Bayerische Landesanstalt
für Wald und Forstwirtschaft

JA 11

Abschlussbericht 07/2012

Fischotter- und Schadens-monitoring in Ostbayern

BAYERISCHE FORSTVERWALTUNG

Foto: P. Aschenbrenner

ZENTRUM WALD FORST HOLZ
WEIHENSTEPHAN

Projektleitung

Roland Schreiber, FD
Bayerische Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft
Tel.: 08161-71 5123
E-Mail: Roland.Schreiber@lwf.bayern.de
Winfried Drexler, Ltd. FD
Bayerische Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft
Tel.: 08161-71 4942
E-Mail: Winfried.Drexler@lwf.bayern.de
Prof. Dr. Ralph Kühn
Technische Universität München
AG Molekulare Zoologie / Lehrstuhl für Zoologie
Hans-Carl-von-Carlowitz-Platz 2
85354 Freising
Tel.: 08161-71 4608
E-Mail: Ralph.Kuehn@wzw.tum.de Tel.: 08161-71 5123

Projektbearbeitung

Probennahme, Genetik, Koordination
Helmut Bayerl, Dipl. Biologe
Technische Universität München
AG Molekulare Zoologie / Lehrstuhl für Zoologie
Hans-Carl-von-Carlowitz-Platz 2
85354 Freising
Tel.: 08161-71 4604
E-Mail: bayerl@wzw.tum.de

Probennahme, Koordination
Michael Friedrich, FOR
Bayerische Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft
Tel.: 08161-71 4890
E-Mail: Michael.Friedrich@lwf.bayern.de

Herausgeber

Bayerische Landesanstalt
für Wald und Forstwirtschaft
Hans-Carl-von-Carlowitz-Platz 1
85354 Freising

Titelbild: Fischotter im fischereilichen Lehr- und Beispielsbetrieb Lindbergmühle

Freising, Juli 2012

Dieses Projekt wurde aus Mitteln
der Fischereiabgabe finanziert

Inhaltsverzeichnis

1 Einleitung 5

2 Zielsetzung 6

3 Charakterisierung der Untersuchungsgebiete 7

4 Verbreitungskartierung 8

4.1 Methodik 8

4.1.1 Extensive Suche – zur Feststellung der Verbreitung 8

4.1.2 Intensive Suche – als Grundlage zur Populationsschätzung 10

4.2 Ergebnisse 11

5 Genetische Untersuchungen 14

5.1 Grundlagen 14

5.2 Genetische Identifikation von Fischotter-Individuen 15

5.2.1 Artbestimmung 15

5.2.2 Individuenbestimmung 17

5.2.3 Geschlechtsbestimmung 20

5.3 Populationsstruktur beim Fischotter 22

5.3.1 Grundlagen der Populationsstruktur 22

5.3.2 Populationsstruktur in Niederbayern 23

5.4 Raum-Zeit-Verhalten des Fischotters 26

5.5 Fischotterzahlen in Niederbayern 29

6 Habitatkarte – Gewässerkarte Niederbayerns 30

7 Nahrungsuntersuchung 34

7.1 Nahrungsspektrum in Niederbayern 34

7.2 Nahrungsspektrum in Oberfranken und der Oberpfalz 37

7.3 Größe der Beutetiere 38

8 Schäden 40

8.1 Schäden in Niederbayern 40

8.2 Schäden in der Oberpfalz und Oberfranken 40

9 Diskussion 42

9.1 Verbreitungskartierung und genetisches Monitoring 42

9.2 Habitatkarte 43

9.3 Nahrungsuntersuchung 44

9.4 Schäden durch den Fischotter 45

10 Zusammenfassung 47

11 Literatur 49

12 Anhang 51

1 Einleitung

Die aktuelle Verbreitung des Fischotters in Bayern umfasst die östlichen, grenznahen Regionen Bayerns mit einem Schwerpunkt im Bereich des Bayerischen Waldes. Dort, sowie vor allem im angrenzenden Tschechien und in Österreich, hielten sich Reste der ursprünglichen Population. Im Zuge des inzwischen europaweiten Schutzes des Fischotters, lebensraumverbessernder Maßnahmen in den einzelnen Ländern, aber auch eines Wiederansiedlungsprogramms in der Tschechischen Republik von 1990 - 2003 (HLAVÁČ & TOMAN 1993) breiten sich die Tiere nun wieder aus. Durch das Wiederansiedlungsprogramm wurde die einstige Lücke zwischen den zwei isolierten Populationen in Tschechien und der Slowakei wieder geschlossen (HÁJKOVA et al. 2007). Die Ausbreitung erfolgt sowohl nach Osten, als auch nach Westen, wobei das gesamte Gebiet entlang der Grenze als Ausbreitungsfront der größeren böhmischen-österreichischen Population angesehen werden kann (siehe **Abbildung 2**).

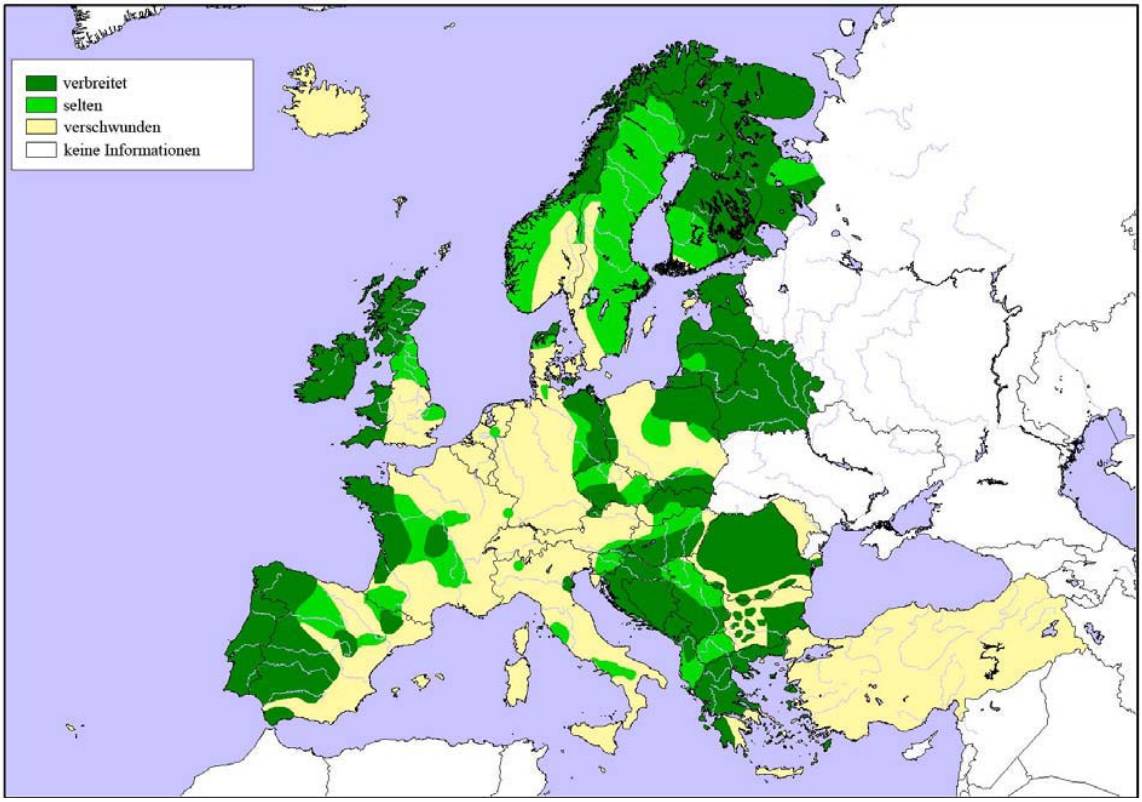


Abbildung 1: Aktuelle Verbreitung des Fischotters in Europa. (KORA)

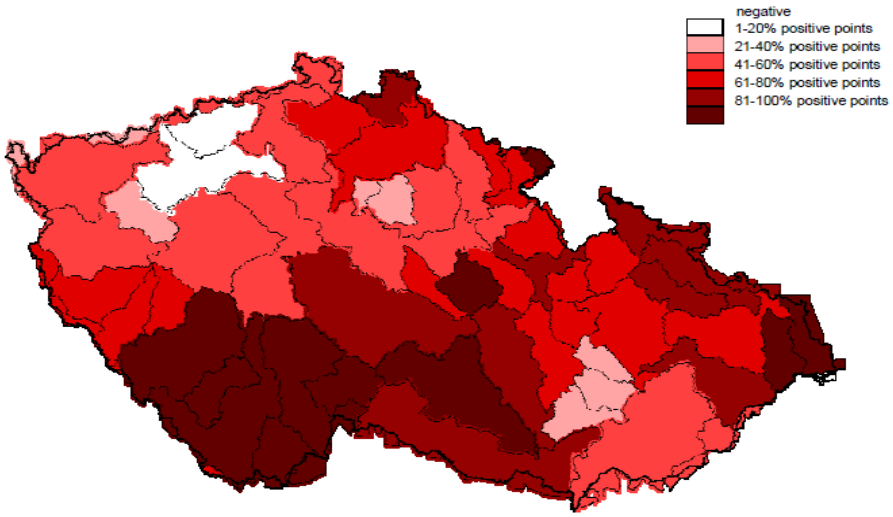


Abbildung 2: Nachweise des Fischotters in Tschechien im Jahr 2006 (aus Polednik et al. 2007).

Die Ausbreitung des Fischotters in seit langem nicht besiedelte Gebiete Ostbayerns ist aus Sicht des Natur- und Artenschutzes erfreulich. In unserer intensiv genutzten Kulturlandschaft kommt es bei zunehmender Ausbreitung des Fischotters unweigerlich zu Konflikten. Zunehmende Fischotterbestände und deren räumliche Ausbreitung stellen vor allem Teichwirte und Angler vor große Herausforderungen, um ein ausgewogenes Miteinander zu ermöglichen. Aber auch hinsichtlich des Fischartenschutzes ist es erforderlich interessensübergreifende Lösungsansätze zu entwickeln.

Durch ein entsprechendes Monitoring und Management sollen die Grundlagen für eine sachliche Auseinandersetzung mit dem Ziel eines konfliktfreien Nebeneinanders von Mensch und Fischotter gelegt werden. Der Fischottermanagementplan für Bayern wird derzeit erstellt, das Monitoring soll in diesem Projekt dargestellt werden.

2 Zielsetzung

Das Projekt gliedert sich in drei Teilbereiche. Ein Schwerpunkt lag auf der Charakterisierung der bayerischen Fischotterpopulation im Kerngebiet (und im Randbereich) ihrer Verbreitung in Bezug auf Populationsdichte und Ausbreitung. Um einen detaillierteren Einblick in die Ökologie des Fischotters zu erhalten, wurden darüber hinaus das tatsächlich genutzte Nahrungsspektrum durch Kotanalysen ermittelt und Habitatanalysen durchgeführt. Der dritte Themenkomplex, ist die Evaluierung fischereiwirtschaftlicher Schäden durch den Fischotter und deren Entwicklung sowie die Erfassung der fischereilichen Bewirtschaftungsmaßnahmen.

3 Charakterisierung der Untersuchungsgebiete

Das Monitoring wurde vornehmlich im Bereich Niederbayern durchgeführt, wobei das Hauptaugenmerk auf dem Bereich nördlich der Donau lag. Dort breitete sich der Fischotter im letzten Jahrzehnt verstärkt aus. Dieser Bereich wird überwiegend der Forellenregion zugerechnet und ist gut mit Teichen, vor allem kleineren Teichen, ausgestattet. Diese Teiche werden vorwiegend im Nebenerwerb oder für den Eigenbedarf bewirtschaftet. Wie der Gewässerkarte (Abbildung 3) zu entnehmen ist, wird dieser Bereich intensiv von Fließgewässern durchzogen.

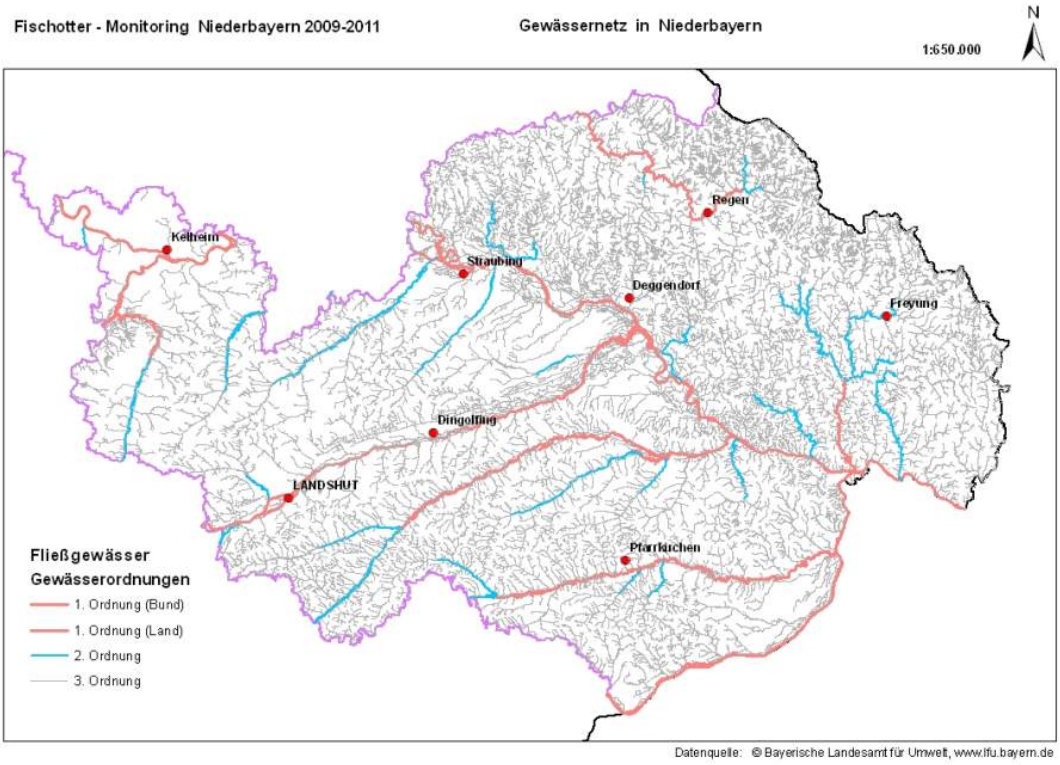


Abbildung 3: Das Fließgewässernetz in Niederbayern.

In letzter Zeit kam es südlich der Donau ebenfalls zu Meldungen über das Auftreten des Fischotters, so dass dieses Gebiet punktuell in das Monitoring einbezogen wurde.

Um Aussagen auch für andere Bereiche Ostbayerns zu erhalten, wurde darüber hinaus je ein Gebiet bei Pfreimd in der Oberpfalz, mit den Flüssen Naab und Pfreimd, und bei Marktleuthen in Oberfranken, mit der Eger als Hauptfluss, ausgewählt. In beiden Gebieten überwiegen Karpfenteiche.

4 Verbreitungskartierung

4.1 Methodik

Die Grundlage der systematischen Erhebung ist ein mit der IUCN-Norm kompatibles UTM-Gitternetz mit einer Kantenlänge von 10 x 10 Kilometern, das über ganz Bayern gelegt wird und auch auf neueren Topografischen Karten abgebildet ist. Innerhalb der einzelnen Rasterflächen wurde das Vorkommen des Fischotters mittels zweier unterschiedlicher Suchmethoden erfasst: extensive Suche (vgl. Kap. 4.1.1) sowie intensive Suche (vgl. Kap.4.1.2). Die intensive Suche lieferte gleichzeitig die notwendigen Grundlagen für eine Schätzung der Populationsdichte.

4.1.1 Extensive Suche – zur Feststellung der Verbreitung

Innerhalb der Untersuchungsgebiete wird jede 10x10 km Rasterfläche in vier Quadranten zu je 5x5 km Kantenlänge unterteilt. Je Quadrant wird dann auf Basis der Kartengrundlage ein geeignet erscheinender Punkt, in der Regel eine Brücke, als Kontrollpunkt vorgegeben. Jeder Kontrollpunkt erhält eine eindeutige Nummeration, z.B. 90-4.

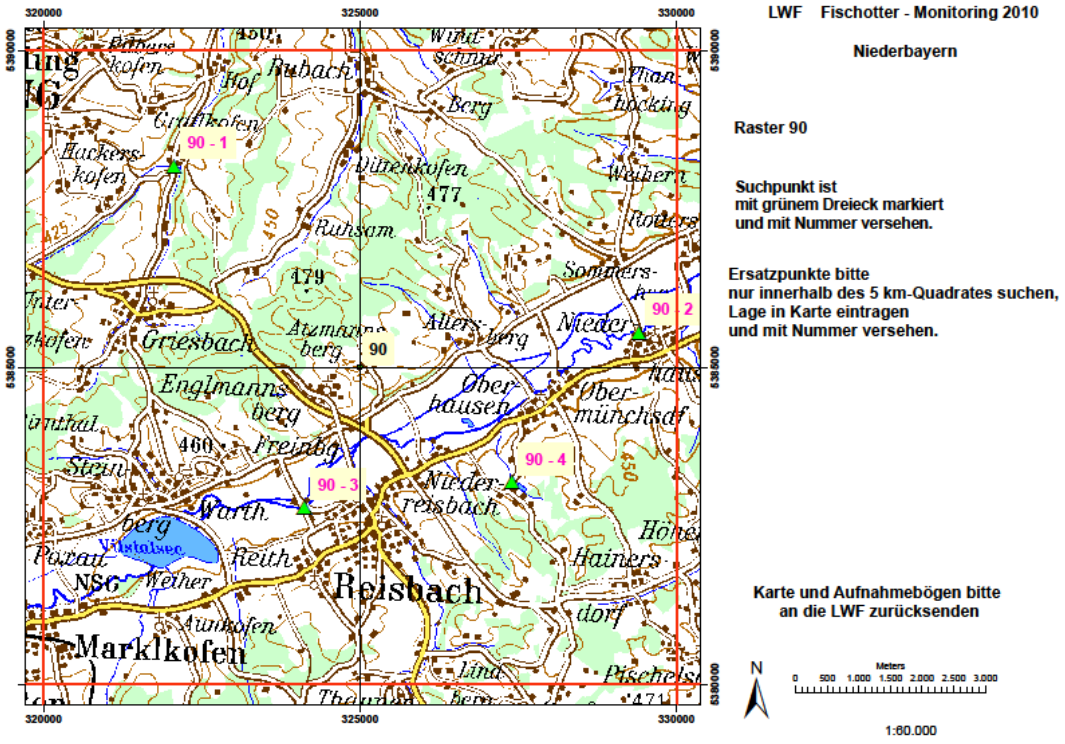


Abbildung 4: Beispielkarte einer Rasterfläche mit vier Quadranten und den vorgegebenen Kontrollpunkten.

Die normalerweise angewandte IUCN Methode der Verbreitungskartierung sieht die Suche nur an diesem Ort im Quadranten vor, mit einer Suchstrecke von 600 Metern auf einer Uferseite.

Die abzusuchende Uferseite legt der Kartierer zu Beginn fest. Es wird dann nur der Nachweis auf dieser Uferseite gewertet, ein möglicher Nachweis auf der anderen Uferseite bleibt unberücksichtigt. Durch Wiederholung dieses Vorgehens auf großer Fläche und über mehrere Jahre erhält man langfristig eine Aussage über das Vorkommen sowie Ausbreitungs- oder Rückzugstendenzen des Fischotters.

Da beim vorliegenden Projekt die Anwesenheit von Fischottern an einem Gewässer in Vordergrund stand, unabhängig auf welcher Seite er nachweisbar ist, wurde bei der Suche nach Fischotter-Nachweisen von der IUCN Methode abgewichen (s.o.) und stattdessen folgendes Vorgehen gewählt: Der Kartierer sucht den vorgegebenen Kontrollpunkt auf, überprüft vor Ort, ob es Markierungsmöglichkeiten für den Fischotter gibt (dann ist dies ein geeigneter Punkt) und ob ein Fischotter-Nachweis (Losung, Trittsiegel) vorhanden ist. Die Suche beginnt er unter bzw. ab der Brücke und sucht dann auf einer Länge von max. ca. 200 Metern, soweit möglich auf beiden Uferseiten, nach Nachweisen. Wird bereits vor Erreichen der 200 Meter-Grenze ein Nachweis gefunden, ist die Suche für diesen Suchpunkt beendet. Die Suchstrecke von 200 Metern wurde aus der Erfahrung heraus gewählt, dass vorhandene Nachweise i.d.R. innerhalb dieses Bereiches gefunden werden können. Weiter entfernt vorkommende Nachweise sind hingegen in bewachsenen Uferbereichen nur schwer zu finden, zudem erhöht eine längere Suchstrecke den Zeitaufwand je Probenpunkt.

Ist der am „grünen Tisch“ festgelegte Suchpunkt ungeeignet oder trotz Eignung kein Nachweis zu finden, sucht der Kartierer im Quadrant eigenständig an bis zu zwei weiteren, ihm geeignet erscheinenden Punkten nach Fischotter-Nachweisen. Sind alle drei Punkte ohne Nachweis, so ist davon auszugehen, dass dieser Quadrant derzeit nicht zum Streifgebiet eines Fischotters gehört. Für die übrigen drei Quadranten verfährt der Kartierer ebenso.

Für jeden der aufgesuchten Punkte fertigt der Kartierer eine kurze Beschreibung an, beurteilt die Eignung und vermerkt, ob er einen Nachweis für den Fischotter gefunden hat.

Evtl. vorgefundene frische Ausscheidungen (Kot und/oder Analdrüsensekret (ADS)) werden in Röhrchen mit Konservierungsflüssigkeit gesammelt und zur DNA-Untersuchung ins Labor weitergeleitet.

Die Bezugseinheit für die Darstellung der Verbreitung des Fischotters stellen die 10x10 km Rasterflächen dar, wobei eine Rasterfläche als besiedelt gilt, wenn bereits in einem der vier Quadranten ein Fischotter-Nachweis vorliegt. Dieses Vorgehen ist berechtigt, da das Streifgebiet eines Fischotters je nach Nahrungsangebot bis zu 30 Kilometer betragen kann.

Extensives Monitoring in Niederbayern nördlich der Donau:
Für das Monitoring wurde der Bereich mit dem oben erwähnten Raster überzogen und die Rasterflächen durchnummeriert. Dadurch ergab sich folgendes Bild (Abbildung 5):

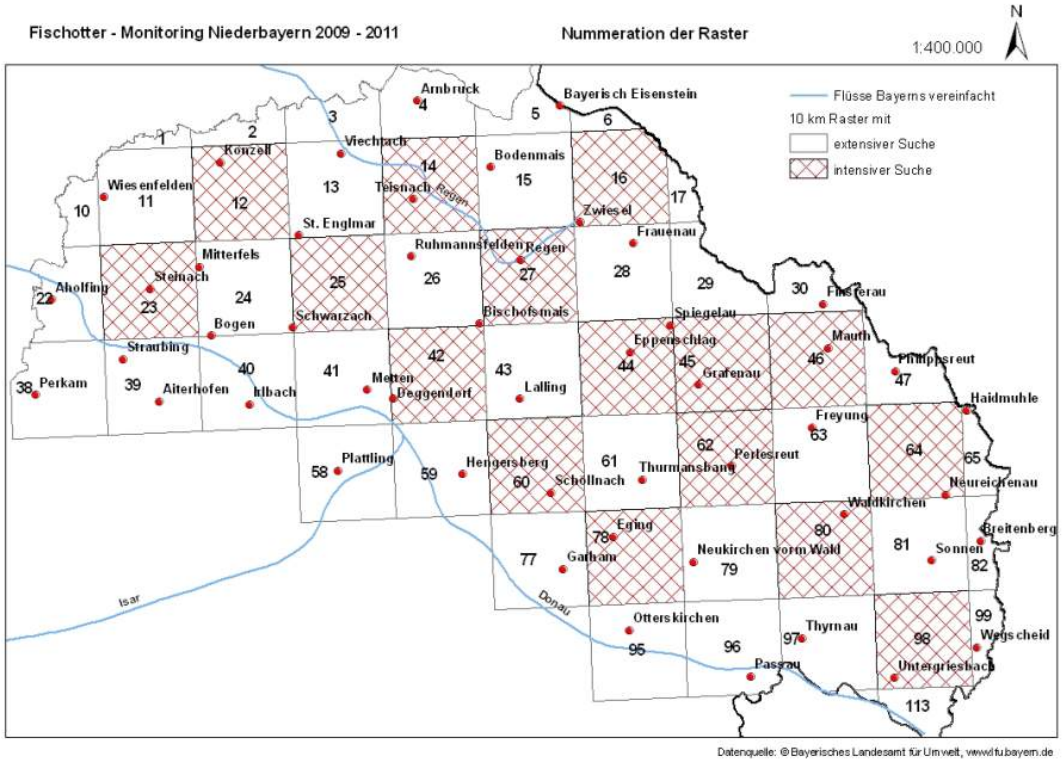


Abbildung 5: Lage der Raster in Niederbayern nördlich der Donau mit extensiver bzw. intensiver Suche und deren Nummeration .

Alle Rasterflächen mit extensiver Suche wurden nach der oben beschriebenen Methode in den Monaten März/April 2010 und 2011 abgesucht. In grenzübergreifenden Rastern wurde nur der zum Untersuchungsgebiet gehörende Teil kontrolliert.

Extensives Monitoring in Niederbayern südlich der Donau:
Für den Bereich Niederbayern südlich der Donau wurde das oben erwähnte Raster ebenfalls angelegt. Das Monitoring wurde interessierten Fischereivereinen bei einer Schulung durch die LWF vorgestellt und Nachweise wie Spuren oder Kot sowohl im Saal als auch in Natura gezeigt. Die Vereine erhielten die nötigen Unterlagen für den Bereich, den sie absuchen wollten und suchten dort im Frühjahr 2010 nach dem oben beschriebenen Verfahren, ohne jedoch Kot oder Sekret einzusammeln.

4.1.2 Intensive Suche – als Grundlage zur Populationsschätzung

Um für das Gebiet Niederbayern nördlich der Donau zusätzlich zur Erfassung der Verbreitung auch eine Aussage über die Anzahl der in den Rastern vorkommenden Fischotter treffen zu können, wurde in 16 Rastern eine intensive Suche durchgeführt. Diese wurden durch Vertreter des LFV Bayern e.V. und des Fischereiverbandes Niederbayern e.V. ausgewählt. Die Rasterflächen liegen schachbrettartig verteilt, um das Vorkommen des Otters möglichst systematisch zu erfassen (Abbildung 5). Im Nordosten des Gebiets wurde in einem Fall von der schachbrettarti-

gen Verteilung abgewichen, da sich weite Bereiche der Rasterfläche 29 auf tschechischer Seite befinden.

In den ausgewählten Rasterflächen wurde eine intensive Suche nach folgendem Schema durchgeführt:

- es wurden alle Brücken und z. T. weitere markante Stellen an den Gewässern der Rasterfläche aufgesucht,
- überprüft, ob es innerhalb des Suchbereiches von 200 Metern Markierungsmöglichkeiten für den Fischotter gibt (geeigneter Punkt), bei Teichen etc. entlang der gesamten Uferstrecke,
- diese geeigneten Punkte über einen Zeitraum von 5 Tagen täglich kontrolliert und
- die vorgefundenen, frischen Kotproben oder Analdrüsensekrete, die somit max. 24 Stunden alt waren, eingesammelt und zur DNA-Analyse weitergeleitet. Die Kotproben wurden so markiert, dass sie eindeutig zuordenbar waren.
- Für alle aufgesuchten Punkte wurde eine kurze Beschreibung angefertigt, beurteilt ob der Punkt geeignet ist und vermerkt ob es einen Nachweis für den Fischotter gab.

Die intensive Suche wurde vorwiegend in den Monaten Februar bis April der Jahre 2010 und 2011 von den Projektmitarbeitern durchgeführt. In zwei Rastern musste die Suche wegen starken Niederschlages für ca. 1,5 Wochen unterbrochen werden.

Die Auswahl der 10 x 10 km Probeflächen für die Oberpfalz und Oberfrankens erfolgte an Hand der Nachweise bei der Artenschutzkartierung des LfU.

Für die Oberpfalz wurde eine Rasterfläche bei Pfreimd ausgewählt. Die größten Fließgewässer in diesem Raster sind der Regen und die Pfreimd.

Für Oberfranken wurde eine Rasterfläche bei Marktleuthen/Röslau ausgewählt. Das wichtigste Fließgewässer dort ist die Eger, die nach Tschechien fließt und somit eine ideale Verbindung zur dortigen Population darstellt.

Beide Rasterflächen wurden im September 2011 nach demselben Muster wie in Niederbayern auf Nachweise abgesucht.

4.2 Ergebnisse

Bei der extensiven Suche nördlich der Donau zeigte sich, dass i.d.R. 80% der am PC ausgewählten Punkte auch geeignet waren, dort jedoch nicht unbedingt auch der Otter nachgewiesen werden konnte. Insgesamt waren rd. 10% der 5x5 km Quadranten ohne Nachweis.

Südlich der Donau zeigte sich ein anderes Bild. Hier waren nach Angaben der Vereine die vorgegebenen Suchpunkte größtenteils nicht geeignet. Lediglich zwei Vereine meldeten Nachweise des Fischotters an die LWF. Diese Fundstellen bestätigten frühere Funde, die bereits in der Datenbank der Artenschutzkartierung des LfU enthalten waren.

Die Rasterflächen in denen intensiv gesucht wurde zeigten zum Suchzeitpunkt ganz unterschiedliche Ergebnisse, was die Anzahl und Verteilung der gefundenen Kotproben angeht. Dies ließ schon während der Außenaufnahmen darauf schließen, dass vermutlich unterschiedlich viele Otter je untersuchtem Raster anwesend waren (näheres siehe Kapitel 5 – Genetisches Monitoring).

Bei der intensiven Suche wurden in Niederbayern im Mittel aller intensiv beprobten Raster 55 Brücken im 10x10 km Raster auf ihre Eignung als Suchpunkt überprüft. 35% dieser Brücken erwiesen sich als ungeeignet für das Monitoring. Und an den als geeignet angesprochenen Suchpunkten konnte während des Zeitraums an 60% auch Kot gefunden werden. Dabei kam es auch vor, dass Fischotter geeignete Brücken passierten ohne Kot abzusetzen, was nach Neuschnee festgestellt werden konnte.

Die Suche an stehenden Gewässern erwies sich als schwierig und zeitaufwändig. Zum einen erschwerte dichter Strauch- und Baumbewuchs entlang des Ufers eine effektive Suche, zum anderen waren z.T. lange Strecken zurückzulegen um an geeignete Markierungsorte zu gelangen, so sie denn vorhanden waren. Im Grasbereich abgelegter Kot ist auf Grund seiner Größe und Färbung zudem äußerst schwer zu finden. Stehende Gewässer wurden deswegen soweit zeitlich möglich mit in die tägliche Suche einbezogen, Brücken an Fließgewässern jedoch bevorzugt.

Frischer Kot und Sekret konnte in Niederbayern nördlich der Donau nahezu an allen Tagen in den jeweiligen Rasterflächen gefunden werden.

Für die Oberpfalz und Oberfranken ergab sich bei der intensiven Suche ein anderes Bild:

Raster Pfreimd:
Während der Suchperiode konnte während der gesamten Zeit kein frischer Kot der letzten Nacht gesammelt werden. Es wurde jedoch an der Pfreimd und am Regen, nördlich von Pfreimd, einzelner Kot von Fischotter und Mink gefunden. Bei einer späteren Kontrolle war wiederum nur einzelner Kot zu finden. Dies weist darauf hin, dass in diesem Bereich der Fischotter vorkommt, es sich jedoch um einen Randbereich handeln dürfte, der nur ab und zu besucht wird.

Raster Marktleuthen/Röslau:
Während der Suchperiode wurde an mehreren Stellen alter Fischotterkot gefunden. Am vorletzten Tag konnte dann entlang der Eger von Schwarzenhammer bis Fichtenhammer an mehreren Stellen frischer Fischotterkot gefunden werden. Am darauf folgenden, letzten Suchtag war kein frischer Kot mehr zu finden. Dies deutet ebenfalls darauf hin, dass auch in diesem Bereich der Fischotter zwar vorkommt, aber bei weitem nicht in der Dichte, wie in Niederbayern nördlich der Donau.

Aus der Häufigkeit des Findens von frischem Kot während der Suchperiode können folgende Aussagen abgeleitet werden:

Niederbayern nördlich der Donau kann bis auf etwa drei Raster im Westen flächendeckend als mit Fischotter besiedelt gelten (Abbildung 6). In welcher Dichte er hier vorkommt wurde mittels DNA-Analysen ermittelt (siehe Kapitel 5).

Auch in den beiden Rasterflächen bei Pfreimd (Oberpfalz) und Marktleuthen (Oberfranken) kommt der Fischotter vor, hier jedoch in wesentlich geringerer Dichte als in Niederbayern, nördlich der Donau. Auf Grund der Häufigkeit der Kotfunde beim Monitoring dürfte es sich hier um Randbereiche der Population handeln.

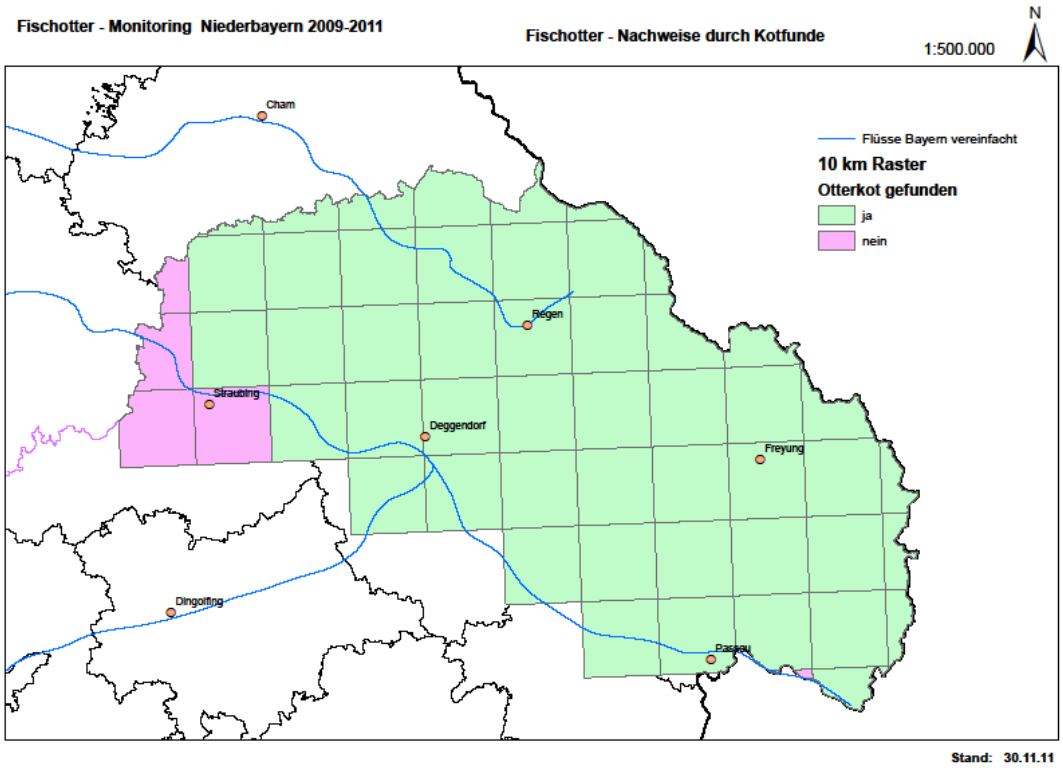


Abbildung 6: Fischotter–Nachweise durch Kotfunde in Niederbayern nördlich der Donau.

5 Genetische Untersuchungen

5.1 Grundlagen

Die heimliche Lebensweise des Eurasischen Fischotters, dessen Hauptaktivitätsphase in die Dämmerungs- und Nachtstunden fällt, und die optische Ähnlichkeit der Individuen machen es schwierig, eine Bestandsschätzung mit klassischen feldökologischen Methoden durchzuführen. Daher wurden bereits in einem vorangegangenen Projekt (BAYERL et al. 2008) die Methoden für ein genetisches Monitoring bis zur Praxisreife entwickelt, um einzelne Fischotter anhand ihres genetischen Fingerabdrucks identifizieren zu können. Hierfür wurden Mikrosatelliten als genetische Marker benutzt. Dies sind kurze, repetitive, nicht kodierende DNA-Sequenzen, deren Länge von Individuum zu Individuum variieren kann. Die verschiedenen Ausprägungen der Sequenzlänge werden als Allele bezeichnet und werden durch die Anzahl an Basenpaaren (bp), die sie auf einem DNA-Strang einnehmen, angegeben. Hat ein Tier an einem Genort (=Locus) von beiden Elterntieren dasselbe Allel geerbt, ist es an diesem Locus homozygot (z.B. 120bp mütterlich / 120bp väterlich vererbt). Hat ein Tier zwei verschiedene Allele geerbt, so ist es an diesem Locus heterozygot (z.B. 120bp mütterlich / 126bp väterlich vererbt). Der genetische Fingerabdruck eines Individuums setzt sich aus den Allellängen mehrerer Mikrosatelliten zusammen, deren Bestimmung auch Genotypisierung genannt wird. Die Gesamtheit der Allelzustände eines Individuums wird auch als der Genotyp der untersuchten Mikrosatelliten zusammengefasst.

Hauptziel der genetischen Untersuchungen war die Bestandsschätzung der niederbayerischen Fischotterpopulation. Neben der Erstellung von Mikrosatellitenprofilen wurde von den analysierten Proben auch eine genetische Art- und Geschlechtsbestimmung durchgeführt. Zusätzlich wurde anhand der Mikrosatellitenprofile die genetische Populationsstruktur der niederbayerischen Fischotterpopulation betrachtet.

Als DNA-Quelle für die Bestandsschätzung in Niederbayern wurde frischer Kot und Analdrüsensekrete (ADS) der Fischotter verwendet. Jeder einzelne Fund wurde in ein separates Röhrchen mit Konservierungsflüssigkeit gegeben, die den weiteren Abbau der DNA verhindern sollte. Der Vorteil dieses Probenmaterials liegt darin, dass es leicht aufgesammelt werden kann, in großer Menge verfügbar ist und ein kompliziertes Beobachten oder Einfangen der scheuen Tiere überflüssig macht. Die besondere Herausforderung dieses noninvasiv gewonnenen Probenmaterials besteht jedoch in der oft schlechten Qualität und der geringen Menge an DNA, die daraus isoliert werden kann. Aus diesem Grund muss die Richtigkeit der Genotypisierungsergebnisse durch mehrmalige Wiederholung der Analysen geprüft werden und Proben mit zu geringer DNA-Menge oder fehlerbehafteten Ergebnissen müssen verworfen werden. Die verifizierten Mikrosatellitenprofile ermöglichten es, die Losungen, von denen sie erstellt wurden, einzelnen Fischottern zuzuordnen und so die Mindestanzahl an Tieren, die während der Probensammlung auf einer Fläche anwesend waren, zu bestimmen.

5.2 Genetische Identifikation von Fischotter-Individuen

5.2.1 Artbestimmung

Für die DNA-Extraktion aus Kot oder Analdrüsensekret wurde die Konservierungsflüssigkeit von jeder Probe abgetrennt und ca. 200 – 400 mg der Probe eingewogen. Bei Losungen von mehr als 400 mg Gesamtgewicht wurde von verschiedenen Stellen der Probe Material entnommen, da die enthaltenen Darmzellen in der Losung oft inhomogen verteilt sind (MURPHY et al. 2007). Die DNA-Extraktion erfolgte gemäß Herstellerangaben mit speziellen Extraktions-Kits der Firma Qiagen oder Analytik Jena, die für Stuhlproben optimiert sind.

Aufgrund des sehr variablen Aussehens von Fischotterlosungen wurde nach der DNA-Extraktion zunächst von jeder Probe eine Artbestimmung durchgeführt, um auszuschließen, dass die gesammelten Losungen mit denen anderer Tierarten verwechselt worden waren. Zudem waren zur Kontrolle einzelne Proben gesammelt worden, die eher Fischotter-untypisch aussahen, aber an klassischen Fundpunkten, wie unter Brücken, aufgefunden wurden. Die genetische Artbestimmung ermöglichte es, Losungen des Eurasischen Fischotters (Lutra lutra) und des Kanadischen Fischotters (Lontra canadensis) sowie des Amerikanischen Nerzes / Minks (Neovison vison) direkt und alle weiteren Tierarten indirekt nachzuweisen. Dadurch wurde gewährleistet, dass alle weiteren Analysen nur mit Proben des Eurasischen Fischotters durchgeführt wurden. Die Methode der Artbestimmung beruhte auf der Erfassung von artspezifischen Unterschieden der DNA-Sequenz (Mutationen) des Cytochrom b Gens. Hierfür wurden in der Gendatenbank des, National Center For Biotechnology Information' (NCBI) die DNA-Sequenzen der drei genannten Arten verglichen und geeignete Mutationen für die Analyse ausgewählt. Die Detektion der verschiedenen Sequenzvarianten erfolgte nach dem Prinzip der Restriktionsfragmentlängenpolymorphismus (RFLP) – Analyse. Dabei wurde von jeder DNA-Probe das Cytochrom b Gen mittels PCR (Polymerasekettenreaktion) amplifiziert (vervielfältigt) und die entstandenen DNA-Stränge anschließend durch Restriktionsenzyme (AatII und PscI) zerschnitten, die an den ausgewählten Mutationen ansetzen. Je nach Tierart, von der eine untersuchte Probe stammte, wird das Cytochrom b Gen in verschieden große Fragmente zerschnitten, was auf einem Agarosegel visualisiert werden kann. Abbildung 7 veranschaulicht den Nachweis des Eurasischen oder Kanadischen Fischotters und des Minks durch den Vergleich des intakten Cytochrom b Gens mit den möglichen Schnittmustern nach dem Enzymverdau. Proben anderer Tierarten, für die dieser Ansatz nicht explizit entwickelt worden war, konnten anhand dreier Kriterien identifiziert werden:

1. die Probe enthielt DNA, ließ sich aber während der PCR nicht amplifizieren,
2. die Probe ließ sich amplifizieren, wurde aber von keinem der ausgewählten Enzyme geschnitten,
3. die Probe ließ sich amplifizieren, aber das Schnittmuster entsprach keinem der drei erwarteten Muster.

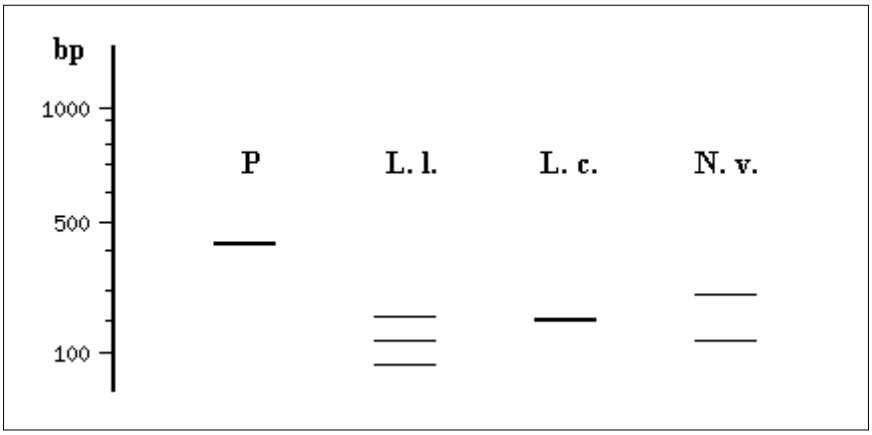


Abbildung 7: RFLP-Analyse zur genetischen Artbestimmung von Losungen. Dargestellt sind die Länge des ungeschnittenen PCR-Produktes des Cytochrom b Gens (P) in Basenpaaren (bp), sowie das Schnittmuster bei Lutra lutra (L.l.), Lontra canadensis (L.c.) und Neovison vison (N.v.) nach elektrophoretischer Auftrennung auf einem Agarosegel (schematische Darstellung).

Abbildung 8 zeigt beispielhaft die Schnittmuster von 24 Kotproben sowie je einer Referenzprobe der beiden Fischotterarten und des Minks.

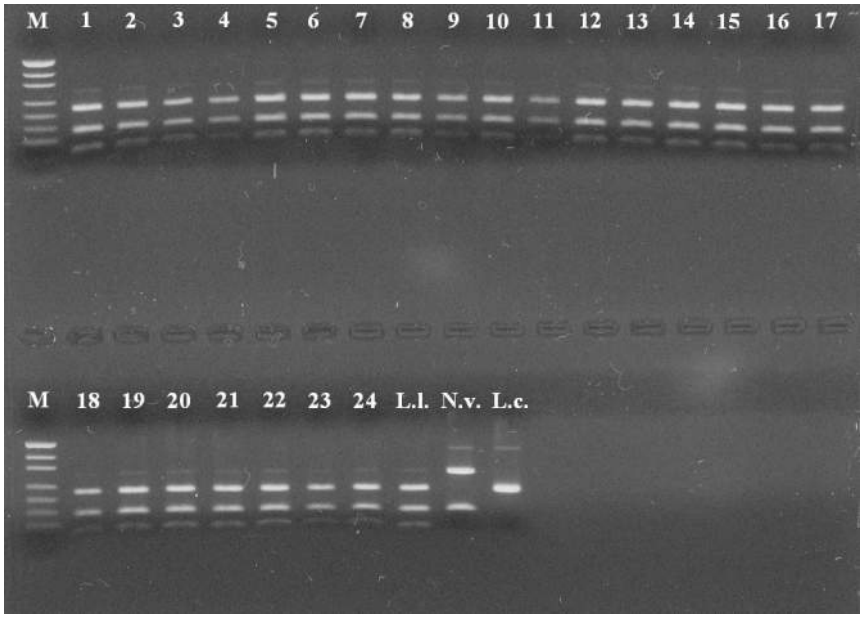


Abbildung 8: Gelelektrophoretische Auftrennung des Restriktionsverdaus des Cytochrom b Gens mit AatII und PscI. Dargestellt sind die Ergebnisse von 24 PCR-Produkten aus Kotproben (1 – 24) sowie von Referenzproben von Lutra lutra (L.l.), Neovison vison (N.v.) und Lontra canadensis (L.c.). M = Längenmarker pUC19 MspI, 23; 1,8 % Agarosegel.

Die Artbestimmung wurde bei allen frischen Losungen und ADS-Proben durchgeführt, die während der Verbreitungskartierung oder der Intensivsammlung gesammelt worden waren. Insgesamt wurden 512 Proben untersucht. Davon lieferten 67 Proben (13,1%) aufgrund ihrer schlechten DNA-Qualität kein Ergebnis. Von den genetisch auswertbaren 445 Proben (86,9%) stammten 430 Proben vom Eurasischen Fischotter, 2 Proben vom Mink und 13 Proben von sonstigen Tierarten. Kanadische Fischotter wurden in keiner Probe nachgewiesen. Die Verteilung der Proben auf die einzelnen Rasterflächen während der Verbreitungskartierung und der

Intensivsuche sowie die entsprechenden Ergebnisse sind in Anhang 1 – extensive Suche und Anhang 2 – intensive Suche dargestellt.

Der hohe Anteil auswertbarer Proben bei der Artbestimmung ist durch die Verwendung eines mitochondrialen Gens (Cytochrom b) zu erklären. Je nach Zelltyp kommen mehrere hundert bis mehrere tausend Mitochondrien pro Zelle vor, so dass mitochondriale Gene in sehr viel höherer Kopienzahl vorliegen als Gene oder Mikrosatelliten, die im Zellkern lokalisiert sind. Die Qualität der Amplifikation des Cytochrom b Gens wurde deshalb als Kriterium für die Eignung der Proben für die Mikrosatellitenanalyse herangezogen. Durch die hohe Kopienzahl des Cytochrom b Gens ist zu erwarten, dass dessen Amplifikation sehr gut funktioniert. Alle Proben, die sich hier nur schwach oder gar nicht amplifizieren ließen, wurden von der Mikrosatellitenanalyse ausgeschlossen, da sie aufgrund ihrer geringen DNA-Menge und -Qualität nicht auswertbar oder stark fehlerbehaftet wären. Dadurch verringerte sich die Probenzahl für die weiteren Untersuchungen auf 343.

5.2.2 Individuenbestimmung

Die Bestimmung der einzelnen Individuen wurde durch Genotypisierung von 11 Mikrosatelliten durchgeführt, die von DALLAS und PIERTNEY (1998) etabliert wurden, und auch schon in vorangegangenen Studien in Bayern herangezogen worden waren (BAYERL et al. 2008). Die 11 ausgewählten Mikrosatellitenloci sind: Lut435, Lut453, Lut457, Lut604, Lut615, Lut701, Lut715, Lut717, Lut733, Lut832 und Lut833. Die Anzahl an analysierten Mikrosatelliten war darauf ausgelegt, auch eng verwandte Tiere wie Eltern und Nachkommen sowie Geschwister unterscheiden zu können. Dies ist bei der genetischen Individuenanalyse essentiell, da bei einer zu geringen Anzahl untersuchter Mikrosatelliten die Wahrscheinlichkeit, dass zwei verschiedene Tiere zufällig dieselben Allele besitzen, nicht zu vernachlässigen ist. Damit wären diese Tiere nicht unterscheidbar und würden als ein Individuum interpretiert werden. Die Eignung der verwendeten Loci, auch eng verwandte Tiere auftrennen zu können, wurde durch die Berechnung der Probability of Identity P(ID) mit dem Computerprogramm GIMLET überprüft (VALIÈRE 2002). P(ID) ist die Wahrscheinlichkeit, dass zwei zufällig ausgewählte Tiere einer Population an allen untersuchten Mikrosatelliten denselben Genotypen besitzen, bzw. P(ID)sib die Wahrscheinlichkeit, dass zwei Geschwister denselben Genotypen besitzen, und somit mit der verwendeten Anzahl genetischer Marker nicht zu unterscheiden wären. Mit den verwendeten 11 Mikrosatelliten beträgt P(ID) = 1,4 x 10-8 und P(ID)sib = 4,0 x 10-4. Dies zeigt, dass die Auflösung der Mikrosatelliten hinreichend groß ist, um auch Vollgeschwister mit sehr hoher Wahrscheinlichkeit unterscheiden zu können.

Da die DNA-Qualität und -Quantität von Kotproben in der Regel gering ist, erfolgte die Mikrosatellitenanalyse nach dem Prinzip des Multiple Tubes Approach (NAVIDI et al. 1992, TABERLET et al. 1996), bei dem von jedem DNA-Extrakt mehrere PCR-Produkte hergestellt und genotypisiert werden, um auftretende Genotypisierungsfehler erkennen zu können. Mögliche Genotypisierungsfehler sind Allelic Dropout (ADO) und False Alleles (FA). Bei einem ADO wird an einem heterozygoten Locus (z.B. Allellängen 120bp/126bp) nur eines der beiden Allele detektiert und

das Individuum fälschlicherweise als homozygot eingestuft (z.B. Allellängen 120bp/120bp). Bei einem FA wird ein Allel detektiert, das nicht dem tatsächlichen Genotypen des Individuums entspricht (z.B. Allellängen 120bp/138bp (falsch) anstatt 120bp/120bp (richtig)). Aus den Wiederholungen der Genotypisierung einer Probe wurde anschließend ein Consensus-Genotyp erstellt, bei dem aus den verschiedenen Wiederholungen alle erkennbaren Genotypisierungsfehler entfernt wurden. Dabei wurden folgende Kriterien zugrunde gelegt:

- bei heterozygoten Loci mussten beide Allele in mindestens zwei unabhängigen PCR-Produkten nachgewiesen werden, und
- bei homozygoten Loci musste das akzeptierte Allel in mindestens drei unabhängigen PCR-Produkten nachgewiesen werden.

Konnten diese Kriterien nur für eines der beiden Allele eines Mikrosatelliten-Locus erfüllt werden, wurde das zweite als nicht auswertbar eingestuft (z.B. 120bp/000) und bei völligem Ausfall der PCR oder inkonsistenten Ergebnissen wurde der gesamte Locus einer Probe als nicht auswertbar eingestuft (000/000).

Die nach der Artbestimmung verbliebenen 343 Proben wurden entsprechend dem Multiple Tubes Approach zwischen 3-mal und 8-mal analysiert. Danach mussten weitere 133 Proben aufgrund des Ausfalls der PCR oder inkonsistenter Ergebnisse verworfen werden. Somit lieferten 210 Proben einen auswertbaren genetischen Fingerabdruck.

Insgesamt wurden 15.604 individuelle Mikrosatelliten-Loci amplifiziert, wovon 9.489 ein auswertbares PCR-Produkt ergaben. Dies entspricht einer Amplifikationsrate von 60,8 %, aufsummiert über die 343 analysierten Proben und 11 Mikrosatelliten. Die Erfolgsrate der einzelnen Loci schwankte zwischen 51,0 % (Lut615) und 73,2 % (Lut435). Tabelle 1 gibt einen Überblick über die PCR-Erfolgsraten pro Mikrosatellit über alle untersuchten Proben. Für eine detaillierte Aufschlüsselung der Ergebnisse pro Rasterfläche siehe Anhang 3. Unterschiedliche Amplifikationsraten zwischen verschiedenen Mikrosatellitenloci sind durch zwei Faktoren zu erklären: verschiedene Primersysteme benötigen unterschiedliche DNA-Mindestkonzentrationen, um während der PCR optimal zu funktionieren, und längere PCR-Produkte werden vor allem bei degradierter Ausgangs-DNA tendenziell schlechter amplifiziert (siehe Lut615: längstes PCR-Produkt, geringste Amplifikationsrate). Vergleicht man die Anzahl gesammelter Proben mit der Anzahl an Proben, die einem Fischotter-Individuum zugeordnet werden konnten, ergibt sich folgendes Bild: Von den 430 gesammelten Proben, die nachweislich vom Eurasischen Fischotter stammten, konnte bei 210 Proben (48,8%) auch ein genetischer Fingerabdruck bestimmt werden. In den 16 intensiv beprobten Rasterflächen schwankte die Rate analysierbarer Proben zwischen 12,5% und 100,0%. Diese Erfolgsrate relativiert sich allerdings noch etwas, wenn man auch die 67 Proben hinzuzählt, die weder für Art- noch Individuenbestimmung genügend DNA enthielten. Bezüglich dieser 497 Proben entsprechen 210 auswertbare Proben einem Anteil von 42,3 % (Anhang 2).

Die erzielten Erfolgsraten bezüglich PCR-Amplifikation und dem Anteil der Proben, die einen Genotypen lieferten, sind mit internationalen Studien zu genetischem Fingerprinting anhand von Kotproben durchaus vergleichbar: DALLAS et al. (2003): Studie zu Eurasischen Fischottern, Anteil auswertbarer Losungen: 20%. PRIGIONI et al. (2006): Studie zu Eurasischen Fischottern,

Anteil auswertbarer Losungen: 41,2%. MOWRY et al. (2011): Studie zu Kanadischen Fischottern, Amplifikationsrate je Mikrosatellit zwischen 32,4% und 72,1%; Anteil auswertbarer Losungen: 24%.

Tabelle 1: Anzahl durchgeführter PCRs, sowie Anzahl und Anteil davon erfolgreicher PCRs für 11 Mikrosatelliten (Lut435 - Lut833). Dargestellt sind Ergebnisse von 343 Fischotterlosungen aus Niederbayern, Oberpfalz und Oberfranken während der Intensivsuche und Verbreitungskartierung im Rahmen des Projektes.

Mikrosatellit	durchgeführte PCRs	erfolgreiche PCRs	Anteil erfolgreicher PCRs [%]
Lut435	1386	1015	73,2
Lut453	1412	967	68,5
Lut457	1386	850	61,3
Lut604	1416	966	68,2
Lut615	1415	721	51,0
Lut701	1420	775	54,6
Lut715	1458	777	53,3
Lut717	1416	786	55,5
Lut733	1424	858	60,3
Lut832	1452	866	59,6
Lut833	1419	908	64,0
Gesamt	**15604**	**9489**	**60,8**

Für den sicheren Abgleich der zahlreichen Mikrosatellitenprofile untereinander wurde das Computerprogramm GENECAP (WILBERG und DREHER 2004) benutzt, das identische Genotypen aus einem Datensatz mehrerer Proben identifiziert. Zusätzlich listet GENECAP alle Proben auf, deren Genotypen sich lediglich anhand eines oder zweier Allele unterscheiden. Diese Proben-Paare wurden eingehend geprüft, ob Sie von demselben Individuum stammen konnten und nur aufgrund von Genotypisierungsfehlern voneinander abwichen. Zwei Proben mit sehr ähnlichem Genotyp wurden dann demselben Individuum zugerechnet, wenn folgende Kriterien erfüllt waren:

1. die Genotypen unterschieden sich nur anhand eines Allels,
2. am fraglichen Locus besaß eine Probe einen heterozygoten Genotypen, während eines dieser beiden Allele in der zweiten Probe homozygot auftrat (z.B. Allele 120bp/126bp gegen-über Allelen 120bp/120bp) und
3. beide Proben wiesen dasselbe Geschlecht auf.

Eine derartige Kombination wurde bei 5 Probenpaaren festgestellt, die entsprechend jeweils einem Individuum zugeordnet wurden. Wie in vorausgegangen Studien festgestellt wurde, können sich ADOs in unabhängigen PCR-Ansätzen konsistent wiederholen, weshalb aufgrund der relativ hohen ADO-Rate im verwendeten Markersystem (HAUSKNECHT et al. 2010) davon ausgegangen werden kann, dass sich in diesen Fällen mehrfaches ADO ereignete.

Anhand der Ergebnisse der Mikrosatelliten-Analyse konnten die 210 auswertbaren Losungen 122 verschiedenen Fischotter-Individuen zugeordnet werden. 20 der Tiere wurden während der Verbreitungskartierung und 99 Tiere während der Intensivsuche in Niederbayern identifiziert, weitere 3 Tiere während der Intensivsuche in der Oberpfalz (1 Fischotter) und Oberfranken (2 Fischotter). Drei der Tiere in Niederbayern wurden in zwei verschiedenen Rasterflächen nachgewiesen, die restlichen Tiere wurden nur in jeweils einem Raster nachgewiesen (Tabelle 2).

Abbildung 9 gibt einen Überblick über die räumliche Verteilung der genetischen Fischotter-Nachweise sowie der genetisch identifizierten Fischotter-Individuen in Niederbayern. Die Abbildung zeigt, dass nicht jede genetisch abgesicherte Artbestimmung eines Fischotters auch zu seiner Identifizierung als Individuum führt.

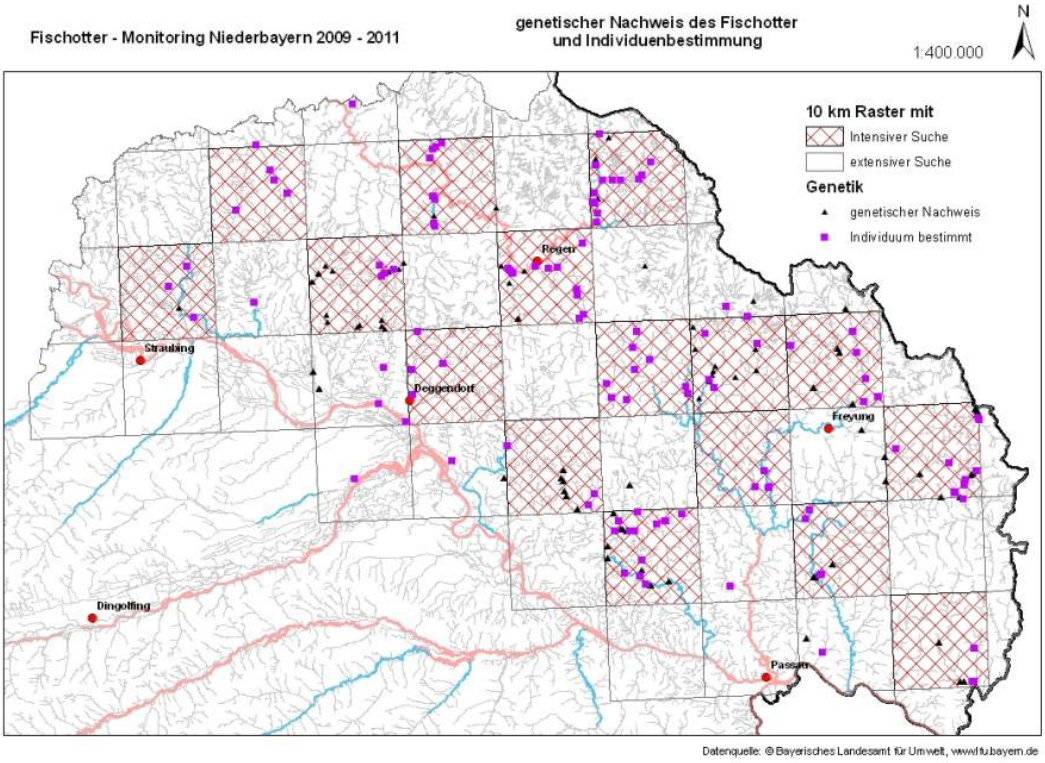


Abbildung 9: Orte, an denen der Fischotter nachgewiesen werden konnte.

5.2.3 Geschlechtsbestimmung

Neben dem Mikrosatellitenprofil wurde für jede Probe auch das Geschlecht bestimmt. Hierfür wurde wiederum mittels PCR ein Abschnitt des SRY-Gens amplifiziert (DALLAS et al. 2000), das nur männliche Tiere besitzen. Als Kontrolle wurde zusätzlich der Mikrosatellit Lut453 in einem weiteren PCR-Ansatz amplifiziert. Auf diese Weise erscheint nach elektrophoretischer Auftrennung der PCR-Produkte bei weiblichen Fischottern eine Bande (der Mikrosatellit Lut453) und bei Männchen zwei Banden (der Mikrosatellit Lut453 und das SRY-Gen). Der Geschlechtsmarker wurde auch in Kombination mit verschiedenen Kontrollabschnitten auf die Eignung zur

Amplifikation in einer Multiplexreaktion, bei der mehr als ein Genort gleichzeitig amplifiziert wird, getestet. Diese erleichtert eine Unterscheidung des Ergebnisses „weiblich“, das durch das Fehlen der SRY-Bande gekennzeichnet ist, von einem Totalausfall der PCR. Starke Primerdimerbildung oder das Auftreten unspezifischer Amplifikate erschwerten hier jedoch die Auswertung der Ergebnisse, weshalb die unabhängige Amplifikation des Geschlechtsmarkers und des Kontrollabschnittes favorisiert wurde.

Für die Gesamtheit der identifizierten Fischotter-Individuen ergab sich ein nahezu ausgeglichenes Geschlechterverhältnis von 61 Männchen (50,0%) zu 58 Weibchen (47,5%). Von 3 Proben (2,5%) konnte das Geschlecht nicht bestimmt werden. Auch bei Betrachtung der Proben, die nur während der Intensivsuche gesammelt worden waren, zeichnet sich ein relativ ausgewogenes Geschlechterverhältnis ab: es wurden 102 Individuen identifiziert, die sich aus 51 Männchen (50,0%) und 48 Weibchen (47,1%) zusammensetzten. Die 3 Proben mit unbekanntem Geschlecht waren während der Intensivsuche gesammelt worden und entsprechen hier einem Anteil von 2,9% (Tabelle 2).

Tabelle 2: Anzahl und Geschlecht genetisch identifizierter Fischotter-Individuen pro Rasterfläche, die im Rahmen der Verbreitungskartierung (V) oder Intensivsuche (I) identifiziert wurden. Individuen, die während beider Suchaktionen nachgewiesen wurden (mehrfach), wurden nur bei der Aufsummierung der während der Intensivsuche identifizierten Tiere einberechnet, um sie nicht doppelt zu zählen. (Ind = Anzahl identifizierter Fischotter-Individuen, M = Männchen, W = Weibchen, U = Geschlecht unbekannt)

Raster	*Suche*	*Ind*	*M*	*W*	*U*	*Bemerkungen*
02	*V*	*1*	*0*	*1*	*0*	*Individuum „A“ wurde auch in Raster 12 nachgewiesen*
03	*V*	*1*	*0*	*1*	*0*	
12	*I*	*4*	*2*	*2*	*0*	
14	*V*	*1*	*1*	*0*	*0*	
14	*I*	*9*	*4*	*5*	*0*	
16	*I*	*16*	*8*	*8*	*0*	
23	*I*	*3*	*1*	*2*	*0*	
24	*V*	*2*	*2*	*0*	*0*	
25	*I*	*1*	*1*	*0*	*0*	
27	*I*	*12*	*5*	*7*	*0*	
29	*V*	*1*	*1*	*0*	*0*	
41	*V*	*3*	*2*	*1*	*0*	
42	*I*	*2*	*1*	*1*	*0*	
42 T	*Stausee*	*3*	*2*	*1*	*0*	*separate Suche wegen Schadensmeldung*
44	*I*	*6*	*3*	*3*	*0*	
45	*I*	*6*	*4*	*2*	*0*	
46	*I*	*9*	*4*	*5*	*0*	
58	*V*	*1*	*0*	*1*	*0*	
59	*V*	*1*	*0*	*1*	*0*	
60	*V*	*1*	*0*	*1*	*0*	
60	*I*	*3*	*1*	*2*	*0*	
62	*I*	*3*	*2*	*1*	*0*	
64	*V*	*1*	*1*	*0*	*0*	

64	*I*	*8*	*5*	*1*	*2*	
65	*V*	*1*	*1*	*0*	*0*	*Individuum „J“ wurde auch in Raster 64 nachgewiesen*
78	*V*	*2*	*1*	*1*	*0*	
78	*I*	*10*	*5*	*4*	*1*	
79	*V*	*1*	*1*	*0*	*0*	*Individuum „M“ wurde auch in Raster 78 nachgewiesen*
80	*I*	*4*	*2*	*2*	*0*	
97	*V*	*1*	*0*	*1*	*0*	
98	*I*	*3*	*1*	*2*	*0*	
Simbach	*V*	*2*	*0*	*2*	*0*	
Opf	*I*	*1*	*1*	*0*	*0*	
Ofr	*I*	*2*	*1*	*1*	*0*	
Gesamt	*I*	*102*	*51*	*48*	*3*	
Gesamt	*V*	*23*	*12*	*11*	*0*	
mehrfach		*3*	*2*	*1*	*0*	*Diese Individuen sind abzuziehen, da sie in mehreren Rastern nachgewiesen wurden, s.o.*
Gesamt	***I + V***	***122***	***61***	***58***	***3***	

5.3 Populationsstruktur beim Fischotter

5.3.1 Grundlagen der Populationsstruktur

Die ermittelten Mikrosatellitenprofile der Fischotter bildeten nicht nur die Grundlage für deren Identifikation, sondern konnten gleichzeitig auch herangezogen werden, um die genetische Populationsstruktur im Untersuchungsgebiet darzustellen. Dies wurde in Bayern im Rahmen dieser Studie erstmalig durchgeführt und basiert auf den Genotypen der 117 in Niederbayern identifizierten Tiere (ohne das Gebiet um Simbach a. Inn, das außerplanmäßig beprobt wurde).

Dazu wurde eine Kombination aus Hauptkomponentenanalyse und Diskriminanzanalyse (DAPC - Discriminant Analysis of Principal Components) nach JOMBART et al. (2010) angewandt, beides Verfahren der multivariaten Statistik.

Die Hauptkomponentenanalyse dient dazu, umfangreiche Datensätze zu strukturieren und zu veranschaulichen, indem eine Vielzahl statistischer Variablen, in diesem Fall die verschiedenen Allele, durch eine geringere Anzahl möglichst aussagekräftiger Hauptkomponenten (HK) ersetzt wird. Dabei werden die HK so geordnet, dass die erste HK den größten Anteil der genetischen Variabilität des Datensatzes erklärt und die zweite und alle weiteren sukzessive einen jeweils geringeren Anteil. Mit Hilfe der Hauptkomponentenanalyse lässt sich auch in sehr großen Datensätzen eine genetische Strukturierung erkennen, ohne ein populationsgenetisches Modell zugrunde legen zu müssen. Sie fasst die gesamte genetische Variabilität der untersuchten Individuen zusammen, die sowohl die Variabilität zwischen Gruppen von Individuen (z.B. Populationen) als auch innerhalb von Gruppen umfasst.

Die Diskriminanzanalyse wiederum dient der Unterscheidung dieser Gruppen, indem sie die genetische Differenzierung zwischen ihnen hervorhebt.

5.3.2 Populationsstruktur in Niederbayern

Da die DAPC eine Einteilung der Individuen in Gruppen voraussetzt, wurden jeweils alle Individuen zu einer Gruppe zusammengefasst, die im Einzugsgebiet desselben Fließgewässers nachgewiesen wurden. Auf diese Weise wurden die 117 Individuen in 10 Subpopulationen unterteilt. Abbildung 10 zeigt das Ergebnis der DAPC für die niederbayerischen Proben: Jeder Punkt in der Abbildung entspricht einem Fischotter-Individuum. Die Farbe der Punkte setzt sich aus den ersten drei Hauptkomponenten der DAPC zusammen, indem jede Hauptkomponente (HK) einer Intensität der Farben rot (1. HK), grün (2. HK) und blau (3. HK) aus dem RGB-Farbraum zugeordnet wird. Ähnliche Farben entsprechen also einer ähnlichen genetischen Ausstattung der Individuen. Die Vielzahl der erhaltenen Farbschattierungen lässt sich etwas leichter interpretieren, wenn die Individuen nach dem Einzugsgebiet, in dem sie nachgewiesen wurden, geordnet betrachtet werden (Abbildung 12). Die Farbschattierungen innerhalb der Einzugsgebiete sind relativ homogen, was bedeutet, dass sich die Tiere innerhalb eines Gewässersystems im Durchschnitt genetisch ähnlicher sind, als die zwischen den Gewässersystemen. Dies ist vermutlich auf die Anwesenheit von Familienverbänden in den Einzugsgebieten zurückzuführen und spricht für das territoriale Verhalten des Fischotters. Individuen, deren Einfärbung in der DAPC vom Durchschnitt des Einzugsgebietes deutlich abweicht, stellen sehr wahrscheinlich Tiere dar, die aus anderen Gebieten zugewandert sind.

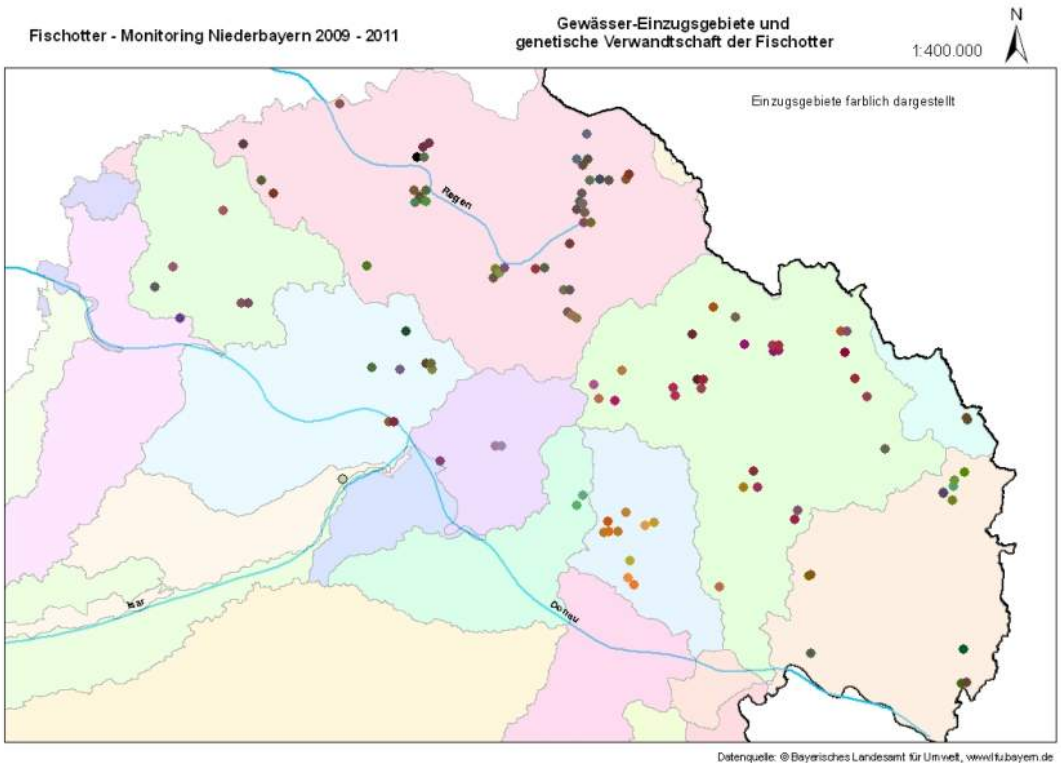


Abbildung 10: Farbkodierte Darstellung der Hauptkomponenten- und Diskriminanzanalyse der Genotypen von 117 Fischotter-Individuen aus Niederbayern. Jeder Punkt stellt ein Individuum und seinen Fundort dar. Ähnliche Farben entsprechen dabei einer ähnlichen genetischen Ausstattung der Individuen. Farblich hinterlegt sind die verschiedenen Fließgewässer-Einzugsgebiete.

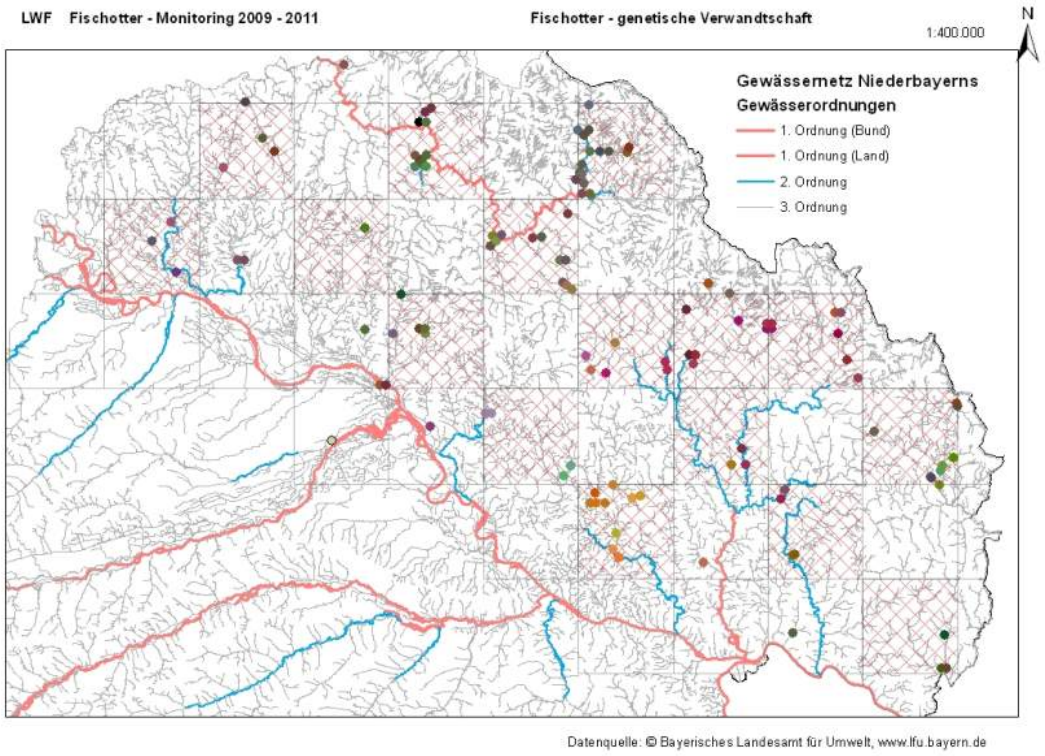


Abbildung 11: Verwandtschaftliche Verhältnisse beim Fischotter und Fließgewässernetz Niederbayerns.

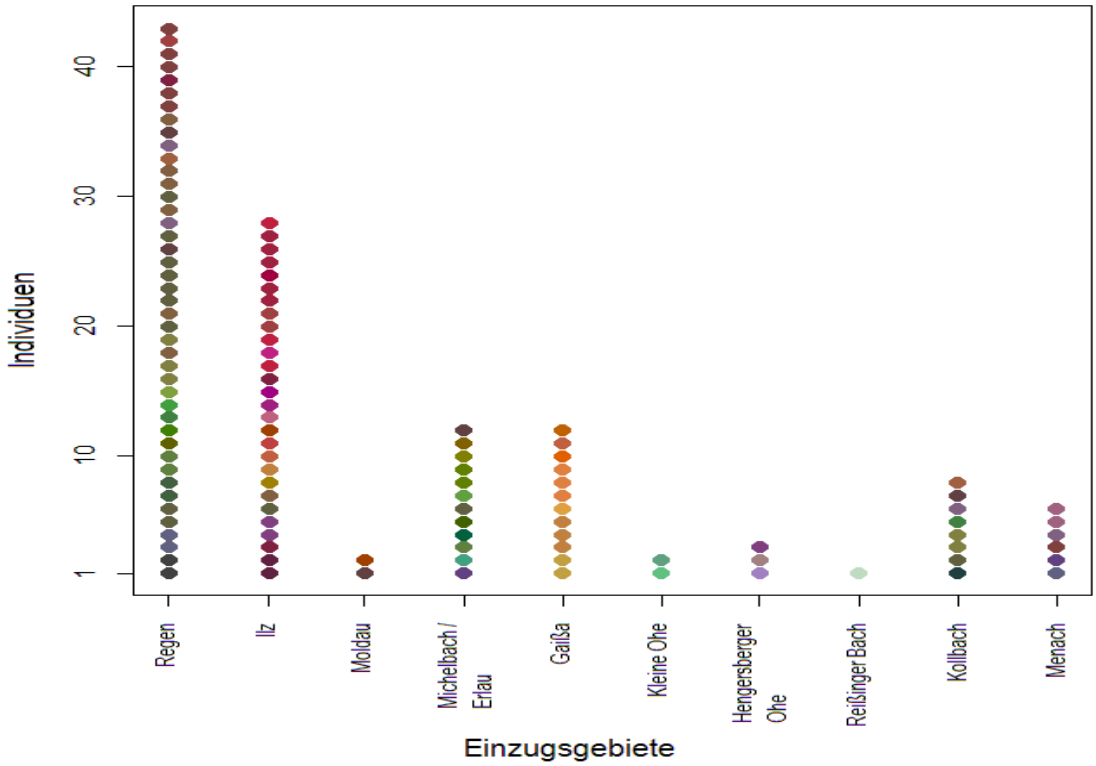


Abbildung 12: Farbcodierte Darstellung der Hauptkomponenten- und Diskriminanzanalyse der Genotypen von 117 Fischotter-Individuen aus Niederbayern. Die Individuen wurden entsprechend der 10 Einzugsgebiete, in denen sie nachgewiesen wurden, geordnet (Abbildung 10). Die Farbe jedes Punktes repräsentiert die ersten 3 Hauptkomponenten der DAPC, die jeweils einer Intensität der Farben rot, grün und blau im RGB-Farbraum zugeordnet wurden. Ähnliche Farben entsprechen dabei einer ähnlichen genetischen Ausstattung der Individuen.

In einem weiteren Schritt wurden mittels Kriging-Verfahren die erfassten Genotypen auf die Fläche des Untersuchungsgebietes interpoliert, um die genetische Strukturierung der Population zu veranschaulichen (Abbildung 13). Im Unterschied zur DAPC wird beim Kriging-Verfahren aus mathematischen Gründen nur die erste Hauptkomponente berücksichtigt. Ähnliche Farben entsprechen auch hier wieder einer ähnlichen genetischen Ausstattung der Tiere, wobei dunkelblaue und dunkelrote Bereiche genetisch am stärksten differenziert sind. Die Farbschattierungen, die während der DAPC (Abbildung 10, Abbildung 12) und des Krigings (Abbildung 13) generiert wurden, sind aufgrund der unterschiedlichen Anzahl berücksichtigter Hauptkomponenten jedoch nicht direkt miteinander vergleichbar.

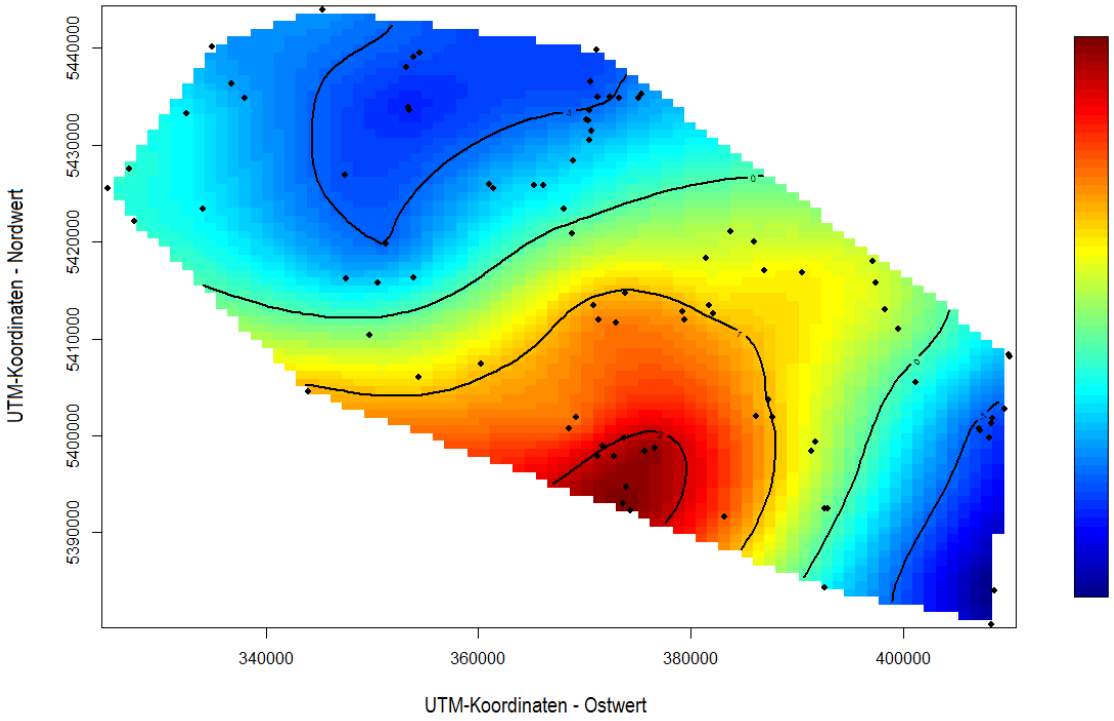


Abbildung 13: Darstellung der genetischen Populationsstruktur des Eurasischen Fischotters in Niederbayern, basierend auf der ersten Hauptkomponente der DAPC von 117 erfassten Genotypen. Mittels Kriging-Verfahren wurde die genetische Ausstattung der erfassten Individuen auf die Fläche des Untersuchungsgebietes interpoliert. Die Fundorte dieser Tiere sind durch schwarze Punkte dargestellt, ihre Lage ist durch die UTM-Koordinaten der Zone 33 definiert.

Betrachtet man diese Abbildung fällt auf, dass die Populationen aus den Einzugsgebieten des Regen und Michelbach/Erlau zueinander näher verwandt sind als diejenigen der Ilz bzw. der Gaißa, die räumlich dazwischen liegen. Dass es verwandtschaftliche Unterschiede gibt, wurde bereits im INTERREG-Projekt für die kleinen Bereiche Regen und Michelbach nachgewiesen. Der Bayerische Wald wurde bisher als Randbereich der großen Populationen in Tschechien und Österreich angesehen und es sollten mit ihnen auch verwandtschaftliche Beziehungen bestehen. Es liegt derzeit kein entsprechendes Genmaterial für einen notwendigen Vergleich vor.

Um das Ausmaß des Genflusses und somit Wanderbewegungen/Ausbreitungstendenzen zwischen benachbarten Populationen besser beurteilen zu können wäre es lohnenswert weitere

Proben v.a. aus dem grenznahen tschechischen und österreichischen Raum, aber auch von Vorkommen aus dem übrigen Bayern zu erhalten und auszuwerten.

5.4 Raum-Zeit-Verhalten des Fischotters

Dieses Kapitel befasst sich mit der Frage: Wie oft und wo treten identifizierte Fischotter-Individuen während des Beobachtungszeitraums von 5 Tagen wieder in Erscheinung.

Nach der Individuenbestimmung ergaben sich sehr unterschiedliche Zahlen von Individuen je Raster (Abbildung 14).

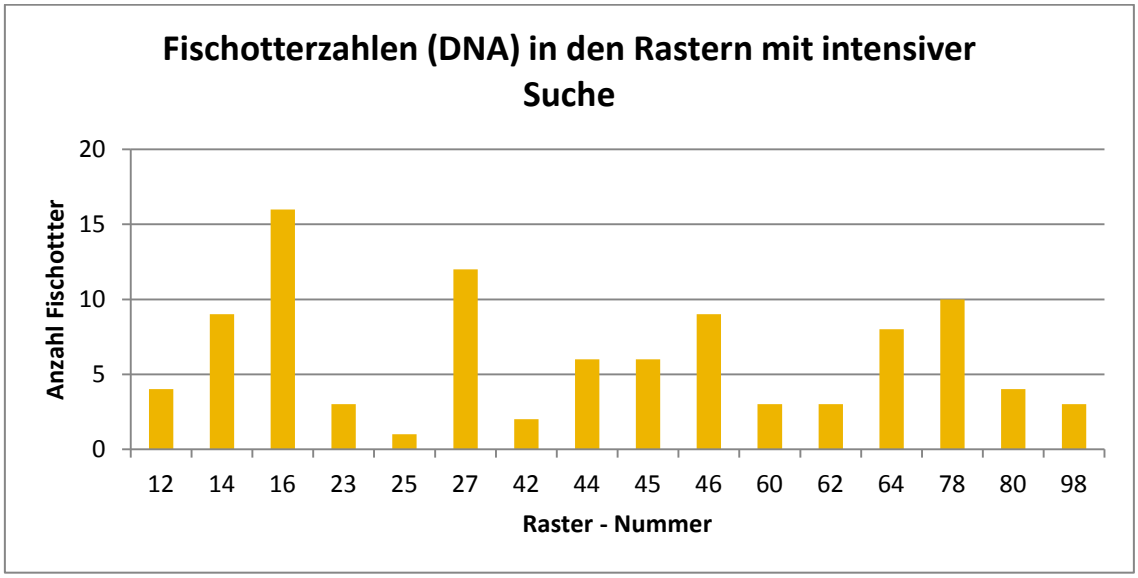


Abbildung 14: Fischotter-Individuen je Raster bei der intensiven Suche

Bei den Zahlen der Fischotter je Raster (10 km x 10 km) ist zu berücksichtigen, dass es sich um das Ergebnis eines Beobachtungszeitraums von 5 Tagen handelt. In keinem Raster stammen die getätigten Nachweise aus nur einer einzigen Nacht bzw. von nur einem einzigen Ort – Ausnahme Raster 25 mit nur einem Individuum.

Betrachtet man über die Dauer des Untersuchungszeitraums von fünf Tagen die einzelnen Fundorte, konnten an 83 Punkten nur jeweils ein Fischotter genetisch nachgewiesen werden und an 38 Punkten mehrere, im Höchstfall vier.

Dass innerhalb einer Nacht ein Probenpunkt von mehreren Fischottern aufgesucht wurde, war 17-mal der Fall. Dabei handelte es sich in 14 Fällen um zwei, in zwei Fällen um drei und in einem Fall um vier Individuen.

Betrachtet man das Geschlecht der Tiere, die denselben Ort in derselben Nacht aufsuchten, ergibt sich nachfolgendes Bild (Tabelle 3):

Tabelle 3: Mögliche verwandtschaftliche Verhältnisse der innerhalb einer Nacht am selben Probepunkt nachgewiesenen Individuen (w = weiblich, m=männlich).

Geschlecht	Anzahl	%	Mögliche verwandtschaftlichen Verhältnisse
ww	1	6%	Mutter-Tochter oder Schwestern möglich
mw	7	47%	Überwiegend: Geschwister möglich, auch 1x Eltern-Nachkommen möglich. Ein Pärchen wurde an zwei verschiedenen Orten in zwei verschiedenen Nächten nachgewiesen.
mmw	2	12%	alle können Geschwister sein AB zu AC: Vater-Sohn Verwandtschaft oder Brüder ist möglich; oder AH zu AB und AH zu AC: Geschwister wäre möglich
mwww	1	6%	jegliche Kombination von Eltern-Nachkommen oder Geschwister ist möglich
mm	5	29%	Möglichkeiten: 3x Eltern oder Geschwister, bzw. 5x Geschwister
gesamt	**16**	**100%**	

Auf Grund der Typisierung der Individuen können dabei folgende Aussagen zu den verwandtschaftlichen Verhältnissen gemacht werden:

- in 7 Fällen könnte es sich um Eltern-Nachkommen-Verwandtschaft handeln,
- in allen Fällen könnte es sich aber auch um Geschwister oder weiter verwandte Individuen handeln.
- In jedem Fall ist eine gewisse Verwandtschaft zwischen den Beteiligten nicht auszuschließen, was ja auch im Abschnitt Populationsstruktur zum Ausdruck gebracht wurde.

Bei den Mehrfachfunden einer Nacht an einem Probenpunkt waren insgesamt 33 Individuen vertreten, wobei nur ein genetisches Pärchen ein zweites Mal in einer anderen Nacht und an einem anderen Ort nachgewiesen werden konnte. 19 Individuen traten nur ein Mal in Erscheinung, die anderen 14 konnten während der Woche noch mindestens ein zweites Mal nachgewiesen werden. Die gemeinsamen Funde an einem Ort und in einer Nacht sind deshalb alle, bis auf eine Ausnahme, vermutlich nur zufällig entstanden, da sie sich in dieser Kombination jeweils nur ein Mal feststellen ließen. Wir vermuten deshalb, dass zum Zeitpunkt des Monitorings (überwiegend März/April) sich die festen Familienverbände meist schon aufgelöst haben und die Fischotter einzeln auf Nahrungssuche gehen.

Die o.g. 17 Orte wurden während des Zeitraums teilweise auch noch von anderen Individuen an anderen Tagen besucht.

Für die intensiv beprobten Raster ergibt die Auswertung der DNA-Untersuchung des weiteren, dass an 101 Orten Kot und ADS von 99 festgestellten Individuen eingesammelt werden konnte. Somit konnten 33% der Individuen zeitlich und örtlich öfter als einmal während des Monitorings nachgewiesen werden und 67% der Individuen nur ein einziges Mal und nur an einem Ort. Die Verteilung sieht wie folgt aus:

- 66 Fischotter wurden nur einmal an einem Ort nachgewiesen
- 2 Fischotter besuchten in derselben Nacht je zwei verschiedene Orte und konnten dann nicht mehr nachgewiesen werden
- 31 Fischotter wurden in verschiedenen Nächten und/ oder an verschiedenen Orten nachgewiesen.

Die Bandbreite der öfter nachgewiesenen Individuen reichte dabei von dem Fischotter der an drei aufeinander folgenden Nächten immer denselben Ort aufsuchte, bis hin zu dem Extrem, dass ein Fischotter in 2 Nächten an 7 verschiedenen Orten im Raster auftauchte.

Bei den Wanderungen zwischen den verschiedenen Fundorten legten die Fischotter bis zu 10 km Luftlinie zurück. Die beiden Fischotter an der Eger legten diese Strecke in einer Nacht zurück.

Ob die an mehreren Tagen und Orten nachgewiesenen Fischotter die „Hausherren“ eines Rasters sind, kann auf Grund der doch relativ kurzen Beobachtungszeit von fünf Tagen nicht beurteilt werden. Für drei Fischotter dürfte dies wahrscheinlich schon zutreffen: ein Fischotter wurde bereits nach 14 Tagen und zwei Fischotter wurden mit einem Abstand von 1 Jahr genetisch nochmals nachgewiesen.

Betrachtet man die verschiedenen Flüsse und ihre Einzugsgebiete, zeigt sich, dass sich die, während einer Woche an unterschiedlichen Orten nachgewiesenen Fischotter nur in einem Einzugsgebiet aufhielten. Der Nachweis von Individuum „M“ und „J“ (Abbildung 15) die jeweils auch in einem zweiten Einzugsgebiet nachgewiesen werden konnten, zeigt, dass Fischotter sehr wohl auch in verschiedenen Einzugsbereichen vorkommen können.

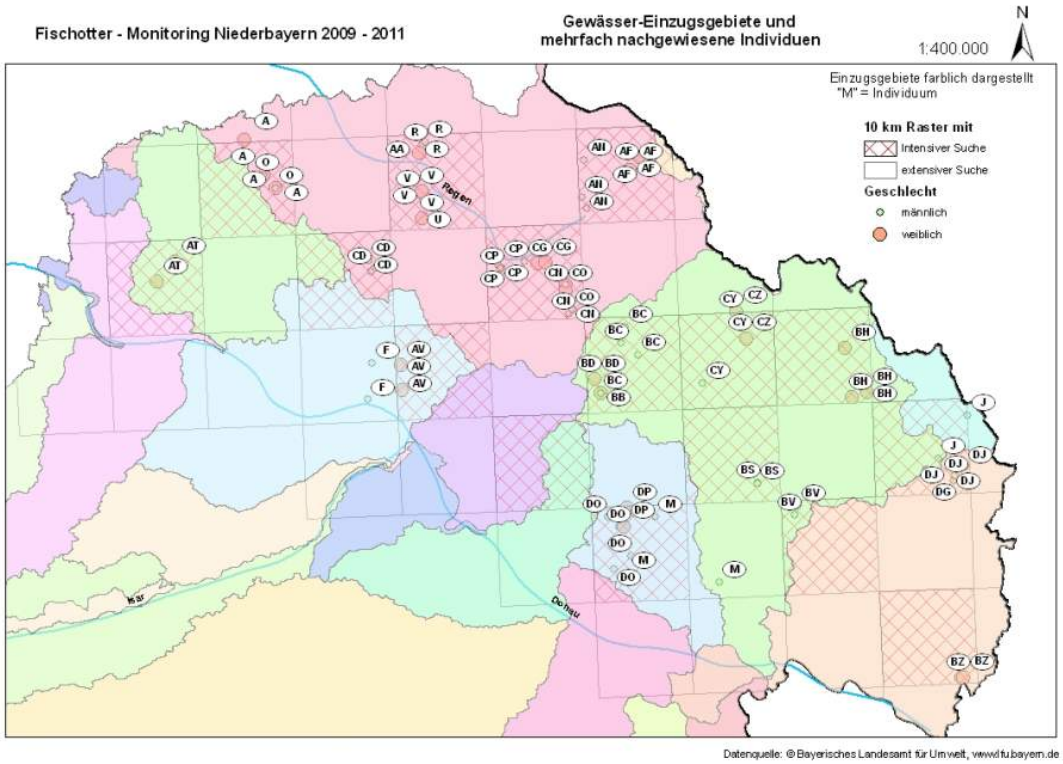


Abbildung 15: Einzugsgebiete und mehrfach nachgewiesene Individuen.

5.5 Fischotterzahlen in Niederbayern

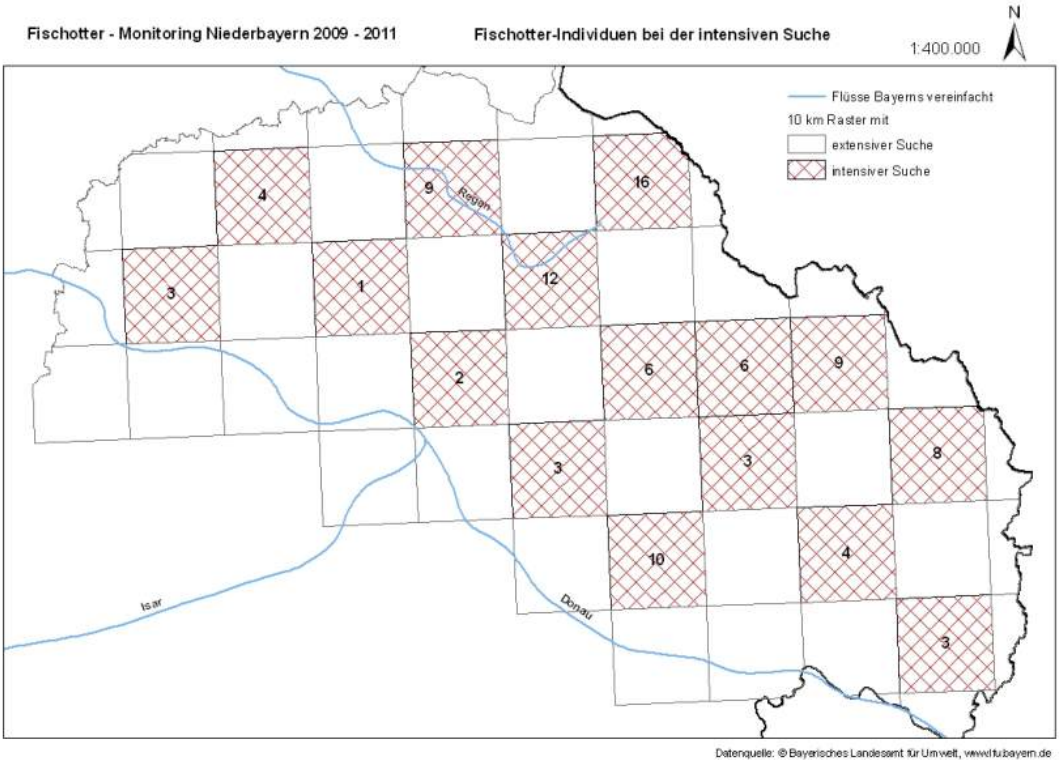


Abbildung 16: Individuenzahlen, die während der intensiven Suche nachgewiesen wurden. Diese Zahlen sind auch Grundlage für die Hochrechnung.

Im Frühjahr 2010 und Frühjahr 2011 wurden in 16 Rastern in Niederbayern nördlich der Donau während fünf Tagen frischer Kot und Sekret von Fischottern gesammelt (intensive Suche). Auf diese Weise konnten während des o.g. Zeitraums 99 Fischotter-Individuen in den intensiv beprobten Rastern genetisch nachgewiesen werden. Die Anzahl schwankt innerhalb der Raster zwischen 1 und 16 Fischotter (Abbildung 16), im Durchschnitt wurden 6,19 Fischotter-Individuen genetisch nachgewiesen.

Für die Berechnung der Otterzahlen im Untersuchungsgebiet werden die Werte der in Kapitel 6 – Habitatkarte dargestellten Gewässerlängen verwendet.

Die Länge der Fließgewässer in den intensiv beprobten Rastern und den übrigen Rastern des Untersuchungsgebietes sind nahezu identisch (Mittelwert der Gewässerlänge in den intensiv beprobten Rastern: 187, 0 km gegen 187,9 km in den übrigen Rastern). Aus diesem Grund haben wir die durchschnittlich je Raster genetisch nachgewiesenen Individuen (6,19 Fischotter/ Raster) auf die gesamte Fläche des Gebietes nördlich der Donau hochgerechnet und kommen so auf eine Zahl von 239 Fischottern für diesen Bereich. Diese Zahl ist eine Schätzgröße, die auf der Grundlage der genetisch nachgewiesenen Individuen beruht und unter der Annahme, dass die Wasserausstattung und somit Ernährungsgrundlage für den Fischotter in den intensiv und extensiv beprobten Rastern identisch ist.

6 Habitatkarte – Gewässerkarte Niederbayerns

Im INTERREG-Projekt: „Wildtier und Mensch im Dreiländereck Bayern - Tschechien - Österreich am Beispiel des Fischotters“ wurde eine Habitatkarte vorgestellt, die für den Fischotter günstige bis ungünstige Bereiche ausweist. Grundlage hierfür waren die verschiedenen Landnutzungsformen, die unterschiedlich bewertet wurden und Städte und Verkehrswege, die als ungeeignet für den Fischotter bewertet wurden. Auf Grundlage dieser Habitatkarte wurde in einer Vorstudie untersucht, ob in günstigen Bereichen mehr Fischotter-Nachweise gefunden werden können als in ungünstigen. Dies hat sich nicht bestätigt. Deshalb wurde als neue Grundlage nur auf die Fließgewässerlänge in einem Raster abgestellt und zwar aus folgenden Überlegungen:

- Der Fischotter ernährt sich hauptsächlich von Lebewesen, die in und am Wasser leben, deshalb sind alle Gewässer für ihn auch Lebensraum und überwiegender Nahrungsplatz
- Der Fischotter ist an Gewässern in der Stadt ebenso wie auf dem Lande anzutreffen - Städte haben also keine negative Wirkung auf ihn, was die Nahrungssuche betrifft.
- Der Kot vom Fischotter kann auf Bermen unter Straßen jeder Kategorie, von der sandgebundenen Gemeindeverbindungsstraße bis hin zur Autobahnbrücke gefunden werden. Überfahren wird er auf Straßen, ob gewässernah oder weit ab von Gewässern. Somit sind Straßen auch nicht unbedingt eine Barriere für ihn, ihre Überquerung ist jedoch mit Gefahr verbunden.
- Ob Einträge aus der Industrie, Land- und Forstwirtschaft einen direkten Einfluss auf den Fischotter oder eher auf sein Nahrungsspektrum haben, kann nicht beurteilt werden. Hierzu sind die Einträge von zu unterschiedlicher Art und das Fließgewässer verfrachtet und verdünnt die Schadstoffe, so dass auch kurzfristige, stark negativ wirkende Schadstoffe nicht immer nachgewiesen werden können.
- Für die Habitatkarte wurde auf Fließgewässer abgestellt, da nur hierfür verlässliches Kartenmaterial vorhanden ist. Teiche sind erst ab einer bestimmten Größe kartenmäßig dargestellt und alle Teiche eines Rasters aufzusuchen und zu vermessen ist mit einem sehr großen zeitlichen Aufwand verbunden. Dies gilt vor allem für Teiche im Bayerischen Wald wo es sehr viele kleine Teiche gibt, die nicht immer leicht zu finden sind.

Für Niederbayern findet sich folgende räumliche Verteilung der Fließgewässer:

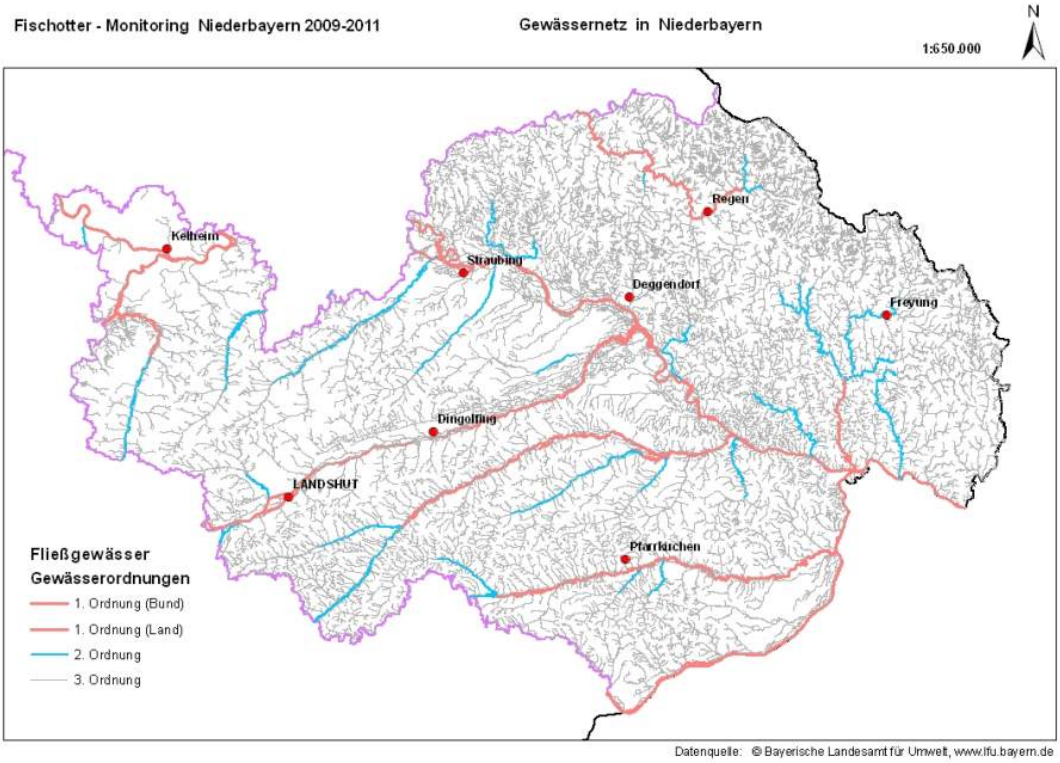


Abbildung 17: Das Fließgewässernetz in Niederbayern.

Die nächste Abbildung (Abbildung 18) zeigt die Individuenzahl je Raster und die Fließgewässer in den Rastern.

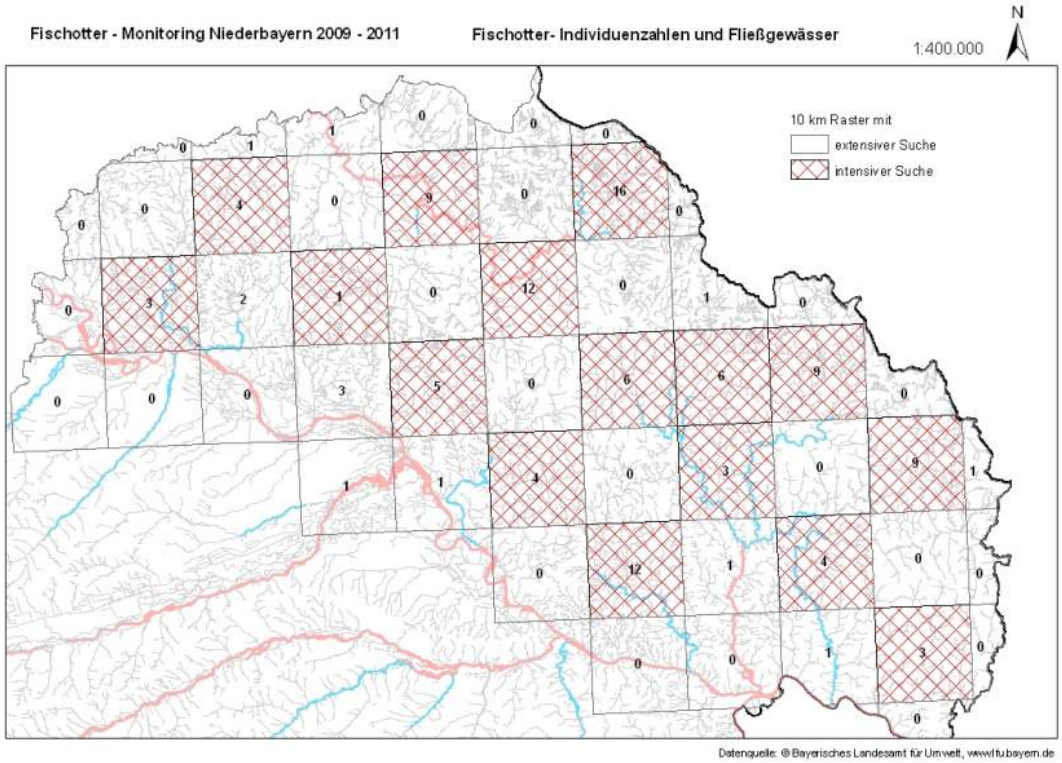


Abbildung 18: Fließgewässernetz, Rasterflächen und Gesamtindividuenzahlen in den Rastern. Drei Individuen sind in verschiedenen Rastern enthalten.

Es wurde nun überprüft inwiefern Fischotterzahlen und Länge der Fließgewässer in den Rasterflächen der intensiven Suche korrelieren (Abbildung 19 und 20).

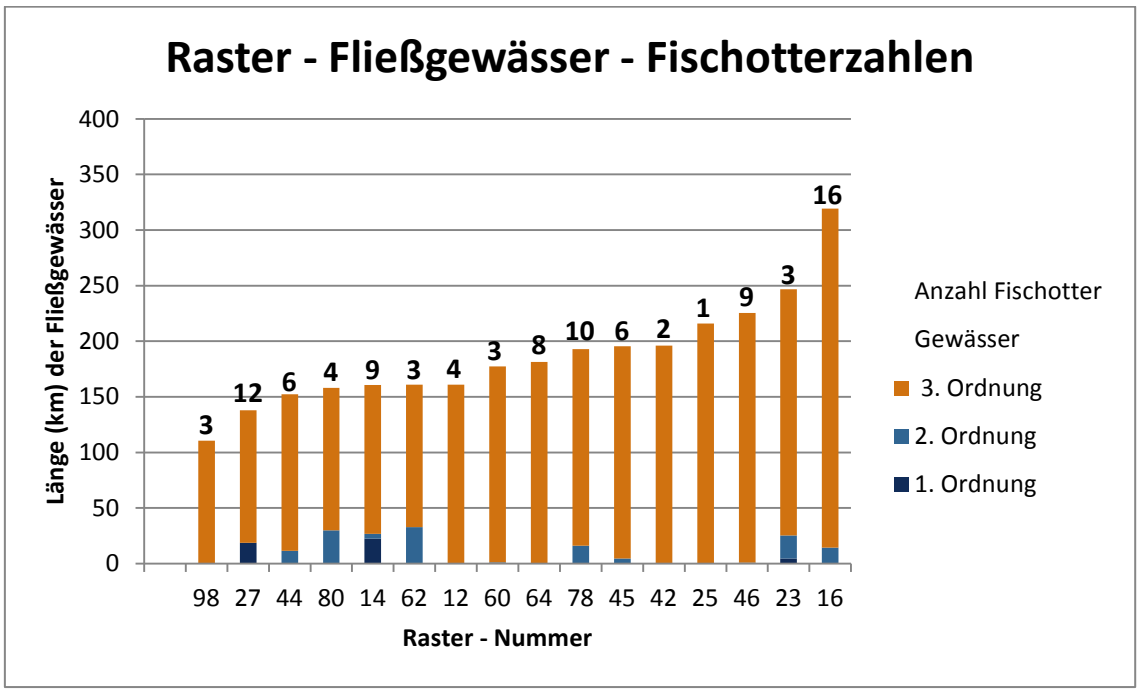


Abbildung 19: Anzahl der während der Intensivsuche nachgewiesenen Fischotter sowie Länge der Fließgewässer und Länge der verschiedenen Gewässerordnungen je Raster.

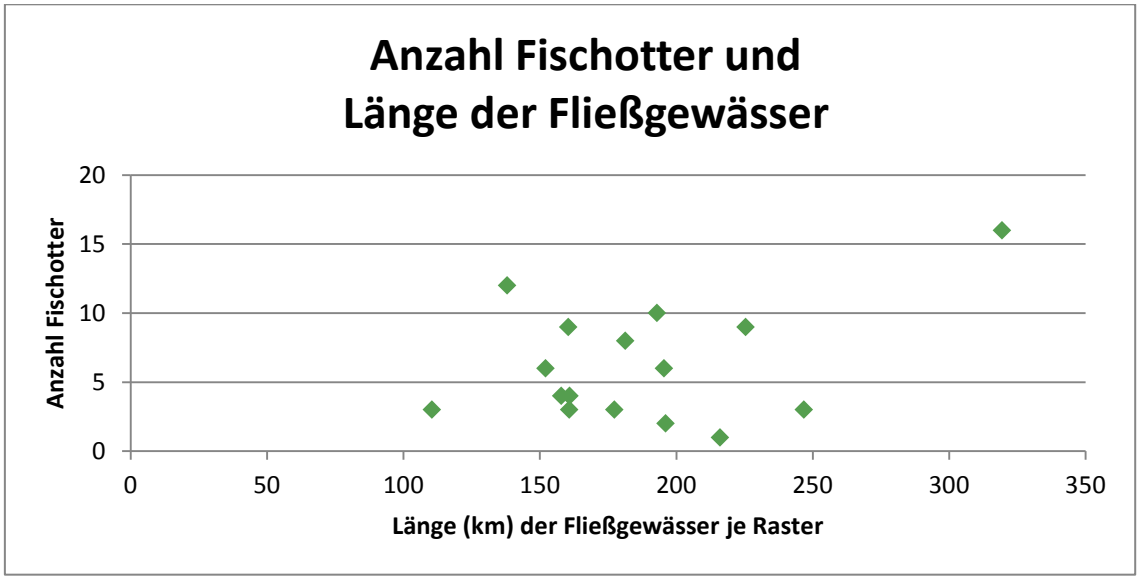


Abbildung 20: Anzahl der während der Intensivsuche nachgewiesenen Fischotter sowie Länge der Fließgewässer.

Beide Abbildungen lassen keinen Zusammenhang zwischen der Anzahl der gefundenen Individuen und der Länge der Fließgewässer erkennen. Warum es diese z.T. großen Unter-schiede in den verschiedenen Rastern gibt, kann zum momentanen Zeitpunkt nicht erklärt werden.

Ein Wert der beim Vorkommen von Fischottern gerne verwendet wird, ist: Wie viele km Gewässerlänge nutzt ein Fischotter rechnerisch?

In den Rastern der intensiven Suche beträgt die Gewässerlänge zwischen 110 und 319 km. Damit kann auch diese Zahl berechnet werden (vgl. Abbildung 21). Als Mittelwert ergibt sich ein Wert von 50 km Gewässerlänge je nachgewiesenem Fischotterindividuum. Der tatsächliche Wert dürfte allerdings niedriger liegen, da nicht alle Proben der Artbestimmung auch einem Individuum zugeordnet werden konnten.

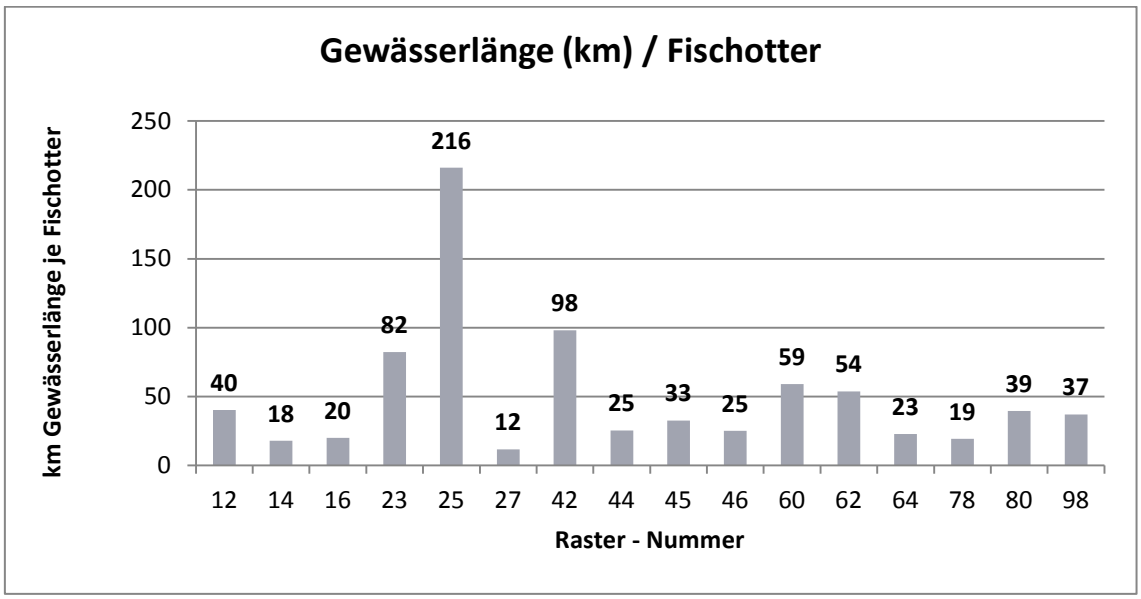


Abbildung 21: Errechnete Gewässerlänge je genetisch nachgewiesenem Fischotter.

Trägt man die Anzahl der Fischotter je Raster und die rechnerisch ermittelte Gewässerlänge je Fischotter gegeneinander auf (Abbildung 22), erkennt man, dass die rechnerische je Fischotter genutzte Gewässerlänge abnimmt, je mehr Fischotter in einem Raster nachgewiesen wurden.

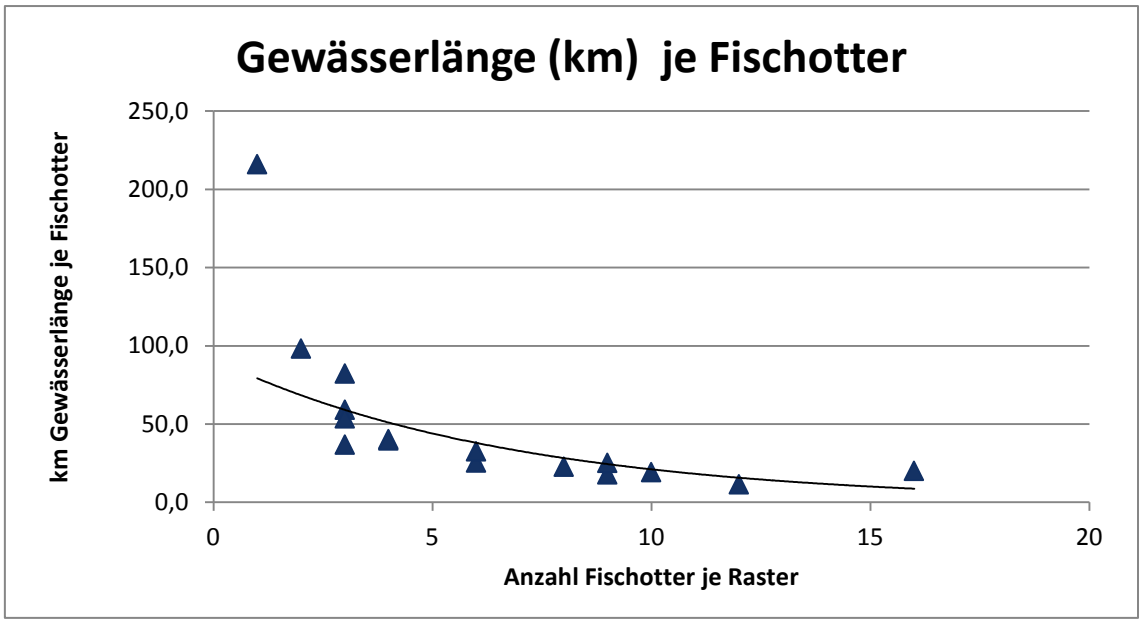


Abbildung 22: Zusammenhang zwischen Anzahl der Fischotter je Raster und rechnerisch ermittelter Gewässerlänge je Fischotter.

7 Nahrungsuntersuchung

7.1 Nahrungsspektrum in Niederbayern

Zur Bestimmung des Nahrungssprektrums des Fischotters im Untersuchungsgebiet wurden die Losungen, die in den intensiv beprobten Rastern für genetische Analysen gesammelt worden waren, von einem Spezialisten, Lukáš Polednik (ALKA Wildlife), auf identifizierbare Nahrungsreste hin untersucht. Hierfür musste ein Minimum an festen Bestandteilen der Nahrung wie Schuppen, Knochen oder Krebspanzerteile in einer Losung vorhanden sein, um das Ergebnis statistisch auswerten zu können. ADS (Analdrüsensekret)-Proben und Losungen, die fast ausschließlich aus Darmschleim oder weichem Gewebe bestanden, waren daher für diese Untersuchungen ungeeignet, wodurch sich die Anzahl der Proben, die zur Nahrungsanalyse weitergeleitet werden konnten, auf 285 reduzierte. Hiervon enthielten 60 Proben (21,1%) keine identifizierbaren Nahrungsbestandteile, so dass die Darstellung des Beutespektrums auf 225 Proben beruht.

Zur Bestimmung von Art und Anzahl an Beuteindividuen, die in einer Losung vertreten waren, wurden paarige und unpaarige Schädelstrukturen herangezogen: Maxilla, Praemaxilla, Operculum, Praeoperculum, Dentale, Vomer und Hyomandibulare. Die Beutetiere wurden anhand dieser Strukturen auf das genauest mögliche Taxon bestimmt, jedoch war eine Bestimmung auf Artniveau nicht in allen Fällen möglich. Bachforelle und Regenbogenforelle konnten mit dieser Methode zum Beispiel nicht differenziert werden und wurden in die Kategorie „Forellen“ zusammengefasst. In Tabelle 4 sind die Anzahl der auswertbaren Losungen und der Sammelzeitraum je Rasterfläche zusammengefasst.

Tabelle 4: Überblick über die Anzahl an auswertbaren Losungen für die Nahrungsanalyse und deren Sammeldatum. Insgesamt wurden 225 Proben aus 16 intensiv beprobten Rasterflächen ausgewertet.

Rasterfläche - Bereich	auswertbare Losungen	Sammelzeitraum
12 - Konzell	4	15.03. - 19.03. 2010
14 - Teisnach	4	20.04. - 24.04. 2010
16 - Ludwigsthal/Zwiesel	24	23.03. - 27.03. 2010
23 - Steinach	0	13.04. - 17.04. 2010
25 - Achslach	19	12.04. - 16.04. 2011
27 - Regen	27	10.01. - 13.01. / 25.01. - 27.01. 2011
42 - Deggendorf	6	15.03. - 18.03. 2010
44 - Eppenschlag	8	27.04. - 01.05. 2010
45 - Grafenau	19	14.03. - 17.03. / 05.04. - 08.04. 2011
46 - Mauth	15	23.03. - 26.03. 2010
60 - Schöllnach	13	20.03. - 24.03. 2011
62 - Perlesreuth	3	27.04. - 30.04. 2010
64 - Haidmühle/Neureichenau	32	11.04. - 15.04. 2011
78 - Eging a. See	41	27.03. - 31.03. 2011
80 - Waldkirchen/Büchlberg	7	20.04. - 23.04. 2010
98 - Untergriesbach	3	06.04. - 09.04. 2010

Die teilweise sehr geringe Anzahl auswertbarer Proben pro Rasterfläche lässt einen statistischen Vergleich bezüglich des Beutespektrums in den einzelnen Flächen nicht zu. Deshalb wurden die Ergebnisse der Nahrungsanalysen über die verschiedenen Rasterflächen aufsummiert und stellen somit eine Zusammenfassung aller auswertbaren Proben dar. Die individuellen Ergebnisse der intensiv beprobten Rasterflächen sind im Anhang 4 dargestellt. Aufgrund der teilweise sehr geringen Probenzahl sollten diese Ergebnisse jedoch nur qualitativ betrachtet werden, da anhand weniger Proben in der Regel nur ein Ausschnitt des genutzten Beutespektrums in einem Raster ermittelt werden kann.

Insgesamt wurden 379 Beuteindividuen bestimmt, davon waren 211 Fische (55,7%), wovon bei 186 zusätzlich die Größe bestimmt werden konnte und 168 (44,3%) andere Tiere.

Tabelle 5 und Abbildung 23 zeigen das Spektrum der in den Losungen identifizierten Tiergruppen bzw. -arten. Es dominierten deutlich drei Beutetierarten: Die am häufigsten gefressene Gruppe waren Froschlurche mit 38,5% (n = 146), gefolgt von Koppen mit 23,7% (n = 90) und Forellen mit 19,0% (n = 72). Die übrigen Beutetierarten waren zu weniger als 4 % in den analysierten Losungen vertreten.

Tabelle 5: Auflistung identifizierter Beutetiere mit zugehöriger Individuenzahl aus 225 Fischotterlosungen. Insgesamt konnten 379 verschiedene Beutetiere identifiziert werden.

Beutetier	Individuen	Anteil [%]	% ohne Insekten	Schonzeit
Fische	**211**	**55,7%**	**56,7%**	
Koppe (*Cottus sp.*)	90	23,7%		Keine
Forelle (*Salmonidae*)	72	19,0%		Ja
Cyprinide (*Cyprinidae*)	14	3,7%		Je nach Art
Aitel (*Leuciscus cephalus*)	9	2,4%		Keine
Gründling (*Gobio sp.*)	8	2,1%		Keine
Rotauge (*Rutilus rutilus*)	4	1,1%		Keine
Rutte (*Lota lota*)	3	0,8%		Ja
Bachschmerle (*Barbatula barbatula*)	3	0,8%		Keine
Rotfeder (*Scardinius erythrophtalmus*)	2	0,5%		Keine
Nase (*Chondrostoma nasus*)	2	0,5%		Ja
Flussbarsch (*Perca fluviatilis*)	2	0,5%		Keine
Kaulbarsch (*Gymnocephalus cernua*)	1	0,3%		Keine
Schneider (*Alburnoides bipunctatus*)	1	0,3%		Ganzjährig
Nicht Fische	**168**	**44,3%**	**43,3%**	
Froschlurch (*Anura*)	146	38,5%		
Flusskrebs (*Astacoidea*)	10	2,6%		
Säugetier (*Mammalia*)	4	1,1%		
Köcherfliegenlarve (*Trichoptera*)	3	0,8%		
Käfer (*Coleptera*)	2	0,5%		
Insekt (*Insecta*)	2	0,5%		
Vogel (*Aves*)	1	0,3%		

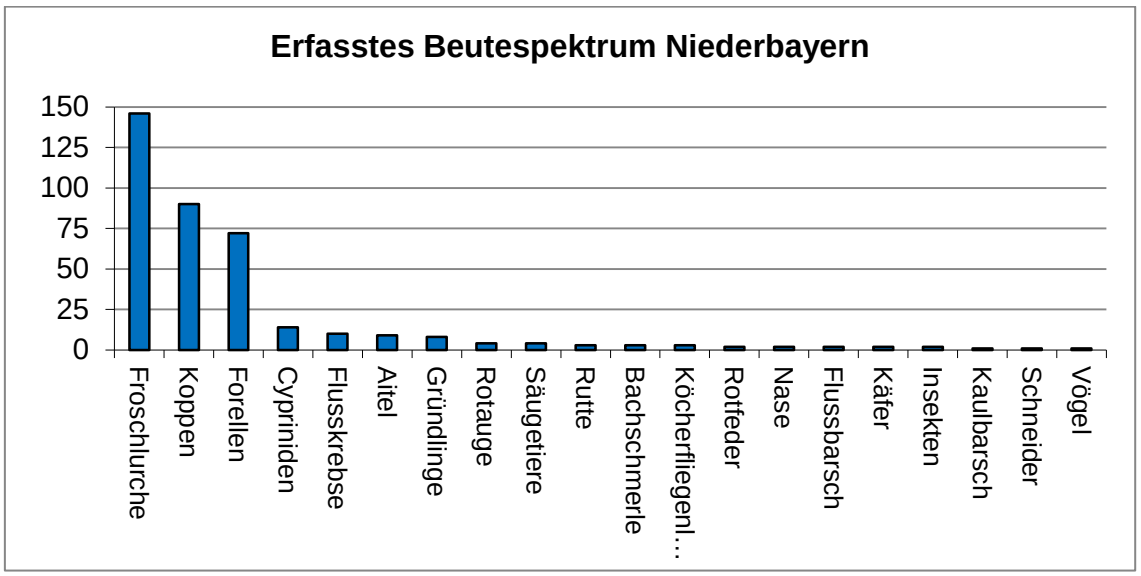


Abbildung 23: Beutespektrum des Fischotters in Niederbayern. Die Losungen wurden jeweils im Frühjahr 2010 und 2011 gesammelt. Basis: 225 Losungen aus 15 intensiv beprobten Rasterflächen.

Der hohe Anteil von Fröschen in der Nahrung des Fischotters ist auf den Sammelzeitraum im Frühjahr zurückzuführen und unterstreicht die opportunistische Nutzung von saisonal vermehrt auftretenden Beutetieren. Frösche gehören auch zu anderen Jahreszeiten zu seinem Nahrungsspektrum, wie die Auswertung für Oberfranken zeigt (siehe 7.2). Die opportunistische Ernährung wurde bereits in Arbeiten beschrieben, die das Nahrungsspektrum des Fischotters untersuchten, z.B. bei TAASTRØM und JACOBSEN 1999, LANSZKI und MOLNÁR 2003 oder BALTRŪNAITĖ 2006. Die Zusammensetzung des Beutespektrums in diesen Studien variierte zwischen verschiedenen Habitaten und je nach Jahreszeit teilweise beträchtlich. Amphibien konnten dabei z.B. zwischen 0% und 68% der aufgenommenen Biomasse ausmachen.

Die Koppe ist Beutetier des Fischotters und in seltenen Fällen sehr großer Forellen. Welcher Anteil an Koppen vom Fischotter direkt erbeutet wurde, ist dzt. nicht zu unterscheiden.

Der für den Bayerischen Wald untypische Kaulbarsch wurde in einer Losung im Raster 42 bei Deggendorf an der Donau gefunden. Dies kann als Hinweis gewertet werden, dass der Fischotter auch große Flüsse für die Jagd nutzt.

Die gefundenen Insektenüberreste sind vermutlich durch die vorherige Aufnahme durch Fische zu erklären. Berücksichtigt man die Insekten bei der Nahrung als Beuteindividuum nicht, erhöht sich der Anteil der Fische um einen Punkt auf 56,7% und der Anteil der Nicht-Fische erniedrigt sich um einen auf 43,3%.

In einzelnen Fällen konnten Überreste verschiedener Fischarten identifiziert werden, jedoch enthielten die entsprechenden Losungen keine der notwendigen Schädelknochen, um deren genaue Anzahl zu bestimmten. Um diese Information nicht zu vernachlässigen, sind in Tabelle 6: Durch Nahrungsanalysen identifizierte Beutetiere des Fischotters, deren Anzahl nicht bestimmt werden konnte, mit zugehöriger Rasterfläche aufgelistet.

Tabelle 6: Durch Nahrungsanalysen identifizierte Beutetiere des Fischotters, deren Anzahl nicht bestimmt werden konnte, mit zugehöriger Rasterfläche.

Rasterfläche	Nahrungsreste, bei denen keine Individuenzahl ermittelt werden konnte	Schonzeit
16	Schuppen der Äsche (*Thymallus thymallus*)	Ja
45	Schuppen der Äsche (*Thymallus thymallus*) Wirbelknochen des Aals (*Anguilla anguilla*)	Ja Keine
60	Wirbelknochen der Rutte (*Lota lota*)	Ja
64	Wirbelknochen der Rutte (*Lota lota*)	Ja
78	Wirbelknochen der Rutte (*Lota lota*) Schuppen des Hechts (*Esox lucius*)	Ja Ja

Betrachtet man die Fischarten und deren Schutzstatus ergibt sich für alle gefundenen Individuen (Tabelle 7), inklusive der in Tabelle 6 aufgeführten Arten folgendes Bild. Die in Tabelle 6 aufgeführten Arten wurden dabei je Art nur als ein Individuum gezählt:

Tabelle 7: Beutefische des Fischotters und deren Schutzstatus.

Rasterfläche	Nahrungsreste, bei denen keine Individuenzahl ermittelt werden konnte	Schonzeit
16	Schuppen der Äsche (*Thymallus thymallus*)	Ja
45	Schuppen der Äsche (*Thymallus thymallus*) Wirbelknochen des Aals (*Anguilla anguilla*)	Ja Keine
60	Wirbelknochen der Rutte (*Lota lota*)	Ja
64	Wirbelknochen der Rutte (*Lota lota*)	Ja
78	Wirbelknochen der Rutte (*Lota lota*) Schuppen des Hechts (*Esox lucius*)	Ja Ja

Der überwiegende Teil der Beutefische (Anzahl und Anteil) ist bei den Arten ohne Schonzeit zu finden.

7.2 Nahrungsspektrum in Oberfranken und der Oberpfalz

Bei der intensiven Suche im Raster der Oberpfalz wurden zu wenige Proben gefunden, um sie auswerten zu können.

Im Raster von Oberfranken, gesammelt im September 2011, konnten hingegen 16 Losungen ausgewertet werden. Ähnlich wie in Niederbayern konnte von einzelnen Beutetierarten nicht ermittelt werden, wie viele Individuen in einer Losung repräsentiert waren. Deshalb wurde insgesamt davon ausgegangen, dass es sich pro Losung jeweils nur um ein Individuum der Art handelte. Auf diese Weise wurden 19 Beuteindividuen identifiziert, davon 15 Fische und 4 Froschlurche (Abbildung 24). Die Häufigkeit der einzelnen Beutetierarten ist im Gegensatz zum Datensatz aus Niederbayern relativ ausgeglichen, jedoch können die Ergebnisse aus Oberfranken aufgrund der sehr viel niedrigeren Probenzahl nur einen Hinweis auf das dortige tatsächliche Beutespektrum geben und sind für eine quantitative Auswertung nicht ausreichend. Interessant ist, dass auch im Herbst die Frösche noch zum Beutespektrum gehören (Anteil Oberfranken 21%, gegenüber 38,5% in Niederbayern).

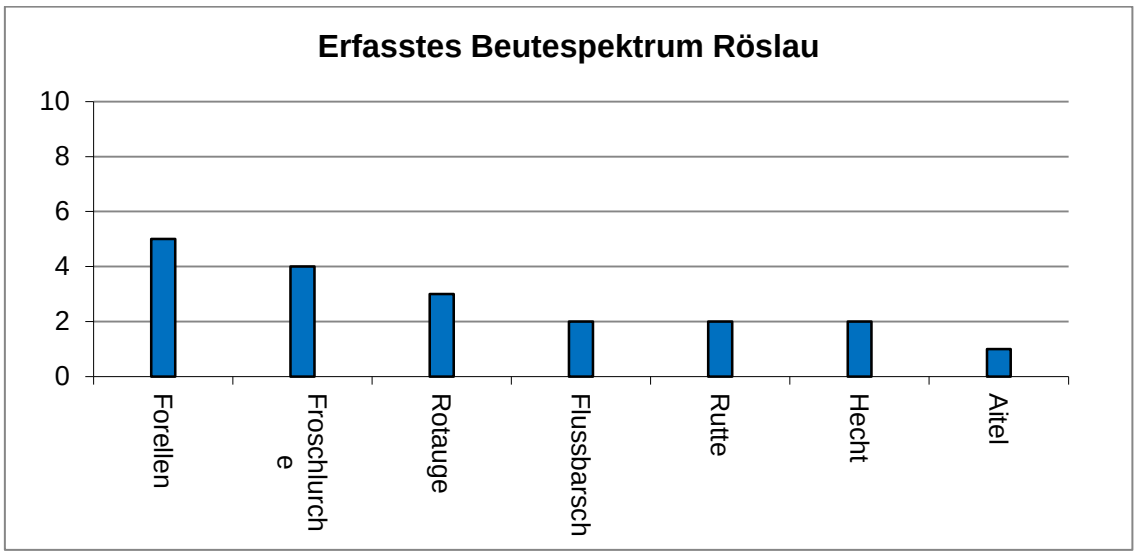


Abbildung 24: Beutespektrum des Fischotters in einer Rasterfläche in Oberfranken mit zugehörigen Individuenzahlen erbeuteter Tiere anhand von 16 Losungen. Die Losungen wurden im September 2011 gesammelt.

7.3 Größe der Beutetiere

Die Länge der identifizierten Beutefische aus Niederbayern wurde in Größenklassen zu 5 cm bestimmt (0-5 cm, 6-10 cm, usw.), indem sie mit Knochen derselben Spezies aus einer Referenzsammlung verglichen wurden. Die gefundenen Fischgrößen variierten zwischen 6 cm und 35 cm.

Die Verteilung der 186 vermessenen Fische auf die verschiedenen Größenklassen zeigt, dass kleine Fische (6-10 cm) am Häufigsten gefressen wurden (52,7%) und die jeweils höheren Größenklassen kontinuierlich seltener (Abbildung 25, Tabelle 8). 82% aller gefressenen Fische sind kleiner als 16 cm. Dies ist bei dem hohen Anteil an Koppen (88 Stück), die diese Größe maximal erreichen können nicht weiter verwunderlich. Von den 64 Forellen, die wesentlich größer werden können und deren Schonmaß bei 26 cm liegt, waren 59% kleiner als 16 cm, weitere 27% waren 16 - 20 cm groß. Nur eine übertraf das Schonmaß. Der andere große Fisch mit 31 – 35 cm war eine Rutte.

Diese Größenaufteilung spiegelt die bereits in der Literatur angegebene bevorzugte Größe der vom Fischotter gefressenen Fische recht gut wider.

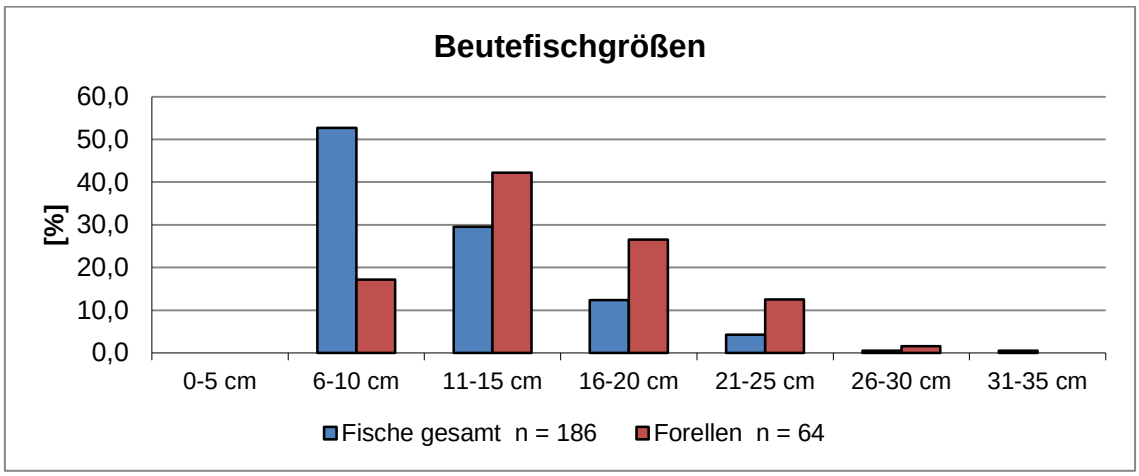


Abbildung 25: Größenverteilung aller vom Fischotter erbeuteten Fische (12 Arten) und die Verteilung bei den Forellen (Regenbogenforellen und Bachforellen).

Tabelle 8: Arten, Größenverteilung und Anzahl der im Fischotterkot nachgewiesenen Fische. Der Schneider ist ganzjährig geschont; Forelle, Nase und Rutte haben eine Schonzeit und ein Schonmaß; alle anderen aufgeführten Fische haben keine Schonzeit.

Größe	**0-5 cm**	**6-10 cm**	**11-15 cm**	**16-20 cm**	**21-25 cm**	**26-30 cm**	**31-35 cm**	**Anzahl**
Art								
Schneider		1						**1**
Aitel		2	5	2				**9**
Bachschmerle		3						**3**
Flussbarsch				2				**2**
Gründlinge		3	5					**8**
Kaulbarsch			1					**1**
Koppen		75	13					**88**
Rotauge		1	2	1				**4**
Rotfeder			2					**2**
Forellen		11	27	17	8	1		**64**
Nase		2						**2**
Rutte				1			1	**2**
Summe Größe	**0**	**98**	**55**	**23**	**8**	**1**	**1**	**186**
Anteil an der Größe								
Alle Arten		52,7%	29,6%	12,4%	4,3%	0,5%	0,5%	
als Summe		**53%**	**82%**	**95%**	**99%**	**99%**	**100%**	
Nur Forelle		17,2%	42,2%	26,6%	12,5%	1,6%	0,0%	
als Summe		**17%**	**59%**	**86%**	**98%**	**100%**	**100%**	

8 Schäden

8.1 Schäden in Niederbayern

Für den Bereich Niederbayern wurde im Jahre 2007 im Zuge des INTERREG-Projektes „Wildtier und Mensch im Dreiländereck Bayern - Tschechien - Österreich am Beispiel des Fischotters“ eine Befragung der Teichwirte und Fischereivereine durchgeführt. Die Ergebnisse sind im Abschlussbericht des INTERREG-Projektes „Wildtier und Mensch im Dreiländereck Bayern – Tschechien – Österreich am Beispiel des Fischotters“ dargestellt.

Die Befragung wurde damals anonym durchgeführt, so dass mit den damaligen Ergebnissen keine Verbindungen mit den Ergebnissen aus diesem Monitoring, z.B. den Fischotterzahlen, hergestellt werden können.

Die aufgetretenen Fischverluste wurden hauptsächlich dem Graureiher und dem Fischotter zugeschrieben, es wurden aber auch andere Fisch fressende Arten genannt. Der Fischotter wurde in 52% der Rückantworten der Teichwirte als Schadensverursacher angegeben.

Für ein Schadensmonitoring ist die eindeutige Zuordnung von Schadenshöhen zu den Verursachern nötig. Dies kann vielleicht im Einzelfall, jedoch nicht für einen größeren Bereich, wie dem Monitoringbereich, Niederbayern nördlich der Donau, durchgeführt werden. Aus diesem Grund wurde dieser Punkt für Niederbayern nicht weiter behandelt.

8.2 Schäden in der Oberpfalz und Oberfranken

Analog zur Schadenserhebung des INTERREG-Projekt: „Wildtier und Mensch im Dreiländereck Bayern – Tschechien - Österreich am Beispiel des Fischotters“, sollte eine Befragung der Teichwirte in der Oberpfalz und in Oberfranken durchgeführt werden.

Bei einer Vorbesprechung mit den Vorsitzenden der Teichgenossenschaften wurde klar, dass die Schadensschwerpunkte und Schadensverursacher nicht mit den Niederbayerischen Verhältnissen vergleichbar sind.

Haben wir es in Niederbayern überwiegend mit relativ kleinen Teichen zu tun, die optimal geeignet für den Besatz mit Salmoniden sind, prägen große Teiche bis hin zu Seenplatten, die überwiegend mit Karpfen besetzt sind, das Bild der Oberpfalz und Oberfrankens.

In diesen großen Teichen/Seen verursacht der Kormoran den meisten Schaden, gefolgt vom Graureiher. Der Fischotter tritt auch auf, sein Schadensschwerpunkt liegt aber eher in den Winterhälterungen.

Eine exakte Aufteilung des Schadens auf die einzelnen Schadensverursacher ist nicht mit hinreichender Genauigkeit zu erfassen. Aus diesem Grunde wurde auf eine Umfrage verzichtet.

9 Diskussion

9.1 Verbreitungskartierung und genetisches Monitoring

Wie bereits dargelegt, wurde im Rahmen der Verbreitungskartierung von der gängigen IUCN-Methode abgewichen, da uns das Vorkommen des Fischotters unabhängig von der Uferseite wichtig war und wir nur so auch eine entsprechende Anzahl von Kotproben zur genetischen Untersuchung bekommen konnten. Des Weiteren besteht die Möglichkeit, dass der am grünen Tisch festgelegte Suchpunkt ungeeignet oder trotz Eignung kein Nachweis zu finden ist.

Die Verbreitungskartierung zeigte, dass Niederbayern nördlich der Donau bis auf etwa drei Raster im Westen flächendeckend als vom Fischotter besiedelt gelten kann. Die Vermutung, dass in diesem Bereich flächig Nachweise des Fischotters (Kot und Analdrüsensekret) zu finden sind, konnte also bestätigt werden. Alle Nachweise der Artenschutzkartierung konnten durch die Verbreitungskartierung bestätigt und durch neue Fundstellen erweitert werden.

Auch in den beiden Rasterflächen bei Pfreimd (Oberpfalz) und Marktleuthen (Oberfranken) kommt der Fischotter vor, hier jedoch in wesentlich geringerer Dichte als in Niederbayern. Auf Grund der Häufigkeit der Kotfunde beim Monitoring dürfte es sich eher hier um Randbereiche der Population handeln.

Die in diesem Projekt errechneten Fischotterzahlen liegen über denen, die von PAN, bzw. auch im INTERREG-Projekt „Wildtier und Mensch im Dreiländereck Bayern - Tschechien - Österreich am Beispiel des Fischotters“ genannt wurden. Grund hierfür ist die damalige Datenbasis: zum einen die vermutete Anzahl von Fischottern je Einheit, die Herr Kranz für Österreich angenommen hatte und die für Bayern übernommen wurde, zum anderen die doch relativ kleinen Projektgebiete des INTERREG-Projekts in denen erste genetische Untersuchungen getätigt wurden. Zudem wurden bei der genetischen Auswertung des Kotes Fortschritte gemacht, so dass die Erfolgsrate insgesamt höher wurde und mehr Individuen genetisch nachgewiesen werden konnten. Wie die Ergebnisse aus den Rastern in der Oberpfalz und Oberfranken zeigen, können die hohen Bestandszahlen aus Niederbayern aber nicht auf ganz Ostbayern übertragen werden. Mit welcher Anzahl an Fischottern in Gebieten mit Karpfenteichwirtschaft letztendlich zu rechnen ist, sollte ein weiterführendes Projekt zeigen. Interessant sind dabei sicherlich die Dichten im Übergang von der Forellenteichwirtschaft zur Karpfenteichwirtschaft in der Oberpfalz.

Die in den einzelnen Rastern z.T. sehr hoch erscheinenden Zahlen beziehen sich auf die gesamte Fläche von 100 qkm und auf einen Zeitraum von 5 Tagen. In keinem einzigen Fall war ein einziger Fischotter alle Tage anwesend. Gleichwohl konnten in den Rastern in Niederbayern an jedem Tag frischer Fischotterkot eingesammelt werden. In den Rastern in der Oberpfalz und Oberfrankens war das an keinem bzw. nur an einem Tag möglich. Die Einschätzung der Otterzahlen, die allein vom Auffinden von frischer Fischotterlosung an verschiedenen Orten bei der

intensiven Suche abgegeben wurde, wurde durch die Ergebnisse der genetischen Analysen im Wesentlichen bestätigt.

Die Verteilung der genetisch abgesicherten Fundorte innerhalb eines Rasters zeigt, dass es neben der z. T. guten räumlichen Verteilung der Fischotter sehr wohl auch zu Konzentrationen an einzelnen Gewässerabschnitten kommen kann.

Die bei der Populationsstruktur festgestellten verwandtschaftlichen Unterschiede haben sich bereits im INTERREG-Projekt angedeutet, sollten jedoch in einem weiter gefassten Bereich beurteilt werden um Aussagen zu Genfluss und Wanderbewegungen machen zu können.

Um die Dichten, die für Niederbayern berechnet wurden mit anderen Gebieten vergleichen zu können, bieten sich neben dem rechnerischen Wert „Gewässerlänge je Fischotter“ noch andere Werte an:

„Anzahl Fischotter je 1.000 ha Gesamtfläche“ bzw. als Reziprokwert „ha Fläche je Fischotter“.

Dies ergibt für Niederbayern nördlich der Donau die in Tabelle 9 dargestellten Werte, denen zum Vergleich Werte aus anderen Bereichen der Bundesrepublik gegenübergestellt werden.

Tabelle 9: Vergleich der ermittelten Dichtekennwerte mit anderen Untersuchungen aus Deutschland.

Bereich	Anzahl Fischotter / 1.000 ha Fläche	ha Fläche / 1 Fischotter
Niederbayern - Nördlich der Donau	0,62	1.615
Niedersachsen - Südheide	0,17	6.000
Mecklenburg - Nossentiner Heide (Kalz)	1,60	612
Sachsen - Oberlausitz (Dissertation)	6,6 / 19,9 (als Schätzrahmen)	150 / 50
Sachsen - Oberlausitz (S. Lampa, mdl.)	55,7 / 78,7 (genetischer Nachweis)	17,9 / 12,7

Niedersachsen ist in dem angeführten Bereich nur von wenigen Gewässern durchzogen und wird erst seit ca. 15 Jahren wieder vom Fischotter besiedelt. Die Nossentiner Heide und die Oberlausitz sind dagegen sehr gewässerreich und wesentlich stärker mit Fischotter besiedelt als Niederbayern, nördlich der Donau.

9.2 Habitatkarte

Im INTERREG-Projekt: „Wildtier und Mensch im Dreiländereck Bayern - Tschechien - Österreich am Beispiel des Fischotters“ wurde eine Habitatkarte vorgestellt, die für den Fischotter günsti-

ge bzw. ungünstige Bereiche ausweist. Auf Grundlage dieser Habitatkarte wurde in einer Vorstudie untersucht, ob in vermeintlich günstigen Bereichen mehr Fischotter-Nachweise gefunden werden können als in ungünstigen. Dies hat sich nicht bestätigt. Aus diesem und weiteren, bereits in Kapitel 6 dargelegten Gründen, wurde die Habitatkarte nicht weiter für die Dichteabschätzung verwendet und stattdessen allein auf das Vorkommen von Fließgewässern als Habitatweiser abgestellt, da nur hierfür kartenmäßige Unterlagen vorliegen. Eine Korrelation der Anzahl genetisch nachgewiesener Fischotterindividuen mit der Länge der Fließgewässer konnte allerdings nicht festgestellt werden. Warum es z. T. sehr hohe Unterschiede zwischen den einzelnen Rastern der intensiven Suche gibt, ist derzeit noch unklar.

9.3 Nahrungsuntersuchung

Die in diesem Projekt erhobenen Daten zum Nahrungsspektrum des Fischotters können für einen Teilbereich mit den Ergebnissen aus dem vorangegangenen INTERREG – Projekt verglichen werden, da sich im Bereich des Großen Regens die Vergleichsgebiete überdecken. Die Sammelzeiträume für Kot unterschieden sich jedoch: Beim INTERREG-Projekt wurde einmal im Monat, über ein Jahr lang Kot gesammelt, während es in diesem Projekt nur an zwei Mal 5 Tagen im Frühjahr gesammelt wurde. Hauptsammelort im INTERREG-Projekt war in der Nähe des fischereilichen Lehr- und Beispielsbetrieb Lindbergmühle, während es in diesem Projekt die Brücken in den beiden Raster 16 und 27 waren. Dennoch bietet es sich an, die aktuellen Ergebnisse mit der Modellregion am Großen Regen zu vergleichen. Dafür standen 50 Proben aus dem INTERREG-Projekt zur Verfügung, die zwischen August 2006 und Juni 2007 gesammelt worden waren, und 51 Proben aus dem aktuellen Projekt, gesammelt in den Monaten März 2010 und Januar 2011.

Für das zweite Modellgebiet des INTERREG-Projektes, dem Großen Michelbach stand kein vergleichbares Raster zur Verfügung.

Abbildung 26 zeigt den Anteil einzelner Tierarten an der Summe aller identifizierten Beutetiere. Aus beiden Studien ergibt sich ein ähnliches Bild: Koppen (Cottus sp.), Forellen (Bachforellen und Regenbogenforellen) sowie Amphibien der Ordnung Froschlurche bilden deutlich die drei am häufigsten erbeuteten Beutetiere. Zusammengerechnet stellen sie 84,6 % aller erbeuteten Tiere im INTERREG-Projekt und 78,5 % im aktuellen Projekt. Die etwas unterschiedliche Verteilung der erbeuteten Tiere zwischen den beiden Studien kann auf mehrere Faktoren zurückgeführt werden: z.B. wichen Sammelzeitraum sowie -methode in den beiden Studien von einander ab.

Die Abbildung zeigt aber auch, dass die Koppe während des gesamten Jahres häufiger gefressen wird als die Forelle und die Forelle in den beiden Rastern im Frühjahr interessanter war.

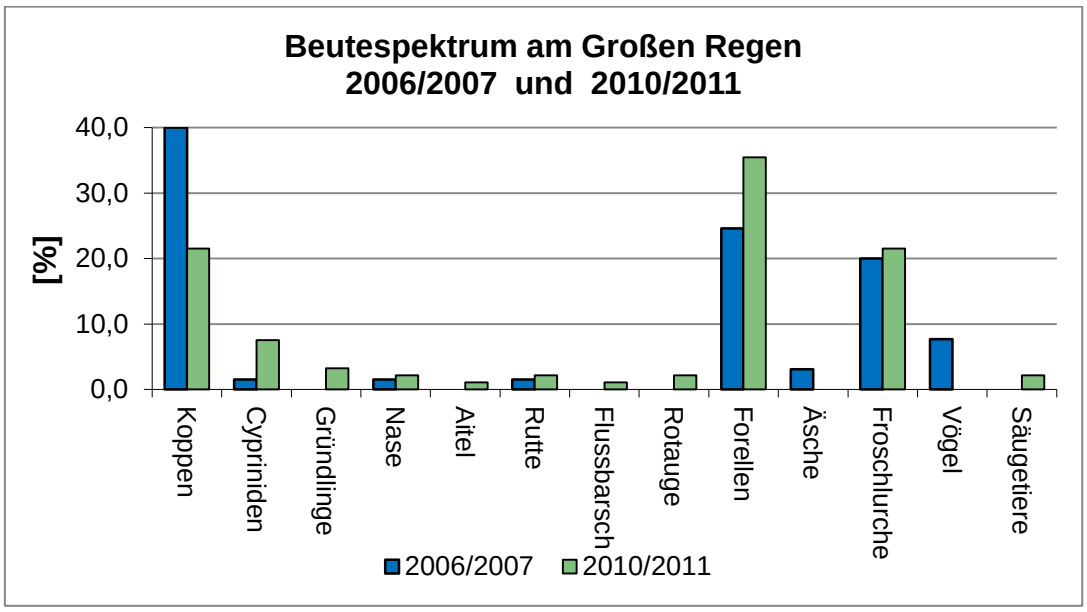


Abbildung 26: Vergleich der Verteilung identifizierter Beuteindividuen des Fischotters am Großen Regen anhand von Nahrungsresten aus Losungen während zweier Studien. Die Daten beruhen auf der Analyse von 50 Losungen (2006/2007), gesammelt an einem Probenpunkt während des INTERREG-Projektes „Wildtier und Mensch im Dreiländereck Bayern-Tschechien-Österreich am Beispiel des Fischotters“ (BAYERL et al. 2008) und 51 Losungen (2010/2011), gesammelt in den Rastern 16 und 27 während der vorliegenden Studie.

9.4 Schäden durch den Fischotter

In Bezug auf den Fischotter und sein Verhalten beim Beutemachen darf hier eine Anmerkung aus der Reusenfischerei in Seen Norddeutschland eingefügt werden: Als in Norddeutschland noch mit Reusen gefischt wurde, die nicht gegen das Eindringen von Fischotter gesichert waren, konnte folgendes festgestellt werden: Fischotter drangen hauptsächlich in Ufernähe in die Reusen ein und ertranken. Je weiter vom Ufer entfernt die Reusen ausgelegt waren, desto weniger Fischotter verfingen sich darin. Dies ist darauf zurückzuführen, dass die Fischdichte im Uferbereich der Seen höher ist und der Wasserkörper weniger tief, der Otter daher dort leichter Beute machen kann. (H.H. KRÜGER, Otterzentrum Hankensbüttel; Diss. SCHWERDTNER, Máñez Costa). Überträgt man dies auf die Regionen des Untersuchungsgebietes, bedeutet dies, dass er in den überwiegend kleinen und dichter besetzten Teichen des Bayerischen Waldes erfolgreicher Jagen kann als in den überwiegend wesentlich größeren Teichen der Oberpfalz und Oberfrankens. Allerdings sind diese Karpfenteiche ähnlich flach wie Forellenteiche und im Vergleich mit Seen immer noch relativ dicht besetzt.

Im Bayerischen Wald wären die kleineren Teiche leichter gegen Fischotter zu schützen, was aber einer Gesetzesänderung der Bauordnung bedürfte. Nach Art. 57 Abs. 1 Ziff.6b BayBO sind offene, sockellose Einfriedungen im Außenbereich nur für die berufsmäßige Binnenfischerei verfahrensfreie Bauvorhaben. Dadurch sollte es dem Bewirtschafter der Teiche dann leichter möglich sein, seine Teiche mit mobilen Zäunen und nur während der Besatzzeit zu schützen. Es wären auch andere Schutz- oder Abwehrmaßnahmen denkbar, die noch zu überprüfen wären.

Die im INTERREG Projekt angegebenen Schadenshöhen konnten nicht hinterfragt werden, da die Befragung anonym erfolgte. Wie die Schadenshöhe überprüft werden könnte, ist eine der Fragen des Fischottermanagementplanes. Um Aussagen zum Vorkommen einzelner Fischotter und deren Besuch an einzelnen oder auch mehreren örtlich zusammenhängenden Teichanlagen zu erhalten, würde sich ein Folgeprojekt anbieten. Dabei könnten mehrmals über das Jahr verteilt, jeweils während eines vorher bestimmten Zeitraums die gesamten Teiche eines Gebietes auf Anwesenheit des Fischotters kontrolliert und Kot eingesammelt werden, um daraus die Anzahl der Individuen zu bestimmen. Durch Videoaufnahmen könnten zudem weitere fischfressende Besucher der Teichanlage festgestellt werden. Der Mink, der u.a. auch Fische frisst, wurde z.B. in einem Raster in Niederbayern und in der Oberpfalz nachgewiesen.

10 Zusammenfassung

Aufbauend auf den Fortschritten der genetischen Analysen aus dem Vorgängerprojekt „Wildtier und Mensch im Dreiländereck Bayern - Tschechien - Österreich am Beispiel des Fischotters“ wurde im Bereich Niederbayern, nördlich der Donau mit einem Monitoringverfahren die Verbreitung des Fischotters untersucht. Dabei wurde das vermutete Ergebnis bestätigt, dass in diesem Bereich, bis auf einen sehr kleinen Teil im Westen, flächig Nachweise des Fischotters (Kot und Analdrüsensekret) zu finden sind. Die Fundmeldungen des Fischotters aus der Kartierung des LfU konnten an unseren Monitoringpunkten bestätigt und durch neue Fundstellen erweitert werden.

In 16 gleichmäßig über die Fläche Niederbayerns nördlich der Donau verteilten 10 x 10 km großen Rastern wurde 5 Tage lang an allen geeigneten Stellen nach frischen Ausscheidungen des Fischotters gesucht. Diese wurden eingesammelt und genetisch analysiert. In den einzelnen Rastern konnten zwischen einem und 16 Fischotterindividuen nachgewiesen werden, mit einem Durchschnittswert von 6,2 Individuen je Raster. Unterstellt man, dass dieser Wert auch den Durchschnitt für das gesamte Monitoringgebiet darstellt und die Lebensbedingungen für den Fischotter in diesem Raum identisch sind, sollten mindestens rund 240 Fischotter hier leben.

In den 16 Rastern war die Verteilung der genetisch nachgewiesenen Fischotter selten gleichmäßig. Zwei Drittel der Fischotter wurde nur ein Mal nachgewiesen und nur selten konnten an einem Kontrollpunkt während einer Nacht mehrere Fischotter nachgewiesen werden.

Dasselbe Monitoring wurde in je einem 10 x 10 km Raster in der Oberpfalz bei Pfreimd und in Oberfranken bei Röslau durchgeführt. Dabei wurde in der Oberpfalz kein frischer Kot der letzten Nacht während der fünf Tage gefunden. Trotzdem konnte aus älterem Kot ein männlicher Fischotter belegt werden. In Oberfranken konnten frische Ausscheidungen nur an einem Tag gesammelt werden. Diese stammten von einem männlichen und einem weiblichen Fischotter, die während einer Nacht eine Strecke von 10 km zurücklegten. Auf Grund der Fundhäufigkeit ist zu vermuten, dass beide Bereiche eher zu den Randbereichen der Verbreitung zählen.

Bei der Untersuchung der Populationsstruktur bestätigte sich das Ergebnis des INTERREG-Projektes, wonach es eine größere Spreitung in der Verwandtschaft gibt. Inwiefern diese jedoch auch bei Einbeziehung von Individuen aus angrenzenden Populationen und damit einem größeren Pool noch sichtbar ist, wäre zu untersuchen.

Die in diesem Projekt erhobenen Daten zum Nahrungsspektrum des Fischotters zeigten, dass Koppen (Cottus sp.), Forellen (Bachforellen und Regenbogenforellen) sowie Amphibien der Ordnung Froschlurche die mit Abstand am häufigsten erbeuteten Beutetiere darstellen. 82% aller gefressenen Fische waren dabei kleiner als 16 cm.

Mittels einer Habitatkarte, die lediglich die Länge der Fließgewässer je Raster berücksichtigt, wurde untersucht ob es Zusammenhänge zwischen den unterschiedlichen Längen der Fließgewässer (bzw. deren Anteilen an den Gewässerordnungen) und den Fischotterzahlen je Raster gibt. Dies ist zu verneinen.

Im Untersuchungsgebiet wird derzeit bei der Forellenteichwirtschaft überwiegend der Fischotter und bei der Karpfenteichwirtschaft überwiegend der Kormoran als Problem angesehen.

Das Schadensmonitoring wurde nicht weiter verfolgt, da es zwar für den Einzelfall machbar, auf der gesamten Fläche jedoch nicht durchführbar ist. Zudem können die verschiedenen Ursachen (bzw. Verursacher) fischereiwirtschaftlicher Schäden und deren Anteil am Schaden in vielen Fällen nicht klar voneinander abgegrenzt werden.

Für den weiteren Umgang mit dem Fischotter, insbesondere zur Konfliktminderung und zum Fischartenschutz ist es besonders wichtig folgende Themen auf Grundlage fundierter wissenschaftlicher Erkenntnisse im Rahmen von Projekten und weiteren Initiativen möglichst zeitnah und aktuell zu bearbeiten:

- Weiterentwicklung der Schadensabwehr bzw. -minimierung,
- Schadensfeststellung an Einzelfällen,
- Schadensmonitoring in einem begrenztem, zusammenhängenden Gebiet mit mehreren Teichen/Teichbesitzern,
- Monitoring zum Vorkommen des Fischotters in ganz Bayern, um einen Überblick über das dzt. Verbreitungsgebiet zu erhalten und um frühzeitig auf mögliche Konflikte reagieren zu können,
- Genetische Verwandtschaft der bayerischen Fischotter zu jenen Fischottervorkommen in grenznahen Gebieten in Tschechien und Österreich, lassen sich daraus Ausbreitungstendenzen ableiten?

11 Literatur

BALTRŪNAITĖ, L. (2006): Seasonal diet of the otter (Lutra lutra L.) in natural river ecosystems of sout-eastern Lithuania. Acta Zoologica Lithuanica 16 (2): 107-114

BAYERL, H.; FRIEDRICH, M.; LUDT, C.; SCHREIBER, R.; BECK, R., HAHN, N., CHLEBDA, N., KÜHN, R. (2008): Wildtier und Mensch im Dreiländereck Bayern – Tschechien – Österreich am Beispiel des Fischotters. Projektbericht 55 Seiten und Anhang.

DALLAS, J.F.; PIERTNEY, S.B. (1998). Microsatellite primers for the Eurasian otter. Molecular Ecology 7:1248-1251.

DALLAS, J.F., CARSS, D.N.; MARSHALL, F.; KOEPFLI, K.-P.; KRUUK, H.; PIERTNEY, S.B.; BACON, P.J. (2000): Sex identification of the Eurasian otter (Lutra lutra by PCR typing of spraints. Conservation Genetics 1:181-183.

DALLAS, J.F.; COXON, K.E.; SYKES, T.; CHANIN, P.R.F.; MARSHALL, F.A.; CARSS, D.N.; BACON, P.J.; PIERTNEY, S.B.; RACEY, P.A. (2003): Similar estimates of population genetic composition and sex ratio derived from carcasses and faeces of Eurasian otter Lutra lutra. Molecular Ecology 12:275-282.

HÁJKOVÁ, P.; PERTOLDI, C.; ZEMANNOVÁ, B.; ROCHE K.; HÁJEK, B.; BRYJA, J.; ZIMA, J. (2007): Genetic structure and evidence for recent population decline in Eurasian otter populations in the Czech and Slovak Republics: implications for conservation. Journal of Zoology 272:1-9.

HAUSKNECHT, R.; BAYERL, H.; GULA, R.; KUEHN, R. (2010): Application of Quantitative Real-Time Polymerase Chain Reaction for Noninvasive Genetic Monitoring. Journal of Wildlife Management 74(8):1904-1910.

HLÁVAČ, V.; TOMAN, A. (1993): Otter distribution and conservation in the Czech Republic. IUCN Otter Spec. Group Bull. 8:36-37.

JOMBART, T.; DEVILLARD, S.; BALLOUX, F. (2010): Discriminant analysis of principal components: a new method for the analyisis of genetically structured populations. BMC Genetics 11:94.

KALZ, B. (2005): Untersuchungen an freilebenden Fischottern im Naturpark Nossentiner / Schwinzer Heide (Mecklenburg-Vorpommern) Abschlussbericht 31.07.2005

LANSZKI, J.; MOLNÁR, T. (2003): Diet of otters living three different habitats in Hungary. Folia Zool. 52 (4): 378-388

MOWRY, R.A.; GOMPPER, M.E.; BERINGER, J.; EGGERT, L.S. (2011): River Otter Population Size Estimation Using Noninvasive Latrine Surveys. The Journal of Wildlife Management 75(7): 1625-1636.

MURPHY, M.A.; WAITS, L.P.; KENDALL, K.C. (2003): The influence of diet on faecal DNA amplification and sex identification in brown bears (Ursus arctos). Molecular Ecology 12: 2261-2265.

MURPHY, M.A.; KENDALL, K.C.; ROBINSON, A.; WAITS, L.P. (2007): The impact of time and field conditions on brown bear (Ursus arctos) faecal DNA amplification. Conservation genetics 8:1219-1224.

NAVIDI, W.; ARNHEIM, N.; WATERMAN, M.S. (1992): A multiple-tubes approach for accurate genotyping of very small DNA samples by using PCR: statistical considerations. The American Journal of Human Genetics 50: 347-359

PRIGIONI, C.; REMONTI, L.; BALESTRIERI, A.; SGROSSO, S.; PRIORE, G.; MUCCI, N.; RANDI, E. (2006): Estimation of European Otter (Lutra lutra) populatation size by fecal DNA typing in Southern Italy. Journal of Mammalogy 87(5): 855-858.

SCHWERDTNER MÁÑEZ COSTA, K. (2008): Zur Umsetzung von Artenschutz: Eine ökologisch-ökonomische Analyse. Dissertation Universität Halle

TAASTRØM, H.M.; JACOBSEN, L. (1999): The diet of otters (Lutra lutra) in Danish freshwater habitats: comparisons of prey fish populations. J. Zool., Lond. 248: 1-13

TABERLET, P.; GRIFFIN, S.; GOOSSENS, B.; QUESTIAU, S.; MANCEAU, V.; ESCARAVAGE, N.; WAITS, L.P.; BOUVET, J. (1996): Reliable genotyping of samples with very DNA quantities using PCR. Nucleic Acids Research 24:3189-3194.

UFZ-NEWSLETTER (2008) Zum Glück nicht stubenrein (PM) *http://www.eurekalert.org/pub_releases_ml/2008-06/aaft-w060508.php*

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

WILBERG, M.J.; DREHER, B.P. (2004): GENECAP: a program for analysis of multilocus genotype data for non-invasive sampling and capture-recapture population estimation. Molecular Ecology Notes 4:783-785.

12 Anhang

Anhang 1: Anzahl gesammelter Fischotter-Proben (Losungen und ADS-Proben) je untersuchter Rasterfläche während der Verbreitungskartierung sowie Ergebnisse und Erfolgsraten dieser Proben bei Artbestimmung und Individuenbestimmung. Dargestellt sind die Ergebnisse aus 31 Rasterflächen Niederbayerns nördlich der Donau (01 - 97) und Simbach a. Inn (Simbach). Gesamt (V) fasst die Ergebnisse aller Proben der Verbreitungskartierung zusammen.

Raster - extensive Suche	frische Proben	Artbestimmung						Individuenbestimmung		
		Fischotter	Mink	sonstige	nicht aus-wertbar	Erfolgsrate [%]		auswertbar	Erfolgsrate bzgl. gesammelte Proben [%]	Erfolgsrate bzgl. Fischotter-Proben [%]
01	0	-	-	-	-	-		-	-	
02	2	2	0	0	0	100,0		1	50,0	50,0
03	1	1	0	0	0	100,0		1	100,0	100,0
04	0	-	-	-	-	-		-	-	-
05	0	-	-	-	-	-		-	-	-
06	0	-	-	-	-	-		-	-	-
10	0	-	-	-	-	-		-	-	-
11	0	-	-	-	-	-		-	-	-
13	0	-	-	-	-	-		-	-	-
14	1	1	0	0	0	100,0		1	100,0	100,0
15	1	1	0	0	0	100,0		0	0,0	0,0
17	0	-	-	-	-	-		-	-	-
22	0	-	-	-	-	-		-	-	-
24	2	2	0	0	0	100,0		2	100,0	100,0
25	0	-	-	-	-	-		-	-	-
28	1	1	-	-	-	100,0		0	0,0	0,0
29	3	2	0	0	1	66,7		1	33,3	50,0
30	0	-	-	-	-	-		-	-	-
38	0	-	-	-	-	-		-	-	-
39	0	-	-	-	-	-		-	-	-
40	0	-	-	-	-	-		-	-	-
41	5	5	0	0	0	100,0		3	60,0	60,0
58	2	2	0	0	0	100,0		1	50,0	50,0
59	1	1	0	0	0	100,0		1	100,0	100,0
60	2	2	0	0	0	100,0		1	50,0	50,0
63	1	1	0	0	0	100,0		0	0,0	0,0
64	1	1	0	0	0	100,0		1	100,0	100,0
65	3	3	0	0	0	100,0		1	33,3	33,3
78	2	2	0	0	0	100,0		2	100,0	100,0
79	1	1	0	0	0	100,0		1	100,0	100,0
97	4	4	0	0	0	100,0		1	25,0	25,0
Simbach	4	3	0	0	1	75,0		2	50,0	66,7
Gesamt (V)	**37**	**35**	**0**	**0**	**2**	**94,6**		**20**	**54,1**	**57,1**

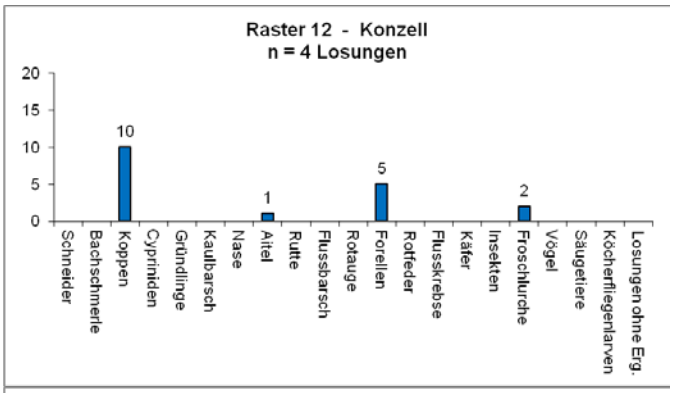
Anhang 2: Anzahl gesammelter Fischotter-Proben (Losungen und ADS-Proben) je untersuchter Rasterfläche während der Intensivsuche sowie Ergebnisse und Erfolgsraten dieser Proben bei Artbestimmung und Individuenbestimmung. Gesamt (I) fasst die Ergebnisse aller Proben der Intensivsuche zusammen, und Gesamt (I+V) die Ergebnisse der Intensivsuche plus Verbreitungskartierung.

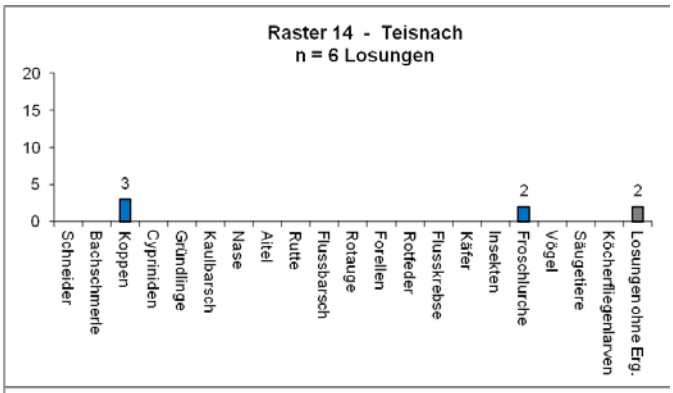
Raster - Intensive Suche	frische Proben	Artbestimmung						Individuenbestimmung		
		Fischotter	Mink	sonstige	nicht auswertbar	Erfolgsrate [%]		auswertbar	Erfolgsrate bzgl. gesammelte Proben [%]	Erfolgsrate bzgl. Fischotter-Proben [%]
12	9	9	0	0	0	100,0		8	88,9	88,9
14	25	19	0	0	6	76,0		17	68,0	89,5
16	43	38	0	0	5	88,4		24	55,8	63,1
23	12	7	0	0	5	58,3		4	33,3	57,1
25	20	20	0	0	0	100,0		4	20,0	20,0
27	53	51	0	0	2	96,2		26	49,1	51,0
42	15	13	0	0	2	86,7		12	80,0	92,3
44	17	13	1	0	3	82,4		11	68,8	84,6
45	33	27	0	0	6	81,8		9	27,3	33,3
46	28	25	0	0	3	89,3		15	53,6	60,0
60	20	19	0	0	1	95,0		4	20,0	21,1
62	4	4	0	0	0	100,0		4	100,0	100,0
64	64	57	0	0	7	89,1		17	26,6	29,8
78	68	56	0	0	12	82,4		19	27,9	33,9
80	13	7	0	0	6	53,8		7	53,8	100,0
98	7	4	0	0	3	57,1		4	57,1	100,0
Opf	5	2	1	2	0	100,0		2	100,0	100,0
Ofr	39	24	0	11	4	89,7		3	10,7	12,5
Gesamt (I)	**475**	**395**	**2**	**13**	**65**	**86,3**		**190**	**41,3**	**48,1**
Gesamt (V)	**37**	**35**	**0**	**0**	**2**	**94,6**		**20**	**54,1**	**57,1**
Gesamt (I+V)	**512**	**430**	**2**	**13**	**67**	**86,9**		**210**	**42,3**	**48,8**

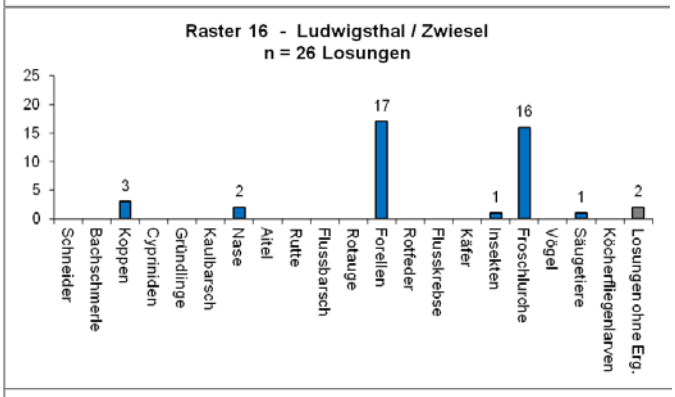
Anhang 3: Anzahl durchgeführter PCRs (LA), Anzahl davon erfolgreicher PCRs (PL) und Anteil erfolgreicher PCRs (%) für 11 Mikrosatelliten (Lut435 - Lut833). Dargestellt sind die Ergebnisse von 343 Fischotterlosungen aus Niederbayern (Raster 12 – 98, Simbach), Oberpfalz (Opf) und Oberfranken (Ofr) während der Intensivsuche (i) und Verbreitungskartierung (S).

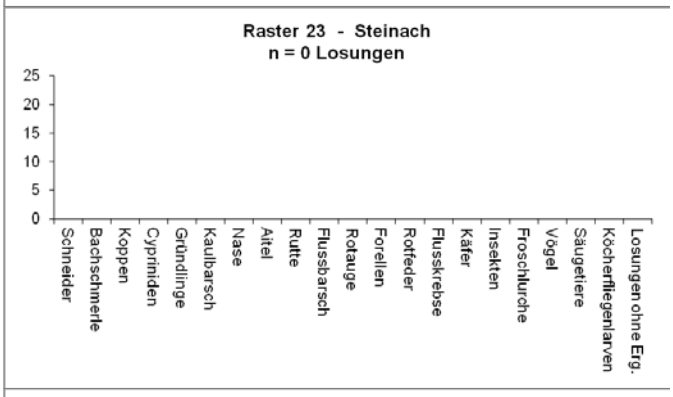
Loci		435			453			457			604			615			701			715			717			733			832			833			Summe		
		LA	PL	%	LA	PL	%	LA	PL	%	LA	PL	%	LA	PL	%	LA	PL	%	LA	PL	%	LA	PL	%	LA	PL	%	LA	PL	%	LA	PL	%	LA	PL	%
Raster	Suche																																				
12	i	37	31	84	37	28	76	37	22	59	37	28	76	39	21	54	39	24	62	41	25	61	39	25	64	41	29	71	41	26	63	39	31	79	427	290	68
14	i	80	65	81	78	58	74	76	54	71	78	55	71	76	46	61	80	49	61	82	52	63	76	52	68	78	53	68	82	61	74	80	57	71	866	602	70
16	i	138	109	79	130	94	72	142	96	68	128	92	72	144	77	53	146	94	64	140	81	58	146	96	66	134	92	69	138	92	67	146	103	71	1.532	1.026	67
23	i	26	15	58	27	14	52	26	13	50	31	21	68	28	13	46	28	14	50	31	13	42	30	19	63	29	13	45	29	14	48	30	19	63	315	168	53
25	i	34	18	53	45	22	49	34	16	47	45	24	53	39	20	51	38	15	39	45	20	44	34	18	53	45	26	58	45	21	47	34	18	53	438	218	50
27	i	189	137	72	184	127	69	189	122	65	184	128	70	189	109	58	189	115	61	184	109	59	189	112	59	184	114	62	184	112	61	189	128	68	2.054	1.313	64
42	i	52	44	85	52	46	88	50	35	70	56	46	82	54	34	63	54	33	61	60	39	65	54	33	61	54	41	76	60	43	72	52	38	73	598	432	72
44	i	50	45	90	52	46	88	56	45	80	50	38	76	50	37	74	56	41	73	52	40	77	58	42	72	50	33	66	52	42	81	58	48	83	584	457	78
45	i	79	44	56	84	51	61	79	41	52	84	49	58	79	30	38	79	44	56	84	38	45	79	30	38	84	46	55	84	44	52	79	32	41	894	449	50
46	i	99	65	66	99	70	71	99	59	60	101	75	74	109	55	50	109	59	54	103	49	48	109	60	55	101	62	61	103	57	55	106	72	68	1.138	683	60
60	i	36	19	53	36	24	67	36	20	56	36	21	58	36	14	39	36	15	42	36	15	42	36	17	47	36	21	58	36	17	47	36	16	44	396	199	50
62	i	24	20	83	26	25	96	24	9	38	24	14	58	26	7	27	26	11	42	26	12	46	26	14	54	24	10	42	26	22	85	26	18	69	278	162	58
64	i	103	80	78	102	76	75	103	69	67	102	85	83	103	66	64	103	64	62	102	66	65	103	63	61	102	74	73	102	72	71	103	74	72	1.128	789	70
78	i	220	160	73	210	132	63	220	112	51	210	149	71	220	73	33	220	78	35	210	89	42	220	90	41	210	112	53	210	103	49	220	117	53	2.370	1.215	51
80	i	30	29	97	28	27	96	28	24	86	26	19	73	32	18	56	32	19	59	30	21	70	32	24	75	28	24	86	28	22	79	30	27	90	324	254	78
98	i	16	15	94	12	12	100	16	15	94	12	12	100	14	13	93	12	11	92	12	12	100	14	13	93	12	12	100	12	12	100	16	15	94	148	142	96
Opf	i	10	7	70	10	8	80	10	8	80	10	6	60	10	3	30	10	8	80	10	6	60	10	5	50	10	4	40	10	8	80	10	6	60	110	69	63
Ofr	i	36	22	61	76	26	34	36	19	53	76	25	33	36	17	47	36	14	39	76	19	25	36	14	39	76	21	28	76	25	33	36	10	28	596	212	36
02	S	3	3	100	3	3	100	3	3	100	3	3	100	3	3	100	3	3	100	3	3	100	3	3	100	3	3	100	3	3	100	3	3	100	33	33	100
03	S	5	5	100	3	3	100	5	5	100	5	5	100	5	5	100	3	3	100	5	5	100	3	3	100	3	3	100	5	5	100	5	5	100	47	47	100
14	S	6	6	100	6	3	50	6	3	50	6	3	50	6	2	33	6	2	33	6	2	33	6	0	0	6	3	50	6	1	17	6	3	50	66	28	42
24	S	10	8	80	6	5	83	8	8	100	8	8	100	12	8	67	12	9	75	10	8	80	12	10	83	8	8	100	10	10	100	10	10	100	106	92	87
28	s	3	3	100	3	1	33	3	1	33	3	2	67	3	3	100	3	0	0	3	0	0	3	0	0	3	1	33	3	1	33	3	0	0	33	12	36
29	S	8	6	75	10	9	90	8	3	38	10	9	90	8	3	38	8	3	38	10	7	70	8	4	50	10	7	70	10	7	70	8	3	38	98	61	62
41	S	24	14	58	25	13	52	24	12	50	25	13	52	24	12	50	22	7	32	27	14	52	22	8	36	27	9	33	27	10	37	24	13	54	271	125	46
58	S	9	4	44	9	4	44	9	4	44	9	2	22	9	1	11	9	1	11	9	2	22	9	2	22	9	3	33	9	1	11	9	3	33	99	27	27
59	S	3	3	100	3	2	67	3	3	100	5	5	100	5	5	100	5	5	100	5	4	80	5	3	60	5	5	100	5	5	100	5	4	80	49	44	90
60	S	9	8	89	9	3	33	9	2	22	9	2	22	9	2	22	9	4	44	9	3	33	9	0	0	9	6	67	9	0	0	9	4	44	99	34	34
63	S	3	2	67	3	3	100	3	0	0	3	1	33	3	0	0	3	0	0	3	0	0	3	0	0	3	0	0	3	2	67	3	0	0	33	8	24
64	S	5	5	100	3	3	100	3	3	100	3	3	100	3	3	100	5	5	100	3	3	100	3	3	100	3	3	100	3	3	100	5	5	100	39	39	100
78	S	8	8	100	8	8	100	8	7	88	6	6	100	8	8	100	6	6	100	8	7	88	6	6	100	6	6	100	8	8	100	8	8	100	80	78	98
79	S	3	3	100	5	5	100	5	3	60	3	3	100	5	4	80	5	5	100	5	3	60	5	2	40	3	3	100	5	5	100	3	3	100	47	39	83
97	S	12	3	25	12	4	33	12	4	33	12	5	42	12	3	25	12	6	50	12	4	33	12	4	33	12	4	33	12	4	33	12	8	67	132	49	37
Simbach	S	16	9	56	16	12	75	16	10	63	16	9	56	16	6	38	16	8	50	16	6	38	16	11	69	16	7	44	16	8	50	16	7	44	176	93	53
Summe		**1.386**	**1.015**	**73**	**1.412**	**967**	**68**	**1.386**	**850**	**61**	**1.416**	**966**	**68**	**1.415**	**721**	**51**	**1.420**	**775**	**55**	**1.458**	**777**	**53**	**1.416**	**786**	**56**	**1.424**	**858**	**60**	**1.452**	**866**	**60**	**1.419**	**908**	**64**	**15.604**	**9.489**	**61**

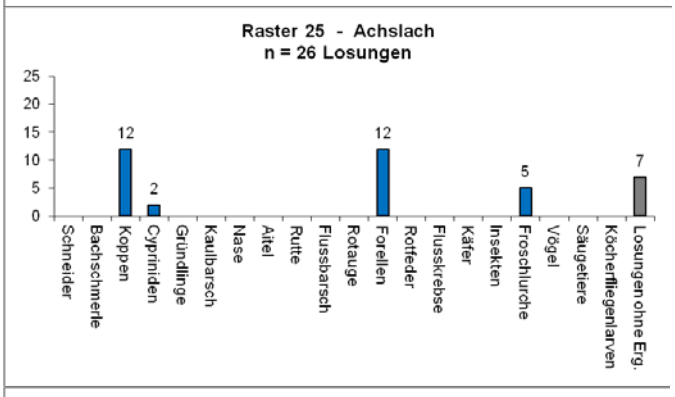
Anhang 4: Anzahl untersuchter Losungen und daraus identifizierter Beuteindividuen aus 15 intensiv beprobten Rasterflächen. Die Kategorie „Losungen ohne Erg.(ebnis)“ gibt die Anzahl an Losungen pro Raster an, die untersucht wurden, jedoch keine identifizierbaren Nahrungsreste enthielten.

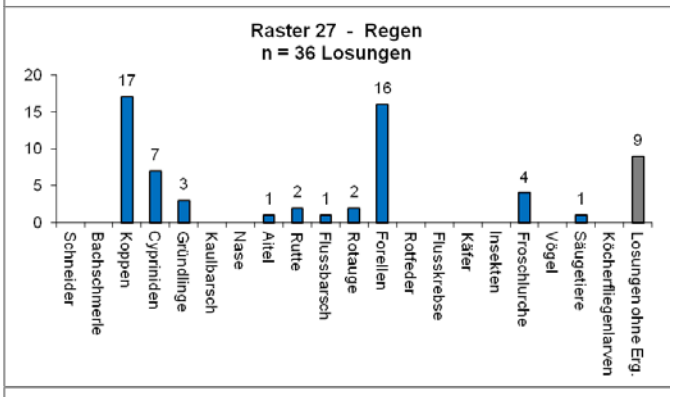


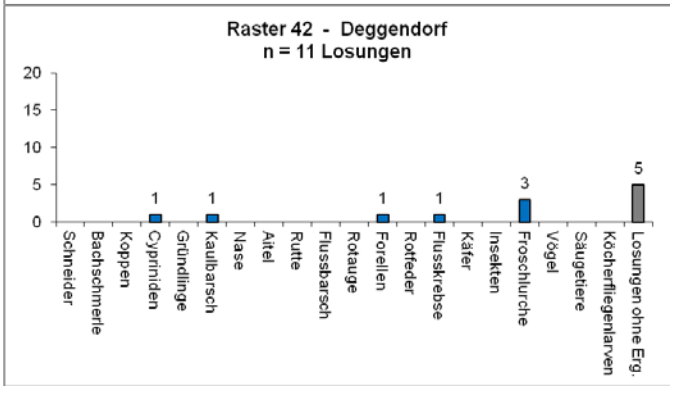


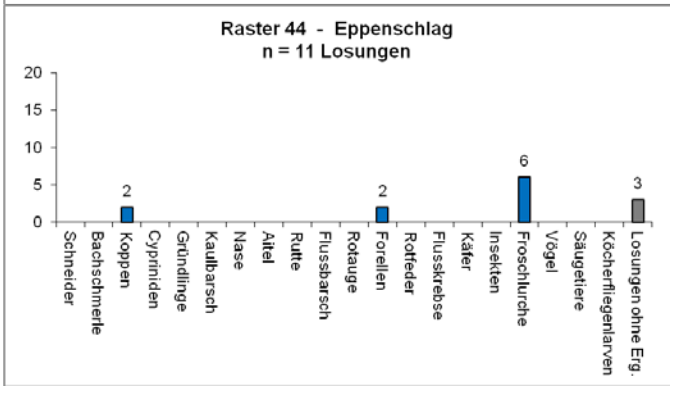


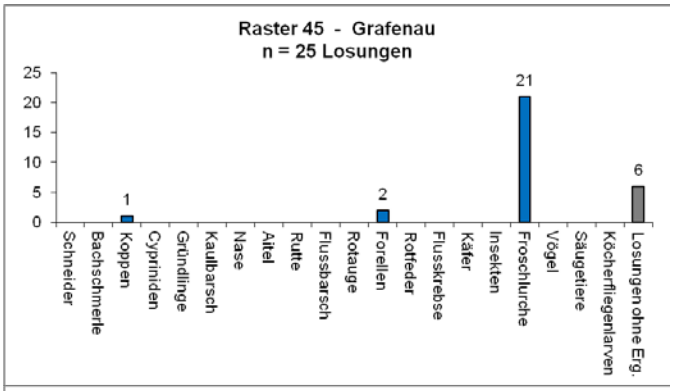


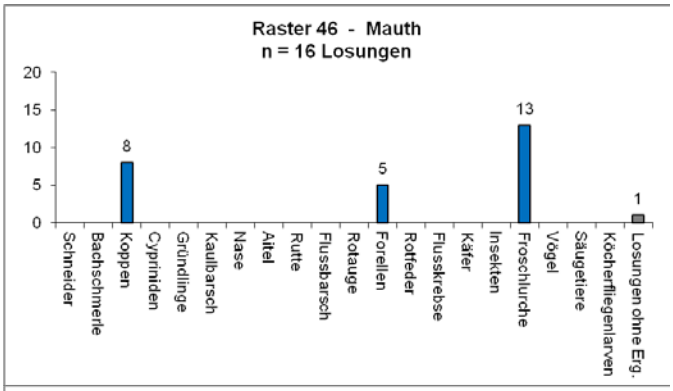


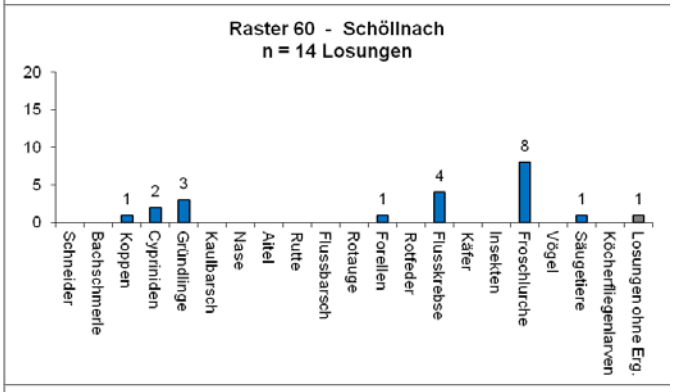


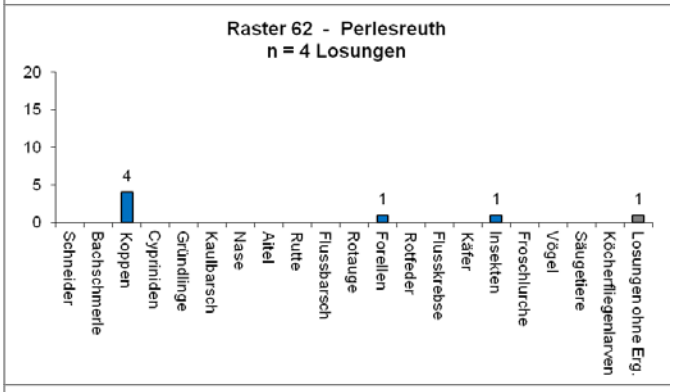


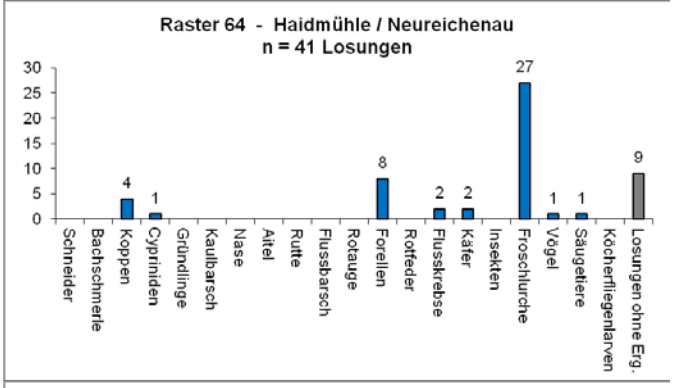


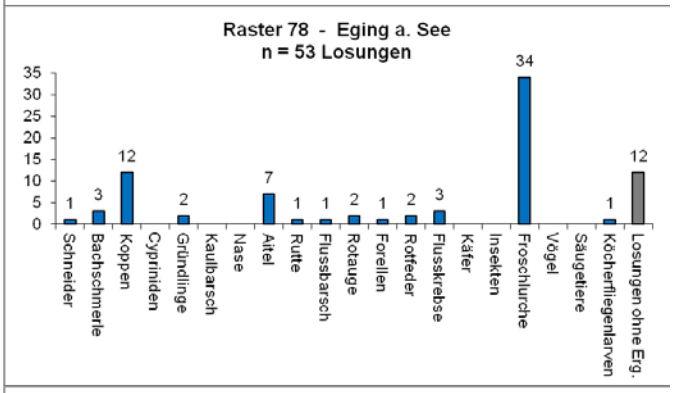

Raster 45 - Grafenau
n = 25 Losungen
Schneider
Bachschmerle
Koppen
Cypriniden
Gründlinge
Kaulbarsch
Nase
Aitel
Rutte
Flussbarsch
Rotauge
Forellen
Rotfeder
Flusskrebse
Käfer
Insekten
Froschlurche
Vögel
Säugetiere
Köcherfliegenlarven
Losungen ohne Erg.
1
2
21
6

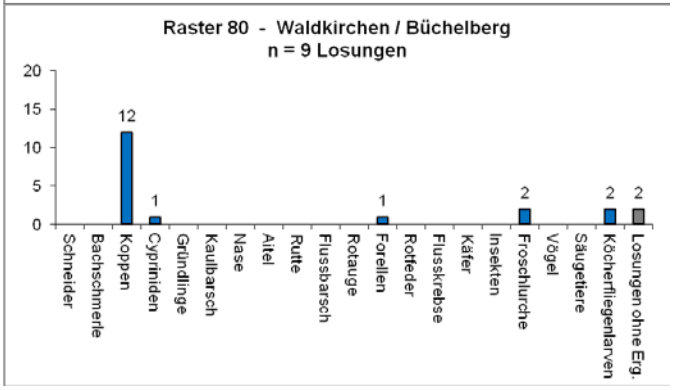

Raster 46 - Mauth
n = 16 Losungen
Koppen
Forellen
Froschlurche
Losungen ohne Erg.
8
5
13
1

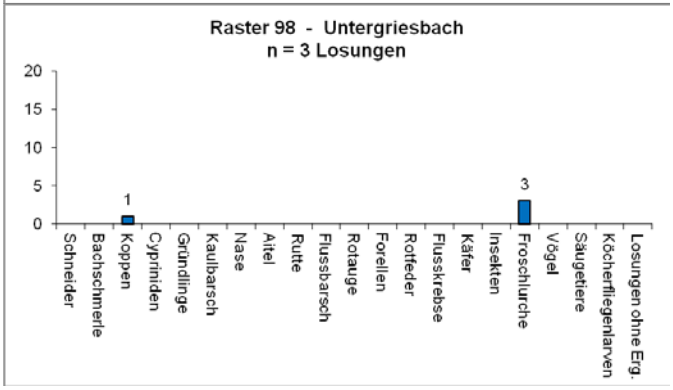

Raster 60 - Schöllnach
n = 14 Losungen
Koppen
Cypriniden
Gründlinge
Forellen
Flusskrebse
Froschlurche
Säugetiere
Losungen ohne Erg.
1
2
3
1
4
8
1
1


Raster 62 - Perlesreuth
n = 4 Losungen
Koppen
Forellen
Insekten
Losungen ohne Erg.
4
1
1
1


Raster 64 - Haidmühle / Neureichenau
n = 41 Losungen
Koppen
Cypriniden
Forellen
Flusskrebse
Käfer
Froschlurche
Vögel
Säugetiere
Losungen ohne Erg.
4
1
8
2
2
27
1
1
9


Raster 78 - Eging a. See
n = 53 Losungen
Schneider
Bachschmerle
Koppen
Gründlinge
Aitel
Rutte
Flussbarsch
Rotauge
Forellen
Rotfeder
Flusskrebse
Insekten
Froschlurche
Köcherfliegenlarven
Losungen ohne Erg.
1
3
12
2
7
1
1
2
1
2
3
1
34
12


Raster 80 - Waldkirchen / Büchelberg
n = 9 Losungen
Koppen
Cypriniden
Forellen
Froschlurche
Köcherfliegenlarven
Losungen ohne Erg.
12
1
1
2
2
2


Raster 98 - Untergriesbach
n = 3 Losungen
Koppen
Froschlurche
1
3