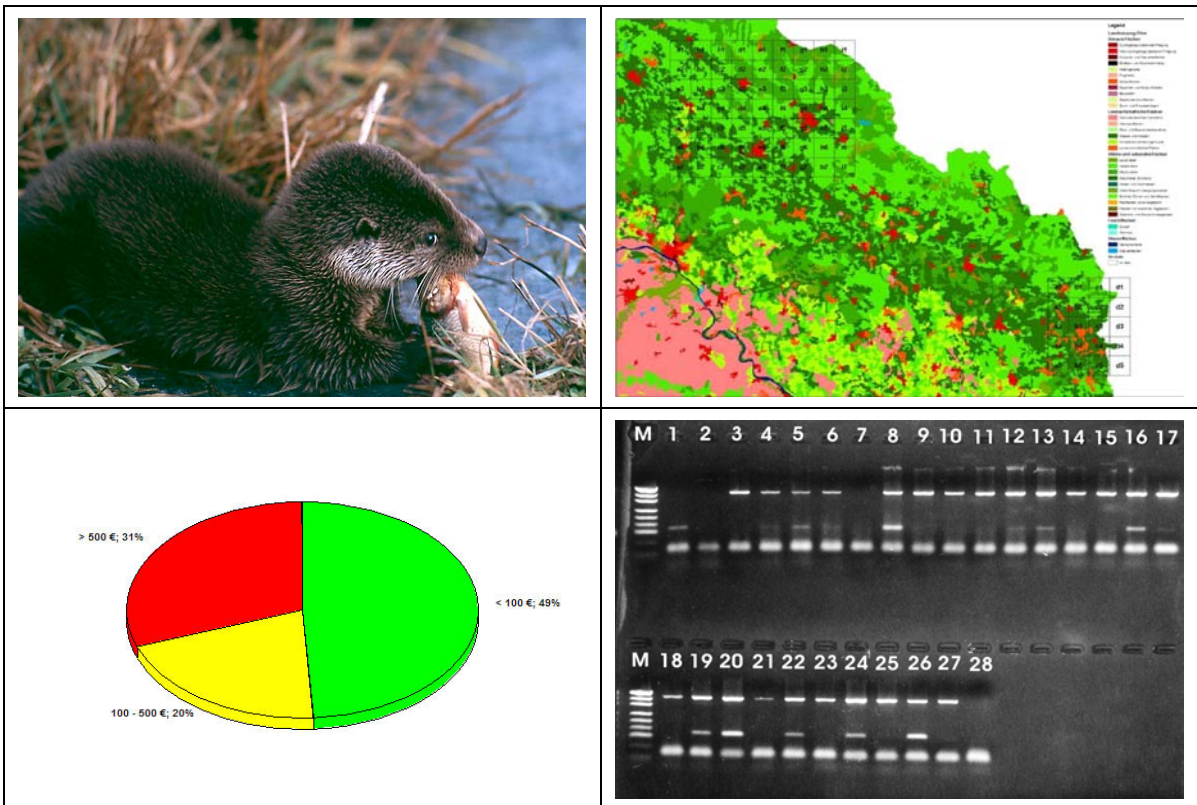


Wildtier und Mensch im Dreiländereck Bayern – Tschechien - Österreich am Beispiel des Fischotters



Projektleitung

R. Schreiber, FOR
Sachgebietsleiter seit 09/2007
Tel: 08161-71 5123
E-Mail: ros@lwf.uni-muenchen.de

R. Beck, FOR
Sachgebietsleiter bis 09/2007

Projektbearbeitung

Probennahme, Genetik, Redaktion
H. Bayerl, Dipl. Biologe
Technische Universität München
AG Molekulare Zoologie / Lehrstuhl für Zoologie
E-Mail: bayerl@wzw.tum.de

Befragungen

N. Chlebda
FH

Probennahme, Koordination

M. Friedrich, FOR
LWF

wissenschaftliche Leitung, Redaktion

C. Ludt, Dipl. Biologe
LWF seit 10/2007

N. Hahn
WILCON bis 09/2007

Herausgeber

Bayerische Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft
Am Hochanger 11
85354 Freising

Freising, September 2008



Dieses Projekt wurde aus Mitteln der Jagdabgabe, der Fischereiabgabe sowie aus Forschungsmitteln des Freistaates Bayern finanziert.



Dieses Projekt wurde aus Mitteln des Europäischen Fonds für Regionale Entwicklung (EFRE) kofinanziert.

Inhaltsverzeichnis

1	EINLEITUNG	4
2	PROJEKTHINTERGRUND UND ZIELSETZUNG	5
3	BIOLOGIE DES EUROPÄISCHEN FISCHOTTERS <i>LUTRA LUTRA</i> (LINNÉ, 1758)	8
4	UNTERSUCHUNGSGEBIET	10
4.1	Modellregionen	10
5	NON-INVASIVE GENETISCHE UNTERSUCHUNG ANHAND VON FISCHOTTERLOSUNG	13
5.1	Vorgehen	13
5.2	Ergebnisse und Diskussion	22
6	UNTERSUCHUNG DES NAHRUNGSSPEKTRUMS	34
6.1	Bisherige Erkenntnisse	34
6.2	Material und Methoden	34
6.3	Ergebnisse	35
6.4	Ausblick	38
7	HABITATANALYSE	39
7.1	Material und Methode	39
7.2	Ergebnisse	39
7.3	Ausblick	40
8	ERFASSUNG DER FISCHOTTERSCHÄDEN	42
8.1	Material und Methoden	43
8.2	Ergebnisse und Diskussion	44
9	ZUSAMMENFASSUNG	50
10	LITERATUR	54
11	ANHANG	56

1 Einleitung

Der Fischotter (*Lutra lutra*) gehört in Europa zu den stark bedrohten Säugetieren und steht als vom Aussterben bedrohte Art (Kategorie 1) auf der bundesweiten und der bayerischen Roten Liste. Er wird nicht nur im Anhang II und IV der FFH-Richtlinie als besonders geschützte Art aufgeführt, sondern auch im Jagdrecht unter Schutz gestellt, da er als jagdbare Wildart (§2, Abs. 1, BJagdG) seit langem ganzjährig geschont und somit von einer Bejagung ausgenommen ist. Dieser strenge Schutzstatus hat zum Überleben der Art in Bayern wesentlich beigetragen. Da der größte Teil Bayerns bisher nicht vom Fischotter wiederbesiedelt ist, ist sein Schutz nach wie vor sinnvoll.

Das aktuelle Verbreitungsgebiet liegt schwerpunktmäßig in den grenznahen Regionen Ostbayerns. In Tschechien und Österreich überlebte eine relativ stabile Kernpopulation die massive Verfolgung der letzten Jahrhunderte. Aber auch im Bayerischen Wald selbst ist der Fischotter nie ganz verschwunden. Aus diesen Rückzugsrefugien breiten sich die Tiere nun wieder kontinuierlich aus. Die bestehende Population hat sich offensichtlich stabilisiert. Diese „Rückkehr“ des Fischotters in seit langem nicht besiedelte Gebiete Ostbayerns ist aus Sicht des Natur- bzw. Artenschutzes erfreulich. In unserer besiedelten und intensiv genutzten Kulturlandschaft tritt der Fischjäger aber auch in Konkurrenz zum Menschen, was neben seinem wertvollen Pelz schon einmal zu seiner Beinahe-Ausrottung geführt hat.

Der Fischotter stellt vor allem Angler und Teichwirte vor die Herausforderung, mit ihm wieder zusammen zu leben. Dieser Prozess kann nicht konfliktfrei ablaufen. Menschen und Fischotter müssen wieder teilen lernen. Dies betrifft einerseits die Beutetiere, andererseits aber auch den Lebensraum. In Bayern wurde der Erhalt des Fischotters durch Lebensraumverbesserungsmaßnahmen lange Jahre aktiv unterstützt. Die ARGE-Fischotter veranstaltete Workshops mit den Betroffenen und informierte Teichbesitzer hinsichtlich des Schutzes ihrer Teiche gegen das Eindringen des Fischotters. Dennoch nahmen die Konflikte zu, und der politische Druck, endlich etwas zu unternehmen, stieg bis ins Jahr 2006 spürbar an. Dies war das Startsignal für das Projekt „Wildtier und Mensch im Dreiländereck Bayern - Tschechien - Österreich am Beispiel des Fischotters“, das seit Herbst 2006 an der Bayerischen Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft (LWF) und der Technischen Universität München (TUM) bearbeitet wird. Die Finanzierung erfolgt durch Forschungsmittel, sowie Jagd- und Fischereiabgabe des Freistaates Bayern. Im Rahmen von Interreg IIIA, wird das Projekt aus Mitteln des europäischen Fonds für regionale Entwicklung (EFRE) kofinanziert.

2 Projekthintergrund und Zielsetzung

Schon im Frühjahr 2006 zeigte ein Workshop im Rahmen einer Unterrichtsveranstaltung der Fachhochschule Weihenstephan mit Fischotter-Betroffenen, dass alle Anwesenden mit dem derzeitigen Ottermanagement unzufrieden sind. Vier große Konfliktbereiche wurden dort identifiziert:

- Fischotterschäden
- Lebensraumsanierung
- Politik (Präventionsmaßnahmen und Förderung)
- Ansehen des Fischotters (Bekämpfung oder Sympathieträger)

Neben einigen unmittelbaren Lösungsansätzen (z.B. Zaunbau zum Schutz von Teichanlagen) formulierten die Teilnehmer auch langfristig wirksame Strategien (u.a. Renaturierung von Gewässern, Waldumbau, Öffentlichkeitsarbeit), die zur Lösung bestehender Konflikte beitragen können. Hiermit erhielten wir über den eigentlichen Projektantrag hinaus das Mandat der Betroffenen, Lösungsvorschläge sowohl zum Fischotterschutz als auch zum Schadensmanagement zu erarbeiten.

Ein nachhaltiges Otter-Management bedarf der Information über das Verbreitungsgebiet und die weiteren Ausbreitungstendenzen, aber auch einer Einschätzung der Fischotterdichte und der Schäden. Dies ist nicht nur für die Beurteilung von finanzierten Artenschutzmaßnahmen bedeutsam, sondern auch für die Entschärfung der akuten Konflikte, die eine sich etablierende Otterpopulation mit sich bringt. Die Einschätzung der Otterpopulation ist auf Grund der vorwiegend nachtaktiven Lebensweise des Fischotters schwierig. Bestandsschätzungen können eine wesentliche Grundlage bieten, um die teilweise sehr kontroversen Spekulationen über die Otterdichte auf eine gesicherte Basis zu stellen. Hierin dürfte ein entscheidender Baustein für die langfristige Akzeptanz des Fischotters bei vielen Anglern und Teichwirten zu sehen sein. Daher liegt ein Untersuchungsschwerpunkt des Projektes auf der genetischen Untersuchung von Fischotterkot zur Identifikation von Fischotterindividuen. Auf der Etablierung dieser Untersuchungsmethode lag ein wesentlicher Schwerpunkt des Projektes, da deren Funktionieren eine Grundvoraussetzung zur Prüfung der gestellten Arbeitshypothesen im Zusammenhang mit einem zukunftsfähigen Ottermonitoring darstellt.

Darüber hinaus wurde aber auch an weiteren Fragestellungen im Rahmen des Projektes gearbeitet. So wurde mittels sozial-empirischer Methoden das Konfliktfeld „Mensch-Fischotter“ mit dem Ziel angegangen, konkrete Lösungsvorschläge für die Konflikte im Bereich der Teichwirtschaft und Angelfischerei zu erarbeiten. Im Mittelpunkt stehen dabei die nachfolgenden Aspekte:

- Einfluss des Fischotters auf die Teichwirtschaft und Angelfischerei
- Erhebung der Schadensentwicklung
- Präventions- und Kompensationsmaßnahmen und deren Wirkung
- Akzeptanz des Fischotters bei Landnutzern

Ein wichtiger Baustein zu diesem Themenbereich stellte eine schriftliche Befragung bei Angelvereinen und Teichbesitzern in Niederbayern dar.

Die „Otter-Genetik“ und das „Konfliktfeld-Mensch-Otter“ stehen im Mittelpunkt der Untersuchung. Die Gesamtziele des Projektes sind der nachfolgenden Zusammenfassung zu entnehmen:

- Evaluierung von Fischotterschäden und Präventionsmaßnahmen
- Populationsabschätzung durch verschiedene Monitoringverfahren (z.B. modellhafte DNA-Analyse und Brücken-Monitoring) in Konfliktbereichen der Modellgebiete
- Habitatevaluierung
- Darstellung des Nahrungsspektrums der bayerischen Fischotter
- Verbesserung der Information der Betroffenen und politischer Entscheidungsträger auf lokaler, regionaler und EU-Ebene

Öffentlichkeitsarbeit

Ein erster Kontakt zum Otterzentrum Hankensbüttel wurde am 27.04.2006 hergestellt, als Dr. Hans-Heinrich Krüger von der Aktion Fischotterschutz e. V. im Rahmen des Wildbiologischen Seminars des Wissenschafts-Zentrums Weihestephan einen Vortrag zum Thema „Freud und Leid mit dem Fischotter“ hielt. Am 13.10.2006 fand das Seminar „Fischotter und Teichwirtschaft“ im Otterzentrum Hankensbüttel statt. Dort wurden Kontakte zu den teilnehmenden Fachleuten geknüpft.

Das Fischotterprojekt wurde mittlerweile mehrfach der interessierten Öffentlichkeit als auch dem Fachpublikum vorgestellt. Im Rahmen des Artikels „Fischotter - ein Leben als Konflikt-Tierart“ eines LWF-aktuell-Heftes wurde das Projekt allgemeinverständlich vorgestellt (BAYERL et al., 2007).

Darüber hinaus gab es eine Sendung des Bayerischen Rundfunks, in der, zusammen mit betroffenen Teichbesitzern und dem Fischerzeugerring Niederbayern, die Problematik rund um den Fischotter einer breiten Öffentlichkeit verständlich gemacht wurde.

Erste Projektergebnisse wurden auf dem 25. Internationalen Musteliden-Kolloquium in Trebon, Tschechien, einem wissenschaftlichen Fachpublikum vorgestellt. Dies betrifft in erster Linie die genetischen Untersuchungen (BAYERL & KÜHN, 2007), während das Projekt im Allgemeinen mit einem Poster präsentiert wurde.

Nach einem Zwischenbericht im April 2008 wurden Ende Juni 2008 abschließende Ergebnisse am Bayerischen Staatsministerium für Land- und Forstwirtschaft (StMLF) und beim Bayerischen Landesfischereiverein präsentiert.

Endgültige Ergebnisse wurden am 2. Juni 2008 in Rothenburg o. d. Tauber bei der Dienstbesprechung bzw. Fortbildung für Jagdberater und Jagdsachbearbeiter an Regierungen und Ämtern mit überregionalen Aufgaben der Jagd sowie bei Informationsveranstaltungen des Bayerischen Staatsministeriums für Landwirtschaft und Forsten zu wiedereinwandernden Tierarten aus Osteuropa in den Regierungsbezirken Oberpfalz und Niederbayern Anfang Juli 2008 vorgestellt.

Mitte Juli wurden im Rahmen der ARGE-Fischotter auch deren Mitglieder aus den Bereichen Teichwirtschaft, Fischereivereine und dem Bayerischen Staatsministerium für Umwelt, Gesundheit und Verbraucherschutz (StMUGV) informiert.

Tschechische Projektpartner

Ingesamt fanden mittlerweile drei Besuche in Tschechien statt, bei denen eine Abstimmung mit den tschechischen Projektpartnern erfolgte. Ein erstes Zusammentreffen im Jahr 2006 diente der Kontaktaufnahme, der Projektvorstellung und der Klärung bestimmter Fragen zur genetischen Untersuchungsmethode. Lukas Polednik bot bei diesem Treffen seine Hilfe bei der Einarbeitung in Nahrungsanalysen und der Bestimmung von Nahrungsresten an, da er selbst unzählige Otter-Losungsproben untersucht hat.

Bei einem weiteren Treffen am 27.03.07 in Trebon wurde konkret über die weitere Zusammenarbeit gesprochen und Ideen bzgl. Untersuchungsmethoden ausgetauscht. Es wurden konkrete Schritte in Richtung eines eigenen tschechischen Interregantrages abgestimmt. Ein entsprechendes Projektkonzept liegt von tschechischer Seite vor, wurde allerdings bislang noch nicht als Interregprojektantrag eingereicht.

Einen dritten Austausch gab es auf dem Internationalen Marderkolloquium in Trebon vom 4. bis zum 7. Oktober 2007.

Auf der Ottertagung in Mauth vom 6. auf den 7. März 2008 wurde ein Vertrag über eine Nahrungsanalyse abgeschlossen. Dieser wurde erfüllt. Die Ergebnisse finden sich in diesem Bericht.

Zusammenfassung „Projekthintergrund und Zielsetzung“:

- Anstieg der bayerischen Fischotterpopulation über die vergangenen 20 Jahre
- Etablierung einer Methode zum genetischen Monitoring
- Evaluierung der Fischotterschäden
- Nahrungsspektrumsanalyse des Otters
- Habitatevaluierung
- Information von Betroffenen und Entscheidungsträgern

3 Biologie des europäischen Fischotters *Lutra lutra* (Linné, 1758)

Otter (Lutrinae) sind kleine bis große Formen, die in der Familie der Musteliden (Marderartige) die stärkste Anpassung an ein amphibisches Leben zeigen. Weltweit gibt es 13 verschiedene Otterarten. In Europa lebt nur eine (*Lutra lutra*) von ihnen. Der europäische oder eurasische Otter hat ein sehr großes Verbreitungsgebiet von der iberischen Halbinsel bis nach Ostsibirien, wobei er allerdings in weiten Regionen wie Wüsten, Steppen und Hochgebirgen fehlt. In Deutschland kommt er vor allem im Osten und in vereinzelt grenznahen Gebieten vor (Abb. 1).

Ein ausgewachsener Otter wiegt etwa 7-12kg und misst 70-90cm Rumpflänge plus etwa 40cm Schwanz. Er ist somit nach dem Dachshund der größte heimische Marder. Anpassungen an das semi-aquatische Leben sind vor allem seine stromlinienförmige Körperform und die Schwimmhäute zwischen den fünf Zehen aller vier Pfoten. Zudem besitzt er mit 50.000 Haaren pro Quadratzentimeter das dichteste Fell aller heimischen Säugetiere (beim Menschen sind es 120 Haare/cm²). Diese Dichte schützt den Otter so effektiv vor Feuchtigkeit und Kälte, dass er auf eine isolierende Speckschicht verzichten kann. Luftkammern zwischen den einzelnen Haaren verhindern ein Vordringen des Wassers zur Haut. Die einheitlich mittelbraune Farbe des Fells wird nur von unterschiedlich ausgeprägten weißen, grauen oder gelben Partien an den Lippen, der Brust, dem Hals und den Wangen unterbrochen. Dieser sogenannte Kehlfleck kann auch zur individuellen Unterscheidung genutzt werden. Eine weitere Anpassung an das Wasser ist der abgeflachte Kopf mit Ohren, Augen und Nase auf einer Linie und den ausgeprägten Barthaaren (Vibrissen), die speziell beim Beutefang eingesetzt werden.

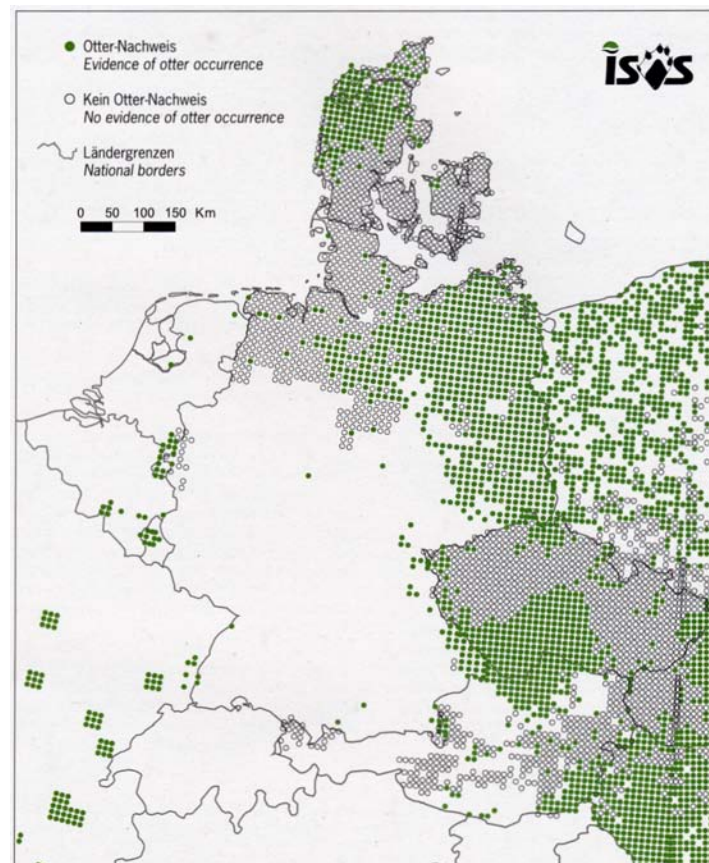


Abb. 1: Verbreitungsgebiet des europäischen Otters (*Lutra lutra*) in Mitteleuropa (Reuther 2004).

Als reiner Fleischfresser ernährt sich der Fischotter von allen am und im Wasser lebenden Tieren, die er überwinden kann. Dazu gehören Fische, Frösche, Krebse, Würmer, Vögel und sogar Ratten. Aus diesem Grund gibt es starke jahreszeitliche Schwankungen in der Zusammensetzung seiner Nahrung. Ein ausgewachsener Fischotter kann bis zu einem Kilogramm Nahrung pro Tag zu sich nehmen.

Hauptaktivitätszeiten sind Dämmerung und Nacht. In einer Nacht können die Tiere über 20 km im Wasser und auch an Land zurücklegen. Dementsprechend großräumig sind auch ihre Reviere. Es wird nur selten ein Bau gegraben, sondern meist dienen Wurzelhöhlen oder Bisambaue als Unterschlupf. Dabei wird von einem Tier immer eine Vielzahl von Lagern (teilweise über 20) genutzt.

Die ganzjährig einzeltierisch lebenden Männchen und Weibchen treffen sich nur kurz zur Paarungszeit, die nicht jahreszeitlich festgelegt ist. Daher können die 1-3 Jungen eines Wurfes nach ca. 60-tägiger Tragzeit das ganze Jahr über geboren werden. Dies bedeutet im Hinblick auf ein zukünftiges Management auch eine besondere Herausforderung für die unter Umständen betroffene Jägerschaft. Die Augen der etwa 100 g schweren Jungtiere öffnen sich erst nach ca. 30 Tagen. Ab der zehnten Woche verlassen die Jungotter in Begleitung ihrer Mutter die Wurfhöhle. Nach etwa einem Jahr sind sie dann selbstständig und suchen ihr eigenes Revier. Männchen werden im zweiten, Weibchen meist erst im dritten Jahr geschlechtsreif. Ein Fischotter kann bis zu 15 Jahre alt werden.

Fischotter besiedeln alle vom Wasser beeinflussten Habitate, von der Meeresküste, über Flüsse, Bäche, Seen und Teiche bis hin zu Sumpf- und Bruchflächen. Diese müssen allerdings eine hohe Vielfalt von unterschiedlichen kleinräumigen Strukturen aufweisen. Dazu gehören beispielsweise flache und tiefe sowie langsam oder schnell fließende Gewässerabschnitte genau wie flache oder steile Uferbereiche, Sand- und Kiesbänke usw. Die Tiere bevorzugen großräumig vernetzte und intakte Gewässersysteme mit gutem Nahrungsangebot und sehr guter Gewässerqualität.

Zusammenfassung „Biologie des europäischen Fischotters“:

- Perfekt an semiaquatische Lebensweise angepasst
- sehr großes Verbreitungsgebiet
- breites Nahrungsspektrum
- nachtaktive Einzelgänger mit großen Streifgebieten
- Keine feste Ranz- und Elternzeit
- 7-12kg, 110-130cm, 60 Tage Tragzeit, geschlechtsreif mit 2-3 Jahren, Alter - 15 Jahre
- bevorzugt zusammenhängende und gut strukturierte Gewässersysteme

4 Untersuchungsgebiet

Der Projekttitle nennt den Bayerischen Wald im Dreiländereck Bayern-Tschechien-Österreich als Untersuchungsgebiet. Fragestellungen im Zusammenhang mit dem „Konfliktfeld-Mensch-Otter“ werden für das gesamte Untersuchungsgebiet angegangen (Abb. 2).

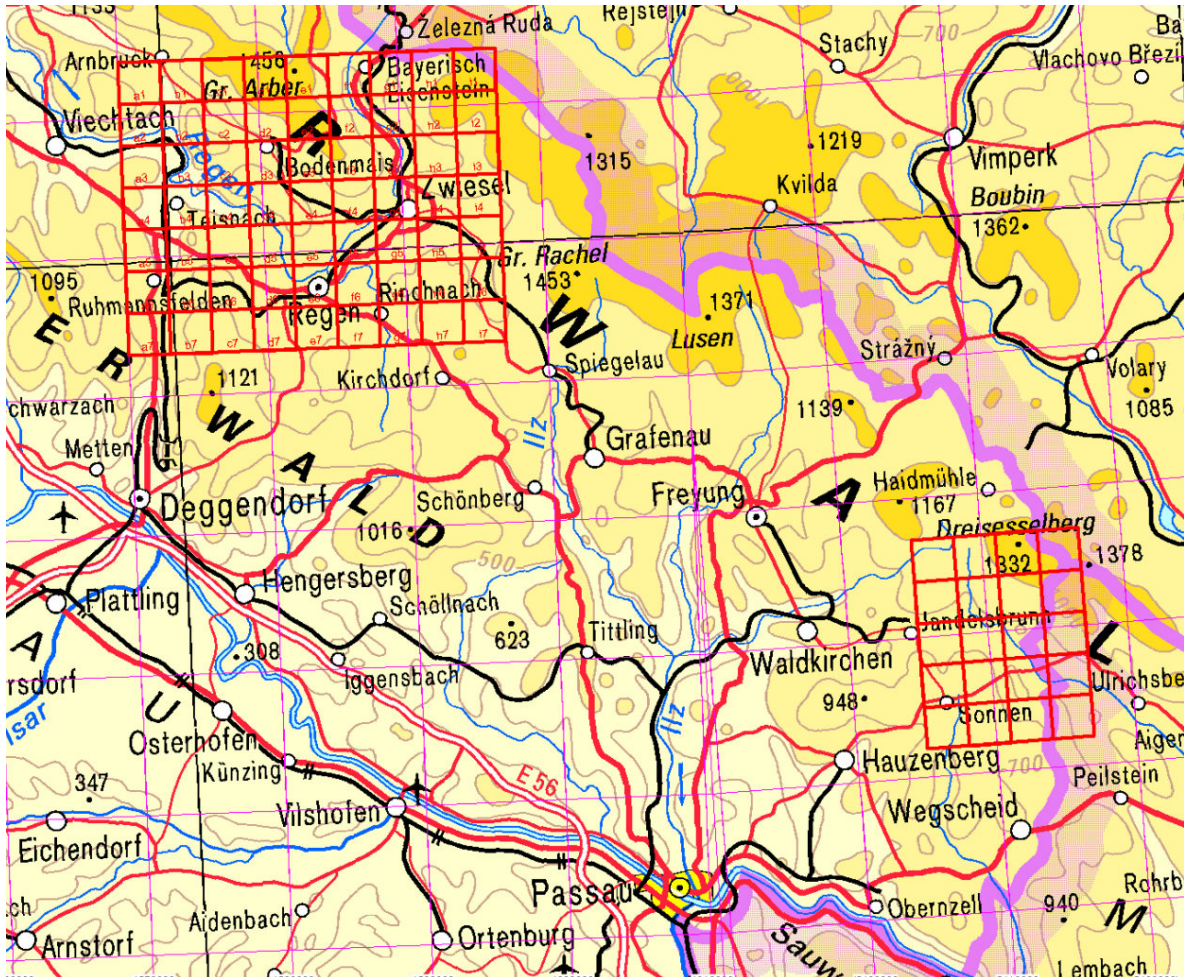


Abb. 2: Übersicht über das Untersuchungsgebiet Bayerischer Wald im Dreiländereck Bayern-Österreich-Tschechien mit den beiden Modellregionen (rote Koordinaten).

Für die wildbiologischen, genetischen und daran anknüpfenden Untersuchungen wurden zwei „Modellregionen“ innerhalb des Bayerischen Waldes ausgewählt (siehe 4.1). Dieses Vorgehen garantiert die notwendige Intensität der Arbeiten im gegebenen finanziellen Rahmen des Projektes.

4.1 Modellregionen

Die zwei ausgewählten Modellregionen liegen zum einen im Einzugsbereich des Großen bzw. Schwarzen Regen von Drachselsried über Bayerisch Eisenstein an der deutsch-tschechischen Grenze bis zur Flanitz südlich von Frauenau und im Westen nach Zachenberg (Abb. 3). Zum anderen wurde der Michelbach im Raum Neureichenau-Breitenberg bis zur deutsch-österreichischen Grenze

ausgewählt (Abb. 4). Der Große Michelbach wird auf der bayerischen Seite nordöstlich von Breitenberg zur Großen Mühl und fließt östlich davon nach Österreich. Auf der österreichischen Seite der Großen Mühl haben KRANZ et al. (2003) bereits Erhebungen zum Fischotter anhand von Losungsdichten durchgeführt.

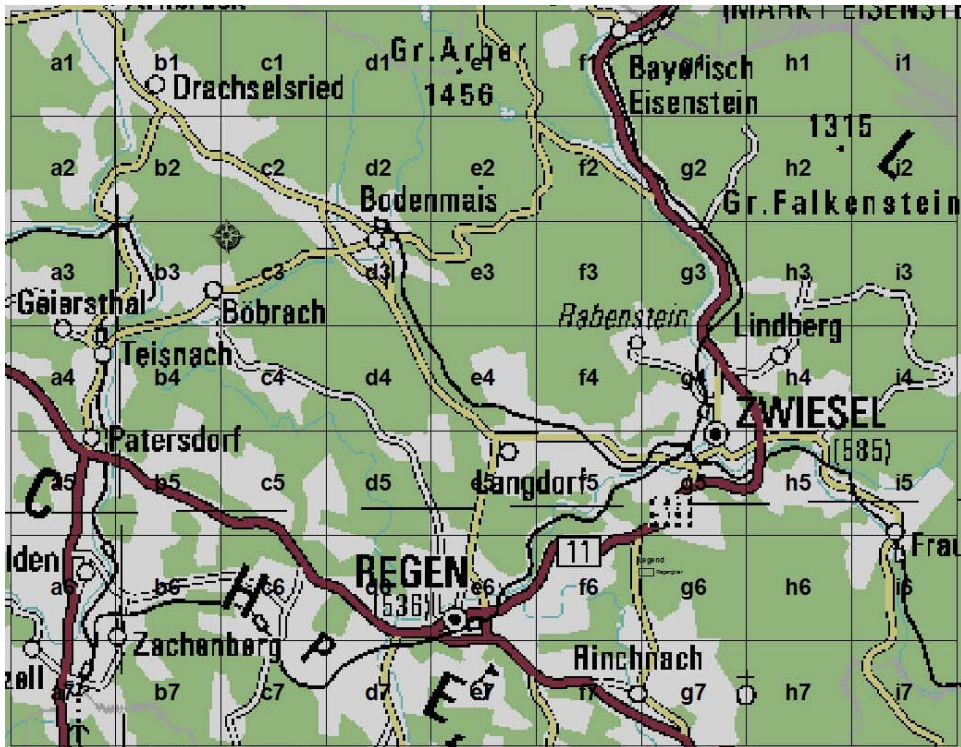


Abb. 3: Modellregion im Einzugsbereich des Schwarzen Regen von Bayerisch Eisenstein an der deutsch-tschechischen Grenze bis nach Teisnach (Koordinatengitter zur Dichteabschätzung).



Abb. 4: Modellregion im Einzugsbereich des Großen Michelbachs im Raum Neureichenau-Breitenberg an der deutsch-österreichischen Grenze (Koordinatengitter zur Dichteabschätzung).

Über die beiden Modellregionen wurde ein Koordinatengitter mit 3km Kantenlänge gelegt, das sich an den Gauß-Krüger-Koordinaten orientiert. In jedem einzelnen Planquadrat (im Gebiet Regen 63, im Gebiet Michelbach 20) wurden Strukturen gesucht, an denen Otterspuren wahrscheinlich sind. Von diesen wurden dann die drei mit der höchsten Wahrscheinlichkeit ausgewählt und nach Otterspuren abgesucht. Sobald die erste Spur gefunden wurde, wurde die weitere Suche eingestellt. Wenn möglich werden gefundene Proben auch genetisch untersucht, um sie u. U. später bekannten Individuen zuzuordnen. Der eigentliche Zweck dieser Untersuchung ist eine Dichteabschätzung ähnlich wie in bekannten Studien (LfU 2007, REUTHER 2000), allerdings mit einer höheren Auflösung. Die bisherigen Planquadrate waren immer Messtischblätter (MTB) einer TK25 Karte, was in Mitteleuropa einer Größe von mindestens 10x10km entspricht. Durch einen Vergleich mit vorangegangenen Studien soll eine genauere Hochrechnung der Populationsdichten für ähnliche Habitate wie in den Modellregionen erzielt werden.

Zusammenfassung „Untersuchungsgebiet und Modellregionen“:

- Bayerischer Wald im Dreiländereck Bayern-Tschechien-Österreich als Untersuchungsgebiet.
- Zwei Modellregionen (Schwarzer Regen – Michelbach).
- Systematische Probennahme durch eindeutige Koordinaten.

5 Non-invasive genetische Untersuchung anhand von Fischotterlosung

Fischotter sind relativ schwierig zu beobachten (sieht man einmal von den Shetland-Ottern, die KRUUK (2006) untersuchte, ab), optisch individuell kaum zu unterscheiden, aber auch nicht leicht zu fangen oder zu markieren. Eine Übersicht der Vor- und Nachteile einzelner Untersuchungsmethoden beim Fischotter geben KALZ & FICKEL (2003). Beispielsweise machen telemetrische Studien, neben den bekannten Einschränkungen dieser Untersuchungsmethode, bei Ottern das Implantieren eines Senders notwendig. Hiermit sind nicht unerhebliche Risiken für die Gesundheit der Tiere verbunden. Vermutlich gerade weil sich Otter mittels der Methode der Telemetrie schlecht untersuchen lassen, mangelt es nach wie vor an Erkenntnissen über Populationsgrößen und -entwicklung, Reproduktions- und Mortalitätsraten sowie die spezifischen Raumannsprüche der Art und ihrer sozialen Gruppen. Diese und andere Informationen sind für wirksame Schutzmaßnahmen und deren Evaluierung genauso notwendig, wie für die Entspannung des Konfliktes Mensch-Otter.

Um die Kenntnisse über Populationsstruktur und -dynamik der Fischotter im Bayerischen Wald zu erhalten, ohne jedoch Tiere stören, manipulieren oder in ihrer Lebensweise beeinträchtigen zu müssen, untersuchten wir Kotproben und Analsekrete frei lebender Fischotter, die den Tieren zur Reviermarkierung dienen.

Dieser Projektteil wird federführend von Helmut Bayerl im Rahmen seiner Dissertation unter Leitung von PD Dr. Ralph Kühn (AG Molekulare Zoologie, TUM) bearbeitet. Mittels DNA-Analysen sollen einzelne Fischotter individuell unterschieden werden. Somit lassen sich ihr Raumnutzungsverhalten, ihre Anzahl und das Geschlechterverhältnis bestimmen. Ob damit Fischotterpopulationen im Bayerischen Wald genauer als bisher (z.B. über Spurensuche, Sichtungen oder Koterfassung) erfasst werden können, soll diese Studie zeigen.

5.1 Vorgehen

Zur Sammlung von Fischotterlosung als genetisches Probenmaterial wurden in beiden Modellregionen Kernzonen definiert, in denen eine intensive Probensammlung stattfand. Dazu wurden Kontrollpunkte entlang der Hauptfließgewässer eingerichtet, an denen nach Fischotterlosung gesucht wurde. Dabei wurden zunächst verschiedene Brücken sowie nach Möglichkeit jeweils ca. 200 Meter Fließstrecke ober- und unterhalb der Brücken begangen. Als Kontrollpunkt geeignete Brückenbauwerke sowie alle entlang der Fließstrecke gefundenen Losungsplätze von Fischottern wurden mittels GPS Handempfängern eingemessen und fortan bei jeder Sammlung erneut aufgesucht. Im Laufe der Untersuchungen wurden auf diese Weise immer wieder einzelne Kontrollpunkte an geeigneten Stellen hinzugefügt, so dass die zuletzt eingerichteten Kontrollpunkte nur über eine entsprechend kürzere Zeitspanne hinweg beprobt werden konnten. Für die genetischen Untersuchungen wurden insgesamt 87 Kontrollpunkte eingerichtet, wobei 34 auf das Einzugsgebiet des Großen und Schwarzen Regens entfallen, 53 auf das des Großen Michelbaches. In beiden Kernzonen wurden ebenfalls Fischzuchtanlagen beprobt. Im Einzugsgebiet des Regens ist dies der Fischereiliche Lehr- und Beispielbetrieb Lindbergmühle. Im Bereich des Michelbaches ist es die Fischzucht Fesl (und angrenzende Teiche von

Herrn Richter) südöstlich von Neureichenau. Es wurde versucht, die einzelnen Kontrollpunkte mindestens einmal monatlich zu beproben. Dieser Untersuchungsrythmus konnte im Projektverlauf nicht durchgängig eingehalten werden, da beispielsweise Phasen mit starkem Niederschlag und hohe Wasserstände der untersuchten Fließgewässer es unmöglich machten, Otterkot an den eingerichteten Kontrollpunkten zu finden. Detailansichten zu den Kontrollpunkten im Einzugsgebiet des Michelbaches und des Regens sind den Abbildungen im Anhang zu entnehmen.

Weiterhin wurden Kotproben aus dem Tierfreigelände des Nationalparks Bayerischer Wald bei Altschönau entnommen, wo zum Zeitpunkt der Probennahme ein einzelnes Fischotter-Weibchen gehalten wurde, um es auf Verwandtschaft mit außerhalb lebenden Fischottern hin zu untersuchen. Eine zweite Probe (Haare) wurde vom Nationalpark von einem Tier zur Verfügung gestellt, das von außen in das Gehege eindringen wollte und gefangen werden konnte.

5.1.1 PROBENMATERIAL

Bei der Verwendung von Kotproben als genetisches Probenmaterial ist die Frische der Losungen von entscheidender Bedeutung, um eine möglichst hohe Ausbeute an extrahierter DNA zu erhalten (KALZ, pers. Mitt., HÁJKOVÁ et al. 2006, LAMPA et al. 2007,). Deshalb wurden zur späteren Orientierung im Labor vier Alterskategorien für Kotproben und zwei Alterskategorien für Analsekrete definiert (Tab. 1). Kotproben der Kategorien 3 und 4 sind lediglich für Nahrungsanalysen geeignet.

Bis einschließlich Februar 2008 wurden in den Kernzonen insgesamt 1349 Fischotterlosungen und Analsekrete aufgesammelt. Davon entfielen 697 Proben auf das Einzugsgebiet des Großen und Schwarzen Regens sowie die Fischzucht Lindbergmühle und 652 Proben auf das Einzugsgebiet des Großen Michelbaches inklusive der Fischzucht Fesl. Dies beinhaltet für das Gebiet Regen 386 und für den Michelbach 310 alte Losungen, die für genetische Untersuchungen nicht mehr geeignet waren und deshalb nur für Nahrungsanalysen herangezogen werden können.

Tab. 1: Einteilung von Kotproben und Analsekreten von Fischottern in verschiedene Alterskategorien.

Probenart	Kategorie	Beschreibung
Kotproben	1	frisch, Oberfläche schleimig, starker typischer Geruch
	2	Oberfläche trocken, Losung noch weich, starker typischer Geruch
	3	Losung alt, hart und trocken, stark am Untergrund haftend, schwächer riechend
	4	Losung sehr alt, bereits am Zerfallen, schwach am Untergrund haftend, schwach riechend
Analsekrete	1	frisch, schleimig, starker typischer Geruch
	2	älteres Sekret, zähe Konsistenz, typischer Geruch

Das Einsammeln der Kotproben und Analsekrete erfolgte jeweils an zwei bis fünf aufeinander folgenden Tagen. Dabei wurden am ersten Tag alle Kontrollpunkte aufgesucht und sämtliche vorhandenen Fischotter-Losungen abgesammelt. Alte und mehrere übereinander liegende Losungen wurden für Nahrungsanalysen gesichert und, sofern vorhanden, Losungen der Alterskategorie 1 und 2 für genetische Analysen gesammelt. Am folgenden bzw. den folgenden Tagen wurden alle Kontrollpunkte wieder aufgesucht, um möglichst frische Losung für die Analyse zu erhalten.

Alle Losungen, die für die genetische Untersuchung in Frage kamen, wurden in 50ml- Probentrockenröhrchen aufgenommen und bis zur Rückkehr ins Labor in einer gekühlten Transportbox aufbewahrt. Im Labor wurde die DNA aus den Losungen in der Regel sofort nach Ankunft extrahiert. War dies nicht möglich, wurden die Losungen bis zur Extraktion der DNA bei -20°C gelagert.

5.1.2 PRINZIP DER GENETISCHEN UNTERSUCHUNGEN

Aus dem genetischen Probenmaterial, in dieser Studie vor allem Fischotterkot, wird die enthaltene DNA extrahiert und dient als Ausgangsmaterial für alle weiteren Untersuchungen. Zur Identifikation von einzelnen Individuen und zur Berechnung von populationsgenetischen Parametern wird ein sogenannter genetischer Fingerabdruck (Mikrosatellitenanalyse) von den einzelnen Proben erstellt. Dazu wird die extrahierte DNA an ausgewählten Mikrosatelliten-Loci mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) vervielfältigt. Mikrosatelliten sind kurze DNA-Sequenzen, die sich fortlaufend wiederholen, z.B. ...TATATATATA.... Die Anzahl der Wiederholungen (5x TA, 6x TA, 7x TA usw.) wird vererbt und bestimmt die Länge des Mikrosatelliten-Abschnittes auf der DNA. Für die Erstellung des genetischen Fingerabdruckes wird die Länge aller ausgewählten Mikrosatelliten durch Genotypisierung bestimmt.

5.1.3 QUANTIFIZIERUNG VON EXTRAHIERTER FISCHOTTER-DNA

Nach der Extraktion von DNA aus Kot- und Analsekretproben wurde die Menge der in den Extrakten enthaltenen Fischotter-DNA quantifiziert, um alle DNA-Proben, die für eine nachfolgende Mikrosatellitenanalyse geeignet sind, zu identifizieren. Dies ist notwendig, da DNA aus Kotproben häufig in geringer Menge und Qualität vorliegt und dadurch die Vervielfältigung durch PCR stark eingeschränkt ist. Die korrekte Genotypisierung einer DNA-Probe kann dadurch sehr schwer bis unmöglich werden, weshalb es sinnvoll ist DNA Extrakte von schlechter Qualität vor der arbeits- und kostenintensiven Mikrosatellitenanalyse auszusortieren. Gründe für eine fehlgeschlagene Amplifikation (Vervielfältigung) von DNA aus Kot sind hauptsächlich:

- eine zu geringe Ausgangsmenge an DNA (nur wenige Darmepithelzellen werden ausgeschieden),
- fortgeschrittene Degradierung der DNA durch UV-Strahlung, enzymatische und bakterielle Aktivität im Kot oder
- die Anwesenheit von PCR-Inhibitoren.

Die klassische photometrische Quantifizierung der extrahierten DNA eignet sich jedoch nicht bei Kotproben. Der Hauptgrund liegt darin, dass mit dem Photometer sämtliche in einer Lösung enthaltenen Nukleinsäuren erfasst werden. In der Regel macht die „gesuchte“ DNA des Tieres, von dem die Losung stammt, jedoch nur einen geringen Anteil der extrahierten DNA aus. Weitere Quellen von DNA in Kot sind vor allem Bakterien und die Nahrung selbst. Auch die Qualität der DNA und die An-

wesenheit von PCR-Inhibitoren lassen sich photometrisch nicht bestimmen. Beides sind jedoch häufige Faktoren für eine herabgesetzte Effektivität oder den vollständigen Ausfall einer PCR trotz vorhandener „Ziel-DNA“, in diesem Fall Fischotter-DNA.

Hier bietet die Methode der quantitativen real-time-PCR (qPCR) große Vorteile. Die Quantifizierung erfolgt nach MORIN et al. (2001) durch die Amplifikation eines kurzen, nicht variablen Abschnittes der Ziel-DNA bei gleichzeitiger Messung der DNA-Zuwachsrates pro Amplifikationszyklus. Die Berechnung der Ausgangskonzentration erfolgt durch den Vergleich mit einer externen Standardgeraden und drei parallel amplifizierten Fischottergewebeproben bekannter DNA-Konzentration. Die selektive Amplifikation von Fischotter-DNA, die aus Kotproben extrahiert wurde, soll durch die Anwendung von Primern mit artspezifischen Sequenzen gewährleistet werden.

Hierfür wurde zu Beginn der Studie das Primersystem LutRT2 etabliert (siehe Anhang Abbildung 16 bis Abbildung 21), mit dem ein ca. 100 Basenpaare langes DNA-Stück aus der flankierenden Region des Mikrosatelliten Lut 615 amplifiziert wird. Die Amplifikation dieses DNA-Abschnittes wurde mit dem LightCycler® - System der Firma Roche durchgeführt. Trotz der Verwendung artspezifischer Primersequenzen kam es vor allem bei Kotproben immer wieder zur Bildung von unspezifischen PCR-Produkten (Abb. 5), wodurch die tatsächlich enthaltene Menge an Fischotter-DNA überschätzt wird. Deshalb wurde das PCR Protokoll weiter optimiert, indem die DNA einem sogenannten „touchdown“-Protokoll folgend amplifiziert wurde. Dadurch wird die Spezifität der Reaktion vor allem in den ersten Amplifikationszyklen, während derer die Vorlagen für alle weiteren Vervielfältigungen der Fischotter-DNA hergestellt werden, erhöht. Anhand von vier Kotproben konnte exemplarisch gezeigt werden, dass die Spezifität der Amplifikation durch die Einführung des touchdown-Protokolls in der Praxis tatsächlich deutlich erhöht wurde. (Abb. 6). Die Prüfung der Spezifität des qPCR-Ansatzes erfolgt mittels Schmelzkurvenanalyse. Dabei wird diejenige Temperatur bestimmt, ab der sich die DNA-Doppelstränge eines PCR-Produktes durch sukzessives Erhöhen der Temperatur trennen. Diese Temperatur ist charakteristisch für jedes PCR-Produkt und wird grafisch durch einen Gipfel in der Schmelzkurve dargestellt. Mehrere Gipfel in einer Schmelzkurve deuten also darauf hin, dass in einer PCR-Reaktion mehrere unterschiedliche PCR-Produkte gebildet wurden, was in der Regel unerwünscht ist (Vgl. Abb. 5 und Abb. 6).

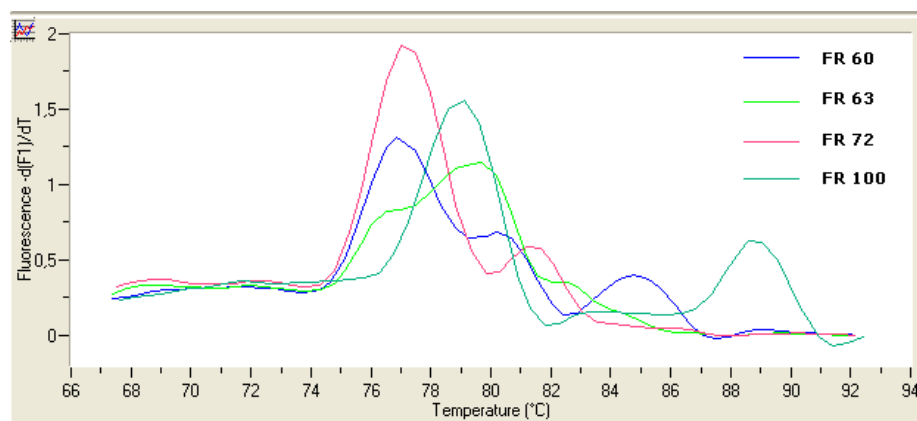


Abb. 5: Schmelzkurvenanalyse von DNA aus vier Fischotter-Kotproben bei herkömmlichem PCR-Protokoll mit 57°C Annealingtemperatur. Das Problem der Amplifikation unspezifischer PCR-Produkte

zeigt sich in der Vielzahl von unterschiedlichen Gipfeln der einzelnen Kurven. FR 60, FR 63, FR 72 und FR 100 bezeichnen verschiedene DNA-Extrakte.

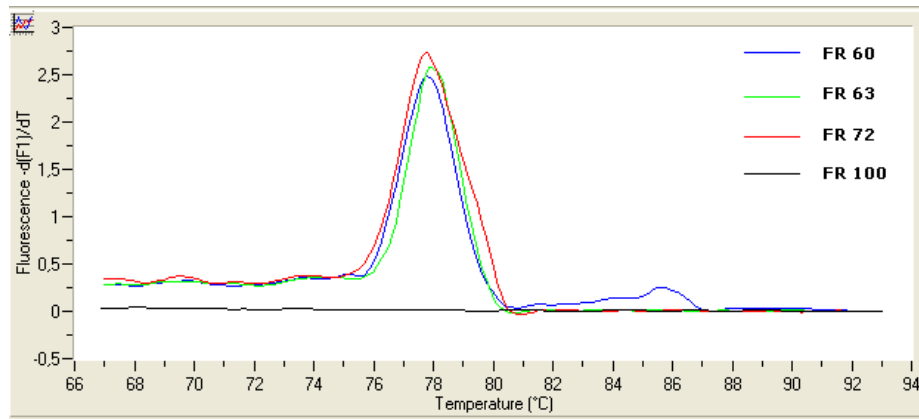


Abb. 6: Schmelzkurvenanalyse der in Abb. 5 dargestellten DNA aus Fischotter-Kotproben in einer touchdown-PCR von 65°C auf 57°C Annealingtemperatur. Die Spezifität der Amplifikation ist im Vergleich zu der in Abb. 5 deutlich erhöht, was sich in der sehr einheitlichen Kurvenform zeigt. FR 60, FR 63, FR 72 und FR 100 bezeichnen verschiedene DNA-Extrakte.

5.1.4 GENOTYPISIERUNG VON FISCHOTTER-KOTPROBEN UND BESTIMMUNG VON FEHLERRATEN

Für die Genotypisierung von Fischotterproben wurde zunächst ein Set von 13 Mikrosatelliten (DALLAS & PIERTNEY 1998) angewandt. Durch die niedrige Quantität und Qualität an „Ziel-DNA“ in Kotproben kann es während der Analyse zu sogenannten Genotypisierungsfehlern kommen. Dies sind in erster Linie „Allelic Dropout“ und „False Allels“. Bei einem Allelic Dropout - Ereignis wird nur eines von zwei Allelen eines heterozygoten Individuums detektiert – ein Allel fällt aus (Abb. 7). Kommt es zur Detektion eines Allels, das nicht dem wahren Genotyp eines Individuums entspricht, so spricht man von einem False Allel, also einem falschen Allel (Abb. 8). Durch die fast ausschließliche Verwendung von Kot und Analsekreten als Probenmaterial war es zu Beginn der Studie notwendig, die Genotypisierungsfehlerraten der einzelnen Mikrosatelliten in Abhängigkeit von der DNA-Menge der Probe zu bestimmen. Dazu wurden jeweils eine Haar- und zwei Kotproben von 8 Fischottern genotypisiert und die Ergebnisse auf Abweichungen hin verglichen. Die Haarproben, von denen angenommen wird den wahren Genotypen zu liefern, dienten dabei als Referenz für die Ergebnisse der Kotproben. Das Probenmaterial war vom Otterzentrum Hankensbüttel und dem Tiergarten Nürnberg zur Verfügung gestellt worden, wobei Haar- und Kotproben jeweils eindeutig einem Individuum zuzuordnen waren.

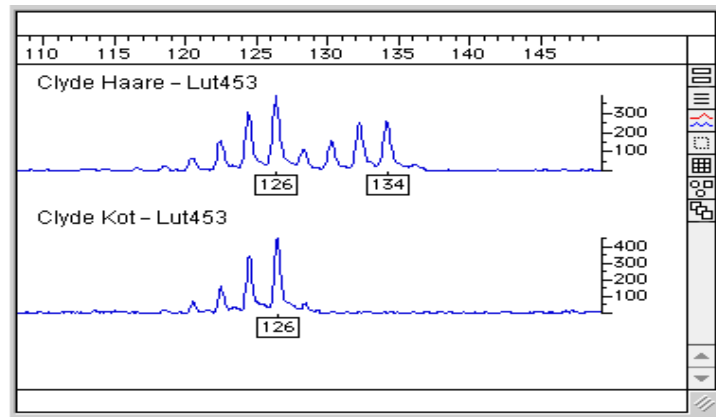


Abb. 7: „Allelic Dropout“ bei der Genotypisierung einer Kotprobe. Während die Haarprobe eines Individuums („Clyde“) einen heterozygoten Genotypen aufweist (Allele 126 und 134), wurde bei der Kotprobe nur ein Allel (126) detektiert.

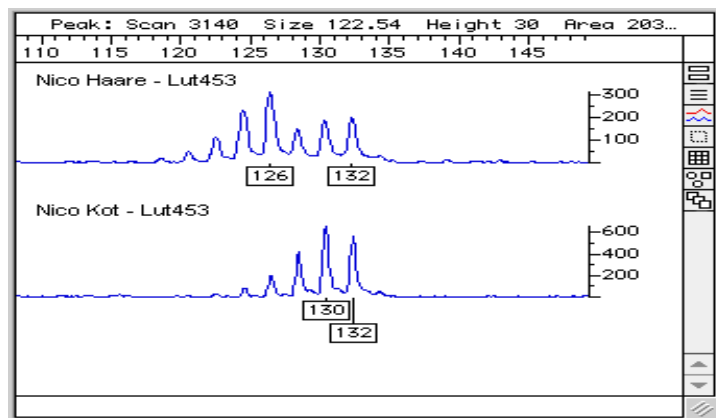


Abb. 8: Detektion eines „False-Allel“. Während die Haarprobe eines Individuums („Nico“) die Allele 126 und 132 aufweist, wurden bei der Kotprobe die Allele 130 und 132 detektiert. Das Allel 130 entspricht nicht dem wahren Genotyp des Tieres und wird als False-Allel bezeichnet.

Die Konzentration der DNA-Extrakte aus Kot schwankte bei diesem Vorversuch zwischen einer in der qPCR nicht nachweisbaren Menge („Null“) und 234,2 pg/μl. Mit steigender DNA-Konzentration des Extraktes stieg auch der Anteil der korrekt bestimmten Allele, bzw. fiel der Anteil der falsch bestimmten Allele (Abb. 9 sowie Anhang Tabelle 1). Die Korrelationen des DNA-Gehaltes der Extrakte mit dem Anteil korrekt bzw. falsch bestimmter Allele waren signifikant ($p = 0,0223$).

Um die Mindestkonzentration eines DNA-Extraktes zu bestimmen, mit der eine zuverlässige Genotypisierung möglich ist, wurde der Anteil der korrekt bestimmten bzw. die Summe aus falsch bestimmten und nicht amplifizierten Allelen gegen die DNA-Konzentration aller untersuchten Kotproben aufgetragen (Abb. 9).

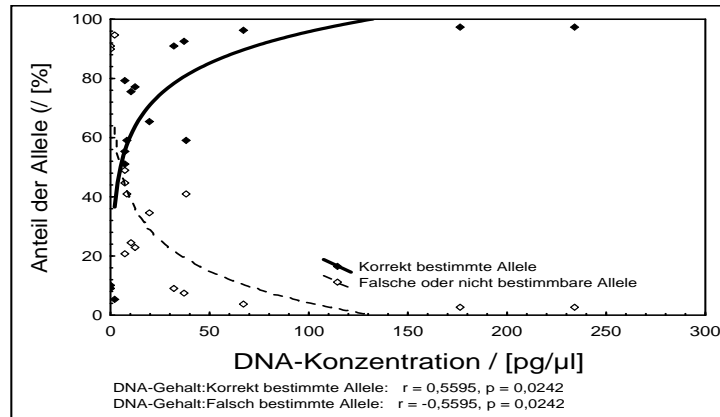


Abb. 9: Korrelationen des Anteils korrekt bestimmter Allele sowie des Anteils falscher bzw. nicht bestimmbarer Allele aus 16 Fischotter-Kotproben mit dem DNA-Gehalt der Extrakte. Es wurden 13 Mikrosatelliten-Loci (DALLAS & PIERTNEY 1998) pro Probe genotypisiert.

Mit Hilfe einer logarithmischen Anpassung wurde berechnet, dass bei einer DNA-Konzentration von 68,5 pg/µl 90% aller Allele korrekt bestimmt werden. Bei drei unabhängigen Genotypisierungen pro Probe bietet diese Erfolgsrate eine genügend große Wahrscheinlichkeit für die Bestimmung des wahren Genotyps einer Probe. Dieser Grenzwert findet nun bei der Genotypisierung aller weiteren DNA-Extrakte aus Kotproben seine Anwendung, um damit Zeit- und Kostenaufwand zu reduzieren.

5.1.5 GENETISCHE ARTUNTERSCHIEDUNG ZWISCHEN EURASISCHEM (*LUTRA LUTRA*) UND KANADISCHEM FISCHOTTER (*LONTRA CANADENSIS*) UND DEM AMERIKANISCHEN NERZ (*MUSTELA VISON*)

Im Jahr 2006 wurde ein ungewöhnlich großer Fischotter (Kopf-Schwanz Länge 1,47 m; Gewicht: 20 kg) bei Tittmoning in Oberbayern im Straßenverkehr getötet. Da sich Gerüchte mehrten, es könnte sich hierbei um einen ausgesetzten Kanadischen Fischotter handeln, wurde eine genetische Methode zur Artunterscheidung zwischen Eurasischem und Kanadischem Fischotter und dem Amerikanischen Nerz (Mink) entwickelt.

Zur Artbestimmung wurde eine Restriktions-Fragment-Längen-Polymorphismus-Analyse (RFLP) eines Abschnittes des Cytochrom b Gens der drei fraglichen Arten etabliert. Dazu wurden die Sequenzen des Cytochrom b Gens der drei genannten Arten mit Hilfe der NCBI-Datenbank verglichen und ein Primersystem entworfen, das bei allen Arten ein homologes Stück des Gens von ca. 400 Basenpaaren Länge amplifiziert. Diese Sequenzen wurden auf punktuelle Sequenzunterschiede hin verglichen, um so für eine Artunterscheidung geeignete Restriktionsenzyme zu identifizieren. Es wurden die Restriktionsenzyme *Aat II* und *Psc I* ausgewählt, mit denen die PCR Produkte der drei fraglichen Arten verdaut wurden. Dabei wird die DNA des Eurasischen Fischotters von beiden Enzymen je einmal geschnitten (ergibt drei unterschiedlich lange Fragmente), die DNA des Kanadischen Fischotters wird von *Aat II* einmal geschnitten (ergibt zwei etwa gleich lange Fragmente) und die DNA des Amerikanischen Nerzes wird von *Psc I* einmal geschnitten (ergibt zwei unterschiedlich lange Fragmente) (Vgl. Ergebnisse und Diskussion, 5.2.4, Abb. 16).

Zur weiteren Vereinfachung der Methodik wurde getestet, ob eine Artunterscheidung schon anhand der Daten der DNA-Quantifizierung durch Vergleich der Schmelzkurven möglich ist. Es zeigte sich, dass die Schmelztemperaturen der PCR-Produkte der drei Arten in einem Bereich von lediglich 0,6°C variierten, und die innerartliche Variabilität teilweise größer als die zwischenartliche Variabilität war (Abb. 10). Aus diesem Grund muss für die genetische Artbestimmung weiterhin die etwas aufwändigere RFLP-Analyse empfohlen werden.

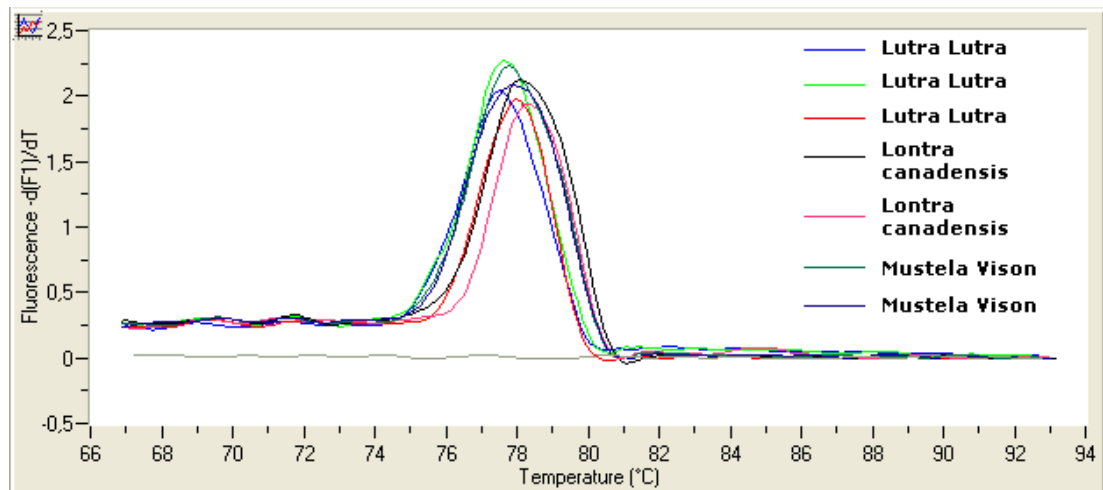


Abb. 10: Schmelzkurvenanalyse des in der DNA-Quantifizierung verwendeten DNA-Abschnittes bei *Lutra lutra* (3 Proben), *Lontra canadensis* (2 Proben) und *Mustela vison* (2 Proben). Für eine sichere Artunterscheidung sind die Unterschiede in der Schmelztemperatur zu gering.

Genetische Referenzproben von *Lutra lutra*, *Lontra canadensis* und *Mustela vison* waren vom Wildpark Edersee, der Zoologischen Staatssammlung München und dem Otterzentrum Hankensbüttel zur Verfügung gestellt worden.

5.1.6 GENETISCHE GESCHLECHTSBESTIMMUNG VON FISCHOTTER-PROBEN

Zur genetischen Geschlechtsbestimmung von Fischottern werden der in der Artbestimmung verwendete Abschnitt des Cytochrom b Gens (siehe 5.1.5) und der bei Musteliden geschlechtsspezifische Marker DBY7Ggu (HEDMARK et al. 2004) in einer Multiplex-PCR amplifiziert. Der Cytochrom b Abschnitt liefert sowohl bei Männchen als auch bei Weibchen ein PCR-Produkt, während der Geschlechtmarker lediglich bei Männchen amplifiziert wird. Der Cytochrom b Abschnitt dient als Kontrolle für das Vorhandensein von Fischotter-DNA und die korrekten PCR-Bedingungen, da bei der alleinigen Amplifikation des Geschlechtmarkers das Resultat „weiblich“ nicht von einem Totalausfall der PCR zu unterscheiden wäre (keine sichtbare Bande auf dem Agarosegel).

Die Methodik wurde anhand von Haarproben von 3 männlichen und 2 weiblichen Zootieren getestet, wobei die Proben der Männchen wie erwartet zwei, und die der Weibchen ein PCR-Produkt der entsprechenden Länge zeigten (Abb. 11).

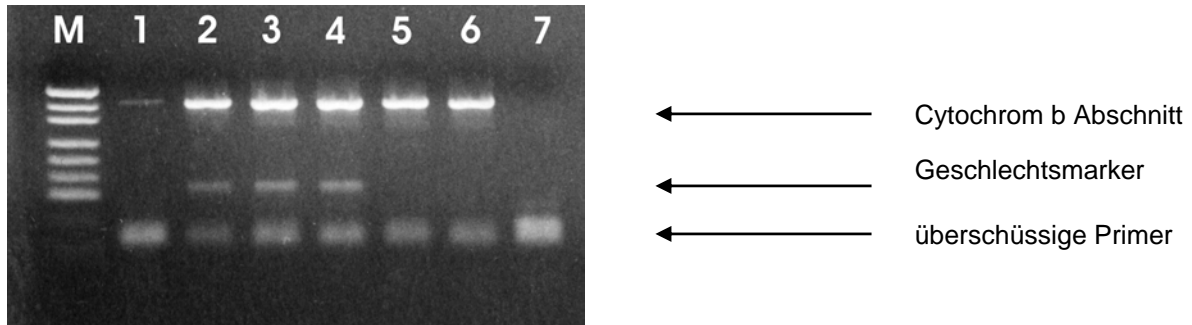


Abb. 11: Geschlechtsbestimmung von Fischotter DNA-Proben und einer menschlichen DNA-Probe. M = Längenmarker pUC19 MspI 23, 1 = humane männliche DNA-Probe; 2, 3 und 4 = DNA-Proben von Fischotter-Männchen; 5 und 6 = DNA-Proben von Fischotter-Weibchen; 7 = Negativkontrolle.

Um auszuschließen, dass eine Kontamination von Fischotterkotproben mit DNA von männlichen Mitarbeitern des Projektes beim Einsammeln der Kotproben zu einer fälschlichen Amplifikation des Geschlechtsmarkers führt, wurde auch eine männliche humane DNA-Probe in der beschriebenen Multiplex-PCR amplifiziert. Es zeigte sich zwar eine leichte Bande auf Höhe des Cytochrom b Abschnittes, der Geschlechtsmarker wurde jedoch nicht amplifiziert (siehe „1“ in Abb. 11).

5.1.7 IDENTIFIKATION VON EINZELINDIVIDUEN

Direkte Sichtbeobachtungen oder indirekte Nachweise von Fischottern (z. B. Kot, Trittsiegel, Scharrhaufen, Baue, Fraßreste) sind schwierig zu erfassen und lassen sich selten einzelnen Individuen zuordnen (vgl. REUTHER, 1993; KRUUK, 2006). Die Markierung von Ottern ist kompliziert und birgt Risiken für das jeweilige Tier. Dennoch sind Bestandesschätzungen von größter Bedeutung. Einerseits kann man über die Kenntnis von Otterpopulationsdichten den Erfolg oder Misserfolg von Schutzbemühungen quantifizieren und somit bewerten. Andererseits liefern Bestandeszahlen auch Hinweise, ob und, wenn ja, in welchem Umfang eine Population „Abgänge“ verkraften kann, ohne ihren Gesamtbestand zu gefährden. In jüngster Zeit gewinnen moderne Methoden der Genetik immer größere Bedeutung beim Monitoring von Wildtierpopulationen. Genanalysen (DNA-Fingerprinting) ermöglichen es, einzelne Fischotterindividuen zu identifizieren (vgl. HÁJKOVÁ et al., 2006; KALZ & FICKEL, 2003, LAMPA et al., 2007). Diese Methode erlaubt aber auch die Beantwortung ganz unterschiedlicher Fragen. So können einerseits die Mindestanzahl von Fischottern am beobachteten Gewässer sowie, bei entsprechender Probenzahl (siehe auch 5.2.5), die Größe individueller Streifgebiete abgeschätzt werden. Andererseits lassen genetische Daten Rückschlüsse auf Verwandtschaftsverhältnisse, Populationsstruktur und Geschlechterverhältnis zu.

Noch zu Beginn des Projektes wurde von Seiten des LfU die Notwendigkeit einer Bestandesschätzung der Otterpopulation negiert. Dennoch wurde mittlerweile auch von Seiten des Naturschutzes eine Abschätzung der Fischotter-Populationsgröße in Ostbayern vorgenommen (SACHTELEBEN & SIMLACHER, 2007). Hierbei wird auf Dichteschätzungen von KRANZ et al. (2003) aus dem benachbarten Mühlviertel in Österreich zurückgegriffen. Dabei wird unterstellt, dass die Habitatbedingungen der im Austausch bestehenden Otterpopulationen aufgrund ähnlicher naturräumlicher Bedingungen vergleichbar seien. Zur Ermittlung der Otterdichte in Ostbayern wurden mittels eines

digitalen Höhenmodells die Größe der jeweiligen Einzugsbereiche der Fundorte berechnet, bezogen auf den Fundort der innerhalb eines Gewässers am weitesten flussabwärts lag. Danach wurden die Größe der jeweiligen Einzugsbereiche mit den Dichteangaben von KRANZ et al. multipliziert (er ermittelte 3,6 Otterindividuen/100km² Einzugsgebiet, min. 2,0, max. 5,3). Somit schätzen SACHTELEBEN & SIMLACHER die Otterpopulation in Ostbayern auf „vermutlich“ max. 300 Individuen (+/- 169-447 Otterindividuen). Unter Einbezug der vermutlich in geringerer Dichte besiedelten Randbereiche der derzeitigen Verbreitung gehen sie von nur ca. 215 Individuen in Ostbayern aus. Allerdings sind diese Schätzwerte mit verschiedenen Unsicherheiten behaftet: Es liegen keine Bestandeserhebungen vor, die in gleichsinniger Weise wie bei KRANZ et al. durchgeführt wurden. Aus anderen Gebieten sind durchaus deutlich höhere wie auch niedrigere Dichten bekannt (vgl. z.B. KALZ & KOCH, 2005; KRUIK, 2006). Außerdem schwankt die „Sichtbarkeit“ von Otterspuren im Jahresverlauf. Des Weiteren wird auf eine kritische Würdigung der KRANZ’schen Dichteermittlung verzichtet.

Diese Unsicherheiten bei den derzeitigen Bestandesangaben bestätigen die Richtigkeit der Anwendung und Weiterentwicklung der Methoden der genetischen Untersuchungen als ein weiteres Instrument der Dichteermittlung.

5.2 Ergebnisse und Diskussion

5.2.1 DNA-EXTRAKTION UND QUANTIFIZIERUNG

Insgesamt wurde DNA aus 430 Kotproben und 162 Analsekretproben mit Hilfe des Qiagen® DNA Stool Mini Kits extrahiert. Die dabei verwendeten Proben stammten aus verschiedenen Alterskategorien, wobei der größte Anteil auf Kotproben der Kategorien 1 und 2 sowie Analsekretproben der Kategorie 1 entfiel (Tab. 2 und Tab. 3).

Tab. 2: Übersicht über die Anzahl bearbeiteter Kotproben aus vier verschiedenen Alterskategorien, den Anteil der Kotproben mit nachweisbarer Fischotter-DNA > 0 pg/µl und den durchschnittlichen DNA-Gehalt der Extrakte mit > 0 pg/µl Fischotter-DNA.

Alterskategorie	bearbeitete Kotproben	davon Kotproben mit nachweisbarer Fischotter-DNA	DNA-Gehalt der Extrakte mit nachweisbarer Fischotter-DNA / [pg/µl] (Mittelwert ± SD)
gesamt (1 – 4)	430	136 (31,6%)	53,7 ± 91,4 (238,9 ± 2162,1 inkl. Extremwert)
1	281	93 (33,1 %)	58,2 ± 99,8
2	134	41 (30,6 %)	54,2 ± 92,0 (242,2 ± 2178,1 inkl. Extremwert)
3	13	0 (0,0 %)	0,0 ± 0,0
4	2	2 (100,0 %)	18,0 ± 7,2

Tab. 3: Übersicht über die Anzahl bearbeiteter Analsekretproben aus zwei verschiedenen Alterskategorien, den Anteil der Analsekretproben mit nachweisbarer Fischotter-DNA > 0 pg/µl und den durchschnittlichen DNA-Gehalt der Extrakte mit > 0 pg/µl Fischotter-DNA.

Alterskategorie	bearbeitete Analsekretproben	davon Analsekretproben mit nachweisbarer Fischotter-DNA	DNA-Gehalt der Extrakte mit nachweisbarer Fischotter-DNA / [pg/µl] (Mittelwert ± SD)
gesamt (1 – 2)	162	93 (57,4 %)	348,4 ± 1024,0 (579,1 ± 2447,5 inkl. Extremwert)
1	135	80 (60,7 %)	391,6 ± 1099,6 (659,3 ± 2648,0 inkl. Extremwert)
2	27	13 (48,1 %)	126,1 ± 158,0

Nach der Extraktion wurde die DNA am LightCycler® eingemessen und die Menge an amplifizierbarer Fischotter-DNA bestimmt. Der Anteil an Proben, der hier erfolgreich amplifiziert werden konnte, lag für alle Kotproben betrachtet bei 31,6 % und für alle Analsekretproben bei 57,4 %. Ähnliche Werte ergaben sich auch für die Alterskategorien 1 und 2 der beiden Probenotypen. Kotproben der Alterskategorien 3 und 4 sind als genetisches Probenmaterial ungeeignet, da sie nur noch in Ausnahmefällen amplifizierbare DNA enthalten. So konnte aus keiner der 13 untersuchten Kotproben der Alterskategorie 3 DNA extrahiert werden. Die Tatsache, dass aus den beiden Kotproben der Altersstufe 4, DNA extrahiert werden konnte, ist als Ausnahme zu werten und stellt keinen repräsentativen Wert für Kotproben dieser Alterstufe dar. (Tab. 2).

Der DNA-Gehalt der einzelnen Proben schwankte sehr stark, auch innerhalb derselben Alterskategorie eines Probenotyps. Sowohl bei Kot- als auch bei Analsekretproben wurde eine Probe mit extrem hohem DNA-Gehalt identifiziert, die von der Berechnung der mittleren DNA-Konzentrationen ausgeschlossen wurde, um eine Verzerrung der Mittelwerte zu verhindern (vgl. Tab. 2 und Tab. 3). (Extremwerte: Kot: 25245,6 pg/µl, Analsekret: 21810,7 pg/µl) Ohne diese Extremwerte ergab sich ein mittlerer DNA-Gehalt von 53,7 ± 91,4 pg/µl für Kotproben und mit 348,4 ± 1024,0 pg/µl ein signifikant höherer DNA-Gehalt für Analsekrete (Abb. 12), (Mann-Whitney U Test, p < 0,001). Damit bestätigt sich, wie schon im Zwischenbericht dargestellt, die durchschnittliche höhere DNA-Konzentration in Analsekretproben.

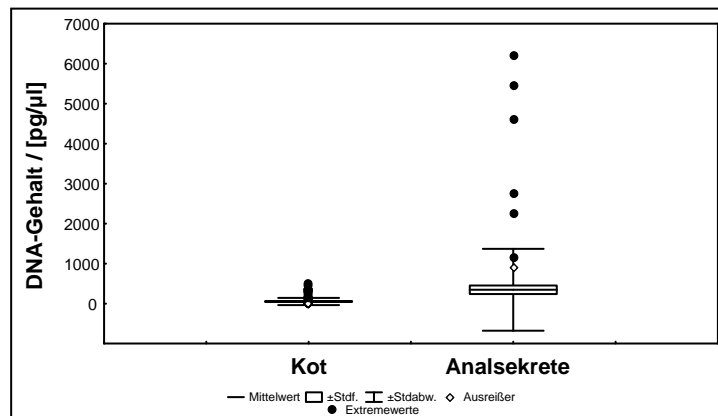


Abb. 12: Verteilung des DNA-Gehaltes von 135 Kotproben und 92 Analsekretproben von Fischottern, die in der qPCR erfolgreich amplifiziert werden konnten.

Innerhalb der beiden Probentypen konnte kein signifikanter Zusammenhang zwischen der Alterskategorie der Probe und dem DNA-Gehalt festgestellt werden (Kotproben: Varianzanalyse nach Kruskal-Wallis für Ränge, $p = 0,913$; Analsekrete: Mann-Whitney U Test, $p = 0,924$). Es zeigte sich jedoch deutlich der Trend, dass mit zunehmendem Alter der Probe die extrahierte DNA-Menge sinkt (Tab. 2 und Tab. 3, Abb. 13 und Abb. 14).

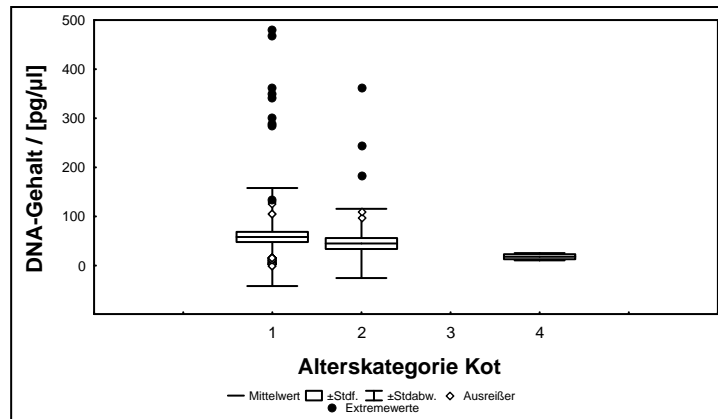


Abb. 13: Verteilung des DNA-Gehaltes von Fischotter-Kotproben der Alterskategorien 1 ($n=93$), 2 ($n=40$), 3 ($n=0$) und 4 ($n=2$), die in der qPCR erfolgreich amplifiziert werden konnten.

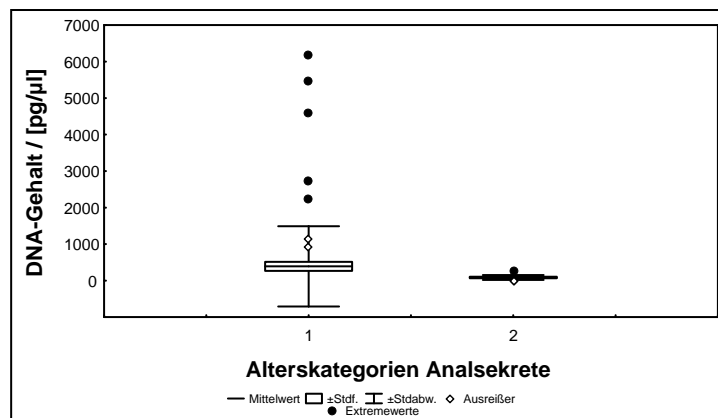


Abb. 14: Verteilung des DNA-Gehaltes von Fischotter-Analsekreten der Alterskategorien 1 ($n=79$) und 2 ($n=13$), die in der qPCR erfolgreich amplifiziert werden konnten.

Bis zum Abschluss des Zwischenberichtes (03/2008) konnte kein signifikanter Zusammenhang zwischen der Lagerungsdauer gesammelter Proben bei -20°C und der extrahierten DNA-Menge festgestellt werden. Da jedoch allgemein davon auszugehen ist, dass maximale DNA-Ausbeute bei möglichst rascher Extraktion erzielt wird (KALZ, pers. Mitt., LAMPA et al. 2007 und pers. Mitt.), wurde fortan die DNA sofort nach Ankunft im Labor bzw. spätestens am nächsten Tag aus den Proben extrahiert.

5.2.2 GENOTYPISIERUNG VON KOT- UND ANALSEKRETPROBEN

In der vorliegenden Studie wurden die DNA-Extrakte von 53 Kotproben und 53 Analsekretproben aus den beiden Modellgebieten an 10 Loci genotypisiert. Hierfür wurden die Mikrosatelliten Lut 435, Lut 453, Lut 457, Lut 604, Lut 615, Lut 715, Lut 717, Lut 733, Lut 832 und Lut 833 (DALLAS & PIERTNEY 1998) herangezogen.

Um Genotypisierungsfehler aufzudecken, wurden bis zu sechs unabhängige Amplifikationen pro Locus und Probe durchgeführt. Ein Locus galt bei zwei übereinstimmenden Ergebnissen für heterozygote Genotypen und bei drei übereinstimmenden Ergebnissen für homozygote Genotypen als eindeutig bestimmt. Konnte ein Locus nicht amplifiziert werden, oder lieferte er drei unterschiedliche Ergebnisse, galt er als nicht bestimmbar. Bei den untersuchten Proben konnten zwischen 0 und 10 Loci je Probe genotypisiert werden. Zu Beginn der Studie wurde anhand von mehreren Proben mit geringem bis sehr geringem DNA-Gehalt die Plausibilität der etablierten Mindestkonzentration von 68,5 pg/µl getestet. Diese Proben konnten erwartungsgemäß auch nur an wenigen oder gar keinen Mikrosatelliten-Loci genotypisiert werden. Bei acht DNA-Extrakten wurde zwar bei der Quantifizierung eine ausreichende Menge an DNA festgestellt, dennoch konnten diese Proben nur an wenigen oder keinem Locus genotypisiert werden. Gründe hierfür waren die Überschätzung der DNA-Menge durch unspezifische PCR-Produkte vor Einführung des Touchdown-Protokolls (Vgl. 5.1.3), aber auch die unterschiedlichen Reaktionsbedingungen bei der qPCR und einer PCR für die Genotypisierung. Da Chemikalien und Enzyme für diese beiden Anwendungen von verschiedenen Herstellern stammen und für diese jeweils optimiert sind, kann dies zu unterschiedlicher Effizienz bei der Vervielfältigung der Ausgangs-DNA führen. Dies gilt insbesondere für die verschiedenen Polymerasen, die mehr oder weniger sensibel auf die Anwesenheit von inhibitorischen Stoffen in der DNA-Lösung reagieren.

Die Proben FG1 und FG2 aus dem Tierfreigelände des Nationalparks Bayerischer Wald konnten zuerst nur an sechs Loci direkt miteinander verglichen werden, und lieferten teilweise unterschiedliche Ergebnisse. Die restlichen vier Mikrosatelliten brachten bei mindestens einer der beiden Proben jeweils keine eindeutigen Ergebnisse und konnten nicht für die Auswertung herangezogen werden. Nach weiteren Wiederholungen von PCR und Genotypisierung an den betreffenden Loci konnten letztlich alle 10 Mikrosatelliten verglichen werden. Nun zeigte sich eindeutig, dass die Proben von demselben Tier stammten, wie es auch zu erwarten war. (siehe hierzu auch 5.2.3).

Die genetischen Proben aus dem Tierfreigelände waren mit dem Ziel gesammelt worden, sie auf eine nähere Verwandtschaft zwischen dem Gehegetier und den untersuchten Proben von frei lebenden Fischottern außerhalb des Geheges zu untersuchen. Die Proben aus dem Tierfreigelände wiesen an den untersuchten Mikrosatelliten-Loci insgesamt sieben sogenannte Privatallele auf, die nur hier und bei keiner weiteren untersuchten Probe auftraten. Eine nähere Verwandtschaft zwischen dem Gehegetier und den außerhalb frei lebenden Fischottern kann daher mit an Sicherheit grenzender Wahrscheinlichkeit ausgeschlossen werden (Vgl.5.2.6).

5.2.3 GENETISCHE GESCHLECHTSBESTIMMUNG

Bei allen Proben, die genotypisiert wurden und einen auswertbaren Genotypen lieferten, wurde auch eine genetische Geschlechtsbestimmung vorgenommen. Das Geschlechterverhältnis in den beiden Untersuchungsgebieten wies deutliche Unterschiede auf. Während es in der Modellregion am Regen ausgeglichen ist, wurde in der Modellregion am Michelbach ein Überschuss an Weibchen festgestellt (Abb. 15). Aufgrund der Problematik, dass eine fehlgeschlagene Amplifikation des Geschlechtsmarkers als weibliches Ergebnis fehlinterpretiert werden kann, ist es nicht ausgeschlossen, dass die Anzahl der Weibchen am Michelbach überschätzt wurde. Aus dem Michelbach-Gebiet wurden drei DNA-Proben untersucht, bei denen der Geschlechtsmarker keine, und der Cytochrom b - Abschnitt nur eine relativ schwache Bande nach der Amplifikation zeigten (Vgl.5.1.6). Dies deutet auf eine relativ geringe DNA-Menge im Extrakt hin, wodurch die Amplifikation des Geschlechtsmarkers fehlschlagen kann, obwohl die DNA eines Männchens vorliegt. Eine endgültige Klärung des Geschlechtes der fraglichen Proben ist nur möglich, wenn weitere Losungen der entsprechenden Tiere gesammelt und die DNA extrahiert werden können. Zwei Proben aus dem Modellgebiet am Regen konnte kein Geschlecht zugeordnet werden da weder der Cytochrom b - Abschnitt noch der Geschlechtsmarker amplifiziert werden konnten.

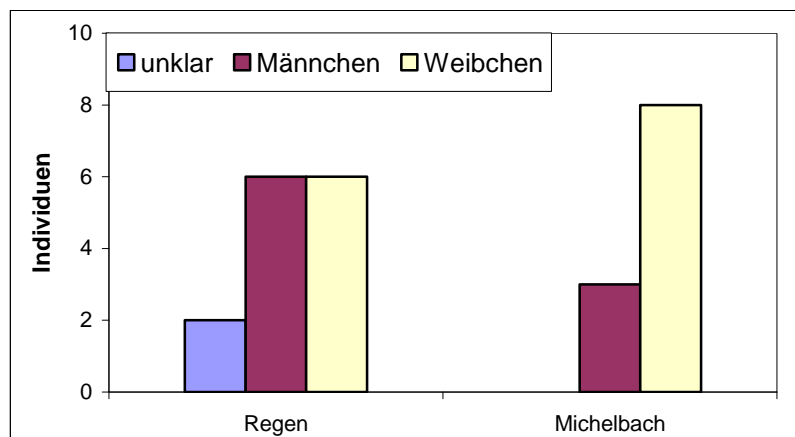


Abb. 15: Darstellung des Geschlechterverhältnisses der identifizierten Individuen in den Modellregionen Regen und Michelbach. Während es am Regen ausgeglichen ist, wurde am Michelbach ein deutlicher Überschuss an Weibchen festgestellt.

Die beiden Proben FG1 und FG2 aus dem Tierfreigeleände des Nationalparks Bayerischer Wald sollten theoretisch beide das Ergebnis „weiblich“ liefern, da in dem Gehege aus dem die Proben stammen nur ein einzelner weiblicher Fischotter gehalten wurde. Die Probe FG1 lieferte jedoch das Ergebnis „männlich“. Eine Wiederholung der Analyse brachte das gleiche Ergebnis. Hierfür sind zwei Erklärungen denkbar. Erstens: Es befand sich DNA eines männlichen Beutetieres (Säugetier) im Kot und es kam zu einer Kreuzamplifikation mit dem Primer für den Musteliden-Geschlechtsmarker. Zweitens: Die DNA-Probe des Gehegetieres wurde geringfügig mit der eines männlichen Fischotters kontaminiert. Dies hätte die größten Auswirkungen bei der Amplifikation des Geschlechtsmarkers, da hier keine entsprechende Ausgangs-DNA des Weibchens vorhanden ist (der Geschlechtsmarker liegt auf dem Y-Chromosom). An den Mikrosatelliten-Loci dagegen ist die DNA des Gehegetieres im Ver-

gleich zur Kontamination im Überschuss vorhanden. Die übereinstimmenden Genotypen der Proben FG1 und FG2 legen jedoch nahe, dass sie mit hoher Wahrscheinlichkeit vom selben Tier stammen.

5.2.4 GENETISCHE ARTUNTERSCHIEDUNG

Mit der im Rahmen des Projektes entwickelten Methode lassen sich Kot- oder Gewebeproben von Eurasischem bzw. Kanadischem Fischotter und Amerikanischem Nerz unterscheiden. Als ein besonders großes Exemplar (Gesamtlänge 147cm) eines Fischotters in der Nähe von Tittmoning tot aufgefunden wurde, kamen schnell Zweifel auf, ob es sich überhaupt um einen Europäischen oder nicht eher um einen (ausgesetzten?) Kanadischen Fischotter handelt. Das fragliche Tier aus Tittmoning konnte mit Hilfe einer gesicherten Gewebeprobe eindeutig als Eurasischer Fischotter identifiziert werden (Abb. 16).

Auch bei verschiedenen Kotproben wurde die genetische Artunterscheidung angewandt. Dies waren entweder Losungen, bei denen die Sammler unsicher waren, ob sie vom Fischotter stammten, oder DNA-Extrakte, die eine leicht abweichende Schmelzkurve in der qPCR zeigten. In allen Fällen bestätigte die RFLP-Analyse jedoch, dass es sich um Proben des Eurasischen Fischotters handelte.

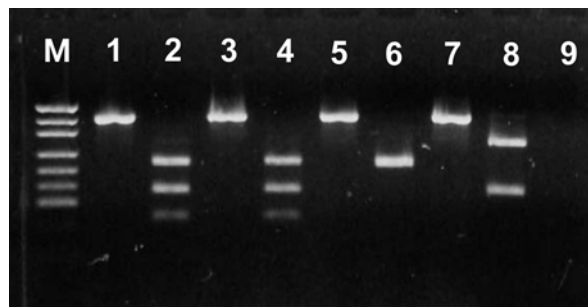


Abb. 16: Vergleich der enzymatisch unverdauten und verdauten PCR Produkte von *Lutra lutra*, *Lontra canadensis*, *Mustela vison* und der Gewebeprobe aus Tittmoning Diese konnte damit als Eurasischer Fischotter identifiziert werden. (M = Längenmarker pUC 19 MspI 23; 1 = unverdautes, 2 = verdautes PCR Produkt Probe aus Tittmoning; 3 = unverdautes, 4 = verdautes PCR Produkt von *Lutra lutra*; 5 = unverdautes, 6 = verdautes PCR Produkt von *Lontra canadensis*; 7 = unverdautes, 8 = verdautes PCR Produkt von *Mustela vison*; 9 = Negativkontrolle).

5.2.5 IDENTIFIZIERTE FISCHOTTERINDIVIDUEN

Im Verlauf dieser Studie konnten insgesamt 25 Fischotterindividuen anhand von Proben aus beiden Modellregionen identifiziert werden. Im Modellgebiet am Regen waren dies 14 Individuen, und am Michelbach 11 Individuen. Die Verteilung der Fundorte zeigen Abb. 18 und Abb. 17. Bei der Erstellung dieser Karten wurden alle Genotypen berücksichtigt, bei denen mindestens 5 Mikrosatelliten (im Durchschnitt 8,6 Mikrosatelliten) eindeutig genotypisiert werden konnten. Die Genotypen der verschiedenen Individuen wurden im Verlauf der Studie zwischen ein- und elfmal wiedergefunden (Abb. 19 und Abb. 20). Die gefundenen Individuen (11 bzw. 14 pro Modellgebiet) wurden jedoch nicht alle über den gesamten Untersuchungszeitraum hinweg nachgewiesen. Vielmehr zeigte sich, dass sich die Population in den Modellgebieten jeweils aus ständig anwesenden und nur vorübergehend anwe-

senden Tieren zusammensetzt. In den beiden Modellgebieten haben nur 29 % (Regen) beziehungsweise 46 % (Michelbach) der Tiere dauerhaft etablierte Territorien. Die restlichen Tiere setzen sich aus Nachkommen, vorübergehend gebietsansässigen und durchziehenden Tieren zusammen (Tab. 4).

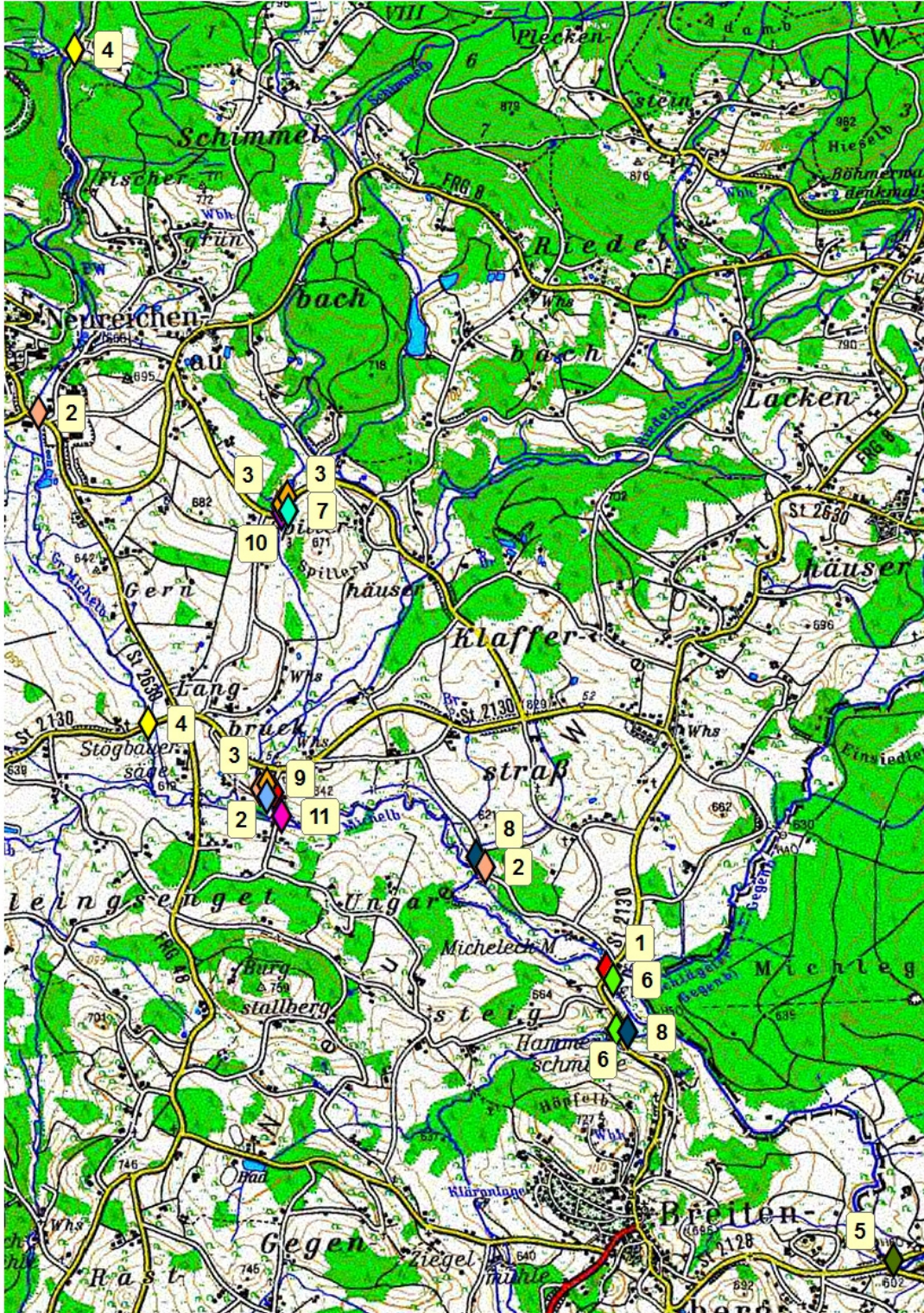


Abb. 17: Identifizierte Individuen mit den zugehörigen Fundorten in der Modellregion Michelbach; Farben entsprechend Abb. 20

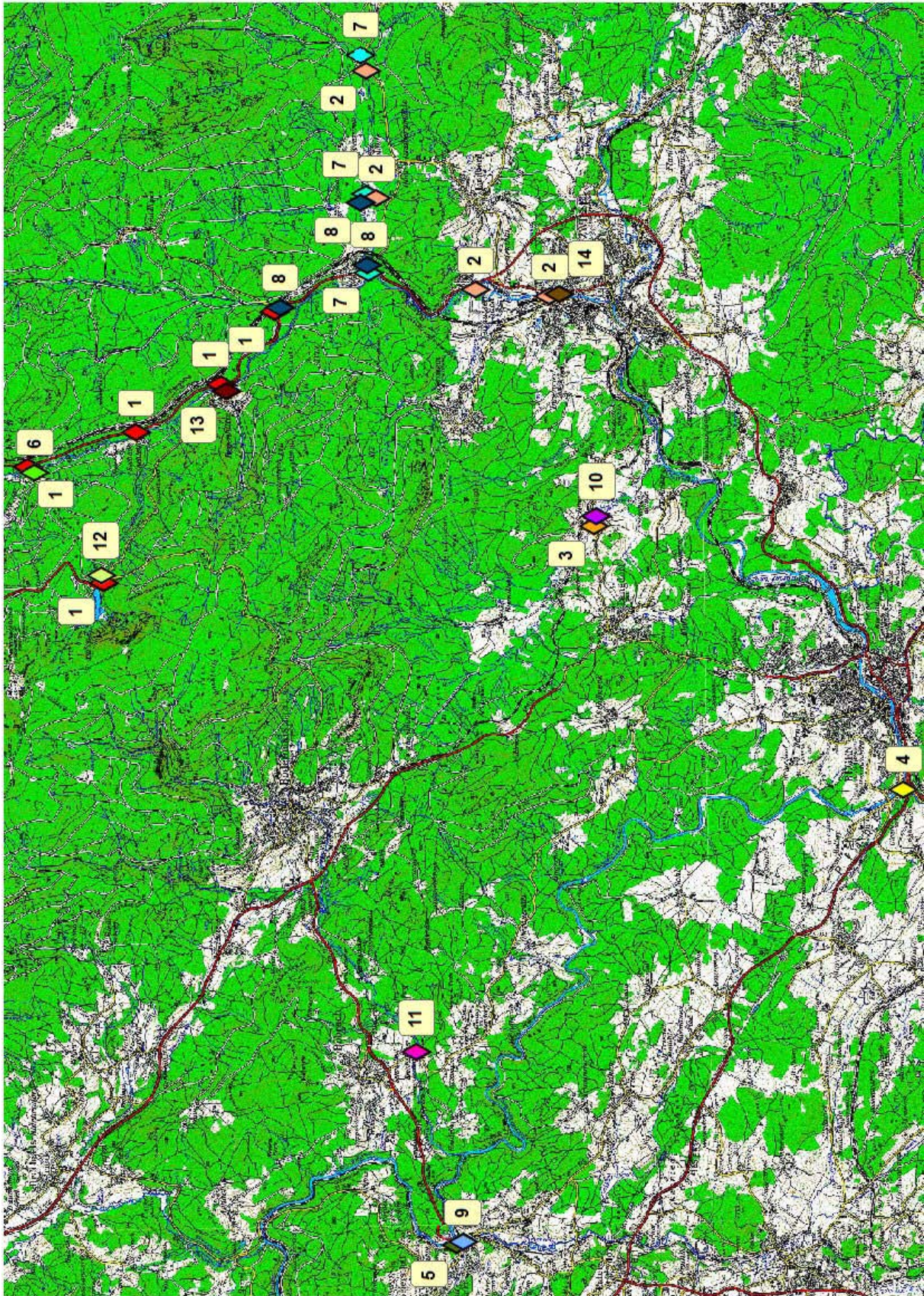


Abb. 18: Identifizierte Individuen mit den zugehörigen Fundorten in der Modellregion im Regen; Farben entsprechend Abb. 19.

Gebietsansässige und vorübergehend gebietsansässige Tiere wurden anhand des Zeitraums, über den sie nachgewiesen werden konnten definiert. Tiere, die nur ein- oder wenige Male nachgewiesen wurden, und einen hohen Verwandtschaftsgrad mit ständig anwesenden Tieren aufwiesen, wurden als Nachkommen eingestuft, die im Laufe der Zeit abwandern. Tiere, die nur einmalig oder über wenige Monate hinweg nachgewiesen werden konnten und zu keinem der gebietsansässigen Tiere näher verwandt waren, wurden als durchziehende Tiere eingestuft. (Tab. 4) Die Untersuchung von ERLINGE (1968) ergab eine ähnliche Zusammensetzung einer schwedischen Otterpopulation (Gebietsansässige Tiere 30-40%, Vorübergehend gebietsansässige und durchziehende Tiere 30-40%, Nachkommen eines Jahres 25-38%) und unterstützt die Plausibilität der im Bayerischen Wald erhobenen Daten. Da die untersuchten Fischotterpopulationen eine hohe Dynamik aufweisen, bilden die erhobenen Daten entsprechend nur einen zeitlich eng begrenzten Ausschnitt dieses Prozesses ab. Deshalb ist es zum Teil schwer, zwischen gebietsansässigen und vorübergehend ansässigen Tieren zu unterscheiden, da teilweise mehrere Monate zwischen zwei Nachweisen eines Tieres liegen können. Auch konnten die Proben, die im Januar und Februar 2008 gesammelt wurden bis zur Erstellung des Abschlussberichtes nicht mehr genotypisiert werden. Dennoch ist mit dieser Untersuchung ein tiefer Einblick in die ostbayerische Fischotterpopulation gelungen.

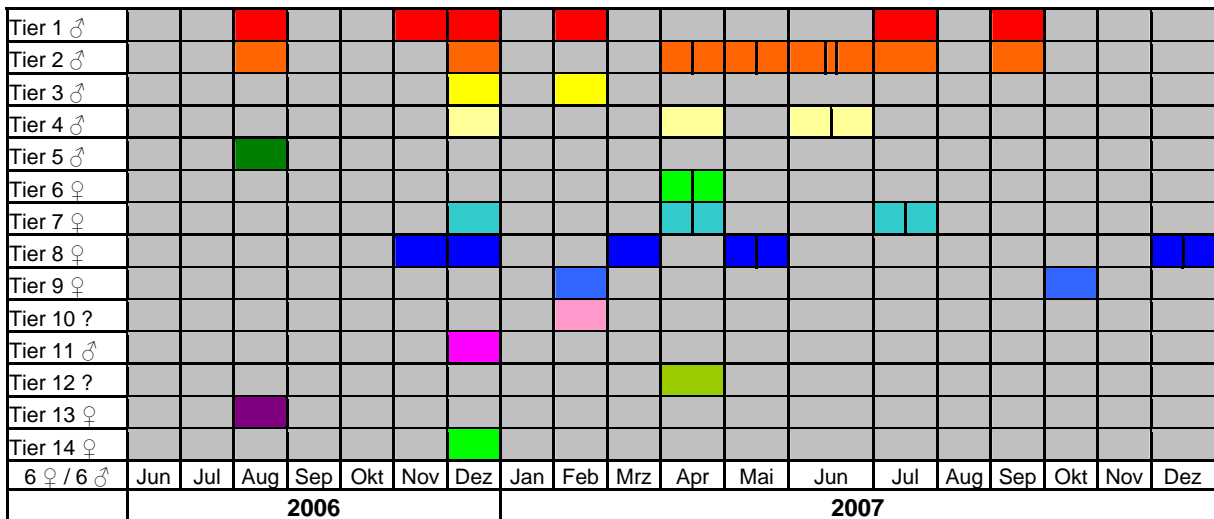


Abb. 19: Zeitlicher Verlauf der Nachweise identifizierter Individuen am Regen.

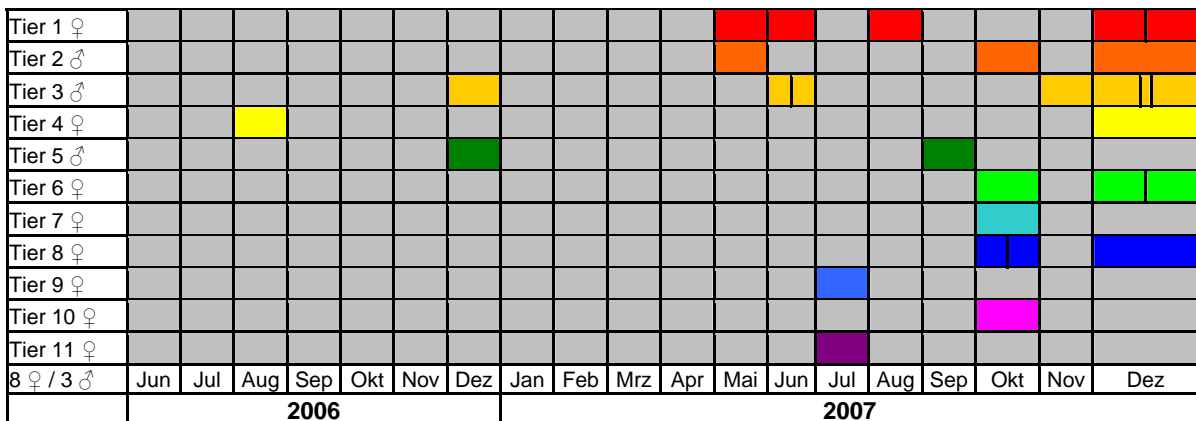


Abb. 20: Zeitlicher Verlauf der Nachweise identifizierter Individuen am Michelbach.

Tab. 4: Übersicht über die Zusammensetzung der Fischotterpopulation in den Modellgebieten Regen und Michelbach, sowie der Vergleich mit einer schwedischen Studie.

Modellgebiet	Gebietsansässige Tiere	Nachkommen	Vorübergehend gebietsansässige und durchziehende Tiere
Regen	28,6 % (Tiere 1, 2, 7 und 8)	21,4 % (Tiere 3, 6 und 12)	50,0 % (Tiere 4, 5, 9, 10, 11, 13 und 14)
Michelbach	45,5 % (Tiere 1, 2, 3, 4 und 5)	18,2 % (Tiere 7 und 9)	36,4 % (Tiere 6, 8, 10 und 11)
ERLINGE (1968) / Schweden	30 - 40 %	25 - 38 %	30 - 40 %

Die Berechnung von individuellen Streifgebieten ist mit den vorliegenden Daten weiterhin schwer, da die Kontrollpunkte für die Losungssammlung in der Regel nur an den Hauptarmen der beprobten Fließgewässer lagen und so mit hoher Wahrscheinlichkeit nicht das gesamte Streifgebiet der Individuen abgedeckt werden konnte. Für die Ermittlung von Streifgebieten eignet sich eher die Kombination aus snow-tracking (Verfolgen von Otterspuren im Schnee) und der genetischen Analyse von Losungen, da so auch vom Hauptstrom entferntere liegende Gebiete erfasst werden können. Leider konnte aber aufgrund ungeeigneter Schneeverhältnisse in den Wintern 06/07 und 07/08 kein snow-tracking durchgeführt werden.

Die Erfassung der Anzahl der Tiere, die an den eingerichteten Kontrollpunkten Losungen abgesetzt haben erscheint dennoch ausreichend, da mit steigender Anzahl analysierter Losungen immer weniger neue Tiere entdeckt wurden. Typische Individuen- oder auch Artenakkumulationskurven steigen mit der Anzahl untersuchter Proben und nähern sich asymptotisch einem Grenzwert der dem Maximum an Individuen (bzw. Arten) im untersuchten Gebiet entspricht. In den beiden Modellgebieten erreichte die Individuenakkumulationskurve nach 25 bis 30 analysierten Proben ein Plateau, was dafür spricht, dass die Anzahl der Tiere, die an den untersuchten Kontrollpunkten Losung abgesetzt haben, ausreichend erfasst wurde (Abb. 21 und Abb. 22). Wegen der bereits beschriebenen hohen Dynamik der Fischotterpopulation wird für lange Zeiträume (> 1 Jahr) betrachtet in der Regel kein echtes Plateau erreicht werden, da immer wieder zuwandernde Tiere oder Jungtiere erfasst werden. Besonders für kürzer angelegte, intensive Probensammlungen aber kann damit abgeschätzt werden, ob der Stichprobenumfang für eine Abschätzung der Individuenzahl im Probengebiet ausreichend ist.

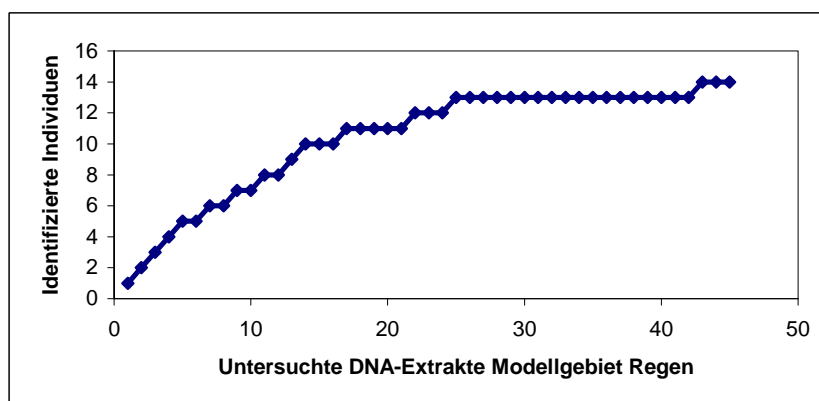


Abb. 21: Akkumulationskurve identifizierter Individuen aus dem Modellgebiet am Regen. Der asymptotische Kurvenverlauf deutet darauf hin, dass die Anzahl der ihr Revier markierenden Fischotter im Verlauf der Studie ausreichend erfasst wurde.

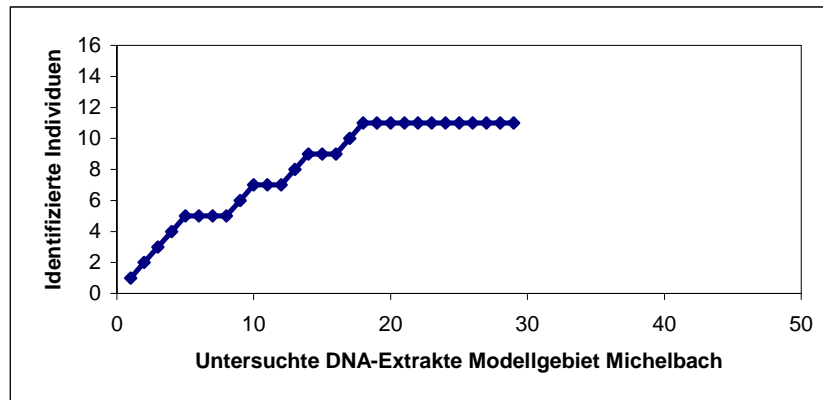


Abb. 22: Akkumulationskurve identifizierter Individuen aus dem Modellgebiet am Michelbach. Der zunächst stetige Anstieg der Kurve und der abrupte Übergang in die Plateauphase könnten ein Hinweis sein, dass einige wenige Tiere noch nicht erfasst wurden.

5.2.6 POPULATIONSGENETISCHE DATEN

Mit dem Programm STRUCTURE 2.2 (PRITCHARD et al. 2000) wurde die genetische Populationsstruktur in und zwischen den beiden Modellgebieten berechnet und mit einigen Proben, die nicht aus den Modellgebieten stammten, verglichen. STRUCTURE 2.2 benutzt die Allelfrequenzen der untersuchten Mikrosatelliten-Loci, um den Datensatz auf das Vorhandensein genetisch unterschiedlicher Populationen zu prüfen, und die Individuen den gefundenen Populationen zuzuordnen. Dabei kann auch nachvollzogen werden, ob und zu welchem Anteil die untersuchten Individuen Merkmale aus verschiedenen Populationen tragen. Dies würde bedeuten, dass Vorfahren des untersuchten Individuums aus verschiedenen Populationen stammten, und somit genetischer Austausch zwischen den Populationen vorhanden sein muss.

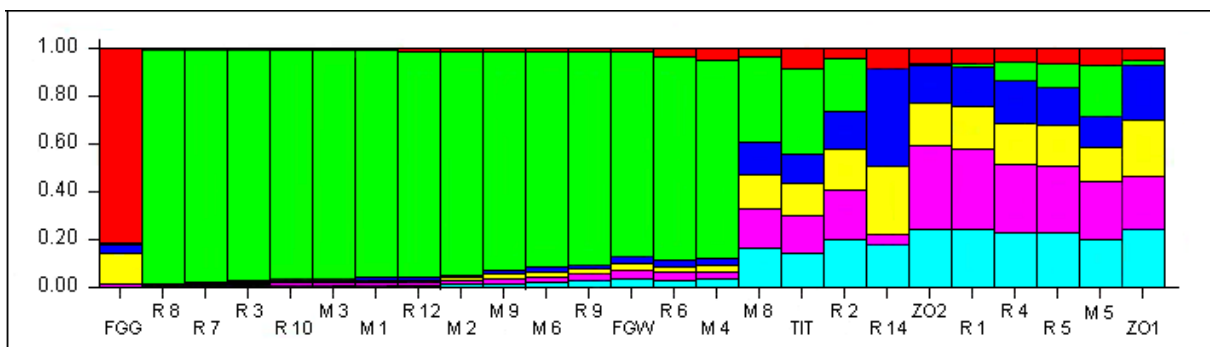


Abb. 23: Darstellung der genetischen Populationsstruktur der in den Modellgebieten Regen und Michelbach untersuchten Individuen im Vergleich zu Individuen aus anderen Regionen. Die Höhe der farbigen Balken gibt den Anteil des Genotyps eines Individuums an, der dafür spricht, das Individuum einem der sechs genetischen Cluster (dargestellt in Rot, Grün, Blau, Gelb, Pink und Türkis) zuzuordnen. R1-R14: Tiere 1-14 aus dem Modellgebiet Regen; M1-M9: Tiere 1-9 aus dem Modellgebiet Michelbach; FGG: Tier aus dem Tierfreigelände Altschönau; FGW: wilder Fischotter, gefangen beim Tierfreigelände Altschönau; TIT: Fischotter überfahren bei Tittmoning; ZO1 und ZO2: Tiere aus dem Tierpark Dählhölzli, Bern, Schweiz.

Im vorliegenden Datensatz wurden zwei große genetische Gruppen identifiziert (Abb. 23). Eine genetisch sehr einheitliche Gruppe besteht aus 14 Tieren, die aus beiden Modellgebieten stammen, und dem Tier, das beim Tierfreigelände Altschönau gefangen wurde.

Die relativ geringe genetische Differenzierung spricht dafür, dass zwischen diesen Gebieten ausreichender genetischer Austausch besteht. Die zweite, sehr heterogene Gruppe besteht aus 10 Tieren, die aus den Modellgebieten, dem Tierpark Dählhölzli und aus Tittmoning stammen. Anhand der gesammelten Daten kann im Moment noch nicht nachvollzogen werden, woher die Tiere aus den Modellgebieten, die in dieser Gruppe sind, verwandtschaftlich stammen. Dies ist vor allem dem geringen Stichprobenumfang und dem geografisch sehr begrenzten Gebiet, aus dem die untersuchten Proben stammen, geschuldet. Um die verwandtschaftlichen Verhältnisse dieser Tiere zu klären, müssten weitere Proben auf überregionaler Ebene gesammelt werden. Das Gehegetier des Nationalparks (FGG) grenzt sich genetisch gegen alle anderen untersuchten Proben deutlich ab, insbesondere auch gegen den wilden Otter (FGW), der beim Freigehege gefangen und gechippt wurde. Eine nähere Verwandtschaft des Gehegetieres mit frei lebenden Fischottern kann also zumindest anhand der untersuchten Proben ausgeschlossen werden.

In den letzten Jahren wurden immer wieder auch tote Fischotter weiter westlich des ostbayerischen Verbreitungsgebietes gefunden. Ob diese Totfunde aus der ostbayerischen Otterpopulation stammen (abwandernde Tiere), lässt sich nicht mehr überprüfen. In Zukunft wird dies jedoch mit Hilfe der Genetik möglich sein.

Zusammenfassung „Non-invasive genetische Untersuchung anhand von Fischotterlosung“:

- Methode zur genetischen Analyse von Fischotterkot ist etabliert.
- Grenzwert zur korrekten Bestimmung aller Allele ist bestimmt.
- Genetische Geschlechtsbestimmung erfolgreich getestet.
- Artunterscheidung zwischen Eurasischem Otter, Kanadischem Otter und Nerz ist möglich.
- Genetische Artunterscheidung identifiziert überfahrenen Otter aus Tittmoning eindeutig als Europäischen Fischotter
- 25 verschiedene Fischotterindividuen in den zwei Modellregionen bislang identifiziert.
- Populationsstruktur zeigt zwei Linien.
- Freigegetier ist nicht mit wildlebenden Tieren verwandt.

6 Untersuchung des Nahrungsspektrums

6.1 Bisherige Erkenntnisse

In zahlreichen monographischen Arbeiten zum Fischotter werden Angaben zu seiner Nahrungsökologie und den dazugehörigen Studien gemacht (z.B. REUTHER, 1993; SCHMID 2005; KRUIK, 2006).

Hinsichtlich der Methodik bietet die Arbeit von GEIDEZIS (1999) einen großen Fundus an Literatur und eine sehr gute Beschreibung der angewandten Methode zur Untersuchung der Nahrungsökologie des Fischotters in der Oberlausitzer Teichlandschaft in Sachsen.

Aus dem Bereich des Projektgebietes ist die Studie von ZIRKER (2004) bekannt, die im Rahmen einer Diplomarbeit u. a. die Nahrungswahl des Fischotters im Nationalpark Bayerischer Wald untersuchte. Sie zeigt, dass 91,5 % der Nahrungsreste von 200 untersuchten Proben Fischen und nur 8,5 % Amphibien und Säugern zugeordnet werden konnten (ZIRKER & HEURICH, 2004). Diese Verschiebung hin zu einer fischreicheren Nahrung im Vergleich zu den Untersuchungen von HODLROHN (1978) wurde mit einer Verbesserung des Fischbestandes in Zusammenhang gebracht.

6.2 Material und Methoden

Es wurden 100 Kotproben (je 50 aus den beiden Modellregionen) vom Projektpartner in Tschechien, der alka-Wildlife, bearbeitet. Hier besteht ein langjähriges und umfangreiches Know-how im Bereich der Otterforschung und in der Nahrungsanalyse im Speziellen.

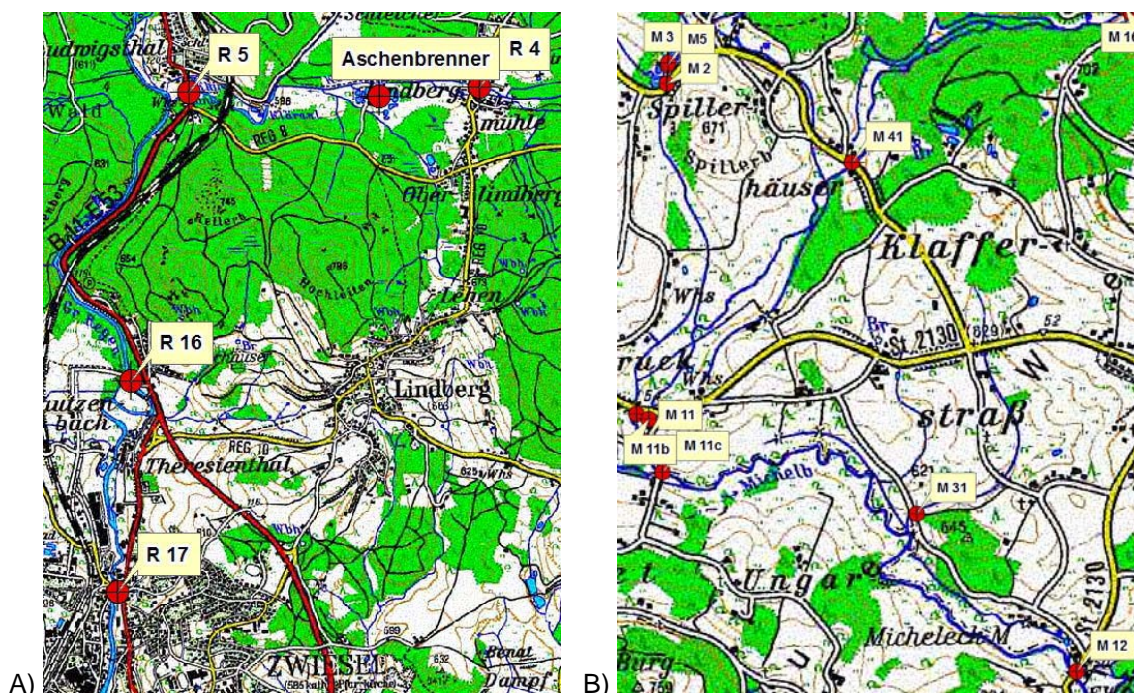


Abb. 24: Probenpunkte für die Nahrungsanalyse waren am Regen (A) die Punkte Aschenbrenner und R5; am Michelbach (B) die Punkte M11 und M12.

Je Modellgebiet wurden zwei Probenpunkte ausgewählt, von denen alle untersuchten Proben stammen (Abb. 24). Am Regen waren diese am Kolbersbach auf Höhe des fischereilichen Lehrbetriebs Lindbergmühle (Punkt Aschenbrenner) und an seiner Mündung in den Regen (Punkt R5). Am Michelbach wurden die beiden Punkte M11 und M12 beprobt. Die Kotproben wurden in Plastiksäckchen einzeln verpackt nach Tschechien verschickt. Dort wurden sie gewaschen und dann unter dem Binokular analysiert. Der Vergleich mit umfangreichen Knochenbanken führte zu den im Folgenden dargestellten Ergebnissen.

6.3 Ergebnisse

6.3.1 NACHGEWIESENE BEUTETIERE IM KOT

Hauptbeutetier ist am Regen die Mühlkoppe (*Cottus gobio*) und am Michelbach der Flusskrebis (*Astacus astacus*). Auf Grund der durchschnittlichen Körpergröße steigt der Anteil der Salmoniden an, wenn man nicht die Anzahl der Beutetiere sondern deren Biomasse betrachtet (Abb. 27). Am Michelbach spielen wirtschaftlich genutzte Fische praktisch keine Rolle, obwohl eine große Fischzucht (Punkte M2, M3 und M5 in Abb. 24) nur 1,5 und 3 Kilometer von beiden Probenpunkten entfernt liegt. Neben Fischen finden sich auch Frösche, Insekten, Vögel und sogar Schlangen im Kot der bayerischen Fischotter. Dies unterstreicht die opportunistische Lebensweise des Räubers, der alles aufnimmt, was er überwältigen kann.

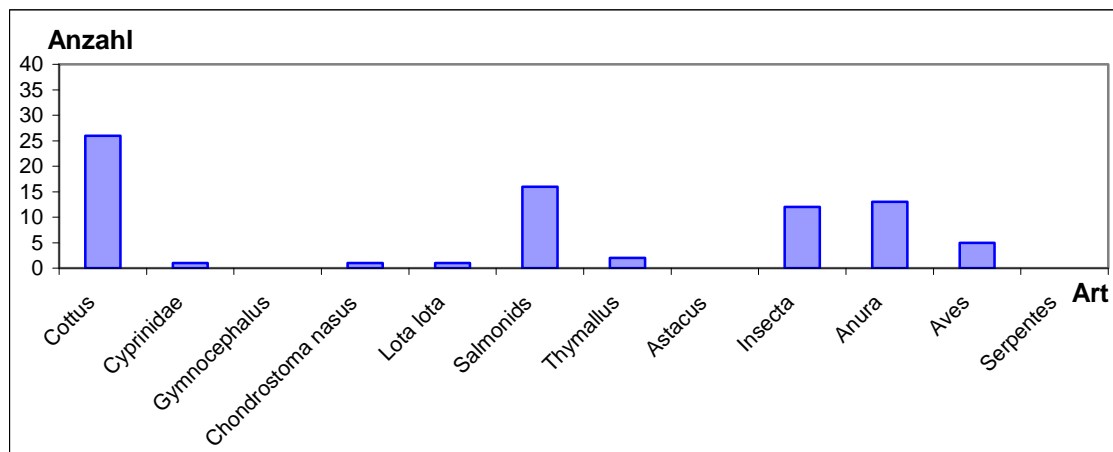


Abb. 25: Absolute Anzahl der Beuteindividuen am Regen

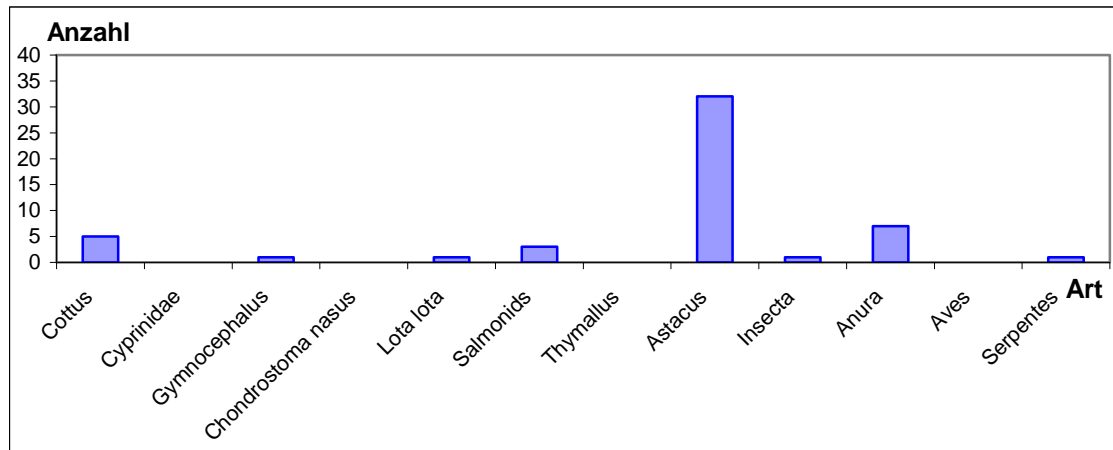


Abb. 26: Absolute Anzahl der Beuteindividuen am Michelbach.

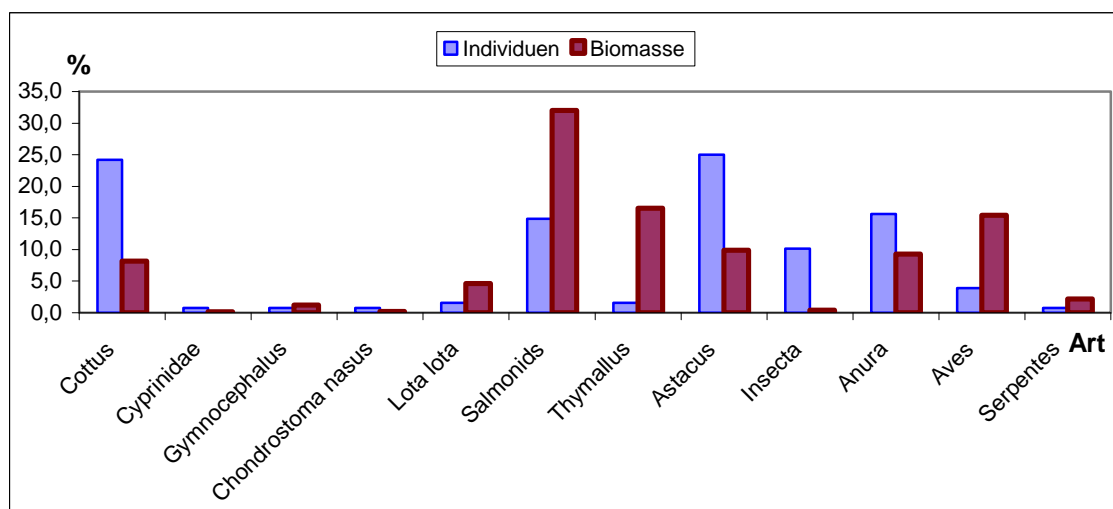


Abb. 27: Individuenanzahl und Biomasse der Beutetiere an Michelbach und Regen in Prozent

6.3.2 GRÖÖE DER BEUTEFISCHE

Die Größe der erbeuteten Fische entspricht den Erwartungen an die artspezifischen Durchschnittsgrößen (Abb. 28). Der Schwerpunkt liegt zwischen fünf und zehn Zentimetern. Dies entspricht der Größe der am häufigsten erbeuteten Mühlkoppe (Tab. 5). Die im Gebiet Regen gefundenen Salmoniden unter denen auch zwei Äschen waren, stammen möglicherweise aus der nahegelegenen Fischzucht. Allerdings wurde auch bei der Elektrofischung des Landesfischereiverbands (LFV) im September 2006 ein relativ gesunder Bachforellen- und Äschenbestand im Regen festgestellt (Hanf-land 2006). Bei den Äschen bestand dieser zu einem großen Teil aus Besatzfischen, die im Rahmen eines Artenhilfsprogramms ausgebracht wurden. Ob die zwei gefundenen Fische auch auf diesen Bestand zurückgehen, lässt sich mit der verwendeten Methode nicht prüfen. Bei den tschechischen Kooperationspartnern wird aber zurzeit im Rahmen eines wissenschaftlichen Projekts die Möglichkeit der Kontrolle über gechipte Besatzfische geprüft. Für ein zukünftiges Projekt wäre dies auch in Bayern denkbar.

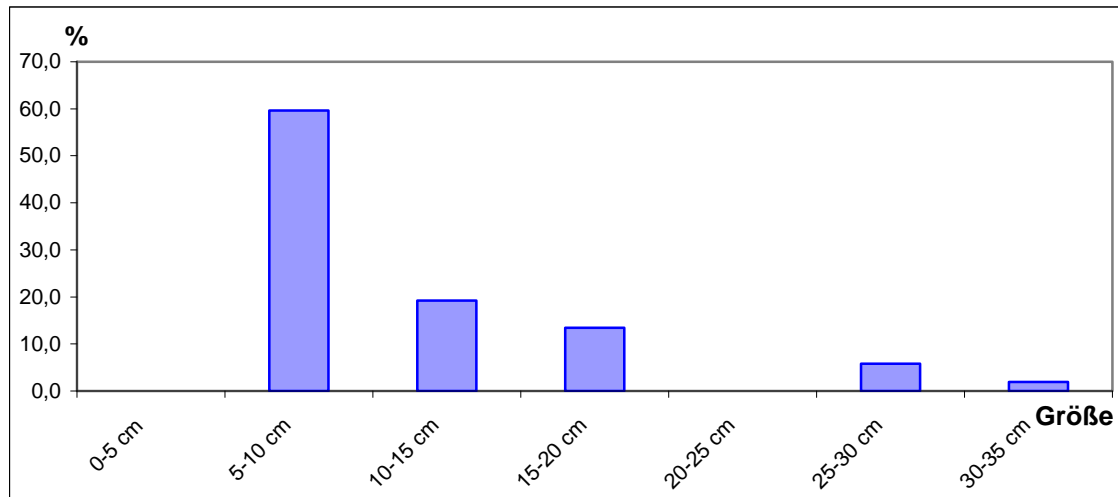


Abb. 28: Größenverteilung der Beutfische aus den Gebieten Regen und Michelbach

Zur besseren Übersicht sind die Größenklassen der Beutfische in Tab. 5 noch einmal dargestellt. Hier zeigt sich sehr deutlich, dass der Großteil der Fische über zehn Zentimeter zur Gruppe der Salmoniden gehört.

Tab. 5: Individuenanzahl der Beutfischklassen mit prozentualem Anteil

	0-5 cm	5-10 cm	10-15 cm	15-20 cm	20-25 cm	25-30 cm	30-35 cm
<i>Cottus</i>	0	27	4	0	0	0	0
<i>Gymnocephalus</i>	0	0	1	0	0	0	0
<i>Chondrostoma</i>	0	1	0	0	0	0	0
<i>Lota</i>	0	0	0	1	0	1	0
<i>Salmonidae</i>	0	3	5	6	0	1	0
<i>Thymalus</i>	0	0	0	0	0	1	1
Summe	0	31	10	7	0	3	1
%	0,0	59,6	19,2	13,5	0,0	5,8	1,9

6.3.3 EINFLUSS DER FISCHWIRTSCHAFT AUF DIE NAHRUNGSZUSAMMENSETZUNG

Die Auswahl der Probenorte erfolgte auch unter dem Gesichtspunkt, feststellen zu können, ob nahegelegene Fischzuchten einen Einfluss auf die Nahrungswahl der Fischotter haben. Am Regen wurde deshalb einmal direkt beim fischereilichen Lehrbetrieb Lindbergmühle und einmal 2 Kilometer entfernt beprobt. Am Michelbach liegen die Punkte 1,5 Kilometer (M11) und 3 Kilometer (M12) von der Fischzucht Fesl (M2, M3 und M5) entfernt (Abb. 24). Die Ergebnisse zeigen, dass zwischen der Nähe zu einer Teichwirtschaft und der aufgenommenen Beute keinerlei Zusammenhang festzustellen ist (Abb. 29 und Abb. 30). Allerdings war auf Grund der Beschränkung auf relativ kleine Untersuchungsgebiete keine deutliche Abgrenzung zu den Fischzuchten möglich. Insgesamt ist aber trotz allem auffällig, dass sich nur ein relativ geringer Anteil wirtschaftlich genutzter Fische im Kot der bayerischen Fischotter wiederfand.

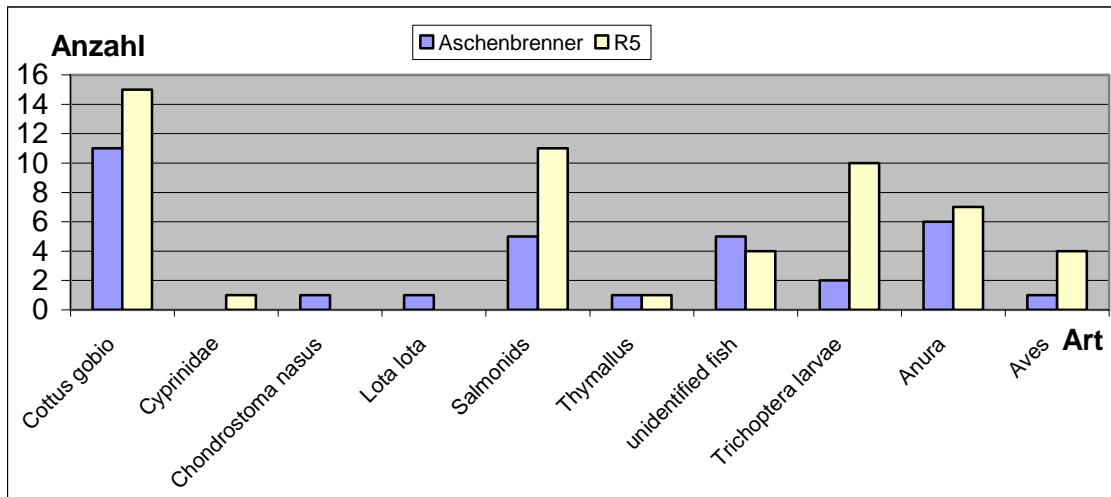


Abb. 29: Nahrungszusammensetzung nach Probenpunkten getrennt am Regen

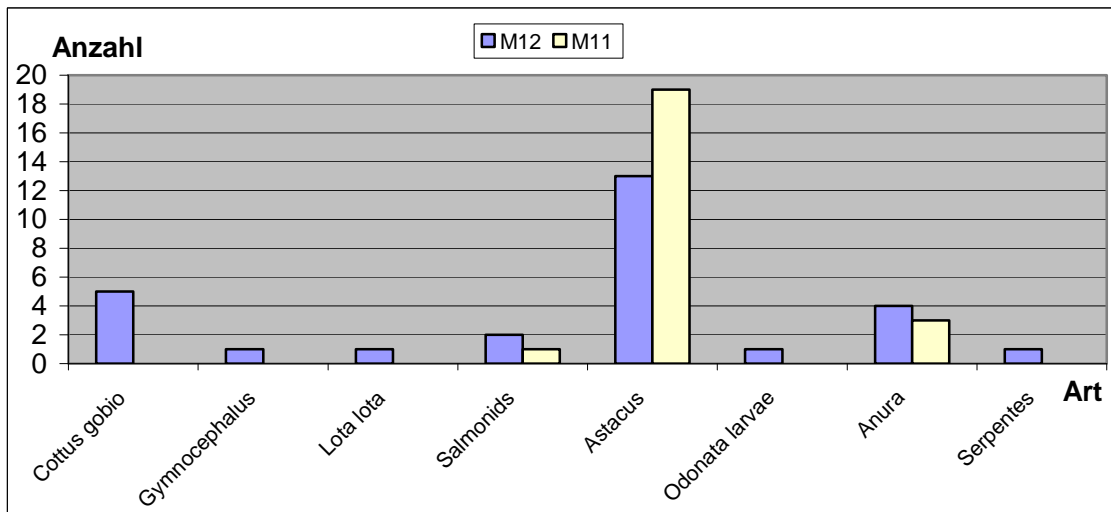


Abb. 30: Nahrungszusammensetzung nach Probenpunkten getrennt am Michelbach

6.4 Ausblick

Neben den „klassischen“ Analysemethoden der Nahrungszusammensetzung aus Lösungsproben (Sieben und Waschen der Proben, Bestimmung der Bestandteile durch mikroskopische Identifikation von Fischschuppen, Krebspanzern, etc. unter Anlage bzw. Nutzung einer Referenzsammlung) könnten im Rahmen eines weiteren Projektes auch genetische Methoden zur Bestimmung der Nahrungsreste zum Einsatz kommen. Zumindest Artengruppen ließen sich so identifizieren.

Zusammenfassung „Untersuchung des Nahrungsspektrums“:

- Kaum wirtschaftlich genutzte Fische im Fischotterkot zu finden.
- Hauptnahrung ist Mühlkoppe und Flusskrebs, gefolgt von Salmoniden.

7 Habitatanalyse

Die Habitatanalyse erfolgte nach standardisierten fernerkundlichen Verfahren (nach REUTHER, 2004). Dabei wird besonderen Wert auf die grundlegenden Faktoren eines idealen Otterlebensraumes gelegt.

- Wasser muss vorhanden sein
- lineare Nutzung der Territorien (Flussufer)
- Versteckmöglichkeiten
- Strukturen zur Reviermarkierung
- ausreichendes Nahrungsangebot
- überschwemmungssichere Plätze zur Jungenaufzucht
- Interaktion mit anderen Ottern

7.1 **Material und Methode**

7.1.1 RAUMBEWERTUNG

Als Grundlage diente eine Landnutzungskarte (Abb. 31), die entsprechend den Vorgaben des Otter-Habitat-Netzwerks Europa (OHNE) bearbeitet wurde (Reuther, 2004). Für den Otter günstige Regionen werden dazu grün kodiert, konflikträchtige rot. Je dunkler die Farbe, desto stärker die Eigenschaft des gefundenen Habitats. Auf eine Gewichtung der Eigenschaften wurde ebenso verzichtet wie auf den Eingang der Höhendaten mit in die Darstellung. Diese werden vom OHNE zur Darstellung der Verfügbarkeit von Nahrungsquellen genutzt. Da sich die Untersuchungsgebiete allerdings größtenteils in nach OHNE-Richtlinien ungünstiger Höhe befinden, es aber trotzdem eine stabile Otterpopulation gibt, wurden die Daten außen vor gelassen.

7.2 **Ergebnisse**

Es zeigt sich, dass beide Modellregionen den Fischottern ein nahezu optimales Habitat bieten. Besonders deutlich wird auch die Grenze der Ausbreitung. Mit dem Beginn der intensiven Landwirtschaft am Gäuboden südwestlich der Donau endet die Verfügbarkeit von natürlich strukturierten Gewässern, die der Fischotter zum Überleben braucht. Durch den andauernden Migrationsdruck aus den osteuropäischen Populationen könnte dies zu einer Verdichtung in Ostbayern führen. Hierzu bedarf es aber unbedingt weiterführender Untersuchungen.

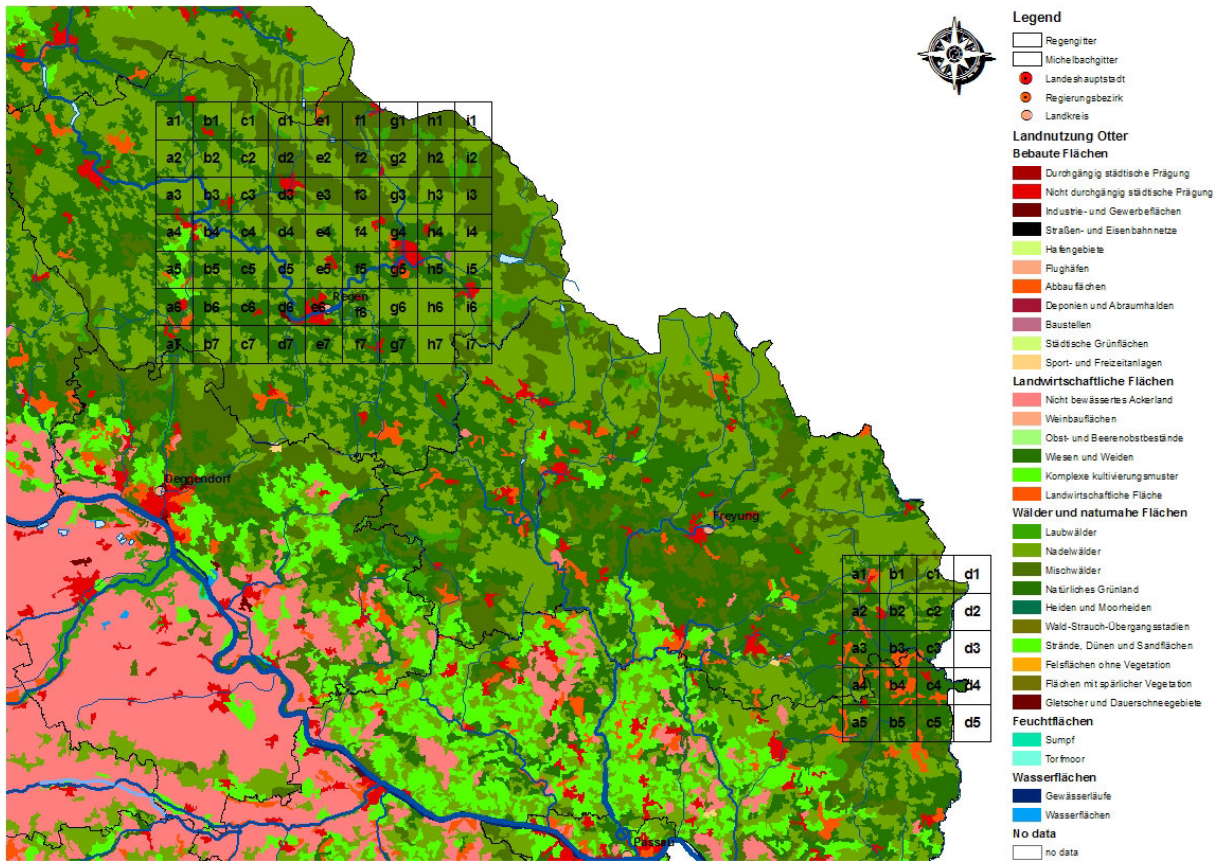


Abb. 31: Konfliktpotential auf Grund von Landnutzung für den Fischotter in Niederbayern. Rote Bereiche sind konfliktreich und daher ungeeignet, grüne sind konfliktarm und geeignet. Je dunkler die Einfärbung desto stärker die jeweiligen Eigenschaften. Die Koordinaten zeigen die Modellregionen.

7.3 Ausblick

Um auf Basis der Habitatanalyse für die beiden Modelregionen Voraussagen für eine zukünftige Ausbreitung der Fischotter in Bayern machen zu können, wurde die Analyse landesweit ausgedehnt. Hier zeigt sich, dass besonders in Südbayern optimaler Lebensraum vorhanden wäre (Abb. 32). Ob dieser von den Tieren schon genutzt wird, ist zum jetzigen Zeitpunkt völlig unbekannt, da dort bis heute kein Monitoring stattfindet. Zwar gibt es vereinzelte Meldungen über Otter in Südbayern, jedoch wurde noch keine systematische Erhebung unternommen. Dies wäre im Hinblick auf Schadensprävention für die Fischwirtschaft, besonders in den stark genutzten südbayerischen Seen, aber dringend anzuraten.

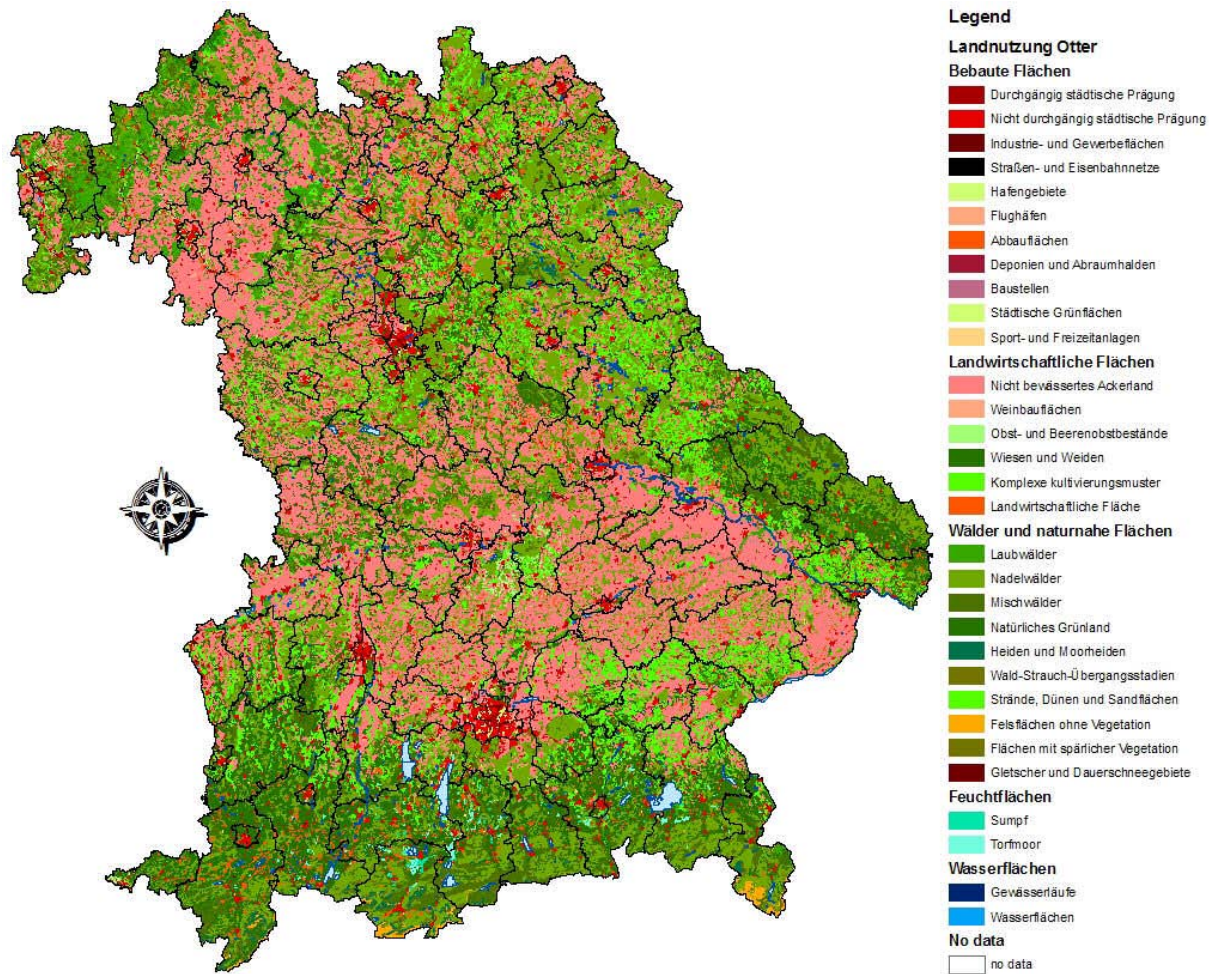


Abb. 32: Konfliktpotential auf Grund von Landnutzung für den Fischotter in Bayern. Rote Bereiche sind konfliktreich und daher ungeeignet, grüne sind konfliktarm und geeignet. Je dunkler die Einfärbung desto stärker die jeweiligen Eigenschaften.

Zusammenfassung Habitatanalyse

- Habitatanalyse zeigt Modellregionen als nahezu optimalen Otterlebensraum
- Südbayern zeigt sich als zukünftiges Otterhabitat sehr gut geeignet
- Ottermonitoring in Südbayern dringend erforderlich

8 Erfassung der Fischotterschäden

Seit Mitte der 1980er Jahre wurden umfangreiche Schutzmaßnahmen im Rahmen des AHP (Artenhilfsprogramm) für den Fischotter im Bayerischen Wald durchgeführt (vgl. z.B. MAU, 2001). Die Bestände scheinen sich mittlerweile wieder stabilisiert zu haben und die Otter breiten sich auch flächenmäßig wieder aus, was durch das bisherige Monitoring des LfU bestätigt wird (SACHTELEBEN & SIMLACHER, 2007). Mit der beobachteten Ausbreitung und vermutlichen Zunahme des Otterbestandes nehmen die tatsächlichen und potentiellen Konflikte mit Teichbesitzern und Anglern an Fließgewässern zu. In den vergangenen Jahrzehnten waren viele Anstrengungen von Naturschutzseite auf den Totalschutz des Otters fokussiert, ohne die Belange der Teichwirte und Angler dabei mit einzubeziehen. Dies wird auch deutlich, wenn man ältere Literatur oder Broschüren konsultiert (vgl. z.B. HOFMANN & MAU, 1999; MAU, 2001) oder bei der Recherche von Otterliteratur im umfangreichen Fundus der „Arbeitsberichte der Aktion Fischotterschutz“, die von Claus Reuther et al. über mehrer Jahre hinweg herausgegeben wurden (HABITAT, o.J.).

Erst in den letzten Jahren nahm man sich verstärkt der Interessensgruppe der Angler und Teichwirte im Zusammenhang mit Bemühungen im Fischotterschutz an (vgl. z.B. MYSIAK et al. (2004); POLEDNIKOVA & POLEDNIK (2003); POLEDNIKOVA et al. (2006)). Nicht zuletzt bemüht sich die betroffene Interessensgruppe der Angler und Teichwirte selbst um Lösungsansätze (vgl. z.B. BAYERNS FISCHEREI & GEWÄSSER (2006). Neuere Studien und Projekte zu dieser Thematik gab es zwar im angrenzenden Österreich (vgl. z.B. Kranz et al. 2003, 2004) und Tschechien (vgl. z.B. POLEDNIK, L. (2005), CESKY NADACNI FOND PRO VYDRU, (2006)), im Bayerischen Wald selbst bislang allerdings nicht. Auch aktuelle Broschüren (LFU, 2005), die u. a. über mögliche Schutzmaßnahmen für Teichwirte aufklären, konnten im Bayerischen Wald nicht wesentlich zur Beruhigung in den Diskussionen zwischen Interessensgruppen um den Otter beitragen. Um diesen Konflikt zu entschärfen, wurden Fischotterschäden im Rahmen des Projektes dokumentiert und evaluiert und somit Daten und Informationen erhalten, die zur Versachlichung der oftmals emotionalen Diskussion beitragen sollen.

Bezüglich der Fließgewässer wird diesem Aspekt eine besondere Bedeutung zukommen, da sich in jüngster Zeit die Kritik an den erstarkten Otterbeständen auch von dieser Seite mehren. Problematisch ist dabei, dass an Fließgewässern das „Eindringen“ des Fischotters nicht zu verhindern ist. Der Einfluss des Fischotters auf die Fischfauna in Fließgewässern kann daher viel schwieriger quantifiziert werden als bei Teichanlagen. Die gegensätzlichen Hypothesen, dass sich der Fraßdruck auf Fließgewässer erhöht, wenn Fischteiche als Jagdgebiete für den Otter nicht mehr zur Verfügung stehen (Einzäunung), oder gerade dadurch, dass das erhöhte Nahrungsangebot in der Nähe von Fischteichen eine größere Population ermöglicht, bedürfen einer weiteren wissenschaftlichen Überprüfung.

In diesem Zusammenhang könnten in Zukunft Ergebnisse von Fischbestandsschätzungen an Fließgewässern mit der Fischotterdichte in Zusammenhang gebracht werden, um den tatsächlichen Einfluss des Otters auf die Fischbestände in Bächen und Flüssen abschätzen zu können. Beispielhaft sei hier die vom Referat Arten und Gewässerschutz des LFV Bayern im Jahr 2006 vollzogene E-

Befischung am Schwarzen Regen angeführt, die HANFLAND (2006) wie folgt zusammenfasst: „Unser jüngsten Untersuchungen haben jedenfalls den Nachweis erbracht, dass der Regen in allen drei (3) beprobten Abschnitten trotz nachhaltiger Befischung nach wie vor einen hohen, der Region entsprechenden, artenreichen Fischbestand aufweist.“ Dies zeigt, dass die doch relativ große Population an diesem Gewässer keinen übermäßig negativen Einfluss auf die natürlichen Fischbestände hat.

Im Hinblick auf die Teichwirtschaft wurde abgefragt, ob und wie Schutzmaßnahmen gegen den Fischotter wirken. So können vernünftige Managementkonzepte erarbeitet werden. Dazu zählt z.B. eine Einzäunung von Teichanlagen, um Fischverluste zu verhindern. Solche Zaunanlagen werden bereits jetzt finanziell unterstützt. Die Regierung von Niederbayern erstattet bis zu 70 Prozent der Kosten. Geförderte Zäune müssen allerdings zehn Jahre stehen bleiben. Dies ist vielleicht einer der Gründe, warum wenige Teichbesitzer ihre Teiche schützen (nur 12 von 50 haben überhaupt einen Schutz).

Befragung von Angelvereinen und Teichbesitzern

Befragungen werden in wildbiologischen Studien immer wichtiger, um die gewonnenen biologischen Erkenntnisse einer praktikablen Umsetzung zuzuführen. Dies funktioniert nur, wenn man die betroffenen Interessensgruppen mit ihren Forderungen, Wünschen, Belangen etc. einbezieht. Auch in den Bemühungen um den Fischotter sind in der jüngeren Vergangenheit solche sozial-empirischen Studien durchgeführt worden, die ganz wesentlich dazu beitragen können, bestehende Konflikte verschiedener Interessensgruppen zu erkennen und zu entschärfen (vgl. z.B. TEICHERT, 2003); MYSIAK et al. (2004); FÜLLNER (2006)).

8.1 Material und Methoden

Mittels einer Befragung der im Bayerischen Wald betroffenen Teichwirte und Angler sollte schwerpunktmäßig

- das Meinungsbild zum Thema Wildtier und Mensch, sowie speziell zum Fischotter,
- die Wirkung und Praktikabilität von Präventivmaßnahmen,
- die Schadensabschätzung in Abhängigkeit von der räumlichen Lage,
- die Tendenz der Verbreitung des Fischotters über die letzten 5 Jahre, und
- der Einfluss anderer Fischprädatoren

untersucht werden. Dazu wurden alle Teichwirte und Vereine mit Gewässern im Raum Niederbayern im Frühsommer 2007 mit zwei unterschiedlichen Fragebögen befragt (siehe Anhang Abbildung 22 und Abbildung 23). Darüber hinaus wurde der Fischereifachliche Lehr- und Beispielbetrieb Lindbergmühle sowie die Fischzucht Fesl gesondert befragt. Der Versand der Umfragebögen wurde durch den Fischerzeugerring Niederbayern e. V. und den Fischereiverband Niederbayern e.V.

unterstützt. Die Auswertung der Umfrage wird von Nina Chlebda im Rahmen einer Diplomarbeit vorgenommen, die sich derzeit noch in Bearbeitung befindet. Daher können hier noch keine statistischen Auswertungen präsentiert werden.

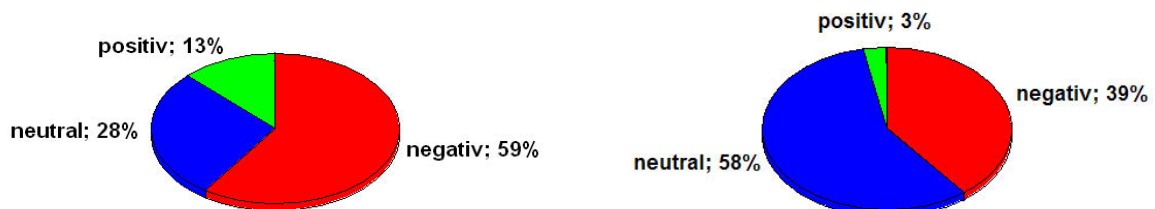
8.2 Ergebnisse und Diskussion

In Tab. 6 ist der Rücklauf der verschickten Fragebögen dokumentiert. Dieser liegt mit ca. 40% für eine anonyme Befragung relativ hoch. Das deutet auf ein großes Interesse unter den betroffenen Fischnutzern im Bayerischen Wald hin, die bestehende Otter-Problematik zu lösen.

Tab. 6: Bisheriger Rücklauf der durchgeführten Umfrage bei Teichwirten und Fischereivereinen im Bayerischen Wald.

Interessensgruppe	n Befragte (%)	n Rücklauf (%)
Teichwirte	168 (100)	57 (34)
Vereine	53 (100)	32 (60)
Insgesamt	221 (100)	89 (40)

In der Präambel der Fragebögen wurde nach einem spontanen Gedanken zum Verhältnis Mensch – Wildtier gefragt. Hierzu unterschieden sich die Antworten der Teichbesitzer von denen der Angelfischer erheblich (Abb. 33). Hier lässt sich gut erkennen, dass die Teichwirte natürliche Prädatoren eher als wirtschaftliche Konkurrenten sehen, wohingegen die Fischer ein eher neutrales Verhältnis zur Natur haben. Hier ist neben dem Angelerfolg auch das Naturerlebnis ein übergeordnetes Ziel.



A)

B)

Abb. 33: Spontane Gedanken zum Verhältnis Wildtier – Mensch. A) Teichwirte, B) Angler

Die wenigen positiven Stimmen der Teichwirte kamen fast ausschließlich aus den hauptberuflich betriebenen Fischzuchten. Diese machen aber nur 4% der Befragten aus (Abb. 34). Die überwiegende Mehrheit der Teichwirte betreibt die Fischzucht in ihrer Freizeit oder höchstens zum Nebenerwerb. In wie weit dies tatsächlich den Gegebenheiten entspricht, konnte in dieser Studie nicht geklärt werden. Aus Datenschutzgründen war die Umfrage anonym. Trotzdem waren viele Befragten in Sorge, ihre Daten könnten u. U. beim Finanzamt landen. Anscheinend fühlt sich ein großer Teil der Befragten mit den Problemen im Stich gelassen, was zu einem starken Gefühl der Hilflosigkeit führt. Dies zeigte sich auch in der letzten Frage (Anhang Abbildung 22, Frage 4.2), bei der die Antworten

noch negativer ausfielen. Hier wird deutlich, wie sehr ein praktikables Management gebraucht und auch gewünscht wird.

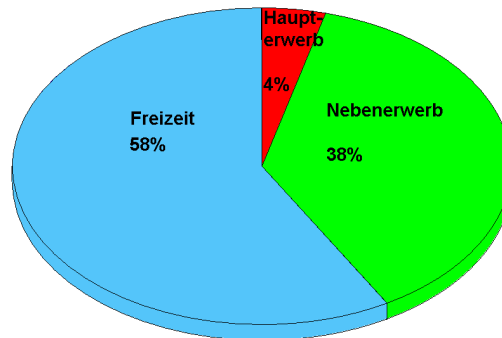
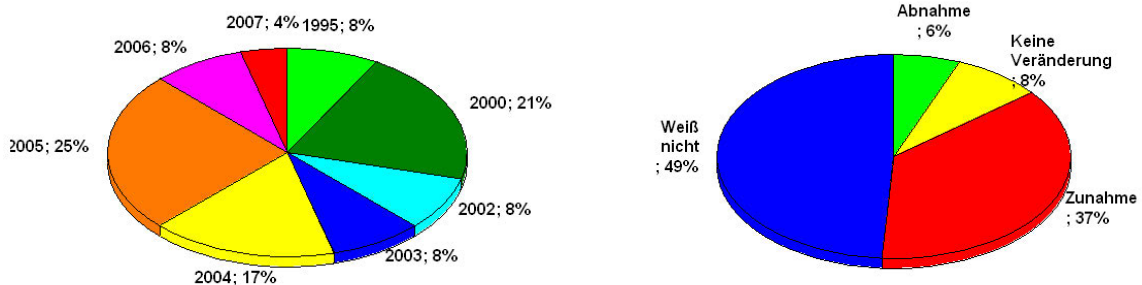


Abb. 34: Art der Teichbewirtschaftung (Frage 1.6)

8.2.1 SCHÄDEN UND SCHADENSHÖHE

Die meisten Neuschäden gab es zur Jahrtausendwende und in den Jahren 2004 und 2005 (Abb. 35A) Dies kann unterschiedliche Gründe haben; von Witterungseinflüssen bis hin zu Presseberichten, die die Aufmerksamkeit erhöhen. Nur ein gutes Drittel der Befragten (37%) stellt seit den ersten Schäden eine Zunahme fest (Abb. 35B).

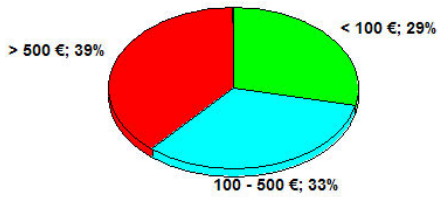


A)

B)

Abb. 35: A) Wann traten die ersten Otterschäden auf und B) wie haben sich die Schäden entwickelt?

Die jährlichen Schäden, die der Fischotter anrichtet (Abb. 36B), halten sich bei zwei Dritteln der befragten Teichwirte in überschaubaren Grenzen (< 500€/Jahr). Dies spricht für den Lösungsansatz der Entschädigung, der auch bei den Teichwirten selbst sehr beliebt ist (Abb. 43). Es ist auch schwer zu unterscheiden, inwieweit sich die Schäden des Fischotters von denen allgemeiner Natur (andere Räuber, Krankheiten, Hochwasser, etc.) differenzieren (Abb. 36A).



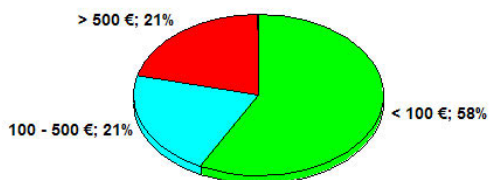
A)



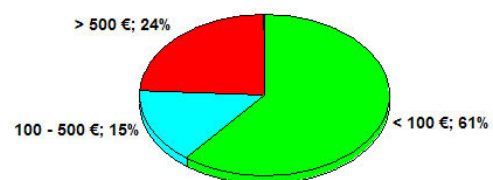
B)

Abb. 36: A) Allgemeiner jährlicher Schaden und B) Schäden durch den Fischotter (Teichwirte)

Ein ganz ähnliches Bild zeigt sich zur entsprechenden Frage bei den Fischereivereinen (Abb. 37). Hier geben sogar über dreiviertel der Befragten einen jährlichen Schaden von unter 500 Euro im Jahr an. Auch hier gestaltet sich die Differenzierung zum allgemeinen Schaden schwierig.



A)



B)

Abb. 37: A) Allgemeiner jährlicher Schaden und B) Schäden durch den Fischotter (Vereine)

8.2.2 MEINUNG UND ERFAHRUNG MIT PRÄVENTIONSMAßNAHMEN

Ein wichtiger Aspekt waren die Erfahrungen und Meinungen der Teichwirte zu angebotenen oder möglichen Präventionsmaßnahmen. Dies ist besonders in Bezug auf ein zukünftiges Management von entscheidender Bedeutung, da nicht gewollte Maßnahmen nur eine geringe Aussicht auf Erfolg haben.

Die Auswertungen der Fragebögen an die Teichwirte (Anhang Abb. 14) geben einen Eindruck von der Situation vor Ort (Abb. 38 - Abb. 45).



Abb. 38: Die Einzäunung halten die Hälfte der Befragten für eine gute Möglichkeit



Abb. 39: Die Meinungen über den Nutzen einer elektrischen Zäunung sind geteilt



Abb. 40: Eine teilweise Bezuschussung der Einzäunung ist eher unbeliebt



Abb. 41: Die vollständige Bezuschussung der Einzäunung wünschen sich 60%



Abb. 42: Ablenkteiche haben sich nicht bewährt und werden abgelehnt



Abb. 43: Einen finanziellen Ausgleich wünschen sich über die Hälfte der Befragten

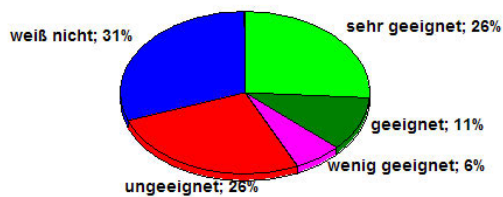


Abb. 44: Zur Lebensraumverbesserung gehen die Meinungen weit auseinander

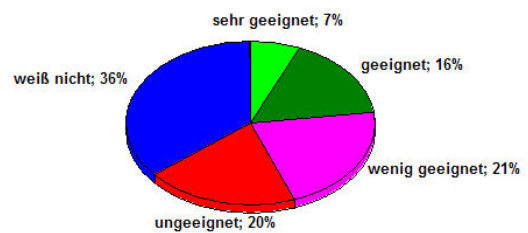


Abb. 45: Nur gut ein Fünftel sieht in einer medikamentösen Regulierung die Lösung

Als am besten geeignete Maßnahme wird von den Teichwirten die Einzäunung angesehen. Hierbei ist der massive konventionelle Zaun höher favorisiert als der nachweislich wirkungsvollere (Otterzentrum Hankensbüttel, mündl.) Elektrozaun. Ursache dafür kann der höhere Aufwand, die Kosten oder die Angst vor Diebstahl der elektrischen Geräte sein. Echte Erfahrungen wurden allerdings kaum gemacht. Nur sechs der 51 Antwortenden haben überhaupt Schutzmaßnahmen ergriffen. Davon haben nur vier einen Zaun gebaut, von denen drei elektrisch waren und einer aus Baustahl bestand. Netzbespannungen oder Attrappen waren nur als Schutz gegen den Reiher vorgesehen und helfen genau wie der grobmaschige Baustahl natürlich nicht gegen den Fischotter. Der Erfolg der drei Elektrozäune wurde dagegen zweimal mit „sehr gut“ und einmal mit „mittel“ bewertet.

Die vollständige Bezuschussung der Einzäunung ist mit 60% wesentlich beliebter, als die im Moment schon durch die Regierung von Niederbayern bestehende Regel eines Zuschusses von 70% (nur von 22% gewünscht). In der bestehenden Praxis liegen auch die größten Probleme. Im persönlichen Gespräch mit den Betroffenen wird immer wieder auf die komplizierte Antragsstellung bei den Behörden hingewiesen. Dazu kommt, dass oftmals zwar ein Zuschuss bewilligt werden kann, eine Baugenehmigung für den Zaun aber nicht erteilt wird, da dieser z. B. zu nah an einem Gewässer steht. Dies ist im Fall der Teichwirtschaft natürlich ein grundsätzliches Problem und die Behörden sollten, wenn möglich von übergeordneter Stelle, darauf hingewiesen werden.

Überhaupt nicht bewährt haben sich Ablenkteiche. Ob sie, wie oft behauptet, sogar noch mehr Otter anlocken, konnte nicht gezeigt werden. Auch der Vorschlag der medikamentösen Populationskontrolle wurde abgelehnt. Hier zeigt sich auch ein gutes Einschätzen der natürlichen Verhältnisse, unter denen es praktisch unmöglich ist, die Otter mit Kontrazeptiva zu versorgen, ohne massiv Einfluss auf andere vorkommende Arten zu nehmen. Aus diesem Grund scheint es auch undenkbar, für ein solches Vorhaben eine Genehmigung bei den zuständigen Veterinärbehörden zu bekommen.

Von über der Hälfte der Befragten wird auch ein finanzieller Ausgleich für Schäden gewünscht. In Anbetracht der im Moment noch recht übersichtlichen Beträge scheint dies auch praktikabel. Eine exakte Schadensevaluierung müsste dazu allerdings noch ausgearbeitet werden. Vorstellbar ist z. B. ein Schadensersatz für Teichwirte, die trotz geeigneter Schutzmaßnahmen noch Schäden haben, was in Wintern mit großen Schneehöhen durchaus vorkommen kann.

Bei der Frage zur Lebensraumverbesserung trennen sich die Meinungen der Teichwirte und Fischereivereine wieder stark auf. Während die Angelfischer sich auch einen Nutzen für ihre Gewässer vorstellen können, befürchten die Fischerzeuger eher eine Zunahme der Otterbestände und lehnen diese Maßnahme ab.

Zur besseren Übersicht werden hier (Abb. 46) noch einmal die Einschätzungen aller abgefragten Präventionsmaßnahmen zusammengefasst.

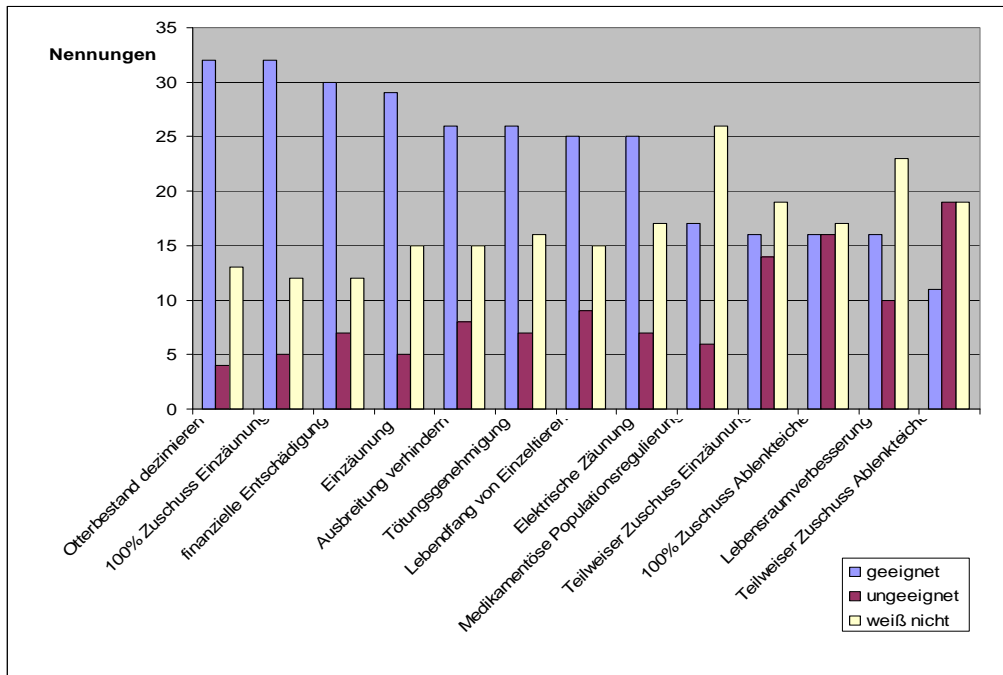


Abb. 46: Meinung der Teichwirte zu Maßnahmen des Ottermanagement geordnet nach Eignung.

Schutzmaßnahmen wie etwa Einzäunungen werden nur bei einer vollständigen Bezuschussung gut angenommen. Nach momentaner Datenlage böte sich eine Kombination aus teilweiser Bezuschussung der Schutzmaßnahmen und Schadensausgleich bei vorhandenem Schutz an. Neben Ausgleichszahlungen wünschen sich die meisten der Befragten eine Dezimierung der Otterpopulation. Dies wird auch von den Fischereivereinen am häufigsten genannt. Dort spielen Schutzmaßnahmen nur eine untergeordnete Rolle, was mit ihrer geringen Praktikabilität an Fließgewässern in Zusammenhang steht.

Im persönlichen Gespräch, genau wie auch in den Fragebögen, wird immer wieder der Verdacht der mutwilligen Aussetzung von Ottern aus Wildparken geäußert. Die genetische Untersuchung zeigt hierzu allerdings keinerlei Anhaltspunkte (siehe Kapitel 5.2.6) und die Befragten weigern sich, Namen zu nennen.

Zusammenfassung „Befragung von Angelvereinen und Teichbesitzern:

- Befragung der Angelvereine und Teichbesitzer.
- Hoher Rücklauf von ca. 40% der Befragten.
- Teichwirte wünschen sich Hilfe in Form von:
 - Dezimierung der Otterbestände
 - Zuschüsse für Schutzmaßnahmen
 - finanzielle Entschädigung
- Vereinfachung des Zugangs zu schon bestehenden Hilfsmaßnahmen angebracht
- Insgesamt herrscht eine große Verunsicherung bei den Befragten

9 Zusammenfassung

Die vorliegende Studie verfolgte mehrere Ziele. Zur besseren Übersicht sollen diese hier noch einmal zusammengefasst dargestellt werden.

Evaluierung von Fischotterschäden und Präventionsmaßnahmen

Es wurden insgesamt 221 Fragebögen an Teichwirte und Fischereivereine versandt (siehe Kapitel 1). Von diesen kamen 89 (40%) beantwortet wieder zurück. Die Auswertung dauert im Rahmen einer Diplomarbeit immer noch an. Auffallend ist vor allem die überwiegend negative Einstellung der Befragten zur Frage nach dem Verhältnis „Wildtier - Mensch im Bereich der Fischerei“. Dies lässt auf ein hohes Frustrpotential schließen. Präventionsmaßnahmen wurden trotz Förderung durch die Regierung von Niederbayern kaum ergriffen. Obwohl der Fischotter im Vergleich zu Kormoran und vor allem Reiher noch eine untergeordnete Rolle bei den Fraßschäden spielt, haben die meisten Befragten große Sorge, da sie sich auf Grund seines Schutzstatus machtlos fühlen.

Die genannten Schäden beliefen sich bei über 60% der Befragten auf unter 500 Euro pro Jahr. In wenigen Ausnahmefällen wurden aber auch Schäden von mehreren tausend Euro genannt. Hier handelte es sich aber meist um den Verlust von wertvollen Einzelfischen wie Albinostöre oder Koi-Karpfen.

Die von den befragten Teichwirten am meisten geforderten Maßnahmen sind eine Dezimierung der Otterpopulation sowie eine hundertprozentige Förderung von Schutzmaßnahmen. Als nächstes folgt der Wunsch nach finanzieller Entschädigung für Verluste. Bei den Vereinen liegt der Schwerpunkt klar auf einer Bekämpfung der Otterzahlen (Bestandsreduktion, Ausbreitungsverweh- rung, Tötung von Einzeltieren), da Fließgewässer naturgemäß kaum zu schützen sind.

Populationsabschätzung durch verschiedene Monitoringverfahren

Im Laufe des Projekts wurde eine Methode zum molekulargenetischen Monitoring entwickelt und etabliert (siehe Kapitel 5). Diese bietet gegenüber bisherigen Verfahren verschiedene Vorteile:

- Individuen können identifiziert und ihre Gesamtzahl im Projektgebiet kann erfasst werden.
- Das Geschlechterverhältnis der Population wird erkannt.
- Bei ausreichender Probenanzahl kann die Homorange (Reviergröße) einzelner Tiere ermittelt werden.
- Aussagen über die Populationsstruktur (Verwandtschaftsgrade, Variabilität) sind möglich.
- Strittige Fragen können geklärt werden (Aussetzung oder Einwanderung von Tieren).

Für das molekulargenetisches Monitoring wurden bisher am Michelbach 652 und am Regen 697 Kot- und Analsekretproben gesammelt. Davon sind am Michelbach 342 und am Regen 311 von

Zustand und Alter her für die genetische Untersuchung geeignet (die restlichen Proben gehen in die Nahrungsanalyse ein). Die untersuchten Proben zeigen elf (11) Individuen am Michelbach und vierzehn (14) am Regen. Von diesen sind vierzehn (8 Michelbach/6 Regen) weiblich und neun (3/6) männlich. Zwei Proben konnte kein Geschlecht zugeordnet werden. Von diesen Tieren hatten jedoch nur 46 % (Michelbach) bzw. 29 % (Regen) ein dauerhaft etabliertes Revier. Die restlichen Individuen setzten sich aus Jungtieren, vorübergehend ansässigen Tieren und durchziehenden Tieren zusammen, so dass nie alle Individuen gleichzeitig vor Ort waren. Eine nähere Verwandtschaft des Gehegetieres des Nationalparks Bayerischer Wald mit frei lebenden Fischottern konnte ausgeschlossen werden.

In Ergänzung zum genetischen Monitoring wurden, analog zum in bisherigen Studien verwendeten Brücken-Monitoring, über die Modellregionen systematische Koordinatengitter von 3km (bisher 10x12km) Kantenlänge gelegt (siehe Kapitel 4.1). Dort wird jeweils an drei typischen Strukturen (Brücken, Durchlässe) nach Kot gesucht. Sobald welcher gefunden wird, gilt das Quadrat als vom Otter besetzt. Dabei wurde bei einer einmaligen Analyse im Januar 2008 eine Verbreitung des Fischotters am Regen von 48 Flächenprozent und am Michelbach von 56 Flächenprozent ermittelt.

Versuche mit Videofallen haben eindeutig nachgewiesen, dass die Fischotter in die Fischzuchten eindringen und dort auch Fische entnehmen.

Das geplante Snowtracking zur Ermittlung von Wanderwegen, Reviergrößen und Bauen konnte in den letzten beiden Jahren witterungsbedingt nicht durchgeführt werden.

Ein Vergleich der konservativ sowie genetisch ermittelten Daten mit vorangegangenen Studien soll eine genauere Hochrechnung des Otterbestandes für ganz Bayern ermöglichen.

Analyse des Nahrungsspektrums

Das Nahrungsspektrum an Hand von Kotproben (Kapitel 6) zeigte überraschenderweise nur relativ wenige wirtschaftlich genutzte Fische als Beutetiere der bayerischen Fischotter. Am Michelbach wurden hauptsächlich sogar fast nur Flusskrebse im Kot gefunden. Lediglich die Proben am Regen zeigten auch Äschen und andere Salmoniden, die höchstwahrscheinlich aus nahen Fischzuchten stammen.

Habitatvaluierung.

Die fernerkundliche Habitatsanalyse (Kapitel 7) zeigte, dass beide Modellregionen sich in nahezu optimalem Otterhabitat befinden. Die ermittelten Individuenzahlen müssen daher sehr vorsichtig hochgerechnet werden, um eine Überschätzung des Bestandes zu vermeiden. Auffällig ist auch das sehr günstige Habitat in ganz Südbayern. Hier ist ein zukünftiges Ottermonitoring dringend anzuraten, um festzustellen, ob diese Lebensräume schon genutzt werden. Gerade in Bezug auf die intensive fischereiliche Nutzung der südbayerischen Seen ist dies zur Konfliktprävention unvermeidbar. Mit Beginn der intensiven Landwirtschaft südwestlich der Donau und der damit verringerten Strukturvielfalt der Gewässer stoppt die Verbreitung des Otters. Allerdings zeigte sich auch, dass der Fischotter anderen anthropogenen Einflüssen gegenüber recht unbeeindruckt sein kann. So finden sich z.B.

Spuren und Kot auch unter stark befahrenen Brücken mitten in größeren Ortschaften. Entscheidender scheint im Gegensatz dazu ein ausreichendes Nahrungsangebot zu sein.

Beitrag zur Weiterentwicklung der Grenzregion.

Als „Rote-Liste-Art“ steht der Fischotter in besonderem Fokus für Tier- und Naturschützer. Eine stabile Population führt somit auf jeden Fall zu einer höheren Wertigkeit der ganzen Region. Die hier angewendeten Verfahren dienen deshalb vor allem dazu, eine Evaluierung der genetischen Fitness der bestehenden Populationen zu ermöglichen und darüber Aussagen über ihre Überlebenschancen zu machen. Diese Informationen sind essentiell für ein zukünftiges Fischotter-Management. Dabei darf nicht vergessen werden, welche hohe Bedeutung der Tier- und Naturschutz in unserer Gesellschaft erreicht hat.

Verbesserung der Information der Betroffenen und politischer Entscheidungsträger.

Dieser Bericht ist eine erste Information für Entscheidungsträger. Das in dieser Studie erarbeitete Know-how soll helfen, in Bezug auf Konflikte aber auch Chancen mit dem Fischotter die richtigen Konsequenzen zu ziehen.

Handreichung für die Behandlung weiterer Konflikte im Bereich Mensch und Wildtier.

Die etablierte Genotypisierung erlaubt es, auch zukünftige Proben entsprechend ihrer Herkunft einzuordnen und somit z.B. Verdachtsmomente für eine oft geäußerte Aussetzung von Fischottern zu verwerfen oder zu bestätigen. Geschlechts- und Artunterscheidung werden ebenfalls bei unklaren Funden helfen. Die Evaluierung von Präventionsmaßnahmen dient dem optimalen Schutz von Fischeichen und verhindert so auch Übergriffe auf den Fischotter. Dabei soll vor allem gezeigt werden, wie Naturschützer und Naturnutzer gemeinsam das Ziel einer ökologisch und ökonomisch erfolgreichen Zukunft des Fischotters im Bayerischen Wald erreichen können.

Finanzierung

Die Finanzierung des Projekts erfolgt durch Forschungsmittel, sowie Jagd- und Fischereiabgabe des Freistaates Bayern. Im Rahmen von Interreg IIIA, wird das Projekt aus Mitteln des europäischen Fonds für regionale Entwicklung (EFRE) kofinanziert.

Zusammenfassung

- Anstieg der bayerischen Fischotterpopulation über die vergangenen 20 Jahre
- Information von Betroffenen und Entscheidungsträgern
- Otter sind perfekt an semiaquatische Lebensweise angepasst
- sehr großes Verbreitungsgebiet
- breites Nahrungsspektrum
- nachtaktive Einzelgänger mit großen Streifgebieten
- Keine feste Ranz- und Elternzeit
- 7-12kg, 110-130cm, 60 Tage Tragzeit, geschlechtsreif mit 2-3 Jahren, Alter - 15 Jahre
- Otter bevorzugen zusammenhängende und gut strukturierte Gewässersysteme
- Bayerischer Wald im Dreiländereck Bayern-Tschechien-Österreich als Untersuchungsgebiet.
- Zwei Modellregionen (Schwarzer Regen – Michelbach).
- Systematische Probennahme durch eindeutige Koordinaten.
- Methode zur genetischen Analyse von Fischotterkot ist etabliert.
- Grenzwert zur korrekten Bestimmung aller Allele ist bestimmt.
- Genetische Geschlechtsbestimmung erfolgreich getestet.
- Artunterscheidung zwischen Eurasischem Otter, Kanadischem Otter und Nerz ist möglich.
- Genetische Artunterscheidung identifiziert überfahrenen Otter aus Tittmoning eindeutig als Europäischen Fischotter
- 25 verschiedene Fischotterindividuen in den zwei Modellregionen bislang identifiziert.
- Populationsstruktur zeigt zwei Linien.
- Freigehegetier ist nicht mit wildlebenden Tieren verwandt.
- Kaum wirtschaftlich genutzte Fische im Fischotterkot zu finden.
- Hauptnahrung ist Mühlkoppe und Flusskrebs, gefolgt von Salmoniden.
- Habitatanalyse zeigt Modellregionen als nahezu optimalen Otterlebensraum
- Südbayern zeigt sich als zukünftiges Otterhabitat sehr gut geeignet
- Ottermonitoring in Südbayern dringend erforderlich
- Befragung der Angelvereine und Teichbesitzer.
- Hoher Rücklauf von ca. 40% der Befragten.
- Teichwirte wünschen sich Hilfe in Form von:
 - Dezimierung der Otterbestände
 - Zuschüsse für Schutzmaßnahmen
 - finanzielle Entschädigung
- Vereinfachung des Zugangs zu schon bestehenden Hilfsmaßnahmen angebracht
- Insgesamt herrscht eine große Verunsicherung bei den Befragten

10 Literatur

- BAYERL, H. & KÜHN, R. (2007): Noninvasive genetic monitoring of the Eurasian otter (*Lutra lutra*) in Eastern Bavaria. Vortrag auf dem 25. Internationalen Musteliden-Kolloquium in Trebon (4.-7. 10 Oktober 2007).
- BAYERNS FISCHEREI & GEWÄSSER (2006): Auf den Spuren des Räubers. Eine Exkursion mit Fischotter-Expertin Katrin Ruff. Bayerns Fischerei + Gewässer 2. S. 8.
- BECK, R., CHLEBDA, N., FRIEDRICH, M. & HAHN, N. (2007): Wildlife and Human in the Bavarian-Czech-Austrian border Region - an Interreg project with the example of the otter. Posterpräsentation auf dem 25. Internationalen Musteliden-Kolloquium in Trebon (4.-7. 10 Oktober 2007).
- CESKY NADACNI FOND PRO VYDRU (2006): Der Fischotter, ein Symboltier der Feuchtlandschaften. Broschüre 30 S. <http://www.vydry.org>
- DALLAS, J.F. & PIERTNEY, S.B. (1998): Microsatellite primers for the Eurasian otter. Mol Ecol 7: 1247-1263.
- ERLINGE, S. (1968): Territoriality of the otter *Lutra lutra* L. Oikos 19: 81-98.
- FÜLLNER, G. (2006): Erfahrungen mit Fischotterproblemen und deren Lösung in Teichwirtschaften in Sachsen. Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft. Vortrag beim Workshop „Otter und Fischteiche“ am 13.10.06 in Hankensbüttel.
- GEIDEZIS, L.C. (1999): Food selection of Eurasian Otters (*Lutra lutra*) in a fish pond area. Studies in the Oberlausitz pondland, Germany. Diss.. Univ. Erlangen-Nürnberg. 172 S.
- HABITAT (o.J.): Arbeitsberichte der Aktion Fischotterschutz e.V.. Diverse Bände. Hrsg.: REUTHER, C.; KÖLSCH, O & JANßEN, W. Bezug über das Otterzentrum Hankensbüttel. Internet: www.otterzentrum.de.
- HÁJKOVÁ, P., ZEMANOVÁ, B., BRYJA, J., HÁJEK, B., ROCHE, K., TKADLEC, E. & ZIMA, J. (2006): Factors affecting success of PCR amplifikation of microsatellite loci from otter faeces. Molecular Ecology Notes 6: 559-562.
- HANFLAND (2006): Erfolgskontrolle im Rahmen des neiderbayerischen Artenhilfsprogramms Äsche. Bayerns Fischerei und Gewässer 4: 6-8.
- HEDMARK, E., FLAGSTAD, Ø., SEGERSTRÖM, P., PERSSON, J., LANDA, A. & ELLEGREN, H. (2004): DNA-based individual and sex identification from wolverine (*Gulo gulo*) faeces and urine. Conservation Genetics 5: 405-410.
- HODL-ROHN, I. (1978): Über Vorkommen und Verhalten des Eurasischen Fischotters im Bereich des Bayerischen Waldes. Bd.3 Wiss. Schriftenreihe des NP Bayerischer Wald. 32 S.
- HOFMANN, A. & MAU, H. (1999): Daheim an Bach und Fluss. Der Fischotter im Bayerischen Wald. Broschüre. Naturpark Bayerischer Wald. 17 S.
- KALZ, B. & FICKEL, J. (2003): Vom Fischotter-Kot zum DNA-Profil (Otter zählen und erkennen). From *Lutra* Spraint to DNA-Profile (count and identification of otters). Methoden feldökol. Säugetierforsch. 2: 171-180.
- KALZ, B. & KOCH, R. (2005): Untersuchungen an freilebenden Fischottern im Naturpark Nossentiner/Schwinzer Heide (Mecklenburg Vorpommern): Individualerkennung mittels DNA-Analyse aus Kotproben. Inst. f. Zoo- und Wildtierforschung. Berlin.
- KRANZ, A., POLEDNIK, L. & POLEDNIKOVA, K. (2003): Fischotter im Mühlviertel. Ökologie und Managementoptionen im Zusammenhang mit Reduktionsanträgen. Gutachten im Auftrag des Oberösterreichischen Landesjagdverbandes. 73 S.

- KRANZ, A., POLEDNIK, L. & POLEDNIKOVA, K. (2004): Die Rückkehr des Fischotters. Des einen Freud, des anderen Leid. Weidwerkstatt-Wildforschung 2: 1-8.
- KRUUK, H. (2006): Otters. Ecology, behaviour and conservation. Oxford University Press. 265 S..
- LAMPA, S., GRUBER, B., HENLE, K., HOEHN, M. (2007): An optimization approach to increase DNA amplification success of otter faeces. Cons. Gen. 9 (1): 201-210.
- LFU (2005): Fischotter und Teichwirtschaft. Faltblatt Hrsg.: Bayerisches Landesamt für Umwelt. 12 S.
- LORENZ, U. (2006): Der Schwarze Regen. Ein Kleinod für die heimische Fischfauna im Bayerischen Wald. VogelSchutz 3: 4-7.
- MAU, H. (2001): Der Fischotter. Naturschutz in Niederbayern. Artenschutzsymposium. Reg. v. Niederbayern. S. 7-12.
- MORIN, P.A., CHAMBERS, K.E., BOESCH, C. & VIGILANT, L. (2001): Quantitative polymerase chain reaction analysis of DNA from non-invasive samples for accurate microsatellite genotyping of wild chimpanzees (*Pan troglodytes verus*). Mol. Ecol. 10: 1835-1844.
- MYSIAK, J., SCHWERDTNER, K. & RING, I. (2004): Comparative analysis of the conflicts between carp pond farming and the protection of otters (*Lutra lutra*) in Upper Lusatia and South Bohemia. UFZ-Discussion Papers. Department of Economics, Sociology and Law (OEKUS). 27 S.
- POLEDNIK, L. (2005): Otters (*Lutra lutra* L.) and fishponds in the Czech Republic: interactions and consequences. Diss.. Department of zoology and anthropology, Faculty of Science, Palacky University Olomouc. 109 S.
- POLEDNIKOVA, K. & POLEDNIK, L. (2003): Conflict between otter conservation and fish farming. WP 4 - Legal and Institutional Framework CZECH REPUBLIC. FRAP-Development of a procedural framework for action plans to reconcile conflict between large vertebrate conservation and the use of biological resources: fisheries and fish-eating vertebrates as a model case. Bericht an das Inst. f. Wildbiologie und Jagdwirtschaft. BOKU Wien. Final version. 23 S.
- POLEDNIKOVA, K., KRANZ, A., POLEDNIK, L. & MYSIAK, J. (2006): Otters causing conflicts: the fish farming case of the Czech Republic. WP 11 – Generic framework for reconciliation action plans and dissemination. D21. Reconciliation action plans for targeted conflicts. Part A. FRAP-Development of a procedural framework for action plans to reconcile conflict between large vertebrate conservation and the use of biological resources: fisheries and fish-eating vertebrates as a model case. 22 S.
- PRITCHARD, J. K., STEPHENS, M., DONNALLY, P. (2000): Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics 155: 945-959.
- REUTHER, C. (1993): Der Fischotter. Lebensweise und Schutzmassnahmen. Naturbuch Verlag. 64 S.
- REUTHER, C. (2004): Auf dem Weg zu einem Otter Habitat Netzwerk Europa (OHNE). Habitat Bd. 15, Hankensbüttel
- SACHTELEBEN, J. & SIMLACHER, C. (2007): AHP Fischotter: Erfassung 2006/2007. Unveröffentl. Endbericht an das Bayerische Landesamt für Umwelt. 10 S.
- SCHMID, H. (2005): Der Fischotter. Biologie einheimischer Wildtiere. Hrsg.: Wildtier Schweiz. Zürich. 20 S. <http://www.wild.unizh.ch>.
- TEICHERT, S. (2003): Sozio-ökonomische Untersuchung als Beitrag zum Artenschutz am Beispiel des Konfliktfeldes Otterschutz und Teichwirtschaften. Unveröffentl. Diplomarbeit. Hochschule Anhalt (FH). 142 S. + Anhang.
- ZIRKER, A. & HEURICH, M. (2004): Der Fischotter ist zurück. LWFaktuell 44: 14-16.

11 Anhang

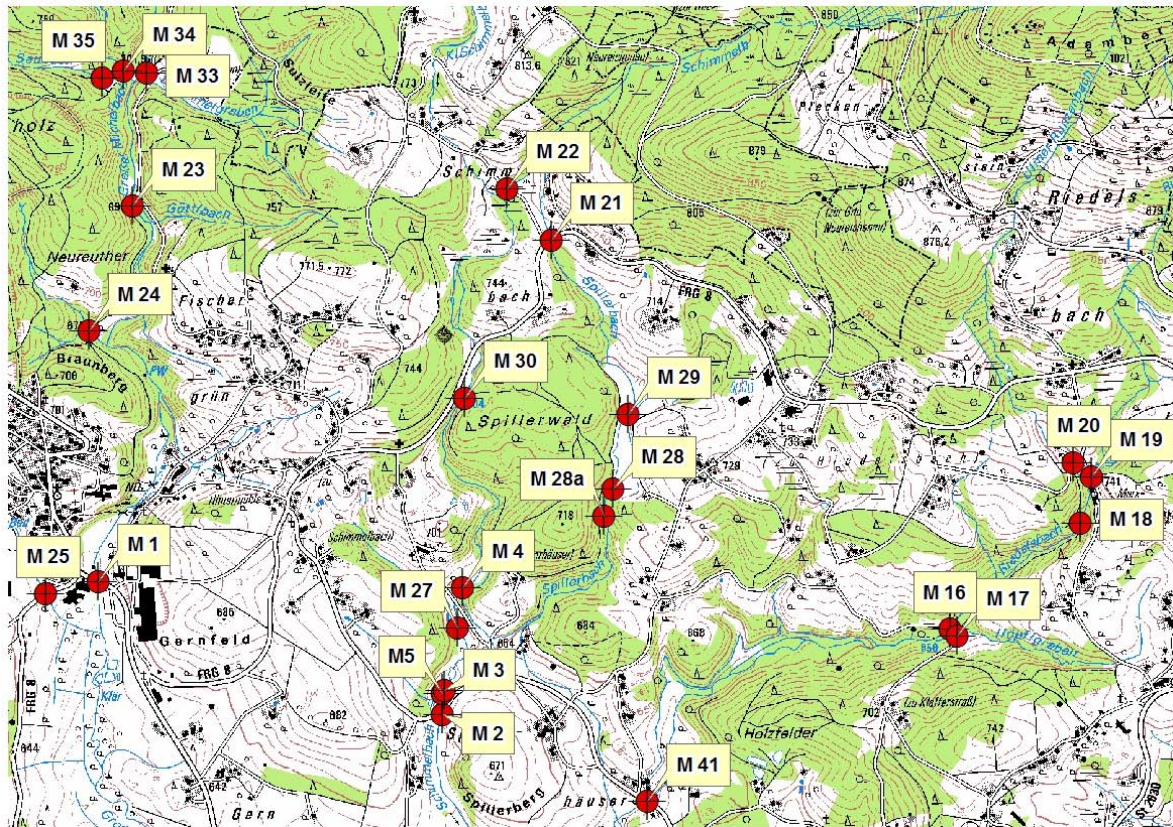


Abbildung 1: Verteilung der Kontrollpunkte für Fischotterlosung im nördlichen Teil des Untersuchungsgebietes Großer Michelbach.

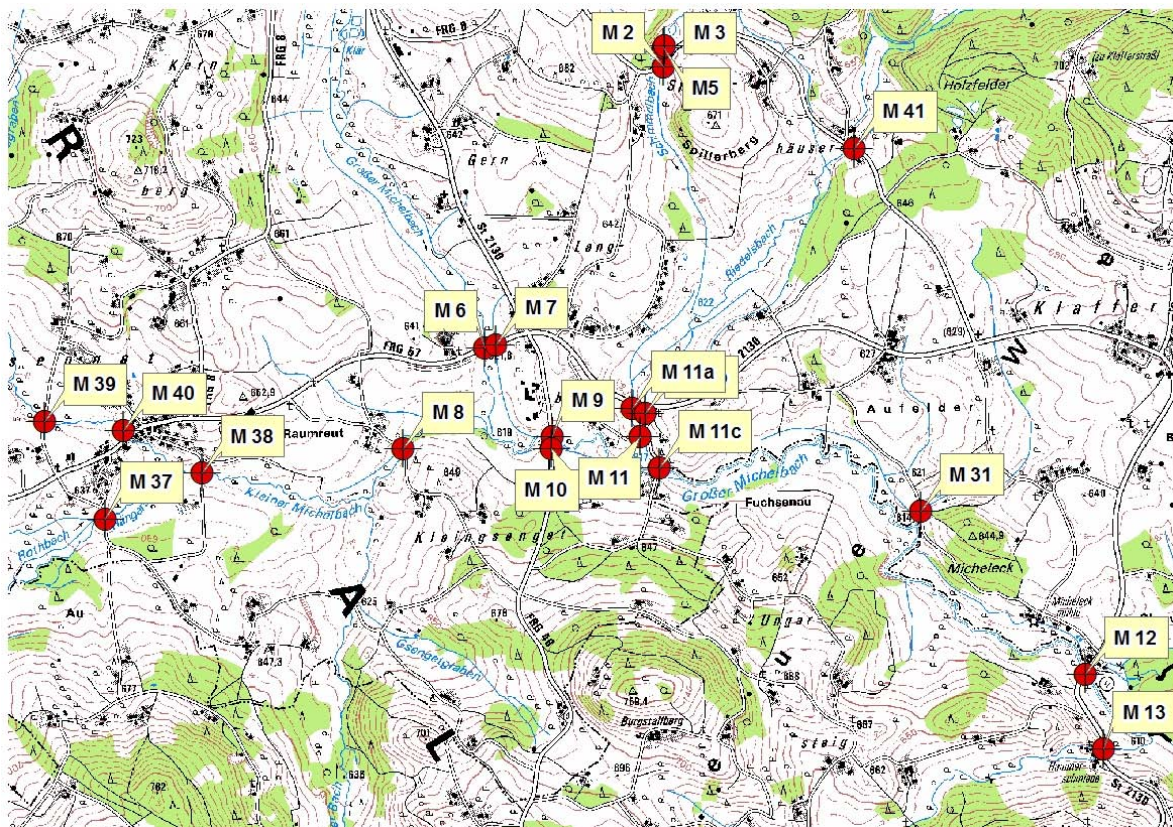


Abbildung 2: Verteilung der Kontrollpunkte für Fischotterlosung im mittleren Teil des Untersuchungsgebietes Großer Michelbach.

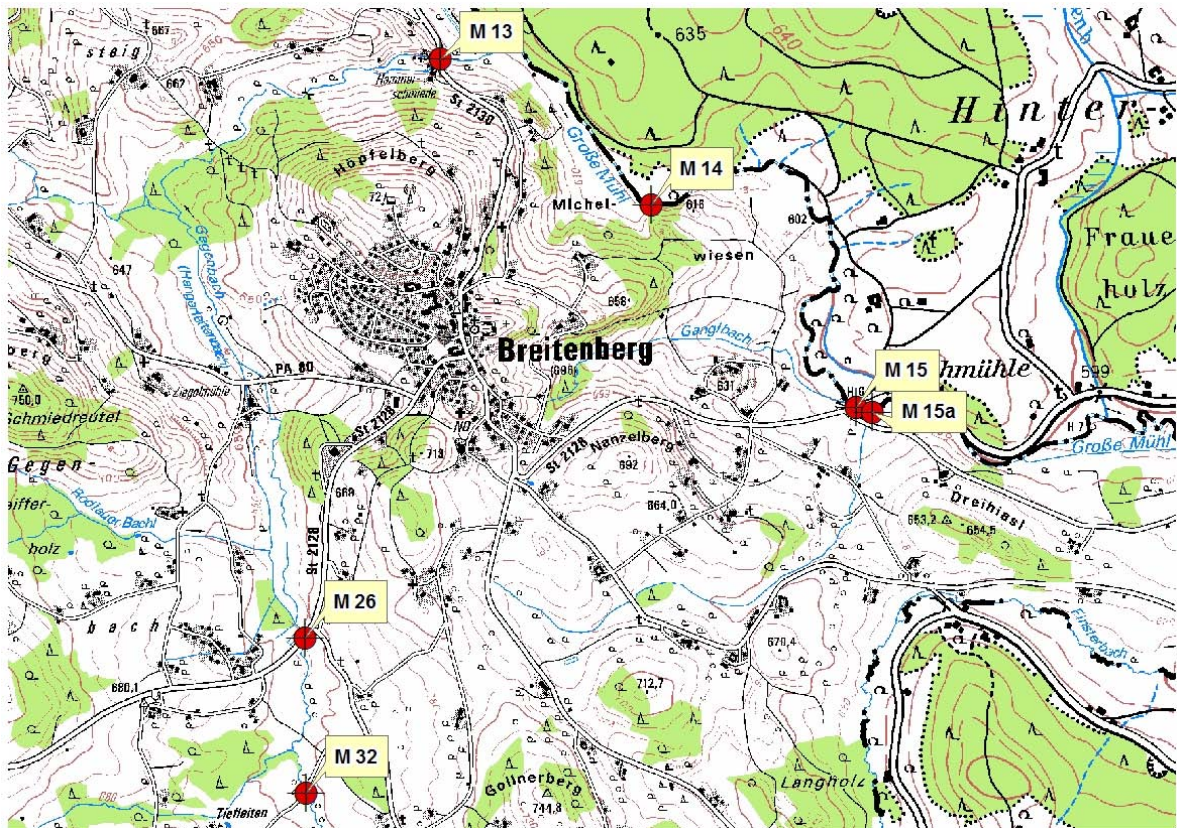


Abbildung 3: Verteilung der Kontrollpunkte für Fischotterlosung im südlichen Teil des Untersuchungsgebietes Großer Michelbach.

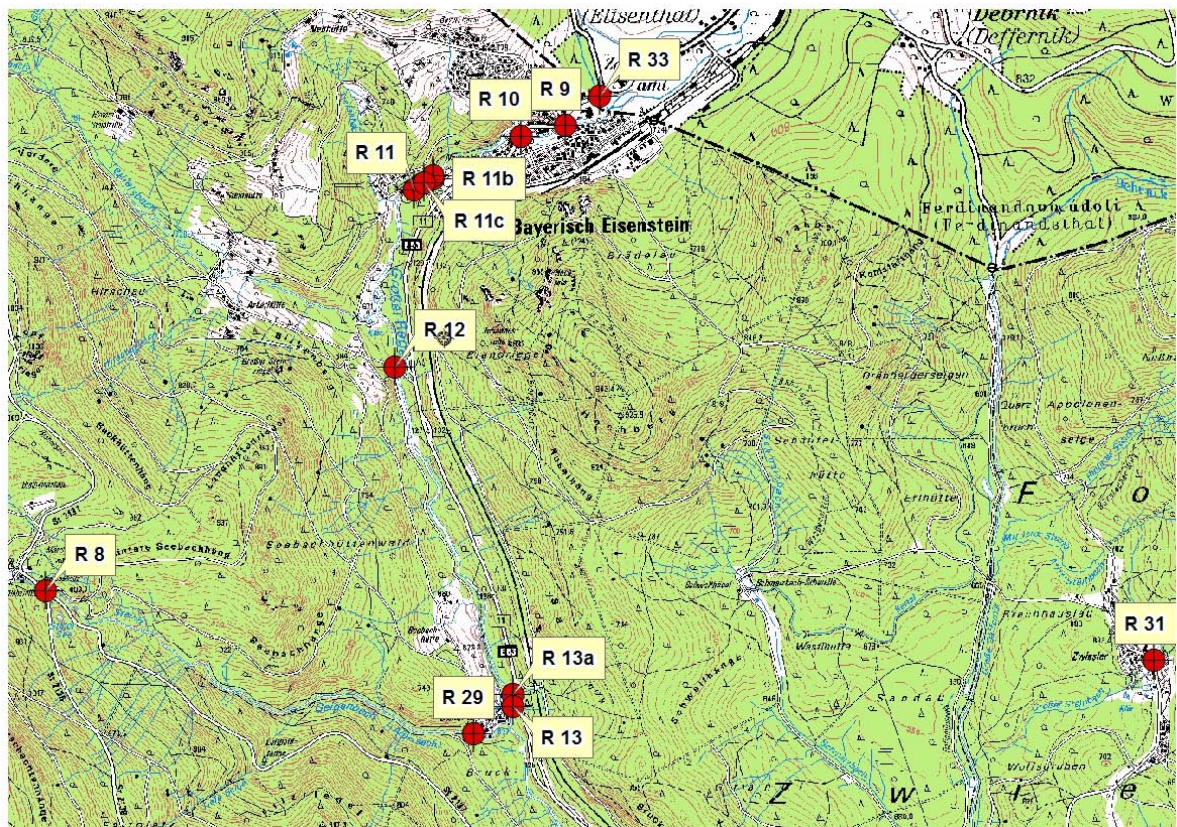


Abbildung 4: Verteilung der Kontrollpunkte für Fischotterlosung im Untersuchungsgebiet Großer Regen im Bereich Bayerisch Eisenstein.

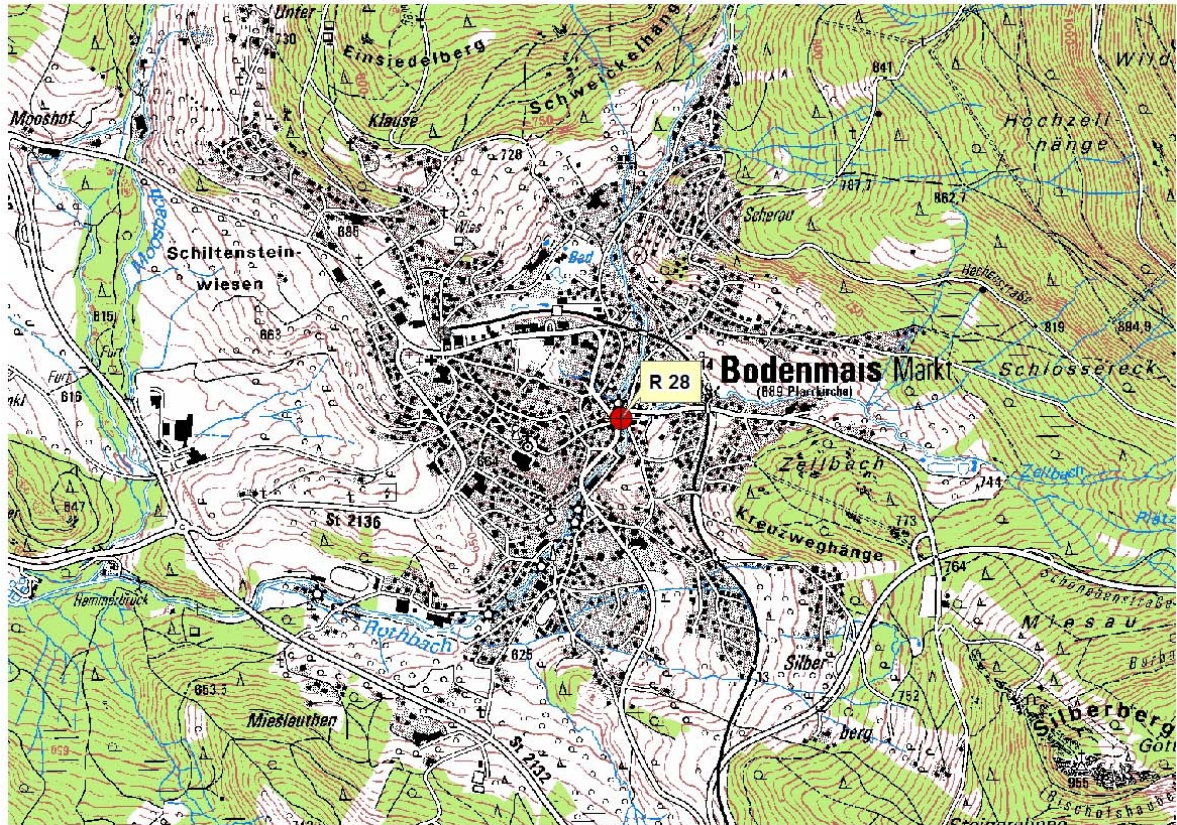


Abbildung 5: Verteilung der Kontrollpunkte für Fischotterlosung im Untersuchungsgebiet Großer Regen im Bereich Bodenmais.

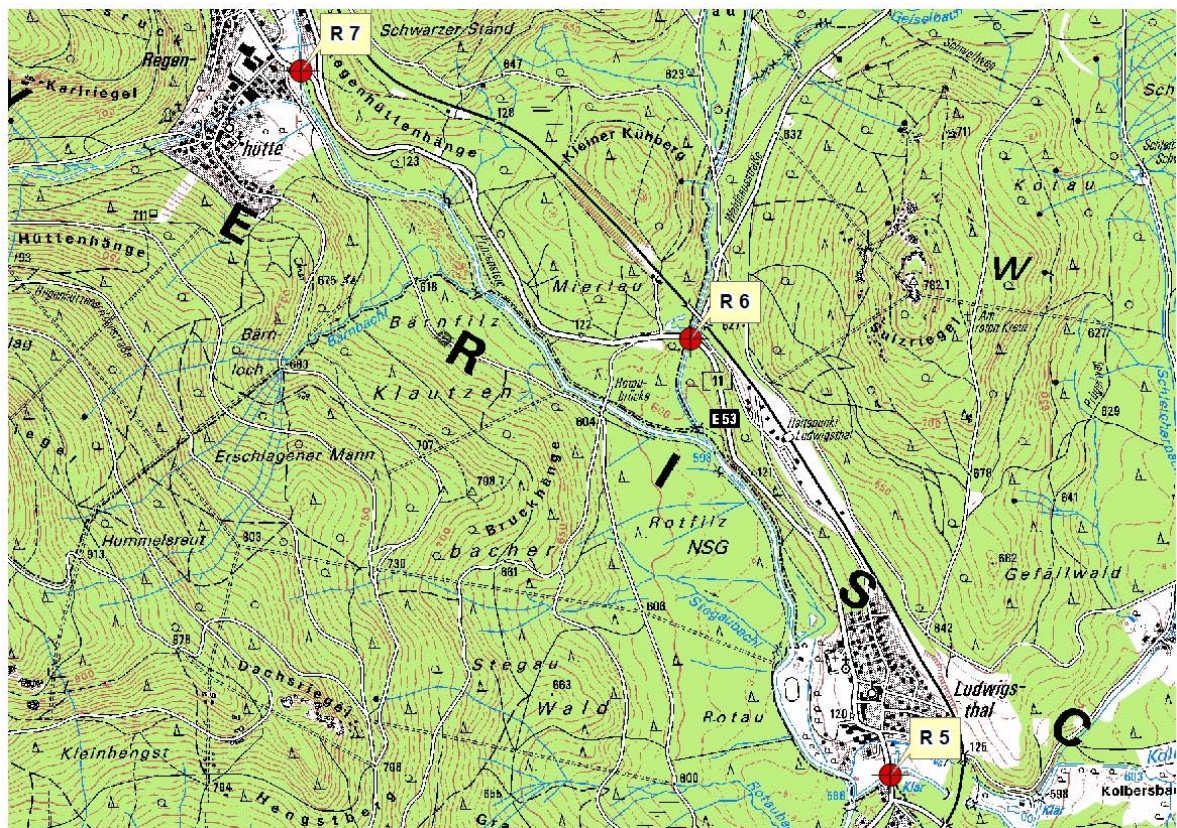


Abbildung 6: Verteilung der Kontrollpunkte für Fischotterlosung im Untersuchungsgebiet Großer Regen im Bereich Regenhütte.

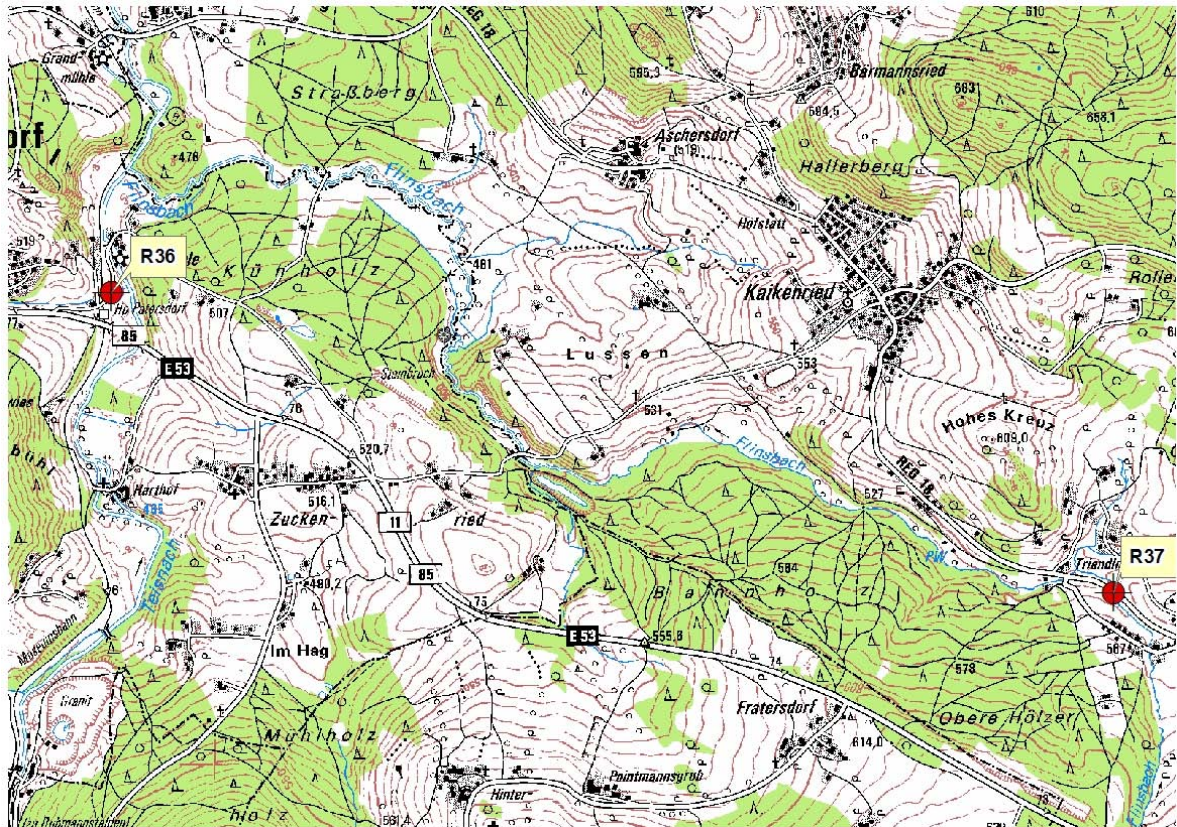


Abbildung 11: Verteilung der Kontrollpunkte für Fischotterlosung im Untersuchungsgebiet Schwarzer Regen im Bereich Patersdorf.

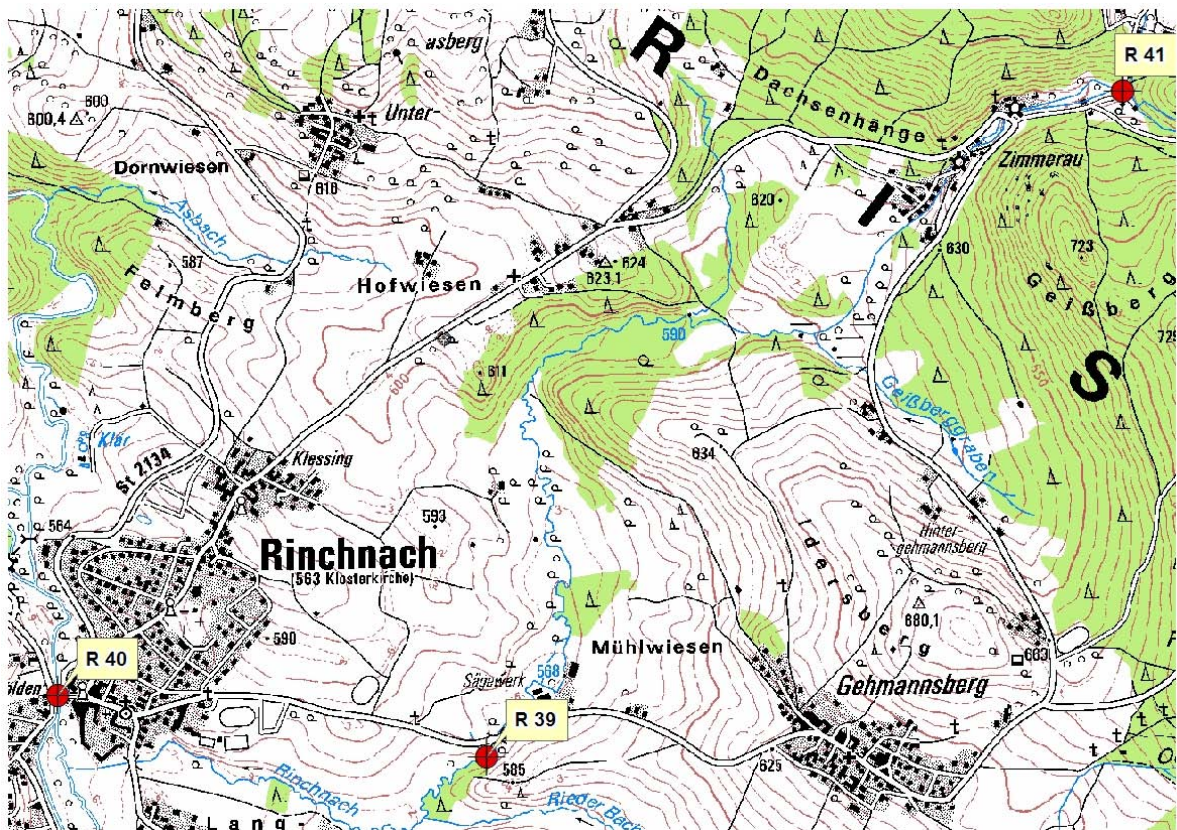


Abbildung 12: Verteilung der Kontrollpunkte für Fischotterlosung im Untersuchungsgebiet Schwarzer Regen im Bereich Rinchnach.

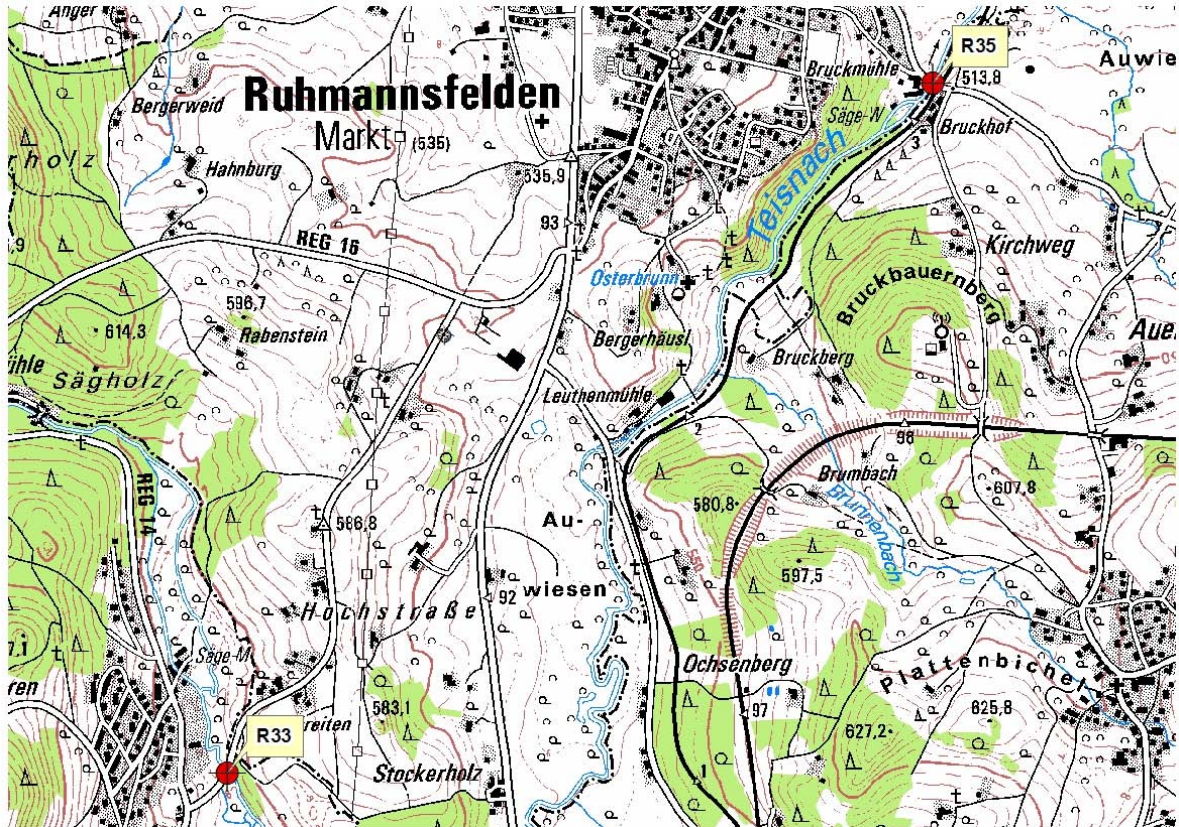


Abbildung 13: Verteilung der Kontrollpunkte für Fischotterlosung im Untersuchungsgebiet Schwarzer Regen im Bereich Ruhmannsfelden.

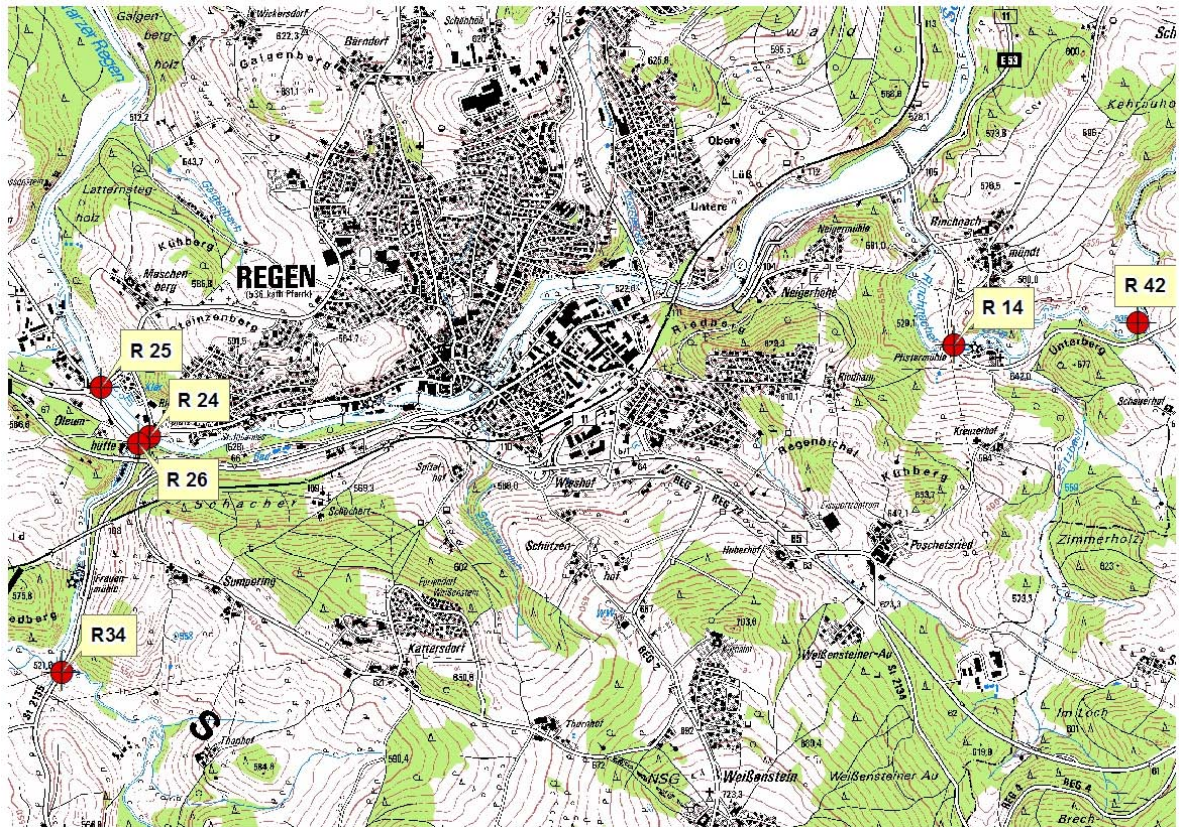


Abbildung 14: Verteilung der Kontrollpunkte für Fischotterlosung im Untersuchungsgebiet Schwarzer Regen im Bereich Regen.

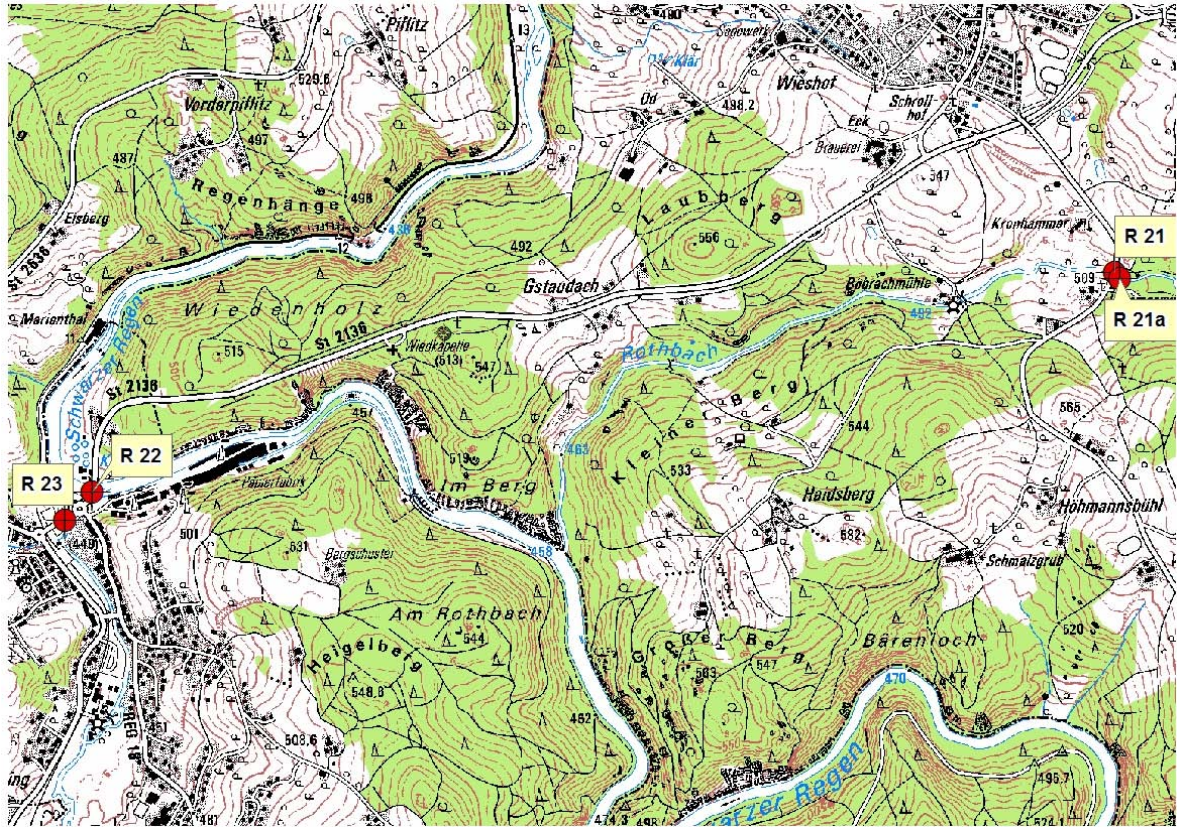


Abbildung 15: Verteilung der Kontrollpunkte für Fischotterlosung im Untersuchungsgebiet Schwarzer Regen im Bereich Teisnach / Böbrach.

Tabelle 1: DNA-Konzentration von 16 Extrakten aus Kotproben sowie der Anteil an erfolgreichen Amplifikationen, korrekt bestimmten Allelen, Allelic Dropout, False Allels und die Fehlerrate pro Probe. Der Anteil erfolgreicher Amplifikationen bezieht sich auf alle durchgeführten Amplifikationen pro Probe; der Anteil korrekt bestimmter Allele, der Anteil an False Allels sowie die durchschnittliche Fehlerrate pro Probe beziehen sich auf alle erfolgreich amplifizierte Loci einer Probe. Der Anteil an Allelic Dropout bezieht sich auf alle erfolgreich amplifizierte Loci einer Probe mit heterozygotem Genotyp. Anteile sind jeweils als Prozentwerte (oben) und absolut angegeben.

Probe	DNA-Konzentration [pg/µl]	Anteil erfolgreicher Amplifikationen in %	Anteil korrekt bestimmter Allele in %	Anteil an Allelic Dropout in %	Anteil an False Allels in %	Fehlerrate pro Probe in %
Nico 1	8,0	71,8 (28/39)	82,1 (46/56)	20,8 (5/24)	8,9 (5/56)	17,9 (10/56)
Nico 2	67,4	97,4 (38/39)	98,7 (75/76)	0,0 (0/30)	1,3 (1/76)	1,3 (1/76)
Naima 1	175,9	97,4 (38/39)	100,0 (76/76)	0,0 (0/52)	0,0 (0/76)	0 (0/76)
Naima 2	234,2	97,4 (38/39)	100,0 (76/76)	0,0 (0/52)	0,0 (0/76)	0 (0/76)
Mette 1	0,0	17,9 (7/39)	50,0 (7/14)	20,0 (2/10)	35,7 (5/14)	50,0 (7/14)
Mette 2	0,0	38,5 (15/39)	26,7 (8/30)	22,7 (5/22)	56,7 (17/30)	73,3 (22/30)
Jonny 1	20,0	76,9 (30/39)	85,0 (51/60)	22,7 (5/22)	6,7 (4/60)	15,0 (9/60)
Jonny 2	38,2	79,5 (31/39)	74,2 (46/62)	29,2 (7/24)	14,5 (9/62)	25,8 (16/62)
Henri 1	7,3	79,5 (31/39)	69,4 (43/62)	28,9 (11/38)	12,9 (8/62)	30,6 (19/62)
Henri 2	12,4	97,4 (38/39)	78,9 (60/76)	32,6 (15/46)	1,3 (1/76)	21,1 (16/76)
Clyde 1	7,6	89,7 (35/39)	88,6 (62/70)	12,9 (8/62)	0,0 (0/70)	11,1 (8/70)
Clyde 2	10,7	89,7 (35/39)	84,3 (59/70)	15,2 (10/66)	1,4 (1/70)	15,7 (11/70)
Cara 1	7,4	66,7 (26/39)	76,9 (40/52)	28,6 (12/42)	0,0 (0/72)	16,7 (12/72)
Cara 2	2,1	17,9 (7/39)	28,6 (4/14)	16,7 (2/12)	57,1 (8/14)	71,4 (10/14)
Yaska 1	37,3	100,0 (39/39)	92,3 (72/78)	13,9 (5/36)	1,3 (1/78)	7,7 (6/78)
Yaska 2	32,2	94,9 (37/39)	95,9 (71/74)	6,3 (2/32)	1,4 (1/74)	4,1 (3/74)

Tabelle 2: Häufigkeiten der gefundenen Allele an den 10 untersuchten Mikrosatelliten-Loci je Modellgebiet und für den vereinigten Datensatz der beiden Modellgebiete.

Locus	Allel	Allel- frequenz	absolute Häufigkeit	Allel- frequenz	absolute Häufigkeit	Allel- frequenz	absolute Häufigkeit
		Gesamt		Regen		Michelbach	
Lut435	122	0,048	2 / 42	0,083	2 / 24	0,000	0 / 18
	126	0,833	35 / 42	0,708	17 / 24	1,000	18 / 18
	138	0,048	2 / 42	0,083	2 / 24	0,000	0 / 18
	140	0,024	1 / 42	0,042	1 / 24	0,000	0 / 18
	142	0,048	2 / 42	0,083	2 / 24	0,000	0 / 18
Lut453	108	0,050	2 / 40	0,083	2 / 24	0,000	0 / 16
	126	0,600	24 / 40	0,458	11 / 24	0,813	13 / 16
	128	0,050	2 / 40	0,042	1 / 24	0,063	1 / 16
	130	0,200	8 / 40	0,250	6 / 24	0,125	2 / 16
	132	0,100	4 / 40	0,167	4 / 24	0,00	0 / 16
Lut457	182	0,700	28 / 40	0,727	16 / 22	0,667	12 / 18
	186	0,225	9 / 40	0,136	3 / 22	0,333	6 / 18
	188	0,075	3 / 40	0,136	3 / 22	0,000	0 / 18
Lut604	103	0,050	2 / 40	0,091	2 / 22	0,000	0 / 18
	128	0,375	15 / 40	0,273	6 / 22	0,500	9 / 18
	130	0,075	3 / 40	0,091	2 / 22	0,056	1 / 18
	132	0,125	5 / 40	0,091	2 / 22	0,167	3 / 18
	134	0,025	1 / 40	0,045	1 / 22	0,000	0 / 18
	136	0,250	10 / 40	0,273	6 / 22	0,222	4 / 18
	138	0,100	4 / 40	0,136	3 / 22	0,056	1 / 18
Lut615	238	0,050	2 / 40	0,083	2 / 24	0,000	0 / 16
	248	0,125	5 / 40	0,083	2 / 24	0,188	3 / 16
	250	0,025	1 / 40	0,042	1 / 24	0,000	0 / 16
	252	0,450	18 / 40	0,458	11 / 24	0,438	7 / 16
	254	0,025	1 / 40	0,042	1 / 24	0,000	0 / 16
	256	0,325	13 / 40	0,292	7 / 24	0,375	6 / 16
Lut715	197	0,026	1 / 38	0,045	1 / 22	0,000	0 / 16
	201	0,368	14 / 38	0,364	8 / 22	0,375	6 / 16
	205	0,342	13 / 38	0,318	7 / 22	0,375	6 / 16
	209	0,263	10 / 38	0,273	6 / 22	0,250	4 / 16
Lut717	175	0,05	2 / 40	0,083	2 / 24	0,000	0 / 16
	187	0,025	1 / 40	0,000	0 / 24	0,063	1 / 16
	191	0,350	14 / 40	0,250	6 / 24	0,500	8 / 16
	195	0,475	19 / 40	0,583	14 / 24	0,313	5 / 16
	203	0,100	4 / 40	0,083	2 / 24	0,125	2 / 16
Lut733	168	0,158	6 / 38	0,136	3 / 22	0,188	3 / 16
	172	0,289	11 / 38	0,273	6 / 22	0,313	5 / 16
	176	0,526	20 / 38	0,545	12 / 22	0,500	8 / 16
	180	0,026	1 / 38	0,045	1 / 22	0,000	0 / 16
Lut832	166	0,048	2 / 42	0,083	2 / 24	0,000	0 / 18
	182	0,286	12 / 42	0,292	7 / 24	0,278	5 / 18
	186	0,095	4 / 42	0,042	1 / 24	0,167	3 / 18
	190	0,405	17 / 42	0,375	9 / 24	0,444	8 / 18
	194	0,167	7 / 42	0,208	5 / 24	0,111	2 / 18
Lut833	129	0,050	2 / 40	0,083	2 / 24	0,000	0 / 16
	155	0,025	1 / 40	0,042	1 / 24	0,000	0 / 16
	159	0,600	24 / 40	0,542	13 / 24	0,688	11 / 16
	163	0,125	5 / 40	0,167	4 / 24	0,063	1 / 16
	167	0,150	6 / 40	0,125	3 / 24	0,188	3 / 16
	171	0,050	2 / 40	0,042	1 / 24	0,063	1 / 16

Tabelle 3: Erwartete Heterozygotie (H_e), beobachtete Heterozygotie (H_o), Allelic Richness (AR) und F_{ST} -Werte je Mikrosatelliten-Locus und Modellgebiet, sowie für den vereinigten Datensatz aus beiden Modellgebieten.

Locus	H_e	H_o	AR	H_e	H_o	AR	H_e	H_o	AR	F_{ST}
	Regen			Michelbach			Gesamt			
Lut435	0,48	0,33	4,362	0,00	0,00	1,000	0,30	0,19	3,249	0,107
Lut453	0,69	0,75	4,558	0,32	0,33	3,000	0,58	0,57	4,166	0,095
Lut457	0,43	0,33	2,974	0,44	0,44	2,000	0,45	0,38	2,790	0,008
Lut604	0,81	0,75	6,519	0,67	0,89	4,778	0,76	0,81	5,658	0,004
Lut615	0,69	0,75	5,130	0,63	0,56	3,000	0,67	0,67	4,381	- 0,033
Lut715	0,69	0,75	3,727	0,66	0,67	3,000	0,68	0,71	3,420	-0,046
Lut717	0,58	0,50	3,797	0,63	0,44	4,000	0,64	0,48	3,930	0,049
Lut733	0,61	0,75	3,714	0,62	0,56	3,000	0,61	0,67	3,393	-0,041
Lut832	0,72	0,33	4,564	0,69	1,00	3,993	0,72	0,62	4,464	-0,033
Lut833	0,65	0,58	5,198	0,48	0,44	4,000	0,60	0,52	4,593	-0,022
Gesamt	0,63	0,58	4,454	0,51	0,53	3,177	0,60	0,56	4,004	0,003

qPCR-Etablierung

Zur Feststellung des besten Amplifikationssystems wurden zunächst drei Primersysteme (LutRT 1-3) für ein ca. 100 Basenpaare langes DNA-Stück in der flankierenden Region des Mikrosatelliten Lut 615 (DALLAS & PIERTNEY 1998) etabliert. Die jeweiligen forward- und reverse-Primer unterscheiden sich bezüglich ihrer Lage im Fischottergenom jeweils nur um wenige Basenpaare. Bei einem direkten Vergleich der Primersysteme anhand von 4 Kotproben und 3 Gewebeproben zeigte sich das System LutRT 2 am wenigsten anfällig für Kreuzamplifikationen mit Fremd-DNA bei effektiver Amplifikation der Zielsequenz. Die Spezifität der Amplifikate wurde dabei anhand elektrophoretischer Auftrennung auf einem 1,8-prozentigen Agarosegel und einer Schmelzkurvenanalyse beurteilt. (Abbildung 16 - Abbildung 21).

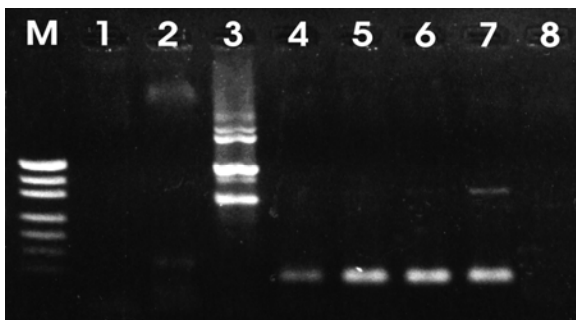


Abbildung 16: Elektrophorese der Produkte von LutRT1: M=Längenmarker; 1-4= DNA aus Kotproben; 5-7= DNA aus Gewebe; 8= Negativkontrolle.

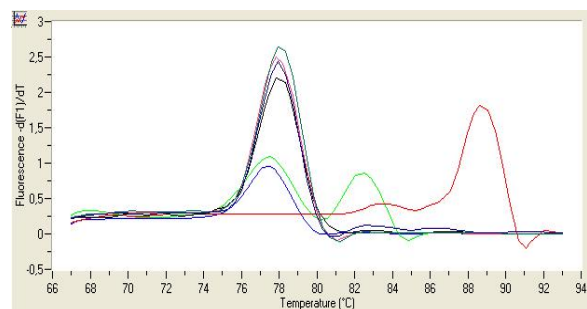


Abbildung 17: Schmelzkurvenanalyse der in Abb. 5 dargestellten PCR-Produkte.

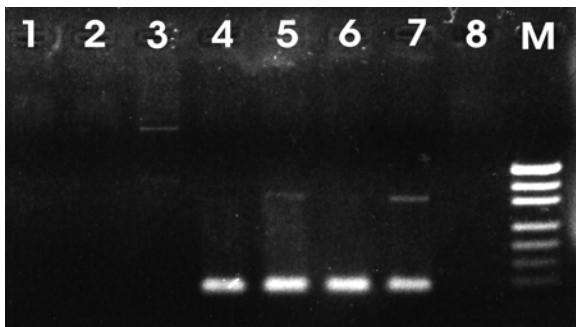


Abbildung 18: Elektrophorese der Produkte von LutRT2: siehe Abb. 5

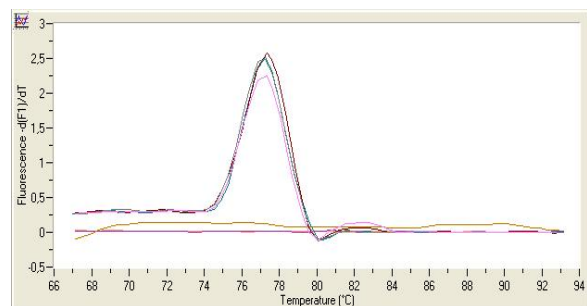


Abbildung 19: Schmelzkurvenanalyse der in Abb. 7 dargestellten PCR-Produkte.

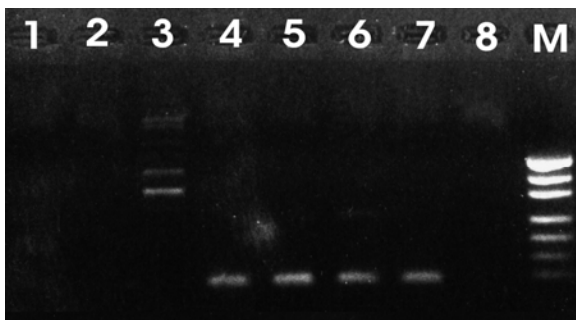


Abbildung 20: Elektrophorese der Produkte von LutRT3: siehe Abb. 5

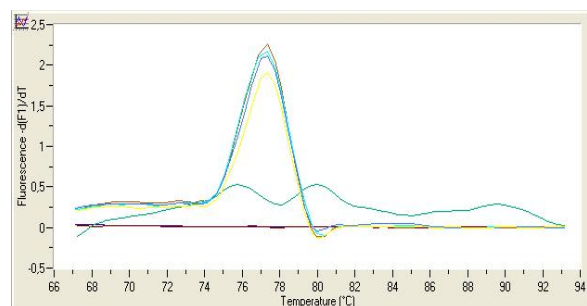


Abbildung 21: Schmelzkurvenanalyse der in Abb. 9 dargestellten PCR-Produkte.



**Wildtier und Mensch im Dreiländereck Bayern/Tschechien/Österreich
am Beispiel des Fischotters**

Ihre Angaben werden vertraulich behandelt und nur anonym ausgewertet.

Wenn Sie an das Verhältnis Wildtier und Mensch im Bereich der Fischerei denken, was fällt Ihnen dazu spontan ein?

Bitte machen Sie ihre Angaben nur für Ihre **Gewässer**, die **im Bayerischen Wald** liegen.

1. Allgemeine Angaben zu den von Ihnen bewirtschafteten Teichen

Zunächst benötigen wir einige Grunddaten über Ihre Teiche.

1.1 Wie viele Teiche bewirtschaften Sie? _____ (Anzahl)

1.2 Welche Fläche haben Ihre Teiche insgesamt? _____ qm

1.3 Die Teiche liegen in folgenden Gemeinden: _____

1.4 Wie viele Ihrer Teiche sind Aufzuchtteiche? _____ (Anzahl)

1.5 Welche Fläche haben Ihre Aufzuchtteiche insgesamt: _____ qm

- 1.6 Die Teichwirtschaft betreibe ich
- im Haupterwerb
 - im Nebenerwerb
 - in der Freizeit

1.7 Welche Fischarten kommen in Ihren Teichen vor?

1.8 Was produzieren Sie in Ihren Teichen?

- Satzische folgender Arten: _____
- Speisefische für den Endverbraucher bzw. den Eigenbedarf folgender Arten:

Abbildung 22: Umfragebogen zur Befragung der Teichwirte.

1.9 Lassen Sie Ihre Teiche über die Wintermonate ab?

- Ja Nein

wenn Ja, wie viele Teiche lassen Sie ab und in welchen Gemeinden liegen diese?

Gemeinde	Anzahl der Teiche

2. Angaben zu Verlusten in ihren Teichen

2.1 Sind in den letzten fünf Jahren Verluste an Ihren Fischbeständen aufgetreten?

- Ja Nein (weiter zu Frage 4, Seite 4)

wenn Ja, - durch wen oder was wurden die Verluste verursacht?

- Fischräuber Fischkrankheiten Wasserqualität

- wie hoch schätzen Sie den jährlichen Schaden insgesamt? _____ €/Jahr

2.2 Hier haben wir einige mögliche Ursachen für Verluste durch Fischräuber an Ihren Fischbeständen aufgeführt.

Bitte geben Sie an, wie viel Prozent der in Frage 2.1 genannten Summe die einzelnen Faktoren ausmachen. Sollte eine hier genannte Tierart bei Ihnen nicht zu Ausfällen geführt haben, vergeben Sie bitte die 0.

Tierart	%	Tierart	%
Fischotter		Graureiher	
Mink		Fischadler	
Iltis		Gänsesäger	
Waschbär		Kormoran	
Marder		Marderhund	

2.3 Gibt es noch andere Faktoren, die in Ihren Fischbeständen zu Verlusten geführt haben?

- Ja, nämlich _____
 Nein

2.4 Woran erkennen Sie, wer der Verursacher eines Schadens ist?

2.5 Welche Fischarten sind in Ihren Teichen besonders betroffen und in welchen Gemeinden liegen diese Bestände?

Gemeinde	Fischart	Größe

Abbildung 22 (Fortsetzung): Umfragebogen zur Befragung der Teichwirte.

2.6 Wurden Schutzmaßnahmen (z. B. elektrische Zäune, Vergrämungsmaßnahmen, etc.) gegen die oben genannten Faktoren von Ihnen vorgenommen?

Ja Nein (weiter zu Frage 3.1)

wenn Ja, wann wurden die Maßnahmen durchgeführt und welchen Erfolg brachten sie?

Gemeinde	Maßnahme	Faktor	Jahr	Erfolg

3. Angaben zu Verlusten durch den Fischotter

3.1 Hat der Fischotter in Ihren Teichen zu Verlusten geführt?

Ja Nein (weiter zu Frage 4)

wenn Ja,

- zu welcher Jahreszeit traten die Verluste hauptsächlich auf?
 Frühjahr Sommer Herbst Winter
- in welchem Jahr haben Sie Fischotterschäden zum ersten Mal bemerkt? _____
- finden Sie, dass die Ausfälle durch Fischotter in den letzten fünf Jahren
 zugenommen haben gleich geblieben sind abgenommen haben
- in welchem Jahr waren die Verluste durch Fischotter am größten? _____
- wie hoch schätzen Sie den durchschnittlichen jährlichen Schaden der letzten 5 Jahre?
 _____ €.
- um welche Schäden handelte es sich dabei?
 Fraßschäden Stressschäden Schäden an Schutzeinrichtung
- welche Fischarten sind bei Ihnen durch den Fischotter besonders betroffen?

Gemeinde	Fischart	Größe

3.2 Haben Sie bereits Schutzmaßnahmen gegen den Fischotter getroffen?

Ja Nein (weiter zu Frage 3.4)

wenn Ja, wann wurden die Maßnahmen durchgeführt und welchen Erfolg brachten sie?

Gemeinde	Maßnahme	Jahr	Träger	Erfolg

Abbildung 22 (Fortsetzung): Umfragebogen zur Befragung der Teichwirte.

3.3 Wurden von Ihnen getroffene Schutzmaßnahmen beantragt und gefördert?

- Ja und zwar _____
 Nein

3.4 Woran haben Sie erkannt, dass der Fischotter den Schaden verursacht hat?

3.5 Wie hoch schätzen Sie die Fischotterpopulation an Ihren Teichen ein? _____ (Anzahl)

4. Zum Abschluss Ihre persönliche Meinung

4.1 Wie schätzen Sie die nachfolgenden Lösungsansätze für den Konflikt Fischotter und Fischerei ein? (bitte für jeden Ansatz ankreuzen)

++ sehr geeignet, + geeignet, - wenig geeignet, -- ungeeignet, 0 weiß nicht

Lösungsansatz	++	+	-	--	0
Dezimierung Otterbestand					
Verhinderung Otterausbreitung					
Lebendfang von Einzeltieren					
Vollständige Bezuschussung Einzäunungen					
Teilweise Bezuschussung Einzäunung					
Vollst. Bezuschussung Besatz Ablenkteiche					
Teilw. Bezuschussung Besatz Ablenkteiche					
Tötungsgenehmigung für Einzeltiere					
Finanzielle Kompensation von Schäden					
Zäunung					
Elektrische Zäunung					
Medikamentöse Regulation Otterpopulation					
Maßnahmen zur Lebensraumverbesserung					

4.2 Was ich im Zusammenhang Wildtier und Mensch im Bereich der Fischerei schon immer loswerden wollte:

Wir danken Ihnen für Ihre Mitarbeit!

Nach der Auswertung der Fragebögen ist geplant, mit einem Teil der Antwortenden noch ein persönliches Interview zum Thema Fischotter und Fischerei zu führen. Wenn Sie sich daran beteiligen möchten, geben Sie uns bitte im Folgenden Ihre Adresse an.

Name, Vorname _____ Straße, Hausnummer _____
 PLZ, Wohnort _____ Telefon _____
 Email _____

Nochmals vielen Dank für Ihre Mühen!
 Ansprechpartner an der Bayerischen Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft (LWF):
 Michael Friedrich, Tel: 08161 / 71 4890; frie@lwf.uni-muenchen.de
 Nina Chlebda, Tel: 08161 / 71 5121

Abbildung 22 (Fortsetzung): Umfragebogen zur Befragung der Teichwirte.



**Wildtier und Mensch im Dreiländereck Bayern/Tschechien/Österreich
am Beispiel des Fischotters**

Wenn Sie an das Verhältnis Wildtier und Mensch im Bereich der Fischerei denken, was fällt Ihnen dazu spontan ein?

Bitte machen Sie ihre Angaben nur für Ihre **Gewässer**, die **im Bayerischen Wald** liegen.

A. Allgemeine Angaben zu Ihrem Verein

Zunächst benötigen wir einige Grunddaten über Ihren Verein.

- 1.1 Welchen Namen trägt Ihr Verein? _____
- 1.2 Wo hat Ihr Verein seinen Sitz? (Wohnort) _____
- 1.3 Wie viele Mitglieder hat Ihr Verein? _____ (Anzahl)
- 1.4 Welche Position haben Sie in Ihrem Verein? _____

B. Fließgewässer des Vereins (im Bayerischen Wald)

Die folgenden Fragen beziehen sich auf die von Ihrem Verein betreuten Fließgewässer im Bayerischen Wald.

1. Allgemeine Angaben zu den vereinseigenen Fließgewässer

- 1.1 Welche Länge haben Ihre Fließgewässer insgesamt? _____ km
- 1.2 Welche Gemeinden durchlaufen Ihre Fließgewässer?

1.3 Welche Fischarten kommen in Ihren Fließgewässern vor?

1.4 Führen Sie in Ihren Fließgewässern Besatzmaßnahmen durch?

- Ja
- Nein (weiter zu Frage 1.5)

wenn Ja, welche Fischarten setzen Sie in welchen zeitlichen Intervallen aus und in welchen Gemeinden findet dies statt?

Fließgewässer/Gemeinde	Fischart	Größe	Stückzahl	Intervall

Abbildung 23: Umfragebogen zur Befragung der Fischerei- und Angelvereine.

1.5 Bestehen Ihrer Ansicht nach Defizite in Bezug auf die ökologische Güte (Chemie, Biologie, Struktur)? Ja, und zwar _____
 Nein

1.6 Wurden entlang Ihrer Fließgewässer Renaturierungsmaßnahmen (z.B. Querverbauungen) durchgeführt? Ja
 Nein (weiter zu Frage 2)

wenn Ja, wann wurden die Maßnahmen durchgeführt und welchen Erfolg brachten sie?

Fließgewässer /Gemeinde	Jahr	Maßnahme	Träger	Erfolg

2. Angaben zu Verlusten in Ihren Fließgewässern im Bayerischen Wald

2.1 Sind in den letzten fünf Jahren Verluste an Ihren Fischbeständen aufgetreten?

- Ja
 Nein (weiter zu Frage C, Seite 3)
 kann ich nicht sagen (weiter zu Frage C, Seite 3)

wenn Ja, durch wen oder was wurden die Verluste verursacht?

- Fischräuber Fischkrankheiten Wasserqualität

2.2 Hier haben wir einige mögliche Ursachen für Verluste durch Fischräuber an Ihren Fischbeständen aufgeführt.

Bilden Sie bitte für Ihre Fließgewässer eine Rangfolge der Schadenverursacher, wobei 1 für die größten Ausfälle steht und 10 für die geringsten Ausfälle. Sollte eine hier genannte Tierart bei Ihnen nicht zu Verlusten geführt haben, vergeben Sie bitte die 0.

Fischotter		Graureiher	
Mink		Fischadler	
Iltis		Gänsesäger	
Waschbär		Kormoran	
Marder		Marderhund	

2.3 Wie hoch schätzen Sie den durchschnittlichen jährlichen Schaden der letzten fünf Jahre?

_____ €

2.4 Woran erkennen Sie, wer der Verursacher eines Schadens ist?

2.5 Welche Fischarten sind bei Ihnen besonders betroffen?

Gemeinde	Fischart	Größe

Abbildung 23 (Fortsetzung): Umfragebogen zur Befragung der Fischerei- und Angelvereine.

2.6 Gibt es noch andere Faktoren, die in Ihren Fischbeständen zu Verlusten geführt haben?

- Ja, nämlich _____
- Nein

3. Angaben zu Verlusten durch den Fischotter

3.1 Hat der Fischotter in Ihren Fließgewässern zu Ausfällen geführt?

- Ja
- Nein (weiter zu Frage C)
- kann ich nicht sagen (weiter zu Frage C)

wenn Ja,

- in welchem Jahr haben Sie Fischotterschäden zum ersten Mal bemerkt? _____
- finden Sie, dass die Ausfälle durch Fischotter in den letzten fünf Jahren
 - zugenommen haben
 - gleich geblieben sind
 - abgenommen haben
- in welchem Jahr waren die Verluste durch Fischotter am größten? _____
- wie hoch schätzen Sie den durchschnittlichen jährlichen Schaden der letzten 5 Jahre? _____ €.
- welche Ihrer Fischbestände (Arten, Altersgruppen) sind durch Fischotter am meisten gefährdet?

- in welchen Gemeinden gab es Verluste durch den Fischotter?

3.2 Woran haben Sie erkannt, dass der Fischotter den Schaden verursacht hat?

C. Teiche des Vereins (im Bayerischen Wald)

Falls Sie keine Teiche bewirtschaften bitte weiter mit Frage D (Seite 6)

Die folgenden Fragen sollen uns helfen einen Überblick über die von Ihrem Verein bewirtschafteten Teiche im Bayerischen Wald zu erhalten.

1. Allgemeine Angabe zu den von Ihnen bewirtschafteten Teichen

- 1.1 Wie viele Teiche bewirtschaftet Ihr Verein? _____ (Anzahl)
- 1.2 Welche Fläche haben die Teiche Ihres Vereines insgesamt? _____ qm
- 1.3 In welchen Gemeinden liegen Ihre Teiche? _____
- 1.4 Wie viele Ihrer Teiche sind Aufzuchtteiche? _____ (Anzahl)
- 1.5 Welche Fläche haben die Aufzuchtteiche insgesamt? _____ qm
- 1.6 Lassen Sie Ihre Teiche über die Wintermonate ab? Ja Nein
wenn Ja, wie viele Teiche lassen Sie ab und in welchen Gemeinden liegen diese?

Gemeinde	Anzahl der Teiche

Abbildung 23 (Fortsetzung): Umfragebogen zur Befragung der Fischerei- und Angelvereine.

1.7 Welche Fischarten kommen in Ihren Teichen vor?

1.8 Führen Sie in Ihren Teichen Besatzmaßnahmen durch?

- Ja
 Nein (weiter zu Frage 2.1)

wenn Ja, welche Fischarten werden in welchen zeitlichen Intervallen eingesetzt und in welchen Gemeinden geschieht dies?

Gemeinde	Fischart	Größe	Stückzahl	Intervall

2. Angaben zu Verlusten an Ihren Teichen

2.1 Sind in den letzten fünf Jahren Verluste an Ihren Fischbeständen aufgetreten?

- Ja Nein (weiter zu Frage D, Seite 6)

wenn Ja, - durch wen oder was wurden die Verluste verursacht?

- Fischräuber Fischkrankheiten Wasserqualität

- wie hoch schätzen Sie den jährlichen Schaden insgesamt? _____ €/Jahr

2.2 Hier haben wir einige mögliche Ursachen für Verluste durch Fischräuber in Ihren Fischbeständen aufgeführt. Bitte geben Sie an wie viel Prozent der in Frage 2.1 genannten Summe die einzelnen Faktoren ausmachen. Sollte eine hier genannte Tierart bei Ihnen nicht zu Ausfällen geführt haben, vergeben Sie bitte die 0.

Tierart	%	Tierart	%
Fischotter		Graureiher	
Mink		Fischadler	
Iltis		Gänsesäger	
Waschbär		Kormoran	
Marder		Marderhund	

2.3 Gibt es noch andere Faktoren, die in Ihren Fischbeständen zu Verlusten geführt haben?

- Ja, nämlich _____
 Nein

2.4 Woran erkennen Sie, wer der Verursacher eines Schadens ist?

2.5 Welche Fischarten sind in Ihren Teichen besonders betroffen und in welchen Gemeinden liegen diese Teiche?

Gemeinde	Fischart	Größe

Abbildung 23 (Fortsetzung): Umfragebogen zur Befragung der Fischerei- und Angelvereine.

2.6 Wurden Schutzmaßnahmen (z. B. elektrische Zäune, Vergrämungsmaßnahmen, etc.) gegen die oben genannten Faktoren von Ihrem Verein vorgenommen?

Ja Nein (weiter zu Frage 3.1)

wenn Ja, wann wurden die Maßnahmen durchgeführt und welchen Erfolg brachten sie?

Gemeinde	Maßnahme	Faktor	Jahr	Erfolg

3. Angaben zu Verlusten durch den Fischotter

3.1 Hat der Fischotter in Ihren Teichen zu Verlusten geführt?

Ja Nein (weiter zu Frage D)

wenn Ja,

- zu welcher Jahreszeit traten die Verluste hauptsächlich auf?
 Frühjahr Sommer Herbst Winter
- in welchem Jahr haben Sie Fischotterschäden zum ersten Mal bemerkt? _____
- finden Sie, dass die Ausfälle durch Fischotter in den letzten fünf Jahren
 zugenommen haben gleich geblieben sind abgenommen haben
- in welchem Jahr waren die Verluste durch Fischotter am größten? _____
- wie hoch schätzen Sie den durchschnittlichen jährlichen Schaden der letzten 5 Jahre?
 _____ €.
- um welche Schäden handelte es sich dabei?
 Fraßschäden Stressschäden Schäden an Schutzeinrichtungen
- welche Fischarten sind bei Ihnen durch den Fischotter besonders betroffen?

Gemeinde	Fischart	Größe

3.2 Haben Sie bereits Schutzmaßnahmen gegen den Fischotter getroffen?

Ja Nein (weiter zu Frage 3.4)

wenn Ja, wann wurden die Maßnahmen durchgeführt und welchen Erfolg brachten sie?

Gemeinde	Maßnahme	Jahr	Träger	Erfolg

Abbildung 23 (Fortsetzung): Umfragebogen zur Befragung der Fischerei- und Angelvereine.

3.3 Wurden von Ihnen getroffene Schutzmaßnahmen beantragt und gefördert?

- Ja und zwar _____
 Nein

3.4 Woran haben Sie erkannt, dass der Fischotter den Schaden verursacht hat?

3.5 Wie hoch schätzen Sie die Fischotterpopulation an Ihren Teichen ein? _____ (Anzahl)

D. Zum Abschluss Ihre persönliche Meinung

1. Wie schätzen Sie die nachfolgenden Lösungsansätze in dem Konflikt Fischotter und Fischerei ein? (bitte für jeden Ansatz ankreuzen)

++ sehr geeignet, + geeignet, - wenig geeignet, - - ungeeignet, 0 weiß nicht

Lösungsansatz	++	+	-	- -	0
Dezimierung Otterbestand					
Verhinderung Otterausbreitung					
Lebendfang von Einzeltieren					
Vollständige Bezuschussung Einzäunungen					
Teilweise Bezuschussung Einzäunung					
Vollst. Bezuschussung Besatz Ablenkteiche					
Teilw. Bezuschussung Besatz Ablenkteiche					
Tötungsgenehmigung für Einzeltiere					
Finanzielle Kompensation von Schäden					
Zäunung					
Elektrische Zäunung					
Medikamentöse Regulation Otterpopulation					
Maßnahmen zur Lebensraumverbesserung					

2. Was ich im Zusammenhang Wildtier und Mensch im Bereich der Fischerei schon immer loswerden wollte:

Wir danken Ihnen für Ihre Mitarbeit!

Nach der Auswertung der Fragebögen ist geplant, mit einem Teil der Antwortenden noch ein persönliches Interview zum Thema Fischotter und Fischerei zu führen. Wenn Sie sich daran beteiligen möchten, geben Sie uns bitte im Folgenden Ihre Adresse an.

Name, Vorname _____ Straße, Hausnummer _____
 PLZ, Wohnort _____ Telefon _____
 Email _____

Nochmals vielen Dank für Ihre Mühen!
 Ansprechpartner an der Bayerischen Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft (LWF):
 Michael Friedrich, Tel: 08161 / 71 4890; frie@lwf.uni-muenchen.de
 Nina Chlebda, Tel: 08161 / 71 5121

Abbildung 23 (Fortsetzung): Umfragebogen zur Befragung der Fischerei- und Angelvereine.