

Populationsgenetische Untersuchungen der Dohlenkrebse im Kanton Graubünden

Ergebnisse und Managementvorschläge
REVIDIERTE VERSION

Muttenz, 1. März 2018

Raphael Krieg, Anna Weston & Dr. Armin Zenker
FHNW Fachhochschule Nordwestschweiz
Hochschule für Life Sciences
Institute für Ecopreneurship
Gründenstrasse 40
CH-4132 Muttenz

raphael.krieg@fhnw.ch - armin.zenker@fhnw.ch
T +41 61 228 54 32

Inhaltsverzeichnis

1. Einleitung.....	2
2. Material und Methoden	3
2.1 Untersuchungsstandorte.....	3
2.2 Probenahme	3
2.3 Laborarbeiten.....	4
2.3.1 Material.....	4
2.3.2 DNA Extraktion	6
2.3.3 A. pallipes Genotyp-Bestimmung mittels Mikrosatelliten Multiplex-Analyse.....	6
2.3.4 Populationsstudie	7
2.3.5 Daten Auswertung	7
3. Resultate	8
3.1 DNA Extraktion	8
3.2 Multiplex Reaktion.....	8
3.2.1 Peak Scoring	8
3.3 Populationsstudie	10
3.3.1 Allelfrequenz.....	11
3.3.2 Heterozygotie und Hardy-Weinberg Gleichgewicht (HWE).....	12
3.3.3 Kopplungsgleichgewicht	14
3.3.4 F-Statistik und genetische Differenzierung.....	14
4. Diskussion	18
4.1 Laboruntersuchung.....	18
4.2 Genetische Differenzierung.....	18
4.3 Managementvorschläge.....	19
5. Quellen	21
6. Anhang	23

1. Einleitung

Neben dem einheimischen Steinkrebs (*Austropotamobius torrentium*) wird auch der Dohlenkrebs (*Austropotamobius pallipes*) in der Fischereigesetzgebung (Artikel 5 VBGF) als stark gefährdet aufgeführt. Im Kanton Graubünden sind mehrere Dohlenkrebsvorkommen bekannt. Drei davon (Strada, Flims und Gräsch/Schliers) wurden im «Aktionsplan Flusskrebse Schweiz» (Stucki & Zaugg, 2011) als Genpool-Standorte definiert.

Um koordinierte Massnahmen zu Gunsten der Dohlenkrebsbestände im Kanton Graubünden vorzunehmen, sind populationsgenetische Untersuchungen notwendig. Von den Populationen in Ilanz und Gräsch ist bereits bekannt, dass sie ursprünglich aus der Po Ebene stammen (Largadièr, 2000), bei den anderen ist die Frage der Herkunft noch offen. Für Wiederansiedlungen sind Informationen über die ursprüngliche Herkunft, die Verwandtschaft und genetische Variabilität innerhalb der Populationen ein wichtiger Bestandteil für eine nachhaltige Umsetzung zukünftiger Schutzmassnahmen.

Die Ergebnisse des Projektes können für die Validierung bestehender bzw. Bestimmung neuer Genpoolstandorte im Kanton Graubünden verwendet werden. In Zukunft könnten so, im Falle eines Aussterbens oder beinahe Aussterbens einer Population, die genetisch nächsten Verwandten bzw. genetisch variabelsten Individuen wiederangesiedelt werden. Dies würde eine allfällige Störung der Ökosysteme an den Standorten verhindern und im Hinblick auf die Klimaveränderung anpassungsrelevante Vorteile erbringen.

Mithilfe von Mikrosatelliten wurde bestimmt, wie nahe die ausgewählten Populationen untereinander verwandt sind. Zusätzlich wurde bestimmt, wie sich die genetische Variabilität innerhalb der untersuchten Vorkommen unterschied und sich der Inzucht-Koeffizient für die einzelnen Populationen darstellt. Dies ermöglicht es, Bestände ausfindig zu machen, die für zukünftige Wiederansiedlungen von hohem Interesse sind und somit speziell geschützt werden müssen. Die Ergebnisse wurden für die Ausarbeitung von Massnahmenvorschlägen verwendet.

Fragestellungen:

Wie stark unterscheiden sich die untersuchten Populationen genetisch?

Welche Populationen weisen eine hohe genetische Vielfalt auf und wo sind Inzuchttendenzen sichtbar?

Was führte in der Vergangenheit zu einem verminderten genetischen Austausch?

2. Material und Methoden

2.1 Untersuchungsstandorte

Im Rahmen des Projektes wurden 15 Dohlenkrebs-Populationen untersucht. Diese decken einen grossen Teil der bekannten Vorkommen im Kanton Graubünden ab. Eine Übersicht findet sich in Abb. 1. Nähere Informationen zu den Standorten finden sich im Anhang (Tab. 12, Seite 23).

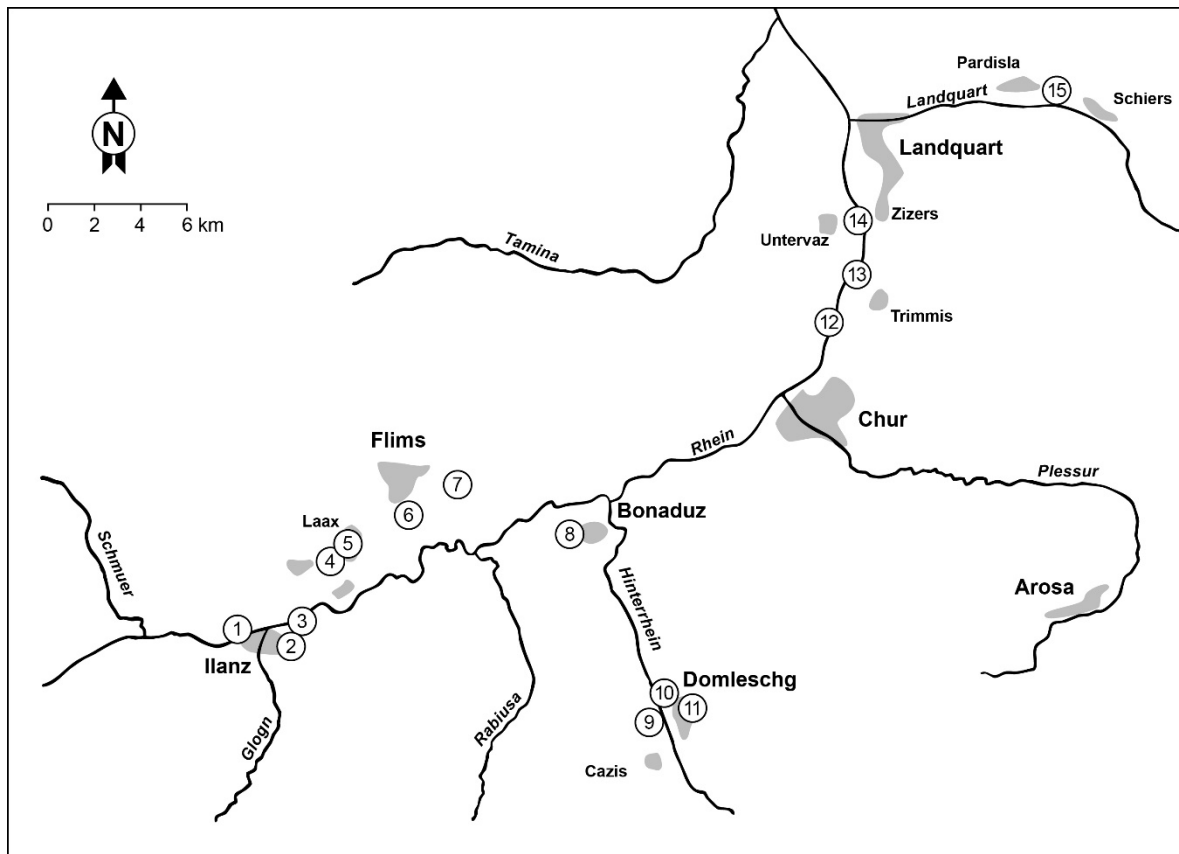


Abb. 1: Untersuchungsstandorte im Kanton Graubünden: Ilanz (1), Mulin (2), Farschlein (3), Oberst (4), Grond (5), Caumasee (6), Crestasee (7), Bonaduz (8), Cazis (9), Domleschg (10), Canovasee (11), Oldis (12), Caluori (13), Zizers (14), Grösch (15). Siedlungsgebiet von Stadt bzw. Dorf in grau.

2.2 Probenahme

Von jeder zu untersuchenden Population wurden zwischen 15 und 25 genetische Proben von unterschiedlichen Dohlenkrebsen genommen (Tab. 1). Dazu wurde ein Schwimmfüsschen (Pleopod) mit einer vorher in Ethanol desinfizierten spitzen Pinzette entfernt. Diese Methodik ist am wenigsten invasiv, da Pleopoden schnell nachwachsen, die vorhandene Sollbruchstelle eine saubere Abtrennung ermöglicht und keine Tiere getötet werden müssen. Diese Methode wurde bereits von Vorburger et al. (2014, 2017) für die Untersuchung von

Steinkrebspopulationen verwendet und hat sich auch in vergangenen Projekten der «Koordinationsstelle Flusskrebse Schweiz» (KFKS) bewährt (Krieg et al., 2015). Die Pleopoden wurden in ein 2 ml Tube mit Ethanol überführt und bis zu den Laborarbeiten bei - 80°C in Ethanol aufbewahrt.

Tab. 1: Informationen zu den Probenahmestandorten und Anzahl Proben pro Standort.

Nr.	Bezeichnung Standort	Gewässername	Datum Probenahme	Koordinaten		Anzahl Proben
				X	Y	
1	Illanz	Krebsengraben	11.01.2017	733867	181829	25
2	Mulin	bei Castrisch	11.01.2017	736413	181547	25
3	Farschlein	bei Kieswerk Schluen	11.01.2017	736705	182624	25
4	Oberst	Lag digl Oberst	06.10.2017	738520	184805	22
5	Grond	Lag Grond	13.09.2017	738157	185813	25
6	Caumasee	Caumasee	10.04.2017	741590	187038	28
7	Crestasee	Crestasee	20.04.2017	743609	188438	28
8	Bonaduz	Bonaduzerbächlein	03.05.2017	748383	186030	24
9	Cazis	Abzugskanal Realta	27.04.2017	751917	178402	25
10	Domleschg	Pardislabach	27.07.2017	752064	179775	20
11	Canovasee	Canovasee	06.10.2017	753795	179247	20
12	Oldis	Baggersee Oldis	24.04. und 25.-29.09.2017	759946	195514	15
13	Caluori	Baggersee Caluori	04.07.2017	760899	197551	20
14	Zizers	Zizersergumpen	07.10.2017	761431	199202	24
15	Grüsch	Krebsgraben in Grüsch	10.04.2017	769049	205306	24

2.3 Laborarbeiten

2.3.1 Material

Für die Analyse der Probenahmen wurden die Reagenzien und das Kit aus Tab. 2 und die in Tab. 3 genannten Geräte verwendet. Die Primer wurden alle von Microsynth hergestellt und sind in Tab. 4 aufgelistet.

Tab. 2: Verwendete Reagenzien und Kits.

Produkt	Hersteller	Katalog Nummer	Lot. Nummer
NucleoSpin Tissue	Machery-Nagel	740952	1508/003 und 1604/004
Stainless Steel Beads (5 mm)	Qiagen	69989	2060816 und 0390217
HotStar Taq DNA Polymerase	Qiagen	203203	179031521
dNTP Set	Sigma-Aldrich	DNTP-100	SLBM3457V
Nuclease Free Water	Qiagen	129114	1530483088

Tab. 3: Im Labor verwendete Geräte.

Gerät	Hersteller
PeqSTAR Primus96 Advanced	PeqLab, Deutschland
T3000 Thermocycler	Biometra Deutschland
Spectrophotometer Nanodrop 2000c	Thermo Scientific, Schweiz
Thermomixer Comfort	Eppendorf, Deutschland
Tissue Lyzer II	Qiagen, Deutschland

Tab. 4: Primer Sequenzen, Farbstoffmarkierungen und Multiplex-Zusammensetzung.

Lokus	Primer ¹⁾	Sequenz (5'-3')	5'-Modifikation	Multiplex Assay	
AT43	FOR	TTTCCGAATTTCAATCTGCTT	FAM	1	
	REV	CTGCCTTCTCCCTTAACGTG			
Ap6	FOR	GCTGTGTGGGATGGAGGT	Atto565		
	REV	CACTAGCGTATTCAAGCAACT			
Aas6	FOR	AGACACAAACGCACATGGAA	Atto550		
	REV	GTGTCTGGCAGGCGTATGAT			
Aitali5	FOR	CACTACCACCACGGAATGTG	FAM		
	REV	TGGCGATATGATGCCTACTG			
Aitali7	FOR	TCTGCCTGGCTCTTTGAGAT	Atto532		
	REV	TCCTGCAGACACAAATAGGAGA			
Aas3040	FOR	GTTGTGTGGTAACTCCTGACGA	FAM		2
	REV	CAATCGTATCCCACATGCAG			
Aitali8	FOR	GGGATATACGGATATATGGATGAG	Atto565		
	REV	TCAGAATGTCCAACAAAACCA			
Aitali11	FOR	GACAAAATTGGCCGCCTAAC	Atto550		
	REV	ATGTTGCTGTTTAAGCCTCTG			
AT37	FOR	ACTATCCGACCGAACGAACC	Atto532		
	REV	ACAGAACCGATTCTTGGCAT			
Aas5	FOR	CATCAGTCCCATTCTAATGA	FAM		
	REV	CGGATTATCTAGGCTGCTGA			
Ap3	FOR	CGCCTATCTAACCTTGTTGTC	FAM	3	
	REV	GGACTTGGGAAGCCTTGTC			
Ap2	FOR	TTCGATATAACCGTTTGACCTG	Atto532		
	REV	TCAGACTTTGGCCATTGAAG			
Aitali1	FOR	ACGAGTCTTGTTGCGAACCT	Atto565		
	REV	GCCAAAGCACAACTGAGTGA			

2.3.2 DNA Extraktion

Die Pleopoden wurden nach einer optischen Beurteilung sorgfältig mit einer Pinzette aus dem Probenahme-Tube in ein neues 2 ml Tube mit Ethanol überführt. Die DNA wurde anschliessend mit dem NucleoSpin Tissue Extraktion Kit (Machery-Nagel) nach Herstellerangaben gereinigt. Dabei wurden die Pleopoden mithilfe einer Metallkugel (Stainless Steel Beads, 2 mm, Qiagen) homogenisiert. Dazu wurden sie eine Minute lang bei einer Frequenz von 1/30" ohne Zusatz von Puffer und anschliessend mit Zugabe von 180 µl Lysis Puffer und 25 µl Proteinase K (1 min, 1/30") im Tissue Lyser II (Qiagen) geschüttelt. Das Gemisch wurde daraufhin während 1.5 Stunden bei 56°C und 600 rpm lysiert.

Anschliessend wurde die DNA auf die Extraktionssäule geladen, gewaschen und danach in 50 µl auf 70°C vorgewärmten Elutions-Puffer eluiert. Die Konzentrationen wurden spektrophotometrisch bei 260 nm mittels eines Nanodrop 2000 gemessen. Für das weitere Vorgehen, wurde die DNA auf eine Konzentration von 5 ng/µl verdünnt und 2 µl davon für die jeweiligen Multiplex Reaktionen verwendet.

2.3.3 *A. pallipes* Genotyp-Bestimmung mittels Mikrosatelliten Multiplex-Analyse

Die Polymerase-Kettenreaktion (PCR) der dreizehn Loci wurde aufgrund der Fragment-Grösse und Farbstoffkombinationen auf drei Multiplex-Sets aufgeteilt. Die Forward Primer wurden mit einem Fluoreszenz Farbstoff am 5'-Ende markiert und pro Locus eine Mischung aus fluoreszenzmarkierten bzw. nicht markierten Forward Primer sowie den entsprechenden Reverse Primern nach Angaben von Ecogenics zusammengestellt (Tab. 5).

Für die PCR wurden jeweils 10 ng DNA, 0.3 µM Primer Paar Gemisch pro Locus, 200 µM dNTP (Sigma-Aldrich), 0.5 Units Hot Start Taq Polymerase (Qiagen) und 1x Reaktion Puffer (Tris, KCl, (NH₄)₂SO₄ und 1.5 mM MgCl₂, Qiagen) in 10 µl Endvolumen angesetzt. Die PCR wurde in einen PeqLab Primus 96 Advance Thermocycler (PeqLab) oder einem T3000 Thermocycler (Biometra) mit folgenden Programmen durchgeführt: 95°C für 15 Minuten, 40 Zyklen von 30 Sekunden bei 95°C, 90 Sekunden bei 56°C, 60 Sekunden bei 72°C und abschliessend fand eine Elongation für 30 Minuten bei 72°C statt.

Die jeweiligen Multiplex PCR (M1-M3) wurden mit 295 Individuen (Tab. 13 im Anhang S. 23) durchgeführt. Die Produkte wurden anschliessend zu Ecogenics gesendet, wo sie nach Zugabe von GeneScan 500 dye Size Standard mittels einer kapillaren Elektrophorese (ABI3730) analysiert wurden. Pro PCR Platte wurde jeweils eine negative Kontrolle mit Wasser anstelle von DNA miteinbezogen und mit allen drei Multiplex Reaktionen laufen gelassen. Zusätzlich wurden, als Kontrolle für mögliche Abweichungen der Analysen, zwei alte DNA-Proben aus den Kantonen Bern und Aarau aus Krieg et al. (2016) amplifiziert.

Tab. 5: Aufteilung der PCR auf die drei Multiplex Assays.

Lokus	Repetitive Motive	Grösse [bp]	Fluoreszenz Molekül [5'-FOR]	Multiplex Set
AT43	(AAAC) ₅ ...(AC) ₁₅	111-115	FAM	1
Ap6	(TG) ₇ GGGT(TG) ₈ GG(TG) ₄₀ TT(TG) ₉ TT(TG) ₇ CA(TG) ₃	345-363	Atto565	1
Aas6	(GA) ₂₆	170-172	Atto550	1
Aitali5	(ACAS) ₁₅	229-279	FAM	1
Aitali7	((GTCT) ₃ GT) ₂ N ₄₇ (GTCT) ₃ N ₁₀	379-385	Atto532	1
Aas3040	(TA) ₂₀	216-220	FAM	2
Aitali8	(ACAG) ₃ ATAGG(CAGM) ₁₇	191-203	Atto565	2
Aitali11	(GACA) ₁₁	186-187	Atto550	2
AT37	(TAACC) ₁₂	228-223	Atto532	2
Aas5	(GA) ₄₆	446-470	FAM	2
Ap3	(CA) ₂₅	156	FAM	3
Ap2	(CA) ₃₁	185-193	Atto532	3
Aitali1	(CA) ₁₂	194-202	Atto565	3

2.3.4 Populationsstudie

Für die Populationsstudie wurden die Genotypen der Dohlenkrebse der Region Nordwestschweiz aus dem Projekt «Massnahmen zum Erhalt der Dohlenkrebs-Genpool-Standorte «Bubendorf», «Lützel», «Pampigny-Apples-Yens», «Coisins», «Courgenay-Cornol-Miécourt» sowie genetische Charakterisierung der Populationen» (Krieg et al., 2016) mitanalysiert (Tab. 14 im Anhang S. 31).

2.3.5 Daten Auswertung

Die Allele wurden mit der Software GeneMarker v2.6.4 erkannt, zugeordnet und mithilfe des Programms Genepop v4.2 (Rousset 2008) analysiert. Im Rahmen des Projektes wurde die beobachtete (H_O) und erwartete Heterozygotie (H_E) innerhalb der verschiedenen Populationen sowie die Allel Frequenzen ermittelt. Das Hardy-Weinberg-Gleichgewicht und das Kopplungs-Ungleichgewicht wurden ebenso für jeden Locus und jede Population bestimmt und die genetische Differenzierung durch F Statistik (F_{ST} und F_{IS} - Werte) berechnet. Die F_{ST} Werte der verschiedenen Populationen wurden mit Hilfe des exakten Fisher-Wahrscheinlichkeitstests miteinander verglichen.

3. Resultate

3.1 DNA Extraktion

Die Grösse der Pleopoden war sehr unterschiedlich, was vor allem durch die Grösse bzw. das Alter der Individuen bedingt ist. Für die Untersuchung war die DNA Ausbeute jedoch bei allen beprobten Dohlenkrebse ausreichend. Die extrahierte DNA Menge variierte zwischen Mengen unterhalb der Detektionsgrenze des Spektrophotometers (z.B. Caum_4 mit Messwerten < 0) und 24 µg (Old_14). Eine Auflistung aller Proben findet sich im Anhang auf Seite 23 (Tab. 13).

3.2 Multiplex Reaktion

Die Abb. 2 zeigt als Beispiel eines Elektropherogrammes, die Multiplex Reaktionen der Proben aus dem Caumasee (Caum1) .

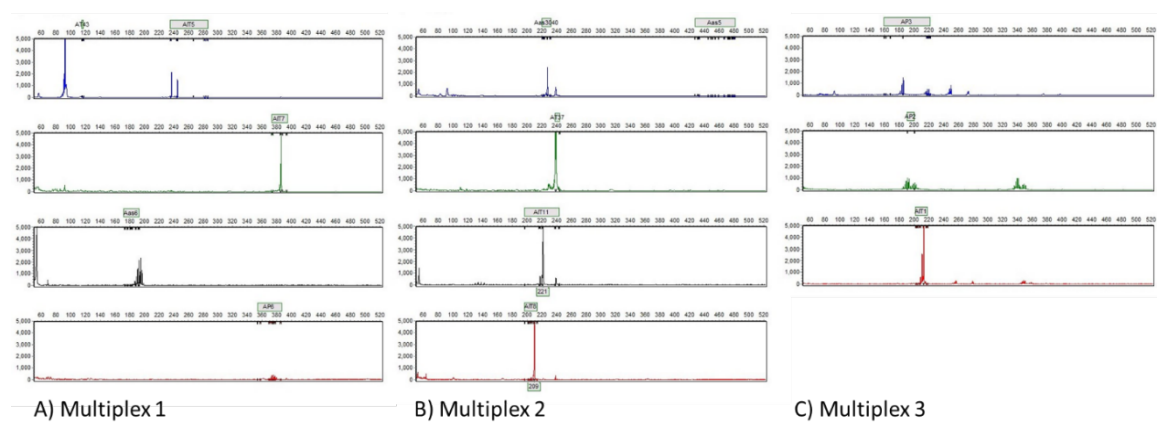


Abb. 2: Elektropherogramme der Multiplex-Reaktion der Caumasee Probe (Template DNA: Caum1): A) Multiplex 1 (Loki: AT43, Aitali5, AP6, Aas6, Aitali7); B) Multiplex 2 (Loki: Aas3040, Aas5, Aitali8, Aitali11, AT37) und C) Multiplex 3 (AP3, AP2, Aitali1).

3.2.1 Peak Scoring

Wie bei der Populationsstudie der Dohlenkrebse der Nordwestschweiz (Krieg et al., 2016) war die Erkennung und Auswertung des Locus AP6 aus technischen Gründen erschwert. Als hoch variabel Motive zeigten die Peaks ein typisches Stotter-Muster (Abb. 3), welches sich über die verschiedenen Populationen nicht konsequent auswerten liess. Leider war es nicht möglich den Locus zu optimieren. Er wurde daher aus der Populationsstudie ausgeschlossen.

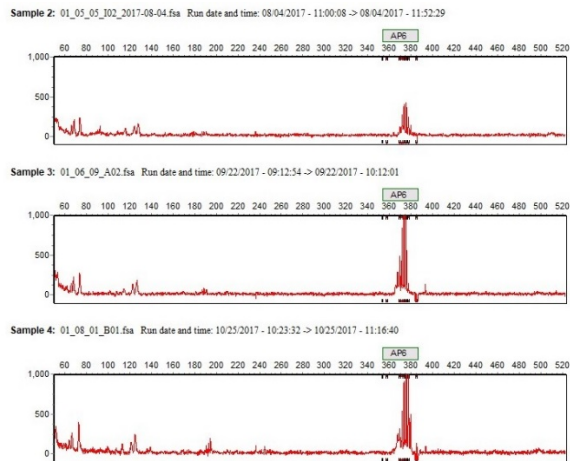


Abb. 3: Elektropherogramme der drei Individuen mit dem Locus AP6 (Sample 2=Caum2, Sample 3=Par4 und Sample 4=LaGr18).

Zudem trat am Anfang dieser Studie ein technisches Problem beim Locus AT43 auf. Aus bisher nicht geklärten Gründen, welche auch mit Hilfe der Firma Ecogenics nicht eruiert werden konnten, funktionierte der Nachweis dieses Mikrosatelliten sowohl bei den DNA-Proben aus der Nordwestschweiz (Krieg et al., 2016) wie auch bei den neuen DNA Proben aus Graubünden nicht mehr. Von den dreizehn in der Nordwestschweiz untersuchten Populationen (Krieg et al., 2016) zeigte sich dieser Locus nur in einer Population (Le Boiron, Kanton Waadt) als polymorph. Aus zeitlichen Gründen wurde auf eine weitere Untersuchung der Ursache verzichtet.

Der Locus Aas5 konnte bei keinem der in Graubünden beprobten Dohlenkrebse detektiert werden. Um einen technischen Fehler auszuschliessen, wurden gleichzeitig zwei alte DNA Samples aus der Region Nordwestschweiz mitanalysiert, welche den genannten Locus aufwiesen (Abb. 4). In diesen Fall handelt es sich um Null Allele, welche in der Analyse miteinbezogen wurden, um die Differenzierung zwischen den Kantonen zu bestätigen. Die Analyse wurde daher mit 10 (ohne AT43, AP6 und Aas5) für Graubünden und 11 Loci (ohne AT43 und AP6) für die Nordwestschweiz durchgeführt.

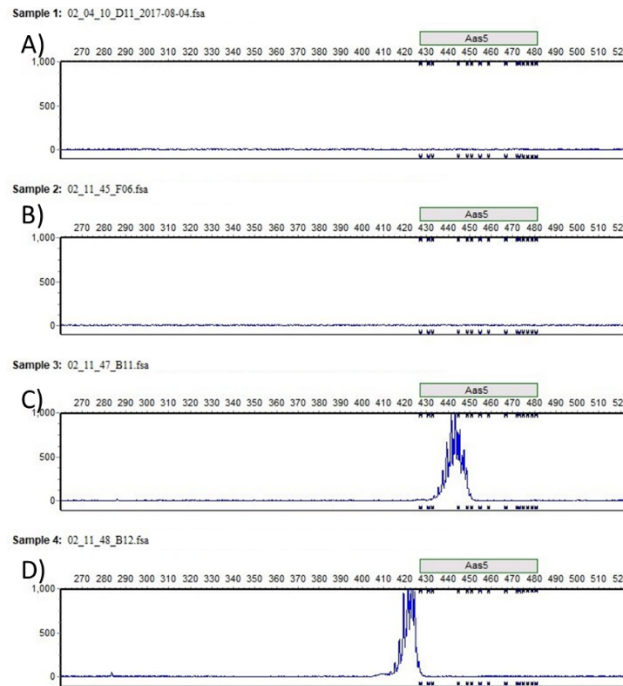


Abb. 4: Locus Aas 5 von zwei Dohlenkrebsen aus Graubünden (A) Sample 1=Cas3 und B) Sample 2= Bon3) und zwei Proben aus der Region Nordwestschweiz (C) Sample 3= LeJonc13 und D) Sample 4= Melch10).

Das Peak Scoring der jeweiligen Negativkontrolle und der zwei alten DNA-Proben sind in Tab. 15 im Anhang auf Seite 38 ersichtlich. Bei den zwei Negativkontrollen wurden von der Software vereinzelte Peaks erkannt. Diese waren aber aufgrund ihrer Höhe vernachlässigbar bzw. die Intensität des Signals der Kontrolle war im Vergleich zu den DNA-Proben eher gering. Die DNA-Proben aus der Nordwestschweiz zeigten ähnliche Abweichungen zu denen des Kantons Graubünden. Diese sind jedoch statistisch nicht relevant.

3.3 Populationsstudie

Neben den 295 Tieren von 15 Probestellen aus dem Kanton Graubünden wurden die Peaks der 12 Population der Region Nordwestschweiz (Krieg et al., 2016) bei der Analyse ebenfalls miteinbezogen (Details Tab. 14 im Anhang auf Seite 31).

Die Allel Frequenz der unterschiedlichen Populationen (p und q , Tab. 6, Kapitel 3.3.1) sowie die beobachtete Heterozygotie H_o (Verhältnis an beprobten, heterozygoten Individuen) und erwartete Heterozygotie H_E (Tab. 7, Kapitel 3.3.2) wurden mit dem Mikrosatelliten Excel Toolkit ermittelt:

$$H_E = 1 - \sum p_i^2 \quad (i = 1 \rightarrow n \text{ Allele})$$

p = Frequenz des Allels A

Das Hardy-Weinberg Gleichgewicht wurde mit dem Genepop v4.2 Tool überprüft. Das Hardy-Weinberg Gleichgewicht stellt die Null-Hypothese dar. Sie zeigt auf, ob sich Individuen einer Population nicht-zufällig paaren und nicht-zufällig migrieren oder selektionieren:

$$HWE = p^2 + 2qp + q^2 = 1$$

p und q entsprechen der Frequenz des Allels A und a

Das HWE wurde für jeden Locus und jede Population überprüft und die genetische Differenzierung durch die F-Statistik beschrieben.

$$F_{IS} = \frac{(H_S - H_I)}{H_S}$$

$$F_{ST} = \frac{H_T - H_S}{H_T}$$

H_I = Mittelwert der H_O über alle Population Fragmente

H_S = Mittelwert von H_E über alle Populationen

H_T = gleich wie H_E in einer bestimmte Population

Die Abweichungen der H_E, F_{IS}, F_{ST} Werte zur alten Populationsstudie der Nordwestschweiz sind auf den Verzicht des Locus AT43 bei der gegenwärtigen Analyse zurückzuführen.

3.3.1 Allelfrequenz

Die Allel-Frequenzen der verschiedenen Loci innerhalb der einzelnen Populationen im Kanton Graubünden und der Nordwestschweiz sind in Tab. 6 zusammengefasst. Die Populationen der zwei Regionen differenzieren sich stark. Eine eindeutige Unterscheidung sieht man beim Locus AT37, wobei sich dieser innerhalb des Kantons Graubünden im Gegensatz zur Nordwestschweiz monomorph verhält (ausser bei der Population Orvin). Auf der anderen Seite verhielt sich der Locus Aas3040 in der Nordwestschweiz (ausser bei LeBoir) hauptsächlich monomorph und im Kanton Graubünden polymorph. Wie oben erwähnt, konnte der Locus Aas5 in den Populationen von Graubünden nicht amplifiziert werden. Der Locus wurde daher als Null Allel betrachtet.

Die Loci AP3 und AIT1 schienen in beiden Regionen stark differenziert zu sein, da wenig bis keine gemeinsamen Allele in den Regionen gefunden wurden. Die Verteilung dieses Allels benötigt daher eine vertiefte Studie, wobei andere Regionen miteinbezogen werden müssten, um eines der Allele statistisch zu bestärken bzw. verwerfen zu können.

Im Gegensatz dazu war innerhalb der Studie in der Nordwestschweiz das Hardy-Weinberg Gleichgewicht bei zwei Loci verletzt: «das Ungleichgewicht des Locus AIT5 ($X^2 = 13.28$, $Df = 4$, $prob = 0.009$), welches sich generell monomorph verhielt, ist vermutlich auf die niedrige Heterozygotie des Allels 244 zurückzuführen, welches innerhalb der Population LeBoir nur einmal in Kombination mit Allel 285 vorkommt, während des Homozygote Allel 244 auch vorkommt. Beim Locus Aas5 ($X^2 = 49.5$, $Df = 24$, $prob = 0.0016$) ist das Ungleichgewicht vermutlich Aufgrund der Populationen Le Boir und Riedbächli aufgetreten» (Krieg et al., 2016).

Tab. 7: Heterozygotie der verschiedenen Populationen. 532 Dohlenkrebse (*A. pallipes*) ($N = 237$, Nordwestschweiz und $N = 295$ Graubünden) von 27 verschiedene Standorten (15 GR, 3 BL, 3 JU, 2 BE, 2 AG, 2 VD) aus den Jahren 2015, 2016 und 2017.

Population	Kanton	N	Loci	H_E	H_O	SD H_E	SD H_O
Caumasee	GR	20	10	0.2769	0.2355	0.0809	0.0325
Ilanz	GR	20	10	0.3627	0.3624	0.0836	0.0342
Crestasee	GR	20	10	0.2940	0.3113	0.0638	0.0330
Grüsch	GR	20	10	0.2642	0.2065	0.0829	0.0311
Cazis	GR	20	10	0.3181	0.2909	0.0906	0.0332
Mulin	GR	20	10	0.2171	0.2067	0.0706	0.0292
Bonaduz	GR	20	10	0.3046	0.2459	0.0751	0.0313
Farschlein	GR	20	10	0.3614	0.3511	0.0624	0.0351
Domleschg	GR	20	10	0.2540	0.2250	0.0766	0.0303
Caluori	GR	20	10	0.1221	0.1200	0.0501	0.0230
Grond	GR	20	10	0.2994	0.3050	0.0640	0.0336
Oberst	GR	20	10	0.3920	0.3717	0.0694	0.0347
Zizers	GR	20	10	0.2091	0.2250	0.0647	0.0306
Canovasee	GR	20	10	0.2091	0.2350	0.0507	0.0314
Oldis	GR	15	10	0.1314	0.1097	0.0593	0.0259
Bennwilerbach	BL	18	11	0.1938	0.2225	0.0666	0.0297
Riedmattbach	BL	15	11	0.1748	0.1515	0.0743	0.0287
Homburgerbach	BL	22	11	0.2316	0.2147	0.0644	0.0266
Les Aingles	JU	23	11	0.3131	0.3453	0.0692	0.0318
Le Jonc	JU	20	11	0.3039	0.2823	0.0701	0.0318
Bonfol	JU	18	11	0.2513	0.2414	0.0689	0.0309
Melchnau	BE	20	11	0.2203	0.2292	0.0574	0.0289
Orvin	BE	17	11	0.1118	0.1096	0.0615	0.0229
Zeiberbach	AG	20	11	0.3509	0.3185	0.0699	0.0325
Staffeleggbach	AG	22	11	0.2835	0.2601	0.0682	0.0288
Le Boir	VD	22	11	0.4190	0.3529	0.0666	0.0311
La Brine	VD	20	11	0.2526	0.2775	0.0544	0.0305

3.3.3 Kopplungsgleichgewicht

Die Überprüfung des Kopplungs-Ungleichgewichts zeigt, ob die Abweichungen des HWE auf die Kopplung eines gewissen Loci zurückzuführen ist. Sind zwei Loci gekoppelt, wurden diese somit nicht unabhängig vererbt. Dies würde die Variabilität innerhalb der Population erniedrigen und die Annahme des HWE verletzen. Wenn die Loci für alle Populationen zusammen betrachtet werden, sowie wenn die Populationen verglichen werden, scheint keiner der Loci abhängig vererbt zu sein ($p > 0.05$).

3.3.4 F-Statistik und genetische Differenzierung

Der Inzuchtindex F_{IS} innerhalb der verglichenen Schweizer Populationen (Tab. 8) liegt zwischen -0.1534 (Bennoberh, BL) und 0.2147 (Gru, GR). Starke Variationen von 0 wurden in keiner Population festgestellt, was gegen Inzucht und für eine messbare Variabilität spricht.

Tab. 8: Inzuchtindex innerhalb der Populationen (für eine Population ist $F_{IS} = (H_E - H_O) / H_E$).

Population	Kanton	F_{IS}
Caumasee	GR	0.1545
Ilanz	GR	0.0014
Crestasee	GR	-0.0584
Grüsch	GR	0.2147
Cazis	GR	0.0842
Mulin	GR	0.0337
Bonaduz	GR	0.1821
Farschlein	GR	0.0267
Domleschg	GR	0.1167
Caluori	GR	0.0172
Grond	GR	-0.0193
Oberst	GR	0.046
Zizers	GR	-0.0782
Canovasee	GR	-0.1275
Oldis	GR	0.1657

Population	Kanton	F_{IS}
Bennwilerbach	BL	-0.1534
Riedmattbach	BL	0.1400
Homburgerbach	BL	0.0763
Les Aingles	JU	-0.0832
Le Jonc	JU	0.0769
Bonfol	JU	0.0453
Melchnau	BE	-0.0416
Orvin	BE	0.0174
Zeiherrbach	AG	0.0983
Staffeleggbach	AG	0.0736

Um die Fragmentierung der Populationen und somit die genetische Differenzierung zwischen Populationen zu testen, wurden die F_{ST} -Werte berechnet. Diese Art Analyse dient dazu, zu erkennen ob eine Population im Vergleich zu einer anderen genetisch kaum ($F_{ST} \sim 0$) oder stark differenziert ($F_{ST} \sim 1$) ist. Maximalwerte sind selten oberhalb von 0.5. Die F_{ST} -Werte zwischen den untersuchten Populationen im Kanton Graubünden sind in Tab. 9 zusammengefasst.

Tab. 9: Genetische Differenzierung der Populationen im Kanton Graubünden (F_{ST}-Werte) Stärkste Differenzierung: Caluori und Canovasee F_{ST} = 0.5171 (blau), tiefste: Grond und Oberst F_{ST} = 0.0142 (gelb).

	Caumasee	Ilanz	Crestasee	Grüsch	Cazis	Mulin	Bonaduz	Farschlein	Domleschg	Caluori	Grond	Oberst	Zizers	Canovasee
Ilanz	0.1735													
Crestasee	0.1644	0.1275												
Grüsch	0.2431	0.2594	0.2719											
Cazis	0.3322	0.2522	0.2479	0.2506										
Mulin	0.3105	0.2917	0.3702	0.3777	0.3431									
Bonaduz	0.2782	0.1877	0.1263	0.2550	0.1097	0.4449								
Farschlein	0.2308	0.0495	0.1249	0.2242	0.2122	0.3125	0.1439							
Domleschg	0.4551	0.3787	0.3901	0.3938	0.0952	0.4598	0.2497	0.3513						
Caluori	0.3759	0.3531	0.3754	0.3380	0.3449	0.3197	0.4080	0.3672	0.5161					
Grond	0.2935	0.2184	0.2160	0.2004	0.1315	0.2063	0.2020	0.1559	0.2896	0.1636				
Oberst	0.2568	0.1742	0.1967	0.1553	0.1463	0.2032	0.1920	0.1121	0.2669	0.1904	0.0142			
Zizers	0.2875	0.2843	0.2845	0.2069	0.2413	0.2627	0.2956	0.2751	0.4122	0.0321	0.0702	0.0989		
Canovasee	0.4482	0.3636	0.3648	0.4505	0.1755	0.3534	0.3184	0.2837	0.2524	0.5171	0.2211	0.2527	0.4082	
Oldis	0.3512	0.3146	0.3323	0.2715	0.3002	0.3450	0.3607	0.3212	0.5017	0.0185	0.1454	0.1663	0.0550	0.5037

Alle Populationen innerhalb des Kantons Graubünden unterschieden sich signifikant ($p < 0.05$). Die genetische Differenzierung (F_{ST}) zwischen Caluori und Canovasee war am ausgeprägten (F_{ST} = 0.5171), während die Populationen von Grond und Oberst am ähnlichsten waren (F_{ST} = 0.0142).

Vergleicht man die Allelfrequenzen beider Regionen miteinander, ist deren Differenzierung sehr hoch. Die in Tab. 10 bestimmten F_{ST}-Werte zeigen deutliche Differenzierungen zwischen Graubünden und der Nordwestschweiz mit Werten grösser als 0.6. Diese schwächen die Aussagekraft der statistischen Daten etwas ab. F_{ST}-Werte grösser als 0.5 bis 0.6 sind daher mit Vorsicht zu betrachten. So kann nicht gesagt werden, dass einzelne Nordwestschweizer Populationen im direkten Vergleich mit solchen aus Graubünden stärker differenziert sind als innerhalb der beiden Regionen. Dies kann jedoch aufgrund der geografischen Distanz stark angenommen werden.

Tab. 10: Genetische Differenzierung der Populationen. F_{ST} Werte zwischen den verschiedenen Populationen des Kantons Graubünden und der Region Nordwestschweiz.

	Caum	Ilanz	Cresta	Grüsch	Cazis	Mulin	Bona	Fars	Domle	Caluo	Gron	Ober	Zze	Cano	Oldis	Benn	Ried	Humb	LesAl	LeJo	Bonfo	Melch	Orvin	Zeithe	Staff	LeBo	
Ilanz	0.1735																										
Cresta	0.1844	0.1275																									
Grüsch	0.2732	0.2777	0.2878																								
Cazis	0.3322	0.2522	0.2479	0.2597																							
Mulin	0.3105	0.2917	0.3702	0.3892	0.3431																						
Bonaduz	0.2851	0.1897	0.1230	0.3130	0.1455	0.4678																					
Farschlein	0.2377	0.0451	0.1201	0.2750	0.2453	0.3419	0.1571																				
Domleschg	0.4551	0.3767	0.3901	0.4045	0.0952	0.4598	0.2798	0.3798																			
Caluori	0.3759	0.3531	0.3754	0.3530	0.3449	0.3197	0.4419	0.4039	0.5161																		
Gron	0.2935	0.2184	0.2160	0.2092	0.1315	0.2063	0.2325	0.1904	0.2896	0.1636																	
Oberst	0.2568	0.1742	0.1967	0.1622	0.1463	0.2032	0.2204	0.1449	0.2669	0.1904	0.0142																
Zizers	0.2875	0.2843	0.2845	0.2177	0.2413	0.2627	0.3283	0.3102	0.4122	0.0321	0.0702	0.0989															
Cano	0.4482	0.3636	0.3648	0.4616	0.1755	0.3534	0.3439	0.3135	0.2524	0.5171	0.2211	0.2527	0.4082														
Oldis	0.3512	0.3146	0.3323	0.2853	0.3002	0.3450	0.3992	0.3611	0.5017	0.0185	0.1454	0.1663	0.0550	0.5037													
Benn	0.7486	0.7054	0.7411	0.7546	0.7075	0.7964	0.7379	0.7093	0.7448	0.8446	0.7276	0.6741	0.7863	0.7772	0.8329												
Ried	0.7703	0.7202	0.7596	0.7817	0.7291	0.8156	0.7565	0.7269	0.7692	0.8648	0.7463	0.6880	0.8027	0.8001	0.8561	0.0777											
Homburgerb.	0.7285	0.6820	0.7143	0.7319	0.6815	0.7771	0.7080	0.6728	0.7225	0.8205	0.6981	0.6454	0.7627	0.7431	0.8054	0.2213	0.2958										
Les Angles	0.6450	0.5926	0.6251	0.6805	0.6283	0.7153	0.6326	0.6015	0.6654	0.7631	0.6462	0.5920	0.7039	0.6960	0.7450	0.3163	0.3154	0.3702									
Le Junc	0.6690	0.6155	0.6492	0.6927	0.6395	0.7319	0.6511	0.6142	0.6807	0.7792	0.6542	0.5999	0.7174	0.7014	0.7602	0.2067	0.2053	0.1614	0.1426								
Bonfol	0.7096	0.6666	0.7036	0.7223	0.6701	0.7625	0.7003	0.6704	0.7111	0.8124	0.6923	0.6345	0.7515	0.7439	0.7964	0.0877	0.0870	0.2139	0.1880	0.1037							
Melchnau	0.7238	0.6692	0.7026	0.7209	0.6778	0.7689	0.6952	0.6548	0.7198	0.8077	0.6813	0.6293	0.7471	0.7334	0.7897	0.4997	0.5532	0.3166	0.4902	0.4125	0.4854						
Orvin	0.7998	0.7439	0.7856	0.8070	0.7589	0.8418	0.7839	0.7528	0.7980	0.8874	0.7689	0.7103	0.8277	0.8330	0.8848	0.3794	0.3371	0.3831	0.3363	0.2547	0.1818	0.6176					
Zeiberbach	0.6739	0.6243	0.6587	0.6658	0.6296	0.7215	0.6510	0.6126	0.6721	0.7612	0.6343	0.5831	0.6970	0.6871	0.7366	0.2790	0.2837	0.2361	0.3094	0.2123	0.2563	0.1835	0.3897				
Staffellegg	0.7019	0.6547	0.6860	0.7075	0.6551	0.7525	0.6787	0.6417	0.6970	0.7953	0.6700	0.6178	0.7365	0.7125	0.7769	0.2203	0.2802	0.0767	0.3215	0.1351	0.2068	0.2944	0.4128	0.1522			
Le Boir	0.6091	0.5669	0.6023	0.5974	0.5661	0.6646	0.5945	0.5604	0.6141	0.7002	0.5785	0.5266	0.6380	0.6391	0.6694	0.1568	0.1704	0.1685	0.2040	0.1329	0.1290	0.2145	0.2285	0.0477	0.1327		
La Brine	0.7235	0.6827	0.7161	0.7362	0.6854	0.7710	0.7125	0.6846	0.7224	0.8145	0.7047	0.6528	0.7567	0.7426	0.7997	0.2044	0.1793	0.2913	0.3544	0.2328	0.1997	0.4694	0.4233	0.2244	0.1997		

Die Mittelwerte der F_{ST} -Werte (Abb. 5), müssen mit Vorsicht betrachtet werden, da eine akkurate Beurteilung der Differenzierung zwischen einzelnen Populationen aussagekräftiger ist als die gesamte Übersicht. Es ist jedoch klar zu erkennen, wie stark die F_{ST} -Werte des Kantons Graubünden von denen der Region Nordwestschweiz abweichen.

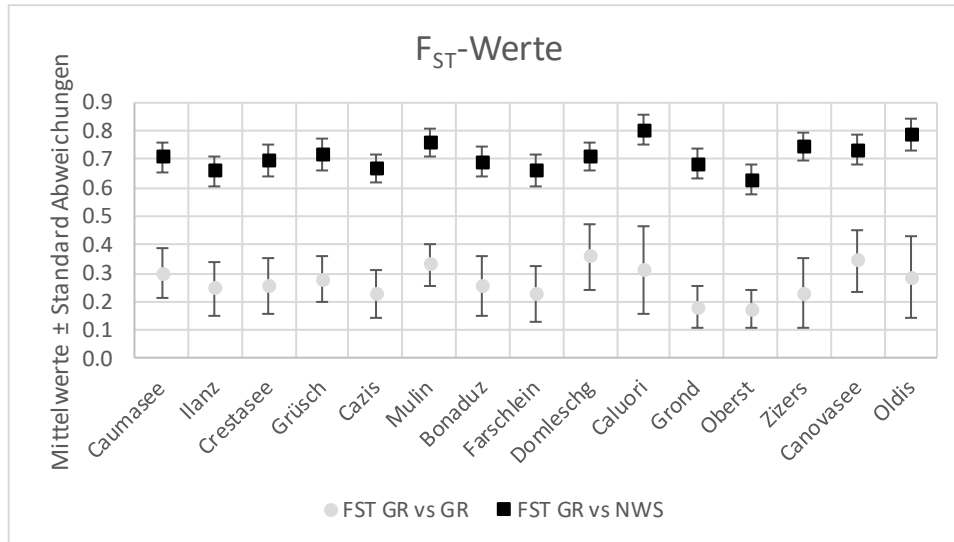


Abb. 5: Mittelwerte und Standardabweichungen der F_{ST} -Werte. Mittelwerte mit Fehlerbalken innerhalb des Kantons Graubünden (graue Kreise), Mittelwerte mit Fehlerbalken der Differenzierung jeder Population im Kanton Graubünden zur Nordwestschweiz (schwarze Vierecke).

4. Diskussion

4.1 Laboruntersuchung

Die dreizehn Loci, welche in drei Multiplex PCR amplifiziert wurden, eignen sich für Populationsstudien von *Austropotamobius pallipes*. Technische Optimierungen der Reaktionen sind dennoch notwendig (z.B. Locus Ap6, welcher für diese Studie aus der Analyse ausgeschlossen wurde). Keine der untersuchten Loci verhielt sich über alle Populationen monomorph, obwohl sie in einzelnen Fällen eine geringe Variabilität zeigten (Tab. 6).

Ein direkter Vergleich der genetischen Variabilität der Populationen des Graubündens und der Nordwestschweiz ist aufgrund der starken Differenzierung nicht möglich.

4.2 Genetische Differenzierung

Die Population Mulin unterscheiden sich genetisch stärker zu Farschlein und Ilanz als diese untereinander (Abb. 6). Es besteht die Möglichkeit, dass in der Vergangenheit Krebse zwischen Ilanz und Farschlein umgesetzt wurden.

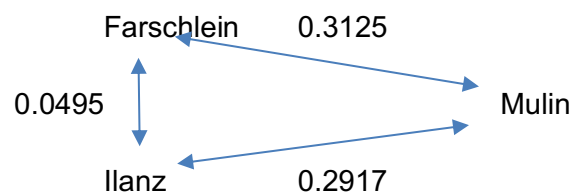


Abb. 6: F_{ST} -Werte zwischen den Populationen Ilanz, Mulin und Farschlein.

Die nahe gelegenen Populationen Grond und Oberst sind genetisch sehr nahe miteinander verwandt ($F_{ST} = 0.0142$). Es kann angenommen werden, dass diese Vorkommen die gleichen Vorfahren bzw. den gleichen genetischen Ursprung haben. Auch die Populationen des Cresta- und des Caumasees zeigen grössere genetische Ähnlichkeiten ($F_{ST} = 0.1644$).

Bei den Populationen Cazis, Domleschg und Canovasee zeigt sich, dass sich die Population Cazis und Domleschg genetisch ähnlicher sind als beide zum Canovasee (Abb. 7).

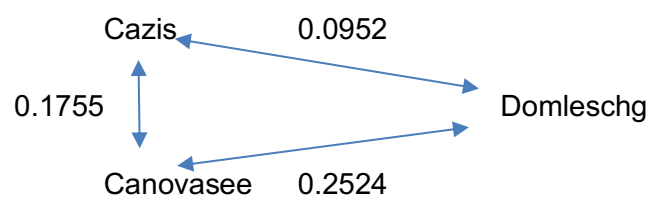


Abb. 7: F_{ST} -Werte zwischen den Populationen Cazis, Domleschg und Canovasee.

Die Populationen Oldis, Caluori und Zizers sind genetisch wenig differenziert (Abb. 8).

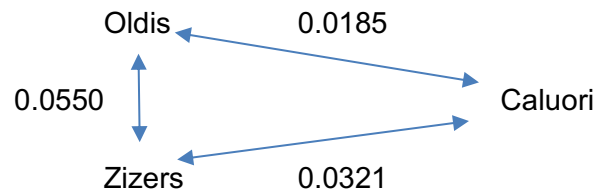


Abb. 8: F_{ST} -Werte zwischen den Populationen Oldis, Caluori und Zizers.

Die Population in Grösch ist genetisch der aus Oberst und Grond am nächsten. Dies könnte auf Besatzmassnahmen hinweisen.

Geht man davon aus, dass die Populationen Ilanz und Grösch aus der Po-Ebene eingeführt wurden, zeigt sich welche Vorkommen ebenfalls am ehesten von dort bzw. aus den Populationen Ilanz und Grösch stammen. Ilanz zeigt wenig genetische Differenzierung zu Farschlein ($F_{ST} = 0.0495$), Crestasee ($F_{ST} = 0.1249$) und Oberst ($F_{ST} = 0.1121$) bzw. Grösch zu Oberst ($F_{ST} = 0.1553$) und Grond ($F_{ST} = 0.2004$).

Es unterscheiden sich alle genetisch untersuchten Populationen signifikant. Dies kann darauf zurückgeführt werden, dass auch im gleichen Einzugsgebiet aufgrund der geringen artspezifischen Ausbreitungstendenzen sowie natürlichen und künstlichen Barrieren wenig genetischer Austausch stattfindet (Vorburger & Alder, 2017).

4.3 Managementvorschläge

Die Population von Oberst, Ilanz und Farschlein zeigten die höchste genetische Variabilität mit einem H_E von 0.3920 bzw. 0.3627 und 0.3614. Für einen Neubesatz sind diese aufgrund der zu erwartenden besseren Anpassungsfähigkeit vorzuziehen. Somit benötigen die Populationen einen besonderen Schutz. Ilanz gehört bereits zu einem Genpoolstandort (Strada). Wenn man die Standorte Farschlein und Oberst ebenfalls dazu zählt, gebührt auch diesen bereits der richtige Status. Weitere unterstützende Massnahmen sind die Verminderung der Prädation durch Raubfische durch ein Besatzverbot oder gezieltes Abfischen von Hechten und Barschen. Die Gewässer dürfen nicht verlanden und sollen angemessen beschattet werden, um einen zu hohen Temperaturanstieg im Sommer zu vermeiden.

Die Population im Caluori Baggersee hingegen wies im Vergleich eine geringe Variabilität auf ($H_E=0.1221$). Ein Besatz mit diesem Genmaterial kann nur unter der Argumentation des Erhalts spezieller lokaler Anpassungen gerechtfertigt werden und sollte nicht prioritär sein.

Dasselbe gilt für die Population Oldis ($H_E=0.1314$) und in geringem vernachlässigbarem Masse für Zizers ($H_E=0.2091$), Mulin ($H_E=0.2171$) und Canovasee ($H_E=0.2091$).

Vergleicht man alle Populationen miteinander, unterscheidet sich die Population von Caluori am meisten von der aus dem Canovasee (F_{ST} Wert 0.5171). Somit sollte man die Populationen auf keinen Fall mischen bzw. keine Umsiedlungen bzw. Ansiedlungen in die jeweiligen Einzugsgebiete stattfinden. Es sollten auch keine Tiere von einem dieser Standorte für einen Wiederbesatz nach einem Verschwinden im Anderen verwendet werden.

Hingegen ist dies zum Beispiel bei den Populationen Grond und Oberst aus genetischer Sicht weniger gravierend, da sich die Populationen sehr ähnlich sind und früher ein genetischer Austausch stattfand oder Tiere von dem einen in das andere Gewässer umgesetzt wurden.

In Tab. 11 wurden die einzelnen Standorte gemäss F_{IS} - bzw. H_E -Wert sortiert.

Tab. 11: Auflistung der F_{IS} - und H_E -Werte nach Rang.

Rang	Population	F_{IS} -Wert
1	Grüsch	0.2147
2	Bonaduz	0.1821
3	Oldis	0.1657
4	Caumasee	0.1545
5	Canovasee	-0.1275
6	Domleschg	0.1167
7	Cazis	0.0842
8	Zizers	-0.0782
9	Crestasee	-0.0584
10	Oberst	0.0460
11	Mulin	0.0337
12	Farschlein	0.0267
13	Grond	-0.0193
14	Caluori	0.0172
15	Ilanz	0.0014

Rang	Population	H_E
1	Oberst	0.3920
2	Ilanz	0.3627
3	Farschlein	0.3614
4	Cazis	0.3181
5	Bonaduz	0.3046
6	Grond	0.2994
7	Crestasee	0.2940
8	Grüsch	0.2791
9	Caumasee	0.2769
10	Domleschg	0.2540
11	Mulin	0.2171
12	Canovasee	0.2091
13	Zizers	0.2091
14	Oldis	0.1314
15	Caluori	0.1221

5. Quellen

- Balloux F., Lugon-Moulin N., 2002. The estimation of population differentiation with microsatellite markers, *Molecular Ecology*, 11: 155-165.
- Baric S., Höllrigl A., Flüreder L., Dalla Via J., 2005. Mitochondrial and microsatellite DNA analyses of *Austropotamobius pallipes* populations in South Tyrol (Italy) and Tyrol (Austria), *Bull. Fr. Pêche Piscic.*, 376-377: S. 599-612.
- Bärlocher F., 1999. *Biostatistik*, Thieme Verlag: 224 S.
- Frankham, R., Ballou, J., Briscoe, D., & McInnes, K., 2004. *A Primer of Conservation Genetics*. Cambridge: Cambridge University Press. 236 S.
- Gouin N., Grandjean F., Souty-Grosset C., 2001. Characterization of microsatellite loci in the endangered freshwater crayfish *Austropotamobius pallipes* (Astacidae) and their potential use in other decapods, *Molecular Ecology*, 9: S. 629-644.
- Gouin N., Souty-Grosset C., Ropiquet A., Grandjean F., 2002. High dispersal ability of *Austropotamobius pallipes* revealed by microsatellite markers in a French brook, *Bull. Fr. Pêche Piscic.*, 367: S. 681-689.
- Krieg, R., Weston, A., & Zenker, A., 2016. Massnahmen zum Erhalt der Dohlenkrebs-Genpool-Standorte «Bubendorf», «Lützel», «Pampigny-Apples-Yens», «Coisins», «Courgenay-Cornol-Miécourt» sowie genetische Charakterisierung der Populationen. *Enbericht*, 64 S.
- Iorgu E. I., Popa O. P., Petrescu A.-M., Popa L. O., 2011. Cross-amplification of microsatellite loci in the endangered stone-crayfish *Austropotamobius torrentium* (Crustacea: Decapoda), *Knowl Managt Aquatic Ecosyst*, 401: 8 S.
- Pedraza-Lara C., Gonzalez E.G., Bloor P., Doadrio I., 2011. Isolation and characterization of novel polymorphic microsatellite loci for the white-clawed crayfish, *Mol Ecol Res*, 11(3): S. 586-589.
- Stucki, P., & Zaugg, B., 2011. *Aktionsplan Flusskrebse Schweiz. Artenförderung von Edelkrebs, Dohlenkrebs Und Steinkrebs*. Bundesamt Für Umwelt, Bern. Umwelt-Vollzug Nr. 1104: 61 S.
- Vorburger C., Rhyner N., Hartikainen H., Jokela J., 2014. A set of new and cross-amplifying microsatellite loci for conservation genetics of the endangered stone crayfish (*Austropotamobius torrentium*), *Conservation Genetics Resources*, 6(3): S. 629-631.

Vorbürger, C., & Alder, L. 2017. Die genetische Populationsstruktur des Steinkrebses (*Austropotamobius torrentium*) in der Region des Tannenbergs, Kanton St. Gallen: eawag aquatic research: 8 S.

Ziegler A., König I.R., 2006. A statistical approach to genetic epidemiology, WILEY-VCH Verlag: 361 S.

6. Anhang

Tab. 12: Informationen zu Probenahmestandorten.

Nr.	Bezeichnung Standort	Gewässername	Datum Probenahme	Koordinaten	
				X	Y
1	Ilanz	Krebsengraben	11.01.2017	733867	181829
2	Mulin	bei Castrisch	11.01.2017	736413	181547
3	Farschlein	bei Kieswerk Schluhein	11.01.2017	736705	182624
4	Oberst	Lag digl Oberst	06.10.2017	738520	184805
5	Grond	Lag Grond	13.09.2017	738157	185813
6	Caumasee	Caumasee	10.04.2017	741590	187038
7	Crestasee	Crestasee	20.04.2017	743609	188438
8	Bonaduz	Bonaduzerbächlein	03.05.2017	748383	186030
9	Cazis	Abzugskanal Realta	27.04.2017	751917	178402
10	Domleschg	Pardislabach	27.07.2017	752064	179775
11	Canovasee	Canovasee	06.10.2017	753795	179247
12	Oldis	Baggersee Oldis	24.04.2017, 25.-29.09.2017	759946	195514
13	Caluori	Baggersee Caluori	04.07.2017	760899	197551
14	Zizers	Zizersergumpen	07.10.2017	761431	199202
15	Grüsch	Krebsgraben in Grüsch	10.04.2017	769049	205306

Tab. 13: Zusätzliche Informationen zu den einzelnen Proben.

Probenahme		Name ID	Konz. (ng/ul)	Datum DNA Extraktion	PCR Platte	
Standort	Datum				Platte ID	Datum PCR
Caumasee	10.4.2017	C1	2.7	Flury Mai 2017	1	20170720
Caumasee	10.4.2017	C2	1.2	Flury Mai 2017	1	20170720
Caumasee	10.4.2017	C3	31.2	Flury Mai 2017	1	20170720
Caumasee	10.4.2017	C4	-0.4	Flury Mai 2017	1	20170720
Caumasee	10.4.2017	C5	0.9	Flury Mai 2017	1	20170720
Caumasee	10.4.2017	C6	0.2	Flury Mai 2017	1	20170720
Caumasee	10.4.2017	C7	3.0	Flury Mai 2017	1	20170720
Caumasee	10.4.2017	C8	4.9	Flury Mai 2017	1	20170720
Caumasee	10.4.2017	C9	1.3	Flury Mai 2017	1	20170720
Caumasee	10.4.2017	C10	17.6	Flury Mai 2017	1	20170720
Caumasee	10.4.2017	C11	31.4	Flury Mai 2017	1	20170720
Caumasee	10.4.2017	C12	35.0	Flury Mai 2017	1	20170720
Caumasee	10.4.2017	C13	16.1	Flury Mai 2017	1	20170720
Caumasee	10.4.2017	C14	23.5	Flury Mai 2017	1	20170720
Caumasee	10.4.2017	C15	6.2	Flury Mai 2017	1	20170720
Caumasee	10.4.2017	C16	12.4	Flury Mai 2017	1	20170720

Probenahme		Name ID	Konz. (ng/ul)	Datum DNA Extraktion	PCR Platte	
Standort	Datum				Platte ID	Datum PCR
Caumasee	10.4.2017	C17	9.3	Flury Mai 2017	1	20170720
Caumasee	10.4.2017	C18	5.5	Flury Mai 2017	1	20170720
Caumasee	10.4.2017	C19	9.6	Flury Mai 2017	1	20170720
Caumasee	10.4.2017	C20	0.1	Flury Mai 2017	1	20170720
Ilanz	11.1.2017	S1	22.3	Flury Mai 2017	1	20170720
Ilanz	11.1.2017	S2	21.0	Flury Mai 2017	1	20170720
Ilanz	11.1.2017	S3	36.5	Flury Mai 2017	1	20170720
Ilanz	11.1.2017	S4	36.9	Flury Mai 2017	1	20170720
Ilanz	11.1.2017	S5	52.6	Flury Mai 2017	1	20170720
Ilanz	11.1.2017	S6	27.6	Flury Mai 2017	1	20170720
Ilanz	11.1.2017	S7	14.0	Flury Mai 2017	1	20170720
Ilanz	11.1.2017	S8	26.7	Flury Mai 2017	1	20170720
Ilanz	11.1.2017	S9	23.8	Flury Mai 2017	1	20170720
Ilanz	11.1.2017	S10	14.6	Flury Mai 2017	1	20170720
Ilanz	11.1.2017	S11	44.5	Flury Mai 2017	1	20170720
Ilanz	11.1.2017	S12	28.9	Flury Mai 2017	2	20170720
Ilanz	11.1.2017	S13	17.9	Flury Mai 2017	2	20170720
Ilanz	11.1.2017	S14	31.3	Flury Mai 2017	2	20170720
Ilanz	11.1.2017	S15	16.4	Flury Mai 2017	2	20170720
Ilanz	11.1.2017	S16	35.4	Flury Mai 2017	2	20170720
Ilanz	11.1.2017	S17	76.5	Flury Mai 2017	2	20170720
Ilanz	11.1.2017	S18	42.1	Flury Mai 2017	2	20170720
Ilanz	11.1.2017	S19	100.3	Flury Mai 2017	2	20170720
Ilanz	11.1.2017	S20	41.4	Flury Mai 2017	2	20170720
Crestasee	20.4.2017	Cr1	15.2	Flury Mai 2017	2	20170720
Crestasee	20.4.2017	Cr2	21.8	Flury Mai 2017	2	20170720
Crestasee	20.4.2017	Cr3	40.5	Flury Mai 2017	2	20170720
Crestasee	20.4.2017	Cr4	35.0	Flury Mai 2017	2	20170720
Crestasee	20.4.2017	Cr5	36.3	Flury Mai 2017	2	20170720
Crestasee	20.4.2017	Cr6	70.0	Flury Mai 2017	2	20170720
Crestasee	20.4.2017	Cr7	49.6	Flury Mai 2017	2	20170720
Crestasee	20.4.2017	Cr8	41.4	Flury Mai 2017	2	20170720
Crestasee	20.4.2017	Cr9	63.4	Flury Mai 2017	2	20170720
Crestasee	20.4.2017	Cr10	32.9	Flury Mai 2017	2	20170720
Crestasee	20.4.2017	Cr11	62.6	Flury Mai 2017	2	20170720
Crestasee	20.4.2017	Cr12	24.4	Flury Mai 2017	2	20170720
Crestasee	20.4.2017	Cr13	61.7	Flury Mai 2017	2	20170720
Crestasee	20.4.2017	Cr14	105.2	Flury Mai 2017	2	20170720

Probenahme		Name ID	Konz. (ng/ul)	Datum DNA Extraktion	PCR Platte	
Standort	Datum				Platte ID	Datum PCR
Crestasee	20.4.2017	Cr15	25.7	Flury Mai 2017	2	20170720
Crestasee	20.4.2017	Cr16	49.7	Flury Mai 2017	2	20170720
Crestasee	20.4.2017	Cr17	106.4	Flury Mai 2017	2	20170720
Crestasee	20.4.2017	Cr18	59.1	Flury Mai 2017	2	20170720
Crestasee	20.4.2017	Cr19	36.5	Flury Mai 2017	2	20170720
Crestasee	20.4.2017	Cr20	90.6	Flury Mai 2017	2	20170720
Grüsch	10.4.2017	G1	72.7	Flury Mai 2017	2	20170720
Grüsch	10.4.2017	G2	65.2	Flury Mai 2017	2	20170720
Grüsch	10.4.2017	G3	80.0	Flury Mai 2017	10	20171031
Grüsch	10.4.2017	G4	35.1	Flury Mai 2017	10	20171031
Grüsch	10.4.2017	G5	59.3	Flury Mai 2017	10	20171031
Grüsch	10.4.2017	G6	46.5	Flury Mai 2017	10	20171031
Grüsch	10.4.2017	G7	34.9	Flury Mai 2017	10	20171031
Grüsch	10.4.2017	G8	50.2	Flury Mai 2017	10	20171031
Grüsch	10.4.2017	G9	15.4	Flury Mai 2017	10	20171031
Grüsch	10.4.2017	G10	18.5	Flury Mai 2017	10	20171031
Grüsch	10.4.2017	G11	19.5	Flury Mai 2017	10	20171031
Grüsch	10.4.2017	G12	10.9	Flury Mai 2017	10	20171031
Grüsch	10.4.2017	G13	40.7	Flury Mai 2017	10	20171031
Grüsch	10.4.2017	G14	22.2	Flury Mai 2017	10	20171031
Grüsch	10.4.2017	G15	35.1	Flury Mai 2017	10	20171031
Grüsch	10.4.2017	G16	28.9	Flury Mai 2017	10	20171031
Grüsch	10.4.2017	G17	35.4	Flury Mai 2017	10	20171031
Grüsch	10.4.2017	G18	85.5	Flury Mai 2017	10	20171031
Grüsch	10.4.2017	G19	71.0	Flury Mai 2017	10/11	20171031 (10); 20171107 (11)
Grüsch	10.4.2017	G20	79.8	Flury Mai 2017	10/12	20171031 (10); 20171107 (11)
Cazis	27.4.2017	17728_1	85.6	28.7.2017	10/13	20171031 (10); 20171107 (11)
Cazis	27.4.2017	17728_2	126.8	28.7.2017	10/14	20171031 (10); 20171107 (11)
Cazis	27.4.2017	17728_3	181.2	28.7.2017	10/15	20171031 (10); 20171107 (11)
Cazis	27.4.2017	17728_4	116.9	28.7.2017	10/16	20171031 (10); 20171107 (11)
Cazis	27.4.2017	17728_5	134.5	28.7.2017	10/17	20171031 (10); 20171107 (11)
Cazis	27.4.2017	17728_6	83.9	28.7.2017	10/18	20171031 (10); 20171107 (11)
Cazis	27.4.2017	17728_7	91.2	28.7.2017	10/19	20171031 (10); 20171107 (11)

Probenahme		Name ID	Konz. (ng/ul)	Datum DNA Extraktion	PCR Platte	
Standort	Datum				Platte ID	Datum PCR
Cazis	27.4.2017	17728_8	143.7	28.7.2017	10/20	20171031 (10); 20171107 (11)
Cazis	27.4.2017	17728_9	138.0	28.7.2017	10/21	20171031 (10); 20171107 (11)
Cazis	27.4.2017	17728_10	88.9	28.7.2017	10/22	20171031 (10); 20171107 (11)
Cazis	27.4.2017	17728_11	145.0	28.7.2017	10/23	20171031 (10); 20171107 (11)
Cazis	27.4.2017	17728_12	104.4	28.7.2017	10/24	20171031 (10); 20171107 (11)
Cazis	27.4.2017	17728_13	122.9	28.7.2017	10/25	20171031 (10); 20171107 (11)
Cazis	27.4.2017	17728_14	131.7	28.7.2017	11	20171106
Cazis	27.4.2017	17728_15	89.5	28.7.2017	11	20171106
Cazis	27.4.2017	17728_16	41.3	28.7.2017	11	20171106
Cazis	27.4.2017	17728_17	59.6	28.7.2017	11	20171106
Cazis	27.4.2017	17728_18	86.3	28.7.2017	11	20171106
Cazis	27.4.2017	17728_19	106.8	28.7.2017	11	20171106
Cazis	27.4.2017	17728_20	79.2	28.7.2017	11	20171106
Mulin	11.1.2017	N_17728_1	49.4	28.7.2017	11	20171106
Mulin	11.1.2017	N_17728_2	147.6	28.7.2017	11	20171106
Mulin	11.1.2017	N_17728_3	54.4	28.7.2017	11	20171106
Mulin	11.1.2017	N_17728_4	79.5	28.7.2017	11	20171106
Mulin	11.1.2017	N_17728_5	89.0	28.7.2017	11	20171106
Mulin	11.1.2017	N_17728_6	40.7	28.7.2017	11	20171106
Mulin	11.1.2017	N_17728_7	50.6	28.7.2017	11	20171106
Mulin	11.1.2017	N_17728_8	58.1	28.7.2017	11	20171106
Mulin	11.1.2017	N_17728_9	76.7	28.7.2017	11	20171106
Mulin	11.1.2017	N_17728_10	96.3	28.7.2017	11	20171106
Mulin	11.1.2017	N_17728_11	63.8	28.7.2017	11	20171106
Mulin	11.1.2017	N_17728_12	101.3	28.7.2017	11	20171106
Mulin	11.1.2017	N 17728_13	38.7	28.7.2017	11	20171106
Mulin	11.1.2017	N 17728_14	58.1	28.7.2017	11	20171106
Mulin	11.1.2017	N 17728_15	24.8	28.7.2017	11	20171106
Mulin	11.1.2017	N 17728_16	18.0	28.7.2017	11	20171106
Mulin	11.1.2017	N 17728_17	36.6	28.7.2017	11	20171106
Mulin	11.1.2017	N 17728_18	41.2	28.7.2017	11	20171106
Mulin	11.1.2017	N 17728_19	35.0	28.7.2017	11	20171106
Mulin	11.1.2017	N 17728_20	50.6	28.7.2017	11	20171106
Bonaduz	3.5.2017	17731_01	42.5	31.7.2017	11	20171106
Bonaduz	3.5.2017	17731_02	20.6	31.7.2017	11	20171106

Probenahme		Name ID	Konz. (ng/ul)	Datum DNA Extraktion	PCR Platte	
Standort	Datum				Platte ID	Datum PCR
Bonaduz	3.5.2017	17731_03	71.8	31.7.2017	11	20171106
Bonaduz	3.5.2017	17731_04	64.2	31.7.2017	11	20171106
Bonaduz	3.5.2017	17731_05	79.7	31.7.2017	5	20170802
Bonaduz	3.5.2017	17731_06	48.9	31.7.2017	5	20170802
Bonaduz	3.5.2017	17731_07	81.9	31.7.2017	5	20170802
Bonaduz	3.5.2017	17731_08	111.3	31.7.2017	5	20170802
Bonaduz	3.5.2017	17731_09	48.8	31.7.2017	5	20170802
Bonaduz	3.5.2017	17731_10	82.0	31.7.2017	5	20170802
Bonaduz	3.5.2017	17731_11	60.6	31.7.2017	5	20170802
Bonaduz	3.5.2017	17731_12	79.5	31.7.2017	5	20170802
Bonaduz	3.5.2017	17731_13	73.2	31.7.2017	5	20170802
Bonaduz	3.5.2017	17731_14	61.5	31.7.2017	5	20170802
Bonaduz	3.5.2017	17731_15	64.1	31.7.2017	5	20170802
Bonaduz	3.5.2017	17731_16	67.5	31.7.2017	5	20170802
Bonaduz	3.5.2017	17731_17	1.1	31.7.2017	5	20170802
Bonaduz	3.5.2017	17731_18	43.4	31.7.2017	5	20170802
Bonaduz	3.5.2017	17731_19	120.2	31.7.2017	5	20170802
Bonaduz	3.5.2017	17731_20	49.0	31.7.2017	5	20170802
Farschlein	11.1.2017	N 17731_01	27.0	31.7.2017	5	20170802
Farschlein	11.1.2017	N 17731_02	29.8	31.7.2017	5	20170802
Farschlein	11.1.2017	N 17731_03	52.9	31.7.2017	5	20170802
Farschlein	11.1.2017	N 17731_04	16.7	31.7.2017	5	20170802
Farschlein	11.1.2017	N 17731_05	21.9	31.7.2017	5	20170802
Farschlein	11.1.2017	N 17731_06	15.0	31.7.2017	5	20170802
Farschlein	11.1.2017	N 17731_07	43.4	31.7.2017	5	20170802
Farschlein	11.1.2017	N 17731_08	26.5	31.7.2017	5	20170802
Farschlein	11.1.2017	N 17731_09	4.0	31.7.2017	5	20170802
Farschlein	11.1.2017	N 17731_10	35.9	31.7.2017	5	20170802
Farschlein	11.1.2017	N 17731_11	49.9	31.7.2017	5	20170802
Farschlein	11.1.2017	N 17731_12	15.3	31.7.2017	5	20170802
Farschlein	11.1.2017	N 17731_13	29.2	31.7.2017	5	20170802
Farschlein	11.1.2017	N 17731_14	8.8	31.7.2017	5	20170802
Farschlein	11.1.2017	N 17731_15	17.6	31.7.2017	5	20170802
Farschlein	11.1.2017	N 17731_16	9.3	31.7.2017	6	20170919
Farschlein	11.1.2017	N 17731_17	19.8	31.7.2017	6	20170919
Farschlein	11.1.2017	N 17731_18	17.7	31.7.2017	6	20170919
Farschlein	11.1.2017	N 17731_19	26.4	31.7.2017	6	20170919
Farschlein	11.1.2017	N 17731_20	1.8	31.7.2017	6	20170919

Probenahme		Name ID	Konz. (ng/ul)	Datum DNA Extraktion	PCR Platte	
Standort	Datum				Platte ID	Datum PCR
Domleschg	27.7.2017	170907_01	148.3	7.9.2017	6	20170919
Domleschg	27.7.2017	170907_02	117.6	7.9.2017	6	20170919
Domleschg	27.7.2017	170907_03	220.5	7.9.2017	6	20170919
Domleschg	27.7.2017	170907_04	140.5	7.9.2017	6	20170919
Domleschg	27.7.2017	170907_05	72.3	7.9.2017	6	20170919
Domleschg	27.7.2017	170907_06	353.3	7.9.2017	6	20170919
Domleschg	27.7.2017	170907_07	215.8	7.9.2017	6	20170919
Domleschg	27.7.2017	170907_08	97.5	7.9.2017	6	20170919
Domleschg	27.7.2017	170907_09	139.1	7.9.2017	6	20170919
Domleschg	27.7.2017	170907_10	132.7	7.9.2017	6	20170919
Domleschg	27.7.2017	170907_11	261.5	7.9.2017	6	20170919
Domleschg	27.7.2017	170907_12	192.8	7.9.2017	6	20170919
Domleschg	27.7.2017	170907_13	231.0	7.9.2017	6	20170919
Domleschg	27.7.2017	170907_14	166.6	7.9.2017	6	20170919
Domleschg	27.7.2017	170907_15	129.7	7.9.2017	6	20170919
Domleschg	27.7.2017	170907_16	175.1	7.9.2017	6	20170919
Domleschg	27.7.2017	170907_17	130.5	7.9.2017	6	20170919
Domleschg	27.7.2017	170907_18	89.2	7.9.2017	6	20170919
Domleschg	27.7.2017	170907_19	459.3	7.9.2017	6	20170919
Domleschg	27.7.2017	170907_20	205.3	7.9.2017	6	20170919
Caluori	4.7.2017	N_170907_1	72.8	7.9.2017	6	20170919
Caluori	4.7.2017	N_170907_2	58.9	7.9.2017	6	20170919
Caluori	4.7.2017	N_170907_3	109.4	7.9.2017	6	20170919
Caluori	4.7.2017	N_170907_4	90.3	7.9.2017	6	20170919
Caluori	4.7.2017	N_170907_5	109.5	7.9.2017	6	20170919
Caluori	4.7.2017	N_170907_6	105.8	7.9.2017	6	20170919
Caluori	4.7.2017	N_170907_7	116.6	7.9.2017	7	20171018
Caluori	4.7.2017	N_170907_8	76.2	7.9.2017	7	20171018
Caluori	4.7.2017	N_170907_9	121.8	7.9.2017	7	20171018
Caluori	4.7.2017	N_170907_10	97.5	7.9.2017	7	20171018
Caluori	4.7.2017	N_170907_11	365.8	7.9.2017	7	20171018
Caluori	4.7.2017	N_170907_12	128.9	7.9.2017	7	20171018
Caluori	4.7.2017	N_170907_13	112.9	7.9.2017	7	20171018
Caluori	4.7.2017	N_170907_14	67.3	7.9.2017	7	20171018
Caluori	4.7.2017	N_170907_15	124.6	7.9.2017	7	20171018
Caluori	4.7.2017	N_170907_16	61.0	7.9.2017	7	20171018
Caluori	4.7.2017	N_170907_17	67.3	7.9.2017	7	20171018
Caluori	4.7.2017	N_170907_18	188.6	7.9.2017	7	20171018

Probenahme		Name ID	Konz. (ng/ul)	Datum DNA Extraktion	PCR Platte	
Standort	Datum				Platte ID	Datum PCR
Caluori	4.7.2017	N_170907_19	106.9	7.9.2017	7	20171018
Caluori	4.7.2017	N_170907_20	86.4	7.9.2017	7	20171018
Grond	13.9.2017	171005_1	77.9	5.10.2017	7	20171018
Grond	13.9.2017	171005_2	176.5	5.10.2017	7	20171018
Grond	13.9.2017	171005_3	48.4	5.10.2017	7	20171018
Grond	13.9.2017	171005_4	135.7	5.10.2017	7	20171018
Grond	13.9.2017	171005_5	62.2	5.10.2017	7	20171018
Grond	13.9.2017	171005_6	29.5	5.10.2017	7	20171018
Grond	13.9.2017	171005_7	199.9	5.10.2017	7	20171018
Grond	13.9.2017	171005_8	144.4	5.10.2017	7	20171018
Grond	13.9.2017	171005_9	100.7	5.10.2017	7	20171018
Grond	13.9.2017	171005_10	49.3	5.10.2017	7	20171018
Grond	13.9.2017	171005_11	217.3	5.10.2017	7	20171018
Grond	13.9.2017	171005_12	48.1	5.10.2017	7	20171018
Grond	13.9.2017	171005_13	163.8	5.10.2017	7	20171018
Grond	13.9.2017	171005_14	128.4	5.10.2017	7	20171018
Grond	13.9.2017	171005_15	94.9	5.10.2017	7	20171018
Grond	13.9.2017	171005_16	178.1	5.10.2017	7	20171018
Grond	13.9.2017	171005_17	102.7	5.10.2017	7	20171018
Grond	13.9.2017	171005_18	136.3	5.10.2017	8	20171019
Grond	13.9.2017	171005_19	262.9	5.10.2017	8	20171019
Grond	13.9.2017	171005_20	131.0	5.10.2017	8	20171019
Oberst	6.10.2017	171011_01	115.5	11.10.2017	8	20171019
Oberst	6.10.2017	171011_02	58.4	11.10.2017	8	20171019
Oberst	6.10.2017	171011_03	123.5	11.10.2017	8	20171019
Oberst	6.10.2017	171011_04	142.8	11.10.2017	8	20171019
Oberst	6.10.2017	171011_05	115.1	11.10.2017	8	20171019
Oberst	6.10.2017	171011_06	34.1	11.10.2017	8	20171019
Oberst	6.10.2017	171011_07	75.8	11.10.2017	8	20171019
Oberst	6.10.2017	171011_08	53.3	11.10.2017	8	20171019
Oberst	6.10.2017	171011_09	66.2	11.10.2017	8	20171019
Oberst	6.10.2017	171011_10	47.3	11.10.2017	8	20171019
Oberst	6.10.2017	171011_11	51.5	11.10.2017	8	20171019
Oberst	6.10.2017	171011_12	13.4	11.10.2017	8	20171019
Oberst	6.10.2017	171011_13	56.0	11.10.2017	8	20171019
Oberst	6.10.2017	171011_14	151.4	11.10.2017	8	20171019
Oberst	6.10.2017	171011_15	42.6	11.10.2017	8	20171019
Oberst	6.10.2017	171011_16	264.3	11.10.2017	8	20171019

Probenahme		Name ID	Konz. (ng/ul)	Datum DNA Extraktion	PCR Platte	
Standort	Datum				Platte ID	Datum PCR
Oberst	6.10.2017	171011_17	122.3	11.10.2017	8	20171019
Oberst	6.10.2017	171011_18	138.6	11.10.2017	8	20171019
Oberst	6.10.2017	171011_19	88.3	11.10.2017	8	20171019
Oberst	6.10.2017	171011_20	126.7	11.10.2017	8	20171019
Zizers	7.10.2017	171013_1	106.4	13.10.2017	8	20171019
Zizers	7.10.2017	171013_2	57.0	13.10.2017	8	20171019
Zizers	7.10.2017	171013_3	191.0	13.10.2017	8	20171019
Zizers	7.10.2017	171013_4	104.4	13.10.2017	8	20171019
Zizers	7.10.2017	171013_5	111.3	13.10.2017	8	20171019
Zizers	7.10.2017	171013_6	257.2	13.10.2017	8	20171019
Zizers	7.10.2017	171013_7	95.4	13.10.2017	8	20171019
Zizers	7.10.2017	171013_8	48.3	13.10.2017	8	20171019
Zizers	7.10.2017	171013_9	43.7	13.10.2017	9	20171019
Zizers	7.10.2017	171013_10	93.5	13.10.2017	9	20171019
Zizers	7.10.2017	171013_11	32.0	13.10.2017	9	20171019
Zizers	7.10.2017	171013_12	42.6	13.10.2017	9	20171019
Zizers	7.10.2017	171013_13	23.7	13.10.2017	9	20171019
Zizers	7.10.2017	171013_14	40.8	13.10.2017	9	20171019
Zizers	7.10.2017	171013_15	73.9	13.10.2017	9	20171019
Zizers	7.10.2017	171013_16	24.3	13.10.2017	9	20171019
Zizers	7.10.2017	171013_17	50.1	13.10.2017	9	20171019
Zizers	7.10.2017	171013_18	24.3	13.10.2017	9	20171019
Zizers	7.10.2017	171013_19	67.1	13.10.2017	9	20171019
Zizers	7.10.2017	171013_20	21.9	13.10.2017	9	20171019
Canovasee	7.10.2017	N_171013_01	198.9	13.10.2017	9	20171019
Canovasee	7.10.2017	N_171013_02	73.6	13.10.2017	9	20171019
Canovasee	7.10.2017	N_171013_03	104.5	13.10.2017	9	20171019
Canovasee	7.10.2017	N_171013_04	106.1	13.10.2017	9	20171019
Canovasee	7.10.2017	N_171013_05	120.2	13.10.2017	9	20171019
Canovasee	7.10.2017	N_171013_06	128.6	13.10.2017	9	20171019
Canovasee	7.10.2017	N_171013_07	111.5	13.10.2017	9	20171019
Canovasee	7.10.2017	N_171013_08	245.5	13.10.2017	9	20171019
Canovasee	7.10.2017	N_171013_09	65.3	13.10.2017	9	20171019
Canovasee	7.10.2017	N_171013_10	64.6	13.10.2017	9	20171019
Canovasee	7.10.2017	N_171013_11	28.6	13.10.2017	9	20171019
Canovasee	7.10.2017	N_171013_12	100.5	13.10.2017	9	20171019
Canovasee	7.10.2017	N_171013_13	67.9	13.10.2017	9	20171019
Canovasee	7.10.2017	N_171013_14	87.2	13.10.2017	9	20171019

Canovasee	7.10.2017	N_171013_15	38.0	13.10.2017	9	20171019
Canovasee	7.10.2017	N_171013_16	35.6	13.10.2017	9	20171019
Canovasee	7.10.2017	N_171013_17	46.2	13.10.2017	9	20171019
Canovasee	7.10.2017	N_171013_18	54.0	13.10.2017	9	20171019
Canovasee	7.10.2017	N_171013_19	30.0	13.10.2017	9	20171019
Canovasee	7.10.2017	N_171013_20	62.8	13.10.2017	10	20171031
Oldis	24.4.2017	171016_01	49.4	16.10.2017	10	20171031
Oldis	24.4.2017	171016_02	69.0	16.10.2017	10	20171031
Oldis	24.4.2017	171016_03	115.1	16.10.2017	10	20171031
Oldis	24.4.2017	171016_04	69.2	16.10.2017	10	20171031
Oldis	24.4.2017	171016_05	72.3	16.10.2017	10	20171031
Oldis	24.4.2017	171016_06	57.8	16.10.2017	10	20171031
Oldis	24.4.2017	171016_07	105.1	16.10.2017	10	20171031
Oldis	24.4.2017	171016_08	91.5	16.10.2017	10	20171031
Oldis	24.4.2017	171016_09	74.7	16.10.2017	10	20171031
Oldis	24.4.2017	171016_10	82.3	16.10.2017	10	20171031
Oldis	24.4.2017	171016_11	56.2	16.10.2017	10	20171031
Oldis	28.9.2017	171016_12	113.5	16.10.2017	10	20171031
Oldis	28.9.2017	171016_13	450.1	16.10.2017	10	20171031
Oldis	28.9.2017	171016_14	481.7	16.10.2017	10	20171031
Oldis	28.9.2017	171016_15	102.5	16.10.2017	10	20171031

Tab. 14: Zusammenfassung der Stichproben der Region Nordwestschweiz (Krieg et al. 2016).

Standort	Kanton	Probennahme Datum	Anm.	DNA-ID	DNA Konz.(ng/ul)	PCR Plate	Genotyp-ID
Bennwilerbach	Baselland	01.07.2015		150825-1	122	2015_1	Bennoberh_1
Bennwilerbach	Baselland	01.07.2015		150825-2	235.1	2015_1	Bennoberh_2
Bennwilerbach	Baselland	01.07.2015		150825-3	273.1	2015_1	Bennoberh_3
Bennwilerbach	Baselland	01.07.2015		150825-4	116.5	2015_1	Bennoberh_4
Bennwilerbach	Baselland	01.07.2015		150525-5	308.3	2015_1	Bennoberh_5
Bennwilerbach	Baselland	01.07.2015		150825-6	109.1	2015_1	Bennoberh_6
Bennwilerbach	Baselland	01.07.2015		150825-7	106.1	2015_1	Bennoberh_7
Bennwilerbach	Baselland	01.07.2015		150825-8	59.3	2015_1	Bennoberh_8
Bennwilerbach	Baselland	01.07.2015		150929-1	236.5	2015_1	Bennoberh_9
Bennwilerbach	Baselland	01.07.2015		150929-2	131.4	2015_1	Bennoberh_10
Bennwilerbach	Baselland	01.07.2015		150929-3	224.1	2015_1	Bennoberh_11
Bennwilerbach	Baselland	01.07.2015		150929-4	299.4	2015_1	Bennoberh_12
Bennwilerbach	Baselland	01.07.2015		150929-5	170	2015_1	Bennoberh_13
Bennwilerbach	Baselland	01.07.2015		150929-6	261.9	2015_1	Bennoberh_14
Bennwilerbach	Baselland	01.07.2015		150929-7	168	2015_1	Bennoberh_15

Standort	Kanton	Probennahme Datum	Anm.	DNA-ID	DNA Konz.(ng/ul)	PCR Plate	Genotyp-ID
Bennwilerbach	Baselland	01.07.2015		150929-8	205.6	2015_1	Bennoberh_16
Bennwilerbach	Baselland	01.07.2015		150929-9	352.1	2015_1	Bennoberh_17
Bennwilerbach	Baselland	01.07.2015		150929-10	111.9	2015_1	Bennoberh_18
Riedbach	Baselland	01.09.2015		150930-1	191.6	2015_1	Ried_1
Riedbach	Baselland	01.09.2015		150930-2	226.4	2015_1	Ried_2
Riedbach	Baselland	01.09.2015		150930-3	73.5	2015_1	Ried_3
Riedbach	Baselland	01.09.2015		150930-4	83.7	2015_1	Ried_4
Riedbach	Baselland	01.09.2015		150930-5	73.2	2015_1	Ried_5
Riedbach	Baselland	01.09.2015		150930-6	120.2	2015_1	Ried_6
Riedbach	Baselland	01.09.2015		150930-7	126.7	2015_1	Ried_7
Riedbach	Baselland	01.09.2015		150930-8	147.1	2015_1	Ried_8
Riedbach	Baselland	01.09.2015		150930-9	113.6	2015_1	Ried_9
Riedbach	Baselland	01.09.2015		150930-10	54	2015_1	Ried_10
Riedbach	Baselland	01.09.2015		150930-11	103.5	2015_1	Ried_11
Riedbach	Baselland	01.09.2015		150930-12	274.2	2015_2	Ried_12
Riedbach	Baselland	01.09.2015		150930-13	65.9	2015_2	Ried_13
Riedbach	Baselland	01.09.2015		150930-14	189.7	2015_2	Ried_14
Riedbach	Baselland	01.09.2015		150930-15	82.6	2015_2	Ried_15
Homburgerbach	Baselland	01.10.2015		151106-1	228.2	2015_2	Hom_1
Homburgerbach	Baselland	01.10.2015		151106-2	205.9	2015_2	Hom_2
Homburgerbach	Baselland	01.10.2015		151106-3	124.4	2015_2	Hom_3
Homburgerbach	Baselland	01.10.2015		151106-4	229.1	2015_2	Hom_4
Homburgerbach	Baselland	01.10.2015		151106-5	112	2015_2	Hom_5
Homburgerbach	Baselland	01.10.2015		151106-6	156.1	2015_2	Hom_6
Homburgerbach	Baselland	01.10.2015		151106-7	168.6	2015_2	Hom_7
Homburgerbach	Baselland	01.10.2015		151106-8	181.1	2015_2	Hom_8
Homburgerbach	Baselland	01.10.2015		151106-9	280	2015_2	Hom_9
Homburgerbach	Baselland	01.10.2015		151106-10	108.2	2015_2	Hom_10
Homburgerbach	Baselland	01.10.2015		151106-11	167.2	2015_2	Hom_11
Homburgerbach	Baselland	01.10.2015		151106-12	104.3	2015_2	Hom_12
Homburgerbach	Baselland	01.10.2015		151106-13	109.9	2015_2	Hom_13
Homburgerbach	Baselland	01.10.2015		151106-14	210.4	2015_2	Hom_14
Homburgerbach	Baselland	01.10.2015		151106-15	146.4	2015_2	Hom_15
Homburgerbach	Baselland	01.10.2015		151106-16	172	2015_2	Hom_16
Homburgerbach	Baselland	01.10.2015		151106-17	135.8	2015_2	Hom_17
Homburgerbach	Baselland	01.10.2015		151106-18	144.4	2015_2	Hom_18
Homburgerbach	Baselland	01.10.2015		151106-19	213.4	2015_2	Hom_19
Homburgerbach	Baselland	01.10.2015		151106-20	82.9	2015_2	Hom_20
Homburgerbach	Baselland	01.10.2015		151106-21	162.5	2015_2	Hom_21

Standort	Kanton	Probennahme Datum	Anm.	DNA-ID	DNA Konz.(ng/ul)	PCR Plate	Genotyp-ID
Homburgerbach	Baselland	01.10.2015		151106-22	168.7	2015_2	Hom_22
Les petites Angles	Jura	11.05.2016		160513-1	7.4	2016_1	LesAin_1
Les petites Angles	Jura	11.05.2016		160513-2	16	2016_1	LesAin_2
Les petites Angles	Jura	11.05.2016		160513-3	5.3	2016_1	LesAin_3
Les petites Angles	Jura	11.05.2016		160513-4	6.9	2016_1	LesAin_4
Les petites Angles	Jura	11.05.2016		160513-5	10	2016_1	LesAin_5
Les petites Angles	Jura	11.05.2016		160513-6	14.4	2016_1	LesAin_6
Les petites Angles	Jura	11.05.2016		160513-7	19.7	2016_1	LesAin_7
Les petites Angles	Jura	11.05.2016		160513-8	16.1	2016_1	LesAin_8
Les petites Angles	Jura	11.05.2016		160513-9	12.8	2016_1	LesAin_9
Les petites Angles	Jura	11.05.2016		160513-10	25.5	2016_1	LesAin_10
Les petites Angles	Jura	11.05.2016	sehr klein	160513-11	2.5	2016_1	LesAin_11
Les petites Angles	Jura	11.05.2016		160513-12	10.5	2016_1	LesAin_12
Les petites Angles	Jura	11.05.2016		160513-13	18.7	2016_1	LesAin_13
Les petites Angles	Jura	11.05.2016		160513-14	14.4	2016_1	LesAin_14
Les petites Angles	Jura	11.05.2016		160513-15	8.4	2016_1	LesAin_15
Les petites Angles	Jura	11.05.2016	sehr klein	160513-16	3.3	2016_1	LesAin_16
Les petites Angles	Jura	11.05.2016		160513-17	8.8	2016_1	LesAin_17
Les petites Angles	Jura	11.05.2016	klein	160513-18	4.5	2016_1	LesAin_18
Les petites Angles	Jura	11.05.2016		160513-19	10.7	2016_1	LesAin_19
Les petites Angles	Jura	11.05.2016		160513-20	6.4	2016_1	LesAin_20
Les petites Angles	Jura	11.05.2016	klein	160513-21	12.6	2016_1	LesAin_21
Les petites Angles	Jura	11.05.2016		160513-22	12.3	2016_1	LesAin_22
Les petites Angles	Jura	11.05.2016		160513-23	6.3	2016_1	LesAin_23
Ruisseau du Jonc	Jura	21.05.2016		160524-1	46.2	2016_1	LeJonc_1
Ruisseau du Jonc	Jura	21.05.2016		160524-2	20.6	2016_1	LeJonc_2
Ruisseau du Jonc	Jura	21.05.2016		160524-3	102.9	2016_1	LeJonc_3
Ruisseau du Jonc	Jura	21.05.2016		160524-4	37	2016_1	LeJonc_4
Ruisseau du Jonc	Jura	21.05.2016		160524-5	12	2016_1	LeJonc_5
Ruisseau du Jonc	Jura	21.05.2016		160524-6	8.4	2016_1	LeJonc_6
Ruisseau du Jonc	Jura	21.05.2016		160524-7	2.8	2016_1	LeJonc_7
Ruisseau du Jonc	Jura	21.05.2016		160524-8	47.1	2016_1	LeJonc_8

Standort	Kanton	Probennahme Datum	Anm.	DNA-ID	DNA Konz.(ng/ul)	PCR Plate	Genotyp-ID
Ruisseau du Jonc	Jura	21.05.2016		160524-9	15.4	2016_1	LeJonc_9
Ruisseau du Jonc	Jura	21.05.2016		160524-10	7.6	2016_2	LeJonc_10
Ruisseau du Jonc	Jura	21.05.2016		160524-11	16.2	2016_2	LeJonc_11
Ruisseau du Jonc	Jura	21.05.2016		160524-12	27.9	2016_2	LeJonc_12
Ruisseau du Jonc	Jura	21.05.2016		160524-13	31.7	2016_2	LeJonc_13
Ruisseau du Jonc	Jura	21.05.2016	sehr klein	160524-14	5.2	2016_2	LeJonc_14
Ruisseau du Jonc	Jura	21.05.2016		160524-15	20.8	2016_2	LeJonc_15
Ruisseau du Jonc	Jura	21.05.2016		160524-16	43.9	2016_2	LeJonc_16
Ruisseau du Jonc	Jura	21.05.2016		160524-17	5	2016_2	LeJonc_17
Ruisseau du Jonc	Jura	21.05.2016		160524-18	15.9	2016_2	LeJonc_18
Ruisseau du Jonc	Jura	21.05.2016		160524-19	16.4	2016_2	LeJonc_19
Ruisseau du Jonc	Jura	21.05.2016		160524-20	49.9	2016_2	LeJonc_20
Hinderwilbach/Steinhofbächli	Bern	26.05.2016		16621-1	319.8	2016_2	Melch_1
Hinderwilbach/Steinhofbächli	Bern	26.05.2016		16621-2	76.3	2016_2	Melch_2
Hinderwilbach/Steinhofbächli	Bern	26.05.2016		16621-3	131.7	2016_2	Melch_3
Hinderwilbach/Steinhofbächli	Bern	26.05.2016		16621-4	79.9	2016_2	Melch_4
Hinderwilbach/Steinhofbächli	Bern	26.05.2016		16621-5	73	2016_2	Melch_5
Hinderwilbach/Steinhofbächli	Bern	26.05.2016	sehr klein	16621-6	24.1	2016_2	Melch_6
Hinderwilbach/Steinhofbächli	Bern	26.05.2016	hart,kleine füssli	16621-7	72.2	2016_2	Melch_7
Hinderwilbach/Steinhofbächli	Bern	26.05.2016		16621-8	49.5	2016_2	Melch_8
Hinderwilbach/Steinhofbächli	Bern	26.05.2016	sehr klein	16621-9	12.6	2016_2	Melch_9
Hinderwilbach/Steinhofbächli	Bern	26.05.2016	sehr klein	16621-10	22.2	2016_2	Melch_10
Hinderwilbach/Steinhofbächli	Bern	26.05.2016	hart,kleine füssli	16621-11	41.8	2016_2	Melch_11
Hinderwilbach/Steinhofbächli	Bern	26.05.2016	sehr klein	16621-12	16.9	2016_2	Melch_12
Hinderwilbach/Steinhofbächli	Bern	26.05.2016		16621-13	18.1	2016_2	Melch_13
Hinderwilbach/Steinhofbächli	Bern	26.05.2016		16621-14	68.3	2016_2	Melch_14
Hinderwilbach/Steinhofbächli	Bern	26.05.2016		16621-15	107.7	2016_2	Melch_15
Hinderwilbach/Steinhofbächli	Bern	26.05.2016		16621-16	75.5	2016_2	Melch_16
Hinderwilbach/Steinhofbächli	Bern	26.05.2016		16621-17	87.3	2016_2	Melch_17
Hinderwilbach/Steinhofbächli	Bern	26.05.2016	hart,kleine füssli	16621-18	73.3	2016_2	Melch_18
Hinderwilbach/Steinhofbächli	Bern	26.05.2016	hart,kleine füssli	16621-19	80.1	2016_2	Melch_19
Hinderwilbach/Steinhofbächli	Bern	26.05.2016		16621-20	61.4	2016_2	Melch_20

Standort	Kanton	Probennahme Datum	Anm.	DNA-ID	DNA Konz.(ng/ul)	PCR Plate	Genotyp-ID
L'Orvine	Bern	04.05.2016	Identisch zu Orvin_14	160622-1	113.9	2016_2	Orvin_1
L'Orvine	Bern	04.05.2016		160622-2	24	2016_3	Orvin_2
L'Orvine	Bern	04.05.2016	Identisch zu Orvin_15	160622-3	27.2	2016_3	Orvin_3
L'Orvine	Bern	04.05.2016		160622-4	17	2016_3	Orvin_4
L'Orvine	Bern	04.05.2016		160622-5	39.6	2016_3	Orvin_5
L'Orvine	Bern	04.05.2016		160622-6	46.7	2016_3	Orvin_6
L'Orvine	Bern	04.05.2016		160622-7	28	2016_3	Orvin_7
L'Orvine	Bern	04.05.2016	Identisch zu Orvin_9	160622-8	29.8	2016_3	Orvin_8
L'Orvine	Bern	04.05.2016	Identisch zu Orvin_8	160622-9	35.6	2016_3	Orvin_9
L'Orvine	Bern	04.05.2016		160622-10	80.9	2016_3	Orvin_10
L'Orvine	Bern	04.05.2016		160622-11	75.5	2016_3	Orvin_11
L'Orvine	Bern	04.05.2016	klein	160622-12	15.2	2016_3	Orvin_12
L'Orvine	Bern	04.05.2016		160622-13	151.8	2016_3	Orvin_13
L'Orvine	Bern	04.05.2016	Identisch zu Orvin_1	160622-14	44.5	2016_3	Orvin_14
L'Orvine	Bern	04.05.2016	Identisch zu Orvin_3	160622-15	57.1	2016_3	Orvin_15
L'Orvine	Bern	04.05.2016		160622-16	38.1	2016_3	Orvin_16
L'Orvine	Bern	04.05.2016		160622-17	39.7	2016_3	Orvin_17
L'Orvine	Bern	04.05.2016		160622-18	71.9	2016_3	Orvin_18
L'Orvine	Bern	04.05.2016		160622-19	69.8	2016_3	Orvin_19
L'Orvine	Bern	04.05.2016		160622-20	33.1	2016_3	Orvin_20
L'Orvine	Bern	04.05.2016	matchig, RNA Later	160622-21	62.3	2016_3	Orvin_21
L'Orvine	Bern	04.05.2016	matchig, RNA Later	160622-22	21.5	2016_3	Orvin_22
L'Orvine	Bern	04.05.2016	matchig, RNA Later	160622-23	30.3	2016_3	Orvin_23
L'Orvine	Bern	04.05.2016	2 grosse Beine, RNA Later	160622-24	1.1	2016_3	Orvin_24
Zeiherrbach	Aargau	03.06.2016		160624-1	168.1	2016_3	Zeiherr_1
Zeiherrbach	Aargau	03.06.2016	2 Stücke	160624-2	63.9	2016_3	Zeiherr_2
Zeiherrbach	Aargau	03.06.2016		160624-3	40.3	2016_3	Zeiherr_3
Zeiherrbach	Aargau	03.06.2016		160624-4	26.2	2016_3	Zeiherr_4
Zeiherrbach	Aargau	03.06.2016		160624-5	66.9	2016_3	Zeiherr_5
Zeiherrbach	Aargau	03.06.2016		160624-6	70.8	2016_3	Zeiherr_6
Zeiherrbach	Aargau	03.06.2016		160624-7	44.8	2016_3	Zeiherr_7
Zeiherrbach	Aargau	03.06.2016		160624-8	58.4	2016_3	Zeiherr_8
Zeiherrbach	Aargau	03.06.2016	2 Stücke	160624-9	57.2	2016_3	Zeiherr_9
Zeiherrbach	Aargau	03.06.2016	sehr klein	160624-10	15	2016_4	Zeiherr_10
Zeiherrbach	Aargau	03.06.2016		160624-11	45.5	2016_4	Zeiherr_11
Zeiherrbach	Aargau	03.06.2016		160624-12	67.9	2016_4	Zeiherr_12

Standort	Kanton	Probennahme Datum	Anm.	DNA-ID	DNA Konz.(ng/ul)	PCR Plate	Genotyp-ID
Zeiherrbach	Aargau	03.06.2016	2 Stücke	160624-13	33.7	2016_4	Zeiherr_13
Zeiherrbach	Aargau	03.06.2016	klein	160624-14	19.1	2016_4	Zeiherr_14
Zeiherrbach	Aargau	03.06.2016	klein	160624-15	28.3	2016_4	Zeiherr_15
Zeiherrbach	Aargau	03.06.2016		160624-16	33.2	2016_4	Zeiherr_16
Zeiherrbach	Aargau	03.06.2016	sehr klein	160624-17	25.4	2016_4	Zeiherr_17
Zeiherrbach	Aargau	03.06.2016	sehr klein	160624-18	16.9	2016_4	Zeiherr_18
Zeiherrbach	Aargau	03.06.2016		160624-19	144.1	2016_4	Zeiherr_19
Zeiherrbach	Aargau	03.06.2016	klein	160624-20	30.8	2016_4	Zeiherr_20
Le Boiron	Waadt	27.06.2016	schwarz	160701-1	147.8	2016_4	LeBoir_1
Le Boiron	Waadt	27.06.2016	schwarz	160701-2	108.3	2016_4	LeBoir_2
Le Boiron	Waadt	27.06.2016	schwarz	160701-3	38	2016_4	LeBoir_3
Le Boiron	Waadt	27.06.2016		160701-4	71.5	2016_4	LeBoir_4
Le Boiron	Waadt	27.06.2016	schwarz	160701-5	119.9	2016_4	LeBoir_5
Le Boiron	Waadt	27.06.2016		160701-6	103	2016_4	LeBoir_6
Le Boiron	Waadt	27.06.2016	schwarz	160701-7	30.4	2016_4	LeBoir_7
Le Boiron	Waadt	27.06.2016		160701-8	95	2016_4	LeBoir_8
Le Boiron	Waadt	27.06.2016		160701-9	67.5	2016_4	LeBoir_9
Le Boiron	Waadt	27.06.2016		160701-10	67.7	2016_4	LeBoir_10
Le Boiron	Waadt	27.06.2016		160701-11	41.2	2016_4	LeBoir_11
Le Boiron	Waadt	27.06.2016		160701-12	29.3	2016_4	LeBoir_12
Le Boiron	Waadt	27.06.2016		160701-13	46.2	2016_4	LeBoir_13
Le Boiron	Waadt	27.06.2016		160701-14	17.1	2016_4	LeBoir_14
Le Boiron	Waadt	27.06.2016		160701-15	39.9	2016_4	LeBoir_15
Le Boiron	Waadt	27.06.2016	schwarz	160701-16	43.1	2016_4	LeBoir_16
Le Boiron	Waadt	27.06.2016	schwarz	160701-17	47.2	2016_4	LeBoir_17
Le Boiron	Waadt	27.06.2016	klein	160701-18	27.3	2016_4	LeBoir_18
Le Boiron	Waadt	27.06.2016		160701-19	86.7	2016_4	LeBoir_19
Le Boiron	Waadt	27.06.2016	sehr klein	160701-20	13.9	2016_4	LeBoir_20
Le Boiron	Waadt	27.06.2016		160701-21	21.6	2016_4	LeBoir_21
Le Boiron	Waadt	27.06.2016	klein	160701-22	18.1	2016_5	LeBoir_22
Staffeleighbach	Aarau	28.06.2016		160711-1	94.1	2016_5	Staffel_1
Staffeleighbach	Aarau	28.06.2016		160711-2	71.2	2016_5	Staffel_2
Staffeleighbach	Aarau	28.06.2016		160711-3	106.7	2016_5	Staffel_3
Staffeleighbach	Aarau	28.06.2016		160711-4	62.2	2016_5	Staffel_4
Staffeleighbach	Aarau	28.06.2016		160711-5	47.6	2016_5	Staffel_5
Staffeleighbach	Aarau	28.06.2016		160711-6	111.4	2016_5	Staffel_6
Staffeleighbach	Aarau	28.06.2016		160711-7	159.9	2016_5	Staffel_7
Staffeleighbach	Aarau	28.06.2016		160711-8	121.7	2016_5	Staffel_8
Staffeleighbach	Aarau	28.06.2016	2 kleine	160711-9	42.3	2016_5	Staffel_9

Standort	Kanton	Probennahme Datum	Anm.	DNA-ID	DNA Konz.(ng/ul)	PCR Plate	Genotyp-ID
Staffeleggbach	Aarau	28.06.2016		160711-10	68.5	2016_5	Staffel_10
Staffeleggbach	Aarau	28.06.2016		160711-11	129.4	2016_5	Staffel_11
Staffeleggbach	Aarau	28.06.2016		160711-12	79	2016_5	Staffel_12
Staffeleggbach	Aarau	28.06.2016		160711-13	41.4	2016_5	Staffel_13
Staffeleggbach	Aarau	28.06.2016		160711-14	138.1	2016_5	Staffel_14
Staffeleggbach	Aarau	28.06.2016		160711-15	55.1	2016_5	Staffel_15
Staffeleggbach	Aarau	28.06.2016		160711-16	58.7	2016_5	Staffel_16
Staffeleggbach	Aarau	28.06.2016		160711-17	35.9	2016_5	Staffel_17
Staffeleggbach	Aarau	28.06.2016		160711-18	98.5	2016_5	Staffel_18
Staffeleggbach	Aarau	28.06.2016	sehr klein	160711-19	16.2	2016_5	Staffel_19
Staffeleggbach	Aarau	28.06.2016		160711-20	115.8	2016_5	Staffel_20
Staffeleggbach	Aarau	28.06.2016		160711-21	20.5	2016_5	Staffel_21
Staffeleggbach	Aarau	28.06.2016	sehr klein	160711-22	15.7	2016_5	Staffel_22
La Brine	Waadt	10.07.2016		160712-1	161.9	2016_5	LaBrine_1
La Brine	Waadt	10.07.2016		160712-2	51.7	2016_5	LaBrine_2
La Brine	Waadt	10.07.2016		160712-3	113	2016_5	LaBrine_3
La Brine	Waadt	10.07.2016		160712-4	52.8	2016_5	LaBrine_4
La Brine	Waadt	10.07.2016		160712-5	62.6	2016_5	LaBrine_5
La Brine	Waadt	10.07.2016		160712-6	98.5	2016_5	LaBrine_6
La Brine	Waadt	10.07.2016		160712-7	53.2	2016_5	LaBrine_7
La Brine	Waadt	10.07.2016		160712-8	35.1	2016_5	LaBrine_8
La Brine	Waadt	10.07.2016		160712-9	67.1	2016_5	LaBrine_9
La Brine	Waadt	10.07.2016		160712-10	101.5	2016_6	LaBrine_10
La Brine	Waadt	10.07.2016		160712-11	37.6	2016_6	LaBrine_11
La Brine	Waadt	10.07.2016		160712-12	114.7	2016_6	LaBrine_12
La Brine	Waadt	10.07.2016		160712-13	14.3	2016_6	LaBrine_13
La Brine	Waadt	10.07.2016		160712-14	24.3	2016_6	LaBrine_14
La Brine	Waadt	10.07.2016		160712-15	67.6	2016_6	LaBrine_15
La Brine	Waadt	10.07.2016		160712-16	40.4	2016_6	LaBrine_16
La Brine	Waadt	10.07.2016		160712-17	43.3	2016_6	LaBrine_17
La Brine	Waadt	10.07.2016		160712-18	116.5	2016_6	LaBrine_18
La Brine	Waadt	10.07.2016		160712-19	34.4	2016_6	LaBrine_19
La Brine	Waadt	10.07.2016		160712-20	46.7	2016_6	LaBrine_20
Le Corbery	Jura	07.07.2016		160713-1	297.5	2016_6	Bonfol_1
Le Corbery	Jura	07.07.2016		160713-2	109.9	2016_6	Bonfol_2
Le Corbery	Jura	07.07.2016	sehr klein	160713-20	35.8	2016_6	Bonfol_20
Le Corbery	Jura	07.07.2016		160713-4	46.9	2016_6	Bonfol_4
Le Corbery	Jura	07.07.2016	am Deckel geklebt (Extrakt)	160713-5	14.8	2016_6	Bonfol_5

Standort	Kanton	Probennahme Datum	Anm.	DNA-ID	DNA Konz.(ng/ul)	PCR Plate	Genotyp-ID
Le Corbery	Jura	07.07.2016		160713-6	66.6	2016_6	Bonfol_6
Le Corbery	Jura	07.07.2016		160713-7	36.5	2016_6	Bonfol_7
Le Corbery	Jura	07.07.2016		160713-8	84.5	2016_6	Bonfol_8
Le Corbery	Jura	07.07.2016		160713-9	20.3	2016_6	Bonfol_9
Le Corbery	Jura	07.07.2016	Identisch zu Bonfol_11	160713-10	43.9	2016_6	Bonfol_10
Le Corbery	Jura	07.07.2016	Identisch zu Bonfol_10	160713-11	27.4	2016_6	Bonfol_11
Le Corbery	Jura	07.07.2016		160713-12	30.5	2016_6	Bonfol_12
Le Corbery	Jura	07.07.2016		160713-13	52.5	2016_6	Bonfol_13
Le Corbery	Jura	07.07.2016		160713-14	47.9	2016_6	Bonfol_14
Le Corbery	Jura	07.07.2016		160713-16	49.4	2016_6	Bonfol_15
Le Corbery	Jura	07.07.2016		160713-17	87	2016_6	Bonfol_16
Le Corbery	Jura	07.07.2016		160713-18	49.2	2016_6	Bonfol_17
Le Corbery	Jura	07.07.2016		160713-19	12	2016_6	Bonfol_18
Le Corbery	Jura	07.07.2016		160713-3	5	2016_6	Bonfol_3

Tab. 15: Allele der zwei DNA Proben aus den Kantonen Bern und Aargau sowie die jeweiligen Negativ-Kontrollen.

	Aas6	AIT5	AIT7	Aas3040	AIT8	AIT11	AIT37	AP2	AP3	AIT1	Aas5
160524_13 (AG)	181	285	386	223	0	197	238	196	162	204	455
	183	285	394	223	201	197	238	196	162	204	455
160621_10 (BE)	183	285	0	223	201	197	243	0	162	204	451
	183	285	0	223	0	221	243	0	162	204	455
NK_1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NK_2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NK_3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NK_4	0	0	0	0	0	0	0	0	216	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	216	0	0
NK_5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NK_6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NK_7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	212	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	212	0
NK_8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NK_9	0	0	0	0	0	0	238	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	238	0	0	0	0
NK_10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NK_11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0