Amt der Niederösterreichischen Landesregierung,
Abteilung Naturschutz

Fischotterverbreitung und Populationsgrößen in Niederösterreich 2018

Endbericht

Der vorliegende Endbericht wurde erstellt von:

KOFLER Umweltmanagement

Ansprechpartner und Projektleitung:

Dr. Hugo KOFLER – 03867 82 30

office@zt-kofler.at

in Kooperation mit

Dr. Simone LAMPA, Leipzig
simone.lampa@gmx.de

Dr. Tobias LUDWIG, Kirchzarten
tobias@online-ludwig.de

Datum: 21.12.2018

Unsere GZ: 1138

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

Zitiervorschlag:

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.

© KOFLER Umweltmanagement

Inhaltsverzeichnis

I. Das Wichtigste auf den Punkt gebracht 6

1.1. Interpretationshinweis 6

1.2. Methoden-Überblick 6

1.2.1. Losungskartierung Brücken 6

1.2.2. Genotypisierung Fischotter 7

1.2.3. Populationsgrößenschätzung und Raumnutzung des Fischotters 8

1.2.4. Landschaftsmodell Fischotter 8

1.3. Zusammenfassende Ergebnisse 9

1.3.1. Verbreitung des Fischotters in Niederösterreich 9

1.3.2. Ergebnisse der genetischen Untersuchungen in den Referenzstrecken 12

1.3.3. Habitatmodellierung und Hochrechnung 12

1.4. Zusammenfassende Diskussion 16

1.4.1. Aktueller Verbreitungsstatus des Fischotters in Niederösterreich 16

1.4.2. Genetische Analysen und statistische Modellierung der niederösterreichischen Fischotterpopulation 16

1.4.3. Mögliche Bestandsentwicklung 17

II. Herangehensweise und Methodik 18

2.1. Ausgangslage 18

2.2. Aufgaben- und Fragestellung 18

2.3. Untersuchungsgebiet 19

2.4. Angewandte Methoden 20

2.4.1. Brückenkartierung zur Ermittlung der Verbreitung des Fischotters 20

2.4.2. Genetische Analysen und Populationsgrößenschätzung der Referenzgebiete 20

2.4.2.1. Auswahl und Charakteristik der Fließgewässerabschnitte 21

2.4.2.2. Genetische Probennahme 30

2.4.2.3. Extraktion und Ethanol-Fällung (DNA-Präzipitierung) 31

© KOFLER Umweltmanagement

2.4.2.4. Amplifizierung mittels PCR & Fragmentlängenanalyse 32
2.4.2.5. Erstellung der Genotypen 34
2.4.2.6. Validierung der Genotypen.....37
2.4.2.7. Populationsgrößenschätzung und Raumnutzung 37
2.4.3. Bestandsschätzung auf Grundlage der statistischen Modellierung 40
2.4.3.1. Habitatmodellierung.....41
2.4.3.2. Bestandsschätzung für Niederösterreich mittels Extrapolation 43

III. Ergebnisse & Diskussion 45

3.1. Verbreitung des Fischotters in Niederösterreich 45
3.1.1. Allgemeines zu den Daten.....45
3.1.2. Landesweit 46
3.1.3. Biogeographische Region.....54
3.2. Genetische Analysen als Grundlage für die Bestandsschätzung des Fischotters 56
3.2.1. Erstellung und Validierung der Genotypen 56
3.2.2. Populationsgrößenschätzung & Raumnutzung in den Referenzgebieten 62
3.2.2.1. Test auf geschlossene Populationen 62
3.2.2.2. Populationsgrößenschätzung.....65
3.2.2.3. Fischotterdichte & Raumnutzung.....68
3.3. Bestandsschätzung für Niederösterreich auf Grundlage der statistischen Modellierung 89
3.3.1. Habitatmodellierung 89
3.3.2. Zusammenhang Anzahl der Fischotterlosung und Individuen 89
3.3.3. Bestandsschätzung 92
3.3.4. Einfluss von Teichwirtschaft und Fischbesatz auf die Fischotterpopulation 98
3.4. Erhaltungszustand des Fischotters 99

IV. Verzeichnisse 103

4.1. Abbildungsverzeichnis 103
4.2. Tabellenverzeichnis.....106

© KOFLER Umweltmanagement

V. Literatur und Quellen 109

VI. Anhang 113

6.1. Aufnahmeblatt Brückenkartierung 113

6.2. Erfassungsbogen Genetik 114

6.3. Erfassungsbogen für Punktbeschreibung 115

6.4. Laborprotokolle für DNA-Präzipitierung, PCR und FA 116

6.4.1. DNA-Präzipitierung (Ethanol-Fällung) 116

6.4.2. PCR..... 116

6.4.3. Fragmentlängenanalyse 117

© KOFLER Umweltmanagement

I. Das Wichtigste auf den Punkt gebracht.

Das Land Niederösterreich plante als Basis für die Bewertung künftiger Managementerfordernisse 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, Kirchzarten.

Das Ziel des Gesamtprojektes ist es, 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 vier 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.

1.1. Interpretationshinweis

Das Kapitel I enthält die wichtigsten Ergebnisse der Studie „Fischotterverbreitung und Populationsgrößen in Niederösterreich 2018“. Die Interpretation der Darstellungen und Ergebnisse ist vor dem Hintergrund des gesamten Berichtes zu verstehen.

1.2. Methoden-Überblick

1.2.1. Losungskartierung Brücken

Die Brückenkartierung zur Ermittlung der Verbreitung wurde an 797 Brücken (entsprechend der Brücken aus Kranz & Polednik 2009), verteilt über ganz Niederösterreich, durchgeführt. An den Brücken wurde die Anzahl der Losungen pro Brücke erhoben. Die Brückenkartierung fand im Zeitraum zwischen 29.01.2018 und 20.02.2018 an 797 Brücken in insgesamt 213 Quadranten (10 x 10 km) statt. Bei diesen Brücken handelt es sich zur besseren Vergleichbarkeit um jene Brücken, die bereits im Jahr 2008 von Kranz & Polednik (2009) untersucht wurden. Es fand eine einmalige Kartierung dieser Brücken statt. Auf eine Vergleichbarkeit der 2008 durchgeführten Studie von Kranz & Polednik (2009) wurde geachtet.

© KOFLER Umweltmanagement

1.2.2. Genotypisierung Fischotter

Die genetischen Untersuchungen als Grundlage für die Populationsgrößenschätzung und Fischotterdichtebestimmung wurden an vier ausgewählten Fließgewässerabschnitten durchgeführt. Diese wurden so gewählt, dass sie bei ausreichender Länge (61-94 km) für eine vertrauenswürdige Populationsgrößenschätzung die unterschiedlichen Habitate in Niederösterreich möglichst repräsentativ abbilden.

Für die Materialsammlung wurden die vier ausgewählten Fließgewässerabschnitte zwischen dem 27.03.2018 und dem 28.04.2018 an jeweils 5 aufeinanderfolgenden Tagen täglich an jeweils 61-67 Markierstellen im mittleren Abstand von 0,8 km auf frische Losungen kontrolliert (Ausnahme: Weinviertel mit 2+5 aufeinanderfolgenden Tagen).

Als Grundlage für die genetische Populationsgrößenschätzung wurden nur frische Losungen gesammelt. Diese wurden mit einem handelsüblichen Wattestäbchen durch drehendes Bestreichen so bearbeitet, dass der oberflächliche Schleim der Losung am Wattestäbchen haften blieb (siehe Abbildung 3). Anal jellys wurden wenn möglich komplett mit dem Wattestäbchen aufgenommen. Alle Proben wurden in einer Pufferlösung konserviert und bei - 80°C gelagert.

Abbildung 1: Fischotterlosung

Abbildung 2: Beispiel eines anal jellys

Abbildung 3: Probennahme mithilfe eines Wattestäbchens

Um DNA Proben analysieren zu können, muss die in Frage kommende DNA zuerst isoliert, gereinigt und anschließend vervielfältigt werden. Um nur Fischotter-spezifische DNA zu vervielfältigen, 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. Diese artspezifischen Marker unterscheiden sich hinsichtlich ihrer Länge von Fischotter zu Fischotter. Die Marker werden mittels der PCR (Polymerasekettenreaktion) vervielfältigt und können anschließend einzelnen Individuen zugewiesen werden (Genotypisierung). Dadurch können Aussagen darüber getroffen werden, wo und wann welche Fischotter im Untersuchungszeitraum eine Losung hinterlassen haben. Bei allen genetischen Analysen wurde durch eine sorgfältige Laborarbeit (Kontaminationsprävention) eine hohe Wiederholungsrate der

© KOFLER Umweltmanagement

Genotypisierung (Erstellung eines Konsens-Genotyps) und anschließender fehlerminimierender Maßnahmen darauf geachtet, Genotypisierungsfehler weitestgehend zu eliminieren und Geisterindividuen zu vermeiden. Geisterindividuen sind Proben, die fälschlicherweise als neue unbekannte Individuen in den Datensatz aufgenommen werden, obwohl sie eigentlich Wiederfänge von bereits bekannten Individuen sind. Dadurch würden mehr Fischotter identifiziert als real vorhanden sind. Die Plausibilität der ermittelten Konsens-Genotypen wurde mit mehreren statistischen Verfahren validiert.

1.2.3. Populationsgrößenschätzung und Raumnutzung des Fischotters

Um die Dichten und die Populationsgrößen der Fischotter in den vier ausgewählten Fließgewässerabschnitten einschätzen zu können, wurde die Fang-Wiederfang-Methodik angewendet. Sie geht davon aus, dass durch mehrere Sammeltage ein Teil oder alle der im Gebiet vorhandenen Individuen genetisch erfasst werden (Fang) und an den darauffolgenden Sammeltagen ein Teil erneut gesammelt wird (Wiederfang). Da die mehrfach detektierten Tiere bei erneuter Begehung dem Anteil detektierter Tiere in der Gesamtpopulation entsprechen, kann die Anzahl der nicht detektierten Fischotter mit Hilfe der mehrfachdetektierten Individuen abgeschätzt werden. Dadurch können auch nicht detektierte Fischotter in weitere Analysen mit einbezogen werden. Die Methodik erlaubt eine deutlich bessere Aussage, als sie durch eine einfache Hochrechnung der detektierten Tiere möglich wäre. Zudem können durch die Anwendung entsprechender Fang-Wiederfang-Modelle etwaige noch im Datensatz enthaltene Fehler berücksichtigt und korrigiert werden. Anhand von mehrfach detektierten Fischottern und der Distanz zwischen den Punkten, an denen ihre Losungen aufgefunden wurden, konnte die Raumnutzung von Individuen aufgezeigt werden – d.h. es wurden Streifgebietslängen berechnet, die Überlappungen der Streifgebiete untersucht und es wurde der Verwandtschaftsgrad R zwischen sich überlappenden Individuen bestimmt um potentielle Fähe-Jungtier-Paare zu finden.

1.2.4. Landschaftsmodell Fischotter

Die niederösterreichweite Extrapolation des Fischotterbestands erfolgte auf Basis der Ergebnisse der Brückenkartierung und der Genetikkartierung. Hierfür wurde der Zusammenhang zwischen der Losungsdichte und der Fischotterdichte anhand der Referenzstrecken modelliert. Das resultierende unimodale Poisson-Modell (log link) erzielte eine hohe erklärte Varianz und die damit vorhergesagte Individuendichte ergab eine eindeutige Korrelation zu der tatsächlich vorhandenen Individuendichte ($r_{SP} > 0{,}92$). Der in Abbildung 4 abgebildete unimodale (kurvenförmige) Zusammenhang verdeutlicht, dass die Individuenzahl oberhalb von ca. sechs Losungsfunden pro Punkt wieder sinkt und es also keinen linearen Zusammenhang gibt.

Mit Hilfe dieses Modelles wurde an jeder vorhandenen Brücke in Niederösterreich die Anzahl der Individuen modelliert und je nach Ansatz summiert (Punktmodell) bzw. auf die Fließgewässerstrecke umgerechnet (Landschaftsmodell). Dazu wurde die in den Referenzstrecken ermittelte mittlere Revierlänge genutzt um die Berechnung zu präzisieren. Somit konnte auf Basis der Losungszahl

an den Brücken eine geographische Modellierung der gesamten Fischotterpopulation Niederösterreichs sowie der einzelnen Viertel und biogeographischen Regionen erstellt werden. Im gegenständlichen Kapitel I ist nur das aussagekräftigere Landschaftsmodell dargestellt.

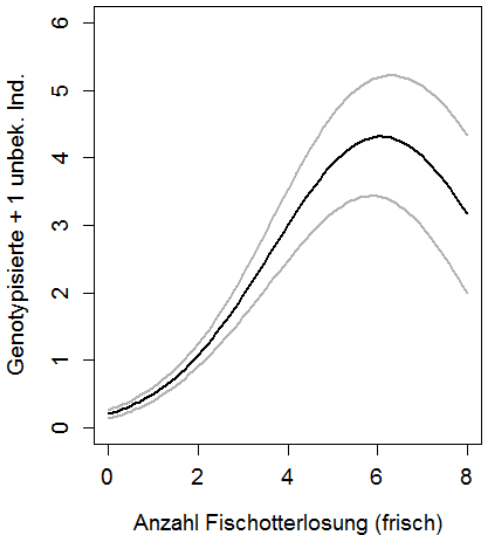


Abbildung 4: Zusammenhang zwischen der Anzahl gefundener frischer Fischotterlosung (x-Achse) und genotypisierte Individuen + 1 unbekanntes Individuum (70% erklärte Varianz)

1.3. Zusammenfassende Ergebnisse

1.3.1. Verbreitung des Fischotters in Niederösterreich

Die Ergebnisse der Brückenkartierung 2018 werden vergleichend mit jenen Ergebnissen von Kranz & Polednik aus dem Jahr 2008 dargestellt. Die Ergebnisse beruhen auf der Einteilung der Anzahl der Losungen in Nachweisdichteklassen. Die Vergleiche zwischen 2008 und 2018 lassen somit keine numerischen Aussagen über die Entwicklung der gesamten Population zu und erlauben lediglich kategorische Aussagen über Zu- oder Abnahme der Nachweisdichte.

Tabelle 1: Gesamtanzahl von Fischotterlosungen 2008 und 2018

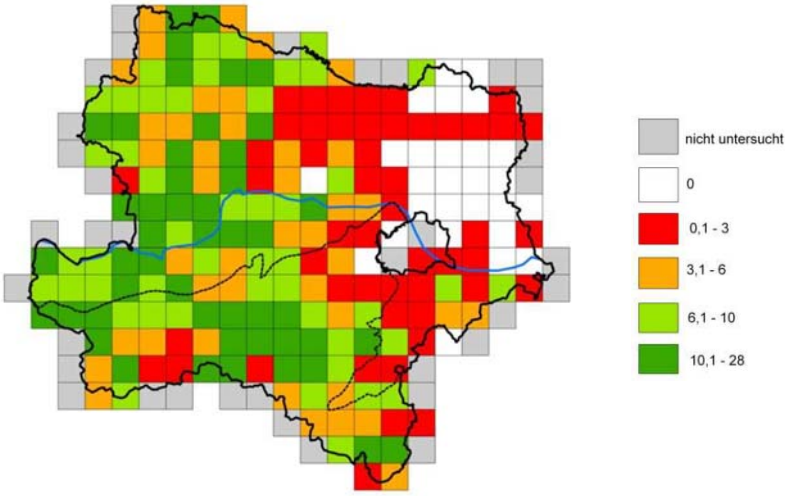
Jahr	Anzahl untersuchter Brücken	Losungen
1999	590	1.481
2008	797	5.198
2018	797	8.442

Die Verbreitung des Fischotters erstreckt sich im Jahr 2018 mehr oder weniger über gesamt Niederösterreich (siehe Abbildung 5). Insbesondere der Osten von Niederösterreich wurde zwischen 2008 und 2018 vom Fischotter weiter besiedelt. Auffällig ist im Vergleich von 2008 zu 2018 die starke Zunahme von Quadranten mit sehr hoher Losungsdichte (dunkelgrün) und die Abnahme von

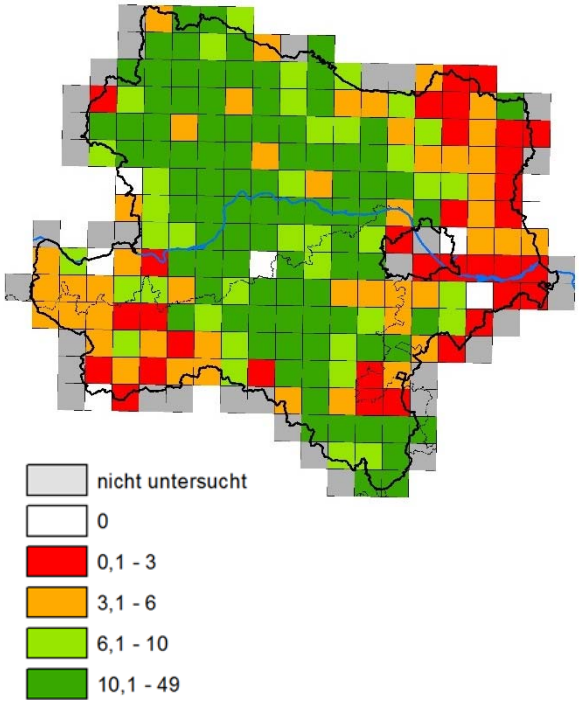
© KOFLER Umweltmanagement

Quadranten mit keiner oder sehr geringer Losungsdichte (weiß bzw. rot). Dies gilt sowohl für die tatsächlichen Daten von 2018, als auch für die saisonal adaptierten Daten von 2018 (82%).

Verbreitung der Fischotternachweise 2008



Verbreitung der Fischotternachweise 2018



Verbreitung der Fischotternachweise 2018 (82%)

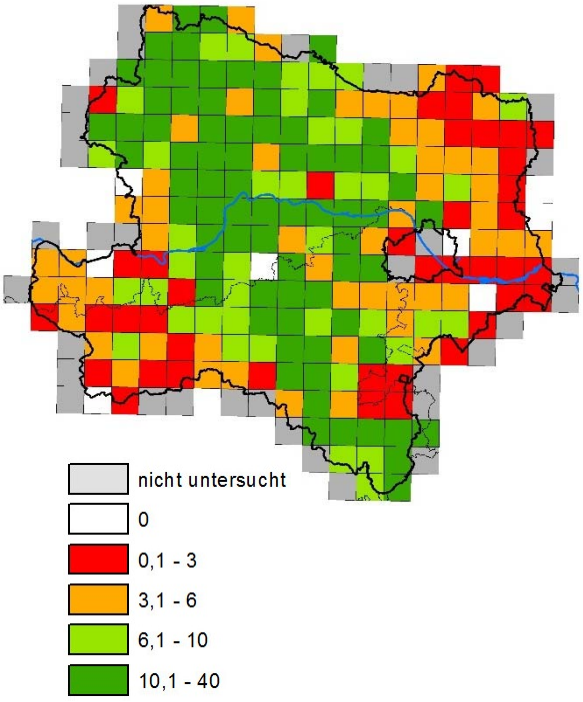


Abbildung 5: Verbreitung der Fischotter 2008 und 2018 (tatsächlich und 82%)
Die Farben verweisen auf die durchschnittliche Losungsanzahl pro Quadrant pro Brücke (grau = nicht untersucht, weiß = kein Nachweis, rot = sehr geringe Nachweisdichte, orange = geringe Nachweisdichte, hellgrün = hohe Nachweisdichte, 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).

© KOFLER Umweltmanagement

Tortendiagramme machen die Veränderungen der landesweiten Verbreitung bzw. der Zunahme an Losungsdichten augenscheinlich. Vergleicht man 2008 und 2018, so hat der Anteil der Quadranten ohne Fischotternachweis von 12,3% auf 3,3% abgenommen. Auch der Anteil der Quadranten mit sehr wenigen Nachweisen hat von 23,5% auf 15,5% im Jahr 2018 abgenommen. Der Anteil an Quadranten mit sehr vielen Nachweisen hat sehr stark zugenommen. Vergleicht man 2008 mit den saisonal adaptierten Daten von 2018 (82%), so lässt sich eine Zunahme von knapp 12% von Quadranten mit sehr hohen Nachweisdichten feststellen.

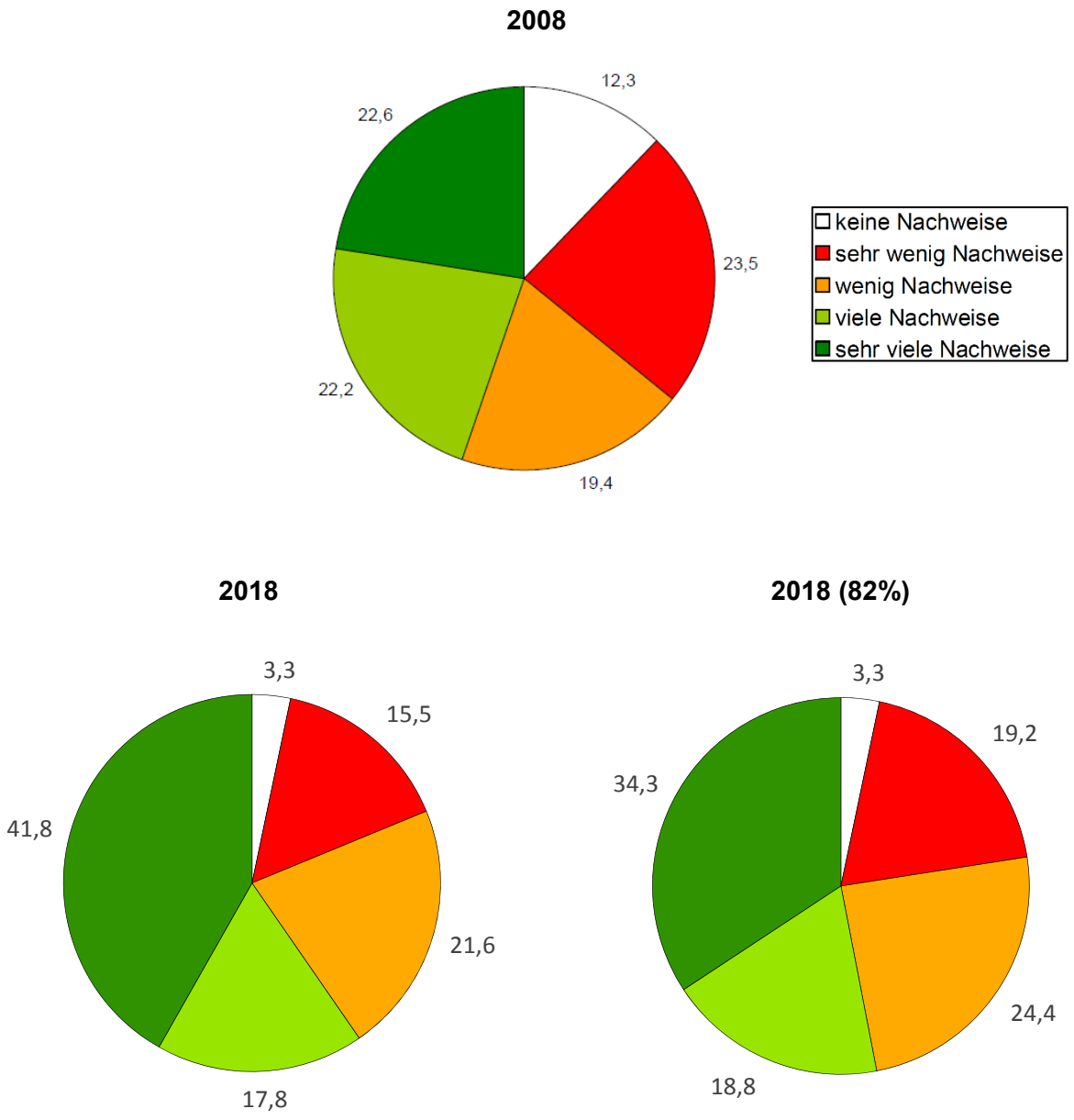


Abbildung 6: Landesweite Betrachtung der Veränderung der Losungsdichteklassen 2008 und 2018 (tatsächlich und 82%)

© KOFLER Umweltmanagement

1.3.2. Ergebnisse der genetischen Untersuchungen in den Referenzstrecken

Mithilfe der genetischen Untersuchungen und einer fehlerintegrierenden Fang-Wiederfang-Modellierung wurde für alle Referenzstrecken die Zahl der vorhandenen Fischotter und die Fischotterdichte ermittelt (Tabelle 2). Dabei ergeben sich Dichten von 0,36 (0,27-0,45) Fischottern pro Kilometer im Waldviertel, 0,072 (0,05-0,1) im Weinviertel, 0,21 (0,1-0,33) im Industrieviertel und 0,19 (0,13-0,26) im Mostviertel. Die Streifgebietslängen der einzelnen Individuen – die nur ein Bruchteil der eigentlichen Revierlängen abbilden – schwankten im Mittel zwischen 2,3 km im Mostviertel und 9,3 km im Weinviertel, wobei es vor allen in den Gebieten mit höherer Dichte zu einem vergleichsweise hohen Überlappungsgrad der Streifgebiete kam.

Tabelle 2*:* Ergebnisse der geschlossenen fehlerintegrierenden Populationsgrößenschätzungen für alle Referenzgebiete. Dargestellt ist der gewichtete Mittelwert aus mehreren Modellen (N), der Standardfehler (SE) und das 95%-Konfidenzintervall (95%-KI). Zudem ist die ermittelte Fischotterdichte angegeben in Anzahl Fischotter je Kilometer Ufer und in Anzahl Kilometer Ufer je Fischotter, jeweils mit dem 95%-Konfidenzintervall.

Referenzgebiet	Fließgewässer [Uferlänge in km]	Populationsgröße LB-Modell [N ± SE (95%-KI)]	Otterdichte LB-Modell [Otter/km Ufer]	Otterdichte LB-Modell [km Ufer/Otter]
Waldviertel	Braunaubach, Romaubach inkl. Teiche [84,1 km]	30 ± 3,8 (22,5 – 37,4)	0,36 (0,27-0,45)	2,8 (2,2 – 3,7)
Weinviertel	Russbach inkl. Nebengewässer [94 km]	6,8 ± 1,1 (4,4 – 9,1)	0,072 (0,05-0,1)	13,8 (10 – 20)
Industrieviertel	Feistritz, Pitten, inkl. Nebengewässer [61 km]	12,8 ± 3,6 (5,8 – 19,9)	0,21 (0,1-0,33)	4,8 (3 – 10)
Mostviertel	Url, Ybbs, inkl. Nebengewässer [84,9 km]	16,2 ± 2,8 (10,8 – 21,7)	0,19 (0,13-0,26)	5,2 (3,8 – 7,7)

1.3.3. Habitatmodellierung und Hochrechnung

Die hier gezeigten Ergebnisse beruhen auf den in Kapitel 3.3 dargestellten Modellierungen. Sie basieren auf den Daten der Brückenkartierung, wobei der zugrundeliegende Zusammenhang zwischen Individuenzahl und Losungszahl über die Ergebnisse der genetischen Untersuchungen hergestellt wurde. Ebenso aus der genetischen Untersuchung stammen die Revierlängen, die für die Präzisierung des Extrapolationsmodells wichtig waren.

© KOFLER Umweltmanagement

Es wird darauf hingewiesen, dass Ermittlungen von Wildtierpopulationen immer großen Unsicherheiten unterliegen. Selbst mit hohem Untersuchungsaufwand und modernen statistischen Methoden, wie sie in der vorliegenden Studie angewendet wurden, bleibt eine gewisse Varianz erhalten. Die hier genannten Spannen an Fischottern beziehen sich auf ein 95% Konfidenzintervall. Dies bedeutet, dass die Wahrscheinlichkeit, dass mehr oder weniger Fischotter vorkommen als im angegebenen Intervall, bei 5% oder weniger liegt. Natürliche Wildtierpopulationen unterliegen immer wieder Schwankungen (Zuwachs, Wintermortalität, Erkrankungen etc.), weswegen Untersuchungen zu einem bestimmten Zeitpunkt nur eine sehr begrenzte zeitliche Gültigkeit haben.

Das Landschaftsmodell schätzt basierend auf den Gewässereinzugsgebieten von 7757 km die Fischotterpopulation in gesamt Niederösterreich auf 1069 Tiere, wobei innerhalb des Konfidenzintervalls von einer Population zwischen 831 und 1307 Tieren ausgegangen werden kann (Tabelle 3). Für die alpine Region wurden deutlich weniger Tiere (259), als für die kontinentale Region modelliert (801) (Tabelle 4, Abbildung 7). Die höchste Zahl an Fischottern wurde für das Waldviertel (355), die niedrigste für das Industrieviertel (194) modelliert.

Tabelle 3: Modellvorhersagen der Fischotterpopulation in Niederösterreich mit dem räumlich expliziten Landschaftsmodell. Angegeben sind die Schätzung (N NOE), das 95% Konfidenzintervall (95%-KI) und die Schwankung, die angibt um wieviel Prozent die Min.- bzw. Max.-Schätzung in Relation zum jeweiligen Mittelwert abweicht.

Methode	Ansatz	N NOE	95%-KI	Schwankung
Landschaftsmodell	N ~ Brücken 2018 frische Los. watershed	1069	831 - 1307	22%

Tabelle 4: Modellvorhersagen der Fischotterpopulationen in den einzelnen Vierteln und der alpinen, wie der kontinentalen biogeographischen Region, extrapoliert auf Basis des räumlich expliziten Landschaftsmodells. Angegeben sind die Schätzungen N, min- und max-Werte (95% Konfidenzintervall), die Anzahl der Flusseinzugsgebiete in den jeweiligen Regionen und die prozentuelle Schwankung der Min.- und Max.-Werte.

Region	N	min	max	Einzugsgebiete (watersheds)	Schwankung
Waldviertel	355	279	432	32	**27%**
Weinviertel	231	180	282	29	**28%**
Industrieviertel	194	149	238	31	**30%**
Mostviertel	280	216	344	31	**30%**
Alpin	259	201	317	38	**29%**
Kontinental	801	622	980	85	**29%**

© KOFLER Umweltmanagement

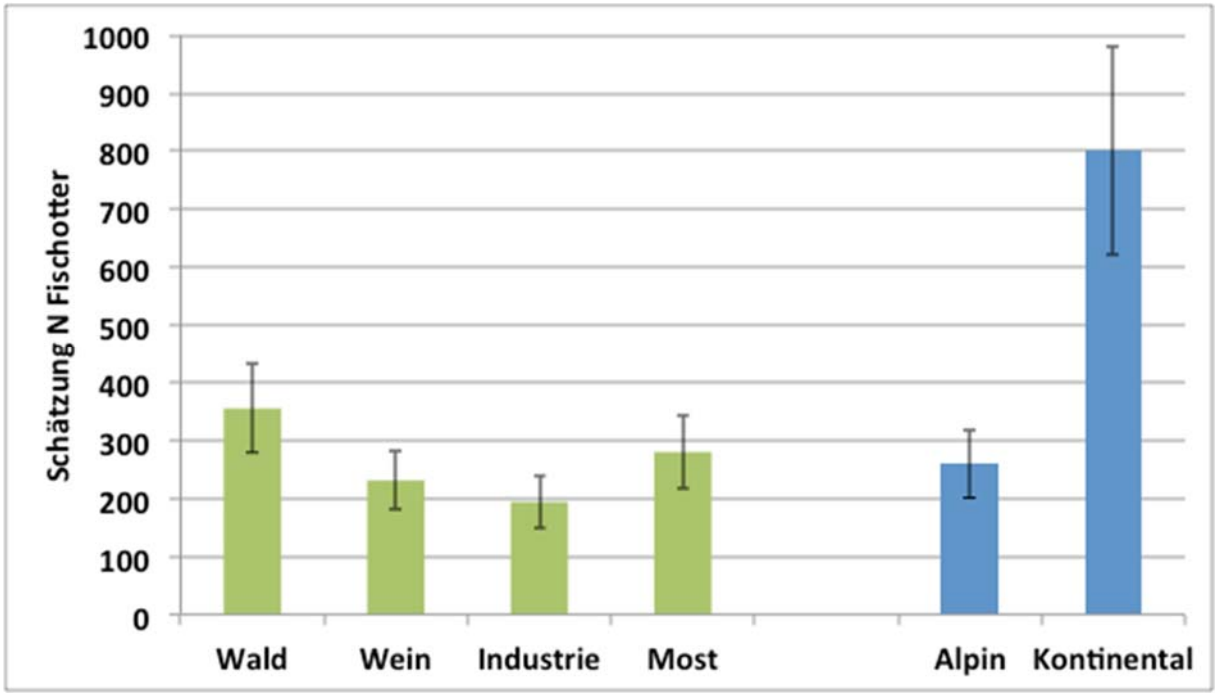


Abbildung 7: Schätzungen der Fischotterpopulation aufgeteilt auf die Viertel sowie die alpine und kontinentale biogeographische Region (+/- 95%iges Konfidenzintervall).

© KOFLER Umweltmanagement

Eine Visualisierung des Landschaftsmodells (siehe Abbildung 8) zeigt die räumliche Verteilung der Fischotter. Dabei ist deutlich zu sehen, dass die Dichten sehr unterschiedlich verteilt sind. Besonders dicht besiedelt ist beispielsweise das nördliche Waldviertel.

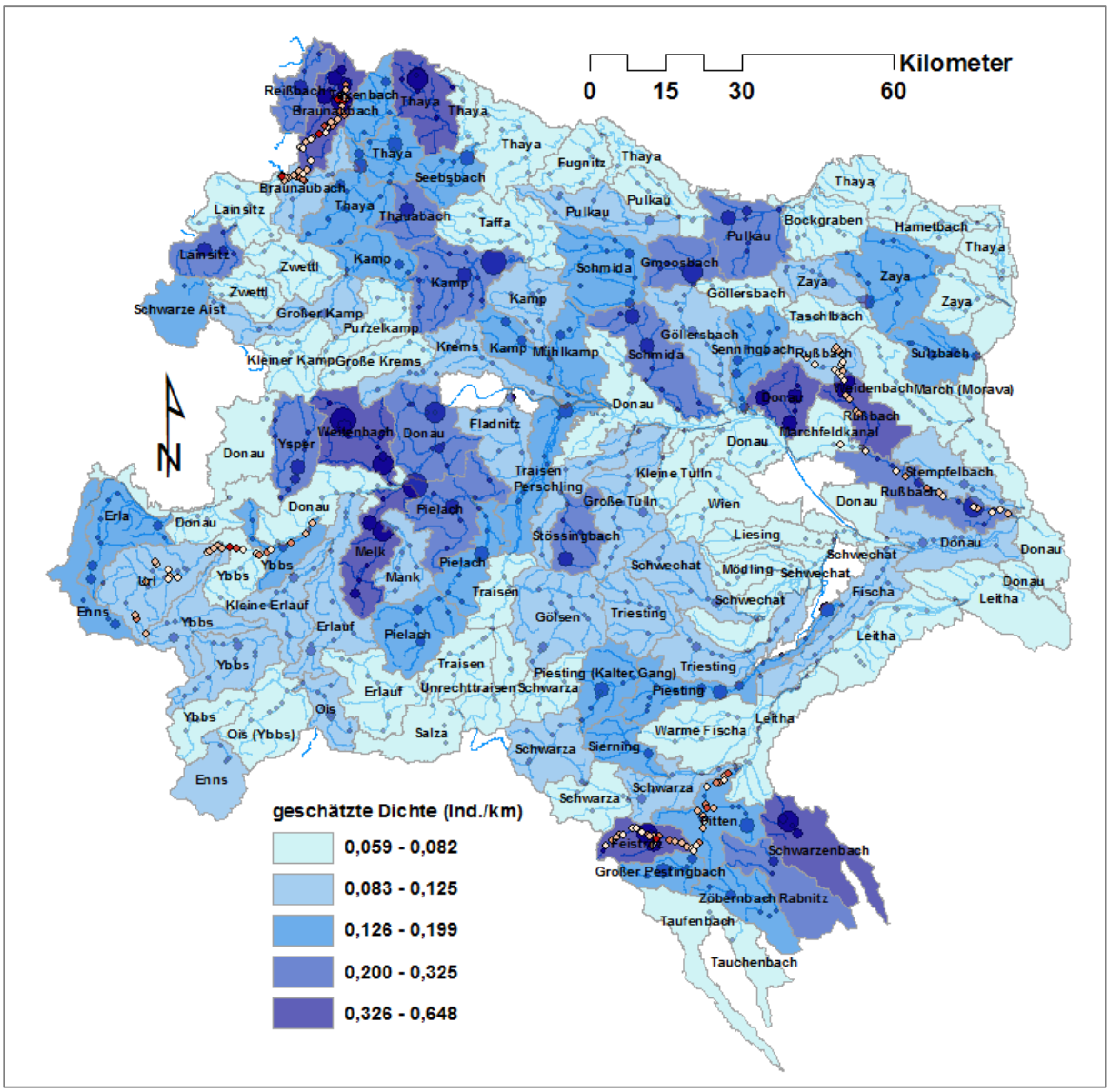


Abbildung 8: Geschätzte Fischotterdichten pro Gewässereinzugsgebiet (watershed, je dunkler desto höher die Dichte). Blaue Kreise zeigen die Vorhersagen an den Brücken (je größer der Kreis desto mehr Individuen). Rosarote Punkte zeigen die Losungsfunde entlang der für die Genetikkartierung begangenen Strecken (je röter desto mehr Losungsfunde).

© KOFLER Umweltmanagement

1.4. Zusammenfassende Diskussion

1.4.1. Aktueller Verbreitungsstatus des Fischotters in Niederösterreich

Anhand der Brückenkartierung über 797 Brücken, verteilt über ganz Niederösterreich, konnte anhand der Vorkommen und der Anzahl von Fischotterlosungen aufgezeigt werden, dass sich der Fischotter innerhalb der 9-10 Jahre seit der letzten Brückenkartierung 2008 weiter ausgebreitet hat – in Areale, die zuvor unbesiedelt oder nur sehr dünn besiedelt waren (v.a. im Osten). Die Erschließung Niederösterreichs wurde somit zwischen 2008 und 2018 abgeschlossen. Ebenso zeigte sich eine starke Zunahme der Losungsdichte in weiten Teilen des Landes im Verhältnis zu 2008. Diese Zunahme zeigte sich auch dann noch, wenn die Daten aufgrund der höheren Markierungsrate im Februar darauf bereinigt wurden.

Im Süd-Westen Niederösterreichs konnte eine Abnahme der Losungsdichte festgestellt werden. Grund hierfür könnte eine mögliche Abnahme der Population sein. Dies könnte darauf begründen, dass die ursprüngliche Zunahme nach der Neubesiedlung bereits abgeschlossen ist und sich die örtlichen Populationen bereits in einem natürlichen Zyklus befinden, oder es in dieser Gegend zu einer Schädigung der Habitatgüte gekommen ist. Weitere Beobachtungen sind hier wichtig.

Dass die Zunahme der Losungsdichte auch durch eine Zunahme der Fischotter zu erklären ist, zeigte sich anhand der Hochrechnung, die sowohl auf den Brückendatensatz von 2018, als auch von 2008 angewandt werden konnte. Hier wurden im Verhältnis zu 2008 doppelt so viele Fischotter geschätzt. Die Hochrechnung des Fischotterbestands für ganz Niederösterreich basierte neben der Brückenkartierung auf Daten aus der genetischen Kartierung. In dieser wurden in vier Referenzgebieten mit unterschiedlichen Habitateigenschaften auf bis zu 94 km Flusslänge alle frischen Losungen innerhalb von 5 Sammeltagen an Markierstellen mit durchschnittlich 0,8 km Abstand gesammelt. Die hierdurch identifizierten Individuen konnten zum einen herangezogen werden, um die Fischotterdichte über eine Populationsgrößenschätzung der Referenzstrecken mit fehlerintegrierenden Modellen zu bestimmen, zum anderen um eine Hochrechnung überhaupt zu ermöglichen. Dabei wurde anhand der Daten der Genetikkartierung die Losungsanzahl mit der Anzahl der Individuen in Verbindung gesetzt und verwendet, um mit Hilfe des Brückendatensatzes auf ganz Niederösterreich hochzurechnen.

Zum Erhaltungszustand des Fischotters in Niederösterreich wird auf das Kapitel 3.4 verwiesen.

1.4.2. Genetische Analysen und statistische Modellierung der niederösterreichischen Fischotterpopulation

Sowohl beim Vergleich mit Studien aus Teichgebieten, als auch aus Fließgewässern sind die Ergebnisse der Genetikkartierung in der vorliegenden Studie repräsentativ. Bei einem Vergleich der

hier erzielten Fischotterdichten mit anderen Studien ist zu erkennen, dass die Fischotterdichte im Waldviertel denen anderer Studien, die in Teichgebieten durchgeführt wurden, entspricht. Die eher etwas geringere Dichte im Referenzgebiet Weinviertel ist mit hoher Wahrscheinlichkeit durch die noch relativ junge Besiedlung des Gebiets zu erklären. Die Fischotterdichten der Referenzgebiete Industrie- und Mostviertel liegen exakt in dem Bereich, den auch die meisten anderen Fließgewässer-Studien erzielten. In einer erst kürzlich veröffentlichten Studie im benachbarten Bundesland Steiermark wurden wesentlich höhere Fischotterdichten angegeben (Holzinger *et al.* 2018).

Durch die sehr präzisen genetischen Erhebungen der Fischotterzahlen in den Referenzstrecken und dem klaren unimodalen Zusammenhang zwischen der Losungszahl und der Fischotterdichte, war eine räumlich differenzierte Modellierung auf Basis der Brückenkartierung möglich. Dieser statistische Ansatz ergab eine vertrauenswürdige Schätzung der niederösterreichischen Gesamtpopulation und ermöglichte die Berechnung eines 95% Vertrauensintervalls. Zudem konnte dieser Ansatz auch auf die Daten der Brückenkartierung von 2008 angewandt werden und ermöglicht damit einen realistischen Vergleich mit dieser Studie. Somit eignet sich die Methode sehr gut, um auch die Entwicklung der Population beurteilen zu können. Für eine weitere Diskussion dieser Ergebnisse auch im Vergleich zu anderen Studien wird auf das Kapitel 3.3.3 verwiesen. Eine auf Habitatvariablen basierende Modellierung, war bei der derzeitigen Datengrundlage für eine Berechnung der Gesamtpopulation nicht zielführend.

1.4.3. Mögliche Bestandsentwicklung

Da die Neubesiedlung Niederösterreichs nun weitestgehend abgeschlossen ist, kann davon ausgegangen werden, dass sich die Population auf ein natürlich fluktuierendes Niveau einpendeln wird. Vor allem im neu besiedelten Osten könnte diese Entwicklung aber noch einige Zeit benötigen. Da auch in den 2008 bereits besiedelten Flächen, mit Ausnahme des Süd-Westens im Vergleich zwischen 2018 und 2008, eine weitere Zunahme der Bestände in den bereits besiedelten Gebieten zu verzeichnen ist, kann nur schwer eingeschätzt werden, ob diese bereits ihr Maximum erreicht haben. Daher ist auf gesamt Niederösterreich wohl mit einer mittelfristigen leichten Zunahme zu rechnen, bevor eine endgültige Populationsgröße erreicht wird. In einzelnen Gebieten könnte diese jedoch bereits erreicht sein. Sichere Aussagen über eine aktuelle Entwicklung lassen sich jedoch nur durch ein kontinuierliches Monitoring in kürzeren zeitlichen Abständen (idealerweise jährlich) machen. In der vorliegenden Studie wurde ein Modell zur Bestandsberechnung entwickelt, das abgesichert durch die aufwendigen genetischen Untersuchungen eine Populationsgrößenschätzung auf Basis einer Brückenkartierung ermöglicht. Da diese deutlich einfacher und günstiger sind und zudem ältere Bestandsdaten vorliegen, könnte das Modell für ein zukünftiges Monitoring genutzt werden. Eine in regelmäßigen Abständen durchgeführte genetische Untersuchung würde das Ergebnis absichern und aktuelle Daten der exklusiven Revierlängen liefern, die das Modell benötigt.

II. Herangehensweise und Methodik

2.1. Ausgangslage

Der Eurasische Fischotter (*Lutra lutra*) ist eine Säugetierart, die bis ins 19. Jahrhundert in ganz Österreich verbreitet war. Aufgrund von Bejagung, Zerstörung des Lebensraumes, Belastung mit Umweltgiften, Gewässerverunreinigung und Nahrungsverknappung kam es im 20. Jahrhundert zu einem Bestandsrückgang. Der Fischotter ist heute eine streng geschützte Säugetierart der FFH-Richtlinie (Anhang II und IV). Im letzten Art. 17 Bericht (2007-2012) wurde der Erhaltungszustand des Fischotters in der kontinentalen biogeographischen Region Österreichs als günstig und in der alpinen Region als ungünstig eingestuft.

Vor diesem Hintergrund plante das Land Niederösterreich eine Bestandserhebung des Fischotters als Basis für die Bewertung künftiger Managementerfordernisse.

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, Kirchzarten.

2.2. Aufgaben- und Fragestellung

Das Ziel des Gesamtprojektes ist es,

- für gesamt Niederösterreich eine Datengrundlage zur Verbreitung des Fischotters zu erstellen,
- eine aktuelle, fachlich fundierte und statistisch gesicherte Schätzung der Populationsgröße für gesamt Niederösterreich, sowie nach biogeographischen Regionen vorzulegen sowie
- Aussagen zum Erhaltungszustand, sowie zur Entwicklung der Fischotterpopulation zu tätigen.

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

1. Brückenkartierung zur Untersuchung der Verbreitung des Fischotters
2. Beprobung von Fließgewässer-Referenzstrecken inkl. genetischer Analyse von Losungsproben zum Zwecke der Populationsgrößenschätzung und Fischotterdichtebestimmung in diesen Referenzgebieten
3. Statistische Modellierung anhand der unter 1. und 2. gewonnenen Daten zur Extrapolation des Bestands in Niederösterreich

© KOFLER Umweltmanagement

2.3. Untersuchungsgebiet

Das Untersuchungsgebiet erstreckt sich über gesamt Niederösterreich. 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 vier ausgewählten Fließgewässerabschnitten durchgeführt (siehe Abbildung 9; zur Auswahl der Referenzstrecken und deren Charakteristik siehe Kapitel 2.4.2.1).

Abbildung 9: Karte Niederösterreichs mit den Aufnahmepunkten der Brückenkartierung und den Untersuchungsgebieten der Genetikkartierung (Quelle Hintergrund: www.basemap.at)

© KOFLER Umweltmanagement

2.4. Angewandte Methoden

2.4.1. Brückenkartierung zur Ermittlung der Verbreitung des Fischotters

Die Brückenkartierung fand im Zeitraum zwischen 29.01.2018 und 20.02.2018 an 797 Brücken in insgesamt 213 Quadranten (10 x 10 km) statt. Bei diesen Brücken handelt es sich um jene Brücken, die bereits im Jahr 2008 von Kranz & Polednik (2009) untersucht wurden. Es fand eine einmalige Kartierung dieser Brücken statt.

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 erweitert, um die Nachweiswahrscheinlichkeit zu steigern. 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, soweit möglich auf beiden Uferseiten, angrenzend an den Brückenbereich untersucht. Entsprechend der ausgeführten Methodik von Bayerl *et al.* (2012) wurde die Suche beendet, wenn vor Erreichen der 200 Meter-Marke ein Nachweis gefunden wurde. Um die Vergleichbarkeit zu gewährleisten, beziehen sich die im Vergleich dargestellten Ergebnisse in Kapitel 1 auf die Fischotternachweise an den Brücken ohne Berücksichtigung der Nachweise in den 200m-Abschnitten.

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

Aufnahmeblatt Brückenkartierung (siehe Anhang – Kapitel 5)

2.4.2. Genetische Analysen und Populationsgrößenschätzung der Referenzgebiete

Um eine belastbare Schätzung des Bestandes zu erreichen, wurden insgesamt vier Referenzgebiete in Niederösterreich ausgewählt, für die eine genaue Populationsgröße mittels genetischem Fang-Wiederfang bestimmt wurde bzw. wird. Beim genetischen Fang-Wiederfang werden alle frischen Kotproben des Fischotters nach einem bestimmten Design (Kapitel 2.4.2.2) im Referenzgebiet gesammelt. Im Labor werden diese Proben anschließend extrahiert um die DNA aus den Zellen zu isolieren und an je insgesamt 7 Mikrosatellitenmarkern amplifiziert (vervielfältigt). Der dabei entstehende Multi-Locus-Genotyp ermöglicht eine eindeutige Zuordnung jeder Probe zu einem Individuum. Dabei werden einige Individuen an mehreren der insgesamt 5 Sammeltage detektiert, sie werden also „gefangen“ und an folgenden Tagen „wiedergefangen“, während andere Individuen nur einmal oder sogar keinmal detektiert werden. Diese Absenz- bzw. Präsenzdaten eines jeden Individuums an jedem der 5 Sammeltage ergibt eine sogenannte individuelle Fang-Wiederfanggeschichte. Mit Hilfe entsprechender Fang-Wiederfang-Modelle kann aus diesen Fanggeschichten dann die Populationsgröße ermittelt werden (Kapitel 2.4.2.7).

© KOFLER Umweltmanagement

Auf Grundlage dieser geschätzten Populationsgrößen werden Fischotterdichten für jedes Referenzgebiet berechnet. Ebenso lassen sich für die Individuen, die an mind. 2 Markierstellen gefunden wurden, Reviergrößen bzw. Indikatoren für die Größe des eigentlichen Streifgebietes ermitteln (Kapitel 2.4.2.7). Auch kann ermittelt werden, inwiefern sich Fischotterreviere überlappen und welchen Verwandtschaftsgrad benachbarte Fischotter haben. Anhand der genotypisierten Individuen und der Ergebnisse der Brückenkartierung kann über ein Extrapolationsmodell der Gesamtbestand Niederösterreichs hochgerechnet werden.

2.4.2.1. Auswahl und Charakteristik der Fließgewässerabschnitte

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

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

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)

Nach den oben genannten Kriterien wurden folgende Referenzgebiete ausgewählt und mit dem Auftraggeber abgestimmt:

© KOFLER Umweltmanagement

Waldviertel

Im Waldviertel wurde der Romaubach mit diversen Nebenarmen beprobt, und zwar von der tschechischen Grenze bis zur Einmündung in die Braunau (15,4 km). Hinzu wurde die Braunau beprobt, von der Einmündung des Romaubachs bis zur Einmündung in die Lainsitz (20,4 km) und einige Nebenarme von Braunau und Romaubach auf insgesamt 17,3 km. Insgesamt wurden im Waldviertel 53,1 km Fließgewässer beprobt. Hinzu kamen 53 Teiche mit insgesamt 98,7 ha (31 km Uferlänge), die entlang der beiden Flüsse in einem Umkreis von 1500 m zu liegen kamen und zum Zeitpunkt des Sammelns bespannt und zugänglich waren.

Abbildung 10: Aufnahmen aus dem Untersuchungsgebiet im Waldviertel

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 (3,9 ha, 3 km Uferlänge), die direkt am Fluss lagen, beprobt.

Abbildung 11: Aufnahmen aus dem Untersuchungsgebiet im Weinviertel

© KOFLER Umweltmanagement

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). Insgesamt wurden im Industrieviertel 61 km Fließgewässer beprobt.

Abbildung 12: 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 21 km von Nebenarmen der Url beprobt, namentlich Kumpfmühlbach, Wolfsbach, Meilersdorfer Bach, Bach von Bubendorf, Zauchergraben, Treffling, Bachergraben, Dobrabach, Rexnitzgraben, Königgraben und Kohlenbach. Insgesamt wurden im Mostviertel 84,4 km Fließgewässer und zwei Teiche beprobt (0,85 ha; 0,5 km Uferlänge), die in unmittelbarer Nähe zum Fließgewässer lagen.

Abbildung 13: Aufnahmen aus dem Untersuchungsgebiet im Mostviertel

In Tabelle 5 werden die vier Referenzgebiete nochmals bezüglich ihrer Eigenschaften aufgelistet und so vergleichbar dargestellt. Die Tabelle gliedert sich nach den vier Referenzgebieten bzw. den niederösterreichischen Vierteln. Im weiteren Verlauf dieses Berichtes werden die Namen der Viertel in Niederösterreich synonym für die vier Referenzgebiete verwendet. Werden die Namen der Viertel angeführt, so beziehen sich die jeweiligen Ergebnisse auf die Fließgewässer-Referenzstrecken (Untersuchungsgebiete).

Tabelle 5: Überblick über die vier Fließgewässer-Referenzstrecken

Viertel	Waldviertel	Weinviertel	Industrieviertel	Mostviertel
Flüsse	Braunau/ Romaubach	Russbach plus Nebenarme	Feistritz (Trattenbach)/ Pitten plus Nebenarme	Url/Ybbs
Besonderheit	Hohe Anzahl an Teichen/ Fischzucht-Anlagen	Umgebung stark anthropogen geprägt; große Bereiche landwirtschaftlicher Nutzflächen	Gebirgige Umgebung; teils naturnah, teils anthropogen ausgeprägt	Hügelige Umgebung; große Gewässerbreite
Flussbreite	rd. 0,5-10m	rd. 0,5-12m	rd. 0,5-10m	rd. 1-80m
Potentielle Fischotter-dichte	Potentiell hohe Dichte	Potentiell niedrige bis mittlere Dichte	Potentiell mittlere bis höhere Dichte	Potentiell niedrige bis mittlere Dichte
Zeitraum der Besiedlung	Vor 1999	Nach 2008	Teils vor 1999, teils zwischen 1999-2008	Zwischen 1999-2008
Fischregionen	Epi-, Hyporhithral, Epipotamal	Meta-, Hyporithral, Epipotamal	Epi-Meta-Hyporhitral	Epi-Meta-Hyporhitral, Epipotamal
Biogeo-graphische Region	Kontinental	Kontinental	Alpin	Alpin & Kontinental
Lage in NÖ	NW	NO	SO	SW

In jedem der vier Referenzgebiete wurden zunächst anhand der GIS-Karten alle ca. 0,75-1,5 km potentielle Fischottermarkierstellen gesucht und in einer Karte markiert. 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.). Die Markierplätze befinden sich oft an auffälligen Landschaftsstrukturen, z.B. Brücken, Einmündungen von Nebenflüssen, Halbinseln, Staudämmen/Stauwehren, Bereichen mit großen Steinen am Ufer oder Betonbefestigungen am Ufer. 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). Jede Markierstelle wurde bei Vor-Ort-Begehungen auf ihre Erreichbarkeit und mögliche Nutzung durch den Fischotter kontrolliert. Für nicht geeignete Stellen wurde in unmittelbarer Nähe eine alternative Markierstelle entlang des Ufers gesucht.

© KOFLER Umweltmanagement

Aufgrund der Begebenheiten vor Ort ergaben sich in allen Referenzgebieten Markierstellenabstände von ca. 0,5-1,5 km, vereinzelt auch bis zu 2 km. Insgesamt wurden 67 Markierstellen im Waldviertel, 65 im Weinviertel, 61 im Industrieviertel und 66 im Mostviertel beprobt (siehe Abbildung 14 bis Abbildung 17). 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).

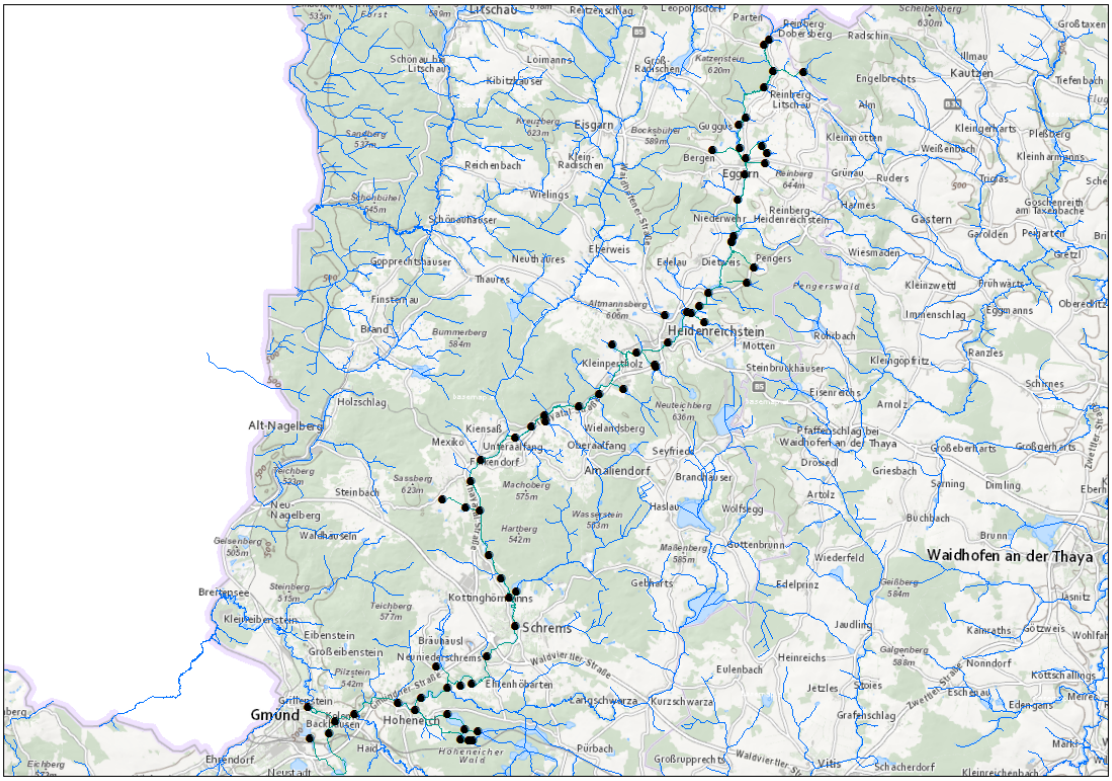


Abbildung 14: Aufnahmepunkte der Genetikkartierung im Waldviertel (Quelle Hintergrund: www.basemap.at)

© KOFLER Umweltmanagement

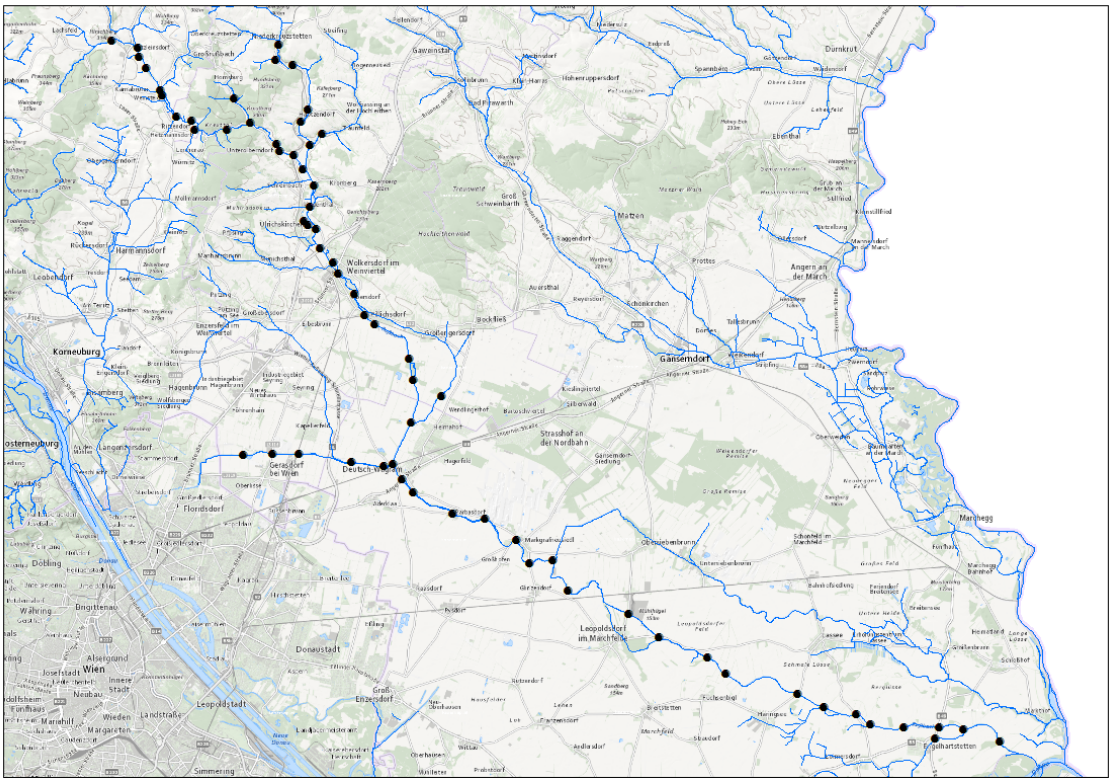


Abbildung 15: Aufnahmepunkte der Genetikkartierung im Weinviertel (Quelle Hintergrund: www.basemap.at)

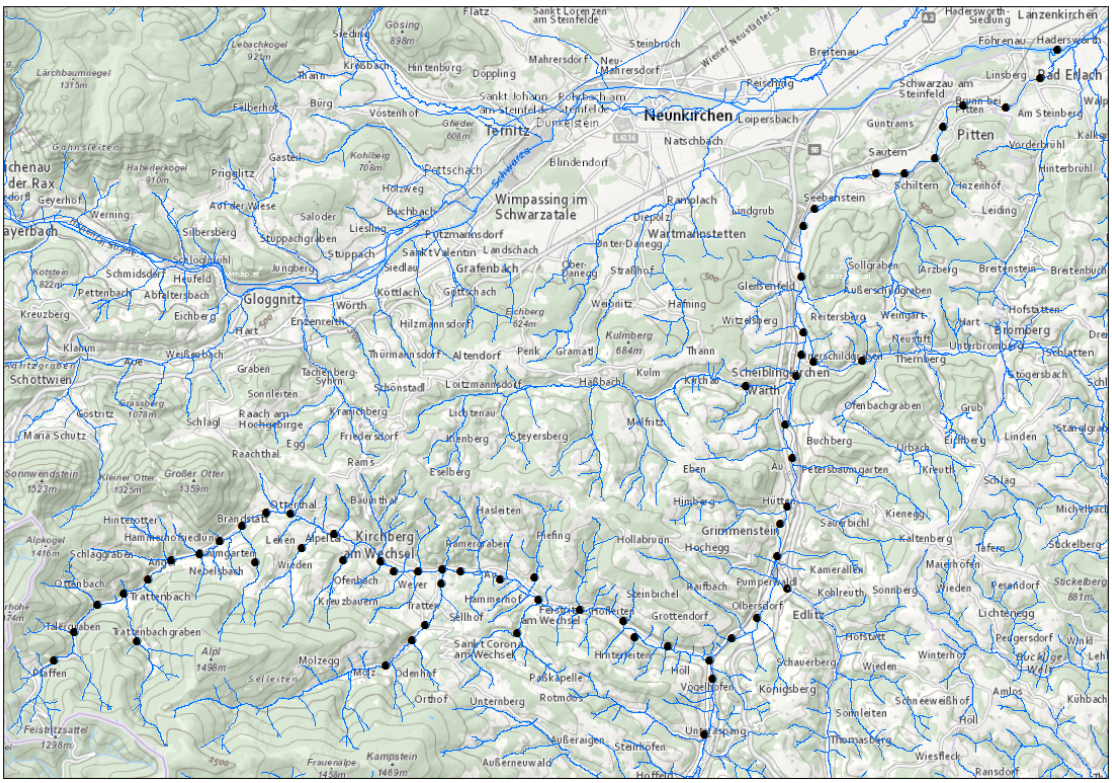


Abbildung 16: Aufnahmepunkte der Genetikkartierung im Industrieviertel (Quelle Hintergrund: www.basemap.at)

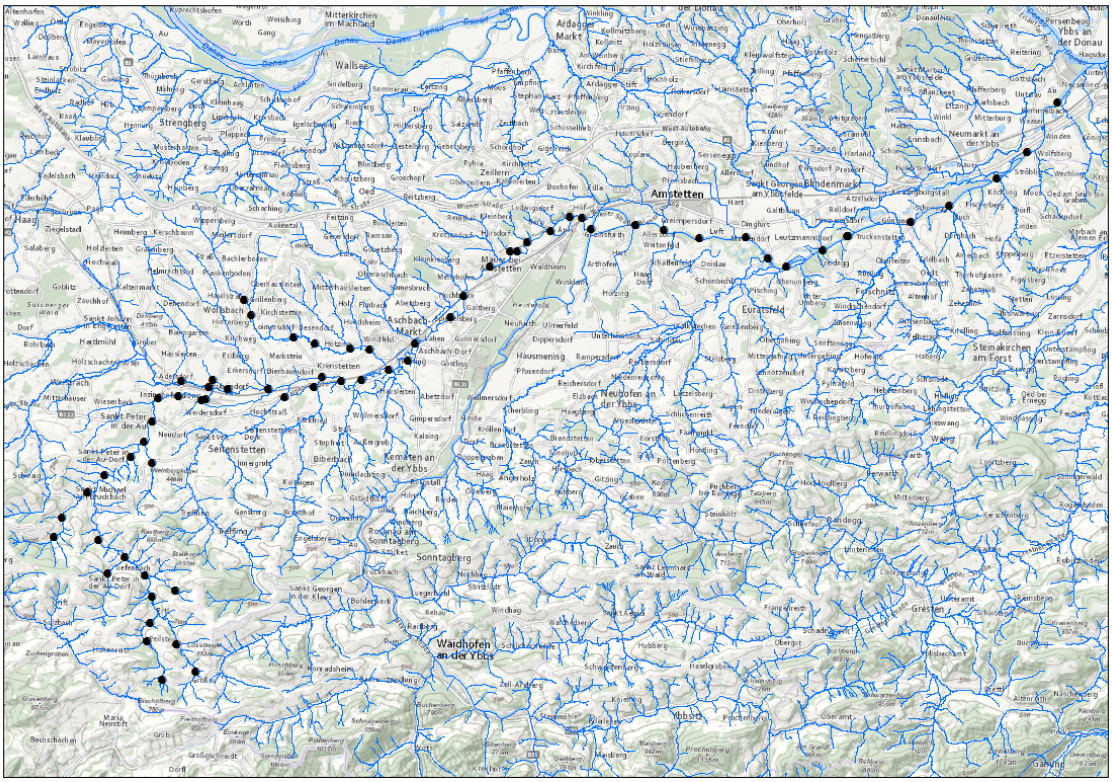


Abbildung 17: Aufnahmepunkte der Genetikkartierung im Mostviertel (Quelle Hintergrund: www.basemap.at)

2.4.2.2. Genetische Probennahme

Jede Markierstelle wurde zwischen dem 27.03.2018 und dem 28.04.2018 an jeweils fünf aufeinanderfolgenden Tagen täglich auf frische Losungen kontrolliert (Ausnahme: Weinviertel mit 2+5 aufeinanderfolgenden Tagen). Dabei wurden alle frischen Losungen (siehe Abbildung 18) und sogenannte „anal jelly“ (siehe Abbildung 19) der letzten Nacht gesammelt. Das anal jelly ist eine gallertige Substanz, die vom Fischotter zusätzlich zum eigentlich Kot abgegeben werden kann und sich besonders gut für genetische Analysen eignet (Lampa *et al.* 2008). Die Kotproben wurden mit einem handelsüblichen Wattestäbchen durch drehendes Bestreichen so bearbeitet, dass der oberflächliche Schleim der Losung am Wattestäbchen haften blieb (siehe Abbildung 20). Bei weniger schleimigen Proben wurde ein Teil des Kots von der Oberfläche der Losung abgestrichen. Anal jellys wurden, wenn möglich, komplett mit dem Wattestäbchen aufgenommen. Die Wattestäbchen kamen in ein 10 ml Cryovial (Firma Biozym; Art.-Nr. 710518), das 1,8 ml ASL-Puffer (Firma Qiagen; Art.-Nr. 19082) enthielt. Der ASL-Puffer ist ein Lysepuffer zum Auflösen der Zellmembranen während der Extraktion (1. Schritt der Extraktion), zeitgleich hat er auch puffernde Eigenschaften, die eine stabile Lagerung der Losung bei hohen Minusgraden ermöglichen (Lampa *et al.* 2013). Die Proben wurden am Ende eines jeden Sammeltages bei -18/-20°C eingefroren, auf Trockeneis ins Labor verschickt und nach Ankunft bei -80°C gelagert.

Jede Probe wurde mit einer für alle vier Referenzgebiete einmaligen Nummer versehen (z.B. Weinviertel: B201-B321; Industrieviertel C351-C480, etc.), um Fehler durch Zahlendreher im Laborprozess weitestgehend auszuschließen. Jede Probe wurde in einem Datenblatt aufgenommen, zusammen mit Information über Datum, Uhrzeit, Witterung, Fundpunkt, Sammler, Menge, Schleimgehalt und Frische der Probe. Alle Sammler erhielten vorab eine Einführung bzw. Schulung bezüglich der Probenhandhabung, des Datenaufnahmeblatts, des Auffindens der Markierstellen und wie Fischotterkot von Kot anderer Arten, insbesondere des sympathrisch lebenden Minks (*Neovison vison*), zu unterscheiden ist.

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

- Erfassungsbogen Genetik (siehe Anhang – Kapitel 6.2)
- Erfassungsbogen für Punktbeschreibung (siehe Anhang – Kapitel 6.3)

Abbildung 18: Fischotterlosung

Abbildung 19: Beispiel eines anal jellys

Abbildung 20: Probennahme mithilfe eines Wattestäbchens

2.4.2.3. Extraktion und Ethanol-Fällung (DNA-Präzipitierung)

Alle Proben wurden innerhalb von vier Wochen nach Ankunft im Labor mit dem Extraktionskit „QIAamp DNA Stool Mini Kit“ der Firma Qiagen (Art.-Nr. 51504) und der Hilfe eines „QIAcube“ (Firma Qiagen) extrahiert (Isolierung der DNA aus den Zellen). Während der Extraktion einer Losungsprobe wird aus den sich im Kot befindlichen Darmzellen zunächst die DNA gelöst und dann in mehreren Schritten von störenden festen Kotbestandteilen, Proteinen und anderen PCR-Inhibitoren befreit. Am Ende der Extraktion wird die DNA in 200 µl eines Eluierungs-Puffers gelöst und steht für die Amplifizierung mittels PCR bereit. In jedem zweiten Extraktionslauf, bestehend aus je 12 Proben, wurde eine Blindprobe mitgeführt. Diese auch „Leerprobe“ genannte Probe beinhaltet 1,8 ml des ASL Puffers ohne Losung und wird zur Kontaminationskontrolle in allen Extraktionsschritten mitgeführt. Insgesamt wurden 15 Blindproben zusätzlich extrahiert.

Vor der Extraktion wurden alle Proben in einem Inkubationsschrank auf 70°C erwärmt, bei Raumtemperatur mit dem Vortex gemischt und in einer Zentrifuge bei 2000 rpm/min für 5 min zentrifugiert. Durch die Zentrifugation setzen sich feste Bestandteile der Losung, wie z.B. Knochenreste oder Gräten, ab und es wird nur der Überstand für die weitere Extraktion verwendet. Von diesem Überstand wurden 1,4 ml entnommen und in 2 ml Eppendorf-Reaktionsgefäße pipettiert. Die anschließenden Extraktionsschritte entsprechen den Anweisungen des Herstellers Qiagen und sind im Handbuch des Kits zu finden (QIAamp® DNA Stool Handbook, Second Edition, June 2012, Schritt 5 und folgende auf Seite 23). Die fertig extrahierten Proben wurden anschließend bei – 20°C eingefroren.

Bei 32 Proben wurde nach der Extraktion eine Ethanol-Fällung vorgenommen. Diese bewirkt eine weitere Reinigung und vor allem Konzentrierung des DNA-Extraktes, so dass die

© KOFLER Umweltmanagement

Wahrscheinlichkeit, diese Probe erfolgreich zu genotypisieren, steigt (Protokoll siehe Anhang 6.4.1). Die Auswahl, welche Proben einer Ethanol-Fällung unterzogen werden, erfolgte während der ersten Schritte des Genotypisierungsprozesses (Kapitel 2.4.2.5).

Bei allen Laborschritten (Extraktion, PCR, Fragmentlängenanalyse) wurden Filterpipettspitzen und Reaktionsgefäße mit low-binding-Eigenschaften verwendet. Durch die Filter werden zum einen Kreuz-Kontaminationen verhindert und durch die low-binding Eigenschaft wird der DNA-Verlust verringert. Des Weiteren wurden in allen Laborschritten rigorose Kontaminations-vermeidungsstrategien angewendet (siehe Lampa *et al.* 2013), dazu gehörten unter anderem die Mitführung von Blindproben zur Kontaminationskontrolle der verwendeten Chemikalien, regelmäßiges Wechseln der Handschuhe, Reinigung der Geräte und der Laborbank nach jeder Extraktion, PCR oder FA und getrennte Räumlichkeiten für Extraktion, PCR und FA.

2.4.2.4. Amplifizierung mittels PCR & Fragmentlängenanalyse

Nach der Extraktion befindet sich im Proben-Extrakt die konzentrierte und gereinigte DNA des Fischotters, aber auch die seiner Beutetiere oder von Bakterien. Im nächsten Schritt wird daher die Fischotter-DNA, die immer noch in sehr geringer Konzentration vorliegt, vervielfältigt (amplifiziert). Diese Vervielfältigung bzw. Amplifizierung wird mittels der Polymerasekettenreaktion (polymerase chain reaction – PCR) realisiert. 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 PCR wird Folgendes benötigt:

- ein kleiner Teil des Proben-Extraktes – als Kopiervorlage
- die Polymerase – das Enzym, das die DNA kopiert
- sogenannte Primer – die flankierenden Sequenzmotive am Anfang und Ende eines jeden Mikrosatelliten, die der Polymerase den Start und das Ende eines Kopierprozesses anzeigen
- dNTPs – einzelne DNA-Basen, aus der die DNA-Kopie erstellt wird
- PCR-Puffer – um den pH-Wert der Probe zu stabilisieren

Dieser PCR-Mix (Protokoll siehe Anhang 6.4.2) wird drei verschiedenen Temperaturschritten ausgesetzt, die sich mehrfach wiederholen. Dabei wird zunächst die doppelsträngige DNA bei 95°C aufgetrennt (Denaturierung). Im zweiten Schritt lagern sich bei 58°C die Primer an die jetzt einsträngige DNA und zwar am Anfang und Ende des Mikrosatelliten (Hybridisierung). Als letztes wird die Temperatur auf 72°C erhöht, damit die Polymerase beginnend bei den angelagerten Primern aus dem Einzelstrang einen Doppelstrang synthetisiert (Elongation). Dieser Kopierprozess wird dann so oft wiederholt bis eine ausreichende Menge DNA entstanden ist (hier 45 Zyklen; siehe Anhang 6.4.2), die im nächsten Schritt – der Fragmentlängenanalyse – visualisiert werden kann. Insgesamt wurden 7 verschiedene Mikrosatelliten für das Monitoring verwendet. Dabei wurden je

drei bzw. vier Mikrosatelliten in einer PCR zusammen amplifiziert um Kosten und Zeit zu sparen (Multiplex-Trio M1: Lut457, Lut615, Lut733; Multiplex-Quartett M2: Lut604, Lut701, Lut717, Lut833; Dallas *et al.* (2002); Dallas & Piertney (1998)).

Um diese Mikrosatelliten nach der PCR visualisieren zu können, benötigt man die Fragmentlängenanalyse (FA), durch die anhand von Signalkurven der Genotyp jeder Probe an jedem Mikrosatelliten bestimmt bzw. genotypisiert werden kann. Hierzu wurden die bei der PCR zugesetzten Primer mit Fluoreszenz-Farbstoffen (6-Fam, Hex, Atto-550) versehen, so dass diese während einer Kapillar-Elektrophorese in einem Sequenziergerät (3130xl Genetic Analyzer; Applied Biosystems) detektiert werden können (siehe Anhang 6.4.3). Anhand der dabei entstehenden Vier-Farben-Elektropherogramme (GeneMapper Software v4.1; Applied Biosystems) wird die Länge (in Basenpaaren) jedes Mikrosatelliten dargestellt und abgelesen (Abbildung 21). Die Längenbestimmung erfolgt mit Hilfe des Größenstandards GeneScanTM- 500 RoxTM.

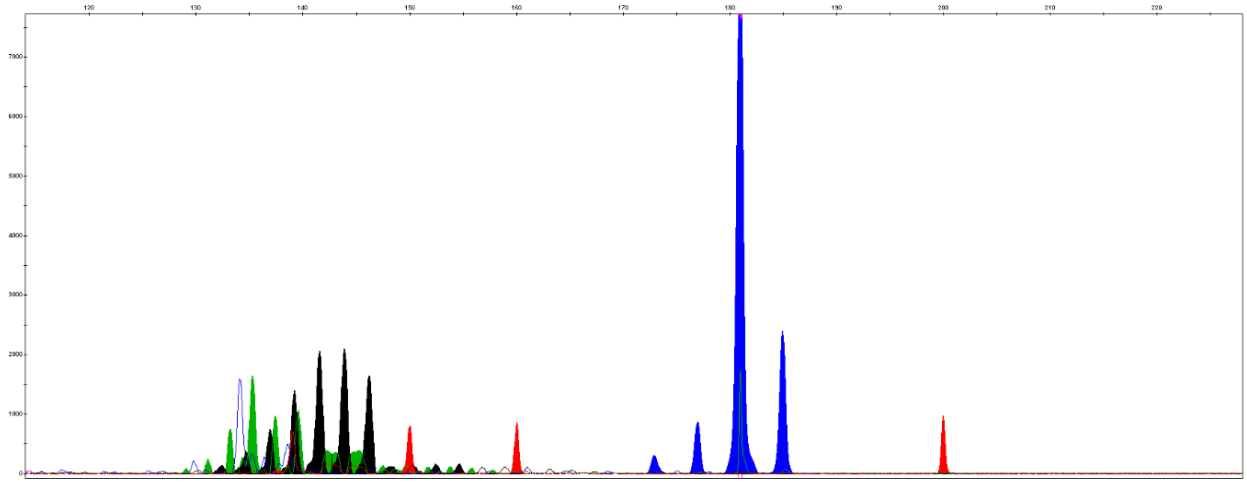


Abbildung 21: Vier-Farben-Elektropherogramm des Multiplex-Trios M1 mit Probe A029.
Auf der y-Achse befindet sich die dimensionslose Fluoreszenseinheit, dabei korreliert die Höhe einer Signalkurve mit dem relativen Mengenverhältnis der amplifizierten DNA-Fragmente. Auf der x-Achse ist die Länge in Basenpaaren (Bp) angegeben. Rote Signalkurven entsprechen dem Größenstandard, hier 150, 160 und 200 Bp. Die grünen, schwarzen und blauen Signalkurven entsprechen jeweils den Mikrosatelliten Lut457, Lut615 und Lut733.

Da die Fischotter-DNA in Kotproben nur in geringer Menge vorkommt, oft degradiert ist und umgeben ist von PCR-Inhibitoren (Creel *et al.* 2003; Idaghdour *et al.* 2003; Kohn *et al.* 1995), kommt es zu hohen Genotypisierungsfehler-Raten. Dabei gibt es zwei Arten von Fehlern, zum einen kann ein Allel (eine von zwei möglichen Ausprägungen 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 Amplifizierungen vorzunehmen (Wiederholungen), um einen akkuraten Genotyp zu

© KOFLER Umweltmanagement

erhalten, den sogenannten Konsens-Genotyp (Lampa *et al.* 2013; Taberlet *et al.* 1996). Dabei waren die Regeln für die Akzeptanz eines Genotyps folgende:

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

2.4.2.5. 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 einziges PCR-Signal von neun möglichen (3 Marker x 3 Wiederholungen = 9 mögliche PCR-Signale) zeigten, wurden aussortiert und nicht weiter analysiert (Waldviertel: 44; Weinviertel: 19; Industrieviertel: 33; Mostviertel: 33). Proben, die mind. zweifach andersartige Signalmuster zeigten, die nicht in dem erwarteten Bereich des jeweiligen Markers lagen und somit wahrscheinlich einer anderen Art, z.B. dem Mink, entstammen, wurden ebenfalls aussortiert (Waldviertel: 0; Weinviertel: 1; Industrieviertel: 2; Mostviertel: 1). Alle Proben, die mind. ein Signal bei einem Mikrosatelliten anzeigten, wurden erneut zweifach mit M1 wiederholt. Solche Proben, die daraufhin weiterhin nur ein einziges PCR-Signal von jetzt 15 möglichen zeigten (Amplifikationsrate < 10%), wurden erneut aus dem Datensatz aussortiert (Waldviertel: 7; Weinviertel: 4; Industrieviertel: 12; Mostviertel: 5). Die restlichen Proben wurden ein weiteres Mal zweifach mit M1 wiederholt. Nun wurden alle Proben, die zwei PCR-Signale zeigten (Amplifikationsrate < 10%), aussortiert (Waldviertel: 2; Weinviertel: 0; Industrieviertel: 3; Mostviertel: 1), außer die Probe war laut Datenblatt eine anal jelly Probe, die einzige Probe am entsprechenden Fundort oder zeigte einen einzigartigen Genotyp. Diese Proben, sowie Proben mit einer Amplifikationsrate von 10-19%, wurden einer Ethanol-Fällung unterzogen (n = 32) und dreifach mit M1 wiederholt. Auch nach diesem Schritt wurden alle Proben mit einer Amplifikationsrate unter 10% aussortiert.

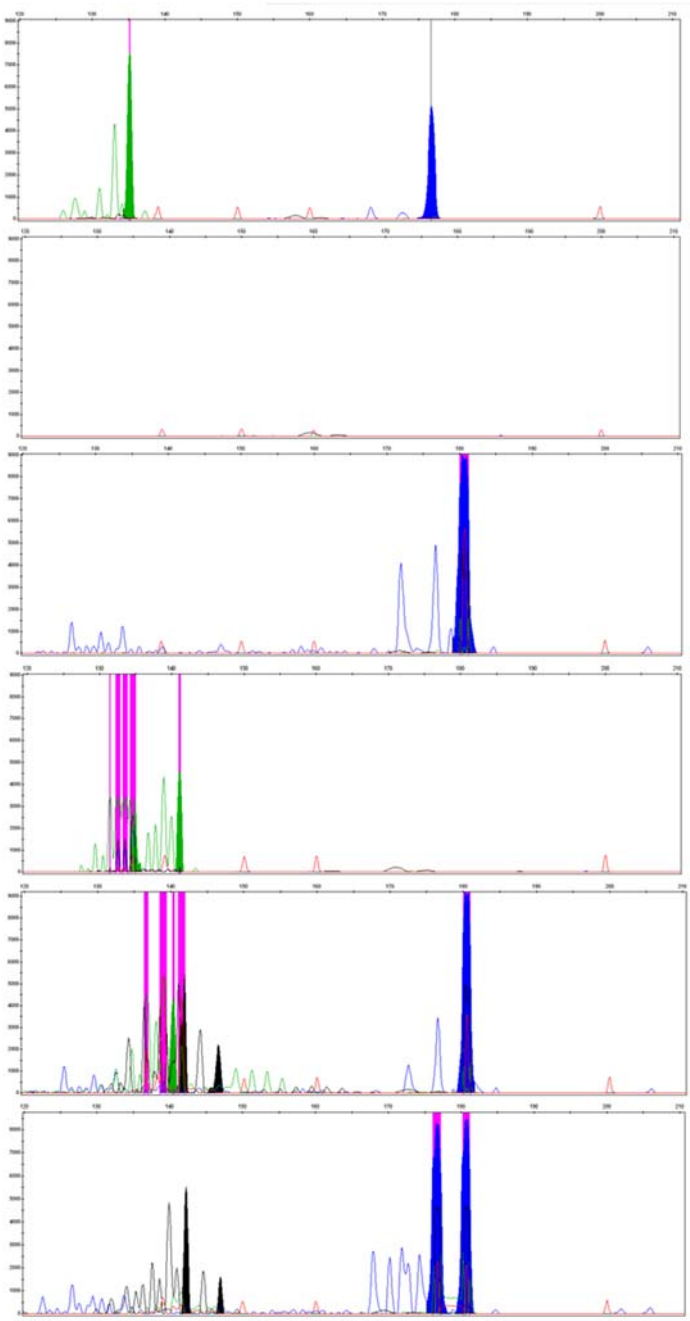
Alle Proben, die nach der 7. PCR mit M1 (10. PCR bei gefällten Proben) einen Konsens-Genotyp besaßen oder noch nicht aussortiert waren, wurden mit dem Multiplex-Quartett M2 dreifach amplifiziert. Jede Probe wurde nun so oft mit M2 wiederholt, bis sie einen Konsens-Genotyp nach den oben genannten Regeln erhielt (siehe Kapitel 2.4.2.4) oder aufgrund einer zu geringen Amplifikationsrate (< 10%) aussortiert wurde. Falls notwendig, wurden im Anschluss auch weitere Wiederholungen mit dem Markerset M1 vorgenommen, sofern die Amplifikationsrate nicht unter 10% fiel. Alle Wiederholungen mit M1 oder M2 wurden in zwei- oder dreifacher Ausführung als Block amplifiziert und genotypisiert, da dies wesentlich effizienter ist.

Da in vielen PCRs kein einziges Signal in der FA zu sehen war bzw. die Proben eine hohe Allelausfallrate und Artefaktrate besaßen (siehe Kapitel 3.2.1) – ein übliches Problem bei Fischotterkot (Lampa 2015) – war die Erstellung eines Konsens-Genotyps nur über eine Vielzahl von Wiederholungen möglich (vgl. Abbildung 22). Dennoch gab es etliche Proben, denen die dritte Sichtung eines Allels (bei homozygoten Genotypen) bzw. die zweite Sichtung eines Allels (bei heterozygoten Genotypen) auch nach bis zu 24 Wiederholungen 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 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. drei Wiederholungen).

Bei Proben, deren vorläufiger Genotyp bei mind. vier Mikrosatelliten identisch zu einem anderen Konsens-Genotyp war und die Unterschiede zu den restlichen drei Mikrosatelliten sich durch Allelausfälle erklären ließen, wurde die Probe als identisch zu dem anderen Konsens-Genotyp betrachtet. Dieses Vorgehen ist bei einer hohen Allelausfallrate (vgl. Kapitel 3.2.1) realistischer und konservativer als den Genotyp als einzelnen Fang eines neuen Individuums zu betrachten. 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. 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.

© KOFLER Umweltmanagement



Grün (Lut457) – Genotyp 135 / 135
Schwarz (Lut615) – Genotyp 0 / 0
Blau (Lut733) – Genotyp 176 / 176

Grün (Lut457) – Genotyp 0 / 0
Schwarz (Lut615) – Genotyp 0 / 0
Blau (Lut733) – Genotyp 0 / 0

Grün (Lut457) – Genotyp 0 / 0
Schwarz (Lut615) – Genotyp 0 / 0
Blau (Lut733) – Genotyp 180 / 180

Grün (Lut457) – Genotyp 135 / 141
Schwarz (Lut615) – Genotyp 0 / 0
Blau (Lut733) – Genotyp 0 / 0

Grün (Lut457) – Genotyp 141 / 141
Schwarz (Lut615) – Genotyp 142 / 146
Blau (Lut733) – Genotyp 180 / 180

Grün (Lut457) – Genotyp 0 / 0
Schwarz (Lut615) – Genotyp 142 / 146
Blau (Lut733) – Genotyp 176 / 180

Abbildung 22: Vier-Farben-Elektropherogramme von sechs Wiederholungen einer Probe mit M1.
Die Mikrosatelliten haben die Farben grün (Lut457), schwarz (Lut615) und blau (Lut733). Die Allele entsprechen den farbig gefüllten Signalkurven. Die pinken Banden stehen für Signalpeaks deren Intensität höher war als das Programm abbilden konnte. Neben dem jeweiligen Elektropherogramm sind die Genotypen, die bei dieser Wiederholung abzulesen sind, aufgelistet. Daraus ergibt sich folgender Konsens-Genotyp:

Grün (Lut457)	Genotyp 135 / 141
Schwarz (Lut615)	Genotyp 142 / 146
Blau (Lut733)	Genotyp 176 / 180

© KOFLER Umweltmanagement

2.4.2.6. 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). Zeitgleich wurde die Allelausfall- und Artefaktrate des Datensatzes 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.

Die Amplifizierungs-Erfolgsrate 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 bzw. potentiellen Otterproben ist. 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 sieben Mikrosatelliten (korrigiert um den Stichprobenumfang) 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.

2.4.2.7. Populationsgrößenschätzung und Raumnutzung

Für die Ermittlung von Populationsgrößen eignet sich im Besonderen die „Fang-Wiederfang-Methode“, auch „mark-recapture“ genannt. Dabei werden in einem bestimmten Gebiet zu einem konkreten Zeitpunkt Individuen einer Spezies gefangen, gezählt und markiert. Zu späteren Zeitpunkten wird unter möglichst gleichen Bedingungen das Fangverfahren wiederholt (Wiederfang). Dabei wird neben der Gesamtzahl der gefangenen Individuen auch die Anzahl der davon markierten, also wiedergefangenen, Tiere ermittelt (Pollock *et al.* 1990). Mit Hilfe von entsprechenden Modellen kann dann die Populationsgröße ermittelt werden. Durch die Genotypisierung von Mikrosatelliten kann die Fang-Wiederfang-Methode angewandt werden, ohne dass die Tiere real „gefangen“ werden müssen. Dabei wird jeder festgestellte Genotyp als „Fang“ behandelt. Kommt es zu einem späteren Zeitpunkt zu einer erneuten Ermittlung des gleichen Genotyps, so wird dies als

© KOFLER Umweltmanagement

„Wiederfang“ gewertet. 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 bzw. Immigration, noch Verluste durch Todesfälle bzw. 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.

Identische Proben, die zu einem Individuum gehörten, wurden als Wiederfänge gewertet, während Proben mit Genotypen, die keinem anderen Genotyp glichen und ihm auch nicht ähnlich waren, als Einzelfänge angesehen wurden (vgl. Kapitel 2.4.2.5).

Ob der Datensatz einer „geschlossenen Population“ entstammt, wurde mittels Pradel`s recruitment-Modell (Pradel 1996) im Programm MARK (White & Burnham 1999) getestet (Boulanger *et al.* 2002; Lukacs 2010). In diesem Modell werden folgende Parameter bestimmt: Überlebensrate (apparent survival – Φ; definiert als „true survival x Ortstreue“), Rekrutierungsrate (recruitment – f) und die Fangwahrscheinlichkeit (p). Bei kurzen Zeiträumen von wenigen Tagen (z.B. 5 wie im Referenzgebiet Wald-, Most- und Industrieviertel) sind Neuzugänge durch Geburten oder Abgänge durch Tod sehr unwahrscheinlich, so dass die Rekrutierungsrate (f) einer Immigrationsrate in das Untersuchungsgebiet entspricht und die „apparent survival“ (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 (Φ = 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 sogenannte „Geisterindividuen“ dazu führen können, dass fälschlicherweise Immi- und Emigration detektiert wird und die Population als nicht geschlossen angesehen wird. Geisterindividuen sind Proben, deren Genotyp falsch ist und zwar so, dass sie fälschlicherweise „neue“ Individuen kreieren, tatsächlich aber nur Wiederfänge von bereits bekannten Individuen sind. 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.

Für die anschließende Populationsgrößenschätzung ist es ebenso unabdingbar, ein Schätzmodell zu wählen, das die Genotypisierungsfehler in die Berechnung integrieren kann. Ein solches ist das misidentification-Modell von Lukacs & Burnham (2005) (im folgenden LB-Schätzer genannt), das im Programm MARK (White & Burnham 1999) implementiert ist. Dafür wurde zunächst für jedes Individuum eine Fanggeschichte konstruiert, indem jedem einzelnen eine Zahlenkombination aus „1“ (gefangen) oder „0“ (nicht gefangen) für die fünf bzw. sieben Sammeltage zugeteilt wurde

(Beispiel: 00001 – dieser Otter wurde an den ersten vier Sammeltagen nicht gefangen (0) und am letzten Tag zum ersten Mal detektiert (1)). Wiederfänge innerhalb eines Sammeltages können bei dieser Art von Modellen nicht berücksichtigt werden, so dass das jeweilige Individuum für diesen Tag nur einmal aufgeführt wurde.

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.-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). Welches Modell die Daten am besten erklärt, kann anhand der korrigierten AICc-Werte bestimmt werden (siehe oben). Für jeden geschätzten Parameter wurde im Anschluss ein AICc gewichteter Mittelwert bestimmt. Dafür wurden die standardisierten „AICc weights“ – die Wahrscheinlichkeit eines Modells – verwendet. Da die individuelle Heterogenität (p_i) und die Wahrscheinlichkeit eines korrekten Genotyps (α) vom Modell oft nicht voneinander getrennt geschätzt werden kann (White & Burnham 1999), wurden alle Modelle bei denen p_i oder α nicht schätzbar waren (erkennbar an einem Standardfehler von Null oder Konfidenzintervallen von 0-1) aus dem Modellset entfernt. 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 mit einbezogen.

Anhand der gewichteten mittleren Fischotterzahlen im jeweiligen Gebiet wurde eine Populationsdichte auf die Fließgewässerlänge (in km) ermittelt. Dabei wurden nur die Flussabschnitte berücksichtigt, die auch tatsächlich beprobt wurden. Im Wein-, Wald- und Mostviertel wurden dabei zusätzlich die Teiche mit ihrer Uferlänge in km miteinbezogen.

Um diese Dichteberechnung zu überprüfen, wurden alle Dichten zusätzlich mit dem „spatially explicit capture-recapture“ Modell von Efford & Fewster (2013) bestimmt. Das R-Paket „secr“, und im speziellen „secrlinear“, ermöglicht es Dichten bezogen auf eine spezifische räumliche Verteilung des Habitats (z.B. linear) zu berechnen. Dabei werden ebenfalls Fang-Wiederfang-Modelle als Grundlage genutzt, wobei in diesem Fall die Populationsgröße ohne eine Fehlerkorrektur geschätzt wird, was zu leicht höheren Dichten führen sollte. Aus diesem Grund wurde zusätzlich für die Referenzgebiete, deren Datensatz nach den Validierungstests möglicherweise noch Geisterindividuen enthalten, ein konservativer Datensatz generiert. In diesem wurden die

potentiellen Geisterindividuen als Wiederfänge der bereits bekannten, sehr ähnlichen und an gleichen Fundpunkten detektierten Individuen gewertet. Mit dem R-Paket „secrlinear“ wurde mit beiden Datensätzen (original & konservativ) für jedes Referenzgebiet je zwei räumlich explizite Modelle mit unterschiedlichen Abstandsfunktionen erstellt – a) Euklidischer Abstand, b) angepasster nicht-euklidischer Abstand – und per AICc verglichen.

Die Markierstellen, an denen der Kot bestimmter Individuen gefunden wurde, wurden offensichtlich von diesen benutzt und sind daher Teil ihres Streifgebietes bzw. Revieres. Auch wenn die gefundenen Losungen 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. Für Individuen, die an mind. zwei verschiedenen Markierstellen gesammelt wurden, kann daher die Distanz entlang des Flusses zwischen den Punkten in km gemessen werden und als minimale Streifgebietsgröße angegeben werden. In diese Berechnungen wurden auch Funkpunkte an Nebenarmen berücksichtigt, so dass sich die Größe des Streifgebietes aus der Summe der Flussabschnitte am Hauptfluss und der Nebenarme (bis zum Fundpunkt) ergibt. Im Waldviertel wurden die Teiche bei dieser Berechnung nicht miteinbezogen und nur Streifgebietsgrößen entlang der Fließgewässer angegeben, wobei die Teiche meist über Gräben mit dem Hauptfluss verbunden sind und diese in die Berechnung miteinflossen. 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 R wurde mit dem „triadic likelihood“-Schätzer (TrioML) im Programm COANCESTRY bestimmt (Wang 2011). Dabei wurde die Genotypisierungs-Fehlerrate jedes einzelnen Mikrosatelliten in die Berechnung integriert und darauf korrigiert.

2.4.3. Bestandsschätzung auf Grundlage der statistischen Modellierung

Um Aussagen über die Größe der Fischotterpopulation auf der gesamten Fläche Niederösterreichs zu treffen (inkl. Jungtiere), standen zum einen die Ergebnisse der Brückenkartierung mit den einzelnen Losungsfunden an jeder Brücke zur Verfügung, zum anderen der Datensatz aus der Genetikkartierung mit der jeweiligen Anzahl an Losungen je Fundpunkt und der daraus resultierenden Anzahl an Genotypen bzw. Individuen. Eine einfache Schätzung der Abundanz anhand der Länge des Gewässernetzes multipliziert mit der mittleren Dichte aus den vier Referenzgebieten – wie es in anderen Bundesländern praktiziert wurde – wäre nur eine sehr grobe Annäherung und ignoriert den Umstand, dass die Dichte von Wildtierpopulationen räumlich stark variieren kann. Aufgrund dessen sollte durch eine vorgeschaltete Habitatmodellierung getestet werden, ob diverse Habitateigenschaften sich eignen die Anzahl der Individuen bzw. die Anzahl von Losungsfunden vorhersagen zu können.

© KOFLER Umweltmanagement

In einem zweiten Schritt sollten anhand der Habitatmodelle oder alternativ anhand eines räumlich differenzierteren Ansatzes unter Verwendung der Brückenkartierung der Bestand des Fischotters in Niederösterreich extrapoliert werden.

2.4.3.1. Habitatmodellierung

Habitatmodelle formalisieren unser Verständnis der Beziehungen einer Art mit ihrem Lebensraum und bieten die Möglichkeit, Vorkommenswahrscheinlichkeit aber auch relative Dichten zu ermitteln. Um mit den vorhandenen Daten eine Hochrechnung auf den Gesamtbestand Niederösterreichs vornehmen zu können, stellt sich die Frage, ob die Losungsmenge des Fischotters ein relatives Maß für die Häufigkeit der Art sein kann. Konzeptioneller Ansatz der Modellierungen ist daher, dass die Losungsmenge sowohl mit der Häufigkeit der Art (N), als auch mit der Habitatgüte in positivem Zusammenhang steht.

N ~ Losung ~ Habitat (Hypothese)

Es wurde daher versucht eindeutige Verbindungen zwischen Losungsmenge und Habitatgüte

Losung ~ Habitat (Modell 1)

als auch zwischen Individuen und Habitatgüte

N ~ Habitat (Modell 2)

zu finden.

Um diese Fragestellungen zu beantworten standen zwei Datensätze zur Verfügung – der Brückendatensatz mit der Anzahl der gesichteten Losungen unter jeder Brücke, verbunden mit der Aufnahme verschiedener Habitatvariablen (Tabelle 6) und der Genetikdatensatz mit der Anzahl der gefundenen Losungen je Markierstelle, der daraus resultierenden Anzahl an Individuen und der gleichen Habitatvariablen wie bei der Brückenkartierung (vgl. Kapitel 5 und 6.3). Zu diesen punktuell vorliegenden Daten kamen Daten, die als GIS-shape flächig oder linear vorlagen (Tabelle 6).

Tabelle 6: Für die Habitatmodellierung verwendete punktuelle und flächige (bzw. linear) unabhängige Variablen inkl. ihrer Messniveaus.

Variable	Messniveau	Bemerkung/Einheit
Erfassungstag	intervallskaliert	0 = erstes Kartierdatum
Brückenhöhe	3 Kategorien	<1,5m, 1,5-2,5m, >2,5m
Uferlänge	intervallskaliert	logarithmiert verwendet
Gewässerbreite	intervallskaliert	in Metern
Wasserstand	3 Kategorien	niedrig, normal, hoch
Böschungsneigung	3 Kategorien	flach, ansteigend, steil

© KOFLER Umweltmanagement

Böschungsvielfalt	ordinalskaliert	1-4 Böschungstypen
Uferdynamik	ordinalskaliert	1...sehr gut – 5...schlecht
Sohldynamik	ordinalskaliert	1...sehr gut – 5...schlecht
Laufentwicklung	ordinalskaliert	1...sehr gut – 5...schlecht
Uferbegleitsaum	ordinalskaliert	1...ausgeprägt – 5...nicht ausgeprägt
Koordinaten (X, Y)	intervallskaliert	in Metern
Ökologische Bewertung	ordinalskaliert	1...sehr gut – 5...schlecht
Wertigkeit Fischökologie	ordinalskaliert	Natürlichkeit in Bezug auf den fischökologischen Zustand des Wasserkörpers
Fischregionen	ordinalskaliert	Gewässer klassifiziert nach Fischregionen
Dichte Flüsse	intervallskaliert	in km/km^2; 2000m um jede Rasterzelle
Dichte Teichufer	intervallskaliert	in km/km^2; 2000m um jede Rasterzelle
Höhe ü. NN	intervallskaliert	in Metern
Hangneigung	intervallskaliert	in Grad
Schlüsselarten	ordinalskaliert	Habitate für gewässerökologisch bedeutende Fischarten
Auen	ordinalskaliert	1...ausgeprägt – 5...nicht ausgeprägt
Fischerei	ordinalskaliert	1...ausgeprägt – 5...nicht ausgeprägt
Wirbellose	ordinalskaliert	Naturschutzfachlich bedeutende Qualitätselemente
Landschaftsbild	ordinalskaliert	1...ausgeprägt – 5...nicht ausgeprägt
Tourismus	ordinalskaliert	1...gering – 5...stark ausgeprägt

Die flächig bzw. linear vorliegenden Daten wurden aus den Linien-shapefiles in ein Rasterformat (.tif) bei einer Auflösung von 200 m überführt und die entsprechenden Werte durch Extraktion an die Datentabellen der Genetik- bzw. Brückenkartierungen angefügt.

Es erfolgte eine explorative Datenanalyse, die als Grundlage für die weitere Kalibrierung der statistischen Modelle diente und die Verteilungen der Variablen, Kreuzkorrelationen und univariate Beziehungen mit den abhängigen Variablen sichtbar machte.

Anhand beider Datenquellen (Brücken- und Genetikkartierung) wurden dann Habitatmodelle auf Punktebene mittels logistischer Regression (Vorhandensein bzw. Fehlen von Losung) und mittels Quasi-Poissonregression (relative Dichte der Losung bzw. relative Individuendichte) kalibriert. Für jedes dieser Datensets wurde damit versucht, erklärende Faktoren zu finden, um die Individuendichte, eventuell auch mittels Habitatvariablen, die im GIS vorliegen, vorhersagen zu können.

Als Geoinformationssysteme kamen ArcGIS Desktop (ESRI 2018) und Quantum-GIS (QGIS Entwicklungsteam 2018) zum Einsatz. Die Modellierungen wurden in RStudio Version 1.1.463 und R Version 3.5.1 vorgenommen.

2.4.3.2. Bestandsschätzung für Niederösterreich mittels Extrapolation

Da der Datensatz der Brückenkartierung den nötigen Datenumfang bietet, um die Fragestellung nach dem Bestand des Fischotters in Niederösterreich weitestgehend flächendeckend bearbeiten zu können, sollte dieser für die Extrapolation verwendet werden. Um diesen flächendeckenden Datensatz für die Hochrechnung nutzen zu können, musste jedoch im Vorhinein getestet werden, ob es eine eindeutige Verbindung zwischen Losungsmenge und Individuenanzahl (Individuenmodell) bzw. Fischotterdichte (Dichtemodell) gibt.

Individuen ~ Losung (Modell 3)

Fischotterdichte ~ Losung (Modell 4)

Beide Kartierungen (Brücken- und Genetikkartierung) lieferten Angaben zur Anzahl der Fischotterlosung. Die Brückenkartierung unterschied diese in frisch, mittel und alt, während die Genetikkartierung auf frischer Losung basierte. Für die Markierstellen der Genetikkartierung lagen zudem eine Anzahl von gefundenen Genotypen (Individuen) vor, als auch die Anzahl von nicht identifizierten Losungen (und damit potentiell nicht detektierte Individuen). Für Modell 3 war die Anzahl der gefundenen Individuen die abhängige Variable, die Losungsmenge die unabhängige Variable, die die Anzahl der Individuen erklären sollte. Da die Genetikerfassung nicht nur punktuelle Daten auf Basis der Fundpunkte lieferte, sondern auch eine Schätzung der Populationsgröße für die Referenzgebiete und damit eine Dichte für Teillandschaften, konnte auch ein Dichtemodell (Modell 4) erstellt werden. Hier wurde getestet, ob die Fischotterdichte (abhängige Variable) durch die Anzahl der Losungen (unabhängige Variable) vorhergesagt werden kann. Die Referenzgebiete entsprachen weitestgehend den Gewässereinzugsgebieten (watersheds), so dass diese für das Modell 4 herangezogen werden konnten (Tabelle 7). Es wurde somit auf zwei verschiedenen Skalenebenen – Landschaftsebene und Fundpunktebene – getestet, ob ein Zusammenhang zwischen Anzahl Fischotterlosung und Individuenzahl bzw. Dichte besteht.

Tabelle 7: Räumliche Entsprechungen der durch Viertel bezeichneten Teillandschaften der Genetikerfassung mit den Gewässereinzugsgebieten (watersheds).

Viertel Genetikerfassung	Gewässereinzugsgebiet	Bemerkung
Waldviertel	Braunaubach	2 watersheds
Weinviertel	Marchfeldkanal	
Mostviertel	Rußbach Url Ybbs	3 watersheds 2 watersheds
Industrieviertel	Feistritz Pitten	

Das Individuenmodell (Modell 3) wurde anhand der vier Viertel kreuzvalidiert. Zu diesem Zweck wurde das Modell viermal mit drei der vier Vierteln kalibriert und mit dem jeweils verbleibenden Viertel validiert.

© KOFLER Umweltmanagement

Die zu erwartende relative Individuendichte pro Punkt aus den Modellen 3 und 4 wurde dann dazu verwendet, die Gesamtpopulation Niederösterreichs zu extrapolieren. Dazu wurde das Losungsmodell (Modell 3 und 4) herangezogen, welches sich am besten auf den Datensatz der Brückenkartierung anwenden lässt und welches am meisten Varianz erklärt, um für jeden Brückenstandort eine Fischotteranzahl bzw. -dichte (+/- Standardfehler) zu berechnen.

Bei der Extrapolation wurden zwei Ansätze verfolgt: zum einen wurden die Daten der Brückenkartierung verwendet um die Anzahl der Individuen je Brücke vorherzusagen, die dann wiederum summiert wurden (Punktmodell). Ein weiterer Ansatz bediente sich der Daten der Brückenkartierung und aller niederösterreichischen Gewässereinzugsgebiete (watersheds) – Landschaftsmodell. Die Gewässereinzugsgebiete summieren sich auf eine Gesamtflusslänge von 7757 km ab einem Einzugsgebiet von 10km². Dieses Shape entspricht in weiten Teilen den fischrelevanten Gewässern für Niederösterreich. Bei dieser räumlich differenzierten Hochrechnung (Landschaftsmodell) wurden die Modellvorhersagen für jede Brücke anschließend durch Summenbildung über die Gewässereinzugsgebiete aggregiert. Für jedes der 123 mit Brücken verschnittenen Gewässereinzugsgebiete (watersheds) wurde durch diese Geoprozessierung die Flusslängen ermittelt. Um die absolute Dichte bzw. das Verhältnis aus beobachteter Gewässerlänge zur Gesamt-Gewässerlänge berechnen zu können, musste ein Wert eingefügt werden, der die Abdeckung eines Brückenstandortes (beobachtete Gewässerlänge) angibt. Da die Brücken passive Standorte sind (die vom Otter aktiv besucht werden müssen), wurde die Annahme getroffen, dass ihre Abdeckung so weit reicht, wie Fischotter in der Lage sind zu diesem Standort zu gelangen. Plausibel ist in diesem Zusammenhang die über alle Projektgebiete gemittelte halbe exklusive Revierlänge aller gefundenen Individuen, von 6,65 km (L). Diese Revierlänge musste mit keinem anderen Individuum geteilt werden (daher exklusiv), es gab also keine Überlappungen. Dieser Wert entspräche dem Radius eines als kreisförmig angenommenen Revieres und damit die maximale Distanz, die ein Otter entfernt sein dürfte, um noch an der Brücke registriert zu werden. Die Schätzung nimmt damit folgende Form an:

$$N = \sum \text{Vorhersage watershed} / \text{Anzahl Brücken} * L/2 * \text{Flusskilometer watershed (7757 km)}.$$

Die Werte des 95%igen Konfidenzintervalls berechnen sich entsprechend aus den Vorhersagewerten +/– 1,96 * Standardfehler dieser Vorhersagen. Diese Methode wurde ein weiteres Mal auf die Daten der Brückenkartierung von Kranz & Polednik (2009) angewendet, um die Vertrauenswürdigkeit der hier angewandten Methode zu validieren. Zusammenfassend wurde also für die Extrapolation des Gesamtbestandes ein punktueller Ansatz verfolgt (Punktmodell), sowie eine räumlich differenzierte Hochrechnung (Landschaftsmodell).

Als Geoinformationssysteme kamen ArcGIS Desktop (ESRI 2018) und Quantum-GIS (QGIS Entwicklungsteam 2018) zum Einsatz. Die Modellierungen wurden in RStudio Version 1.1.463 und R Version 3.5.1 vorgenommen.

III. Ergebnisse & Diskussion

3.1. Verbreitung des Fischotters in Niederösterreich

3.1.1. Allgemeines zu den Daten

Im gegenständlichen Kapitel wird die Verbreitung des Fischotters auf Basis der Ergebnisse der Brückenkartierung (Methodik siehe Kapitel 2.4.1) abgebildet.

Die Ergebnisse der Brückenkartierung 2018 werden vergleichend mit jenen Ergebnissen von Kranz aus dem Jahr 2008 dargestellt. Die angeführten Ergebnisse der Brückenkartierung 2008 stammen von:

Kranz, A. & Polednik, L. (2009): Fischotter – Verbreitung und Erhaltungszustand 2008 in Niederosterreich. Endbericht im Auftrag der Abteilung Naturschutz des Amtes der Niederösterreichischen Landesregierung, 47 Seiten.

Die nachfolgend angegebenen Nachweisdichteklassen basieren grundsätzlich auf Kranz & Polednik (2009).

Tabelle 8: 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.

© KOFLER Umweltmanagement

Im Folgenden werden sowohl die tatsächlichen Kartierungsergebnisse 2018, wie auch die saisonal adaptierten Daten (2018, 82%) vergleichend mit den Ergebnissen von Kranz & Polednik (2009) aus 2008 dargestellt und erläutert.

3.1.2. Landesweit

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).

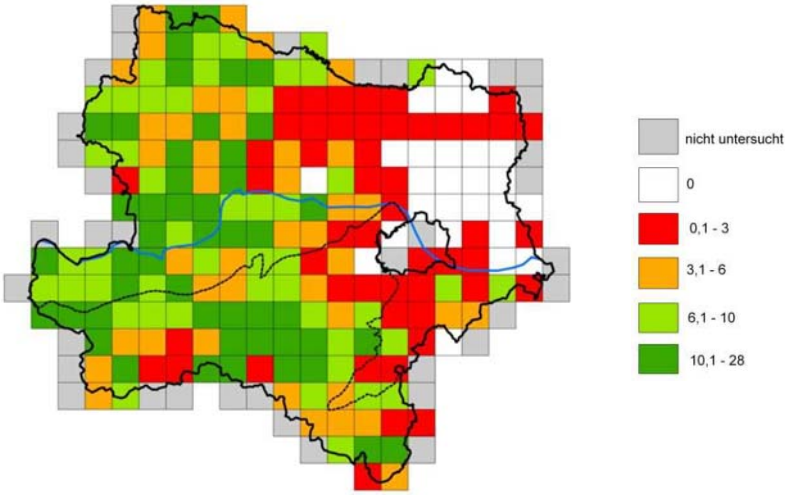
Tabelle 9: Gesamtanzahl von Fischotterlosungen 2008 und 2018

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

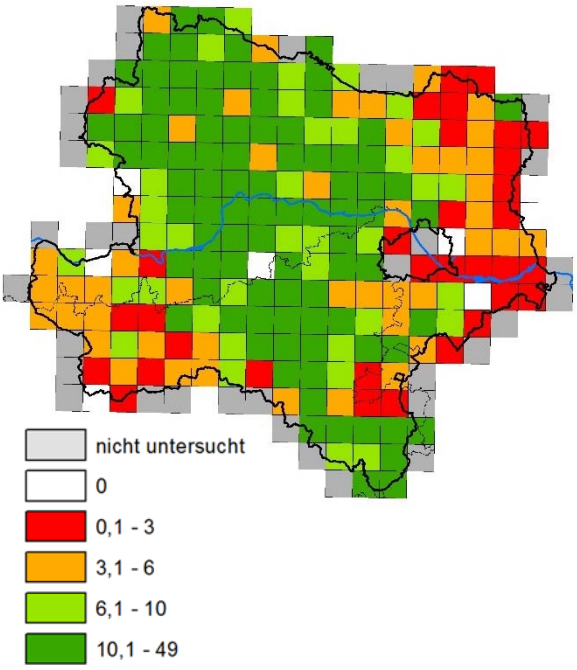
Die Verbreitung des Fischotters, erfasst auf Basis von Fischotterlosungen, erstreckt sich im Jahr 2018 mehr oder weniger über gesamt Niederösterreich. Insbesondere der Osten von Niederösterreich wurde zwischen 2008 und 2018 vom Fischotter neu besiedelt. Auffällig ist im Vergleich von 2008 zu 2018 die starke Zunahme von Quadranten mit sehr hoher Losungsdichte (dunkelgrün) und die Abnahme von Quadranten mit keiner oder sehr geringer Losungsdichte (weiß bzw. rot). Dies gilt sowohl für die tatsächlichen Daten von 2018, als auch für die saisonal adaptierten Daten von 2018 (82%).

© KOFLER Umweltmanagement

Verbreitung der Fischotternachweise 2008



Verbreitung der Fischotternachweise 2018



Verbreitung der Fischotternachweise 2018 (82%)

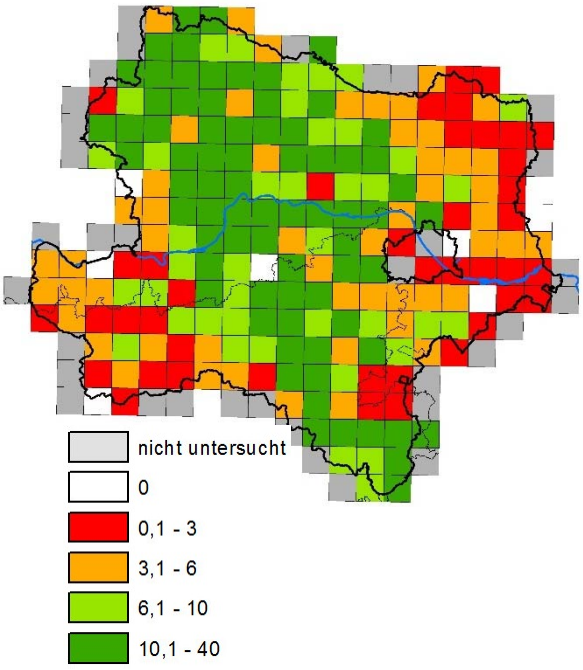


Abbildung 23: Verbreitung der Fischotter 2008 und 2018 (tatsächlich und 82%)

Die Farben 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).

© KOFLER Umweltmanagement

Ein Vergleich des Vorkommens des Fischotters in den einzelnen Quadranten zeigt folgendes Bild (siehe Abbildung 24):

- In 22 Quadranten ist eine Neubesiedelung seit 2008 festzustellen (dunkelgrün).
- In 184 Quadranten war ein Nachweis sowohl 2008, als auch 2018 zu finden (hellgrün).
- In 5 Quadranten war 2018 im Gegensatz zu 2008 kein Nachweis auffindbar (hellrot).
- 2 Quadranten waren weder 2008, noch 2018 besiedelt (dunkelrot).

Bei der Brückenkartierung 2018 konnte in 7 Quadranten unter den Brücken keine Fischotterlosung gefunden werden. Bei 5 dieser 7 Quadranten konnte 2008 Fischotterlosung festgestellt werden, in 2 dieser Quadranten war auch im Jahr 2008 keine Fischotterlosung zu finden.

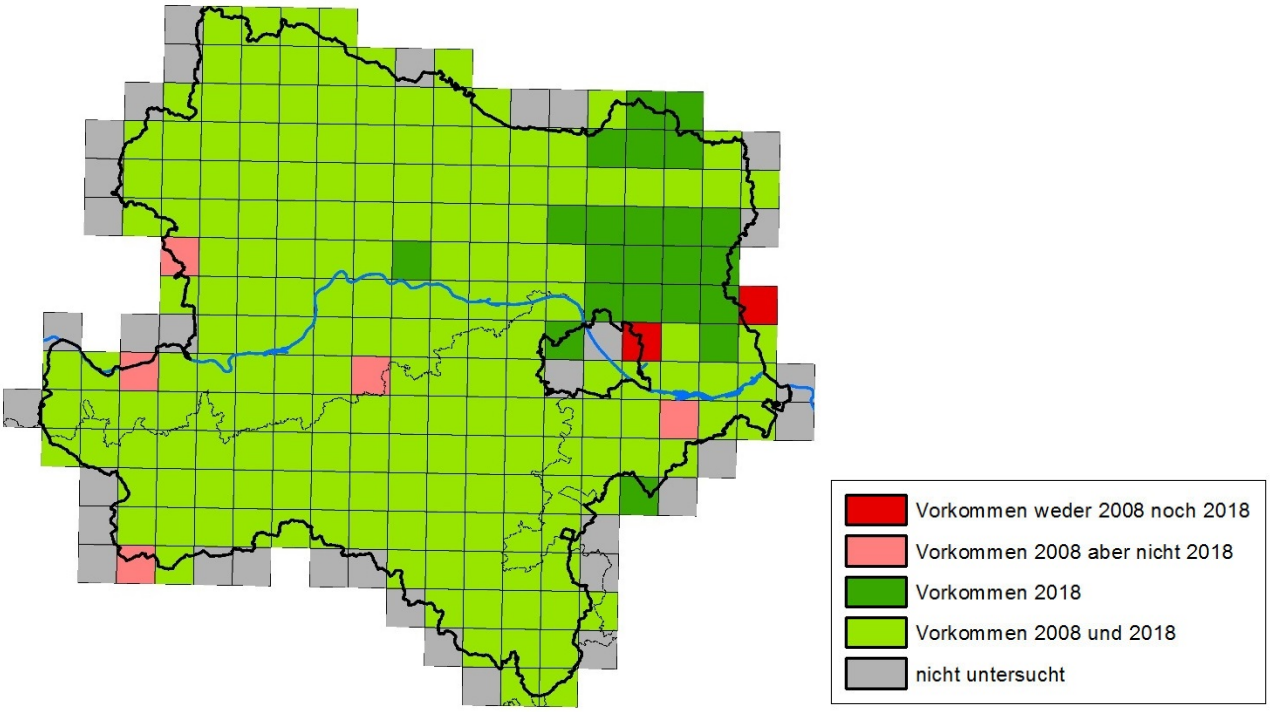


Abbildung 24: Vergleich des Vorkommens des Fischotters 2008 und 2018

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

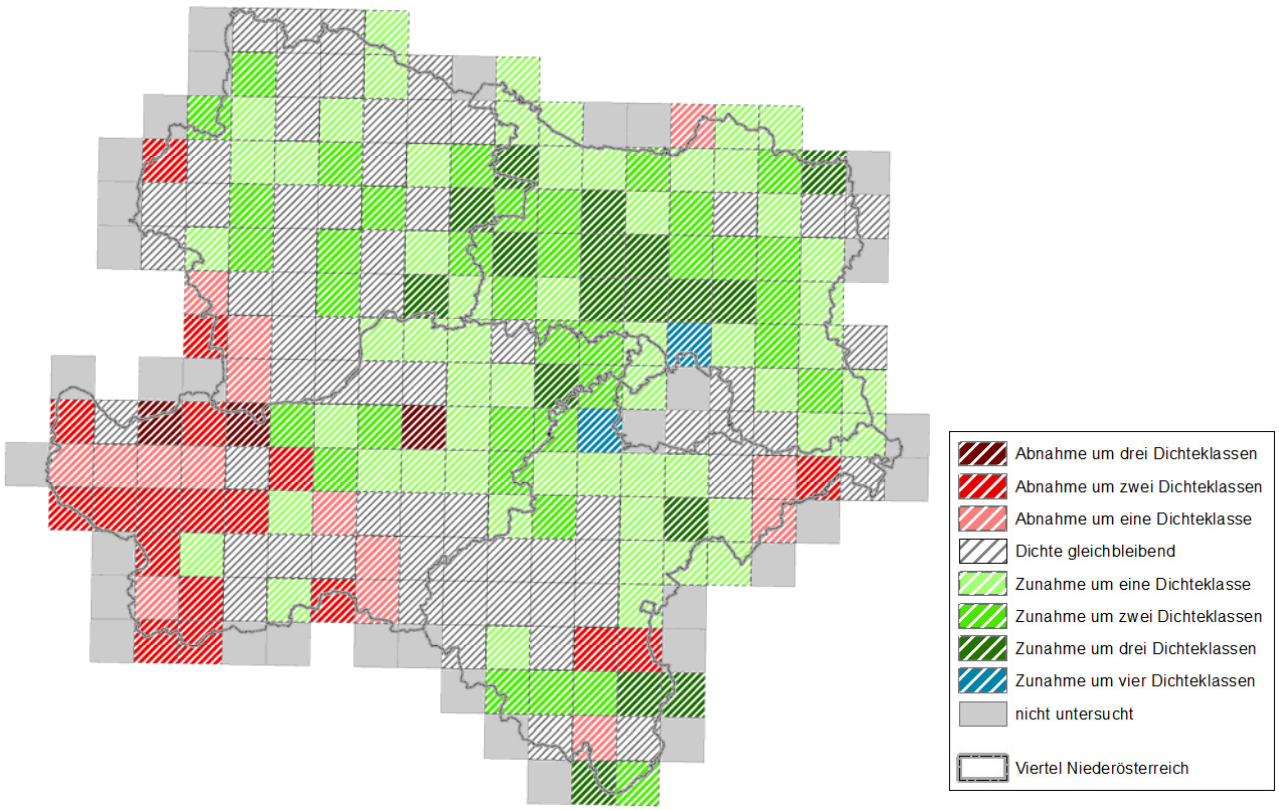


Abbildung 25: Veränderung Losungsdichte in Niederösterreich 2008-2018

Vergleicht man die Veränderung der Losungsdichten im Waldviertel von 2008 mit den saisonal adaptierten Daten von 2018 (82%) (siehe Abbildung 26), so zeigt sich ein grundsätzlich vergleichbares Bild zu den nicht adaptierten Daten, mit einer zu erwartenden Tendenz in Richtung Abnahme in wenigen Quadranten.

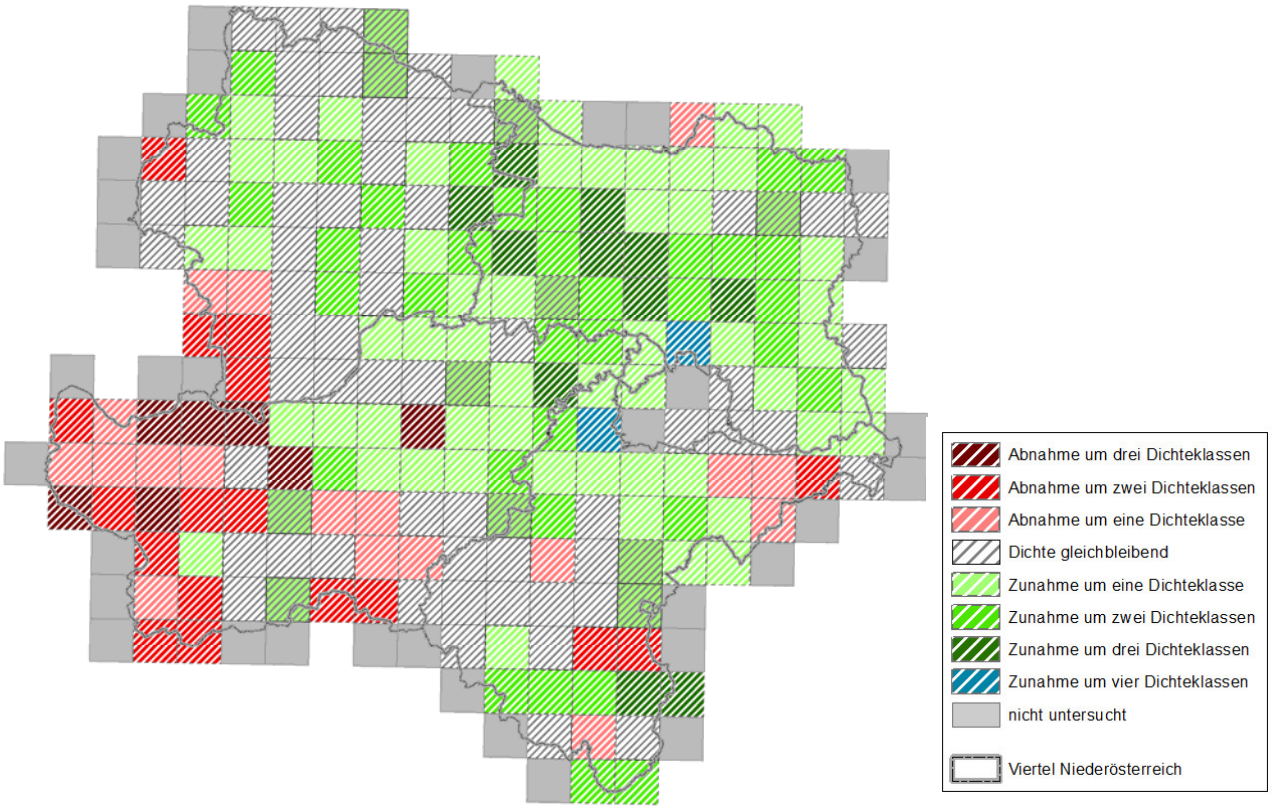


Abbildung 26: Veränderung Losungsdichte in Niederösterreich 2008-2018, saisonal adaptiert (82%)

Die Veränderung der Losungsdichteklassen verdeutlicht die Entwicklung von Süd-West nach Nord-Ost, mit einer Abnahme der Fischotterdichte im bereits zuvor besiedelten Süd-Westen und einer Zunahme im Nord-Osten. Die Abnahmen im Süd-Westen könnten auf ein mögliches Ende der Expansion in neue Habitate in diesem Bereich hinweisen. In diesem Fall wäre ein Höhepunkt am Ende der Ausbreitung erreicht, an dem mehr Fischotter geboren wurden als die nun stark genutzten Habitate tragen konnten. In Folge könnten eine erhöhte Mortalität und Abwanderung den Bestand reduziert haben. Darüber hinaus sind allerdings auch andere Erklärungen wie Wetter, Krankheiten etc. für den Rückgang möglich. Die Zunahme im Nord-Osten ist aller Wahrscheinlichkeit nach auf die Neubesiedelung zurückzuführen.

Betrachtet man die einzelnen Viertel, so ergibt sich eine Abnahme der Losungsdichte im Mostviertel und eine Zunahme im Weinviertel. Wald- und Industrieviertel zeigen eine eher gleichbleibende Tendenz ohne einen klaren Trend. Die generelle Verschiebung von West nach Ost ist zumindest im Waldviertel erkennbar, nicht jedoch im Industrieviertel.

Tortendiagramme machen die Veränderungen der landesweiten Verbreitung bzw. der Zunahme an Losungsdichten augenscheinlich. Vergleicht man 2008 und 2018, so hat der Anteil der Quadranten ohne Fischotternachweis von 12,3% auf 3,3% abgenommen. Auch der Anteil der Quadranten mit sehr wenigen Nachweisen hat von 23,5% auf 15,5% im Jahr 2018 abgenommen. Der Anteil an Quadranten mit sehr vielen Nachweisen hat sehr stark zugenommen.

Vergleicht man 2008 mit den saisonal adaptierten Daten von 2018 (82%), so lässt sich eine Zunahme von knapp 12% von Quadranten mit sehr hohen Nachweisdichten feststellen.

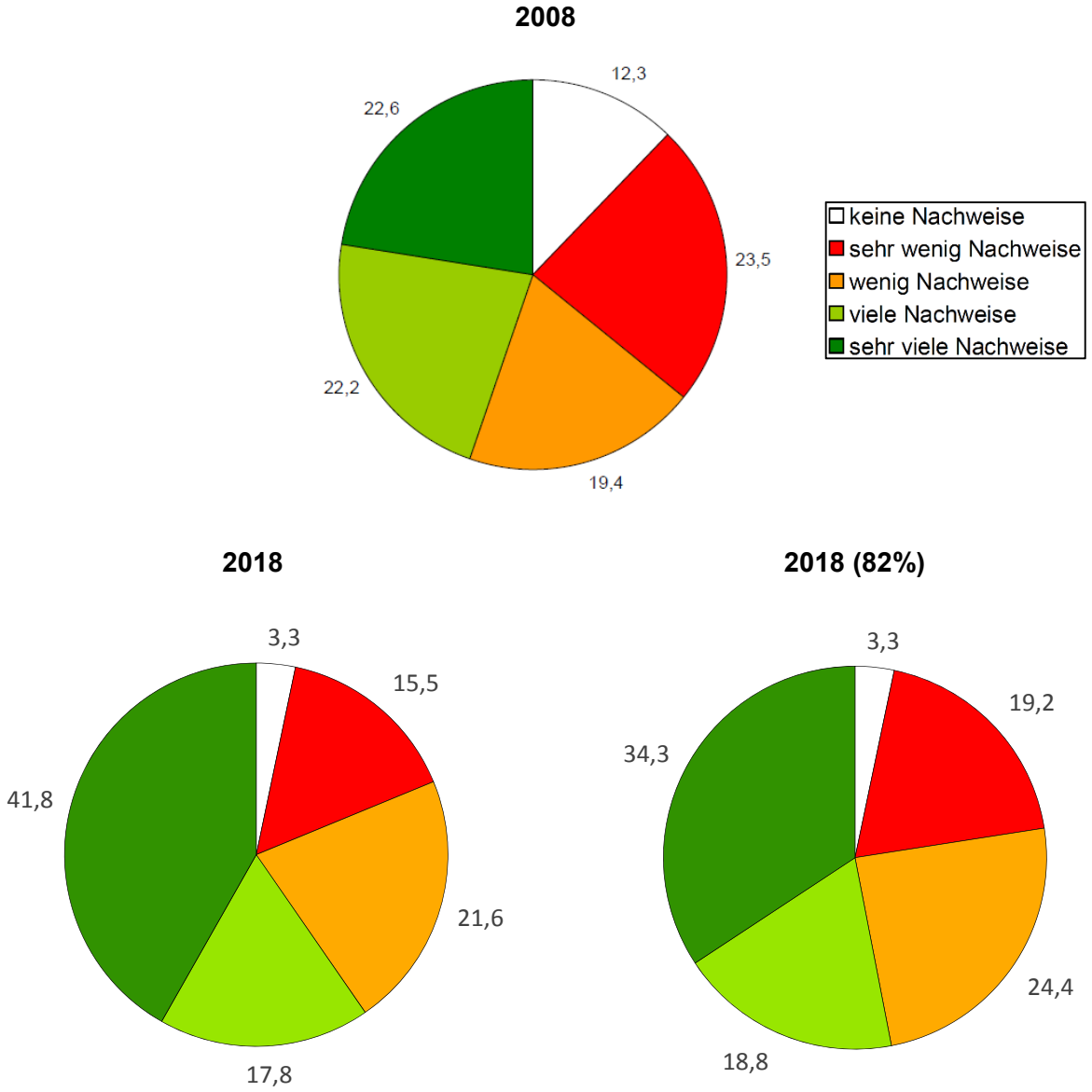


Abbildung 27: Landesweite Betrachtung der Veränderung der Losungsdichteklassen 2008 und 2018 (tatsächlich und 82%)

Fischotterlosung in 200m-Abschnitten

Wie in Kapitel 2.4.1 erläutert, wurde in jenen Fällen, in denen unter der Brücke keine Fischotterlosung gefunden wurde, ein Uferabschnitt von bis zu 200m abgesucht. Die nachfolgende Abbildung zeigt jene Stellen (grüne Dreiecke), an denen innerhalb des 200m-Abschnittes Fischotterlosung gefunden wurde. Es ist zu erkennen, dass im zentralen weißen Quadranten (keine Fischotterlosung unter Brücken) ein Nachweis im 200m-Abschnitt gefunden wurde.

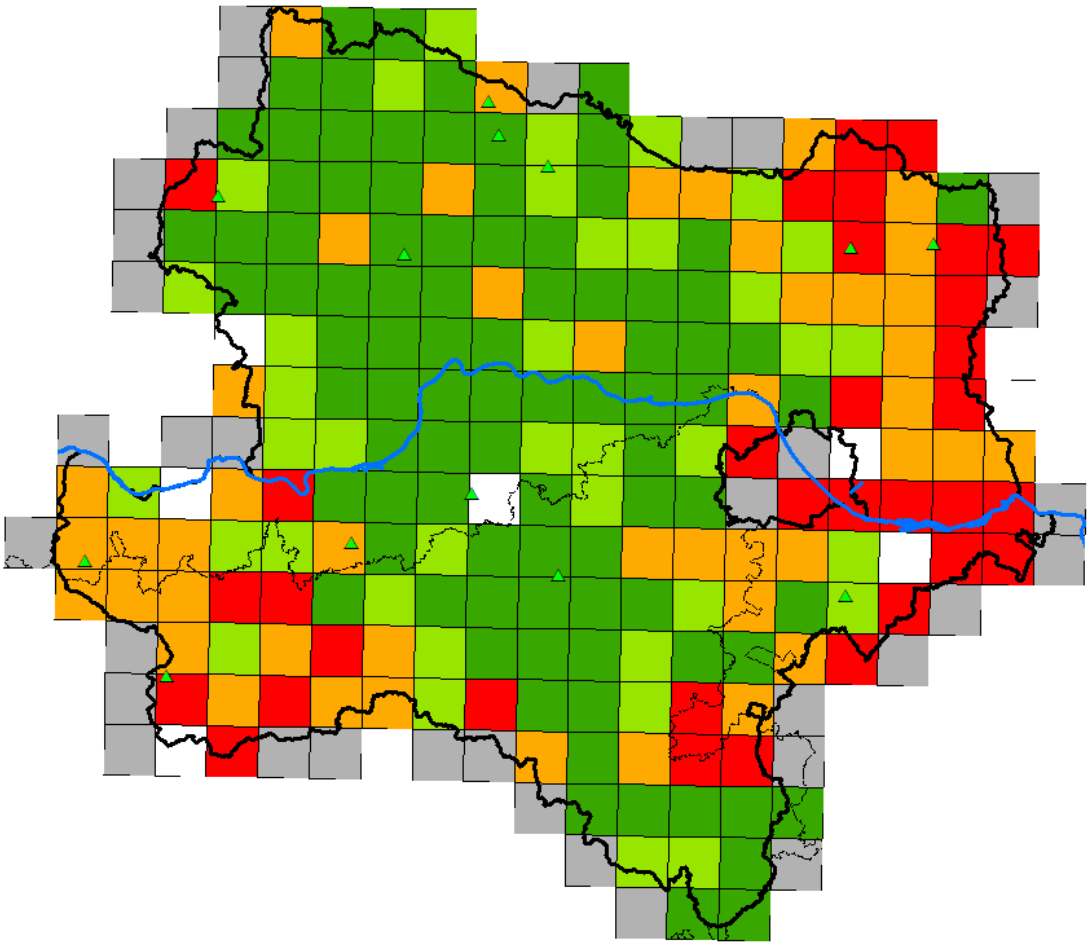


Abbildung 28: Fischotterlosungen in 200m-Abschnitten (grüne Dreiecke)

© KOFLER Umweltmanagement

Flusskrebse

Im Zuge der Brückenkartierung wurde als zusätzliche Information das Vorhandensein von Flusskrebsresten in Fischotterlosungen dokumentiert. Die nachfolgende Abbildung zeigt alle kartierten Fischotterlosungen und darunter jene mit Teilen von Flusskrebsen.

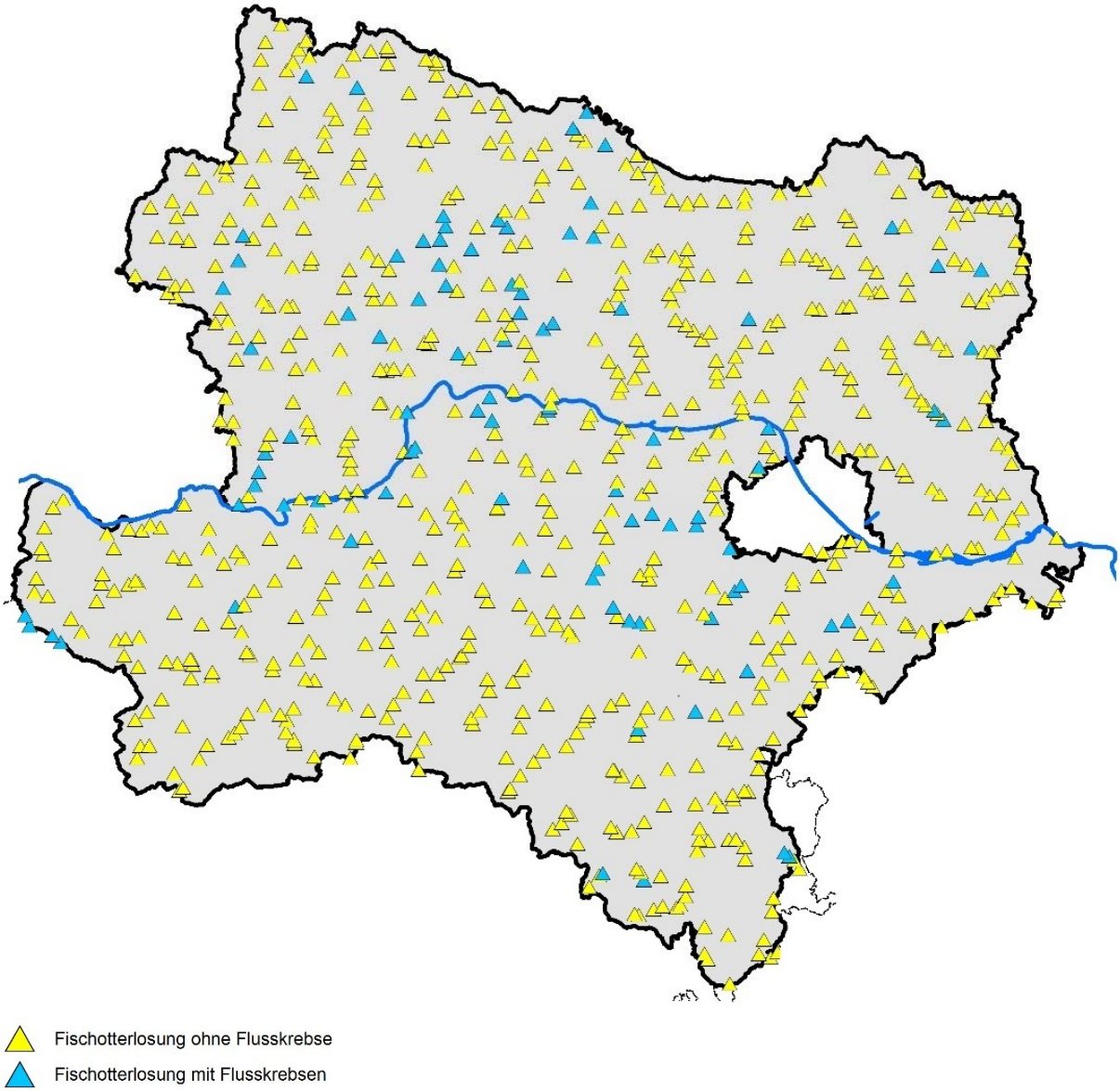


Abbildung 29: Fischotterlosungen mit Flusskrebsen

3.1.3. Biogeographische Region

Analysiert man die Fischotterlosungsdichten entsprechend den biogeographischen Regionen, so zeigt sich eine tendenzielle Zunahme der Fischotternachweise sowohl in der alpinen, wie auch der kontinentalen Region.

Alpine Region

In der alpinen Region stieg der Anteil von Quadranten mit sehr hohen Fischotternachweisen von 32,8% auf 41,8% im Vergleich 2008/2018. Gleichzeitig reduzierten sich die Flächen mit sehr geringen Nachweisen auf 14,9%. Auch der Vergleich 2008 mit den saisonal adaptierten Daten 2018 (82%) zeigt eine Zunahme bei sehr hohen Nachweisdichten, im Vergleich jedoch insgesamt ein ähnliches Bild.

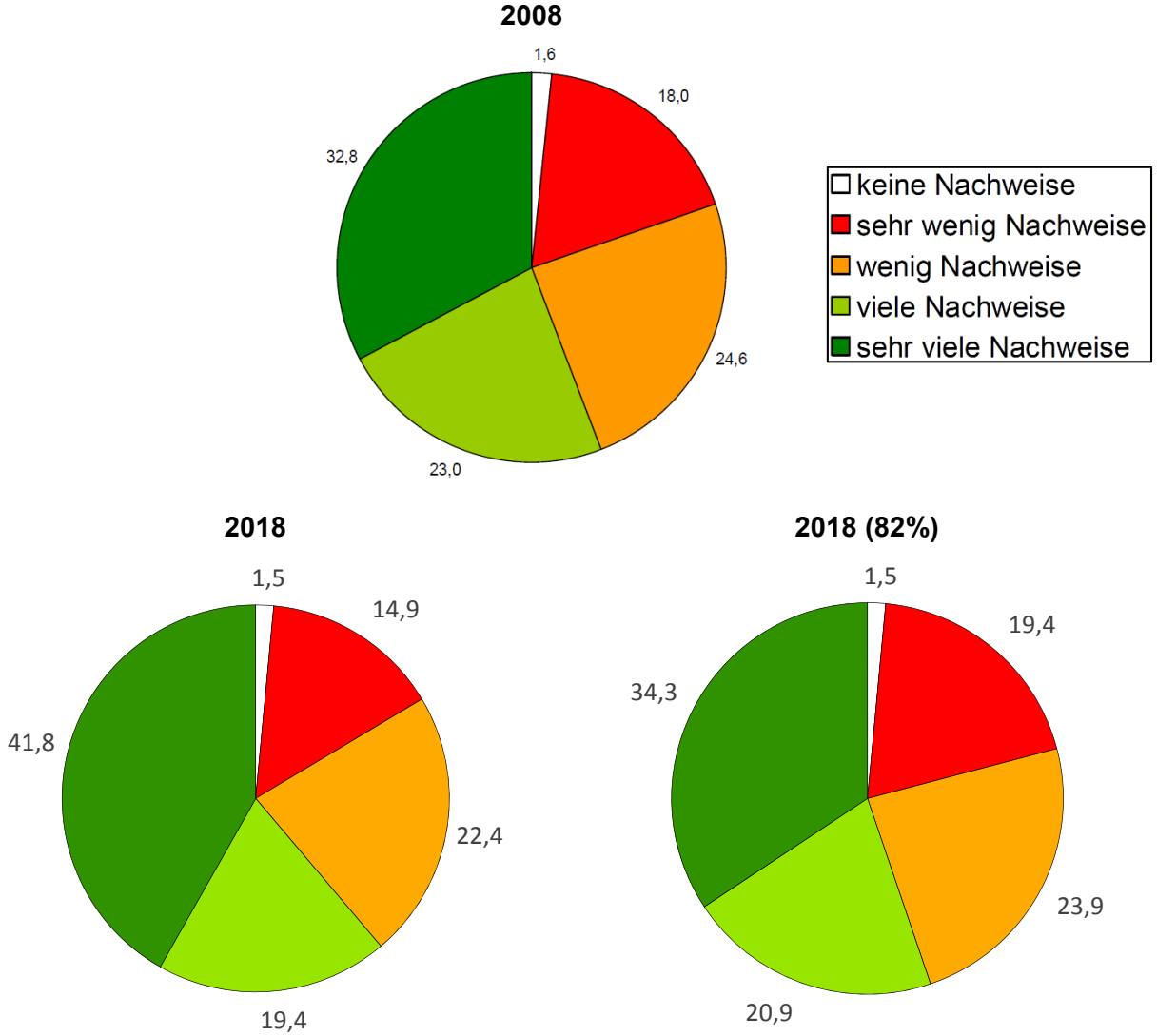


Abbildung 30: Betrachtung der Veränderung der Losungsdichteklassen 2008 und 2018 (tatsächlich und 82%) in der alpinen Region

Kontinentale Region

Das Tortendiagramm zeigt deutlich den Rückgang der nicht besiedelten Fläche von 16,6% im Jahr 2008 auf heute nur mehr 4,1%. Hervorzuheben ist auch die Tatsache, dass sich die Fläche mit sehr vielen Fischotternachweisen mehr als verdoppelt hat – 18,5% 2008 und 41,8% 2018.

Vergleicht man die saisonal adaptierten Ergebnisse von 2018 (82%) mit 2008, zeigt sich ebenso ein Anstieg bei den Quadranten mit sehr vielen Nachweisen und eine Abnahme der Quadranten mit sehr wenigen Nachweisen (2008 = 25,8%, 2018 (82%) = 19,2%).

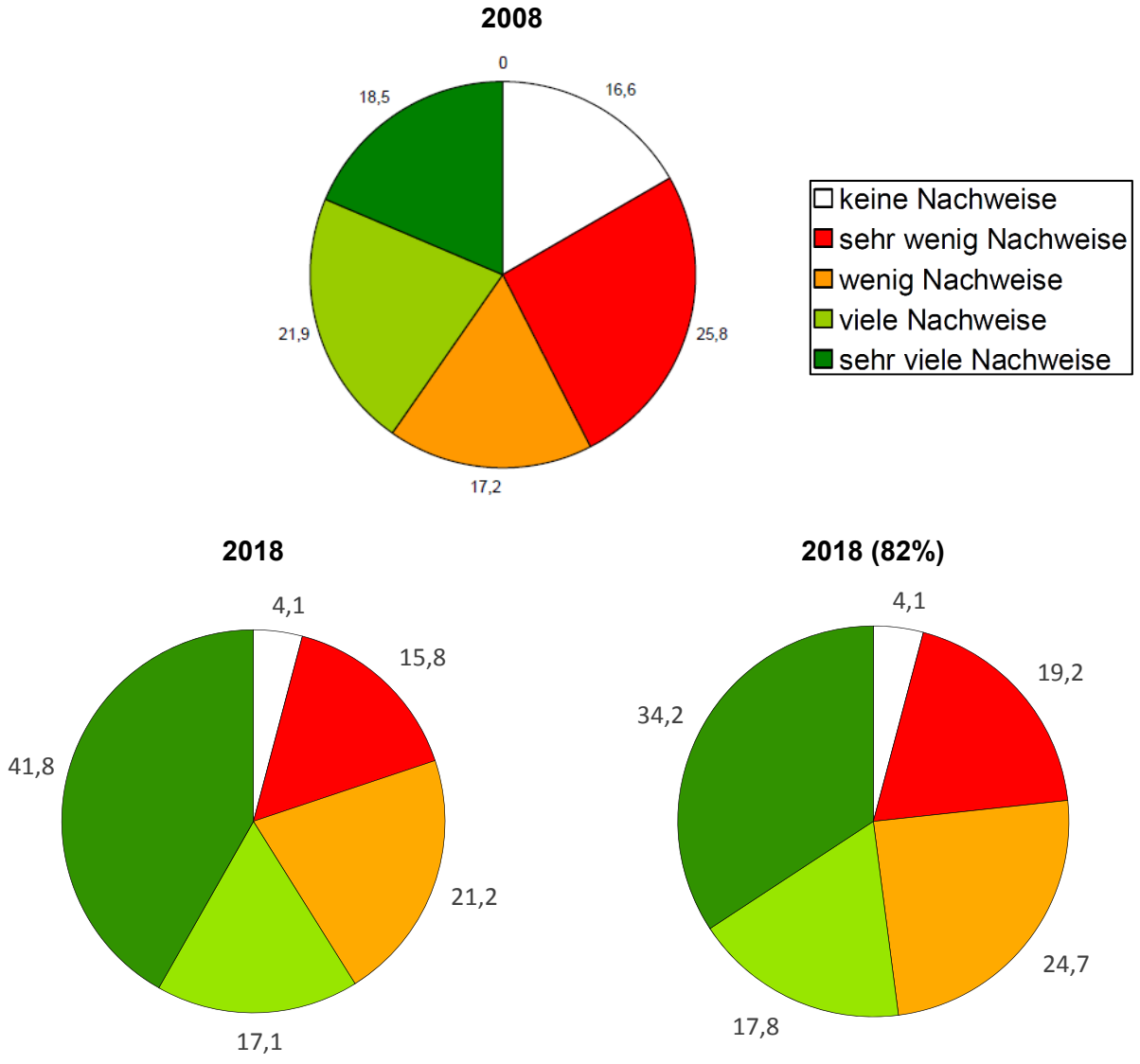


Abbildung 31: Betrachtung der Veränderung der Losungsdichteklassen 2008 und 2018 (tatsächlich und 82%) in der kontinentalen Region

3.2. Genetische Analysen als Grundlage für die Bestandsschätzung des Fischotters

Für die vier ausgewählten Fließgewässerreferenzabschnitte erfolgt eine Populationsgrößenschätzung mit Hilfe des genetischen Fang-Wiederfangs und entsprechender Modelle (Kapitel 3.2.1, 3.2.2). Anhand dieser Ergebnisse lassen sich Fischotterdichten für die Referenzgebiete berechnen (Kapitel 3.2.2), die unter anderem dazu verwendet werden, mittels Extrapolation den Fischotterbestand für Gesamtniederösterreich hochzurechnen und Aussagen über Habitatpräferenzen des Fischotters zu treffen (Kapitel 3.3).

3.2.1. Erstellung und Validierung der Genotypen

In den vier Referenzgebieten Wald-, Wein-, Industrie- und Mostviertel wurden innerhalb der je 5 Sammeltage (bzw. 7 im Weinviertel) insgesamt 349 Proben gesammelt:

- 132 gesammelte Proben im Waldviertel
- 48 gesammelte Proben im Weinviertel
- 98 gesammelte Proben im Industrieviertel
- 71 gesammelte Proben im Mostviertel

Von diesen wurden nach den ersten drei PCRs mit dem Markerset M1 insgesamt 4 Proben (Waldviertel: 0; Weinviertel: 1; Industrieviertel: 2; Mostviertel: 1) als Losungen einer anderen Art identifiziert. Dabei konnte nur im Mostviertel eine Probe als dem Mink zugehörig identifiziert werden, während die übrigen 3 Proben anderen Arten zuzuordnen sind. Während der Extraktion kam es außerdem zum Verlust einer Probe aus dem Waldviertel. Zudem wurde jeweils eine Probe im Wald- und Industrieviertel zweifach beprobt; beide Beprobungen der gleichen Losung wurden zunächst extrahiert und amplifiziert, die jeweils nicht funktionierende Probe wurde im Anschluss aus dem Datensatz entfernt und bei den Berechnungen nicht berücksichtigt. Dadurch vermindert sich die Anzahl der potentiellen Fischotterproben auf:

- 130 potentielle Fischotterproben im Waldviertel
- 47 potentielle Fischotterproben im Weinviertel
- 95 potentielle Fischotterproben im Industrieviertel
- 70 potentielle Fischotterproben im Mostviertel

Dabei können unter den „potentiellen Fischotterproben“ durchaus auch nicht detektierte Proben anderer Arten sein, da Proben die keinerlei PCR-Signal zeigten nicht eindeutig zugeordnet werden können.

Im Laufe der Genotypisierung wurden aufgrund einer zu geringen DNA-Quantität und Qualität insgesamt 180 Proben aussortiert (Waldviertel: 61; Weinviertel: 23; Industrieviertel: 54; Mostviertel: 42). Davon zeigten 125 Proben keinerlei PCR-Signale nach den ersten drei PCRs mit dem Markerset M1 (Waldviertel: 42; Weinviertel: 18; Industrieviertel: 32; Mostviertel: 33). In Summe konnten 162 Proben erfolgreich genotypisiert werden und erhielten einen Konsens-Genotyp (Waldviertel: 69;

© KOFLER Umweltmanagement

Weinviertel: 24; Industrieviertel: 41; Mostviertel: 28). Das entspricht einer Genotypisierungs-Erfolgsrate von 46,8% (Waldviertel: 53,1%; Weinviertel: 51,1%; Industrieviertel: 43,2%; Mostviertel: 40%).

Die Amplifikationen zeigten eine vergleichsweise hohe Fehlerrate von insgesamt 64,7% (Waldviertel: 50,6%; Weinviertel: 68,8%; Industrieviertel: 63,6%; Mostviertel 75,8%) (siehe Tabelle 10). Dabei wurden in 3,6% der PCRs Artefakte gefunden (Waldviertel: 3,5%; Weinviertel: 2,7%; Industrieviertel: 4,5%; Mostviertel 3,5%), während 61,1% der PCRs einen Allelausfall zeigten (Waldviertel: 47,1%; Weinviertel: 66,1%; Industrieviertel: 59,1%; Mostviertel 72,3%). Das schlug sich auch in einer relativ geringen Amplifikations-Erfolgsrate nieder, die sich auf 60,1% beläuft, bezogen auf alle erfolgreich genotypisierten Proben (Waldviertel: 74,8%; Weinviertel: 53,5%; Industrieviertel: 59,2%; Mostviertel 52,9%).

In Tabelle 10 werden diese und andere genetische Kenngrößen mit Ergebnissen anderer Studien verglichen. Während die Genotypisierungs-Erfolgsrate (GER) vergleichsweise hoch ist und sich die Artefaktrate (AFR) im üblichen Bereich bewegt, ist die Amplifikations-Erfolgsrate (AER) eher niedrig und die Allelausfallrate (AAR) sehr hoch. Das deutet auf eine geringe DNA-Qualität und Quantität in den Proben hin, was die Erstellung eines Konsens-Genotyps entsprechend erschwert und die Wahrscheinlichkeit für sogenannte Geisterindividuen im Datensatz erhöht. Geisterindividuen sind Proben, die fälschlicherweise aufgrund ihres einmaligen Genotyps als neue Individuen erscheinen, obwohl sie eigentlich Wiederfänge von bereits bekannten Individuen sind. Aus diesem Grund wurden bis zu 24 Wiederholungen je Probe und Marker durchgeführt um der geringen Amplifikations-Erfolgsrate und der hohen Fehlerrate Rechnung zu tragen und um möglichst viele dieser Fehler zu eliminieren. Ebenso wurden bei der Erstellung der Konsens-Genotypen bis zu 3 Allelausfälle in einer Probe zugelassen, was der „matching approach“ von Creel *et al.* (2003) entspricht, die bisher mehrfach zur Anwendung kam (Bellemain *et al.* 2005; Koelewijn *et al.* 2010). Auch die Vorgehensweise, Genotypen von Proben zu akzeptieren, wenn der Genotyp bei 1-2 Markern fehlt, ist ein gängiges Verfahren (Paetkau 2004) und wurde immer wieder bei nicht-invasiven Fang-Wiederfang-Studien angewandt (Harris *et al.* 2010; Puechmaille & Petit 2007; Robinson *et al.* 2009). Die Methode, ein Allel vorläufig zu akzeptieren, das nur einmal gesichtet wurde, wurde ebenfalls von anderen Autoren angewandt und empfohlen (Frantz *et al.* 2003; Miller *et al.* 2002). Zusammen sollten diese Maßnahmen die hohe Fehlerrate weitestgehend kompensieren. Bezüglich der Anzahl der Individuen wirkt sich dieser Ansatz eher konservativ aus. Das heißt, tendenziell könnten real existierende Individuen fälschlicherweise zu einem anderen Individuum zugeordnet werden, statt als Einzelfang gewertet zu werden. Das wiederum könnte zu einer Unterschätzung der Individuen führen. Die Wahrscheinlichkeit und die Auswirkungen einer Unterschätzung sind jedoch vernachlässigbar im Vergleich zu der Wahrscheinlichkeit und der Auswirkung einer Überschätzung durch Genotypisierungsfehler (Lampa *et al.* 2013; Mills *et al.* 2000; Waits & Leberg 2000).

Tabelle 10: Ergebnisse dieser Studie (kursiv) für alle Referenzgebiete im Vergleich zu anderen Otter-Studien bezüglich Genotypisierungs-Erfolgsrate (GER), Amplifikations-Erfolgsrate (AER), Allelausfallrate (AAR), Allelartefaktrate (AFR), probability of identity (PI), probability of identity für Geschwister (PIsib) und die Anzahl der Mikrosatelliten (Loci)

Studie	**GER [%]**	**AER [%]**	**AAR [%]**	**AFR [%]**	**PI**	**PI_{sib}**	**Anzahl Loci**
Kofler, Lampa, Ludwig (2018)	*40 - 53,1*	*52,9 – 74,7*	*47,1 - 72,2*	*2,7 - 4,5*	*4×10^{-6} - $2,4 \times 10^{-5}$*	*$7,0 \times 10^{-3}$ - $9,3 \times 10^{-3}$*	*7*
Arrendal *et al.* (2007)	30,7	–	–	–	–	$5,5 \times 10^{-3}$	8
Bayerl et al. (2012)	42,3	60,8	–	–	$1,4 \times 10^{-8}$	$4,0 \times 10^{-4}$	11
Hajkova *et al.* (2009)	58,8 - 63,1	71	18	2,9	$8,2 \times 10^{-4}$	$3,5 \times 10^{-2}$	6
Koelewijn *et al.* (2010)	46	–	8,1 - 22,4	2,1	$4,1 \times 10^{-6}$	$2,1 \times 10^{-3}$ - $4,4 \times 10^{-3}$	7
Lampa *et al.* (2015)	34,9 - 51,1	75,5 - 83,6	39,3 - 48	2,9 - 4,6	$5,3 \times 10^{-5}$ - $1,6 \times 10^{-4}$	$1,6 \times 10^{-2}$ - $2,4 \times 10^{-2}$	6
Lampa (2017)	43,2	52,6	61,5	2,6	$3,2 \times 10^{-7}$	$5,1 \times 10^{-3}$	7
Lanszki *et al.* (2010)	14,6	–	–	–	$2,2 \times 10^{-7}$ - $5,7 \times 10^{-7}$	–	9
Prigioni *et al.* (2006)	41,2	–	–	–	–	–	10

Betrachtet man die einzelnen Mikrosatelliten, so zeigten die verwendeten Marker hohe beobachtete Heterozygotie-Werte mit einer relativ hohen mittleren Allelanzahl von 4,2 Allelen (Waldviertel: 4,1; Weinviertel: 4; Industrieviertel; 4,3; Mostviertel: 4,3) (Tabelle 11). Das heißt, die untersuchten Populationen zeigen eine vergleichsweise hohe genetische Variabilität. Das bedeutet, dass die einzelnen Teilpopulationen in den Referenzgebieten zu einer Gesamtpopulation gehören, die miteinander im Austausch stehen und nicht isoliert sind. Isolation und eine geringe Populationsgröße führen in der Regel zu einer niedrigen genetischen Variabilität. Des Weiteren deutet der Vergleich zwischen der erwarteten und der beobachteten Heterozygotie an, dass es weder zu nennenswerter Inzucht innerhalb der Population kommt, noch, dass sich erst vor kurzem zuvor isolierte Populationen vereint haben. Ersteres wäre der Fall, wenn die beobachtete Heterozygotie wesentlich geringer wäre als die erwartete Heterozygotie. Ein Zusammentreffen von zuvor isolierten Populationen (isolate-breaking effect) bewirkt dagegen, dass die beobachtete Heterozygotie wesentlich höher ist als die erwartete (Freeland 2005). Sowohl für das Weinviertel, als auch für das Industrieviertel und Mostviertel sind beobachtete und erwartete Heterozygotie nicht durchgängig wesentlich niedriger oder höher. Lediglich im Waldviertel ist die beobachtete Heterozygotie durchgängig höher als die erwartete Heterozygotie, wobei die Unterschiede jedoch moderat sind.

Die hohe Heterozygotie wirkte sich auch positiv auf die „probability of identity“ (PI) aus, die über alle 7 Marker sowohl für Geschwister (PI_{sib}), als auch für nicht Verwandte (PI) sehr niedrig war und die

© KOFLER Umweltmanagement

Anforderungen von mind. 1,0 x 10^{-3} (Mills *et al.* 2000; Waits *et al.* 2001) eindeutig erfüllte. (Tabelle 11). Dementsprechend ist die Anzahl der ausgewählten Mikrosatelliten ausreichend und auch ein Genotyp, bestehend aus 6 Markern, besitzt noch genügend diskriminatorisches Potential (PI_{7-1} = 1,4 x 10^{-5} – 1,5 x 10^{-4}). Im Vergleich zu anderen Otterstudien liegt dieses diskriminatorische Potential im überdurchschnittlichen Bereich (Tabelle 10).

Tabelle 11: Genetische Kenngrößen je Mikrosatellit und Referenzgebiet: Anzahl der gefundenen Allele (AA), probability of identity (PI), probability of identity für Geschwister (PIsib), erwartete Heterozygotie (H_e) und beobachtete Heterozygotie (H_o). Die letzte Spalte gibt die jeweiligen Mittelwerte bzw. für die beiden PI-Werte das Produkt wieder.

	Lut457	Lut604	Lut615	Lut701	Lut717	Lut733	Lut833	**Mittel bzw. Produkt**
Waldviertel								
AA	4	5	4	4	4	5	3	**4,14**
PI	0,201	0,289	0,169	0,283	0,157	0,387	0,194	**2,4x10^{-5}**
PI_{sib}	0,485	0,564	0,465	0,517	0,457	0,648	0,478	**9,3x10^{-3}**
H_e	0,62	0,49	0,68	0,66	0,68	0,53	0,68	**0,62**
H_o	0,82	0,57	0,86	0,75	0,79	0,64	0,82	**0,75**
Weinviertel								
AA	3	5	5	4	5	2	4	**4**
PI	0,334	0,105	0,111	0,165	0,121	0,473	0,109	**4x10^{-6}**
PI_{sib}	0,578	0,443	0,428	0,494	0,452	0,711	0,423	**7,3x10^{-3}**
H_e	0,6	0,78	0,77	0,65	0,66	0,44	0,74	**0,66**
H_o	0,71	0,71	1,00	0,86	0,71	0,57	0,43	**0,71**
Industrieviertel								
AA	4	5	4	6	3	3	5	**4,3**
PI	0,44	0,081	0,269	0,089	0,213	0,317	0,112	**6,4x10^{-6}**
PI_{sib}	0,693	0,39	0,543	0,404	0,506	0,578	0,417	**7,2x10^{-3}**
H_e	0,38	0,79	0,6	0,73	0,6	0,64	0,78	**0,65**
H_o	0,43	0,93	0,86	0,64	0,57	0,86	0,71	**0,71**
Mostviertel								
AA	5	6	4	4	5	3	3	**4,3**
PI	0,214	0,120	0,095	0,278	0,241	0,216	0,191	**6,7x10^{-6}**
PI_{sib}	0,507	0,431	0,404	0,584	0,538	0,512	0,490	**7,0x10^{-3}**
H_e	0,64	0,77	0,77	0,52	0,66	0,58	0,65	**0,65**
H_o	0,79	0,71	0,86	0,50	0,57	0,43	0,79	**0,66**

© KOFLER Umweltmanagement

Die insgesamt 162 erfolgreich genotypisierten Proben teilen sich wie folgt auf:

- 69 genotypisierte Proben im Waldviertel
- 24 genotypisierte Proben im Weinviertel
- 41 genotypisierte Proben im Industrieviertel
- 28 genotypisierte Proben im Mostviertel

Diese Proben konnten folgenden individuellen Genotypen zugeordnet werden:

- 28 Genotypen im Waldviertel
- 7 Genotypen im Weinviertel
- 14 Genotypen im Industrieviertel
- 14 Genotypen im Mostviertel

Wobei solche Genotypen mit Vorsicht betrachtet werden müssen, die nur durch eine einzige Probe repräsentiert sind, da sie potentiell Geisterindividuen sein können. Im Weinviertel gab es nur einen Genotyp, der durch eine einzelne Probe repräsentiert wurde. Im Industrie- und Mostviertel betraf das 6 individuelle Genotypen, im Waldviertel 11 Genotypen. Ein Indiz, ob diese Genotypen Geisterindividuen sein könnten, ist die Ähnlichkeit dieser Genotypen mit anderen Genotypen, da sich Geisterindividuen meist nur in wenigen Markern (1-2) von ihrem realen eigentlichen Genotyp unterscheiden (McKelvey & Schwartz 2004).

© KOFLER Umweltmanagement

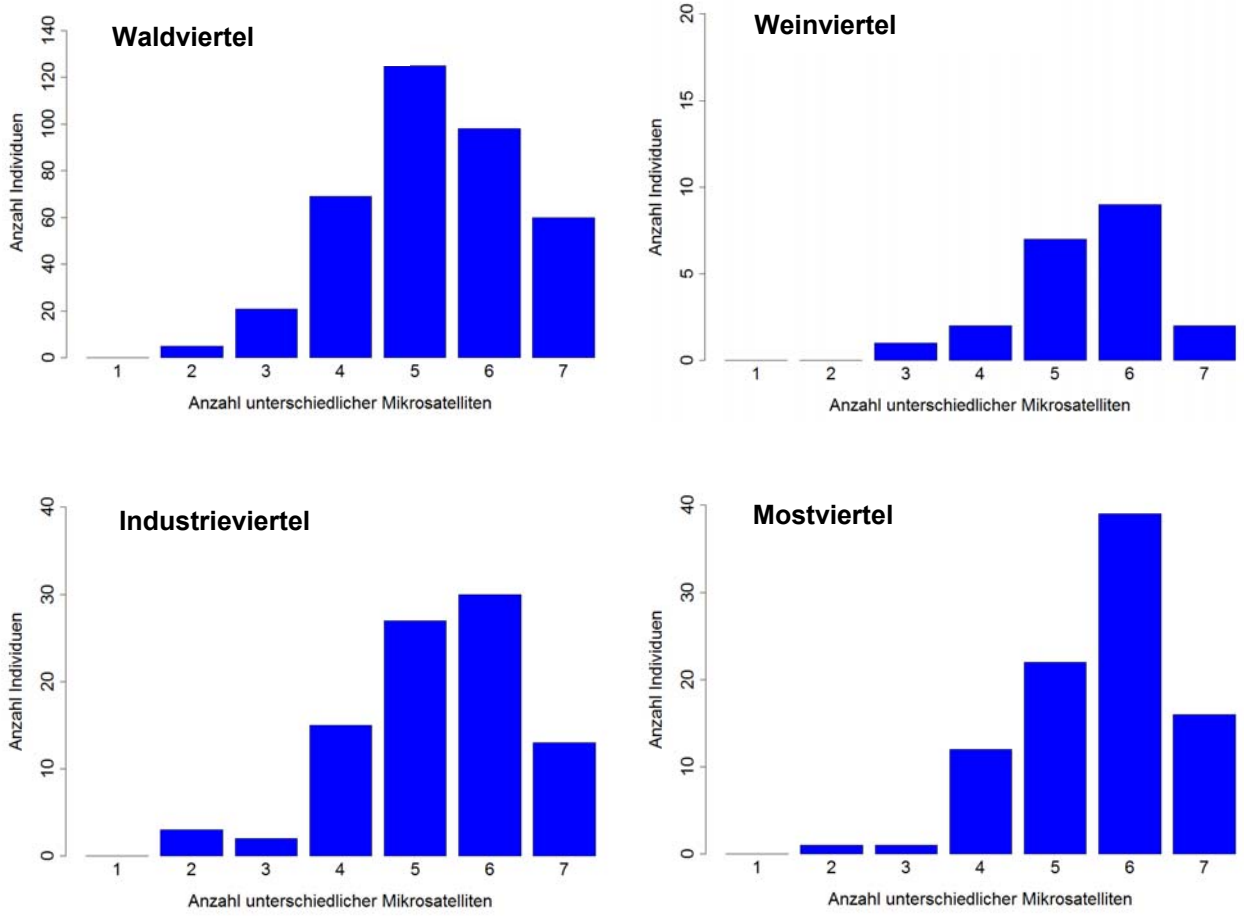


Abbildung 32: Anzahl der Individuen, deren Genotypen sich in je 1-7 Mikrosatelliten unterscheiden. Die Grafik oben links stellt die Verteilung im Waldviertel dar, oben rechts die Verteilung im Weinviertel, unten links die Verteilung im Industrieviertel und unten rechts die Verteilung im Mostviertel.

In Abbildung 32 sind die Unterschiede zwischen den Genotypen grafisch dargestellt. Dabei zeigt sich, dass es in keinem der Untersuchungsgebiete Genotypen gibt, die sich in nur einem Marker unterscheiden und auch die Anzahl der Genotypen mit 2-3 unterschiedlichen Markern gering blieb.

Im Waldviertel unterscheiden sich 5 Paare in 2 Markern. Bei zwei dieser 5 Paare hätten insgesamt 2-3 Artefakte gepaart mit 2-3 Allelausfällen teilweise zeitgleich in je 2 Proben stattfinden müssen, damit sich diese Genotypen gleichen. Dass mehrere Fehler in zwei Proben an den gleichen 2 Markern durch Zufall entstehen, so dass sich die Genotypen gleichen, der Genotyp aber falsch ist, ist sehr unwahrscheinlich. Zumal die Fundpunkte bis zu 20 km auseinander lagen. Bei einem weiteren Paar wäre die Distanz sogar bis zu 25 km gewesen in der gleichen Nacht und hier hätten zeitgleich 5 bzw. 2 Proben die gleichen Fehler (2 x Allelausfall; 1x Artefaktbildung) aufweisen müssen. Zudem wies das Waldviertel die geringste Genotypisierungs-Fehlerrate auf. Lediglich 2 Paare bestehend aus 3 Genotypen, die allesamt an gleichen Tagen am gleichen Fundpunkt detektiert wurden, könnten einem oder zwei statt drei Individuen entspringen. Obwohl es sich hierbei durchaus um eine Fähe mit ihren Jungtieren handeln könnte, könnten ebenso 1-2 Geisterindividuen

im Datensatz enthalten sein. Der Test auf fehlerhafte Marker und fehlerhafte Proben mit dem Programm DROPOUT ergab jedoch einen wahrscheinlich fehlerfreien Datensatz. Dennoch wurden diese potentiellen Fehlerquellen bei weiteren Berechnungen berücksichtigt.

Im Weinviertel gibt es keinerlei Proben die sich in nur 1-2 Markern unterscheiden. Auch der Test mit dem Programm DROPOUT ergab einen wahrscheinlich fehlerfreien Datensatz für das Weinviertel.

Im Industrieviertel gibt es insgesamt 3 Genotyp-Paare, jeweils repräsentiert durch 1-5 Proben, die sich in nur zwei Markern unterscheiden. Bei jeder Verpaarung hätten 1-2 Artefaktbildungen und zeitgleich 1-2 Allelausfälle zeitgleich stattfinden müssen. Auch hier hätten die Fehler teilweise wieder zeitgleich bei mehreren Proben auftreten müssen. Die zueinander ähnlichen Genotypen wurden an nahegelegenen Punkten gefunden, so dass es sich um Fähen mit ihren Jungtieren handeln könnte oder anderweitig nah miteinander verwandte Tiere. Es ist aber durchaus möglich, dass in diesem Datensatz noch Geisterindividuen enthalten sind, die durch die hohe Anzahl an Wiederholungen und dem konservativen Ansatz der Genotyperstellung nicht eliminiert werden konnten. Das Programm DROPOUT ergab im Industrieviertel zwar einen fehlerfreien Datensatz bezüglich der Marker, doch auch hier wurde zumindest die hohe Anzahl von Paaren mit nur 2 unterschiedlichen Markern als bedenklich eingestuft. Aus diesem Grund werden bei weiteren Berechnungen auf Grundlage dieser Daten diese potentiellen Fehler berücksichtigt.

Im Mostviertel ist nur ein Paar zu finden, dass sich in 2 Markern unterscheidet. Beide Genotypen sind nur durch jeweils eine Probe repräsentiert und die Fehlerarten (2 x Allelausfall, 1 x Artefaktbildung), sowie die Entfernung von ca. 13 km Flusskilometern, schließen nicht aus, dass beide Proben von einem Individuum stammen könnten. Zumal das Mostviertel eine relativ hohe Fehlerrate von 75,8% aufwies. Die Tests in DROPOUT deuten jedoch auf einen wahrscheinlich fehlerfreien Datensatz. Dennoch wurde auch im Mostviertel dieses potentielle Geisterindividuum berücksichtigt.

3.2.2. Populationsgrößenschätzung & Raumnutzung in den Referenzgebieten

3.2.2.1. Test auf geschlossene Populationen

Wie bereits oben erwähnt, wurden im Waldviertel 28, in Industrie- und Mostviertel 14 und im Weinviertel 7 verschiedene Individuen genotypisiert. Damit ist für das Weinviertel aus statistischer Sicht Vorsicht geboten bei einer Anwendung der Populationsgrößenschätzer. Als Faustformel gilt, dass es für jeden im Modell geschätzten Parameter mehrere Datenpunkte, also Individuen, geben muss und es definitiv nicht mehr Parameter als Datenpunkte geben sollte (Burnham & Anderson 2002). Das würde für die 7 gefundenen Individuen bedeuten, dass ein Modell mit bereits 2-3 Parametern grenzwertig ist. Das einfachste geschlossene Modell benötigt jedoch bereits drei Parameter. Aus diesem Grund wurde zwar eine Populationsgrößenschätzung für das Referenzgebiet Weinviertel vorgenommen, die Ergebnisse sollten jedoch mit Bedacht interpretiert werden.

Im Wald-, Most- und Industrieviertel war die Sammelperiode von 5 Tagen kurz genug, um zunächst von einer „geschlossenen Population“ auszugehen – in einem Zeitraum von 5 Tagen ist es unwahrscheinlich, dass es zu nennenswerten Anzahlen von Geburten oder Todesfällen gekommen ist. 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 in der Population gekommen sein könnte. Zudem gibt es in allen Referenzgebieten die Möglichkeit, dass Reviere durch die Lage der Untersuchungspunkte durchschnitten wurden bzw. nur durch wenige Beprobungspunkte repräsentiert wurden. Dann wären manche Otter an einigen Tagen nicht detektierbar gewesen, da sie sich in Teilen ihres Revieres aufhielten, die außerhalb des Referenzgebietes lagen. Das Modell würde solche Bewegungen als Migrationen (Immi- oder Emigration) werten, wodurch streng genommen keine „geschlossene Population“ gewährleistet wäre. Allerdings handelt es sich dabei um eine zufällige temporäre Migration – im Gegensatz zu einer permanenten Migration –, wie Boulanger *et al.* (2002) demonstrieren konnten. Zufällige Bewegung aus dem Untersuchungsgebiet heraus oder in das Gebiet herein verzerren die Ergebnisse von geschlossenen Fang-Wiederfang-Modellen nicht, sie reduzieren lediglich die Präzision der Schätzung (Kendall 1999).

Um zu testen, ob es tatsächlich keine Zu- oder Abgänge in Form von Tot, Geburt oder Migration in den Populationen gab, um also die Annahme einer „geschlossenen Population“ zu testen, wurde das recruitment-Modell von Pradel (1996) eingesetzt. 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 allen vier Referenzgebieten zeigte sich dabei, dass die Modelle sich nicht unterscheiden und dass das Modell, welches keine Zu- oder Abgänge zulässt, den höchsten Erklärwert aufweist (Tabelle 12).

© KOFLER Umweltmanagement

Tabelle 12: Ergebnisse des recruitment-Modells von Pradel (1996) für die Individuen aus allen Referenzgebieten als Test für eine geschlossene Population. 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 (ΔAICc) – wobei das am besten geeignete Modell ein Wert von 0,00 hat – und die Signifikanzniveaus des Likelihood-ratio-Tests (LR) im Verhältnis zum „besten“ Modell. Die Abkürzungen in der Modellbezeichnung sind: konstant (.) für alle Individuen oder fixiert auf 0 (keine Immigration) bzw. 1 (keine Emigration).

Waldviertel

Modell	k	Φ	p	f	ΔAICc	LR-Test zu Phi(1)p(.)f(0)
Phi(1)p(.)f(0)	1	1 (fixiert)	0,32 ± 0,05	0 (fixiert)	0,00	–
Phi(.)p(.)f(.)	3	0,93 ± 0,08	0,39 ± 0,09	0,07 ± 0,08	3,6	0,66

Weinviertel

Modell	k	Φ	p	f	ΔAICc	LR-Test zu Phi(1)p(.)f(0)
Phi(1)p(.)f(0)	1	1 (fixiert)	0,30 ± 0,07	0 (fixiert)	0,00	–
Phi(.)p(.)f(.)	3	0,97 ± 0,07	0,32 ± 0,09	$0{,}75 \times 10^{-9}$ ± 0	5,5	0,91

Industrieviertel

Modell	k	Φ	p	f	ΔAICc	LR-Test zu Phi(1)p(.)f(0)
Phi(1)p(.)f(0)	1	1 (fixiert)	0,36 ± 0,07	0 (fixiert)	0,00	–
Phi(.)p(.)f(.)	3	1 ± $0{,}16 \times 10^{-7}$	0,36 ± 0,08	0,005 ± 0,08	4,8	0,99

Mostviertel

Modell	k	Φ	p	f	ΔAICc	LR-Test zu Phi(1)p(.)f(0)
Phi(1)p(.)f(0)	1	1 (fixiert)	0,25 ± 0,07	0 (fixiert)	0,00	–
Phi(.)p(.)f(.)	3	0,95 ± 0,16	0,28 ± 0,12	0,03 ± 0,18	5	0,94

Es kam demnach weder zu nennenswerten Verlusten oder Zugängen durch Tod bzw. Geburt, noch zu einer permanenten Emi- oder Immigration in einem der Referenzgebiete, so dass für die Schätzung der Populationsgröße von einer „geschlossene Population“ ausgegangen werden kann.

© KOFLER Umweltmanagement

3.2.2.2. Populationsgrößenschätzung

Mit dem fehlerintegrierenden LB-Schätzer für geschlossene Populationen wurden aufgrund des Sammelerfolges, der Gegebenheiten vor Ort und entsprechend der Verhaltensweisen des Fischotters (Lampa 2015; Lampa *et al.* 2015) 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 (Tabelle 13). Dabei wurde im Weinviertel bei allen Modellen dem Sammelregime von 2+5 Tagen Rechnung getragen, d.h. die beiden ersten Sammeltage wurden je dem 3. bzw. 4. Sammeltag gleichgesetzt. In allen Referenzgebieten konnte für das Heterogenitäts-Modell (M_h) der Heterogenitätsparameter (p_i) nicht getrennt von der Wahrscheinlichkeit für einen korrekten Genotyp (α) geschätzt werden. Da die M_h-Modelle in Wein-, Industrie- und Mostviertel mit einem DeltaAIC von 2,8-4,8 deutlich ungeeigneter waren die Populationsgröße zu schätzen, wurden sie aus dem Modellset entfernt. Nur im Waldviertel stellte sich das M_h-Modell als das „beste“ Modell heraus, so dass es nicht aus dem Modellset entfernt werden konnte. Hier wurde alternativ für den Parameter α der „AICc weights“ gewichtete Mittelwert aus allen anderen Modellen des Sets bestimmt und im M_h-Modell als fixierter Parameter für α verwendet um p_i zu schätzen. Im Mostviertel wurde keines der am ersten Tag gesammelten Tiere (4 Individuen) am zweiten Sammeltag wieder gesammelt, so dass die Wiederfangwahrscheinlichkeit für den zweiten Sammeltag (c_1) auf Null gesetzt wurde um die Populationsgrößenschätzung zu präzisieren.

Der „AICc weights“ gewichtete Mittelwert der Modelle schätzt die Population im Waldviertel auf im Mittel 30 Fischotter mit einem 95%-Konfidenzintervall von 24-28 (Tabelle 13), im Weinviertel auf durchschnittlich 7 Tiere, wobei die wahrscheinliche Populationsgröße zu 95% zwischen rund 4-9 Ottern liegt. Im Industrieviertel ergab sich eine Populationsgröße von 13 Tieren mit einem 95%-Konfidenzintervall von 6-20 Fischottern und im Mostviertel von 16 Tieren mit einem 95%-Konfidenzintervall von 11-22 Individuen. Daran zeigt sich, dass im Wald- und Mostviertel mindestens 2 Otter nicht detektiert wurden, da die Modelle 2 Individuen mehr schätzen als per Genotyp gefunden wurden. Im Weinviertel wurden anscheinend alle vorhandenen Individuen gefunden und es ist kein Geisterindividuum im Datensatz vorhanden, da die Anzahl der geschätzten Tiere der Anzahl der genotypisierten Tiere gleicht. Im Industrieviertel dagegen deutet das Ergebnis an, dass von den 14 genotypisierten Individuen wahrscheinlich eines ein Geisterindividuum ist. Dies wird auch durch die Schätzung des Misidentifikationsparameters (α) angedeutet mit einem vergleichsweise niedrigen Wert von 0,88. Das bedeutet, dass vor allem im Datensatz des Industrieviertels noch mögliche Fehler in Form von Geisterindividuen enthalten sein könnten.

Die Fangwahrscheinlichkeiten (p) liegen zwischen 0,3 im Mostviertel, 0,35 im Waldviertel und 0,41 bzw. 0,42 im Industrie- und Weinviertel (Tabelle 13). Die Wiederfangwahrscheinlichkeiten (c) waren entweder leicht geringer als p oder gleichwertig (Waldviertel: 0,35; Weinviertel: 0,31; Industrieviertel: 0,40; Mostviertel: 0,29). Im Vergleich zu einer Studie am Nordamerikanischen Fischotter (*Lontra canadensis*), die entlang der Küste Fangwahrscheinlichkeiten von p = 0,13 bzw. 0,23 und Wiederfangwahrscheinlichkeiten von c = 0,08 bzw. 0,23 detektierten (Guertin *et al.* 2012), sind diese Wahrscheinlichkeiten recht hoch. Im Vergleich zu Ergebnissen, die für den Fischotter (*Lutra lutra)*

an Fischteichen gewonnen wurden (Lampa *et al.* 2015), bei denen aufgrund der Lage der Teiche eine viel größere Abdeckung der einzelnen Reviere möglich war (p= 0,48-0,75; c= 0,54-0,79), sind zumindest die hier erzielten Werte für die Fangwahrscheinlichkeiten in Wein- und Industrieviertel vergleichsweise hoch. Die geringere Fangwahrscheinlichkeit im Mostviertel ist sicherlich auch durch die geringere Erfolgsrate von 40% begründet, wodurch unter Umständen nicht alle gesammelten Individuen erfolgreich genotypisiert werden konnten.

Tabelle 13: 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 (ΔAICc), die Wahrscheinlichkeit eines Models (AICc weight), die Fangwahrscheinlichkeit (p), die Wiederfangwahrscheinlichkeit (c), die Wahrscheinlichkeit der korrekten Genotypisierung (α) und die Populationsgrößenschätzung für das jeweilige Modell (N). Für alle Schätzungen sind Standardfehler (SE) angegeben und bei N auch das 95% Konfidenzintervall (95% KI). Für jeden geschätzten Parameter wurde ein „AICc weights" gewichteter Mittelwert und Standardfehler berechnet.

Waldviertel

Modell	k	ΔAICc	AICc weight	p ± SE	c ± SE	α ± SE	N ± SE (95% KI)
$M_{h\_\alpha(fix)}$	4	0,00	0,92	0,33 ± 0,05	1 ± 0,00	Fix = 0,90	30,1 ± 3,5 (24 – 37,8)
M_0	3	5,98	0,05	0,36 ± 0,06	0,36 ± 0,06	0,9 ± 0,16	27,7 ± 6,2 (18 – 42,5)
M_b	4	8,10	0,02	0,37 ± 0,1	0,36 ± 0,08	0,9 ± 0,17	27,7 ± 6,1 (18 – 42,5)
M_t	7	9,40	0,01	p_1-p_5: 0,2 – 0,43 ± 0,08 – 0,13	c_1-c_4: 0,2 – 0,43 ± 0,08 – 0,13	0,93 ± 0,19	28,8 ± 7,3 (17,6 – 47,1)
$M_{tb\_eing.}$	7	10,80	0,004	0,37 ± 0,1	c_1-c_4: 0,23 – 0,57 ± 0,11 – 0,16	0,92 ± 0,17	28,1 ± 6 (18,6 – 42,4)
Gewichteter Mittelwert				**0,35 ± 0,07**	**0,35 ± 0,07**	**0,9 ± 0,17 (ohne M_h)**	**30 ± 3,8 (22,5 – 37,4)**

Weinviertel

Modell	k	ΔAICc	AICc weight	p ± SE	c ± SE	α ± SE	N ± SE (95% KI)
M_b	4	0,00	0,52	0,48 ± 0,12	0,23 ± 0,09	0,99 ± 0,19	6,9 ± 1,3 (4,8 – 10)
M_0	3	0,40	0,43	0,35 ± 0,08	0,35 ± 0,08	0,92 ± 0,15	6,5 ± 1,1 (4,7 – 9)

$M_{tb\_eing.}$	7	5,18	0,04	0,47 ± 0,11	c_1-c_6: 0,11 – 0,47 ± 0,1 – 0,19	1 ± 0,5x10^{-5}	7 ± 0,00004 (6,9 – 7)
M_t	7	7,65	0,01	p_1-p_7: 0,16 – 0,47 ± 0,13 – 0,2	c_1-c_6: 0,16 – 0,47 ± 0,13 – 0,2	0,91 ± 0,15	6,4 ± 1,0 (4,7 – 8,8)
Gewichteter Mittelwert				**0,42 ± 0,12**	**0,31 ± 0,11**	**0,97 ± 0,17**	**6,8 ± 1,2 (4,4 – 9,1)**

Industrieviertel

Modell	k	ΔAICc	AICc weight	p ± SE	c ± SE	α ± SE	N ± SE (95% KI)
M_0	3	0,00	0,66	0,4 ± 0,09	0,4 ± 0,09	0,89 ± 0,2	12,9 ± 3,6 (7,6 – 22)
M_b	4	2,22	0,22	0,42 ± 0,13	0,39 ± 0,11	0,9 ± 0,23	13 ± 3,6 (7,7 – 22)
M_t	7	4,13	0,08	p_1-p_5: 0,24 – 0,59 ± 0,13 – 0,21	c_1-c_4: 0,24 – 0,59 ± 0,13 – 0,21	0,83 ± 0,22	11,9 ± 3,7 (6,6 – 21,5)
$M_{tb\_eing.}$	7	5,9	0,03	0,42 ± 0,13	c_1-c_4: 0,19 – 0,54 ± 0,13 – 0,21	0,88 ± 0,23	12,7 ± 3,5 (7,5 – 21,7)
Gewichteter Mittelwert				**0,41 ± 0,11**	**0,40 ± 0,12**	**0,88 ± 0,21**	**12,8 ± 3,6 (5,8 – 19,9)**

Mostviertel (Fix: c_1 = 0)

Modell	k	ΔAICc	AICc weight	p ± SE	c ± SE	α ± SE	N ± SE (95% KI)
M_0	3	0,00	0,72	0,29 ± 0,07	0,29 ± 0,07	1 ± 0,63x10^{-7}	16,5 ± 2,7 (12 – 22,6)
M_b	4	2,15	0,24	0,33 ± 0,14	0,28 ± 0,08	1 ± 0,16x10^{-6}	15,6 ± 3,1 (10,7 – 22,8)
$M_{tb\_eing.}$	6	6,31	0,03	0,33 ± 0,14	c_2-c_4: 0,23 – 0,36 ± 0,12 – 0,15	1 ± 0,17x10^{-7}	15,6 ± 3,1 (10,7 – 22,8)
M_t	7	8,58	0,01	p_1-p_5: 0,24 – 0,37 ± 0,11 – 0,15	c_2-c_4: 0,24 – 0,37 ± 0,11 – 0,13	1 ± 0,14x10^{-5}	16,3 ± 2,6 (12 – 22,2)
Gewichteter Mittelwert				**0,30 ± 0,1**	**0,29 ± 0,08**	**1 ± 0,2x10^{-7}**	**16,2 ± 2,8 (10,8 – 21,7)**

Wie in Kapitel 3.2.1 erläutert, sind die Datensätze – trotz hoher Wiederholungsrate und weiterer fehlerminimierender Maßnahmen – nicht unbedingt fehlerfrei, so dass ein fehlerintegrierendes Modell zur Schätzung der Populationsgröße unabdingbar ist, um diese nicht zu überschätzen. Um dies zu verdeutlichen, sollten die hier berechneten Populationsgrößen mit den Schätzungen eines konventionellen Schätzers verglichen werden. Ein solcher Schätzer, der häufig zur Anwendung kommt, ist CAPWIRE (Pennell *et al.* 2013), der zwar für den genetischen Fang-Wiederfang bestimmt ist, aber die Präsenz von Genotypisierungsfehlern in Form von Geisterindividuen ignoriert. Die Populationsgrößen der einzelnen Referenzgebiete würden mit CAPWIRE im Mittel um 24% (3-56%) höher liegen als mit dem hier verwendeten LB-Schätzer. Ein Phänomen, das schon durch etliche Autoren beschrieben, erläutert und vor allem angemahnt wurde (Creel *et al.* 2003; Lampa *et al.* 2013; Link *et al.* 2010; Lukacs & Burnham 2005; Roon *et al.* 2005; Waits & Leberg 2000; Yoshizaki *et al.* 2011), weshalb die Ergebnisse von Studien, die CAPWIRE für die Populationsgrößenschätzung von Fischottern auf Grundlage von Losungsfunden verwenden, vorsichtig interpretiert werden sollten.

3.2.2.3. Fischotterdichte & Raumnutzung

<u>Fischotterdichte in den vier Referenzgebieten:</u>

Aus den ermittelten Populationsgrößen des fehlerintegrierenden LB-Modells ergeben sich folgende Dichten bezogen auf die Uferlänge aller untersuchten Gewässer (Flussufer und Teichufer):

- **Waldviertel** (Gesamtuferlänge Fließ- und Teichgewässer: 84,1 km):

  0,36 Fischotter/km Ufer (95%-KI: 0,27-0,45 Fischotter/km);

  1 Fischotter auf 2,8 km Ufer

- **Weinviertel** (Gesamtuferlänge Fließ- und Teichgewässer: 94 km):

  0,072 Fischotter/km Ufer (95%-KI: 0,05-0,1 Fischotter/km);

  1 Fischotter auf 13,8 km Ufer

- **Industrieviertel** (Gesamtuferlänge Fließgewässer: 61 km)

  0,21 Fischotter/km Ufer (95%-KI: 0,1-0,33 Fischotter/km);

  1 Fischotter auf 4,8 km Ufer

- **Mostviertel** (Gesamtuferlänge Fließ- und Teichgewässer: 84,9 km):

  0,19 Fischotter/km Ufer (95%-KI: 0,13-0,26 Fischotter/km);

  1 Fischotter auf 5,2 km Ufer

Diese Werte sind nochmals in Tabelle 14 gelistet und werden mit den Ergebnissen der Dichteberechnung mit dem R-Paket „secrlinear“ vergleichend dargestellt. Die berechneten Dichten beider Modelle (Euklidischer Abstand; nicht-euklidischer Abstand) im R-Paket „secrlinear“ waren in allen Referenzgebieten gleich oder unterschieden sich nur um eine Dichte von 0,01. In Wald-, Wein- und dem Mostviertel war das Modell mit dem niedrigsten („besten“) AICc das mit einem nicht-

euklidischen Abstand, während im Industrieviertel das Modell mit einer euklidischen Abstandsfunktion einen leicht niedrigeren AICc erhielt.

Tabelle 14: Vergleich der Dichteberechnungen für die Fischotter in den vier Referenzgebieten mit drei unterschiedlichen Ansätzen: Originaldatensatz mit den fehlerintegrierenden LB-Modellen; Originaldatensatz mit den Modellen von „secrlinear"; korrigierter (konservativer) Datensatz mit den Modellen von „secrlinear". Im Weinviertel entsprach der konservative Datensatz dem Originaldatensatz.

Referenzgebiet	**Otterdichte LB-Modell** [Otter/km Ufer]	**Otterdichte „secrlinear" unkorrigiert** [Otter/km Ufer]	**Otterdichte „secrlinear" korrigiert** [Otter/km Ufer]
Waldviertel	0,36 (95%KI: 0,27-0,45)	0,40 (SE: ± 0,08)	0,36 (SE: ± 0,07)
Weinviertel	0,072 (95%KI: 0,05-0,1)	0,083 (SE: ± 0,03)	0,083 (SE: ± 0,03)
Industrieviertel	0,21 (95%KI: 0,1-0,33)	0,26 (SE: ± 0,07)	0,24 (SE: ± 0,07)
Mostviertel	0,19 (95%KI: 0,13-0,26)	0,22 (SE: ± 0,07)	0,18 (SE: ± 0,05)

Es zeigt sich, dass alle Dichteberechnungen sehr nah beieinander liegen und sich vor allem die korrigierten Otterdichten der räumlich expliziten Modelle kaum unterscheiden zu den Otterdichten berechnet mit Hilfe der fehlerintegrierenden LB-Modelle. Im Vergleich zwischen den Referenzgebieten zeigt das Waldviertel die höchste Fischotterdichte, während Industrie- und Mostviertel mittlere Dichten aufweisen. Im Weinviertel wurden die mit Abstand geringste Dichte gefunden.

Bei einem Vergleich der hier erzielten Fischotterdichten mit anderen Studien (Tabelle 15) ist zu erkennen, dass die Fischotterdichte im Waldviertel denen anderer Studien, die in Teichgebieten durchgeführt wurden, entspricht mit einer Ausnahme: Die Studie von Hajkova *et al.* (2009) erzielten wesentlich höhere Fischotterdichten, diese wurden jedoch mit den Modellen in CAPWIRE berechnet, wodurch aufgrund der Sensibilität des Schätzers gegenüber Fehlern im Datensatz prinzipiell höhere Dichten erzielt werden (siehe Kapitel 3.2.2.2). Würden die Daten in dieser Studie ebenfalls mit CAPWIRE ausgewertet, so kämen für das Waldviertel eine ebensolche Dichte von 0,46 Fischottern/km zustande, die aber aufgrund der Fehleranfälligkeit im Genotypisierungsprozess zustande kommt und sehr wahrscheinlich überschätzt ist.

Natürlicherweise erreichen Landschaften mit einer hohen Anzahl an (besetzten) Fischteichen höhere Fischotterdichten als Landschaften, die ausschließlich oder hauptsächlich von (unbesetzten) Fließgewässern geprägt sind (vgl. Tabelle 15). Die Dichten der meisten Fischotterstudien an Fließgewässern pendeln sich mit Ausnahme der Studien mit sehr breiten Intervallen (z.B. 0,02-0,4) zwischen 0,15-0,33 ein (Tabelle 15). Dahingehend ist die Dichte des Referenzgebietes Weinviertel als sehr niedrig zu beurteilen und wahrscheinlich durch die Neubesiedelung des Russbaches zwischen 2009 und 2018 (vgl. Kranz & Polednik 2009) zu erklären.

© KOFLER Umweltmanagement

Die Fischotterdichten der Referenzgebiete Industrie- und Mostviertel liegen exakt in dem Bereich, den auch die meisten anderen Fließgewässer-Studien erzielten. Eine Studie, mit der sich ein Vergleich besonders anbietet, ist die von Sittenthaler *et al.* (2016) (siehe Tabelle 15). In dieser Studie wurden ebenfalls Fischotterdichten anhand von genetischen Losungsanalysen in Niederösterreich angegeben, unter anderem von der Feistritz. Aufgrund des Studiendesigns – 6 Beprobungen innerhalb eines Jahres – konnten die Autoren revierbildende Individuen von durchziehenden Tieren und vom Nachwuchs unterscheiden. Werden sowohl die identifizierten Adulten, als auch die Juvenilen in die Dichteberechnung miteinbezogen (transiente Tiere ausgenommen), ergibt sich bei Sittenthaler *et al.* (2016) eine Fischotterdichte von 0,23 Otter/km für die Feistritz und damit ein vergleichbarer Wert zu den Dichten von Industrie- und Mostviertel in dieser Studie, in der ebenfalls nicht zwischen Adulten und Juvenilen unterschieden wird. Würde man in der vorliegenden Studie nur die Tiere heranziehen, die wahrscheinlich ein Revier am untersuchten Fluss unterhalten, also Individuen mit mind. 2 Proben an unterschiedlichen Tagen (8 Individuen in Industrie- und Mostviertel), beläuft sich die Dichte auf 0,13 Fischotter pro km Fließgewässer bzw. 1 Fischotter auf 7,6 km Fließgewässer im Industrieviertel und 0,09 Fischotter je km bzw. 1 Fischotter auf 10,6 km im Mostviertel. Auch dieses Ergebnis deckt sich mit den Berechnungen von Sittenthaler *et al.* (2016), die für die revierbildenden adulten Fischotter eine Dichte von 0,12 Otter/km angeben. In einer erst kürzlich veröffentlichten Studie im benachbarten Bundesland Steiermark (Holzinger *et al.* 2018) wurden wesentlich höhere Fischotterdichten angegeben. In der steirischen Studie wurden 17 ca. 10 km lange Flussabschnitte und 2 Teichgebiete untersucht. Die Teichgebiete und Flussabschnitte wurden einmal begangen, wobei sich die Dauer der Begehung teilweise über mehrere Tage erstreckte. Im Anschluss wurden die aufgefundenen frischen Losungen genetisch analysiert und die verschiedenen Genotypen unterschiedlichen Individuen zugeordnet. Die Dichte wurde im Anschluss je Flussabschnitt als Anzahl der gefundenen Genotypen dividiert durch die Länge des Abschnitts in km berechnet. Daraus ergaben sich Dichten zwischen 0,11 bis 0,68 Fischotter/km Ufer. Wie aus der vorliegenden Studie (siehe unten) und vielen anderen internationalen Studien hervorgeht, überlappen sich Fischotterreviere zum Teil erheblich (Erlinge 1968; Kruuk 2006; Lampa 2015; Quaglietta *et al.* 2014). Dabei kommt es nicht nur zu Überlappungen zwischen Weibchen und Männchen, sondern auch zwischen Weibchen, sowie zwischen Weibchen und Jungtieren. Das heißt, ein Flussabschnitt von 10 km Länge kann von zwei Weibchen genutzt werden – deren eigentliche Reviere sich über den 10km-Flussabschnitt hinaus erstrecken, sich aber just im gewählten Abschnitt überlappen – diese Weibchen führen wiederrum 1-3 Jungtiere und beide Reviere sind Teil eines männlichen Revieres, das über den 10km-Abschnitt und über die weiblichen Reviere hinausreicht. Auf diese Weise kann ein 10km-Flussabschnitt von nur einem Individuum genutzt sein, genauso gut aber von bis zu 7-9 Individuen (2 ♀ mit 2-3 Jungtieren, plus 1 ♂). Üblicherweise erreichen Fischotterreviere eine Länge von 7-18,7 km für Weibchen und von 15-38,8 für Männchen (Erlinge 1967; Kruuk 2006; Weinberger *et al.* 2016), so dass ein 10-km-Flussabschnitt die meisten Reviere nur anschneiden kann, statt sie abzudecken. Würde man im Referenzgebiet Industrieviertel 10 km Abschnitte wählen so würden sich je nach gewähltem Abschnitt Dichten von 0,2 bis 0,5 ergeben, im Mostviertel von 0 bis 0,5, im Weinviertel von 0 bis 0,4 und im Waldviertel sogar von 0,4 bis 1,4 Fischotter pro Kilometer. Wählt man hingegen Flussabschnitte, die die üblichen Revierlängen von Fischottern um ein Vielfaches übersteigen und dadurch etliche Reviere im untersuchten Abschnitt in ihrer Gänze zu liegen kommen, kommt der oben beschriebenen Effekt nur noch am Rande des Untersuchungsgebietes vor und wird durch die Länge des gewählten

Flussabschnittes ausgeglichen. Aus diesem Grund wurden in der hier vorliegenden Studie Fließgewässerstrecken von bis zu 93 km Länge gewählt, um diesen Effekt zu korrigieren.

Im Vergleich zur vorliegenden Studie wurde in der steirischen Studie keine Fang-Wiederfang-Methodik verwendet. Diese wurde in der vorliegenden Studie gezielt verwendet, um eine Bereinigung des Datensatzes auf potenzielle Geisterindividuen vorzunehmen. Die hohe Diskrepanz zwischen der vorliegenden und der steirischen Studie könnte dadurch zusätzlich erklärt werden.

Tabelle 15: Vergleich von Fischotterdichten verschiedener Studien inkl. dieser Studie (kursiv) – getrennt je Referenzgebiet und getrennt für Studien vornehmlich an Teichen (oberer Tabellenbereich) und vornehmlich an Flüssen mit einigen wenigen Teichen (unterer Tabellenbereich). Neben den Autoren der Studie sind das untersuchte Habitat, die Dichte der Fischotter je km Ufer und die Methode, die dabei angewandt wurde, angegeben. Die Studien sind jeweils sortiert nach der Fischotterdichte von niedrig zu hoch.

Studien vornehmlich in Teichgebieten			
Studie	**Untersuchtes Habitat (Länderabkürzung des Studienortes)**	**Otter / km Ufer**	**Angewandte Methode**
Kofler, Lampa, Ludwig (2018) ***Waldviertel***	Teiche, Flüsse (A)	0,36	Genetischer Fang-Wiederfang; fehlertolerante Modelle in MARK
Lanszki et al. (2010)	Teiche (H)	0,35-1,2	Genetische Analyse; Anzahl Genotypen
Lampa et al. (2015)	Teiche (D)	0,34-0,48	Genetischer Fang-Wiederfang; fehlertolerante Modelle in MARK
Hajkova et al. (2009)	Teiche, Flüsse (CS)	0,45-0,83	Genetischer Fang-Wiederfang (CAPWIRE)
Studien vornehmlich an Fließgewässern			
Studie	**Untersuchtes Habitat (Länderabkürzung)**	**Otter / km Ufer**	**Angewandte Methode**
Kofler, Lampa, Ludwig (2018) ***Weinviertel***	Flüsse, Teiche (A)	0,072-0,083	Genetischer Fang-Wiederfang; fehlertolerante Modelle in MARK
Kofler, Lampa, Ludwig (2018) ***Industrieviertel***	Flüsse (A)	0,21-0,24	Genetischer Fang-Wiederfang; fehlertolerante Modelle in MARK
Kofler, Lampa, Ludwig (2018) ***Mostviertel***	Flüsse (A)	0,18-0,19	Genetischer Fang-Wiederfang; fehlertolerante Modelle in MARK
Sidorovich (1991)	Flüsse, Altwasser (BRS)	0,02-0,4	Anzahl Fußspuren und Losungen; Direktzählung
Ruiz-Olmo *et al.* (2011)	Flüsse (E)	0,07-0,26	Direktzählung
Sittenthaler *et al.* (2016)	Flüsse, Teiche (A)	0,09-0,21 (Adulte) 0,15-0,38 (Adulte & Juvenile)	Genetische Analyse; Anzahl Genotypen

© KOFLER Umweltmanagement

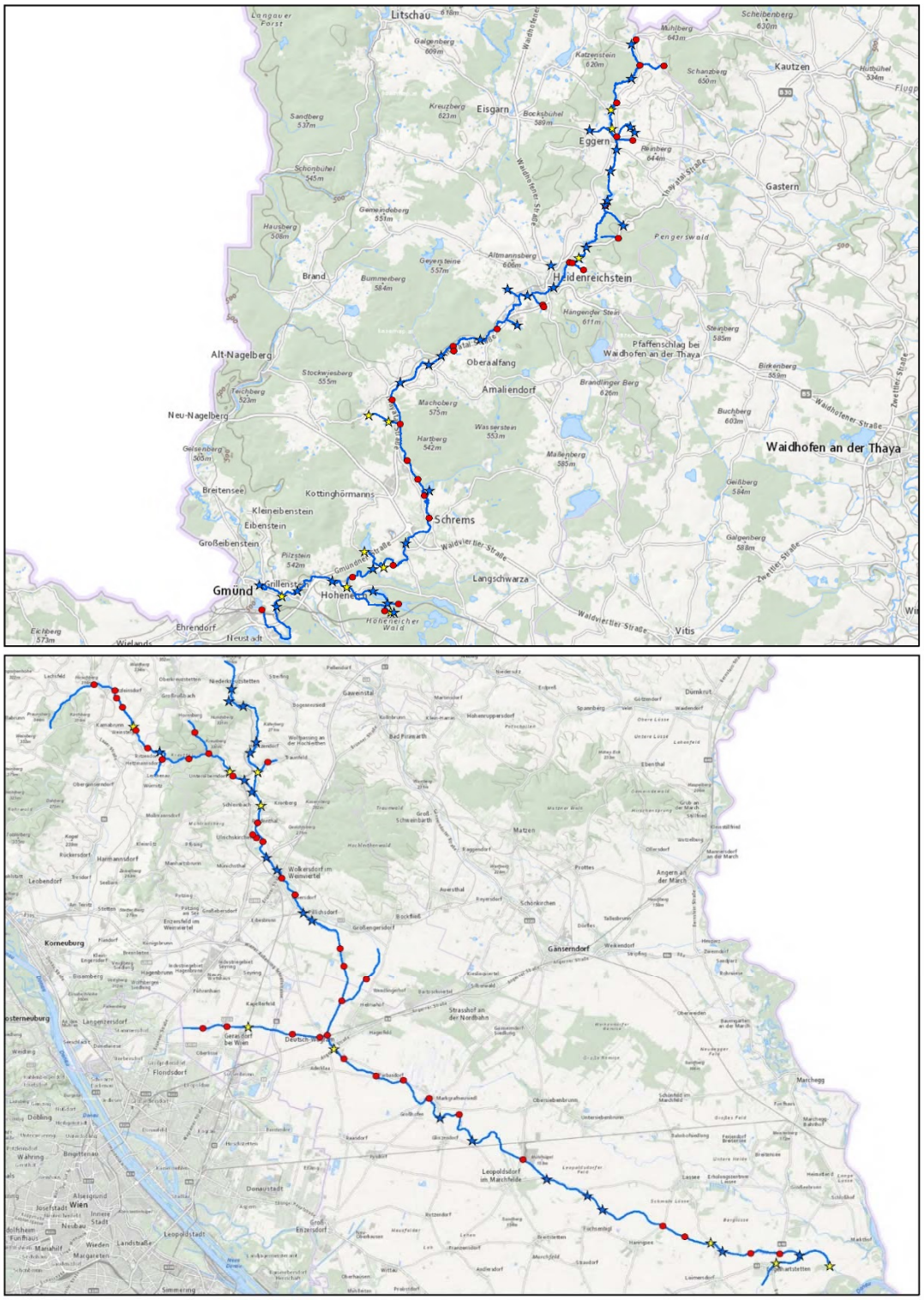
Lanszki *et al.* (2008)	Flüsse, Altwasser (H)	0,17	Genetische Analyse; Anzahl Genotypen
Prigioni *et al.* (2006)	Flüsse (I)	0,18-0,2	Genetische Analyse; Akkumulationskurve
Erlinge (1968)	Flüsse (S)	0,2	Anzahl Fußspuren und Losungen
Kalz *et al.* (2006)	Seen, Flüsse (D)	0,21	Genetische Analyse; Anzahl Genotypen
Hajkova *et al.* (2009)	Flüsse (SLK)	0,22-0,26	Genetischer Fang-Wiederfang (CAPWIRE)
Schenekar & Weiss (2018)	Flüsse (A)	0,25	Genetischer Fang-Wiederfang (CAPWIRE)
Sittenthaler et al. (2015)	Flüsse (A)	0,22-0,33 (Residents) 0,33-0,37 (Populationsgröße)	Genetischer Fang-Wiederfang (CAPWIRE)
Holzinger *et al.* (2018)	Flüsse (A)	0,44	Genetische Analyse; Anzahl Genotypen

© KOFLER Umweltmanagement

Räumliche Verteilung der Losungsfunde in den vier Referenzgebieten:

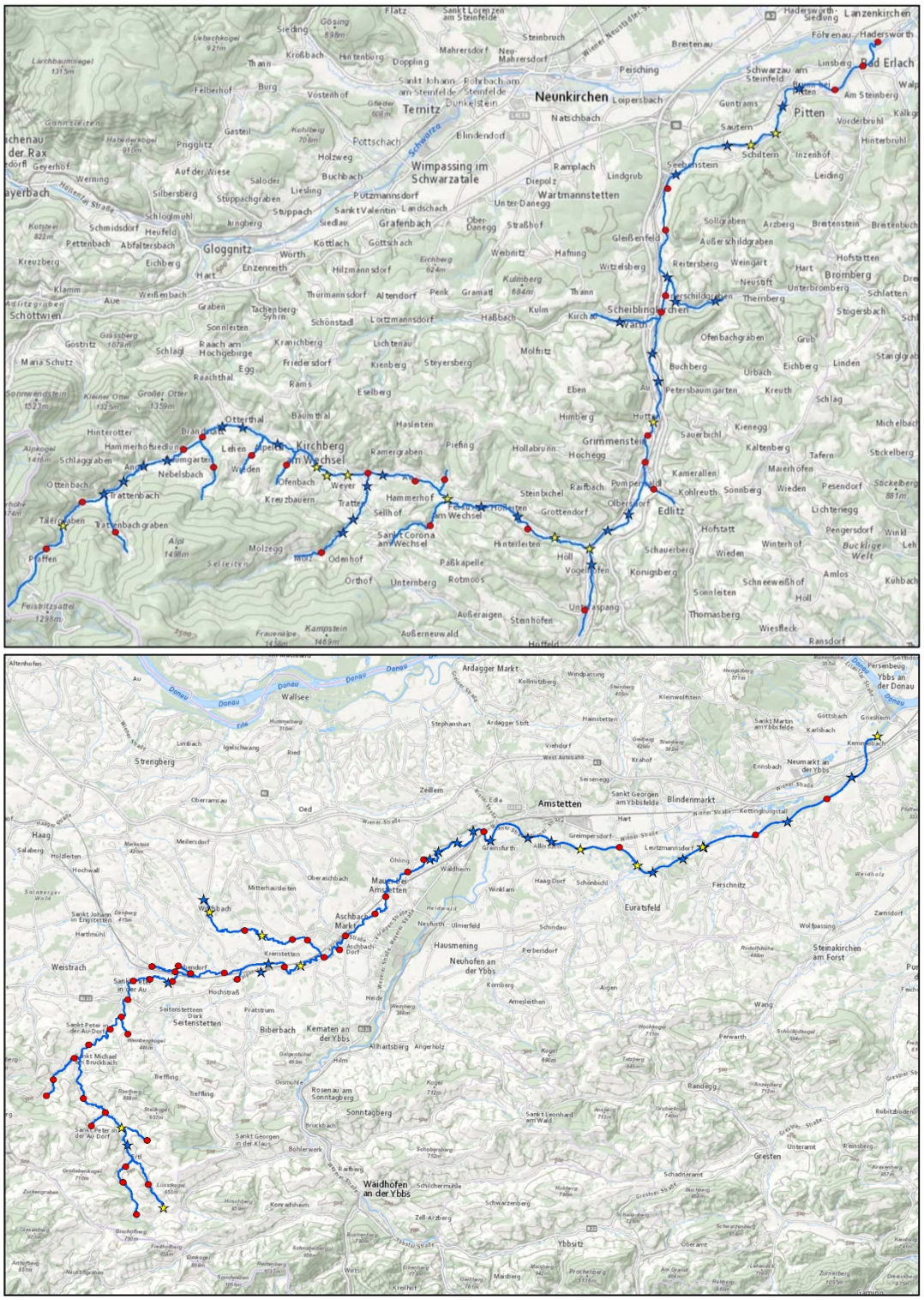
In Abbildung 33 und Abbildung 34 sind die räumlichen Verteilungen der abgesuchten Markierstellen in allen Referenzgebieten dargestellt. Es ist zu erkennen, dass sich die Markierstellen mit Losungsfunden (blaue und gelbe Sterne) gut über das Gebiet verteilen und es vor allem im Wald- und Industrieviertel kaum größere Areale ohne Losungsfunde gibt. Betrachtet man die Verteilung der Losungen, die erfolgreich genotypisiert werden konnten (blaue Sterne), so zeigt sich im Wald- und Industrieviertel eine weiterhin sehr gute räumliche Verteilung, bei der maximal ca. 4,6 km – meist 2,5-3,5 km – nicht durch genotypisierte Proben abgedeckt sind. Im Wein- und Mostviertel entspricht die Verteilung der genotypisierten Proben der Verteilung der gesammelten Proben, auch wenn es dadurch zu längeren Abschnitten ohne Losungsfund bzw. Genotyp kommt. Im mittleren Verlauf des Russbachs kam es somit zu einem ca. 17 km langen Flussabschnitt mit nur einer Probe, die nicht genotypisiert werden konnte. Im Mostviertel wurden vor allem im Oberlauf nur sehr wenige Proben gefunden (n = 8), von denen wiederum nur eine Probe erfolgreich genotypisiert werden konnte, wodurch es auf 13,8 km zu keinem Fund bzw. Genotyp kam. Es ist jedoch anzunehmen, dass die Abschnitte, in denen innerhalb von 5 Tagen keine Losungen gefunden wurden, weniger attraktiv für den Fischotter sind bzw. zu einem Revier eines an anderer Stelle gefundenen Individuums gehören. Falls dennoch einzelne Individuen an den jeweiligen Flüssen nicht gesammelt oder erfolgreich genotypisiert werden konnten, werden diese durch das LB-Modell dennoch geschätzt und in der Berechnung der Populationsgröße berücksichtigt.

© KOFLER Umweltmanagement



- ★ Losungsfund mit Genotyp
- ☆ Losungsfund ohne Genotyp
- ● kein Losungsfund

Abbildung 33: Darstellung aller abgesuchten Markierstellen in den Referenzgebieten im Waldviertel (oben) und Weinviertel (unten). Die unterschiedlichen Symbole zeigen an, ob am jeweiligen Markierplatz Losungen gefunden wurden (Sternsymbol) und ob dieser Fund erfolgreich genotypisiert werden konnte (blauer Stern) (Quelle Hintergrund: www.basemap.at)



- ★ Losungsfund mit Genotyp
- ☆ Losungsfund ohne Genotyp
- ● kein Losungsfund

Abbildung 34: Darstellung aller abgesuchten Markierstellen in den Referenzgebieten im Industrieviertel (oben) und Mostviertel (unten). Die unterschiedlichen Symbole zeigen an, ob am jeweiligen Markierplatz Losungen gefunden wurden (Sternsymbol) und ob dieser Fund erfolgreich genotypisiert werden konnte (blauer Stern) (Quelle Hintergrund: www.basemap.at)

Reviere im Waldviertel:

Im Waldviertel wurden innerhalb der 5 Sammeltage 15 Tiere an mehr als nur einem Fundpunkt gefunden. Die minimale Streifgebietsgröße der Fischotter im Waldviertel beläuft sich auf 0,7 bis 12,3 km, im Mittel auf 4,3 km (Tabelle 16). Alle diese 15 Streifgebiete überlappten sich mit bis zu 9 anderen Individuen (im Mittel mit 2,9 Individuen). Insgesamt kam es in 71,3% der Fundpunkte bzw. Streifgebiete zu einer Überlappung mit mind. einem anderen Individuum, im Mittel auf einer Länge von 3,3 km. Nur 4 Individuen, die allesamt nur an je einem Fundpunkt gefunden wurden, überlappten sich mit keinem anderen Individuum, wobei 3 dieser Individuen am Rande des Untersuchungsgebietes detektiert wurden, so dass davon auszugehen ist, dass ein Teil ihres Reviers außerhalb des Untersuchungsgebietes liegt (siehe Abbildung 35). Der Verwandtschaftsgrad zwischen den 28 gefundenen Individuen betrug im Mittel R=0,39 (Median: 0,27). Potentiell gab es 18 Paare (betraf 19 der 28 Individuen), deren Streifgebiete bzw. Fundpunkte sich mit einem anderen Individuum überlappten, zu dem der Verwandtschaftsgrad R ≥ 0,5 war und anhand der Genotypen ein Eltern-Kind-Verhältnis möglich wäre (es könnte sich aber auch um Geschwister handeln).

Insgesamt wurden im Waldviertel 13 Individuen nur an einem Fundpunkt gefunden (teilweise an 2 Tagen). Das Waldviertel ist durch die Vielzahl der nahbeieinander liegenden Teiche ein sehr heterogenes Untersuchungsgebiet, das anders als der Russbach im Weinviertel oder Trattenbach und Pitten im Industrieviertel kein in sich abgeschlossenes Gebiet darstellt. Dadurch ist es sehr wahrscheinlich, dass manche Otterreviere nur angeschnitten wurden, weshalb etliche Individuen nur durch eine Probe repräsentiert sind. Dabei könnten einzelne Proben ebenso Jungtiere repräsentieren, die oft schwerer zu detektieren sind, da sie ihre Losungen weniger zur innerartlichen Kommunikation verwenden, sondern koten um den Darm zu entleeren, was zuweilen auch im Wasser sein kann (Kean *et al.* 2011; Kruuk 2006).

© KOFLER Umweltmanagement

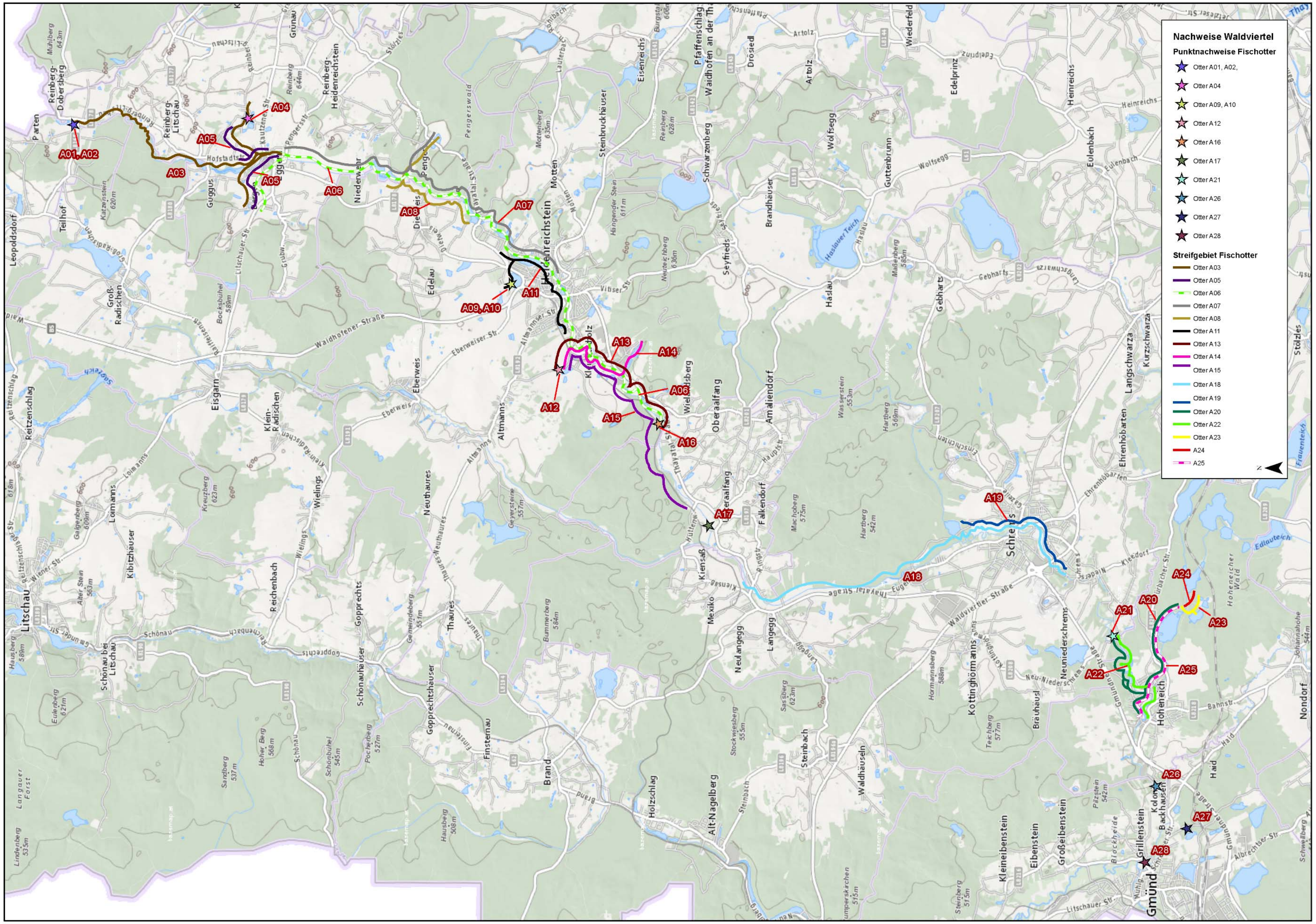


Abbildung 35: Streifgebiete der gefundenen Fischotter im Waldviertel (Quelle Hintergrund: www.basemap.at)

Tabelle 16: Kenngrößen zur räumlichen und zeitlichen Nutzung der Fischotter im Waldviertel.
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. In der letzten Zeile sind die Mittelwerte angegeben.

Waldviertel

Otter	Anzahl genotyp. Proben	Fanggeschichte Tag					Anzahl Markierplätze	Streifgebiet [km]	Anteil Überlappung
		1	2	3	4	5			
Otter A01	1	0	0	1	0	0	1	–	1
Otter A02	1	0	0	0	1	0	1	–	1
Otter A03	8	1	1	1	1	1	4	7,7	0,376
Otter A04	1	0	0	0	0	1	1	–	1
Otter A05	4	1	1	0	1	0	2	2,4	1
Otter A06	5	1	1	1	0	0	2	12,3	0,968
Otter A07	10	1	1	1	1	1	6	7,1	1
Otter A08	4	1	0	0	0	1	3	2,9	1
Otter A09	1	1	0	0	0	0	1	–	1
Otter A10	1	0	0	1	0	0	1	–	1
Otter A11	2	0	1	1	0	0	2	2,7	0,787
Otter A12	2	0	0	0	1	1	1	–	1
Otter A13	2	1	0	0	0	1	2	3,2	1
Otter A14	2	0	1	0	1	0	2	2,4	0,715
Otter A15	2	0	1	0	0	0	2	5,1	0,619
Otter A16	1	0	1	0	0	0	1	–	1
Otter A17	1	0	0	0	0	1	1	–	0
Otter A18	2	1	1	0	0	0	2	7,3	0,365
Otter A19	2	1	0	0	1	0	2	2,9	0,904
Otter A20	3	1	1	0	0	1	2	2,9	1
Otter A21	1	0	0	0	1	0	1	–	0,5
Otter A22	3	1	1	0	0	0	2	2,4	1
Otter A23	2	0	1	0	0	0	2	0,7	0,014
Otter A24	1	0	0	0	0	1	1	–	1
Otter A25	3	0	1	0	1	1	3	2,5	0,723
Otter A26	1	1	0	0	0	0	1	–	0
Otter A27	1	0	0	0	0	1	1	–	0
Otter A28	2	1	0	0	0	1	1	–	0
Mittelwert	**2,5**						**1,8**	**4,3**	**0,713**

© KOFLER Umweltmanagement

Reviere im Weinviertel:

Die minimale Streifgebietsgröße im Weinviertel innerhalb der 7 Sammeltage beläuft sich auf 1,6 bis 20,8 km Ufer, im Mittel auf 9,3 km (Median: 6,5 km) (Tabelle 17). Nur ein Individuum wurde nur einmal an einem Punkt gefunden (siehe Abbildung 36). Besagter Punkt liegt am Rand des Untersuchungsgebietes, so dass sich das weitere Revier dieses Tieres sicherlich flussabwärts in Richtung Donau und deren Altarme bzw. auf den am Fundort einmündenden Bach erstreckt. Jedes der übrigen 6 Streifgebiete überlappte sich mit je einem anderen Individuum, im Mittel auf 3,8 km. Insgesamt überlappten sich 51,2% (Median: 35,1%) der Streifgebiete bzw. Fundpunkte. Das nur einmal gefundene Individuum überlappte sich mit keinem anderen Fischotter (siehe Abbildung 36). Der Verwandtschaftsgrad zwischen den 7 gefundenen Individuen betrug im Mittel R=0,47 (Median: 0,31). Es gab nur ein Pärchen, das potentiell eine Fähe mit ihrem Jungtier sein könnte (B03 – B04) oder Geschwister mit überlappenden Revieren.

Im Referenzgebiet Weinviertel gibt es im direkten Umfeld des Russbachs nur wenige andere geeignete Fließ- oder Standgewässer. Der Weidenbach, ein östlicher Parallelfluss zum Russbach, ist ca. 10 km entfernt, ohne dass diese beiden Flüsse sich über Nebenarme annähern würden oder gar verbunden sind (siehe Abbildung 15). Westlich des Russbachs befindet sich in ca. 5-10 km Entfernung ein Donaugraben, aber auch hier sind die Verbindungen über Nebenarme nur sehr begrenzt. Daher ist davon auszugehen, dass die hier gefundenen Individuen sich vor allem am Russbach und seiner Nebenarme aufhalten und es innerhalb der 5 Untersuchungstage kaum zu einer Emi- bzw. Immigration der Tiere aus oder in das Untersuchungsgebiet gekommen ist. Das spiegelt sich auch im Datensatz wider, in dem jedes Individuum an verschiedenen Punkten und an mehreren Tagen gefunden wurde, mit Ausnahme des Otters B07, dessen Revier sich wahrscheinlich, wie oben bereits erwähnt, weiter flussabwärts erstreckt.

© KOFLER Umweltmanagement

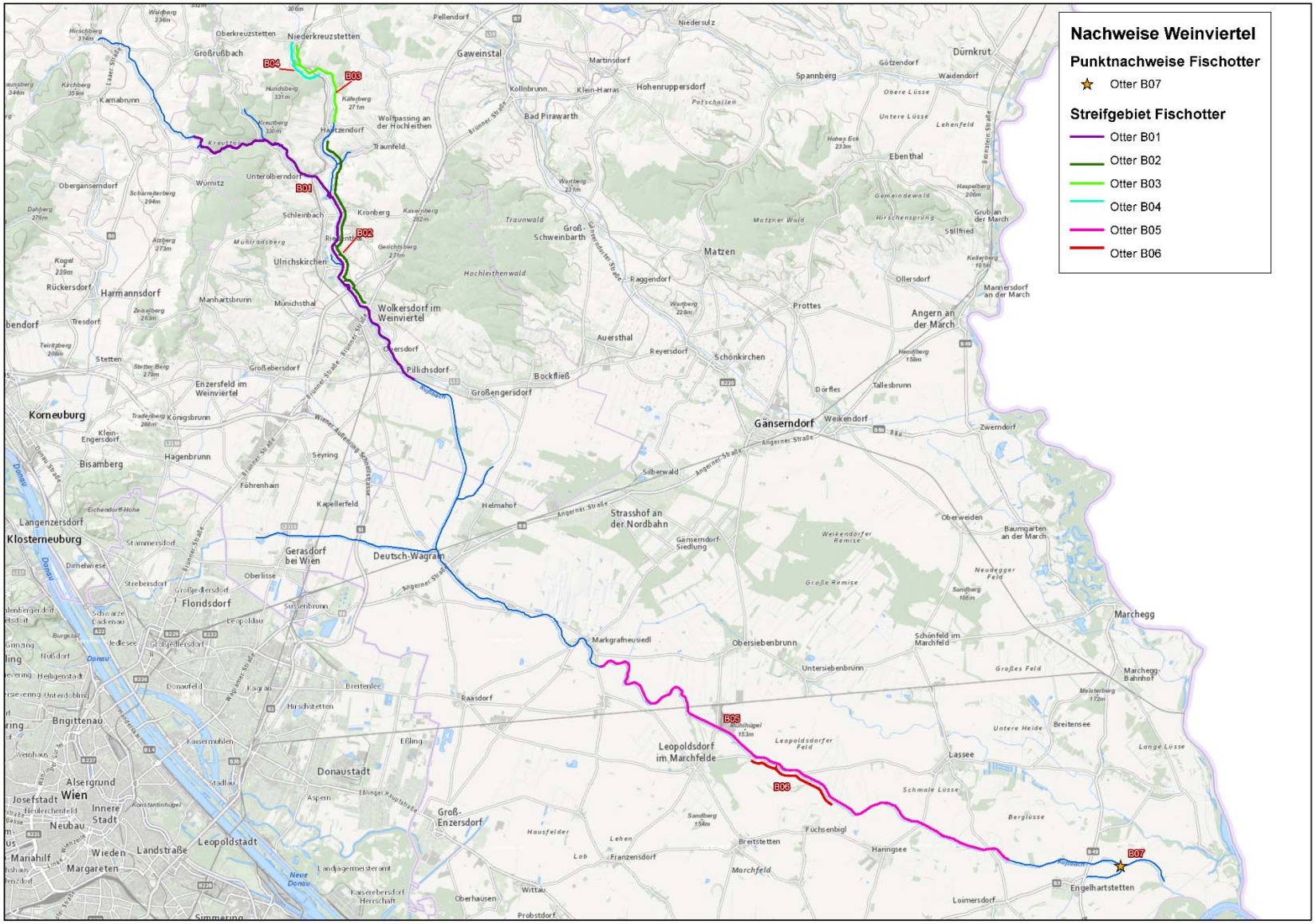


Abbildung 36: Streifgebiete der gefundenen Fischotter im Weinviertel (Quelle Hintergrund: www.basemap.at)

Tabelle 17: 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. In der letzten Zeile sind die Mittelwerte angegeben.

Weinviertel

Otter	**Anzahl genotyp. Proben**	**Fanggeschichte Tag**							**Anzahl Markierplätze**	**Streifgebiet [km]**	**Anteil Überlappung**
		1	**2**	**3**	**4**	**5**	**6**	**7**			
Otter B01	6	0	0	1	1	0	0	0	5	16,8	0,351
Otter B02	3	0	0	1	0	1	0	0	3	8,4	0,702
Otter B03	4	0	1	1	0	0	1	0	4	4,5	0,347
Otter B04	2	0	0	1	0	0	0	1	2	1,6	1
Otter B05	4	0	1	1	0	0	1	0	3	20,8	0,182
Otter B06	4	1	0	0	0	0	1	1	3	3,8	1
Otter B07	1	1	0	0	0	0	0	0	1	–	0
Mittelwert	**3,4**								**3**	**9,3**	**0,512**

© KOFLER Umweltmanagement

Reviere im Industrieviertel:

Im Industrieviertel wurden innerhalb von 5 Sammeltagen 7 Individuen an mehreren Punkten gefunden mit minimalen Streifgebietsgrößen von 1,5 bis 18,6 km entlang des Flusses, im Mittel (und im Median) von 9,1 km (Tabelle 18). Wiederum 7 Individuen konnten nur an einem Fundpunkt gefunden werden, eines davon mit 3 Proben an verschiedenen Sammeltagen (siehe Abbildung 37). Jedes der 14 Individuen überlappte sich mit 1-4 anderen Individuen, im Mittel mit 2,4 Individuen auf durchschnittlich 5,6 km Fluss. Insgesamt überlappten sich die 14 Individuen auf 77,7% ihrer Streifgebiete bzw. Fundpunkte. Das Verwandtschaftsverhältnis zwischen den gefundenen Individuen im Industrieviertel betrug durchschnittlich R=0,41 (Median: 0,35). Es gab 6 Paare, die sich überlappten und einen Verwandtschaftsgrad von R ≥ 0,5 hatten, so dass es sich potentiell um Fähen mit Jungtieren handeln könnte bzw. um Geschwister oder aber Rüden und ihren Nachwuchs.

Im Referenzgebiet Industrieviertel liegen Feistritz und Pitten in einem tief eingeschnittenen Tal umgeben von ca. 500-1500 m hohen Bergen. Die vielen Nebenarme, die in beide Flüsse münden, sind vornehmlich Rinnsale (< 1 m breit) mit sehr geringer bzw. periodischer Wasserführung. Einmündende wasserführende Bäche oder Flüsse wurden in die Beprobung zumindest teilweise miteinbezogen. Durch diese geographische Lage und die Verteilung der Untersuchungspunkte kann davon ausgegangen werden, dass die tatsächlichen Reviere der Fischotter im Untersuchungsgebiet zu einem erheblichen Teil abdeckt worden sind und es während der Sammelzeit so zu keiner nennenswerten Immi- oder Emigration der Tiere gekommen ist, mit einer Ausnahme: Ein Individuum wurde an 2 Fundpunkten detektiert, die an einem Nebenarm der Pitten – dem Schlattenbach – liegen und am Hauptfluss nicht gefunden wurden. Der Schlattenbach hat eine Länge von insgesamt 18,2 km und wurde nur auf den ersten 2,3 km untersucht. Es ist anzunehmen, dass dieses Individuum den größten Teil seines Revieres am Schlattenbach hat. Mit diesem Grundproblem haben jedoch alle Studien, die an Flüssen durchgeführt werden, zu kämpfen, so dass die Ergebnisse mit anderen Studien durchaus vergleichbar sind.

© KOFLER Umweltmanagement

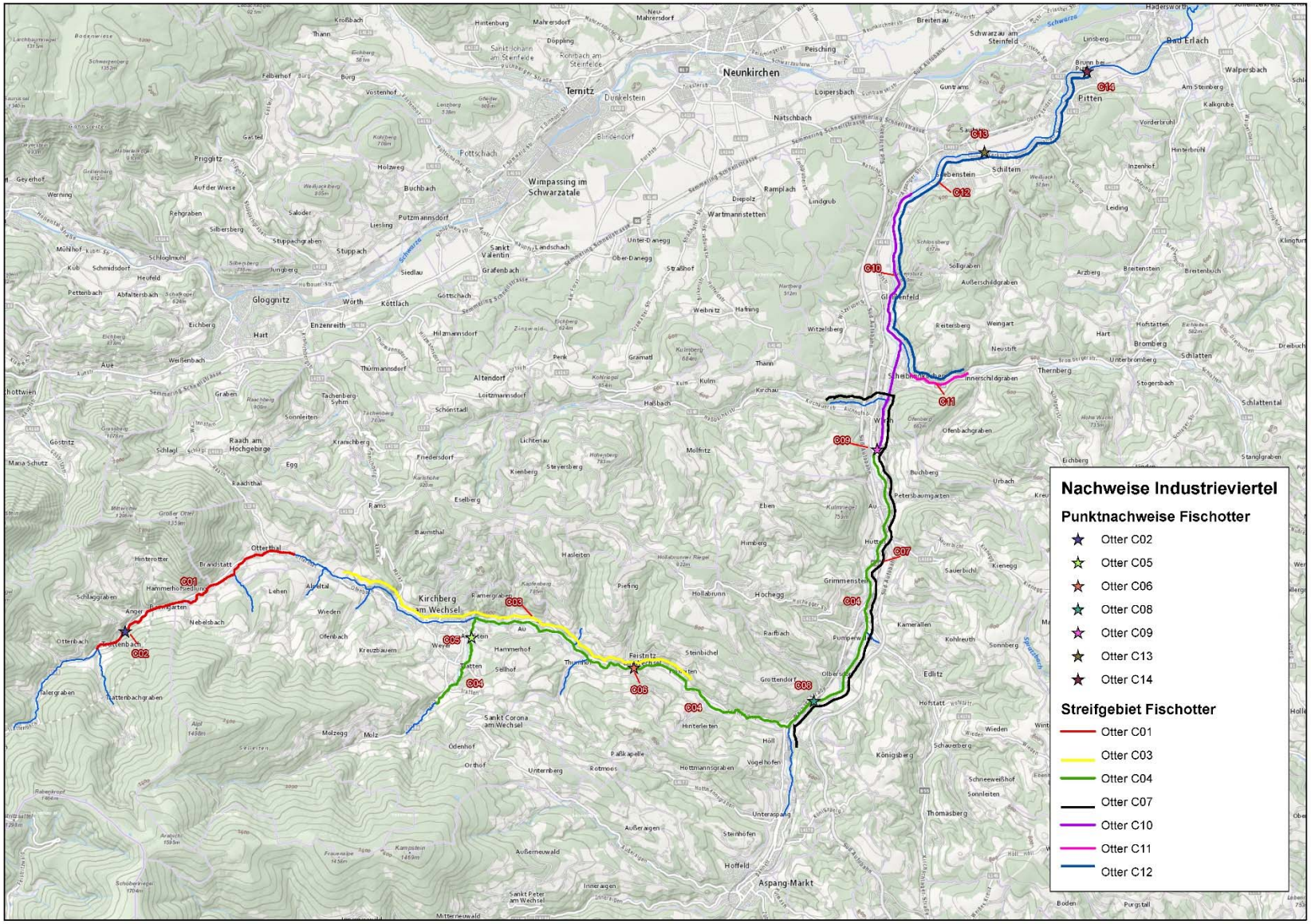


Abbildung 37: Streifgebiete der gefundenen Fischotter im Industrieviertel (Quelle Hintergrund: www.basemap.at)

Tabelle 18: 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. In der letzten Zeile sind die Mittelwerte angegeben.

Industrieviertel

Otter	Anzahl genotyp. Proben	Fanggeschichte Tag 1	2	3	4	5	Anzahl Markierplätze	Distanz [km]	Anteil Überlappung
Otter C01	6	1	0	1	0	1	6	5,6	0,002
Otter C02	1	0	0	1	0	0	1	–	1
Otter C03	2	1	0	0	0	1	2	9,1	0,611
Otter C04	5	1	0	1	0	1	5	18,6	0,710
Otter C05	3	0	0	1	0	1	1	–	1
Otter C06	1	0	0	0	0	1	1	–	1
Otter C07	7	0	1	1	1	1	4	10,7	0,821
Otter C08	1	0	0	0	1	0	1	–	1
Otter C09	1	0	0	1	0	0	1	–	1
Otter C10	3	1	1	0	1	0	3	6,4	0,783
Otter C11	3	0	1	0	0	1	2	1,5	1
Otter C12	6	1	1	1	0	0	4	11,8	0,445
Otter C13	1	0	0	1	0	0	1	–	1
Otter C14	1	1	0	0	0	0	1	–	0,5
Mittelwert	**2,9**						**2,4**	**9,1**	**0,777**

© KOFLER Umweltmanagement

Reviere im Mostviertel:

Im Laufe der 5 Sammeltage konnten im Mostviertel 7 Individuen mit minimalen Streifgebietsgrößen zwischen 0,5-3,7 km Länge detektiert werden (Mittel: 2,3 km; Median: 2,4 km) (Tabelle 19). 7 weitere Individuen konnten nur an einem Punkt gefunden werden, bei einem Individuum mit zwei Proben an unterschiedlichen Tagen (Tabelle 19). Es überlappten sich nur 7 Individuen mit meist einem anderen Individuum, in einem Fall mit zwei Individuen, auf im Mittel 1,7 km (Median: 2,4 km) (siehe Abbildung 38). Der Überschneidungsanteil aller 14 Individuen lag bei 33,7% (Median: 0,3%). Der Verwandtschaftsgrad aller gefundenen Individuen ergab im Mittel ein R von 0,4 (Median: 0,35). Keines der sich überlappenden Paare zeigte einen Verwandtschaftsgrad von R ≥ 0,5. Nur ein Paar, dessen Streifgebiete sich an einem Punkt trafen, aber in der jeweils anderen Flussrichtung weiter verliefen, zeigte einen Verwandtschaftsgrad, der ein Eltern-Kind oder Geschwister-Verhältnis vermuten lässt.

Die Url und der Unterlauf der Ybbs waren anders als die untersuchten Flüsse in Wein- und Industrieviertel ebenfalls ein eher offenes und heterogenes Referenzgebiet. Am Unterlauf der Ybbs kamen etliche stehende Gewässer zu liegen, die ein interessantes Otterhabitat darstellen dürften. Ebenso gab es etliche Zuflüsse, die nur teilweise mit beprobt werden konnten. Die Streifgebiete der an Url und Ybbs gefundenen Fischotter zeigten eine sehr geringe Ausdehnung, mit im Mittel nur 1,6 Fundpunkten je Individuum (Tabelle 19). Das könnte zum einen an der vergleichsweise geringen Erfolgsrate der Genotypisierung liegen (40%), wodurch etliche Proben von nur einmal gefundenen Individuen verworfen werden mussten. Zum anderen könnte es durchaus möglich sein, dass einige Reviere nur zum Teil durch das Untersuchungsgebiet abgedeckt wurden.

© KOFLER Umweltmanagement

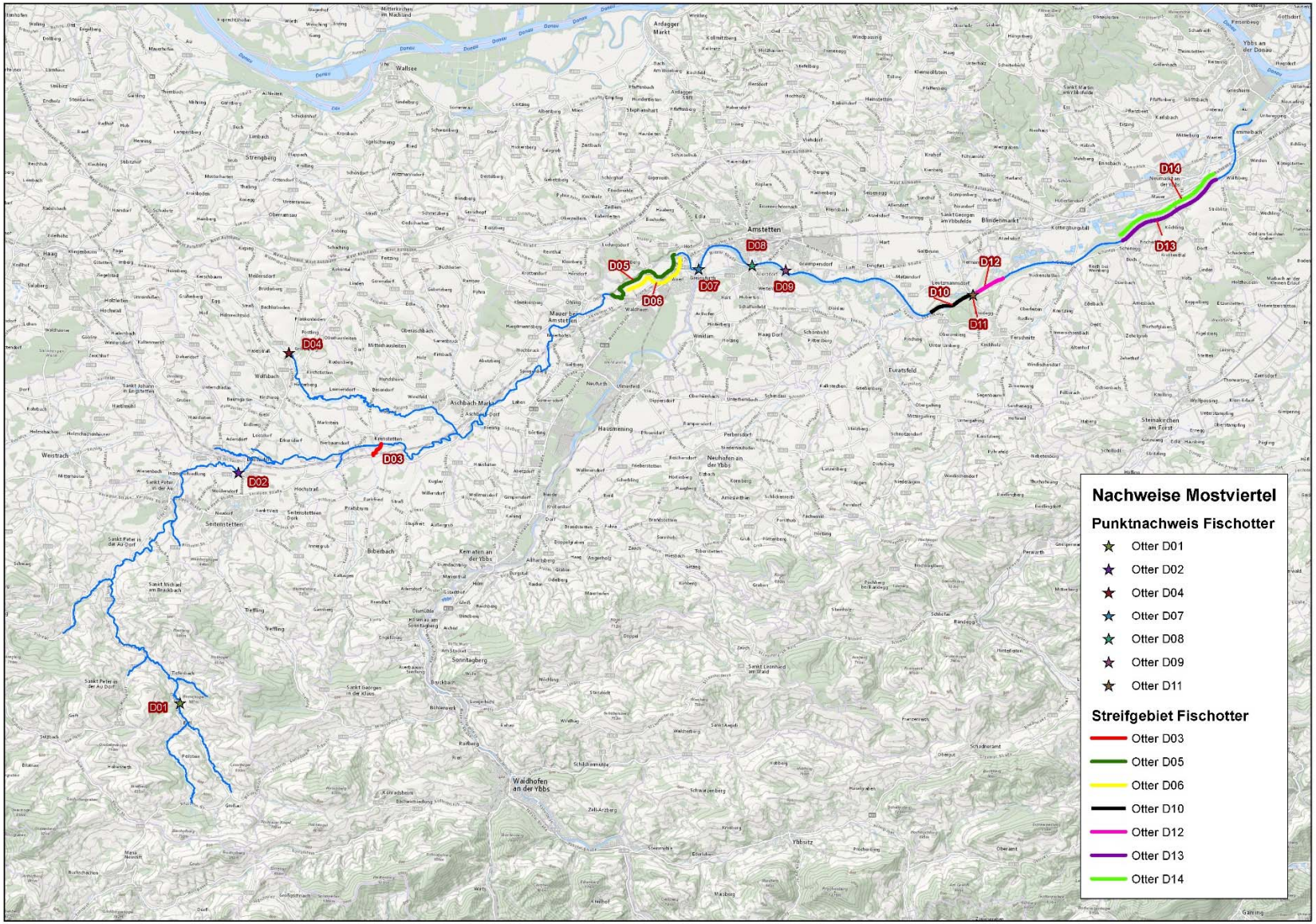


Abbildung 38: Streifgebiete der gefundenen Fischotter im Mostviertel (Quelle Hintergrund: www.basemap.at)

© KOFLER Umweltmanagement

Tabelle 19: 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. In der letzten Zeile sind die Mittelwerte angegeben.

Mostviertel

Otter	Anzahl genotyp. Proben	Fanggeschichte Tag 1	2	3	4	5	Anzahl Markierplätze	Streifgebiet [km]	Anteil Überlappung
Otter D01	1	1	0	0	0	0	1	–	0
Otter D02	1	0	0	0	1	0	1	–	0
Otter D03	2	0	0	1	0	1	2	0,5	0
Otter D04	1	1	0	0	0	0	1	–	0
Otter D05	2	0	1	0	1	0	2	3,3	0,712
Otter D06	5	0	1	1	0	0	3	2,4	1
Otter D07	1	1	0	0	0	0	1	–	0
Otter D08	2	0	0	1	1	0	1	–	0
Otter D09	1	0	0	0	0	1	1	–	0
Otter D10	5	0	1	1	0	1	2	1,5	0,003
Otter D11	1	0	0	1	0	0	1	–	1
Otter D12	2	0	0	0	1	1	2	1,1	0,005
Otter D13	2	1	0	0	1	0	2	3,7	1
Otter D14	2	0	1	0	1	0	2	3,7	1
Mittelwert	**2**						**1,6**	**2,3**	**0,337**

© KOFLER Umweltmanagement

Im Vergleich zwischen den vier Referenzgebieten fallen die sehr geringen Streifgebietsgrößen im Wald- und Mostviertel auf. Wie oben bereits erwähnt, ist der Grund im Mostviertel wahrscheinlich eine zu geringe Genotypisierungs-Erfolgsrate und das heterogene Untersuchungsgebiet. Es ist daher fraglich, ob die erzielten Streifgebietsgrößen von durchschnittlich 2,3 km die tatsächlichen Streifgebietsgrößen widerspiegeln. Im Waldviertel sind die Reviere natürlicherweise kleiner, da in unmittelbarer Nähe des Flusses Fischteiche zu liegen kommen (die bei der Berechnung der Streifgebietsgrößen nicht berücksichtigt wurden). Das heißt, in den vergleichsweise kurzen Fließgewässer-Streifgebieten befinden sich jeweils etliche Teiche, was zu kleineren Revieren führen kann. Ebenso kam es zu einer hohen Überlappung der Streifgebiete im Waldviertel. Beide Phänomene wurden auch bereits in Teichgebieten in der Oberlausitz (Sachsen, Deutschland) nachgewiesen (Lampa 2015), mit vergleichsweise geringen Streifgebietsgrößen von 10,9 ha für weibliche Fischotter und 26,1 ha für Männchen und einer Überlappung von 53,3-76,5%. Vergleichbare Streifgebietsgrößen wie im Waldviertel wurden auch in einer Studie an der Großen Ysper und dem Kleinen Kamp (Sittenthaler *et al.* 2015) – zwei Flüsse im Waldviertel, begleitet von einigen wenigen Teichen – gemessen, mit durchschnittlichen Streifgebietsgrößen von ca. 4-5 km.

Die Streifgebiete im Wein- und Industrieviertel beziehen sich anders als im Waldviertel hauptsächlich auf die Fließgewässer und haben eine vergleichbare Länge von 9,3 km (Weinviertel) bzw. 9,1 km (Industrieviertel). In der Studie von Sittenthaler *et al.* (2016) wurden minimale Streifgebietsgrößen von durchschnittlich 6,9 km an der Ois, 9 km an der Großen Ysper, und 15,2 km an Feistritz und Piesting gefunden. Die dabei ermittelten Gebietsgrößen entstammen jedoch aus einer Sammelperiode von 6 x 3 Sammeltagen und decken daher eine viel größere Zeitspanne ab, ebenso wie den Jahresverlauf. Dennoch liegen die hier ermittelten Zahlen für die minimale Streifgebietsgröße in dem Bereich, den auch Sittenthaler *et al.* (2016) detektierten. Erlinge (1967) fand an Flüssen in Südschweden mittlere Fischotterreviergrößen von ca. 7 km für Weibchen und ca. 15 km für Männchen. Die hier detektierten minimalen Streifgebietsgrößen von Wald-, Wein- und Industrieviertel sind also durchaus mit den Ergebnissen anderer Studien vergleichbar, während die Größe der tatsächlichen Reviere, wie sie bei Telemetriestudien ermittelt werden können, um ein Vielfaches darüber liegen. So zum Beispiel wurden in der Steiermark Weibchenreviere von 16,1-18,3 km detektiert und männliche Revierlängen von 25,2-28,3 km erfasst (Weinberger *et al.* 2016).

Die vergleichsweise hohe Überlappung der Streifgebiete in Wald- und Industrieviertel könnte auch ein Indiz für den Anteil an führenden Fähen sein. Da in dieser Studie nicht zwischen Adulten und Jungtieren unterschieden werden kann, sind führende Fähen daran zu erkennen, dass sie sich ein Streifgebiet zu einem hohen Maße mit einem oder mehreren anderen Individuen teilen – nämlich ihren Jungtieren – und zu diesen Individuen ein Verwandtschaftsgrad von $R \geq 0,5$ besteht. In beiden Referenzgebieten wurde neben dem hohen Überlappungsanteil auch eine hohe Anzahl von potentiellen Eltern-Kind-Paaren gefunden (18 im Waldviertel; 6 im Industrieviertel), wodurch dieser hohe Überlappungsanteil zum Teil erklärt werden kann. Dabei ist anzumerken, dass ebenso Vater-Kind-Überlappungen und Überlappungen adulter Geschwister vorkommen können und die gleichen Eigenschaften aufweisen. Im Gegensatz dazu gab es im Wein- und Mostviertel nur jeweils ein mögliches Fähe-Jungtier-Paar.

© KOFLER Umweltmanagement

3.3. Bestandsschätzung für Niederösterreich auf Grundlage der statistischen Modellierung

3.3.1. Habitatmodellierung

Durch die Habitatmodellierung wurden eine Reihe von Variablen gefunden, die die Vorkommenswahrscheinlichkeit und die Losungsmenge erklären (Modell 1). Für die weitere Hochrechnung waren diese Modelle jedoch nicht anwendbar, da kein eindeutig starker Zusammenhang zwischen den für die Referenzgebiete gefundenen Dichten und den Modellvorhersagen vorlag. Auch die Modellierung Individuen ~ Habitat (Modell 2) auf Ebene der Referenzgebiete war dazu nicht ausreichend. Hier waren die Konfidenzintervalle zu breit und hätten die Spanne der Vorhersage von Individuen nicht auswertbar gemacht. Ein Grund dafür ist, dass wichtige biologisch relevante Daten wie beispielsweise die Fischbiomasse und der Fischbesatz nicht flächendeckend für Niederösterreich vorlagen und so in den Modellen nicht berücksichtigt werden konnten.

Grafiken und Parametertabellen aus den Modellen liegen vor und können bei Bedarf vorgelegt werden.

3.3.2. Zusammenhang Anzahl der Fischotterlosung und Individuen

Basierend auf den Ergebnissen der Genetikkartierung wurden eindeutige Zusammenhänge zwischen Losungsanzahl und Individuenzahl (Modell 3) bzw. zwischen Losungsanzahl und Dichte (Modell 4) gefunden.

Für die Fischotterdichte (Modell 4) beschrieb ein lineares Modell (gaussian link) den Zusammenhang zwischen Fund- und relativer Individuendichte am besten (77% erklärte Varianz). Dabei wurden die Fischotterzahlen innerhalb des Waldviertels für Romau und Braunau vorab getrennt modelliert, so dass insgesamt fünf Teilgebiete entstanden (Tabelle 20). Auf dieser Landschaftsebene, mit im Mittel 65 km abgesammelter Uferlänge (42-94 km), entspräche eine hohe Losungsdichte von 1,86 je abgesammeltem Flussufer- bzw. Teichkilometer dem Modell nach 0,34 (95%CI: 0,25-0,43) Fischottern pro km Uferlänge. Eine niedrige Losungsdichte von 0,52 je abgesammelter Flussufer- und Teichkilometer entspräche einer Fischotterdichte von 0,10 (95%CI: 0,01-0,19). Abbildung 39 verdeutlicht diesen Zusammenhang.

Tabelle 20: Zusammenfassung der Losungsdichte und Individuendichte der vier Referenzgebiete, wobei im Waldviertel zwischen dem Romaubach und dem Braunaubach unterschieden wird.

Referenzgebiet	Uferlänge in km	Anzahl gesammelter Losungen (ohne Mink)	Otterdichte LB-Modell [Otter/km Ufer]
Waldviertel_Romau	42,2	76 (Kotdichte: 1,8)	0,36 (95%KI: 0,25-0,48)
Waldviertel_Braunau	41,9	54 (Kotdichte: 1,3)	0,29 (95%KI: 0,2-0,37)
Weinviertel	94	47 (Kotdichte: 0,5)	0,072 (95%KI: 0,05-0,1)
Industrieviertel	61	95 (Kotdichte: 1,6)	0,21 (95%KI: 0,1-0,33)
Mostviertel	84,9	70 (Kotdichte: 0,8)	0,19 (95%KI: 0,13-0,26)

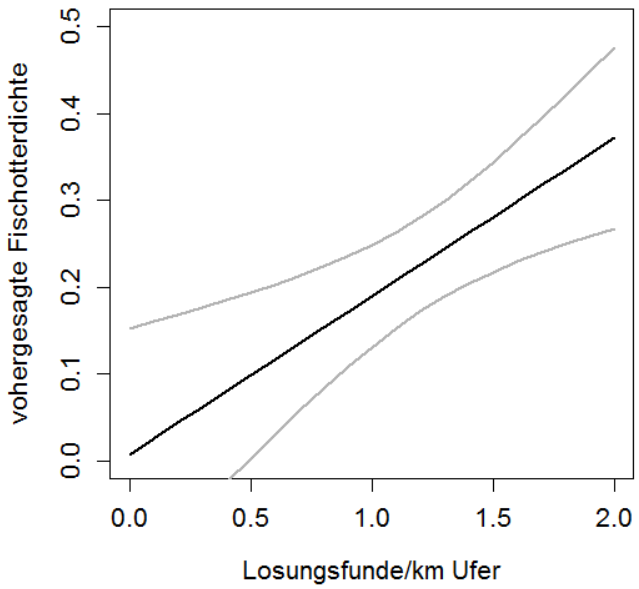


Abbildung 39: Zusammenhang der vorhergesagten Dichten von Fischottern durch das Model 4 und deren Losung pro Kilometer abgesammelter Teich- und Flusskilometer für die fünf untersuchten Teilgebiete (schwarze Linie – Mittelwert; graue Linien – 95%iges Vorhersageintervall).

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.

Der Zusammenhang zwischen Losungs- und Individuenzahl (Modell 3) wurde durch Poissonmodelle (log link) mit unimodalem Zusammenhang (Polynom 1. Ordnung) am besten beschrieben (Abbildung 40). Dabei erklärte das Modell, welches alle genotypisierten Individuen vorhersagte, 61% der Varianz in den Daten bei Signifikanzniveaus von $p < 2{,}1 \times 10^{-16}$. Bei einem zweiten Modell, das je Datensatz ein nicht identifiziertes unbekanntes Individuum annahm, waren es 70% erklärte Varianz mit Signifikanzniveaus von $p < 2 \times 10^{-16}$. Aufgrund der höheren Modellgüte und aufgrund der Gefahr

der Unterschätzung wird im Folgenden das Szenario mit einem zusätzlichen unbekannten Individuum als beste Näherung für die realen Verhältnisse angenommen. Auf Ebene der Kartierpunkte entsprechen damit ca. sechs Losungsfunde pro Punkt der jeweils höchstmöglichen Individuendichte an Fischottern. Bei dem Modell welches für die weitere Anwendung ausgewählt wurde, waren es 4,3 Individuen (+/- 0,71).

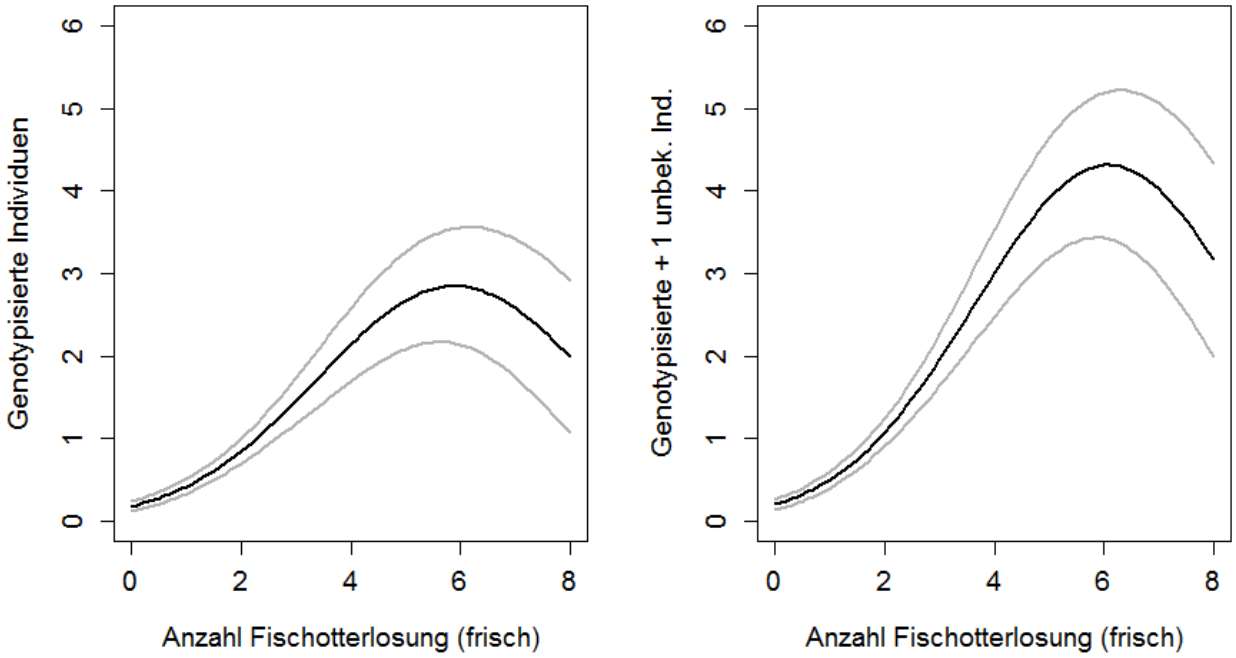


Abbildung 40: Zusammenhang zwischen der Anzahl gefundener frischer Fischotterlosung (x-Achse) und genotypisierte bekannte Individuen (links) sowie genotypisierte Individuen + 1 unbekanntes Individuum (rechts). (bekannte Individuen = 61% erklärte Varianz; Genotyp. Ind + 1 unbek. Ind. = 70% erklärte Varianz).

Der unimodale (kurvenförmige) Zusammenhang verdeutlicht, dass die Individuenzahl oberhalb von ca. sechs Losungsfunden pro Punkt wieder sinkt und es also keinen linearen Zusammenhang gibt. Dies kann mit einer Sättigung (Dichteabhängigkeit) erklärt werden, da die Umgebung eines Punktes nicht mehr als x Individuen zulässt. Große Losungsansammlungen könnten demnach auf besonders attraktive Punkte hindeuten, die von den wenigen vorhandenen Individuen stärker frequentiert werden. Solch hohe Werte werden in den Brückendatensätzen aber nicht erreicht. So lag der Mittelwert für frische Losung unter Ausschluss von Nichtfunden bei 1,94 pro Brücke, der Median bei 1.

Die Evaluierung des Individuenmodells (Modell 3: Genotyp. Individuen + 1 unbek. Ind. ~ Losung) zwischen den vier Teilgebieten ergab eine sehr hohe Übereinstimmung (Korrelation) zwischen vorhergesagter und beobachteter Individuenzahl an den Erfassungspunkten. Der mittlere Spearman-Korrelationskoeffizient lag über 0,92.

Dass die Modelle 3 und 4 sowohl auf Landschaftsebene (Dichtemodell) als auch auf Punktebene (Individuenmodell) übereinstimmend einen starken Zusammenhang zwischen Anzahl Losungen und

Individuen bzw. Dichte postulierten, zeigt, dass dieser Zusammenhang valide ist. Da für die Hochrechnung nur die punktuell vorliegenden Daten der Brückenkartierung herangezogen werden konnten und beide Modelle 3 und 4 den Zusammenhang zwischen Losungen und Individuen bzw. Dichte gleich gut beschreiben, wurde das Individuenmodell (Modell 3) für die weitere Hochrechnung des Bestands gewählt.

3.3.3. Bestandsschätzung

Anhand des gewählten Modells 3 (Individuenmodell) für den Zusammenhang zwischen Individuenanzahl und Losungsanzahl konnte für jede Brücke die Anzahl an Individuen modelliert werden. Bei dieser Extrapolation konnten nun ebenfalls zwei Ansätze angewandt werden – die summierte Anzahl der vorhergesagten Individuen an jeder Brücke (Punktmodell) und die Aggregation der vorhergesagten Individuen je Brücke auf die Gewässereinzugsgebiete von insgesamt 7757 km Länge (Landschaftsmodell).

Wendet man das Individuenmodell (Modell 3) auf den Ursprungsdatensatz der Genetikkartierung an, wird die genetisch gefundene Populationsgröße von insgesamt 66 Tieren überschätzt. Da die Punkte der Genetikkartierung nur ca. 0,8 km auseinander liegen, können Individuen an benachbarten Punkten mehrfach auftauchen. Je nach Szenario schwankt dieses Verhältnis aus genetisch ermittelten Individuen und modellierter Populationsgröße zwischen 2,5 und 3,9 und bedeutet, dass sich an einem Punkt entsprechend viele Otter (z.B. Fähen mit Jungtieren) überlappen können (siehe Kapitel 3.2.2.3.). Das Problem der Überlappung ist bei dem Brückendatensatz weniger gegeben, da die Brücken im Mittel 2,6 km auseinander liegen und eine Überlappung der Individuen damit geringer ausfällt. Wird das Individuenmodell auf den Datensatz der Brückenkartierung angewandt (Punktmodell), ergeben sich je nach Verwendung der Anzahl von frischer, mittelalter oder alter Losung unterschiedliche Schätzungen (Tabelle 21). Während die Vorhersage bei der Verwendung der frischen Losungsanzahl die Gesamtpopulation offensichtlich unterschätzt (N = 365), liegen die Werte bei Verwendung der mittelalten Losung und der alten Losung als Vorhersagevariablen im Bereich der Vorhersagen durch die Schätzung per Gewässereinzugsgebiete (Landschaftsmodell) (Tabelle 21 und Tabelle 22). Das lässt sich dadurch erklären, dass die Grundlage der Genetikkartierung zwar frische Losungen waren, diese wurden jedoch über 5 Sammeltage hinweg gesammelt. Das heißt, Grundlage der Genetikkartierung waren alle Losungen, die innerhalb von 5 Tagen abgelegt wurden. Bei der Brückenkartierung entsprechen die frischen Losungen aber nur einem Sammeltag, die mittelalten Losungen akkumulieren jedoch alle Losungen der letzten 6 Tage (7 Tage – Sammeltag) und entsprechen dadurch viel eher den Daten der Genetikkartierung. Die alte Losung der Brückenkartierung akkumuliert dagegen weit mehr Losungen (2-3 Wochen); dass dennoch die Schätzung ähnlich der Schätzung unter Verwendung der mittelalten Losung ist, liegt daran, dass Losungen nach 2-3 Wochen beginnen sich aufzulösen, so dass nicht alle zu der Zeit abgelegten Losungen in der Kategorie „alte Losung“ zu finden sind.

Tabelle 21: Vorhersagewerte bei Anwendung des Individuenmodells (Genotyp. Individuen + 1 unbek. Ind. ~ Losung) auf die Brückendaten von 2018 (Punktmodell der Extrapolation). Angegeben ist die Schätzung (N NOE) und das 95% Konfidenzintervall mit Minimum und Maximum.

Losungstyp	N NOE	Minimum	Maximum
2018 (Frühjahr)			
frisch	365	283	446
mittelalt	924	696	1150
alt	971	722	1220

Allerdings wirft das Individuenmodell auf Basis der Brückenpunkte die Frage auf, ob die Abstände der Brücken so günstig sind, dass über längere Zeiträume der größte Teil der niederösterreichischen Fischotterpopulation an ihnen auftaucht und die Population damit auch über die Erfassung mittelalter Losung und Anwendung des entsprechenden Losungsmodells vorhersagbar ist. Aus diesem Grund sollte der Gesamtbestand auch mit Hilfe eines räumlich expliziten Modells (Landschaftsmodell) geschätzt werden.

Bei der Anwendung des Landschaftsmodells ergab sich eine Populationsgröße von N = 1091 (848-1333) (Tabelle 22). Das Konfidenzintervall dieses Modells, relativ zum Mittelwert, ist etwas schmäler und damit präziser als beim Punktmodell. Dennoch schließen sich beide Modelle (Punkt- und Landschaftsmodell) nicht aus, sondern sind ergänzend zu betrachten. Im sog. Landschaftsmodell handelt es sich um eine Hochrechnung per Transektmethode, die das Verhältnis aus durch Brücken abgedeckte Gewässerlänge zu Gesamtgewässerlänge des Einzugsgebietes heranzieht. Sie extrapoliert auf Grundlage der frischen Losung für die das Modell 3 Individuen ~ Losung kalibriert wurde. Das sog. Punktmodell wiederum extrapoliert mit der mittelalten Losung unter der Annahme, dass die Otter über die Zeitspanne, die mittelalte Losung definiert, mit gleicher Wahrscheinlichkeit an alle Brücken gelangen können. Somit kann für die Hochrechnung des Bestandes in Niederösterreich (inkl. Jungtiere) beiden Modellansätzen vertraut werden.

Tabelle 22: Modellvorhersagen der Fischotterpopulation in Niederösterreich mit zwei methodischen Ansätzen – einem räumlich expliziten Landschaftsmodell und einem Modell, das nur auf den Brückenpunkten basiert. Angegeben sind die Schätzung (N NOE), das 95% Konfidenzintervall (95%-KI) und die Schwankung, die angibt um wieviel Prozent die Min.- bzw. Max.-Schätzung in Relation zum jeweiligen Mittelwert abweicht. Die unterschiedliche Färbung der Ergebnisse wird in Abbildung 41 wieder aufgegriffen.

Methode	Ansatz	N NOE	95%-KI	Schwankung
Landschaftsmodell	N ~ Brücken 2018 frische Los. watershed	1069	831 - 1307	22%
Punktmodell	N ~ Brücken 2018 mittelalte Losung	924	696 - 1150	25%

Beide ausgewählten Ansätze des Punkt- bzw. Landschaftsmodells wurden im Anschluss auf den Brückendatensatz von Kranz & Polednik (2009) angewandt (Tabelle 23). Es zeigt sich, dass die Schätzung des Landschaftsmodells von N = 529, der damals von den Autoren angeführten „groben Bestandsschätzung“ (Kranz & Polednik 2009) von 300-500 Individuen entspricht, während das Punktmodell eine weit höhere Populationsgröße für Niederösterreich schätzt. Unter Umständen

© KOFLER Umweltmanagement

umfasst die Kategorie „mittelalte Losung“ bei Kranz & Polednik (2009) einen längeren Zeitraum als im Aufnahmejahr 2018, so dass sich mehr Losungen in dieser Kategorie akkumulieren.

Tabelle 23: Anwendung der ausgewählten Schätzmodelle für die Vorhersage der Fischotterpopulation in Niederösterreich auf den Brückendatensatz von 2008 (Kranz & Polednik 2009). Angegeben sind die Schätzung (N NOE), das 95% Konfidenzintervall (95%-KI) und die Schwankung, die angibt um wieviel Prozent die Min.- bzw. Max.-Schätzung in Relation zum jeweiligen Mittelwert abweicht. Die unterschiedliche Färbung der Ergebnisse wird in Abbildung 41 wieder aufgegriffen.

Methode	Ansatz	N NOE	95%-KI	Schwankung
Landschaftsmodell	N ~ Brücken 2008 frische Los. watershed	529	378 - 680	29%
Punktmodell	N ~ Brücken 2008 mittelalte Losung	778	610 - 946	22%

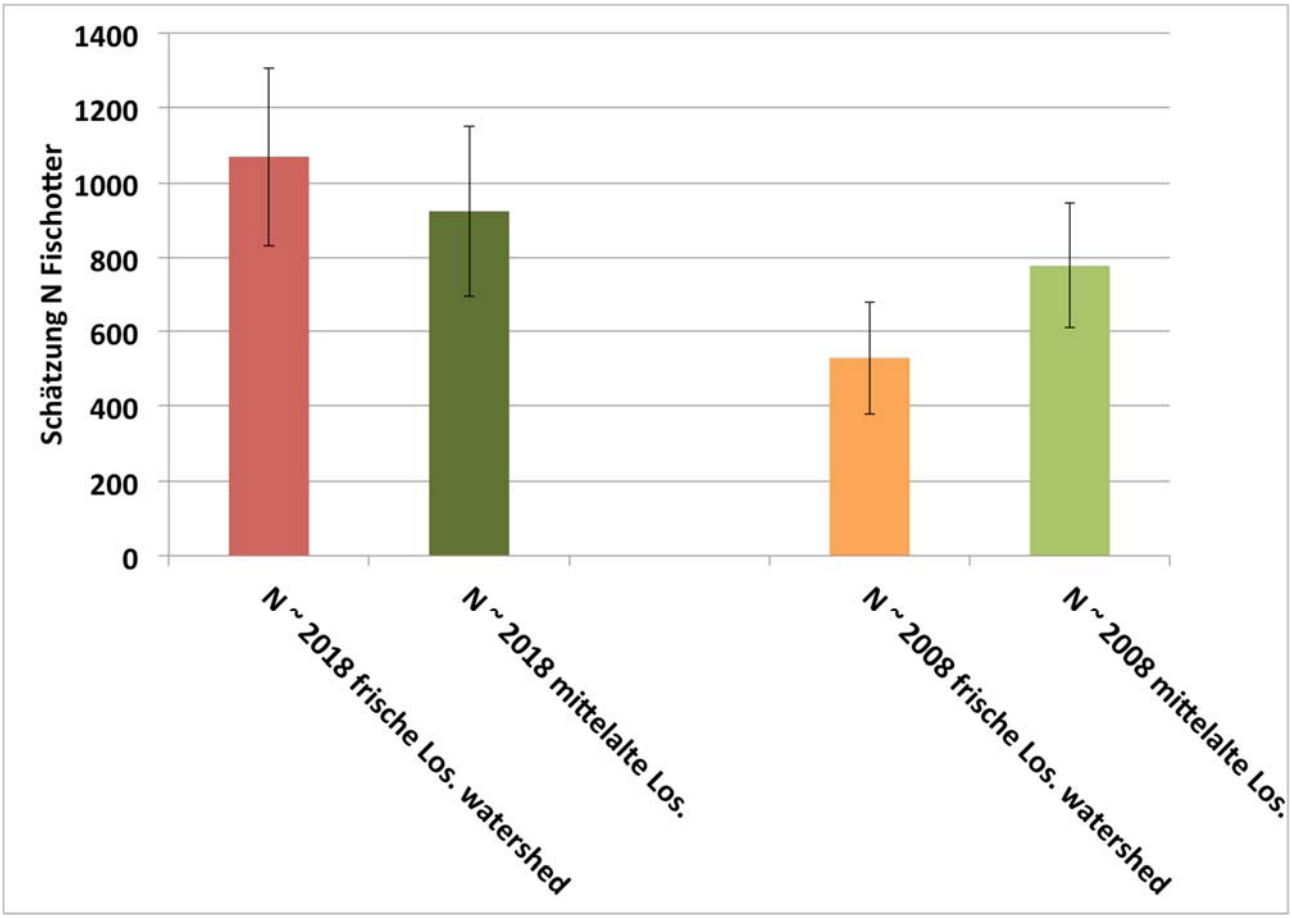


Abbildung 41: Schätzergebnisse der beiden Extrapolationsmodelle (Landschaftsmodell (rot/orange) – N ~ frische Los. Watershed; Punktmodell (grün) – N ~ mittelalte Los.) für den Brückendatensatz der Kartierung von 2018 (linke Balken) und der Kartierung von 2008 (rechts) (Kranz & Polednik 2009)

Anhand der Abbildung 41 ist zu erkennen, dass sich der Gesamtbestand der Fischotter in Niederösterreich innerhalb der letzten 9-10 Jahre nahezu verdoppelt hat. Eine ähnliche Beobachtung machten auch die Autoren der Studie von 2008 (Kranz & Polednik 2009), die ihre Ergebnisse mit einer Studie von 1999 verglichen (Kranz *et al.* 2001) und ebenfalls eine Verdopplung

© KOFLER Umweltmanagement

der Fischotterzahlen innerhalb dieser 9 Jahre postulierten. Bei diesem Vergleich ist jedoch zu beachten, dass Kranz & Polednik (2009) die Kartierung vornehmlich im Monat November, die Brückenkartierung 2018 vornehmlich im Monat Februar und die Genetikkartierung im März/April durchgeführt wurde. Wie in Kapitel 3.1.1 bereits erläutert, schwankt die Losungsanzahl bei Fischottern über das Jahr recht stark und liegt im Februar meist höher als im November. Das würde bedeuten, dass die Schätzungen für 2008 unterschätzt wären, zeitgleich muss jedoch beachtet werden, dass die Kartierung in 2008 vor den Wintermonaten und damit einer potentiell erhöhten Wintermortalität stattfand, die Kartierung 2018 aber zum Ende des Winters. Eine um die Wintermortalität bereinigte und damit mit 2018 vergleichbare Populationsgröße müsste daher wiederum niedriger liegen. Beide Effekte könnten sich gegenseitig ausgleichen, so dass die hier vorgestellten Zahlen durchaus realistisch sein könnten.

Für eine Beurteilung des Erhaltungszustandes (siehe Kapitel 3.4) wurden auf Basis des räumlich expliziten Ansatzes, also dem Landschaftsmodell, Bestandsschätzungen für die vier administrativen Viertel Niederösterreichs und die beiden biogeographischen Regionen (kontinentale Region, alpine Region) vorgenommen, die in ihrer Summe aber der Landschaftsmodell-Schätzung aus Tabelle 22 entsprechen. In der Tabelle 24 und Abbildung 42 sind diese Schätzungen mit den Konfidenzintervallen abgebildet.

Tabelle 24: Modellvorhersagen der Fischotterpopulationen in den einzelnen Vierteln und der alpinen, wie der kontinentalen biogeographischen Region, extrapoliert auf Basis des räumlich expliziten Landschaftsmodells. Angegeben sind die Schätzungen N, Min- und Max-Werte (95% Konfidenzintervall), die Anzahl der Flusseinzugsgebiete in den jeweiligen Regionen und die prozentuelle Schwankung der Min- und Max-Werte.

Region	N	Min	Max	Einzugsgebiete (watersheds)	Schwankung
Waldviertel	355	279	432	32	27%
Weinviertel	231	180	282	29	28%
Industrieviertel	194	149	238	31	30%
Mostviertel	280	216	344	31	30%
Alpin	259	201	317	38	29%
Kontinental	801	622	980	85	29%

© KOFLER Umweltmanagement

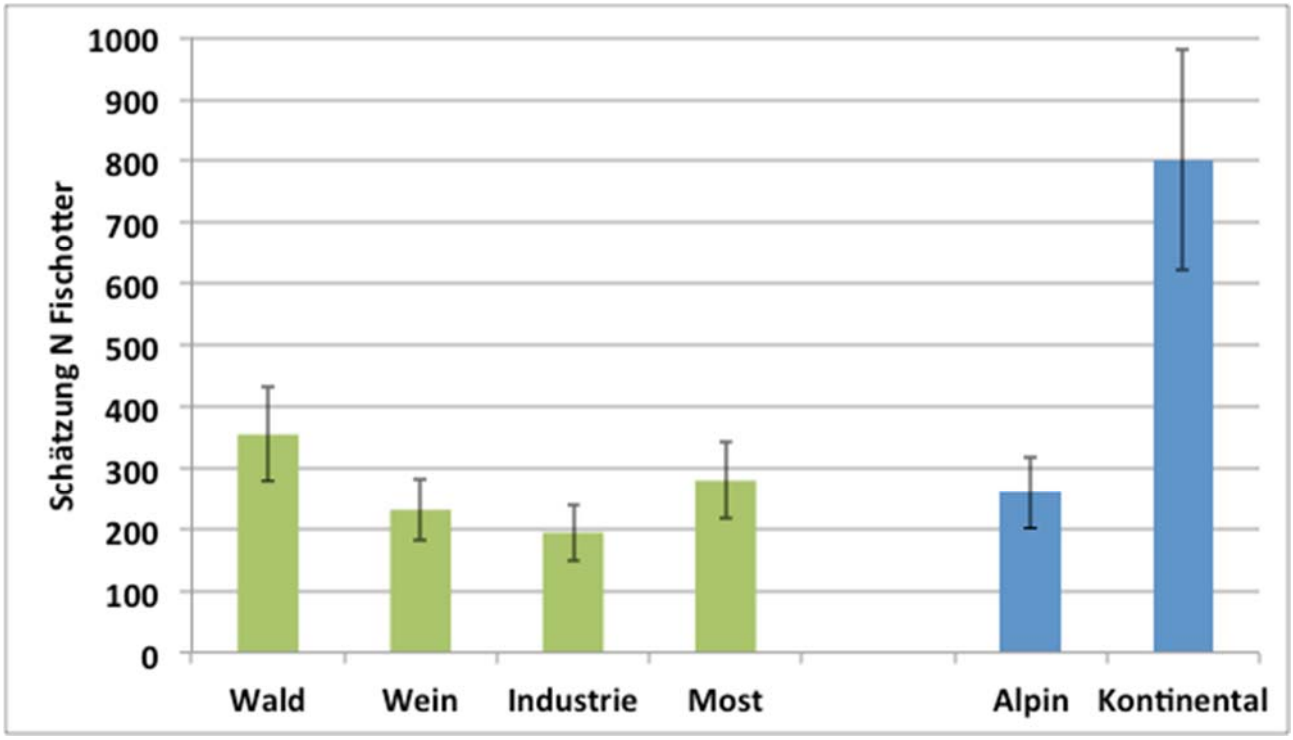


Abbildung 42: Schätzergebnisse des Landschaftsmodells N ~ frische Losung watershed basierend auf der Brückenkartierung 2018 aufgeteilt für jedes administrative niederösterreichische Viertel (grün; Waldviertel, Weinviertel, Industrieviertel und Mostviertel) und aufgeteilt für die beiden biogeographischen Regionen (blau; alpine Region, kontinentale Region)

Für die kontinentale Region wurde das Dreifache des Bestandes der alpinen Region geschätzt. Somit verteilen sich die Fischotter in Niederösterreich zu 75,6% auf die kontinentale Region und zu 24,4% auf die alpine Region. Eine sehr ähnliche Aufteilung wurde auch von Kranz & Polednik (2009) beobachtet mit 75% zu 25%. Des Weiteren postulierten Kranz & Polednik (2009), dass die Hälfte der insgesamt geschätzten 300-500 Fischotter im Waldviertel vorkommen würden. Diese Verteilung konnte anhand der Kartierung 2018 nicht gefunden werden bzw. hat sie sich innerhalb der 9-10 Jahre verschoben: 33,5% der Fischotter kommen im Waldviertel vor, während 21,8% im Weinviertel leben, 18,3% im Industrieviertel und 26,4% im Mostviertel. Der Grund für diese Verteilung in den administrativen Vierteln sind die unterschiedlichen regionalen Fischotterdichten, die in Abbildung 43 dargestellt sind. Abgebildet sind die geschätzten Dichten für jedes Gewässereinzugsgebiet, überlagert von den Individuen-Vorhersagen für jede Brücke.

© KOFLER Umweltmanagement

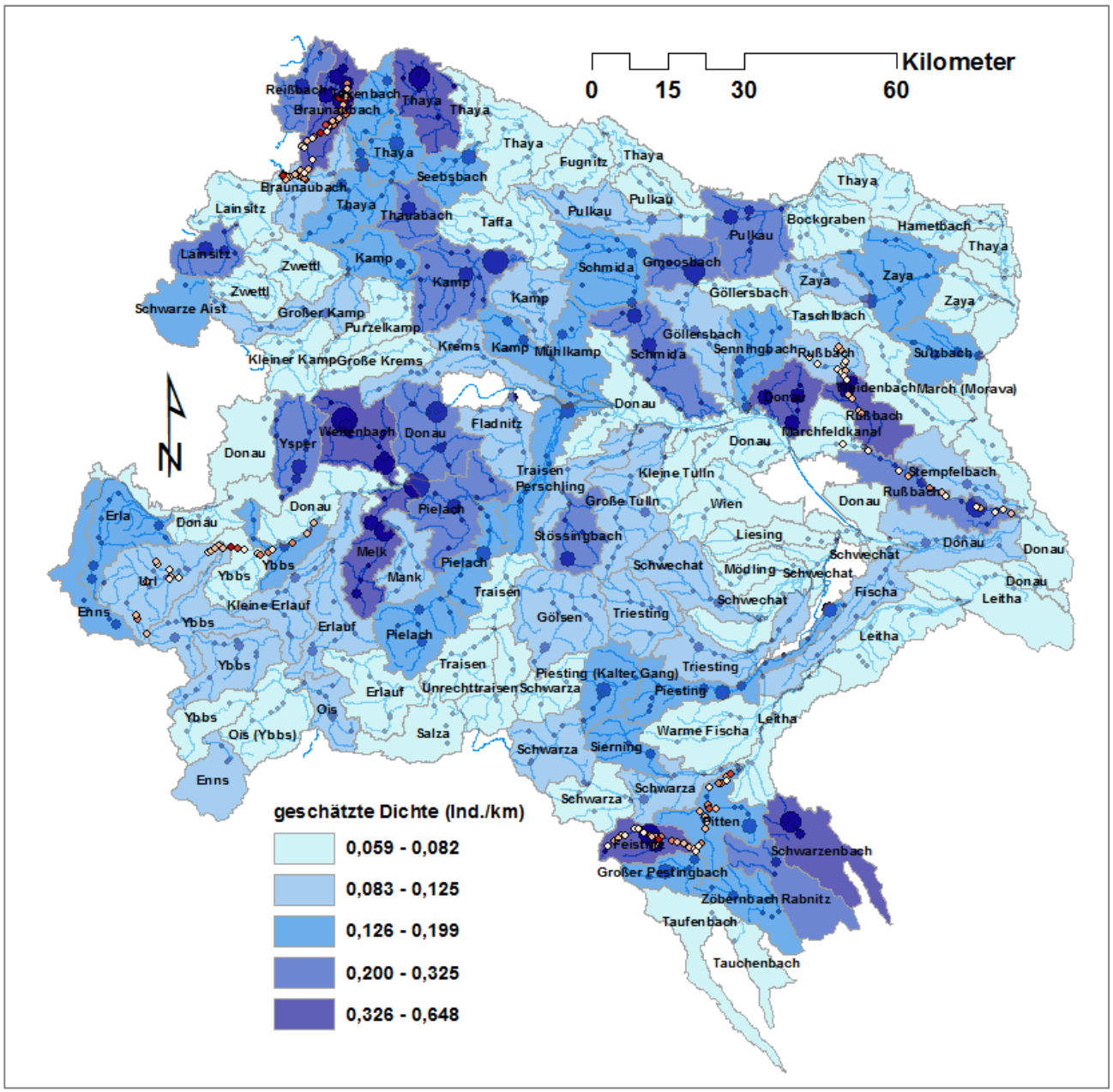


Abbildung 43: Geschätzte Fischotterdichten pro Gewässereinzugsgebiet (watershed) anhand des Landschaftsmodells, überlagert mit den Individuen-Vorhersagen an jeder Brücke (blaue Kreise – je größer desto mehr Fischotter werden geschätzt) und den Losungsfunden der Genetikkartierung (kleine Rauten – je dunkler (rot) desto mehr Losungen wurden gefunden).

Anhand der Abbildung 43 erkennt man gut, dass die Dichten sehr unterschiedlich über Niederösterreich verteilt sind, so dass eine räumlich differenzierte Extrapolation sinnvoll ist, um eine vertrauenswürdige Bestandsschätzung für das ganze Bundesland zu erhalten. In der Fischotterkartierung des Bundeslandes Steiermark (Holzinger *et al.* 2018) wurde der Gesamtbestand von 1141 (800-1500) über eine mittlere Fischotterdichte ermittelt, die multipliziert wurde mit der Länge des Gewässernetzes in km. Wie bereits in Kapitel 3.2.2.3 dargestellt, ist diese

© KOFLER Umweltmanagement

– im Vergleich zur vorliegenden Studie – hohe Fischotterdichte möglicherweise durch methodische Unterschiede erklärbar.

Eine weitere Fischotterkartierung, in der ebenfalls genetische Methoden zum Einsatz kamen, wurde im Bundesland Kärnten durchgeführt (Schenekar & Weiss 2018). Diese deutet für ganz Kärnten eine höhere Fischotterdichte (0,25 Fischotter je Flusskilometer) an, als in der vorliegenden Studie für Niederösterreich ermittelt wurde (0,21 Fischotter je Flusskilometer; Genetikkartierung). Dies ist insofern überraschend, da es in Niederösterreich Gebiete gibt, wie das Waldviertel, die durch eine hohe Anzahl von Fischteichen auch vergleichsweise hohe Fischotterdichten mit sich bringen; solche Gebiete fehlen in Kärnten jedoch.

In der Studie in Kärnten wurden Brücken, verteilt über das ganze Land, auf Fischotterlosungen abgesucht und an insgesamt 3 Tagen zwischen Februar-Oktober alle frischen Losungen unter den Brücken für die genetischen Analysen gesammelt. Auf diese Weise erhielten die Autoren für jeden Brückenstandort eine Anzahl an gefundenen Individuen. In der Studie in Kärnten kam der Populationsgrößenschätzer CAPWIRE zur Anwendung, wodurch ein direkter Vergleich der Studien aus Kärnten und Niederösterreich schwierig ist. In der vorliegenden Studie wurde CAPWIRE nicht verwendet, da bei großen Populationen der in der gegenständlichen Studie verwendete Ansatz zuverlässigere Aussagen liefert. Zudem wurde in der vorliegenden Studie in Niederösterreich der Sampling-Zeitraum auf wenige aufeinanderfolgende Tage beschränkt, wodurch die ermittelte Population als geschlossene Population betrachtet werden kann. Mögliche Verschiebungen der Populationsgröße während der Untersuchung können somit weitestgehend ausgeschlossen werden. Zudem kann durch intensive Beprobungen in engen Zeiträumen die Zahl von Einzelfängen minimiert und die Zahl von Wiederfängen maximiert werden. Eine hohe Zahl von Einzelfängen kann bei der Verwendung von CAPWIRE zu einer erhöhten Populationsgrößenschätzung führen, da der Schätzer bei großen Populationen mind. 2-2,5 Fänge pro Individuum benötigt (Miller *et al.* 2005).

Von wissenschaftlichem Interesse wäre daher die Anwendung der in diesem Bericht vorgestellten räumlich differenzierten Extrapolation in Kärnten.

3.3.4. Einfluss von Teichwirtschaft und Fischbesatz auf die Fischotterpopulation

Da die Population des Fischotters immer auch vom Vorkommen der Futtertiere (Fische, Amphibien, Krebse, etc.) abhängt, sind natürliche Schwankungen der Population zu erwarten. Wird die Zahl der Futtertiere durch den Fischotter oder andere Faktoren reduziert, dezimiert sich in Folge auch die Zahl der Fischotter. Daraufhin steigt wieder die Zahl der Beutetiere, was wieder den Fischotter begünstigt. In einer natürlichen Situation entsteht so ein sich wiederholender Räuber-Beute-Zyklus (Lotka-Volterra-Regeln).

Die Fischotterpopulation wird zurzeit durch die Teichwirtschaft künstlich gestützt, da diese Teiche ein zusätzliches unnatürlich hohes, kontinuierliches Nahrungsangebot darstellen. Hinzu kommen Besatzmaßnahmen in vielen Fischereirevieren, welche die maximal mögliche Fischotterpopulation zusätzlich erhöhen. Dies könnte möglicherweise das Räuber-/Beute-Verhältnis auch gegenüber

natürlichen Beutepopulationen verschieben. In von Fischottern besiedelten Gebieten sollte daher über ein angepasstes Fisch-Besatzmanagement nachgedacht werden. Zudem sollten Fischteiche ausreichend vor Fischottern gesichert werden. Eine Reduktion der Fischotterpopulation durch bessere Sicherung von Fischteichen und adaptiertem Fischbesatz (im günstigsten Fall an renaturierten Gewässern durch natürliche Vermehrung), wäre nicht im Widerspruch mit dem Ziel der FFH-Richtlinie, da diese eine stabile Population in einem natürlichen Habitat fordert.

3.4. Erhaltungszustand des Fischotters

Für die Beurteilung des Erhaltungszustandes sind entsprechend „Österreichischer Bericht gemäß Artikel 17 FFH-Richtlinie“ (Umweltbundesamt, 2013) 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 „Österreichischer Bericht gemäß Artikel 17 FFH-Richtlinie“ (Umweltbundesamt, 2013)):

Tabelle 25: Einstufung des Erhaltungszustandes in drei Bewertungsklassen (Quelle: Umweltbundesamt, 2013, 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.

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 (3

Quadranten innerhalb Niederösterreichs, 3 angeschnittene Quadranten am Rand). Auch wenn viele Gebiete im Osten 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 das Kriterium „Verbreitung“ in beiden biogeographischen Regionen als günstig eingestuft werden.

Population (Population)

Für eine langfristig überlebensfähige und vor allem anpassungsfähige Säugetierpopulation werden Mindestpopulationsgrößen von mehreren tausend Tieren angegeben (Reed *et al.* 2003), zu früheren Zeiten von mind. 500 Tieren (Shaffer 1981). Wobei diese Zahl nicht allein nur von der reinen Anzahl vorhandener Individuen abhängt, 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 in dieser Studie vorgelegten Bestandsschätzungen des Fischotters in Niederösterreich von insgesamt 1069 (831-1307), weisen der kontinentalen Region einen Bestand von 801 (622-980) Individuen, der alpinen Region von 259 (201-317) Fischottern zu. Was die genetische Variabilität und Heterozygotie der Population angeht, können nur stichprobenartige Aussagen getroffen werden – die genetische Variabilität der niederösterreichischen Population war nicht Gegenstand der Studie und es wurden zu wenige Mikrosatellitenmarker verwendet, um dieser Fragestellung nachzugehen. Dennoch zeigte sich eine vergleichsweise hohe beobachtete Heterozygotie von 0,66-0,75 und einer für Fischotter vergleichsweise hohen mittleren Allelanzahl von 4-4,3.

Auch wenn die hier angegeben Bestandszahlen bei weitem nicht die von Reed *et al.* (2003) empfohlene Höhe erreichen, so muss dabei bedacht werden, dass die Population Niederösterreichs nicht isoliert betrachtet werden kann, sondern im Austausch mit den Populationen der benachbarten Bundesländer Steiermark, Burgenland und Oberösterreich, sowie den Ländern Tschechien, Slowakei und Ungarn steht. Vor allem in Tschechien, der Slowakei und in der Steiermark kann von einer ausreichend großen Population für einen Austausch ausgegangen werden.

Damit ist der Bestand für die kontinentale Region als günstig zu bewerten, da die Population ausreichend viele Individuen umfasst, diese im Austausch mit Fischottern aus Tschechien, Slowakei, Ungarn etc. stehen und die genetische Variabiliät nicht zu gering scheint.

Die alpine Region zeigte im Verhältnis zur kontinentalen Region eine vergleichsweise geringe Individuenzahl. Die alpine Population ist jedoch 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. Zudem schien die genetische Variabilität nicht zu gering. Bereits Kranz & Polednik (2009) sind mit einer halb so großen Population im alpinen Bereich von einem günstigen Erhaltungszustand ausgegangen. Auf Basis dieser Gegebenheiten werden auch in der aktuellen Studie die Bestandzahlen als günstig bewertet.

Habitatfläche und Habitatqualität (Habitat for the species)

Grundsätzlich ist der Fischotter an Gewässer und die zugehörigen Randstreifen gebunden. Anfällig ist er daher vor allem bei Verlust oder Beeinträchtigungen dieser Habitate. Dabei hat er sich allerdings als sehr anpassungsfähig erwiesen. So besiedelt er sowohl Staustrecken, wie auch urbane Gewässerabschnitte. Die meisten anthropogenen flussbaulichen Maßnahmen reduzieren jedoch den Fischbestand und andere Nahrungskomponenten des Fischotters und somit die mögliche Fischotterdichte. Dabei ist zu beachten, dass durch Teichwirtschaft und Fischbesatz in vielen Gewässern eine künstliche Aufwertung des Fischotterhabitats vorliegt. Eine solche „Aufwertung“ ist nicht im Sinne der FFH-Richtlinie, welche ein natürliches Habitat fordert. Diese künstliche Aufwertung könnte daher die natürliche Habitateignung maskieren. Da keine verlässlichen Daten zum Fischbesatz in Niederösterreich vorliegen, kann eine Einschätzung der Habitatqualität nur unter Vorbehalt erfolgen. Zusätzliche Untersuchungen zum Einfluss von Fischbesatz und Teichwirtschaft sind daher wichtig, um eine möglicherweise fälschliche Überbewertung der Habitatqualität korrigieren zu können. Die deutliche positive Bestandsentwicklung des Fischotters in beiden biogeographischen Regionen zeigt, dass die vorhandenen Habitate angenommen werden und flächendeckend vorhanden sind. Daher kann das Kriterium „Habitatfläche und Habitatqualität “ in beiden biogeographischen Regionen als günstig eingestuft werden.

Zukunftsaussichten (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. Dabei ist anzumerken, dass durch Fließgewässerfischbesatz und Teichwirtschaft eine anthropogene Beeinflussung der Fischotterpopulation vorliegt, die in unnatürlich hohen Fischotterdichten resultieren können. Eine Reduktion des Bestandes durch bessere Sicherung von Fischteichen und adaptiertem Fischbesatz wäre nicht 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 auswirken wird, wenn auch von einem Einfluss klimatischer Veränderungen auf den Fischotter ausgegangen wird (Yom-Tov et. al 2006, Cianfrani *et al.* 2011).

Zu einer etwaigen Entnahme von Fischotterindividuen, z.B. durch Jagd, kann angemerkt werden, dass diese ausschließlich nach dem Prinzip der Nachhaltigkeit erfolgen sollte und den günstigen Erhaltungszustand nicht gefährden darf. Ein entsprechendes, im Idealfall jährliches Monitoring sollte dafür eingerichtet werden.

In der vorliegenden Studie wurde ein Modell zur Bestandsberechnung entwickelt, das abgesichert durch die aufwendigen genetischen Untersuchungen eine Populationsgrößenschätzung auf Basis einer Brückenkartierung ermöglicht. Da diese deutlich einfacher und günstiger sind und zudem ältere Bestandsdaten vorliegen, könnte das Modell für ein zukünftiges Monitoring genutzt werden. Eine in regelmäßigen Abständen durchgeführte genetische Untersuchung würde das Ergebnis absichern und aktuelle Daten der exklusiven Revierlängen liefern, die das Modell benötigt.

Die weiter anwachsende Population und die allgemein positiven Auswirkungen durch Habitatverbesserungen, lassen davon ausgehen, dass kurz- bis mittelfristig eine stabile Entwicklung des Bestandes in Niederösterreich zu erwarten ist. Langfristig könnte der Klimawandel den Fischotter beeinflussen, wobei die Auswirkungen bei derzeitigem Wissensstand unklar bleiben. Daher kann unter Vorbehalt klimatischer Bedingungen und vergleichbarer oder verbesserter anthropogener Beeinflussung 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. Die positiven Entwicklungsaussichten gelten demnach für beide biogeographischen Regionen. Zusammenfassend kann daher für die kontinentale und die alpine Region für das Kriterium „Zukunftsaussichten“ die Einstufung „günstig“ gegeben werden.

Fazit

Für beide biogeographischen Regionen kann für Niederösterreich von einem günstigen Erhaltungszustand ausgegangen werden. Damit kommt die vorliegende Studie zu demselben Schluss wie Kranz & Polednik (2009).

Grundsätzlich wird ein Erhaltungszustand auf nationaler Ebene bzw. auf gesamtbiogeographischer Region bewertet. Es handelt sich beim günstigen Erhaltungszustand Niederösterreichs daher um einen Beitrag zum gesamt-österreichischen Erhaltungszustand. Daher sind Fischotter-bezogene Managementmaßnahmen immer auch im Kontext mit der gesamt-österreichischen Situation zu bewerten. Dies ist vor allem im Zusammenhang mit bestandsregulierenden Maßnahmen (Jagd, sonstige Entnahmen etc.) wichtig. So sollte immer auch die Situation in angrenzenden Bundesländern bei der Beurteilung und Planung von Maßnahmen mit einbezogen werden.

Derzeit sind keine Entwicklungen abzusehen, welche die Fischotterpopulation gefährden. Eine Renaturierung von Fließgewässern mit dem Ziel den ökologisch guten Zustand zu erreichen, verbessert auf lange Sicht den Lebensraum des Fischotters. Etwaige Entnahmen von Fischottern sollten nur unter dem Prinzip der Nachhaltigkeit erfolgen und dürfen den günstigen Erhaltungszustand in keinster Weise gefährden. Ein entsprechendes, im Idealfall jährliches Monitoring sollte dafür eingerichtet werden, um rechtzeitig und angemessen auf die Populationsdynamik des Fischotters reagieren zu können.

© KOFLER Umweltmanagement

IV. Verzeichnisse

4.1. Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Fischotterlosung 7

Abbildung 2: Beispiel eines anal jellys 7

Abbildung 3: Probennahme mithilfe eines Wattestäbchens 7

Abbildung 4: Zusammenhang zwischen der Anzahl gefundener frischer Fischotterlosung (x-Achse) und-genotypisierte Individuen + 1 unbekanntes Individuum (70% erklärte Varianz) 9

Abbildung 5: Verbreitung der Fischotter 2008 und 2018 (tatsächlich und 82%) 10

Abbildung 6: Landesweite Betrachtung der Veränderung der Losungsdichteklassen 2008 und 2018 (tatsächlich und 82%) 11

Abbildung 7: Schätzungen der Fischotterpopulation aufgeteilt auf die Viertel sowie die alpine und kontinentale biogeographische Region (+/- 95%iges Konfidenzintervall). 14

Abbildung 8: Geschätzte Fischotterdichten pro Gewässereinzugsgebiet (watershed, je dunkler desto höher die Dichte). Blaue Kreise zeigen die Vorhersagen an den Brücken (je größer der Kreis desto mehr Individuen). Rosarote Punkte zeigen die Losungsfunde entlang der für die Genetikkartierung begangenen Strecken (je röter desto mehr Losungsfunde). 15

Abbildung 9: Karte Niederösterreichs mit den Aufnahmepunkten der Brückenkartierung und den Untersuchungsgebieten der Genetikkartierung (Quelle Hintergrund: www.basemap.at) 19

Abbildung 10: Aufnahmen aus dem Untersuchungsgebiet im Waldviertel 22

Abbildung 11: Aufnahmen aus dem Untersuchungsgebiet im Weinviertel 23

Abbildung 12: Aufnahmen aus dem Untersuchungsgebiet im Industrieviertel 24

Abbildung 13: Aufnahmen aus dem Untersuchungsgebiet im Mostviertel 25

Abbildung 14: Aufnahmepunkte der Genetikkartierung im Waldviertel (Quelle Hintergrund: www.basemap.at) 27

Abbildung 15: Aufnahmepunkte der Genetikkartierung im Weinviertel (Quelle Hintergrund: www.basemap.at) 28

Abbildung 16: Aufnahmepunkte der Genetikkartierung im Industrieviertel (Quelle Hintergrund: www.basemap.at) 28

Abbildung 17: Aufnahmepunkte der Genetikkartierung im Mostviertel (Quelle Hintergrund: www.basemap.at) 29

Abbildung 18: Fischotterlosung 31

Abbildung 19: Beispiel eines anal jellys 31

Abbildung 20: Probennahme mithilfe eines Wattestäbchens 31

Abbildung 21: Vier-Farben-Elektropherogramm des Multiplex-Trios M1 mit Probe A029. 33

Abbildung 22: Vier-Farben-Elektropherogramme von sechs Wiederholungen einer Probe mit M1.36

Abbildung 23: Verbreitung der Fischotter 2008 und 2018 (tatsächlich und 82%) 47

Abbildung 24: Vergleich des Vorkommens des Fischotters 2008 und 2018 48

Abbildung 25: Veränderung Losungsdichte in Niederösterreich 2008-2018 49

Abbildung 26: Veränderung Losungsdichte in Niederösterreich 2008-2018, saisonal adaptiert (82%) 50

Abbildung 27: Landesweite Betrachtung der Veränderung der Losungsdichteklassen 2008 und 2018 (tatsächlich und 82%) 51

Abbildung 28: Fischotterlosungen in 200m-Abschnitten (grüne Dreiecke) 52

Abbildung 29: Fischotterlosungen mit Flusskrebsen 53

Abbildung 30: Betrachtung der Veränderung der Losungsdichteklassen 2008 und 2018 (tatsächlich und 82%) in der alpinen Region 54

Abbildung 31: Betrachtung der Veränderung der Losungsdichteklassen 2008 und 2018 (tatsächlich und 82%) in der kontinentalen Region 55

Abbildung 32: Anzahl der Individuen, deren Genotypen sich in je 1-7 Mikrosatelliten unterscheiden. Die Grafik oben links stellt die Verteilung im Waldviertel dar, oben rechts die Verteilung im Weinviertel, unten links die Verteilung im Industrieviertel und unten rechts die Verteilung im Mostviertel. 61

Abbildung 33: Darstellung aller abgesuchten Markierstellen in den Referenzgebieten im Waldviertel (oben) und Weinviertel (unten). Die unterschiedlichen Symbole zeigen an, ob am jeweiligen Markierplatz Losungen gefunden wurden (Sternsymbol) und ob dieser Fund erfolgreich genotypisiert werden konnte (blauer Stern) (Quelle Hintergrund: www.basemap.at) 74

Abbildung 34: Darstellung aller abgesuchten Markierstellen in den Referenzgebieten im Industrieviertel (oben) und Mostviertel (unten). Die unterschiedlichen Symbole zeigen an, ob

am jeweiligen Markierplatz Losungen gefunden wurden (Sternsymbol) und ob dieser Fund erfolgreich genotypisiert werden konnte (blauer Stern) (Quelle Hintergrund: www.basemap.at) 75

Abbildung 35: Streifgebiete der gefundenen Fischotter im Waldviertel (Quelle Hintergrund: www.basemap.at) 77

Abbildung 36: Streifgebiete der gefundenen Fischotter im Weinviertel (Quelle Hintergrund: www.basemap.at) 80

Abbildung 37: Streifgebiete der gefundenen Fischotter im Industrieviertel (Quelle Hintergrund: www.basemap.at) 83

Abbildung 38: Streifgebiete der gefundenen Fischotter im Mostviertel (Quelle Hintergrund: www.basemap.at) 86

Abbildung 39: Zusammenhang der vorhergesagten Dichten von Fischottern durch das Model 4 und deren Losung pro Kilometer abgesammelter Teich- und Flusskilometer für die fünf untersuchten Teilgebiete (schwarze Linie – Mittelwert; graue Linien – 95%iges Vorhersageintervall). 90

Abbildung 40: Zusammenhang zwischen der Anzahl gefundener frischer Fischotterlosung (x-Achse) und genotypisierte bekannte Individuen (links) sowie genotypisierte Individuen + 1 unbekanntes Individuum (rechts). (bekannte Individuen = 61% erklärte Varianz; Genotyp. Ind + 1 unbek. Ind. = 70% erklärte Varianz). 91

Abbildung 41: Schätzergebnisse der beiden Extrapolationsmodelle (Landschaftsmodell (rot/orange) – N ~ frische Los. Watershed; Punktmodell (grün) – N ~ mittelalte Los.) für den Brückendatensatz der Kartierung von 2018 (linke Balken) und der Kartierung von 2008 (rechts) (Kranz & Polednik 2009) 94

Abbildung 42: Schätzergebnisse des Landschaftsmodells N ~ frische Losung watershed basierend auf der Brückenkartierung 2018 aufgeteilt für jedes administrative niederösterreichische Viertel (grün; Waldviertel, Weinviertel, Industrieviertel und Mostviertel) und aufgeteilt für die beiden biogeographischen Regionen (blau; alpine Region, kontinentale Region) 96

Abbildung 43: Geschätzte Fischotterdichten pro Gewässereinzugsgebiet (watershed) anhand des Landschaftsmodells, überlagert mit den Individuen-Vorhersagen an jeder Brücke (blaue Kreise – je größer desto mehr Fischotter werden geschätzt) und den Losungsfunden der Genetikkartierung (kleine Rauten – je dunkler (rot) desto mehr Losungen wurden gefunden). 97

4.2. Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Gesamtanzahl von Fischotterlosungen 2008 und 2018 9

Tabelle 2*:* Ergebnisse der geschlossenen fehlerintegrierenden Populationsgrößenschätzungen für alle Referenzgebiete. Dargestellt ist der gewichtete Mittelwert aus mehreren Modellen (N), der Standardfehler (SE) und das 95%-Konfidenzintervall (95%-KI). Zudem ist die ermittelte Fischotterdichte angegeben in Anzahl Fischotter je Kilometer Ufer und in Anzahl Kilometer Ufer je Fischotter, jeweils mit dem 95%-Konfidenzintervall. 12

Tabelle 3: Modellvorhersagen der Fischotterpopulation in Niederösterreich mit dem räumlich expliziten Landschaftsmodell. Angegeben sind die Schätzung (N NOE), das 95% Konfidenzintervall (95%-KI) und die Schwankung, die angibt um wieviel Prozent die Min.- bzw. Max.-Schätzung in Relation zum jeweiligen Mittelwert abweicht. 13

Tabelle 4: Modellvorhersagen der Fischotterpopulationen in den einzelnen Vierteln und der alpinen, wie der kontinentalen biogeographischen Region, extrapoliert auf Basis des räumlich expliziten Landschaftsmodells. Angegeben sind die Schätzungen N, min- und max-Werte (95% Konfidenzintervall), die Anzahl der Flusseinzugsgebiete in den jeweiligen Regionen und die prozentuelle Schwankung der Min.- und Max.-Werte. 13

Tabelle 5: Überblick über die vier Fließgewässer-Referenzstrecken 26

Tabelle 6: Für die Habitatmodellierung verwendete punktuelle und flächige (bzw. linear) unabhängige Variablen inkl. ihrer Messniveaus. 41

Tabelle 7: Räumliche Entsprechungen der durch Viertel bezeichneten Teillandschaften der Genetikerfassung mit den Gewässereinzugsgebieten (watersheds). 43

Tabelle 8: Auswertung Brückenkartierung – Nachweisdichteklassen 45

Tabelle 9: Gesamtanzahl von Fischotterlosungen 2008 und 2018 46

Tabelle 10: Ergebnisse dieser Studie (kursiv) für alle Referenzgebiete im Vergleich zu anderen Otter-Studien bezüglich Genotypisierungs-Erfolgsrate (GER), Amplifikations-Erfolgsrate (AER), Allelausfallrate (AAR), Allelartefaktrate (AFR), probability of identity (PI), probability of identity für Geschwister (PIsib) und die Anzahl der Mikrosatelliten (Loci) 58

Tabelle 11: Genetische Kenngrößen je Mikrosatellit und Referenzgebiet: Anzahl der gefundenen Allele (AA), probability of identity (PI), probability of identity für Geschwister (PIsib), erwartete Heterozygotie (H_e) und beobachtete Heterozygotie (H_o). Die letzte Spalte gibt die jeweiligen Mittelwerte bzw. für die beiden PI-Werte das Produkt wieder. 59

Tabelle 12: Ergebnisse des recruitment-Modells von Pradel (1996) für die Individuen aus allen Referenzgebieten als Test für eine geschlossene Population. 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 (ΔAICc) – wobei das am besten geeignete Modell ein Wert von 0,00 hat – und die Signifikanzniveaus des Likelihood-ratio-Tests (LR) im Verhältnis zum „besten“ Modell. Die Abkürzungen in der Modellbezeichnung sind: konstant (.) für alle Individuen oder fixiert auf 0 (keine Immigration) bzw. 1 (keine Emigration). 64

Tabelle 13: 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 (ΔAICc), die Wahrscheinlichkeit eines Models (AICc weight), die Fangwahrscheinlichkeit (p), die Wiederfangwahrscheinlichkeit (c), die Wahrscheinlichkeit der korrekten Genotypisierung (α) und die Populationsgrößenschätzung für das jeweilige Modell (N). Für alle Schätzungen sind Standardfehler (SE) angegeben und bei N auch das 95% Konfidenzintervall (95% KI). Für jeden geschätzten Parameter wurde ein „AICc weights“ gewichteter Mittelwert und Standardfehler berechnet. 66

Tabelle 14: Vergleich der Dichteberechnungen für die Fischotter in den vier Referenzgebieten mit drei unterschiedlichen Ansätzen: Originaldatensatz mit den fehlerintegrierenden LB-Modellen; Originaldatensatz mit den Modellen von „secrlinear“; korrigierter (konservativer) Datensatz mit den Modellen von „secrlinear“. Im Weinviertel entsprach der konservative Datensatz dem Originaldatensatz. 69

Tabelle 15: Vergleich von Fischotterdichten verschiedener Studien inkl. dieser Studie (kursiv) – getrennt je Referenzgebiet und getrennt für Studien vornehmlich an Teichen (oberer Tabellenbereich) und vornehmlich an Flüssen mit einigen wenigen Teichen (unterer Tabellenbereich). Neben den Autoren der Studie sind das untersuchte Habitat, die Dichte der Fischotter je km Ufer und die Methode, die dabei angewandt wurde, angegeben. Die Studien sind jeweils sortiert nach der Fischotterdichte von niedrig zu hoch. 71

Tabelle 16: Kenngrößen zur räumlichen und zeitlichen Nutzung der Fischotter im Waldviertel. 78

Tabelle 17: Kenngrößen zur räumlichen und zeitlichen Nutzung der Fischotter im Weinviertel. 81

Tabelle 18: Kenngrößen zur räumlichen und zeitlichen Nutzung der Fischotter im Industrieviertel. 84

Tabelle 19: Kenngrößen zur räumlichen und zeitlichen Nutzung der Fischotter im Mostviertel. 87

Tabelle 20: Zusammenfassung der Losungsdichte und Individuendichte der vier Referenzgebiete, wobei im Waldviertel zwischen dem Romaubach und dem Braunaubach unterschieden wird. 90

Tabelle 21: Vorhersagewerte bei Anwendung des Individuenmodells (Genotyp. Individuen + 1 unbek. Ind. ~ Losung) auf die Brückendaten von 2018 (Punktmodell der Extrapolation).

Angegeben ist die Schätzung (N NOE) und das 95% Konfidenzintervall mit Minimum und Maximum. 93

Tabelle 22: Modellvorhersagen der Fischotterpopulation in Niederösterreich mit zwei methodischen Ansätzen – einem räumlich expliziten Landschaftsmodell und einem Modell, das nur auf den Brückenpunkten basiert. Angegeben sind die Schätzung (N NOE), das 95% Konfidenzintervall (95%-KI) und die Schwankung, die angibt um wieviel Prozent die Min.- bzw. Max.-Schätzung in Relation zum jeweiligen Mittelwert abweicht. Die unterschiedliche Färbung der Ergebnisse wird in Abbildung 41 wieder aufgegriffen. 93

Tabelle 23: Anwendung der ausgewählten Schätzmodelle für die Vorhersage der Fischotterpopulation in Niederösterreich auf den Brückendatensatz von 2008 (Kranz & Polednik 2009). Angegeben sind die Schätzung (N NOE), das 95% Konfidenzintervall (95%-KI) und die Schwankung, die angibt um wieviel Prozent die Min.- bzw. Max.-Schätzung in Relation zum jeweiligen Mittelwert abweicht. Die unterschiedliche Färbung der Ergebnisse wird in Abbildung 41 wieder aufgegriffen. 94

Tabelle 24: Modellvorhersagen der Fischotterpopulationen in den einzelnen Vierteln und der alpinen, wie der kontinentalen biogeographischen Region, extrapoliert auf Basis des räumlich expliziten Landschaftsmodells. Angegeben sind die Schätzungen N, Min- und Max-Werte (95% Konfidenzintervall), die Anzahl der Flusseinzugsgebiete in den jeweiligen Regionen und die prozentuelle Schwankung der Min- und Max-Werte. 95

Tabelle 25: Einstufung des Erhaltungszustandes in drei Bewertungsklassen (Quelle: Umweltbundesamt, 2013, S.6) 99

V. Literatur und Quellen

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 meta-analysis 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.

Cianfrani, C *et al.* (2011) Adapting global conservation strategies to climate change at the European scale: The otter as a flagship species. *Biological Conservation* **144**, Issue 8, August 2011, 2068-2080.

Creel S, Spong G, Sands JL*, et al.* (2003) Population size estimation in Yellowstone wolves with error-prone noninvasive microsatellite genotypes. *Molecular Ecology* **12**, 2003-2009.

Dallas JF, Marshall F, Piertney 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.

Efford M, Fewster R (2013) *Estimating population size by spatially explicit capture-recapture*.

Erlinge S (1967) Home Range of the Otter *Lutra lutra* L. in Southern Sweden. *Oikos* **18**, 186-209.

Erlinge S (1968) Territoriality of the Otter *Lutra lutra* L. *Oikos* **19**, 81-98.

Evans, D & Arvela, M (2011) Assessment and reporting under article 17 of the Habitats Directive. Explanatory Notes and Guidelines for the period 2007 – 2012. European Topic Centre on Biological Diversity, p. 123.

Frantz AC, L.C.; P, Carpenter PJ*, et al.* (2003) Reliable microsatellite genotyping of the Eurasian badger (*Meles meles*) using faecal DNA. *Molecular Ecology* **12**, 1649-1661.

Freeland JR (2005) *Molecular Ecology* John Wiley & Sons Ltd, Chichester, UK.

Guertin DA, Ben-David M, Harestad AS, Elliott JE (2012) Fecal genotyping reveals demographic variation in river otters inhabiting a contaminated environment. *Journal Of Wildlife Management* **76**, 1540-1550.

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.

Harris RB, Winnie J, Amish SJ*, et al.* (2010) Argali Abundance in the Afghan Pamir Using Capture-Recapture Modeling From Fecal DNA. *Journal Of Wildlife Management* **74**, 668-677.

Holzinger WE, Zimmermann P, Weiss S, Schenekar T (2018) *Fischotter - Verbreitung und Bestand in der Steiermark 2017/2018* Projektbericht im Auftrag des Amts der Stmk. Landesregierung, 151 S., Ökoteam-Institut für Tierökologie und Naturraumplanung & Universität Graz, Institut für Biologie.

Idaghdour Y, Broderick D, Korrida A (2003) Faeces as a source of DNA for molecular studies in a threatened population of great bustards. *Conservation Genetics* **4**, 789-792.

Kalz B, Jewgenow K, Fickel J (2006) Structure of an otter (*Lutra lutra*) population in Germany - results of DNA and hormone analyses from faecal samples. *Mammalian Biology* **71**, 321-335.

Kean EF, Muller CT, Chadwick EA (2011) Otter Scent Signals Age, Sex, and Reproductive Status. *Chemical Senses* **36**, 555-+.

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.

Kohn M, Knauer F, Stoffella A, Schröder W, Pääbo S (1995) Conservation genetics of the European brown bear - a study using excremental PCR of nuclear and mitochondrial sequences. *Molecular Ecology* **4**, 95-103.

Kranz A (1996) Variability and seasonality in sprainting 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**.

Kranz A, Polednik L, Pinter V, Parz-Gollner R (2001) Distribution, status and conservation of otters in Lower Austria. *Wiss. Mitt. Niederösterr. Landesmuseum* **14**, 39-50.

Kruuk H (2006) *Otters - ecology, behaviour and conservation* Oxford University Press, Oxford, New York.

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, Gruber B, Henle K, Hoehn M (2008) An optimisation approach to increase DNA amplification success of otter faeces. *Conservation Genetics* **9**, 201-210.

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, Mihoub J-B, Gruber B, Klenke R, Henle K (2015) Non-Invasive Genetic Mark-Recapture as a Means to Study Population Sizes and Marking Behaviour of the Elusive Eurasian Otter (<italic>Lutra lutra</italic>). *Plos One* **10**, e0125684.

Lanszki J, Hidas A, Szentes K*, et al.* (2010) Genetic structure of otter (*Lutra lutra*) populations from two fishpond systems in Hungary. *Mammalian Biology* **75**, 447-450.

Lanszki J, Hidas A, Szentes K*, et al.* (2008) Relative spraint density and genetic structure of otter (*Lutra lutra*) along the Drava River in Hungary. *Mammalian Biology* **73**, 40-47.

Link WA, Yoshizaki J, Bailey LL, Pollock KH (2010) Uncovering a Latent Multinomial: Analysis of Mark-Recapture Data with Misidentification. *Biometrics* **66**, 178-185.

Lukacs PM (2010) Closed population capture-recapture models. In: *Program MARK - A gentle introduction* eds. Cooch E, White GC), p. 509.

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.

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.

Miller CR, Joyce P, Waits LP (2002) Assessing allelic dropout and genotype reliability using maximum likelihood. *Genetics* **160**, 357-366.

Miller CR, Joyce P, Waits LP (2005) A new method for estimating the size of small populations from genetic mark-recapture data. *Molecular Ecology* **14**, 1991-2005.

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.

Paetkau D (2004) The optimal number of markers in genetic capture-mark-recapture studies. *Journal Of Wildlife Management* **68**, 449-452.

Pennell MW, Stansbury CR, Waits LP, Miller CR (2013) Capwire: a R package for estimating population census size from non-invasive genetic sampling. *Molecular Ecology Resources* **13**, 154-157.

Pollock KH, Nichols JD, Brownie C, Hines JE (1990) Statistical inference for capture-recapture experiments. *Wildlife Monographs*, 1-97.

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 sprainting activity of the Otter (Lutra lutra) in the Pollino National Park (southern Italy). *Ethology Ecology & Evolution* **17**, 171-180.

Prigioni C, Remonti L, Balestrieri A*, et al.* (2006) Estimation of European otter (*Lutra lutra*) population size by feacal DNA typing in Southern Italy. *Journal Of Mammalogy* **87**, 855-858.

Puechmaille SJ, Petit EJ (2007) Empirical evaluation of non-invasive capture-mark-recapture estimation of population size based on a single sampling session. *Journal of Applied Ecology* **44**, 843-852.

Quaglietta L, Fonseca VC, Mira A, Boitani L (2014) Sociospatial organization of a solitary carnivore, the Eurasian otter (*Lutra lutra*). *Journal Of Mammalogy* **95**, 140-150.

Reed DH, O'Grady JJ, Brook BW, Ballou JD, Frankham R (2003) Estimates of minimum viable population sizes for vertebrates and factors influencing those estimates. *Biological Conservation* **113**, 23-34.

Robinson SJ, Waits LP, Martin ID (2009) Estimating abundance of American black bears using DNA-based capture-mark-recapture models. *Ursus* **20**, 1-11.

Roon DA, Waits LP, Kendall KC (2005) A simulation test of the effectiveness of several methods for error-checking non-invasive genetic data. *Animal Conservation* **8**, 203-215.

Ruiz-Olmo J, Batet A, Manas F, Martinez-Vidal R (2011) Factors affecting otter (*Lutra lutra*) abundance and breeding success in freshwater habitats of the northeastern Iberian Peninsula. *European Journal of Wildlife Research* **57**, 827-842.

Schenekar T, Weiss S (2018) Genetische Untersuchungen der Populationsgröße des Eurasischen Fischotters in den Kärntner Fischgewässern. *Endbericht im Auftrag des Amts der Kärntner Landesregierung*, 53.

Shaffer ML (1981) Minimum population sizes for species conservation. *BioScience* **31**, 131-134.

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 fur Saugetierkunde* **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**.

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.

Yom-Tov, Y *et al.* (2006) Body size changes among otters, *Lutra lutra*, in Norway: the possible effects of food availability and global warming. *Oecologia* **150**, 155–160.

Umweltbundesamt (2013) Österreichischer Bericht gemäß Artikel 17 FFH-Richtlinie. Berichtszeitraum 2007-2012. Wien, 31 Seiten.

Valière N (2002) GIMLET: a computer program for analysing genetic individual identification data. *Molecular Ecology Notes* **2**, 377-379.

Waits JL, Leberg PL (2000) Biases associated with population estimation using molecular tagging. *Animal Conservation* **3**, 191-199.

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.

Wang J (2011) coancestry: a program for simulating, estimating and analysing relatedness and inbreeding coefficients. *Molecular Ecology Resources* **11**, 141-145.

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*.

White GC, Burnham KP (1999) Program MARK: survival estimation from populations of marked animals. *Bird Study* **46**, 120-139.

Yoshizaki J, Brownie C, Pollock KH, Link WA (2011) Modeling misidentification errors that result from use of genetic tags in capture-recapture studies. *Environmental and Ecological Statistics* **18**, 27-55.

VI. Anhang

6.1. Aufnahmeblatt Brückenkartierung

ZT KOFLER Umweltmanagement AUFNAHMEBLATT Fischotterkartierung in Niederösterreich 2018

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 □ Steinschlichtung grob ausgeführt
□ unbefestigt kiesig □ Steinschlichtung 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 Flusskrebsen: _____
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
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	□	□	□	□	□	□	□	□	□	□
Sohldynamik	□	□	□	□	□	□	□	□	□	□
Laufentwicklung	□	□	□	□	□	□	□	□	□	□
Uferbegleitsaum	□	□	□	□	□	□	□	□	□	□

Anmerkungen:

6.2. Erfassungsbogen Genetik

Fischotterkartierung in Niederösterreich 2018

ZT KOFLER | Dr. Lampa

Datum		Temperatur / Wetter		Bearbeiter	
NÖ-Viertel		Bodenfrost: ja ☐ nein ☐		Sammelzeit	Beginn: Ende:

Fund-punkt	Fließ/ Stand (F/S)	Proben-nummer	Uhrzeit	Kotmenge (unten WS)			Schleimgehalt (unten WS)			Hot Spot	Frisch?	Otter?	Krebs?	Bemerkungen
				wenig	mittel	viel	wenig	viel	nur					

WS – Abkürzung für Wattestäbchen
Hot Spot – ab 5 Losungen an gleicher Stelle (auch alte Losungen)

6.3. Erfassungsbogen für Punktbeschreibung

ZT KOFLER | Dr. Lampa — Fischotterkartierung in Niederösterreich 2018

Erfassungsbogen für Punktbeschreibung

Fundpunktnummer: _____

NÖ-Viertel: ☐ Waldviertel ☐ Weinviertel ☐ Industrieviertel ☐ Mostviertel

Kartierer: _____

Untersuchungspunkt liegt an Fließgewässer/Teich: ☐ Fließgewässer
☐ Teich
☐ Fließgewässer und Teich

Falls Fließgewässer:
Morphologie:

	flussaufwärts					flussabwärts				
	sehr gut	gut	mäßig	unbefriedigend	schlecht	sehr gut	gut	mäßig	unbefriedigend	schlecht
Uferdynamik	☐	☐	☐	☐	☐	☐	☐	☐	☐	☐
Sohldynamik	☐	☐	☐	☐	☐	☐	☐	☐	☐	☐
Laufentwicklung	☐	☐	☐	☐	☐	☐	☐	☐	☐	☐
Uferbegleitsaum	☐	☐	☐	☐	☐	☐	☐	☐	☐	☐

Falls Teich:

☐ nicht eingezäunt ☐ eingezäunt (für Otter nicht zugänglich) ☐ schlecht eingezäunt (für Otter zugänglich)	☐ mit Wasser bespannt ☐ kein Wasser/abgelassen
☐ mit Fischen besetzt ☐ nicht mit Fischen besetzt/nicht erkennbar	☐ Teich nicht zugefroren ☐ Teich zugefroren, aber teilweise offene Bereiche ☐ Teich zugefroren

Falls Brücke:

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	☐ unbefestigt mit großen Natursteinen	
	☐ unbefestigt kiesig	☐ Steinschlichtung grob ausgeführt	
	☐ unbefestigt sandig	☐ Steinschlichtung glatt ausgeführt	
	☐ unbefestigt bewachsen	☐ vollflächig asphaltiert/betoniert	
Böschungsneigung unter Brücke:	☐ steil	☐ ansteigend	☐ flach

© KOFLER Umweltmanagement

6.4. Laborprotokolle für DNA-Präzipitierung, PCR und FA

6.4.1. DNA-Präzipitierung (Ethanol-Fällung)

Die Ethanol-Fällung bewirkt eine Reinigung und Konzentrierung des DNA-Extraktes und beinhaltete folgende Schritte:

1. 100 µl des DNA-Extraktes wurden mit 10 µl 3M Natriumacetat pH = 5,2 und 300 µl 96 % Ethanol versetzt und mit dem Vortex gemischt.
2. Das Gemisch wurde 20 min bei Raumtemperatur inkubiert um die DNA auszufällen.
3. Die DNA wurde bei 13000 rpm/min für 30 min abzentrifugiert.
4. Der Überstand wurde anschließend entfernt.
5. Die pelletierte DNA wurde nochmals mit 120 µl 70% Ethanol gewaschen und bei 13000 rpm/min für 20 min zentrifugiert.
6. Der Überstand wurde verworfen und die pelletierte DNA für 30-60 min bei Raumtemperatur getrocknet.
7. Zum Schluss wurde die DNA in 30 µl HPLC-Wasser gelöst.

6.4.2. PCR

Die 7 verwendeten Primer wurden von Dallas & Piertney (1998) und Dallas *et al.* (2002) entwickelt und in zwei Mulitplex-Verpaarungen amplifiziert:

M1 – Lut457, Lut615, Lut 733

M2 – Lut604, Lut701, Lut717, Lut833

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. Zu Beginn wurden die Primer mit der entsprechenden Menge HPLC-Wasser so verdünnt, dass sie eine Konzentration von 10 pmol/µl für Primer des Multiplex-Trios M1 (Lut457, Lut615, Lut733) und von 15 pmol/µl für Primer des Multiplex-Quartetts M2 (Lut604, Lut701, Lut717, Lut833) hatten. Dazu wurden die Primer kurz abzentrifugiert, dann mit dem HPLC-Wasser versetzt, gut mit dem Vortex gemischt, abzentrifugiert und im Anschluss aliquotiert zu je 200 µl oder 300 µl. Die Aufteilung auf mehrere Aliquote ist wichtig damit man gezwungen ist bei jeder oder jedem zweiten PCR-Ansatz ein neues Aliquot nehmen zu müssen um dadurch Kontaminationen von vorne herein zu vermeiden.

Die PCR-Ansätze für M1 bzw. M2 hatten ein Reaktionsvolumen von 25µl und ergeben sich wie folgt:

3µl DNA-Extrakt

12,5µl AmpliTaqGold® 360 Master Mix

0,6µM jedes Primers

0,2µl 7-Deaza-dGTP

HPLC-Wasser bis zum Totalvolumen von 25µl

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 sex) und 72°C (30 sec) und einem finalen Extensionsschritt bei 72°C für 7 min. Bis zur Entnahme des PCR-Produktes aus dem Thermocycler wurde die Probe bei 4°C belassen und anschließend bei -20°C gelagert.

6.4.3. Fragmentlängenanalyse

Für die Fragmentlängenanalyse wurden 1 µl jedes PCR-Extraktes mit je 0,25 µl Rox-Standard und 9,5 µl Formamide-Polymer zusammen pipettiert. Dazu wurden alle Reagenzien zuvor mit dem Vortex gemischt und anschließend kurz abzentrifugiert. Die 96-well Platte mit dem DNA-Polymer-Gemisch wurde dann bei 95°C für 3 min denaturiert und für mind. 5 min auf Eis gesetzt.

Die Kapillar-Elektrophorese im 3130xl Genetic Analyzer lief unter folgenden Bedingungen:

Injektionszeit:	15 sec
Injektionsspannung:	1,6 kVolt
Dye-Set:	D
Länge der Kapillare	50 cm

© KOFLER Umweltmanagement