

Gemeinsam für unser



Fischotter Kartierung 2022/23

Endbericht

ZT KOFLER Umweltmanagement
Pernegg/Mur, 30.04.2023

MIT UNTERSTÜTZUNG DES LANDES NIEDERÖSTERREICH UND DER EUROPÄISCHEN UNION



LE 14-20
Entwicklung für den Ländlichen Raum

Europäischer
Landwirtschaftsfonds
für die Entwicklung
des ländlichen Raums:
Hier investiert Europa in
die ländlichen Gebiete



Impressum

HerausgeberIn: Amt der NÖ Landesregierung, Abteilung Naturschutz

Für den Inhalt verantwortlich: ZT KOFLER Umweltmanagement, Dr. Simone Lampa und Dr. Tobias Ludwig

Erstellt von: ZT KOFLER Umweltmanagement, Dr. Simone Lampa und Dr. Tobias Ludwig

Zitervorschlag:

ZT KOFLER Umweltmanagement, Lampa S., Ludwig T. (2023): Fischotterverbreitung und Populationsgrößen in Niederösterreich 2022/23. Endbericht. ZT KOFLER Umweltmanagement im Auftrag des Amtes der Niederösterreichischen Landesregierung, 122 S.

Inhaltsverzeichnis

Kurzfassung	4
1 Einleitung	10
1.1 Aufgaben-/Fragestellung	10
2 Material und Methoden	11
2.1 Allgemein.....	11
2.2 Brückenkartierung – Verbreitung des Fischotters in Niederösterreich	12
2.3 Fischotterbestandserhebung mittels DNA-Analysen an 5 ausgewählten Fließgewässern	14
2.4 Bestandsschätzung auf Grundlage der statistischen Modellierung	34
3 Ergebnisse und Schlussfolgerungen	38
3.1 Brückenkartierung – Verbreitung des Fischotters in Niederösterreich	38
3.2 Fischotterbestandserhebung mittels DNA-Analysen an 5 ausgewählten Fließgewässern	49
3.3 Bestandsschätzung auf Grundlage der statistischen Modellierung	87
3.4 Erhaltungszustand des Fischotters	101
Literaturverzeichnis	106
Abbildungsverzeichnis	111
Tabellenverzeichnis	116
Anhang	119
Erfassungsbogen – Genetikkartierung, Probenbeschreibung	120
Erfassungsbogen – Genetikkartierung, Punktebeschreibung	121
Aufnahmebogen – Brückenkartierung	122

Kurzfassung

Das Land Niederösterreich plante als Basis für die Bewertung künftiger Managementanforderungen eine Bestandserhebung des Eurasischen Fischotters (*Lutra lutra*), welcher eine streng geschützte Säugetierart der FFH-Richtlinie (Anhang II und IV) darstellt. Mit der Durchführung des Projektes beauftragte das Amt der Niederösterreichischen Landesregierung, Abteilung Naturschutz, Landhausplatz 1, 3109 St. Pölten, die ZT-Kanzlei KOFLER Umweltmanagement, Traföß 20, 8132 Pernegg/Mur, in Kooperation mit Dr. Simone Lampa, Leipzig, und Dr. Tobias Ludwig, Ludvika (Schweden).

Das Projekt „Fischotterkartierung 2022/23 in Niederösterreich“, welches im Februar 2022 startete, besteht aus drei Hauptaufgabefeldern:

- **Bestandserhebung** mittels genetischer Mikrosatellitenanalyse von Losungsproben gesammelt an 5 Referenzstrecken in allen 4 Vierteln Niederösterreichs
- Untersuchung der **Verbreitung** des Fischotters in Niederösterreich anhand von Losungskontrollen unter insgesamt 797 Brücken
- Hochrechnung (Extrapolation) der **Gesamtpopulation** in Niederösterreich auf Grundlage der gesammelten Daten (Verbreitung & Bestand)

Das Ziel des Gesamtprojektes ist es also, eine Datengrundlage zur Verbreitung des Fischotters zu erstellen, eine Schätzung der Populationsgröße des Fischotters vorzulegen und Aussagen zum Erhaltungszustand zu tätigen. Zur Erreichung dieser Ziele fand zum einen eine Brückenkartierung an 797 Brücken in Niederösterreich statt. Zum anderen erfolgte die Beprobung von fünf Fließgewässer-Referenzstrecken inkl. genetischer Analyse von Losungsproben und die Populationsgrößenschätzung sowie Fischotterdichtebestimmung in diesen Referenzgebieten. Darauf aufbauend wurde die statistische Modellierung zur Extrapolation des Bestands in Niederösterreich durchgeführt.

Das Kapitel „Kurzfassung“ enthält die wichtigsten Ergebnisse der Studie „Fischotterkartierung 2022/2023“. Die Interpretation der Darstellungen und Ergebnisse ist vor dem Hintergrund des gesamten Berichtes zu verstehen.

Brückenkartierung

Die Brückenkartierung zur Ermittlung der Verbreitung wurde an 797 Brücken (entsprechend der Brücken aus Kranz & Polednik 2009 und Kofler *et al.* 2018), verteilt über ganz Niederösterreich, durchgeführt. An den Brücken wurde einmalig die Anzahl der Losungen pro Brücke erhoben. Die Brückenkartierung fand im Zeitraum zwischen Oktober 2022 und November 2022 an 797 Brücken in insgesamt 213 Quadranten (10 x 10 km) statt.

In 207 der 213 untersuchten Quadranten wurden Fischotterlosungsnachweise gefunden. In einem Quadrant wurden zu keiner Zeit Losungsnachweise entdeckt. In den übrigen 5 Quadranten wurde entweder nur 2008 oder nur 2018 Losung nachgewiesen, jedoch keine in 2022.

Die Losungsdichte pro Quadrant hat im Waldviertel stark und signifikant abgenommen, im Wein- und Mostviertel eher zugenommen und ist im Industrieviertel eher gleich geblieben. Landesweit hat die Losungsdichte frischer Losungen signifikant zugenommen. Analysiert man die Fischotterlosungsdichten

entsprechend den biogeographischen Regionen, so zeigt sich eine tendenzielle Zunahme der Fischotterdichte pro Quadrant in der alpinen Region. In der kontinentalen Region konnte keine Tendenz der Zu- oder Abnahme festgestellt werden.

Die Losungsnachweise mit Krebsbestandteilen sind über ganz Niederösterreich verteilt und stiegen von 2018 mit 93 Brückenstandorten auf 159 Brückenstandorte an.

Genetikkartierung

Um eine belastbare Populationsgrößenschätzung und Fischotterdichtebestimmung durchführen zu können wurden fehlerintegrierende Fang-Wiederfang-Modelle auf genetisch ermittelte Daten angewendet. Dazu wurden alle frischen Kotproben des Fischotters nach einem bestimmten Design (Kapitel 2.3.1) an fünf ausgewählten Fließgewässerabschnitten im Referenzgebiet gesammelt, genotypisiert und einzelnen Individuen zugeordnet, die dann die Datengrundlage für die Populationsgrößenschätzung darstellten.

Die Referenzgebiete wurden dabei so gewählt, dass sie bei ausreichender Länge (42-94 km) für eine vertrauenswürdige Populationsgrößenschätzung die unterschiedlichen Habitate in Niederösterreich möglichst repräsentativ abbilden. So wurde in jedem NÖ-Viertel mind. ein Fluss als Referenzstrecke gewählt:

- Waldviertel – der Romaubach und Braunaubach mit Nebenarmen und angrenzenden Teichen
- Waldviertel – der Reißbach mit angrenzenden Nebenarmen und Teichen
- Weinviertel – der Russbach mit diversen Nebenarmen
- Industrieviertel – die Feistritz (Trattenbach) und die Pitten mit Nebenarmen
- Mostviertel – die Url und die Ybbs mit angrenzenden Nebenarmen

Für die Probensammlung wurden die ausgewählten Fließgewässerabschnitte zwischen März und April 2022 an jeweils 5 aufeinanderfolgenden Tagen täglich auf frische Losungen kontrolliert. Insgesamt wurden somit 299 Fischottermarkierstellen in ganz Niederösterreich kontrolliert und es konnten 544 Proben gesammelt werden.

Die Proben wurden zunächst einer Qualitätskontrolle unterzogen. Die verbliebenen Proben wurden extrahiert und mit 8 autosomalen Mikrosatelliten und 2 Geschlechts-Mikrosatelliten genotypisiert. Um Genotypisierungsfehler rigoros zu minimieren wurden während der Analyse einschlägige und bewährte Methoden angewendet und die fertigen individuellen Konsens-Genotypen wurden nochmals auf etwaige Geisterindividuen (falsche neue Individuen) getestet. Die Ermittlung der Populationsgröße im jeweiligen Untersuchungsgebiet wurde mit Hilfe von fehlerintegrierenden Fang-Wiederfang-Modellen vorgenommen.

Von den 515 analysierten Proben konnten 10 Proben dem Amerikanischen Mink (*Neogale vison*) zugeordnet werden. In Summe konnten 318 Proben erfolgreich genotypisiert werden und erhielten einen Konsens-Genotyp. Das entspricht einer durchschnittlichen Genotypisierungs-Erfolgsrate von 63,6 % mit einer relativ großen Schwankungsbreite von 49,6 % im Waldviertel-R/B bis zu 81,4 % im Waldviertel am Reißbach. Im Vergleich zum NÖ-Monitoring 2018 (46,8 %) aber auch zu anderen Studien in Deutschland und Österreich sind diese Zahlen äußerst hoch (Cocchiararo *et al.* 2021: 58 %; Schenekar & Weiss 2018 bzw. 2021b: 32,5 % bzw. 49,3 %; Sittenthaler *et al.* 2020: 57 %). Insgesamt wurden in Niederösterreich 84 Individuen (33 Männchen, 51 Weibchen) genotypisiert.

Im Waldviertel wurden entsprechend der Erhebungen 2018 (nach 4 Jahren) 3 Tiere (1♂/ 2♀) wiedergefunden, im Mostviertel 1 (♀), im Industrieviertel 1 (♂) und keines im Weinviertel.

Der „AICc weights“ gewichtete Mittelwert der erstellten Modelle schätzt die Population im Waldviertel am Romaubach/Braunaubach auf 20 Individuen mit einem 95 %-Konfidenzintervall (KI) von 15-25 und am Reißbach von 15 Tieren mit einem 95 %-KI von 12-17. Im Weinviertel ergab sich eine Populationsgröße von 13 Fischottern, wobei die wahrscheinliche Populationsgröße zu 95 % zwischen 9-17 Tieren liegt. Im Industrieviertel wurden im Mittel 12 Tiere geschätzt mit einem relativen breiten 95 %-KI von 5-19 Individuen. Im Mostviertel wurden mit 22 Fischottern die meisten Tiere geschätzt deren 95 %-KI sich von rund 14-30 Ottern erstreckt.

Fischotterdichte

Anhand der gewichteten mittleren Fischotterzahlen im jeweiligen Gebiet wurde eine Populationsdichte bezogen auf alle Uferlängen die im jeweiligen Gebiet kontrolliert wurden ermittelt:

- Waldviertel – R/B: 0,24 Otter/km (95 %KI = 0,18-0,29); 4,26 km/Otter (95 %KI = 3,4-5,7)
- Waldviertel – Reißbach: 0,23 Otter/km (95 %KI = 0,18-0,27); 4,37 km/Otter (95 %KI = 3,7-5,5)
- Weinviertel: 0,13 Otter/km (95 %KI = 0,10-0,18); 7,18 km/Otter (95 %KI = 5,5-10,2)
- Industrieviertel: 0,20 Otter/km (95 %KI = 0,07-0,32); 5,13 km/Otter (95 %KI = 3,2-13,6)
- Mostviertel: 0,26 Otter/km (95 %KI = 0,16-0,35); 3,92 km/Otter (95 %KI = 2,9-6,2)

Die ermittelten Fischotterdichten im Waldviertel, Industrieviertel und Mostviertel befanden sich im unteren bis mittleren 0,2er-Bereich die auch in vielen anderen Fließgewässer-Studien in Österreich erzielt wurden. Im Weinviertel ist die Dichte zwar fast nur halb so groß wie in den übrigen Gebieten, vergleicht man den Wert aber mit dem von 2018 gab es am Russbach im Weinviertel eine Verdopplung der Dichten innerhalb der 4 Jahre. Die Dichten aus dem Waldviertel dagegen zeigen eine starke Reduktion in der Dichte gegenüber der Dichte von 2018. Die sich nicht überlappenden Konfidenzintervalle der beiden Jahre deuten an, dass es sich tatsächlich um eine reale Abnahme handelt. Die Diskussion zur Begründung (Entnahme, Zäunung, Fischbiomasse, Totfunde) dieser Ergebnisse findet sich unter Kapitel 3.2.4.3. Die Dichte im Industrieviertel unterschied sich am wenigsten zu der in 2018 und die Fischotterdichte im Mostviertel lag zwar etwas höher als in 2018, da sich die Konfidenzintervalle jedoch stark überlappen, könnte diese Steigerung Teil der natürlichen Schwankung innerhalb einer stabilen Population sein (siehe Diskussion 3.2.4.3).

Raumnutzung

Die Markierstellen, an denen die einzelnen Individuen anhand ihres Kots gefunden wurden, gehören offensichtlich zu ihrem Streifgebiet bzw. Revier. Das minimale Streifgebiet entspricht der Distanz zwischen den Markierstellen (mind. 2) an denen das Individuum gefunden wurde. Durch dieses Aufspannen eines Streifgebietes konnte die Überlappung der Streifgebiete verschiedener Individuen untersucht werden. Da zwei sich überlappende Individuen auch eine Fähe (weiblicher Fischotter) mit ihrem Jungtier(en) sein könnte, wurde der Verwandtschaftsgrad zwischen diesen und zusätzlich über alle Individuen bestimmt. Im Waldviertel wurden 0,06-0,08 potentiell führende Fähen je km detektiert, im Mostviertel 0,03-0,05 und im Wein- und Industrieviertel wurden je 0,03 bzw. 0,02 führende Fähen je km gezählt (Kapitel 3.2.4.4).

Wie in 2018 waren die Streifgebiete im Waldviertel und im Mostviertel am kürzesten, während sie im Weinviertel erneut am längsten waren. Die Streifgebietslänge im Waldviertel hat sich vor allem, wenn man die Intervalle und den Median betrachtet, kaum verändert zu 2018. Im Weinviertel sind die Streifgebiete sogar nochmal etwas größer geworden.

In der vorliegenden Studie wurden im Mittel und über alle Untersuchungsgebiete weibliche Reviere von 3,8 km Länge (Median: 2,2 km) und männliche Revierlängen von 7,7 km (Median: 4,5 km) ermittelt. Anhand dieser Zahlen sieht man, dass – trotzdem keine echten Revierlängen, sondern nur Distanzen zwischen Wiederfängen angegeben werden konnten – der Unterschied zwischen Weibchen und Männchen dennoch klar zum Vorschein kommt und dem aus der Literatur entspricht. Die Ausdehnung der weiblichen Reviere sind im Mittel um 35-50 % kleiner als die der Männchen (Erlinge 1967, Kruuk 2006, Weinberger *et al.* 2016).

Der Anteil der Streifgebietsüberlappungen schwankte in der vorliegenden Studie weniger stark (44-69 %) als im Monitoring 2018 (34-71 %) blieb aber im Mittel gleich (2022: 60 %, 2018: 59 %).

Bestandsschätzung

Die Genetikfassung lieferte eine genaue Schätzung der Populationsgrößen für Teillandschaften, die weitestgehend den Gewässereinzugsgebieten (watersheds) entsprachen. Die Brückenkartierungen lieferte Losungshäufigkeiten für das gesamte Land. Da die Häufigkeit frischer Fischotterlosung an einem Punkt ein relatives Maß für die Anzahl der dort anzutreffenden Individuen darstellt, musste zunächst dieser Zusammenhang modelliert werden und das geeignetste Modell, das diesen positiven Zusammenhang am besten beschreibt, kalibriert und validiert werden.

Im Unterschied zu 2018 als sowohl Brücken- als auch Genetikkartierung im Frühjahr stattfanden, lag erstere heuer im Herbst. Daher erfolgte auf Grundlage von Mehrfachbegehungen an 49 Brücken im Frühling und Herbst eine Prüfung auf Unterschiede in der Losungshäufigkeit in den Jahreszeiten mittels hierarchischer Modelle. Mit diesen ließen sich auch Variablen finden, die die spätere Hochrechnung präzisierten. Die Losungshäufigkeiten in Frühling und Herbst waren nicht signifikant unterschiedlich, unterschieden sich aber zwischen Kartierern und Referenzgebieten. Dennoch empfehlen wir für künftige Untersuchungen, die genetische Kartierung und Brückenkartierung in der gleichen Jahreszeit vorzunehmen.

Das Modell, das die bereits ermittelten Populationsgrößen aus den einzelnen Referenzgebieten am besten vorhersagte, wurde ausgewählt, um in weiterer Folge anhand der Losungsfunde der Brückenkartierung und anhand der Gewässereinzugsgebiete die Bestandsschätzung zu extrapolieren.

Erstmals lagen mit mehrfach begangenen Punkten unabhängige Daten zur Validierung vor, die Merkmale beider Datengrundlagen – der Genetikpunkte und Brücken – aufwiesen. Anders als in 2018 kristallisierte sich das Modell, dass die eindeutig festgestellten Individuenzahlen als unabhängige Variable nutzte (Modell 1, entspricht in Kofler *et al.* 2018 „Modell 3a“) als das am besten geeignete Modell heraus. Während in 2018 ein Modell mit derselben Variable plus einem unbekanntem Individuum (Modell 2, entspricht in Kofler *et al.* 2018 „Modell 3b“) favorisiert wurde. In der Folge ergibt die Schätzung mit Modell 1 für den gesamten Bestand in NÖ für 2022 1.085 Tiere (95 % Konfidenzintervall: 823-1348) und angewendet auf den Datensatz von 2018 963 Tiere (95 % Konfidenzintervall: 724-1202). Diese Anwendung von Modell 1 auf den Datensatz von 2018 bedeutet also eine Verringerung der vorhergesagten Populationsgröße von 106 Individuen (9,9 %). Die Schätzungen der Daten aus 2022

mit Modell 2 würden um einiges darüber liegen und die Population laut Modellvalidierung klar überschätzen. Die Schätzung mit Modell 1 entspricht nach heutigem Stand anhand der verfügbaren Daten und statistischen Methoden dem aktuellen Wissensstand.

Ungeachtet des Modells lässt sich aus allen Vorhersagen eine weitere Zunahme der Fischotterpopulation in Niederösterreich um 13 % ablesen. Diese war zwischen den Vierteln und den einzelnen Einzugsgebieten sehr unterschiedlich (Kapitel 3.3.4).

Fazit zum Erhaltungszustand

Für beide biogeographischen Regionen kann der Beitrag Niederösterreichs zu einem **günstigen Erhaltungszustand** gemäß FFH-Richtlinie als günstig angesehen werden.

Gesamtfazit

Insgesamt ist eine Zunahme der Fischotter in NÖ von 13 % im Zeitraum 2018-2022 und eine 89%ige Zunahme im Zeitraum von 2008 bis 2018 festzustellen. Allerdings verlief diese Zunahme in den Vierteln sehr unterschiedlich. Mit allen drei Methoden – dem Vergleich der Losungshäufigkeiten der Brückenkartierung, der ermittelten Dichten aus der Populationsgrößenschätzung und der ermittelten Dichten der Extrapolation – konnte im Vergleich zwischen 2018 und 2022 Folgendes festgestellt werden:

- eine Zunahme im Untersuchungsgebiet (UG) Mostviertel und im UG Weinviertel
- eine Abnahme im UG Waldviertel
- eine im Mittel ähnliche Dichte im UG Industrieviertel

Die Ursache für die Zunahme kann im Mostviertel nicht klar determiniert werden. Im Weinviertel ist sie wahrscheinlich durch die erst jüngste Besiedelung (nach 2008) begründet und der weiteren Ausbreitung und Etablierung der Population vor Ort. Die Gründe für die Abnahme im Waldviertel sind sehr wahrscheinlich Entnahmen und Zäunungen zusammen, wobei die Zäunungen eine langfristige Wirkung haben und deshalb stärker permanent auf die Population einwirken und diese zum Abwandern oder zu einer geringeren Reproduktion (durch einen reduzierten Erfolg Jungtiere durchzubringen) zwingen.

Kritik

Kritik an unserem Vorgehen wurde jüngst in Holzinger *et al.* (2020) veröffentlicht. Sie testeten in ihrer Arbeit jedoch nicht den Zusammenhang zwischen frischer Losung und Individuenzahlen, sondern schlossen auch ältere Losungen in ihre Analyse ein. Zudem aggregierten sie die Losungsmenge mehrerer Brücken für Gewässerabschnitte, um die genetisch dafür ermittelten Fischotterdichten darauf zu beziehen. Dieses Vorgehen fand somit mit einer komplett unterschiedlichen räumlichen Auflösung und somit anderer Stichprobe statt (N=16), entspricht in keiner Weise der in Kofler *et al.* (2018) (N=259) und hier (N=299) für die Extrapolation verwendeten Methodik und kann daher nicht für eine Kritik herangezogen werden.

Ein von uns vor vier Jahren vorgestelltes, ebenfalls grobskaliges Modell basiert auf Referenzstrecken und damit auf der Anzahl der frischen Losungsfunde pro Kilometer. Holzinger *et al.* (2020) betrachteten jedoch Losungsfunde pro Brücke was einen gänzlich anderen Ansatz darstellt. Dazu schrieben wir bereits in Kofler *et al.* (2018), Zitat S. 90: *„Dieser lineare Zusammenhang zwischen Fischotterdichte und Anzahl Losung dürfte jedoch nur gelten, wenn eine repräsentativ lange Flussstrecke kontrolliert wird, so dass etliche Individuen detektiert werden können (z.B. > 50 km). Bei sehr kurzen kontrollierten Flussstrecken, die z.B. nur einem Fischotterrevier entsprechen (< 15-20 km), dürfte dieser Zusammenhang nicht mehr bestehen bzw. müsste er erneut getestet werden.“* So waren unsere Referenzstrecken zwischen 42 und 94 km lang, während die Fließgewässerabschnitte in Holzinger *et al.* (2020) nur rund 10 km lang waren. Wie in Kofler *et al.* (2018) beschrieben, können anhand solcher kurzen Fließgewässerstrecken keine Zusammenhänge von Losungsanzahl und Individuendichte erkannt werden. Zudem ist das Modell zunächst für den Naturraum in Niederösterreich kalibriert worden. Daher kann seine Gültigkeit in anderen Naturräumen nur ohne Veränderungen in der Methodik wirklich bewertet werden. Abschließend kann man also sagen, dass in Holzinger *et al.* (2020) unsere Methode zum einen falsch wiederholt und zum anderen falsch interpretiert wurde, wodurch sich keine Kritik an unserer Vorgehensweise ableiten oder belegen lässt.

Dass unsere Modelle vertrauenswürdige Ergebnisse liefern wurde auch jüngst von Sittenthaler *et al.* (2020) belegt. Sittenthaler *et al.* (2020) haben aufgrund unserer Studie (Kofler *et al.* 2018) unsere Methoden mit Hilfe ihrer Daten überprüft. Dabei konnte gezeigt werden, dass es einen Zusammenhang zwischen Fischotterdichte und der Anzahl der frischen Losungen gibt, Zitat: *„Covering large parts of an otter’s territory, fresh scat abundance increased significantly with otter densities, irrespectively of season.“*

1 Einleitung

Der Eurasische Fischotter (*Lutra lutra*) ist eine Säugetierart, die bis ins 19. Jahrhundert in ganz Österreich verbreitet war. Aufgrund von Bejagung, Gewässerausbau, Trockenlegungen, Kanalisierungen, Gewässerverunreinigungen und damit einhergehender Verluste von Nahrung und Lebensraum kam es im 20. Jahrhundert zu einem Bestandsrückgang des Fischotters (Kruuk 2006; Sittenthaler *et al.* 2016). Aus diesem Grund wurde der Schutz des Fischotters unter gemeinschaftliches Interesse der Europäischen Union gestellt. Der Fischotter stellt eine streng geschützte Säugetierart der FFH-Richtlinie dar.

Vor diesem Hintergrund plante das Land Niederösterreich eine Bestandserhebung des Fischotters 2022/23 als Datenbasis für den Artikel 17 Bericht gem. FFH-RL und für die Bewertung künftiger Managementanforderungen.

Mit der Durchführung des Projektes „Fischotterkartierung 2022/23 in Niederösterreich“ beauftragte das Amt der Niederösterreichischen Landesregierung, Abteilung Naturschutz, Landhausplatz 1, 3109 St. Pölten, die ZT-Kanzlei KOFLER Umweltmanagement, Traföß 20, 8132 Pernegg/Mur, in Kooperation mit Dr. Simone Lampa, Leipzig und Dr. Tobias Ludwig, Ludvika (Schweden).

1.1 Aufgaben-/Fragestellung

Das Ziel des Gesamtprojektes ist die

- Erhebung der aktuellen Verbreitung des Fischotters in Niederösterreich mit gleichzeitiger Berücksichtigung vorhandener Flusskrebbsreste in den Fischotterlosungen.
- aktuelle, fachlich fundierte und statistisch gesicherte Schätzung der Populationsgröße für gesamt Niederösterreich sowie gegliedert nach biogeografischen Regionen (laut FFH – Richtlinie).
- Aussage über den Beitrag Niederösterreichs zum Erhaltungszustand des Fischotters in der kontinentalen und alpinen Region und zur Entwicklung der Population in Niederösterreich im Vergleich zu vorangegangenen Studien und in Hinblick auf die Auswirkungen der bisher erfolgten Entnahmen gemäß §20 NSchG2000.

Zur Erreichung dieses Zieles sind dem Projekt drei Hauptaufgaben zugrunde gelegt:

- Beprobung von Fließgewässer-Referenzstrecken inkl. genetischer Analyse von Losungsproben für die Bestandsschätzung
- Brückenkartierung zur Untersuchung der Verbreitung des Fischotters
- Extrapolation der Gesamtpopulation auf Basis der gesammelten Daten

2 Material und Methoden

2.1 Allgemein

Das Untersuchungsgebiet erstreckt sich über Gesamtniederösterreich. Die Brückenkartierung zur Ermittlung der Verbreitung wurde an 797 Brücken, verteilt über ganz Niederösterreich, durchgeführt. Die genetischen Untersuchungen als Grundlage für die Bestandsschätzung wurden an fünf ausgewählten Fließgewässerabschnitten durchgeführt (siehe Abbildung 1, zur Auswahl der Referenzstrecken und deren Charakteristik siehe Kapitel 2.3.1).

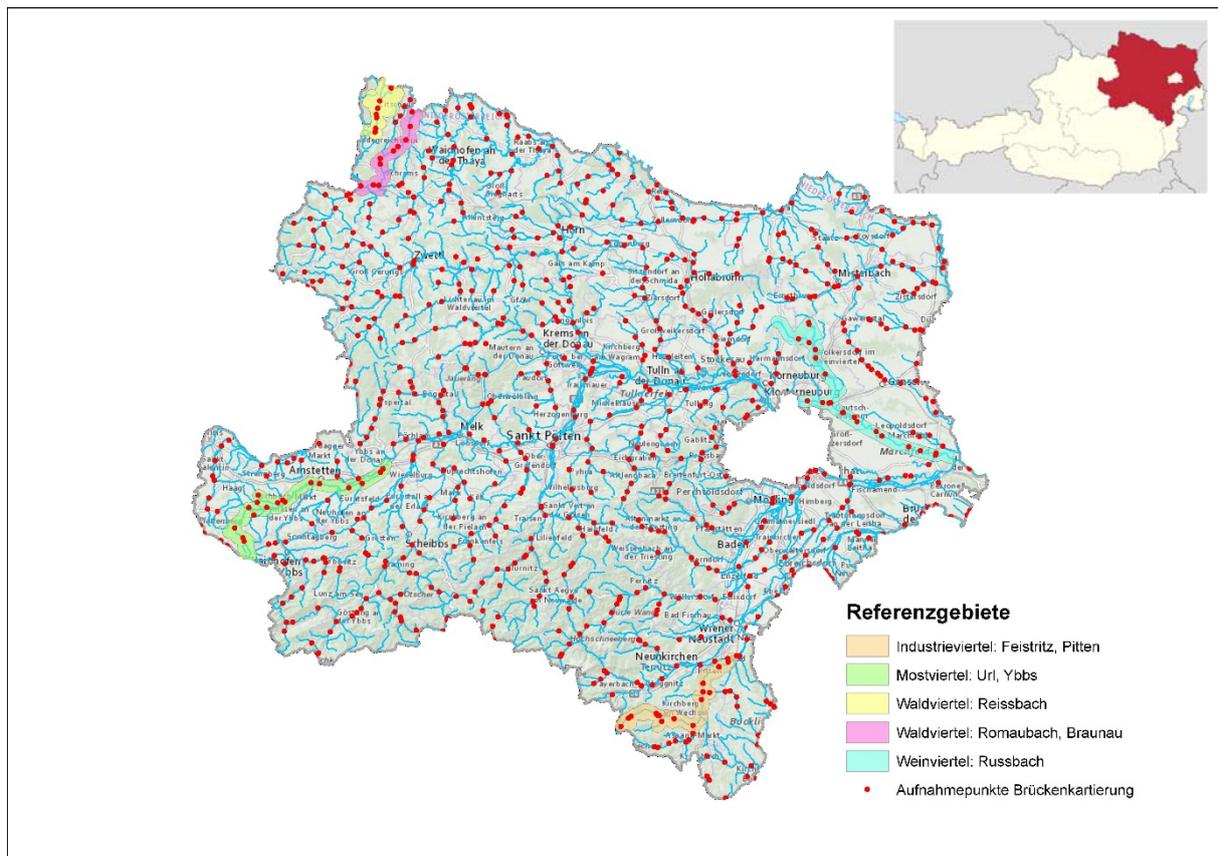


Abbildung 1: Karte Niederösterreichs mit den Aufnahmepunkten der Brückenkartierung und den Untersuchungsgebieten der Genetikkartierung (Quelle Hintergrund: www.basemap.at)

2.2 Brückenkartierung – Verbreitung des Fischotters in Niederösterreich

Die Brückenkartierung zur Ermittlung der Verbreitung wurde im Jahr 2008 (Kranz & Polednik 2009) und im Jahr 2018 (Kofler *et al.* 2018) an 797 Brücken, verteilt über ganz Niederösterreich, durchgeführt. Es fand eine einmalige Kartierung dieser Brücken von Mitte Oktober bis Ende November statt.

Um eine statistische Vergleichbarkeit der Kotrate im Frühjahr (Erhebungen 2018 und Genetikkartierung 2022, ZT KOFLER Umweltmanagement) zur Kotrate im Herbst (Erhebung 2022) zu ermöglichen, wurden im Jahr 2022 Brücken der Genetikkartierung vom Frühjahr 2022 ausgewählt, die auch im Herbst an 3 aufeinanderfolgenden Tagen auf frische Losung (ohne Probenahme) untersucht wurden. Es handelt sich teilweise um Brücken der Brückenkartierungen und teilweise um Brücken, die nur in der Genetikkartierung erhoben wurden. Daraus ergibt sich, dass bei der Brückenkartierung 2022 nicht 797 Brücken, sondern 811 Brücken in insgesamt 213 Quadranten (10 x 10 km) untersucht und erhoben wurden.

3-fach begangene Brücken pro Viertel:

- **Waldviertel:** 02.11.2022 bis 04.11.2022: 12 Brücken
- **Weinviertel:** 12.10.2022 bis 14.10.2022: 12 Brücken
- **Industrieviertel:** 14.10.2022 bis 19.10.2022: 13 Brücken
- **Mostviertel:** 23.10.2022 bis 25.10.2022: 12 Brücken

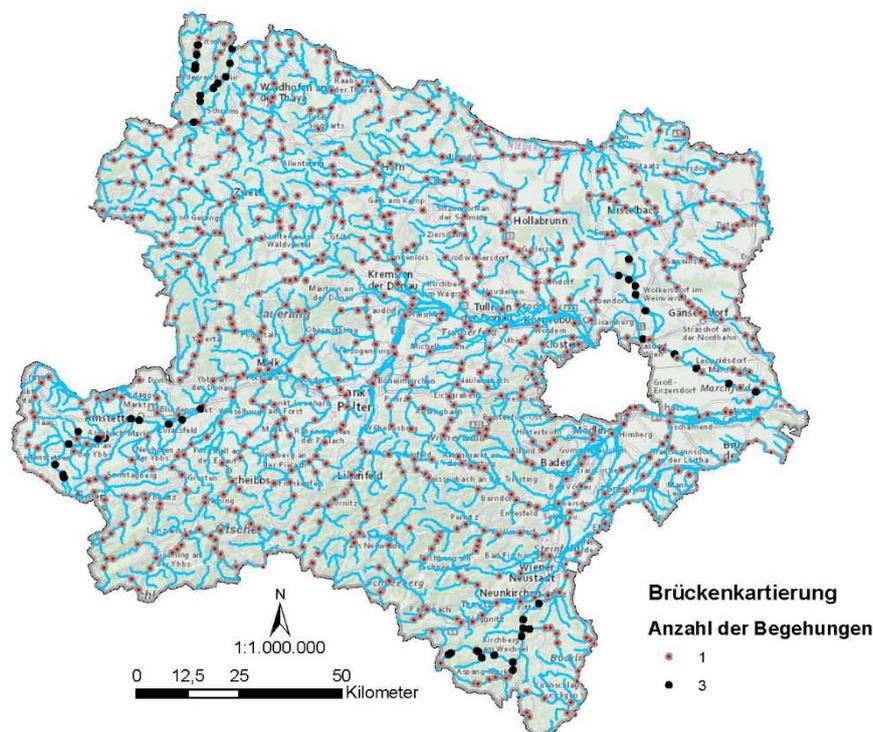


Abbildung 2: Auf der Karte von Niederösterreich sind in rot alle Punkte der Brückenkartierung eingezeichnet. In schwarz sind alle Brücken markiert, die am ersten Tag im Zuge der Brückenkartierung erhoben wurden und an weiteren 2 Folgetagen auf frische Losungsnachweise untersucht wurden.

Zusätzlich zu der von Kranz & Polednik (2009) angewandten Methodik der Überprüfung von in der Regel vier Brücken pro 10 x 10 km wurde die Erhebungsmethodik zur Steigerung der Nachweiswahrscheinlichkeit erweitert, wie bei der Erhebung 2018 (Kofler *et al.* 2018). In Anlehnung an Bayerl *et al.* (2012) wurde, sofern keine Fischotterlosung unter der jeweiligen Brücke zu finden war, zusätzlich ein ca. 200 m langer Uferabschnitt, möglichst auf beiden Uferseiten, angrenzend an den Brückenbereich untersucht. Die Suche wurde beendet, wenn vor Erreichen der 200-Meter-Marke ein Nachweis gefunden wurde.

Die zu erhebenden Daten wurden im Feld mithilfe eines speziell konzipierten Aufnahmeblattes aufgenommen (siehe Anhang).

Um die Verteilung der Losungshäufigkeiten in den beiden Untersuchungsjahren statistisch näher zu beschreiben, wurde eine Varianzanalyse in Form von Verallgemeinerten Linearen Modellen (GLM) angewendet. Um in den Daten vorhandene Überdispersion (Varianz > Mittelwert) zu begegnen, wurden die Modelle nicht unter Annahme einer Poissonverteilung sondern mittels der Quasipoisson-Familie gefittet. Die Verwendung eines Chi-Quadrat-Tests auf positive und negative Brücken wie in Schenekar & Weiss (2021a,b) wurde vermieden, um die zusätzliche in den Daten vorhandene Information der Losungsmenge nicht zu verlieren und um simultan neben dem Jahr auch auf Unterschiede zwischen den Vierteln testen zu können.

2.3 Fischotterbestandserhebung mittels DNA-Analysen an 5 ausgewählten Fließgewässern

2.3.1 Auswahl und Charakteristik der Fließgewässerabschnitte

Die genetischen Untersuchungen als Grundlage für die Populationsgrößenschätzung und Fischotterdichtebestimmung wurden erneut an den im Jahr 2018 festgelegten Referenzstrecken und zusätzlich, wie gefordert, am Reißbach im Waldviertel durchgeführt. Im Jahr 2018 ermittelten wir dazu bereits 259 geeignete Fischottermarkierstellen an den Gewässerufern.

Um das Land Niederösterreich bestmöglich abzubilden, wurden die ursprünglichen 4 Referenzgebiete unter Berücksichtigung folgender Punkte ausgewählt:

- Abdeckung möglichst vieler unterschiedlicher Habitatqualitäten (Urbanität, Fließdynamik, Fischregionen, etc.)
- Verteilung der Referenzgebiete im kontinentalen und alpinen Bereich
- Geographische Verteilung der Referenzgebiete in NÖ (Abdeckung der vier Viertel)
- Berücksichtigung der unterschiedlichen Fischotter-Besiedlungszonen in NÖ nach Kranz & Polednik (2009)
- Fließgewässer mit einer Länge von mind. 40 km, an denen während der Brückenkartierung Fischotterlosungen gefunden wurden

Durch die zusätzlichen Erhebungen am Reißbach wurden darüber hinaus Gebiete berücksichtigt, in denen Fischotterentnahmen stattgefunden haben.

Aus dem Bericht von Kranz & Polednik (2009) ging hervor, dass es insgesamt drei Besiedlungszonen für den Fischotter in Niederösterreich gibt:

- eine Zone, die bereits vor 1999 vom Fischotter besiedelt war, mit wahrscheinlich höheren Fischotterdichten (vor allem Waldviertel, Südosten des Industrieviertels)
- eine Zone, die zwischen 1999 und 2008 besiedelt wurde (Mostviertel, westliche Teile von Wein- und Industrieviertel)
- eine dritte Zone, die sowohl 1999 als auch 2008 fischotterfrei war (östliche Teile des Weinviertels)

Aufgrund der Begebenheiten vor Ort ergaben sich in allen Referenzgebieten Markierstellenabstände von ca. 0,5-1,5 km, vereinzelt auch bis zu 2 km. Durch die kurzen Abstände zwischen den zu kontrollierenden Markierstellen ist gewährleistet, dass jedes revierbesitzende Individuum entlang eines jeden Flusses mehrfach gesammelt werden kann, da Fischotterreviere je nach Habitat und Geschlecht zwischen 4-39 km lang sein können (Hajkova et al. 2009; Kruuk 2006).

Um die weitere Nutzung zu verifizieren, wurden im aktuellen Monitoring alle im Jahr 2018 verwendeten Markierstellen kontrolliert und falls notwendig alternative Markierstellen entlang des Ufers gesucht, so dass an allen Fließgewässern alle ca. 0,5-1,5 km eine Markierstelle kontrolliert werden konnte. Diese Vorabkontrolle erfolgte im Februar sowie März 2022.

Im Jahr 2022 wurden im jeweiligen Viertel folgende Anzahl an Fischottermarkierstellen festgelegt:

- **Waldviertel:** 67
- **Waldviertel – Reißbach:** 37
- **Weinviertel:** 65
- **Industrieviertel:** 61
- **Mostviertel:** 69 (3 zusätzliche Markierstellen gegenüber 2018)

Markierstellen sind Plätze in unmittelbarer Nähe des Ufers, die regelmäßig und über Jahre hinweg von Fischottern aufgesucht werden und an denen die Tiere ihren Kot absetzen, meist an markanten Punkten (Steine, Wurzeln, Stämme, Kratzhaufen, Grasbüschel, etc.). Diese Fischottermarkierstellen befinden sich üblicherweise an auffälligen Landschaftsstrukturen (z.B. Brücken, Flusseinmündungen, Halbinseln, Stauwehren, großen Steinen, Uferbefestigungen) und werden über Jahre hinweg von den ansässigen Fischottern als Markierstellen benutzt. Dabei ist unter einer Markierstelle weniger ein eng begrenzter Punkt zu verstehen, wie z.B. ein einzelner Stein, sondern ein größerer Bereich, in dem es mehrere Möglichkeiten zur Markierung gibt (z.B. beide Uferseiten unterhalb einer Brücke).

Waldviertel

Im Waldviertel wurde der Romaubach mit diversen Nebenarmen beprobt, und zwar von der tschechischen Grenze bis zur Einmündung in den Braunaubach (15,4 km). Hinzu wurde der Braunaubach beprobt, von der Einmündung des Romaubachs bis zur Einmündung in die Lainsitz (20,4 km) und einige Nebenarme von Braunaubach und Romaubach auf insgesamt 17,3 km. Insgesamt wurden im Waldviertel 53 km Fließgewässer beprobt (Abbildung 8). Hinzu kamen 52 Teiche mit insgesamt 97,2 ha (30,4 km Uferlänge), die entlang der beiden Flüsse in einem Umkreis von 1.500 m zu liegen kamen und zum Zeitpunkt des Sammelns bespannt und zugänglich waren.



Abbildung 3: Aufnahmen aus dem Untersuchungsgebiet im Waldviertel

Waldviertel – Reißbach

Am Reißbach wurden im Vorfeld von Dr. Lampa, ebenso wie im Jahr 2018, anhand von GIS-Karten alle ca. 0,5-1,5 km potentielle Fischottermarkierstellen gesucht und in einer Karte markiert (Februar 2022). Diese Stellen wurden dann in einer Vor-Ort-Begehung auf ihre Erreichbarkeit und mögliche Nutzung durch den Fischotter kontrolliert (März 2022). Für nicht geeignete Stellen wurden Alternativen in unmittelbarer Nähe entlang des Ufers ausfindig gemacht. Wie auch an den anderen vier Referenzstrecken wurden Hot-Spots (Stellen, an denen besonders viele Losungen zu finden sind) unabhängig von der Entfernung zum nächsten Markierplatz in die Untersuchung integriert, was die Nachweiswahrscheinlichkeit erhöht.

Insgesamt wurden im Gebiet am und um den Reißbach 37 Punkte gesetzt (Abbildung 9). Davon befinden sich 23 direkt an teils mehreren Teichen. Im Waldviertel wurde der Reißbach (Draèice) vom Ursprung bis zur österreichischen Grenze beprobt (ca. 22,6 km), sowie die Zubringer (Kastenitzerbach und Eichbach), die in den Reißbach münden (ca. 19,6 km). Des Weiteren wurden 2 Punkte westlich des Einzugsgebietes des Reißbaches, am Tannerbach, erhoben. Darüber hinaus wurden 3 Punkte östlich des Einzugsgebietes des Reißbaches, am Reitzenschlager Bach, erhoben. Insgesamt wurden im Einzugsgebiet des Reißbaches 42,2 km Fließgewässer und 33 Teiche beprobt (73 ha; 21,6 km Uferlänge), die in unmittelbarer Nähe zum Fließgewässer lagen.



Abbildung 4: Aufnahmen aus dem Untersuchungsgebiet im Waldviertel – Reißbach

Weinviertel

Im Weinviertel wurde der Rußbach fast in seiner gesamten Länge bis kurz vor die Einmündung in die Donau (ca. 68 km) beprobt. Hinzu kamen 23 km diverser Nebenarme (Marchfeldkanal, Hautzendorfer Bach, Wolfpassinger Bach, Hornsburger Bach, Bach bei Engelhartstetten, Würnitzer Bach, Rußbach Mühlbach). Insgesamt wurden im Weinviertel 91 km Fließgewässer und 14 Teiche (3,3 ha, 3 km Uferlänge), die direkt am Fluss lagen, beprobt (Abbildung 10).



Abbildung 5: Aufnahmen aus dem Untersuchungsgebiet im Weinviertel

Industrieviertel

Im Industrieviertel wurde die Feistritz (auch Trattenbach / Otterbach genannt) vom Ursprung bis zur Einmündung in die Pitten auf 22 km beprobt. Ebenso wurde die Pitten von der Einmündung der Feistritz bis zur Einmündung in die Leitha beprobt (ca. 24 km). Hinzu kamen 15 km diverser Nebenarme der Feistritz und der Pitten (Trattenbachgraben, Steinbach, Sumpersbach, Ofenbach, Molzbach, Mollbach, Großer Pestingbach, Edlitzbach, Hassbach, Schlattenbach, Kaunelgraben, Katzgraben). Insgesamt wurden im Industrieviertel 61 km Fließgewässer beprobt (Abbildung 11).



Abbildung 6: Aufnahmen aus dem Untersuchungsgebiet im Industrieviertel

Mostviertel

Im Mostviertel wurde die Url vom Ursprung bis zur Einmündung in die Ybbs beprobt (ca. 41 km), sowie die Ybbs von der Einmündung der Url bis zur Einmündung in die Donau (ca. 22 km). Des Weiteren wurden 22,5 km von Nebenarmen der Url beprobt, namentlich Bach von Bubendorf, Bachergraben, Biberbach, Dobrabach, Kohlenbach, Königgraben, Kumpfmühlbach, Wolfsbach, Meilersdorfer Bach, Rextnitzgraben, Tiefenbach, Treffling, Zauchergraben und Zierbach. Insgesamt wurden im Mostviertel rund 86 km Fließgewässer und zwei Teiche beprobt (0,95 ha; 0,6 km Uferlänge), die in unmittelbarer Nähe zum Fließgewässer lagen (Abbildung 12).



Abbildung 7: Aufnahmen aus dem Untersuchungsgebiet im Mostviertel

In Tabelle 1 werden die fünf Referenzgebiete nochmals bezüglich ihrer Eigenschaften aufgelistet und so vergleichbar dargestellt. Die Tabelle gliedert sich nach den fünf Referenzgebieten bzw. den niederösterreichischen Vierteln. Waldviertel – Braunaubach und Romaubach entspricht Waldviertel – R/B bzw. der Referenzstrecke im Osten im Waldviertel, Waldviertel – Reißbach bzw. Waldviertel – Reißb. entspricht der Strecke im Westen im Waldviertel. Im weiteren Verlauf dieses Berichtes werden die Namen der Viertel in Niederösterreich synonym für Wein-, Industrie- und Mostviertel verwendet. Für das Waldviertel werden die Unterteilungen Waldviertel – R/B und Waldviertel – Reißb. angeführt. Werden die Namen der Viertel angeführt, so beziehen sich die jeweiligen Ergebnisse auf die Fließgewässer-Referenzstrecken (Untersuchungsgebiete).

Tabelle 1: Überblick über die fünf Fließgewässer-Referenzstrecken

Viertel	Waldviertel – R/B	Waldviertel – Reißbach	Weinviertel	Industrieviertel	Mostviertel
Flüsse	Braunaubach/ Romaubach	Reißbach/ Kastenitzerbach	Rußbach plus Nebenarme	Feistritz (Trattenbach)/ Pitten plus Nebenarme	Url/Ybbs
Besonderheit	Hohe Anzahl an Teichen/ Fischzucht- Anlagen	Hohe Anzahl an Teichen/ Fischzucht- Anlagen	Umgebung stark anthropogen geprägt; große Bereiche land- wirtschaftlicher Nutzflächen	Gebirgige Umgebung; teils naturnah, teils anthropogen ausgeprägt	Hügelige Umgebung; große Gewässerbreite
Flussbreite	rd. 0,5-10m	rd. 0,5-3m	rd. 0,5-12m	rd. 0,5-10m	rd. 1-80m
Fischotterdichte pro km (2018)	Hohe Dichte (0,36; aus gen. Analyse)	Mittlere bis hohe Dichte (0,2 - 0,33; aus Extrapolation)	Niedrige Dichte (0,07; aus gen. Analyse)	Mittlere Dichte (0,21; aus gen. Analyse)	Mittlere Dichte (0,19; aus gen. Analyse)
Zeitraum der Besiedlung	Vor 1999	Vor 1999	Nach 2008	Teils vor 1999, teils zwischen 1999-2008	Zwischen 1999-2008
Fischregionen	Epi-, Hyporhithral, Epipotamal	Hyporhithral, Epipotamal	Meta-, Hyporithral, Epipotamal	Epi-Meta- Hyporhithral	Epi-Meta- Hyporhithral, Epipotamal
Biogeographische Region	Kontinental	Kontinental	Kontinental	Alpin	Alpin & Kontinental
Lage in NÖ	NW	NW	NO	SO	SW

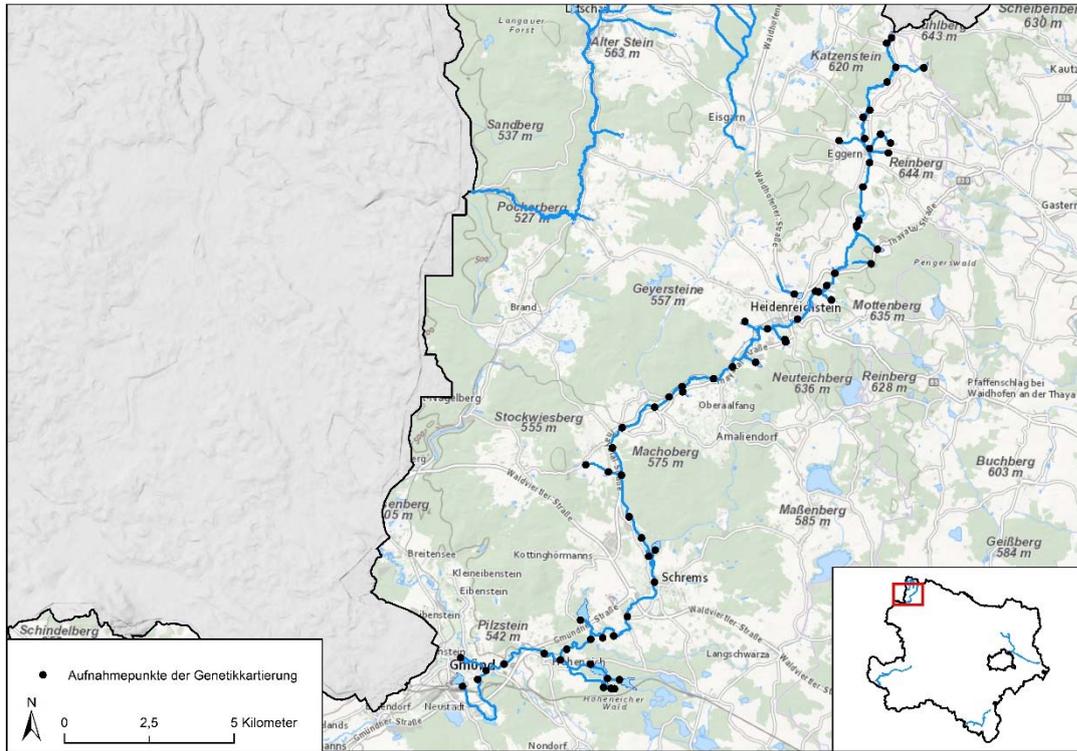


Abbildung 8: In der Karte sind die 67 Aufnahmepunkte der Genetikkartierung im Waldviertel – R/B eingezeichnet.

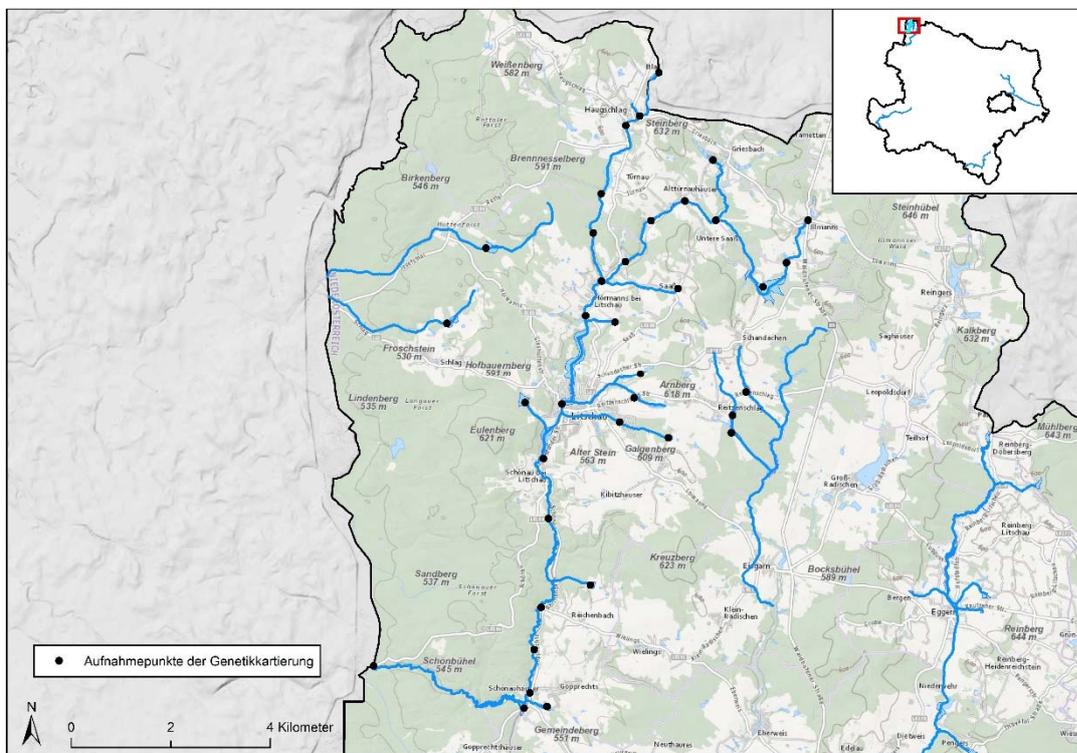


Abbildung 9: In der Karte sind die 37 Aufnahmepunkte der Genetikkartierung im Waldviertel – Reißb. eingezeichnet.

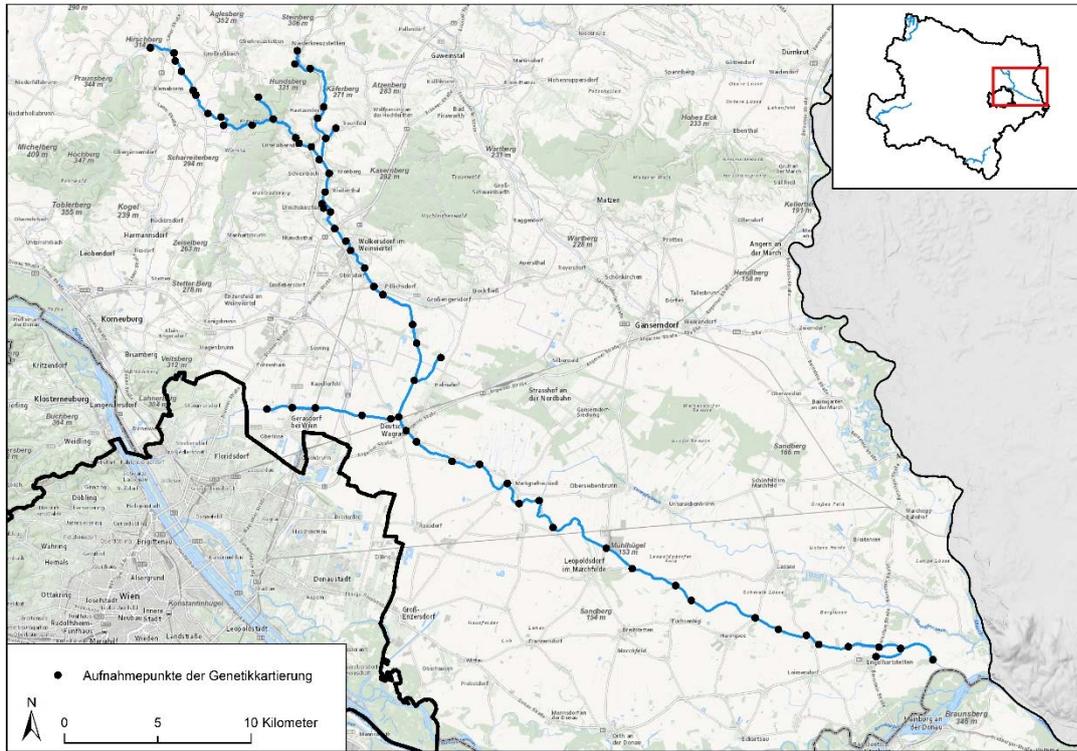


Abbildung 10: In der Karte sind die 65 Aufnahmepunkte der Genetikkartierung im Weinviertel eingezeichnet.

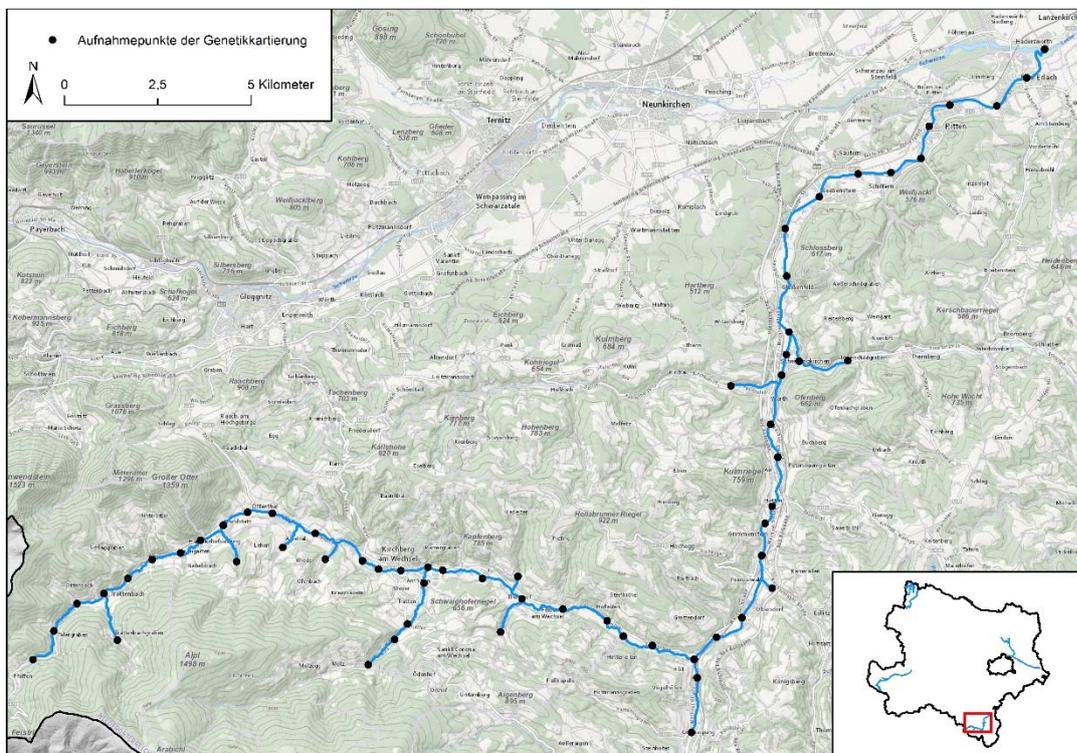


Abbildung 11: In der Karte sind die 61 Aufnahmepunkte der Genetikkartierung im Industrieviertel eingezeichnet.

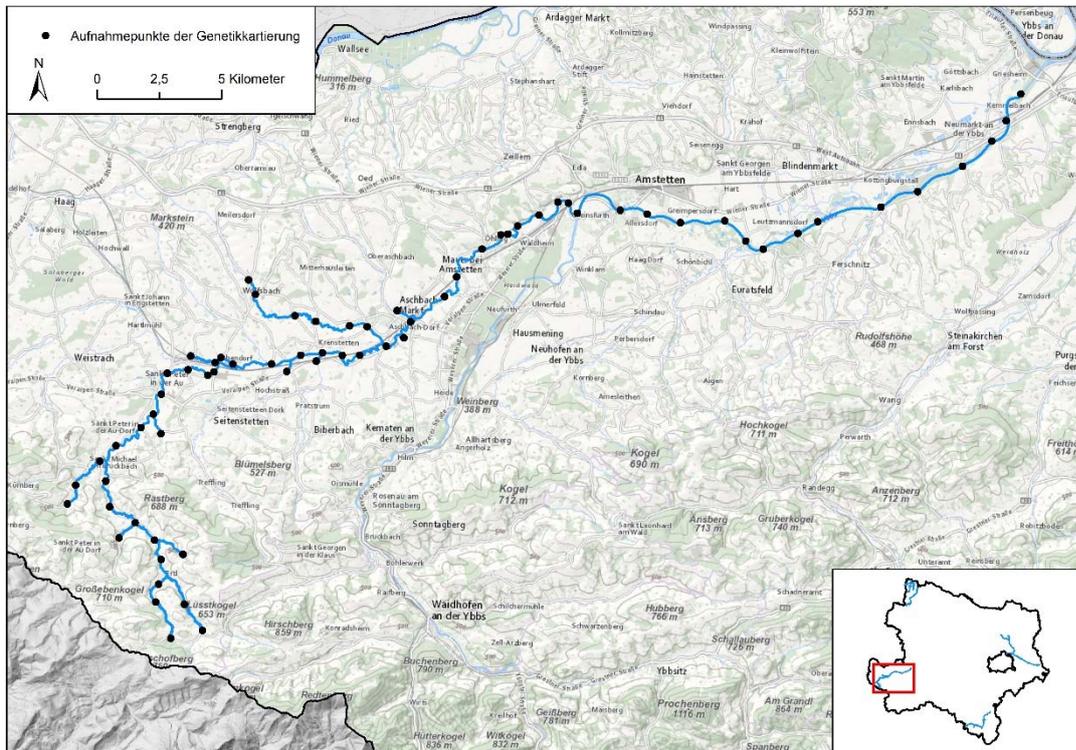


Abbildung 12: In der Karte sind die 69 Aufnahmepunkte der Genetikkartierung im Mostviertel eingezeichnet.

2.3.2 Genetische Probenahme

Analog zum Monitoring 2018 wurden alle determinierten Fischottermarkierungsstellen an den 5 Referenzstrecken im Frühjahr 2022 (März bis April) von je 2 Kartierern/Innen (Team ZT KOFLER) an 5 aufeinanderfolgenden Tagen täglich aufgesucht und auf frische Losungen kontrolliert.

Im Mostviertel musste aufgrund der Wetterlage (Regen, Schnee) 2 Tage pausiert werden. Im Weinviertel konnten nach 5 Sammeltagen lediglich 46 Proben gesammelt werden. Um mehr Fischotternachweise zu erhalten, wurden nach einer 13-tägigen Pause zwei zusätzliche Kartiertage durchgeführt. Dieses Vorgehen entsprach exakt dem Vorgehen im Monitoring 2018, auch hier wurde zunächst an 5 hintereinander folgenden Sammeltagen gesammelt und nach 13 Tagen zwei weitere Sammeltage angeschlossen. Am Reißbach wurden die Proben des ersten Sammeltages (21 Proben) fälschlicherweise 3 Tage im Kühlschranks gelagert, was die Proben zwar nicht unbrauchbar macht, der Qualität der Proben aber schadet. Somit wurde auch hier ein weiterer Sammeltag direkt an die ersten 5 Sammeltage angehängen.

Die Kartierer erhielten vor der Probenahme eine umfassende Auffrischung/Einschulung hinsichtlich der Methodik zur Probenahme und zur Erfassung der notwendigen Daten (Online und im Feld). Insbesondere auf die Unterscheidung zu Losungen des sympatrisch lebenden Minks (*Neogale vison*) sowie auf die fachlich korrekte Probenahme und eine saubere Vorgehensweise, um Kontaminationen zu vermeiden, wurde großen Wert gelegt. Für die Aufnahmen wurde das bereits vorhandene Material

aus dem Jahr 2018 angepasst (Aufnahmeformular Fischottermarkierstelle und Aufnahmeformular Proben, detaillierte Anleitung zum Ausfüllen des Formulars und zum Sammeln der Proben).

Die zu erhebenden Daten wurden im Feld mithilfe folgender Unterlagen aufgenommen:

- Erfassungsbogen Genetikkartierung, Probenbeschreibung (siehe Anhang)
- Erfassungsbogen Genetikkartierung, Punktebeschreibung (siehe Anhang)

Die Kotproben wurden mit einem sterilen Wattestäbchen mit Holzstab (Sterile Applikatoren, Paul Boettger GmbH & Co. KG), das für die Probennahme konzipiert ist, durch drehendes Bestreichen der Losungen gewonnen. Die Wattestäbchen wurden in einem Puffer (DNA-Stabilisator) gelagert, der sich in einem Probenröhrchen befindet (InhibitEX® Buffer von QIAGEN GmbH, Cat. No. 19593). Am Abend des Sammeltages wurden die Proben in einen Tiefkühler bei ca. -20°C eingefroren und tiefgekühlt zur ZT KOFLER Umweltmanagement transportiert. Jede Probe wurde mit einer für alle fünf Referenzgebiete einmaligen Nummer versehen (z.B. Weinviertel: B201-B400; Mostviertel C401-C600, etc.), um Fehler durch Zahlendreher im Laborprozess weitestgehend auszuschließen.

Die Proben wurden auf Trockeneis ins Labor versandt und dort bei -80°C bis zur Extraktion gelagert.

2.3.3 Extraktion, Amplifizierung und Fragmentlängenanalyse der DNA

Die Proben wurden zunächst einer Qualitätskontrolle unterzogen. Dabei wurden ihre Eigenschaften laut des Aufnahmebogens, ihr Aussehen im Probenröhrchen und im Feld (anhand von Fotos) und der jeweilige Werdegang jeder Probe berücksichtigt. Doppelt genommene Proben derselben Losung wurden zunächst zurückgestellt. Proben die zu viel Sand/Erde enthielten oder eindeutig einer anderen Art (z.B. dem Mink) zugehörig waren oder anderweitig eine mindere Qualität aufwiesen wurden aussortiert.

Alle übrigen Proben wurden innerhalb von 12 Wochen nach Ankunft im Labor mit dem QIAamp Fast DNA Stool Mini Kit (Art-Nr. 51604) Extraktionskit extrahiert (Isolierung der Zell-DNA). Dieses Extraktionskit ist das Nachfolgekit des im Monitoring 2018 verwendeten QIAamp DNA Stool Mini Kit und zeichnet sich durch verbesserte Puffer und einen schnelleren Verarbeitungsprozess aus. Vor der Extraktion wurden alle Proben auf 70°C erwärmt und gevortext, bevor mit Schritt 3 der Hersteller-Anweisungen fortgefahren wurde. Im letzten Protokollschritt wurde anstatt der 200 µl ATE Puffer 150 µl verwendet, um die vorhandene DNA noch weiter zu konzentrieren. Zur Kontaminationskontrolle wurde bei jedem 2. Extraktionslauf á 16 Proben eine Blindprobe (Leerprobe) mitgeführt. Die fertigen Proben-Extrakte wurden anschließend bei -20 °C eingefroren.

In diesen Extrakten befindet sich nun die konzentrierte und gereinigte DNA des Fischotters, aber auch die seiner Beutetiere oder von Bakterien. Im nächsten Schritt wird daher die immer noch in geringer Konzentration vorliegende Fischotter-DNA vervielfältigt (amplifiziert) mittels der Polymerasekettenreaktion (polymerase chain reaction - PCR). Damit nur Fischotter-DNA vervielfältigt wird, bedient man sich sogenannter „Mikrosatelliten-DNA“. Das sind kurze DNA-Stücke, die bei jeder Tierart unterschiedlich aufgebaut sind, so dass man nur die für den Fischotter passenden Mikrosatelliten verwendet. Innerhalb einer Art haben die unterschiedlichen Individuen verschieden lange Mikrosatelliten (gemessen in Basenpaaren), so dass sich ein individueller Genotyp ergibt, anhand dessen die Individuen unterschieden werden können. Für die Erstellung dieses individuellen Genotyps wurden 8 autosomale Mikrosatelliten und 2 Geschlechts-Mikrosatelliten verwendet. Dabei wurden je 3

bzw. 4 der Mikrosatelliten in einer PCR zusammen amplifiziert um Kosten und Zeit zu sparen. Wie im Fischottermonitoring 2018 wurde das Multiplex-Trio M1 (Lut457, Lut615, Lut733) und das Multiplex-Quartett M2 (Lut604, Lut701, Lut717, Lut833) verwendet (Dallas *et al.* 2002; Dallas & Piertney 1998). Zusätzlich wurde für die Geschlechtsbestimmung die auf dem Y-Chromosom zu findenden Mikrosatelliten Lut-SRY (Dallas *et al.* 2000) und DBY7Ggu (Hedmark *et al.* 2004) zusammen mit einem 8. autosomalen Marker (Lut715; Dallas & Piertney 1998) in einem dritten Multiplex-Trio (M3) amplifiziert. Auch wenn der Marker DBY7Ggu für das Vielfraß (*Gulo gulo*) entwickelt wurde, hat er sich für die Geschlechtsbestimmung des Fischotters bewährt (Koelewijn *et al.* 2010; Lampa *et al.* 2015; Lampa 2019). Durch die Lage der Mikrosatelliten auf dem Y-Chromosom werden Männchen nur durch ein monomorphes PCR-Signal (eine Allelausprägung) angezeigt, während Weibchen kein Signal anzeigen. Um sicherzustellen, dass die PCR und anschließende Fragmentlängenanalyse auch bei einer weiblichen Probe funktionierte und nicht ein technischer Fehler zu fehlenden Signalen geführt hat, wurde der autosomale Marker Lut715 mitgeführt. Alle Reverse-Primer erhielten den pigtail „GTTGCTT“ am 5'-Ende (mit Ausnahme von Lut457), der die Polymerase dazu zwingt, einen gleichbleibenden A-Überhang an jedes amplifizierte DNA-Fragment anzuhängen. Dadurch können die Fragmentlängen der einzelnen Amplifikationsprodukte korrekt miteinander verglichen werden. Der PCR-Ansatz war für alle 3 Multiplex-Sets M1, M2, M3 identisch – auf ein Reaktionsvolumen von 25 µl kamen 3 µl des Proben-Extraktes, 12,5 µl Ampli-Taq Gold 360 Master Mix, 0,2 µl 7-Deaza-dGTP und 0,6 µM je Primer. Die PCR-Bedingungen waren eine initiale Denaturierung bei 95 °C für 10 min, gefolgt von 45 Zyklen bei 95 °C (30 sec), 58 °C (60 sec) und 72 °C (30 sec) und einem finalen Extensionsschritt bei 72 °C für 7 min.

Um die vervielfältigten Mikrosatelliten anschließend visualisieren zu können wurde eine Fragmentlängenanalyse (FA) in einem Sequenziergerät (3130xl Genetic Analyzer; Applied Biosystems) mit dem Größenstandard Gene-Scan™- 500 Rox™ vorgenommen. Anhand der dabei entstehenden Vier-Farben-Elektropherogramme wird die Länge (in Basenpaaren) jedes Mikrosatelliten dargestellt und mit Hilfe der GeneMapper Software v4.1 (Applied Biosystems) manuell abgelesen.

Da die Fischotter-DNA in Kotproben nur in geringer Menge vorkommt, oft degradiert ist und umgeben ist von PCR-Inhibitoren (Beja-Pereira *et al.* 2009; Lerone *et al.* 2014), kann nicht jede Probe erfolgreich genotypisiert werden. Zusätzlich kommt es zu einer hohen Fehlerrate während der Genotypisierung. Dabei gibt es zwei Arten von Fehlern (Abbildung 13), zum einen kann ein Allel (eine von zwei möglichen Ausprägungsformen des Mikrosatelliten) ausfallen („allelic dropout“), so dass nur eines von zwei möglichen Allelen detektiert wird, zum anderen können amplifizierte Artefakte als Allel missinterpretiert werden („false allele“). Dieser Fehler führt zu falschen heterozygoten Genotypen, der Allelausfall zu falschen homozygoten Genotypen (Taberlet *et al.* 1999). Aus diesem Grund ist es bei der Analyse von Kotproben notwendig für jeden Mikrosatelliten mehrere unabhängige Wiederholungen der PCR & FA vorzunehmen (Abbildung 13), um einen akkuraten Genotyp zu erhalten, den sogenannten Konsens-Genotyp (Lampa *et al.* 2013; Taberlet *et al.* 1996). Dabei sind die Regeln für die Akzeptanz eines Genotyps folgende:

- Ein homozygoter Genotyp wird akzeptiert sobald das Allel in mindestens drei unabhängigen PCR-Produkten detektiert wird.
- Ein heterozygoter Genotyp wird akzeptiert sobald jedes der beiden Allele mindestens zweimal in unabhängigen PCR-Produkten detektiert wird.

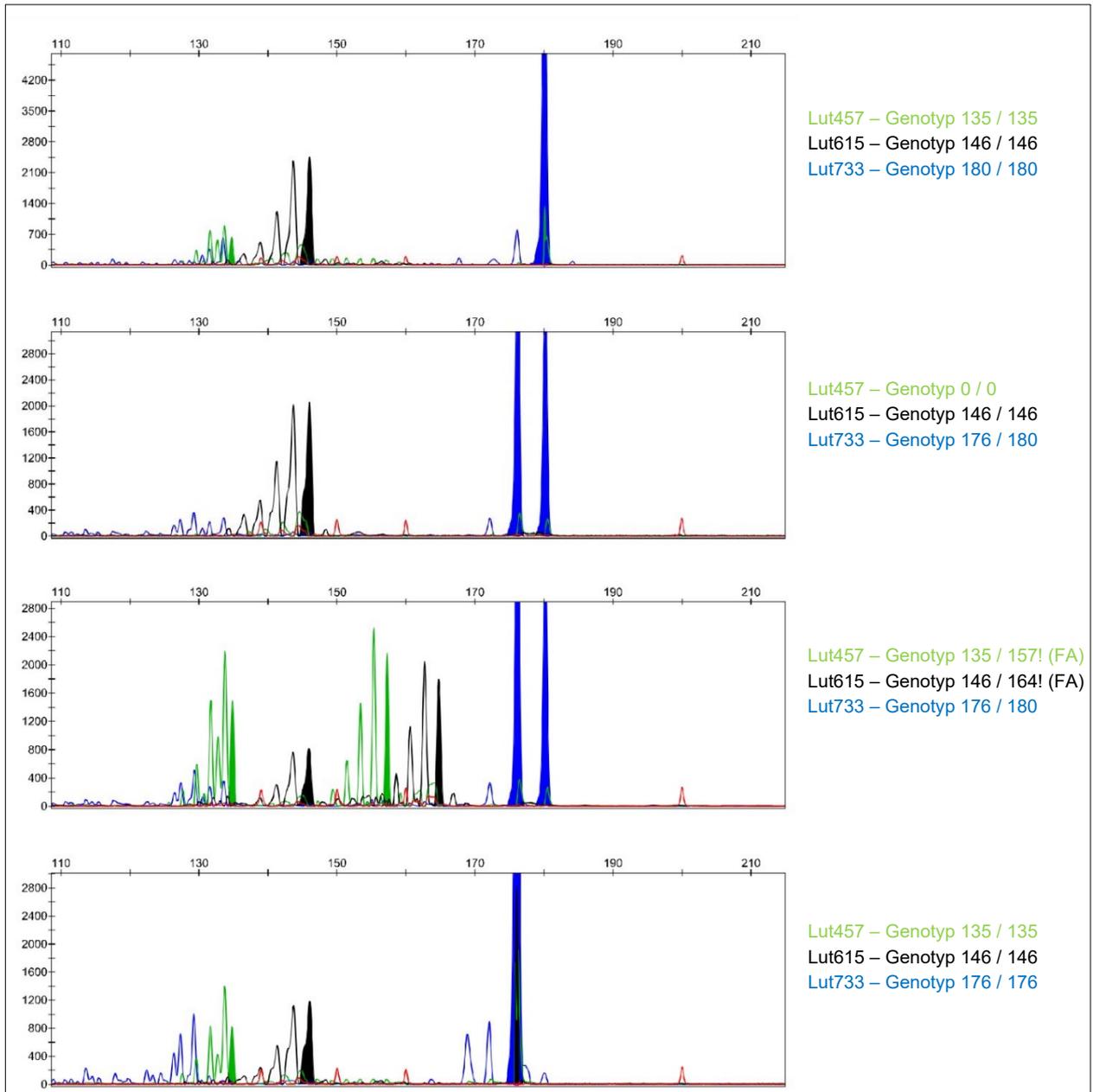


Abbildung 13: Vier-Farben-Elektropherogramm von 4 Wiederholungen einer Probe (E837) vom Reißbach mit dem Marker-Set M1. Die Mikrosatelliten haben die Farben grün (Lut457), schwarz (Lut615) und blau (Lut733). Der Standard ist rot. Die Allele entsprechen den farblich ausgefüllten Signalkurven. Neben dem jeweiligen Elektropherogramm sind die Genotypen, die bei dieser Wiederholung abzulesen sind, aufgelistet. Der Marker Lut733 zeigt in der 1. und 4. Wiederholung jeweils einen Allelausfall. Die Marker Lut457 und Lut615 ein Artefakt bei der 3. Wiederholung. Es ergibt sich folgender Konsens-Genotyp:

Lut457 – Genotyp 135 / 135

Lut615 – Genotyp 146 / 146

Lut733 – Genotyp 176 / 180

2.3.4 Erstellung der Genotypen

Zu Beginn wurden alle Proben mittels PCR und FA dreifach mit dem Multiplex-Trio M1 amplifiziert und genotypisiert. Proben, die dabei kein oder nur ein einziges PCR-Signal von 9 möglichen (3 Marker x 3 Wiederholungen = 9 mögliche PCR-Signale) zeigten, wurden aussortiert und nicht weiter analysiert. Proben, die ausschließlich Signalmuster zeigten, die nicht im erwarteten Bereich des jeweiligen Markers lagen entstammen anderen Arten (z.B. Mink, Steinmarder) und wurden ebenfalls aussortiert. Der Mink zeigte bei den Markern des Marker-Sets M1 kein Allel bei Lut457, eine monomorphe Ausprägung bei Lut615 mit 128 Basenpaaren (Bp) und 2 Allele bei Lut733 mit 132 und 140 Bp und konnte dadurch gesondert identifiziert werden. Proben die nur 2-3 PCR-Signale zeigten wurden anschließend mit mehr Extrakt im PCR-Mix (4µl statt 3µl) dreifach wiederholt. Ebenso wurden alle Proben, die noch keinen Konsens-Genotyp nach oben erwähnter Regel (Kapitel 2.3.3) erhielten, dreifach mit M1 wiederholt. Solche Proben, die daraufhin weiterhin nur 1-4 PCR-Signale von jetzt 18 möglichen zeigten (Amplifikationsrate < 23 %), wurden erneut aus dem Datensatz aussortiert. Alle anderen Proben, denen noch kein Konsens-Genotyp zugeordnet werden konnte wurden bis zu 2 weitere Male dreifach mit M1 wiederholt (max. 13 PCRs je Probe) oder aufgrund einer zu geringen Amplifikationsrate (< 25 %) aussortiert.

Alle mit M1 funktionierenden Proben wurden anschließend mit den Marker-Sets M2 und M3 so oft wiederholt (max. 12 PCRs) bis sie einen Konsens-Genotyp nach den oben genannten Regeln erhielten. Alle Wiederholungen mit M1, M2 oder M3 wurden im Block mit je 3-4 Replikationen amplifiziert und genotypisiert, da dies wesentlich effizienter ist.

Trotz der vielen Wiederholungen gab es etliche Proben, denen die dritte Sichtung eines Allels (bei homozygoten Genotypen) bzw. die zweite Sichtung eines Allels (bei heterozygoten Genotypen) fehlte. Ebenso blieben bei einigen Proben auch nach dieser hohen Anzahl an Wiederholungen einzelne Mikrosatelliten ergebnislos, also ohne ein einziges PCR-Signal, während für die übrigen Mikrosatelliten dieser Probe ein Genotyp erstellt werden konnte. Alle diese Proben erhielten einen „vorläufigen Genotyp“, wobei fehlende Sichtungen und ergebnislose Mikrosatelliten gekennzeichnet wurden. Die vorläufigen Genotypen wurden anschließend mit allen anderen Konsens-Genotypen im jeweiligen Untersuchungsgebiet verglichen. War der „vorläufige Genotyp“ identisch zu Genotypen anderer Proben, so wurde er als „Konsens-Genotyp“ akzeptiert. War der „vorläufige Genotyp“ einem anderen Genotyp bis auf 1-4 Mikrosatelliten gleich, so wurden die andersartigen Mikrosatelliten erneut bei diesem Marker mehrfach wiederholt (mind. 3 Wiederholungen). Bei Proben, deren vorläufiger Genotyp bei mind. 6 Mikrosatelliten identisch zu einem anderen Konsens-Genotyp war und sich die Unterschiede zu den restlichen 3 Mikrosatelliten durch Allelausfälle erklären ließen, wurde die Probe als identisch zu dem anderen Konsens-Genotyp betrachtet. Dieses Vorgehen entspricht der matching approach von Creel *et al.* (2003) und ist bei hohen Allelausfallraten realistischer und konservativer als den Genotyp als einzelnen Fang eines neuen Individuums zu betrachten (Bellemain *et al.* 2005; Koelewijn *et al.* 2010). Letzteres würde die Anzahl der verschiedenen Genotypen in die Höhe treiben und die Populationsgröße würde massiv überschätzt werden (bis zu 200 %; vergl. Lampa *et al.* 2013). Bei Ähnlichkeiten zu mehreren verschiedenen Konsens-Genotypen wurde so oft wiederholt, bis eine eindeutige Zuordnung erfolgen konnte, andernfalls wurde die Probe aussortiert. Einzelne Proben, die zwar ähnlich, aber deren Genotyp unvereinbar war, bei denen also sowohl Artefaktbildung als auch Allelausfälle hätten auftreten müssen, damit sie einander gleichen, wurden als getrennte Individuen angesehen und gewertet. Dabei wurden nur solche Genotypen betrachtet, die einen zuverlässigen Konsens-Genotyp erzielten.

2.3.5 Validierung der Genotypen

Die fertigen Konsens-Genotypen wurden mit dem Programm DROPOUT (McKelvey & Schwartz 2005) nochmals auf etwaige Genotypisierungsfehler getestet. Das Programm ermittelt dabei fehlerhaft genotypisierte Proben (EB-Test) und Mikrosatelliten (DCH-Test). Dabei könnten Unterschiede in wenigen Genotypen (meist 1-2, seltener 3) auf ein Geisterindividuum hindeuten (McKelvey & Schwartz 2004). Geisterindividuen besitzen einen im Datensatz einzigartigen Genotyp (meist repräsentiert durch nur eine Probe), der jedoch aufgrund von Genotypisierungsfehlern falsch ist und tatsächlich ein Wiederfang eines bereits bekannten Individuums ist. Dadurch werden fälschlicherweise „neue“ Individuen kreiert, die nicht existieren. Diese Fälle wurden nochmals geprüft und weitere PCR-Wiederholungen in den entsprechenden Markern durchgeführt.

Anschließend wurde die Allelausfall- und Artefaktrate für die 8 autosomalen Mikrosatelliten berechnet, indem der detektierte Genotyp jeder PCR mit dem jeweiligen Konsens-Genotyp verglichen wurde. Wobei für die Berechnung beider Raten nur solche PCRs betrachtet wurden, in der der jeweilige Fehler vorkommen kann, d.h. für die Allelausfallrate nur positive PCRs (mit PCR-Produkt) von heterozygoten Konsens-Genotypen, für die Artefaktrate jedoch alle positiven PCRs. PCR-Produkte, die lediglich aus einem Artefakt bestanden ohne das gesuchte Allel, wurden als Artefakt und Allelausfall gewertet.

Für die beiden gonosomalen Mikrosatelliten (Geschlechtsbestimmungsmarker) ist die Bestimmung einer Fehlerrate nach den obigen Voraussetzungen nicht möglich – da Männchen nur ein Allel zeigen und Weibchen keines. Allerdings zeigt die Amplifizierungs-Erfolgsrate wie oft ein PCR-Signal bei männlichen Proben erzielt wurde, so dass die Differenz zu 1 der Rate entspricht, wie oft das entsprechende Allel bei männlichen Proben ausgefallen ist. Die Amplifizierungs-Erfolgsrate aller Mikrosatelliten wurde bestimmt, indem die Anzahl der PCRs mit PCR-Produkt dividiert wurde durch die Anzahl der durchgeführten PCRs.

Während die Genotypisierungs-Erfolgsrate die Anzahl der erfolgreich genotypisierten Proben relativ zur Anzahl der gesammelten potentiellen Otterproben ist, also der gesammelten Proben ohne die eindeutig identifizierten Minke oder Proben anderer Art. Anhand der Fehlerraten lässt sich die Qualität der Proben ablesen, während der Erfolg der Studie anhand der Genotypisierungs- bzw. Amplifizierungs-Erfolgsraten bewertet werden kann.

Die durchschnittliche erwartete und beobachtete Heterozygotie (H_e und H_o), ebenso wie die „probability of identity“ (PI) über alle 8 autosomalen Mikrosatelliten (korrigiert um den Stichprobenumfang – $PI_{unbiased}$) wurden mit dem Programm GIMLET kalkuliert (Valière 2002). Die Heterozygotie-Werte geben dabei die Variabilität der einzelnen Mikrosatelliten an und damit welchen Wert sie beim Unterscheidungsprozess der Individuen haben. Der PI-Wert gibt das diskriminatorische Potential jedes Mikrosatelliten an und ob die Kombination der verwendeten Mikrosatelliten in der Lage ist, zwei unterschiedliche Individuen voneinander zu unterscheiden. Der PI ist die Wahrscheinlichkeit, dass zwei unterschiedliche Individuen als gleiche Individuen erscheinen. Folglich sollte dieser Wert möglichst gering, also nahe bei Null sein. Idealerweise sollte dieser PI bei $1,0 \times 10^{-3}$ oder darunter liegen (Mills *et al.* 2000; Waits *et al.* 2001). Ein noch konservativeres Maß ist der PI_{sib} , also die Wahrscheinlichkeit, dass zwei Geschwister als gleiche Individuen erscheinen, dieser Wert sollte idealerweise kleiner als $1,0 \times 10^{-2}$ sein.

2.3.6 Populationsgrößenschätzung und Raumnutzung

2.3.6.1 Populationsgrößenschätzung

Die Ermittlung der Populationsgröße im jeweiligen Untersuchungsgebiet wurde mit Hilfe von Fang-Wiederfang-Modellen, auch mark-recapture-models genannt, vorgenommen. Bei der Genotypisierung von Mikrosatelliten anhand der Hinterlassenschaften der Tiere, werden die Tiere zwar nicht real „gefangen“ aber der festgestellte Genotyp eines Individuums kann als „Fang“ gewertet werden. Somit können die Fischotter in einem bestimmten Gebiet an dem jeweiligen Sammeltag „gefangen“ werden und an Folgesammeltagen „wiedergefangen“ werden, wenn der gleiche Genotyp erneut ermittelt wird, sofern – wie in diesem Projekt – mit frischer Losung gearbeitet wird. Je öfter das Wiederfang-Verfahren wiederholt wird, desto präzisere Schätzungen sind möglich. Wobei die Länge des Untersuchungszeitraums entscheidend ist, da nur bei sehr kurzen Zeiträumen von einer „geschlossenen Population“ ausgegangen werden kann. Bei einer geschlossenen Population gibt es weder Zugänge zur Population durch Geburten oder Immigration, noch Verluste durch Todesfälle oder Emigration. Obwohl es auch Fang-Wiederfang-Modelle für „offene Populationen“ gibt, haben Modelle für „geschlossene Populationen“ einige Vorteile: die Schätzungen sind wesentlich präziser; es sind weniger Parameter zu schätzen, weshalb weniger Daten benötigt werden und es gibt mehr Möglichkeiten, die realen Bedingungen im Feld widerzuspiegeln.

Vor der eigentlichen Schätzung sollte man jedoch prüfen, ob die Daten auch eine „geschlossene Population“ anzeigen. Dazu wurden identische Proben einem Individuum zugeordnet und als Wiederfänge gewertet. Proben deren Genotyp keinem anderen Genotyp gleich oder ähnelte wurden als Einzelfänge angesehen. Wiederfänge innerhalb eines Sammeltages wurden nicht berücksichtigt, so dass das jeweilige Individuum für diesen Tag nur einmal aufgeführt wird.

Das Pradel's recruitment-Modell (Pradel 1996) im Programm MARK (White & Burnham 1999) wurde herangezogen, um auf eine „geschlossene Population“ zu testen (Boulanger *et al.* 2002; Lukacs 2010). In diesem Modell werden folgende Parameter bestimmt: Überlebensrate (Φ), Rekrutierungsrate (f) und die Fangwahrscheinlichkeit (p). Bei kurzen Untersuchungs-Zeiträumen sind Neuzugänge durch Geburten oder Abgänge durch Tod sehr unwahrscheinlich, so dass die Rekrutierungsrate (f) einer Immigrationsrate in das Untersuchungsgebiet entspricht und die Überlebensrate (Φ) ein Maß für die Emigration ist (Boulanger *et al.* 2002). Um nun auf Immi- und Emigration zu testen, wird ein Modell, das beides zulässt, verglichen mit einem Modell, das weder Immigration ($f = 0$) noch Emigration ($\Phi = 1$) erlaubt. Als Unterschiedsmaß werden zum einen korrigierte AICc-Werte (corrected Akaike's Information Criterion) herangezogen, zum anderen werden likelihood-ratio-Tests durchgeführt. Bei letzterem sind Modelle ab einem Signifikanzniveau von $< 0,05$ als unterschiedlich zu betrachten. Bei den AICc-Werten sind beide Modelle bei einem Unterschied von < 2 als gleichwertig zu werten, bei einem Unterschied zwischen 2 und 7 als wahrscheinlich unterschiedlich und ab 7 als deutlich unterschiedlich zu betrachten (Burnham & Anderson 2002). Dabei muss jedoch beachtet werden, dass Geisterindividuen dazu führen können, dass fälschlicherweise Immi- und Emigration detektiert wird und die Population als nicht geschlossen angesehen wird. Obwohl durch diverse Wiederholungen, Tests und Vorkehrungen die Zahl der Genotypisierungsfehler massiv minimiert werden konnte, ist es kaum möglich, fehlerfreie Datensätze zu produzieren (Lampa *et al.* 2013), weshalb die Tests auf Geschlossenheit der Population sorgsam ausgewertet werden müssen.

Standardmäßig war der Sammelzeitraum über 5 Tage, im Mostviertel erstreckte sich dieser aufgrund des Wetters über 8 Tage, am Reißbach wurden 6 Tage gesammelt und nur im Weinviertel wurde aufgrund zu geringer Probenzahl nach 5 Sammeltagen zwei weitere Sammeltage nach 13 Tagen durchgeführt, so dass der gesamte Sammelzeitraum 20 Tage betrug. Diesen unterschiedlichen Bedingungen wurde in den Modellen Rechnung getragen indem die Fangwahrscheinlichkeit über die Tage variieren konnte.

Die anschließende Populationsgrößenschätzung erfolgte mit dem misidentification-Modell von Lukacs & Burnham (2005) (im folgenden LB-Schätzer genannt), das im Programm MARK (White & Burnham 1999) implementiert ist. Diese Schätzmodelle können Genotypisierungsfehler in die Berechnung integrieren, was bei der Mikrosatellitenanalyse von Fischotterlosungen unabdingbar ist. Der LB-Schätzer lässt in Form von verschiedenen Modellen Abweichungen von der konstanten Fangwahrscheinlichkeit aller Individuen (Grundvoraussetzung vieler geschlossener Schätzmodelle) zu. Dabei kann die Fangwahrscheinlichkeit entweder zwischen den Sammeltagen (Zeitvariations-Modell M_t), zwischen erstmals und öfters gefangenen Tieren (Verhaltens-Modell M_b) oder zwischen Individuen (Heterogenitäts-Modell M_h) variieren. Möglich sind auch Kombinationen aus allen drei Modellen. Zudem ist auch das strengste Modell M_0 , das keine Abweichungen zulässt, möglich. Aufgrund der Gegebenheiten vor Ort, der Sammelerfolge und entsprechend der Verhaltensweisen des Fischotters (Lampa 2015; Lampa *et al.* 2015) wurden folgende Modelle als sinnvoll erachtet: das Null-Modell mit konstanter Fangwahrscheinlichkeit (M_0), das Verhaltens-Modell (M_b), das Heterogenitäts-Modell (M_h), das Zeitvariations-Modell (M_t) und ein kombiniertes Zeitvariations- und Verhaltens-Modell ($M_{tb_eingeschränkt}$), bei dem nur die Wiederfangwahrscheinlichkeit (c) Zeit-Ausprägungen erhält, während die Fangwahrscheinlichkeit über die Tage gleich bleibt. Denn bei nicht-invasiven genetischen Fang-Wiederfang-Studien über mehrere Tage zeigen Fischotter eine veränderte Wiederfangwahrscheinlichkeit, die oft am 3. oder 4. Sammeltag am höchsten ist und zu Beginn und am Ende des Sammelns etwas geringer ausfällt, aber höher ist als die Fangwahrscheinlichkeit für noch nicht gesammelte Tiere (p) (Lampa *et al.* 2015). Für die beiden Gebiete an denen mit Unterbrechung gesammelt werden musste, wurde ein reduziertes Zeitvariationsmodell (M_{t2} , M_{b2t2}) modelliert, das zwei verschiedene Ausprägungen für die Fangwahrscheinlichkeit (p) bzw. Wiederfangwahrscheinlichkeit (c) zulässt, um den Sammelregimen von 5+2 bzw. 3+2 Tagen Rechnung zu tragen. Ebenso wurden Zeitvariationsmodelle generiert die die Anzahl der erfolgreich genotypisierten Proben als Kovariate (M_{t_cov} , M_{b_cov}) nutzt, um die unterschiedlichen Fangwahrscheinlichkeiten präziser schätzen zu können und um die Anzahl der benötigten Parameter zu verringern. Denn die Zeitvariationsmodelle schätzen jeweils 7-9 Parameter (je nach Anzahl der Sammeltage). Als Faustformel gilt, dass es für jeden im Modell geschätzten Parameter mehrere Datenpunkte, also Genotypen, geben muss und es definitiv nicht mehr Parameter als Datenpunkte geben sollte (Burnham & Anderson 2002). Somit wurden in Gebieten mit < 18 Genotypen keine vollen Zeitvariationsmodelle gebildet und mit Hilfe der Kovariaten gearbeitet.

Die individuelle Heterogenität (p_i) und die Wahrscheinlichkeit eines korrekten Genotyps (α) können oft nicht voneinander getrennt geschätzt werden (White & Burnham 1999). Aufgrund der Genotypen-Validierung und der Fehleranalyse mit DROPOUT liegen allerdings Daten über die Anzahl potentieller Geisterindividuen vor, die mit der Wahrscheinlichkeit eines korrekten Genotyps (α) im direkten Zusammenhang stehen. Die Anzahl der potentiellen Geisterindividuen geteilt durch die Anzahl detektierter Genotypen ergibt die Wahrscheinlichkeit für einen fehlerhaften Genotyp und die Differenz

zu 1 die Wahrscheinlichkeit für einen korrekten Genotyp (α). Somit wurden alle gebildeten Modelle nochmals generiert und α auf diesen jeweiligen Wert fixiert.

Folgende Indikationen wurden herangezogen, um zwei Individuen als mögliche Geisterindividuen zu definieren: wenn sich zwei Genotypen in nur 1-2 Mikrosatelliten unterschieden. Bei 3 Unterschieden wurde nur dann eines der Genotypen als potentielles Geisterindividuum gewertet, wenn mind. einer der beiden Genotypen nur durch einen Einzelfang repräsentiert war, die Proben nah beieinander lagen (0 - 4,5 km) und die Unterschiede in den Genotypen nicht unvereinbar waren (z.B. 132/134 vs. 136/136).

Um die für den jeweiligen Datensatz am besten angepassten und geeigneten Modelle herauszufiltern, wurden zunächst die unterschiedlichen Zeitvariationsmodelle (volles Modell versus reduziertes oder mit Kovariaten) per likelihood ratio test auf Unterschiedlichkeit getestet. Waren sie nicht unterschiedlich wurde das anhand des AICc jeweils schlechter geeignete Zeitvariationsmodell aus dem Modellset entfernt. Anschließend wurden alle Modelle aus dem Modellset entfernt, die einen Δ AICc-Wert > 7 hatten (Δ AICc-Unterschied zum besten Modell im Modellset) und solche, deren Parameter nicht schätzbar (erkennbar an einem Standardfehler von Null oder Konfidenzintervallen von 0-1) oder mit anderen konfundiert waren. Modelle mit grenzwertigen Schätzungen einzelner Parameter, die daraufhin die Anzahl der Parameter nicht korrekt zählten, wurden auf die korrekte Parameteranzahl korrigiert. Der jeweilige grenzwertig geschätzte Parameter wurde bei der Bildung der Mittelwerte des Parameters nicht miteinbezogen.

2.3.6.2 Fischotterdichte

Anhand der gewichteten mittleren Fischotterzahlen im jeweiligen Gebiet wurde eine Populationsdichte bezogen auf alle Uferlängen die im jeweiligen Gebiet kontrolliert wurden ermittelt. Dabei wurden nur die Flussabschnitte berücksichtigt, die auch tatsächlich beprobt wurden. Im Wein-, Wald- und Mostviertel wurden dabei zusätzlich alle Teiche/Standgewässer mit ihrer Uferlänge in km miteinbezogen, die bespannt oder teilweise bespannt (aufgelassen) waren und die innerhalb der 5 Sammeltage kontrolliert wurden. Dabei wurden bei jedem Kontrollpunkt auch unmittelbar benachbarte bespannte Teiche berücksichtigt, da diese durch einen Wechsel mit dem Kontrollpunkt verbunden sein könnten. Ebenso wurden kleine Teichgruppen mit 3 Teichen zur Gänze inkludiert, sobald 1 Kontrollpunkt in diesem Gebiet zu liegen kam.

Die so berechneten Dichten wurden mit den Dichten aus dem Monitoring 2018 verglichen. Ebenso wurde abgeglichen ob es wiedergefundene Individuen aus dem Monitoring 2018 gab.

Zur besseren Einordnung der Dichten und deren zeitlichen Veränderung standen uns Daten vom Amt der Niederösterreichischen Landesregierung zur Verfügung über die Entnahme im Zeitraum von 2019-2022 und die Datenbank der Totfunde aus den Jahren 2017-2022. Ebenso wurden uns die Anzahl der vom Land geförderten Zäunungen im Zeitraum von 2017-2022 übermittelt.

2.3.6.3 Raumnutzung & Verwandtschaftsverhältnisse

Die Markierstellen, an denen die einzelnen Individuen anhand ihres Kots gefunden wurden, gehören offensichtlich zu ihrem Streifgebiet bzw. Revier. Auch wenn die gefundenen Markierstellen nicht das vollständige Revier der einzelnen Individuen widerspiegeln, eignen sich die Distanzen zwischen den Markierstellen zumindest als ein Indikator für die Größe des eigentlichen Revieres und eignen sich, um die verschiedenen Referenzgebiete zu vergleichen. Das minimale Streifgebiet entspricht der Distanz zwischen den Markierstellen (mind. 2), an denen das Individuum gefunden wurde. In diese Berechnungen wurden auch Fundpunkte an Nebenarmen berücksichtigt, so dass sich die Größe des Streifgebietes aus der Summe der Flussabschnitte am Hauptfluss und der Nebenarme (bis zum Fundpunkt) ergibt. Bei Nachweisen an Teichen wurden alle Fließgewässer, die durch den Teich verlaufen (entsprechend dem Fließgewässer-Shapefile vom Land NÖ, Stand 04/2023), in das Streifgebiet des jeweiligen Individuums miteinberechnet. Individuen mit Funden an nur einem Markierplatz konnten in dieser Analyse nicht berücksichtigt werden. Durch dieses Aufspannen eines Streifgebietes konnte die Überlappung der Streifgebiete verschiedener Individuen untersucht werden. Die gemeinsam genutzten Flussabschnitte werden in km und prozentual zur Gesamtstreifgebietslänge angegeben und zwischen den Referenzgebieten verglichen. Da zwei sich überlappende Individuen auch eine Fähe (weiblicher Fischotter) mit ihrem Jungtier(en) sein könnte, wurde zudem der Verwandtschaftsgrad zwischen diesen und zusätzlich über allen Individuen bestimmt. Der Verwandtschaftsgrad wurde anhand des Verwandtschaftskoeffizienten R mit dem „tridic likelihood“-Schätzer (TrioML) im Programm COANCESTRY bestimmt (Wang 2011). Dabei wurde die Genotypisierungs-Fehlerrate jedes einzelnen Mikrosatelliten in die Berechnung integriert und darauf korrigiert. Der Verwandtschaftskoeffizient R nimmt Werte zwischen 0 und 1 an, wobei 0 keinerlei Verwandtschaft bedeutet und 1 eine sehr nahe Verwandtschaft. Geschwister und Eltern-Kind Paare zeigen eine Verwandtschaft von $\geq 0,5$. Bei den möglichen Fähe-Jungtier-Verpaarungen wurde angenommen, dass die Fähe das Individuum ist, das häufiger bzw. an mehr Punkten gefunden wurde und Jungtiere eher an wenigen Punkten/Tagen. Dabei wurden auch solche Paare mitberücksichtigt, wo der Einzelfund und das Streifgebiet der potentiellen Fähe nur nebeneinander gefunden wurden, sofern am entsprechenden Markierplatz weitere nicht-genotypisierte Proben vorhanden waren. Da Jungtiere die größten Losungen ablegen (Kruuk 2006) und sie demnach – anders als Adulte – die Ausscheidungen nicht einteilen, um möglichst oft zu markieren, sondern lediglich ihre Ausscheidungen absondern (Kean *et al.* 2011), ist anzunehmen, dass die Fähe häufiger anhand ihrer Markierungen gefunden wird als ihre sie begleitenden Jungtiere. Bei Paaren, die nur an 1-2 Punkten gefunden wurden, wurde keine Unterscheidung zwischen Fähe und Jungtier vorgenommen. Für jedes Fähe-Jungtier-Paar wurden die Männchen auf eine mögliche Vaterschaft überprüft. Wobei vor allem bei Männchen mit großen Streifgebieten von adulten Männchen ausgegangen wurde.

2.4 Bestandsschätzung auf Grundlage der statistischen Modellierung

In den Vierteln Niederösterreichs wurden an Referenzstrecken auch 2022 Fischotter-Abundanzen bzw. -dichten mit genetischen Fang-Wiederfang-Methoden ermittelt, um eine statistische Schätzung des Fischotterbestandes für das gesamte Land durchführen zu können. Wie vier Jahre zuvor bestand die methodische Herausforderung darin, mit der vorhandenen Stichprobe (Verhältnis begangener Uferkilometer/Gesamt-Uferkilometer), Aussagen zur Größe der Fischotterpopulation auf der gesamten Fläche Niederösterreichs zu treffen. Die einfache Schätzung der Abundanz anhand der Länge des Gewässernetzes und der mittleren Dichte kann als grobe Richtschnur dienen. Sie ignoriert jedoch den Umstand, dass die Fischotterdichte räumlich stark variiert. Aufgrund dessen wurden statt einfacher Hochrechnungen fortgeschrittenere Methoden verwendet, um die Gesamtabundanz präziser schätzen zu können.

Wie 2018 festgestellt, ist die Häufigkeit frischer Fischotterlosung am Punkt ein relatives Maß für die Anzahl der dort anzutreffenden Individuen. Konzeptioneller Ansatz der Modellierungen war daher, wie vier Jahre zuvor, dass die Losungshäufigkeit mit der Häufigkeit der Art (N) in positivem Zusammenhang steht. Da im Jahr 2022 die Genetikkartierung und damit die Datenerhebung für die Modellbildung im Frühjahr stattfand, die Losungskartierung an den für die Extrapolation notwendigen Brücken jedoch im Herbst (2018 im Frühjahr), bestand zunächst die Notwendigkeit der Prüfung, ob die Losungshäufigkeit sich zwischen den beiden Jahreszeiten signifikant unterscheidet.

Im Anschluss erfolgte wie in 2018 die Kalibrierung und Validierung der Modelle und deren Anwendung auf die Brücken für eine statistische Schätzung der Fischotterpopulation in Niederösterreich.

2.4.1 Untersuchungsgebiet: Ausdehnung und Auflösung

Das Untersuchungsgebiet für die Schätzung der Fischotterpopulation ist die Fläche Niederösterreichs. Für jede der administrativen Einheiten Wald-, Wein-, Most- und Industrieviertel lagen auf sechs repräsentativen Gewässerstrecken (Waldviertel – R/B wurde nach Flusssystem aufgeteilt) stichprobenartig Daten zur relativen Fischotterdichte und Losungshäufigkeit vor.

Die Genetikerfassung lieferte eine Schätzung der Populationsgrößen für Teillandschaften. Diese entsprachen weitestgehend den Gewässereinzugsgebieten (watersheds; GWE) die Tabelle 2 zu entnehmen sind. Für bestimmte Analyseschritte und die Schätzung der Populationsgrößen wurden daher auch diese räumlichen Einheiten herangezogen.

Tabelle 2: Räumliche Entsprechungen der durch Viertel bezeichneten Teillandschaften der Genetikerfassung mit den Gewässereinzugsgebieten (GWE). „GWE gesamt“ entspricht der Gesamtzahl von Gewässereinzugsgebieten im jeweiligen Viertel. „Gewässer“ sind die Gewässer, die für die ggst. Studie herangezogen wurden. „GWE“ gibt an, aus wie vielen Gewässereinzugsgebiet das jeweilige Gewässer zusammengesetzt ist.

Viertel	GWE gesamt	Gewässer	GWE
Waldviertel	32	Braunaubach + Romaubach + Reißbach	1 + 1 + 1
Weinviertel	29	Marchfeldkanal + Rußbach	1 + 3
Industrieviertel	31	Url + Ybbs	1 + 2
Mostviertel	31	Feistritz + Pitten	1 + 1
Total	123		12

2.4.2 Statistischer Ansatz

2.4.2.1 Vergleich der Losungshäufigkeit

Die Genauigkeit ökologischer Indizes hängt in allen Untersuchungen von der Beobachtungswahrscheinlichkeit (p) ab. Nur in absoluten Ausnahmefällen liegt diese bei 100 %, so dass nur ein Anteil, der tatsächlich vorhandenen direkten oder indirekten Nachweise erfasst werden können. Oft ist deren erfasste Häufigkeit (C) daher ein Produkt aus der wahren Anzahl N und der Beobachtungswahrscheinlichkeit ($C=N \times p$).

Hierarchische Modelle trennen den Populationsprozess vom Beobachtungsprozess und erlauben somit genauere Schätzungen von Vorkommen oder Häufigkeit. Sie vermeiden, dass Unterschiede in der Häufigkeit als signifikant erachtet werden, wenn diese eigentlich auf Unterschiede in der Beobachtungswahrscheinlichkeit zurückzuführen sind.

Für die Schätzung auf Unterschiede in der Losungshäufigkeit zwischen den Jahreszeiten wurden hier sogenannte verallgemeinerte binomiale N-mixture Modelle für wiederholte Zählungen (Chandler *et al.* 2011) mit der Erweiterung „unmarked“ (Fiske & Chandler 2011) angewendet. Die Anzahl der, bei der Kartierung verfügbaren Losungen N an den Punkten $i = 1, 2, \dots$ wurde modelliert als

$$N_i \sim \text{Poisson}(\lambda_i)$$

mit N , der unbeobachteten Häufigkeit am Standort i .

Der Beobachtungsprozess wurde im anderen Teil des hierarchischen Modells modelliert als

$$C_{i,j} \sim \text{Binomial}(N_i, p_{i,j})$$

wobei C die Zählungen am Standort i während des Besuchs j darstellt und p die Nachweiswahrscheinlichkeit ist.

Die Parameter λ und p wurden als lineare Funktionen von Kovariaten unter Verwendung des Log- bzw. Logit-Links modelliert. Es wurden zunächst separate Modelle für Frühling und Herbst erstellt und mittels des Datums (Julianischer Tag) getestet, ob sich die Beobachtungswahrscheinlichkeit über die Beobachtungstage veränderte. Um räumliche Unterschiede zu berücksichtigen, wurde die fünfstufige Variable „Viertel“ sowohl im Beobachtungs- als auch im Häufigkeitsteil des Modells mitgeführt.

2.4.2.2 Kalibrierung des Modells für die Extrapolation

Es wurde eine umfangreiche Neukalibrierung des Modells, das die am Punkt ermittelten Individuen mit der Losungshäufigkeit in Verbindung bringt (Individuen \sim Losung), durchgeführt. Es fußt auf der Häufigkeit frischer Losungen als unabhängige Variable die an 5-7 Tagen ermittelt wurden. Da sich aus den Fang-Wiederfang-Modellen auf Grundlage der Genetikkartierung die Anzahl der Individuen als auch die Anzahl der nicht identifizierten Losungen und damit potenziell nicht detektierter Individuen ergibt, kommen drei abhängige Variablen in Betracht: 1) die Anzahl Individuen ohne, 2) mit einem und 3) mit allen unbekanntem Individuen. Die dritte mögliche abhängige Variable wurde in der weiteren Betrachtung jedoch verworfen, da schon der Anteil nur eines unbekanntem Individuums aufgrund hoher Präzision in der Genetik gering ist. Wie im Jahr 2018 dargestellt, überschätzt die Anwendung der verbleibenden Punkt-Modelle auf den Ursprungsdatensatz die genetisch gefundene Populationsgröße, da die identischen Genotypen an benachbarten Punkten mehrfach festgestellt werden können. An den Aufnahmepunkten der Brückenkartierung sollte dieser Effekt jedoch weniger ausgeprägt sein, da durch größere mittlere Abstände von 2,4 km die Wahrscheinlichkeit mehrfachen Auftauchens eines Individuums an Nachbarbrücken deutlich geringer ist.

Zunächst wurde daher ein Vergleich zwischen den ermittelten kumulierten Losungs-Häufigkeiten von 1-7 Tagen während der Genetikkartierung und der Menge der frischen Losungen der eintägigen Brückenkartierung durchgeführt. Abgesehen von den Maximalwerten, ähnelte die Verteilung der frischen Fischotterlosung unter Brücken nach einem Tag dabei jener nach zwei bis drei Tagen Kartierung für die Genetik. Der Anteil von Punkten ohne Beobachtung (Nullen) lag in beiden Fällen bei etwas über 60 %, jener von Nullen plus einer Beobachtung bei etwa 80 % während nach 5-7 Tagen Genetikkartierung nur noch 40-50 % Absenkpunkte (Nullen) zu verzeichnen waren (Abbildung 14).

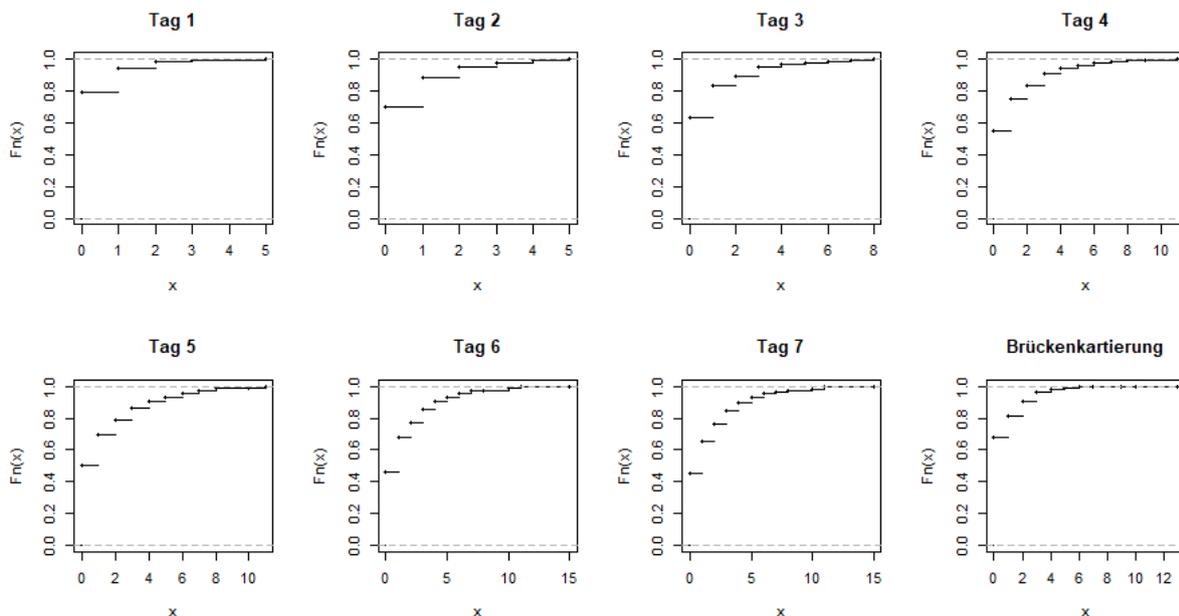


Abbildung 14: Kumulierte Häufigkeiten ($F_n(x)$) der Fischotterlosung (x) die nach 1-7 Beobachtungstagen beobachtet wurde ($N=299$) und zum Vergleich die kumulierten Häufigkeiten nach einer Begehung der Brücken ($N=797$).

Die Muster in den Losungshäufigkeiten lassen erkennen, dass Unterschiede zwischen einem Tag Brückenkartierung und bis zu sieben Tagen Genetik-Kartierung bestehen. Ein mit den Daten der genetischen Individuenerkennung kalibriertes Modell sollte daher bei Anwendung auf die Brückendaten dem dortigen höheren Anteil Nichtfunde und geringerer „Punktüberlappung“ Rechnung tragen. Daher wurden die zwei verbliebenen Modelle mit jeweils unterschiedlicher Antwortvariable in einer retrospektiven Validierung auf die Menge frischer Losung angewandt, die nach 1-7 Tagen Genetikkartierung gefunden wurde. Eine zweite Validierung war erstmals durch Vorhandensein unabhängiger (d.h. nicht für die Kalibrierung verwendeter) Daten möglich, die von zusätzlich zu den Brücken mehrfach begangenen Punkten kamen.

2.4.2.3 Extrapolation des Bestands in NÖ

Der verwendete Ansatz bediente sich der Daten der Brückenkartierung und aller niederösterreichischen Gewässereinzugsgebiete (watersheds) sowie eines Landschaftsmodells. Die Gewässereinzugsgebiete summieren sich auf eine Gesamtlängelänge von 7.757 km ab einem Einzugsgebiet von 10 km². Die dem zugrundeliegenden Geodaten (ESRI-shapefile) entsprechen in weiten Teilen den fischrelevanten Gewässern für Niederösterreich. Bei dieser räumlich differenzierten Hochrechnung (Landschaftsmodell) wurden die Modellvorhersagen für jede Brücke durch Summenbildung über die Gewässereinzugsgebiete aggregiert. Für jedes der 123 mit Brücken verschnittenen Gewässereinzugsgebiete (watersheds) wurde durch Geoprozessierung die Flusslänge ermittelt. Um die absolute Dichte (Fischotter/watershed) per Dreisatz berechnen zu können, musste zunächst die theoretisch mögliche Anzahl Brücken pro watershed ($Brueck_{mgl.}$) ermittelt werden. Sie ist der Quotient aus den gesamten Flusskilometern des watersheds (FK_{ws}) und der bekannten mittleren Distanz zum nächsten Nachbarn für die Brückenstandorte ($NNdist$):

$$Brueck_{mgl.} = \frac{FK_{ws}}{NNdist}$$

Die mögliche Anzahl Brücken pro watershed ($Brueck_{mgl.}$) berechnet sich so beispielsweise bei einer angenommenen watershed-Gewässerslänge von 100 km und den unterschiedlichen mittleren minimalen Punktabständen der 797 Brücken von 2,39 km als $100 / 2,39 = 41,8$ Brücken. Der Dreisatz zur Berechnung der Anzahl Fischotter pro watershed N_{ws} nahm damit folgende Form an:

$$N_{ws} = \frac{Brueck_{mgl.} * M_{Schätz}}{Brueck_{beob}}$$

wobei $M_{Schätz}$ die Schätzung aus dem Punktmodell und $Brueck_{beob}$ die Anzahl begangener Brücken ist. Wurden pro watershed durch die an 10 Brücken gefundene Fischotterlosung mit dem Punktmodell angenommen insgesamt 5 Individuen geschätzt, so errechnete sich für das gesamte watershed eine Anzahl Fischotter (N_{ws}) von $41,8 \text{ Brücken} \times 5 \text{ Individuen} / 10 \text{ Brücken} = 20,9$ Individuen oder eine Dichte von 0,21 Ottern / km. Die Gesamtschätzung für Niederösterreich $N_{NÖ}$ erfolgte anschließend durch Summenbildung über alle watersheds $N_{NÖ} = \sum(N_{ws})$.

Die Werte des 95%igen Konfidenzintervalls berechneten sich entsprechend aus den Vorhersagewerten $\pm 1,96 \times$ Standardfehler dieser Vorhersagen. Als Geoinformationssysteme kamen Quantum-GIS (Quantum, n.d.) zum Einsatz. Die Modellierungen wurden in RStudio Version 2022.02.2 (RStudio Team, 2022) und R Version 4.2.0 (R Core Team, 2021) vorgenommen.

3 Ergebnisse und Schlussfolgerungen

3.1 Brückenkartierung – Verbreitung des Fischotters in Niederösterreich

Im gegenständlichen Kapitel wird die Verbreitung des Fischotters auf Basis der Ergebnisse der Brückenkartierung (Methodik siehe Kapitel 2.2) abgebildet.

Die Ergebnisse der Brückenkartierung 2018 werden vergleichend mit jenen Ergebnissen von Kranz aus dem Jahr 2008 und den Ergebnissen von Kofler *et al.* (2018) dargestellt.

Die angeführten Ergebnisse der Brückenkartierung 2008 stammen von: *Kranz A, Polednik L (2009) Fischotter - Verbreitung und Erhaltungszustand 2008 in Niederösterreich. Endbericht im Auftrag der Abteilung Naturschutz des Amtes der Niederösterreichischen Landesregierung, 47 Seiten.*

Die angeführten Ergebnisse der Brückenkartierung 2018 stammen von: *Kofler H, Lampa S, Ludwig T (2018): Fischotterverbreitung und Populationsgrößen in Niederösterreich 2018. Endbericht. ZT KOFLER Umweltmanagement im Auftrag des Amtes der Niederösterreichischen Landesregierung, 117 S.*

Die nachfolgend angegebenen Nachweisdichteklassen basieren grundsätzlich auf Kranz & Polednik (2009) und Kofler *et al.* (2018).

Tabelle 3: Auswertung Brückenkartierung – Nachweisdichteklassen

Nachweisdichteklassen	Durchschnittliche Anzahl Losungen/Brücke/Quadrant
kein Nachweis	keine Losung
sehr geringe Nachweisdichte	> 0 bis ≤ 3 Losungen
geringe Nachweisdichte	> 3 bis ≤ 6 Losungen
hohe Nachweisdichte	> 6 bis ≤ 10 Losungen
sehr hohe Nachweisdichte	> 10 Losungen

Die Losungskartierung von Kranz aus dem Jahr 2008 wurde vornehmlich im Monat November und die Losungskartierung 2018 vornehmlich im Monat Februar durchgeführt.

Da die Losungsanzahl bei Fischottern im Februar höher liegen können als im November (Kruuk 2006; Macdonald & Mason 1987; Prigioni *et al.* 2005), müssen die tatsächlichen Kartierungsergebnisse 2018 dahingehend korrigiert betrachtet werden. Als Ausgangslage diente eine Publikation von Kranz (1996), in der monatliche Markierungsraten für einen Fluss in Niederösterreich bestimmt wurden. Aus diesen Daten wurde eine um 1,23-fach erhöhte Markierungsrate im Februar gegenüber November ermittelt.

Die Losungskartierung im Jahr 2022 wurde vornehmlich im Monat November durchgeführt, somit ist eine Anpassung der hiesigen Daten für die Vergleichbarkeit der Daten mit denen aus 2008 nicht erforderlich. Wie in Kapitel 3.3.1 deutlich wird, ist auch keine Adaptierung der Daten 2018 zu denen aus 2022 erforderlich, da es keine signifikanten Unterschiede in der Losungshäufigkeit oder der Beobachtungswahrscheinlichkeit zwischen Frühjahr 2022 und Herbst 2022 gab. Das heißt es ist davon

auszugehen, dass die Kotrate der Brückenkartierungen 2018 und 2022 auch ohne eine saisonale Adaption miteinander vergleichbar sind und somit auch zu der aus 2008. Die Ergebnisse der Erhebungen zur statistischen Vergleichbarkeit der Kotrate im Frühjahr (Erhebungen 2018 bzw. 2022) zur Kotrate im Herbst (Erhebung 2022 und 2008) werden in Kapitel 3.3.1 ausgeführt.

Im Folgenden werden daher die tatsächlichen Kartierungsergebnisse 2022 mit den tatsächlichen Kartierungsergebnisse 2018, ohne saisonal adaptierte Daten, vergleichend dargestellt und erläutert. Teilweise wird auch auf die Ergebnisse von Kranz & Polednik (2009) aus 2008 eingegangen.

3.1.1 Verbreitung des Fischotters landesweit

Im Jahr 2022 wurden insgesamt 9.250 Fischotterlosungen an 797 Brücken festgestellt. Im Jahr 2018 wurden insgesamt 8.442 Fischotterlosungen an 797 Brücken festgestellt. Im Jahr 2008 wurden an diesen Brücken insgesamt 5.198 Losungen gefunden (Kranz & Polednik 2009, Tab. 1, Seite 8).

Tabelle 4: Auswertung Brückenkartierung – Nachweisdichteklassen

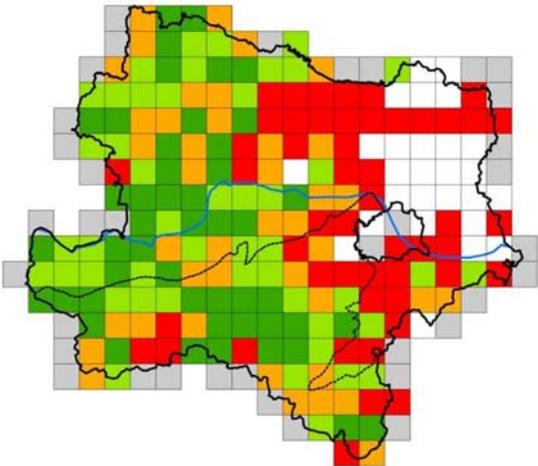
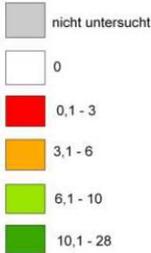
Jahr	Anzahl untersuchter Brücken	Losungen
1999	590	1.481
2008	797	5.198
2018	797	8.442
2022	797	9.250

Die Verbreitung des Fischotters, erfasst auf Basis von Fischotterlosungen, erstreckt sich im Jahr 2022 mehr oder weniger über gesamt Niederösterreich. In fünf Quadranten wurde im Jahr 2022 keine Fischotterlosung nachgewiesen. In diesen Quadranten wurden 2018 Losungen nachgewiesen. In den 7 Quadranten in denen 2018 keine Losungen nachgewiesen wurden, wurden im Jahr 2022 jeweils Losungen nachgewiesen.

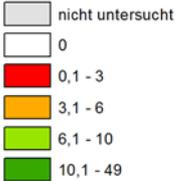
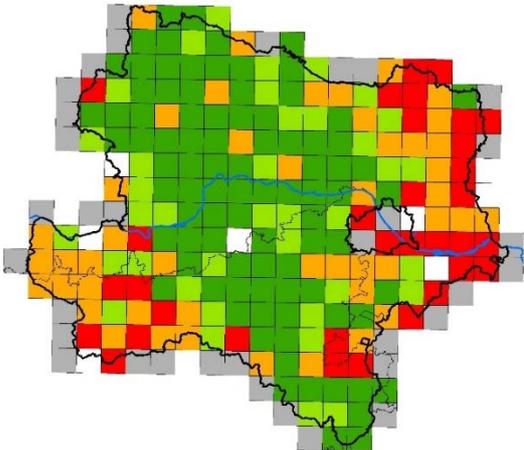
Betrachtet man Abbildung 15, ist auffällig, dass im Vergleich 2018 zu 2022 eine Abnahme der Losungsdichte pro Quadrant im Waldviertel (von dunkelgrün zu hellgrün und orange) stattgefunden hat. Gleichzeitig ist eine starke Zunahme der Losungsdichte pro Quadrant im Wein- und Mostviertel (von rot, orange und hellgrün zu dunkelgrün), im Industrieviertel nur eine leichte Zunahme ersichtlich.

Die Farben in Abbildung 15 verweisen auf die durchschnittliche Losungsanzahl pro Quadrant pro Brücke (grau = nicht untersucht, weiß = kein Nachweis, rot = sehr geringe Nachweisdichte, orange = geringe Nachweisdichte, hellgrün = hohe Nachweisdichte, dunkelgrün = sehr hohe Nachweisdichte). Die schwarz strichlierte Linie südlich der Donau zeigt die Grenze zwischen den biogeographischen Regionen – kontinentale Region im Norden und alpine Region im Süden.

Verbreitung der Fischotternachweise 2008



**Verbreitung der Fischotternachweise
2018**



Verbreitung der Fischotternachweise 2022

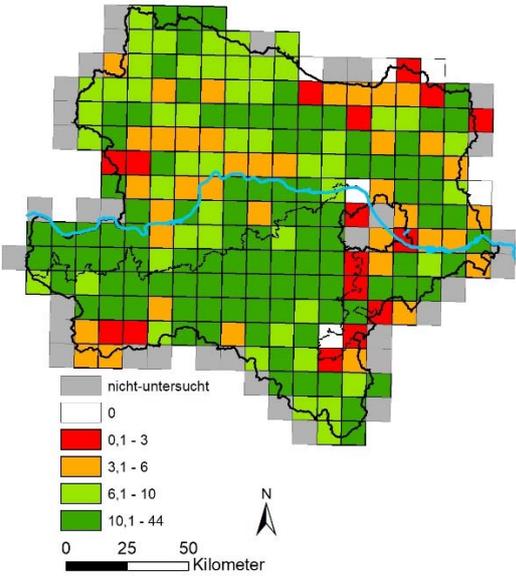


Abbildung 15: Verbreitung der Fischotter 2008, 2018 und 2022

Insgesamt wurden 213 Quadranten untersucht. Ein Vergleich des Vorkommens des Fischotters in den einzelnen Quadranten zeigt folgendes Bild (siehe Abbildung 16):

- In **einem** Quadrant ist eine Neubesiedelung seit 2008 festzustellen (dunkelgrün).
- Vorkommen in allen Erhebungsjahren (2008, 2018 und 2022) wurden in **177** Quadranten festgestellt (hellgrün).
- In **24** Quadranten wurden Fischotternachweise sowohl 2018, als auch 2022, aber nicht 2008 festgestellt (gelb).
- In **5** Quadranten wurden Fischotternachweise sowohl 2008, als auch 2022, aber nicht 2018 festgestellt (orange).
- In **4** Quadranten wurden Fischotternachweise sowohl 2008, als auch 2018, aber nicht 2022 festgestellt (rosa).
- In **einem** Quadrant wurden nur 2018 Fischotter nachgewiesen (pink).
- **Ein** Quadrant war weder 2008, 2018 noch 2022 besiedelt (dunkelrot).
- **34** Quadranten haben einen sehr geringen Anteil an Niederösterreich und wurden nicht untersucht.

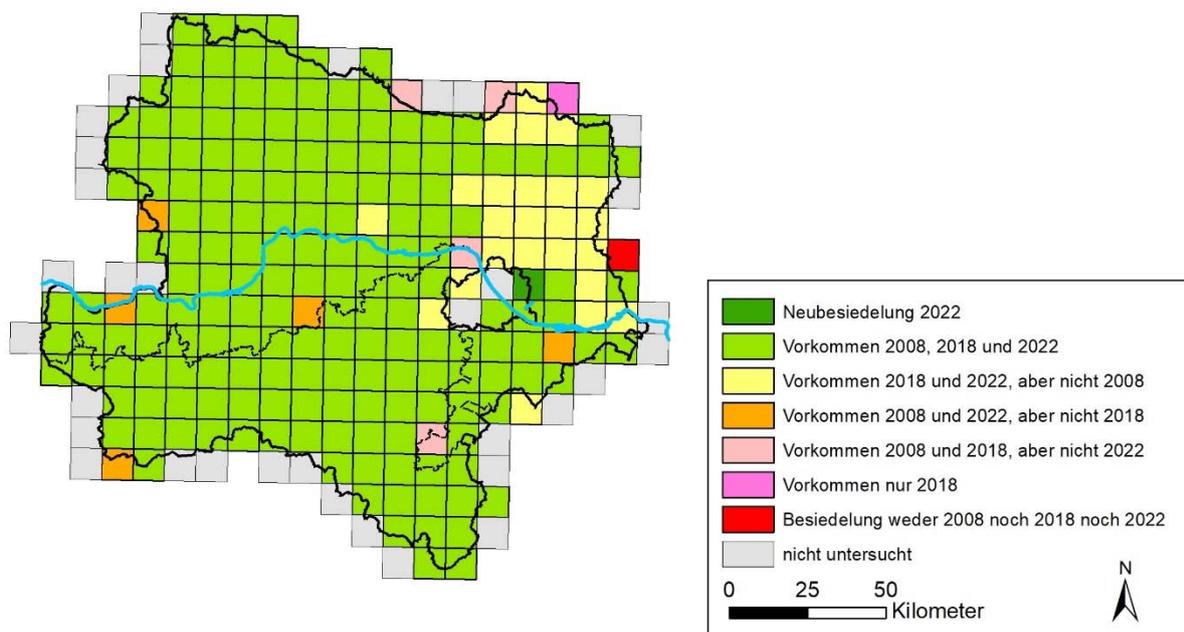


Abbildung 16: Vergleich des Vorkommens des Fischotters 2008 und 2018 und 2022

Nachfolgende Abbildung zeigt im Detail die Veränderung der Losungsdichteklassen pro Quadranten in Niederösterreich von 2018 auf 2022. Es wird dargestellt, ob die Losungsdichte im jeweiligen Quadranten gleichgeblieben ist, oder wie stark eine Veränderung der jeweiligen Dichteklasse gegeben ist.

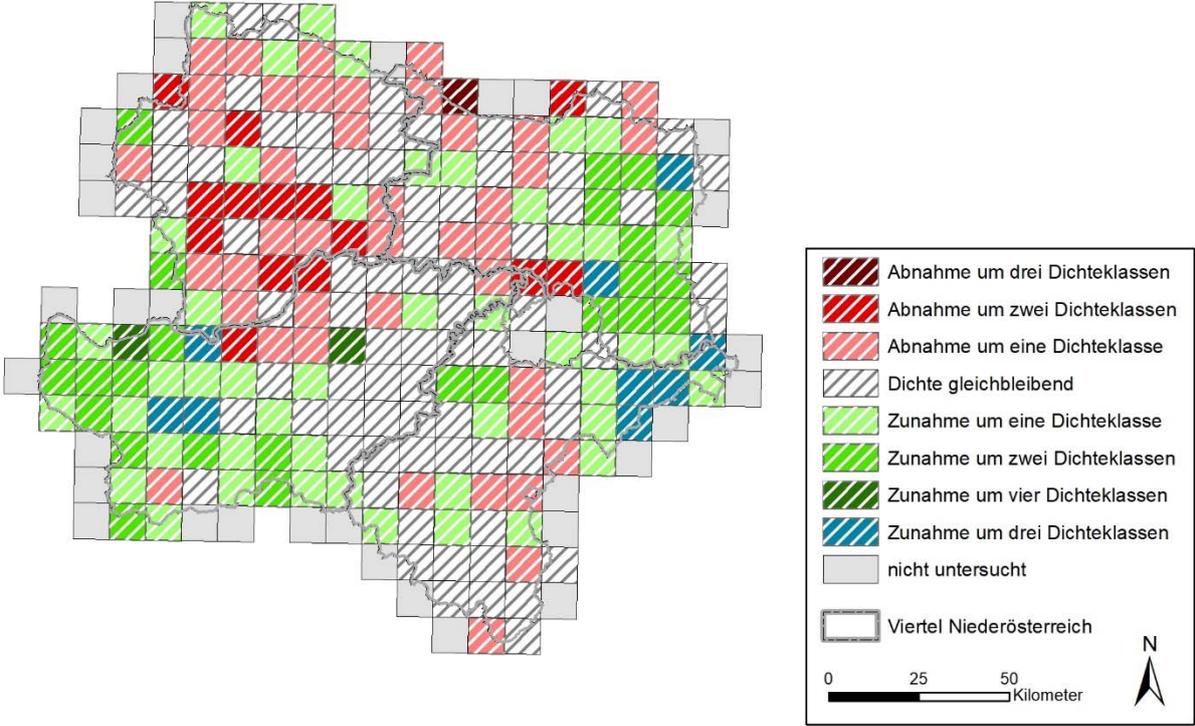


Abbildung 17: Veränderung Losungsdichte in Niederösterreich 2018-2022

Betrachtet man die einzelnen Viertel (Abbildung 17), so ergibt sich eine starke Abnahme der Losungsdichte im Waldviertel. Das Industrieviertel zeigt eine eher gleichbleibende Tendenz ohne einen klaren Trend. Im Mostviertel und im Weinviertel ist eher eine Zunahme der Dichteklassen pro Quadrant ersichtlich.

Die Abnahmen im Nord-Westen und teils auch im Süd-Osten können verschiedene Ursachen haben z.B. erhöhte Mortalität (durch illegale Bejagung, Umweltgifte, Krankheiten, etc.), hoher Konkurrenzdruck und Abwanderung, aber auch ein reduziertes Nahrungsangebot, Entnahmen oder ein erhöhter Einzäunungsgrad. Die Abnahme im Nord-Westen wird ausführlich in Kapitel 3.2.4.3 und 3.3.4 diskutiert und ist aller Wahrscheinlichkeit nach auf den erhöhten Grad an Einzäunung von Fischteichen zurückzuführen.

Tortendiagramme (Abbildung 18) machen die Veränderungen der landesweiten Verbreitung bzw. der Veränderung an Losungsdichten augenscheinlich. Vergleicht man 2018 und 2022, so hat der Anteil der Quadranten ohne Fischotternachweis von 3,3 % auf 2,8 % abgenommen. Auch der Anteil der Quadranten mit sehr wenigen Nachweisen hat von 15,5 % auf 7,5 % im Jahr 2022 abgenommen. Der Anteil an Quadranten mit vielen und sehr vielen Nachweisen hat dagegen zugenommen (17,8 bzw. 41,8 in 2018 auf 23,9 bzw. 47,9 in 2022). Daran ist zu erkennen, dass trotz der Abnahmen im Waldviertel die Nachweisdichte über ganz Niederösterreich zugenommen hat.

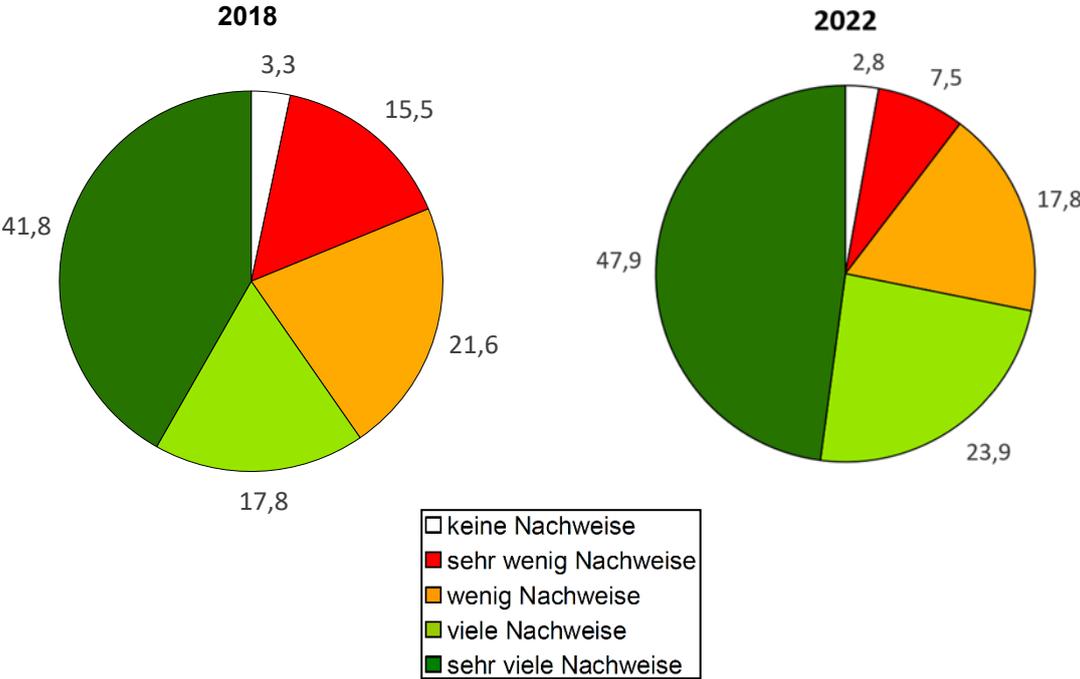


Abbildung 18: Landesweite Betrachtung der Veränderung der Losungsdichteklassen 2018 und 2022

Die Varianzanalyse als Test auf Unterschiede zwischen den Erhebungsjahren 2018 und 2022 in den Losungshäufigkeiten, ergab signifikante Unterschiede zwischen den Jahren in der Menge der frischen Losungen, die 2022 höher ausfielen (Abbildung 19; $p < 0,001$).

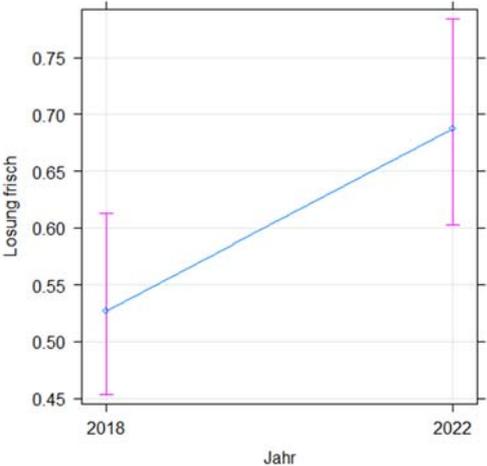


Abbildung 19: Unterschiede in der Häufigkeit frischer Losung zwischen den Jahren 2018 und 2022

Die Ergebnisse in Abbildung 20 zeigen deutlich, dass die Menge frischer Losung nur im Mostviertel signifikant zugenommen hat. Bei mittelalter Losung zeigen Most- und Weinviertel signifikante Zunahmen, während die Menge im Waldviertel, die 2018 recht hoch lag, signifikant abnahm (alle Signifikanzen $p < 0,01$).

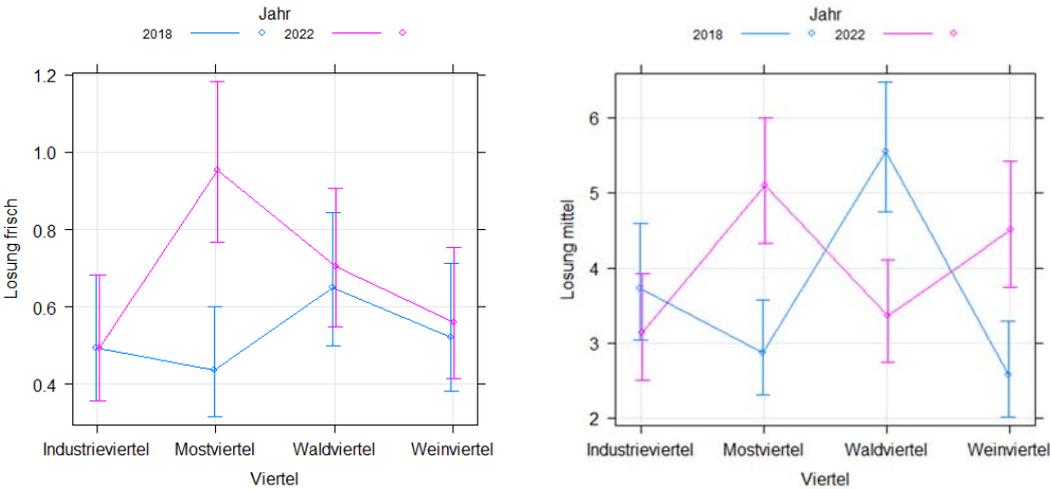


Abbildung 20: Unterschiede in der Häufigkeit frischer (links) und mittelalter Losung (rechts) zwischen den Vierteln und Jahren 2018 und 2022

Das Waldviertel ist damit die einzige Region in Niederösterreich in der die Menge mittelalter, also über längere Zeit kumulierter Losung, seit 2018 signifikant abgenommen hat (Kapitel 3.2.4.3).

Krebse

Im Zuge der Brückenkartierung (797 Brücken) wurde als zusätzliche Information das Vorhandensein von Krebsresten in Fischotterlosungen dokumentiert. Die nachfolgende Abbildung zeigt alle kartierten Fischotterlosungen und darunter jene mit Teilen von Flusskrebsen. Im Jahr 2022 handelt es sich um 159 Brücken mit Krebsnachweisen in Losungen. Im Jahr 2018 wurden 93 Brückenstandorte Krebsnachweisen dokumentiert. Die Anzahl mit Nachweisen hat sich im Vergleich zum Jahr 2018 stark erhöht.

Entsprechend „Flußkrebse in Niederösterreich“ (Hager *et al.* 1998), „Aquatische Neobiota in Österreich“ (BLFUW 2003) und „Gebietsfremde Krebsarten verdrängen heimische Flusskrebse“ (Amt der NÖ Landesregierung 2023, Stand 04.05.2023) kommen in Österreich die heimischen Arten Edelkrebs (*Astacus astacus*), Europäischer Sumpfkrebs (*Astacus leptodactylus*), Dohlenkrebs (*Austropotamobius pallipes*) und Steinkrebs (*Austropotamobius torrentium*) vor. Der Europäische Sumpfkrebs (*Pontastacus leptodactylus*) wird von manchen Autoren im Osten Österreichs zur indigenen Fauna gezählt, aber im restlichen Bundesgebiet als regionaler Neozoe angesprochen (BLFUW 2003). Steinkrebs und Edelkrebs weisen Vorkommen im gesamten Bundesgebiet auf. Der Sumpfkrebs ist auf wenige bekannte Fundstellen beschränkt. Der Dohlenkrebs wurde bis jetzt nur in Kärnten und Tirol nachgewiesen (Amt der NÖ Landesregierung 2023, Stand 04.05.2023). Ebenfalls kommen die nicht heimischen Arten Signalkrebs (*Pacifastacus leniusculus*) (etabliert), Kamberkrebs (*Faxonius limosus*) (mittlerweile etabliert) und Chinesische Wollhandkrabbe (*Eriocheir sinensis*) (Einzelnachweise) vor (BLFUW 2003). Die eindeutige Zuordnung, um welche Krebsart es sich in Fischotterlosungen handelt, ist fachlich nicht möglich. Daher können diese Daten nicht herangezogen werden, um das Vorkommen der heimischen Arten zu dokumentieren. Sie spiegeln lediglich relative Dichten aller Flusskrebse wider, wenn man davon ausgeht, dass sie bei höherer Dichte vermehrt von Fischottern gefressen werden.

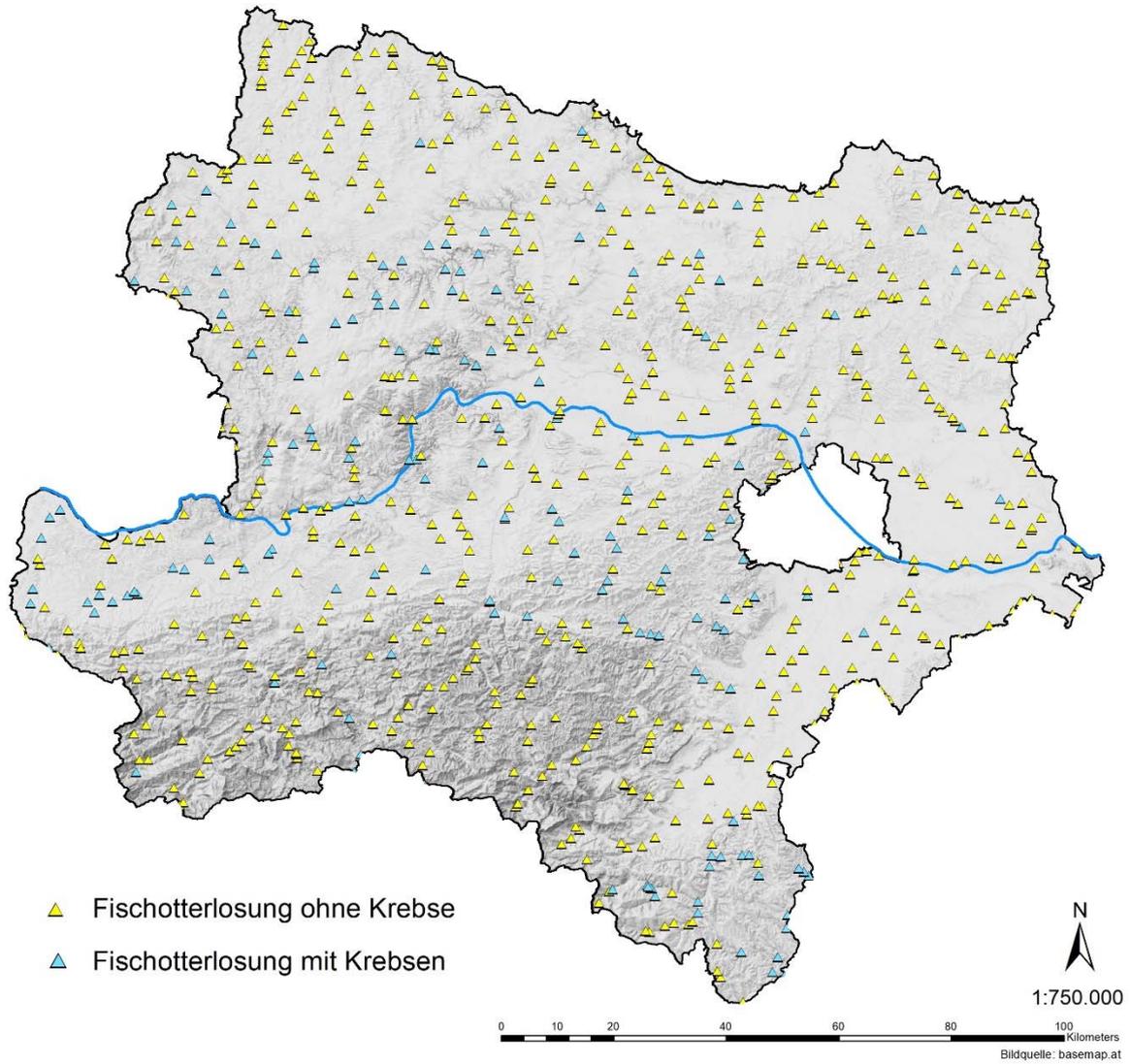


Abbildung 21: Fischotterlosungen mit Krebsen

3.1.2 Verbreitung des Fischotters innerhalb der Biogeographischen Regionen

Analysiert man die Fischotterlosungsdichten entsprechend den biogeographischen Regionen, so zeigt sich eine tendenzielle Zunahme der Fischotterdichte pro Quadrant in der alpinen Region. In der kontinentalen Region konnte keine Tendenz der Zu- oder Abnahme festgestellt werden.

Alpine Region

In der alpinen Region stieg der Anteil von Quadranten mit sehr hoher Fischotternachweisdichte von 41,8 % auf 64,2 % im Vergleich 2018/2022. Gleichzeitig reduzierten sich die Flächen mit sehr wenigen Nachweisen von 14,9 % auf 6,0 %.

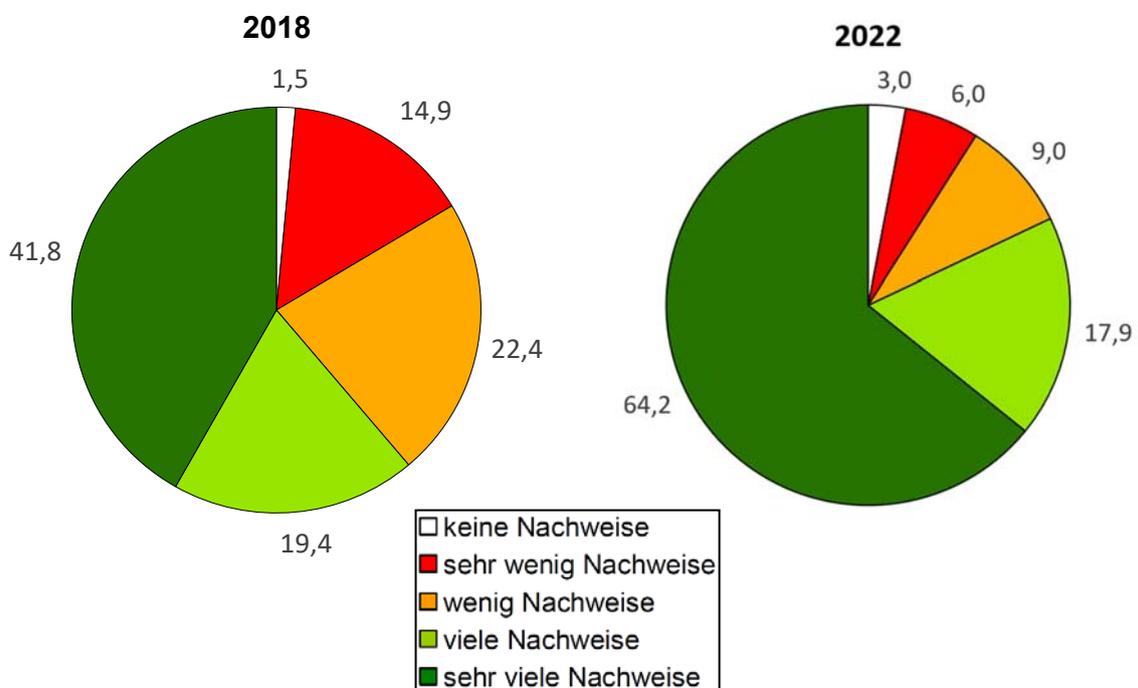


Abbildung 22: Betrachtung der Veränderung der Losungsdichteklassen 2018 und 2022 in der alpinen Region

Kontinentale Region

Das Tortendiagramm zeigt den Rückgang der nicht besiedelten Fläche von 4,1 % im Jahr 2018 auf 2,7 %. Hervorzuheben ist auch die Tatsache, dass sich die Fläche mit sehr hoher Fischotternachweisdichte nicht stark verändert hat – 41,8 % 2018 und 40,4 % 2022.

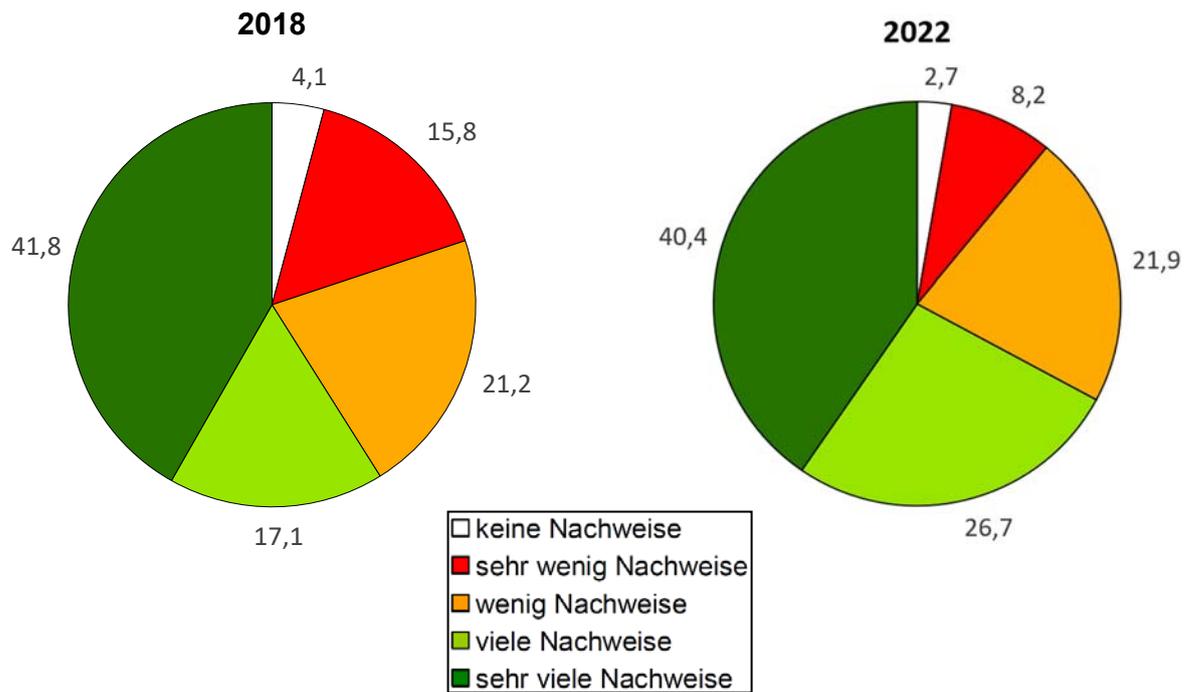


Abbildung 23: Betrachtung der Veränderung der Losungsdichteklassen 2018 und 2022 in der kontinentalen Region

3.2 Fischotterbestandserhebung mittels DNA-Analysen an 5 ausgewählten Fließgewässern

Für die fünf ausgewählten Fließgewässerreferenzabschnitte erfolgt eine Populationsgrößenschätzung mit Hilfe des genetischen Fang-Wiederfangs und entsprechender Modelle (Kapitel 3.2.4.2). Anhand dieser Ergebnisse lassen sich Fischotterdichten für die Referenzgebiete berechnen (Kapitel 3.2.4.3), die unter anderem dazu verwendet werden, mittels Extrapolation den Fischotterbestand für Gesamtniederösterreich hochzurechnen (Kapitel 3.3.4).

3.2.1 Genetische Probenahme

Folgende Probenanzahl konnte in den 5 Erhebungsgebieten gesammelt werden:

- **Waldviertel – R/B:** 10.04.22 - 14.04.2022 → 121 Proben
- **Waldviertel – Reiß:** 15.04.22 - 20.04.2022 (1 Tag mehr, da Proben von Tag 1 nicht am Abend des Sammeltages eingefroren wurden) → 97 Proben
- **Weinviertel:** 10.04.22 - 14.04.22 → 46 Proben; aufgrund geringer Probenanzahl weitere 2 Sammeltage: 28.04.22-29.04.22 → 54 Proben → zusammen 100 Proben
- **Industrieviertel:** 10.04.22 - 14.04.22 → 92 Proben
- **Mostviertel:** 28.03.22 - 30.03.22 und 03.04.22 - 04.04.22 (Aufteilung aufgrund der Wetterlage) → 134 Proben

Insgesamt wurden 544 frische Losungen und „anal jelly“-Proben (schleimiges Sekret aus der Analdrüse) der letzten Nacht gesammelt. Jede Probe wurde in einem Datenblatt mit Datum, Uhrzeit, Witterung, Fundpunkt, SammlerIn, Kotmenge, Schleimgehalt und Frische der Probe aufgenommen und erhielt eine für alle fünf Referenzgebiete einmalige Nummer um Fehler durch Zahlendreher im Laborprozess auszuschließen (z.B. Waldviertel – A001-A200; Weinviertel B201-B400 etc.).

Die Datenbögen zu den Fundpunkten sowie zu den jeweiligen Proben wurden analog ausgefüllt und anschließend digitalisiert und kontrolliert.

In den folgenden Karten wird grafisch dargestellt, wie viele frische Fischotterlosungen während der gesamten Erhebungszeit (Weinviertel + 2 Tage, Reißbach + 1 Tag) in den jeweiligen Gebieten nachgewiesen wurden. Funde, die als Mink oder „Nicht-Fischotter“ identifiziert wurden, wurden bereits ausgegliedert.

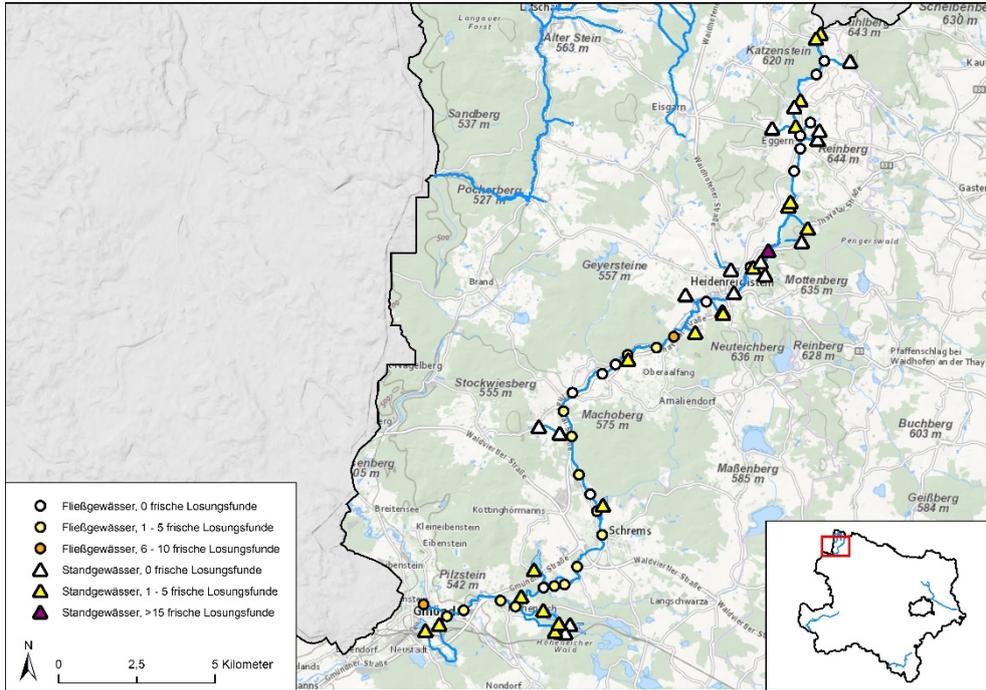


Abbildung 24: In der Grafik sind die Genetik-Erhebungspunkte im Waldviertel Romaubach/Braunbach als Kreise (Fließgewässer) und Dreiecke (Standgewässer) eingetragen. Die Farbintensität zeigt die Anzahl der frischen Losungsfunde an: weiß = 0, gelb = 1-5, orange = 6-10, lila = >15

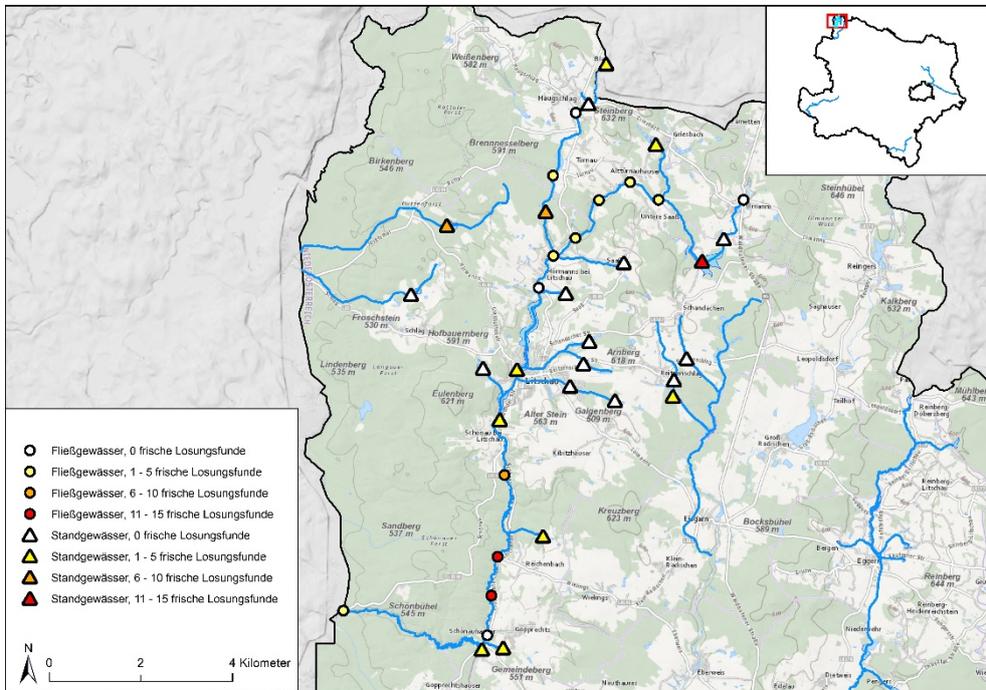


Abbildung 25: In der Grafik sind die Genetik-Erhebungspunkte im Waldviertel Reißbach als Kreise (Fließgewässer) und Dreiecke (Standgewässer) eingetragen. Die Farbintensität zeigt die Anzahl der frischen Losungsfunde an: weiß = 0, gelb = 1-5, orange = 6-10, rot = 11-15

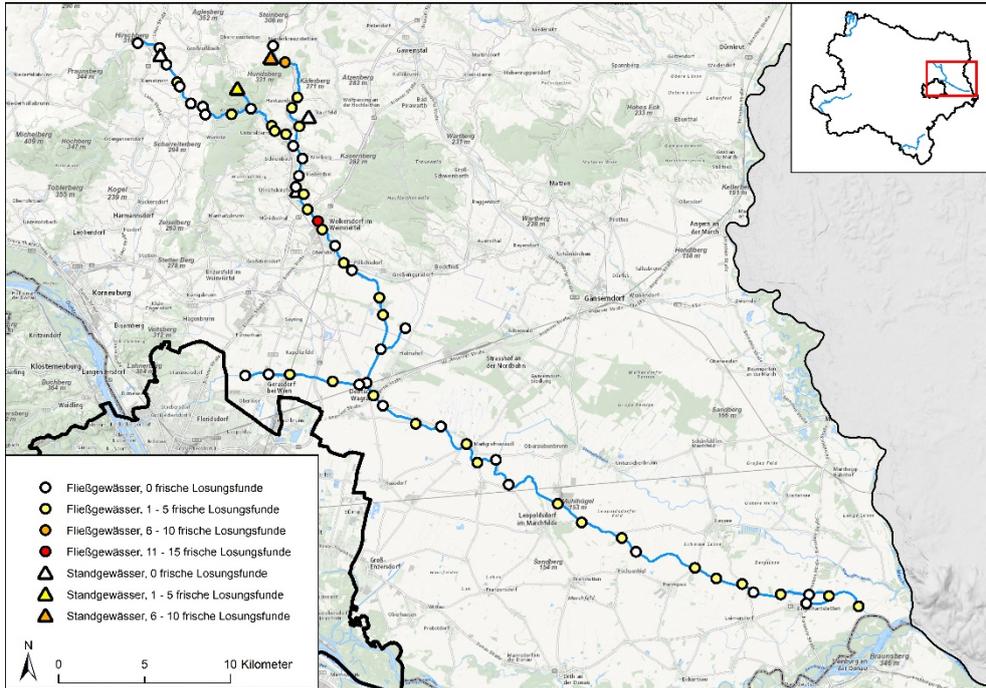


Abbildung 26: In der Grafik sind die Genetik-Erhebungspunkte im Weinviertel als Kreise (Fließgewässer) und Dreiecke (Standgewässer) eingetragen. Die Farbintensität zeigt die Anzahl der frischen Losungsfunde an: weiß = 0, gelb = 1-5, orange = 6-10, rot = 11-15

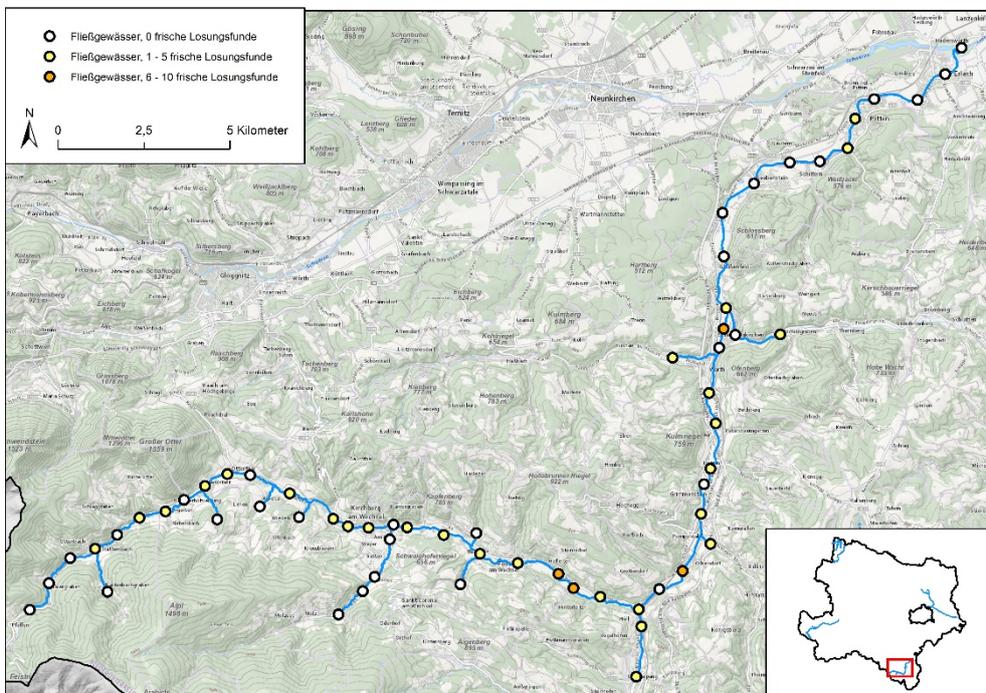


Abbildung 27: In der Grafik sind die Genetik-Erhebungspunkte im Industrieviertel als Kreise (Fließgewässer) eingezeichnet. Es kommen keine Erhebungspunkte an Standgewässern vor. Die Farbintensität zeigt die Anzahl der frischen Losungsfunde an: weiß = 0, gelb = 1-5, orange = 6-10

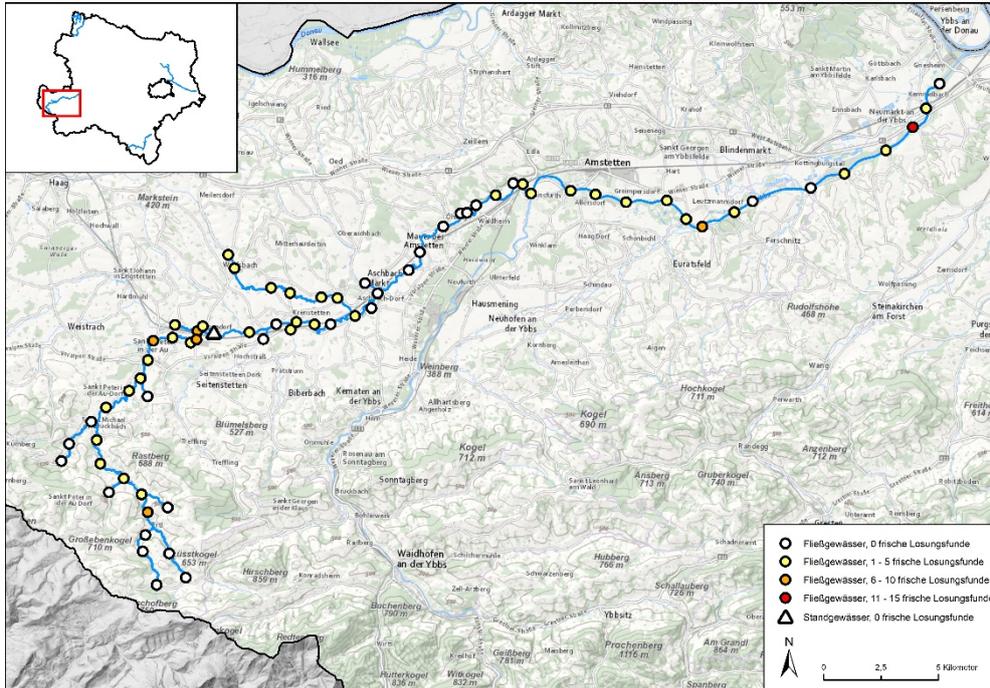


Abbildung 28: In der Grafik sind die Genetik-Erhebungspunkte im Mostviertel als Kreise (Fließgewässer) und Dreiecke (Standgewässer) eingetragen. Die Farbintensität zeigt die Anzahl der frischen Losungsfunde an: weiß = 0, gelb = 1-5, orange = 6-10, rot = 11-15

3.2.2 Erstellung der Genotypen

Von den 544 gesammelten Proben waren 4 Proben doppelt genommene Proben einer bereits beprobten Losung, 11 Proben entstammten sicher keinem Fischotter und 14 Proben wurden aussortiert, da sie aufgrund ihrer Qualität sehr wahrscheinlich keinen Genotyp ergeben hätten. Somit wurden 515 der gesammelten Proben extrahiert und anschließend genotypisiert.

- **Waldviertel – R/B:** 121 gesammelte Proben → 121 extrahierte Proben
- **Waldviertel – Reißb.:** 97 gesammelte Proben → 87 extrahierte Proben
- **Weinviertel:** 100 gesammelte Proben → 89 extrahierte Proben
- **Industrieviertel:** 92 gesammelte Proben → 90 extrahierte Proben
- **Mostviertel:** 134 gesammelte Proben → 128 extrahierte Proben

Von den 515 analysierten Proben konnten 15 Proben einer anderen Art zugeschrieben werden, 10 Proben davon sicher dem Amerikanischen Mink (*Neogale vison*), was anhand der Länge und Art der Signalkurven zu erkennen ist (Lut615: 128 Bp monomorph; Lut733: 132, 140 Bp). Dabei wurden je 2 Minke im Wald- und Industrieviertel gefunden und 6 Minke im Weinviertel (Tabelle 5). Dabei ist zu beachten, dass diese Funde nicht die aktuelle Präsenz der Minke in Niederösterreich repräsentieren, sondern lediglich Zufallsfunde sind, da die Sammler angehalten waren, offensichtliche Minklosungen nicht zu beproben. Zudem wurden, wie oben erwähnt, vor der Analyse etliche Proben per Fotoanalyse aussortiert, die ebenfalls einer anderen Art und damit u.a. dem Mink zugesprochen werden können. In Abbildung 29 sind als Beispiel verschiedene Losungen dargestellt. Während die beiden linken Abbildungen Losungen zeigen, die vom Aussehen her durchaus vom Fischotter hätten stammen können, entpuppten sie sich als Minklosungen. Auf den beiden rechten Abbildungen sind Losungen dargestellt, deren Aussehen eher untypisch für den Fischotter ist, die aber genetisch eindeutig als Fischotter identifiziert werden konnten.



Abbildung 29: Fotos verschiedener Losungen aus allen 4 Vierteln die die Mannigfaltigkeit von Fischotterlosungen und die Ähnlichkeit zu Minklosungen darstellen: Foto A und B entstammen dem Industrie- bzw. Weinviertel und sind Minklosungen. Foto C stammt aus dem Mostviertel und zeigt zwei verschiedenartige Losungen (graue Wurst unten und schwarzer Kleck oben) die beide vom Fischotter sind. Foto D aus dem Waldviertel bildet eine eher ungewöhnlich aussehende Fischotterlosung ab. Alle Losungen wurden genetisch analysiert und sind daher eindeutig bestimmbar.

Die nun 500 verbleibenden potentiellen Fischotterproben können durchaus noch nicht detektierte Proben anderer Arten enthalten, da Proben die keinerlei PCR-Signal zeigen nicht eindeutig zugeordnet werden können. Sie teilen sich wie folgt auf:

- **Waldviertel – R/B:** 117 potentielle Fischotterproben
- **Waldviertel – Reißb.:** 86 potentielle Fischotterproben
- **Weinviertel:** 83 potentielle Fischotterproben
- **Industrieviertel:** 87 potentielle Fischotterproben
- **Mostviertel:** 127 potentielle Fischotterproben

Nach den ersten drei Amplifizierungen mit dem ersten Marker-Set (M1) zeigten von diesen 500 potentiellen Fischotterproben 72 (14,4 %) keinerlei PCR-Signal von 9 möglichen und könnten demnach auch noch zu anderen Arten gehören. Sie wurden zusammen mit weiteren 45 Proben, die nur ein einziges Signal zeigten, aussortiert. Im Laufe der weiteren Analysen wurden weitere 65 Proben, insgesamt also 182 Proben (36,4 %) aufgrund einer zu geringen Qualität aussortiert. In Summe konnten 318 Proben erfolgreich genotypisiert werden und erhielten einen Konsens-Genotyp (Tabelle 5). Das entspricht einer durchschnittlichen Genotypisierungs-Erfolgsrate von 63,6 % mit einer relativ großen Schwankungsbreite von 49,6 % im Waldviertel-R/B bis zu 81,4 % im Waldviertel am Reißbach (Tabelle 5). Im Vergleich zum NÖ-Monitoring 2018 (46,8 %) aber auch zu anderen Studien in Deutschland und Österreich sind diese Zahlen überdurchschnittlich hoch (Cocchiararo *et al.* 2021: 58 %; Holzinger *et al.* 2018: 55,6 %; Lampa 2017 & 2019: 43,2 % & 43 %; Schenekar & Weiss 2021b: 49,3 % Schenekar & Weiss 2018: 32,5 %; Sittenthaler *et al.* 2016 & 2020: 49,4 % & 57 %).

Die Ursachen für den breiten Schwankungsbereich können mannigfaltig sein, zum einen ist das Wetter ein entscheidender Faktor, der die Erfolgsrate beeinflussen kann (Lampa *et al.* 2008; Lerone *et al.* 2014; Sittenthaler *et al.* 2021). Zum anderen kann die unterschiedliche Beschaffenheit der Proben auch zu einem Unterschied im Erfolg der einzelnen Viertel führen. So z.B. wurden im Waldviertel an Romaubach/Braunaubach nur 6 jelly-Proben gefunden (5 %), während in den anderen Vierteln und am Reißbach zwischen 13-34 % der Proben jelly-Proben waren. Jelly-Proben sind bekannt dafür besonders hohe Erfolgsraten zu erzielen (Lampa *et al.* 2008; Hajkova *et al.* 2006; Sittenthaler *et al.* 2021). Am Ende hängt die Erfolgsrate aber auch immer von den Fähigkeiten der einzelnen Sammler ab und wird auch von diesen maßgeblich beeinflusst.

Tabelle 5: Anzahl der gesammelten und extrahierten Proben und deren Qualität, aufgeschlüsselt nach Untersuchungsgebiet (UG): Proben anderer Art, Proben die einen Konsens-Genotyp erhielten (Genotypisiert) und die Anzahl der Individuen die sich aus den genotypisierten Proben ergeben (Anzahl Individuen).

UG	Gesammelt	Extrahiert	Andere Art (von extrahierten)	Genotypisiert	Anzahl Individuen
Waldviertel - R/B	121	121	4 (1 Mink)	58 (49,6 %)	22 (6♂/16♀)
Waldviertel - Reißbach	97	87	1 (1 Mink)	70 (81,4 %)	15 (8♂/7♀)
Weinviertel	100	89	6 (6 Mink)	53 (63,9 %)	14 (3♂/11♀)
Industrieviertel	92	90	3 (2 Mink)	60 (69 %)	12 (5♂/7♀)
Mostviertel	134	128	1 (0 Mink)	77 (60,6 %)	21 (11♂/10♀)
Summe od. Ø	544	515	15	318 (63,6 %)	84 (33♂/51♀)

Die erfolgreich genotypisierten Proben konnten 84 unterschiedlichen Individuen zugeordnet werden (Tabelle 5). Das Geschlechterverhältnis von Männchen zu Weibchen zeigt einen deutlichen Weibchenüberschuss an mit $\delta/\text{♀}=0,65$. Da beide Geschlechter zu gleichen Teilen geboren werden mit z.B. $\delta/\text{♀}=1,13$ (Sidorovich 1991), die Weibchen aber eine höhere Überlebensrate haben (Kruuk 2006; Arrental 2007; Lampa 2015), sollte eine stabile und etablierte Population einen leichten Weibchenüberschuss aufzeigen (Kruuk 2006: $\delta/\text{♀}=0,83$; Lampa *et al.* 2015: $\delta/\text{♀}=0,87$; Sittenthaler *et al.* 2016: $\delta/\text{♀}=0,88$). Schaut man auf die einzelnen Referenzgebiete ist der Weibchenüberschuss im Waldviertel-R/B (0,38) und Weinviertel (0,27) jedoch sehr deutlich und im Industrieviertel moderat mit $\delta/\text{♀}=0,71$. Während sich am Reißbach und im Mostviertel mit je $\delta/\text{♀}=1,1$ sogar ein Männchenüberschuss zeigt. Vergleicht man die Werte mit denen aus anderen Studien, so findet man den deutlichen Männchenüberschuss durchaus (Bayerl *et al.* 2012: $\delta/\text{♀}=1,1$; Lampa 2019: $\delta/\text{♀}=1,5-1,6$; Schenekar & Weiss 2018: $\delta/\text{♀}=1,2$). Für den überdeutlichen Weibchenüberschuss in Wald- und Weinviertel konnte jedoch kein Pendant in der Literatur gefunden werden. Allerdings bewegt sich der gemittelte Wert für NÖ von 0,65 zwischen den Werten der benachbarten Bundesländer Oberösterreich (0,6 - Schenekar & Weiss 2021b), Salzburg (0,65 - Schenekar & Weiss 2021a) und Steiermark (0,86 - Holzinger *et al.* 2018).

3.2.3 Validierung der Genotypen

Die Amplifikations-Erfolgsrate der 8 autosomalen Marker beläuft sich auf 80 % bezogen auf die 318 erfolgreich genotypisierten Proben (Tabelle 6). Auch diese ist wesentlich höher als im Monitoring 2018 die sich im Schnitt auf 60,1 % belief (52,9 – 74,7). Die gonosomalen Mikrosatelliten erzielten für die männlichen Proben beim Vielfraß-Marker (DBY7Ggu) nur eine Rate von 48,1 %, beim otterspezifischen Marker (Lut-SRY) jedoch eine überaus hohe Amplifikationsrate von durchschnittlich 94,6 %. Bei einer solchen geringen Ausfallrate, ist davon auszugehen, dass die Identifizierung des Geschlechts in hohem Maße vertrauenswürdig ist.

Die Amplifikationen zeigten eine vergleichsweise niedrige Fehlerrate von insgesamt 42 %. Dabei wurden bei 1 % der PCRs Artefakte gefunden, während 41 % der PCRs einen Allelausfall zeigten (Tabelle 6). Im Monitoring 2018 lag die Fehlerrate insgesamt bei 64,7 % und damit um einiges höher, so dass auch an dieser Zahl abzulesen ist, dass die genetischen Analysen im Monitoring 2022 eine bessere Leistungsfähigkeit zeigten.

Tabelle 6: Genetische Kenngrößen für jedes Untersuchungsgebiet. Aufgelistet sind die Anzahl der gefundenen Allele (AA) je Marker als Spanne und Mittelwert (\bar{x}), die probability of identity für alle Individuen korrigiert um die Probenanzahl ($PI_{unbiased}$) und für Geschwister (PI_{sib}), die erwartete (H_e) und beobachtete Heterozygotie (H_o), die Amplifikations-Erfolgsrate (AER), die Allelausfallrate (AAR) und die Artefaktrate (AFR). Die jeweiligen Mittelwerte berücksichtigen nur die 8 autosomalen Marker, das Produkt der PI-Werte beinhaltet auch das diskriminatorische Potential des Geschlechts.

	Waldviertel R/B	Waldviertel Reißbach	Weinviertel	Industrie- viertel	Mostviertel
AA	3-5 (\bar{x} 3,9)	3-4 (\bar{x} 3,6)	2-5 (\bar{x} 4,3)	3-5 (\bar{x} 4,4)	4-6 (\bar{x} 4,8)
H_e	0,56	0,62	0,59	0,64	0,62
H_o	0,64	0,65	0,60	0,71	0,73
$PI_{unbiased}$	$8,1 \times 10^{-6}$	$2,3 \times 10^{-5}$	$5,1 \times 10^{-6}$	$8,5 \times 10^{-7}$	$6,4 \times 10^{-6}$
PI_{sib}	$5,4 \times 10^{-3}$	$6,4 \times 10^{-3}$	$5,3 \times 10^{-3}$	$2,3 \times 10^{-3}$	$4,1 \times 10^{-3}$
AER [%]	68,7	82,4	81,8	88,0	79,0
AAR [%]	57,0	36,6	39,1	27,3	47,0
AFR [%]	1,5	1,0	0,93	0,70	1,2

Die verwendeten Marker zeigen hohe beobachtete Heterozygotie-Werte mit einer relativ hohen mittleren Allelzahl von 4,2 Allelen (Tabelle 6). Was exakt der Zahl von 2018 gleicht. Diese hohe Heterozygotie wirkt sich auch positiv auf die „probability of identity“ (PI) aus, die über alle 9 Marker sowohl für Geschwister (PI_{sib}), als auch für nicht verwandte (PI) sehr niedrig ist und die Anforderungen von mind. $1,0 \times 10^{-3}$ für den PI bzw. $1,0 \times 10^{-2}$ für den PI_{sib} (Mills *et al.* 2000; Waits *et al.* 2001) eindeutig erfüllt (Tabelle 6).

Zur weiteren Kontrolle der identifizierten Genotypen wurde mithilfe des Programms DROPOUT nochmals auf Genotypisierungsfehler und mögliche Geisterindividuen getestet. Geisterindividuen sind Genotypen, die als neues zusätzliches Individuum gewertet werden, dieser Genotyp aber aufgrund von Fehlern entstanden ist und das Individuum wäre eigentlich ein Wiederfang eines bereits bekannten Individuums. Dadurch werden dem Datensatz fälschlicherweise nicht real existierende Individuen hinzugefügt, so dass mehr Individuen gezählt werden als eigentlich präsent sind. Ein Indiz, ob ein Genotyp ein Geisterindividuum sein könnte, ist die Ähnlichkeit dieses Genotyps zu anderen Genotypen, da sich Geisterindividuen meist nur in wenigen Markern (1-2) von ihrem realen eigentlichen Genotyp unterscheiden (McKelvey & Schwartz 2004). In Abbildung 30 ist die Verteilung der unterschiedlichen Marker zwischen allen Individuenpaaren je Referenzgebiet dargestellt. Es zeigte sich, dass sich im Waldviertel-R/B zwei Individuen nur in einem Marker unterscheiden. Allerdings handelt es sich um jeweils 4 Losungen je Genotyp und es hätte dann an 4 Losungen jeweils ein Artefakt und ein Allelausfall stattfinden müssen. Das ist – auch bei der vergleichsweisen geringen Fehlerrate – eher unwahrscheinlich. Zudem trennte diese beiden Individuen > 20 km und es wurden Losungen in den gleichen Nächten in beiden Gebieten gefunden. Daher wurden diese Individuen als getrennte Individuen im Datensatz aufgenommen, aber als potentielles Geisterindividuum für folgende Analysen markiert. Individuenpaare mit 2 unterschiedlichen Markern wurden im Waldviertel-R/B (1), im Industrieviertel (2) und im Mostviertel (1) ermittelt (Abbildung 30). Auch hier zeigten die meisten unvereinbare Markerunterschiede mit 3 Allelen (z.B. 176/180 vs. 180/188), wurden durch eine Gruppe von Losungen repräsentiert und lagen in ihren Fundpunkten weit auseinander, weshalb sie als getrennte Individuen behandelt wurden. Lediglich 2 Paare, je eins im Industrie- und Mostviertel, wurden nah beieinander

gefunden, hatten Unterschiede die sich durch Allelausfälle erklären lassen und waren teils nur durch je ein Individuum repräsentiert. Diese beiden hatten das höchste Potential Geisterindividuen zu sein. Sie wurden aber (auch nach weiteren Wiederholungen) im Datensatz als getrennt aufgenommen, weil im ersten Fall die Gruppe von Losungen den Allelausfall hätte zeigen müssen oder die Einzelprobe 2 Artefakte. In dem zweiten Fall handelte es sich um unterschiedliche Geschlechter plus einen unterschiedlichen autosomalen Marker. Alle Proben zeigten zuverlässige und eindeutige Genotypen bei jeweils geringen Ausfallraten, weswegen sie nicht aus dem Datensatz entfernt wurden. Denn diese potentiellen Geisterindividuen könnten ebenso gut eine Fähe mit Jungtier sein. Jungtiere werden seltener durch ihren Kot detektiert, weil sie ihn noch nicht gezielt zur Kommunikation absetzen, so dass Einzelfänge dieser wahrscheinlich sind. Zudem sind sie sehr ähnlich zum Genotyp ihrer Mutter und halten sich an den gleichen oder nah gelegenen Punkten auf. Aus diesem Grunde wurden diese Proben als getrennte Individuen gewertet, aber in den Folgeanalysen als potentielle Geisterindividuen behandelt.

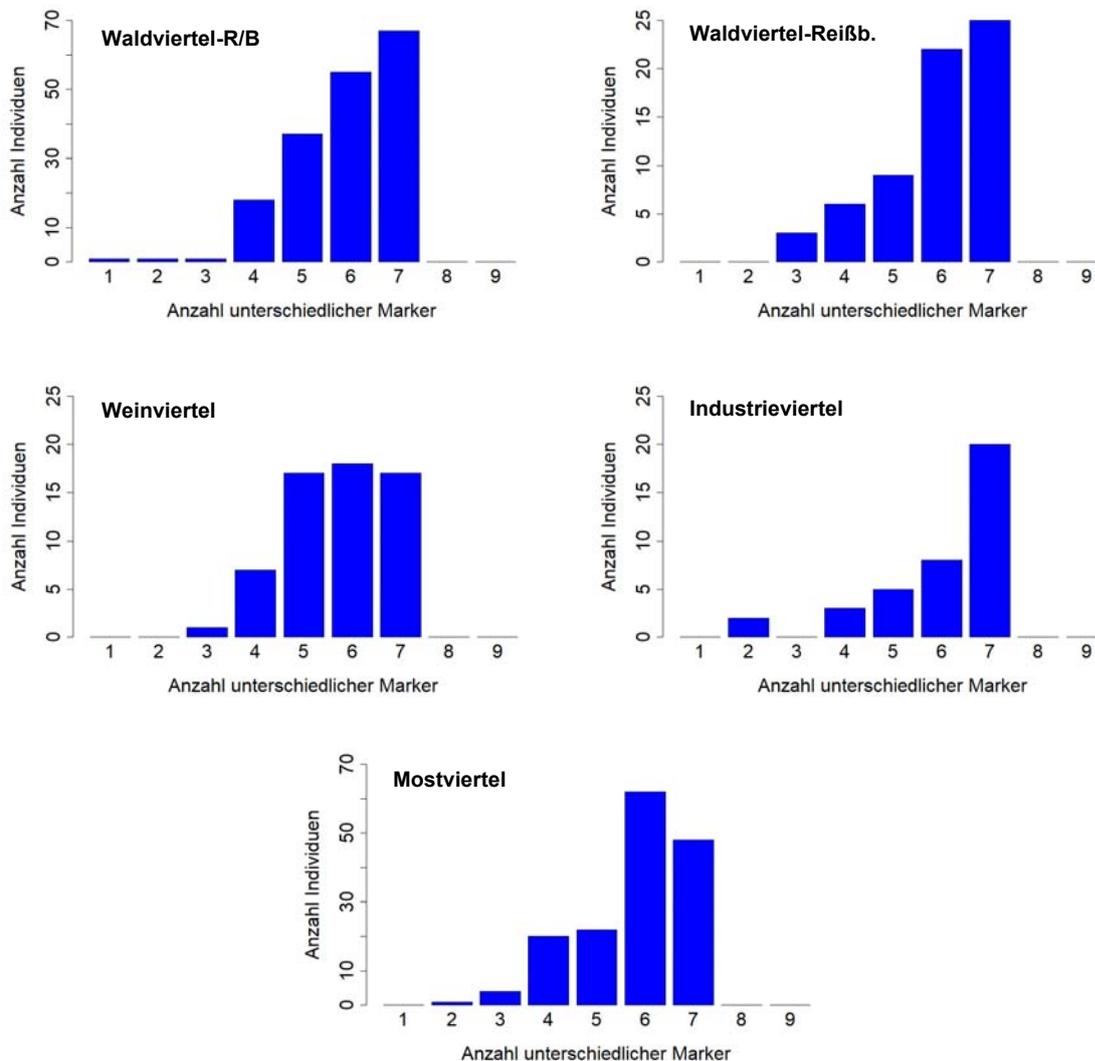


Abbildung 30: Anzahl der Individuenpaare, deren Genotyp sich in je 1-9 Mikrosatelliten-Markern unterscheiden je Referenzgebiet.

3.2.4 Populationsgrößenschätzung und Raumnutzung

3.2.4.1 Test auf geschlossene Population

Mit Ausnahme des Weinviertels, waren die Sammelperioden von 5-8 Tagen kurz genug, um zunächst von einer „geschlossenen Population“ auszugehen, da eine nennenswerte Anzahl von Geburten oder Todesfällen in dieser kurzen Zeit sehr unwahrscheinlich ist. Auch scheint eine permanente Migration einzelner Tiere innerhalb eines solchen Zeitraumes sehr unwahrscheinlich. Im Weinviertel verteilten sich die 7 Sammeltage auf eine Sammelperiode von 20 Tagen, eine zwar immer noch vergleichsweise kurze Zeitspanne, in der es aber durchaus zu Zugängen oder Abgängen und vor allem zu temporären Migrationen in der Population gekommen sein könnte. Die zufällige temporäre Migration einzelner Tiere, die während der Sammelperiode aus dem Untersuchungsgebiet heraus- und/oder wieder hereinlaufen, weil z.B. ihre Reviere durch die Lage der Untersuchungsgebiete nur angeschnitten werden, sind allerdings mit der Anwendung von geschlossenen Fang-Wiederfang-Modellen vereinbar. Sie verzerrten die Ergebnisse dieser Modelle nicht, sondern reduzieren lediglich die Präzision der Schätzung (Boulanger *et al.* 2002; Kendall 1999).

Mit Hilfe des recruitment-Modell von Pradel (1996) sollte getestet werden, ob es tatsächlich keine Zu- oder Abgänge in Form von Tod, Geburt oder permanenter Migration in den Populationen gab. Es wurde das meist reduzierte Modell mit konstanten Parametern über alle Sammeltage und alle Individuen erstellt und mit dem entsprechenden Modell, das weder Zu- noch Abgänge zulässt, verglichen. In den Gebieten mit Unterbrechungen während des Sammelns (Most- und Weinviertel) wurden zusätzlich unterschiedliche Fangwahrscheinlichkeiten für die Sammelperioden zugelassen und dieses Modell mit dem baugleichen, welches keine Zu- oder Abgänge erlaubt, verglichen.

In den zwei Untersuchungsgebieten des Waldviertels und im Industrieviertel zeigte sich, dass das Modell welches keine Zu- oder Abgänge zulässt ($\Phi(1)p(.).f(0)$) einen leicht höheren Erklärungsgehalt aufweist (Tabelle 7) und es sich anhand des LR-Tests kaum vom jeweiligen Modell, das Zu- und Abgänge zulässt, unterscheidet. Im Weinviertel zeigte sich, dass die Modelle die Zeitvariationen erlauben (t), zum einen besser geeignet waren die Parameter zu schätzen (siehe $\Delta AICc$) und es nur bei diesen keinen Unterschied zwischen den Modellen mit und ohne Zu-/Abgänge gab. Es kam demnach in diesen Untersuchungsgebieten weder zu nennenswerten Verlusten oder Zugängen durch Tod bzw. Geburt, noch zu einer permanenten Emi- oder Immigration, so dass für die Schätzung der Populationsgröße von einer „geschlossenen Population“ ausgegangen werden kann. Wobei bei der anschließenden Populationsgrößenschätzung im Weinviertel auf die scheinbar vorhandenen unterschiedlichen Fangwahrscheinlichkeiten aufgrund des langen Sammelzeitraums von 20 Tagen geachtet werden muss.

Anders sieht es im Mostviertel aus – hier zeigte sich ein deutlicher Unterschied zwischen den Modellen, wobei das Modell, das Emi- und Immigration zulässt, den höchsten Erklärungsgehalt aufwies (Tabelle 7). Anhand der Parameter ist zu erkennen, dass es in diesem Untersuchungsgebiet laut Modell wohl zu einer Immigration – also einer Zuwanderung – in das Gebiet gekommen ist, während es wohl keine Emigration gab.

Tabelle 7: Ergebnisse des recruitment-Modells von Pradel (1996) als Test für eine geschlossene Population in den einzelnen Untersuchungsgebieten. Φ entspricht dabei der Fidelity (Ortstreue) und ist ein Indikator für Emigration. „f“ ist die „recruitment rate“ und ist ein Indikator für Immigration. Weitere Angaben: die Anzahl der vom Modell geschätzten Parameter (k), die Fangwahrscheinlichkeit (p), der Unterschied in den AICc-Werten ($\Delta AICc$) – wobei das am besten geeignete Modell ein Wert von 0,00 hat – und die Signifikanzniveaus p des Likelihood-ratio-Tests (LR) im Verhältnis zum „besten“ Modell. Die Abkürzungen in der Modellbezeichnung sind: konstant (.), zeitvariabel (t) oder fixiert auf 0 (keine Immigration) bzw. 1 (keine Emigration).

Waldviertel – Romaubach/Braunaubach						
Modell	k	Φ	p	f	$\Delta AICc$	p (LR-Test)
Phi(1)p(.).f(0)	1	1 (fixiert)	0,33 ± 0,05	0 (fixiert)	0,00	–
Phi(.).p(.).f(.)	3	0,88 ± 0,09	0,43 ± 0,10	0,07 ± 0,08	2,87	0,43

Waldviertel – Reißbach						
Modell	k	Φ	p	f	$\Delta AICc$	p (LR-Test)
Phi(1)p(.).f(0)	1	1 (fixiert)	0,38 ± 0,06	0 (fixiert)	0,00	–
Phi(.).p(.).f(.)	3	0,95 ± 0,10	0,44 ± 0,12	0,07 ± 0,10	4,02	0,74

Weinviertel						
Modell	k	Φ	p	f	$\Delta AICc$	p (LR-Test)
Phi(1)p(t).f(0)	2	1 (fixiert)	p ₁ 0,23 ± 0,05 p ₂ 0,54 ± 0,10	0 (fixiert)	0,00	–
Phi(.).p(t).f(.)	4	0,94 ± 0,06	p ₁ 0,34 ± 0,10 p ₂ 0,65 ± 0,14	0,11 ± 0,08	2,11	0,23
Phi(.).p(.).f(.)	3	0,97 ± 0,09	0,46 ± 0,09	0,17 ± 0,08	3,44	0,02
Phi(1)p(.).f(0)	1	1 (fixiert)	0,31 ± 0,05	0 (fixiert)	6,72	–

Industrieviertel						
Modell	k	Φ	p	f	$\Delta AICc$	p (LR-Test)
Phi(1)p(.).f(0)	1	1 (fixiert)	0,33 ± 0,07	0 (fixiert)	0,00	–
Phi(.).p(.).f(.)	3	0,94 ± 0,11	0,47 ± 0,15	0,25 ± 0,17	1,8	0,19

Mostviertel						
Modell	k	Φ	p	f	$\Delta AICc$	p (LR-Test)
Phi(.).p(t).f(.)	4	1 ± 0,79x10 ⁻⁸	p ₁ 0,72 ± 0,12 p ₂ 0,47 ± 0,09	0,36 ± 0,13	0,00	0,0014
Phi(.).p(.).f(.)	3	1 ± 0,00	0,55 ± 0,07	0,26 ± 0,10	0,16	0,0015
Phi(1)p(t).f(0)	2	1 (fixiert)	p ₁ 0,34 ± 0,06 p ₂ 0,48 ± 0,08	0 (fixiert)	8,34	–
Phi(1)p(.).f(0)	1	1 (fixiert)	0,39 ± 0,05	0 (fixiert)	8,64	–

Bei einem Blick auf die Rohdaten wird deutlich, warum es zu diesem Ergebnis kommt (Tabelle 8). An den Sammeltagen 3 und 4 wurden teilweise mehr als doppelt so viele Proben gesammelt und erfolgreich genotypisiert. Zudem tauchten an den letzten beiden Sammeltagen viele bis dahin unbekannte Tiere auf.

Tabelle 8: *Sammel- und Genotypisierungserfolg der 5 Sammeltage im Untersuchungsgebiet Mostviertel*

	1. Tag	2. Tag	3. Tag	4. Tag	5. Tag
Gesammelte Proben (ohne Proben anderer Arten)	17	16	31	41	24
Genotypisierte Proben	10	8	20	23	16
Genotypisierte Individuen	6	7	10	11	11
Genotypisierungserfolg	0,59	0,5	0,65	0,56	0,67
Neu hinzugekommene Individuen	6	3	3	5	4

Das kann unterschiedliche Ursachen haben: Es könnte sein, dass die 9 Individuen, die erst an Tag 4 und 5 detektiert wurden, zumindest teilweise bereits in den ersten drei Tagen gesammelt worden sind, aber nicht erfolgreich genotypisiert werden konnten. Ebenso gut könnten sich tatsächlich Tiere an den ersten drei Sammeltagen außerhalb des UGs aufgehalten haben, die erst ab dem 4. Sammeltag wieder in das Gebiet einwanderten. Wie bereits oben erwähnt, verzerren zufällige Bewegung aus dem UG heraus oder in das UG herein nicht die Ergebnisse von geschlossenen Fang-Wiederfang-Modellen, sie reduzieren lediglich die Präzision der Schätzung (Kendall 1999).

Der Unterschied zwischen den ersten drei Sammeltagen und den letzten 2 Sammeltagen könnte aber auch durch die wetterbedingte Sammelunterbrechung von 3 Tagen induziert worden sein, wodurch der Verhaltenseffekt der Fischotter sich durch den Neustart zweifach auf die Fangwahrscheinlichkeit auswirken konnte. Ein weiterer Punkt ist, dass viele der neu gefundenen Individuen am 4. oder 5. Tag nur durch eine einzelne Probe repräsentiert sind. Vor allem diese Proben könnten auch Geisterindividuen sein (was im Mostviertel durchaus sein könnte – siehe Kapitel 3.2.3). Und schließlich führt eine unterschiedliche Fangwahrscheinlichkeit zwischen Individuen (Heterogenität) ebenfalls zu einer scheinbaren Immi- und/oder Emigration (Lukacs 2010). Alle diese genannten Effekte können dann in Folge von Fang-Wiederfang-Modellen fälschlicherweise als Immigration gewertet werden. Deshalb und aufgrund der kurzen Sammelperiode von 8 Tagen ist eine zufällige temporäre Migration (im Gegensatz zu einer permanenten Migration) höchst wahrscheinlich, wie Boulanger *et al.* (2002) demonstrieren konnten. Dadurch ist es vertretbar ein „geschlossenes“ Populationsmodell auf die Daten anzuwenden. Allerdings sollten im Mostviertel die potentiell sammelinduzierten, analysebedingten oder verhaltensinduzierten variierenden Sammelerfolge durch entsprechende Modellanpassungen während der Populationsgrößenschätzung Rechnung getragen werden.

3.2.4.2 Populationsgrößenschätzung

Die Ergebnisse der Populationsgrößenschätzung mit dem fehlerintegrierenden LB-Schätzer in Programm MARK sind in Tabelle 10 dargestellt. Die Ermittlung der Wahrscheinlichkeit eines korrekten Genotyps (α) ergab sich aus der Anzahl der potentiellen Geisterindividuen jedes Datensatzes (siehe Kapitel 3.2.3) und ist der Tabelle 9 zu entnehmen.

Tabelle 9: Ermittlung der Wahrscheinlichkeit eines korrekten Genotyps (α) zur besseren Parametrisierung der LB-Modelle

	Waldviertel R/B	Waldviertel Reißb.	Weinviertel	Industrie- viertel	Mostviertel
Anzahl genotypisierter Individuen	22	15	14	12	21
Anzahl potentieller Geisterindividuen	3	1	0	2	1
Wahrscheinlichkeit eines korrekten Genotyps (α)	0,86	0,93	1	0,83	0,95

Nur im Weinviertel ergab die Fehleranalyse, dass der Datensatz sehr wahrscheinlich fehlerfrei ist ($\alpha=1$). Somit entsprechen die Modelle im Weinviertel mit dem Kürzel $M_{\alpha(\text{fix})}$ den konventionellen geschlossenen Populationsmodellen in MARK (White & Burnham 1999) ohne eine Fehlerintegration. Allerdings blieb nur eines dieser Modelle nach der Modellauswahl übrig, da die Hälfte ($n=6$) der anfänglich erstellten Modelle ($n=12$) deutlich schlechter ($\Delta\text{AICc} > 7$) als das am besten geeignete Modell waren und somit aus dem Modellset entfernt wurden. Von den übrigen 6 Modellen konnten bei 3 Modellen mehrere Parameter unter anderem „N“ (Populationsgröße) nicht geschätzt werden und mussten aus dem Modellset entfernt werden, so dass nur 3 Modelle im Modellset übrigblieben (Tabelle 10). Ähnlich verhielt es sich bei Untersuchungsgebieten in denen die Sammeltage nicht direkt aufeinanderfolgten und Unterbrechungen von mehreren Tagen vorlagen. In diesen beiden UGs zeigte sich, dass sowohl der zeitliche Effekt als auch der durch die Fischotter begründete Verhaltenseffekt einen großen Einfluss hatten. Während in allen anderen Gebieten mit zusammenhängenden Sammeltagen M_t/M_{tb} -Modelle weniger Wichtung hatten. Wie bereits erwähnt, zeigen Fischotter eine deutliche Reaktion auf das Wegnehmen oder Bearbeiten ihrer Hinterlassenschaft, die zur Kommunikation mit Artgenossen gedacht ist. Da diese Reaktion zunächst stark ausfällt und sich dann abschwächt, scheint es nicht ratsam zu sein, während des Peaks (3.-4. Tag) dieser Verhaltensreaktion das Sammeln abzubrechen (wie im Mostviertel mit 3+2 Sammeltagen) und durch einen erneuten Sammelstart wieder eine Verhaltensreaktion zu provozieren. Dadurch zeigt sich, dass eine Schätzung die auf diese Variationen in der Fangwahrscheinlichkeit nicht reagieren kann, nicht vertrauenswürdig ist. Am Reißbach im Waldviertel wurden als einziges UG 6 hintereinander folgende Sammeltage durchgeführt. Nur in diesem Gebiet war keines der 10 erstellten Modelle deutlich „schlechter“ und wurde aus dem Modellset entfernt. Ebenso gab es kein Modell mit nicht schätzbaren Parametern, so dass alle 10 Modelle im Modellset verblieben. Unter Umständen hat nach 6 Sammeltagen keiner der Effekte (Zeit, Verhalten, Gruppenzugehörigkeit) mehr einen maßgeblichen Einfluss auf die Fangwahrscheinlichkeit.

Tabelle 10: Ergebnisse der geschlossenen Populationsgrößenschätzungen für alle Referenzgebiete mit dem fehlerintegrierenden LB-Schätzer in Programm MARK. Die Modelle sind geordnet nach ihrem AICc-Wert. Angaben für jedes Modell: Anzahl der vom Modell geschätzten Parameter (k), die Differenz zum „besten“ Modell ($\Delta AICc$), die Wahrscheinlichkeit eines Modells ($AICc$ weight) und die Populationsgrößenschätzung für das jeweilige Modell (N) und der gewichtete Mittelwert. Für die Schätzungen sind Standardfehler (SE) und das 95 % Konfidenzintervall (95 % KI) angegeben.

Waldviertel – Romaubach/Braunaubach (Genotypen = 22)				
Modell ($\alpha_{(fix)} = 0,86$)	k	$\Delta AICc$	AICc weight	$N \pm SE$ (95 % KI)
$M_{0_a(fix)}$	2	0,00	0,34	$20,3 \pm 1,7$ (17,3 – 23,8)
$M_{b_a(fix)}$	3	1,67	0,15	$19,5 \pm 1,5$ (16,9 – 22,6)
$M_{tb_cov_a(fix)}$	3	1,78	0,14	$18,9 \pm 0,006$ (18,90 – 18,93)
M_0	3	2,07	0,12	$19,4 \pm 4,4$ (13,0 – 30,0)
$M_{t_cov_a(fix)}$	2	2,74	0,09	$19,4 \pm 1,0$ (17,4 – 21,5)
M_b	4	3,83	0,05	$19,7 \pm 4,4$ (12,8 – 20,3)
M_{tb_cov}	4	3,93	0,05	$19,1 \pm 3,8$ (12,9 – 28,1)
M_{t_cov}	3	4,23	0,04	$17,0 \pm 3,1$ (11,9 – 24,4)
$M_{h_a(fix)}$	4	4,27	0,04	$20,3 \pm 1,7$ (17,3 – 23,8)
Gewichteter Mittelwert				$19,6 \pm 2,5$ (14,7 – 24,5)

Waldviertel – Reißbach (Genotypen = 15)				
Modell ($\alpha_{(fix)} = 0,93$)	k	$\Delta AICc$	AICc weight	$N \pm SE$ (95 % KI)
$M_{h_a(fix)}$	4	0,00	0,20	$14,5 \pm 1,2$ (12,3 – 17,2)
$M_{0_a(fix)}$	2	0,02	0,20	$14,1 \pm 0,9$ (12,4 – 16,0)
$M_{t_cov_a(fix)}$	2	0,12	0,19	$14,1 \pm 0,9$ (12,4 – 15,9)
M_0	3	1,95	0,08	$15,2 \pm 1,1$ (13,3 – 17,4)
$M_{b_a(fix)}$	3	1,99	0,08	$14,4 \pm 1,6$ (11,7 – 17,8)
M_{t_cov}	3	2,00	0,07	$15,2 \pm 1,0$ (13,3 – 17,4)
$M_{tb_cov_a(fix)}$	3	2,22	0,07	$14,2 \pm 1,4$ (11,8 – 17,2)
M_h	5	2,54	0,06	$16,5 \pm 2,7$ (12,0 – 22,7)
M_b	4	4,06	0,03	$15,5 \pm 1,7$ (12,6 – 19,1)
M_{tb_cov}	4	4,19	0,03	$15,3 \pm 1,5$ (12,7 – 18,4)
Gewichteter Mittelwert				$14,6 \pm 1,44$ (11,7 – 17,4)

Weinviertel (Genotypen = 14)				
Modell ($\alpha_{(fix)}= 1$)	k	$\Delta AICc$	AICc weight	N \pm SE (95 % KI)
M _{t2_α(fix)}	3	0,00	0,54	14,1 \pm 1,0 (12,3 – 16,3)
M _{t2}	4	0,93	0,34	12,0 \pm 2,2 (8,3 – 17,2)
M _{t2b2}	6	2,98	0,12	12,0 \pm 2,1 (8,4 – 16,8)
Gewichteter Mittelwert				13,1 \pm 2,0 (9,2 – 17,0)

Industrievierviertel (Genotypen = 12)				
Modell ($\alpha_{(fix)}= 0,83$)	k	$\Delta AICc$	AICc weight	N \pm SE (95 % KI)
M _{h_α(fix)}	4	0,00	0,34	12,6 \pm 3,2 (7,6 – 20,6)
M _{0_α(fix)}	2	0,38	0,28	10,4 \pm 1,1 (8,4 – 12,8)
M _h	5	1,61	0,15	16,4 \pm 4,7 (9,4 – 28,5)
M ₀	3	2,60	0,09	10,6 \pm 3,6 (5,6 – 20,2)
M _{t_cov}	3	3,51	0,06	8,3 \pm 2,3 (4,8 – 14,2)
M _{tb_cov_α(fix)}	3	4,10	0,05	9,6 \pm 0,00 (9,96 – 10,0)
M _{tb_cov}	4	5,69	0,02	8,0 \pm 2,3 (4,6 – 14,0)
Gewichteter Mittelwert				11,9 \pm 3,8 (4,5 – 19,3)

Mostviertel (Genotypen = 21)				
Modell ($\alpha_{(fix)}= 0,95$)	k	$\Delta AICc$	AICc weight	N \pm SE (95 % KI)
M _{t2b2_α(fix)}	5	0,00	0,66	21,4 \pm 3,5 (15,6 – 29,4)
M _{t2b2}	6	1,90	0,25	22,5 \pm 3,7 (16,4 – 30,9)
M _{h_α(fix)}	4	4,90	0,06	25,7 \pm 6,5 (15,8 – 41,8)
M _h	5	6,23	0,03	27,5 \pm 7,3 (16,5 – 45,9)
Gewichteter Mittelwert				22,1 \pm 4,2 (13,9 – 30,3)

Der „AICc weights“ gewichtete Mittelwert der erstellten Modelle schätzt die Population im Waldviertel am Romaubach/Braunaubach auf 20 Individuen mit einem 95 % - Konfidenzintervall (KI) von 15-25 und am Reißbach von 15 Tieren mit einem 95 %-KI von 12-17. Im Weinviertel ergab sich eine Populationsgröße von 13 Fischottern, wobei die wahrscheinliche Populationsgröße zu 95 % zwischen 9-17 Tieren liegt. Im Industrieviertel wurden im Mittel 12 Tiere geschätzt mit einem relativen breiten 95 %-KI von 5-19 Individuen. Im Mostviertel wurden mit 22 Fischottern die meisten Tiere geschätzt deren 95 %-KI sich von rund 14-30 Ottern erstreckt. Ein Vergleich der Schätzung mit der Anzahl der tatsächlich vorgefundenen Genotypen (Tabelle 10) zeigt, dass am Reißbach und im Industrieviertel scheinbar alle anwesenden Individuen mind. einmal gesammelt wurden (oder sich die Anzahl der Geisterindividuen und nicht-gesammelter Tiere die Waage halten). Im Waldviertel am Romaubach/Braunaubach und im Weinviertel scheint es, dass von den je 22 bzw. 14 identifizierten Genotypen 2 bzw. 1 wahrscheinlich Geisterindividuen sind. Im Waldviertel entspricht dies den Ergebnissen der Fehleranalyse. Im Weinviertel jedoch sind die Ergebnisse der Schätzung und der Fehleranalyse gegensätzlich. Obwohl das beste Modell mit einer Wichtung von 54 % einen fehlerfreien Datensatz nahelegt. Im Mostviertel schätzt das Modell mindestens ein nicht-detektiertes Tier mehr als per Genotyp gefunden wurde, wobei es hier zwei Möglichkeiten gibt. Es wurde nicht gesammelt oder es wurde gesammelt, konnte aber aufgrund seiner Qualität nicht erfolgreich genotypisiert werden.

Zusammenfassend zeigen die Ergebnisse, dass bei insgesamt 84 Genotypen nur ein Individuum scheinbar nicht detektiert wurde und drei Individuen scheinbar Geisterindividuen sind. Aufgrund der überdurchschnittlich hohen Genotypisierungs-Erfolgrate (Kapitel 3.2.1) ist es durchaus plausibel, dass bei einer engmaschigen Kontrolle der Referenzgebiete mit Kontrollpunkten aller ca. 1 km und mit 5-7 Sammeltagen alle ansässigen Fischotter mind. einmal gesammelt und genotypisiert wurden. Die Ergebnisse zeigen aber, dass trotz hoher Wiederholungsrate und weiterer fehlerminimierender Maßnahmen die Datensätze nicht unbedingt fehlerfrei sind, sogar in den Fällen wo sie fehlerfrei scheinen (z.B. Weinviertel) und die Anwendung eines fehlerintegrierenden Modells äußerst wichtig ist, um die Populationsgröße vertrauenswürdig zu schätzen und um nicht zu überschätzen. Wie Creel *et al.* (2003) und Waits & Leberg (2000) zeigen konnten, kann die Überschätzung durch Genotypisierungsfehler mehr als 500 % ausmachen, während die Unterschätzung bei großen Populationen (1.000 Individuen) nur 5 % betrug und bei kleinen Populationen (< 50) nicht mehr nachweisbar war. Das bedeutet, dass die Wahrscheinlichkeit und die Auswirkungen einer Unterschätzung vernachlässigbar ist im Vergleich zu der Wahrscheinlichkeit und der Auswirkung einer Überschätzung durch Genotypisierungsfehler (Lampa *et al.* 2013; Creel *et al.* 2003; Mills *et al.* 2000; Waits & Leberg 2000).

Zudem zeigte sich, dass es unabdingbar ist, Modelle zu verwenden, die zeit-, verhaltens-, analyse- und individueninduzierte Abweichungen einer konstanten Fangwahrscheinlichkeit zulassen, um der untersuchten Art (*Lutra lutra*) und den Gegebenheiten vor Ort Rechnung zu tragen. Die Fang- und Wiederfangwahrscheinlichkeiten (p, c), die ebenfalls von den Modellen geschätzt werden, variierten im gewichteten Mittelwert stark je Gebiet und Tag durch den teilweise starken Zeitvariationseffekt:

- Waldviertel – R/B: p = 0,43 und c = 0,38-0,40
- Waldviertel – Reißb.: p = 0,37-0,54 und c = 0,37-0,55
- Weinviertel: p = 0,24-0,60 und c = 0,26-0,59
- Industrieviertel: p = 0,32-0,67 und c = 0,32-0,67
- Mostviertel: p = 0,23-0,58 und c = 0,44-0,74

Im Vergleich zu den Fang- und Wiederfangwahrscheinlichkeiten aus 2018 (Kofler *et al.* 2018), die zwischen $p = 0,16-0,59$ und $c = 0,11-0,59$ variierten, sind sowohl die Minima als auch die Maxima gestiegen und liegen deutlich höher, was sehr wahrscheinlich an der deutlich erhöhten Erfolgsrate der Genotypisierung liegt.

3.2.4.3 Fischotterdichte & zeitliche Entwicklung zu 2018

Aus den ermittelten Populationsgrößen der fehlerintegrierenden LB-Modelle ergeben sich die in Tabelle 11 aufgelisteten Dichten bezogen auf die Uferlänge aller untersuchten Fließgewässer und kontrollierter und bespannter Teiche bzw. Seen.

*Tabelle 11: Dichteberechnung für die Fischotter in den 5 Referenzgebieten. Angegeben ist die für die Dichteberechnung relevante Gesamtuferlänge aller während der Sammelzeit kontrollierten Fließgewässer und bespannter Teiche bzw. Seen. Die Dichte wird angegeben als Anzahl Fischotter je 1 km Ufer [Otter/km Ufer] bzw. als Uferlänge in km je 1 Fischotter. Für alle Dichteangaben ist das jeweilige 95 % Konfidenzintervall angegeben. Zum Vergleich sind in der rechten Spalte die Dichten aus dem Monitoring 2018 (Kofler *et al.* 2018) aufgeführt.*

	Uferlänge aller Flüsse & Teiche [km]	Dichte [Otter / km Ufer]	Dichte [km Ufer / 1 Otter]	Vergleichsdichte aus 2018 [Otter / km Ufer]
Waldviertel-R/B	83,4	0,24 (95 %KI = 0,18 - 0,29)	4,26 (95 %KI = 3,4 - 5,7)	0,36 (95 %KI = 0,27 - 0,45)
Waldviertel-Reißb.	63,8	0,23 (95 %KI = 0,18 - 0,27)	4,37 (95 %KI = 3,7 - 5,5)	–
Weinviertel	94,0	0,13 (95 %KI = 0,10 - 0,18)	7,18 (95 %KI = 5,5 - 10,2)	0,07 (95 %KI = 0,05 - 0,1)
Industrieviertel	61,0	0,20 (95 %KI = 0,07 - 0,32)	5,13 (95 %KI = 3,2 - 13,6)	0,21 (95 %KI = 0,1 - 0,33)
Mostviertel	86,6	0,26 (95 %KI = 0,16 - 0,35)	3,92 (95 %KI = 2,9 - 6,2)	0,19 (95 %KI = 0,13 - 0,26)

Es zeigt sich, dass alle Dichten bis auf die im Weinviertel sehr nah beieinanderliegen (0,23-0,26), so dass man von einer ähnlichen Dichte in Waldviertel, Mostviertel und Industrieviertel sprechen kann. Im Weinviertel entspricht die Dichte etwa der Hälfte der Dichten in den anderen Referenzgebieten.

Für einen besseren Vergleich mit den Dichten aus dem NÖ-Monitoring 2018 (Kofler *et al.* 2018) wurden die hier ermittelten Werte mit denen aus 2018 nochmals grafisch dargestellt (Abbildung 31).

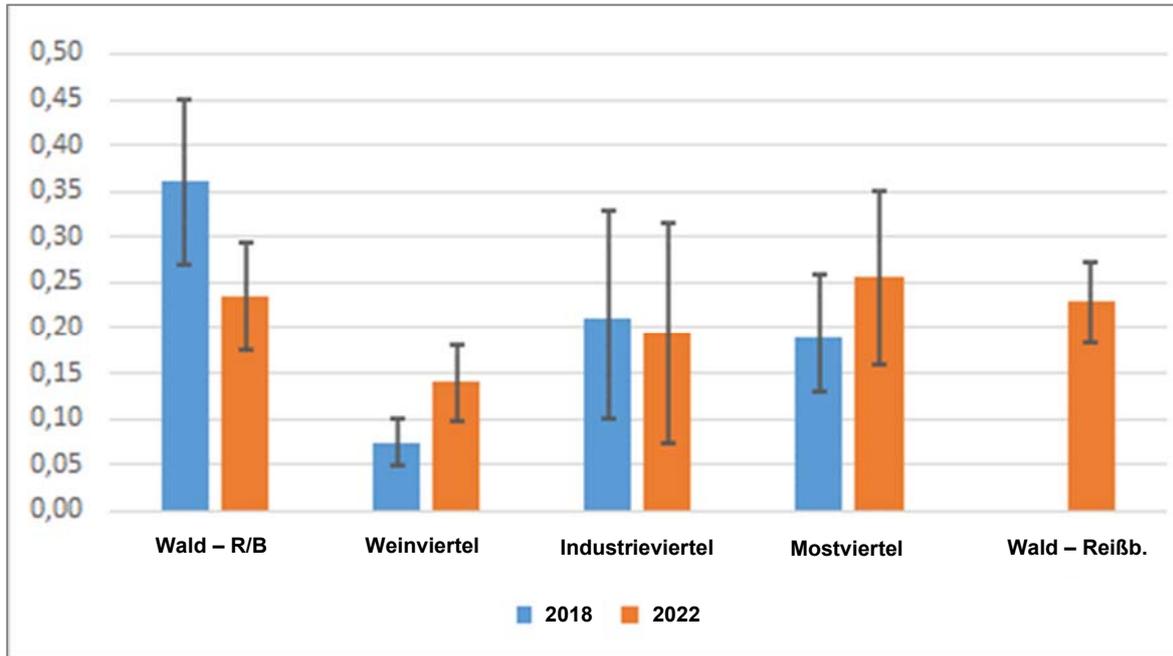


Abbildung 31: Vergleich der Fischotter-Dichten aus dem Monitoring 2018 (Kofler et al. 2018) und dem Monitoring 2022 aufgeteilt nach Referenzgebiet. Die Balkenhöhe gibt die Dichte im jeweiligen Referenzgebiet an, die schwarzen Linien entsprechen den 95 %-Konfidenzintervallen.

Vergleicht man die Dichten zwischen den Jahren (Abbildung 31, Tabelle 11), so fällt auf, dass die Dichte im Weinviertel fast doppelt so hoch ist und sich auch die Konfidenzintervalle nicht überschneiden. Das heißt, man kann von einer tatsächlich unterschiedlichen, in dem Fall gesteigerten, Dichte im Weinviertel ausgehen. Zumal die hier vorliegenden Daten trotz der Abweichung von 5 aufeinanderfolgenden Tagen exakt das gleiche Probenahmeregime wie in 2018 hatten. Auch hier haben wir zunächst 5 Tage gesammelt und nach 13 Tagen 2 weitere Sammeltage angeschlossen, mit einem dann Gesamt-Sammelzeitraum von 20 Tagen. Diese Zunahme in der Fischotter-Dichte deckt sich auch mit den Daten der Brückenkartierung in der ebenso eine Zunahme der Losungsdichte vor allem im Nord-Osten des Weinviertels detektiert wurde (Kapitel 3.1.1).

Der Nord-Osten von Niederösterreich wurde erst in der Zeit nach 2008 (Kranz & Polednik 2009) vom Fischotter neu besiedelt, was wir im Monitoring 2018 nachweisen konnten. Nach einer Neubesiedelung schließt sich üblicherweise eine Periode der weiteren Etablierung und Stabilisierung an, in der die Dichte stetig bis zu einer Kapazitätsgrenze wächst. In den aktuellen Daten können wir diese weitere Etablierung und das Wachstum bestätigen, können aber keine Aussage über die weitere Entwicklung (weiteres Wachstum oder Einpendeln auf dem aktuellen Niveau) treffen. Dazu bedarf es weiterer Untersuchungen in der Zukunft.

Weiters fällt auf, dass sich die Dichte im Industrieviertel kaum von der in 2018 unterscheidet und sich im unteren 0,2er-Bereich bewegt, mit – in beiden Jahren – recht breiten Konfidenzintervallen (Abbildung 31, Tabelle 11). Während sich die Dichte im Mostviertel leicht gesteigert hat, wobei sich die Konfidenzintervalle von 2018 und der aktuellen Berechnung stark überlappen. Das könnte darauf hinweisen, dass es keine Steigerung der Dichte im Sinne von weiterem Wachstum gegeben hat, sondern wir in 2018 und 2022 zwei Dichten innerhalb der natürlichen Schwankung einer stabilen Population beobachtet haben. In der Zeit von 2008 bis 2018 zeigten die Losungsdichten eine Abnahme

im Mostviertel (Kofler *et al.* 2018), so dass es hier zu natürlichen Schwankungen entsprechend der Schwankung des Nahrungsangebots (z.B. reduzierte Fischbiomasse nach sehr heißen, regenarmen Sommern etc.) gekommen sein kann. Die Ergebnisse der Brückenkartierung (Kapitel 3.1.1) und die der Extrapolation (3.3.4) deuten jedoch eine Steigerung der Losungshäufigkeiten aus 2022 im Vergleich zu 2018 im Mostviertel an. Somit könnte die erhöhte Fischotter-Dichte auch durch eine leichte Zunahme der Population in diesem Bereich begründet sein. Auch hier können weitere Aussagen erst anhand von weiteren zukünftigen Untersuchungen und anhand einer längeren Zeitreihe getroffen werden.

Auch die beiden ermittelten Fischotterdichten im Waldviertel befanden sich im unteren bis mittleren 0,2er-Bereich, die auch in vielen anderen Fließgewässer-Studien in Österreich erzielt wurden, z.B. in Kärnten mit 0,25 Otter/km (Schenekar & Weiss 2018), in Salzburg mit einer mittleren Dichte von 0,24 (0,1-0,35) (Schenekar & Weiss 2021a) und in Oberösterreich mit einer mittleren Dichte über 8 Referenzstrecken von 0,19 Fischotter pro km (Schenekar und Weiss 2021b).

Vergleicht man die Dichte aus dem Waldviertel jedoch mit der Dichte aus dem Fischotter-Monitoring 2018 (Abbildung 31, Tabelle 11) oder auch mit Dichten von Sittenthaler *et al.* (2015) aus diesem Gebiet (0,33-0,37) fällt auf, dass es eine starke Reduktion in der Dichte der Fischotter von 2018 zu 2022 gab. Dass es sich tatsächlich um eine reale Abnahme handelt, erkennt man auch daran, dass sich die Konfidenzintervalle der beiden Untersuchungsjahre 2018 und 2022 kaum noch überlappen. Auch dieses Ergebnis deckt sich mit den Ergebnissen der landesweiten Brückenkartierung (Kapitel 3.1.1). Es gibt nun gleich zwei Faktoren, die zur Erklärung dieses Rückgangs herangezogen werden können. Zum einen wurden seit Ende 2019 bis Anfang 2022 im gesamten Waldviertel insgesamt 43 Tiere entnommen, wovon 30 direkt im Umkreis des Untersuchungsgebietes Waldviertel-Reißbach entnommen wurden. In 2021 z.B. wurden fast so viele Fischotter im UG Waldviertel-Reißbach entnommen (13 Tiere), wie wir bei der hiesigen Studie als Populationsgröße ermittelt haben (15 Tiere). Zeitgleich wurden aber auch – und das ist der zweite zu diskutierende Faktor – etliche Teiche seit 2017 teils von der NÖ Landesregierung gefördert, teils privat finanziert, fischottersicher eingezäunt. Hierzu liegen uns Daten vom Amt der NÖ Landesregierung vor, wonach vor dem ersten Monitoring in 2018 lediglich 17 Teiche gefördert eingezäunt waren und sich diese Zahl zwischen den Jahren 2018 und 2022 um weitere 96 Zäunungen vervielfachte. Die angegebenen Daten beziehen sich zwar auf gesamt NÖ, laut Behörde beläuft sich aber der Großteil der Förderungen auf das Waldviertel. Hinzu kommen unzählige privat finanzierte Zäunungen, zu denen zwar keine Daten vorliegen, was aber durch die Kartierer vor Ort bestätigt wurde, die eine hohe Zahl von Zäunungen im Vergleich zu 2018 feststellten. So mussten für etliche Teiche, die ursprünglich im aktuellen Monitoring begangen werden sollten Alternativpunkte an noch nicht gezäunten Teichen gesucht und gefunden werden. Aus einer Evaluierung der Zäunungen (Bauer *et al.* 2020) geht hervor, das Ende 2020 bereits 33 % der Kleinteiche (< 2 ha) im Bezirk Gmünd gezäunt waren.

Beide Faktoren – Entnahme und Zäunung – dürften im Zusammenspiel zu einer Reduktion der Dichte im Waldviertel geführt haben. Bedenkt man aber, dass in beiden Referenzgebieten des Waldviertels eine gleich hohe Dichte im hiesigen Monitoring festgestellt wurde, die Entnahmen aber ausschließlich im Umfeld des Reißbaches vorgenommen wurde (wobei Romaubach und Braunaubach sich in unmittelbarer Nachbarschaft zum Reißbach befinden), liegt der Schluss nahe, dass die Zäunungen, die massiv seit 2018 zugenommen haben, die Hauptursache für den Rückgang der Fischotterdichte darstellen könnten. Zumal die Zäunungen auch langfristig wirken, während die Entnahmen – als äußerst kurzfristige Maßnahme, da aus benachbarten Gebieten schnell wieder Otter einwandern können – lediglich zum schnelleren Erreichen dieser Reduktion geführt haben könnten. Denn nach der Entnahme

können vor allem am Reißbach und Braunau-/Romaubach – aber auch an anderen Gewässern im Waldviertel – die vakanten Territorien schnell wieder durch Tiere aus benachbarten teils dicht besiedelten Gebieten z.B. in Tschechien besetzt werden. Die Fischotterdichte auf der tschechischen Seite rund um das Waldviertel ist eine der höchsten in Tschechien (Polednikova *et al.* 2013; Polednik *et al.* 2018; Polednik *et al.* 2021a) und es ist davon auszugehen, dass Individuen sowohl nach Tschechien abwandern, als auch aus Tschechien einwandern, da es sich hier um eine zusammenhängende und nicht voneinander trennbare Population handelt. Demnach könnten die Zäunungen für eine langfristige niedrigere Fischotterdichte im Waldviertel gesorgt haben.

Natürlich könnten auch Veränderungen in der Fisch-Biomasse in den Flüssen oder veränderte Besatzstrategien in noch für den Otter erreichbaren Teichen zu einer Reduktion beigetragen haben. Eine Anfrage dazu beim Bundesamt für Wasserwirtschaft ergab, dass es keine Daten zur Fisch-Biomasse in den Fließgewässern des Referenzgebietes Waldviertel nach 2017 gibt. Dadurch sind keine Aussagen über eine veränderte Fischbiomasse zwischen 2018 und 2022 möglich.

Zusätzlich lagen uns Informationen zu den Totfunden aus den Jahren 2017 bis 2023 vor. Hier wurden von 2017 an jährlich 14, 21, 15, 16, 13, 9 und 8 gemeldete Totfunde in ganz NÖ aufgelistet. Die letzte Zahl stammt vom angefangenen Jahr 2023 und ist noch nicht vollständig. Für den Zeitraum von 2017 bis zur Kartierung in 2022 (bis 27.03.2022) wurden 85 Tiere (Waldviertel 25, Weinviertel 10, Industrieviertel 19, Mostviertel 31) dokumentiert, fast ausschließlich Verkehrsoffer (94 %). Um einen Vergleich zwischen den Vierteln anzustellen, muss die Anzahl dieser Totfunde ins Verhältnis gesetzt werden zur Anzahl vorhandener Fischotter (aus Kapitel 3.3.4). Auch wenn die Totfundanzahl von diversen, regional sehr unterschiedlichen, Faktoren abhängt (Verkehrsdichte, Dichte an stark befahrenen Straßen und deren Nähe zu Gewässern, Mobilität der Fischotter, otter-passierbare Brückendichte, Auffind- und Meldewahrscheinlichkeit, etc.), ergeben sich im Zeitraum von 2017 bis zur Kartierung in 2022 für alle Viertel eine vergleichbare Totfundrate von 0,081 (Waldviertel), 0,089 (Industrieviertel) und 0,082 (Mostviertel), lediglich im Weinviertel wurden geringere Totfundraten festgestellt (0,053). Die errechneten Totfundraten entsprechen damit mehr oder weniger den in den UGs errechneten Dichten mit ähnlichen Werten für Wald-, Industrie- und Mostviertel und niedrigeren Raten für das Weinviertel (Tabelle 11).

Ähnlich verhält es sich mit der Anzahl der Tiere, die wir sowohl im Monitoring 2018 als auch im Monitoring 2022 gefunden bzw. wiedergefunden haben, auch diese entsprechen den aktuellen bzw. vergangenen Fischotterdichten. Im Waldviertel wurden 3 Tiere (1♂/ 2♀) nach diesen 4 Jahren wiedergefunden, im Mostviertel 1 (♀), im Industrieviertel 1 (♂) und keines im Weinviertel (siehe Kapitel 3.2.4.4 für weitere Informationen).

3.2.4.4 Raumnutzung und Verwandtschaftsverhältnisse

Waldviertel – Romaubach und Braunaubach

Im Waldviertel an Romaubach und Braunaubach konnten am gesamten Verlauf der Fließgewässer und an den untersuchten Teichen Losungen gefunden werden und auch die Verteilung der erfolgreich genotypisierten Proben ist gleichmäßig (Abbildung 32).

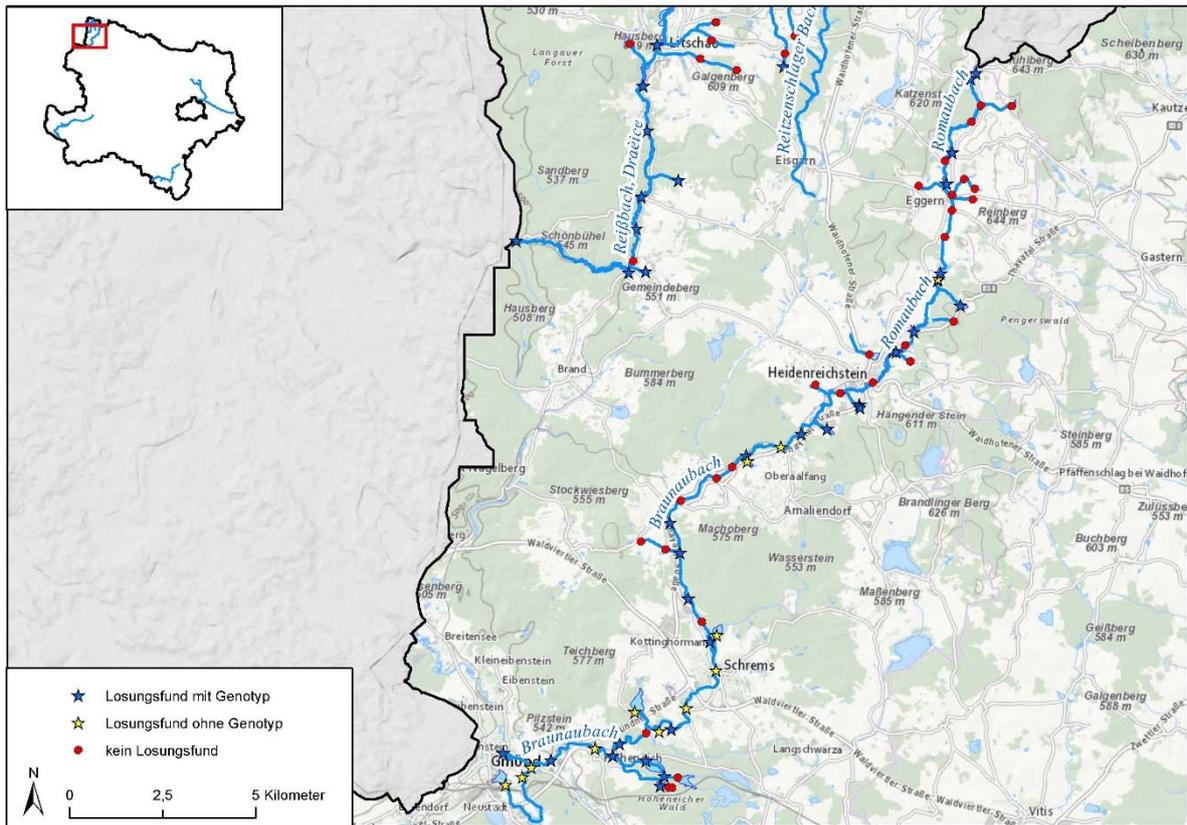


Abbildung 32: Darstellung aller abgesuchten Markierstellen in den Referenzgebieten im Waldviertel – R/B. Die unterschiedlichen Symbole zeigen an, ob am jeweiligen Markierplatz Losung gefunden wurde (Sternsymbol) und ob dieser Fund erfolgreich genotypisiert werden konnte (blauer Stern) (Quelle Hintergrund: www.basemap.at).

Die Streifgebiete der genotypisierten Individuen verteilen sich zwar über das gesamte UG, es zeigen sich aber zwei Lücken – im urbanen Teil der Stadt Heidenreichstein und in einem kurzen Abschnitt südlich von Eggern (Abbildung 33). Ebenso fällt eine Klumpung von 6 Individuen nördlich von Heidenreichstein auf, hierbei handelt es sich höchstwahrscheinlich um Fähen mit Jungtieren (siehe unten). Ebenso auffällig ist das große Streifgebiet mit 11 km Länge eines wahrscheinlich adulten Rüden (A13), welche in einer Nacht zurückgelegt wurden. Dieses Streifgebiet ist das längste gemessene, die meisten Streifgebiete waren eher recht kurz und erreichten im Mittel nur 2,3 km bei einer durchschnittlichen Überlappung von 65 % (Tabelle 12).

Insgesamt waren 3 der vorhandenen Individuen bekannt aus dem Monitoring 2018. Es handelt sich um das Männchen A18 und die beiden Weibchen A01 und A16. Während die beiden Weibchen auch in 2022 noch im gleichen Gebiet wie in 2018 zu finden waren, hat sich das Streifgebiet von A18 nicht nur enorm verkleinert (2018: 12,3 km statt jetzt 0,5 km), sondern auch stark verschoben. Es lag damals auf fast der kompletten Länge des Romaubachs, während das aktuelle im Unterlauf des Braunaubachs gefunden wurde. Aus diesen bekannten Adulten gab es nur ein Individuum, das als potentieller Nachwuchs daraus hervorgegangen sein könnte: die A10 (♀) könnte genetisch ein Nachkomme von A18 (♂) und A16 (♀) sein. Die mittlerweile wahrscheinlich adulte A10 führt selbst wiederum die Individuen A11 (♂) und A12 (♀) ($R=0,88$ bzw. 1). Im Oberlauf des Romaubachs führt die aus 2018 bereits bekannte A01 wahrscheinlich den Einzelfund A02 (♀), auch wenn dieser einen Markierplatz weiter gefunden wurde. Es könnte natürlich auch ein subadultes/adultes Jungtier der Fähe A01 sein, dass bereits selbstständig unterwegs ist ($R=0,5$).

An einem einzigen Markierplatz nördlich von Heidenreichstein wurde 6 Individuen (4 ♀, 2♂) gefunden wovon 4 noch an zusätzlichen Punkten flussab- und aufwärts detektiert wurden. Sie sind alle sehr nah miteinander verwandt (Mittelwert $R=0,89$), ohne dass sich ein Vater-Mutter-Nachwuchs-Verhältnis ergebe, sondern nur Mutter-Nachwuchs-Paare. Es könnte sich hierbei um 2 weibliche verschwisterte Fähen mit ihren jeweiligen Jungtieren handeln. Es könnte aber auch eine Fähe mit Jungtieren sein und die subadulten vom Vorjahr befinden sich noch in unmittelbarer Nachbarschaft.

Das Männchen A13 mit dem 11 km langen Streifgebiet wurde hauptsächlich am Braunaubach detektiert und überlappt sich mit 2 weiblichen Tieren. Mit der A14 ist es sehr nah verwandt ($R=1$), mit der A15 nicht verwandt ($R=0$). Es ist aber aufgrund der Fundzeitpunkte und Orte eher unwahrscheinlich, dass A14 die führende Fähe für das Männchen A13 ist. Aber da auch die beiden Fähen sehr nah miteinander verwandt sind ($R=1$), könnten A14 und A15 eine Fähe mit Jungtier sein, auch wenn sie nicht direkt am gleichen Punkt, sondern benachbart gefunden wurden.

Kurz vor der Mündung in die Lainsitz gab es noch Einzelfunde von 4 Weibchen mit je 1-2 Proben an je nur einem Punkt. Dabei handelte es sich wahrscheinlich ebenfalls um 2 führende Fähen: A19 <-> A22 ($R=1$) und A20 <-> A21 ($R=0,77$). Der hauptsächliche Aufenthaltsbereich dieser 4 Weibchen befand sich wohl außerhalb des UGs, z.B. an der Lainsitz.

Der Verwandtschaftsgrad über alle 22 Individuen betrug im Mittel 0,42 und lag damit am höchsten in allen Referenzgebieten.

Tabelle 12: Kenngrößen zur räumlichen und zeitlichen Nutzung der Fischotter im Waldviertel – Romaubach/Braunaubach. Für jeden Fischotter sind die Anzahl der genotypisierten Proben angegeben, die Fanggeschichte mit einem Wert pro Tag (0 – nicht gesammelt; 1 – gesammelt), die Anzahl der Markierstellen, an denen Losungen gefunden wurden, die Streifgebietsgröße, die sich über alle Fundpunkte eines Individuums aufspannt, und der Anteil an Überlappung mit anderen Individuen. Für Individuen, die nur an einem Punkt nachgewiesen wurden, kann kein Streifgebiet angeführt werden (–). In der letzten Zeile sind die jeweiligen Mittelwerte angegeben.

Waldviertel – Romaubach/Braunaubach									
Otter	Anzahl genotyp. Proben	Fanggeschichte Tag					Anzahl Markierplätze	Streifgebiet [km]	Anteil Überlappung
		1	2	3	4	5			
Otter A01 ♀	4	1	1	0	1	0	3	4,2	0
Otter A02 ♀	1	0	0	0	0	1	1	–	0
Otter A03 ♀	3	1	1	1	0	0	2	2,1	1
Otter A04 ♂	4	1	0	0	1	0	3	3,0	0,7
Otter A05 ♂	1	0	1	0	0	0	1	–	1
Otter A06 ♀	8	1	1	0	1	1	1	–	1
Otter A07 ♀	3	1	0	0	1	0	2	1,0	0,91
Otter A08 ♀	3	0	0	0	1	1	2	0,9	1
Otter A09 ♀	3	0	1	1	0	1	2	0,02	0
Otter A10 ♀	4	1	1	1	0	0	2	1,1	0,02
Otter A11 ♂	1	0	0	0	0	1	1	–	1
Otter A12 ♀	1	0	0	1	0	0	1	–	1
Otter A13 ♂	4	1	0	0	0	0	4	11,0	0,002
Otter A14 ♀	1	0	0	1	0	0	1	–	1
Otter A15 ♀	3	1	0	0	0	1	1	–	1
Otter A16 ♀	2	1	1	0	0	0	2	0,7	1
Otter A17 ♂	4	1	0	1	1	0	3	1,2	0,58
Otter A18 ♂	3	1	0	1	1	0	2	0,5	0
Otter A19 ♀	1	1	0	0	0	0	1	–	0
Otter A20 ♀	1	1	0	0	0	0	1	–	1
Otter A21 ♀	1	0	0	0	1	0	1	–	1
Otter A22 ♀	2	0	0	0	0	1	1	–	1
Mittelwert	2,6						1,7	2,3	0,65

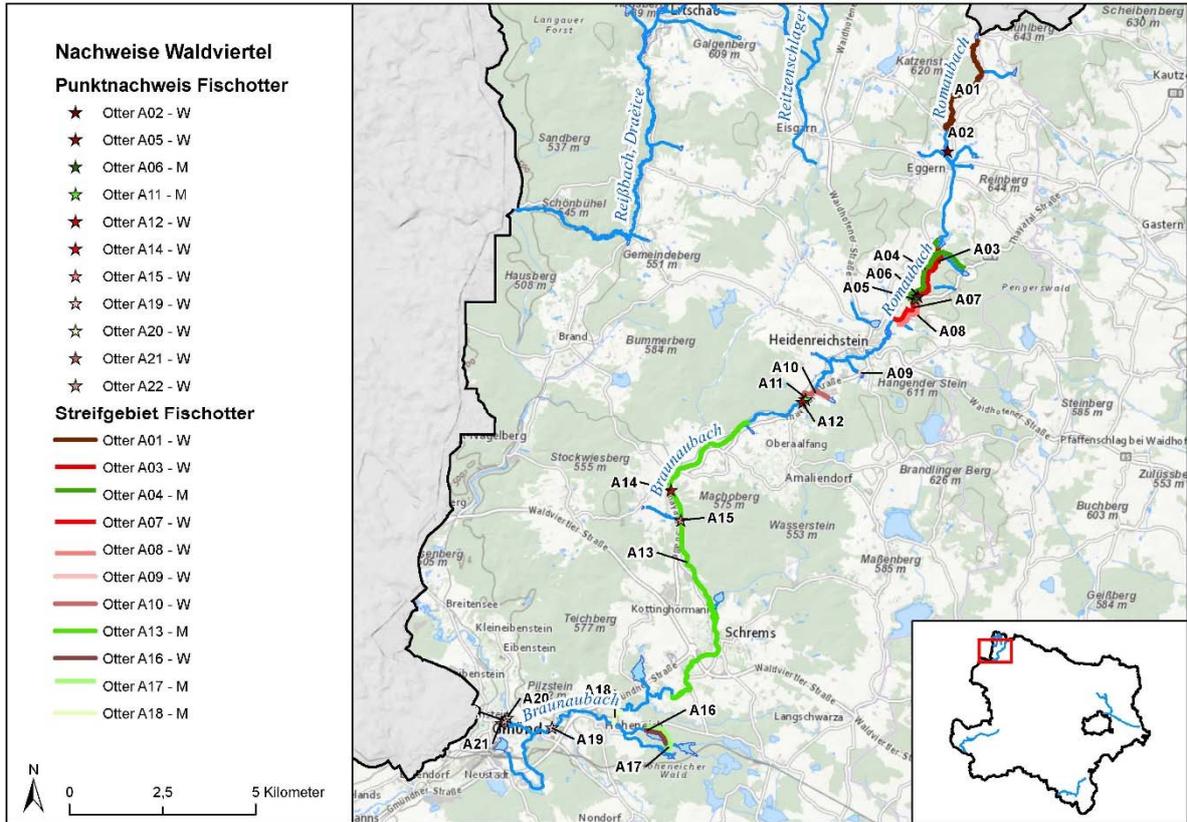


Abbildung 33: Streifgebiete der genetisch nachgewiesenen Fischotter im Waldviertel – R/B (Quelle Hintergrund: www.basemap.at). Die Punktnachweise sind als Sterne dargestellt und die Streifgebiete als Linien. Weibchen werden in Rot-Tönen und Männchen in Grün-Tönen dargestellt.

Waldviertel – Reißbach

Am Reißbach im Waldviertel wurden keine Wiederfänge aus dem Gebiet an Romaubach/Braunaubach aus dem Jahr 2018 gefunden. Es zeigt sich (Abbildung 34), dass die Losungen über das gesamte Untersuchungsgebiet verteilt sind und dass an allen Markierpunkten an denen Losungen gefunden wurde auch mind. eine Losung erfolgreich genotypisiert werden konnte, was an der hohen Genotypisierungs-Erfolgsrate von 81,4 % liegt. Dadurch konnte jedes Individuum im Mittel mit 4,7 Proben nachgewiesen werden.

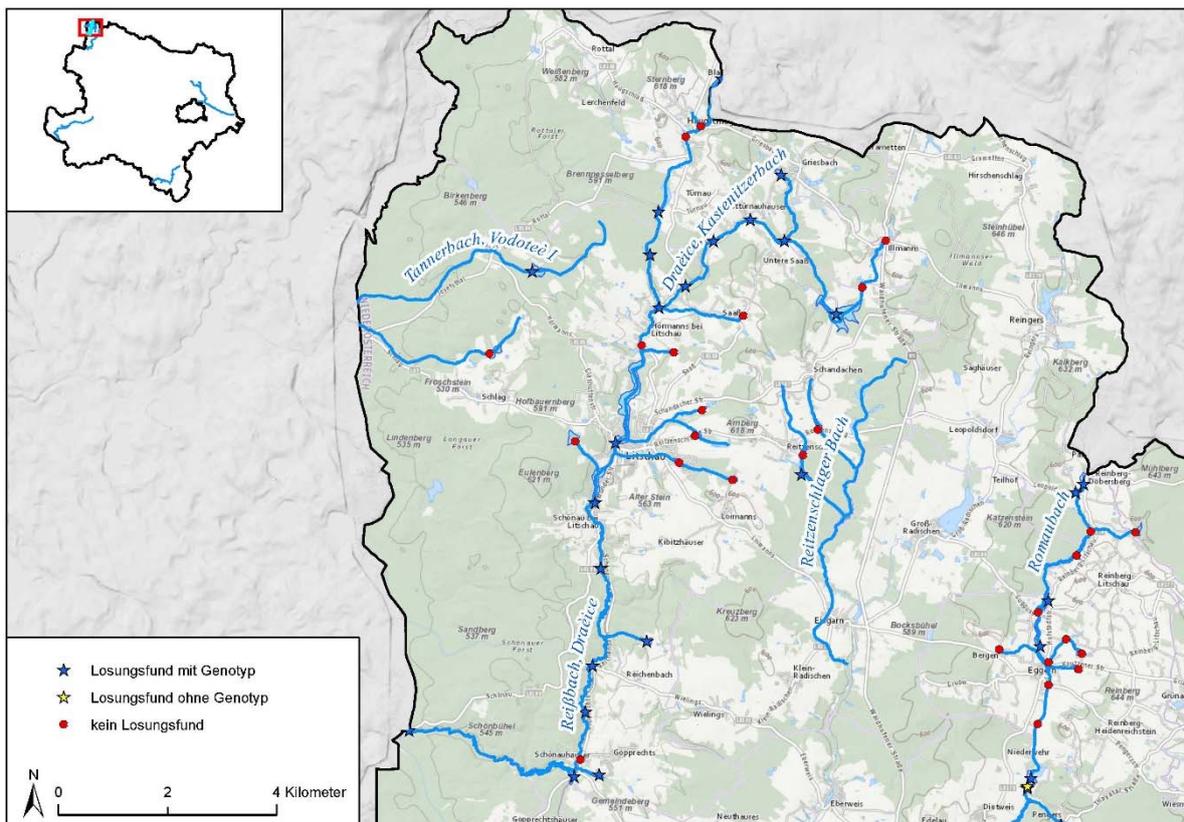


Abbildung 34: Darstellung aller abgesuchten Markierstellen in den Referenzgebieten im Waldviertel – Reißb. Die unterschiedlichen Symbole zeigen an, ob am jeweiligen Markierplatz Losung gefunden wurde (Sternsymbol) und ob dieser Fund erfolgreich genotypisiert werden konnte (blauer Stern) (Quelle Hintergrund: www.basemap.at).

Schaut man auf die Streifgebiete (Abbildung 35), so sieht man, dass es eine recht gleichmäßige Verteilung von Männchen und Weibchen über das gesamte UG gibt, wobei zwei Männchen die größten Streifgebiete mit 13,2 bzw. 4 km aufzeigten (Tabelle 13). Im Mittel waren die Streifgebiete 3,6 km lang und überlappten sich durchschnittlich um 44 %, was vergleichsweise gering war im Verhältnis zu den anderen Referenzgebieten. Der Reißbach war jedoch auch das kleinste Untersuchungsgebiet mit 42 km Fließgewässer. So wurden Einzelfänge auch nur an den Grenzen des Untersuchungsgebietes gefunden, so dass deren Streifgebiete zu einem hohen Maße sicherlich außerhalb des UG lagen. So z.B. wurde am Richterteich im Westen es UG – der lediglich mit aufgenommen wurde, weil dort Entnahmen stattfanden – nur ein Individuum E08 (♀) an 2 Tagen gefunden, was sonst nirgends

wiedergefunden wurde. Die vielen Einzelfänge sind auch der Grund für die vergleichsweise geringe Überlappung der Streifgebiete. Dieser geringe Wert hat also rein methodische Gründe.

Es gab 4 Fähen im gesamten Untersuchungsgebiet, die sich mit anderen Individuen überlappten und entsprechend führende Fähen sein könnten. So führte im Oberlauf die E06 wahrscheinlich das Männchen E07 ($R=1$). Im Kastenitzerbach, im östlichen Teil des UG, führte die E03 wahrscheinlich die beiden Einzelfänge E02 und E04 (je $R=1$), wobei der Vater der beiden männlichen Nachkommen die E09 gewesen sein dürfte ($R=1$ bzw. 0,61). Alle 4 wurden räumlich sehr nah beieinander gefunden flankiert von einem weiteren nicht-verwandten ($R=0$) Männchen (E05). Im weiteren Verlauf des Reißbaches führte die E11 wahrscheinlich das Männchen E12 ($R=0,91$), wobei keiner der Männchen als Vater in Frage kam. Das Weibchen im Unterlauf (E13) hatte scheinbar keine Jungtiere oder diese wurden zumindest nicht genotypisiert.

Der Verwandtschaftsgrad zwischen den 15 identifizierten Individuen betrug im Mittel ($R = 0,26$).

Tabelle 13: Kenngrößen zur räumlichen und zeitlichen Nutzung der Fischotter im Waldviertel – Reißbach. Für jeden Fischotter sind die Anzahl der genotypisierten Proben angegeben, die Fanggeschichte mit einem Wert pro Tag (0 – nicht gesammelt; 1 – gesammelt), die Anzahl der Markierstellen, an denen Losungen gefunden wurden, die Streifgebietsgröße, die sich über alle Fundpunkte eines Individuums aufspannt, und der Anteil an Überlappung mit anderen Individuen. Für Individuen, die nur an einem Punkt nachgewiesen wurden, kann kein Streifgebiet angeführt werden (–). In der letzten Zeile sind die jeweiligen Mittelwerte angegeben.

Waldviertel - Reißbach											
Otter	Anzahl genotyp. Proben	Fanggeschichte Tag						Anzahl Markierplätze	Streifgebiet [km]	Anteil Überlappung	
		1	2	3	4	5	6				
Otter E01 ♀	1	0	0	0	1	0	0	1	–	0	
Otter E02 ♂	1	0	0	0	1	0	0	1	–	1	
Otter E03 ♀	5	0	0	1	1	1	0	2	3,6	0,15	
Otter E04 ♂	1	0	0	1	0	0	0	1	–	1	
Otter E05 ♂	3	1	1	0	0	0	0	2	0,9	0	
Otter E06 ♂	6	1	1	0	0	1	1	2	0,9	1	
Otter E07 ♀	7	1	0	1	1	0	1	3	2,0	0,47	
Otter E08 ♀	5	0	1	0	0	1	0	1	–	0	
Otter E09 ♂	3	0	0	0	0	1	1	2	4,0	0,13	
Otter E10 ♂	26	1	1	1	1	1	1	7	13,2	0,45	
Otter E11 ♀	3	1	0	1	0	0	0	2	2,9	1	
Otter E12 ♂	2	0	1	0	1	0	0	2	1,6	1	
Otter E13 ♀	5	1	1	0	1	0	1	3	3,1	0,45	
Otter E14 ♂	1	0	0	0	1	0	0	1	–	0	
Otter E15 ♀	1	0	0	0	0	1	0	1	–	0	
Mittelwert	4,7							2,1	3,6	0,44	

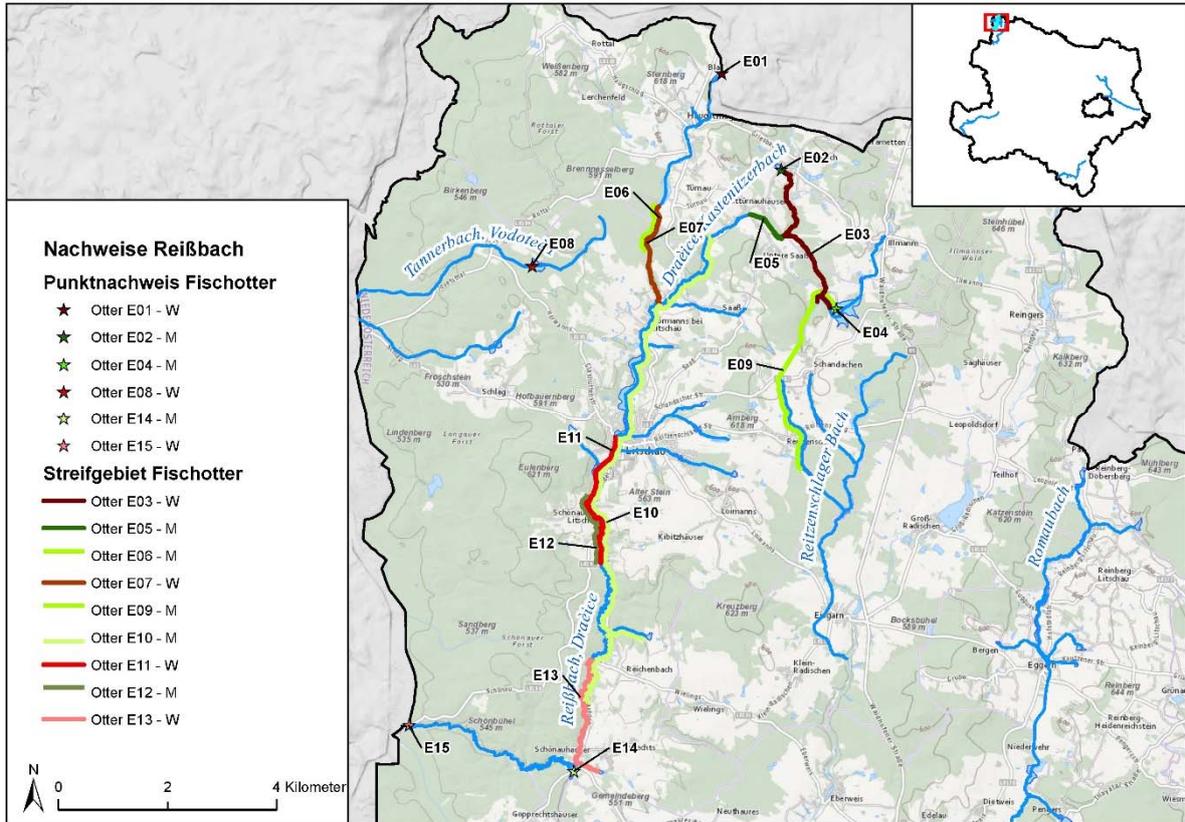


Abbildung 35: Streifgebiete der genetisch nachgewiesenen Fischotter im Waldviertel – Reißb. (Quelle Hintergrund: www.basemap.at). Die Punktnachweise sind als Sterne dargestellt und die Streifgebiete als Linien. Weibchen werden in Rot-Tönen und Männchen in Grün-Tönen dargestellt.

Weinviertel

Im Weinviertel verteilen sich die gefundenen und genotypisierten Proben recht gleichmäßig über das UG (Abbildung 36).

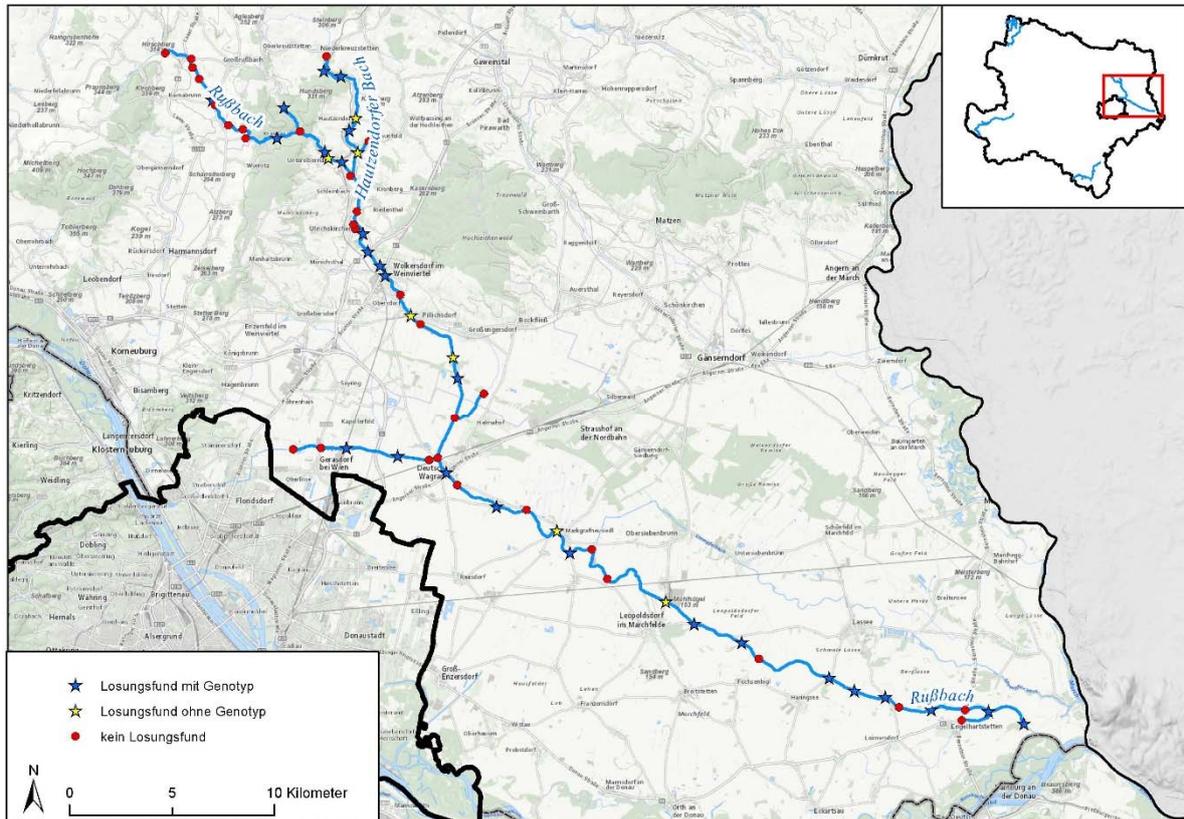


Abbildung 36: Darstellung aller abgesuchten Markierstellen in den Referenzgebieten im Weinviertel. Die unterschiedlichen Symbole zeigen an, ob am jeweiligen Markierplatz Losung gefunden wurde (Sternsymbol) und ob dieser Fund erfolgreich genotypisiert werden konnte (blauer Stern) (Quelle Hintergrund: www.basemap.at).

Betrachtet man die Streifgebiete so fällt auf, dass sich 8 Individuen im kürzeren Oberlauf mit eher kleineren Streifgebieten und größeren Überlappungen akkumulieren und sich im längeren Unterlauf weniger Individuen mit tendenziell längeren Streifgebieten finden lassen (Abbildung 37).

Auch im Weinviertel zeigten zwei Männchen die längsten Streifgebiete mit 27,8 km die B11 im Unterlauf und mit 24,2 km die B04 im Oberlauf (Tabelle 14). Beides scheinbar adulte Männchen. Im Mittel waren die Streifgebiete im Weinviertel mit 10,7 km am längsten im Vergleich zu den anderen Referenzgebieten und die Überlappung am größten (Ø 69 %).

Im Unterlauf könnte die B14 die führende Fähe von B13 (♂) sein (R=0,68), die ihr Hauptstreifgebiet außerhalb des UG haben. Die restlichen 4 Individuen im Unterlauf sind alle nicht näher miteinander verwandt, auch nicht mit der potentiellen Fähe und ihrem Jungtier am südlichsten Punkt des Rußbaches.

Im Oberlauf scheint die B07 eine führende Fähe mit 2 weiblichen Jungtieren B06 und B08 zu sein, ohne dass eines der anwesenden Männchen der Vater sein könnte. Am Hautzendorfer Bach sind drei Weibchen (B01, B02, B03) die alle näher miteinander verwandt sind ($R=0,5-0,65$). Genetisch scheint die Fähe B02 zusammen mit dem Rüden B04 die Eltern von B01 und B03 zu sein.

Der mittlere Verwandtschaftsgrad über alle 14 Individuen war im Weinviertel zusammen mit dem Industrieviertel am niedrigsten mit $R=0,21$.

Tabelle 14: Kenngrößen zur räumlichen und zeitlichen Nutzung der Fischotter im Weinviertel. Für jeden Fischotter sind die Anzahl der genotypisierten Proben angegeben, die Fanggeschichte mit einem Wert pro Tag (0 – nicht gesammelt; 1 – gesammelt), die Anzahl der Markierstellen, an denen Losungen gefunden wurden, die Streifgebietsgröße, die sich über alle Fundpunkte eines Individuums aufspannt, und der Anteil an Überlappung mit anderen Individuen. Für Individuen, die nur an einem Punkt nachgewiesen wurden, kann kein Streifgebiet angeführt werden (–). In der letzten Zeile sind die jeweiligen Mittelwerte angegeben.

Weinviertel											
Otter	Anzahl genotyp. Proben	Fanggeschichte Tag							Anzahl Markier-plätze	Streifgebiet [km]	Anteil Überlappung
		1	2	3	4	5	6	7			
Otter B01 ♀	2	0	0	1	0	0	1	0	2	1,0	0,01
Otter B02 ♀	2	0	0	1	1	0	0	0	1	–	1
Otter B03 ♀	1	0	0	0	0	0	0	1	1	–	1
Otter B04 ♂	7	0	1	1	1	0	1	1	5	24,2	0,47
Otter B05 ♀	3	0	0	0	0	0	1	0	2	7,4	0,18
Otter B06 ♀	1	0	0	0	0	0	1	0	1	–	1
Otter B07 ♀	11	1	1	0	0	1	1	1	5	9,9	1
Otter B08 ♀	5	0	1	0	0	1	1	0	3	1,6	1
Otter B09 ♀	3	0	1	1	0	0	1	0	2	2,6	0
Otter B10 ♀	4	0	0	0	0	0	0	1	3	8,4	0,63
Otter B11 ♂	5	0	1	0	0	0	1	1	5	27,8	0,58
Otter B12 ♀	6	0	0	0	1	1	1	1	4	13,6	0,78
Otter B13 ♂	1	0	0	0	0	0	1	0	1	–	1
Otter B14 ♀	2	1	0	0	0	0	0	0	1	–	1
Mittelwert	3,8								2,8	10,7	0,69

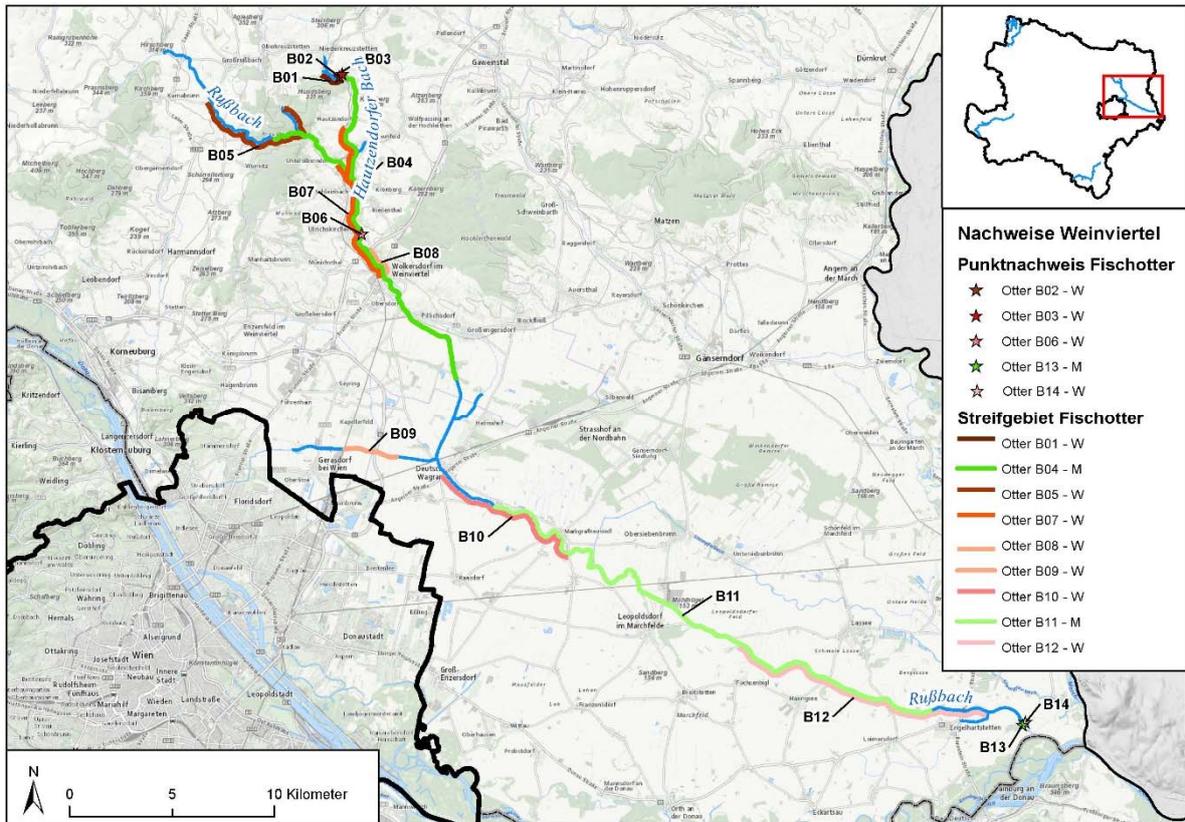


Abbildung 37: Streifgebiete der genetisch nachgewiesenen Fischtotter im Weinviertel (Quelle Hintergrund: www.basemap.at). Die Punktnachweise sind als Sterne dargestellt und die Streifgebiete als Linien. Weibchen werden in Rot-Tönen und Männchen in Grün-Tönen dargestellt.

Industrieviertel

Im Industrieviertel gab es im Unterlauf der Pitten nördlich von Scheiblingkirchen kaum noch Lösungsfunde und die wenigen konnten dann nur je zwei Einzelfängen zugeordnet werden (Abbildung 38).

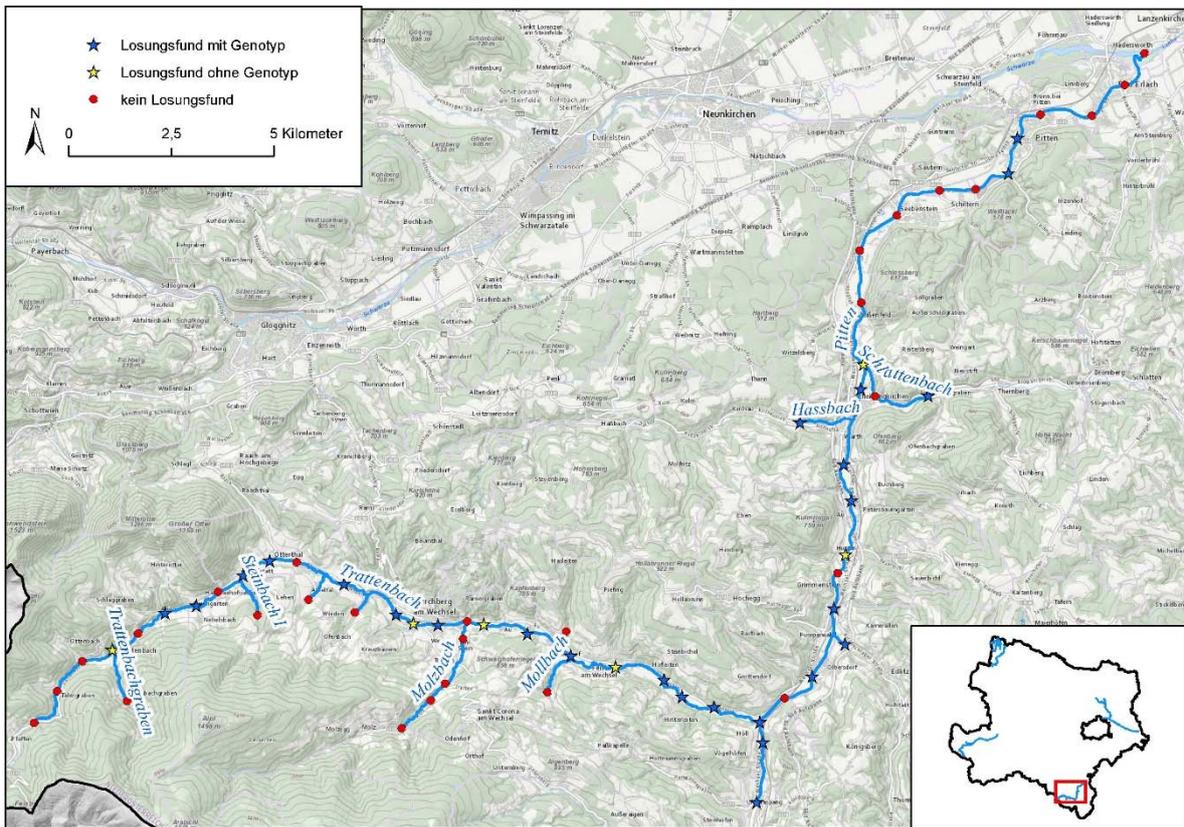


Abbildung 38: Darstellung aller abgesehenen Markierstellen in den Referenzgebieten im Industrieviertel. Die unterschiedlichen Symbole zeigen an, ob am jeweiligen Markierplatz Lösung gefunden wurde (Sternsymbol) und ob dieser Fund erfolgreich genotypisiert werden konnte (blauer Stern) (Quelle Hintergrund: www.basemap.at).

Entsprechend befinden sich die Streifgebiete der meisten Individuen im Oberlauf der Pitten und an der Feistritz (Abbildung 39). Im Mittel konnte jedes dieser Individuen durch je 5 Lösungen detektiert werden, so dass sich dadurch vergleichsweise lange durchschnittliche Streifgebiete von 6,5 km ergaben (Tabelle 15). Die beiden längsten Streifgebiete mit 16 km (C02) und 8,7 km (C05) stammen auch im Industrieviertel von 2 Rüden. Die C02 ist dabei ein bekanntes Männchen, das schon im Monitoring 2018 genetisch detektiert wurde. Während es sich damals im Unterlauf der Pitten aufhielt, wurde es in 2022 an der Feistritz gefunden.

Dieses bereits bekannte Männchen scheint auch der Vater von C03 (♀) und C07 (♀) zu sein, zusammen mit C04 als Mutter. Da die C07 als Einzelfund einen Markierplatz entfernt von C04 gefunden wurde, könnte es sowohl ein bereits selbstständiges subadultes Tier sein oder noch als Jungtier mit der Fähe unterwegs. Auch zur C06 (♀) hat die Fähe C04 eine enge Verwandtschaft (R=0,5) und könnte ihre Mutter sein, allerdings ist das Männchen C02 hier nicht der Vater, so dass es sich in diesem Fall entweder um Geschwister handelt oder ein bereits selbstständiges ehemaliges Jungtier der Fähe C04.

Die noch verbleibenden Fähen C01 und C08 überlappten sich mit keinem anderen Individuum bis auf die zwei adulten Männchen. Die C08 ist nach dem Verwandtschaftskoeffizienten R auch mit keinem anderen Individuum im Gebiet näher verwandt. Die C01 zeigte nur zu Individuen in weiterer Entfernung höhere Verwandtschaftsgrade (z.B. C10 in 20 km Entfernung) scheint aber aktuell kein Jungtier zu führen.

Der mittlere Verwandtschaftsgrad über alle 12 Individuen lag im Mittel bei einem vergleichsweise niedrigen R von 0,21.

Tabelle 15: Kenngrößen zur räumlichen und zeitlichen Nutzung der Fischotter im Industrieviertel. Für jeden Fischotter sind die Anzahl der genotypisierten Proben angegeben, die Fanggeschichte mit einem Wert pro Tag (0 – nicht gesammelt; 1 – gesammelt), die Anzahl der Markierstellen, an denen Losungen gefunden wurden, die Streifgebietsgröße, die sich über alle Fundpunkte eines Individuums aufspannt, und der Anteil an Überlappung mit anderen Individuen. Für Individuen, die nur an einem Punkt nachgewiesen wurden, kann kein Streifgebiet angeführt werden (-). In der letzten Zeile sind die jeweiligen Mittelwerte angegeben.

Industrieviertel									
Otter	Anzahl genotyp. Proben	Fanggeschichte					Anzahl Markierplätze	Streifgebiet [km]	Anteil Überlappung
		Tag	1	2	3	4			
Otter C01 ♀	5	0	1	1	1	1	5	8,0	1
Otter C02 ♂	17	1	1	1	1	1	9	16,0	0,60
Otter C03 ♀	2	1	0	0	0	1	2	1,8	1
Otter C04 ♀	7	0	0	0	1	1	5	4,8	1
Otter C05 ♂	11	0	0	0	1	1	5	8,7	0,28
Otter C06 ♀	2	0	0	0	1	0	1	–	1
Otter C07 ♀	1	0	0	0	0	1	1	–	1
Otter C08 ♀	4	0	0	0	1	0	2	1,0	0,01
Otter C09 ♂	7	0	1	0	0	1	3	5,0	0,002
Otter C10 ♂	1	0	0	1	0	0	1	–	1
Otter C11 ♀	2	0	0	1	0	0	1	–	0
Otter C12 ♂	1	1	0	0	0	0	1	–	0
Mittelwert	5						3	6,5	0,57

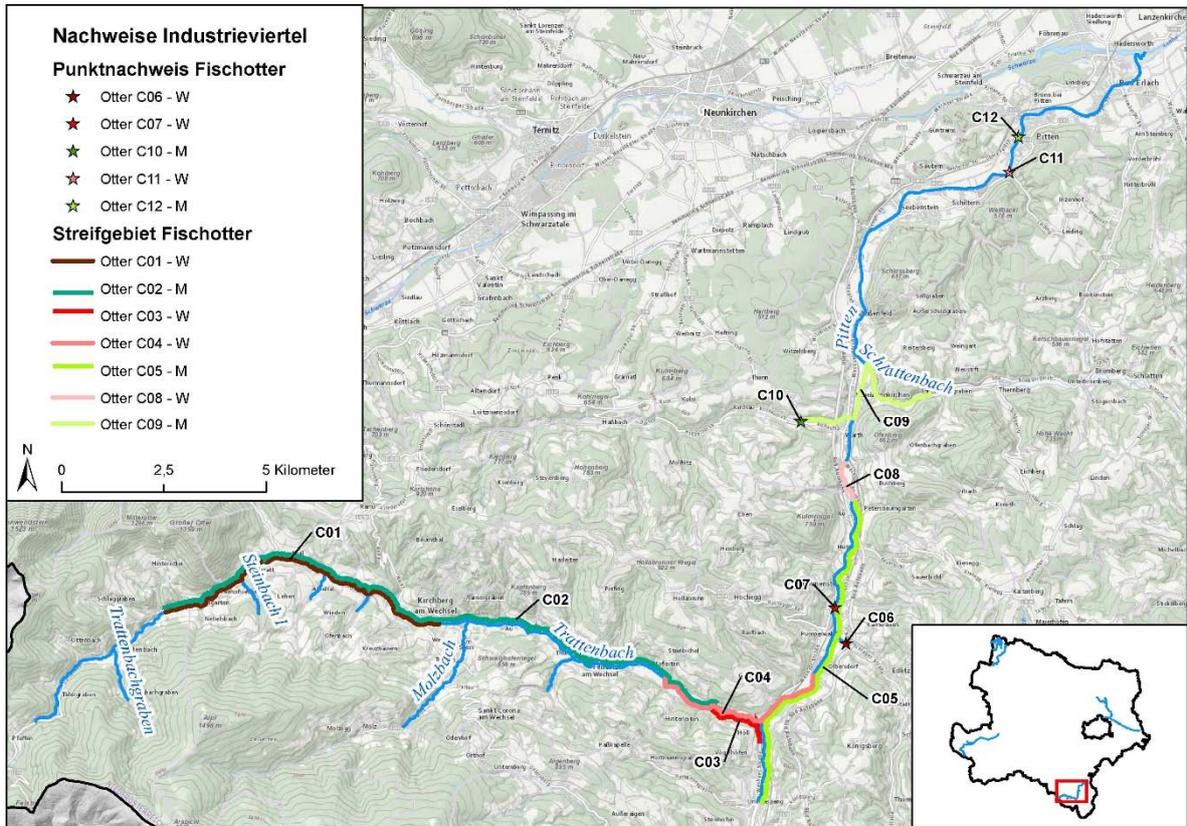


Abbildung 39: Streifgebiete der genetisch nachgewiesenen Fischotter im Industrieviertel (Quelle Hintergrund: www.basemap.at). Die Punktnachweise sind als Sterne dargestellt und die Streifgebiete als Linien. Weibchen werden in Rot-Tönen und Männchen in Grün-Tönen dargestellt.

Mostviertel

Im Mostviertel verteilen sich die gefundenen Losungen und genotypisierten Proben auf den Oberlauf der Url und auf die Ybbs mit einer auffallenden Lücke im Unterlauf der Url (Abbildung 40).

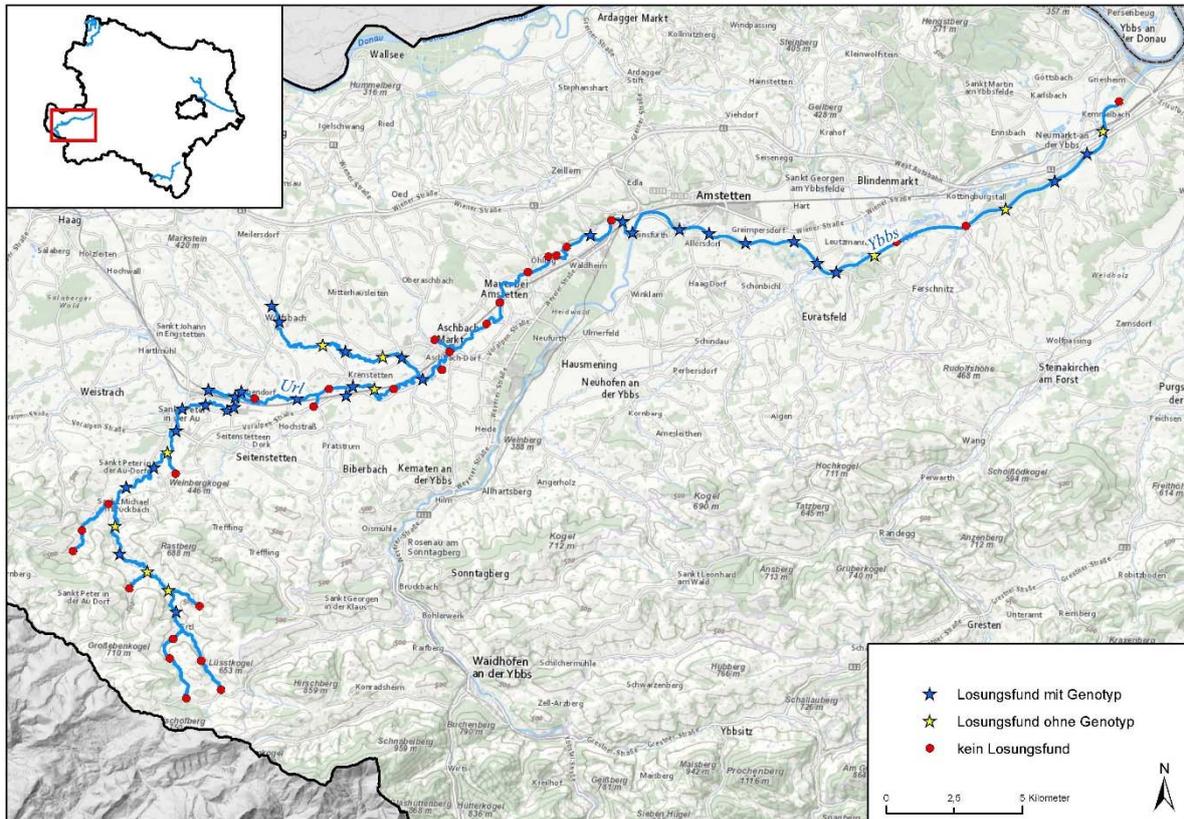


Abbildung 40: Darstellung aller abgesuchten Markierstellen in den Referenzgebieten im Mostviertel. Die unterschiedlichen Symbole zeigen an, ob am jeweiligen Markierplatz Losung gefunden wurde (Sternsymbol) und ob dieser Fund erfolgreich genotypisiert werden konnte (blauer Stern) (Quelle Hintergrund: www.basemap.at).

Bei der Abbildung der Streifgebiete (Abbildung 41), ist zudem zu erkennen, dass die meisten Tiere (15) an der Ybbs detektiert wurden und nur 6 am Oberlauf der Url. Hier zeigten sich auch die größeren Streifgebiete mit 12,7 km von einem Weibchen (D02) und mit 11,7 km von einem Männchen (Tabelle 16). Die Streifgebiete an der Ybbs waren eher kleiner, wobei die meisten Individuen sogar nur als Einzelfang detektiert wurden. Im Mittel waren die Streifgebiete im Mostviertel 4,5 km lang.

Eines der Individuen D14 (♀) konnte schon im Monitoring 2018 ermittelt werden und wurde dort an fast exakt den gleichen Punkten ebenfalls mit kleinem Streifgebiet detektiert (2018: 1,5 km; 2022: 0,9 km).

Als potentielle Fähe-Jungtier-Paar kristallisierte sich an der Url nur die D02 und D04 (R=1) heraus. Allerdings wurden beide an vielen Punkten mit vielen Losungen gefunden und überlappten sich nicht, so dass es sich hier wohl eher um Geschwister oder ein adultes Weibchen mit Mutter handelt. Das heißt an der kompletten Url bis zur Mündung in die Ybbs konnte keine Fähe mit aktuellem Jungtier eindeutig

identifiziert werden. An der Ybbs könnte die D11 die führende Fähe für das Männchen D12 sein ($R=0,5$). Das bereits bekannte Weibchen D14 könnte die Mutter von D13 (♀; $R=0,5$), D15 (♂; $R=1$) und D17 (♂; $R=0,97$) sein. Oder es handelt sich um 2 Schwestern D14 und D13, die jeweils ein männliches Jungtier führen. Am Unterlauf der Ybbs gibt es ein weiteres Fähe-Jungtier-Paar mit der D20 als Fähe und den männlichen Tieren D18 und D21 als Jungtiere ($R=0,5$ bzw. 1). Keines der anwesenden Männchen entpuppte sich als Vater für die identifizierten Fähe-Jungtier-Paare. Die 21 Individuen zeigten einen mittleren Verwandtschaftsgrad von $R=0,38$.

Tabelle 16: Kenngrößen zur räumlichen und zeitlichen Nutzung der Fischotter im Mostviertel. Für jeden Fischotter sind die Anzahl der genotypisierten Proben angegeben, die Fanggeschichte mit einem Wert pro Tag (0 – nicht gesammelt; 1 – gesammelt), die Anzahl der Markierstellen, an denen Losungen gefunden wurden, die Streifgebietsgröße, die sich über alle Fundpunkte eines Individuums aufspannt, und der Anteil an Überlappung mit anderen Individuen. Für Individuen, die nur an einem Punkt nachgewiesen wurden, kann kein Streifgebiet angeführt werden (–). In der letzten Zeile sind die jeweiligen Mittelwerte angegeben.

Mostviertel									
Otter	Anzahl genotyp. Proben	Fanggeschichte Tag					Anzahl Markierplätze	Streifgebiet [km]	Anteil Überlappung
		1	2	3	4	5			
Otter D01 ♂	1	0	0	0	1	0	1	–	1
Otter D02 ♀	14	1	1	1	1	1	7	12,7	0,46
Otter D03 ♂	15	0	1	1	1	1	9	11,7	0,69
Otter D04 ♀	10	1	1	1	1	1	5	2,2	1
Otter D05 ♀	4	1	1	0	0	1	3	5,0	0
Otter D06 ♂	2	0	0	0	1	1	2	1,2	0
Otter D07 ♀	1	0	0	0	0	1	1	–	1
Otter D08 ♂	4	0	1	1	0	0	4	6,1	0,01
Otter D09 ♀	1	0	0	0	0	1	1	–	1
Otter D10 ♀	3	0	0	1	1	1	2	1,5	0,01
Otter D11 ♀	3	1	0	1	0	0	2	1,8	0,01
Otter D12 ♂	1	0	0	0	1	0	1	–	1
Otter D13 ♀	1	0	0	0	0	1	1	–	1
Otter D14 ♀	4	1	0	1	1	0	2	0,9	0,02
Otter D15 ♂	1	0	0	0	1	0	1	–	1
Otter D16 ♂	1	0	0	1	0	0	1	–	1
Otter D17 ♂	1	0	0	0	1	0	1	–	1
Otter D18 ♂	1	0	0	1	0	0	1	–	1
Otter D19 ♂	6	1	1	1	0	1	2	1,7	0,01
Otter D20 ♀	2	0	1	0	1	0	1	–	1
Otter D21 ♂	1	0	0	0	0	1	1	–	1
Mittelwert	3,7						2,3	4,5	0,63

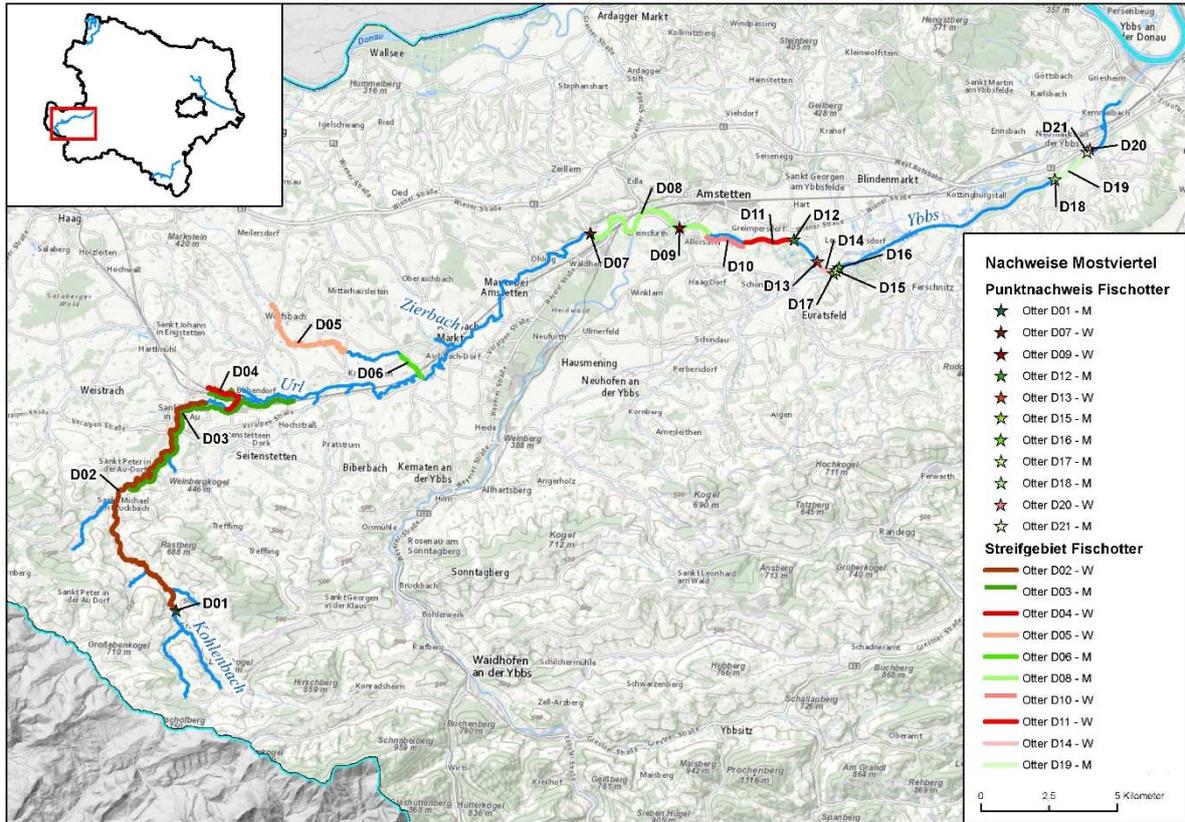


Abbildung 41: Streifgebiete der genetisch nachgewiesenen Fischotter im Mostviertel (Quelle Hintergrund: www.basemap.at). Die Punktnachweise sind als Sterne dargestellt und die Streifgebiete als Linien. Weibchen werden in Rot-Tönen und Männchen in Grün-Tönen dargestellt.

Vergleich zwischen den Referenzgebieten

In Tabelle 17 sind nochmals einige Kenngrößen der einzelnen Referenzgebiete aufgelistet, ebenso die Vergleichswerte aus 2018. Dabei ist hervorzuheben, dass die Streifgebietsgrößen stark vom Genotypisierungserfolg und von der Anzahl der Proben je Individuum abhängen und nur für diejenigen Individuen durchgeführt werden konnten, die an mind. 2 Punkten gefunden wurden. Das bedeutet, dass die eigentlichen Reviere der anwesenden Fischotter zumeist größer sein werden. Da immer nur für einen gewissen Teil der anwesenden Individuen ein Streifgebiet ermittelt werden konnte, wurde zur besseren Vergleichbarkeit ebenso der Median angegeben (Tabelle 17). Individuen, die nur an einem Punkt detektiert wurden, können zwar Durchzügler oder Jungtiere sein, es können aber ebenso Revierinhaber sein, die lediglich nur einmal erfolgreich identifiziert wurden, z.B. weil ihr Revier hauptsächlich außerhalb lag oder weil ihre Markierungen nicht gefunden, nicht gesammelt oder nicht erfolgreich genotypisiert werden konnten. Ein Vergleich der Anzahl von Einzelfunden ist daher nicht zielführend.

Tabelle 17: Zusammenfassung der Streifgebietslängen in km über alle Individuen in den 5 bzw. 4 Referenzgebieten. Angegeben sind die Werte der aktuellen Studie von 2022 und die Werte aus dem Monitoring 2018 (Kofler et al. 2018) und zwar als Mittelwert, Median, sowie der minimalste und maximalste Wert je Gebiet (Intervall). Weiter ist die Zahl der potentiell führenden Fähen je Gebiet und im Verhältnis zur Fließgewässerslänge angegeben. Potentiell führende Fähen waren Weibchen, die sich mit mind. einem anderen Tier zu dem es nah verwandt war ($R > 0,5$), überlappten oder nebeneinander lagen. Dabei können diese Verpaarungen auch sich überlappende Geschwister sein. Für 2018 wurden keine Zahl angegeben da sie nicht vergleichbar sind (siehe Text).

Referenzgebiet	Streifgebiet [km] - Mittelwert	Streifgebiet [km] - Median	Streifgebiet [km] - Intervall	Anzahl pot. führender Fähen	Pot. führende Fähen / km
Werte aus 2022					
Waldviertel – R/B	2,3	1,1	0,02 – 11	5-7	0,06 – 0,08
Waldviertel – Reißb.	3,6	2,9	0,9 – 13,2	4	0,06
Weinviertel	10,7	8,4	1 – 27,8	3	0,03
Industrieviertel	6,5	5	1 – 16	1	0,02
Mostviertel	4,5	2	0,9 – 12,7	3-4	0,03 – 0,05
Werte aus 2018					
Waldviertel – R/B	4,3	2,9	0,7 – 12,3	–	–
Weinviertel	9,3	6,5	1,6 – 20,8	–	–
Industrieviertel	9,1	9,1	1,5 – 18,6	–	–
Mostviertel	2,3	2,4	0,5 – 3,7	–	–

Es fällt auf, dass wie in 2018 die Streifgebiete im Waldviertel und im Mostviertel am kürzesten waren, während sie im Weinviertel erneut am längsten waren. Die Streifgebietslänge im Waldviertel hat sich, vor allem wenn man die Intervalle und den Median betrachtet, kaum verändert zu 2018. Im Weinviertel sind die Streifgebiete sogar nochmal etwas größer geworden und entsprechen nun mit Längen von 24,2-27,8 km der gebietsansässigen Männchen sogar denen, die mit Telemetriedaten ermittelt wurden: Weibchen-Reviere von 16,1-18,3 km Länge und Männchen-Reviere von 25,2-28,3 km Länge (Weinberger et al. 2016). Wie in 2018 spiegeln die Längen der Streifgebiete die ermittelten Dichten

wider: in Gebieten mit höheren Dichten werden kurze Streifgebiete detektiert (Wald- und Mostviertel), in Gebieten mit geringen Dichten werden wesentlich längere Streifgebiete ermittelt (Weinviertel) und in Fließgewässern mit intermediären Dichten werden ebensolche Streifgebietslängen detektiert (Industrieviertel).

In der vorliegenden Studie wurden im Mittel und über alle Untersuchungsgebiete weibliche Reviere von 3,8 km Länge (Median: 2,2 km) und männliche Revierlängen von 7,7 km (Median: 4,5 km) ermittelt. Anhand dieser Zahlen sieht man, dass – trotzdem keine echten Revierlängen, sondern nur Distanzen zwischen Wiederfängen angegeben werden konnten – der Unterschied zwischen Weibchen und Männchen dennoch klar zum Vorschein kommt und dem aus der Literatur entspricht. Die Ausdehnung der weiblichen Reviere sind im Mittel um 35-50 % kleiner als die der Männchen (Erlinge 1967; Kruuk 2006; Weinberger *et al.* 2016). Die hier ermittelten Zahlen entsprechen denen die ebenfalls mit genetischen Methoden in anderen österreichischen Bundesländern ermittelt wurden. So wurden an Fließgewässern im Bundesland Salzburg weibliche Streifgebietslängen von 4,6 km (Median: 2,0 km) und bei Männchen von 7,8 km (Median 7,7 km) gemessen (Schenekar & Weiss 2021a), in Oberösterreich 3,4 km (Median 3,3 km) für die Weibchen und 4,8 km (Median 3,8 km) für die Männchen (Schenekar & Weiss 2021b).

Der Anteil der Streifgebietsüberlappungen schwankte in der vorliegenden Studie weniger stark (44-69 %) als im Monitoring 2018 (34-71 %) blieb aber im Mittel gleich (2022: 60 %, 2018: 59 %). Im Gegensatz zum Monitoring 2018, konnten in der vorliegenden Studie potentiell führende Fähen benannt werden, da das Geschlecht bekannt war. Wobei hier sich überlappende Geschwisterpaare oder ehemalige Mutter-Jungtier-Paare, die sich noch überlappen, fälschlicherweise mitgezählt sein könnten. In 2018 wurden alle sich überlappenden nah verwandten Paare genannt, wodurch auch zwei verwandte sich überlappende Männchen in die Zählung inkludiert waren.

Die Anzahl der potentiell führenden Fähen je km entsprach in etwa der ermittelten Fischotterdichte, so dass sich im Waldviertel die höchsten Werte ergaben, gefolgt von Mostviertel, Wein- und Industrieviertel (Tabelle 17). Im Industrieviertel konnte nur ein Fähe-Jungtier-Paar ausgemacht werden. Es könnte zwar sein, dass die Jungtiere nicht erfolgreich genotypisiert werden konnten, dennoch scheinen an Feistritz und Pitten zum Moment der Kartierung weniger führende Fähen präsent gewesen zu sein. Sittenthaler *et al.* (2016) detektierte 0,10 Fähen je km an der Feistritz und auch in 2018 waren mehr potentielle Paare zugegen.

Im Mittel sind die hier erzielten Werte von 0,02 – 0,08 potentiell führender Fähen je km aber vergleichbar mit den Berechnungen von Sittenthaler *et al.* (2016) in niederösterreichischen Fließgewässern von 0,03 führende Fähen pro km an der Piesting, über 0,06 an der Ois und 0,10 an der Feistritz.

3.3 Bestandsschätzung auf Grundlage der statistischen Modellierung

3.3.1 Vergleich der Losungshäufigkeiten

Im Nullmodell, d.h. ohne erklärende Variablen, lag die Losungshäufigkeit bei 3,39 (Standardfehler – SE 0,51) die Beobachtungswahrscheinlichkeit bei 0,18 (Standardfehler – SE 0,02). Es wurden somit pro Kartiertag im Durchschnitt 18 % der potentiell an einer Brücke durchschnittlich im Kartierzeitraum vorhandenen 3,39 Stücke frischer Fischotterlosung gefunden. Zwischen den Jahreszeiten gab es keine signifikanten Unterschiede, weder in der Losungshäufigkeit noch in der Beobachtungswahrscheinlichkeit. Das beste und mit einem Akaike Informationskriterium – Gewicht von 53 % – wahrscheinlichste Modell war daher eines, das nur die Variablen Kartierer, Datum und Viertel, nicht aber die Variable Jahreszeit enthielt (Tabelle 18). Mit der nicht signifikanten Variable Jahreszeit im Häufigkeitsteil war das Modell weniger als halb so wahrscheinlich (AICwt = 0,24).

Tabelle 18: Ranking von hierarchischen Kandidatenmodellen, die den Einfluss von Variablen auf die Häufigkeit von Fischotterlosung und deren Beobachtungswahrscheinlichkeit während der Brückenkartierung 2022 in Niederösterreich bewerten. (nPars = Anzahl Parameter, AIC = Akaike Informationskriterium, ΔAIC = Veränderung im AIC, AICwt = Gewicht, cumWt = kumulatives Modellgewicht)

Beobachtungsteil	Häufigkeitsteil	nPars	AIC	ΔAIC	AICwt	cumWt
p(Kartierer+date+Viertel)	lambda(1)	12	886	0,00	0,53	0,53
p(Kartierer+date+Viertel)	lambda(Jahreszeit)	13	888	1,01	0,24	0,77
p(Kartierer+date+Viertel+ Jahreszeit)	lambda(1)	13	888	1,01	0,23	1,00

Die Häufigkeit unterschied sich zwischen den Vierteln und Kartierern und stieg zum Ende der Beobachtung hin leicht an (alle Signifikanzen $p < 0,01$), was erneut den Verhaltenseffekt der Otter während des Sammelns widerspiegelt (siehe Kapitel 3.2.4.2).

3.3.2 Neukalibrierung des Zusammenhangs Losung – Individuen

Markierstellen des Fischotters sind Brücken, Einmündungen von Nebenflüssen, Halbinseln, Staudämmen/Stauwehren, Bereiche mit großen Steinen am Ufer oder Betonbefestigungen am Ufer (Kruuk 2006; Reuther *et al.* 2000). All diese Typen werden bei der genetischen Kartierung angelaufen, die wiederum Grundlage für den kalibrierten Zusammenhang zwischen Individuenzahl und Losungshäufigkeit ist. Die Vorhersage für das gesamte Land auf Grundlage dieses Modells findet andererseits nur für die Brücken und damit nur für einen Teil dieser möglichen Markierstellen statt. Den Daten nach scheint die Fundrate für frische Losung unter den Brücken höher zu sein als in der gesamten Palette von Markierstellentypen. Fischotterpräsenz und -häufigkeit können dort somit schneller festgestellt werden als an anderen Markierstellentypen und man hat die höchsten Chancen, die in der Umgebung befindlichen Individuen an den Brücken per Losung zu detektieren.

Auf Ebene der Markierungsstellen wurde der Zusammenhang zwischen Fund- und Individuenzahl durch Poissonmodelle (log link) mit multimodalem Zusammenhang (Polynom VI. Ordnung) am besten beschrieben. Dabei erklärte das Modell, welches nur die bekannten (genotypisierten) Individuen

vorhersagte, 78 % der Varianz in den Daten. Im zweiten und dritten Modell, in denen noch ein unbekanntes bzw. alle unbekanntes Individuen an jenen Punkten hinzugenommen wurden, an denen Proben genetisch nicht eindeutig einem bekannten Individuum zugeordnet werden konnten, waren es 96 % erklärte Varianz.

Die Polynome VI. Ordnung erklärten zwar mehr Varianz, insgesamt sind die daraus resultierenden Modelle jedoch ungeeignet für eine Vorhersage der Fischotterpopulation wie Abbildung 42 verdeutlicht. Darin wird erkennbar, wie das blaue Konfidenzband oberhalb von zehn gefundenen frischen Losungen sehr breit wird und stark schwankt, so dass es zur Vorhersage unrealistisch hoher Individuenzahlen kommen kann.

Aus diesem Grund wurden, wie vier Jahre zuvor drei Modelle mit Polynom I. Ordnung kalibriert. Zwar liegt die erklärte Varianz mit 59 %, 67 % und 76 % niedriger als bei den Modellen mit höherwertigen Termen, doch stellt der unimodale Zusammenhang sicher, dass bei höheren Losungszahlen keine Überschätzungen stattfinden kann.

Dieses Merkmal macht auch ökologisch Sinn, da der Fischotter eine territoriale Art ist und eine Häufung größerer Losungsmengen funktionale, nicht aber numerische Gründe hat. Zudem sind diese hohen Werte so selten (Median=1, Mittelwert=1,6), dass bei Aufsummierung aller Vorhersagen eine eventuelle Unterschätzung an den betroffenen Punkten nicht ins Gewicht fällt. Hohe Werte werden somit wie Ausreißer behandelt und relativiert. Als weiterer Punkt spricht für Polynome I. Ordnung, dass die Konfidenzintervalle schmäler ausfallen (Abbildung 42), so dass mit hoher Präzision der Vorhersage zu rechnen ist.

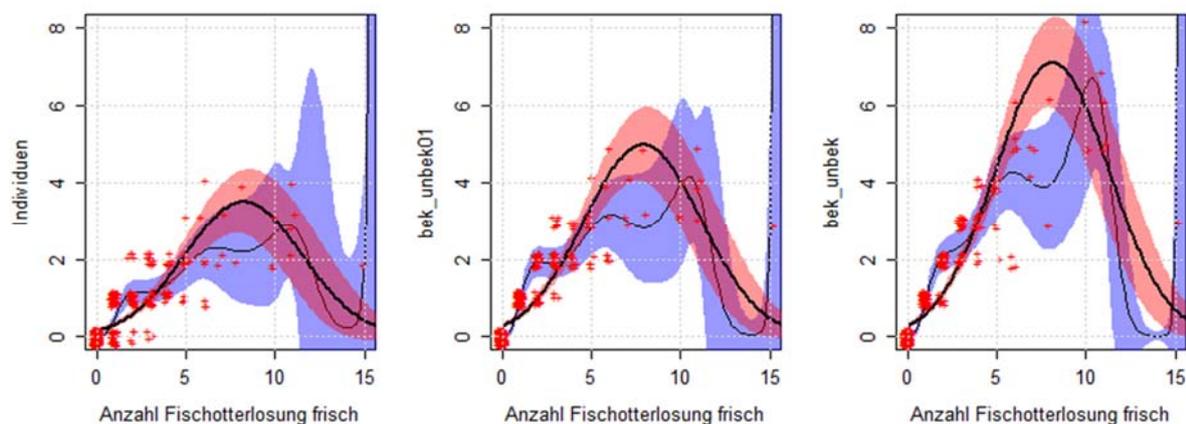


Abbildung 42: Zusammenhang zwischen der Anzahl gefundener frischer Fischotterlosung (x-Achse) und genotypisierten Individuen (links), mit einem unbekanntes Individuum (Mitte) und allen unbekanntes Individuen pro Punkt (rechts). Die dicke schwarze Linie bildet dabei die Schätzung der Individuenanzahl mit dem roten Konfidenzintervall bei Modellen mit Polynomen I. Ordnung. Die dünne schwarze Linie und das blaue Konfidenzintervall im Hintergrund verdeutlichen den Zusammenhang der Modelle mit polynomischen Termen VI. Ordnung. Rote Kreuze zeigen die Lage der Originaldaten (N=298, zur besseren Sichtbarkeit entlang beider Achsen leicht gestreut).

Im Vergleich mit 2018 zeigten sich nur geringe Unterschiede. Das Modell sagte mit den Daten von 2018 im unteren Bereich bis 5 frische Losungen tendenziell etwas höhere Werte voraus, während das Modell mit den Daten aus 2022 im oberen Teil höhere Individuenzahlen vorhersagte (Abbildung 43).

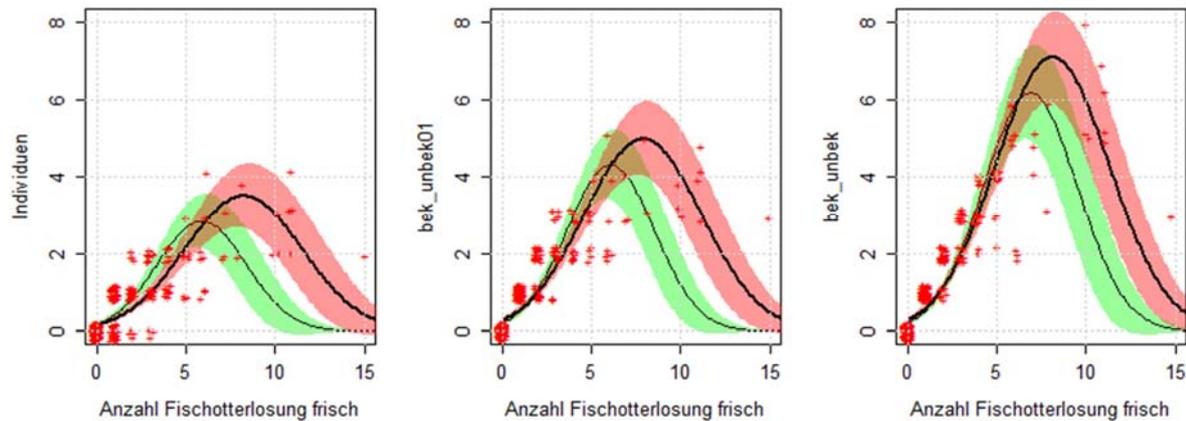


Abbildung 43: Vergleich des Zusammenhangs 2018 (grün) und 2022 (rot): Anzahl gefundener frischer Fischotterlosung (x-Achse) und genotypisierten Individuen (links), mit einem unbekanntem Individuum (Mitte) und allen unbekanntem Individuen pro Punkt (rechts). Rote Kreuze zeigen die Lage der Originaldaten 2022 (N=298, zur besseren Sichtbarkeit entlang beider Achsen leicht gestreut).

3.3.3 Validierung der Anwendung

3.3.3.1 Retrospektive Validierung der Anwendung

Bei der Validierung mit der kumulierten Menge frischer Losung die nach 1-7 Tagen Genetikkartierung gefunden wurde, zeigte sich, dass nur Modell 1 (entspricht in Kofler *et al.* 2018 „Modell 3a“) das „eindeutig identifizierbare Individuen“ als abhängige Variable enthielt in der Lage war, die mittels genetischen Fang-Wiederfang-Modellen ermittelte Populationsgrößenschätzung von 81,3 (54,0-108,5) Individuen per Konfidenzintervall zu treffen. Die beste dabei erzielte Vorhersage von 80,7 Fischottern (60,7-100,7) wurde bei der nach 2 Tagen erzielten Losungsmenge gemacht (Abbildung 44). Das Modell 2 und die kumulierte Menge frischer Losung von mehr als drei Tagen im Modell 1 überschätzten erwartungsgemäß die zu erwartende Population. Dieses Ergebnis entspricht den gefundenen ähnlichen Anteilen von Nichtfunden und einer frischen Losung in den kumulierten Dichtefunktionen nach zwei Kartiertagen der Genetikkartierung, die wiederum jenen der Brückenkartierung nahekommen (vgl. Abbildung 14).

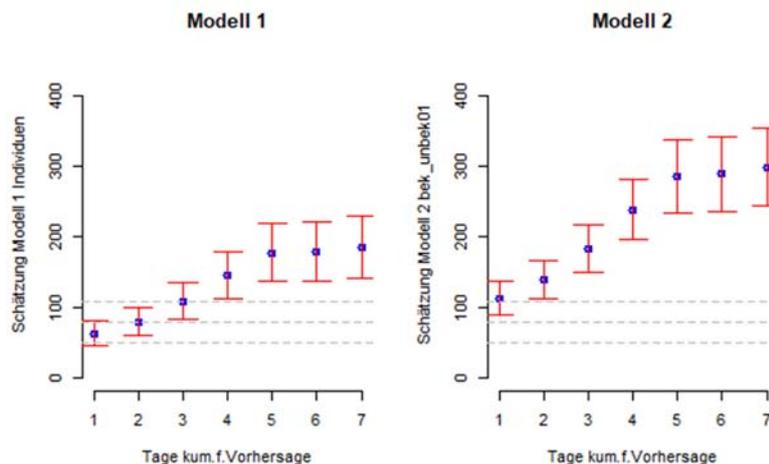


Abbildung 44: Vorhergesagte Fischotterhäufigkeiten in den Referenzgebieten mit der Anzahl eindeutig ermittelter Individuen als abhängige Variable (Modell 1) und eindeutig ermittelter Individuen plus ein unbekanntes (Modell 2). Die Modelle wurde siebenmal validiert, indem die gefundene frische Losungsmenge vom 1. bis zum 7. Tag aufsummiert wurde. Die grau gestrichelte Linie zeigt die genetisch ermittelte Fischotterzahl in den vier Referenzgebieten von 81,3 mit Konfidenzintervall (54,0 – 108,5).

Somit würde sich bei Extrapolation des Modell 1 auf die Gesamtfläche mit Hilfe der nach einem Tag Brückenkartierung ermittelten Menge frischer Losung eine Schätzung ergeben, die mit einer aus genetischen Fang-Wiederfang-Modellen überlappen würde. Bei der Brückenkartierung sind jedoch die Punktabstände deutlich größer als bei der Genetikkartierung, so dass bei Anwendung des Modells auf die Daten der Brückenkartierung mit einer Unterschätzung der Population zu rechnen ist. Um diesen Effekt näher einzugrenzen wurde eine Validierung mit den im Frühjahr und Herbst kartierten Brücken durchgeführt.

3.3.3.2 Validierung mit 3-fach begangenen Brücken (Herbst)

Durch die Anwendung auf die 49 mehrfach begangenen Brückenpunkte konnte eine Validierung der beiden Modelle mit unabhängigen, d.h. nicht für die Kalibrierung verwendeten Daten realisiert werden und die Auswirkung größerer Abstände zwischen den Punkten näher beleuchtet werden. Die Vorhersagen mit der Menge frischer Losung nach 1-3 Tagen Brückenkartierung im Herbst wurden verglichen mit den Vorhersagen mittels der kumulierten Mengen frischer Losung nach 1-7 Tagen Genetikkartierung im Frühjahr an diesen 49 Fundorten (knapp 17 % der Kalibrierungsdaten der Genetikkartierung) und der an diesen Punkten genetisch und per LB-Schätzung ermittelten Individuenzahl (45) gegenübergestellt (Abbildung 45).

Die nah beieinander liegenden Ergebnisse der Populationsgrößenschätzung in Kapitel 3.2.4.3 und der Losungshäufigkeiten in Kapitel 3.3.1 zeigen, dass die im Jahr 2022 in den beiden Jahreszeiten kartierten Losungsmengen miteinander vergleichbar sind.

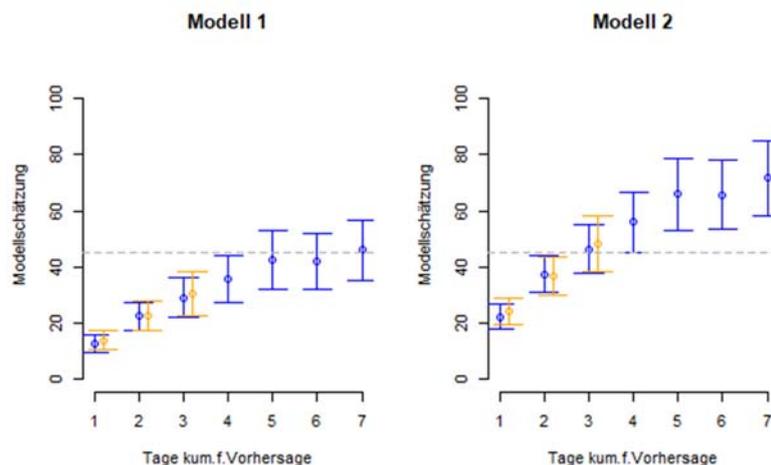


Abbildung 45: Anwendung bzw. Validierung der Modelle 1 und 2 mit 49 Punkten die im Herbst während der Brückenkartierung 3fach (orange) bzw. im Frühjahr während der Genetikkartierung 5-7fach (blau) begangen wurden. Die genetisch ermittelte Individuenzahl von 45 (grau gestrichelt) wird am ehesten vom Modell 2 mit der Losungsmenge nach drei Tagen bzw. von Modell 1 nach 5-7 Tagen erreicht.

Im Vergleich zur retrospektiven Validierung lagen die Vorhersagen sowohl für Brückenkartierung als auch Genetikkartierung jedoch unter der, für die 49 Punkte geschätzten Zahl von 45 Individuen. Am besten wurde dieser Wert vom Modell 1 nach fünf Kartiertagen oder von Modell 2 nach drei Kartiertagen getroffen (Abbildung 45). Ein Grund für die im Verhältnis niedriger liegenden Schätzungen nach nur einem Tag ist, dass durch die größeren Entfernungen der 49 Punkte untereinander ein Individuum fast nie an zwei Punkten auftaucht, was die Losungsmenge pro Punkt und damit die Schätzung verringert.

So waren von den 45, an den 49 mehrfach begangenen Punkten, identifizierten bzw. geschätzten Individuen nur vier (9 %) an zwei unterschiedlichen Punkten zu verzeichnen. Bei den Daten der Genetikkartierung waren es von 84 Genotypen 23 (27 %), die doppelt erfasst wurden. Die Zahl der pro Punkt eindeutigen Genotypen lag bei den 49 Punkten somit bei 91 %, jene aller 299 Punkte nur bei

45 %, da neben der doppelten Erfassung dabei weitere eindeutige Genotypen sogar an drei und mehr unterschiedlichen Punkten detektiert wurden:

An drei Punkten neun (11 %), an vier Punkten drei (4 %), an fünf Punkten sieben (8 %), an sieben Punkten zwei (2 %) und an neun unterschiedlichen Punkten drei eindeutige Genotypen (4 %).

Diese Ergebnisse zeigen, dass die Abstände der Brückenkartierung günstig sind, um die Losungsmenge zu erheben, die von eindeutigen Individuen stammt. Da die Daten der 3fach begangenen Brücken jedoch insgesamt, im Gegensatz zur flächenbezogenen genetischen Schätzung, nur Stichprobencharakter haben können, unterschätzen die dort nach einem Kartiertag erhobenen Werte offensichtlich die Anzahl der ermittelten Genotypen (Abbildung 45). Die Extrapolation auf das gesamte Land würde dadurch sehr konservativ ausfallen, sodass eine Unterschätzung der Population zu erwarten wäre. Aus diesem Grund gibt es das Landschaftsmodell (s. 2.4.2.3), das die punktuellen Modellvorhersagen in die Fläche bringt.

Im Gegensatz zur Extrapolation für Niederösterreich mit 797 Brücken musste bei den 49 Brücken nur für den Teil der Gewässereinzugsgebiete vorhergesagt werden, der von an den Brücken detektierten Fischottern mit hoher Wahrscheinlichkeit genutzt wird. Es wurde daher für den Anteil Flusskilometer vorhergesagt, der innerhalb der Fläche lag, die dem Radius der mittleren gefundenen Streifgebietslänge von 5,15 km entspricht. Die Anzahl Genotypen an den 49 mehrfach begangenen Punkten wurde damit unter Modell 1 sehr genau (46,6) und mit guter Präzision (35,1-58,2) geschätzt (Abbildung 46). Das bedeutet, dass sich für die Hochrechnung der Fischotterpopulation das kalibrierte Modell 1 als das geeignetste herausstellte und damit für die Extrapolation verwendet wurde.

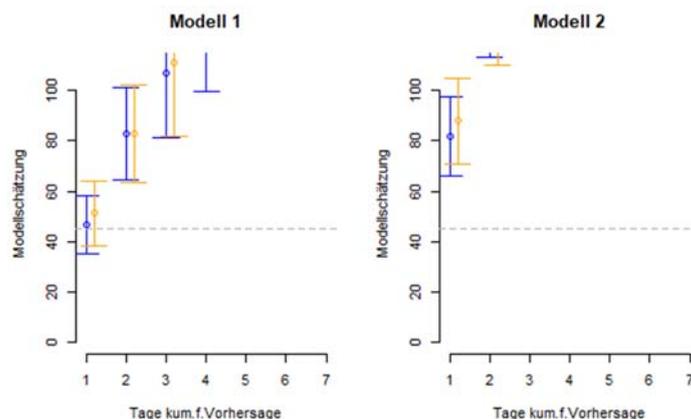


Abbildung 46: Validierung der Modelle 1 und 2 mit 49 Punkten die im Herbst während der Brückenkartierung 3fach (orange) bzw. im Frühjahr, während der Genetikkartierung 5-7fach (blau) begangen wurden. Die genetisch ermittelte Individuenzahl von 45 (grau gestrichelt) wird nach Anwendung der beschriebenen Methode unter Beachtung der Streifgebietsgröße (vgl. Text) richtig geschätzt.

Die Kalibrierung des Zusammenhangs zwischen Individuenzahl und Losungsmenge erfolgt mit der nach 5-7 Tagen aufsummierten frischen Losung. Nur nach dieser Zeit lässt sich dieser Zusammenhang mit hinreichender Genauigkeit modellieren. Anwendung findet das Modell wiederum auf die Losungsmenge, die nach einem Tag Brückenkartierung erzielt wurde. Falsch negative bzw. zu niedrige Vorhersagen sollten sich durch die oben vermutete höhere Losungsmenge unter Brücken in Grenzen halten. Bleibt die Menge frischer Losung nach einem Tag dennoch unterhalb jener aus fünf bis sieben Tagen Kartierung an weniger attraktiven Markierstellen, so sorgt dies dafür, dass bei der Aufsummierung über alle Punkte eher konservative Vorhersagen gemacht und die Population auf jeden Fall nicht überschätzt wird. Weiterführende Untersuchungen zu Unterschieden in den Losungshäufigkeiten an den potenziellen Markierstellentypen sollten in Zukunft noch bessere Modelle ermöglichen.

3.3.4 Schätzung der Fischotterpopulation in Niederösterreich

Mit begrenzten Daten für die Validierung wendeten Kofler *et al.* (2018) erstmals einen modellierten Zusammenhang zwischen Losungshäufigkeit und Individuenzahl auf einen Fischotter-Brückenkartier-Datensatz an, um die Fischotterpopulation in Niederösterreich zu extrapolieren. Erstmals lagen nun mit mehrfach begangenen Punkten unabhängige Daten zur Validierung vor, die Merkmale beider Datengrundlagen, der Genetikpunkte und Brücken, aufwiesen. Eine solche Validierung mit unabhängigen Daten war spätestens jetzt bei der zweiten großen Bestandsschätzung dringend nötig, da das räumliche Muster der Genetikkartierung ein anderes ist als das der für die Extrapolierung nötigen Brückenkartierung. Vier Jahre zuvor konnte nur eine retrospektive Validierung mit den Ursprungsdaten durchgeführt werden. Die dabei festgestellte Überschätzung der Individuenzahl an den Punkten der Genetikkartierung und die offensichtliche Unterschätzung der Population bei Anwendung auf die Brückendaten verlangten nach einem Mittelweg, der aus dem Modell mit der höchsten erklärten Varianz in den Daten (Modell 2) und einem über die Revierlängen gefundenen Faktor bestand. Durch die erwähnten unabhängigen Validierungsdaten wurde aber heuer festgestellt, dass Modell 1, welches nur die eindeutig identifizierbaren Individuen als abhängige Variable enthielt, für eine Anwendung auf die Brückendaten besser geeignet ist als Modell 2, welches noch ein genetisch nicht eindeutig bestimmtes Individuum annimmt. Diese Anwendung von Modell 1 bedeutet zunächst eine Verringerung der vorhergesagten Populationsgröße (Tabelle 19). So muss die Fischotterpopulation von 2018 nach der Validierung mit im Mittel 963 Tieren (95 % Konfidenzintervall: 724-1202) angenommen werden, jene von 2022 mit 1085 (823-1348). Sie entspricht jedoch nach heutigem Stand anhand der verfügbaren Daten und statistischen Methoden dem aktuellen Wissensstand. Weitere Verbesserungen können auf Seiten der Datenerhebung vorgenommen werden, so dass noch bestehende Unsicherheiten nach eintägigen Brückenkartierungen geringer werden und zukünftige Vorhersagen der Fischotterpopulation ein noch festeres Fundament finden.

Tabelle 19: Vorhersagewerte der Fischotteranzahl bei Anwendung von Modell 1 auf die Brückendaten 2022, 2018 und 2008 (Kranz & Polednik 2009; (N=797) unter Verwendung der Gewässereinzugsgebiete und deren Abdeckung durch die Brücken.

Jahr	Vorhersagen Modell 1 (95% Konfidenzintervall)
2022	1085 (823-1348)
2018	963 (724-1202)
2008	510 (353-668)

Mit den Werten von Kranz & Polednik (2009) und Modell 2 wurden in Kofler *et al.* (2018) von uns 529 (378-680) Fischotter für die Daten aus 2008 geschätzt. Mit dem neu validierten Modell 1 sind es nun 510 (353-668) geschätzte Fischotter für 2008 in ganz NÖ (Tabelle 19). Das Konfidenzintervall unseres Ergebnisses überlappt sich mit der damaligen Schätzung der Autoren von 300-500 Tieren in NÖ deutlich. Hieraus wird ersichtlich, dass die vermutete Verdopplung der Population in 10 Jahren (von 2008 auf 2018) eine Zunahme um etwa 89 % gewesen sein muss. In der Zeit von 2018 zu 2022 kam es zu einer Zunahme von knapp 13 %.

Die Vorhersage für die biogeografischen Regionen erbrachte unter Modell 1 364 (276-451) Individuen für die alpine und 722 (547-896) Individuen für die kontinentale Region (Tabelle 20). Das Ergebnis zeigt eine Verschiebung der Anteile von ca. 30/70 im Jahre 2018 zu 34/66 im Jahre 2022.

Tabelle 20: Vorhersagewerte der Fischotterzahl für die Regionen bei Anwendung des Modell 1 auf die Brückendaten 2022 und 2018 unter Verwendung der Gewässereinzugsgebiete und deren Abdeckung durch die Brücken.

Jahr	2022	2018
	Vorhersagen Modell 1 (95% Konfidenzintervall)	Vorhersagen Modell 1 (95% Konfidenzintervall)
Alpin	364 (276-451)	289 (219-360)
Kontinental	722 (547-896)	674 (505-842)

Aufgeteilt auf die einzelnen Viertel zeigt sich das Ergebnis in Tabelle 21. Im Vergleich zu 2018 als der Anteil der landesweit geschätzten Fischotter des Waldviertels 29 % einnahm, sank dessen Anteil an der Gesamtpopulation leicht auf 28 %. Der Anteil des Weinviertels sank von 20 % auf 17 % ebenfalls. Dafür stieg der Anteil des Mostviertels von 32 % auf 35 %. Etwa gleich blieb dagegen der Anteil des Industrieviertels mit 20 %.

Tabelle 21: Vorhersagewerte der Fischotterzahl für die Viertel bei Anwendung des Modell 1 auf die Brückendaten 2022 und 2018 (N=797) unter Verwendung der Gewässereinzugsgebiete und deren Abdeckung durch die Brücken.

Jahr	2022	2018
	Vorhersagen Modell 1 (95% Konfidenzintervall)	Vorhersagen Modell 1 (95% Konfidenzintervall)
Waldviertel	308 (236-380)	277 (210-344)
Weinviertel	189 (142-236)	189 (141-238)
Industrieviertel	212 (156-269)	189 (141-237)
Mostviertel	376 (289-463)	308 (233-383)

Anhand der Bestandszahlen innerhalb der Viertel – eine räumlich relativ groß gefasste Einheit – scheint es im Wald-, Wein- und Industrieviertel kaum Veränderungen gegeben zu haben, da die vorhergesagten Fischotterzahlen im Jahr 2022 denen aus dem Jahr 2018 ähneln. Lediglich im Mostviertel wird eine Zunahme der Fischotter von 2018 zu 2022 deutlich, was die bei der Dichteberechnung (3.2.4.3) und der Losungshäufigkeiten an den Brücken (Kapitel 3.1.1) gesehene Zunahme der Fischotterindividuen bzw. -losung im Mostviertel nochmals bekräftigt. Ebenso spiegeln die Ergebnisse in allen Kapiteln wider, dass es im Mittel kaum Veränderungen im Industrieviertel gegeben hat. Lediglich die Dichte-Zunahme im UG Weinviertel (Rußbach) und die Dichte-Abnahme in den beiden UGs im Waldviertel (Braunau-, Romau-, Reißbach) wird bei dieser groben Betrachtung nicht deutlich. Das ändert sich bei der Betrachtung der räumlich expliziten, auf die einzelnen Gewässereinzugsgebiete bezogenen, extrapolierten Fischotterdichten (Abbildung 47) und dem Vergleich zu den extrapolierten Dichten aus 2018 (Abbildung 48 und Abbildung 50). Dabei wird deutlich, dass es im Weinviertel lediglich zu einer Verschiebung der Dichteklassen gekommen ist. Während die Dichte am Rußbach und in den benachbarten Einzugsgebieten deutlich gestiegen ist (vergl. Abbildung 50), gab es eine Dichteverringerung in anderen Einzugsgebieten des Weinviertels, so dass es auf das gesamte Weinviertel gesehen kaum Veränderungen gab. Ähnliches gilt für das Waldviertel, wo die einstigen Hotspots im Nordwesten nunmehr durchschnittliche Dichten oder sogar Dichten im unteren Drittel anzeigen, während die Dichten in einigen benachbarten Einzugsgebieten seit 2018 scheinbar gestiegen sind (Abbildung 50). Die höchsten Dichten auf großer Fläche zeigte das Gebiet im westlichen Mostviertel (Abbildung 47).

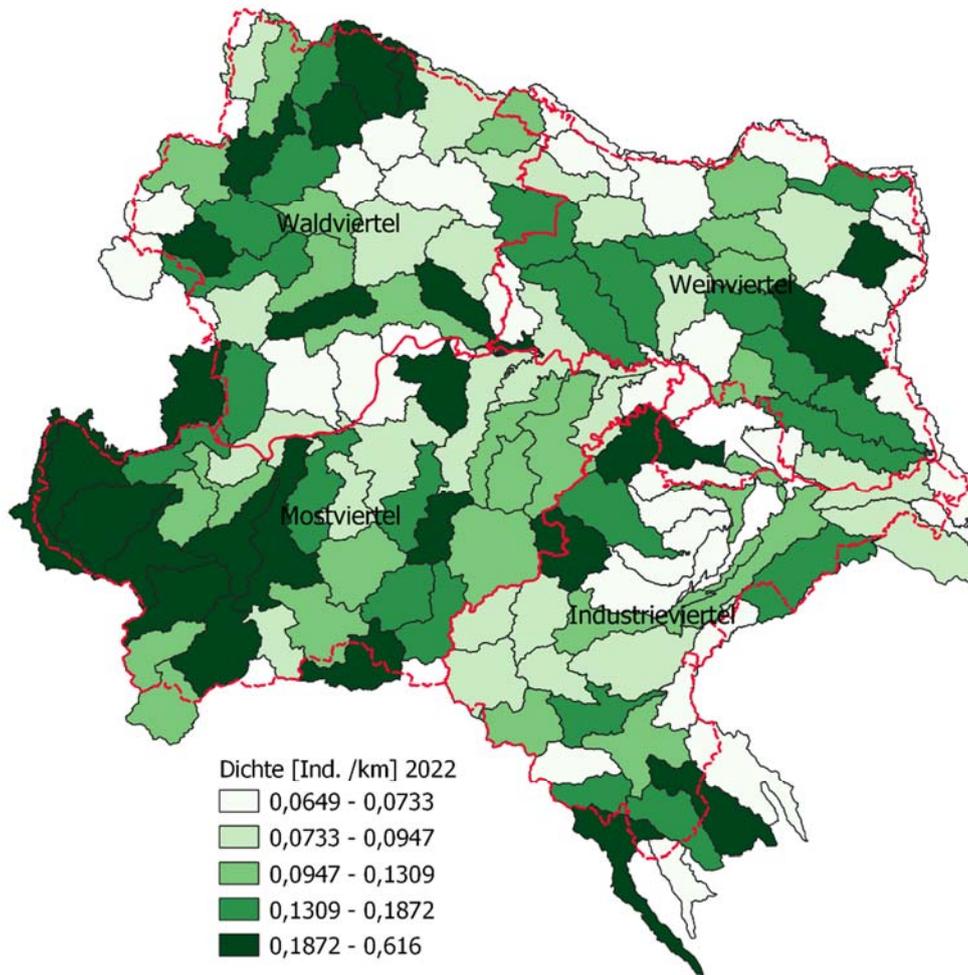


Abbildung 47: Fischotter-Populationsschätzungen für Niederösterreich 2022 unter Anwendung von Modell 1, der Daten der Brückenkartierung und der Gewässereinzugsgebiete. Je dunkler der Farbton, desto höher die Otterdichte.

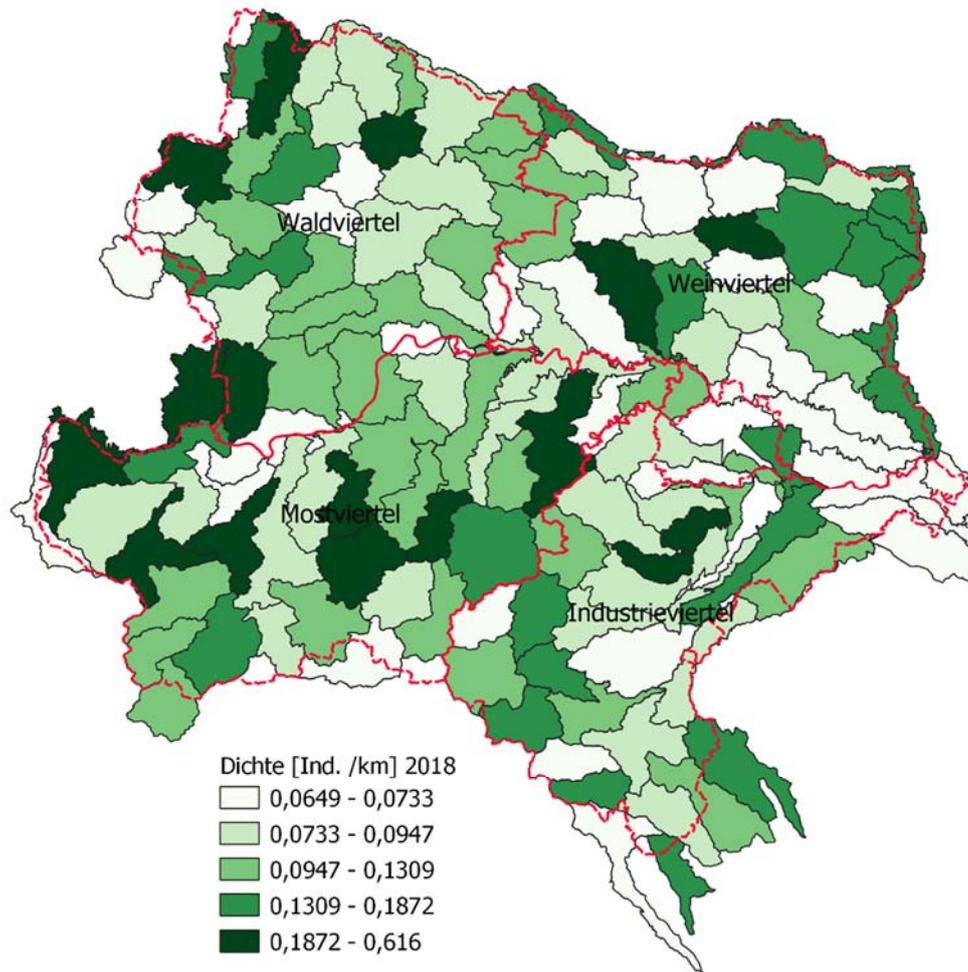


Abbildung 48: Fischotter-Populationsschätzungen für Niederösterreich 2018 unter Anwendung von Modell 1, der Daten der Brückenkartierung und der Gewässereinzugsgebiete. Je dunkler der Farbton, desto höher die Otterdichte.

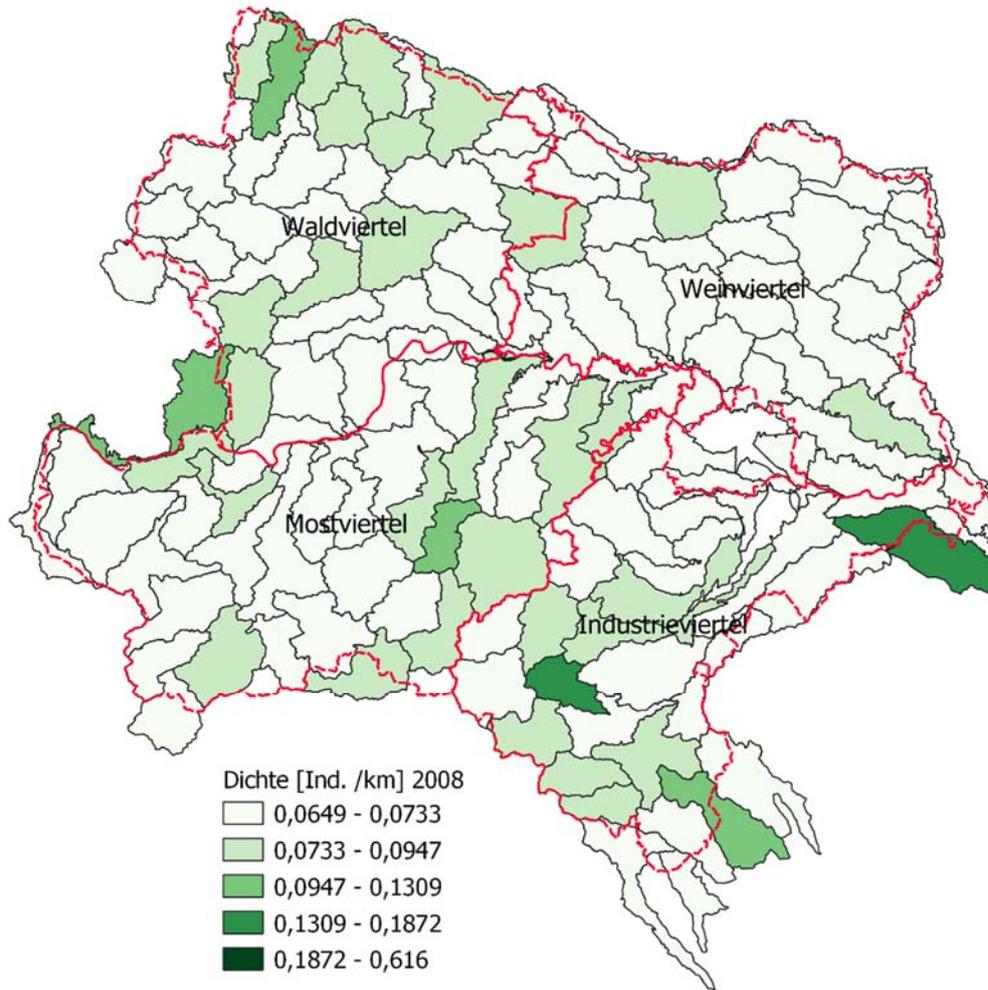


Abbildung 49. Fischtoter-Populationsschätzungen für Niederösterreich 2008 unter Anwendung von Modell 1, der Daten der Brückenkartierung und der Gewässereinzugsgebiete. Je dunkler der Farbton, desto höher die Otterdichte.

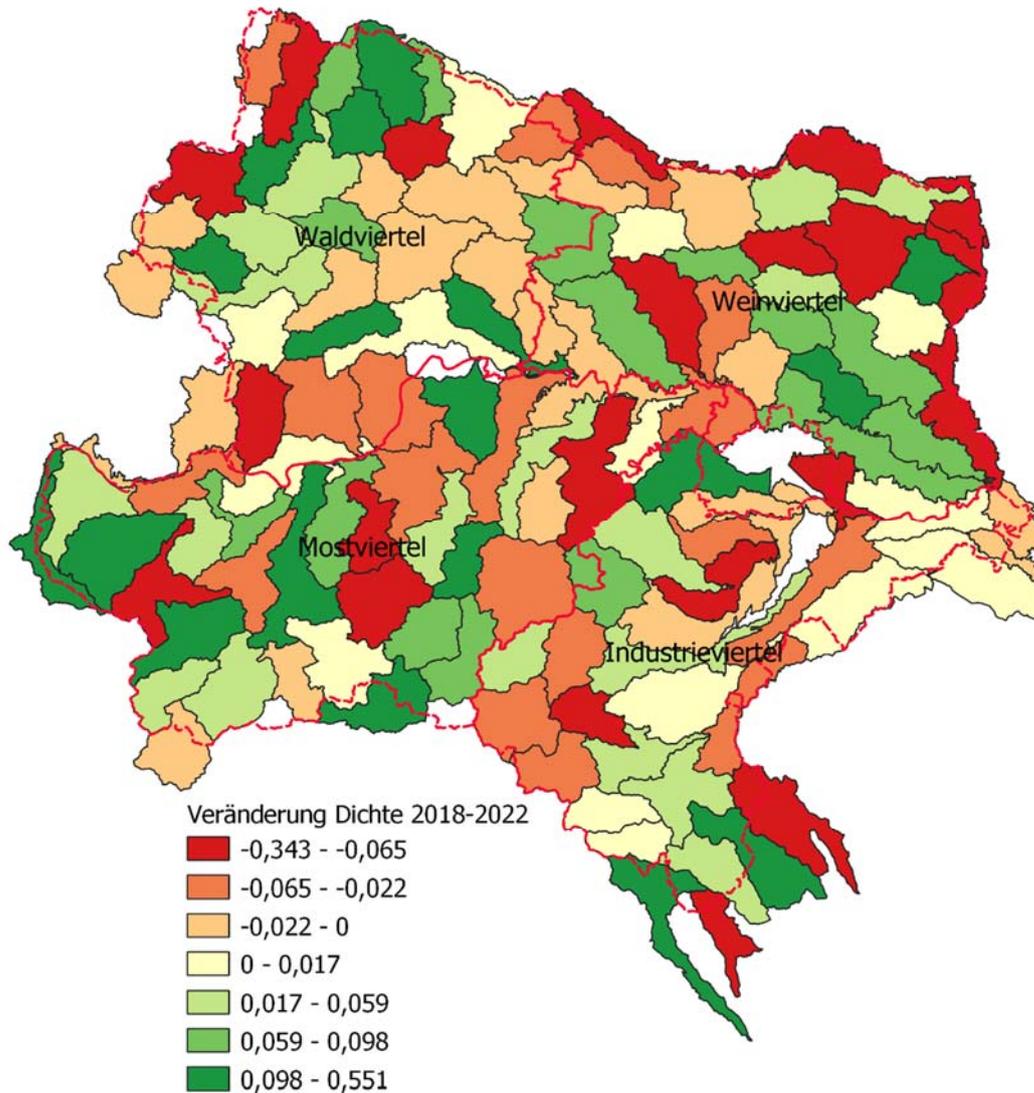


Abbildung 50: Veränderungen in der Fischotter-Dichte seit 2018 (Zunahmen in grün, Abnahmen in rot)

Da es scheinbar keine überregionale Abnahme im Waldviertel gab, stellt sich die Frage, wie es zu der Dichteabnahme an Romau-, Braunau- und Reißbach (UGs im Waldviertel) von 2018 zu 2022 gekommen ist. Dazu standen uns die Entnahme- und Totfunddaten vom Amt der NÖ-Landesregierung zur Verfügung. Um diese statistisch auf ihre Wirkung zu untersuchen, bedarf es Daten vor und nach der Entnahme und aller anderen Faktoren, die sich zur gleichen Zeit verändert haben. Da im Waldviertel primär am Reißbach entnommen wurde und von diesem Referenzgebiet keine genetisch basierte Populationsgrößenschätzung von 2018 vorliegt, verbietet sich dieser Ansatz. Zeitgleich wurde durch die massive Einzäunung (vergleiche 3.2.4.3) ein weiterer Faktor angewandt, der sich ebenfalls und direkt auf die Fischotter auswirkt, zu dem jedoch keine belastbaren Daten vorliegen.

Nimmt man die Brückendaten als einzige Informationen zum Vorher-Nachher-Status, dann fällt auf, dass es direkt am Reißbach nur 4 Brücken gab, in mittelbarer Umgebung der Entnahmen 8 Brücken. Damit ist jedoch keine Statistik durchführbar, zum einen, weil die Stichprobe zu gering ist, zum anderen, weil die Entfernungen zwischen Entnahmeorten und Brücken sehr heterogen und meist größer als die Fischotterreviere sind. Der Ansatz von Schenekar & Weiss (2020) einer Korrelation zwischen Anzahl der Entnahmen und der prozentualen Änderung der positiven Monitoringbrücken bedarf, bei Verwendung des Pearsonschen Maßkorrelationskoeffizienten, einer Normalverteilung – ein weiterer Punkt der mit Zählraten im Allgemeinen und der Datenlage im Waldviertel im Speziellen nicht gegeben war.

Unser Test auf Unterschiede in den Losungshäufigkeiten zwischen den Jahren und Vierteln (Kapitel 3.1.1) zeigte jedoch, dass im Waldviertel 2022 signifikant weniger mittelalte Losungen gefunden wurden und die Populationsgrößenschätzung setzt dieses Ergebnis in Fischotterzahlen um (Kapitel 3.2.4.3). Ein weiterer Hinweis kommt aus dem Vergleich der Dichteberechnungen anhand von Modell 1. Wie aus Abbildung 50 ersichtlich, hat gerade im Einzugsgebiet von Reißbach und Braunaubach (inkl. Romaubach) die Fischotterdichte abgenommen. Es kann festgehalten werden, dass sich die Dichte in den beiden Untersuchungsgebieten im Waldviertel verringert hat und das die zwei Faktoren, Entnahme und Zäunung, massiv zwischen 2018 und 2022 auf die Population eingewirkt haben müssen. In Abbildung 50 scheint die Abnahme im Einzugsgebiet des Braunaubaches höher zu sein als im Einzugsgebiet des Reißbaches. Die Entnahmen wurden aber ausschließlich im Umfeld des Reißbaches vorgenommen. Aus Kapitel 3.2.4.3 wird ersichtlich, dass die aktuellen genetisch geschätzten Dichten in beiden Einzugsgebieten gleich hoch sind (0,24 Braunaubach; 0,23 Reißbach). Das heißt sowohl die genetisch geschätzten Dichten, als auch die extrapolierten Dichten deuten an, dass vor allem die Zäunungen, die massiv seit 2018 zugenommen haben, die Hauptursache für den Rückgang der Fischotterdichte darstellen könnten. Zumal – wie bereits in Kapitel 3.2.4.3 erwähnt – die Zäunungen auch langfristig wirken, während die Entnahmen – als äußerst kurzfristige Maßnahme, da aus benachbarten Gebieten schnell wieder Otter einwandern können – lediglich zum schnelleren Erreichen dieser Reduktion geführt haben könnten. Demnach könnten die Zäunungen für eine langfristig niedrigere Fischotterdichte an Reiß, Romau- und Braunaubach gesorgt haben, während sich die mittlere Gesamtdichte für das Waldviertel zwischen 2018 (Mittelwert: 0,14; Median: 0,10) und 2022 (Mittelwert 0,15; Median: 0,12) nicht verändert hat.

3.4 Erhaltungszustand des Fischotters

Für die Beurteilung des Erhaltungszustandes sind entsprechend „Österreichischer Bericht gemäß Artikel 17 FFH-Richtlinie“ (Umweltbundesamt, 2020) vier Kriterien zu bewerten:

- Verbreitungsgebiet (Range)
- Population (Population)
- Habitatfläche und Habitatqualität (Habitat for the species)
- Zukunftsaussichten (Future prospects)

Die Einstufung des Erhaltungszustandes erfolgt in drei Bewertungsklassen (nachfolgende Tabelle entsprechend „Bericht gemäß Artikel 17 FFH-Richtlinie“ (Ellmauer *et al.* 2020; Ellmauer *et al.* 2015)):

Tabelle 22: Einstufung des Erhaltungszustandes in drei Bewertungsklassen (Quelle: Ellmauer et al. 2020, S.6).

Kategorie (englisch)	Kategorie (deutsch)	Beschreibung
favourable (FV)	günstig	Das Überleben des Schutzgutes ist gesichert, aktuell gibt es keine negativen Einflüsse, die konkrete Maßnahmen erfordern würden.
unfavourable–inadequate (U1)	ungünstig–unzureichend	Das Überleben des Schutzgutes ist zwar nicht gefährdet, es gibt aber negative Einflüsse, die konkrete Aktionen erfordern, um das Schutzgut wieder in günstigen Zustand zu versetzen.
unfavourable–bad (U2)	ungünstig–schlecht	Das Überleben des Schutzgutes ist (zumindest regional) ernsthaft gefährdet.
unknown (X)	unbekannt	Das Wissen über das Schutzgut reicht nicht für eine Beurteilung aus.

Gemäß dem Endbericht „Monitoring von Lebensraumtypen und Arten von gemeinschaftlicher Bedeutung in Österreich 2016-2018 und Grundlagenerstellung für den Bericht gemäß Artikel 17 der FFH-Richtlinie im Jahr 2019“ (Ellmauer *et al.* 2020) wird der Fischotter (*Lutra lutra*) im Jahr 2019 wie folgt bewertet:

Alpine Region (2019)

Tabelle 23: Einstufung des Erhaltungszustandes des Fischotters (Lutra lutra) in der alpinen Region (Ellmauer et al. 2020, S.93).

Kriterium	Bewertung	Beschreibung
Verbreitungsgebiet (R)	U1+	ungünstig–unzureichend zunehmend
Population (P)	FV+	günstig zunehmend
Habitatfläche und Habitatqualität (H)	FV=	günstig gleichbleibend
Zukunftsaussichten (FP)	FV	günstig

Der Erhaltungszustand wird in der alpinen Region mit ungünstig–unzureichend, zunehmend (U1+) bewertet.

Kontinentale Region (2019)

Tabelle 24: Einstufung des Erhaltungszustandes des Fischotters (Lutra lutra) in der kontinentalen Region (Ellmauer et al. 2020, S.93).

Kriterium	Bewertung	Beschreibung
Verbreitungsgebiet (R)	FV+	günstig zunehmend
Population (P)	FV+	günstig zunehmend
Habitatfläche und Habitatqualität (H)	FV=	günstig gleichbleibend
Zukunftsaussichten (FP)	FV	günstig

Der Erhaltungszustand wird in der kontinentalen Region mit günstig, zunehmend (FV+) bewertet.

3.4.1 Beurteilung des Beitrages Niederösterreichs zum günstigen Erhaltungszustand des Fischotters

Verbreitungsgebiet (Range)

Ganz Niederösterreich zählt zum ursprünglichen Verbreitungsgebiet des Fischotters. Anhand der vorliegenden Brückenkartierung konnte der Fischotter flächendeckend über ganz Niederösterreich nachgewiesen werden. Sowohl in der alpinen, wie auch in der kontinentalen biogeographischen Region sind nur in sehr wenigen 10 x 10 km Quadranten keine Fischotter nachgewiesen (2 Quadranten innerhalb Niederösterreichs, 4 angeschnittene Quadranten am Rand). Auch wenn Teilgebiete Niederösterreichs nur dünn besiedelt sind, so kann die Ausbreitung des Fischotters auf einer gröberen geographischen Skalierung, beispielsweise der Flusseinzugsgebiete, als abgeschlossen betrachtet werden.

Daher kann der Beitrag Niederösterreichs zum Kriterium „Verbreitung“ in beiden biogeographischen Regionen als **günstig** eingestuft werden.

Population (Population)

Die in dieser Studie vorgelegten Bestandsschätzungen des Fischotters in Niederösterreich von insgesamt 1.085 (95 % Konfidenzintervall: 823-1.348) Tieren, weisen (entsprechend Modell 1) der kontinentalen Region einen Bestand von 722 (547-896) Individuen und der alpinen Region einen Bestand von 364 (276-451) Fischottern zu. Im Vergleich wurden im Jahr 2018 (unter Anwendung von Modell 1) insgesamt 963 Tiere (724-1.202) festgestellt – 674 (505-842) Otter in der kontinentalen Region und 289 (219-360) in der alpinen Region. Demnach gab es von 2018 zu 2022 eine Zunahme von 7 % in der kontinentalen Region (von 674 auf 722 Individuen) und von 26 % in der alpinen Region (von 289 auf 364 Individuen). Im Verhältnis zu 2018 hat sich über ganz NÖ eine 13 % Steigerung der Fischotterdichte ergeben, wenn auch unterschiedlich in den Vierteln verteilt. Die Veränderung von 2008 auf 2018 belief sich entsprechend Modell 1 auf eine 89%ige Steigerung.

Die hier angegebenen Bestandszahlen können nicht ganz isoliert betrachtet werden, da sie im Austausch mit den Populationen der benachbarten Bundesländer Steiermark, Burgenland und Oberösterreich, sowie den Ländern Tschechien, Slowakei und Ungarn stehen. Für die Steiermark wurden in 2020 sehr hohe Zahlen von 800 bis 1.500 Tieren gemeldet (Holzinger *et al.* 2018, 2020). In Oberösterreich wurden gerade erst kürzlich 646 (536-749) Fischotter geschätzt (Schenekar & Weiss 2021b). Für Kärnten (Schenekar & Weiss 2018) und Salzburg (Schenekar & Weiss 2021a) wurden 361 (341-509) und 261 (196-320) Fischotter angegeben. Für Tschechien wurden ebenso kürzlich in 96 % aller Quadranten im Land Fischotterpräsenz nachgewiesen (Polednik *et al.* 2021b). Daher ist davon auszugehen, dass es eine ausreichend große Population in den angrenzenden Ländern für einen Austausch gibt.

Damit ist der Bestand sowie die Anzahl der Individuen, mit denen genetischer Austausch stattfinden kann, für die kontinentale Region als günstig zu bewerten, da die Population ausreichend viele Individuen umfasst, die im Austausch mit Fischottern aus Oberösterreich, Tschechien, Slowakei, Ungarn stehen und die genetische Variabilität nicht zu gering scheint.

Die alpine Region zeigte im Verhältnis zur kontinentalen Region zwar eine geringere Individuenzahl, diese hat sich jedoch seit 2018 um 26 % erhöht. Die alpine Population ist nicht von der Population in der kontinentalen Region (mit einem günstigen Bewertungszustand) zu trennen und es kann davon ausgegangen werden, dass auch hier eine Vernetzung zu den Populationen benachbarter Bundesländer (Steiermark, Oberösterreich, Burgenland) gegeben ist. Bereits Kranz & Polednik (2009) sind mit einer mehr als die Hälfte niedrigeren Anzahl an Individuen im alpinen Bereich von einem günstigen Erhaltungszustand für Niederösterreich ausgegangen. Auf Basis der genannten und der Studie von 2018 (Kofler *et al.*) werden auch in der aktuellen Studie die Bestandszahlen in Niederösterreich als günstig bewertet.

In den Bereichen, in denen Entnahmen gemäß NÖ NSchG 2000 §20 Abs. 4 stattgefunden haben, kommt es nachweislich zu einer regionalen Reduktion der Fischotterdichte. Gleichzeitig könnte auch die Zäunung der Teiche in diesem Gebiet zu einer Reduktion der Fischotterdichte geführt haben. Die Zäunungen wirken langfristig, wohingegen die Entnahmen als äußerst kurzfristige Maßnahme gelten, da aus benachbarten Gebieten schnell wieder Otter einwandern können. Demnach könnten die Zäunungen für eine langfristig niedrigere Fischotterdichte im Waldviertel gesorgt haben.

Ob eine Population langfristig überlebensfähig und vor allem anpassungsfähig ist, hängt nicht nur von der reinen Anzahl vorhandener Individuen ab, sondern auch von ihrer genetischen Variabilität. Denn

mit abnehmender genetischer Variabilität und Heterozygotie nimmt auch die Anpassungsfähigkeit einer Population und damit ihre Überlebensfähigkeit ab (Kirk & Freeland 2011).

Die Untersuchung der genetischen Variabilität und Heterozygotie der Population war nicht Gegenstand der Studie und kann somit nur anhand der 8 Mikrosatellitenmarker stichprobenartig bewertet werden. Es zeigte sich jedoch eine vergleichsweise hohe beobachtete Heterozygotie von 0,60-0,73 mit einer mittleren Allelzahl von 3,6-4,8.

Daher kann der Beitrag Niederösterreichs zum Kriterium „Population“ in beiden biogeographischen Regionen als **günstig** eingestuft werden.

Habitatfläche und Habitatqualität (Habitat for the species)

Der Fischotter ist an Gewässer und die zugehörigen Ufer bzw. Randstreifen gebunden. Der Verlust und die Beeinträchtigung dieser Lebensräume haben Auswirkungen auf das Habitat des Fischotters. Dennoch erweist sich der Fischotter als sehr anpassungsfähig. Wie in ggst. Studie festgestellt wurde, konnte der Fischotter in fast allen Quadranten nachgewiesen werden, er besiedelt also sowohl Stautrecken, wie auch urbane Gewässerabschnitte und nicht nur naturnahe Gewässerabschnitte. Die deutliche positive Bestandsentwicklung des Fischotters in beiden biogeographischen Regionen zeigt, dass die vorhandenen Habitate angenommen werden und flächendeckend vorhanden sind.

Die Habitatqualität ist auch abhängig von der Nahrungsvorhandenheit bzw. der vorhandenen Fischbiomasse. Zum Beispiel können anthropogene flussbauliche Maßnahmen oder auch Zäunungen von Fischteichen, aber auch andere äußere Einflüsse, den Fischbestand reduzieren (wie auch andere Nahrungskomponenten des Fischotters). In weiterer Folge kann es zu einer Reduktion der Fischotterdichte kommen. Gleichzeitig findet durch Teichwirtschaft und Fischbesatz eine künstliche Aufwertung von Gewässern statt. Diese künstliche bzw. anthropogene Aufwertung könnte daher die natürliche Habitateignung maskieren.

Zusammenfassend kann der Beitrag Niederösterreichs zum Kriterium „Habitatfläche und Habitatqualität“ in beiden biogeographischen Regionen als **günstig** eingestuft werden.

Zukunftsansichten (Future prospects)

Artikel 17 der FFH-Richtlinie fordert für den Fischotter eine langfristig stabile Entwicklung in seinem natürlichen Habitat. Die bisherige Datengrundlage zeigt eine deutliche positive Entwicklung des Fischotterbestands in Niederösterreich (seit 2018 Zunahme der Fischotterpopulation um 13 %).

Dabei ist anzumerken, dass durch Fließgewässerfischbesatz und die Teichwirtschaft eine anthropogene Beeinflussung der Fischotterpopulation vorliegt, die in unnatürlich hohen Fischotterdichten resultieren können. Eine Reduktion des Bestandes durch bessere Sicherung von Fischteichen findet bereits statt und steht nicht grundsätzlich im Widerspruch mit dem Ziel der FFH-Richtlinie. Allerdings sind ein großer Teil der Gewässer anthropogen überformt und der natürlichen Fisch- und Amphibienbestand daher reduziert. Es liegt somit sowohl eine anthropogene Förderung wie auch eine Schädigung des Fischotterhabitats vor. Durch die Vorgaben der WRRL, umgesetzt im

Wasserrechtsgesetz, kann davon ausgegangen werden, dass eine zukünftige Verschlechterung des Habitats nicht zu erwarten ist. Bei erfolgreicher Umsetzung der Forderungen nach dem „guten ökologischen Zustand“ ist prinzipiell von einer Verbesserung des Fischotterhabitats auszugehen. Es ist daher keine negative, zukünftige Beeinflussung des Bestands durch Habitateinflüsse zu erwarten. Unklar ist zum derzeitigen Zeitpunkt, wie sich der Klimawandel auf den Fischotter in Niederösterreich und vor allem auf seine Nahrung auswirken wird (Yom-Tov et. al 2006, Cianfrani *et al.* 2011).

Aufgrund der seit 2008 über 2018 (+89 %) bis 2022 (+13 %) weiter angewachsenen Population, kann man davon ausgehen, dass sich eine mehr oder minder stabile Population in Niederösterreich entwickelt hat. Langfristig könnten – vor allem auch in ihrer Summe – Entnahmen, Zäunungen und der Klimawandel den Fischotter negativ beeinflussen. Auf Grundlage der gegenwärtigen Daten zur Dichte und Verbreitung des Fischotters kann grundsätzlich von einer langfristig stabilen Population ausgegangen werden. Eine getrennte Bedrohung der Fischotterpopulationen in der kontinentalen oder der alpinen biogeographischen Regionen ist derzeit nicht zu erwarten.

Zusammenfassend kann der Beitrag Niederösterreichs zum Kriterium „Zukunftsaussichten“ daher für die kontinentale und die alpine Region mit „**günstig**“ eingestuft werden.

Literaturverzeichnis

- Amt der NÖ Landesregierung (2023): Gebietsfremde Krebsarten verdrängen heimische Flusskrebse. https://noel.gv.at/noe/Naturschutz/Gebietsfremde_Krebsarten_verdraengen_heimische_Flusskrebs.html.
- Arrendal J, Vila C, Bjorklund M (2007): Reliability of noninvasive genetic census of otters compared to field censuses. *Conservation Genetics* 8, 1097–1107.
- Bauer C, Peham E, Gratzl G, Fichtenbauer M (2020): Evaluierung – Zäunung 2020. Bundesamt für Wasserwirtschaft, Institut für Gewässerökologie und Fischereiwirtschaft, Gebharts, 7 Seiten.
- Bayerl H, Friedrich M, Schreiber R, Drexler W, Kühn R (2012): Fischotter und Schadensmonitoring in Ostbayern. Abschlussbericht Bayerische Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft in Freising, 54 Seiten.
- Beja-Pereira A, Oliveira R, Alves PC, Schwartz MK, Luikart G (2009): Advancing ecological understandings through technological transformations in noninvasive genetics. *Molecular Ecology Resources* 9, 1279–1301.
- Bellemain E, Swenson JE, Tallmon O, Brunberg S, Taberlet P (2005): Estimating population size of elusive animals with DNA from hunter-collected feces: Four methods for brown bears. *Conservation Biology* 19, 150-161.
- Boulanger J, White GC, McLellan BN, *et al.* (2002): A metaanalysis of grizzly bear DNA mark-recapture projects in British Columbia, Canada. *Ursus* 13, 137-152.
- Burnham KP, Anderson DR (2002): Model selection and multimodel inference: A practical information-theoretic approach, 2nd ed. edn. Springer-Verlag, New York.
- Bundesministerium für Land- und Forstwirtschaft, Umwelt und Wasserwirtschaft, Sektion VII Wasser (2013): Aquatische Neobiota in Österreich. 160 Seiten.
- Chandler RB, Royle JA, King DI, (2011): Inference about density and temporary emigration in unmarked populations. *Ecology* 92, 1429-1435. <https://doi.org/10.1890/10-2433>.
- Cianfrani C, Le Lay G, Maiorano L, Satizábal HF, Loy A., Guisan A (2011) Adapting global conservation strategies to climate change at the European scale: The otter as a flagship species. *Biological Conservation* 144: 8, 2068-2080.
- Cocchiarara B, Polednik L, Künzelmann B, Beran V, Nowak C (2021): Genetische Struktur der Fischotterpopulation im Erzgebirge. *Bulletin Vydra* 19: 26-35.
- Dallas JF, Carss DN, Marshall F, *et al.* (2000): Sex identification of the Eurasian otter *Lutra lutra* by PCR typing of spraints. *Conservation Genetics* 1, 181-183.
- Dallas JF, Marshall F, Pierny SB, Bacon PJ, Racey PA (2002): Spatially restricted gene flow and reduced microsatellite polymorphism in the Eurasian otter *Lutra lutra* in Britain. *Conservation Genetics* 3, 15-29.

- Dallas JF, Piartney SB (1998): Microsatellite primers for the Eurasian otter. *Molecular Ecology-Primer Notes* 7, 1247-1263.
- Ellmauer T, Moser D, Rabitsch W, Berthold A, Zulka KP (2015): Bewertung des Erhaltungszustands von Lebensraumtypen und Arten in Österreich gemäß Artikel 17 FFH-Richtlinie. *Natur und Landschaft* 90 (5): 205–13.
- Ellmauer T, Kudrnovsky V, Moser H, Paternoster D (2020): Bericht nach Artikel 17 FFH-Richtlinie. Monitoring von Lebensraumtypen und Arten von gemeinschaftlicher Bedeutung in Österreich 2016-2018 und Grundlagenerstellung für den Bericht gemäß Artikel 17 der FFH-Richtlinie im Jahr 2019. Endbericht. Teil 2: Artikel 17-Bericht. Wien. 99 Seiten.
- Erlinge S (1967): Home Range of the Otter *Lutra lutra* L. in Southern Sweden. *Oikos* 18, 186–209.
- Fiske IJ, Chandler RB, (2011): unmarked: An R package for fitting hierarchical models of wildlife occurrence and abundance. *J. Stat. Softw.* 43, 1-23.
- Hager J, Eder E, Hödl W (1998): Flußkrebse in Niederösterreich. *Stapfia* 58: 37-42.
- Hajkova P, Zemanova B, Bryja J, *et al.* (2006): Factors affecting success of PCR amplification of microsatellite loci from otter faeces. *Molecular Ecology Notes* 6, 559-562.
- Hajkova P, Zemanova B, Roche K, Hajek B (2009): An evaluation of field and noninvasive genetic methods for estimating Eurasian otter population size. *Conservation Genetics* 10, 1667–1681.
- Hedmark E, Flagstad O, Segerstrom P, *et al.* (2004): DNA-based individual and sex identification from wolverine (*Gulo gulo*) faeces and urine. *Conservation Genetics* 5, 405-410.
- Holzinger WE, Zimmermann P, Weiss S, Schenekar T (2018): Fischotter: Verbreitung und Bestand in der Steiermark 2017/2018. Ökoteam-Institut für Tierökologie und Naturraumplanung & Universität Graz, Institut für Biologie; Projektbericht im Auftrag des Amtes der Stmk. Landesregierung, 151 S.
- Holzinger WE, Schenekar T, Weiss S, Zimmermann P (2020): Verbreitung und Bestand des Fischotters (*Lutra lutra*) in der Steiermark (Mammalia). *Joannea Zoologie* 18: 5-23.
- Kean EF, Muller CT, Chadwick EA (2011): Otter scent signals age, sex, and reproductive status. *Chemical Senses* 36, doi:10.1093/chemse/bjr025.
- Kendall KC (1999): Robustness of closed capture-recapture methods to violations of the closure assumption. *Ecology* 80, 2517-2525.
- Kirk H, Freeland JR (2011): Applications and Implications of Neutral versus Non-neutral Markers in Molecular Ecology. *International Journal of Molecular Sciences* 12, 3966-3988.
- Koelewijn HP, Perez-Haro M, Jansman HAH, *et al.* (2010): The reintroduction of the Eurasian otter (*Lutra lutra*) into the Netherlands: hidden life revealed by noninvasive genetic monitoring. *Conservation Genetics* 11, 601-614.

- Kofler H, Lampa S, Ludwig T (2018): Fischotterverbreitung und Populationsgrößen in Niederösterreich 2018. Endbericht. ZT KOFLER Umweltmanagement im Auftrag des Amtes der Niederösterreichischen Landesregierung, 117 S.
- Kranz A (1996): Variability and seasonality in sprinting behaviour of otters *Lutra lutra* on a highland river in Central Europe. *Lutra* 39, 33-42.
- Kranz A, Polednik L (2009): Fischotter - Verbreitung und Erhaltungszustand 2008 in Niederösterreich. Endbericht im Auftrag der Abteilung Naturschutz des Amtes der Niederösterreichischen Landesregierung, 47 Seiten.
- Kruuk H (2006): Otters – ecology, behaviour and conservation Oxford University Press, Oxford, New York.
- Lampa S, Henle K, Klenke R, Hoehn M, Gruber B (2013): How to overcome genotyping errors in non-invasive genetic mark-recapture population size estimation—A review of available methods illustrated by a case study. *Journal Of Wildlife Management* 77, 1490-1511.
- Lampa S (2015): From faeces to ecology and behaviour: non-invasive microsatellite genotyping as a means to study wild otters (*Lutra lutra*), Universität Jena.
- Lampa S, Mihoub J-B, Gruber B, Klenke R, Henle K (2015): Non-Invasive Genetic MarkRecapture as a Means to Study Population Sizes and Marking Behaviour of the Elusive Eurasian Otter (*Lutra lutra*). *Plos One* 10, e0125684.
- Lampa S (2017): Genetisches Fischottermonitoring im Landkreis Tirschenreuth – Los 2. Endbericht Vorhaben Nr. 16-0175b der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL) in Freising, 39 Seiten.
- Lampa S (2019): Genetisches Fischottermonitoring in der Oberpfalz – Los 2. Endbericht Vorhaben Nr. 18-0007b der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL) in Freising, 60 Seiten.
- Lerone L, Mengoni C, Carpaneto GM *et al.* (2014): Procedures to genotype problematic non-invasive otter (*Lutra lutra*) samples. *Acta Theriol* 59:511-520.
- Lukacs PM, Burnham KP (2005): Estimating population size from DNA-based closed capture-recapture data incorporating genotyping error. *Journal Of Wildlife Management* 69, 396–403.
- Lukacs PM (2010): Closed population capture-recapture models. In: Program MARK – A gentle introduction eds. Cooch E, White GC), p. 509.
- Macdonald SM, Mason CF (1987): Seasonal marking in an otter population. *Acta Theriologica* 32, 449-462.
- McKelvey KS, Schwartz MK (2004): Genetic errors associated with population estimation using non-invasive molecular tagging: Problems and new solutions. *Journal Of Wildlife Management* 68, 439-448.

- McKelvey KS, Schwartz MK (2005): DROPOUT: a program to identify problem loci and samples for noninvasive genetic samples in a capture-mark-recapture framework. *Molecular Ecology Notes* 5, 716-718.
- Mills LS, Citta JJ, Lair KP, Schwartz MK, Tallmon DA (2000): Estimating animal abundance using noninvasive DNA sampling: promise and pitfalls. *Ecological Applications* 10, 283-294.
- Polednikova K, Kranz A, Polednik L, Mysiak J (2013): Otters causing conflicts – the fish farming case in the Czech Republic. In: Klenke R, Ring I, Kranz A, Jepsen N, Rauschmayer F, Henle K – Human-Wildlife conflicts in Europe. Springer-Verlag, S.81-106.
- Polednik L, Polednikova K, Vetrovcova J, Beran V, Pavel V (2018): Winter census of Eurasian otter (*Lutra lutra* L.) in selected areas of the Czech Republic in the years 2013-2017. *Bulletin VYDRA* 17: 14-25.
- Polednik L, Polednikova K, Pavel V, Beran V (2021a): Winter census of Eurasian otter in Dačice area and PLA Orlické hory in the year 2021. *Bulletin VYDRA* 18: 49-55.
- Polednik L, Beran V, Zapotocny S, Polednikova K (2021b): Distribution of the Eurasian otter (*Lutra lutra* L.) population in the Czech Republic in 2021. *Bulletin VYDRA* 18: 25-35.
- Pradel R (1996): Utilization of capture-mark-recapture for the study of recruitment and population growth rate. *Biometrics* 52, 703-709.
- Prigioni C, Remonti L, Balestrieri A, *et al.* (2005) Distribution and sprinting activity of the Otter (*Lutra lutra*) in the Pollino National Park (southern Italy). *Ethology Ecology & Evolution* 17, 171-180.
- Quantum, G., n.d. Development Team (2009): Quantum GIS Geographic Information System. Open Source Geospatial Foundation Project. URL[<http://qgis.osgeo.org>].
- R Core Team (2021): A Language and Environment for Statistical Computing, R Foundation for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.
- Reuther C, Dolch D, Green R, Jahrl J, Jefferies D, Krekemeyer A, Kucerova M, Madsen AB, Romanowski J, Roche K, Ruiz-Olmo J, Teubner J, Trindade A (2000): Surveying and monitoring distribution and population trends of the Eurasian otter (*Lutra lutra*): guidelines and evaluation of the standard method for surveys as recommended by the European section of the IUCN/SSC Otter Specialist Group. IUCN: International Union for Conservation of Nature, 148 Seiten.
- RStudio Team (2022): RStudio Integrated Development Environment for R.
- Schenekar T, Weiss S (2018): Genetische Untersuchungen der Populationsgröße des Eurasischen Fischotters in den Kärntner Fischgewässern. Endbericht im Auftrag des Amtes der Kärntner Landesregierung. 53 Seiten.
- Schenekar T., Weiss S. (2020) Fischottermonitoring Kärnten 2019/20. Endbericht im Auftrag des Amtes der Kärntner Landesregierung. 43 Seiten.
- Schenekar T, Weiss S (2021a): Studie zur Populationsgröße des Fischotters an den Salzburger Fließgewässern. Endbericht im Auftrag des Amtes der Salzburger Landesregierung. 60 Seiten.

- Schenekar T, Weiss S (2021b): Studie zur Populationsgröße des Fischotters an den Fließgewässern Oberösterreichs. Endbericht im Auftrag des Amtes der OÖ Landesregierung. 66 Seiten.
- Sidorovich VE (1991): Structure, reproductive status and dynamics of the otter population in Byelorussia. *Acta Theriologica* 36, 153-161.
- Sittenthaler M, Bayerl H, Unfer G, Kuehn R, Parz-Gollner R (2015): Impact of fish stocking on Eurasian otter (*Lutra lutra*) densities: A case study on two salmonid streams. *Mammalian Biology - Zeitschrift für Säugetierkunde* 80, 106-113.
- Sittenthaler M, Haring E, Parz-Gollner R (2016): Erhebung des Fischotterbestandes in ausgewählten Fließgewässern Niederösterreichs mittels nicht-invasiver genetischer Methoden. Endbericht im Auftrag des Landesfischereiverbands Niederösterreich, 93 Seiten.
- Sittenthaler M, Schöll EM, Leeb C, Haring E, Parz-Gollner R, Hackländer K (2020): Marking behaviour and census of Eurasian otters (*Lutra lutra*) in riverine habitats: what can scat abundances and non-invasive genetic sampling tell us about otter numbers? *Mammal Research* <https://doi.org/10.1007/s13364-020-00486-y>.
- Sittenthaler M, Schöll EM, Leeb C, Haring E, Parz-Gollner R, Hackländer K (2021): Factors influencing genotyping success and genotyping error rate of Eurasian otter (*Lutra lutra*) faeces collected in temperate Central Europe. *European Journal of Wildlife Research* 67: 2. <https://doi.org/10.1007/s10344-020-01444-4>.
- Taberlet P, Griffin S, Goossens B, *et al.* (1996): Reliable genotyping of samples with very low DNA quantities using PCR. *Nucleic Acids Research* 24, 3189-3194.
- Taberlet P, Waits LP, Luikart G (1999) Noninvasive genetic sampling: look before you leap. *Tree* 14, 323-327.
- Valière N (2002): GIMLET: a computer program for analysing genetic individual identification data. *Molecular Ecology Notes* 2, 377-379.
- Waits LP, Luikart G, Taberlet P (2001): Estimating the probability of identity among genotypes in natural populations: cautions and guidelines. *Molecular Ecology* 10, 249-256.
- Weinberger I, Muff S, Kranz A, Bontadina F (2016): Flexible habitat selection paves the way for a recovery of otter populations in the European Alps. *Biological Conservation* 199, 88-95.
- White GC, Burnham KP (1999): Program MARK: survival estimation from populations of marked animals. *Bird Study* 46, 120-139.
- Yom-Tov Y, Heggberget TM, Wiig Ø, Yom-Tov S (2006): Body size changes among otters, *Lutra lutra*, in Norway: the possible effects of food availability and global warming. *Oecologia* 150, 155-160.

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Karte Niederösterreichs mit den Aufnahmepunkten der Brückenkartierung und den Untersuchungsgebieten der Genetikkartierung (Quelle Hintergrund: www.basemap.at).....	11
Abbildung 2: Auf der Karte von Niederösterreich sind in rot alle Punkte der Brückenkartierung eingezeichnet. In schwarz sind alle Brücken markiert, die am ersten Tag im Zuge der Brückenkartierung erhoben wurden und an weiteren 2 Folgetagen auf frische Losungsnachweise untersucht wurden.	12
Abbildung 3: Aufnahmen aus dem Untersuchungsgebiet im Waldviertel	16
Abbildung 4: Aufnahmen aus dem Untersuchungsgebiet im Waldviertel – Reißbach.....	17
Abbildung 5: Aufnahmen aus dem Untersuchungsgebiet im Weinviertel	18
Abbildung 6: Aufnahmen aus dem Untersuchungsgebiet im Industrieviertel.....	19
Abbildung 7: Aufnahmen aus dem Untersuchungsgebiet im Mostviertel.....	20
Abbildung 8: In der Karte sind die 67 Aufnahmepunkte der Genetikkartierung im Waldviertel – R/B eingezeichnet.	22
Abbildung 9: In der Karte sind die 37 Aufnahmepunkte der Genetikkartierung im Waldviertel – Reißb. eingezeichnet.	22
Abbildung 10: In der Karte sind die 65 Aufnahmepunkte der Genetikkartierung im Weinviertel eingezeichnet.	23
Abbildung 11: In der Karte sind die 61 Aufnahmepunkte der Genetikkartierung im Industrieviertel eingezeichnet.	23
Abbildung 12: In der Karte sind die 69 Aufnahmepunkte der Genetikkartierung im Mostviertel eingezeichnet.	24
Abbildung 13: Vier-Farben-Elektropherogramm von 4 Wiederholungen einer Probe (E837) vom Reißbach mit dem Marker-Set M1. Die Mikrosatelliten haben die Farben grün (Lut457), schwarz (Lut615) und blau (Lut733). Der Standard ist rot. Die Allele entsprechen den farblich ausgefüllten Signalkurven. Neben dem jeweiligen Elektropherogramm sind die Genotypen, die bei dieser Wiederholung abzulesen sind, aufgelistet. Der Marker Lut733 zeigt in der 1. und 4. Wiederholung jeweils einen Allelausfall. Die Marker Lut457 und Lut615 ein Artefakt bei der 3. Wiederholung. Es ergibt sich folgender Konsens-Genotyp:.....	27
Abbildung 14: Kumulierte Häufigkeiten ($F_n(x)$) der Fischotterlosung (x) die nach 1-7 Beobachtungstagen beobachtet wurde ($N=299$) und zum Vergleich die kumulierten Häufigkeiten nach einer Begehung der Brücken ($N=797$).....	36

Abbildung 15: Verbreitung der Fischotter 2008, 2018 und 2022.....	40
Abbildung 16: Vergleich des Vorkommens des Fischotters 2008 und 2018 und 2022	41
Abbildung 17: Veränderung Losungsdichte in Niederösterreich 2018-2022.....	42
Abbildung 18: Landesweite Betrachtung der Veränderung der Losungsdichteklassen 2018 und 2022	43
Abbildung 19: Unterschiede in der Häufigkeit frischer Losung zwischen den Jahren 2018 und 2022 .	44
Abbildung 20: Unterschiede in der Häufigkeit frischer (links) und mittelalter Losung (rechts) zwischen den Vierteln und Jahren 2018 und 2022	44
Abbildung 21: Fischotterlosungen mit Krebsen.....	46
Abbildung 22: Betrachtung der Veränderung der Losungsdichteklassen 2018 und 2022 in der alpinen Region	47
Abbildung 23: Betrachtung der Veränderung der Losungsdichteklassen 2018 und 2022 in der kontinentalen Region.....	48
Abbildung 24: In der Grafik sind die Genetik-Erhebungspunkte im Waldviertel Romaubach/Braunaubach als Kreise (Fließgewässer) und Dreiecke (Standgewässer) eingetragen. Die Farbintensität zeigt die Anzahl der frischen Losungsfunde an: weiß = 0, gelb = 1-5, orange = 6-10, lila = >15.....	50
Abbildung 25: In der Grafik sind die Genetik-Erhebungspunkte im Waldviertel Reißbach als Kreise (Fließgewässer) und Dreiecke (Standgewässer) eingetragen. Die Farbintensität zeigt die Anzahl der frischen Losungsfunde an: weiß = 0, gelb = 1-5, orange = 6-10, rot = 11-15.....	50
Abbildung 26: In der Grafik sind die Genetik-Erhebungspunkte im Weinviertel als Kreise (Fließgewässer) und Dreiecke (Standgewässer) eingetragen. Die Farbintensität zeigt die Anzahl der frischen Losungsfunde an: weiß = 0, gelb = 1-5, orange = 6-10, rot = 11-15.....	51
Abbildung 27: In der Grafik sind die Genetik-Erhebungspunkte im Industrieviertel als Kreise (Fließgewässer) eingezeichnet. Es kommen keine Erhebungspunkte an Standgewässern vor. Die Farbintensität zeigt die Anzahl der frischen Losungsfunde an: weiß = 0, gelb = 1-5, orange = 6-10	51
Abbildung 28: In der Grafik sind die Genetik-Erhebungspunkte im Mostviertel als Kreise (Fließgewässer) und Dreiecke (Standgewässer) eingetragen. Die Farbintensität zeigt die Anzahl der frischen Losungsfunde an: weiß = 0, gelb = 1-5, orange = 6-10, rot = 11-15.....	52
Abbildung 29: Fotos verschiedener Losungen aus allen 4 Vierteln die die Mannigfaltigkeit von Fischotterlosungen und die Ähnlichkeit zu Minklosungen darstellen: Foto A und B entstammen dem Industrie- bzw. Weinviertel und sind Minklosungen. Foto C stammt aus dem Mostviertel und zeigt zwei verschiedenartige Losungen (graue Wurst unten und schwarzer Klecks oben) die beide vom Fischotter sind. Foto D aus dem Waldviertel bildet eine eher ungewöhnlich	

aussehende Fischotterlosung ab. Alle Losungen wurden genetisch analysiert und sind daher eindeutig bestimmbar.	53
Abbildung 30: Anzahl der Individuenpaare, deren Genotyp sich in je 1-9 Mikrosatelliten-Markern unterscheiden je Referenzgebiet.....	57
Abbildung 31: Vergleich der Fischotter-Dichten aus dem Monitoring 2018 (Kofler et al. 2018) und dem Monitoring 2022 aufgeteilt nach Referenzgebiet. Die Balkenhöhe gibt die Dichte im jeweiligen Referenzgebiet an, die schwarzen Linien entsprechen den 95 %-Konfidenzintervallen.	66
Abbildung 32: Darstellung aller abgesuchten Markierstellen in den Referenzgebieten im Waldviertel – R/B. Die unterschiedlichen Symbole zeigen an, ob am jeweiligen Markierplatz Losung gefunden wurde (Sternsymbol) und ob dieser Fund erfolgreich genotypisiert werden konnte (blauer Stern) (Quelle Hintergrund: www.basemap.at).	69
Abbildung 33: Streifgebiete der genetisch nachgewiesenen Fischotter im Waldviertel – R/B (Quelle Hintergrund: www.basemap.at). Die Punktnachweise sind als Sterne dargestellt und die Streifgebiete als Linien. Weibchen werden in Rot-Tönen und Männchen in Grün-Tönen dargestellt.	72
Abbildung 34: Darstellung aller abgesuchten Markierstellen in den Referenzgebieten im Waldviertel – Reißb. Die unterschiedlichen Symbole zeigen an, ob am jeweiligen Markierplatz Losung gefunden wurde (Sternsymbol) und ob dieser Fund erfolgreich genotypisiert werden konnte (blauer Stern) (Quelle Hintergrund: www.basemap.at).	73
Abbildung 35: Streifgebiete der genetisch nachgewiesenen Fischotter im Waldviertel – Reißb. (Quelle Hintergrund: www.basemap.at). Die Punktnachweise sind als Sterne dargestellt und die Streifgebiete als Linien. Weibchen werden in Rot-Tönen und Männchen in Grün-Tönen dargestellt.	75
Abbildung 36: Darstellung aller abgesuchten Markierstellen in den Referenzgebieten im Weinviertel. Die unterschiedlichen Symbole zeigen an, ob am jeweiligen Markierplatz Losung gefunden wurde (Sternsymbol) und ob dieser Fund erfolgreich genotypisiert werden konnte (blauer Stern) (Quelle Hintergrund: www.basemap.at).	76
Abbildung 37: Streifgebiete der genetisch nachgewiesenen Fischotter im Weinviertel (Quelle Hintergrund: www.basemap.at). Die Punktnachweise sind als Sterne dargestellt und die Streifgebiete als Linien. Weibchen werden in Rot-Tönen und Männchen in Grün-Tönen dargestellt.	78
Abbildung 38: Darstellung aller abgesuchten Markierstellen in den Referenzgebieten im Industrieviertel. Die unterschiedlichen Symbole zeigen an, ob am jeweiligen Markierplatz Losung gefunden wurde (Sternsymbol) und ob dieser Fund erfolgreich genotypisiert werden konnte (blauer Stern) (Quelle Hintergrund: www.basemap.at).	79
Abbildung 39: Streifgebiete der genetisch nachgewiesenen Fischotter im Industrieviertel (Quelle Hintergrund: www.basemap.at). Die Punktnachweise sind als Sterne dargestellt und die	

Streifgebiete als Linien. Weibchen werden in Rot-Tönen und Männchen in Grün-Tönen dargestellt.	81
Abbildung 40: Darstellung aller abgesehenen Markierstellen in den Referenzgebieten im Mostviertel. Die unterschiedlichen Symbole zeigen an, ob am jeweiligen Markierplatz Losung gefunden wurde (Sternsymbol) und ob dieser Fund erfolgreich genotypisiert werden konnte (blauer Stern) (Quelle Hintergrund: www.basemap.at).	82
Abbildung 41: Streifgebiete der genetisch nachgewiesenen Fischotter im Mostviertel (Quelle Hintergrund: www.basemap.at). Die Punktnachweise sind als Sterne dargestellt und die Streifgebiete als Linien. Weibchen werden in Rot-Tönen und Männchen in Grün-Tönen dargestellt.	84
Abbildung 42: Zusammenhang zwischen der Anzahl gefundener frischer Fischotterlosung (x-Achse) und genotypisierten Individuen (links), mit einem unbekanntem Individuum (Mitte) und allen unbekanntem Individuen pro Punkt (rechts). Die dicke schwarze Linie bildet dabei die Schätzung der Individuenanzahl mit dem roten Konfidenzintervall bei Modellen mit Polynomen I. Ordnung. Die dünne schwarze Linie und das blaue Konfidenzintervall im Hintergrund verdeutlichen den Zusammenhang der Modelle mit polynomischen Termen VI. Ordnung. Rote Kreuze zeigen die Lage der Originaldaten (N=298, zur besseren Sichtbarkeit entlang beider Achsen leicht gestreut).	88
Abbildung 43: Vergleich des Zusammenhangs 2018 (grün) und 2022 (rot): Anzahl gefundener frischer Fischotterlosung (x-Achse) und genotypisierten Individuen (links), mit einem unbekanntem Individuum (Mitte) und allen unbekanntem Individuen pro Punkt (rechts). Rote Kreuze zeigen die Lage der Originaldaten 2022 (N=298, zur besseren Sichtbarkeit entlang beider Achsen leicht gestreut).	89
Abbildung 44: Vorhergesagte Fischotterhäufigkeiten in den Referenzgebieten mit der Anzahl eindeutig ermittelter Individuen als abhängige Variable (Modell 1) und eindeutig ermittelter Individuen plus ein unbekanntes (Modell 2). Die Modelle wurden siebenmal validiert, indem die gefundene frische Losungsmenge vom 1. bis zum 7. Tag aufsummiert wurde. Die grau gestrichelte Linie zeigt die genetisch ermittelte Fischotterzahl in den vier Referenzgebieten von 81,3 mit Konfidenzintervall (54,0 – 108,5).	90
Abbildung 45: Anwendung bzw. Validierung der Modelle 1 und 2 mit 49 Punkten die im Herbst während der Brückenkartierung 3fach (orange) bzw. im Frühjahr während der Genetikkartierung 5-7fach (blau) begangen wurden. Die genetisch ermittelte Individuenzahl von 45 (grau gestrichelt) wird am ehesten vom Modell 2 mit der Losungsmenge nach drei Tagen bzw. von Modell 1 nach 5-7 Tagen erreicht.	91
Abbildung 46: Validierung der Modelle 1 und 2 mit 49 Punkten die im Herbst während der Brückenkartierung 3fach (orange) bzw. im Frühjahr, während der Genetikkartierung 5-7fach (blau) begangen wurden. Die genetisch ermittelte Individuenzahl von 45 (grau gestrichelt) wird nach Anwendung der beschriebenen Methode unter Beachtung der Streifgebietsgröße (vgl. Text) richtig geschätzt.	92

Abbildung 47: Fischotter-Populationsschätzungen für Niederösterreich 2022 unter Anwendung von Modell 1, der Daten der Brückenkartierung und der Gewässereinzugsgebiete. Je dunkler der Farbton, desto höher die Otterdichte..... 96

Abbildung 48: Fischotter-Populationsschätzungen für Niederösterreich 2018 unter Anwendung von Modell 1, der Daten der Brückenkartierung und der Gewässereinzugsgebiete. Je dunkler der Farbton, desto höher die Otterdichte..... 97

Abbildung 49. Fischotter-Populationsschätzungen für Niederösterreich 2008 unter Anwendung von Modell 1, der Daten der Brückenkartierung und der Gewässereinzugsgebiete. Je dunkler der Farbton, desto höher die Otterdichte..... 98

Abbildung 50: Veränderungen in der Fischotter-Dichte seit 2018 (Zunahmen in grün, Abnahmen in rot) 99

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Überblick über die fünf Fließgewässer-Referenzstrecken.....	21
Tabelle 2: Räumliche Entsprechungen der durch Viertel bezeichneten Teillandschaften der Genetikerfassung mit den Gewässereinzugsgebieten (GWE). „GWE gesamt“ entspricht der Gesamtzahl von Gewässereinzugsgebieten im jeweiligen Viertel. „Gewässer“ sind die Gewässer, die für die ggst. Studie herangezogen wurden. „GWE“ gibt an, aus wie vielen Gewässereinzugsgebiet das jeweilige Gewässer zusammengesetzt ist.....	34
Tabelle 3: Auswertung Brückenkartierung – Nachweisdichteklassen.....	38
Tabelle 4: Auswertung Brückenkartierung – Nachweisdichteklassen.....	39
Tabelle 5: Anzahl der gesammelten und extrahierten Proben und deren Qualität, aufgeschlüsselt nach Untersuchungsgebiet (UG): Proben anderer Art, Proben die einen Konsens-Genotyp erhielten (Genotypisiert) und die Anzahl der Individuen die sich aus den genotypisierten Proben ergeben (Anzahl Individuen).....	54
Tabelle 6: Genetische Kenngrößen für jedes Untersuchungsgebiet. Aufgelistet sind die Anzahl der gefundenen Allele (AA) je Marker als Spanne und Mittelwert (\emptyset), die probability of identity für alle Individuen korrigiert um die Probenanzahl (PI _{unbiased}) und für Geschwister (PI _{sib}), die erwartete (H_e) und beobachtete Heterozygotie (H_o), die Amplifikations-Erfolgsrate (AER), die Allelausfallrate (AAR) und die Artefaktrate (AFR). Die jeweiligen Mittelwerte berücksichtigen nur die 8 autosomalen Marker, das Produkt der PI-Werte beinhaltet auch das diskriminatorische Potential des Geschlechts.....	56
Tabelle 7: Ergebnisse des recruitment-Modells von Pradel (1996) als Test für eine geschlossene Population in den einzelnen Untersuchungsgebieten. Phi (Φ) entspricht dabei der Fidelity (Ortstreue) und ist ein Indikator für Emigration. „f“ ist die „recruitment rate“ und ist ein Indikator für Immigration. Weitere Angaben: die Anzahl der vom Modell geschätzten Parameter (k), die Fangwahrscheinlichkeit (p), der Unterschied in den AICc-Werten ($\Delta AICc$) – wobei das am besten geeignete Modell ein Wert von 0,00 hat – und die Signifikanzniveaus p des Likelihood-ratio-Tests (LR) im Verhältnis zum „besten“ Modell. Die Abkürzungen in der Modellbezeichnung sind: konstant (.), zeitvariabel (t) oder fixiert auf 0 (keine Immigration) bzw. 1 (keine Emigration).	59
Tabelle 8: Sammel- und Genotypisierungserfolg der 5 Sammeltage im Untersuchungsgebiet Mostviertel	60
Tabelle 9: Ermittlung der Wahrscheinlichkeit eines korrekten Genotyps (α) zur besseren Parametrisierung der LB-Modelle.....	61
Tabelle 10: Ergebnisse der geschlossenen Populationsgrößenschätzungen für alle Referenzgebiete mit dem fehlerintegrierenden LB-Schätzer in Programm MARK. Die Modelle sind geordnet nach ihrem AICc-Wert. Angaben für jedes Modell: Anzahl der vom Modell geschätzten Parameter	

(k), die Differenz zum „besten“ Modell ($\Delta AICc$), die Wahrscheinlichkeit eines Modells ($AICc$ weight) und die Populationsgrößenschätzung für das jeweilige Modell (N) und der gewichtete Mittelwert. Für die Schätzungen sind Standardfehler (SE) und das 95 % Konfidenzintervall (95 % KI) angegeben..... 62

Tabelle 11: Dichteberechnung für die Fischotter in den 5 Referenzgebieten. Angegeben ist die für die Dichteberechnung relevante Gesamtuferlänge aller während der Sammelzeit kontrollierten Fließgewässer und bespannter Teiche bzw. Seen. Die Dichte wird angegeben als Anzahl Fischotter je 1 km Ufer [Otter/km Ufer] bzw. als Uferlänge in km je 1 Fischotter. Für alle Dichteangaben ist das jeweilige 95 % Konfidenzintervall angegeben. Zum Vergleich sind in der rechten Spalte die Dichten aus dem Monitoring 2018 (Kofler et al. 2018) aufgeführt. 65

Tabelle 12: Kenngrößen zur räumlichen und zeitlichen Nutzung der Fischotter im Waldviertel – Romaubach/Braunauabach. Für jeden Fischotter sind die Anzahl der genotypisierten Proben angegeben, die Fanggeschichte mit einem Wert pro Tag (0 – nicht gesammelt; 1 – gesammelt), die Anzahl der Markierstellen, an denen Losungen gefunden wurden, die Streifgebietsgröße, die sich über alle Fundpunkte eines Individuums aufspannt, und der Anteil an Überlappung mit anderen Individuen. Für Individuen, die nur an einem Punkt nachgewiesen wurden, kann kein Streifgebiet angeführt werden (-). In der letzten Zeile sind die jeweiligen Mittelwerte angegeben. 71

Tabelle 13: Kenngrößen zur räumlichen und zeitlichen Nutzung der Fischotter im Waldviertel – Reißbach. Für jeden Fischotter sind die Anzahl der genotypisierten Proben angegeben, die Fanggeschichte mit einem Wert pro Tag (0 – nicht gesammelt; 1 – gesammelt), die Anzahl der Markierstellen, an denen Losungen gefunden wurden, die Streifgebietsgröße, die sich über alle Fundpunkte eines Individuums aufspannt, und der Anteil an Überlappung mit anderen Individuen. Für Individuen, die nur an einem Punkt nachgewiesen wurden, kann kein Streifgebiet angeführt werden (-). In der letzten Zeile sind die jeweiligen Mittelwerte angegeben. 74

Tabelle 14: Kenngrößen zur räumlichen und zeitlichen Nutzung der Fischotter im Weinviertel. Für jeden Fischotter sind die Anzahl der genotypisierten Proben angegeben, die Fanggeschichte mit einem Wert pro Tag (0 – nicht gesammelt; 1 – gesammelt), die Anzahl der Markierstellen, an denen Losungen gefunden wurden, die Streifgebietsgröße, die sich über alle Fundpunkte eines Individuums aufspannt, und der Anteil an Überlappung mit anderen Individuen. Für Individuen, die nur an einem Punkt nachgewiesen wurden, kann kein Streifgebiet angeführt werden (-). In der letzten Zeile sind die jeweiligen Mittelwerte angegeben. 77

Tabelle 15: Kenngrößen zur räumlichen und zeitlichen Nutzung der Fischotter im Industrieviertel. Für jeden Fischotter sind die Anzahl der genotypisierten Proben angegeben, die Fanggeschichte mit einem Wert pro Tag (0 – nicht gesammelt; 1 – gesammelt), die Anzahl der Markierstellen, an denen Losungen gefunden wurden, die Streifgebietsgröße, die sich über alle Fundpunkte eines Individuums aufspannt, und der Anteil an Überlappung mit anderen Individuen. Für Individuen, die nur an einem Punkt nachgewiesen wurden, kann kein Streifgebiet angeführt werden (-). In der letzten Zeile sind die jeweiligen Mittelwerte angegeben. 80

Tabelle 16: Kenngrößen zur räumlichen und zeitlichen Nutzung der Fischotter im Mostviertel. Für jeden Fischotter sind die Anzahl der genotypisierten Proben angegeben, die Fanggeschichte mit einem Wert pro Tag (0 – nicht gesammelt; 1 – gesammelt), die Anzahl der Markierstellen, an denen Losungen gefunden wurden, die Streifgebietsgröße, die sich über alle Fundpunkte eines Individuums aufspannt, und der Anteil an Überlappung mit anderen Individuen. Für Individuen, die nur an einem Punkt nachgewiesen wurden, kann kein Streifgebiet angeführt werden (–). In der letzten Zeile sind die jeweiligen Mittelwerte angegeben.	83
Tabelle 17: Zusammenfassung der Streifgebietslängen in km über alle Individuen in den 5 bzw. 4 Referenzgebieten. Angegeben sind die Werte der aktuellen Studie von 2022 und die Werte aus dem Monitoring 2018 (Kofler et al. 2018) und zwar als Mittelwert, Median, sowie der minimalste und maximalste Wert je Gebiet (Intervall). Weiter ist die Zahl der potentiell führenden Fähen je Gebiet und im Verhältnis zur Fließgewässerslänge angegeben. Potentiell führende Fähen waren Weibchen, die sich mit mind. einem anderen Tier zu dem es nah verwandt war ($R > 0,5$), überlappten oder nebeneinander lagen. Dabei können diese Verpaarungen auch sich überlappende Geschwister sein. Für 2018 wurden keine Zahl angegeben da sie nicht vergleichbar sind (siehe Text).	85
Tabelle 18: Ranking von hierarchischen Kandidatenmodellen, die den Einfluss von Variablen auf die Häufigkeit von Fischotterlosung und deren Beobachtungswahrscheinlichkeit während der Brückenkartierung 2022 in Niederösterreich bewerten. (nPars = Anzahl Parameter, AIC = Akaikes Informationskriterium, ΔAIC = Veränderung im AIC, AICwt = Gewicht, cumWt = kumulatives Modellgewicht)	87
Tabelle 19: Vorhersagewerte der Fischotteranzahl bei Anwendung von Modell 1 auf die Brückendaten 2022, 2018 und 2008 (Kranz & Polednik 2009; (N=797) unter Verwendung der Gewässereinzugsgebiete und deren Abdeckung durch die Brücken.	94
Tabelle 20: Vorhersagewerte der Fischotterzahl für die Regionen bei Anwendung des Modell 1 auf die Brückendaten 2022 und 2018 unter Verwendung der Gewässereinzugsgebiete und deren Abdeckung durch die Brücken.	94
Tabelle 21: Vorhersagewerte der Fischotterzahl für die Viertel bei Anwendung des Modell 1 auf die Brückendaten 2022 und 2018 (N=797) unter Verwendung der Gewässereinzugsgebiete und deren Abdeckung durch die Brücken.	95
Tabelle 22: Einstufung des Erhaltungszustandes in drei Bewertungsklassen (Quelle: Ellmauer et al. 2020, S.6).	101
Tabelle 23: Einstufung des Erhaltungszustandes des Fischotters (<i>Lutra lutra</i>) in der alpinen Region (Ellmauer et al. 2020, S.93).	101
Tabelle 24: Einstufung des Erhaltungszustandes des Fischotters (<i>Lutra lutra</i>) in der kontinentalen Region (Ellmauer et al. 2020, S.93).	102

Anhang

Erfassungsbogen – Genetikkartierung, Punktebeschreibung

Zeitraum	Bearbeiter		NÖ-Viertel		Anzahl frischer Losungen					
	Alte Otterlosungen	Bibernachweis (FP, FÄ, DA)	Wasserstand (Fließgewässer)	Eigenschaften (Standgewässer)	1.Tag	2.Tag	3.Tag	4.Tag	5.Tag	
Punktnr.	Gewässertyp <input type="checkbox"/> Fließgewässer <input type="checkbox"/> Teich <input type="checkbox"/> Speicher/See		<input type="checkbox"/> niedrig <input type="checkbox"/> normal <input type="checkbox"/> hoch	<input type="checkbox"/> nicht eingezäunt <input type="checkbox"/> schlecht eingezäunt (für Otter zugänglich) <input type="checkbox"/> eingezäunt (nicht zugänglich für Otter) <input type="checkbox"/> bespannt <input type="checkbox"/> abgelaassen <input type="checkbox"/> besetzt <input type="checkbox"/> unbesetzt/unbekannt	<input type="checkbox"/> Teich zugefroren <input type="checkbox"/> T. gefr. + offene Stellen <input type="checkbox"/> Teich nicht zugefroren					
	<input type="checkbox"/> Fließgewässer <input type="checkbox"/> Teich <input type="checkbox"/> Speicher/See		<input type="checkbox"/> niedrig <input type="checkbox"/> normal <input type="checkbox"/> hoch	<input type="checkbox"/> nicht eingezäunt <input type="checkbox"/> schlecht eingezäunt (für Otter zugänglich) <input type="checkbox"/> eingezäunt (nicht zugänglich für Otter) <input type="checkbox"/> bespannt <input type="checkbox"/> abgelaassen <input type="checkbox"/> besetzt <input type="checkbox"/> unbesetzt/unbekannt	<input type="checkbox"/> Teich zugefroren <input type="checkbox"/> T. gefr. + offene Stellen <input type="checkbox"/> Teich nicht zugefroren					
	<input type="checkbox"/> Fließgewässer <input type="checkbox"/> Teich <input type="checkbox"/> Speicher/See		<input type="checkbox"/> niedrig <input type="checkbox"/> normal <input type="checkbox"/> hoch	<input type="checkbox"/> nicht eingezäunt <input type="checkbox"/> schlecht eingezäunt (für Otter zugänglich) <input type="checkbox"/> eingezäunt (nicht zugänglich für Otter) <input type="checkbox"/> bespannt <input type="checkbox"/> abgelaassen <input type="checkbox"/> besetzt <input type="checkbox"/> unbesetzt/unbekannt	<input type="checkbox"/> Teich zugefroren <input type="checkbox"/> T. gefr. + offene Stellen <input type="checkbox"/> Teich nicht zugefroren					
	<input type="checkbox"/> Fließgewässer <input type="checkbox"/> Teich <input type="checkbox"/> Speicher/See		<input type="checkbox"/> niedrig <input type="checkbox"/> normal <input type="checkbox"/> hoch	<input type="checkbox"/> nicht eingezäunt <input type="checkbox"/> schlecht eingezäunt (für Otter zugänglich) <input type="checkbox"/> eingezäunt (nicht zugänglich für Otter) <input type="checkbox"/> bespannt <input type="checkbox"/> abgelaassen <input type="checkbox"/> besetzt <input type="checkbox"/> unbesetzt/unbekannt	<input type="checkbox"/> Teich zugefroren <input type="checkbox"/> T. gefr. + offene Stellen <input type="checkbox"/> Teich nicht zugefroren					
	<input type="checkbox"/> Fließgewässer <input type="checkbox"/> Teich <input type="checkbox"/> Speicher/See		<input type="checkbox"/> niedrig <input type="checkbox"/> normal <input type="checkbox"/> hoch	<input type="checkbox"/> nicht eingezäunt <input type="checkbox"/> schlecht eingezäunt (für Otter zugänglich) <input type="checkbox"/> eingezäunt (nicht zugänglich für Otter) <input type="checkbox"/> bespannt <input type="checkbox"/> abgelaassen <input type="checkbox"/> besetzt <input type="checkbox"/> unbesetzt/unbekannt	<input type="checkbox"/> Teich zugefroren <input type="checkbox"/> T. gefr. + offene Stellen <input type="checkbox"/> Teich nicht zugefroren					

Aufnahmebogen – Brückenkartierung

ZT KOFLER Umweltmanagement

AUFNAHMEBLATT

Fischotterkartierung in Niederösterreich 2022

Kartierer: _____ Gewässer: _____ Übersichtsfoto von Brücke
 Brückennr.: _____ Datum: _____ Foto flussaufw. Foto flussabw.

Brückenhöhe (lichte Höhe) von Wasserspiegel aus: < 1,5 m 1,5 m – 2,5 m > 2,5 m
 Uferlänge unter Brücke: _____ m
 Gewässerbreite im Brückennahbereich: _____ m
 Wasserstand (rd. 10m flussab der Brücke): niedrig normal hoch

Böschungsbereich unter Brücke: unbefestigt schlammig Steinschichtung grob ausgeführt
 unbefestigt kiesig/sandig Steinschichtung glatt ausgeführt
 vollflächig asphaltiert/betoniert

Böschungsneigung unter Brücke: steil ansteigend flach

Unter Brücke:

Fischotterlosung: ja nein
 Gesamtanzahl Fischotterlosungen: _____
 davon: letzte Nacht: _____
 gestern bis 1 Woche _____
 älter als 1 Woche _____
 Anzahl Fischotterlosungen mit Flusskrebse: _____
 Anzahl nicht identifizierter Losungen _____ (Foto)

Fischotter-Trittsiegel: ja nein unklar (Foto)
 Mink-Trittsiegel: ja nein unklar (Foto)
 Mink-Losung: ja / Anzahl: _____ nein
 Bisamratte-Trittsiegel: ja nein unklar (Foto)
 Bisamratte-Losung: ja nein

Bei fehlenden Fischotternachweisen unter Brücke [Suche nach Otterlosungen an 200m Uferlinie]:

Untersuchte Uferlinie flussaufwärts flussabwärts
 Potentielle Fischottermarkierstellen ja nein
 Gesicherte Fischotterlosung: ja nein
 Anzahl gesicherte Otterlosungen am 1. Fundort: _____,
 davon: letzte Nacht: _____
 gestern bis 1 Woche _____
 älter als 1 Woche _____
 Lage 1. Fundort mit sicherer Losung vom Fischotter, ausgehend vom Ende des Brückenbauwerks:
 _____ m flussaufwärts flussabwärts / links rechts
 Checkliste: GPS-Aufnahme des Fundortes

Morphologie: Erscheinungsbild des Gewässers im Nahbereich der Brücke:

	flussaufwärts					flussabwärts				
	sehr gut	gut	mäßig	unbefriedigend	schlecht	sehr gut	gut	mäßig	unbefriedigend	schlecht
Uferdynamik	<input type="checkbox"/>									
Sohldynamik	<input type="checkbox"/>									
Laufentwicklung	<input type="checkbox"/>									
Uferbegleitsaum	<input type="checkbox"/>									

Anmerkungen:

