



naturhistorisches
museum wien



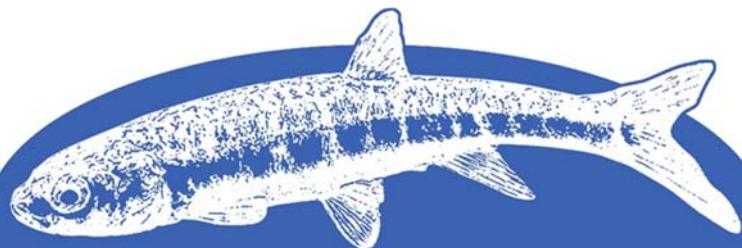
18. Tagung der Gesellschaft für Ichthyologie (GfI)

*18th conference of the
German Ichthyological Society (GfI)*



17.-20.11.2022 / November 2022
im / at

Naturhistorisches Museum Wien
Natural History Museum Vienna



18. Tagung der Gesellschaft für Ichthyologie e.V. (GfI)

Naturhistorisches Museum Wien

17. bis 20. November 2022

Programm und Zusammenfassungen

Layout: Sara Kast

Titelfoto: *Phoxinus*, Duisitzkarsee, Österreich, Foto: Anja Palandačić

Diese Veröffentlichung ist urheberrechtlich geschützt. Nachdrucke, auch auszugsweise, dürfen nur mit schriftlicher Genehmigung des Verlags angefertigt werden. Kein Teil dieser Veröffentlichung darf ohne ausdrückliche schriftliche Genehmigung auf elektromechanischem Wege reproduziert oder elektronisch gespeichert werden.

©2022 Gesellschaft für Ichthyologie & Verlag Natur & Wissenschaft

ISBN 978-3-96212-004-7

Freitag 18.11.2022

8:00 – 9:30 Anmeldung

9:30 Begrüßung

BLOCK 1 Biodiversity and phylogeny

9:45 – 10:30 Keynote A. Palandacic: The *Phoxinus* phenomenon – EN

10:30 S. Reier: *Phoxinus lumaireul* (Schinz, 1840) shifts the Adriatic-Black Sea drainage basin in the Dinaric Karst – EN

10:45 M. Stange: *Phoxinus* spp. in North-Rhine Westphalia: what we know and don't know – EN

11:00 J. Pfaender: *Phoxinus morella* (Leske, 1774) – The Northern Minnow, a valid species! – EN

11:15 Coffee break

11:30 G. Englmaier: A phylogenomic perspective on the evolutionary history of European graylings (*Thymallus* spp., Salmonidae) – EN

11:45 S. Kirchner: Shedding light on the evolution of an enigmatic fish. Comparative analyses of cavernicolous and surface-dwelling populations of *Garra longipinnis* – EN

12:00 C. Antognazza: Genetic assessment of native trout populations (*Salmo trutta* complex) in Lombardy (North Italy): implication for future conservation and management – EN

12:15 T. Moritz: Neues zur Heringsverwandtschaft – aktuelle Phylogenien und offene Fragestellungen – DE

12:30 -13:45 Lunch

BLOCK 2 Ecology, behavior, food webs

13:45 U. Mischke: Kuscheln und Rufen – das zärtliche Sozialleben Europäischer Welse – DE

14:00 F. Velte: Zur Kenntnis des Putzverhalten von *Coris julis* (Teleostei, Labridae) – DE

14:15 C. Schutz: Einfluss des Bekanntheitsgrades auf das Räuberfluchtverhalten bei Amazonenkarperlingen (*Poecilia formosa*) – DE

14:30 D. Bierbach: Collective air-breathing of juvenile *Arapaima gigas* – DE

14:45 Coffee break

15:00 N. Weimar: An interactive biomimetic fish robot helps to understand the rules of information transfer in groups of weakly electric fish – DE

15:15 L. John: Dynamic camouflage in scorpionfish – DE

15:30 F. Francisco: Experienced social partners hinder learning performance in naive clonal fish (*Poecilia*) – EN

15:45 E. Hauten: Trophic niches and food web positions of smelt life stages in an estuary – EN

16:00 R. Koll: Transcriptomic response and gill microbial community changes of dominant fish species under steep abiotic gradients in the Elbe estuarine habitat – EN

16:15 K. Tönißen: Aquaculture pikeperch – fillet quality, evaluation and influencing factors – EN

16:30 Coffee break in Postersession

19:00 Gesellschaftsabend

Samstag 19.11.2022

BLOCK 3 Morphology

9:00 – 9:45 Keynote J. Wanzenböck: Changes in fish ecological research: from catch-based and observational studies to molecular methods – DE

9:45 I. Gebhardt: Unterschiede in der Gehirnmorphologie zwischen "Putzergrundeln" und "schwamm-bewohnenden" Grundeln der Gattung *Elacatinus* – DE

10:00 S. Kast: Die Kleinaugengrundel *Austrolethops wardi* – überdeckt konservative Phylogenie die Nahrungsökologie – DE

10:15 H.-C. Schulz: Diversität des Beckengürtels der ‚Protacanthopterygier‘ – DE

10:30 Coffee break

10:45 A.-K. Koch: Die ganz normale sehr besondere Rückenflosse der Nilhechte (Mormyridae, Ostseoglossomorpha) – DE

11:00 P. Wirtz: Die Evolution des Flossenkriechens bei Plattfischen – DE

11:15 V. Fischbach: Hornhecht, Hering und Co – Studien zur Larvalentwicklung von Fischen im Greifswalder Bodden – DE

11:30 Coffee break

BLOCK 4 Monitoring and Management

11:45 T. Schmidt: Schutz und Management von Gruppen (*Cottus* sp.) und Bachforellen (*Salmo trutta*) im grenzüberschreitenden Biosphärenreservat Pfälzerwald-Nordvogesen – DE

12:00 M. Friedrichs-Manthey: Bestandsentwicklung der Süßwasserfischarten in Deutschland – Ein Projekt im Rahmen von NFDI4Biodiversity – DE

12:15 A. Schrimpf: GeMoLaR: Genetisches Monitoring des Atlantischen Lachses in deutschen Rheineinzugsgebiet – DE

12:30 M. George: Nordsee-Fischfauna – Unterschiede zwischen aktuellen Daten und historischen Angaben – DE

12:45 – 14:15 Lunch

BLOCK 5 Ricefish

14:15 L. L. Wantania: Sulawesi's stream fishes: Species coexistence and niche overlap – EN

14:30 J. Schwarzer: On the evolution of a derived reproductive strategy in fishes – EN

14:45 T. Spanke: A conspicuous reproductive strategy in Sulawesi ricefishes (Beloniformes; Adrianichthyidae): Skeletal characteristics of 'pelvic brooding' – EN

15:00 A. Ankermann: Karyotyping of a Sulawesi ricefish (*Oryzias eversi*, Beloniformes; Adrianichthyidae) from cell culture – EN

15:15 Flury: Modularity and a low number of loci facilitated the evolution of pelvic brooding in *O. eversi* – EN

15:30 A. Schüller: The Hidden Egg Diversity of Sulawesi Ricefishes – EN

15:45 Coffee break

16:10 Preisverleihung und Abschluss der Tagung

17:00 – 19:00 Mitgliederversammlung

BLOCK 1 Biodiversity and phylogeny

Keynote

The *Phoxinus* Phenomenon

Anja Palandačić^{1,5}, Susanne Reier^{1,3}, Alexandra Wanka^{1,3}, Sandra Kirchner^{1,3}, Ales Snoj⁵, Luise Kruckenhauser³, Min Chai^{1,3}, Gennadiy Shandikov¹, Ernst Mikschi¹, Nina Bogutskaya¹

¹First Zoological Department, Natural History Museum Vienna, Vienna, Austria

²Department of Evolutionary Biology, University of Vienna, Vienna, Austria

³Central Research Laboratories, Natural History Museum Vienna, Vienna, Austria

⁴Department of Animal Science, Biotechnical Faculty, University of Ljubljana, Domžale, Slovenia

⁵Department of Biology, Biotechnical Faculty, University of Ljubljana, Ljubljana, Slovenia

European *Phoxinus*, common minnows, are small leuciscids found in variable habitats across a range of altitudes and climatic zones. For almost a century it was believed they belong to one widely distributed species, *Phoxinus phoxinus*. However, in 2004 and 2007 morphological studies resurrected old or described new species. In 2014 and 2015 first molecular studies followed indicating up to 23 mitochondrial genetic lineages in Europe, but with many large geographic areas/river drainages still understudied. While some of the discovered mitochondrial lineages were allocated to previously described, available species names, and some have also been corroborated by morphological data, about half of putative species still await resolution of their phylogeny and taxonomic identity. The *P. phoxinus* complex is notorious for its high intraspecific phenotypic diversity which makes it difficult to diagnose morphologically similar species. Furthermore, most of the phylogenetic conclusions are currently based on information provided by mitochondrial genetic markers that are insufficient for species delimitation. Finally, it has been detected, that distribution of most species and/or genetic lineages do not follow zoogeographical patterns and drainage boundaries. Thus, European *Phoxinus* is an extraordinary example of hidden biodiversity in the midst of Europe, which attest to the deficient knowledge of the local fish fauna.

BLOCK 1 Biodiversity and phylogeny

Vortrag

***Phoxinus lumaireul* (Schinz, 1840) shifts the Adriatic–Black Sea drainage basin in the Dinaric Karst**

Susanne Reier^{1,2}, Luise Kruckenhauser^{2,3}, Aleš Snoj⁴, Peter Trontelj⁵, Anja Palandačić¹

¹ First Zoological Department, Vienna Museum of Natural History, Burgring 7, 1010 Vienna, Austria

² Department of Evolutionary Biology, University of Vienna, Djerassiplatz 1, 1030 Vienna, Austria

³ Central Research Laboratories, Natural History Museum Vienna, Burgring 7, 1010 Vienna, Austria

⁴ Department of Animal Science, Biotechnical Faculty, University of Ljubljana, Groblje 3, 1230 Domžale, Slovenia

⁵ Department of Biology, Biotechnical Faculty, University of Ljubljana, Jamnikarjeva 101, SI-1000 Ljubljana, Slovenia

The Dinaric Karst on the Balkan Peninsula is a hotspot of European biodiversity. Karst landscapes have underground water systems with complex connections to surface water. The most common method for investigating these underground connections in the karst are so-called "tracing tests" with tracers. Tracers are substances carried by water (e.g., dyes, salts) that provide information on flow direction, velocity and quantity. Another biologically oriented approach is the analysis of the genetic relationship of aquatic organisms inhabiting the investigated underground karst system. Here, the genetic population structure not only provides information about the water connections, but also reflects the ecology of the studied organisms. Thus, populations of the fish species *Phoxinus lumaireul* (Schinz, 1840) in the Slovenian Dinaric karst were densely sampled and analyzed for different genetic markers (*COI*, *cytb*, *RPS7*). Subsequently, the genetic structure was compared to known underground connections and the palaeohydrology of the area. Support for three different scenarios were evaluated: the genetic structure (1) is a consequence of the ongoing geneflow through underground connections, (2) reflects a past hydrological network, or (3) is an outcome of human translocations. Although none of the three possible scenarios can be unambiguously confirmed as main driver for shaping the current genetic composition, the population structure rather indicates a natural distribution, influenced by a mixture of current and past gene flow, than to human-mediated translocations. Moreover, the range of Adriatic and Black Sea haplotypes does not correspond to the Adriatic–Black Sea basin divide but is shifted northwards.

BLOCK 1 Biodiversity and phylogeny

Vortrag

***Phoxinus* spp. in North-Rhine Westphalia: what we know and don't know**

Madlen Stange, Astrid Böhne, Fabian Herder, Temitope Oriowo, Nils Sternberg

Leibniz Institute for the Analysis of Biodiversity Change, Museum Koenig Bonn, Adenauerallee 127, 53113 Bonn, Germany.

Recent research on the taxonomy of the genus *Phoxinus* evidenced that *P. phoxinus* (Eurasian Minnow) is not spread all over Europe, which previously resulted in its conservation status 'LC', but is in fact endemic to nearby rivers of its type locality (Agger, North-Rhine Westphalia, Germany) in the lower Rhine area, reducing its previously assumed population size and geographic distribution.

Minnows in general are considered an important bait species for hobby anglers, which puts pressure on its conservation through stocking practices. Such active and passive stocking practices with what was believed to be *P. phoxinus* from other German drainages, most importantly the Danube River, are threatening the autochthonous *P. phoxinus* populations in the Rivers Sieg and Agger. Previous studies have shown hybridisation of autochthonous *P. phoxinus* and allochthonous *Phoxinus* spp. Species hybridisations allow the combination of molecular and morphological characters into novel variants and therefore have the potential to create hybrids that can outcompete parental species. Indeed, increasing and potentially invasive *Phoxinus* population sizes are being observed in certain rivers in North-Rhine Westphalia since the early 2000s.

To unravel the molecular and morphological characteristics of *Phoxinus* hybrids and to shed light on the mechanisms involved in the formation of an invader through hybridisation, we investigate (i) the population structure and the genomic architecture of the *Phoxinus* hybrid swarm for parental allele combinations, genomic rearrangements as well as transposable element content. (ii) We investigate the ecology and niche occupation of the hybrid and parental species with other fish species in the River Sieg using stomach content analyses and geometric morphometrics to infer ecosystem impact of the hybrids.

First preliminary results from COI-barcoding show a gradient of hybrid populations along the Sieg; the Agger – the type locality – shows the least impact of allochthonous species, whereas we find only very little evidence of *P. phoxinus* presence in the River Ahr.

BLOCK 1 Biodiversity and phylogeny

Vortrag

***Phoxinus morella* (Leske, 1774) – Die Nördliche Elritze, eine valide Art!**

Jobst Pfaender & Udo Rothe

Naturkundemuseum Potsdam, Breite Straße 11 / 13, D – 14467 Potsdam

Über Jahrzehnte herrschte hinsichtlich der Taxonomie europäischer Arten der Gattung *Phoxinus* Unklarheit. Es wurden zahlreiche Taxa synonymisiert bzw. unter *Phoxinus phoxinus* (Linnaeus, 1758) zusammengeführt (z. B. Kottelat, 1997). Innerhalb der Gattung zeigten jedoch später verschiedene Studien eine vergleichsweise hohe kryptische Diversität des Artenkomplexes auf (z. B. Palandačić et al., 2015, 2017, 2022). Südliche *Phoxinus*-Arten sowie die der Mittelgebirge konnten relativ gut diagnostiziert werden. Dabei blieb die Artzugehörigkeit der Elritzen in den nach Norden entwässernden Einzugsgebieten weiter unklar. Nathanael Gottfried Leske beschrieb 1774 aus dem Gebiet der Norddeutschen Tiefebene eine Elritze (*Cyprinus morella*). Typusexemplare existieren davon nicht und die Art ging in *P. phoxinus* auf (Kottelat, 1997; Kottelat & Freyhof, 2007). Um die Artzugehörigkeit der heute in diesem Areal vorkommenden Elritzen abzuklären, führten wir sowohl molekulare als auch morphologische Untersuchungen durch. Dabei wurden von insgesamt 29 Lokalitäten 701 Exemplare mittels COI-Analysen typisiert. Die gewonnenen Daten wurden mit *Phoxinus*-Sequenzen aus anderen Flusseinzugsgebieten verglichen. Daneben erfolgten morphologische Untersuchungen an allen Proben und der Vergleich mit *P. phoxinus* sowie *P. marsili*. Die Resultate zeigen eine hohe genetische Distanz unserer Proben zu denen anderer *Phoxinus*-Arten. Auch hinsichtlich der Ausbildung der Brustbeschuppung sowie Differenzen in den Messstrecken konnten wir Unterschiede zwischen den Arten erkennen. Basierend auf unsere Diagnosen wird vorgeschlagen, die Elritzen der Norddeutschen Tiefebene zukünftig als *Phoxinus morella* (Leske, 1774) anzuerkennen. Die Art besiedelt anhand unserer Resultate mindestens das Areal von der Ems im Westen über Niedersachsen und den Harz auch das gesamte deutsche Elbe-einzugsgebiet bis nach Sachsen.

BLOCK 1 Biodiversity and phylogeny

Vortrag

A phylogenomic perspective on the evolutionary history of European graylings (*Thymallus* spp., Salmonidae)

Gernot K. Englmaier^{1,2} & Steven J. Weiss¹

¹ Institute of Biology, University of Graz, Universitätsplatz 2, 8010 Graz, Austria

² Academy of Sciences of the Czech Republic, Institute of Vertebrate Biology, Květná 8, 60365 Brno, Czech Republic

Rivers and lake systems in Europe have been subject to frequent paleohydrological changes, providing a unique framework to understand the evolutionary dynamics driving the genetic structure of their aquatic biodiversity. To clarify the evolutionary relationships among different species/populations of *Thymallus* in Europe, we used mitochondrial data and nuclear genome-wide single nucleotide polymorphisms from ddRADseq. Both datasets inferred well-supported phylogenies, but several cases of incongruence between mitochondrial and nuclear DNA-based trees provided evidence for a complex colonisation history with frequent cases of secondary contact, introgression and/or mitochondrial capture during the evolution of *Thymallus* in Europe. Divergence time estimates suggested an early (late Miocene) colonization of the Danube River with subsequent dispersal to the Northern Adriatic basin, Western Europe, and North/North-Eastern Europe. Splits among modern lineages coincide with the Pleistocene Era, implying multiple independent glacial refugia. These results challenge earlier mtDNA-based hypotheses on the role of late Pleistocene glacial cycles as a general driving force for lineage differentiation and call for additional comparative phylogeographic analyses.

BLOCK 1 Biodiversity and phylogeny

Vortrag

Shedding light on the evolution of an enigmatic fish. Comparative analyses of cavernicolous and surface-dwelling populations of *Garra longipinnis*

Sandra Kirchner¹, Helmut Sattmann², Elisabeth Haring¹ & Luise Kruckenhauser¹

¹ Natural History Museum Vienna, Central Research Laboratories, Burgring 7, 1010, Vienna, Austria

² Natural History Museum Vienna, Third Zoological Department, Burgring 7, 1010, Vienna, Austria.

The cyprinid freshwater fish *Garra longipinnis* is endemic to Northern Oman and the UAE. Besides the harsh and arid climate, this taxon is quite common and inhabits all kinds of water bodies. In addition to the many surface populations, one troglomorphic cave population is known inhabiting the Al Hoota cave in the midst of the Hajar mountains. We investigated the population structure between the cave and nearby surface populations by analyzing variable microsatellite markers. The results clearly show that the cave population is genetically isolated and gene flow can be detected only scarcely and unidirectional from the cave to the surface populations. Besides, phenotypic plasticity (exposure to light) seems to play an important role when it comes to the degree of troglomorphic traits (pigmentation, eye size). To further study the effects of light exposure on the phenotype, we conducted breeding experiments under controlled light regimes. We will employ histological analysis and µCT scans to compare the degree of degeneration between specimens reared under different light regimes from both morphotypes and different developmental stages. Further on, in the course of an extensive phylogeographic framework, we investigated the genetic diversity within the distribution area of *G. longipinnis* including samples from 56 sampling sites. We received concordant results from analyzing three mt fragments as well as 18 nc microsatellite markers which show five genetically and geographically clearly differentiated groups, which we address as distinct species.

Garra from northern Oman is currently listed as “Least Concern” (IUCN Red List). Hence, the newly discovered *Garra* species-complex in northern Oman is in urgent need for reevaluation, as desertification, habitat destruction as well as water shortage and potential chemical pollution pose serious threats to organisms occupying extreme habitats. A Species description for the newly discovered taxa was conducted and will provide the basis for a conservation reassessment.

BLOCK 1 Biodiversity and phylogeny

Vortrag

Genetic assessment of native trout populations (*Salmo trutta* complex) in Lombardy (North Italy): implication for future conservation and management

Caterina M. Antognazza¹, Anja Palandačić², Serena Zaccara¹

¹Department of Theoretical and Applied Sciences, University of Insubria, Via H. Dunant 3, 21100 Varese, Italy

²Natural History Museum Vienna 1. Zoological Department, Fischsammlung, Burgring 7, 1010 Vienna, Austria

The brown trout is a complex of developing species distributed around the Palearctic region. Glacial and interglacial peaks allowed the divergence of five main mitochondrial lineages. The reconstruction of its recent evolutionary history is essential to set-up concrete management and conservation efforts. Attempts to identify its native distribution is exacerbated by stocking activities with allochthonous strains during last century, which can lead to genetic introgression. An exhaustive genetic investigation has never been conducted in North Italy, especially in Lombardy region, which is posing critical management and conservation issues. In order to investigate the evolutionary status of trout in this area a genetic assessment of remote trout populations (possibly less impacted by introductions) was completed throughout the alpine and subalpine basins in Lombardy. For further strengthening, a few historical samples (back to 1821) collected in museums has been analysed. Genetic analyses covered more than 200 fish from 13 populations plus one population of hatchery-reared fish, used for stocking. Evolutionary history was inferred using the mitochondrial control region marker, whilst the level of introgression using the nuclear gene LDH-C1. Outputs revealed strong signs of introgression with the allochthonous strain. Nevertheless, the mitochondrial lineages linked to the Mediterranean brown trout is present in the current samples as well as in the museum samples, suggesting its historical presence in the ecosystems of alpine and subalpine basins.

BLOCK 1 Biodiversity and phylogeny

Vortrag

Neues zur Heringsverwandtschaft – aktuelle Phylogenien und offene Fragestellungen

Timo Moritz^{1,2} & Chenhong Li³

¹Deutsches Meeresmuseum, Katharinenberg 14-20, 18439 Stralsund, Deutschland

²Institut für Biowissenschaften, Universität Rostock, Albert-Einstein-Straße 3, 18059 Rostock, Deutschland

³Shanghai Universities Key Laboratory of Marine Animal Taxonomy and Evolution, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China

Heringsartige Fische sind ökologisch und ökonomisch von großer Bedeutung. In den letzten Dekaden wurden ihre Verwandtschaftsbeziehungen immer wieder untersucht, mit teils recht unterschiedlichen Ergebnissen. In einer neuen Studie haben wir über 4.400 proteinkodierende single-copy Loci der Heringsartigen mit Hilfe der Gene-Capture Methode extrahiert. Auf der Basis eines finalen aufgereinigten Datensatzes von 1.165 Loci konnte eine sehr robuste Phylogenie erstellt werden. Diese unterstützt einige Annahmen zur Verwandtschaft der Heringsartigen, zeigte jedoch auch viele unerwartete Ergebnisse. Beispielsweise wird die Monophylie der Clupeiformes mit *Denticeps* als Schwestergruppe zu allen übrigen Taxa gestützt. Die Dussumieriiden in ihrer bisherigen Auffassung zerfallen jedoch in mehrere nicht-näher verwandte Taxa; eines davon, *Jenkinsia* und *Spratelloides*, stellen sogar überraschenderweise die Schwestergruppe zu allen übrigen Heringsartigen (ohne *Denticeps*).

Dieser Vortrag gibt einen Überblick über die bisherigen Arbeiten zur Phylogenie der Clupeiformes, diskutiert ‚Widersprüche‘ zwischen morphologischen Befunden und der aktuellen molekularen Heringsphylogenie und stellt einen neuen Vorschlag zur Klassifikation der Heringsartigen vor.

BLOCK 2 Ecology, behavior, food webs

Vortrag

Kuscheln und Rufen – das zärtliche Sozialleben Europäischer Welse

Uwe Mischke

Gesellschaft Naturforschender Freunde zu Berlin (gegr, 1773)

An der FU-Berlin, Institut für Biologie, Königin-Luise-Str. 1-3, 14195 Berlin

Mit „Mu-Fi-Mo“ (**Multimedia-Fisch-Monitoring**) wurden Verhaltensweisen und Lautäußerungen einheimischer Fische mit Video- und Audiotechniken analysiert. Hierbei kamen analoge Hydrophone und zur parallelen Langzeitübertragung von digitalen Bild- und Tondaten aus dem Wasser auch das Wi-Fi-Signal mit 2,4 GHz zum Einsatz. Da Wi-Fi im Wasser stark absorbiert wird, war hierfür die Entwicklung einer speziellen Übertragungstechnik notwendig. Überwasser lässt sich so das Unterwasser Live-Bild sehen und auch sämtliche Steuerungsmöglichkeiten der Kamera nutzen, die deren App bereitstellt. Welse (*Silurus glanis*) lassen sich u.a. mit einem Kanu auch im Freiland störungsarm suchen, beobachten und dokumentieren. Insgesamt wurden Welse in Aquarien, im Freiland (Spanien, Frankreich) und seit sechs Jahren in einem Versuchsbecken des Umweltbundesamtes (UBA, Dank an Aki S. Ruhl und Eduard Sandyk) analysiert.
„Ausgewachsene Tiere bevorzugen ruhige, mit Wasserpflanzen bewachsene Bereiche und sind standorttreue und wahrscheinlich territoriale Einzelgänger.“ (Wikipedia: https://de.wikipedia.org/wiki/Europ%C3%A4ischer_Wels). Obwohl man als Taucher öfter auch einzelne große Fische entdeckt, lässt sich nach insgesamt mehr als 10-jähriger Analyse des Welsverhaltens ein Einzelgängerdasein nicht generalisieren. Juvenile und adulte Welse sind oft in kleineren Gruppen anzutreffen. Hier kommt es auch zu Ortswechseln einzelner Tiere, wobei es dann auch wieder Rückkehrer gibt. Die Gruppengröße ist nicht stabil und schwankt zwischen zwei und bis zu über zehn Tieren.

Das männliche Welse z.B. bei der Brutpflege nicht stumm sind, ist bereits seit Aristoteles bekannt. Neu ist, dass Welse nicht nur regelmäßig in der Dämmerung und Nacht, sondern auch am Tag immer wieder Laute produzieren. Darüber hinaus pflegen sie einen intensiven Körperkontakt, bei denen sich meist zwei Individuen „zärtlich“ berühren und oft umschlingen. Hierbei kommt es ebenfalls zu Lautäußerungen. Diese werden auch bei einer Art Begrüßung von Rückkehrern produziert.

Europäische Welse zeigen durch ihre intensive Körperlichkeit untereinander und ihre akustische Kommunikation das wohl ausgeprägteste Sozialverhalten einheimischer Fische.

BLOCK 2 Ecology, behavior, food webs

Vortrag

Zur Kenntnis des Putzverhaltens von *Coris julis* (Teleostei, Labridae)

Frank Velte

Zoo Vivarium Darmstadt, Schnampelweg 5, 64287 Darmstadt

In vielen oberflächen- und küstennahen Meeresgebieten aber auch im Süßwasser sind Putzerfische tätig. Mittlerweile sind über 200 Arten bekannt, die andere Fischen Ektoparasiten von deren Körperoberfläche entfernen. Nur die wenigsten davon sind allerdings als Hauptputzer in einem bestimmten Gebiet tätig. In den meisten Fällen zeigen Putzerfische nur gelegentlich dieses Verhalten. Solche Arten bezeichnet man als fakultative oder akzessorische Putzerfische. Einer dieser fakultativen Putzerfische ist der Meerjunker (*Coris julis*). Obwohl seit vielen Jahrzehnten bekannt ist, dass *Coris julis* dieses Verhalten zeigt und diese Art der wohl am besten untersuchteste Lippfisch des Mittelmeeres ist, gibt es noch keine Studie, die sich explizit mit dem Putzverhalten beschäftigt. Mit Literaturdaten zu diesem Thema sowie eigenen Beobachtungen aus griechischen Gewässern soll ein erster Überblick über das Putzverhalten des Meerjunkers gegeben werden. Bekannt ist dieses Phänomen von den Azoren, den Kanarischen Inseln sowie aus vielen Teilen des Mittelmeeres. Dabei wurden bisher 19 Arten von Putzkunden festgestellt, darunter auch Artgenossen sowie eine Art, die ein Einwanderer aus dem Roten Meer ist. Die meisten Beobachtungen stammen aus dem Bereich bis zu 10 Metern Tiefe. Unterhalb dieses Bereiches wurde Putzverhalten nur sehr selten dokumentiert. In der Regel putzt der Meerjunker einzeln. Nur eine Beobachtung berichtet, dass bis zu 10 Individuen des Meerjunkers verschiedene Exemplare aus einem Schwarm Mönchsforelle (*Chromis chromis*) geputzt haben. Das Putzereignis dauert meist nur kurz, bei Kreta im Durchschnitt nur sieben Sekunden (n = 13). Davor fordern die Putzkunden durch bestimmte Körperhaltungen den Meerjunker zum Putzen auf, jedoch wird nicht immer dieser Aufforderung nachgekommen. In 24 % der dokumentierten Fälle war die Putzaufforderung nicht erfolgreich. Die Stellen, an denen geputzt wird, sind sehr unterschiedlich. Neben dem häufigen Putzen im Felslitoral, konnte das Verhalten auch über Sandboden, Hartsubstrat und im freien Wasser beobachtet werden. Es gibt bisher keinen Hinweis, dass *Coris julis* dieses Verhalten an Putzstationen ausführt. Demnach würde der Modus, mit dem der Meerjunker putzt, auf ein rein „spontanes Putzen“ hindeuten, so wie dies von den meisten fakultativen Putzerfischen bekannt ist.

BLOCK 2 Ecology, behavior, food webs

Vortrag

Einfluss des Bekanntheitsgrades auf das Räuberfluchtverhalten bei Amazonenkäpflingen (*Poecilia formosa*)

Christopher Schutz^{1,2,3}, David Bierbach^{1,2,3}, Fritz A. Francisco^{1,2}

¹ Lebenswissenschaftliche Fakultät, Humboldt-Universität zu Berlin, Berlin, Deutschland

² Exzellenzcluster „Science of Intelligence“, Technische Universität Berlin, Berlin, Deutschland

³ Abteilung Biologie und Ökologie der Fische, Leibniz-Institut für Gewässerökologie und Binnenfischerei, Berlin, Deutschland

Eine große Gefahr für viele Tiere besteht darin, einem Fressfeind zum Opfer zu fallen. Um dieses Risiko zu minimieren, haben Tiere verschiedene Abwehrmechanismen entwickelt, darunter unter anderem das Leben in Gruppen, welches den Verdünnungs- und Verwirrungseffekt mit sich bringt. Somit wird die Gefahr pro Individuum verringert, von einem Räuber gefressen zu werden. Doch die Gruppengefüge sind nicht immer stabil und so kommt es vor, dass der Bekanntheitsgrad von Individuen in einer Gruppe variiert. Fische haben die Fähigkeit, zwischen bereits bekannten und unbekannten Individuen zu unterscheiden. Dieser Bekanntheitsgrad zwischen Fischen innerhalb einer Gruppe kann einen Einfluss auf die Chancen der erfolgreichen Räubervermeidung haben. Wir sind der Frage nachgegangen, welchen Einfluss der Bekanntheitsgrad zweier klonaler Amazonenkäpflinge (*Poecilia formosa*) auf deren Erfolg bei der Räubervermeidung hat. Diese maximal 10 cm groß werdenden Fische leben in Gruppen, in Gewässern Nordamerikas, in denen sie vielen verschiedenen Raubfischen ausgesetzt sind. Wir spielten Paaren dieser Fische eine simulierte Räuberattacke vor und filmten deren Reaktion darauf. Dabei gab es zwei unterschiedliche soziale Behandlungen, bei denen die beiden Individuen entweder bekannt oder unbekannt miteinander waren. Anschließend wurden die Reaktionszeiten der einzelnen Fische auf die simulierte Räuberattacke bestimmt. Beim ersten Versuchsdurchlauf gab es keinen signifikanten Unterschied in der Reaktionsschnelligkeit zwischen den Paaren. Im zweiten Versuchsdurchlauf, mit getauschten sozialen Behandlungen für jedes Individuum, reagierten hingegen die zueinander unbekannten Tiere signifikant früher auf den simulierten Räuber, als dies miteinander bekannte Tiere taten. Meine Ergebnisse legen nahe, dass der Bekanntheitsgrad zweier *P. formosa* dann einen Einfluss auf deren Räubervermeidungsverhalten hat, wenn sie dem Räuber gegenüber nicht mehr naiv sind.

BLOCK 2 Ecology, behavior, food webs

Vortrag

The “ElectroFish” setup: Developing an interactive biomimetic robot to communicate with weakly electric fish

Nils Weimar¹, Mathis Hocke², Moritz Maxeiner², Gianluca Volkmer², Khaled Alomari², Frank Kirschbaum³, Tim Landgraf², Gerhard von der Emde¹

¹ Neuroethology/Sensory Ecology, Institute of Zoology, University of Bonn, Meckenheimer Allee 169, 53115 Bonn, Germany

² Dahlem Center for Machine Learning and Robotics, Department of Mathematics and Computer Science, Freie Universität Berlin, Arnimallee 7, 14195 Berlin, Germany

³ Unit of Evolutionary Biology/Systematic Zoology, Institute of Biochemistry and Biology, University of Potsdam, Karl-Liebknecht-Strasse 24-25, 14476 Potsdam, Germany

In mormyrid weakly electric fish, individuals continuously emit and perceive pulse-type electric organ discharges (EOD) to establish highly complex social group dynamics. This electro-communication allows mormyrids to exchange identity information based on the waveform of their EOD, as well as contextual information through the modification of their inter-discharge intervals (IDI). Our previous studies have shown that shoaling mormyrids frequently engage in episodes of interactive electric signaling by synchronizing their EODs to each other. They also interact with artificial signal sources like an EOD-emitting fish robot. However, it is not fully known which social cues these signals convey, what they mean, and which behaviors they evoke in other fish.

Here we show the main requirements needed to develop an interactive biomimetic robot (“ElectroFish”) that can serve as a communication partner for weakly electric fish. (1) Since during EOD synchronization two fish respond to each other within a short time window of 20-30ms, we developed an automated, on-line EOD localization system using neural networks. This allows for real-time identification of a specific EOD sender within a group and immediate and directed responses of the robot. (2) Initial experiments have shown that random signal playback sequences can lead to unpredictable responses of individual fish. For this reason, we additionally developed a standardized echo response system that integrates the electric signaling properties into the robot control software. The robot is thus able to directly respond to the signaling behavior of a specific fish in a group with EOD synchronization and interactive locomotion. This fully interactive robot, which operates in closed-loop both electrically and locomotorically, gives us full control over the cues we inject into the social system. By introducing such a flexible and controllable robotic communication partner into a group, we aim to understand the rules of information transfer during electro-communication in shoals of weakly electric fish.

BLOCK 2 Ecology, behavior, food webs

Vortrag

Dynamic camouflage in scorpionfish

Leonie John¹, Matteo Santon^{1,2}, Nico K. Michiels¹

¹ Animal Evolutionary Ecology, Institute of Evolution and Ecology, University of Tübingen

² Ecology of Vision Group, School of Biological Sciences, University of Bristol

For a successful hunt, marine ambush predators such as the scorpionfish need to be well camouflaged in the eyes of their prey. This can be achieved by background matching, where fish luminance, color and pattern are similar to the background. To match a variety of backgrounds in a heterogenous environment, some fish can even dynamically change their appearance for camouflage. We previously showed that the two Mediterranean scorpionfish species *Scorpaena maderensis* and *Scorpaena porcus* can change luminance and color within seconds. Here, we tested whether fish also change pattern depending on their background. Fish were placed on different backgrounds and their change was documented over five minutes. We use calibrated image analysis and visual modeling to show differences of fish pattern size and contrast on the different backgrounds from the prey's perspective and to quantify how long the fish need to change. Both species of scorpionfish can adapt the contrast of their pattern depending on the background, but pattern size remains similar across backgrounds. The results contribute to our understanding of dynamic camouflage in these predatory fishes.

BLOCK 2 Ecology, behavior, food webs

Vortrag

Experienced social partners hinder learning performance in naive clonal fish

Fritz A. Francisco^{1,2}, Juliane Lukas^{2,3}, Almond Stöcker⁴, Paweł Romanczuk^{1,2,5}, David Bierbach^{1,2,3}

¹ Excellence Cluster Science of Intelligence, Technical University, Berlin 10587, Germany

² Department of Biology, Humboldt University, Berlin 10587, Germany

³ Leibniz-Institute of Freshwater Ecology and Inland Fisheries, Berlin, Germany

⁴ Department of Mathematics, École polytechnique fédérale de Lausanne (EPFL), CH-1015 Lausanne, Switzerland

⁵ Bernstein Center for Computational Neuroscience, Humboldt University, Berlin 10587, Germany

Social learning can facilitate information spread within groups and is generally assumed to increase learning efficiency in animals. In this study we asked how individual learning is affected by the skill level of a potential demonstrator that is accessible during the learning process. We predicted that both task-naive and task-experienced individuals would benefit from a task-experienced, visually observable conspecific demonstrator. We used the all-female clonal Amazon molly (*Poecilia formosa*) for our experiments. For the analysis, we propose a learning model based on generalized linear mixed models which lets us directly relate each research question to a single model parameter. First, following a classical conditioning paradigm, half of our fish were trained to find food inside a small cylinder, while the other half was provided with food randomly dispersed in their tank. On average, the trained individuals visited the cylinder with a higher likelihood than randomly fed individuals, while trained individuals showed consistent individual differences in their learning performance already after the second day of training (i.e., after six training sessions). In a second step, we allowed those fish to observe a conspecific in an adjacent tank while we continued (for those trained) or started (for naives) with the individual training, i.e., providing food inside the cylinder for another five days. We found that trained individuals did not benefit from a partner, regardless of the partners' proficiency, but did show a higher average performance compared to the naive individuals. Naive individuals showed a decrease in learning performance when paired with experienced partners but not when paired with other naive ones. Our results suggest that clonal Amazon mollies are able to learn a foraging task individually and differ consistently in their individual learning ability, that social learning depends on own, as well as the demonstrator's skill level in a way that observing an informed conspecific may hamper own learning performance.

BLOCK 2 Ecology, behavior, food webs

Vortrag

Trophic niches and food web positions of smelt life stages in an estuary

Elena Hauten¹, Raphael Koll², Jesse Theilen^{3,4}, Ralf Thiel^{3,4}, Andrej Fabrizius², Kai Jensen⁵, Raquel Marques⁶ & Christian Möllmann¹

¹ University of Hamburg, Institute of Marine Ecosystem and Fishery Science – Hamburg, Germany

² University of Hamburg, Institute of Cell- and Systems Biology of Animals, Molecular Animal Physiology – Hamburg, Germany

³ Leibniz Institute for the Analysis of Biodiversity Change, Center for Taxonomy & Morphology – Hamburg, Germany

⁴ University of Hamburg, Department of Biology, Biodiversity Research – Hamburg, Germany

⁵ University of Hamburg, Institute for Plant Science and Microbiology – Hamburg, Germany

⁶ Senckenberg am Meer, German Centre for Marine Biodiversity Research – Hamburg, Germany

European smelt *Osmerus eperlanus* is the dominating fish species in the Elbe estuary, one of the largest estuaries in Europe. Smelt represents up to 96 % of the total abundance of the entire fish community and hence is a key fish species in the aquatic food web of the Elbe estuary that links higher to lower trophic levels.

Furthermore, due to its anadromous life cycle smelt lives mainly in marine waters but starts its upstream migration in February and March to its spawning areas. The larvae hatch from the fertilized eggs about one month after spawning and drift further downstream with the tides to their nursery areas. During spring these areas are therefore temporarily inhabited by larvae, one-year-old juveniles and adult smelts allowing the simultaneous sampling of the three stages. Despite its recognized importance, the knowledge is still missing regarding the trophic ecology of smelt in the Elbe estuary at different life stages. To fill this gap, here we use stable isotope analysis (SIA) of $\delta^{13}\text{C}$ and $\delta^{15}\text{N}$ to determine dietary sources, trophic positions, trophic niche occupation and overlap between larvae, juvenile and adult smelt in the aquatic food web.

Our SIA based on fish sampled with a stow-net vessel at five locations along the main channel of the tidal Elbe in spring 2022 at high and low tide. Our analysis allowed to uncover trophic interactions and dietary sources that support critical periods of its life cycle and might have important implications in the functioning of the whole local food web.

BLOCK 2 Ecology, behavior, food webs

Vortrag

Transcriptomic response and gill microbial community changes of dominant fish species under steep abiotic gradients in the Elbe estuarine habitat

Raphael Koll¹, Jesse Theilen², Elena Hauten³, Ralf Thiel², Christian Möllmann³, Andrej Fabrizius¹

¹ University of Hamburg; Institute of Cell- and Systems Biology of Animals, Molecular Animal Physiology

² Leibniz Institute for the Analysis of Biodiversity Change – Hamburg site; Centre for Taxonomy & Morphology; Zoological Museum

³ University of Hamburg; Institute of Marine Ecosystem and Fishery Science, Marine ecosystem dynamics

Holistic transcriptome studies provide a mechanistic understanding of an organism's response to changing environmental conditions. The connection with physiological and ecological wild fish research allows to elucidate factors for limited resilience and has been increasingly used in the framework of conservation biology in recent years. This study focusses on the linkage of biotic and abiotic factors along the spatiotemporal gradients of tidal Elbe estuary with gene expression patterns in dominant fish species (smelt, ruffe, zander). To account for tissue specificity of transcriptomic adjustments we consider liver as key metabolic organ and gill with respiratory, excretory, and immunological functions. Fish gills require a high connectivity between the surrounding water and the animal's bloodstream, making them an important potential entry point for pathogens. We look at the interaction of the host and its gill microbiome and link this information to various physiological measurements. The aim is to show possible local adaptations of fish of different trophic levels and life history guilds and draw conclusions about factors influencing fish health in the heavily anthropogenically influenced Elbe estuary. For this purpose, fish were caught with a stow-net vessel along the main channel of the tidal Elbe estuary between spring 2021 and summer 2022 and tissue samples and swabs were collected on board. We use holistic transcriptome studies via RNAseq including de novo assemblies along with 16S rRNA gene metabarcoding and LC-MS3 for long-term scale cortisol level determination together with further physiological measurements. First glimpses on the data from summer samplings show clusters in bacterial composition between sites along the estuary but also differences between fish species. Clustering in the microbiome is also reflected in the gill transcriptomes. In the ongoing process, stress response pathways are identified from differentially expressed genes and compared between species and seasons. The distribution of potentially pathogenic bacterial taxa and the ratios of bacterial taxa to each other along the estuary and among host species will be identified. Multiomics techniques will be used to show the interplay of bacterial mucus community and the host in response to changing abiotic factors, local adaptations as well as impacts on fish health.

BLOCK 2 Ecology, behavior, food webs

Vortrag

Zander aus Aquakultur – Filetqualität, deren Bewertung und Möglichkeiten der Beeinflussung

Katrin Tönißen¹, George Philipp Franz¹, Ralf Pfuhl¹, Ralf Bochert², Bianka Grunow¹

¹Forschungsinstitut für Nutztierbiologie (FBN), Institut für Muskelbiologie und Wachstum, Wilhelm-Stahl-Allee 2, D-18196 Dummerstorf

²Landesforschungsanstalt für Landwirtschaft und Fischerei M-V (LFA), Institut für Fischerei, Südstraße 8, D-18375 Born

Objektive ernährungsphysiologische, sensorische und hygienisch-toxikologische Qualitätsparameter des Fischfilets können über physikalische, chemische und mikrobiologische Faktoren beschrieben werden. Unsere Analysen der Filetqualität verschiedener Salmoniden und Perciden belegen, wie unterschiedlich jede einzelne Fischart hinsichtlich ihrer physikalischen und chemischen Eigenschaften ist (Komolka et al., 2020).

Zur Optimierung der Zander aus Aquakulturen wurden weitere Analysen der Filetqualität durchgeführt. In einem ersten Ansatz wurde dabei die Wachstumsleistung und Filetqualität unter Einfluss der Mastfutter Skretting (R-EUROPA 15), Biomar (EFICO Sigma 870 FL) und Coppens (Supreme 10) im Vergleich zum Wildzander untersucht (Grunow et al., 2021). Die genannten Futtermittel haben keinen Einfluss auf die meisten physikalischen Filetparameter. In der für die Konsumenten besonders relevanten Farbgebung des Filets hingegen, erzeugte das Mastfutter Skretting einen signifikant höheren Gelbtön. Das Fettsäuremuster wurde am stärksten durch das jeweilige Futtermittel beeinflusst. Dabei wiesen Filets von mit Skretting und Biomar gefütterten Zandern ein ähnliches Muster auf. Allgemein waren die Anteile der ernährungsphysiologisch wertvollen n-3 mehrfach ungesättigten Fettsäuren (n-3 PUFA) und n-6 PUFA im Filet aller drei Mastgruppen höher als in denen der Wildzander.

In einem zweiten Ansatz wurden die Filetqualität des Zanders zwischen zwei Futtermittelchargen des gleichen Herstellers (Coppens; Supreme 10) verglichen (Grunow et al., 2021). Die physikalischen Filetparameter Scherkraft, Wasserbindevermögen und Farbe wie auch das Fettsäuremuster unterschieden sich dabei signifikant. Hierfür könnten chargebedingte Abweichungen in der Futtermittelzusammensetzung verantwortlich sein. Dies zeigt, dass sowohl die Wahl des Futtermittels als auch die Charge Einfluss auf die Filetqualität des Zanders haben können. Entscheidend ist daher, dass in der Aquakultur homogene Futtermittel zur Gewährleistung eines gleichbleibend hochwertigen Zanderfilets zur Anwendung kommen. Dies erhöht das Vertrauen seitens des Konsumenten in Zander aus Aquakultur und schont gleichzeitig die Wildbestände.

BLOCK 3 Morphology

Keynote

Changes in fish ecological research: from catch-based and observational studies to molecular methods

Josef Wanzenböck

Research Department for Limnology Mondsee, University of Innsbruck, Mondseestrasse 9, 5310 Mondsee

I give an overview of how research on freshwater fishes of various ontogenetic stages, primarily in Austrian peri-Alpine lakes, developed during the last 30 years. We notice methodological transformations beginning with catch-based studies to incorporate more observational methods, e.g., hydroacoustics, and more and more molecular methods. Examples are given regarding the role of larval/juvenile fish in trophic networks of lakes, the use of fish communities for the ecological status assessment of lakes, the effects of introduced species and strains to commercially managed stocks and conservation of rare and endangered species. I end up with an outlook of how traditional and new molecular methods might be integrated to shed new light on the reproductive biology and population dynamics of a commercially exploited group (*Coregonus* sp.) in peri-Alpine lakes.

BLOCK 3 Morphology

Vortrag

Unterschiede in der Gehirnmorphologie zwischen „Putzergrundeln“ und „schwammbewohnenden“ Grundeln der Gattung *Elacatinus*

Isabelle C. Gebhardt

Institut für Zoologie/Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn, Meckenheimer Allee 169, 53115 Bonn

Vergleichende Studien zur Gehirnanatomie von nahverwandten Arten oder Populationen stellen ein nützliches Mittel dar, um Veränderungen im Gehirn zu beschreiben. Veränderungen in Hirnstrukturen können dabei grundsätzlich u.a. auf Adaptionen an ökologische Gegebenheiten, genetischen Unterschieden oder evolutionären Ereignissen basieren. Ein gutes Modell, um der Fragestellung nachzugehen inwiefern die Ökologie Einfluss auf die Gehirnmorphologie hat, stellt die Gattung *Elacatinus* der Familie Gobiidae dar. Innerhalb dieser Gattung gibt es Arten, die als Putzerfische tätig sind, während die anderen Bewohner von Schwämmen sind. Diese Arten besetzen verschiedene ökologische Nischen und zeigen ein unterschiedliches Verhalten. Untersucht wurden die drei Arten *Elacatinus evelynae* („obligatorischer Putzerfisch“), *Elacatinus chancei* („Schwammbewohner“) und *Elacatinus prochilos* („fakultativer Putzerfisch“) auf Unterschiede in der Gehirnmorphologie. Dabei kann die Art *E. prochilos* in einen „Putzer Phänotyp“ und in einen „Schwamm Phänotyp“ eingeteilt werden. Der Vergleich der Hirnmorphologie innerhalb der drei Arten anhand von Volumenmessungen von ca. 20 Gehirngebieten zeigte, dass die größten Unterschiede zwischen *E. evelynae* und *E. chancei* vorliegen. In *E. evelynae* ist das visuelle System und in *E. chancei* das Seitenliniensystem besser ausgeprägt. Innerhalb der beiden *E. prochilos* Phänotypen liegen keine signifikanten Unterschiede vor. Zudem besteht eine größere Ähnlichkeit in der Hirnmorphologie zwischen den Arten *E. evelynae* und *E. prochilos*. Dieses Ergebnis widerlegt die Annahme, dass das Verhalten und die damit verbundene ökologische Nische die Variation des Gehirns bedingt. Jedoch kann nicht zweifelsfrei geklärt werden, ob es einen Zusammenhang zwischen Gehirnmorphologie und Phylogenie gibt oder ob die Individuen der Art *E. prochilos* eindeutig einem Phänotypen zugeordnet werden können. Möglicherweise ist das Verhalten dieser Art variabel und das Gehirn weniger spezialisiert.

BLOCK 3 Morphology

Vortrag

Die Kleinaugengrundel *Austrolethops wardi* – überdeckt konservative Phylogenie die Nahrungsökologie?

Sara Kast¹, Brian Metscher¹, Harald Ahnelt^{1,2}

¹ Universität Wien, Department für Evolutionäre Biologie, Djerassiplatz 1, 1030 Wien, Österreich

² Naturhistorisches Museum Wien, 1. Zoologische Abteilung, Burgring 7, 1010 Wien, Österreich

Austrolethops wardi ist eine Meergundler (Gobiidae) die in den tropischen Seegraswiesen des Indo-Pazifiks weit verbreitet ist. Sie lebt als Kommensale im Bau des grabenden Geisterkrebses *Neaxius acanthus* (Axiidae). Nahrungsanalysen und Stabile Isotopen Analysen haben gezeigt, dass sich *A. wardi* praktisch ausschließlich von Seegras ernährt das der Krebs in seinen Bau einbringt. Der Verdauungstrakt dieses Gobiiden ist aber kurz und ähnelt in Morphologie und Länge dem karnivoren Gobiiden und nicht dem langen Verdauungstrakt herbivorer Fische. Möglicherweise zeigt diese Grundel eine Tendenz anzestrale Merkmale zu konservieren.

Ein karnivores Gebiss ist ein plesiomorphes Merkmal von Gobiiden. In dieser laufenden Studie sind wir daran interessiert, ob trophische Strukturen wie Kiefer, Zähne und Kiemenreusendornen von *A. wardi* ebenfalls dem karnivoren Gobiiden gleichen oder ob sie Anpassungen an die herbivore Lebensweise erkennen lassen. Wir präsentieren hier erste Ergebnisse basierend auf der Auswertung von micro-CT Bildern im Vergleich mit publizierten Daten diverser Gobiidenarten.

BLOCK 3 Morphology

Vortrag

Diversität des Beckengürtels der „Protacanthopterygii“

Hans-Christian Schulz^{1,2}, Ann-Katrin Koch^{1,3}, Timo Moritz^{1,3}

¹Deutsches Meeressmuseum Stralsund, Katharinenberg 14-20, 18439 Stralsund

²Institut für Zoologie und Evolutionsforschung, Friedrich-Schiller-Universität Jena, Ebertstrasse 1, 07743 Jena, Deutschland

³Institut für Biowissenschaften, Universität Rostock, Albert-Einstein-Straße 3, 18059 Rostock, Deutschland

Die genauen phylogenetischen Beziehungen der Euteleosteи sind bis heute nicht ganz geklärt. Der Begriff der „Protacanthopterygii“ für die basalen Euteleosteи ist zwar bei den Systematikern gebräuchlich, aber die genauen Verwandtschaftsverhältnisse sind umstritten. Morphologische und moderne molekulargenetische Studien geben jedoch Aufschlüsse für eine mögliche innere Systematik. Der Beckengürtel, als morphologische Struktur, wurde lange Zeit wenig beachtet. In dieser Studie wurden daher 18 Arten aus 12 Familien basaler Euteleosteи untersucht. Dafür wurden die Ontogenese an einigen Arten betrachtet sowie Aufhellpräparate, µCT-Scans und 3D-Rekonstruktionen erstellt. Bei den Teleosteи besteht der Beckengürtel aus einem Paar kleiner verknöcherter plattenförmiger Elemente, die in der ventralen Körperwand liegen und über Bindegewebe miteinander verbunden sind. Verschiedene Fortsätze dienen als Ansatzstellen für Muskeln und Sehnen. Am Ende der Beckenknochen befinden sich vier Radien, an denen die Flossenstrahlen artikulieren. Die Ergebnisse zeigen, dass abweichend vom Grundplan der Teleosteи Veränderungen im Beckengürtel im Laufe der Evolution vorkommen. So ändert sich beispielsweise die Anzahl der Flossenstrahlen und Flossenstrahlträgern (Radien) sowie die Form des Beckens und der Fortsätze in den verschiedenen Taxa. Auch Anpassungen an die Lebensräume spielen eine entscheidende Rolle, die über die Form des Beckens entscheiden. Die Vielfalt in der Morphologie liefert daher Hinweise über mögliche Ereignisse, die in der Evolution stattgefunden haben, die zur Veränderung des Beckengürtels geführt haben können.

BLOCK 3 Morphology

Vortrag

Die ganz normale, sehr besondere Rückenflosse der Nilhechte (Mormyridae, Ostseoglossomorpha)

Ann-Katrin Koch^{1,2}, Frank Kirschbaum³, Timo Moritz^{1,2}

¹Deutsches Meeressmuseum, Katharinenberg 14-20, 18439 Stralsund, Deutschland

²Institut für Biowissenschaften, Universität Rostock, Albert-Einstein-Straße 3, 18059 Rostock, Deutschland

³Lebenswissenschaftliche Fakultät, Humboldt-Universität zu Berlin, Philippstr. 13, 10115 Berlin

Die Mormyridae sind bekannt für ihr schwach-elektrisches Organ, welches sich am Schwanzstiel befindet und das sie zur Orientierung und Kommunikation verwenden. Die Gemminger'schen Knochen befinden sich in direkter Nähe zum elektrischen Organ, wurden aber bis heute kaum untersucht. Nach ihrer Erstbeschreibung im Jahr 1847 und in einigen darauffolgenden Arbeiten wurde kaum neue Informationen über sie veröffentlicht. In unserer Studie konnten wir die ontogenetische Entwicklung der Gemminger'schen Knochen anhand von Aufhellpräparaten von *Mormyrus rume* nachvollziehen. Beispielhaft wurde darüber hinaus die Vielfalt der Gemminger'schen Knochen bei zwölf Gattungen der Mormyridae untersucht.

Die ontogenetische Untersuchung zeigte, dass die stabförmigen Knochen keine bindegewebigen Verknöcherungen sind, sondern Membranverknöcherungen ausgehend vom Flossen-Stay der Rücken- bzw. Afterflosse. Die Ausprägung der Knochen ist variabel in ihrer Größe, jedoch liegen sie stets an derselben Stelle, unabhängig von Lage und Größe der Rücken- und Afterflossen.

BLOCK 3 Morphology

Vortrag

Die Evolution des Flossenkriechens bei Plattfischen

Peter Wirtz¹, John Davenport² & Bruno Chane ³

¹Centro de Ciencias do Mar (CCMAR), Universidade do Algarve, 8005-139 Faro, Portugal
(peterwirtz2004@yahoo.com)

²School of Biological, Earth and Environmental Sciences and Environmental Research Institute, University College Cork, Cork, Ireland

³Équipe Homologies, Institut de Systématique, Évolution, Biodiversité (ISYEB), Sorbonne Université, MNHN, CNRS, EPHE, CP 30, 57 Rue Cuvier, 75005 Paris, France

„Flossenkriechen“ ist eine Verhaltensweise vieler Plattfische, bei der der Fisch mit Hilfe der dorsalen und analen Flossenstrahlen über den Boden läuft. Wir haben Nachweise von Flossenkriechen bei 85 Plattfischarten aus 45 verschiedenen Gattungen und elf verschiedenen Familien gefunden.

Neue molekulare Untersuchungen haben einen neuen Stammbaum der Plattfische ergeben. Wir haben das Auftreten der Verhaltensweise Flossenkriechen auf diesen Stammbaum projiziert. Die Rekonstruktion des ancestralen Zustandes mit Hilfe der Sparsamkeitsregel (Minimisierung der Anzahl evolutionärer Änderungen des Verhaltens) ergibt, dass Flossenkriechen wahrscheinlich eine Synapomorphie der Unterordnung Pleuronectoidei ist.

BLOCK 3 Morphology

Vortrag

Hornhecht, Hering und Co. – Studien zur Larvalentwicklung von Fischen im Greifswalder Bodden

Vivian Fischbach^{1,2}, Philipp Thieme^{2,3}, Patrick Polte⁴, Timo Moritz^{1,2}

¹Universität Rostock, Universitätsplatz 1, 18055 Rostock

²Deutsches Meeresmuseum, Katharinenberg 14-20, 18439 Stralsund

³MARBEC, Université de Montpellier, cc093, Place E. Bataillon, 34095 Montpellier Cedex 05, France

⁴ThünenInstitut für Ostseefischerei, Alter Hafen Süd 2, 18069 Rostock

Hornhecht (*Belone belone*) und Hering (*Clupea harengus*) sind, aus ökologischer und ökonomischer Sicht, wichtige Fischarten in der westlichen Ostsee. Beide Arten migrieren zum Laichen in die flachen Küstengewässer Mecklenburg-Vorpommerns und sowohl Laichgründe und -zeiten als auch das Fortpflanzungsverhalten weisen einige Überschneidungen auf. Durch den Klimawandel und wachsende anthropogene Einflüsse verändern sich die Umweltbedingungen an den Küstengewässern, was wiederum die Abläufe in der Reproduktionsbiologie von Fischen verändern kann und beispielsweise Verschiebungen der Laichzeiten und somit Störungen der Embryonal- und Larvalentwicklung herbeiführen kann. Während der Hering ein klarer Verlierer des Klimawandels ist und durch zu frühe hohe Temperaturen das Mismatch mit Nahrungsorganismen vorangetrieben wird, könnte der Hornhecht von einigen Umweltveränderungen sogar profitieren. Die vorgestellte Arbeit analysiert und vergleicht darum die Larvalentwicklungsstrategien beider Fischarten. Den Ausgangspunkt stellt die morphologische Erfassung des Ablaufs der Entwicklung dar, welche dann für eine Einteilung in Larvalstadien dient. Die resultierenden Stadieneinteilungen sollen dann auf Langzeitdatenreihen übertragen werden, um kritische Larvenstadien zu identifizieren und Langzeittrends zu erkennen.

BLOCK 4 Monitoring and management

Vortrag

Schutz und Management von Groppen (*Cottus spp.*) und Bachforellen (*Salmo trutta*) im grenzüberschreitenden Biosphärenreservat Pfälzerwald-Nordvogesen

Thomas Schmidt^{1,2}, Alban Cairault³, Ralf Schulz^{1,2}

¹Ökosystemforschung Anlage Eußerthal (EERES), Universität Koblenz-Landau, Birkenthalstrasse 13, 76857 Eusserthal, Deutschland

²iES Landau, Institut für Umweltwissenschaften, Universität Koblenz-Landau, Fortstrasse 7, 76829 Landau, Deutschland

³Parc naturel régional des Vosges du Nord, 2 Pl. du Château, 67290 La Petite-Pierre, Frankreich

Schutzgebiete können in der aktuellen Biodiversitätskrise einen wichtigen Beitrag zum Erhalt der genetischen Vielfalt leisten. Wir haben zwei repräsentative Fisch-Taxa, Groppen (*Cottus spp.*) und Bachforelle (*Salmo trutta*), in 15 Oberläufen des deutsch-französischen Biosphärenreservats Pfälzerwald-Nordvogesen untersucht, um den Schutz der genetischen Vielfalt in Fließgewässern zu verbessern. Populationsgenetische Analysen von Mikrosatelliten und mtDNA zeigten eine geringere genetische Vielfalt, aber eine deutlich differenzierte genetische Struktur bei *Cottus spp.* und eine höhere Vielfalt, aber eine weniger differenzierte Struktur bei *Salmo trutta*. Phylogenetische Analysen der mtDNA ordneten die meisten Groppen der Art *Cottus gobio* zu, identifizierten aber auch die erste bekannte Population von *Cottus rhenanus* in der Untersuchungsregion. Zusätzlich zu artenspezifischen Empfehlungen haben wir gewässerspezifische Vorschläge abgeleitet, um die genetischen Informationen kombiniert über beide Taxa optimal für eine lebensraumorientierte Priorisierung des Managements und einen besseren Schutz der genetischen Vielfalt der Fließgewässer zu nutzen.

BLOCK 4 Monitoring and management

Vortrag

Bestandsentwicklung der Süßwasserfischarten in Deutschland – ein Projekt im Rahmen von NFDI4Biodiversity

Martin Friedrichs-Manthey^{1,2,3}, Jörg Freyhof⁴, Diana Bowler⁵, Aletta Bonn^{1,2,3}

¹ Institut für Biodiversität, Friedrich Schiller University Jena, Dornburger Straße 159, 07743 Jena, Deutschland

² Helmholtz- Zentrum für Umweltforschung – UFZ, Department Ökosystemleistungen, Permoserstr. 15, 04318 Leipzig, Germany

³ Deutsches Zentrum für integrative Biodiversitätsforschung (iDiv) Halle-Jena-Leipzig, Puschstr. 4, 04103 Leipzig, Germany

⁴ Museum für Naturkunde, Leibniz-Institut für Evolutions- und Biodiversitätsforschung, Invalidenstraße 43, 10115 Berlin, Deutschland

⁵ Centre of Excellence in Environmental Data Science, UK Centre for Ecology & Hydrology, Library Ave, Lancaster University, Bailrigg, Lancaster LA1 4AP, UK

Rote Listen sind ein wichtiges Instrument zur Zustandsbeschreibung von Biodiversität und zur Prioritätenfindung im Naturschutz. Im Idealfall werden die Roten Listen der verschiedenen Taxagruppen alle zehn Jahre erneuert. Die letzte Rote Liste der sich im Süßwasser reproduzierenden Fische und Neunaugen wurde 2009 publiziert. Für eine Aktualisierung dieser Roten Liste haben wir bereits 2021 einen nahezu bundesweiten Datensatz zusammengetragen, harmonisiert und ausgewertet. In meinem Vortrag möchte ich Herausforderungen und Chancen dieser Arbeit vorstellen. Ganz konkret werde ich die Ergebnisse unserer Datenanalyse, also die Populationstrends heimischer Fischbestände der letzten 15 Jahre, vorstellen und Gewinner und Verlierer charakterisieren. Außerdem werde ich zeigen, wie dieser Datensatz im Rahmen des Aufbaus der Nationalen Forschungsdateninfrastruktur für Biodiversität (NFDI4Biodiversity) archiviert, (teilweise) publiziert und weitergehend analysiert wurde und wird. Abschließend gehe ich auf die sich daraus ergebenden Vorteile und Möglichkeiten für den praktischen Naturschutz ein.

BLOCK 4 Monitoring and management

Vortrag

Vorstellung des Projekts „GeMoLaR“: Genetisches Monitoring des Atlantischen Lachses in deutschen Rheineinzugsgebiet

Anne Schrimpf¹, Chris Bridges^{2,3}, Thomas Schmidt^{1,4}, Pascal Vonlanthen⁵, Ralf Schulz^{1,4}

¹iES Landau, Institute for Environmental Science, University Koblenz-Landau, Fortstraße 7,
76829 Landau, Germany (Schrmpf@uni-landau.de)

²TunaTech GmbH, Merowingerplatz 1A, 40225 Düsseldorf

³Heinrich-Heine-University Düsseldorf, Universitätsstraße 1, 40225 Düsseldorf, Germany

⁴Ökosystemforschung Anlage Eußerthal, University Koblenz-Landau, Birkenthalstraße 13, 76857 Eußerthal,
Germany

⁵Aquabios Sàrl, Les Fermes 57, 1792 Cordas, Schweiz

Der anadrom wandernde Atlantische Lachs (*Salmo salar*) galt im 20. Jahrhundert im gesamten Rheineinzugsgebiet als ausgestorben. Obwohl der Atlantische Lachs seit mehreren Jahrzehnten im deutschen Rheinsystem besetzt wird, hat er sich innerhalb des Flusssystems noch nicht zu einer selbsterhaltenden Population entwickelt und ist weiter auf Besatzmaßnahmen angewiesen. Zum Besatz wurden in der Vergangenheit verschiedene Herkünfte verwendet. Seit einigen Jahren wurden diese auf zwei Herkünfte reduziert.

An den Besatzmaßnahmen des deutschen Teils des Rheinsystems sind sechs Zuchten (drei in Nordrhein-Westfalen, die einen schwedischen Stamm züchten, eine in Baden-Württemberg und zwei in Frankreich, die einen französischen Stamm züchten) am Besatzprogramm beteiligt. Jede Zucht hat ein anderes Management. Einige Zuchten verwenden jedes Jahr die aktuellen Rückkehrer als Elterntiere und andere haben ein geschlossenes System und ziehen die zukünftigen Elterntiere selbst heran.

Leider nimmt die Zahl der Rückkehrer aus dem Meer in den letzten Jahren ab. Die Gründe für die geringe Zahl der Rückkehrer sind vielfältig und komplex. Mit diesem Projekt, an dem zehn Partner in vier Bundesländern beteiligt sind, beantworten wir Fragen, die für das Lachsmanagement relevant sind. Genetische Proben wurden von allen Lachsen in den Zuchten (Eltern) und von wilden Fischen (Smolt, Rückkehrer) genommen. Wir arbeiten mit dem international verwendeten Mikrosatellitenpanel SALSEA-Merge, um Vergleiche unserer Daten mit Atlantischen Lachsdaten aus dem gesamten Rheineinzugsgebiet und sogar mit im Atlantik entnommenen Proben zu ermöglichen.

Wir präsentieren Ergebnisse der Elternschaftsanalysen und der genetischen Zuordnungsanalysen der Rückkehrer, von Kontrollbefischungen und von Besatzexperimenten (früher Besatz vs. später Besatz). Und wir zeigen, aus welchen anderen Flüssen manche Streuner stammen, die im Rhein aufschwimmen. Die Ergebnisse sollen in das zukünftige Management des Lachses im Rhein einfließen.

BLOCK 4 Monitoring and management

Vortrag

Nordsee-Fischfauna – Unterschiede zwischen aktuellen Daten und historischen Angaben

Michael George

MG*BatU, Biologisch-aquatische und -terrestrische Untersuchungen (www-mg-batu.de), Brennerkoppel 3A,
22949 Ammersbek (M.George001@yahoo.de)

Die Veränderungen der Nordsee-Fischbestände im Verlauf größerer Zeiträume werden näher beleuchtet. Historische Hinweise und Daten – soweit verfügbar – werden aktuellen Bestandsdaten gegenübergestellt. Dabei stehen exemplarisch besonders große Fischarten (Knochenfische und Knorpelfische) im Vordergrund, die am stärksten von anthropogenen Aktivitäten wie der Fischerei, betroffen sind. Als Folge werden Habitatverluste und -veränderungen sowie die daraus resultierenden Auswirkungen auf die Biodiversität der Nordsee-Fischfauna und die Abundanzen bestimmter Fischarten in der Nordsee dargestellt und diskutiert.

BLOCK 5 Ricefish

Vortrag

Sulawesi's stream fishes: species coexistence and niche overlap

Letha Louisiana Wantania & Fabian Herder

Leibniz-Institut zur Analyse des Biodiversitätswandels, Bonn, Germany

Sulawesi is the largest island of Wallacea, which is a regional hotspot for freshwater diversity. Its ichthyofauna is best known for its ancient lake species flocks, with morphologically and ecologically diverse radiations of freshwater fishes. However, Sulawesi's mountain ridges are drained by numerous coastal rivers and streams, flowing waters inhabited by assemblages of stream fishes. The stream fish communities are rich in traits of potential relevance for trophic ecology and habitat use for analysing the mechanisms underlying community assembly. The Outlying Median Index (OMI) method was used to determine the niche overlap between 75 species from a total of 30 sampling sites across North and South Sulawesi. Here, we present the current result of freshwater fish assessment in Sulawesi that targeted coastal drainages. We found that the local realized niches of *Belobranchus segura* and *Awaous grammepomus* were most similar, and local realized niches of *Belobranchus segura* and *Sicyopterus* sp. female were most dissimilar. In general, the average niche overlap is higher following the higher number of species. This shows that the highest niche overlap, the highest possibility of species can be capable into a community.

BLOCK 5 Ricefish

Vortrag

On the evolution of a derived reproductive strategy in fishes

Julia Schwarzer¹, Jana Flury^{1,2}, Leon Hilgers^{1,3}, Alina Schüller¹, Tobias Spanke¹, Letha L. Wantania^{1,4}, Daisy Wowor⁵, Arne Nolte⁶, Fabian Herder¹

¹ Leibniz-Institute for the Analysis of Biodiversity Change (LIB), Museum Koenig, Bonn, Germany

² Plant Ecology and Evolution, Department of Environmental Sciences, University of Basel, Switzerland

³ LOEWE-Zentrum für Translationale Biodiversitätsgenomik, Frankfurt, Germany

⁴ Faculty of Fisheries and Marine Science, Sam Ratulangi University, Manado, Indonesia

⁵ Museum Zoologicum Bogoriense, Research Center for Biology, National Research and Innovation Agency, Cibinong 16911, Indonesia

⁶ Carl von Ossietzky Universität Oldenburg, Oldenburg, Germany

Studying the underlying genetic causes of complex phenotypic traits requires a system in which different characteristics of traits occur in closely related species, which can – ideally – still interbreed. In this respect, ricefishes are an ideal model. Lineages of ricefishes (Beloniformes: Adrianichthyidae) on Sulawesi evolved an extraordinary reproductive system, called “pelvic-brooding”. In contrast to most other ricefishes that deposit fertilized eggs shortly after spawning, females of pelvic-brooding species carry an egg-clutch until the fry hatches. The eggs are connected with each other and the female by attaching filaments and anchored inside the female’s abdomen by a unique structure, called plug. Ovulation is suppressed during egg-carrying resembling pregnancy. To tackle the phenotypic and genomic bases as well as the evolution and adaptive value of this brooding strategy we use a holistic approach linking comparative morphology, genomic investigations and field data. Here, we present latest results on the genomic architecture of pelvic brooding, the role of inter-specific hybridization and the contribution of a modified inflammatory reaction to the evolution of a novel tissue related to this derived brooding strategy.

BLOCK 5 Ricefish

Vortrag

A conspicuous reproductive strategy in Sulawesi ricefishes (Beloniformes; Adrianichthyidae): skeletal characteristics of ‘pelvic brooding’

Tobias Spanke¹, Leon Hilger², Jana M. Flury¹, Mariam Gabelaia.¹, Arne W. Nolte³, Leandra Hamann⁵, Ilham V. Utama⁴, Bernhard Misof¹, Benjamin Wipfler¹, Fabian Herder¹, Julia Schwarzer¹

¹Leibniz-Institute for the Analysis of Biodiversity Change (LIB), Museum Koenig, Bonn, Germany

²LOEWE-Zentrum für Translationale Biodiversitätsgenomik, Frankfurt, Germany

³Carl von Ossietzky Universität Oldenburg, Oldenburg, Germany

⁴ Museum Zoologicum Bogoriense, Research Center for Biology, National Research and Innovation Agency, Cibinong 16911, Indonesia

⁵Institut für Evolutionsbiologie und Ökologie, Universität Bonn, Bonn, Germany

The many habitats on earth come with diverse environmental conditions, which lead to the evolution of specialized morphological forms and their specific functions. Characterizing form and function is crucial in order to understand the interplay of a species’ ecology and the drivers that facilitated the emergence of a certain trait.

Ricefishes evolved a complex adaptation called ‘pelvic brooding’ in at least four species from two distinct lineages, which are endemic to the island of Sulawesi, Indonesia. Pelvic brooders, contrary to transfer brooders, which attach their eggs to submerged plants or other suitable substrate hours after spawning, carry a cluster of eggs for about two weeks until the brood hatches. Morphological adaptations of female pelvic brooders include a ‘ventral concavity’, a recess into which the egg cluster is situated during brooding and elongated pelvic fins. In order to advance knowledge on this conspicuous reproductive strategy, we conducted a comparative morphological study, investigating five transfer and three pelvic brooding ricefish species. Our study utilizes high-resolution µCT-imaging and 3D morphometrics to identify morphological adaptations associated with pelvic brooding. Additionally, we make use of fluid dynamic simulations to determine how adaptations in female pelvic brooders relate to increased drag or a non-streamline shape.

We found highly convergent female-specific adaptations of ribs and pelvic fins in both lineages of pelvic brooding ricefishes. However, morphologies of pelvic girdles seem to differ between the pelvic brooding lineages and even show variations within species, pointing towards species-specific adaptations at least to some extent. Fluid simulations show that under certain circumstances the ventral concavity can impact the flow of water around the fish, leading to turbulences and regions of increased drag in female pelvic-brooders.

BLOCK 5 Ricefish

Vortrag

Karyotyping of a Sulawesi ricefish (*Oryzias eversi*, Beloniformes: Adrianichthyidae) from cell culture

Anne Ankermann¹, Jana Flury^{1,2}, Jonas Astrin¹, Daniel F. Mokodongan³, Letha Louisiana Wantania^{1,4}, Camilla B. Di-Nizo¹, Julia Schwarzer¹

¹ Leibniz Institute for the Analysis of Biodiversity Change, Zoologisches Forschungsmuseum Alexander Koenig, Bonn, Germany

² Department of Environmental Sciences, University of Basel, Basel, Switzerland

³ Museum Zoologicum Bogoriense, Research Center for Biosystematics and Evolution, National Research and Innovation Agency (BRIN), Cibinong, West Java, Indonesia

⁴ Faculty of Fisheries and Marine Science, Sam Ratulangi University, Manado, Indonesia

Chromosomal rearrangements like duplications, inversions, or the fusion of whole chromosomes may trigger speciation by acting as barriers to gene flow. Cell culture is an excellent tool to obtain high quality chromosome preparations of fishes, but the technique is still not widely used due to the difficulty in establishing cultures in this group. In ricefishes of the "*javanicus*" and "*celebensis*" species-groups a great diversity in chromosomal numbers and types evolved from the conserved 48 diploid chromosomes in the model organism Medaka (*Oryzias latipes* species complex). Chromosome numbers can range from 2n=30 to 46 or even be polymorphic within species. Within the most diverse group of ricefishes, also termed "*celebensis* species group" or Sulawesi ricefishes, a range of different chromosome numbers is assumed, but not confirmed. The aim of this project was to establish protocols for cell-culture-based chromosome preparations and to describe for the first time the karyotype of the Sulawesi ricefish *Oryzias eversi*. Cells were isolated from fins of a male individual after enzymatic disaggregation. They showed rapid growth, achieving confluence and being able to be subcultured and harvested for chromosome preparation. The cells were successfully established and cryopreserved in the cell culture lab at LIB/ ZFMK Biobank. Cells were harvested for analysis at maximum growth after treatment with 0.0016% colchicine for up to four hours. The cell culture chromosome preparation yielded better results than an alternative attempt using a dissected kidney. Cytogenetic analysis indicated a diploid chromosome number of 42 in *Oryzias eversi*. The structural composition of the chromosomes places *O. eversi* in the fused chromosome group, which is one of three chromosomal groups proposed for ricefishes, and characterised by 1-4 pairs of large metacentric chromosomes. Further characterization of chromosomal structure will be done using modified C-banding and NOR staining techniques. Additional data on other *Oryzias* species and on the genomic structure of *O. eversi* will help shed light on chromosome evolution in ricefishes and the evolutionary history of the whole group.

BLOCK 5 Ricefish

Vortrag

Modularity and a low number of loci facilitated the evolution of pelvic brooding in *O. eversi*

Jana M. Flury¹, Leon Hilgers², Fabian Herder¹, Tobias Spanke¹, Bernhard Misof¹, Daisy Wowor³, Farnis Boneka⁴, Letha Louisiana Wantania^{1,4}, Daniel F. Mokodongan³, Christoph Mayer¹, Arne W. Nolte⁵, Julia Schwarzer¹

¹ Leibniz Institute for the Analysis of Biodiversity Change, Zoologisches Forschungsmuseum Alexander Koenig, Bonn, Germany

² LOEWE Centre for Translational Biodiversity Genomics, Frankfurt, Germany

³ Museum Zoologicum Bogoriense, Research Center for Biosystematics and Evolution, National Research and Innovation Agency (BRIN), Cibinong, West Java, Indonesia

⁴ Faculty of Fisheries and Marine Science, Sam Ratulangi University, Manado, Indonesia

⁵ Carl von Ossietzky Universität, Oldenburg, Germany

Modularity is hypothesized to enhance evolvability by genetically connecting traits that jointly result in a specific functionality. The “quasi-independent” modules of the body would be allowed to evolve separately while being able to respond to different selection pressures specifically to their individual function. In ricefishes from Sulawesi a reproductive strategy has evolved which connects phenotypic traits serving a common function with regard to reproduction. Females have shorter ribs and elongated pelvic fins compared to conspecific males and heterospecifics, allowing them to carry the eggs for weeks in a ventral concavity until the fry hatch. We crossed the pelvic brooding species *Oryzias eversi* with the transfer brooder *O. nigrimas* to examine the genetic architecture of pelvic brooding. Using the Castle-Wright estimator, we estimated a low number of loci to be responsible for all measured traits and discovered correlations between the traits, not only in the pelvic brooder but also in the transfer brooder. A modularity analysis of the whole-body supported this: the 2-D body shape of females of the pelvic brooding species consisted of four modules, separating the head, the pectoral fins and the mid body region from the rest of the body. However, the body of the transfer brooding female was divided into only three modules, here the mid body region and the tail belonged to a single module. Hence, we assume that pelvic brooding is based on only a few genetic loci and that these are co-regulated. In comparison to the ancestral state of transfer brooding, the body’s modularity in pelvic brooding species increased, which is hypothesized to also indicate increased evolvability.

BLOCK 5 Ricefish

Vortrag

The Hidden Egg Diversity of Sulawesi Ricefishes

Alina Schüller¹, Yaron Malkowsky², Hans-Jürgen Ensikat², Benjamin Wipfler¹, Oscar Rindt¹, Daisy Wowor³, Letha L. Wantania^{1,4}, Fabian Herder¹, Julia Schwarzer¹

¹Zoologisches Forschungsmuseum Alexander Koenig (LIB), Bonn, Germany

²Nees-Institut für Biodiversität der Pflanzen, Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn, Germany

³Museum Zoologicum Bogoriense, Research Center for Biosystematics and Evolution, National Research and Innovation Agency (BRIN), Cibinong, Indonesia

⁴Faculty of Fisheries and Marine Science, Sam Ratulangi University, Manado, Indonesia

The structure of the teleost egg is an important factor of the embryonic survival. It can reflect environmental conditions, brooding adaptations, and may be used for species identification. Distinct characteristics are for instance the presence of membrane modifications (attachment), the amount of oil droplets (buoyancy), or the micropyle (sperm entrance). Ricefishes (Beloniformes: Adrianichthyidae) are a group of small freshwater fishes native to Southeast Asia and can be found in various habitats. Most essential however, they display two brooding strategies: transfer and pelvic brooding. Pelvic brooding only evolved in some ricefishes endemic to Sulawesi, Indonesia. Unlike in transfer brooding species, the fertilised eggs stay attached to the female via long filaments until the embryos hatch. Using cryo-SEM and light microscopy we investigated the egg surface structure of five transfer brooding (*Oryzias asinua*, *O. dopingdopingensis*, *O. nebulosus*, *O. nigrimas*, *O. wolasi*) and three pelvic brooding (*O. eversi*, *O. sarasinorum*, *Adrianichthys oophorus*) ricefish species from Sulawesi. Common to all was the presences of long attaching filaments and shorter non-attaching filaments. The attaching filaments were always located at the vegetal pole, opposite of the animal pole, where the micropyle was. The number, length, distribution, and structure of the filaments as well as the shape of the egg membrane or the micropyle varied between all species, indicating species-specific eggs in ricefish. Brooding strategy was reflected in the egg surface structure: the eggs of all pelvic brooding species had a smoother surface and reduced non-attaching filaments, presumably an adaptation to reduce drag during swimming with the eggs. In the transfer brooding species, the distinct non-attaching filaments probably help to deposit the eggs on vegetation. But while in *O. eversi* and *O. sarasinorum* the non-attaching filaments were only restricted around the micropyle in *A. oophorus* the egg surface was also covered with tiny filaments. This together with a different type of micropyle, supports the theory that pelvic brooding evolved two times independently in the two lineages.

Poster

Feeding ecology and growth of juvenile zander *Sander lucioperca* (Linnaeus, 1758) in the Elbe and Odra estuaries

Sofía Amieva Mau¹, Jesse Theilen^{1,2}, Victoria Sarrazin^{1,2}, Ralf Thiel^{1,2}

¹ Universität Hamburg, Fachbereich Biologie, Ohnhorststraße 18, 22609 Hamburg, Germany
(mauamievafotina_@hotmail.com)

² Leibniz-Institut zur Analyse des Biodiversitätswandels, Zentrum für Taxonomie & Morphologie, Martin-Luther-King-Platz 3, 20146 Hamburg, Germany

Estuaries represent one of the most biologically productive, and thus important, coastal ecosystems, creating essential transition areas between freshwater and marine ecosystems that are crucial as feeding and nursery areas for fish. The Elbe and Odra estuaries are two large European estuaries, for which we have a lack of information regarding the role of top predators within their food webs. In this study, the feeding ecology and growth of juvenile zander were analyzed, a widely distributed aquatic top predator in many estuarine ecosystems of Europe, as well as one of the most important freshwater fish species for commercial and recreational fishing. Overall, the prey species composition of 205 juvenile zander in the Elbe and Odra estuaries at different stations during the summer and autumn season was analyzed. The stomachs of 61 % of all examined specimens contained prey. A total of 18 prey species were identified. 1008 individuals were weighed and measured to analyze growth and condition of juvenile zander at both estuaries. Prey species found in the stomachs were taxonomically identified, and the originally consumed biomass was back calculated with regression equations used from published literature. Food composition of zander was described using feeding ecology parameters such as frequency of occurrence, biomass, abundance, and index of relative importance (RI). Juvenile zander from the Odra estuary were significantly larger compared to individuals from the Elbe estuary. Stations where fish represented the prey taxa with the highest RI also represented the stations where the largest individuals were sampled. In the Elbe estuary, juvenile zander sampled from stations Medemgrund and Mühlenberger Loch were in best condition, while in the Odra estuary, individuals in best condition were sampled from Greifswald Bodden. *Osmerus eperlanus* represented an important prey species for zander in the Elbe estuary, while *Rutilus rutilus* and *Pomatoschistus minutus* represented important prey species in the Odra estuary. This study highlights the importance of fish in the diet of juvenile zander during a decisive time where they undergo an ontogenetic diet shift.

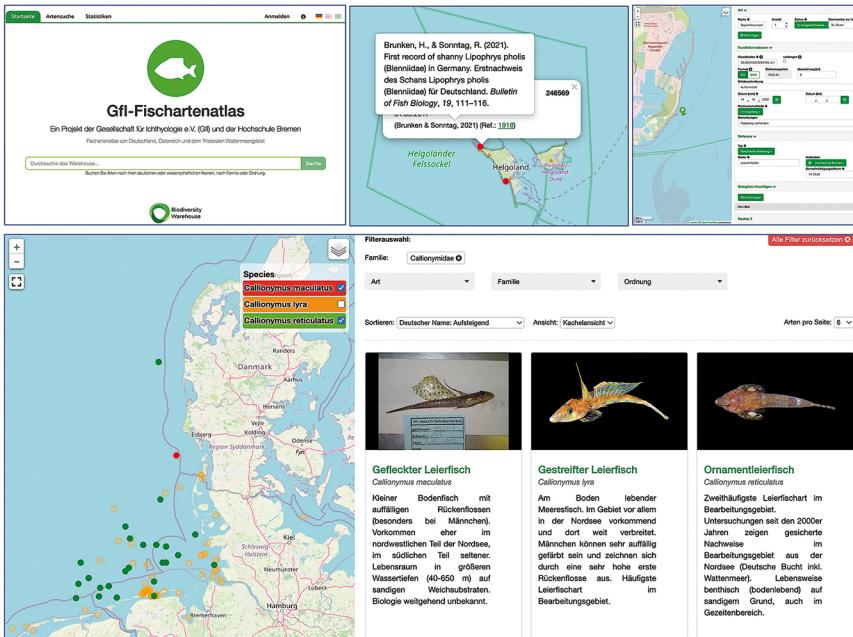
Poster

Meeresfische im GfI-Fischartenatlas

Heiko Brunken¹ & Iris Angela Woltmann²

¹ Am Dammacker 7, D-28201 Bremen (heiko.brunken@hs-bremen.de)

² Ahrstraße 26, D-26382 Wilhelmshaven



Im GfI-Fischartenatlas, gemeinsam herausgegeben von der Gesellschaft für Ichthyologie (GfI) e.V. und der Hochschule Bremen, sind nun erstmals auch alle Meeresfischarten enthalten. Hierzu zählen sowohl die 94 als „etabliert“ geltenden marinen und diadromen Arten der deutschen Roten Liste der Meeresfische (Thiel et al. 2013) als auch 28 weitere Arten wie Irrgäste, Erstnachweise oder Nachweise aus den Nachbarländern. Nennenswert sind beispielsweise Nachweise vom Schan *Lipophrys pholis* (Erstnachweis Deutschland), vom Roten Thun *Thunnus thynnus*, vom Schlanken Driftfisch *Cubiceps gracilis* (Erstnachweis Nordsee) oder neuere Vorkommen vom Kurzschnäuzigen Seepferdchen *Hippocampus hippocampus*. Das Bearbeitungsgebiet umfasst die deutschen Küstengewässer, die deutsche ausschließliche Wirtschaftszone (AWZ) in Nord- und Ostsee sowie das Gebiet der Trilateralen Wattenmeerkooperation zwischen den Niederlanden, Deutschland und Dänemark. Berücksichtigt wurden im Einzelfall auch angrenzende Meeresgebiete. Die Daten stammen aus Literaturrecherche und selektiven Datenbankabfragen (GBIF, OBIS, PANGEA) sowie aus direkt in Atlas eingegebenen Verbreitungsdaten (Citizen Science). Für alle Arten liegen neben

den Verbreitungsdaten auch weitergehende Artinformationen wie diagnostische Merkmale, Artbeschreibungen, Fotos oder Hinweise auf weiterführende Literatur vor. Zahlreiche Verlinkungen führen direkt zu den zitierten Literaturquellen und erleichtern somit weitere Recherchen. Der Atlas ist über die Adressen <www.fischfauna-online> oder <<https://biodiv-atlas.de/fische/#!/home>> frei verfügbar. Nach Anmeldung ist die Eingabe eigener Verbreitungsdaten über eine benutzerfreundliche Eingabemaske sowohl per PC als auch über Smartphone (Android, iOS) möglich. Der Atlas wurde erstellt mit der Software *Biodiversity Warehouse* der Hochschule Bremen. Er wird gehostet am Forschungsmuseum Alexander Koenig in Bonn und ist Use Case im Forschungsprojekt Case im Forschungsprojekt NFDI4Biodiversity (Nationale Forschungsdateninfrastruktur für Biodiversität).

Poster

Effect of stochastic fluctuation in the temporal distribution of food resources on behavioral individuality in the naturally clonal *Poecilia formosa* (amazon molly)

Hendrik Emmel^{1,2,3}, Ulrike Scherer^{1,2,3}, Sean Ehlman^{1,2,3}, Max Wolf^{2,3}

¹Lebenswissenschaftliche Fakultät, Humboldt-Universität zu Berlin,
Berlin, Deutschland

²Abteilung Biologie und Ökologie der Fische, Leibniz-Institut für Gewässerökologie und
Binnenfischerei, Berlin, Deutschland

³Exzellenzcluster „Science of Intelligence“, Technische Universität Berlin, Berlin, Deutschland

Animals in many species show behavioral individuality (i.e., consistent between-individual differences in behavior), which is thought to be caused by both genetic and environmental variation. Removal of these sources of variation is expected to lead to a lack in between-individual variation. In our previous work, we could show that even genetically identical amazon mollies, which are being raised in nearly identical environments, differ substantially in their behavioural profile. This suggests that minimal stochasticity in the environment may translate into significant behavioural variation. In a follow-up study, we now tested whether stochastic fluctuations in the temporal distribution of food resources can lead to behavioral diversification. Our main hypothesis is that random fluctuations create heterogeneity in how new-born organisms first experience their environment. The initial experience (positive vs. negative) is thought to form a ‘believe’ about the environment that shapes future interactions with the environment. We further tested if the initial experience has long-lasting effects on the behavioral development as well as on behavior shown in different environments. To test our hypotheses, we raised genetically identical amazon mollies individually in environments that were globally the same for all fish: individuals were presented with a daily exploration task over 16 consecutive days, including 8 trials with a food reward and 8 trials without a reward. The sequence of no food vs. food reward was completely randomized between test fish, leading to variation in initial positive (food) vs. initial negative (no food) experience. During and after all trials, individuals were recorded and tracked for activity parameters (e.g., total distance traveled, exploration behavior, vicinity of maze, etc.). We then mapped behavioral-experiential trajectories over the 16 days trial and examined how differences in early experience affected later behavior. Based on this information, we shed light on developmental drivers of behavioral individuality and highlight the role of varying environmental conditions as an important underlying mechanism.

Poster

Having the muscles to survive? Myogenic gene expression in pikeperch (*Sander lucioperca*)

George P. Franz^{1,2}, Katrin Tönißen¹, Alexander Rebl³, Philipp Lutze^{1,4}, Bianka Grunow¹

¹ Research Institute for Farm Animal Biology (FBN), Institute of Muscle Biology and Growth, Dummerstorf, Germany (franz@fbn-dummerstorf.de)

² University of Greifswald, Zoological Institute and Museum, Department of Cytology and Evolutionary Biology, Greifswald, Germany.

³ Research Institute for Farm Animal Biology (FBN), Institute of Genome Biology, Dummerstorf, Germany.

⁴ University Medicine of Greifswald, Institute of Pathophysiology, Greifswald, Germany

The pikeperch is a new focus species in aquaculture. However, high mortality rates in the early life stage in particular prevent economically successful cultivation. During this early development, a balance between developmental processes and energy conservation must be established to ensure survival. In this context, the development of muscle tissue is crucial for early locomotion, as the ability to feed and other physiological processes influencing survival. Despite this, muscle development in pikeperch has not been a focus to date. In this study, we analysed the expression levels of selected myogenic and development-specific genes to gain insight into muscle development of pikeperch.

Eight different developmental stages from early embryonic to larval stages (26 to 325 dd) were examined. Commonly known myogenesis gene markers and markers for skeletal and general development were selected. In total, 19 genes were analysed using nanofluid-qPCR. Relative gene expression was evaluated using the ANOVA followed by a Tukey test.

The observed morphological development of the examined pikeperches was consistent with previous descriptions. Expression of myogenic marker genes was elevated during three periods; at 53 dd (early embryonic stage), from 127th to 157th dd (pre-hatch) and at 280th dd (early larval stage). The expression of developmental markers (e.g. MYH6 and EN2) coincided with ontogenetic processes. The expression of skeletal gene markers timed with skeletal development and corresponded to the observed second and third phases of increased myogenesis marker expression.

The results show that myogenesis is temporally coordinated with developmental processes. Myogenetic phases occur around somite formation (53 dd), before hatching (127-157 dd) and after the complete switch to exogenous feeding (280 dd). A distinctive spectrum of increased marker expression was detected for each of these three stages, indicating initial muscle formation before hatching and enhanced growth and differentiation of muscle tissue in the last two age groups studied. The observations can support follow-up studies and help improve muscle development and survival of pikeperch in aquaculture.

Poster

The importance of renaturation areas for increasing climate resilience – a study of a medium-sized river in southwest Germany after a disruptive event

Maximilian Gerken^{1,2}, Mariia Vyshotravka^{1,3}, Juan Carlos Reyes-Hagemann¹, Olivia Katharina Sigmund¹, Christian Löb¹, Stefan Theobald¹, Leon Dittmann¹, Thomas Schmidt^{1,2}, Ralf Schulz^{1,2}

¹iES Landau, Institute for Environmental Sciences, University of Koblenz-Landau, Fortstrasse 7, 76829 Landau, Germany

² Eusserthal Ecosystem Research Station, University of Koblenz-Landau, Birkenthalstrasse 13, 76857 Eusserthal, Germany

³Faculty of Environmental Sciences, Czech University of Life Science Prague, Kamýcká 129, 165 00 Praha-Suchdol, Czechia

With ongoing climate change and the resulting lower river discharges in Germany, the vulnerability of small or medium-sized aquatic ecosystems to anthropogenic stressors from both, point sources (e.g., wastewater) and nonpoint sources (e.g., agriculture) becomes even more relevant.

In September 2022, electrofishing was applied to eighteen sections of the 52-km-long River Queich in Rhineland-Palatinate in southwest Germany, where a so-far unexplained fish kill had occurred in April 2021 along an approximately 10 km stretch of the river. The collected data on abundance, total length and fish species were then compared with data collected in March 2022 as well as in September 2021 and 2019.

The effects of the fish kill are still apparent in the strong reduction of individuals of native species formerly common in the affected river stretch [e.g., brown trout (*Salmo trutta*), Eurasian minnow (*Phoxinus phoxinus*)]. The invasive alien topmouth gudgeon (*Pseudorasbora parva*), which is assumed to have migrated from below, was detected for the first time in these stretches. Noticeable is a significantly higher number of individuals and species compared to the surrounding sites in a renaturalized section of the river that received a strong improvement of the bed and the riparian morphology in 2017 and 2018.

The results of this study highlight the relevance of near-natural stretches of water, which can serve as valuable refugia as well as reintroduction areas after disturbance events and thus contribute to an increased resilience of stream ecosystems. Even about one and a half years after the fish kill, its effects are clearly visible in degraded fish communities in sections of the stream that are strongly altered by anthropogenic activities.

Poster

Zellkultursysteme aus Fischen für verschiedene Anwendungen in der Fischforschung

Bianka Grunow

Forschungsinstitut für Nutztierbiologie (FBN), Wilhelm-Stahl-Allee 2, D- 18196 Dummerstorf

Ein tiefgreifendes Verständnis der Fischphysiologie ist für eine erfolgreiche und nachhaltige Aquakulturproduktion, insbesondere im Hinblick auf das Wohlergehen der Tiere, entscheidend. Um dies zu erreichen, sind Fische derzeit Gegenstand zahlreicher Studien, in denen sie exemplarisch verschiedenen abiotischen Parametern ausgesetzt werden und dabei ihre physiologischen Stressreaktionen auf Temperaturänderungen (Aspekt der globalen Erwärmung) oder Umweltverschmutzung (Aspekt der Ökotoxikologie) untersucht werden. Darüber hinaus werden Fische auch in Tierversuchen eingesetzt, um Verständnis von Fischkrankheiten zu erhalten. Aus Geweben von Fischen etablierte Zelllinien können hier als Ersatz dienen. Seit den 1960er Jahren konnte mehrfach belegt werden, dass Zelllinien nützliche Modelle für die Untersuchung der Auswirkungen verschiedener biotischer und abiotischer Faktoren, wie z. B. Temperaturänderungen (Schäfer et al., 2021, Grunow et al., 2021), Virus-Wirt-Pathogen-Interaktionen und Pathogenese (Noguera et al., 2017, 2021) oder auch in der Ökotoxikologie (OECD, 2019) sind. So hat sich die Zahl von etablierten Fischzelllinien von 1962 (erste Fischzelllinie etabliert von Wolf & Quimby aus der Regenbogenforelle) bis heute auf 900 erhöht (web.expasy.org/cellosaurus/). Da Fische allerdings eine hohe biologische Vielfalt aufweisen, besitzen sie eine große Bandbreite an evolutionären Anpassungen an die verschiedenen Umweltbedingungen. Folglich reagieren die Arten unterschiedlich auf äußere Einflüsse. Daher ist die Etablierung von Zelllinien aus verschiedenen Fischarten wichtig, um artspezifische Besonderheiten zu erkennen. In den letzten Jahren konnte gezeigt werden, dass in-vitro-Modelle ein bioethisches und kosteneffizientes Instrument sind, um die Auswirkungen sich ändernder klimatischer Faktoren oder die Interaktion zwischen Wirt und viralen Krankheitserregern zu untersuchen. Unser künftiges Ziel ist es, stabile Zelllinien aus einem breiten taxonomischen Spektrum von Fischarten zu etablieren und die Frage zu beantworten, inwieweit geeignete In-vitro-Instrumente In-vivo-Modelle in der Grundlagenforschung im Bereich der Fischbiologie und Aquakultur ersetzen können.

Poster

The pelvic girdle of Gonorynchiformes (Otomorpha)

Ann-Katrin Koch^{1,2} & Timo Moritz^{1,2}

¹Deutsches Meeresmuseum, Katharinenberg 14-20, 18439 Stralsund, Deutschland

²Institut für Biowissenschaften, Universität Rostock, Albert-Einstein-Straße 3, 18059 Rostock, Deutschland

Fins are present in virtually all primary aquatic vertebrates, which are used for effective movement in the water. The pelvic fins, in combination with the pectoral fins, are well studied to understand the tetrapods limbs and the transition from water to land. However, the pelvic girdle of teleosts remains poorly studied to this day. The gonorynchiformes is a small order compromising only 38 species, but its phylogenetic position as the sister group of Otophysi makes it an important order to study. For this study the pelvic girdle of cleared and double stained specimen from 6 of the 7 genera were examined. The results showed a lot of similarities and only a few differences in the morphology of this skeletal structure, and allow inference to the condition of stem-group Ostariophysi.

Poster

Fischkonsum im 13. Jh. an der südlichen Ostseeküste – Fischreste aus einer archäologischen Fundstelle im Katharinenkloster in Stralsund

Franziska Kühnel¹, Lisa Klemens^{1,2}, Vivian Fischbach^{1,3}, Jörg Ansorge⁴, Timo Moritz^{1,3}

¹Deutsches Meeresmuseum, Katharinenberg 14-20, 18439 Stralsund

²Institut für Ökologie und Evolution, Universität Jena, Dornburger Straße 195, 97743 Jena

³Institut für Biowissenschaften, Universität Rostock, Albert-Einstein-Straße 3, 18059 Rostock

⁴AIM-V Archäologie in Mecklenburg-Vorpommern GmbH, Burchardstraße 6, 18233 Neubukow

Im Rahmen der Umbauarbeiten am Deutschen Meeresmuseum, begannen im Jahr 2020 Ausgrabungsarbeiten auf dem Gelände des 1251 gestifteten Dominikanerklosters St. Katharinen in Stralsund. In einer im dritten Viertel des 13. Jahrhunderts verfüllten Grube im Bereich des Klostergartens fanden sich angereichert in einer bis zu 20 cm mächtigen Schicht aus Fischresten, vor allem Schuppen, aber auch Skelettelemente wie Prämaxillaria, Zähne, Wirbel, Rippen, Operkularia und Radialia. Schuppen, Prämaxillaria und Wirbel. In Zusammenarbeit von Archäologie und Meeresmuseum soll an dem Fundmaterial erstmals eine archäoichthyologische Analyse spätmittelalterlicher fischdominierter Speisereste in einer ostdeutschen Hansestadt erfolgen. Es sollen die Artzusammensetzung und Größenverhältnisse erfasst und einer möglichen Herkunft der Fische aus dem einheimischen Strelasund nachgegangen werden, wo die Stadt Stralsund das fürstlich verbrieft Fischereirecht vom Gellenfeuer auf Hiddensee im Norden bis nach Devin im Süden hatte. Um diese historischen Fischreste auszuwerten, wurden insgesamt 6 kg mit Erde vermengtes Schuppenkonzentrat aus der Abfallgrube geborgen. Daraus wurden wiederum 5 Unterproben, von jeweils 5 % der Gesamtprobe entnommen und analysiert. Die Skelettelemente innerhalb der Unterproben wurden ausgesiebt und sortiert. Anschließend wurde jede Schuppe und jedes Knochenfragment identifiziert und fotografiert, insgesamt 325 Skelettelemente und 1000+ Schuppen. Innerhalb der Probe konnten drei Fischarten eindeutig anhand der Schuppen bestimmt werden: Flussbarsch (*Perca fluviatilis*), Zander (*Sander lucioperca*) und Hecht (*Esox lucius*), wobei der Flussbarsch mit ca. 80 % den Großteil der bisher identifizierten Schuppen stellt. Prämaxillare, Dentale und Wirbel konnten zwei Arten zugeordnet werden: Flussbarsch und Hering (*Clupea harengus*). Möglicherweise deutet sich hier schon eine Hauptpräferenz, der in den heimischen Gewässern gefangenen Speisefische an. Weiterführend soll mithilfe der Schuppen untersucht werden, wie alt die Fische zum Fangzeitpunkt waren und in welchen Jahreszeiten die Fische hauptsächlich gefangen wurden.

Poster

Lake Poso ricefishes: a promising model system in adaptive diversification research

Jan Möhring¹, Astrid Böhne¹, Julia Schwarzer¹, Daniel F. Mokodongan², Daisy Wowor², Annawaty³, Fabian Herder¹

¹ Leibniz-Institut zur Analyse des Biodiversitätswandels (LIB), Museum Koenig, Adenauerallee 160, 53113 Bonn

² National Research and Innovation Agency (BRIN), Research Center for Biosystematics and Evolution (PRBE), Museum Zoologicum Bogoriense, Jl. Raya Jakarta – Bogor KM 46, Cibinong 16911, Indonesia

³ Universitas Tadulako (UNTAD), Faculty of Mathematics and Natural Sciences (FMIPA), Jl. Soekarno Hatta KM 9, Palu 94118, Indonesia

The underlying processes involved in lineage radiations are a main focus in evolutionary biology. Radiations restricted to habitat islands, such as oceanic islands or isolated lakes, often show adaptive diversification among species by specialization to narrowed ecological niches. Hybridization of related lineages has increasingly been proposed as a driver of adaptive diversification by elevating genetic and phenotypic variation on which selection can act. Still, few studies have focused in more detail on the role of adaptive introgression and particular functions of genes affected by it.

For this purpose, we use the small monophyletic species flock of *Oryzias* in Lake Poso, an ancient lake on the island of Sulawesi, Indonesia, as a model system to address whether hybridization has been a primary driver for their diversification. Pilot data shows that the three species are clearly differentiated in their morphology, including functional traits, trophic niche use, and habitat use. Conclusively, adaptive diversification likely explains the observed three-species scenario.

At the same time, we found a previously unknown population of *Oryzias* in an upstream part of Poso River, the lake's outlet river. Their overall appearance and shape suggest that these fish are of hybrid origin between one of the Lake Poso species and another, possibly yet unknown species similar to the closely related *O. soerotai*, which endemic to a distant lake. For this congener, past and recent genomic introgression into the Lake Poso *Oryzias* flock was previously reported despite the geographic distance. We intend to re-evaluate the hypothesis that introgression from outgroups contributed to the evolution of the Lake Poso species flock by using a more complete taxon sampling, which includes the newly found *Oryzias* from Poso River, in combination with a whole genome approach.

Additionally, a non-sister lineage of ricefish (genus *Adrianichthys*) occurs in sympatry with the *Oryzias* flock in Lake Poso. Phylogenetic data showed that this lineage is substantially older than the *Oryzias* flock, offering a rare opportunity to study effects of competition between sympatric radiations of related lineages on their diversification.

Poster

Genetic Architecture of Hybridization in the *Phoxinus* genus

Temitope Oriowo¹, Nils Sternberg¹, Astrid Böhne ¹, Sylke Winkler ², Gene Meyrs ², Madlen Stange ¹

¹ Leibniz Institute for the Analysis of Biodiversity Change, Museum Koenig Bonn, Adenauerallee 127, 53113 Bonn, Germany

² Max Planck Institute of Molecular Cell Biology and Genetics, Pfotenhauerstr. 108
01307 Dresden, Germany

Phoxinus phoxinus (Eurasian minnow) is a small freshwater fish that belongs to the cryptic genus *Phoxinus*. Recent studies have found more than 23 mitochondrial lineages of which 13 represent valid species. The fact that minnows in general are very good prey for salmonids, makes it a quite valuable bait; however, this also means that allochthonous lineages of *Phoxinus* are being anthropologically introduced in non-native environments during stocking procedures, posing a potential threat to the genetic status of native populations.

The broad geographic distribution and the cryptic nature of this genus underlines the importance of understanding the genetic differences and nature of hybridization within this genus. The first step to understanding this is the availability of a high-quality reference genome. Here we present a high quality de novo genome assembly of an individual haplotyped as *Phoxinus csikii* from the River Sieg, Germany.

The dual assembly was generated by combining PacBio HiFi and Illumina HiC reads which produced a haplotype-resolved and chromosome-level assembly. Both assemblies have 25 chromosomes spanning 940Mb and 929Mb with scaffold N50 of 36.4 Mb and 36.6Mb, contig N50 of 3.85 Mb and 4.59Mb, respectively. A 31-kmer profile revealed a heterozygosity rate of 1.61% and duplication rate of 4.79%, putting our reference genome within proximity of the European Sardine and American Eel which also have around an estimated heterozygosity of between 1.5 and 1.75.

Repeats annotation and classification was done using a combination of a custom TE library and the Vertebrate TE library, with 54.6% of the genome masked as repetitive elements. DNA Transposons, Hobo- Activators, and LTRs were found to be the most abundant repetitive elements in the genome.

To further understand the genetic architecture of hybridization in the *Phoxinus* genus, protein-coding genes will be predicted and annotated. Then whole genome re-sequencing data of sampled individuals across native and hybrid zones will be generated and population genomic and transposable element analysis carried out to infer the mechanism of hybridization in this genus.

Poster

Comparative behavioural analysis of four closely related poeciliid species

Antonia Lily Racky¹, David Bierbach^{1,2,3}, Fritz A. Francisco^{1,2}

¹Lebenswissenschaftliche Fakultät, Humboldt-Universität zu Berlin,
Berlin, Deutschland

²Exzellenzcluster „Science of Intelligence“, Technische Universität Berlin, Berlin, Deutschland

³Abteilung Biologie und Ökologie der Fische, Leibniz-Institut für Gewässerökologie und
Binnenfischerei, Berlin, Deutschland

The Amazon molly (*Poecilia formosa*) is a livebearing fish that originated from a hybridisation of a female *P. mexicana* and a male *P. latipinna* approximately 100'000 years ago. It reproduces through gynogenesis which means that all offspring are genetically identical female clones of their mothers. Due to its hybrid origin, it is referred to as a "frozen F1-hybrid". In the laboratory, hybrids can also be created by crossing the same parental species though these hybrid individuals are not clonal and may differ in their genetic composition from the clones that experienced a long evolutionary history. In order to test whether both parental species, as well as artificially-created hybrids and the ancestral clonal lineage differ in their behavioural patterns, 2D and 3D video recordings of isolated juvenile fish in an open field setting were compared. Fish movement was scored using state-of-the-art tracking methods and analysed based on manual, semi-supervised and unsupervised quantification techniques (tail beat frequency, speed, acceleration, space use etc.). By doing so, we attempt to show minute behavioural differences between these four distinct yet related species/genotypes. Further, our study may help to understand the development of individual variation and adaptation since we can compare behaviour along a gradient of genetic variability.

Poster

Ecosystem at the edge – fish communities in a small stream in the Upper Rhine region in south-west Germany

Juan Carlos Reyes-Hagemann¹, Olivia Katharina Sigmund¹, Maximilian Gerken^{1,2}, Mariia Vyshotravka^{1,3}, Christian Löb¹, Stefan Theobald¹, Leon Dittmann¹, Thomas Schmidt^{1,2}, Ralf Schulz^{1,2}

¹iES Landau, Institute for Environmental Sciences, University of Koblenz-Landau, Fortstrasse 7, 76829 Landau, Germany

² Eusserthal Ecosystem Research Station, University of Koblenz-Landau, Birkenthalstrasse 13, 76857 Eusserthal, Germany

³Faculty of Environmental Sciences, Czech University of Life Science Prague, Kamýcká 129, 165 00 Praha-Suchdol, Czechia

Climate change, as well as high anthropogenic pressures like intensive agriculture and channelization expose especially small streams to effects of drought events.

We carried out electrofishing at nine sections in the stream Hainbach in Rhineland-Palatinate in south-west Germany in September 2019 and September 2022 covering the full 32 km stream length from source to mouth.

Along the entire stream length, low water levels, even completely dry sections, were observed. At five sections no fish were present. In the other sections largely degraded fish communities were found with a constantly low or even decreasing species richness over the years. In 2019 the highest abundances were observed in the middle parts of the stream whereas in 2022 a steady increase of abundance from source to mouth was found.

Since drought events are suspected to increase in the future due to climate change, constant water supply in small streams is necessary to preserve their fish populations. We observed, natural or artificial pool structures may function as refuges for fish during such events, even though not all species benefit to the same extent. Long term conservation and management actions like revitalization measures and integrated water management are needed to ensure the availability of small streams in the Palatinate region as fish habitats.

Poster

Sexual dimorphism in head morphology in sub-adult *Arapaima gigas*

Nele Russy^{1,2}, Alessandra Escurra Alegre^{1,2,3}, Fritz A. Francisco^{1,3}, Robert T. Lange³, David Bierbach^{1,2,3}

¹Lebenswissenschaftliche Fakultät, Humboldt-Universität zu Berlin,
Berlin, Deutschland

²Abteilung Biologie und Ökologie der Fische, Leibniz-Institut für Gewässerökologie und
Binnenfischerei, Berlin, Deutschland

³Exzellenzcluster „Science of Intelligence“, Technische Universität Berlin, Berlin, Deutschland

Sexual dimorphism is a widespread phenomenon in the animal kingdom, especially in bony fish. Whenever fish are held in captivity, identifying sexes is often highly desirable as it allows (1) separating sexes, (2) formation of breeding pairs and (3) ultimately also help to increase animal welfare if mixed sex housing is stressful. Besides the many species that show observable morphological traits that allow for easy sex identification, many commercially bred species do not show such obvious sexual dimorphisms. One species where the identification of the sexes is difficult is *Arapaima gigas*, also called Pirarucu or Paiche. Adult *Arapaima* are considered to be among the largest freshwater fishes on earth and there are reports showing individuals that exceeded 3 m in size and 250 kg of weight. Importantly, *Arapaima* exhibit the fastest known growth rates in fishes but these economic aspects have developed into the greatest threats for the species. In order to effectively rear and breed this species in captivity thus relieving wild stocks of poaching, identification of sexes is highly demanded. Recently a DNA-based toolkit was presented that allowed for highly accurate sex identification in *Arapaima*. While this is a hallmark step into facilitated captive rearing of *Arapaima*, such techniques might not always be applicable as they require knowledge and equipment for proper DNA sampling to prevent cross-contamination of samples as well as laboratory facilities to analyze the samples. Other approaches that can supplement DNA-based markers are thus necessary. Our study aimed at providing an additional tool for the sex identification in *Arapaima* based on images of the live animals. We focused on top-down images of the frontal head region of juvenile fish (ca. 100cm length) photographed during routine slaughtering in an aquaculture facility in Germany. The head region of *Arapaima* seems to have individual substructures similar to human fingerprints. These are associated with pores which are assumed to have important functionality, by releasing cephalic fluids during brood care. As brood care is predominately performed by males, we hypothesized that pore structures differ between the sexes. We provide results using both deep-learning aided image analysis as well as classical morphometric investigations which indicate that *Arapaima* indeed show identifiable sexual dimorphic head structures.

Poster

Geographical and COI-haplotype distribution of the genus *Phoxinus* in two inflows of the Rhine

Nils Sternberg, Temitope Oriowo, Fabian Herder, Madlen Stange

Leibniz Institute for the Analysis of Biodiversity Change, Zoologisches Forschungsmuseum Alexander Koenig
Bonn, Adenauerallee 127, 53113 Bonn, Germany

The genus *Phoxinus* (Cypriniformes: Leuciscidae), commonly referred to as Eurasian minnows, has become a focal point of present research on taxonomy and cryptic diversity in Europe. Recent studies on the genus revealed at least 23 mitochondrial genetic *Phoxinus* lineages, of which 13 represent valid species.

For the Sieg and Ahr catchments, historical museum samples hint at the occurrence of only one *Phoxinus* species, *Phoxinus phoxinus*. However, recent studies for the Sieg system revealed the occurrence of three *Phoxinus* species, the autochthonous *P. phoxinus*, and allochthonous *P. csikii* originating from the Danube system and *P. septimaniae* from Southern France. All three species are known to hybridize among each other, which might have led to the establishment of hybridized *Phoxinus* populations. These hybridisations could be an important factor influencing the Eurasian minnow populations in the Sieg system, which underwent rapid population increases since the early 2000s.

To understand the geographical distribution of *Phoxinus* species, their occurrences in Ahr and Sieg were investigated from epirithral regions to the river mouths. Eurasian minnows were collected from 59 and 71 sites, respectively, and barcoded using *cytochrome oxidase I* (COI). Historical information on stocking was examined to identify ways of introduction and the origin of allochthonous *Phoxinus* individuals.

The existence of all three previously observed species in the Sieg system was confirmed by COI-haplotypes. The *P. csikii* haplotype was described for the first time in the Ahr system, being the dominant haplotype over the entire system. Contrastingly, the Sieg system exhibits a gradient of haplotype composition. Direct stocking with minnows from the Danube, Sieg and Lahn is the source of the observed signatures in the Sieg. Indirect introduction of minnows might have locally occurred by stocking of Brown trout *Salmo trutta*. For the Ahr system the ways of introduction are still unclear.

Poster

Long-term changes in the ichthyofaunal composition in a temperate estuarine ecosystem – developments in the Elbe estuary over the past 40 years

Jesse Theilen^{1,2}, Victoria Sarrazin^{1,2}, Elena Hauten³, Raphael Koll⁴, Christian Möllmann³, Andrej Fabrizius⁴ Ralf Thiel^{1,2}

¹Leibniz Institute for the Analysis of Biodiversity Change, Centre for Taxonomy and Morphology – Hamburg, Germany

²University of Hamburg, Department of Biology, Biodiversity Research – Hamburg, Germany

³University of Hamburg, Institute of Marine Ecosystem and Fishery Science – Hamburg, Germany

⁴University of Hamburg, Institute of Cell- and Systems Biology of Animals, Molecular Animal Physiology – Hamburg, Germany

Estuarine ecosystems are often characterized by high productivity and contain a variety of highly dynamic habitats. The Elbe estuary is subject to constantly changing abiotic factors such as salinity, water temperature, oxygen content, turbidity, and river runoff. With climate change and other human impacts, such as channel management, wastewater sewage and nutrient inputs, the Elbe estuary has faced several anthropogenic stressors in the past and in the present. In estuarine food webs, keystone fish species are considered as suitable indicators for the assessment of ecosystem quality. The aim of this study is to quantify the change of the fish assemblage of the Elbe estuary over the past four decades. Within this time span, severe alteration of the ecosystem in the lower Elbe occurred. In the 1980ies and earlier, poor water quality due to sewage discharge, especially from upstream had affected the fish fauna. Since the beginning of the 1990s, water quality had improved and fish stocks recovered until 2009/2010. Within the last decade, however, the stock sizes of some species such as the dominant smelt *Osmerus eperlanus* (Linnaeus, 1758) have been declining again. This has raised the question of whether the Elbe estuary is now no longer in a relatively good ecological condition. Data from research catches with stow net vessels over four time periods (1984-1986, 1994-1995, 2009-2010 and 2021-2022) were standardized. The composition of the fish fauna of five stations along the main channel of the Elbe estuary (reflecting the salinity gradient), between the cities of Cuxhaven and Hamburg were compared over the seasons spring, summer, autumn and winter. Between 2021 and 2022 a total 45 fish species was recorded. The thinlip mullet *Chelon ramada* (Risso, 1827) was recorded for the first time in the Elbe estuary. Smelt (100 %), flounder (98%) and ruffe (79 %) showed the highest frequency of occurrence (hauls n = 49). The most abundant species were smelt (84 %), herring (10 %) and whiting (2 %). The largest proportion of biomass was covered by smelt (56 %), herring (11 %) and twaite shad (9 %).

Poster

Genetische Methoden zur Identifizierung von Hybriden zwischen Atlantischem Lachs (*Salmo salar*) und Bachforelle (*S. trutta*)

Stefan Theobald¹, Florian Borutta², Chris Bridges^{2,3}, Thomas Schmidt^{1,4}, Ralf Schulz^{1,4}, Anne Schrimpf¹

¹iES Landau, Institut für Umweltwissenschaften, Universität Koblenz-Landau, Fortstraße 7, 76829 Landau, Deutschland

²TunaTech GmbH, Merowingerplatz 1A, 40225 Düsseldorf, Deutschland

³Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf, Universitätsstraße 1, 40225 Düsseldorf, Deutschland

⁴Ökosystemforschung Anlage Eußerthal (EERES), Universität Koblenz-Landau, Birkenthalstraße 13, 76857 Eußerthal, Deutschland

Der Atlantische Lachs (*Salmo salar*) ist Mitte des letzten Jahrhunderts im Rhein ausgestorben und seit 30 Jahren werden Anstrengungen zur Wiederansiedlung unternommen. Eine Hybridisierung zwischen Atlantischem Lachs und Bachforelle (*S. trutta*) kann unter anderem durch schlechten Fortpflanzungerfolg der Hybride problematisch für Wiederansiedlungsbemühungen sein. Ein visuelles Erkennen von Hybriden ist schwer, daher werden zur Identifizierung von Hybriden unter anderem die Allellängen der Mikrosatelliten-Loci SsaD486 und Ssa197 als Indikatoren herangezogen. Untersuchungen von Lachsen, Bachforellen und deren Hybriden haben gezeigt, dass der Lokus SsaD486 bei Lachs und Bachforelle zwar gleich lang ist, sich das Allel „162“ aber durch Mutationen einzelner Basen unterscheidet. Weiter zeigten nukleare Hybridanalysen mittels des 5S Bandenmusters und einer RFLP-Analyse des Gens GnRH von Lachsproben aus dem Projekt „Genetisches Monitoring zur Wiederansiedlung des Atlantischen Lachses im Rheingebiet“ (GeMoLaR), dass der Lokus Ssa197 nicht zur sicheren Identifizierung von Hybriden ausreicht. Vielmehr waren identifizierte Hybride unauffällig in den Mikrosatelliten Daten und glichen dem eines Lachses. Demnach können Mikrosatellitenanalysen im Idealfall wertvolle Hinweise auf Hybriden ergeben, zusätzliche Analysen sind aber notwendig, um diese zu bestätigen.

Poster

The “ElectroFish” setup: Developing an interactive biomimetic robot to communicate with weakly electric fish

Nils Weimar¹, Mathis Hocke², Moritz Maxeiner², Gianluca Volkmer², Khaled Alomari², Frank Kirschbaum³, Tim Landgraf², Gerhard von der Emde¹

¹ Neuroethology/Sensory Ecology, Institute of Zoology, University of Bonn, Meckenheimer Allee 169, 53115 Bonn, Germany

² Dahlem Center for Machine Learning and Robotics, Department of Mathematics and Computer Science, Freie Universität Berlin, Arnimallee 7, 14195 Berlin, Germany

³ Unit of Evolutionary Biology/Systematic Zoology, Institute of Biochemistry and Biology, University of Potsdam, Karl-Liebknecht-Strasse 24-25, 14476 Potsdam, Germany

In mormyrid weakly electric fish, individuals continuously emit and perceive pulse-type electric organ discharges (EOD) to establish highly complex social group dynamics. This electro-communication allows mormyrids to exchange identity information based on the waveform of their EOD, as well as contextual information through the modification of their inter-discharge intervals (IDI). Our previous studies have shown that shoaling mormyrids frequently engage in episodes of interactive electric signaling by synchronizing their EODs to each other. They also interact with artificial signal sources like an EOD-emitting fish robot. However, it is not fully known which social cues these signals convey, what they mean, and which behaviors they evoke in other fish.

Here we show the main requirements needed to develop an interactive biomimetic robot (“ElectroFish”) that can serve as a communication partner for weakly electric fish. (1) Since during EOD synchronization two fish respond to each other within a short time window of 20-30ms, we developed an automated, on-line EOD localization system using neural networks. This allows for real-time identification of a specific EOD sender within a group and immediate and directed responses of the robot. (2) Initial experiments have shown that random signal playback sequences can lead to unpredictable responses of individual fish. For this reason, we additionally developed a standardized echo response system that integrates the electric signaling properties into the robot control software. The robot is thus able to directly respond to the signaling behavior of a specific fish in a group with EOD synchronization and interactive locomotion. This fully interactive robot, which operates in closed-loop both electrically and locomotorically, gives us full control over the cues we inject into the social system. By introducing such a flexible and controllable robotic communication partner into a group, we aim to understand the rules of information transfer during electro-communication in shoals of weakly electric fish.

