom Goldfisch oder dessen Wildform, dem Giebel (*Carassius gibelio*), welche vermutlich ausgesetzt worden sind. Unter den Cypriniden fand sich darüber hinaus auch eDNA des Karpfens *Cyprinus carpio*.

Im Reintaler See wurde eDNA der invasiven Wandermuschel *Dreissena polymorpha* nachgewiesen. Es handelt sich dabei um eine sehr konkurrenzstarke Art, die in Massen vorkommen und heimische Arten verdrängen kann.

3.25 Reither See

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
KU	Reith	473	REI-01, -02, -03	16.08.2023

Lage der Probenstellen



Abbildung 25: Reither See

Artenliste je Probestelle

Tabelle 25.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen REI-01, -02, -03
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (Σ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	REI-01	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	99,49	80827	67,91	119027
	REI-01	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube	99,37	37962	31,89	119027
	REI-01	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	99,46	238	0,2	119027
Fische	REI-02	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	100	139820	55,78	250661
	REI-02	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube	99,44	110073	43,91	250661
	REI-02	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	99,93	516	0,21	250661
	REI-02	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	99,13	252	0,1	250661
Fische	REI-03	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	100	162841	63,93	254725
	REI-03	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel	99,39	91835	36,05	254725
	REI-03	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	99,21	29	0,01	254725
	REI-03	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	100	20	0,01	254725
Muscheln	REI-03	<i>Anodonta anatina</i>	Gemeine Teichmuschel	100	48917	100	48917

Gesamte Artenliste Reither See

Tabelle 25.2: Auflistung aller nachgewiesenen Arten im Reither See
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Fische	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotauge
	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube
	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel
	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling
Muscheln	<i>Anodonta anatina</i>	Gemeine Teichmuschel

Plausibilisierung

Im Reither See wurde in den drei Filterproben eDNA von Fischen und der Gemeinen Teichmuschel identifiziert.

Die Nachweise von eDNA von *Leuciscus* sp. sowie der Leuciscidae (Tab. 25.1) deuten wahrscheinlich auf ein Vorkommen des Nerflings (*L. idus*) oder der sehr nahe verwandten Hasel (*L. leuciscus*) hin. Die beiden Arten der Gattung *Leuciscus* unterscheiden sich nur durch ein einziges Basenpaar auf dem Genabschnitt 12S. Bei einer %ID unter 100% kann daher zwischen den beiden Arten nicht eindeutig differenziert werden.

3.26 Stimmersee

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
KU	Langkampfen	86	STI-01, -02, -03	22.08.2023

Lage der Probenstellen

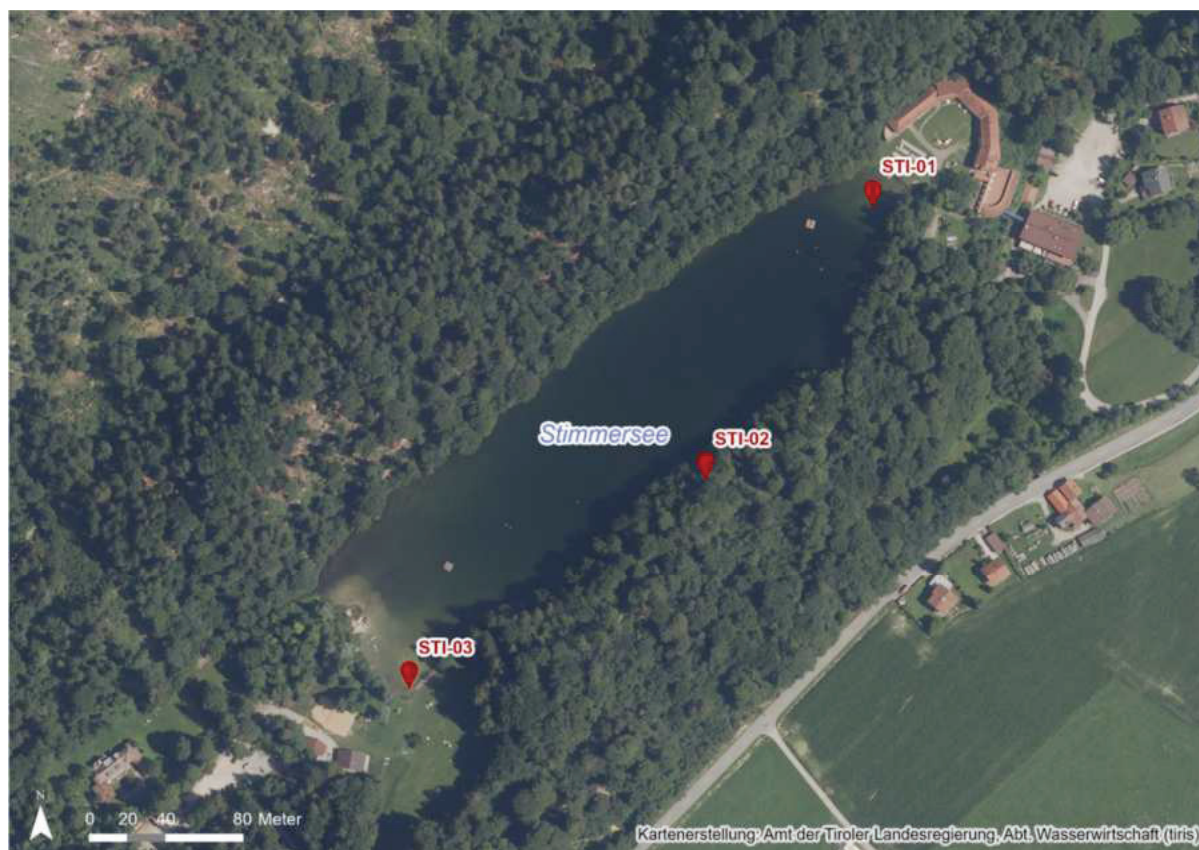


Abbildung 26: Stimmersee

Artenliste je Probestelle

Tabelle 26.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen STI-01, -02, -03
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG ($\sum$ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Krebse	STI-01	<i>Polyphemus pediculus</i>	Raub-Wasserfloh	98,73	330	100	330
Fische	STI-01	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel	99,41	104261	37,33	279330
	STI-01	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,41	55488	19,86	279330
	STI-01	<i>Lepomis gibbosus</i>	Sonnenbarsch	99,37	54542	19,53	279330
	STI-01	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,4	27215	9,74	279330
	STI-01	<i>Hypophthalmichthys</i> sp.	Karpfen	99,43	14130	5,06	279330
	STI-01	<i>Sander lucioperca</i>	Zander	99,4	13668	4,89	279330
	STI-01	<i>Ctenopharyngodon idella</i>	Graskarpfen	99,42	3012	1,08	279330
	STI-01	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,41	2969	1,06	279330
	STI-01	<i>Hypophthalmichthys nobilis</i>	Marmorkarpfen	99,29	2906	1,04	279330
	STI-01	<i>Hypophthalmichthys molitrix</i>	Silberkarpfen	99,38	1100	0,39	279330
	STI-01	<i>Chondrostoma nasus</i>	Nase	97,73	24	0,01	279330
	STI-01	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	98,86	15	0,01	279330
Fische	STI-02	<i>Lepomis gibbosus</i>	Sonnenbarsch	99,35	101862	44,9	226852
	STI-02	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,29	38939	17,16	226852
	STI-02	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel	99,39	38530	16,98	226852
	STI-02	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,35	20228	8,92	226852
	STI-02	<i>Hypophthalmichthys</i> sp.	Karpfen	99,3	9840	4,34	226852
	STI-02	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,36	6176	2,72	226852
	STI-02	<i>Sander lucioperca</i>	Zander	99,33	5533	2,44	226852
	STI-02	<i>Hypophthalmichthys nobilis</i>	Marmorkarpfen	98,81	3485	1,54	226852
	STI-02	<i>Hypophthalmichthys molitrix</i>	Silberkarpfen	99,78	2095	0,92	226852
	STI-02	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	99,88	138	0,06	226852
	STI-02	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	98,47	26	0,01	226852
Krebse	STI-03	<i>Astacus astacus</i>	Edelkrebs	99,96	37222	95,65	38914
	STI-03	<i>Polyphemus pediculus</i>	Raub-Wasserfloh	98,73	1692	4,35	38914
Fische	STI-03	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel	99,37	83987	47,41	177157
	STI-03	<i>Lepomis gibbosus</i>	Gemeiner Sonnenbarsch	99,7	38738	21,87	177157
	STI-03	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,13	28409	16,04	177157
	STI-03	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,22	18963	10,7	177157
	STI-03	<i>Sander lucioperca</i>	Zander	99,08	6799	3,84	177157
	STI-03	<i>Hypophthalmichthys nobilis</i>	Marmorkarpfen	98,7	124	0,07	177157
	STI-03	<i>Hypophthalmichthys molitrix</i>	Silberkarpfen	99,67	59	0,03	177157
	STI-03	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	98,53	46	0,03	177157
	STI-03	Leuciscidae	Weißfische	96,46	32	0,02	177157

Gesamte Artenliste Stimmersee

Tabelle 26.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Stimmersee
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Krebse	<i>Astacus astacus</i>	Edelkrebs
Fische	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel
	<i>Lepomis gibbosus</i>	Sonnenbarsch
	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen
	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder
	<i>Sander lucioperca</i>	Zander
	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch
	<i>Hypophthalmichthys nobilis</i>	Marmorkarpfen
	<i>Hypophthalmichthys molitrix</i>	Silberkarpfen
	<i>Ctenopharyngodon idella</i>	Graskarpfen
	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling
	<i>Chondrostoma nasus</i>	Nase

Plausibilisierung

Im Stimmersee wurde in den drei Filterproben eDNA von Fischen, Muscheln und dem Edelkrebs identifiziert. Da es sich beim Raub-Wasserfloh um keinen Zehnfußkrebs (Decapoda) handelt, wurde dieser aus der Gesamtartenliste gestrichen (Tab. 26.2).

In den Proben sind zahlreiche Sequenzen, welche eindeutig als ostasiatische Karpfenarten *Hypophthalmichthys molitrix* und *H. nobilis* identifiziert wurden und ein „Nachrauschen“ von Sequenzen, welche aufgrund ihrer minderen Qualität nur mehr der Gattung zugeordnet werden können. Neben den gut erhaltenen und damit auch gut lesbaren DNA-Sequenzen finden sich immer auch Bruchstücke oder durch natürliche Abbauprozesse beschädigte Moleküle in der freien Wassersäule, welche eine eindeutige Zuordnung auf Artniveau nicht mehr erlauben.

Die Nachweise von eDNA von *Leuciscus* sp. sowie der Leuciscidae mit einer verhältnismäßig geringen Übereinstimmung für die Gattung und die Familie (Tab. 26.1) deuten wahrscheinlich auf

ein Vorkommen des Nerflings (*L. idus*, 98,4%) oder der sehr nahe verwandten Hasel (*L. leuciscus*, 98,2%) hin. Die beiden Arten der Gattung *Leuciscus* unterscheiden sich nur durch ein einziges Basenpaar auf dem Genabschnitt 12S. Bei einer %ID unter 100% kann daher zwischen den beiden Arten nicht eindeutig differenziert werden.

Die Nase (*Chondrostoma nasus*) ist ein typischer Flussfisch und kann auf natürlichen Weg kaum in dieses Gewässer gelangen. Ein Vorkommen im Stimmer durch Besatz kann nicht ausgeschlossen werden. Allerdings ist aufgrund der geringen Übereinstimmung mit der DNA-Sequenz in der Referenz-Datenbank von 97,2% der Nachweis nicht als gesichert zu werten (Tab. 26.1). Zur Klärung der Tatsache würde sich eine gezielte Nachsuche mit einem diagnostischen PCR-Ansatz, welcher spezifisch für *Chondrostoma nasus* ist, empfehlen.

3.27 Thiersee

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
KU	Thiersee	2008	THI-01, -02, -03	22.08.2023

Lage der Probenstellen



Abbildung 27: Thiersee

Artenliste je Probestelle

Tabelle 27.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen THI-01, -02, -03
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (Σ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	THI-01	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,34	89416	43,13	207322
	THI-01	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,67	70768	34,13	207322
	THI-01	<i>Abramis brama</i>	Brachse	99,24	34802	16,79	207322
	THI-01	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,34	8859	4,27	207322
	THI-01	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,3	1589	0,77	207322
	THI-01	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube	99,22	1359	0,66	207322
	THI-01	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	98,66	326	0,16	207322
	THI-01	<i>Silurus glanis</i>	Europäischer Wels	99,41	114	0,05	207322
	THI-01	<i>Esox</i> sp.	Hecht	100	48	0,02	207322
	THI-01	<i>Vimba</i> sp.	Rußnase	98,43	21	0,01	207322
	THI-01	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	98,29	20	0,01	207322
Muscheln	THI-01	<i>Dreissena polymorpha</i>	Wandermuschel	99,39	101670	100	101670
Fische	THI-02	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	98,53	495470	61,6	804367
	THI-02	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,25	153896	19,13	804367
	THI-02	<i>Esox lucius</i>	Hecht	98,73	71362	8,87	804367
	THI-02	<i>Abramis brama</i>	Brachse	99,06	35547	4,42	804367
	THI-02	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube	98,96	29874	3,71	804367
	THI-02	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,25	11152	1,39	804367
	THI-02	<i>Sander lucioperca</i>	Zander	99,28	4673	0,58	804367
	THI-02	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	98,34	715	0,09	804367
	THI-02	<i>Esox</i> sp.	Hecht	98,64	474	0,06	804367
	THI-02	<i>Silurus glanis</i>	Europäischer Wels	99,18	367	0,05	804367
	THI-02	Leuciscidae	Weißfische	96,66	346	0,04	804367
	THI-02	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	98,27	258	0,03	804367
	THI-02	<i>Carassius</i> sp.	Goldfisch/Giebel	97,03	100	0,01	804367
	THI-02	<i>Vimba</i> sp.	Rußnase	98,46	69	0,01	804367
	THI-02	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	99,43	44	0,01	804367
	THI-02	<i>Carassius auratus</i>	Goldfisch	97,14	20	0	804367
Muscheln	THI-02	<i>Dreissena polymorpha</i>	Wandermuschel	99,61	95857	100	95857
Fische	THI-03	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,83	384888	78,8	488433
	THI-03	<i>Abramis brama</i>	Brachse	99,36	65814	13,47	488433
	THI-03	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,35	37705	7,72	488433
	THI-03	<i>Vimba</i> sp.	Rußnase	98,63	26	0,01	488433
Muscheln	THI-03	<i>Dreissena polymorpha</i>	Wandermuschel	99,99	124277	100	124277

Gesamte Artenliste Thiersee

Tabelle 27.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Thiersee
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Fische	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder
	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch
	<i>Abramis brama</i>	Brachse
	<i>Esox lucius</i>	Hecht
	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube
	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen
	<i>Sander lucioperca</i>	Zander
	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling
	<i>Silurus glanis</i>	Europäischer Wels
	<i>Carassius</i> sp.	Goldfisch/Giebel
	<i>Vimba vimba</i>	Rußnase
	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen
Muscheln	<i>Dreissena polymorpha</i>	Wandermuschel

Plausibilisierung

Im Thiersee wurde in den drei Filterproben eDNA von Fischen und Muscheln identifiziert, jedoch keine eDNA von Krebstieren.

In den Proben sind zahlreiche Sequenzen, welche eindeutig als Hecht *Esox lucius* identifiziert wurden und ein „Nachrauschen“ von Sequenzen, welche aufgrund ihrer minderen Qualität nur mehr auf die Gattung zugeordnet werden können. Neben den gut erhaltenen und damit auch gut lesbaren DNA-Sequenzen finden sich immer auch Bruchstücke oder durch natürliche Abbauprozesse beschädigte Moleküle in der freien Wassersäule, welche eine eindeutige Zuordnung auf eine Art nicht mehr erlauben.

Die Nachweise von eDNA von *Leuciscus* sp. sowie der Leuciscidae mit einer verhältnismäßig geringen Übereinstimmung für die Gattung die Familie (Tab. 27.1) deuten wahrscheinlich auf ein Vorkommen der Hasel (*L. leuciscus*) oder des sehr nahe verwandten Nerflings (*L. idus*) hin. Die

beiden Arten der Gattung *Leuciscus* unterscheiden sich nur durch ein einziges Basenpaar auf dem Genabschnitt 12S. Bei einer %ID unter 100% kann daher zwischen den beiden Arten nicht eindeutig differenziert werden.

Bei den DNA-Sequenzen, welche nur *Carassius auratus* oder der Gattung *Carassius* zugeordnet werden konnten (in THI-02), handelt es sich aller Wahrscheinlichkeit nach um jene vom Goldfisch oder dessen Wildform, dem Giebel (*Carassius gibelio*). Unter den Cypriniden fand sich darüber hinaus auch eDNA der Arten Karpfen, Rotfeder, Brachse, Laube, Hasel, Nerfling und Rotaugen.

Die Rußnase kommt vorwiegend in großen Flüssen wie der Donau und den großen Seen im Alpenvorland vor. Ein Vorkommen im Thiersee durch Besatz kann nicht vollkommen ausgeschlossen werden. Allerdings ist aufgrund der geringen Übereinstimmung mit der DNA-Sequenz in der Referenz-Datenbank von 98% der Nachweis nicht als gesichert zu werten (Tab. 27.1). Zur Klärung der Tatsache würde sich eine gezielte Nachsuche mit einem diagnostischen PCR-Ansatz, welcher spezifisch für *Vimba vimba* ist, empfehlen.

Im Thiersee wurde eDNA der invasiven Wandermuschel *Dreissena polymorpha* nachgewiesen. Es handelt sich dabei um eine sehr konkurrenzstarke Art, die in Massen vorkommen und heimische Arten verdrängen kann.

Vom Thiersee ist ein Vorkommen des Edelkrebses *Astacus astacus* bekannt; diese Art wurde in den Proben des gegenständlichen Projektes jedoch nicht nachgewiesen.

3.28 Walchsee

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
KU	Walchsee	5207	WAL-01, -02, -03, -04, -05, -06	22.08.2023

Lage der Probenstellen



Abbildung 28: Walchsee

Artenliste je Probestelle

Tabelle 28.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen WAL-01 – 06 (2-teilig) Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (Σ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Krebse	WAL-01	<i>Astacus astacus</i>	Edelkrebs	99,36	13097	100	13097
Fische	WAL-01	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	98,31	187108	85,46	218954
	WAL-01	<i>Abramis brama</i>	Brachse	99,34	26295	12,01	218954
	WAL-01	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,82	1975	0,9	218954
	WAL-01	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,4	1853	0,85	218954
	WAL-01	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	99,27	1598	0,73	218954
	WAL-01	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	99,97	91	0,04	218954
	WAL-01	<i>Leuciscus sp.</i>	Hasel/Nerfling	98,86	34	0,02	218954
Muscheln	WAL-01	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel	99,41	49415	100	49415
Krebse	WAL-02	<i>Polyphemus pediculus</i>	Raub-Wasserfloh	100	295	100	295
Fische	WAL-02	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,34	149081	61,58	242103
	WAL-02	<i>Abramis brama</i>	Brachse	98,54	63630	26,28	242103
	WAL-02	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,39	16522	6,82	242103
	WAL-02	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	99,42	8126	3,36	242103
	WAL-02	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,35	4166	1,72	242103
	WAL-02	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	99,41	509	0,21	242103
	WAL-02	<i>Esox sp.</i>	Hecht	99,4	41	0,02	242103
	WAL-02	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	98,29	14	0,01	242103
Muscheln	WAL-02	<i>Leuciscus sp.</i>	Hasel/Nerfling	98,37	14	0,01	242103
	WAL-02	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel	98,21	14787	37,89	39031
	WAL-02	<i>Anodonta cygnea</i>	Große Teichmuschel	100	10755	27,56	39031
	WAL-02	<i>Sphaerium nucleus</i>	Sumpf-Kugelmuschel	99,06	8001	20,5	39031
	WAL-02	<i>Dreissena polymorpha</i>	Wandermuschel	99,2	3054	7,82	39031
	WAL-02	<i>Pisidium obtusale</i>	Aufgeblasene Erbsenmuschel	99,4	1420	3,64	39031
	WAL-02	Sphaeriidae	Kugelmuscheln	98,76	965	2,47	39031
	WAL-02	<i>Sphaerium solidum</i>	Dickschalige Kugelmuschel	93,96	38	0,1	39031
Fische	WAL-02	<i>Euglesa supina</i>	Buckel-Erbsenmuschel	98,28	11	0,03	39031
	WAL-03	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,42	26103	68,54	38087
	WAL-03	<i>Abramis brama</i>	Brachse	99,38	5842	15,34	38087
	WAL-03	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,43	5170	13,57	38087
	WAL-03	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,4	935	2,45	38087
Muscheln	WAL-03	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	100	37	0,1	38087
	WAL-03	<i>Pisidium nitidum</i>	Glänzende Erbsenmuschel	98,79	113042	91,42	123645
	WAL-03	<i>Dreissena polymorpha</i>	Wandermuschel	99,4	10603	8,58	123645

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Krebse	WAL-05	<i>Astacus astacus</i>	Edelkrebs	99,25	40786	100	40786
Fische	WAL-05	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,38	127566	95,85	133084
	WAL-05	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	97,18	4958	3,73	133084
	WAL-05	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	97,71	231	0,17	133084
	WAL-05	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube	97,8	220	0,17	133084
	WAL-05	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	99,97	109	0,08	133084
Krebse	WAL-06	<i>Astacus astacus</i>	Edelkrebs	99,38	2248	100	2248
Fische	WAL-06	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,36	144711	65,79	219968
	WAL-06	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,38	40482	18,4	219968
	WAL-06	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,29	11054	5,03	219968
	WAL-06	<i>Anguilla</i> sp.	Aal	99,37	7464	3,39	219968
	WAL-06	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	99,21	7117	3,24	219968
	WAL-06	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,32	3989	1,81	219968
	WAL-06	<i>Abramis brama</i>	Brachse	99,33	1992	0,91	219968
	WAL-06	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel	99,42	1687	0,77	219968
	WAL-06	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube	99,7	653	0,3	219968
	WAL-06	<i>Sander</i> sp.	Zander	99,32	422	0,19	219968
	WAL-06	<i>Esox</i> sp.	Hecht	98,6	118	0,05	219968
	WAL-06	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	97,4	95	0,04	219968
	WAL-06	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	100	92	0,04	219968
	WAL-06	<i>Anguilla anguilla</i>	Europäischer Aal	100	64	0,03	219968
	WAL-06	Leuciscidae	Weißfische	96,35	17	0,01	219968
	WAL-06	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	98,29	11	0,01	219968
Muscheln	WAL-06	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel	98,35	50496	37,33	135267
	WAL-06	<i>Musculium lacustre</i>	Häubchenmuschel	99,05	26889	19,88	135267
	WAL-06	<i>Pisidium nitidum</i>	Glänzende Erbsenmuschel	98,93	22068	16,31	135267
	WAL-06	<i>Dreissena polymorpha</i>	Wandermuschel	99,46	15502	11,46	135267
	WAL-06	<i>Anodonta cygnea</i>	Große Teichmuschel	99,59	12073	8,93	135267
	WAL-06	<i>Euglesa casertana</i>	Gemeine Erbsenmuschel	99,13	7390	5,46	135267
	WAL-06	<i>Musculium</i>	Häubchenmuschel	97,29	664	0,49	135267
	WAL-06	<i>Pisidium obtusale</i>	Aufgeblasene Erbsenmuschel	95,74	185	0,14	135267

Gesamte Artenliste Walchsee

Tabelle 28.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Walchsee
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Krebse	<i>Astacus astacus</i>	Edelkrebs
Fische	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch
	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder
	<i>Abramis brama</i>	Brachse
	<i>Esox lucius</i>	Hecht
	<i>Tinca tinca</i>	Schleie
	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling
	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen
	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel
	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube
	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen
	<i>Sander lucioperca</i>	Zander
	<i>Anguilla anguilla</i>	Europäischer Aal
Muscheln	<i>Pisidium nitidum</i>	Glänzende Erbsenmuschel
	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel
	<i>Dreissena polymorpha</i>	Wandermuschel
	<i>Musculium lacustre</i>	Häubchenmuschel
	<i>Anodonta cygnea</i>	Große Teichmuschel
	<i>Sphaerium nucleus</i>	Sumpf-Kugelmuschel
	<i>Euglesa casertana</i>	Gemeine Erbsenmuschel
	<i>Pisidium obtusale</i>	Aufgeblasene Erbsenmuschel
	<i>Sphaerium solidum</i>	Dickschalige Kugelmuschel
	<i>Euglesa supina</i>	Buckel-Erbsenmuschel

Plausibilisierung

Im Walchsee wurde in den sechs Filterproben eDNA von Fischen, dem Edelkrebs *Astacus astacus* und Muscheln identifiziert. Da es sich beim Raub-Wasserfloh um keinen Zehnfußkrebs (Decapoda) handelt, wurden dieser aus der Gesamtartenliste gestrichen (Tab. 28.2).

In den Proben sind zahlreiche Sequenzen, welche eindeutig als Hecht *Esox lucius* identifiziert wurden und ein „Nachrauschen“ von Sequenzen, welche aufgrund ihrer minderen Qualität nur mehr auf die Gattung zugeordnet werden können. Neben den gut erhaltenen und damit auch gut lesbaren DNA-Sequenzen finden sich immer auch Bruchstücke oder durch natürliche Abbauprozesse beschädigte Moleküle in der freien Wassersäule, welche eine eindeutige Zuordnung auf Artniveau nicht mehr erlauben. Ein ähnliches „Nachrauschen“ des eDNA-Signals ist bei den Muscheln zu beobachten: Neben den DNA-Sequenzen, welche eindeutig den beiden Arten *Pisidium subtruncatum* und *P. obtusale* bzw. *Musculium lacustre* zuzuordnen waren, fanden sich auch welche, die nur mehr auf Vertreter aus deren Familie (Sphaeriidae) bzw. Gattung *Musculium* schließen ließen.

Die Nachweise von eDNA von *Leuciscus* sp. sowie der Leuciscidae mit einer verhältnismäßig geringen Übereinstimmung für die Gattung und die Familie (Tab. 28.1) deuten auf ein Vorkommen der Hasel (*L. leuciscus*) oder des sehr nahe verwandten Nerflings (*L. idus*) hin. Die beiden Arten der Gattung *Leuciscus* unterscheiden sich nur durch ein einziges Basenpaar auf dem Genabschnitt 12S. Bei einer %ID unter 100% kann daher zwischen den beiden Arten nicht eindeutig differenziert werden.

Im Walchsee konnte eDNA des Europäischen Aals und des Karpfens detektiert werden – diese beiden Fischarten wurden bei Elektrofischungen 2003 ebenfalls gefangen (Gassner *et al.* 2003), fehlten aber bei der späteren Fischbestandserhebung 2011. Bei dieser wurde überdies noch die Renke nachgewiesen (BAW 2011). Mögliche Ursache für den fehlenden Nachweis dieser Fischart könnte sein, dass diese in den heißen Sommermonaten tiefere, kühle Wasserschichten vorziehen. Es ist anzunehmen, dass der See aufgrund der hohen Temperaturen im August eine Schichtung aufwies und wenig Durchmischung der Wassersäule stattfand. Dadurch kann auch kaum eDNA dieser Fischart an die Oberfläche und in die Bereiche der Ufer gelangen, an denen beprobt wurde.

Bei einem Metabarcoding gibt es eine definierte Anzahl an Analyseplätzen pro Durchlauf für die Sequenzierung. Die DNA-Moleküle auf der Platte werden vervielfältigt und auch gelesen (sequenziert). Wenn hier eine Dominanz der eDNA von einzelnen Arten vorherrscht und von anderen vergleichsweise nur wenige DNA-Spuren vorhanden sind, dann kann es dazu kommen, dass der überwiegende Teil der Plätze an die dominanten Arten geht und die wenigen DNA-Moleküle von Spezies, welche sich eher außerhalb der beprobten Bereiche aufhalten, nicht erfasst und damit auch nicht detektiert werden.

Im Walchsee war zudem eDNA der invasiven Wandermuschel *Dreissena polymorpha* zu finden. Es handelt sich dabei um eine sehr konkurrenzstarke Art, die in Massen vorkommen und heimische Arten verdrängen kann.

3.29 Badesee Ried

Bezirk		Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
LA	Ried	Walchsee	637	BSR-01, -02, -03	23.08.2023

Lage der Probenstellen



Abbildung 29: Badesee Ried

Artenliste je Probestelle

Tabelle 29.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen BSR-01, -02, -03
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (Σ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	BSR-01	<i>Phoxinus sp.</i>	Elritze	99,33	351246	64,44	545037
	BSR-01	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle	99,41	76157	13,97	545037
	BSR-01	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle	99,09	62717	11,51	545037
	BSR-01	<i>Rhodeus amarus</i>	Bitterling	99,19	27556	5,06	545037
	BSR-01	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,11	14489	2,66	545037
	BSR-01	<i>Carassius auratus</i>	Goldfisch	99,05	11043	2,03	545037
	BSR-01	<i>Carassius sp.</i>	Goldfisch/Giebel	97,71	551	0,1	545037
	BSR-01	<i>Phoxinus phoxinus</i>	Elritze	97,8	532	0,1	545037
	BSR-01	<i>Oncorhynchus sp.</i>		97,2	325	0,06	545037
	BSR-01	<i>Rhodeus sp.</i>	Bitterling	100	224	0,04	545037
	BSR-01	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel	93,37	94	0,02	545037
	BSR-01	Leuciscidae	Weißfische	94,6	51	0,01	545037
	BSR-01	<i>Squalius sp.</i>	Aitel	93,14	27	0	545037
	BSR-01	<i>Barbatula sp.</i>	Bachschmerle	94,67	14	0	545037
	BSR-01	<i>Cyprinus sp.</i>	Karpfen	97,83	11	0	545037
Fische	BSR-02	<i>Phoxinus sp.</i>	Elritze	99,04	181883	56,25	323324
	BSR-02	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle	99,18	65997	20,41	323324
	BSR-02	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,19	30971	9,58	323324
	BSR-02	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle	99,27	23635	7,31	323324
	BSR-02	<i>Rhodeus amarus</i>	Bitterling	99,25	15952	4,93	323324
	BSR-02	<i>Carassius auratus</i>	Goldfisch	98,99	3528	1,09	323324
	BSR-02	<i>Carassius sp.</i>	Goldfisch/Giebel	97,7	634	0,2	323324
	BSR-02	<i>Phoxinus phoxinus</i>	Elritze	97,87	234	0,07	323324
	BSR-02	Leuciscidae	Weißfische	94,4	169	0,05	323324
	BSR-02	<i>Rhodeus sp.</i>	Bitterling	100	143	0,04	323324
	BSR-02	<i>Oncorhynchus sp.</i>		96,46	112	0,03	323324
	BSR-02	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel	93,14	39	0,01	323324
	BSR-02	<i>Squalius sp.</i>	Aitel	93,14	27	0,01	323324
Muscheln	BSR-02	<i>Anodonta sp.</i>	Teichmuschel	99,59	105178	100	105178
Fische	BSR-03	<i>Phoxinus csikii</i>		100	105333	40,97	257109
	BSR-03	<i>Phoxinus sp.</i>	Elritze	98,44	65781	25,58	257109
	BSR-03	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle	99,07	34302	13,34	257109
	BSR-03	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle	99,26	29812	11,6	257109
	BSR-03	<i>Rhodeus amarus</i>	Bitterling	99,17	11879	4,62	257109
	BSR-03	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,11	6919	2,69	257109
	BSR-03	<i>Carassius auratus</i>	Goldfisch	98,95	2025	0,79	257109
	BSR-03	<i>Rhodeus sp.</i>	Bitterling	100	421	0,16	257109
	BSR-03	<i>Carassius sp.</i>	Goldfisch/Giebel	98,49	200	0,08	257109
	BSR-03	<i>Phoxinus phoxinus</i>	Elritze	97,71	168	0,07	257109
	BSR-03	<i>Oncorhynchus sp.</i>		97,79	148	0,06	257109
	BSR-03	Leuciscidae	Weißfische	94,71	54	0,02	257109
	BSR-03	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel	93,14	38	0,01	257109
	BSR-03	<i>Squalius sp.</i>	Aitel	92,97	29	0,01	257109
Muscheln	BSR-03	<i>Anodonta sp.</i>	Teichmuschel	100	54565	84,71	64413
	BSR-03	<i>Anodonta anatina</i>	Gemeine Teichmuschel	99,53	9848	15,29	64413

Gesamte Artenliste Badesee Ried

Tabelle 29.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Badesee Ried
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Fische	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle
	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle
	<i>Rhodeus amarus</i>	Bitterling
	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen
	<i>Carassius auratus</i>	Goldfisch
	<i>Phoxinus phoxinus</i>	Elritze
	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel
Muscheln	<i>Anodonta anatina</i>	Gemeine Teichmuschel

Plausibilisierung

Im Badesee Ried wurde in den drei Filterproben eDNA von Fischen und Muscheln identifiziert.

In den Proben sind zahlreiche Sequenzen, welche eindeutig als Regenbogenforelle *Onchorhynchus mykiss* identifiziert wurden und ein „Nachrauschen“ von Sequenzen, welche aufgrund ihrer minderen Qualität nur mehr auf die Gattung zugeordnet werden können. Neben den gut erhaltenen und damit auch gut lesbaren DNA-Sequenzen finden sich immer auch Bruchstücke oder durch natürliche Abbauprozesse beschädigte Moleküle in der freien Wassersäule, welche eine eindeutige Zuordnung auf Artniveau nicht mehr erlauben. Gleiches gilt für den Aitel und die die Bachschmerle: Neben den DNA-Sequenzen, welche eindeutig den Arten *Squalius cephalus* und *Barbatula barbatula* zuzuordnen waren, fanden sich auch welche, die nur mehr auf die Gattungen *Squalius* bzw. *Barbatula* schließen ließen. (Tab. 29.1).

Ein ähnliches „Nachrauschen“ des eDNA-Signals ist beim Bitterling zu beobachten: neben den DNA-Sequenzen, welche eindeutig der Art *Rhodeus amarus* zuzuordnen war, fanden sich auch welche, die nur mehr auf die Gattung *Rhodeus* schließen ließen. Aufgrund ihrer speziellen Fortpflanzungsbiologie ist diese Fischart auf das Vorkommen bestimmter Muschelarten angewiesen, wie z.B. der ebenfalls detektieren Großen Teichmuschel (*Anodonta cygnea*).

Die Nachweise von eDNA von *Leuciscus* sp. sowie der Leuciscidae mit einer verhältnismäßig geringen Übereinstimmung für die Gattung und die Familie (Tab. 29.1) deuten wahrscheinlich auf ein Vorkommen der Hasel (*L. leuciscus*) oder des sehr nahe verwandten Nerflings (*L. idus*) hin. Die beiden Arten der Gattung *Leuciscus* unterscheiden sich nur durch ein einziges Basenpaar auf dem Genabschnitt 12S. Bei einer %ID unter 100% kann daher zwischen den beiden Arten nicht eindeutig differenziert werden.

Bei den DNA-Sequenzen, welche nur der Gattung *Carassius* und *Carassius auratus* zugeordnet werden konnten (in BSR-02), handelt es sich aller Wahrscheinlichkeit nach um jene vom Goldfisch oder dessen Wildform, dem Giebel (*Carassius gibelio*).

Bei der Interpretation des Nachweises von eDNA von *Phoxinus* sp. ist zu berücksichtigen, dass es sich um Detektionen der Elritze aus dem Artenkomplex *P. phoxinus* handeln dürfte, aus dem 13 genetische Linien als eigene Arten gelten (Vgl. Elritzenprojekt des NHM Wien <https://elritzen.at/projekt>). Genetische Untersuchungen haben gezeigt, dass außer *P. phoxinus* noch mindestens drei weitere Arten dieser Gattung in österreichischen Gewässern leben, nämlich *P. csikii*, *P. lumaireul* und *P. marsilii* (<https://www.abol.ac.at/project/phoxinus>).

3.30 Badeteich Ladis

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
LA	Ladis	325	BTL-01, -02, -03	23.08.2023

Lage der Probenstellen



Abbildung 30: Badeteich Ladis

Artenliste je Probestelle

Tabelle 30.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen BTL-01, -02, -03
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (Σ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	BTL-01	<i>Phoxinus phoxinus</i>	Elritze	99,43	189859	42,06	451377
	BTL-01	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachscherle	98,88	139835	30,98	451377
	BTL-01	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,07	75152	16,65	451377
	BTL-01	<i>Carassius auratus</i>	Goldfisch	99,28	31317	6,94	451377
	BTL-01	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel	99,19	11441	2,53	451377
	BTL-01	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	99,18	2631	0,58	451377
	BTL-01	<i>Carassius</i> sp.	Goldfisch/Giebel	98,53	871	0,19	451377
	BTL-01	<i>Squalius</i> sp.	Aitel	97,71	217	0,05	451377
	BTL-01	Leuciscidae	Weißfische	94,89	34	0,01	451377
	BTL-01	<i>Barbatula</i>	Bachscherle	94,67	20	0	451377
	BTL-01						
Fische	BTL-02	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,29	240678	69,71	345234
	BTL-02	<i>Carassius auratus</i>	Goldfisch	99,18	50778	14,71	345234
	BTL-02	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachscherle	99,17	30807	8,92	345234
	BTL-02	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel	99,17	15519	4,5	345234
	BTL-02	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	99,05	5968	1,73	345234
	BTL-02	<i>Carassius</i> sp.	Goldfisch/Giebel	98,57	1237	0,36	345234
	BTL-02	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	97,54	132	0,04	345234
	BTL-02	Leuciscidae	Weißfische	94,51	92	0,03	345234
	BTL-02	<i>Barbatula</i> sp.	Bachscherle	94,67	13	0	345234
	BTL-02	<i>Squalius</i> sp.	Aitel	97,14	10	0	345234
	BTL-02						
Fische	BTL-03	<i>Phoxinus csikii</i>		98,52	137049	62,3	219987
	BTL-03	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachscherle	99,14	37219	16,92	219987
	BTL-03	<i>Carassius auratus</i>	Goldfisch	99,01	20451	9,3	219987
	BTL-03	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	98,92	11888	5,4	219987
	BTL-03	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	97,56	8873	4,03	219987
	BTL-03	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel	98,85	2898	1,32	219987
	BTL-03	<i>Carassius</i> sp.	Goldfisch/Giebel	99,06	1181	0,54	219987
	BTL-03	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	97,19	293	0,13	219987
	BTL-03	Leuciscidae	Weißfische	94,43	95	0,04	219987
	BTL-03	<i>Barbatula</i> sp.	Bachscherle	94,28	40	0,02	219987
	BTL-03						

Gesamte Artenliste Badeteich Ladis

Tabelle 30.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Badeteich Ladis
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Fische	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle
	<i>Phoxinus phoxinus</i>	Elritze
	<i>Carassius auratus</i>	Goldfisch
	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel
	<i>Tinca tinca</i>	Schleie
	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen

Plausibilisierung

Im Badeteich Ladis wurde in den drei Filterproben eDNA von Fischen identifiziert.

In den Proben sind zahlreiche Sequenzen, welche eindeutig als Aitel *Squalius cephalus* identifiziert wurden und ein „Nachrauschen“ von Sequenzen, welche aufgrund ihrer minderen Qualität nur mehr auf die Gattung *Squalius* zugeordnet werden können. Neben den gut erhaltenen und damit auch gut lesbaren DNA-Sequenzen finden sich immer auch Bruchstücke oder durch natürliche Abbauprozesse beschädigte Moleküle in der freien Wassersäule, welche eine eindeutige Zuordnung auf Artniveau nicht mehr erlauben. Gleiches gilt für die Bachschmerle: Neben den DNA-Sequenzen, welche eindeutig *Barbatula barbatula* zuzuordnen waren, fanden sich auch welche, die nur mehr auf die Gattungen *Barbatula* schließen ließen. (Tab. 30.1).

Bei den DNA-Sequenzen, welche nur der Gattung *Carassius* und *Carassius auratus* zugeordnet werden konnten, handelt es sich aller Wahrscheinlichkeit nach um jene vom Goldfisch oder dessen Wildform, dem Giebel (*Carassius gibelio*).

Bei der Interpretation des Nachweises von eDNA von *Phoxinus* sp. ist zu berücksichtigen, dass es sich um Detektionen der Elritze aus dem Artenkomplex *P. phoxinus* handeln dürfte, aus dem 13 genetische Linien als eigene Arten gelten (Vgl. Elritzenprojekt des NHM Wien <https://elritzen.at/projekt>). Genetische Untersuchungen haben neuerdings gezeigt, dass außer *P. phoxinus* noch mindestens drei weitere Arten dieser Gattung in österreichischen Gewässern leben, nämlich *P. csikii*, *P. lumaireul* und *P. marsilii* (<https://www.abol.ac.at/project/phoxinus>). Auch wenn im Badeteich Ladis eDNA von *P. csikii* in BTL-03 identifiziert wurde, gilt der Nachweis mit 98% als nicht gesichert. Zur Klärung der Tatsache würde sich eine gezielte Nachsuche mit einem diagnostischen PCR-Ansatz, welcher spezifisch für *P. csikii* ist, empfehlen.

3.31 Tristacher See

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
LZ	Amlach	1193	TRI-01, -02, -03	12.08.2023

Lage der Probenstellen



Abbildung 31: Tristacher See

Artenliste je Probestelle

Tabelle 31.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen TRI-01, -02, -03
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (Σ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Krebse	TRI-02	<i>Astacus astacus</i>	Edelkrebs	99,37	1337	100	1337
Fische	TRI-02	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube	98,74	146142	69,77	209473
	TRI-02	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,32	38763	18,51	209473
	TRI-02	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	98,76	21917	10,46	209473
	TRI-02	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,36	2423	1,16	209473
	TRI-02	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	98,65	135	0,06	209473
	TRI-02	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	98,6	72	0,03	209473
	TRI-02	<i>Carassius auratus</i>	Goldfisch	96	21	0,01	209473
Krebse	TRI-03	<i>Astacus astacus</i>	Edelkrebs	98,39	102489	100	102489
Fische	TRI-03	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	99,26	150731	41,93	359455
	TRI-03	<i>Sander lucioperca</i>	Zander	99,35	94927	26,41	359455
	TRI-03	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube	98,67	84899	23,62	359455
	TRI-03	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	98,74	19643	5,46	359455
	TRI-03	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,36	8944	2,49	359455
	TRI-03	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	98,74	222	0,06	359455
	TRI-03	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	98,37	89	0,02	359455

Gesamte Artenliste Tristacher See

Tabelle 31.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Tristacher See
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Krebse	<i>Astacus astacus</i>	Edelkrebs
Fische	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube
	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder
	<i>Sander lucioperca</i>	Zander
	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch
	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen
	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling
	<i>Carassius auratus</i>	Goldfisch

Plausibilisierung

Im Tristacher See wurde in zwei der drei Filterproben eDNA von Fischen und vom Edelkrebs identifiziert.

Die Nachweise von eDNA von *Leuciscus* sp. sowie der Spezies *Leuciscus leuciscus* mit einer verhältnismäßig geringen Übereinstimmung von 98,6% für die Gattung und 98,7 % für die Art (Tab. 31.1) deuten auf ein Vorkommen der Hasel (*L. leuciscus*) oder des sehr nahe verwandten Nerflings (*L. idus*) hin. Die beiden Arten der Gattung *Leuciscus* unterscheiden sich nur durch ein einziges Basenpaar auf dem Genabschnitt 12S. Bei einer %ID unter 100% kann daher zwischen den beiden Arten nicht eindeutig differenziert werden.

Bei den DNA-Sequenzen, welche nur *Carassius auratus* zugeordnet werden konnten, handelt es sich aller Wahrscheinlichkeit nach um jene vom Goldfisch oder dessen Wildform, dem Giebel (*Carassius gibelio*).

3.32 Blindsee

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
RE	Biberwier	3784	BLI-01, -02, -03, -04	29.08.2023

Lage der Probenstellen



Abbildung 32: Blindsee

Artenliste je Probestelle

Tabelle 32.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen BLI-01 – 04
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (Σ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	BLI-01	<i>Phoxinus csikii</i>		99,48	176580	58,81	300259
	BLI-01	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,12	80612	26,85	300259
	BLI-01	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,26	38270	12,75	300259
	BLI-01	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	99,13	4783	1,59	300259
	BLI-01	Leuciscidae	Weißfische	93,75	14	0	300259
Muscheln	BLI-01	<i>Euglesa parvula</i>		98,83	120541	100	120541
Krebse	BLI-02	<i>Polyphemus pediculus</i>	Raub-Wasserfloh	98,73	145	100	145
Fische	BLI-02	<i>Phoxinus csikii</i>		100	231655	69,65	332579
	BLI-02	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,33	63109	18,98	332579
	BLI-02	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	98,79	36999	11,12	332579
	BLI-02	<i>Tachysurus</i> sp.	Bagridenwels	98,91	816	0,25	332579
Muscheln	BLI-02	Sphaeriidae	Kugelmuscheln	99,33	20726	93,89	22074
	BLI-02	<i>Pisidium nitidum</i>	Glänzende Erbsenmuschel	99,58	1337	6,06	22074
	BLI-02	<i>Pisidium</i> sp.	Erbsenmuschel	97,85	11	0,05	22074
Fische	BLI-03	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,34	117875	46,29	254643
	BLI-03	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,34	93839	36,85	254643
	BLI-03	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	99,24	42919	16,85	254643
	BLI-03	Leuciscidae	Weißfische	91,57	10	0	254643
Muscheln	BLI-03	<i>Euglesa parvula</i>		99,21	109191	69,82	156390
	BLI-03	<i>Pisidium nitidum</i>	Glänzende Erbsenmuschel	100	39862	25,49	156390
	BLI-03	Sphaeriidae	Kugelmuscheln	98,77	6916	4,42	156390
	BLI-03	<i>Pisidium</i> sp.	Erbsenmuschel	97,58	421	0,27	156390
Fische	BLI-04	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,32	171802	82,78	207549
	BLI-04	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,28	32860	15,83	207549
	BLI-04	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	98,78	2874	1,38	207549
	BLI-04	Leuciscidae	Weißfische	94,32	13	0,01	207549
Muscheln	BLI-04	<i>Euglesa parvula</i>		98,97	102616	67,05	153044
	BLI-04	<i>Anodonta cygnea</i>	Große Teichmuschel	100	50428	32,95	153044

Gesamte Artenliste Blindsee

Tabelle 32.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Blindsee
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Fische	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze
	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch
	<i>Tinca tinca</i>	Schleie
	<i>Tachysurus</i> sp.	Bagridenwels
Muscheln	<i>Euglesa parvula</i>	
	<i>Anodonta cygnea</i>	Große Teichmuschel
	<i>Pisidium nitidum</i>	Glänzende Erbsenmuschel

Plausibilisierung

Im Blindsee beim Fernpass wurde in den vier Filterproben eDNA von Fischen und Muscheln identifiziert.

Neben dem Nachweis von eDNA, welche eindeutig der Erbsenmuschel *Pisidium subtruncatum* zugeordnet werden kann, findet sich ein „Nachrauschen“ von Sequenzen, welche aufgrund ihrer minderen Qualität nur mehr der Gattung *Pisidium* oder der Familie der Sphaeridae zugeordnet werden können. (Tab. 32.1). Neben den gut erhaltenen und damit auch gut lesbaren DNA-Sequenzen finden sich immer auch Bruchstücke oder durch natürliche Abbauprozesse beschädigte Moleküle, welche eine eindeutige Zuordnung auf eine Art nicht erlauben.

Ähnliches gilt auch für die Nachweise, welche der Gattung *Phoxinus* zugewiesen worden sind: hier gibt es Sequenzen, welche mit 100% Übereinstimmung als *P. csikii* identifiziert wurden und ein „Nachrauschen“ von Sequenzen, welche aufgrund ihrer minderen Qualität nur mit geringerer Übereinstimmung auf Gattungsniveau zugeordnet werden können. Bei der Interpretation des Nachweises von eDNA von *Phoxinus* sp. ist zu berücksichtigen, dass es sich um Detektionen der Elritze aus dem Artenkomplex *P. phoxinus* handeln dürfte, aus dem 13 genetische Linien als eigene Arten gelten (Vgl. Elritzenprojekt des NHM Wien <https://elritzen.at/projekt>). Genetische Untersuchungen haben neuerdings gezeigt, dass außer *P. phoxinus* noch mindestens drei weitere Arten dieser Gattung in österreichischen Gewässern leben, nämlich *P. csikii*, *P. lumaireul* und *P. marsilii* (<https://www.abol.ac.at/project/phoxinus>).

Bagridenwelse sind keine einheimischen Welse sondern stammen aus Ostasien. Vertreter aus der Gattung *Tachysurus* werden als Zierfische gehalten, weshalb nicht ausgeschlossen werden kann, dass sie in heimische Gewässer ausgesetzt werden. Dass sich Vertreter dieser Art in mitteleuropäischen Gewässern halten und vermehren können, zeigt sich am Beispiel des Gelben

Drachenwelses *Tachysurus fluvidraco*, der bereits in der bayerischen Donau nachgewiesen wurde (Härtl et al. 2018).

Der Blindsee ist ein beliebter Tauchplatz, von dem bekannt ist, dass neben den detektierten Fischarten dort auch noch die Fischarten Zander, Seeforelle und Bachschmerle vorkommen. Mögliche Ursachen für den fehlenden Nachweis von Zander dürften darin begründet sein, dass es sich hierbei um eine Art handelt, welche sich überwiegend in den tieferen Zonen von Gewässern aufhalten. Auch die Seeforellen ziehen in den heißen Sommermonaten tiefere, kühle Wasserschichten vor. Es ist anzunehmen, dass der See aufgrund der hohen Temperaturen im August eine Schichtung aufwies und wenig Durchmischung der Wassersäule stattfand. Dadurch kann auch kaum oder nur sehr wenig eDNA dieser Fischarten an die Oberfläche und in die Bereiche der Ufer gelangen, an denen beprobt wurde.

Bei einem Metabarcoding gibt es eine definierte Anzahl an Analyseplätzen pro Durchlauf für die Sequenzierung. Die DNA-Moleküle auf der Platte werden vervielfältigt und auch gelesen (sequenziert). Wenn hier eine Dominanz der eDNA von einzelnen Arten vorherrscht (z.B. die Elritze im Vorliegenden) und von anderen vergleichsweise nur wenige DNA-Spuren vorhanden sind, dann kann es dazu kommen, dass der überwiegende Teil der Plätze an die dominanten Arten geht und die wenigen DNA-Moleküle von Spezies, welche sich eher außerhalb der beprobten Bereiche aufhalten, nicht erfasst und damit auch nicht detektiert werden.

3.33 Haldensee

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
RE	Grän	3896	HAL-01, -02, -03, -04	21.08.2023

Lage der Probenstellen



Abbildung 33: Haldensee

Artenliste je Probestelle

Tabelle 33.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen HAL-01 – 04
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (Σ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Krebse	HAL-01	<i>Asellus aquaticus</i>	Wasserassel	98,58	480	100	480
Fische	HAL-01	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,73	126440	82,87	152568
	HAL-01	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,37	16269	10,66	152568
	HAL-01	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	98,1	5327	3,49	152568
	HAL-01	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	99,13	3844	2,52	152568
	HAL-01	<i>Coregonus</i> sp.	Renke	99,27	644	0,42	152568
	HAL-01	<i>Esox</i> sp.	Hecht	100	44	0,03	152568
Krebse	HAL-04	<i>Asellus aquaticus</i>	Wasserassel	99,29	11	100	11
Fische	HAL-04	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,33	120845	90,91	132923
	HAL-04	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,32	10915	8,21	132923
	HAL-04	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	99,05	1129	0,85	132923
	HAL-04	<i>Esox</i> sp.	Hecht	96,77	34	0,03	132923

Gesamte Artenliste Haldensee

Tabelle 33.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Haldensee
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Fische	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch
	<i>Esox lucius</i>	Hecht
	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotauge
	<i>Tinca tinca</i>	Schleie
	<i>Coregonus</i> sp.	Renke

Plausibilisierung

Im Haldensee wurde in zwei der vier Filterproben eDNA von Fischen und der Wasserassel identifiziert. Da es sich bei *Asellus aquaticus* um keine Zehnfüßkrebse (Decapoda) handelt, wurden diese aus der Gesamtartenliste (Tab. 33.2) gestrichen.

In den Proben sind zahlreiche Sequenzen, welche eindeutig als Hecht *Esox lucius* identifiziert wurden und ein „Nachrauschen“ von Sequenzen, welche aufgrund ihrer minderen Qualität nur mehr auf Gattungsniveau zugeordnet werden können. Neben den gut erhaltenen und damit auch gut lesbaren DNA-Sequenzen finden sich immer auch Bruchstücke oder durch natürliche Abbauprozesse beschädigte Moleküle in der freien Wassersäule, welche eine eindeutige Zuordnung auf Artniveau nicht mehr erlauben.

Die morphologische Artunterscheidung von Renken ist schwierig und umstritten, entsprechend unzuverlässig ist auch die Datenlage rund um *Coregonus* sp. in den Referenzdatenbanken.

Im Zuge der Fischbestanderhebung wurde 2013 neben den hier detektierten Fischarten noch in sehr geringer Stückzahl die Laube nachgewiesen (BAW 2013). Bei einem Metabarcoding gibt es eine definierte Anzahl an Analyseplätzen pro Durchlauf für die Sequenzierung. Die DNA-Moleküle auf der Platte werden vervielfältigt und auch gelesen (sequenziert). Wenn hier eine Dominanz der eDNA von einzelnen Arten vorherrscht (wie hier z.B. der Flussbarsch) und von anderen vergleichsweise nur wenige DNA-Spuren vorhanden sind, dann kann es dazu kommen, dass der überwiegende Teil der Plätze an die dominanten Arten geht und die wenigen DNA-Moleküle von Spezies, welche sich eher außerhalb der beprobten Bereiche aufhalten, nicht erfasst und damit auch nicht detektiert werden. Zur Klärung der Tatsache, ob die Laube im Haldensee vorkommt, würde sich eine gezielte Nachsuche mit einem diagnostischen PCR-Ansatz für die Laube empfehlen.

3.34 Heiterwanger See

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
RE	Heiterwang	6133	HEI-01 - 07	31.08.2023

Lage der Probenstellen



Abbildung 34: Heiterwanger See

Artenliste je Probestelle

Tabelle 34.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen HEI-01 – 07
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (Σ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	HEI-01	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,32	158747	50,85	312199
	HEI-01	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,38	66993	21,46	312199
	HEI-01	<i>Cottus gobio</i>	Koppe	99,36	36440	11,67	312199
	HEI-01	<i>Coregonus</i> sp.	Renke	99,32	33575	10,75	312199
	HEI-01	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle	99,41	15187	4,86	312199
	HEI-01	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	98,29	759	0,24	312199
	HEI-01	Cottidae	Groppen	96,83	220	0,07	312199
	HEI-01	<i>Salmo salar</i>	Atlantischer Lachs	96,47	157	0,05	312199
	HEI-01	Salmonidae	Lachsartige	91,91	55	0,02	312199
	HEI-01	<i>Cottus rhenanus</i>	Rheingroppe	100	44	0,01	312199
	HEI-01	<i>Coregonus lavaretus</i>	Lavaret	100	22	0,01	312199
Muscheln	HEI-01	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel	98,64	40110	50,9	78805
	HEI-01	Sphaeriidae	Kugelmuscheln	98,98	38690	49,1	78805
	HEI-01	<i>Pisidium nitidum</i>	Glänzende Erbsenmuschel	96,71	5	0,01	78805
Fische	HEI-02	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,42	205970	70,2	293401
	HEI-02	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,36	87431	29,8	293401
Fische	HEI-03	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,36	189565	72,35	262011
	HEI-03	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,34	48030	18,33	262011
	HEI-03	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle	99,42	23622	9,02	262011
	HEI-03	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	97,61	794	0,3	262011
Krebse	HEI-04	<i>Austropotamobius</i> sp.	Stein-/Dohlenkrebs	99,36	55286	99,38	55633
	HEI-04	<i>Austropotamobius pallipes</i>	Dohlenkrebs	100	339	0,61	55633
	HEI-04	<i>Austropotamobius fulcisanus</i>	Italienischer Dohlenkrebs	99,37	8	0,01	55633
Fische	HEI-04	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,36	155926	51,79	301058
	HEI-04	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,34	109892	36,5	301058
	HEI-04	<i>Thymallus</i> sp.	Äsche	99,39	29427	9,77	301058
	HEI-04	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	99,29	5443	1,81	301058
	HEI-04	<i>Thymallus arcticus</i>	Arktische Äsche	94,9	182	0,06	301058
	HEI-04	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle	97,02	126	0,04	301058
	HEI-04	Salmonidae	Lachsartige	92,4	42	0,01	301058
	HEI-04	<i>Thymallus thymallus</i>	Europäische Äsche	100	20	0,01	301058
Fische	HEI-05	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,94	216507	69,89	309799
	HEI-05	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,38	93292	30,11	309799
Krebse	HEI-06	<i>Austropotamobius</i> sp.	Stein-/Dohlenkrebs	97,94	169148	99,49	170015
	HEI-06	<i>Austropotamobius pallipes</i>	Dohlenkrebs	99,32	867	0,51	170015
Fische	HEI-06	<i>Phoxinus csikii</i>		100	182962	83,77	218410
	HEI-06	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	98,89	22117	10,13	218410
	HEI-06	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	99,24	11846	5,42	218410
	HEI-06	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle	98,65	1485	0,68	218410
Krebse	HEI-07	<i>Austropotamobius</i> sp.	Stein-/Dohlenkrebs	99,82	3456	99,68	3467
	HEI-07	<i>Austropotamobius pallipes</i>	Dohlenkrebs	100	11	0,32	3467
Fische	HEI-07	<i>Phoxinus csikii</i>		100	206286	71,94	286748
	HEI-07	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,32	30375	10,59	286748
	HEI-07	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle	99,17	19053	6,64	286748
	HEI-07	<i>Coregonus</i> sp.	Renke	98,74	15979	5,57	286748
	HEI-07	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	98,9	14062	4,9	286748
	HEI-07	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	98,1	967	0,34	286748
	HEI-07	<i>Coregonus lavaretus</i>	Lavaret	99,41	16	0,01	286748
	HEI-07	Salmonidae	Lachsartige	91,91	10	0	286748

Gesamte Artenliste Heiterwanger See

Tabelle 34.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Heiterwanger See
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Krebse	<i>Austropotamobius</i> sp.	Stein-/Dohlenkrebs
Fische	<i>Phoxinus phoxinus</i>	Elritze
	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch
	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle
	<i>Coregonus</i> sp.	Renke
	<i>Cottus gobio</i>	Koppe
	<i>Thymallus thymallus</i>	Äsche
	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle
Muscheln	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel
	<i>Pisidium nitidum</i>	Glänzende Erbsenmuschel

Plausibilisierung

Im Heiterwanger See wurde in den sieben Filterproben eDNA von Fischen, Krebsen und Muscheln identifiziert.

In den Proben sind zahlreiche Sequenzen, welche eindeutig als Bachforelle *Salmo trutta* identifiziert wurden und ein „Nachrauschen“ von Sequenzen, welche aufgrund ihrer minderen Qualität nur mehr auf die Gattung *Salmo* bzw. überhaupt nur mehr auf Salmonidae schließen ließen. Neben den gut erhaltenen und damit auch gut lesbaren DNA-Sequenzen finden sich immer auch Bruchstücke oder durch natürliche Abbauprozesse beschädigte Moleküle, welche eine eindeutige Zuordnung auf Artniveau nicht erlauben. Für die vermeintlichen Nachweise von Lachs (*S. salar*) gibt es zwei mögliche Erklärungen: Theoretisch könnten die DNA-Spuren von Lachs über einen Fremdeintrag in das Gewässer gelangt sein. Aller Wahrscheinlichkeit nach handelt es sich jedoch hierbei um eine fehlerhafte Zuordnung von beeinträchtigten DNA-Molekülen von *S. trutta*. Darauf ist insbesondere aufgrund der verhältnismäßig geringen Übereinstimmung von 96,5% (HEI-02) mit den DNA-Sequenzen von *S. salar* in der Referenzdatenbank zu schließen (Tab. 34.1).

Ebenfalls ein „Nachrauschen“ des eDNA-Signals ist bei den Muscheln zu beobachten: Neben den DNA-Sequenzen, welche eindeutig den beiden Arten *Pisidium subtruncatum* und *P. nitidum* zuzuordnen waren, fanden sich auch welche, die nur mehr auf Vertreter aus deren Familie (Sphaeriidae) schließen ließen.

Die morphologische Artunterscheidung von Renken ist schwierig und umstritten, entsprechend unzuverlässig ist auch die Datenlage in den Referenzdatenbanken. Deshalb wird die Artzuweisung auf *C. lavaretus* in Probe HEI-01 trotz einer 100%igen Übereinstimmung auf *Coregonus* sp. belassen (Tab. 34.2)

Bei dem vermeintlichen Nachweis der Rheingroppe *Cottus rhenanus* (Tab. 34.1) dürfte es sich aller Wahrscheinlichkeit nach um DNA-Sequenzen handeln, die eigentlich von der heimischen Koppe (*Cottus gobio*) stammen, für welche bislang noch sehr wenige Einträge für den Genabschnitt 12S in der Referenzdatenbank vertreten sind. Dies gilt auch für jene DNA-Sequenzen, welche nur der Familie der Cottidae zugeordnet werden konnten.

Bei der Interpretation des Nachweises von eDNA von *Phoxinus* sp. und *P. phoxinus* ist zu berücksichtigen, dass es sich um Detektionen der Elritze aus dem Artenkomplex *P. phoxinus* handeln dürfte, aus dem 13 gentische Linien als eigene Arten gelten (Vgl. Elritzenprojekt des NHM Wien <https://elritzen.at/projekt>). Genetische Untersuchungen haben gezeigt, dass außer *P. phoxinus* noch mindestens drei weitere Arten in österreichischen Gewässern leben, nämlich *P. csikii*, *P. lumaireul* und *P. marsilii* (<https://www.abol.ac.at/project/phoxinus>).

Im Zuge einer Fischbestanderhebung im Jahr 2014 wurden am Heiterwanger See neben den detektierten Arten noch die Regenbogenforelle und der Seesaibling gefangen (BAW 2014). Mögliche Ursache für den fehlenden Nachweis dieser Spezies könnte sein, dass sich diese Fische in den heißen Sommermonaten in tiefere, kühle Wasserschichten zurückgezogen haben. Es ist anzunehmen, dass der See aufgrund der hohen Temperaturen im August eine Schichtung aufwies und wenig Durchmischung der Wassersäule stattfand. Dadurch kann auch kaum oder nur sehr wenig eDNA dieser Fischarten an die Oberfläche und in den Bereich der Ufer gelangen, an denen beprobt wurde. Bei einem Metabarcoding gibt es eine definierte Anzahl an Analyseplätzen pro Durchlauf für die Sequenzierung. Die DNA-Moleküle auf der Platte werden vervielfältigt und auch gelesen (sequenziert). Wenn hier eine Dominanz der eDNA von einzelnen Arten vorherrscht (wie hier z.B. der Flussbarsch) und von anderen vergleichsweise nur wenige DNA-Spuren vorhanden sind, dann kann es dazu kommen, dass der überwiegende Teil der Plätze an die dominanten Arten geht und die wenigen DNA-Moleküle von Spezies, welche sich eher außerhalb der beprobten Bereiche aufhalten, nicht erfasst und damit auch nicht detektiert werden. Zur Klärung der Tatsache, ob sich die Arten noch im See aufhalten würde sich eine gezielte Nachsuche mit einem diagnostischen PCR-Ansatz für Regenbogenforelle und Seesaibling empfehlen oder eine Re-Analyse von Filterproben, welche zu einem anderen Zeitpunkt genommen werden.

Im Heiterwanger See wurde eDNA der Gattung *Austropotamobius* nachgewiesen, die mit bis zu 100% der DNA-Sequenzen des Dohlenkrebses *A. pallipes* in der Referenzdatenbank übereinstimmt. Die Verbreitung des Dohlenkrebses reicht von Süd- nach Westeuropa bis zu den Britischen Inseln (Albrecht 1982, Holdich 2002), für Österreich sind in der Literatur Vorkommen in Kärnten und in Tirol im Plansee genannt (Füreder & Machino 1995, Holdich 2002). Aufgrund der bestehenden Verbindung zwischen dem Plansee und dem Heiterwanger See ist ein Vorkommen des Dohlenkrebses im Heiterwanger See durchaus plausibel. Ein weiterer Vertreter aus der Gattung *Austropotamobius* ist der Steinkrebs *A. torrentium*, für den auch in Tirol im Haldensee und im Ausrinn des Plansees (Archbach) Vorkommen beschrieben wurden (Füreder & Machino 1996, Machino & Füreder 1998). Ein Vorkommen des Steinkrebsses im Heiterwanger

See kann aufgrund der Verbindung zwischen diesem und Plansee nicht ausgeschlossen werden. Aus diesem Grund wurden die im Heiterwanger See erfasste eDNA-Sequenzen von Krebsen unter *Austropotamobius* sp. zusammengefasst und als Stein-/Dohlenkrebs gelistet.

3.35 Plansee

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
RE	Breitenwang	16118	PLA-01 - 17	31.08.2023

Lage der Probenstellen



Abbildung 35: Plansee

Artenliste je Probestelle

Tabelle 35.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen PLA-01 – 17 (3-teilig)
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG ($\sum$ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	PLA-01	<i>Phoxinus csikii</i>		98,52	142470	53,55	266063
	PLA-01	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,34	101174	38,03	266063
	PLA-01	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	98,88	12471	4,69	266063
	PLA-01	<i>Cottus</i> sp.	Koppe	99,31	6304	2,37	266063
	PLA-01	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle	98,71	3644	1,37	266063
Krebse	PLA-02	<i>Austropotamobius</i> sp.	Stein-/Dohlenkrebs	99,88	171060	99,69	171595
	PLA-02	<i>Austropotamobius pallipes</i>	Dohlenkrebs	99,36	535	0,31	171595
Fische	PLA-02	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,34	99894	44,29	225543
	PLA-02	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,4	90641	40,19	225543
	PLA-02	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	99,32	34921	15,48	225543
	PLA-02	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle	99,41	55	0,02	225543
	PLA-02	<i>Salmo salar</i>	Atlantischer Lachs	91,76	13	0,01	225543
Krebse	PLA-03	<i>Austropotamobius</i> sp.	Stein-/Dohlenkrebs	99,93	98771	99,99	98780
	PLA-03	<i>Austropotamobius pallipes</i>	Dohlenkrebs	99,36	9	0,01	98780
Fische	PLA-03	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,31	158276	57,76	274011
	PLA-03	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,3	87891	32,08	274011
	PLA-03	<i>Cottus</i> sp.	Koppe	99,37	27150	9,91	274011
	PLA-03	<i>Phoxinus phoxinus</i>	Elritze	99,43	582	0,21	274011
	PLA-03	Cottidae	Groppen	96,95	112	0,04	274011
Krebse	PLA-04	<i>Trachelipus rathkii</i>	Rathke-Assel	95,33	139	100	139
Fische	PLA-04	<i>Phoxinus csikii</i>		98,52	172520	71,95	239773
	PLA-04	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,22	30017	12,52	239773
	PLA-04	<i>Cottus</i> sp.	Koppe	99,32	20838	8,69	239773
	PLA-04	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	98,93	13159	5,49	239773
	PLA-04	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle	99,34	2969	1,24	239773
	PLA-04	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	97,45	237	0,1	239773
	PLA-04	Cottidae	Groppen	96,34	33	0,01	239773
Fische	PLA-05	<i>Phoxinus csikii</i>		100	224293	81,1	276565
	PLA-05	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,26	29080	10,51	276565
	PLA-05	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	98,88	23192	8,39	276565
Krebse	PLA-06	<i>Austropotamobius</i> sp.	Stein-/Dohlenkrebs	99,81	16966	99,81	16999
	PLA-06	<i>Austropotamobius pallipes</i>	Dohlenkrebs	100	33	0,19	16999
Fische	PLA-06	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,84	278397	61,78	450658
	PLA-06	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,34	68544	15,21	450658
	PLA-06	<i>Cottus</i> sp.	Koppe	99,35	52973	11,75	450658
	PLA-06	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle	99,27	39912	8,86	450658
	PLA-06	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle	99,04	10583	2,35	450658
	PLA-06	<i>Oncorhynchus</i> sp.		97,65	168	0,04	450658
	PLA-06	<i>Cottus rhenanus</i>	Rheingroppe	100	19	0	450658
	PLA-06	Cottidae	Groppen	95,98	17	0	450658
Fische	PLA-07	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,91	286529	78,88	363246
	PLA-07	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,27	62198	17,12	363246
	PLA-07	<i>Cottus</i> sp.	Koppe	99,72	7153	1,97	363246
	PLA-07	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	99,21	4169	1,15	363246
	PLA-07	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle	99,43	3197	0,88	363246

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Krebse	PLA-08	<i>Austropotamobius</i> sp.	Stein-/Dohlenkrebs	99,89	3622	98,37	3682
	PLA-08	<i>Austropotamobius pallipes</i>	Dohlenkrebs	100	60	1,63	3682
Fische	PLA-08	<i>Phoxinus csikii</i>		98,52	222687	58,61	379934
	PLA-08	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,36	104307	27,45	379934
	PLA-08	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle	99,41	27564	7,25	379934
	PLA-08	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	98,93	18045	4,75	379934
	PLA-08	<i>Cottus</i> sp.	Koppe	99,27	6338	1,67	379934
	PLA-08	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	97,52	960	0,25	379934
	PLA-08	Cottidae	Groppen	96,95	33	0,01	379934
Krebse	PLA-09	<i>Austropotamobius</i> sp.	Stein-/Dohlenkrebs	99,35	29537	93,04	31748
	PLA-09	<i>Austropotamobius pallipes</i>	Dohlenkrebs	98,85	2204	6,94	31748
	PLA-09	<i>Austropotamobius fulcisianus</i>	Italienischer Dohlenkrebs	99,37	7	0,02	31748
Fische	PLA-09	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,97	246241	66,83	368453
	PLA-09	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,43	117807	31,97	368453
	PLA-09	<i>Cottus</i> sp.	Koppe	99,41	2485	0,67	368453
	PLA-09	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle	98,83	1920	0,52	368453
Krebse	PLA-10	<i>Austropotamobius</i> sp.	Stein-/Dohlenkrebs	99,35	84468	99,56	84838
	PLA-10	<i>Austropotamobius pallipes</i>	Dohlenkrebs	100	364	0,43	84838
	PLA-10	<i>Austropotamobius fulcisianus</i>	Italienischer Dohlenkrebs	99,37	6	0,01	84838
Fische	PLA-10	<i>Phoxinus csikii</i>		100	226198	59,31	381369
	PLA-10	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,34	83955	22,01	381369
	PLA-10	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle	98,85	33000	8,65	381369
	PLA-10	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	98,74	20986	5,5	381369
	PLA-10	<i>Cottus</i> sp.	Koppe	99,34	17172	4,5	381369
	PLA-10	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel	93,14	35	0,01	381369
	PLA-10	<i>Cottus rhenanus</i>	Rheingruppe	100	13	0	381369
	PLA-10	Leuciscidae	Weißfische	91,57	10	0	381369
Krebse	PLA-11	<i>Austropotamobius</i> sp.	Stein-/Dohlenkrebs	99,35	39897	99,59	40060
	PLA-11	<i>Austropotamobius pallipes</i>	Dohlenkrebs	99,96	158	0,39	40060
	PLA-11	<i>Austropotamobius fulcisianus</i>	Italienischer Dohlenkrebs	99,37	5	0,01	40060
Fische	PLA-11	<i>Phoxinus csikii</i>		100	270252	62,64	431436
	PLA-11	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,32	71010	16,46	431436
	PLA-11	<i>Cottus</i> sp.	Koppe	99,31	41103	9,53	431436
	PLA-11	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	98,89	36460	8,45	431436
	PLA-11	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle	99,09	12489	2,89	431436
	PLA-11	Cottidae	Groppen	96,76	85	0,02	431436
	PLA-11	<i>Cottus rhenanus</i>	Rheingruppe	100	22	0,01	431436
	PLA-11	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel	93,14	15	0	431436
Krebse	PLA-12	<i>Austropotamobius</i> sp.	Stein-/Dohlenkrebs	99,94	107286	99,69	107620
	PLA-12	<i>Austropotamobius pallipes</i>	Dohlenkrebs	99,36	334	0,31	107620
Fische	PLA-12	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,88	178206	71,26	250094
	PLA-12	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle	98,68	50562	20,22	250094
	PLA-12	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,37	10966	4,38	250094
	PLA-12	<i>Cottus</i> sp.	Koppe	99,2	7279	2,91	250094
	PLA-12	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	99,88	3025	1,21	250094
	PLA-12	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel	92,87	56	0,02	250094

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	%Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	PLA-13	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,35	222340	62,06	358261
	PLA-13	<i>Cottus</i> sp.	Koppe	99,34	60883	16,99	358261
	PLA-13	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle	99,12	40872	11,41	358261
	PLA-13	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,35	24103	6,73	358261
	PLA-13	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle	99,41	9469	2,64	358261
	PLA-13	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	97,71	462	0,13	358261
	PLA-13	Cottidae	Groppen	96,68	54	0,02	358261
	PLA-13	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel	93,14	43	0,01	358261
	PLA-13	<i>Cottus rhenanus</i>	Rheingroppe	100	35	0,01	358261
Krebse	PLA-14	<i>Austropotamobius</i> sp.	Stein-/Dohlenkrebs	99,32	71141	99,27	71667
	PLA-14	<i>Austropotamobius pallipes</i>	Dohlenkrebs	99,44	515	0,72	71667
	PLA-14	<i>Austropotamobius fulcisanus</i>	Italienischer Dohlenkrebs	99,37	11	0,02	71667
Fische	PLA-14	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,38	28143	50,1	56170
	PLA-14	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle	99,2	13905	24,76	56170
	PLA-14	<i>Cottus</i> sp.	Koppe	99,39	7103	12,65	56170
	PLA-14	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,4	5706	10,16	56170
	PLA-14	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle	99,42	866	1,54	56170
	PLA-14	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle	100	421	0,75	56170
	PLA-14	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	99,41	16	0,03	56170
	PLA-14	Cottidae	Groppen	96,95	10	0,02	56170
Fische	PLA-15	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,34	134237	49,44	271533
	PLA-15	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,4	95149	35,04	271533
	PLA-15	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle	99,35	29530	10,88	271533
	PLA-15	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	99,36	12022	4,43	271533
	PLA-15	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	98,37	595	0,22	271533
Krebse	PLA-16	<i>Austropotamobius</i> sp.	Stein-/Dohlenkrebs	98,4	204359	99,57	205235
	PLA-16	<i>Austropotamobius pallipes</i>	Dohlenkrebs	99,35	876	0,43	205235
Fische	PLA-16	<i>Phoxinus csikii</i>		99,49	241216	80,73	298810
	PLA-16	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle	99,36	29480	9,87	298810
	PLA-16	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	98,9	20718	6,93	298810
	PLA-16	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle	99,39	6726	2,25	298810
	PLA-16	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	98,69	650	0,22	298810
	PLA-16	<i>Oncorhynchus</i> sp.		99,71	20	0,01	298810
Fische	PLA-17	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,33	141770	51,24	276653
	PLA-17	<i>Phoxinus csikii</i>		98,52	127349	46,03	276653
	PLA-17	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	98,94	7534	2,72	276653

Gesamte Artenliste Plansee

Tabelle 35.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Plansee
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Krebse	<i>Austropotamobius</i> sp.	Stein-/Dohlenkrebs
Fische	<i>Phoxinus phoxinus</i>	Elritze
	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch
	<i>Cottus gobio</i>	Koppe
	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle
	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle
	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle
	<i>Tinca tinca</i>	Schleie
	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel

Plausibilisierung

Im Plansee wurde in den siebzehn Filterproben eDNA von Fischen und Krebsen identifiziert.

In den Proben sind zahlreiche Sequenzen, welche eindeutig als Bachforelle *Salmo trutta* identifiziert wurden und ein „Nachrauschen“ von Sequenzen, welche aufgrund ihrer minderen Qualität nur mehr auf die Gattung *Salmo* bzw. überhaupt nur mehr auf Salmonidae schließen ließen. Neben den gut erhaltenen und damit auch gut lesbaren DNA-Sequenzen finden sich immer auch Bruchstücke oder durch natürliche Abbauprozesse beschädigte Moleküle, welche eine eindeutige Zuordnung auf eine Art nicht erlauben. Für die vermeintlichen Nachweise von Lachs (*S. salar*) gibt es zwei mögliche Erklärungen: Theoretisch könnten die DNA-Spuren von Lachs über einen Fremdeintrag in das Gewässer gelangt sein. Aller Wahrscheinlichkeit nach handelt es sich jedoch hierbei um eine fehlerhafte Zuordnung von beeinträchtigten DNA-Molekülen von *S. trutta*. Darauf ist insbesondere aufgrund der verhältnismäßig geringen Übereinstimmung von 91,8% (PLA-02) mit den DNA-Sequenzen von *S. salar* in der Referenzdatenbank zu schließen (Tab. 35.1).

Ebenfalls ein „Nachrauschen“ des eDNA-Signals ist bei der Regenbogenforelle zu beobachten: Neben den DNA-Sequenzen, welche eindeutig der Art *Oncorhynchus mykiss* zuzuordnen waren, fanden sich auch welche, die nur mehr auf die Gattung schließen ließen.

Bei dem vermeintlichen Nachweis der Rheingroppe *Cottus rhenanus* (Tab. 35.1) dürfte es sich aller Wahrscheinlichkeit nach um DNA-Sequenzen handeln, welche eigentlich von der heimischen Koppe (*Cottus gobio*) stammen, für welche bislang noch sehr wenige Einträge für den Genabschnitt 12S in der Referenzdatenbank vertreten sind. Dies gilt auch für jene DNA-Sequenzen, welche nur der Familie der Cottidae zugeordnet werden konnten.

Bei der Interpretation des Nachweises von eDNA von *Phoxinus* sp. und *P. phoxinus* ist zu berücksichtigen, dass es sich um Detektionen der Elritze aus dem Artenkomplex *P. phoxinus* handeln dürfte, aus dem 13 genetische Linien als eigene Arten gelten (Vgl. Elritzenprojekt des NHM Wien <https://elritzen.at/projekt>). Genetische Untersuchungen haben gezeigt, dass außer *P. phoxinus* noch mindestens drei weitere Arten in österreichischen Gewässern leben, nämlich *P. csikii*, *P. lumaireul* und *P. marsilii* (<https://www.abol.ac.at/project/phoxinus>).

Bei der Interpretation des Nachweises von eDNA von Leuciscidae in PLA-10 mit einer verhältnismäßig geringen Übereinstimmung von 91% für die Gattung (Tab. 35.1) gibt es unterschiedliche mögliche Rückschlüsse: es könnte sich um DNA-Sequenzen der Hasel (*L. leuciscus*) oder des Nerflings (*L. idus*) handeln, welche dieser Familie angehören und die aufgrund ihres Qualitätsmangels (bedingt durch natürliche Abbauprozesse der freien DNA in der Wassersäule) nur mehr der Familie zugeordnet worden sind. Es ist jedoch auch möglich, dass diese eDNA-Spuren auf ein Vorkommen der Laube (*Alburnus alburnus*) oder anderer Vertreter aus der Familie der Weißfische deuten. Da die eDNA dieser Familie jedoch nur in einer Probe und auch hier mit einer geringen Sequenzanzahl detektiert wurde, wurden die Leuciscidae aus der Überblickstabelle entfernt (Tab. 35.2).

Im Zuge einer Fischbestanderhebung im Jahr 2014 wurden am Plansee neben den detektierten Arten noch Seesaibling, Renken und eine Äsche gefangen (BAW 2014). Mögliche Ursachen für den fehlenden Nachweis dieser Spezies könnten sein, dass sich diese Fische in den heißen Sommermonaten in tiefere, kühle Wasserschichten zurückgezogen haben. Es ist anzunehmen, dass der Plansee aufgrund der hohen Temperaturen im August eine Schichtung aufwies und wenig Durchmischung der Wassersäule stattfand. Dadurch kann auch kaum oder nur sehr wenig eDNA dieser Fischarten an die Oberfläche und in den Bereich der Ufer gelangen, an denen beprobt wurde.

Bei einem Metabarcoding gibt es eine definierte Anzahl an Analyseplätzen pro Durchlauf für die Sequenzierung. Die DNA-Moleküle auf der Platte werden vervielfältigt und auch gelesen (sequenziert). Wenn hier eine Dominanz der eDNA von einzelnen Arten vorherrscht (wie hier z.B. der Flussbarsch) und von anderen vergleichsweise nur wenige DNA-Spuren vorhanden sind, dann kann es dazu kommen, dass der überwiegende Teil der Plätze an die dominanten Arten geht und die wenigen DNA-Moleküle von Spezies, welche sich eher außerhalb der beprobten Bereiche aufhalten, nicht erfasst und damit auch nicht detektiert werden. Zur Klärung der Tatsache, ob sich die Arten noch im See aufhalten würde sich eine gezielte Nachsuche mit einem diagnostischen PCR-Ansatz für Renke und Seesaibling empfehlen.

Im Plansee wurde eDNA der Gattung *Austropotamobius* nachgewiesen, die mit bis zu 100% der DNA-Sequenzen des Dohlenkrebses *Austropotamobius pallipes* in der Referenzdatenbank übereinstimmt. Die Verbreitung des Dohlenkrebses reicht von Süd- nach Westeuropa bis zu den Britischen Inseln (Albrecht 1982, Holdich 2002), für Österreich sind in der Literatur Vorkommen in Kärnten und in Tirol im Plansee genannt (Füreder & Machino 1995, Holdich 2002). Aufgrund der bestehenden Verbindung zwischen dem Plansee und dem Heiterwangersee ist ein

Vorkommen des Dohlenkrebses im Heiterwangersee durchaus plausibel. Ein weiterer Vertreter aus der Gattung *Austropotamobius* ist der Steinkrebs *A. torrentium*, für den auch in Tirol im Haldensee und im Ausrinn des Plansees (Archbach) Vorkommen beschrieben wurden (Füreder & Machino 1996, Machino & Füreder 1998). Ein Vorkommen des Steinkrebsses im Plansee kann daher nicht ausgeschlossen werden. Aus diesem Grund wurden die im Plansee erfasste eDNA-Sequenzen von Krebsen unter *Austropotamobius* sp. zusammengefasst und als Stein-/Dohlenkrebs gelistet. Neben den Zielorganismen wurde in PLA-02 und PLA-06 auch eDNA des Bergmolchs (*Ichthyosaura alpestris*) nachgewiesen (Tab. 35.1), was darauf schließen lässt, dass diese Art im Plansee ebenfalls vorkommt. Gelegentlich können die Primer auch auf verwandte Tiergruppen ausweichen (sowohl Fische als auch Lurche sind Wirbeltiere). Amphibien waren aber nicht als Zielgruppe in dieser Studie enthalten. Für eine repräsentative Erhebung der Amphibien empfehlen wir eine gezielte Nachsuche mittels eines für Amphibien spezifischen Metabarcoding-Ansatzes in der Laichzeit, zu der sich die meisten Individuen in den Gewässern aufhalten.

3.36 Urisee

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
RE	Reutte	1288	URI-01, -02, -03	21.08.2023

Lage der Probenstellen



Abbildung 36: Urisee

Artenliste je Probestelle

Tabelle 36.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen URI-01, -02, -03
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (Σ Seq). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	URI-01	<i>Rhodeus amarus</i>	Bitterling	99,26	27966	47,97	58296
	URI-01	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,31	24494	42,02	58296
	URI-01	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	99,18	3234	5,55	58296
	URI-01	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,67	1713	2,94	58296
	URI-01	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	99,43	385	0,66	58296
	URI-01	<i>Anguilla anguilla</i>	Aal	100	255	0,44	58296
	URI-01	<i>Rhodeus</i> sp.	Bitterling	100	249	0,43	58296
Fische	URI-03	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	99,49	249885	73,62	339413
	URI-03	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	99,18	67674	19,94	339413
	URI-03	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,25	21836	6,43	339413
	URI-03	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	97,16	18	0,01	339413

Gesamte Artenliste Urisee

Tabelle 36.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Urisee
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Fische	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotauge
	<i>Tinca tinca</i>	Schleie
	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch
	<i>Rhodeus amarus</i>	Bitterling
	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen
	<i>Anguilla anguilla</i>	Aal
	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling

Plausibilisierung

In zwei der drei Proben vom Urisee wurde eDNA von Fischen identifiziert. Es gab jedoch keine Nachweise von DNA-Spuren für die untersuchten Tiergruppen in der Probe URI-02.

Bei den DNA-Sequenzen, welche der Gattung *Anguilla* zugeordnet werden konnten (in URI-01), ist davon auszugehen, dass es sich um einen Nachweis für den Europäischen Aal (*A. anguilla*) handelt, da nur diese eine Art in Europa vertreten ist. Jene Nachweise, welche der Gattung *Leuciscus* zugewiesen worden sind (in URI-03), lassen auf ein Vorkommen der Hasel (*L. leuciscus*) oder des nahe verwandten Nerflings (*L. idus*) schließen. Die beiden Spezies der Gattung *Leuciscus* unterscheiden sich nur durch ein einziges Basenpaar auf dem Genabschnitt 12S. Bei einer %ID unter 100% kann daher zwischen den beiden Arten nicht eindeutig unterschieden werden.

In der Probe URI-01 finden sich zahlreiche Sequenzen, welche eindeutig als *Rhodeus amarus* identifiziert wurden und ein „Nachrauschen“ von Sequenzen, welche aufgrund ihrer minderen Qualität nur mehr auf die Gattung *Rhodeus* zugeordnet werden können. Neben den gut erhaltenen und damit auch gut lesbaren DNA-Sequenzen finden sich immer auch Bruchstücke oder durch natürliche Abbauprozesse beschädigte Moleküle, welche eine eindeutige Zuordnung auf eine Art nicht mehr erlauben. Aufgrund ihrer speziellen Fortpflanzungsbiologie ist diese Fischart auf das Vorkommen bestimmter Muschelarten angewiesen, wie z.B. der Großen Teichmuschel, welche jedoch in den drei Proben vom Urisee nicht detektiert wurden.

3.37 Vilsalpsee

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
RE	Tannheim	3733	VIL-01, -02, -03, -04	21.08.2023

Lage der Probenstellen

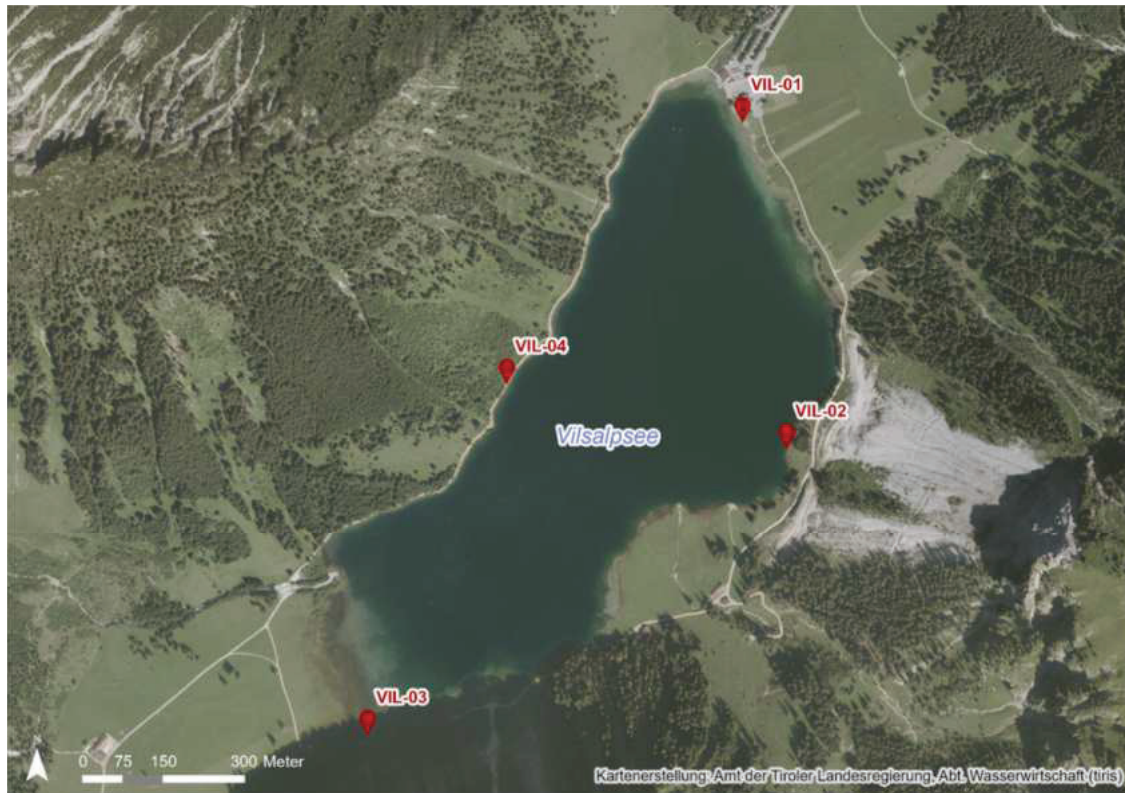


Abbildung 37: Vilsalpsee

Artenliste je Probestelle

Tabelle 37.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen VIS-01 – 04
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (Σ Seq). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	VIL-01	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,36	150806	53,81	280277
	VIL-01	<i>Phoxinus</i> sp.	Weißfisch	99,26	98721	35,22	280277
	VIL-01	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle	99,19	28132	10,04	280277
	VIL-01	<i>Salvelinus</i> sp.	Saibling	99,27	1050	0,37	280277
	VIL-01	<i>Cottus</i> sp.	Koppe	99,78	982	0,35	280277
	VIL-01	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	99,38	524	0,19	280277
	VIL-01	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotauge	99,46	37	0,01	280277
	VIL-01	Leuciscidae	Weißfische	91,57	13	0	280277
	VIL-01	<i>Phoxinus phoxinus</i>	Elritze	94,32	12	0	280277
Fische	VIL-02	<i>Phoxinus csikii</i>		98,52	231536	39,79	581874
	VIL-02	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,35	124973	21,48	581874
	VIL-02	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle	99,19	107764	18,52	581874
	VIL-02	<i>Salvelinus</i> sp.	Saibling	99,26	89252	15,34	581874
	VIL-02	<i>Phoxinus</i> sp.	Weißfisch	98,33	24417	4,2	581874
	VIL-02	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle	99,42	2948	0,51	581874
	VIL-02	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	98,53	378	0,06	581874
	VIL-02	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	99,39	209	0,04	581874
	VIL-02	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel	93,72	149	0,03	581874
	VIL-02	Salmonidae	Lachsartige	94,7	113	0,02	581874
	VIL-02	<i>Salvelinus namaycush</i>	Amerikanischer Seesaibling	100	44	0,01	581874
	VIL-02	<i>Perca</i> sp.	Barsch	90,12	34	0,01	581874
	VIL-02	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotauge	100	25	0	581874
	VIL-02	<i>Phoxinus phoxinus</i>	Elritze	93,41	20	0	581874
	VIL-02	Leuciscidae	Weißfische	91,57	12	0	581874
Fische	VIL-03	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,35	104673	56,66	184743
	VIL-03	<i>Phoxinus</i> sp.	Weißfisch	98,99	65101	35,24	184743
	VIL-03	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle	98,93	7911	4,28	184743
	VIL-03	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	98,91	5471	2,96	184743
	VIL-03	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	99,89	1171	0,63	184743
	VIL-03	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotauge	99,54	379	0,21	184743
	VIL-03	Leuciscidae	Weißfische	93,69	22	0,01	184743
	VIL-03	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	96,04	15	0,01	184743
Fische	VIL-04	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,33	175245	56,64	309409
	VIL-04	<i>Phoxinus</i> sp.	Weißfisch	99,35	133485	43,14	309409
	VIL-04	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle	99,36	666	0,22	309409
	VIL-04	Leuciscidae	Weißfische	91,57	13	0	309409

Gesamte Artenliste Vilsalpsee

Tabelle 37.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Vilsalpsee
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Fische	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch
	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle
	<i>Salvelinus</i> sp.	Saibling
	<i>Tinca tinca</i>	Schleie
	<i>Salmo trutta</i>	Bachforelle
	<i>Cottus gobio</i>	Koppe
	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen
	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel
	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze
	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling

Plausibilisierung

Im Vilsalpsee wurde in den vier Filterproben eDNA von Fischen identifiziert.

In den Proben sind zahlreiche Sequenzen, welche eindeutig als Bachforelle *Salmo trutta* identifiziert wurden und ein „Nachrauschen“ von Sequenzen, welche aufgrund ihrer minderen Qualität nur mehr auf die Gattung *Salmo* bzw. überhaupt nur mehr auf Salmonidae schließen ließen. Neben den gut erhaltenen und damit auch gut lesbaren DNA-Sequenzen finden sich immer auch Bruchstücke oder durch natürliche Abbauprozesse beschädigte Moleküle, welche eine eindeutige Zuordnung auf eine Art nicht erlauben. Ein ähnliches Phänomen ist für das Signal des Flussbarsches zu beobachten: Neben den DNA-Sequenzen, welche eindeutig der Art *Perca fluviatilis* zuzuordnen waren, fanden sich auch welche, die nur mehr auf die Gattung schließen ließen.

Die Detektion für eDNA aus der Gattung *Salvelinus* lässt sich als Nachweis für das Vorkommen von Saiblingen interpretieren. Leider kann man die beiden Arten *S. umbla* und *S. fontinalis* molekular auf dem gewählten Genabschnitt 12S nicht voneinander unterscheiden. Der vermeintliche Nachweis des Amerikanischen Salblings *S. namaycush* ist entweder auf Besatz oder auf einen Fehler/eine Fehlbestimmung im Eintrag in der Referenzdatenbank zurückzuführen und wird daher ebenfalls nur als Nachweis einer Saiblingsart und somit als *Salvelinus* sp. gewertet.

Beim Nachweis der Gattung *Cottus* in VIL-01 (Tab. 35.1) dürfte es sich aller Wahrscheinlichkeit nach um DNA-Sequenzen handeln, welche eigentlich von der heimischen Koppe (*Cottus gobio*) stammen.

Bei der Interpretation des Nachweises von eDNA von *Phoxinus* sp. und *P. phoxinus* ist zu berücksichtigen, dass es sich um Detektionen der Elritze aus dem Artenkomplex *P. phoxinus* handeln dürfte, aus dem 13 genetische Linien als eigene Arten gelten (Vgl. Elritzenprojekt des NHM Wien <https://elritzen.at/projekt>). Genetische Untersuchungen haben gezeigt, dass außer *P. phoxinus* noch mindestens drei weitere Arten in österreichischen Gewässern leben, nämlich *P. csikii*, *P. lumaireul* und *P. marsilii* (<https://www.abol.ac.at/project/phoxinus>).

Bei der Interpretation des Nachweises von eDNA der Leuciscidae mit 91,6% und von *L. leuciscus* in VIL-03 gilt es als wahrscheinlich, dass die Hasel im Vilsalpsee vorkommt (Tab. 35.1). Aufgrund der verhältnismäßig geringen Übereinstimmung der DNA-Sequenzen mit jenen in der Referenzdatenbank von 96% ist es jedoch auch nicht auszuschließen, dass diese eDNA-Spuren auf ein Vorkommen des Nerflings (*L. idus*) deuten. Diese beiden nahe verwandten Arten der Gattung *Leuciscus* unterscheiden sich nur durch ein einziges Basenpaar auf dem Genabschnitt 12S. Bei einer %ID unter 100% kann daher zwischen den beiden Arten nicht eindeutig unterschieden werden.

Im Zuge einer Fischbestanderhebung im Jahr 2015 wurden am Vilsalpsee neben den detektierten Arten in geringer Stückzahl noch die Regenbogenforelle und die Rotfeder gefangen (BAW 2015). Bei einem Metabarcoding gibt es eine definierte Anzahl an Analyseplätzen pro Durchlauf für die Sequenzierung. Die DNA-Moleküle auf der Platte werden vervielfältigt und auch gelesen (sequenziert). Wenn hier eine Dominanz der eDNA von einzelnen Arten vorherrscht (wie hier z.B. der Flussbarsch) und von anderen vergleichsweise nur wenige DNA-Spuren vorhanden sind, dann kann es dazu kommen, dass der überwiegende Teil der Plätze an die dominanten Arten geht und die wenigen DNA-Moleküle von Spezies, welche sich eher außerhalb der beprobten Bereiche aufhalten, nicht erfasst und damit auch nicht detektiert werden. Zur Klärung der von Rotfeder und Regenbogenforelle im Vilsalpsee würde sich eine gezielte Nachsuche mit einem diagnostischen PCR-Ansatz empfehlen.

3.38 Achensee

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
SZ	Achenkirch	20565	ACH-01 - 21	24.08.2023

Lage der Probenstellen

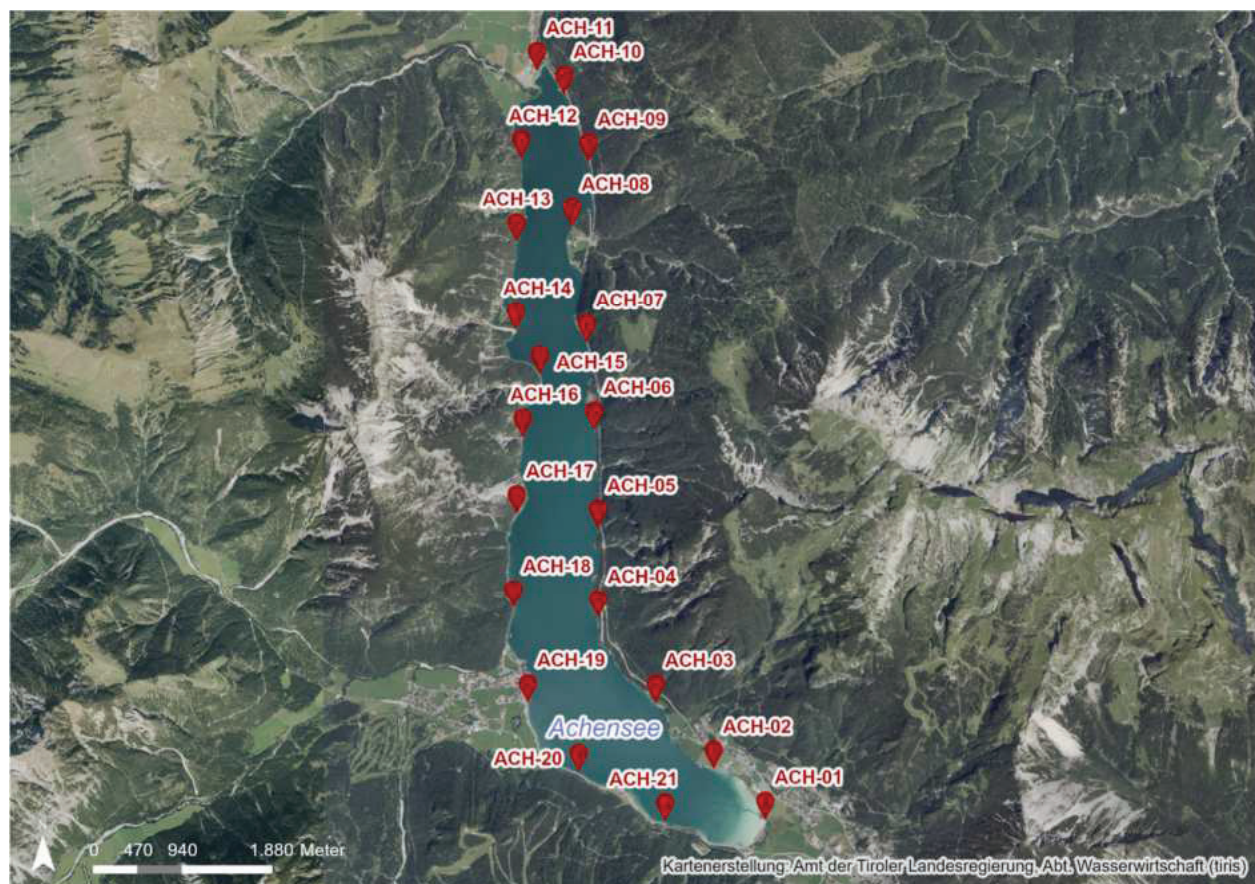


Abbildung 38: Achensee

Artenliste je Probestelle

Tabelle 38.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen ACH-01 – 21 (4-teilig)
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (Σ Seq). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	ACH-02	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,39	52064	76,38	68164
	ACH-02	<i>Cottus</i> sp.	Koppe	99,39	16018	23,5	68164
	ACH-02	Cottidae	Groppen	96,95	51	0,07	68164
	ACH-02	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	100	31	0,05	68164
Muscheln	ACH-02	<i>Euglesa casertana</i>	Gemeine Erbsenmuschel	95,95	113753	99,88	113889
	ACH-02	Sphaeriidae	Kugelmuscheln	95,26	136	0,12	113889
Fische	ACH-04	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,35	229419	63,89	359067
	ACH-04	<i>Cottus</i> sp.	Koppe	99,79	90570	25,22	359067
	ACH-04	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	98,83	38752	10,79	359067
	ACH-04	Cottidae	Groppen	96,82	279	0,08	359067
	ACH-04	<i>Cottus rhenanus</i>	Rheingroppe	100	47	0,01	359067
Fische	ACH-05	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,01	121549	68,39	177718
	ACH-05	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,38	32934	18,53	177718
	ACH-05	<i>Cottus</i> sp.	Koppe	99,34	23104	13	177718
	ACH-05	<i>Esox</i> sp.	Hecht	100	118	0,07	177718
	ACH-05	<i>Cottus rhenanus</i>	Rheingroppe	100	13	0,01	177718
Muscheln	ACH-05	<i>Euglesa parvula</i>		98,96	130393	100	130393
Fische	ACH-06	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,31	123494	72,19	171059
	ACH-06	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,41	24364	14,24	171059
	ACH-06	<i>Cottus</i> sp.	Koppe	99,26	11717	6,85	171059
	ACH-06	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,29	6552	3,83	171059
	ACH-06	<i>Coregonus</i> sp.	Renke	99,39	4777	2,79	171059
	ACH-06	Cottidae	Groppen	96,95	92	0,05	171059
	ACH-06	<i>Esox</i> sp.	Hecht	99,07	32	0,02	171059
	ACH-06	Salmonidae	Lachsartige	91,91	11	0,01	171059
	ACH-06	<i>Cottus rhenanus</i>	Rheingroppe	100	10	0,01	171059
	ACH-06	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle	100	10	0,01	171059
Fische	ACH-07	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,43	112232	48,59	230995
	ACH-07	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,87	92359	39,98	230995
	ACH-07	<i>Cottus</i> sp.	Koppe	99,35	21540	9,32	230995
	ACH-07	<i>Coregonus</i> sp.	Renke	99,13	4557	1,97	230995
	ACH-07	Cottidae	Groppen	96,95	180	0,08	230995
	ACH-07	<i>Esox</i> sp.	Hecht	95,4	112	0,05	230995
	ACH-07	Salmonidae	Lachsfische	91,91	15	0,01	230995
Muscheln	ACH-07	<i>Pisidium obtusale</i>	Aufgeblasene Erbsenmuschel	98,66	49528	100	49528

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	ACH-08	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,41	177296	77,35	229208
	ACH-08	<i>Cottus</i> sp.	Koppe	98,32	36418	15,89	229208
	ACH-08	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle	99,4	12113	5,28	229208
	ACH-08	<i>Coregonus</i> sp.	Renke	99,36	3292	1,44	229208
	ACH-08	<i>Cottus rhenanus</i>	Rheingroppe	100	50	0,02	229208
	ACH-08	Cottidae	Groppen	95,93	24	0,01	229208
	ACH-08	Salmonidae	Lachsartige	91,91	15	0,01	229208
Muscheln	ACH-08	<i>Musculium lacustre</i>	Häubchenmuschel	99,07	60777	100	60777
Fische	ACH-09	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,4	205117	69,05	297059
	ACH-09	<i>Cottus</i> sp.	Koppe	99,76	68710	23,13	297059
	ACH-09	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle	99,12	14062	4,73	297059
	ACH-09	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,39	8640	2,91	297059
	ACH-09	Cottidae	Groppen	96,81	494	0,17	297059
	ACH-09	<i>Cottus rhenanus</i>	Rheingroppe	100	36	0,01	297059
Muscheln	ACH-09	<i>Musculium lacustre</i>	Häubchenmuschel	99,09	132016	85,73	153997
	ACH-09	<i>Pisidium obtusale</i>	Aufgeblasene Erbsenmuschel	98,82	20594	13,37	153997
	ACH-09	<i>Musculium</i>	Häubchenmuschel	97,55	1387	0,9	153997
Fische	ACH-10	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,9	194990	71,3	273475
	ACH-10	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,34	52755	19,29	273475
	ACH-10	<i>Cottus</i> sp.	Koppe	99,29	17984	6,58	273475
	ACH-10	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,37	6718	2,46	273475
	ACH-10	<i>Coregonus</i> sp.	Renke	99,39	775	0,28	273475
	ACH-10	Cottidae	Groppen	96,28	224	0,08	273475
	ACH-10	Leuciscidae	Weißfische	91,57	15	0,01	273475
	ACH-10	<i>Esox</i> sp.	Hecht	98,48	14	0,01	273475
Krebse	ACH-11	<i>Asellus aquaticus</i>	Wasserassel	100	5	100	5
Fische	ACH-11	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,35	167347	66,98	249849
	ACH-11	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,27	39407	15,77	249849
	ACH-11	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle	99,25	30035	12,02	249849
	ACH-11	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle	99,26	5971	2,39	249849
	ACH-11	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	99,39	3613	1,45	249849
	ACH-11	<i>Salvelinus fontinalis</i>	Bachsaibling	99,34	1881	0,75	249849
	ACH-11	<i>Cottus</i> sp.	Koppe	99,3	1263	0,51	249849
	ACH-11	<i>Salvelinus</i> sp.	Saibling	98,67	221	0,09	249849
	ACH-11	Salmonidae	Lachsartige	98,31	63	0,03	249849
	ACH-11	Cottidae	Groppen	96,95	19	0,01	249849
	ACH-11	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel	93,14	15	0,01	249849
	ACH-11	Leuciscidae	Weißfische	91,57	14	0,01	249849
Muscheln	ACH-11	<i>Musculium lacustre</i>	Häubchenmuschel	99,08	151514	100	151514

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	ACH-12	<i>Cottus</i> sp.	Koppe	98,49	217393	27,28	796896
	ACH-12	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle	99,34	154865	19,43	796896
	ACH-12	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,26	151650	19,03	796896
	ACH-12	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,24	115937	14,55	796896
	ACH-12	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,35	86268	10,83	796896
	ACH-12	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle	99,36	69923	8,77	796896
	ACH-12	<i>Oncorhynchus</i> sp.		98,6	329	0,04	796896
	ACH-12	Cottidae	Groppen	96,23	239	0,03	796896
	ACH-12	<i>Esox</i> sp.	Hecht	99,87	165	0,02	796896
	ACH-12	<i>Cottus rhenanus</i>	Rheingroppe	99,41	112	0,01	796896
	ACH-12	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel	93,14	15	0	796896
Fische	ACH-13	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,39	117721	60,1	195880
	ACH-13	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,34	38715	19,76	195880
	ACH-13	<i>Cottus</i> sp.	Koppe	99,34	18767	9,58	195880
	ACH-13	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle	99,07	17112	8,74	195880
	ACH-13	<i>Salmo</i> sp.	Lachs/Bachforelle	99,38	2908	1,48	195880
	ACH-13	<i>Coregonus</i> sp.	Renke	98,97	607	0,31	195880
	ACH-13	<i>Salmo salar</i>	Atlantischer Lachs	93,96	29	0,01	195880
	ACH-13	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel	92,73	21	0,01	195880
Krebse	ACH-14	<i>Leptodora kindti</i>	Glaskrebschen	100	226	100	226
Fische	ACH-14	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	98,99	196320	84,95	231111
	ACH-14	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle	99,41	17374	7,52	231111
	ACH-14	<i>Cottus</i> sp.	Koppe	99,86	13826	5,98	231111
	ACH-14	<i>Coregonus</i> sp.	Renke	99,38	3457	1,5	231111
	ACH-14	Cottidae	Groppen	96,95	124	0,05	231111
	ACH-14	Salmonidae	Lachsartige	91,91	10	0	231111
Fische	ACH-15	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,35	143077	62,58	228620
	ACH-15	<i>Cottus</i> sp.	Koppe	99,35	29825	13,05	228620
	ACH-15	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,38	27014	11,82	228620
	ACH-15	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,13	15244	6,67	228620
	ACH-15	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle	99,04	13132	5,74	228620
	ACH-15	Cottidae	Groppen	96,88	177	0,08	228620
	ACH-15	<i>Oncorhynchus</i> sp.		98,75	78	0,03	228620
	ACH-15	<i>Esox</i> sp.	Hecht	100	63	0,03	228620
	ACH-15	<i>Cottus rhenanus</i>	Rheingroppe	100	10	0	228620
Fische	ACH-16	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,86	156917	63,73	246234
	ACH-16	<i>Cottus</i> sp.	Koppe	99,43	54783	22,25	246234
	ACH-16	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,4	23671	9,61	246234
	ACH-16	<i>Coregonus</i> sp.	Renke	99,4	10600	4,3	246234
	ACH-16	Cottidae	Groppen	96,9	185	0,08	246234
	ACH-16	<i>Esox</i> sp.	Hecht	99,75	78	0,03	246234
Muscheln	ACH-16	<i>Euglesa parvula</i>		98,98	103953	100	103953

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	ACH-17	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,38	101082	57,12	176949
	ACH-17	<i>Phoxinus</i> sp.	Elritze	99,42	41684	23,56	176949
	ACH-17	<i>Cottus</i> sp.	Koppe	99,37	20894	11,81	176949
	ACH-17	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,39	13121	7,42	176949
	ACH-17	<i>Cottidae</i>	Groppen	96,24	120	0,07	176949
	ACH-17	<i>Esox</i> sp.	Hecht	100	48	0,03	176949
Fische	ACH-18	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,85	226168	65,37	345963
	ACH-18	<i>Cottus</i> sp.	Koppe	99,31	119173	34,45	345963
	ACH-18	<i>Cottidae</i>	Groppen	96,26	511	0,15	345963
	ACH-18	<i>Cottus rhenanus</i>	Rheingroppe	100	111	0,03	345963
Fische	ACH-19	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,36	115690	45,64	253503
	ACH-19	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,95	106762	42,11	253503
	ACH-19	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle	99,28	30923	12,2	253503
	ACH-19	<i>Esox</i> sp.	Hecht	98,14	128	0,05	253503
Muscheln	ACH-19	<i>Musculium lacustre</i>	Häubchenmuschel	99,2	102799	100	102799
Fische	ACH-20	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,88	191346	56,77	337054
	ACH-20	<i>Cottus</i> sp.	Koppe	99,35	104375	30,97	337054
	ACH-20	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,36	40862	12,12	337054
	ACH-20	<i>Cottidae</i>	Groppen	96,23	344	0,1	337054
	ACH-20	<i>Esox</i> sp.	Hecht	100	77	0,02	337054
	ACH-20	<i>Cottus rhenanus</i>	Rheingroppe	100	50	0,01	337054
Muscheln	ACH-20	<i>Musculium lacustre</i>	Häubchenmuschel	99,11	106381	100	106381

Gesamte Artenliste Achensee

Tabelle 38.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Achensee
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Fische	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch
	<i>Cottus gobio</i>	Koppe
	<i>Esox lucius</i>	Hecht
	<i>Phoxinus phoxinus</i>	Elritze
	<i>Barbatula barbatula</i>	Bachschmerle
	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Regenbogenforelle
	<i>Coregonus</i> sp.	Renke
	<i>Salmo trutta</i>	Bach- bzw. Seeforelle
	<i>Salvelinus</i> sp.	Saibling
	<i>Squalius cephalus</i>	Aitel
	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen
Muscheln	<i>Musculium lacustre</i>	Häubchenmuschel
	<i>Euglesa parvula</i>	
	<i>Euglesa casertana</i>	Gemeine Erbsenmuschel
	<i>Pisidium obtusale</i>	Aufgeblasene Erbsenmuschel

Plausibilisierung

Im Achensee wurde in den 21 Filterproben eDNA von Fischen, Krebstieren und Muscheln identifiziert. Keine Nachweise von DNA-Spuren für die gewählten Tiergruppen gab es in den drei Proben am Südufer des Sees (ACH-01, ACH-03 und ACH-21). Da es sich bei den Glaskrebschen und den Wasserasseln um keine Zehnfüßkrebse (Decapoda) handelt, wurden diese aus der Übersichtstabelle entfernt (Tab. 38.2).

In den Proben sind zahlreiche Sequenzen, welche der Gattung *Salmo* zugeordnet werden konnten bzw. überhaupt nur auf die Familie der Salmonidae schließen ließen. Es ist davon auszugehen, dass es sich hierbei um Bruchstücke oder durch Abbauprozesse beschädigte Moleküle von eDNA der Bachforelle handelt (*S. trutta*). Für die vermeintlichen Nachweise von Lachs (*S. salar*) in ACH-13 gibt es zwei mögliche Erklärungen: theoretisch könnten die DNA-Spuren von Lachs über einen Fremdeintrag in das Gewässer gelangt sein. Allerdings ist es wahrscheinlicher, dass es sich hierbei um eine fehlerhafte Zuordnung von beeinträchtigten DNA-Molekülen ebenfalls von *S. trutta* handelt. Darauf ist insbesondere aufgrund der

verhältnismäßig geringen Übereinstimmung von 94% mit den DNA-Sequenzen von *S. salar* in der Referenzdatenbank zu schließen (Tab. 38.1).

Ebenfalls ein „Nachrauschen“ des eDNA-Signals ist bei der Regenbogenforelle und des Hechts zu beobachten: Neben den DNA-Sequenzen, welche eindeutig der Art *Oncorhynchus mykiss* bzw. *Esox lucius* zuzuordnen waren, fanden sich auch welche, die nur mehr auf die jeweiligen Gattungen schließen ließen.

Ein ähnliches Phänomen ist bei den Muscheln zu beobachten: Neben den DNA-Sequenzen, welche eindeutig den beiden Arten *Pisidium subtruncatum* und *Musculium lacustre* zuzuordnen waren, fanden sich auch welche, die nur mehr auf Vertreter aus deren Gattungen oder Familie (Sphaeriidae) schließen ließen.

Die morphologische Artunterscheidung von Renken ist schwierig und umstritten, entsprechend unzuverlässig ist auch die Datenlage rund um *Coregonus* sp. in den Referenzdatenbanken.

Die Detektion für eDNA aus der Gattung *Salvelinus* und von *S. fontinalis* in ACH-11 lässt sich als Nachweis für das Vorkommen von Saiblingen interpretieren. Leider kann man die beiden Arten *S. umbla* und *S. fontinalis* molekular auf dem gewählten Genabschnitt 12S nicht voneinander unterscheiden. Höchstwahrscheinlich handelt es sich hierbei um den Seesaibling *S. umbla*, der auch im Jahr 2006 bei Fischbestandserhebungen festgestellt wurde (BAW Mondsee 2006).

Bei dem vermeintlichen Nachweis der Rheingroppe *Cottus rhenanus* (Tab. 38.1) dürfte es sich aller Wahrscheinlichkeit nach um DNA-Sequenzen handeln, welche eigentlich von der heimischen Koppe (*Cottus gobio*) stammen, für welche bislang noch sehr wenige Einträge für den Genabschnitt 12S in der Referenzdatenbank vertreten sind. Dies gilt auch für jene DNA-Sequenzen, welche nur der Familie der Cottidae zugeordnet werden konnten.

Bei der Interpretation des Nachweises von eDNA von *Phoxinus* sp. und *P. phoxinus* ist zu berücksichtigen, dass es sich um Detektionen der Elritze aus dem Artenkomplex *P. phoxinus* handeln dürfte, aus dem 13 genetische Linien als eigene Arten gelten (Vgl. Elritzenprojekt des NHM Wien <https://elritzen.at/projekt>). Genetische Untersuchungen haben gezeigt, dass außer *P. phoxinus* noch mindestens drei weitere Arten in österreichischen Gewässern leben, nämlich *P. csikii*, *P. lumaireul* und *P. marsilii* (<https://www.abol.ac.at/project/phoxinus>).

Bei der Interpretation des Nachweises von eDNA von Leuciscidae in den Proben ACH-10 und ACH-11 mit einer verhältnismäßig geringen Übereinstimmung von 91,6% für die Gattung (Tab. 38.1) gibt es unterschiedliche mögliche Rückschlüsse: es könnte sich um DNA-Sequenzen der Hasel (*L. leuciscus*) oder des Nerflings (*L. idus*) handeln, welche dieser Familie angehören und die aufgrund ihres Qualitätsmangels (bedingt durch natürliche Abbauprozesse der freien DNA in der Wassersäule) nur mehr der Familie zugeordnet werden konnten. Es ist jedoch auch möglich, dass diese eDNA-Spuren auf ein Vorkommen der Laube (*Alburnus alburnus*) oder anderer Vertreter aus der Familie der Weißfische zurückzuführen sind. Da die eDNA dieser Familie jedoch nur in einer Probe und auch hier mit einer geringen Sequenzanzahl detektiert wurde, wurden die Leuciscidae aus der Überblickstabelle entfernt (Tab. 38.2).

Im Zuge von Befischungen im Jahr 2006 wurden am Achensee neben den im gegenständlichen Projekt detektieren Arten noch Aalrutte, Bitterling, Rotfeder, Schleie und Seelaube als Einzelfänge nachgewiesen (BAW Mondsee 2006). Für die Aalrutte ist anzunehmen, dass sich diese Fische während der Sommermonate in tiefere, kühle Wasserschichten und dabei weg von den beprobten Uferabschnitten zurückgezogen haben. Aufgrund der natürlichen Temperaturschichtung im Sommer findet zu dieser Jahreszeit kaum eine Durchmischung der Wassersäule statt. Dadurch kann auch kaum oder nur sehr wenig eDNA dieser Fischart an die Oberfläche und in den Bereich der Ufer gelangen, an denen beprobt wurde. Dasselbe gilt für den Edelkrebs, für den es Hinweise

auf ein Vorkommen im Achensee gibt (mündliche Mitteilung Martin Schletterer). Die Krebse wurden in einer Tiefe von ca. 15 m festgestellt und konnten vermutlich wegen der Wasserschichtung im Hochsommer nicht in den Oberflächenproben nachgewiesen werden.

Die Cypriniden Rotfeder, Bitterling, Schleie und Seelaube wurden bei der Fischbestandserhebung 2006 nur in sehr geringer Stückzahl oder als Einzelfänge nachgewiesen. Bei einem Metabarcoding gibt es eine definierte Anzahl an Analyseplätzen pro Durchlauf für die Sequenzierung. Die DNA-Moleküle auf der Platte werden vervielfältigt und auch gelesen (sequenziert). Wenn hier eine Dominanz der eDNA von einzelnen Arten vorherrscht (wie hier z.B. der Flussbarsch) und von anderen vergleichsweise nur wenige DNA-Spuren vorhanden sind, dann kann es dazu kommen, dass der überwiegende Teil der Plätze an die dominanten Arten geht und die wenigen DNA-Moleküle von Spezies, welche sich eher außerhalb der beprobten Bereiche aufhalten, nicht erfasst und damit auch nicht detektiert werden. Zur Klärung der Tatsache, ob sich die Arten, die in der Vergangenheit nachgewiesen wurden, noch im See aufhalten, würde sich eine gezielte Nachsuche mit einem diagnostischen PCR-Ansatz für diese Arten sowie eine Analyse zu einer anderen Jahreszeit empfehlen.

3.39 Weißlahn

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
SZ	Terfens	623	WEI-01, -02, -03	16.08.2023

Lage der Probenstellen



Abbildung 39: Weißlahn

Artenliste je Probestelle

Tabelle 39.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen WEI-01, -02, -03
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq.), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (Σ Seq.). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Fische	WEI-02	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,32	194665	57,06	341188
	WEI-02	<i>Abramis brama</i>	Brachse	99,39	73607	21,57	341188
	WEI-02	<i>Carassius auratus</i>	Goldfisch	99,37	66336	19,44	341188
	WEI-02	<i>Carassius</i> sp.	Goldfisch/Giebel	99,32	2860	0,84	341188
	WEI-02	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	97,75	1618	0,47	341188
	WEI-02	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	98,55	992	0,29	341188
	WEI-02	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	100	385	0,11	341188
	WEI-02	<i>Cyprinus</i> sp.	Karpfen	98,38	370	0,11	341188
	WEI-02	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	98,13	133	0,04	341188
	WEI-02	<i>Vimba</i> sp.	Rußnase	95,17	111	0,03	341188
	WEI-02	Leuciscidae	Weißfische	95,98	111	0,03	341188
Fische	WEI-03	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,4	113914	46,23	246403
	WEI-03	<i>Carassius auratus</i>	Goldfisch	99,38	52137	21,16	246403
	WEI-03	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube	99,39	35886	14,56	246403
	WEI-03	<i>Abramis brama</i>	Brachse	99,38	18203	7,39	246403
	WEI-03	<i>Tinca tinca</i>	Schleie	99,31	14507	5,89	246403
	WEI-03	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,3	10777	4,37	246403
	WEI-03	<i>Carassius</i> sp.	Goldfisch/Giebel	99,32	895	0,36	246403
	WEI-03	<i>Vimba</i> sp.	Rußnase	94,87	45	0,02	246403
	WEI-03	<i>Cyprinus</i> sp.	Karpfen	97,23	27	0,01	246403
	WEI-03	<i>Carassius gibelio</i>	Giebel	100	12	0	246403

Gesamte Artenliste Weißlahn

Tabelle 39.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Weißlahn
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Fische	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch
	<i>Carassius</i> sp.	Goldfisch/Giebel
	<i>Abramis brama</i>	Brachse
	<i>Alburnus alburnus</i>	Laube
	<i>Tinca tinca</i>	Schleie
	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen
	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling
	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen
	<i>Vimba vimba</i>	Rußnase
	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder

Plausibilisierung

Im Badensee Weißlahn wurde in den drei Filterproben eDNA von Fischen identifiziert. Keine Nachweise gab es dort für Krebstiere oder Fische.

In den Proben sind zahlreiche Sequenzen, welche eindeutig als *Cyprinus carpio* identifiziert wurden und ein „Nachrauschen“ von Sequenzen, welche aufgrund ihrer minderen Qualität nur mehr auf Gattungsniveau zugeordnet werden können. Neben den gut erhaltenen und damit auch gut lesbaren DNA-Sequenzen finden sich immer auch Bruchstücke oder durch natürliche Abbauprozesse beschädigte Moleküle in der freien Wassersäule, welche eine eindeutige Zuordnung auf Artniveau nicht mehr erlauben.

Bei den DNA-Sequenzen, welche *Carassius auratus*, *C. gibelio* oder der Gattung *Carassius* zugeordnet werden konnten, handelt es sich aller Wahrscheinlichkeit nach um jene vom Goldfisch (*Carassius auratus*) oder dessen Wildform, dem Giebel (*Carassius gibelio*).

Jene Nachweise, welche der Gattung *Leuciscus* und auch der Art *L. leuciscus* zugewiesen worden sind, deuten auf ein Vorkommen der Hasel (*L. leuciscus*) hin. Allerdings ist diese Art nahe verwandt mit dem Nerfling (*L. idus*). Die beiden Spezies der Gattung *Leuciscus* unterscheiden sich nur durch ein einziges Basenpaar auf dem Genabschnitt 12S. Bei einer %ID unter 100% kann daher zwischen den beiden Arten nicht eindeutig unterschieden werden.

Der Nachweis von eDNA von *Vimba* sp. weist auf ein Vorkommen der Rußnase hin. Diese Fischart kommt jedoch vorwiegend in großen Flüssen wie der Donau und den großen Seen im

Alpenvorland vor. Ein Vorkommen im Badesee Weißlahn durch Besitz kann nicht vollkommen ausgeschlossen werden. Allerdings ist aufgrund der geringen Übereinstimmung mit der DNA-Sequenz der Gattung in der Referenz-Datenbank von 95% der Nachweis nicht als gesichert zu werten (Tab. 39.1). Zur Klärung der Tatsache würde sich eine gezielte Nachsuche mit einem diagnostischen PCR-Ansatz, welcher spezifisch für *V. vimba* ist, empfehlen.

3.40 Schlitterer See

Bezirk	Gemeinde	Uferlänge [m]	Proben	Datum der Probennahme
SZ	Schlitters	412	SCL-01, -02, -03	16.098.2023

Lage der Probenstellen



Abbildung 40: Schlitterer See

Artenliste je Probestelle

Tabelle 40.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen SCL-01, -02, -03
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für die detektierte Art, Gattung oder Familie; Ausmaß an Übereinstimmung der DNA-Sequenzen in der Probe mit jenen aus den Datenbanken (%ID), Anzahl an detektierten DNA-Sequenzen pro Probenstelle (PS) (# Seq. pro PS), relativer Anteil der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (% Seq), und Summe der detektierten Sequenzen pro PS und ZG (Σ Seq). DNA-Sequenzen mit einer Übereinstimmung unter 99% und/oder einer geringen Anzahl (<1% pro PS und ZG) gelten als „nicht gesicherte“ Nachweise (grau hinterlegt).

Zielgruppe (ZG)	Probenstelle (PS)	wissenschaftl. Name	deutscher Name	%ID	# Seq. pro PS	% Seq. pro PS und ZG	Σ Seq. pro PS und ZG
Krebse	SCL-01	<i>Asellus aquaticus</i>	Wasserassel	99,18	35580	100	35580
Fische	SCL-01	<i>Leuciscus idus</i>	Nerfling	97,95	72840	35,34	206129
	SCL-01	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,32	52817	25,62	206129
	SCL-01	<i>Esox lucius</i>	Hecht	98,46	46229	22,43	206129
	SCL-01	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,21	20200	9,8	206129
	SCL-01	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	98,27	12301	5,97	206129
	SCL-01	Leuciscidae	Weißfische	96,56	855	0,41	206129
	SCL-01	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	99,9	538	0,26	206129
	SCL-01	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	97,84	330	0,16	206129
	SCL-01	<i>Silurus glanis</i>	Europäischer Wels	100	19	0,01	206129
Muscheln	SCL-01	<i>Musculium lacustre</i>	Häubchenmuschel	98,99	108949	100	108949
Krebse	SCL-02	<i>Asellus aquaticus</i>	Wasserassel	98,99	14635	100	14635
Fische	SCL-02	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,32	44125	49,85	88519
	SCL-02	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,34	37273	42,11	88519
	SCL-02	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	98,27	5841	6,6	88519
	SCL-02	<i>Esox</i> sp.	Hecht	99,4	1019	1,15	88519
	SCL-02	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	98,86	119	0,13	88519
	SCL-02	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	98,29	112	0,13	88519
	SCL-02	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	99,43	30	0,03	88519
Krebse	SCL-03	<i>Asellus aquaticus</i>	Wasserassel	98,97	4961	100	4961
Fische	SCL-03	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch	99,3	148765	50,81	292796
	SCL-03	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen	100	89611	30,61	292796
	SCL-03	<i>Esox lucius</i>	Hecht	99,36	40766	13,92	292796
	SCL-03	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling	98,66	8381	2,86	292796
	SCL-03	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen	99,21	4782	1,63	292796
	SCL-03	<i>Esox</i> sp.	Hecht	98,1	149	0,05	292796
	SCL-03	Leuciscidae	Weißfische	96,53	120	0,04	292796
	SCL-03	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder	98,29	117	0,04	292796
	SCL-03	<i>Leuciscus leuciscus</i>	Hasel	98,86	105	0,04	292796
Muscheln	SCL-03	<i>Musculium lacustre</i>	Häubchenmuschel	99,01	33757	62,11	54348
	SCL-03	<i>Pisidium obtusale</i>	Aufgeblasene Erbsenmuschel	99,24	11716	21,56	54348
	SCL-03	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel	98,73	5051	9,29	54348
	SCL-03	<i>Musculium</i>	Häubchenmuschel	98,22	2921	5,37	54348
	SCL-03	<i>Pisidium nitidum</i>	Glänzende Erbsenmuschel	98,89	544	1	54348
	SCL-03	<i>Pisidium</i>	Erbsenmuschel	97,09	359	0,66	54348

Gesamte Artenliste Schlitterer See

Tabelle 40.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Schlitterer See
Sortiert nach den Zielgruppen (ZG) Fische, Krebse, Muscheln; Angabe der wissenschaftlichen und deutschen Namen für das niedrigste taxonomische Niveau (Art- oder Gattungsniveau)

Zielgruppe (ZG)	wissenschaftl. Name	deutscher Name
Fische	<i>Perca fluviatilis</i>	Flussbarsch
	<i>Esox lucius</i>	Hecht
	<i>Rutilus rutilus</i>	Rotaugen
	<i>Leuciscus</i> sp.	Hasel/Nerfling
	<i>Cyprinus carpio</i>	Karpfen
	<i>Scardinius erythrophthalmus</i>	Rotfeder
	<i>Silurus glanis</i>	Europäischer Wels
Muscheln	<i>Musculium lacustre</i>	Häubchenmuschel
	<i>Pisidium obtusale</i>	Aufgeblasene Erbsenmuschel
	<i>Pisidium subtruncatum</i>	Schiefe Erbsenmuschel
	<i>Pisidium nitidum</i>	Glänzende Erbsenmuschel

Plausibilisierung

Im Schlitterer See wurde in den drei Filterproben eDNA von Fischen, Krebsen und Muscheln identifiziert. Da es sich bei der Wasserassel um keinen Vertreter der Zehnfüßkrebse (Decapoda) handelt, wurde diese aus der Gesamtartenliste gestrichen (Tab. 40.2).

In den Proben sind zahlreiche Sequenzen, welche eindeutig als *Esox lucius* identifiziert wurden und ein „Nachrauschen“ von Sequenzen, welche aufgrund ihrer minderen Qualität nur mehr auf die Gattung zugeordnet werden können. Neben den gut erhaltenen und damit auch gut lesbaren DNA-Sequenzen finden sich immer auch Bruchstücke oder durch natürliche Abbauprozesse beschädigte Moleküle in der freien Wassersäule, welche eine eindeutige Zuordnung auf Artniveau nicht mehr erlauben.

Ein ähnliches „Nachrauschen“ des eDNA-Signals ist bei den Muscheln zu beobachten: Neben den DNA-Sequenzen, die eindeutig den beiden Arten *Pisidium subtruncatum*, *P. nitidum* und *Musculium lacustre* zuzuordnen waren, fanden sich auch welche, die nur mehr auf Vertreter aus deren jeweiligen Gattungen schließen ließen.

Jene Nachweise, welche der Gattung *Leuciscus* und auch den Arten *L. leuciscus* und *L. idus* zugewiesen worden sind, lassen auf ein Vorkommen der Hasel und/oder des Nerflings deuten.

Allerdings sind diese beiden Arten sehr nahe verwandt. Die beiden Spezies der Gattung *Leuciscus* unterscheiden sich nur durch ein einziges Basenpaar auf dem Genabschnitt 12S. Bei einer %ID unter 100% kann daher zwischen den beiden Arten nicht eindeutig unterschieden werden.

4. Zusammenfassung

Ziel der vorliegenden Studie war es, in 40 ausgewählten Tiroler Seen die vorkommenden Arten der Tiergruppen Fische, Krebse und Muscheln sowie von invasiven Wasserpflanzen zu erheben. Anhand der dabei generierten Artenlisten wird das Arteninventar der einzelnen Gewässer, die Verbreitung von seltenen und gefährdeten Arten sowie aquatischer Neobiota der Taxa Fische, Muscheln, Krebse und Wasserpflanzen dargestellt.

Im Zuge des Projektes wurde an den 40 Tiroler Seen insgesamt an 167 Stellen Wasserproben genommen, die darin enthaltene eDNA isoliert und mittels molekularer Methoden auf die drei ausgewählten Tiergruppen und Gefäßpflanzen analysiert. In allen untersuchten Gewässern wurde zumindest ein Taxon aus den vier gewählten Organismengruppen detektiert. Allein im Lanser See wurden zum Zeitpunkt der Erhebung nur Pflanzen-DNA jedoch keine DNA von Tieren gefunden, obwohl von diesem Gewässer ein Fischbestand bekannt ist.

Von den in den Proben nachgewiesenen Fischarten (siehe Anhang, Tabelle C (1)) wurden am häufigsten der Flussbarsch und Vertreter aus der Gruppe der Weißfische detektiert. Unter den geschützten Fischarten (FFH-Richtlinie und Tiroler Naturschutzverordnung 2006) wurden in mehreren Gewässern Nachweise für Bachschmerle (n=9), Koppe (n=7), Bitterling (n=3) und Gründling (n=1) erbracht. Der Sonnenbarsch wurde in zwei Gewässern (Baggersee Rossau, Stimmer See) nachgewiesen und ist die einzige nachgewiesene Fischart, die in der EU-Verordnung zu invasiven gebietsfremden Arten (EU-Verordnung Nr. 1143/2014) gelistet ist. Weitere nachgewiesene, nicht heimische Arten sind Goldfisch, Gras-, Marmor- und Silberkarpfen, die Regenbogenforelle und ein Vertreter der Bagridenwelse. Die Karpfenarten sowie die Regenbogenforelle werden aus fischerei- bzw. teichwirtschaftlichen Gründen häufig in Gewässer besetzt und Goldfische gelangen als beliebte Zierfischart immer wieder in heimische Gewässer. Überraschend war der DNA-Nachweis von der Gattung der Bagridenwelse im Blindsee. Es handelt sich dabei um eine ostasiatische Welsart, von der in Mitteleuropa bisher nur ein Vorkommen des Gelben Drachenwelses *Tachysurus fulvidraco* in der bayerischen Donau bekannt ist.

Insgesamt wurde in den beprobten Seen eDNA von zwölf Vertretern der Krebstiere aus der Gruppe der Asseln, der Flohkrebse und der Zehnfußkrebse nachgewiesen. Häufigster Vertreter unter den Zehnfußkrebsen war der Edelkrebs in fünf der beprobten Gewässer. Im Heiterwanger See und Plansee wurde zudem noch DNA der Gattung *Austropotamobius* festgestellt, was auf ein Vorkommen des geschützten Dohlenkrebses und/oder des Steinkrebss schließen lässt. Als einzige gebietsfremde Krebsart wurde der Galizische Sumpfkrebs im Baggersee Rossau detektiert (siehe Anhang, Tabelle C (2)).

Bei der molekularen Analyse zur Identifikation der vorkommenden Muschelarten wurden insgesamt 16 verschiedene Arten festgestellt (siehe Anhang, Tabelle C (3)). Am häufigsten vertreten sind Arten aus der Gruppe der Kugelmuscheln, aber auch Großmuscheln wie die Gemeine Teichmuschel und die Große Teichmuschel wurden in 13 der untersuchten Seen nachgewiesen. In sechs Seen im Bezirk Kufstein wurde DNA der gebietsfremden Wander- oder Zebromuschel *Dreissena polymorpha* festgestellt. Dabei handelt es sich um eine gebietsfremde Muschelart, die sehr konkurrenzstark ist und dadurch heimische Arten verdrängen kann.

In den in diesem Auftrag untersuchten Tiroler Gewässern wurde auch eDNA von zahlreichen terrestrischen und aquatischen Pflanzenarten detektiert. Jedoch wurde in keinem der beprobten Seen eine in der EU-Verordnung zu invasiven gebietsfremden Arten geführten Wasserpflanze (siehe Anhang, Tabelle B) nachgewiesen.

Anhänge

Tabelle B: Invasive gebietsfremde Wasserpflanzen gemäß EU-Verordnung Nr. 1143/2014

wissenschaftlicher Artnamen	deutscher Artnamen
<i>Alternanthera philoxeroides</i>	Alligatorkraut
<i>Cabomba caroliniana</i>	Karolina-Haarnixe
<i>Eichhornia crassipes</i>	Dickstielige Wasserhyazinthe
<i>Elodea nuttallii</i>	Schmalblättrige Wasserpest
<i>Gymnocoronis spilanthoides</i>	Falscher Wasserfreund
<i>Hydrocotyle ranunculoides</i>	Großer Wassernabel
<i>Lagarosiphon major</i>	Wechselblatt - Wasserpest
<i>Ludwigia grandiflora</i>	Großblütiges Heusenkraut
<i>Ludwigia peploides</i>	Flutendes Heusenkraut
<i>Myriophyllum aquaticum</i>	Brasilianisches Tausendblatt
<i>Myriophyllum heterophyllum</i>	Verschiedenblättriges Tausendblatt
<i>Pistia stratiotes</i>	Wassersalat
<i>Salvinia molesta</i>	Büschelfarn

Tabelle C: (1) Detektionsliste Fische, (2) Krebse, (3) Muscheln

Zeichenerklärung:

*	geschützte Art gemäß FFH Richtlinie Anhang II und/oder Tiroler Naturschutzverordnung 2006
♦	gebietsfremde Art
♦♦	invasive gebietsfremde Art gemäß EU-Verordnung Nr. 1143/2014
(♦)	Artengruppe mit sowohl heimischen als auch gebietsfremden Arten

Seite 150 von 156

2

Astacus astacus **Edelkrebs ***

Astacus leptodactylus **Galizischer Sumpfkrebs ♦**

Austropotamobius sp. **Dohlenkrebs/Steinkrebs ***

Achensee			
Badensee Going			
Badensee Kirchberg			
Badensee Mieming			
Badensee Ried			
Badeteich Brixen			
Badeteich Ladis			
Baggersee Roßau		X	
Berglsteiner See			
Blindsee			
Brennersee			
Buchsee			
Fernsteinsee			
Gieringer Weiher			
Haldensee			
Hechtsee			
Heiterwanger See			X
Hintersteiner See	X		
Krummsee			
Lanser See			
Lauchsee Fieberbrunn			
Moorstrandbad Kirchbichl			
Möserer See	X		
Natterer See			
Obernberger See			
Piburger See			
Piller See			
Plansee			X
Reintaler See			
Reither See			
Schlitterer See			
Schwarzsee			
Stimmersee	X		
Thiersee			
Tristacher See	X		
Urisee			
Vilsalpsee			
Walchsee	X		
Weißlahn			
Wildsee			

Seite 152 von 156

Tabellen- & Abbildungsverzeichnis

Abbildung A: Akku-Peristaltikpumpe (Solinst Modell 410) und eDNA Dual Filter Capsule (Sylphium) zur automatisierten Beprobung von eDNA.....	7
Abbildung B: Filtration mittels dem Buerkle™ Vampire Probensammler im Feld.....	7
Tabelle A: Liste der 40 ausgewählten Seen mit der jeweiligen Uferlänge und der daraus resultierenden Anzahl von genommenen Filterproben.....	10
Abbildung 1: Badensee Mieming	11
Tabelle 1.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen BSM-01, -02, -03.....	12
Tabelle 1.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Badensee Mieming	13
Abbildung 2: Fernsteinsee	14
Tabelle 2.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen FER-01 – 04	15
Tabelle 2.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Fernsteinsee	16
Abbildung 3: Piburger See.....	17
Tabelle 3.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen PIB-01, -02, -03.....	18
Tabelle 3.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Piburger See	19
Abbildung 4: Natterer See	20
Tabelle 4.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen NAT-01, -02, -03.....	20
Tabelle 4.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Natterer See.....	22
Abbildung 5: Brennersee	24
Tabelle 5.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen BRE-01, -02, -03	24
Tabelle 5.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Brennersee	26
Abbildung 6: Lanser See	27
Abbildung 7: Möserer See	28
Tabelle 7.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen MOE-01, -02, -03	29
Tabelle 7.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Möserer See	31
Abbildung 8: Obernberger See	32
Tabelle 8.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen OBE-01, -02, -03.....	33
Tabelle 8.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Obernberger See	34
Abbildung 9: Wildsee.....	35
Tabelle 9.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen WIL-01, -02, -03.....	35
Tabelle 9.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Wildsee	37
Abbildung 10: Baggersee Roßau.....	38
Tabelle 10.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen BGR-01, -02, -03.....	39
Tabelle 10.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Baggersee Roßau	39
Abbildung 11: Badensee Going	41
Tabelle 11.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen BSG-01, -02, -03	42
Abbildung 12: Badeteich Brixen.....	43
Tabelle 12.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen BTB-01, -02, -03	44
Tabelle 12.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Badeteich Brixen	45
Abbildung 13: Badensee Kirchberg	46
Tabelle 13.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen BSK-01, -02, -03	47
Tabelle 13.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Badensee Kirchberg.....	47
Abbildung 14: Gieringer Weiher.....	48
Tabelle 14.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen GIE-01, -02, -03	49
Tabelle 14.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Arten im Gieringer Weiher	50
Abbildung 15: Lauchsee Fieberbrunn	51
Tabelle 15.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen LAU-01, -02, -03	51
Tabelle 15.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Lauchsee Fieberbrunn	53
Abbildung 16: Piller See	55

Tabelle 16.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen PIL-01 – 05	55
Tabelle 16.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Piller See.....	57
Abbildung 17: Schwarzsee	59
Tabelle 17.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen SCW-01, -02, -03 ...	60
Tabelle 17.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Schwarzsee	61
Abbildung 18: Berglsteiner See	62
Tabelle 18.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen BER-01, -02, -03	63
Tabelle 18.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Berglsteiner See.....	64
Abbildung 19: Buchsee.....	65
Tabelle 19.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen BUC-01, -02, -03....	65
Tabelle 19.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Buchsee	67
Abbildung 20: Hechtsee	68
Tabelle 20.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen HEC-01, -02, -03....	69
Tabelle 20.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Arten im Hechtsee	71
Abbildung 21: Hintersteiner See	72
Tabelle 21.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen HIN-01 – 04	73
Tabelle 21.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Hintersteiner See	74
Abbildung 22: Krummsee	76
Tabelle 22.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen KRU-01, -02, -03....	76
Tabelle 22.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Krummsee.....	78
Abbildung 23: Moorstrandbad Kirchbichl	80
Tabelle 23.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen MOO-01, -02, -03... 80	
Tabelle 23.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Moorstrandbad Kirchbichl. 82	
Abbildung 24: Reintaler See	83
Tabelle 24.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen REN-01 – 04	84
Tabelle 24.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Reintaler See	85
Abbildung 25: Reither See.....	86
Tabelle 25.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen REI-01, -02, -03	87
Tabelle 25.2: Auflistung aller nachgewiesenen Arten im Reither See	88
Abbildung 26: Stimmersee.....	89
Tabelle 26.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen STI-01, -02, -03.....	89
Tabelle 26.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Stimmersee.....	91
Abbildung 27: Thiersee.....	92
Tabelle 27.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen THI-01, -02, -03.....	93
Tabelle 27.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Thiersee	95
Abbildung 28: Walchsee	97
Tabelle 28.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen WAL-01 – 06 (2-teilig)	97
Tabelle 28.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Walchsee	100
Abbildung 29: Badensee Ried	102
Tabelle 29.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen BSR-01, -02, -03 ..	102
Tabelle 29.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Badensee Ried.....	104
Abbildung 30: Badeteich Ladis	105
Tabelle 30.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen BTL-01, -02, -03... 106	
Tabelle 30.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Badeteich Ladis.....	107
Abbildung 31: Tristacher See.....	108
Tabelle 31.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen TRI-01, -02, -03....	109
Tabelle 31.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Tristacher See	110
Abbildung 32: Blindsee.....	111
Tabelle 32.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen BLI-01 – 04	112

Tabelle 32.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Blindsee	113
Abbildung 33: Haldensee	114
Tabelle 33.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen HAL-01 – 04.....	115
Tabelle 33.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Haldensee.....	116
Abbildung 34: Heiterwanger See	117
Tabelle 34.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen HEI-01 – 07.....	117
Tabelle 34.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Heiterwanger See	119
Abbildung 35: Plansee.....	121
Tabelle 35.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen PLA-01 – 17 (3-teilig)	121
Tabelle 35.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Plansee	125
Abbildung 36: Urisee	127
Tabelle 36.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen URI-01, -02, -03 ...	128
Tabelle 36.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Urisee	129
Abbildung 37: Vilsalpsee	130
Tabelle 37.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen VIS-01 – 04	130
Tabelle 37.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Visalpsee	132
Abbildung 38: Achensee	134
Tabelle 38.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen ACH-01 – 21 (4-teilig)	134
Tabelle 38.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Achensee	139
Abbildung 39: Weißlahn.....	141
Tabelle 39.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen WEI-01, -02, -03...	142
Tabelle 39.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Weißlahn.....	143
Abbildung 40: Schlitterer See	144
Tabelle 40.1: Auflistung der nachgewiesenen Taxa an den Probenstellen SCL-01, -02, -03 ..	144
Tabelle 40.2: Auflistung aller nachgewiesenen, plausiblen Taxa im Schlitterer See.....	146
Tabelle B: Invasive gebietsfremde Wasserpflanzen gemäß EU-Verordnung Nr. 1143/2014...	149
Tabelle C: (1) Detektionsliste Fische, (2) Krebse, (3) Muscheln	149

Literatur

- Albrecht, H. (1982) Das System der Europäischen Flusskrebse: Vorschlag und Begründung, Mitt. Hamb. Zool. Mus. Inst. Band 79 S. 187-210
- Bundesamt für Wasserwirtschaft Institut für Gewässerökologie, Fischereibiologie und Seenkunde, Mondsee (2006) Achensee - Standardisierte Fischbestandserhebung und Bewertung des fisch-ökologischen Zustandes gemäß EU-WRRL
- Bundesamt für Wasserwirtschaft Institut für Gewässerökologie, Fischereibiologie und Seenkunde, Mondsee (2011) Hintersteinersee - Standardisierte Fischbestands-erhebung und Bewertung des fisch-ökologischen Zustandes gemäß EU-WRRL
- Bundesamt für Wasserwirtschaft Institut für Gewässerökologie, Fischereibiologie und Seenkunde, Mondsee (2013) Haldensee - Standardisierte Fischbestandserhebung und Bewertung des fisch-ökologischen Zustandes gemäß EU-WRRL
- Bundesamt für Wasserwirtschaft Institut für Gewässerökologie, Fischereibiologie und Seenkunde, Mondsee (2014) Heiterwanger See - Standardisierte Fischbestands-erhebung und Bewertung des fisch-ökologischen Zustandes gemäß EU-WRRL
- Bundesamt für Wasserwirtschaft Institut für Gewässerökologie, Fischereibiologie und Seenkunde, Mondsee (2014) Plansee - Standardisierte Fischbestandserhebung und Bewertung des fisch-ökologischen Zustandes gemäß EU-WRRL
- Bundesamt für Wasserwirtschaft Institut für Gewässerökologie, Fischereibiologie und Seenkunde, Mondsee (2015) Vilsalpsee - Standardisierte Fischbestandserhebung und Bewertung des fisch-ökologischen Zustandes gemäß EU-WRRL
- Fürreder, L. & Macchino, Y. (1995) Record of the White-clawed Crayfish *Austropotamobius pallipes* (LEREBoullet 1858) from Plansee (Tyrol, Austria). Ber. nat.-med. Verein Innsbruck, Band 82 S. 241 – 246
- Fürreder, L. & Macchino, Y. (1996) Das letzte natürliche Vorkommen des Steinkrebse *Austropotamobius torrentium* (SCHRANK, 1803) in Tirol. Ber. nat.-med. Verein Innsbruck, Band 83 S. 211-219
- Gassner, H., Zick, D., Wanzenböck, J., Lahnsteiner B. & G. Tischler (2003): Die Fischartengemeinschaften der großen österreichischen Seen. Schriftenreihe des BAW, Band 18, Wien. Gassner H., Achleitner
- Härtl, M. Höllein, M. & Schliewen, U.K. (2018) First record of the East Asian Yellow Catfish *Tachysurus fulvidraco* (Richardson, 1846) in Germany, Spixiana 41 (2): 167-168
- Holdrich (2002) Distribution of crayfish in Europe and some adjoining countries Bull. Fr. Pêche Piscic. 367: 611-650
- Macchino, Y. & Fürreder, L. (1998) Der Steinkrebs *Austropotamobius torrentium* (SCHRANK, 1803) im Haldensee (Tirol, Österreich) und weitere Nachweise von Flusskrebsen in hochgelegenen Gewässern. Ber. nat.-med. Verein Innsbruck Band 85 S. 223 - 229
- Mark, W. (2023) Fischereiliche Untersuchungen Baggersee IBK/Freizeitanlage Rossau. Bericht im Auftrag der Innsbrucker Kommunalbetriebe AG, Bestellnummer 3000/ 4500275379, ARGE für Fisch- & Gewässerökologie
- Mark, W. (2011) Fischbestandserhebung am Möserer See. ARGE für Fisch- & Gewässerökologie
- Miya, Y. et al. (2015) MiFish, a set of universal PCR primers for metabarcoding environmental DNA from fishes: detection of more than 230 subtropical marine species. Royal Society Openscience 2: 150088.<http://dx.doi.org/10.1098/rsos.150088>
- Thalinger, B., Wolf, E., Traugott, M., Wanzenböck, J. (2019) Monitoring spawning migrations of potamodromous fish species via eDNA. Scientific Reports 15388