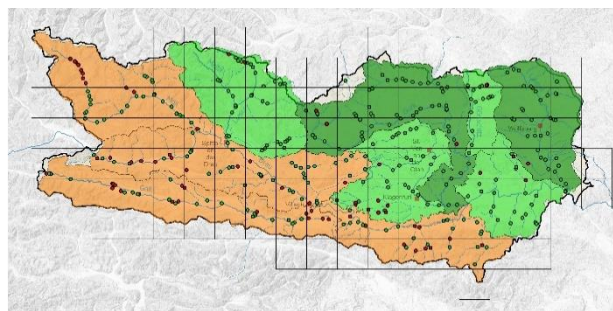
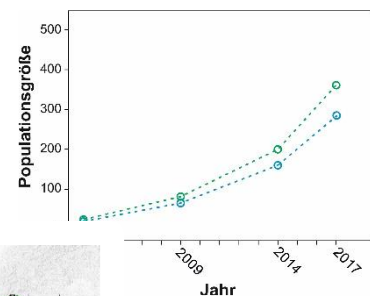


Genetische Untersuchungen der Populationsgröße des Eurasischen Fischotters in den Kärntner Fischgewässern

Endbericht



Tamara Schenekar & Steven Weiss

Graz, Januar 2018

Genetische Untersuchungen der Populationsgröße des Eurasischen Fischotters in den Kärntner Fischgewässern

Endbericht

Auftraggeber:

Amt der Kärntner Landesregierung
Abteilung 10 - Land- und Forstwirtschaft, Unterabteilung Agrarrecht
Mießtaler Straße 1
9021 Klagenfurt am Wörthersee
Tel: +43-50-536-11401
Fax: +43-50-536-11400

Autoren:

Tamara Schenekar, Dr. rer. nat.
Institut für Zoologie
Karl-Franzens Universität Graz
Universitätsplatz 2
A-8010 Graz
Tel: +43-316-380-3979
E-Mail: tamara.schenekar@uni-graz.at

Steven Weiss, Assoc. Prof Dr.
Institut für Zoologie
Karl-Franzens Universität Graz
Universitätsplatz 2
A-8010 Graz
Tel: +43-316-380-5599
Fax: +43-376-380-9875
E-Mail: steven.weiss@uni-graz.at

Januar 2018

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

Abbildungen des Deckblatts:

- 1) Chanonry. Eurasian otter (*Lutra lutra*) seen in on the Isle of Mull in Scotland./Shutterstock.com. 26. Januar 2018.
- 2) DNA Extraktion aus Fischotter Kotproben. Dieser Bericht, Abbildung 8.
- 3) Entwicklung der Populationsgrößenschätzungen des Fischotters in Kärnten. Dieser Bericht, Abbildung 24.
- 4) Durchschnittliche Losungsdichte in den einzelnen Einzugsgebieten an den 378 vordefinierten Begehungsbrücken. Dieser Bericht, Abbildung 16.

Inhaltsverzeichnis

Danksagung	4
Kurzfassung.....	5
1. Einleitung	6
1.1 Entwicklung der Fischotterpopulationen in Österreich und Kärnten	6
1.2 Zu den Methoden der Fischotterbestandserhebungen	11
1.3 Projektziele.....	12
2. Material & Methodik	14
2.1 Genetische Analysen zur Bestandsschätzung des Fischotters.....	14
2.2 Felderhebungen	15
2.3 Intensivere Beprobungen an der Lieser	16
2.4 Genetische Analysen.....	16
2.5 Auswertung Räumliche Analysen.....	20
2.6 Auswertung Bestandsschätzung	21
2.7 Losungszählungen an der Raba.....	22
3. Ergebnisse	24
3.1 Brückenbegehungen	24
3.2 Ergebnisse der Brückenbegehungen in den einzelnen Einzugsgebiete	28
3.3 Zusätzliche Begehungen an der Lieser.....	29
3.4 Weitere Nachweise von Fischottervorkommen	30
3.5 Verbreitung gesamt	31
3.6 Genetische Untersuchungen.....	32
3.6.1 Anzahl und Verteilung der Genetikproben.....	32
3.6.2 Anzahl an identifizierten Individuen und genetische Variabilität des Datensatzes.	33
3.6.3 Wiederfänge derselben Tiere.....	35
3.6.4 Verwandtschaftsanalysen.....	37
3.6.5 Bestandsschätzung	37
3.6.6 Sequenzierungen des Cytochrom B Gens	40
3.7 Losungszählungen an der Raba.....	41

4. Diskussion der Ergebnisse	43
4.1 Entwicklung der Verbreitung & Losungsdichte des Fischotters in Kärnten	43
4.2 Schätzungen der Populationsgröße des Fischotters in Kärnten	44
4.3 Populationsstruktur und Geschlechterverhältnis der Fischotterpopulation.....	46
4.4 Ausblick	47
5. Literatur	49

Danksagung

Dieses Projekt wurde vom Amt der Kärntner Landesregierung Abteilung 10 - Land- und Forstwirtschaft, Unterabteilung Agrarrecht in Auftrag gegeben, bei welcher wir uns hiermit bedanken möchten. Zusätzlich bedanken wir uns allen voran bei Mag. Thomas Friedl für die unkomplizierte und produktive Koordination der Probensammlung und Koordination des gesamten Projektes. Weiters sei Mag. Markus Reichmann für die Bearbeitung der zahlreichen Probenprotokolle gedankt, als auch Mag. Roman Kirnbauer für die Sammlung jeglicher weiterer Fischotternachweise.

Auch bedanken wir uns bei Msc. Marcia Sittenthaler für wertvolle Tipps bei der Etablierung des Fischotter-Genotypisierungs-Protokolls in unserem Labor und Mag. Peter Mehlmauer für seine wertvolle Unterstützung bei den GIS- Auswertungen.

Zuletzt geht der größte Dank an die Fischereiaufseher der Kärntner Gewässer sowie an die zahlreichen weitere Sammler für das Zählen und Einsammeln von Fischotterlosungen. Ohne deren unermüdlichen freiwilligen Einsatz bei den Begehungen wäre diese landesweite Kartierung in dieser Form nicht möglich gewesen!

Kurzfassung

Im Kalenderjahr 2017 wurden drei Begehungen (jeweils eine im Februar/ März, Mai und Oktober) zur Kontrolle auf Fischotterlosungen an ausgewählten Brückenstandorten an den Kärntner Fließgewässern durchgeführt. Insgesamt wurden hierbei 823 Stellen zur Lösungszählung begangen. Es lieferten 86% dieser Begehungsstellen mindestens einen Positivnachweis auf Fischotter-Vorkommen. Zusammen mit weiteren gemeldeten Nachweisen zur Otterpräsenz lieferten 94 von 94 untersuchten 10 x 10 km Rasterquadraten mindestens einen Positivnachweis auf Otteranwesenheit so dass man von einer flächendeckenden Verbreitung des Fischotters in Kärnten sprechen kann. Im Zuge der Begehungen wurden 884 Proben für genetische Untersuchungen aufgesammelt, von denen 154 unterschiedliche Tiere identifiziert wurden. Gerechnet mit einem Fang- Widerfang Modell betrug die Hochrechnung der Gesamtpopulationsgröße des Fischotters an den Kärntner Fließgewässern 361 (95% CI 341-509) Tiere insgesamt bzw. 285 (95% CI 259 - 419) adulte Tiere, mit einem Geschlechterverhältnis von 54% Männchen und 46% Weibchen. Die Fischotterdichte liegt bezogen auf Fließgewässernetzlänge, im internationalen Vergleich im mittleren bis höheren Bereich.

1. Einleitung

1.1 Entwicklung der Fischotterpopulationen in Österreich und Kärnten

Das grundsätzliche Verbreitungsgebiet des Eurasischen Fischotters (*Lutra lutra*) erstreckt sich, wie sein Name bereits vorschlägt nicht nur über Europa (mit seinen westlichsten Ausläufern auf den Irischen Inseln und den Küsten Portugals) sondern auch tief hinein nach Asien, in das östliche Sibirien, Südostasien und Indien (Roos et al. 2015). So war der Fischotter ursprünglich auch über die gesamte Bundesfläche Österreichs verbreitet. Im Laufe des 20. Jahrhunderts, erfuhr der Fischotter einen dramatischen Populationseinbruch, so dass die Bestandsgrößen des Fischotters in West- und Zentraleuropa in den 80ern und 90er Jahren des 20. Jahrhunderts seinen Tiefstand erreichten (Abbildung 1). Der Fischotter war in weiten Gebieten Englands, Frankreichs

und Deutschlands verschwunden und in Ländern wie Holland, der Schweiz, Luxemburg, Lichtenstein und Belgien vermutlich komplett ausgerottet. Im östlicheren Europa war die Situation weniger eindeutig aber Berichte von starken Rückgängen gab es von Polen, Tschechien, der Slowakei, Teilen Ungarns, Bulgarien, aber auch von Österreich (MacDonald & Mason 1994). Die Ursache dieses Rückgangs wurde damals zu einem

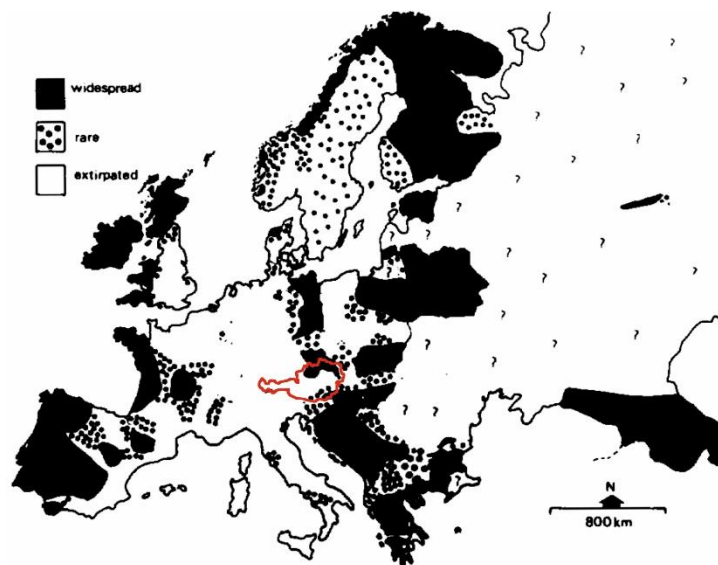


Abbildung 1 Verbreitung des Eurasischen Fischotters in Europa im Jahr 1990, mit der relativen Position Österreich (rote Linie). Aus Foster-Turley (1990), bearbeitet.

großen Teil in der Belastung der Gewässer mit Umweltgiften wie Polychlorierte Biphenyle (PCBs), Schwermetallen oder Pestiziden gesehen (Mason & MacDonald 1986, MacDonald & Mason 1994), diese Theorie wurde später jedoch umstritten. So schloss Gutleb (1995), dass die Belastung mit PCBs keine akute Bedrohung für den Fischotter in Österreich darstellte. Als weitere mögliche Ursachen für den Populationsrückgang des Fischotters im Allgemeinen wurden Lebensraumverlust bzw. Verminderung der Habitatsqualität (z.B. Foster-Turley et al. 1990), Verkehrsunfälle (z.B. Gutleb et al. 1998) aber auch direkte Verfolgung genannt (z.B. Kranz 2000). Zu letzteren sei jedoch gesagt, dass der Fischotter in Österreich seit Ende der

40er Jahre in allen Bundesländern unter Schutz gestellt wurde und ganzjährig geschont werden muss. Ebenso wurde er 1990 in die Rote Liste der in Österreich gefährdeten Säugetierarten aufgenommen. Des Weiteren ist er in Anhang II und IV der FFH-Richtlinie gelistet. Dadurch konnte der Fischotterbestand legal nicht mehr direkt beeinflusst werden und direkte Verfolgung konnte nur im Rahmen von illegalen Entnahmen stattfinden. Verkehrsunfälle dürften, wenn überhaupt dann erst in den späteren Jahren einen negativen Einfluss auf die Populationsgröße gehabt haben (Gutleb et al. 1998). Ungeachtet der tatsächlichen Ursachen für den akuten Rückgang begannen die Fischotterpopulationen im Laufe der 1990er Jahre sich zu erholen, was vermutlich auf das Wegfallen oder schwächer werden der negativen Faktoren für das Populationswachstum zurückzuführen ist. In Österreich scheinen sich während der Zeit des Tiefpunktes der Europäischen Fischotter-Ausbreitung zwei Populationen durchgehend gehalten zu haben: Eine im Bereich des Wald- und Mühlviertels an der Grenze zu Tschechien, sowie eine weitere in der Süd-/ Oststeiermark und Burgenland an der Grenze zu Slowenien und Ungarn (Gutleb 1994; Jahrl 1999, Kranz 2000). Jahrl (1999) fasste erstmals alle verfügbaren Nachweise zur Verbreitung des Fischotters in Österreich (Zeitraum 1990-1998) zusammen, welche deutlich die beiden Rückzugsgebiete des Fischotters veranschaulichen, aber auch Einzelnachweise außerhalb dieser, so auch in Kärnten, aufzeigen (Abbildung 2).

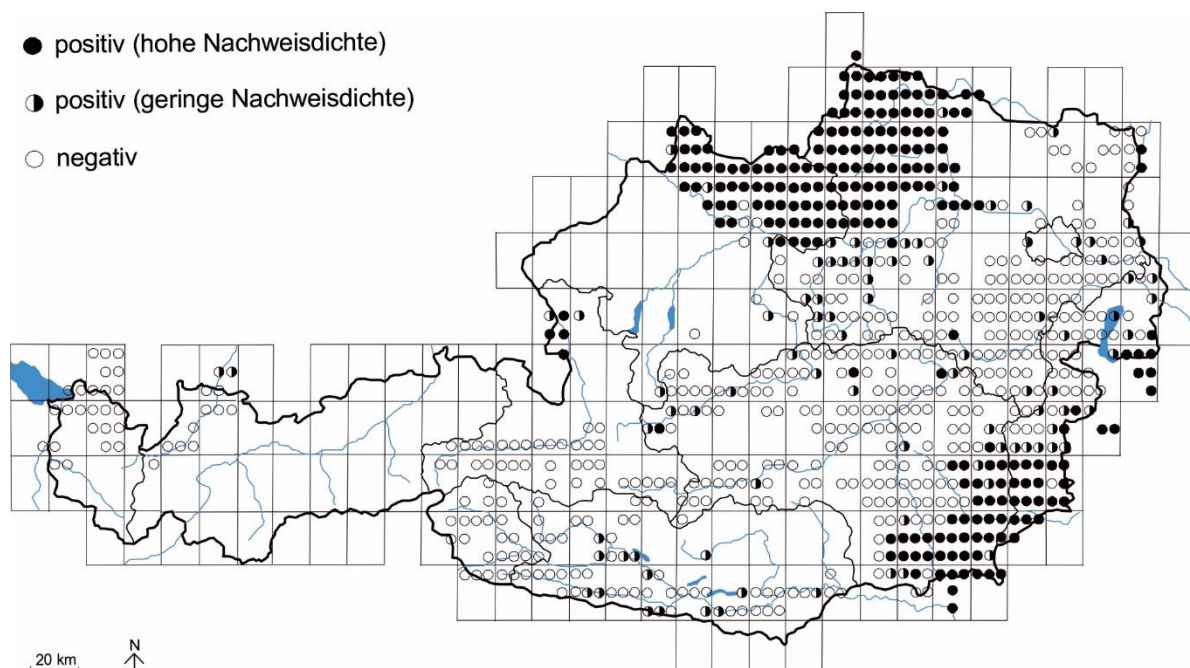


Abbildung 2 Zusammenfassung aller Nachweise zur Fischotter-Verbreitung in Österreich vom Zeitraum 1990-1998. Aus Jahrl (1999).

In Kärnten wurde die erste Erhebung von Informationen zur Fischotterverbreitung 1990/1991 im Rahmen einer Diplomarbeit durchgeführt, mit dem Ziel, die Entwicklung der Fischotterverbreitung in Kärnten seit 1880 zu dokumentieren (Wieser 1993). Hierbei wurde eine Fragebogenaktion der Landesregierung Kärnten herangezogen, mündliche Berichte von Fischern und Jägern gesammelt, eine Literaturrecherche durchgeführt, sowie einige ausgewählte Gewässerabschnitte begangen. Dabei ließen sich Berichte über Fischottervorkommen vor 1940 kaum nachvollziehen, jedoch gab es deutliche Hinweise auf Ottervorkommen zwischen 1940 und 1945. Danach gab es eine klare Tendenz zur Abnahme der Bestände, so dass bis zur Publikation von Wieser (1993) nur an 5 Gewässerabschnitten in ganz Kärnten ein Fischottervorkommen nachgewiesen werden konnte und die nachgewiesenen Tiere nicht als permanente Fischottervorkommen sondern eher nur als Durchwanderer gesehen werden konnten (Abbildung 3).

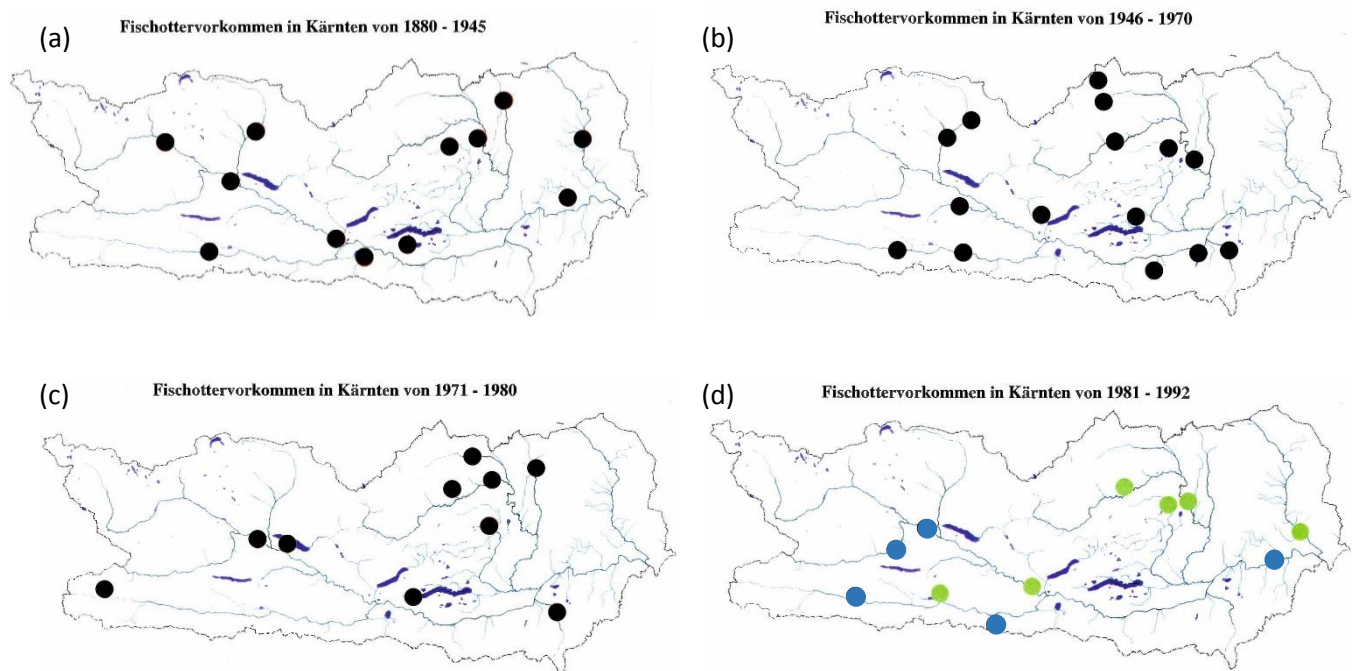
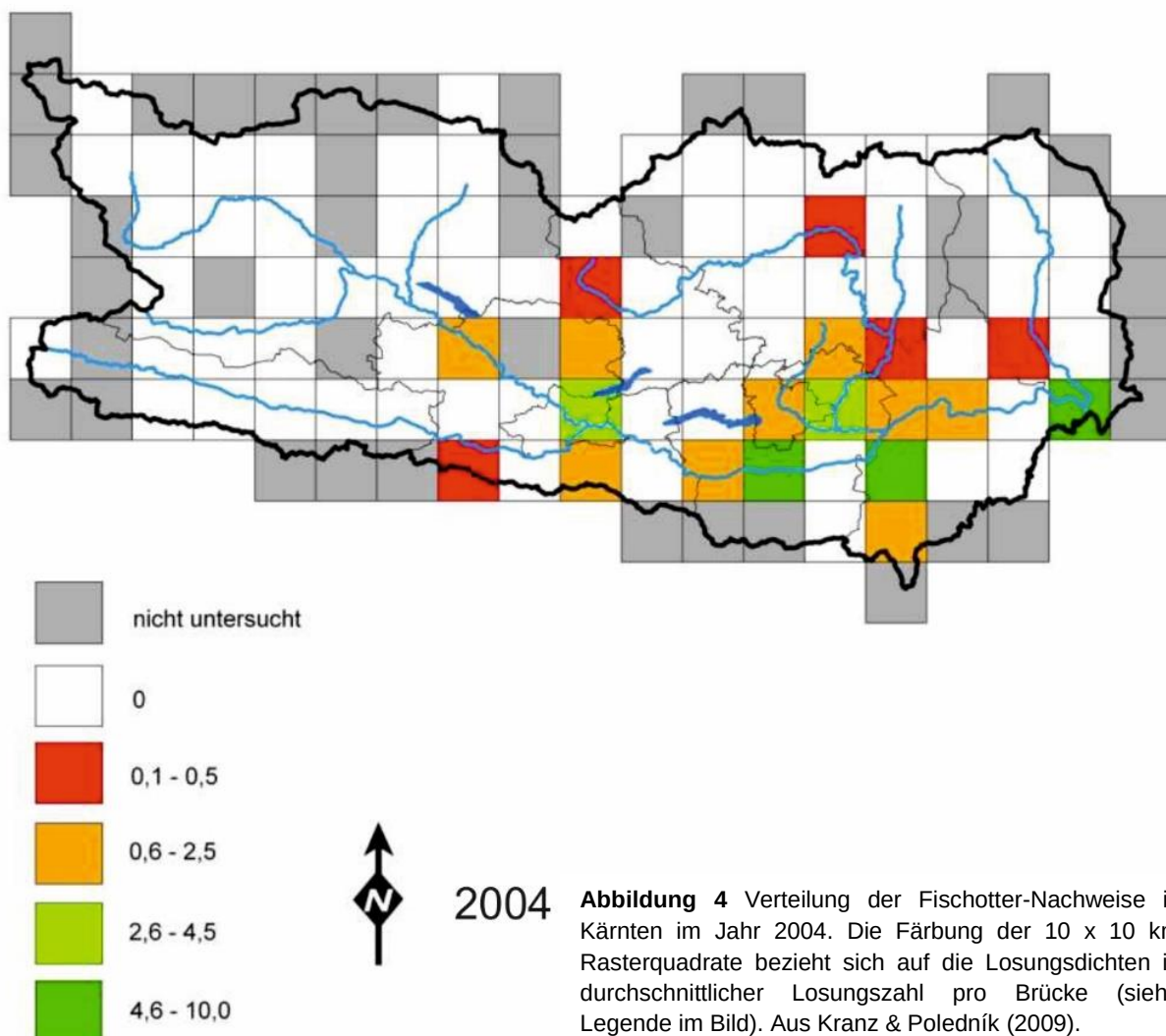


Abbildung 3 Historische Nachweise von Fischotter-Vorkommen in Kärnten von 1880 – 1992. Schwarze Kreise (a bis c) kennzeichnen Gebiete, aus denen historische Meldungen über Fischottervorkommen vorliegen, grüne Kreise Gebiete (d) aus denen mündliche Meldungen über Fischottervorkommen vorliegen und blaue Kreise (d) solche Gebiete an denen Fischottervorkommen anhand von Losungen, Fährten oder Fraßresten durch Begehungen belegt wurden. Aus Wieser (1993), bearbeitet.

Im Jahr 1995 wurden 34 Brücken im Einzugsgebiet an der Möll, sowie acht an der Malta auf Fischotterlosung kontrolliert, welche jedoch alle negativ ausfielen (Jahrl 1995). Vier Jahre später, 1999, wurden jene Gebiete, in denen von Wieser (1993) Fischotter nachweisen konnte, von Kranz et al. (2000) erneut untersucht, jedoch konnten hierbei keine Hinweise auf Otterpräsenz festgestellt werden, wodurch die vereinzelt Nachweise weiterhin auf durchziehende Tiere zurückgeführt wurden.

In den ersten Jahren nach der Jahrhundertwende wurde ein Zuwachs der Verbreitung in der benachbarten Steiermark festgestellt (Kranz et al. 2004). Dies und die Zunahme der Einzelnachweise in Kärnten ließen auf eine Veränderung des Besiedelungsstatus des Fischotters in Kärnten schließen und gaben Anlass zur ersten systematischen, landesweiten Kartierung des Fischottervorkommens im Bundesland Kärnten (Kranz et al. 2005). Hierbei wurde ein 10 x 10 km Rasternetz auf das Bundesland Kärnten (und Osttirol) gelegt und ein bis vier Brücken pro Rasterquadrat ausgewählt, unter welchen auf Fischotterlosungen kontrolliert wurde („Brückencheckmethode“). Insgesamt wurde so unter 313 Brücken nach Losungen des Fischotters gesucht. Von diesen ließ sich insgesamt unter 32 Brücken (10,2%) Fischotterkot nachweisen. Die höchste Nachweisdichte befand sich hierbei im Bereich der Drau zwischen Villach und Lavamünd. Zusätzlich gab es vereinzelte Nachweise wie an der Gurk oder der Lavant. Bezugnehmend auf ein 10 x 10 km Rasternetz, gelegt auf die Landesfläche Kärnten, konnten in 20% der Rasterflächen Fischotter nachgewiesen werden, wobei jedoch der Großteil mit einer „geringen Nachweisdichte“ erfolgte. Nur 5% der Landesfläche wiesen eine „hohe



Nachweisdichte“ auf (Abbildung 4). Aufgrund der Verteilung der Positivnachweise des Fischotters in Kärnten wurde auf eine sehr junge, langsame Besiedelung entlang der Drau von Slowenien geschlossen. Basierend auf den nur sehr sporadischen Nachweisen außerhalb des Gebietes entlang der Drau zwischen Villach und Lavamünd wurde nur dort eine einigermaßen etablierte Population vermutet und diese auf 10 bis 15 Tiere geschätzt.

Die nächste systematische Untersuchung zur Verbreitung des Fischotters in Kärnten fand 2009 statt (Kranz & Poledník 2009). Hier wurde ebenso mit derselben Brückencheckmethode gearbeitet, wobei unter Brücken auf Fischotterlosungen kontrolliert wurde und anhand der Dichte der Losungen die Verbreitung und Populationsgröße geschätzt wurde. Jedoch wurde die Beprobungsdichte auf großteils vier Brücken pro Rasterquadrat erhöht, als auch die Landesfläche und auch die untersuchten Brücken detaillierter auf „Fischottereignung“ überprüft. Insgesamt wurden 410 Brücken untersucht, wovon sich unter 171 (41,7%) Fischotterlosungen nachweisen ließen. Auf 68,8% der Landesfläche (bzw. auf 65,6% der untersuchten, ottertauglichen Fläche) ließen sich Fischotter nachweisen, dabei 28% mit hoher bzw. sehr hoher Nachweisdichte (Abbildung 5). Die Größe des Fischotterbestandes in Kärnten wurde für den Herbst 2009 auf 65 adulte Tiere geschätzt.

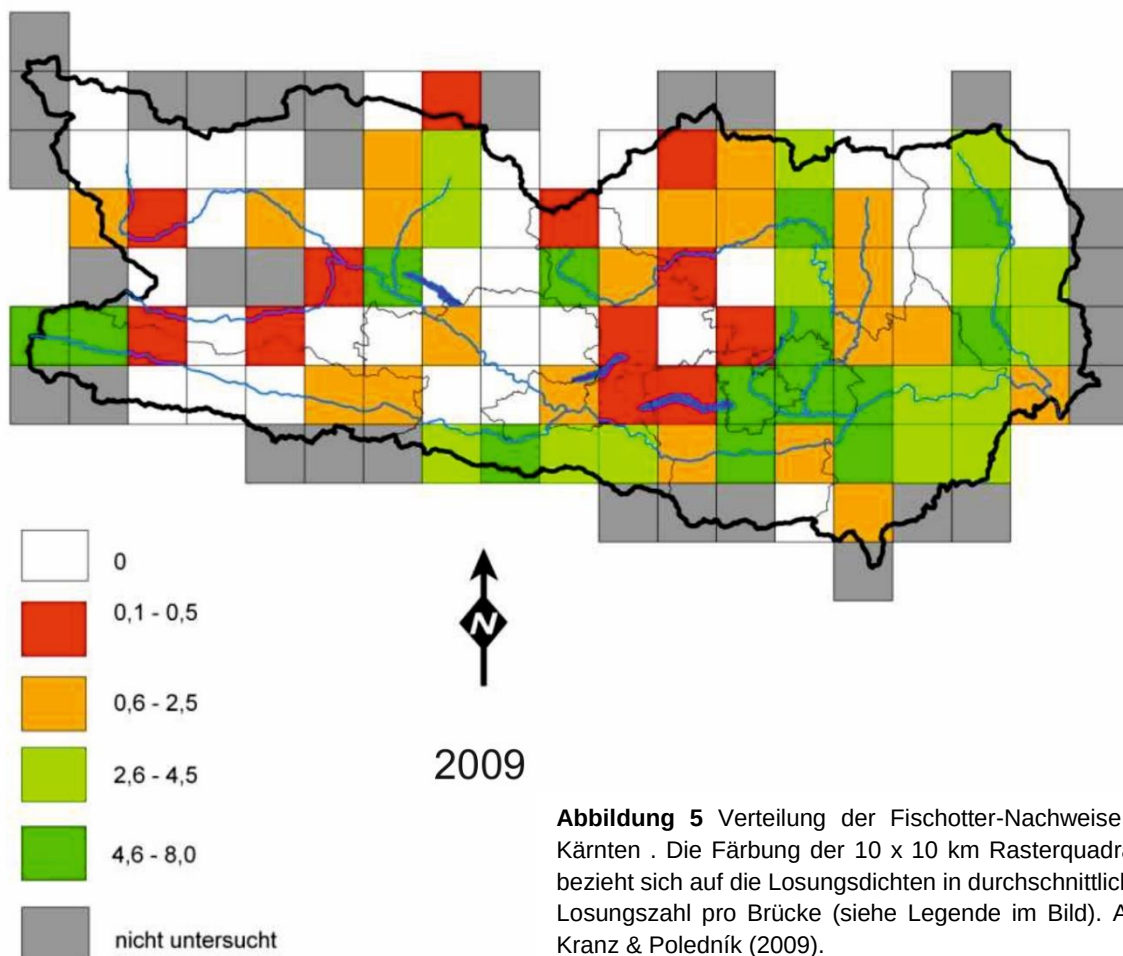


Abbildung 5 Verteilung der Fischotter-Nachweise in Kärnten . Die Färbung der 10 x 10 km Rasterquadrate bezieht sich auf die Losungsdichten in durchschnittlicher Losungszahl pro Brücke (siehe Legende im Bild). Aus Kranz & Poledník (2009).

Die letzte landesweite Kartierung zur Fischotterverbreitung und Bestandsabschätzung in Kärnten erfolgte 2014 (Kranz & Poledník 2015). Hierbei wurde die Methodik von Kranz & Poledník (2009) mit leichter Variation in der Brückenzahl in einzelnen Rasterquadraten wiederholt, um vergleichbare Daten mit dem Jahr 2009 zu erhalten. Hierbei zeigte sich eine neuerliche Ausweitung der Fischotterverbreitung in Kärnten (Abbildung 6), 25 Rasterquadrate waren nun neu besiedelt. Jedoch wurde anhand der Nachweisdichte (insgesamt waren 66% aller Brücken positiv) und im Vergleich zu den Nachweisdichten anderer Bundesländer (Burgenland 91%, Oberösterreich 87%, Steiermark 88%), auf eine sehr junge Besiedelung großer Flächen Kärntens geschlossen, als auch gefolgert, dass die Lebensraumtragfähigkeit noch nicht ausgeschöpft war. Es zeigte sich eine höhere Nachweisdichte im Osten des Bundeslandes (an der Lavant und Gurk) als im Westen. Die Schätzung des Bestandes des Fischotters in Kärnten (adulte und subadulte Tiere, ohne Jungtiere jünger als ein Jahr) wurde auf 160 Tiere geschätzt.

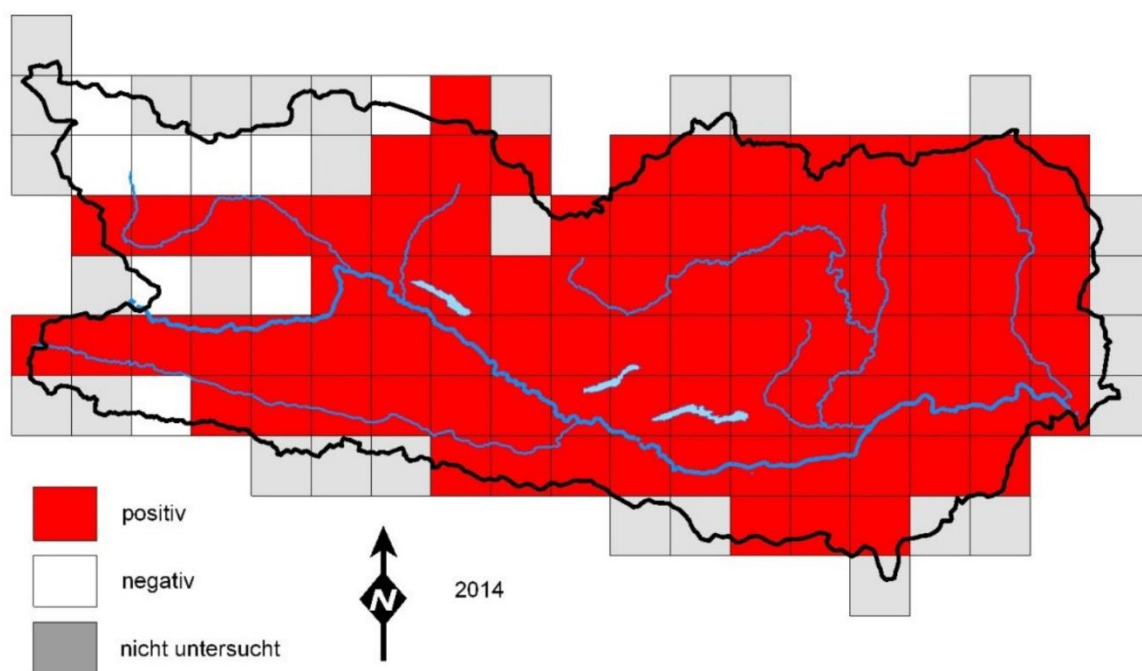


Abbildung 6 Verbreitung des Fischotters in Kärnten im Herbst 2014. Rote Quadrate stellen Quadrate mit mindestens einem Positivnachweis dar, weiße Quadrate jene mit rein Negativnachweisen. Aus Kranz & Poledník (2015).

1.2 Zu den Methoden der Fischotterbestandserhebungen

Bis dato stützen sich also die meisten Studien zur Verbreitung und Bestandsschätzung des Fischotters in Kärnten zu einem großen Teil auf die Verteilung und Dichte von Fischotterlosungen. Diese Methodik ist gut geeignet um die Anwesenheit des Fischotters in

einem bestimmten Gebiet und somit seine Verbreitung zu erheben, und auch um eine sehr grobe Expertenschätzung für kleinere Populationsgrößen abzugeben. Solche Ansätze können jedoch keine statistische Unterstützung wie ein Konfidenzintervall liefern und stoßen aber an ihre Grenzen, sobald eine bestimmte Populationsgröße und Individuendichte überschritten wird, da viele Parameter, welche für die Berechnung der Bestandsgröße nötig sind, nur geschätzt werden können (wie auch in Kranz & Poledník 2015 diskutiert). Mehrere Studien haben sich weiters mit der Losungsdichte als Indikator für die Individuendichte von Fischottern beschäftigt und eine direkte Korrelation zwischen Anzahl der Losungen und Fischotterdichte bzw. Fischotteraktivität ist kaum bis gar nicht beobachtbar (z.B. Kruuk 2006, Lampa et al. 2015, Mason & Macdonald 1987, Yoxon & Yoxon 2013). Die einzige uns bekannte Ausnahme hierbei liefert eine Studie über den Nordamerikanischen Fischotter (*Lontra canadensis*), wobei jedoch eher eine deutlichere Beziehung zwischen Anzahl der Latrinen und Anzahl der Tiere festgestellt wurde. Auch der eher quantitative Ansatz der Schneespurkartierungen neigt bei höheren Populationsdichten dazu, die Anzahl der Tiere zu unterschätzen (Arrendal et al. 2007, Hájková et al. 2009). Ein Ansatz, welcher in den letzten 20 Jahren immer erfolgreicher zur Bestandserhebungen so versteckt lebender Tierarten wie dem Fischotter angewandt wird, ist die Verwendung nicht-invasiver genetischer Analysen. Hierbei werden DNA-Proben aus Kot, Duftmarken, Haaren oder Federn der Tiere genetisch analysiert, ohne dass diese direkt gefangen oder beobachtet werden müssen. Durch die genetischen Analysen können zusätzlich populationsbezogene Parameter wie Geschlechterverhältnis oder Verwandtschaftsbeziehungen erhoben werden, welche dann in eine genauere Schätzung der Bestandsgröße einfließen können.

1.3 Projektziele

Die Aufgabenstellung des gegenständlichen Projektes ist eine neuerliche Erhebung zur aktuellen Verbreitung und eine Bestandsschätzung des Eurasischen Fischotters (*Lutra lutra*) im Bundesland Kärnten. Die Erhebung zur Verbreitung des Fischotters erfolgte grundsätzlich anhand neuerlicher Losungskontrolle und Zählungen an den von Kranz & Poledník (2015) 378 definierten Brücken, sowie weiterer Begehungsstellen auf freiwilliger Basis. Zusätzlich wurden qualitativ weitere Nachweise zur Fischotterpräsenz in diesen Datensatz integriert.

Die Bestandsschätzung sollte anhand von genetischen Untersuchungen von frischen Fischotterlosungen erfolgen, welche im Zuge der Losungskontrollen eingesammelt und mithilfe von quantitativen statistischen Ansätzen ausgewertet werden. Dieser Endbericht beschreibt die Ergebnisse der Erhebungen zur Verbreitung und der Bestandsschätzungen.

Des Weiteren soll ein Gutachten erstellt werden, welches den Erhaltungszustand der Fischotterpopulation in Kärnten beschreibt bzw. beurteilt, ob Kärnten einen positiven Beitrag zum guten Erhaltungszustand des Fischotters in der alpinen biogeografischen Region in Österreich leistet.

2. Material & Methodik

2.1 Genetische Analysen zur Bestandsschätzung des Fischotters

Die vorliegende Studie zieht nun erstmals genetische Analysen zur Berechnung der Bestandszahlen der Fischotter in Kärnten heran, so wie sie auch bereits in einzelnen Einzugsgebieten Niederösterreichs (Sittenthaler et al. 2015 & 2016), durchgeführt wurde. Vorteil dieser Methode ist, dass man direkt die Anzahl der unterschiedlichen Tiere an den untersuchten Begehungsstellen identifizieren kann und nicht nur auf den indirekten Schluss von der Losungsdichte auf die Individuenzahl angewiesen ist. Seit mehr als 20 Jahren befasst sich ein breiter Literaturbestand mit der Verfeinerung der Labor- sowie Auswertemethoden, auch speziell für Studien am Eurasischen Fischotter, um beispielsweise Typisierungsfehler und Über- bzw. Unterschätzungen der Populationsgröße zu vermeiden (z.B. Hájková 2006, Lampa et al. 2013). Als zusätzlicher Faktor kann auch in den meisten Fällen das Geschlecht bestimmt werden sowie bei ausreichend hoher genetischer Auflösung, Verwandtschaftsverhältnisse zwischen den identifizierten Individuen. Die Erhebung des Geschlechterverhältnisses ist für Populationsschätzungen ein wichtiger Parameter und eine leichte Veränderung davon kann die Absolutschätzungen deutlich beeinflussen, wie auch in Kranz & Poledník (2015) oder Lampa (2014) erwähnt. Ein weiterer wichtiger Faktor ist die Abschätzung des Anteils der Jungtiere (1 – 12 Monate alt). In vielen Berichten der Jagdökologie wird dieser nicht berücksichtigt, da die Sterblichkeit dieser Jungtiere des Fischotters mitunter sehr hoch ist (Kranz & Poledník 2015). Die meisten internationalen Studien (inkl. genetischer Untersuchungen) unterscheiden jedoch nicht zwischen adulten und juvenilen Tieren, da dies beispielsweise bei Individuen, welche genetisch identifiziert wurden, nicht möglich ist (Lanszki et al. 2008 & 2010; Lampa et al. 2015, Mowry et al. 2011). Für diesen Bericht wird der Schätzwert für die Populationsgröße in beiden Varianten angegeben, inklusive und exklusive der potentiellen Jungtiere (bzw. jener Jungtiere, welche während des Untersuchungszeitraums geboren wurden).

2.2 Felderhebungen

Das untersuchte Gebiet erstreckte sich über das gesamte Bundesland Kärnten. Als generelle Beprobungsmethode zur Losungszählung und zur Sammlung der genetischen Proben wurde die Brückencheckmethode gewählt, wie sie bereits in, Kranz & Poledník (2009) und Kranz & Poledník (2014) verwendet wurde. Hierbei wurden Brücken als punktuelle Beprobungspunkte gewählt. In dieser Untersuchung wurden alle 378 Brücken von Kranz & Poledník (2015), weiter unten folgend auch als „Kranzbrücken“ bezeichnet, als Beprobungspunkte angelegt (Abbildung 7). Die Brücken stellen somit 378 Sammelpunkte entlang des Kärntner Fließgewässernetzes dar.

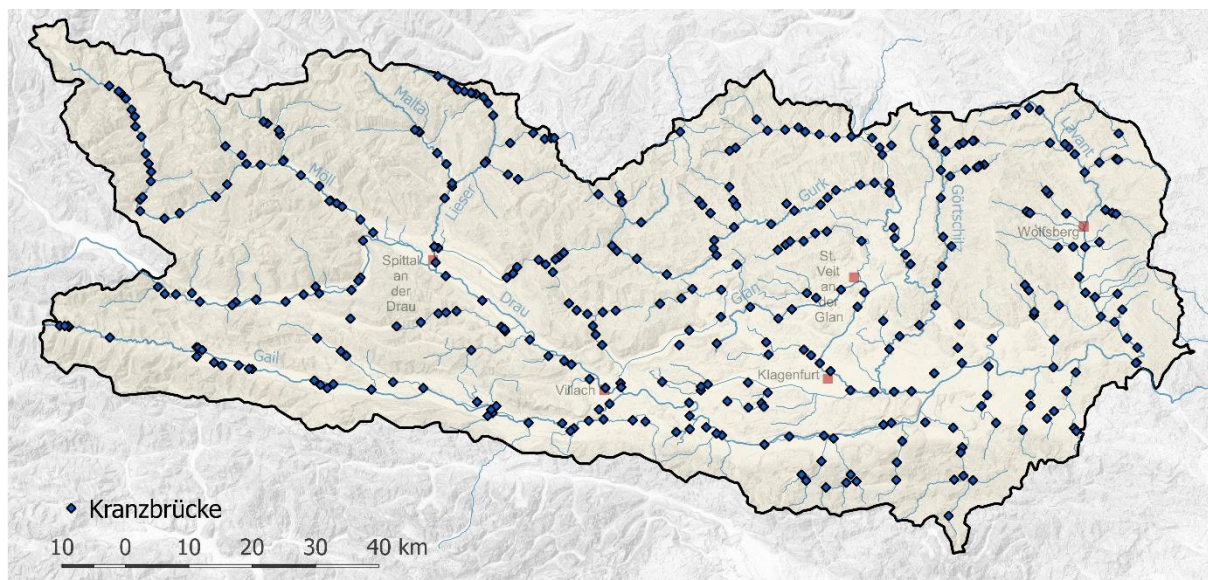


Abbildung 7 Lage der 378 vordefinierten Begehungsbrücken.

Zur Begehung wurden die Brücken auf Fischotterlosungen kontrolliert. Zusätzlich bestand die Möglichkeit für die Begeher zusätzlich Beprobungspunkte (größtenteils Brücken) ihrer Wahl zu begehen, welche danach online im Kärnten Atlas (Amt der Kärntner Landesregierung, <https://gis.ktn.gv.at/>) registriert und verortet wurden. Die Beprobungen erfolgten auf freiwilliger Basis durch die Fischereiaufseher der jeweiligen Gewässerabschnitte, auf denen sich die vordefinierten Brücken befanden. Insgesamt wurden drei Beprobungsdurchgänge durchgeführt. Der erste erstreckte sich von Ende Februar bis Anfang März 2017, der zweite über den Monat Mai 2017 und der dritte über den Monat Oktober 2017. Ein Beprobungsdurchgang bestand aus ein oder zwei aufeinanderfolgenden Begehungen derselben Brücke. Bei mehreren aufeinander folgenden Begehungen wurden am ersten Tag der Begehung alle vorhandenen Fischotterlosungen und Duftmarken, welche unter der Begehungsbrücke auffindbar waren, entfernt und am Protokollblatt (mit Anzahl und

Frischegrad) notiert. An den darauf folgenden Tagen wurden weitere Begehungen durchgeführt und eventuell frisch hinzugekommene Losungen protokolliert und für die genetischen Untersuchungen aufgesammelt. Dadurch sollte gewährleistet werden, dass nur Losungen, welche innerhalb der letzten 24 Stunden abgesetzt wurden, gesammelt wurden. Dies ist für die Effizienz der genetischen Untersuchungen wesentlich, da die enthaltene Fischotter-DNA in Kotproben instabil ist und im Laufe der Zeit stetig an Qualität verliert, was die Rate einer erfolgreichen Genotypisierung dieser Probe deutlich senkt. Beim Vorhandensein einer eindeutig frischen Losung am ersten Begehungstag konnte auch diese für die genetischen Untersuchungen aufgesammelt werden.

Die gesammelten Proben wurden in ausgegebene Proberöhrchen überführt und umgehend eingefroren. Daraufhin wurden sie an ausgewiesenen Sammelstellen abgegeben, von wo aus sie dann an das Institut für Zoologie an der Karl-Franzens Universität Graz überführt wurden, wo sie bis zu ihrer Bearbeitung bei -80°C gelagert wurden.

Zusätzlich zu den oben erwähnten systematischen Begehungen wurden jegliche weitere, beim Amt der Kärntner Landesregierung gemeldete Information zur Fischotter-Präsenz (Sichtungen, Fotodokumentationen, Spurenfunde, Otterbauten, Totfunde usw.) gesammelt und verortet. Auch wurden von veterinärmedizinischen Untersuchungen von Totfunden und von Tierpräparatoren Gewebe- oder Speichelproben entnommen um auch diese genetisch zu untersuchen.

2.3 Intensivere Beprobungen an der Lieser

Im Zuge einer Masterarbeit eines Lehramtstudenten (Christof Prem) der Karl-Franzens Universität Graz wurden zusätzlich Begehungen an der oberen Lieser zur Losungszählung und der Sammlung genetischer Proben durchgeführt. Diese sollten dazu dienen, eine genauere Schätzung der Fischotterindividuen an diesem Abschnitt der Lieser zu erheben, sowie die Effizienz der Brückencheckmethode zu evaluieren. Bei diesen Begehungen wurde insgesamt ein ca. 20 km langer Flussabschnitt der Lieser beidufig abgegangen und nach der oben beschriebenen Methode auf Fischotterlosungen kontrolliert.

2.4 Genetische Analysen

Die gesammelten Proben wurden alle am Institut für Zoologie der Karl-Franz Universität Graz genetisch analysiert. Als erster Schritt erfolgte hierbei die Extraktion des im Kot (oder Duftmarken) enthaltenen Erbguts (DNA). Dies erfolgte hierbei in einem gesonderten

Reinraum. Zur Extraktion wurde der QIAamp Fast-Stool Mini Kit (Qiagen, Hilden, Deutschland) verwendet (Abbildung 8).



Abbildung 8 DNA Extraktion aus Fischotter-Kotproben.

Der nächste Schritt umfasste die Genotypisierung der DNA-Extrakte. Hierbei wurden bestimmte genetische Marker, sogenannte Mikrosatelliten untersucht, welche sich von Individuum zu Individuum unterscheiden. Bei der gleichzeitigen Analyse mehrerer Mikrosatelliten lässt sich so ein einzigartiges genetisches Profil für jedes Tier erstellen. Durch die Analyse solcher Mikrosatelliten in den Kotproben-Extrakten können diese den jeweiligen Fischotter- Individuen, welche die Losung abgesetzt haben, zugeordnet werden. In dieser Untersuchung wurden die 11 Mikrosatelliten-Loci, welche auch in Sittenthaler et al. (2015 & 2016) verwendet wurden, zur Genotypisierung herangezogen. Sie wurden ursprünglich von Dallas & Piertney (1998) beschrieben. Diese Mikrosatellitenloci sind geeignet, um die Fischotter-DNA aus dem DNA Extrakt (welches ebenso DNA der verspeisten Nahrung des Fischotters enthält) zu isolieren und zu amplifizieren. Die Amplifizierung (Vermehrung) der Ziel-DNA erfolgt in einer sogenannten Polymerase-Kettenreaktion (PCR). Für die Durchführung der PCRs dieses Projektes wurden der Type-It Microsatellite PCR Kit (Qiagen, Hilden, Deutschland) verwendet und in zwei Multiplex-Reaktionen durchgeführt, wobei in einer Reaktion fünf Mikrosatelliten, in der zweiten Reaktion sechs Mikrosatelliten gleichzeitig amplifiziert wurden.

Die PCR Produkte wurden auf dem hauseigenen Sequenzierer (ABI Genetic Analyzer 3130xl; Thermo Fisher Scientific) ausgelesen und anhand der GeneMapper 3.7 (Thermo Fisher Scientific) Software analysiert.

Da die enthaltende DNA von Kotproben, insbesondere von Fischotter-Kotproben, generell von schlechter Qualität ist, wurde der sogenannte Multiple-Tube Approach von Navidi et al. (1992) gewählt. Hierbei werden alle PCR Reaktionen in Replikaten durchgeführt und nur die konsistenten Ergebnisse innerhalb dieser Replikate akzeptiert. Bei dieser Untersuchung wird hierfür ein homozygoter (das Individuum besitzt zwei identische Allele) Genotyp bei einer Beobachtung in mindestens drei unabhängigen PCR Reaktionen, ein heterozygoter (das Individuum besitzt zwei verschiedene Allele) Genotyp bei mindestens zwei unabhängigen PCR

Reaktionen akzeptiert. Der akzeptierte Genotyp aller Replikate wird als Konsensus-Genotyp bezeichnet.

Grundsätzlich wurden alle PCRs in Dreifach-Wiederholungen durchgeführt bis zu einer maximalen PCR Anzahl von 33 Reaktionen pro Probe.

Da die erhaltenen Kotproben erwartungsgemäß von sehr unterschiedlicher DNA-Qualität waren (vorranging abhängig von der Zeitspanne zwischen der Kotung und dem Einfrieren der gesammelten Probe), wurde eine laufende Qualitätskontrolle im Rahmen der DNA-Replikationen implementiert. Hierbei mussten die DNA Extrakte nach jedem PCR Schritt (bestehend aus Dreifach-Wiederholungen einer PCR) eine jeweilige Qualitäts-Anforderung des PCR Schrittes bestehen, um sich für die weiteren PCR Schritte zu qualifizieren. So musste beispielsweise ein Extrakt nach dem ersten PCR Schritt in mindestens 30% der Mikrosatellitenloci Amplifikate zeigen, um weiter bearbeitet zu werden. Dies diente zum Aussortieren der DNA Extrakte von zu schlechter DNA-Qualität, da man von diesen nicht erwarten konnte einen kompletten Genotyp zu erhalten bzw. deren Qualität nicht ausreichend war um einen zuverlässigen Konsensus-Genotyp aus den Replikaten zu erhalten. Eine Probe wurde als „erfolgreich genotypisiert“ klassifiziert, wenn an 7-11 Mikrosatellitenloci erfolgreich ein Konsensus-Genotyp erhoben werden konnte.

Der Anteil jener Proben, welche erfolgreich genotypisiert werden konnten wird als „Erfolgsrate“ bezeichnet und wurde in dieser Studie im Verlauf der Zeit, in den einzelnen Einzugsgebieten, sowie über den gesamten Datensatz berechnet.

Für die Proben, für die erfolgreich ein Genotyp rekonstruiert werden konnte, wurde zusätzlich eine Geschlechtsbestimmung durchgeführt. Hierfür wurden zwei unabhängige genetische Geschlechtsmarker verwendet: Lut-SRY (Dallas et al. 2000) und DBY7Ggu (Hedmark et al. 2004). Die Amplifizierung der Geschlechtsmarker erfolgt hierbei analog zu jener der Mikrosatelliten, mit einer maximalen PCR Replikationsanzahl von sechs Reaktionen. Die PCR Produkte wurden gleich den Mikrosatelliten-PCR Produkten am hauseigenen Sequenzierer sequenziert und ausgewertet.

Die erfolgreich genotypisierten und geschlechtsbestimmten Proben wurden mithilfe des Programms CERVUS (Kalinowski et al. 2007) einer Identitätsanalyse unterzogen, welche die einzigartigen Genotypen in den Kotproben identifiziert und so diese den jeweiligen Fischotter-Individuen zuordnet.

Grundsätzlich kann es auch durch Zufall zustande kommen, dass zwei unterschiedliche Individuen denselben Genotyp besitzen. Diese Wahrscheinlichkeit wird als „Probability of Identity“ (PI_{unbias}) für zwei nicht verwandte Individuen und als „Probability of Identity for siblings“ (PI_{sibs}) für nah verwandte Individuen bezeichnet. Diese wurde mit dem Programm GIMLET (Valiére 2002) berechnet.

Unter den identifizierten Individuen wurde die genetische Variabilität (Anzahl der Allele an den einzelnen Loci sowie erwartete und beobachtete Heterozygotität), sowie potentielle Abweichungen vom Hardy-Weinberg Gleichgewicht und dem Kopplungsgleichgewicht mithilfe des Programmes FSTAT 2.9.3.2 (Goudet 1995) und GENETIX 4.05 (Belkhir 1996-2004) berechnet. Ebenso wurde mit dem Programm MICROCHECKER 2.2.3 (van Oosterhout et al. 2004) auf das eventuelle Vorhandensein von Null-Allelen (bestimmte Allele lassen sich in den PCR Reaktionen nicht amplifizieren) überprüft. Die Berechnung der Indices zu DNA-Variabilität geben einerseits Aufschluss über die Eignung der gewählten Marker für die untersuchte Population, aber auch Informationen über eventuelle Populations-Strukturen in der untersuchten Population. So können Abweichungen vom Hardy-Weinberg Gleichgewicht auf eine Substrukturierung hinweisen, aber auch potentielle Null-Allele aufdecken.

Um eventuelle Jungtiere im Datensatz zu identifizieren, welche in der Zeit des gesamten Beprobungszeitraums (März – Oktober) geboren wurden, und um die Populationsschätzung jeweils inklusive und exklusive dieser Tiere durchführen zu können, wurde eine Verwandtschaftsanalyse mithilfe des Programmes CERVUS durchgeführt. Hierbei wurden jene Tiere, die nur im Oktober- Durchgang (Durchgang 3) identifiziert wurden, als potentielle Nachkommen (Jungtiere, während des Untersuchungszeitraumes geboren), definiert, alle anderen Tiere als potentielle Väter oder Mütter. Die Zuordnung der Nachkommen basiert auf Mendels Vererbungsgesetzen. Als diploider Organismus (jedes Tier besitzt einen doppelten Chromosomensatz) erhält jedes Fischotter-Individuum an jedem Mikrosatelliten-Lokus ein Allel vom Vater sowie ein Allel von seiner Mutter. So können jene Fischotter als potentielle Nachkommen identifiziert werden, welche an jedem einzelnen Mikrosatellitenloкус ein Allel mit einem anderen Tier (Vater oder Mutter) teilen. Als Nachkomme kann ein Tier ausgeschlossen werden, sobald es zumindest an einem Locus kein Allel mit einem potentiellen Elterntier teilt (Komplette Ausschluss Methode/ Complete exclusion method, Jones et al. 2010). Um unrealistische Beziehungen auszuschließen und um die Anzahl der paarweisen Vergleiche zu reduzieren, wurden nur Eltern-Nachkommen Beziehungen im gleichen Einzugsgebiet (siehe Kapitel 2.5) herangezogen. Ebenso wurden nur vorgeschlagene Beziehungen bei denen die Mutter innerhalb von 15 km des Jungtieres „gefangen“ wurde akzeptiert, da davon auszugehen ist, dass sich die diesjährigen Jungtiere noch nicht weiter von der Mutter entfernt haben. Analog wurden ebenso Vater-Nachkommen Beziehungen von mehr als 30 km Entfernung ausgeschlossen.

Stichprobenartig wurde auch dem Verdacht nachgegangen, dass einige Fischotter in Kärnten eingeschleppte Tiere aus Nordamerika sein könnten und daher einer anderen Art als dem Eurasischen Fischotter angehören könnten. Von den erfolgreich genotypisierten Proben wurden 21 Proben zufällig ausgewählt und an einem Stück der mitochondriellen DNA, dem

Cytochrom B Gen, sequenziert. Im Gegensatz zu Mikrosatelliten befindet sich mitochondriale DNA nicht im Zellkern, sondern in gesonderten Kompartimenten der Zelle, den Mitochondrien. Da diese auch nur von der Mutter weitervererbt wird, besitzt jedes Individuum nur einen einfachen (haploiden) Chromosomensatz der Zelle. So lässt sich dieser eindeutig sequenzieren. Des Weiteren ist dieses Gen nicht so variabel wie Mikrosatelliten. So dient Cytochrom B sehr gut dazu, um DNA Proben einer bestimmten Tier- oder Pflanzenart zuzuordnen. Zur Amplifikation des PCR Produktes von Cytochrom B wurden die publizierten Primer von Hung et al. (2004) verwendet, welche so entworfen wurden, dass dieses Gen in allen Vertretern der Ordnung der Raubtiere (Carnivora) amplifiziert. Die erhaltene DNA Sequenz des Cytochrom Bs wurde mit jener von 15 Tierarten (inkl. Europäischen Fischotter, Nordamerikanischen Fischotter, Fleckenhalsotter, Riesenotter, Seeotter, Baummarder, Steinmarder, Marderhund, Dachs, Waschbär, Katze & Hund) verglichen.

2.5 Auswertung Räumliche Analysen

Für die räumlichen Analysen zum Vorkommen des Fischotters in Kärnten wurden die Informationen der Losungszählungen aller gesammelten Begehungsprotokolle in einer Datenbank gesammelt, welche unter anderem Position (GPS- Koordinaten), Datum der Begehung, Gewässer, ob positiv/negativ Nachweis, Anzahl der gefundenen Losungen, sowie weitere Fischotter-relevante Beobachtungen enthielt. Ebenso wurden die Informationen über die weiteren Nachweise zur Otterpräsenz im Bundesland Kärnten in diese Datenbank integriert. Sämtliche räumliche Auswertungen erfolgten anhand des Programmes QGIS (v2.14.14; QGIS Development Team 2014).

Zur Darstellung der Verbreitung des Fischotters in Kärnten wurde ein 10 x 10 km Rasternetz, (Koordinatenbezugsystem Austria GK M31, Abbildung 9), beginnend an der nordwestlichen Landespitze über das Fläche des Bundeslands Kärnten gelegt, und diese 10 x 10 km Quadrate diese nach den gesamten Otternachweisen als in positiv (Otterpräsenz nachgewiesen) und negativ (keine Otterpräsenz belegt) eingeteilt¹. Insgesamt wurden hierfür 124 Rasterflächen verwendet. Wir möchten darauf hinweisen, dass die Positionierung des Rasters für diesen Bericht nicht komplett jener des Kranz & Poledník (2009) oder Kranz & Poledník (2015) entspricht. Die Verbreitungskarte wurde sowohl rein auf Nachweisen durch die Brückenbegehungen generiert, als auch in Kombination mit den weiteren Nachweisen von Fischotter-Vorkommen.

¹ Datenquelle der Landesgrenze Kärnten, sowie Fließgewässerrouten nach dem Berichtsgewässernetz (BGN v12): Land Kärnten, Abteilung 8 – Umwelt, Wasser und Naturschutz; www.data.gv.

Für einzelne Statistiken wie beispielsweise der Beprobungsintensität aber auch für die Berechnungen zur Bestandsschätzungen wurde die Landesfläche Kärntens in 10 kleinere Flächen aufgeteilt, welche in etwa den Einzugsgebieten der größten Flüsse Kärntens entsprechen, nämlich jenes der Gail, Glan, Görtzschitz, Gurk (excl. Einzugsgebieten der Glan & Görtzschitz), Lavant, Lieser und Möll. Die restliche Fläche entlang der Drau wurden in drei Abschnitte eingeteilt: westliche Drau bis zur Einmündung der Gail (Drau1), Drau zwischen Einmündung der Gail bis Einmündung der Gurk (Drau2) und Drau zwischen Einmündung der Gurk bis Einmündung der Lavant (Drau3). Alle 10 verwendeten Flächen (weiter unten als Einzugsgebiete, EZGs bezeichnet) sind in Abbildung 9 dargestellt.

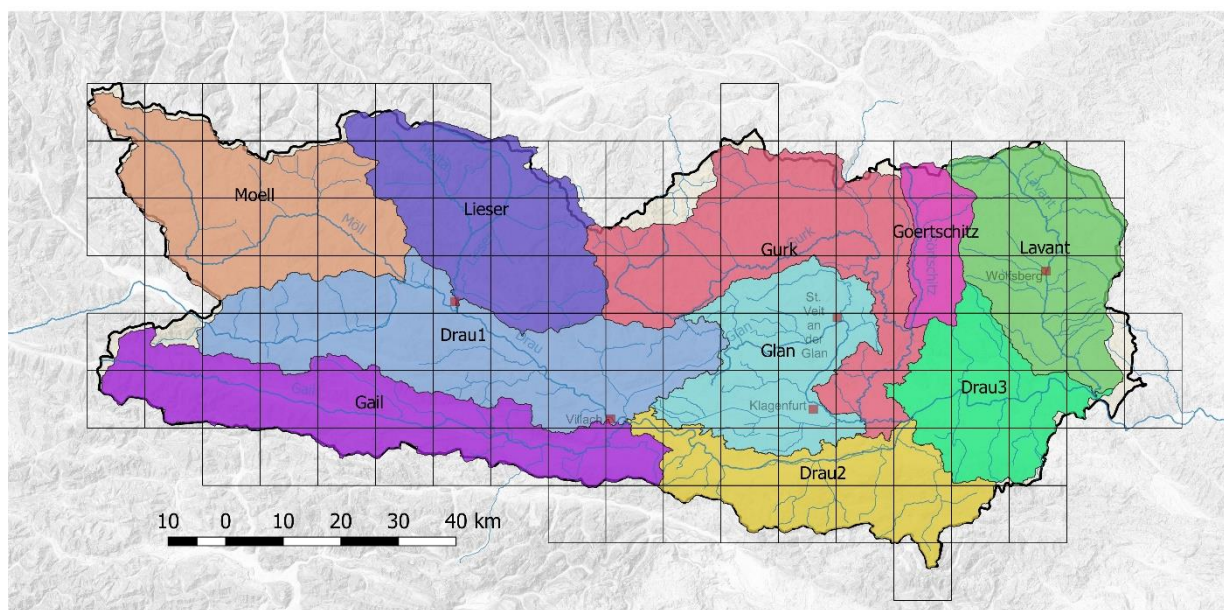


Abbildung 9 Lage der 124 10 x10 km Rasterflächen (schwarz umrandete Quadrate), sowie der 10 definierten Einzugsgebiete (farblich codiert).

2.6 Auswertung Bestandsschätzung

Zur Abschätzung der Populationsgröße des Fischotterbestandes in Kärnten wurde prinzipiell die Fang- Wiederfangmethode angewandt. Diese basiert die Populationsgrößenabschätzung auf den Häufigkeiten, wie oft Tiere gefangen bzw. wiedergefangen wurden. In diesem konkreten Fall stehen „Fang“ und „Wiederfang“ für das einmalige bzw. mehrmalige Zuordnen desselben Individuums zu einer oder mehreren Kotproben. Die Fang-Wiederfangmethode wurde erstmals bereits im 19. Jahrhundert beschrieben (Petersen 1896) und die Modelle seitdem immer weiter verfeinert (e.g. Nichols 1992, Pledger et al. 2003, Pollock 2000). Eine relativ neue Modell-Variante von Miller et al. (2005), welches speziell für Erhebungen dieser Art mit nicht-invasiven genetischen Proben (wie Kotproben) entwickelt wurde, zieht auch unterschiedliche Wiederfangwahrscheinlichkeiten für die gefangenen Individuen in Betracht

und ist in dem R Softwarepaket CAPWIRE (Pennell et al. 2013, R Core Team 2014) implementiert. Es wurde bereits in vielen Studien zur Abschätzung von Populationsgrößen verschiedenster Säugetiere, wie Sibirischen Tigern (Borthakur et al. 2011), Braunbären (Perez et al. 2014), Baummardern (O'Mahony et al. 2017) aber auch von Fischottern in Österreich (Sittenthaler et al. 2015) angewandt. Für die Berechnung stehen hierbei drei unterschiedliche Modelle (mit unterschiedlichen Annahmen über die Wiederfangwahrscheinlichkeiten) zur Verfügung, wobei das beste Modell anhand eines Likelihood Ratio Tests ausgewählt werden kann. Der Schätzwert, welcher durch die Hochrechnung erhalten wird, ist ein sogenannter Maximum Likelihood Wert, also der wahrscheinlichste Wert für die Populationsgröße. Zusätzlich kann durch die Bootstrap-Methode ein Konfidenzintervall errechnet werden, also ein von-bis Bereich, in dem die wahre Populationsgröße mit einer bestimmte Wahrscheinlichkeit (hier zu 95%) zu finden ist. Unsere CAPWIRE Berechnungen wurden über den gesamten Datensatz, sowie für die einzelnen Einzugsgebiete separat berechnet.

Als zweiter Schätzwert zur Bestandsschätzung wurde der M_h -Chao Estimator (Chao 1988) herangezogen. Dieser basiert seine Populationsschätzung ebenso auf den Häufigkeiten der Wiederfänge und inkludiert auch eine zeitliche Komponente (in diesem Fall, in welchem der drei Durchgänge die Tiere gefangen wurden), zählt jedoch nur einen „Fang“ pro Durchgang jedes Tieres (Chao 1988). Bei Simulationen mit Populationen von bekannter Größe von über 100 Individuen gab M_h -Chao einen besseren Schätzwert als CAPWIRE an (Miller et al. 2005). M_h -Chao wurde mithilfe des R Softwarepaketes RCAPTURE (Rivest & Baillargeon 2014, R Core Team 2014) berechnet.

In diesem Bericht stellen wir beide Schätzwerte dar, aber in Bezug auf das Beprobungsschema und Häufigkeit der Wiederfänge (welche vor allem innerhalb derselben Durchgänge auftraten, siehe Ergebnisse, Kapitel 3.6.2) lehnen wir unsere Interpretation stärker an den CAPWIRE Schätzwert an.

2.7 Losungszählungen an der Raba

Im Rahmen einer Langzeitstudie durch das Amt der Kärntner Landesregierung Abteilung 8 - Umwelt, Wasser und Naturschutz wurde von Mag. Thomas Friedl seit Dezember 2015 Fischotter-Losungszählungen unter vier Brücken an der Raba (Abbildung 10) durchgeführt. Hierbei wurden vier Brücken an der Raba ein bis zwei Mal pro Monat auf Fischotterkot kontrolliert und die Losungszahl notiert.

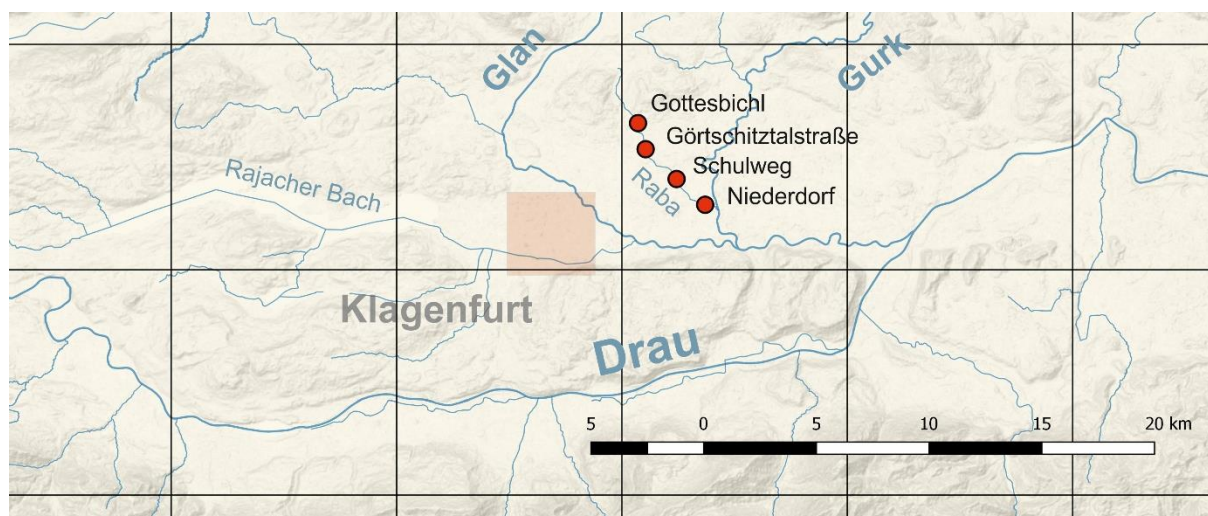


Abbildung 10 Lage der vier kontrollierten Brücken an der Raba.

3. Ergebnisse

3.1 Brückenbegehungen

Tabelle 1 schlüsselt die Anzahl der beprobten Stellen nach den einzelnen Durchgängen, sowie den Nachweisen (ob positiv oder negativ) auf.

Tabelle 1 Anzahl der beprobten Stellen in den drei Begehungsdurchgängen, sowie absoluter und prozentueller Anteil der positiv- und negativ Nachweise von Fischotterpräsenz.

	Monat	Beprobte Stellen			Nachweise absolut (in %)	
		Kranzbrücken	zusätzliche Stellen	gesamt	positiv	negativ
Durchgang 1	Februar/ März	347	191	538	421 (78,3%)	117 (21,7%)
Durchgang 2	Mai	325	146	471	279 (59,2%)	192 (40,8%)
Durchgang 3	Oktober	315	116	432	294 (68,1%)	138 (31,9%)
Gesamt		370	453	823	708 (86%)	115 (14%)

Der erste Begehungsdurchgang fand von Ende Februar bis Mitte März 2017 statt. Im Rahmen dieser Begehungen wurden 347 der 378 Kranzbrücken begangen und 191 zusätzliche Stellen, was eine Gesamtzahl von 538 begangene Stellen ergibt. Von diesen ließ sich bei 421 Stellen (78,3%) eine Fischotterpräsenz durch das Vorhandensein von Kot oder Duftmarken nachweisen, wohingegen 117 Stellen Negativmeldungen waren. Von den 124

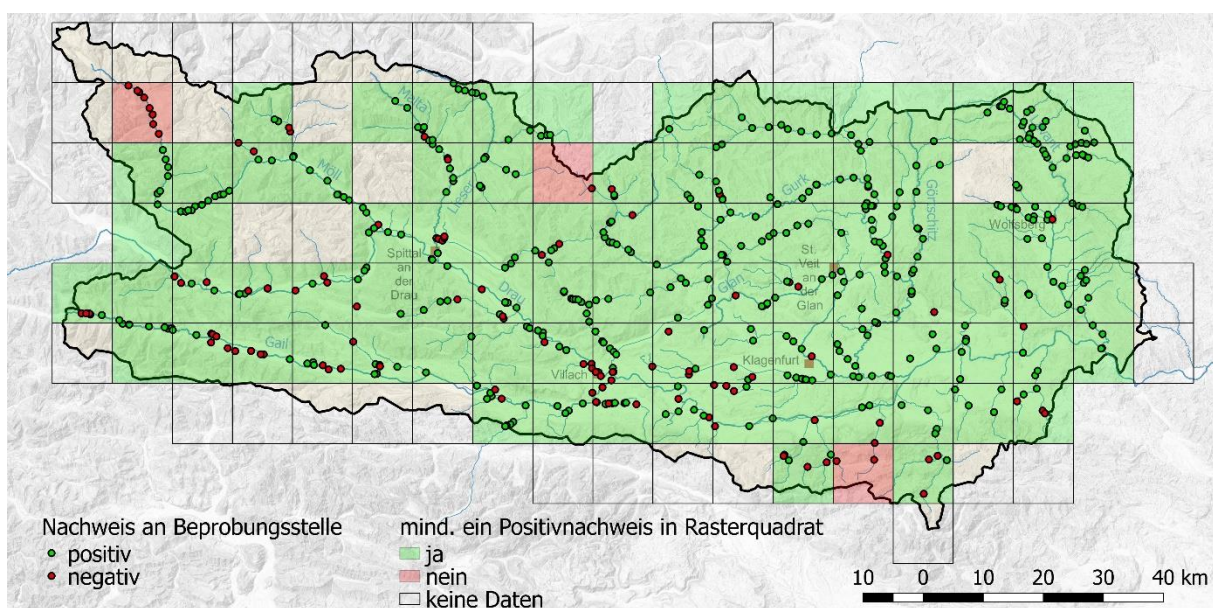


Abbildung 11 Begangene Stellen und Nachweise des ersten Begehungsdurchganges.

Rasterquadraten enthielten 92 mindestens einen Begehungspunkt, wovon wiederum 89 (96,7%) mindestens einen Positivnachweis enthielten (Abbildung 11).

Der zweite Begehungsdurchgang fand durch den gesamten Mai 2017 statt. Im Rahmen dieser Begehungen wurden 325 der 378 Kranzbrücken begangen und 146 zusätzliche Stellen, was eine Gesamtzahl von 471 begangene Stellen ergibt. Von diesen ließ sich bei 279 Stellen (59,2%) eine Fischotterpräsenz durch das Vorhandensein von Kot oder Duftmarken nachweisen, wohingegen 192 Stellen Negativmeldungen waren. Von den 124 Rasterquadraten enthielten 91 mindestens einen Begehungspunkt, wovon wiederum 72 (79,1%) mindestens einen Positivnachweis enthielten (Abbildung 12).

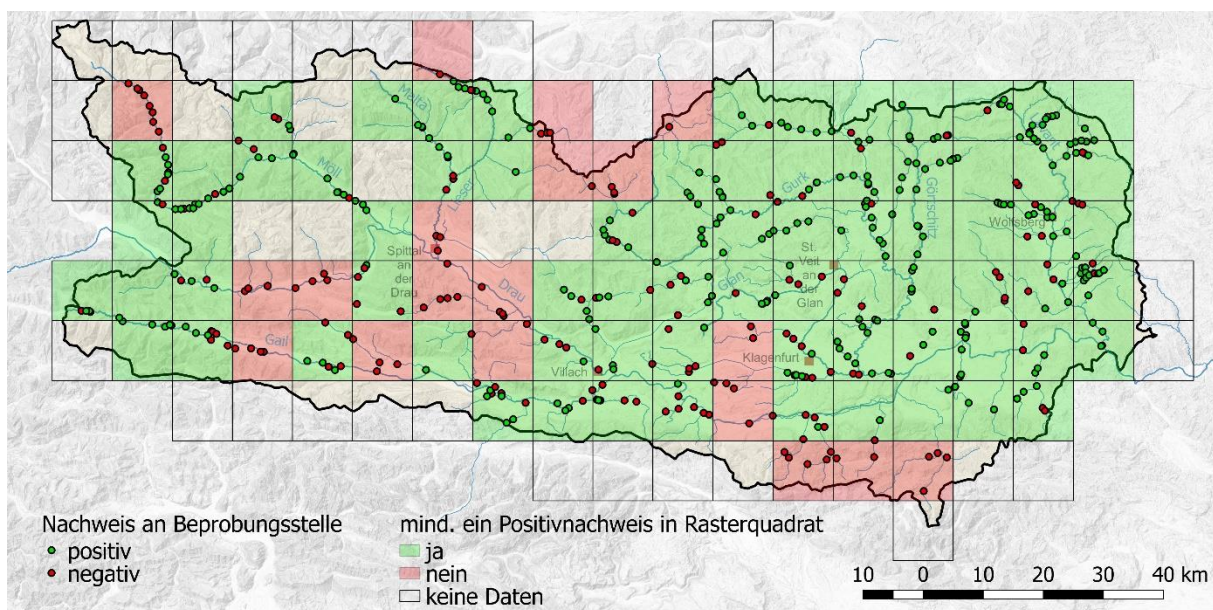


Abbildung 12 Begangene Stellen und Nachweise des zweiten Begehungsdurchganges.

Der dritte Begehungsdurchgang fand durch den gesamten Oktober 2017 statt. Im Rahmen dieser Begehungen wurden 316 der 378 Kranzbrücken begangen und 116 zusätzliche Stellen, was eine Gesamtzahl von 432 begangene Stellen ergibt. Von diesen ließ sich bei 294 Stellen (68,1%) eine Fischotterpräsenz durch das Vorhandensein von Kot oder Duftmarken nachweisen, wohingegen 138 Stellen Negativmeldungen waren. Von den 124 Rasterquadraten enthielten 88 mindestens einen Begehungspunkt, wovon wiederum 79 (89,8%) mindestens einen Positivnachweis enthielten (Abbildung 13).

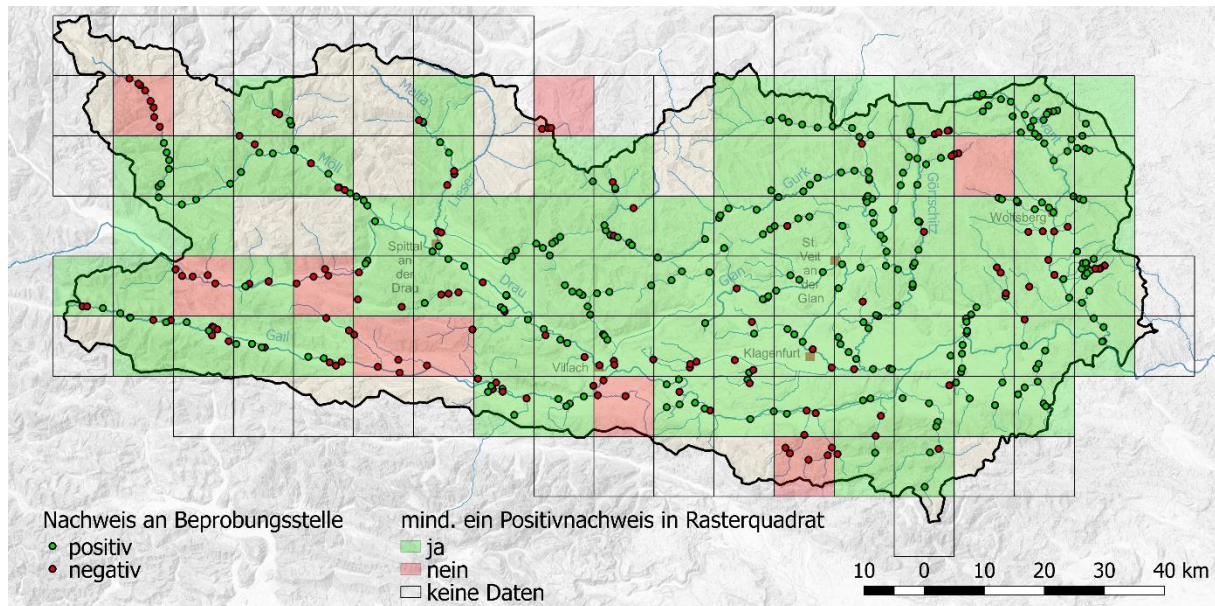


Abbildung 13 Begangene Stellen und Nachweise des dritten Begehungsdurchganges.

Über alle drei Begehungsdurchgänge kombiniert wurden so 370 der 378 Kranzbrücken begangen, sowie 453 zusätzliche Stellen, was insgesamt 823 Begehungspunkte ergibt. **Von diesen gab es an 708 (86%) Begehungspunkten im Laufe der drei Durchgänge mindestens einmal einen Positivnachweis, von 115 (14%) nur Negativnachweise.** Über alle drei Durchgänge kombiniert gab es Informationen in 94 der 124 Rasterquadrate, von denen 92 (97,9%) mindestens einen Positivnachweis enthielten (Abbildung 14).

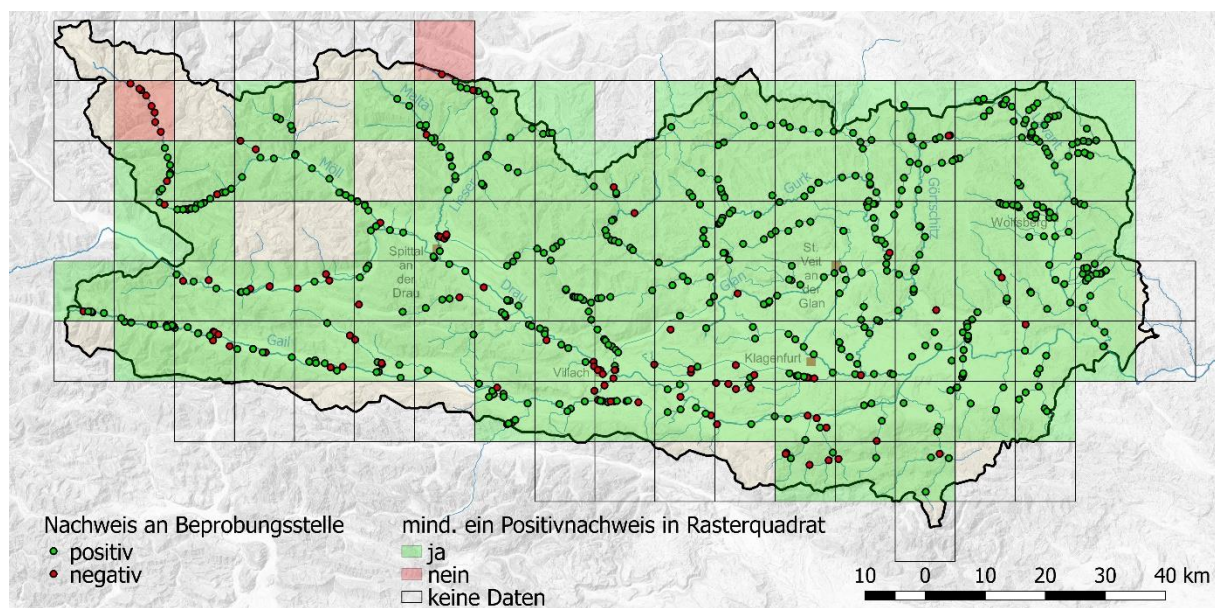


Abbildung 14 Begangene Stellen und Nachweise über alle drei Beprobungsdurchgänge kombiniert.

In den drei Durchgängen wurden insgesamt 5477 Fischotter-Lösungen gezählt (2857 in Durchgang 1, 1275 in Durchgang 2 und 1345 in Durchgang 3). Die Anzahl der gefundenen Lösungen über alle drei Durchgänge reichte hierbei von 0 (an 124 Brücken) bis 145 (zusätzliche Begehungsstelle M70 an der Gail, Hermagor). Die 145 Lösungen dürften jedoch eher als Datenausreißer zu betrachten zu sein. Die zweithöchste Anzahl an Lösungen betrug 62 (zusätzliche Begehungsstelle M69, ebenso an der Gail, Hermagor). Die höchste Lösungszahl bei einer Begehung an einer vordefinierten Kranzbrücke betrug 38 Lösungen (B356, am Glödnitzbach, St. Veit an der Glan). Abbildung 15 veranschaulicht die durchschnittliche Zahl an Otterlösungen pro Begehungsbrücke pro Durchgang in den einzelnen Rasterquadraten, mit einer analogen Farbkodierung wie in Kranz & Poledník (2009). Hierbei wurden nur Begehungen an den 378 vordefinierten Kranzbrücken berücksichtigt. So gab es Daten in 92 Rasterquadraten. Davon hatten 48 Quadrate (52,2%) eine mittlere Lösungsdichte von 2,6 Lösungen pro Brücke pro Begehung oder höher. Wir möchten darauf hinweisen, dass diese quantitative Aussage nur von begrenzter Aussagekraft ist, da die einzelnen Begehungsstellen nicht mit dem komplett identischen Beprobungsaufwand begangen wurden.

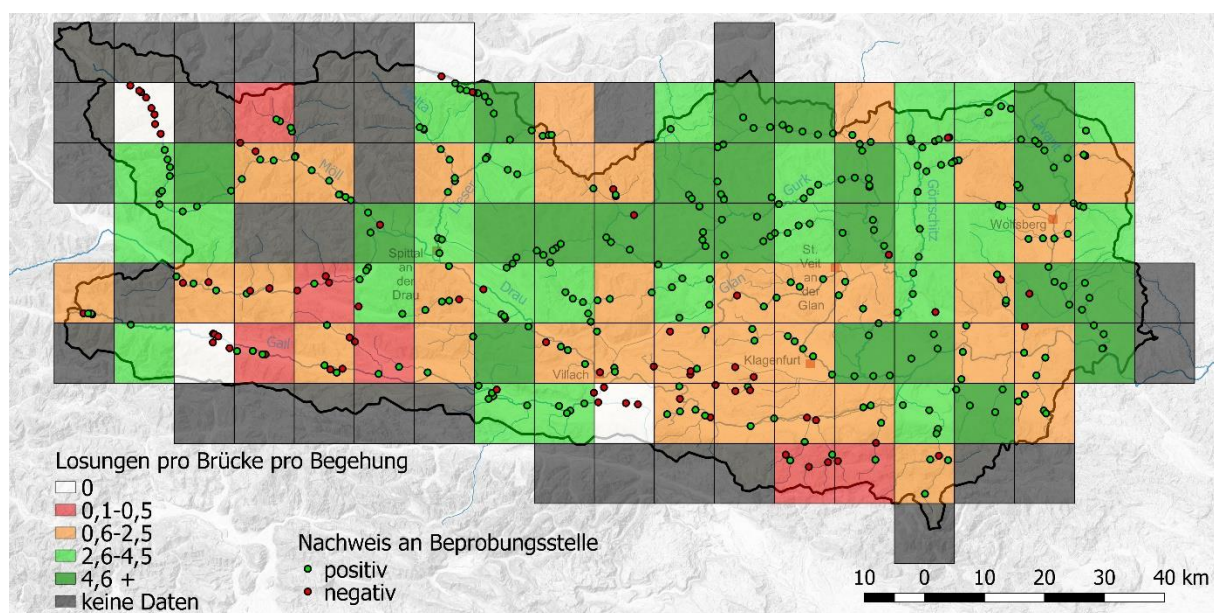


Abbildung 15 Durchschnittliche Lösungsdichte in den einzelnen Rasterquadraten an den 378 vordefinierten Begehungsbrücken. Lösungszahlen stellen die durchschnittliche Anzahl an Lösungen pro Brücke pro Durchgang dar.

3.2 Ergebnisse der Brückenbegehungen in den einzelnen Einzugsgebiete

Um eine bessere Übersicht über die Heterogenität des Beprobungsaufwandes über das gesamte Land Kärnten zu bekommen, wurde dessen Landesfläche in 10 Einzugsgebiete aufgeteilt (siehe Kapitel 2.5). Für jedes dieser Einzugsgebiete wurden Fläche, mittlere Seehöhe, Anzahl der Begehungsstellen sowie Anzahl der gezählten Losungen erhoben. So konnte die Dichte an Begehungsstellen pro Quadratkilometer berechnet werden (Tabelle 2), sowie die durchschnittliche Losungsdichte (analog jener der 94 Rasterquadrate in Kapitel 3.1) veranschaulicht werden (Abbildung 16). Hierbei schwankte die Dichte der Begehungsstellen zwischen 0,047 Begehungsstellen pro Quadratkilometer (Drau2 Einzugsgebiet) und 0,162 Begehungsstellen pro Quadratkilometer (Lavant Einzugsgebiet). Die durchschnittliche Losungszahl pro Kranzbrücke pro Durchgang reichte von 1,39 Losungen (Drau2 Einzugsgebiet) bis 5,19 (Gurk Einzugsgebiet).

Tabelle 2 Größe, mittlere Seehöhe, sowie Dichten von Begehungsstellen und Losungen in den einzelnen Einzugsgebieten (EZGs)

EZG	Fläche (km ²)	Mittlere Seehöhe (m)	Anzahl Begehungsstellen	Anzahl gezählter Losungen	Begehungsstellen / km ²	Losungszahl/ Brücke/ Durchgang ³
Drau1	1378,4	1135,0	103	617	0,075	2,04
Drau2	795,1	907,2	37	141	0,047	1,39
Drau3	650,6	660,1	54	246	0,083	3,00
Gail	1089,2	1141,4	103	716	0,095	1,45
Glan	810,4	672,6	74	421	0,091	2,72
Görtschitz	260,1	1193,1	27	161	0,104	3,28
Gurk	1281,0	1031,8	154	1372	0,120	5,19
Lavant	893,7	984,1	145	1004	0,162	5,07
Lieser	1024,2	1650,6	60	384	0,059	4,21
Möll	1079,0	1895,6	65	409	0,060	2,08
Summe	9261,5	---	822 ¹	5471 ²	---	---
Mittelwert	926,1	1127,1	82,2	547,1	0,09	3,04

¹ excl. einer Begehungsstelle (B336, welche sich außerhalb der definierten EZGs befand)

² excl. sechs Losungen der Begehungsstelle B336

³ zur Berechnung wurden nur Losungszählungen der 378 vordefinierten Brücken berücksichtigt

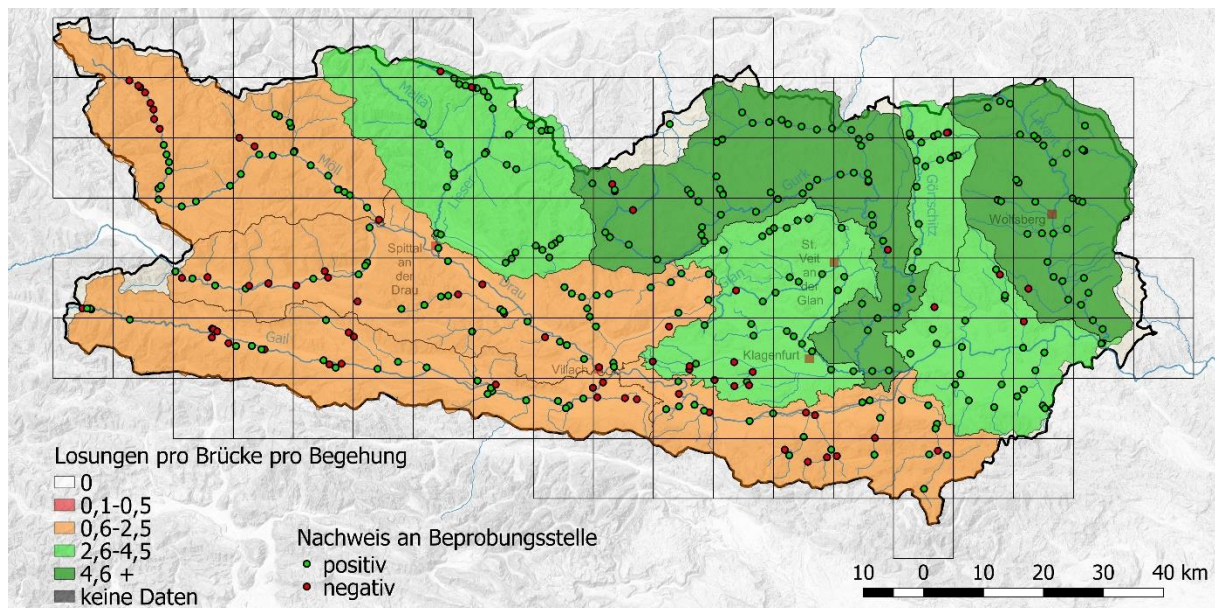


Abbildung 16 Durchschnittliche Losungsdichte in den einzelnen Einzugsgebieten an den 378 vordefinierten Begehungsbrücken. Losungszahlen stellen die durchschnittliche Anzahl an Losungen pro Kranzbrücke pro Durchgang dar.

3.3 Zusätzliche Begehungen an der Lieser

Im Rahmen der Masterarbeit von Christof Prem wurde die Lieser sechsmal begangen. So wurde insgesamt ein Abschnitt von ca. 20 km Flusslänge abgegangen. Es wurden entlang dieser Strecke insgesamt an 239 Stellen Losungen gefunden und 614 Losungen gezählt (Abbildung 17). Ebenso wurden hierbei frische Losungen für genetische Analysen aufgesammelt (Tabelle 3).

Tabelle 3 Losungszählungen und Anzahl an gesammelten Genetikproben durch die zusätzlichen Begehungen an der Lieser

Begehung Nr.	Datum	Losungen gezählt	Anzahl Genetikproben
1	3.6.2017-5.6.2017	50	12
2	22.7.2017-23.7.2017	46	10
3	30.8.2017-1.9.2017	75	16
4	27.9.2017-29.9.2017	68	21
5	14.10.2017-15.10.2017	196	32
6	4.11.2017-6.11.2017	179	40
Gesamt		614	131

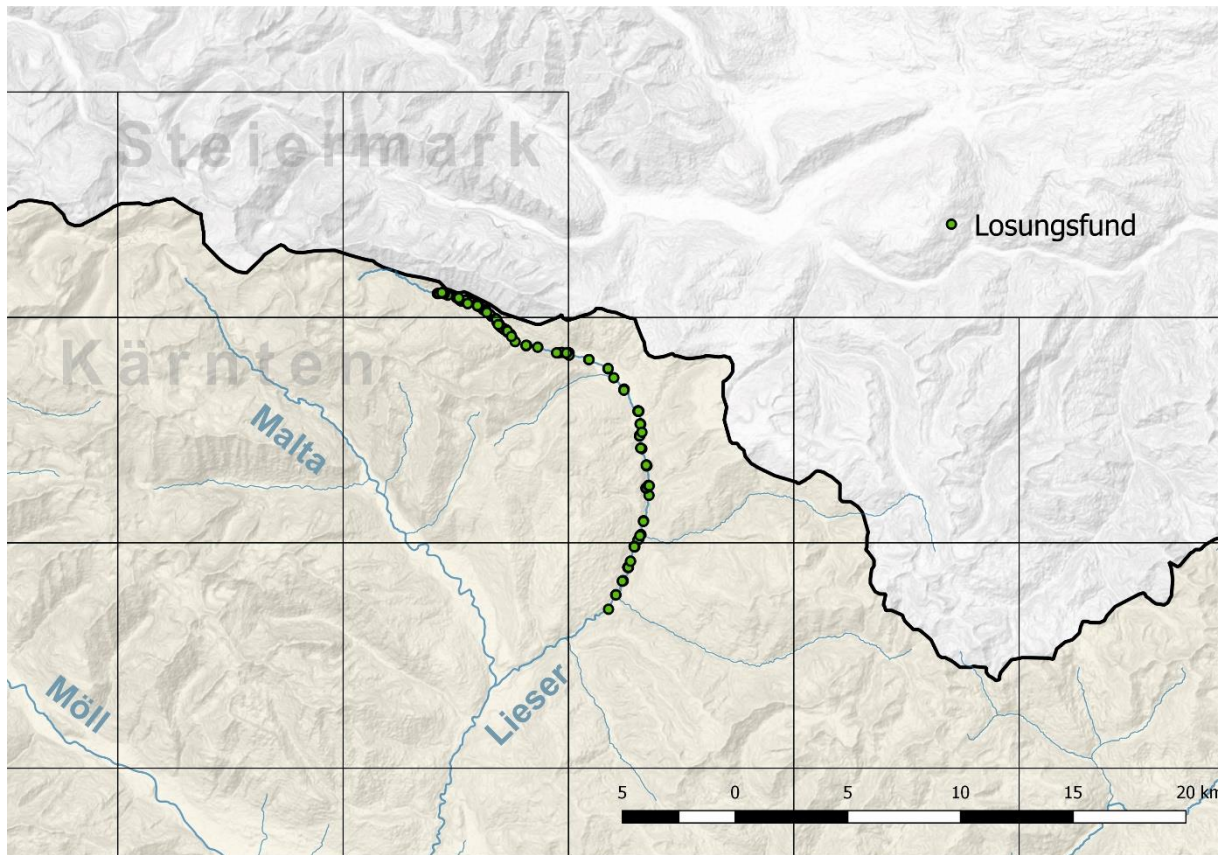


Abbildung 17 Losungsfunde der zusätzlichen Begehungen an der Lieser.

3.4 Weitere Nachweise von Fischottervorkommen

Von der Landesregierung Kärnten wurden seit 2015 Nachweise über Fischotterpräsenz (Gutachten von Begehungen, Fotodokumentationen etc., siehe Tabelle 4) gesammelt. Diese wurden zusammen mit weiteren Beobachtungen zu Fischotterpräsenz im Rahmen der Brückenbegehungen ebenfalls in unserer Datenbank gesammelt.

Tabelle 4 Häufigkeiten und Art der zusätzlich gemeldeten Fischotternachweisen (Zeitraum März 2015- Januar 2018)

Nachweisart	Häufigkeit
Fährten	84
Fischverlußt	5
Fotodokumentation	18
Fraßspuren	17
Losungen	15
Otterbau	3
Sichtung	9
Totfund	19
Gesamt	170

Insgesamt erhielten wir so zusätzlich Fischotter-Nachweise von 160 GPS Stellen (Abbildung 18). Wobei sich einer (ein Totfund) in der Steiermark befand und die Genetikprobe hiervon später von den Analysen ausgeschlossen wurde (siehe Kapitel 3.6.1)

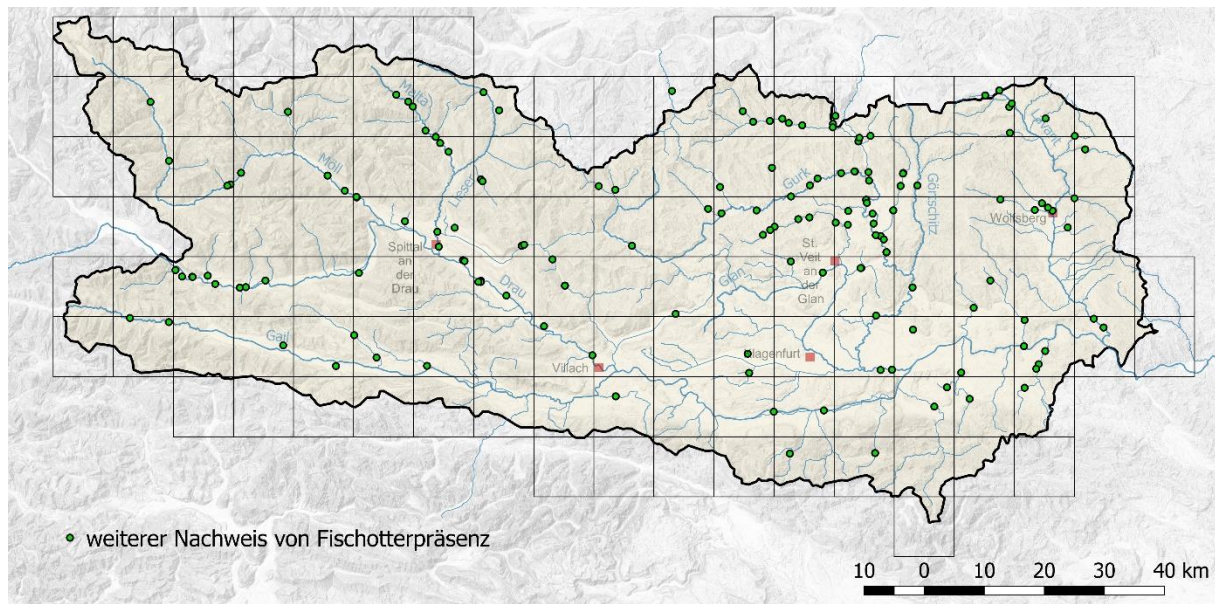


Abbildung 18 Lage der weiteren Nachweise von Fischotterpräsenz (Zeitraum März 2015 – Januar 2018).

3.5 Verbreitung gesamt

Kombiniert man nun die Ergebnisse der Brückenbegehungen mit den weiteren Nachweisen zum Fischottervorkommen, erhielten wir insgesamt von 918 Stellen Informationen zum Fischottervorkommen. Hiervon waren 773 (84,2%) positiv, 145 (15,8%) negativ. Zusammen mit den zusätzlichen Begehungen an der Lieser ergibt sich folgendes Gesamtverbreitungsbild des Fischotters in Kärnten (Abbildung 19). **Von den 94 10 x 10 km Rasterquadraten, welche Daten zur Fischotterverbreitung enthielten, wiesen alle mindestens einen Positivnachweis auf (Zeitraum März 2015 – Januar 2018).**

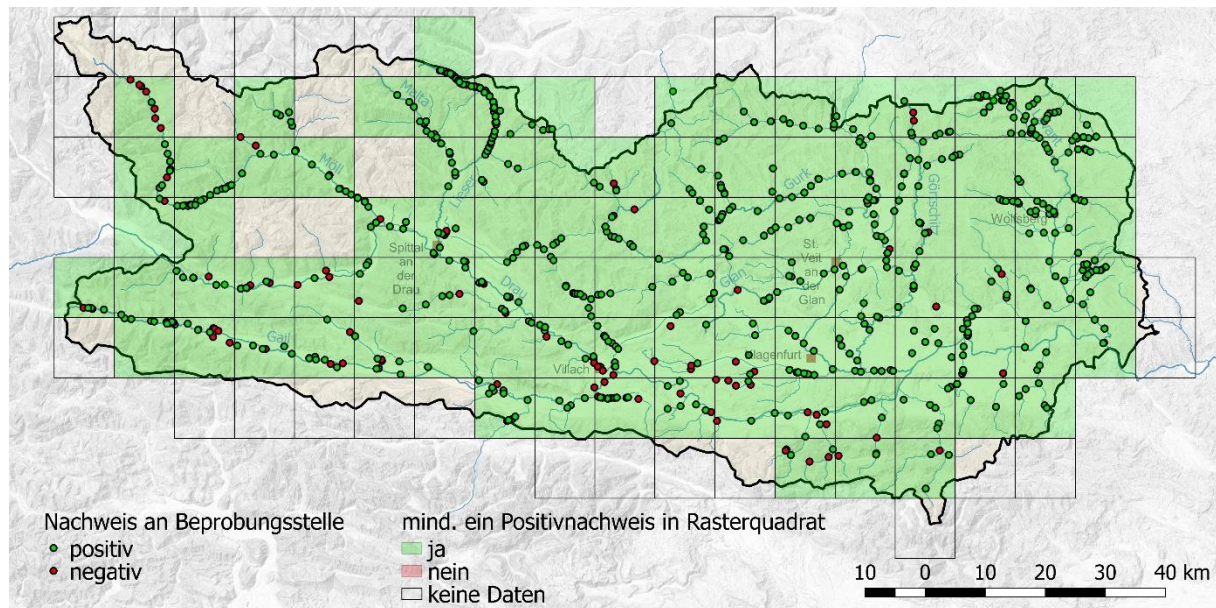


Abbildung 19 Alle Datenpunkte zu Nachweisen von Fischottervorkommen kombiniert. Diese umfassen alle Nachweise der Brückenbegehungen aller drei Durchgänge (Februar – Oktober 2017), die zusätzlichen Begehungen an der oberen Lieser, sowie alle gesammelten weiteren Nachweise zu Fischottervorkommen (März 2015 – Januar 2018).

3.6 Genetische Untersuchungen

3.6.1 Anzahl und Verteilung der Genetikproben

Durch die Brückenbegehungen wurden insgesamt 772 Kotproben (275 von Durchgang 1, 231 von Durchgang 2 und 266 von Durchgang 3) am Institut für Zoologie abgegeben. Hinzu kamen noch 15 Gewebeproben, sowie 131 Kotproben, welche im Rahmen der zusätzlichen Begehungen an der Lieser gesammelt wurden. Von den Begehungs-Kotproben und den Gewebeproben stammte jeweils eine Probe nicht aus Kärnten, weswegen sie von den Analysen ausgeschlossen wurden. Von den zusätzlichen Proben an der Lieser wurden 99 Proben genetisch analysiert. So ergibt sich eine Gesamtzahl von 884 analysierten Genetikproben (Tabelle 5). **Von den 772 Kotproben der Brückenbegehungen wurden 230 erfolgreich genotypisiert, womit sich eine Erfolgsrate von 29,8% ergibt. Von den 99 bearbeiteten Kotproben an der Lieser wurden 43 erfolgreich genotypisiert (Erfolgsrate: 43,4%).** Die 14 Gewebeproben wurden zu 100% erfolgreich genotypisiert. So ergibt sich eine Gesamtzahl von 287 erfolgreich genotypisierten Proben (Tabelle 5).

Tabelle 5 Anzahl an analysierten und genotypisierten Proben, sowie Zahl der identifizierten Fischotter-Individuen in einzelnen Einzugsgebieten (EZGs).

EZG	Anzahl Genetikproben geliefert	Anzahl erfolgreich genotypisierter Genetikproben	Erfolgsrate	Erfolgreich genotypisierte Proben pro km ²	Anzahl an identifizierten Tieren (♂;♀;unbekannt)
Drau1	74	26	35,1%	0,019	20 (11;8;1)
Drau2	16	6	37,5%	0,008	6 (2;3;1)
Drau3	64	23	35,9%	0,035	14 (7;7;0)
Gail	67	15	22,4%	0,014	14 (8;5;1)
Glan	53	15	28,3%	0,019	9 (6;3;0)
Görtschitz	50	12	24,0%	0,046	7 (3;3;1)
Gurk	211	67	31,8%	0,052	32 (15;15;2)
Lavant	160	53	33,1%	0,059	24 (10;13;1)
Lieser ¹	134	57	42,5%	0,057	18 (10;8;0)
Möll	55	11	20,0%	0,010	8 (6;2;0)
Summe	884	287 ²	32,5% ³	0,030 ⁴	154 (80;67;7) ¹

¹ Proben inklusiver jener der Zusatzbegehungen an der Lieser, welche zur besseren Konservierung der DNA während der Begehung auf Trockeneis gelagert wurden.

² inkl. 2 Genetikproben, welche keinem EZG zugeordnet werden konnten

³ Gesamtwert für Kärnten, nicht Summe; inkl. analysierter Gewebeproben und Zusatzproben der Lieser

⁴ Gesamtwert für Kärnten, nicht Summe; bezogen auf eine Gesamtfläche Kärntens von 9538,01 km²

3.6.2 Anzahl an identifizierten Individuen und genetische Variabilität des Datensatzes

Insgesamt konnten von den 287 erfolgreich genotypisierten Proben 154 unterschiedliche Fischotter- Individuen identifiziert werden (Tabelle 5), davon waren 80 Tiere männlich, 67 Tiere weiblich und sieben Tieren konnte nicht eindeutig ein Geschlecht zugeordnet werden. Somit ergibt sich ein absolutes Geschlechterverhältnis Männchen:Weibchen von 1:0,84 (**entspricht 54% Männchen und 46% Weibchen**). Rein anhand der Kotproben von den Brückenbegehungen wurden 137 unterschiedliche Fischotter identifiziert. Diese teilen sich wie folgt auf die drei Begehungsdurchgänge auf (Tabelle 6)

Tabelle 6 Auflistung an welchen der drei Durchgänge von den 137 Individuen die rein durch Brückenbegehungen identifiziert wurden, Lösungen gefunden wurden

Losung des Tieres gefunden in	Anzahl Individuen
Durchgang 1 allein	45
Durchgang 2 allein	21
Durchgang 3 allein	48
Durchgang 1 und Durchgang 2	8
Durchgang 1 und Durchgang 3	6
Durchgang 2 und Durchgang 3	6
Durchgang 1, 2 und Durchgang 3	3
Gesamt	137

Das Geschlechterverhältnis in den einzelnen Durchgängen betrug 1:0,53 für Durchgang 1, 1:0,76 für Durchgang 2 und 1:1,42 für Durchgang 3.

Jene 48 Tiere, welche erstmals (und somit nur) in Durchgang 3 (Oktober), identifiziert wurden, stellen womöglich diesjährige Jungtiere dar und wurden deswegen einer Verwandtschaftsanalyse als potentielle Nachkommen anderer Tiere unterzogen (siehe Kapitel 3.6.4).

Die „Probability of Identity“ (PI_{unbias}) über den gesamten Datensatz betrug $9,870 \cdot 10^{-9}$ und die „Probability of Identity for siblings“ (PI_{sibs}) $3,036 \cdot 10^{-4}$, was in etwa bedeutet, dass in einem von ca. 100 000 000 Fällen zwei unterschiedliche Tiere fälschlicherweise demselben Tier zugeordnet werden bzw. in einem von 3 333 Fällen zwei Geschwister als gleiches Tier identifiziert werden. Beide Fälle sind für diesen Datensatz also als extrem unwahrscheinlich anzusehen.

Die genetische Variabilität der 11 Mikrosatellitenloci ist in Tabelle 7 dargestellt. Von den 11 Loci wichen drei signifikant vom Hardy-Weinberg Gleichgewicht durch Heterozygotendefizite ab. Allerdings gab es keine signifikanten Hinweise auf Abweichungen vom Kopplungsgleichgewicht, und auch keine starke Strukturierung zwischen genetischen Distanzen (Allele-Sharing Distanzen) und geografischer Distanz der Tiere zueinander (Daten nicht dargestellt). Ebenso wurden Null-Allele von MICROCHECKER an allen drei dieser Loci vorgeschlagen. Daher sind diese Abweichungen wohl eher nicht durch eine reale Populationsstruktur des Fischotters in Kärnten, sondern eher durch Null-Allele zustande gekommen.

Tabelle 7 Genetische Variabilität der 11 Mikrosatellitenloci. N_A : Anzahl der Allele am Locus. H_E : erwartete Heterozygotität; H_O : beobachtete Heterozygotität, F_{IS} : Index zur Abweichung des Hardy-Weinberg-Gleichgewichts. Ein * deutet eine signifikante Abweichung vom Gleichgewicht an.

Lokus	N_A	H_E	H_O	F_{IS}	Null-Allele möglich
Lut435	6	0,53	0,34	0,36*	Ja
Lut457	7	0,73	0,64	0,13*	Ja
Lut615	6	0,71	0,65	0,10	Nein
Lut701	5	0,62	0,56	0,09	Nein
Lut717	5	0,64	0,55	0,15	Ja
Lut833	6	0,55	0,58	-0,04	Nein
Lut453	5	0,64	0,69	-0,08	Nein
Lut604	6	0,70	0,58	0,16*	Ja
Lut715	4	0,66	0,63	0,06	Nein
Lut733	4	0,61	0,54	0,11	Nein
Lut832	4	0,61	0,59	0,04	Nein
Gesamt	-	0,64	0,58	0,10	-

3.6.3 Wiederfänge derselben Tiere

Von den 154 Tieren wurden 99 Tiere anhand einer einzigen Genetikprobe identifiziert, während 55 Tieren mindestens zwei unterschiedliche Genetikproben zugeordnet wurden (weiter unten auch als „Wiederfänge“ bezeichnet). Die maximale Wiederfangrate eines

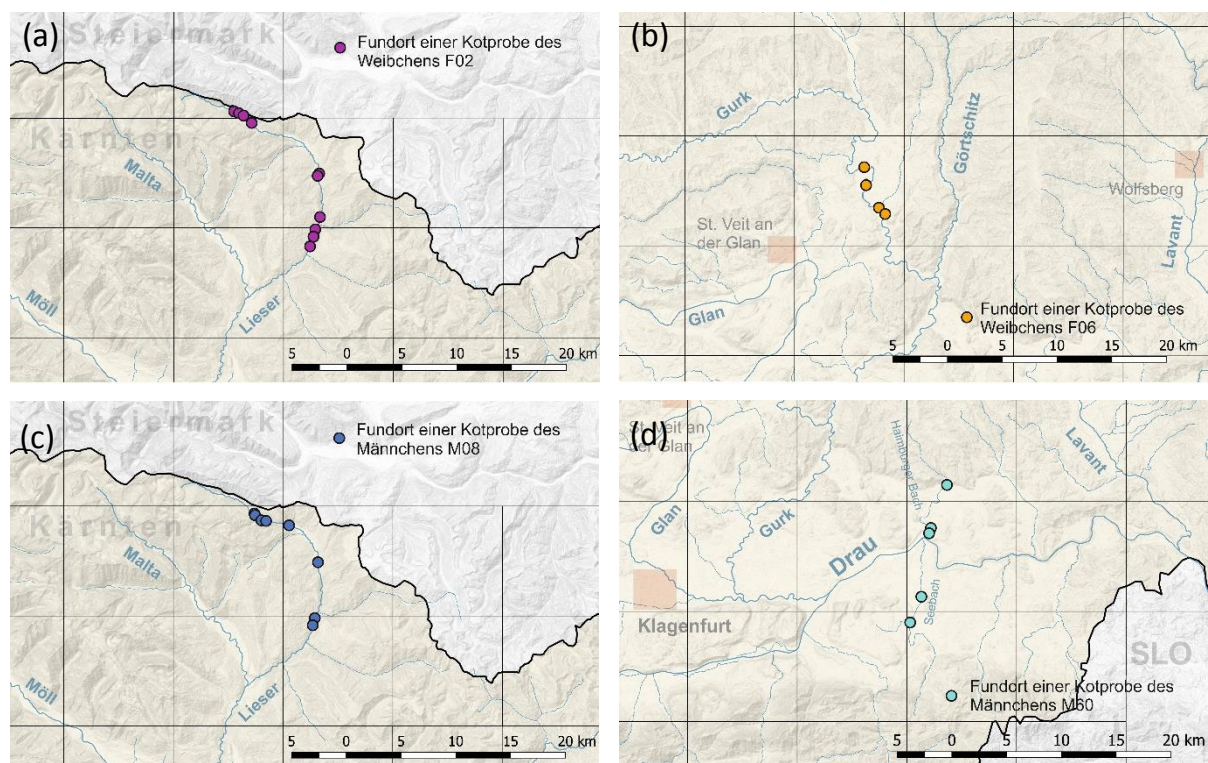


Abbildung 20 Fundorte der jeweils beiden, am häufigsten wiedergefangenen Weibchen (a & b) und Männchen (c & d)

einzelnen Tieres betrug 14 Losungen (Weibchen F02, entlang der Lieser durch die dortigen zusätzlichen Flussbegehungen dokumentiert; Abbildung 20a). Das Tier mit den meisten Wiederfängen rein durch Brückenbegehungen (8x) wurde an der Gurk beobachtet (Weibchen F06, Abbildung 20b). Das Männchen mit den meisten Wiederfängen war Individuum M08 (12x, Abbildung 20c) entlang der Lieser, das Männchen mit den häufigsten Wiederfängen rein durch Brückenbegehungen (6x) war Individuum M60 (am Seebach und Haimburger Bach, Abbildung 20d).

In drei Fällen wurde ein Tier erst anhand einer Kotprobe identifiziert und später anhand einer Gewebeprobe durch einen Totfund.

Die Wiederfangdistanzen der einzelnen Tiere (Luftdistanzen zwischen den GPS-Punkten, an denen Genetikproben demselben Tier zugeordnet wurden) reichten von 0 km (Tier an derselben Begehungsstelle gefunden) bis 14,1 km (Weibchen F02 an der Lieser). Diese Distanz umfasst wahrscheinlich das gesamte Revier des Weibchens F02, welches durch die intensive Beprobung an der Lieser komplett abgegangen wurde. Die zweitgrößte maximale Wiederfangdistanz eines Weibchens (F36, ebenfalls an der Lieser) betrug 7,4 km. Bei den Männchen betrug die Maximale Wiederfangdistanz 13 km (Männchen M60, am Haimburger bzw. Seebach). Durchschnittlich hatten Männchen eine größere maximale Wiederfangdistanz als Weibchen (5,16 km zu 3,78 km), der Unterschied war jedoch statistisch nicht signifikant. Abbildung 21a zeigt die Verteilung der paarweisen Wiederfangdistanzen, Abbildung 21b die Verteilung der maximalen Wiederfangdistanz je Individuum für die beiden Geschlechter getrennt.

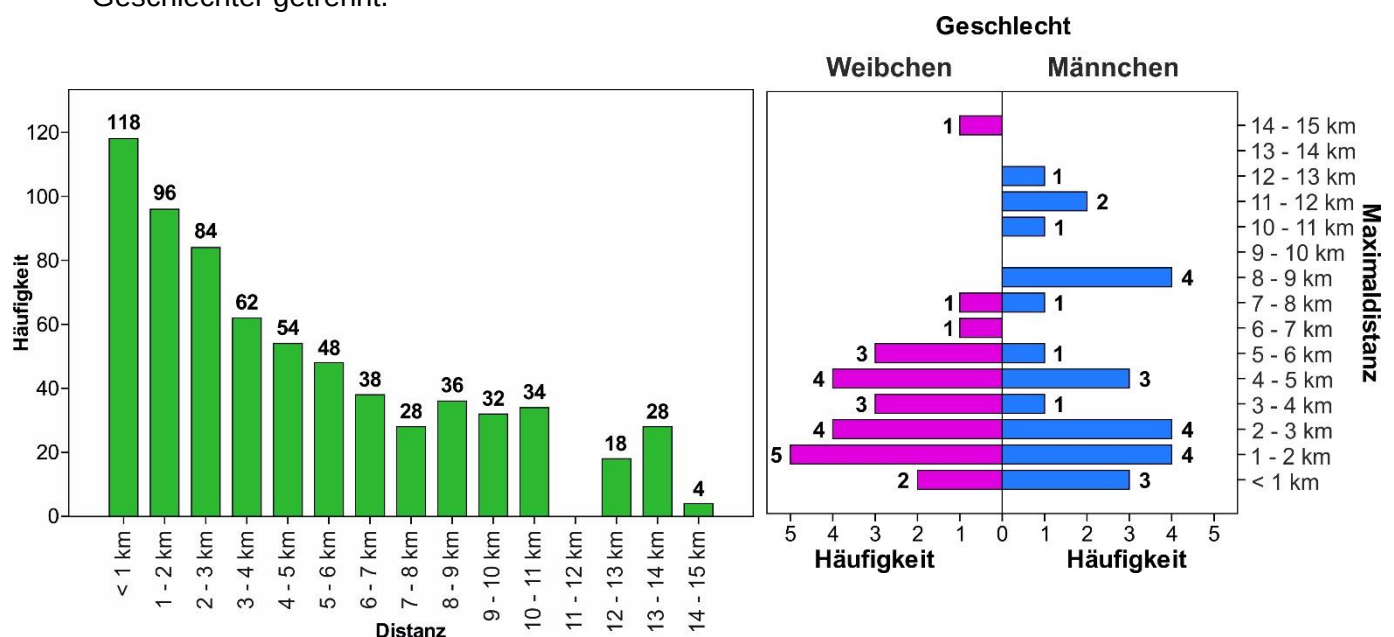


Abbildung 21 Verteilung der Wiederfangdistanzen derselben Fischotter. (a) paarweise Distanzen (b) Maximaldistanzen pro Individuum, getrennt nach Geschlecht.

3.6.4 Verwandtschaftsanalysen

Von den 48 Tieren, welche nur in Durchgang 3 identifiziert wurden, wurden 34 als potentielle Jungtiere vorgeschlagen (Tabelle 8). Von diesen 34 befanden sich zwei Tiere außerhalb der definierten geografischen Begrenzung zu den potentiellen Elterntieren (F50 - 76 bzw. 77 km zur potentiellen Mutter bzw. Vater und F56- jeweils ca. 32 km zu den potentiellen Eltern), weswegen sie als diesjährige Jungtiere ausgeschlossen wurden. **So ergibt sich eine Gesamtzahl von 32 Jungtieren im Datensatz (Tiere, welche im dritten Durchgang erstmals identifiziert wurden und wahrscheinlich während des Untersuchungszeitraumes geboren wurden).**

Tabelle 8 Vorgeschlagene Jungtiere im Datensatz

EZG:	Drau1	Drau2	Drau3	Gail	Glan	Görtschitz	Gurk	Lavant	Lieser	Möll	<u>Gesamt</u>
Vorgeschlagene Jungtiere	F65		F38	F50*	F44	M61	F42	F39	F37	M62	
	F66		M60	F53	M76		F43	F40	M77	M75	
	M67		M69	F63			F51	F41			
	M73			U02			F60	F55			
	U03						M70	F56*			
							M71	F62			
							U04	F64			
								U07			
Summe	5	0	3	3	2	1	7	7	2	2	<u>32</u>

* Jungtiere befanden sich zu weit von den Elterntieren entfernt und wurden deswegen als frische Nachkommen ausgeschlossen

3.6.5 Bestandsschätzung

Die Hochrechnungen für die Bestandsgröße wurden in CAPWIRE für den gesamten Datensatz, sowie für die einzelnen Einzugsgebiete getrennt durchgeführt. Ebenso wurde eine Hochrechnung für ganz Kärnten ohne die diesjährigen Jungtiere durchgeführt. Tabelle 9 listet die Details zu den einzelnen Hochrechnungen auf. Für das Einzugsgebiet Drau2 ließ sich keine Hochrechnung separat durchführen, da in diesem Gebiet alle Tiere nur einmalig „gefangen“ (anhand einer einzigen Kotprobe identifiziert) wurden. Ebenso ist die Probenzahl im Gail und Möll Einzugsgebiet sehr knapp bemessen (siehe erfolgreich genotypisierte Proben pro km², Tabelle 5), weswegen die Hochrechnungen für diese Gebiete (wenn für diese Einzugsgebiete getrennt gerechnet) statistisch nur schwach unterstützt sind. Die Hochrechnung für die Gesamtpopulation über ganz Kärnten (in der die Daten aller 10 Einzugsgebiete einfließen) kann jedoch als sehr robust angesehen werden.

Tabelle 9 Ergebnisse der Hochrechnungen zu den Bestandsgrößen des Fischotters

Datensatz	Anzahl Genetikproben	Anzahl Tiere identifiziert	Geschlechter-verhältnis	Einfachfänge/ Wiederfänge	Hochrechnung Bestandsgröße (95% Konfidenzintervall)	Populations-teil	Gewähltes Modell (CAPWIRE)
CAPWIRE							
<i>Berechnungen für die einzelnen Einzugsgebiete</i>							
Drau1	26	20	1:0,73	16/4	45 (27-100)	alle Tiere	Ecm
Drau2	6	6	1:1,50	6/0	Keine Berechnung möglich	alle Tiere	Ecm
Drau3	23	14	1:1	9/5	20 (14-34)	alle Tiere	Ecm
Gail	15	14	1:0,63	13/1	100 (30-300) ¹	alle Tiere	Ecm
Glan	15	9	1:0,5	5/4	12 (9-21)	alle Tiere	Ecm
Görtschitz	12	7	1:1	4/3	9 (7-18)	alle Tiere	Ecm
Gurk	67	32	1:1	19/13	71 (53-139)	alle Tiere	TirmPartition
Lavant	53	24	1:1,3	10/14	28 (24-33)	alle Tiere	Ecm
Lieser	57	18	1:0,8	10/8	33 (24-54)	alle Tiere	TirmPartition
Möll	11	8	1:0,33	5/3	15 (8-51) ¹	alle Tiere	Ecm
Summe	285	152	--	--	339 ²	--	--
CAPWIRE							
<i>Berechnungen über Gesamtkärnten</i>							
Gesamt	287³	154³	1:0,84	99/55	361 (341-509)	alle Tiere	TirmPartition
Gesamt ohne Jungtiere	232	122	1:0,72	78/44	285 (259-419)	nur adulte Tiere	TirmPartition
M_h-Chao							
Gesamt	287³	154³	1:0,84	99/55	391 (353-440)	alle Tiere	--
Gesamt ohne Jungtiere	232	122	1:0,72	78/44	279 (258-306)	nur adulte Tiere	--

¹ Berechnung statistisch schwach unterstützt da sehr geringe Probenzahl bzw. Wiederfangrate

² Inklusive der 6 Tiere, welche in Drau 2 identifiziert wurden

³ Inklusive zweier Proben, die keinem Einzugsgebiet zugeordnet werden konnten

Die Gesamtschätzung der Fischotterpopulation für Kärnten über den gesamten Datensatz beträgt laut CAPWIRE Berechnung somit 361 Tiere (95% Konfidenzintervall 341-509). Exkludiert man die potentiellen Jungtiere (32 von 154 Tiere) von der Hochrechnung und zieht somit nur die adulten Tiere in die Berechnungen ein, beträgt der Schätzwert 285 adulte Tiere (95% Konfidenzintervall 259-419). Die Hochrechnung über ganz Kärnten wurde sowohl inklusive der Genetikproben durch die Zusatzbegehung an der Lieser durchgeführt, als auch ohne diese Proben. Die Berechnung ohne diese zusätzlichen Proben wich nur geringfügig von den Ergebnissen in Tabelle 9 ab (365 statt 361 Tiere insgesamt), deswegen werden nur die weiteren Ergebnisse inklusive der Zusatzproben von der Lieser gezeigt werden.

Die zweite Methodik zur Hochrechnung, M_h -Chao, wurde nur für den Gesamtdatensatz (jeweils mit und ohne Jungtiere) durchgeführt, da dieser Schätzwert für kleine Populationsgrößen wie es für die einzelnen Einzugsgebiete der Fall ist, weniger geeignet ist. **Die Hochrechnung für die Gesamtpopulation beträgt hierbei laut M_h -Chao 391 Tiere (95% Konfidenzintervall 353-440, Tabelle 9), nach Ausschluss der diesjährigen Jungtiere 279 adulte Tiere (95% Konfidenzintervall 258-306).**

Überträgt man die Hochrechnungen der CAPWIRE Populationsschätzungen auf die Fläche der jeweiligen Einzugsgebiete lassen sich grob folgende Fischotterdichten in den Einzugsgebieten rekonstruieren (Tabelle 10).

Tabelle 10 Geschätzte Fischotterdichten in den Einzugsgebieten (EZGs) und für Kärnten gesamt

EZG	Populationsschätzung	Fischotter pro 100 Quadratkilometer
Drau1	45	3,26
Drau2	<i>Keine Berechnung möglich</i>	
Drau3	20	3,07
Gail	100 ¹	9,18 ¹
Glan	12	1,48
Görtschitz	9	3,46
Gurk	71	5,54
Lavant	28	3,13
Lieser	33	3,22
Möll	15 ¹	1,39 ¹
Kärnten gesamt	361	3,78 ²

¹ Berechnungen statistisch nur sehr schwach unterstützt

² bezogen auf eine Gesamtfläche Kärntens von 9538,01 km²

Basierend auf einer Gesamtgewässernetzlänge Kärntens von 4348 km (Bundesberichtsgewässernetz GGN v10.1, Fachliche Quellen: BMNT, Ämter der Landesregierungen, Umweltbundesamt), entspricht die Hochrechnung von 361 Individuen einer Dichte von 0,083 Fischottern pro Flusskilometer. Jedoch inkludiert diese Rechnung auch Kleinstgewässer, welche alleine vermutlich kein geeignetes Fischotter-Revier stellen können. Als solch eines werden meist Gewässer ab einer mittleren Breite von mindestens vier Metern gesehen (z.B. Kranz & Poledník 2015 & 2017, Weinberger et al 2016). Aus Mangel an zur Verfügung stehender Informationen zur Gewässerbreite der Kärnten Fließgewässer ziehen wir die Flussordnungszahlen der Fließgewässer heran, welche wir aus dem Berichtsgewässernetz v10.1, 2015 entnehmen. Als Näherungswert für ein Fließgewässer ab vier Metern Breite werden hier Gewässer ab einer Flussordnungszahl von 4 oder höher herangezogen (Leopold & Miller 1956). Reduziert man die Gewässernetzlänge Kärntens auf diese Gewässer (1475,4 km), ergibt dies eine Dichte von 0,245 Fischottern pro Flusskilometer.

Als ein weiterer Indikator für die Fischotterdichte wird oft die durchschnittliche Weibchenrevierlänge in Flusskilometern angegeben, welche sich hierbei auf ca. 8,9 km beläuft (bei 166 Weibchen; entspricht 46% der 361 Tiere und Gewässer mit einer Flussordnungszahl von 4 oder höher berücksichtigt). Innerhalb der einzelnen Einzugsgebiete (Drau2, Gail und Möll ausgenommen) schwankten die beiden Dichteindikatoren zwischen 0,117 und 0,3 Fischottern pro Flusskilometer bzw. zwischen 7,3 und 18,5 km mittlerer Weibchenrevierlänge. Die höchste Fischotterdichte besaß dabei das Drau3 Einzugsgebiet, die niedrigste das Glan Einzugsgebiet.

3.6.6 Sequenzierungen des Cytochrom B Gens

Es wurden 21 Genetikproben (2 Gewebeproben und 19 Kotproben) am Cytochrom B – Gen sequenziert. Die erhaltene DNA Sequenz war 115 Basenpaare lang und wurde mit den Sequenzen von 15 Vertretern der Ordnung Carnivora verglichen. Die 21 Genetikproben enthielten zwei unterschiedliche, aber fast idente Haplotypen (Sequenzvarianten), welche sich beide eindeutig mit dem Eurasischen Fischotter gruppieren. Dies wurde anhand einer Phylogenie (genetischer Stammbaum) grafisch dargestellt (Abbildung 22). Somit sind diese Proben eindeutig dem Eurasischen Fischotter zuzuordnen.

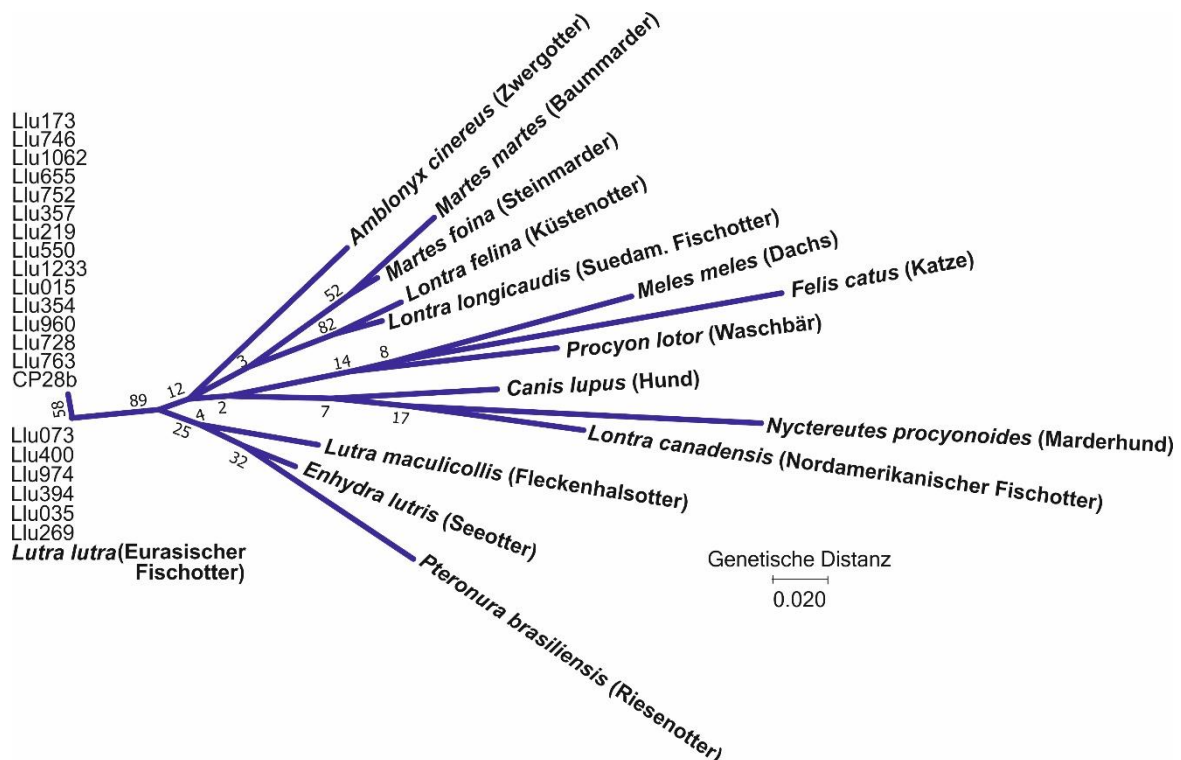


Abbildung 22 Maximum-Likelihood Phylogenie der sequenzierten 115 Basenpaare des Cytochrom B Gens. Die untersuchten Genetikproben aus Kärnten sind mit ihrer Probennummer und dem Präfix „Llu“ bzw. „CP“ aufgelistet. Die Zahlen auf den Baumästen stellen die Bootstrap-Werte (statistische Absicherung) der jeweiligen Verzweigungen dar.

3.7 Losungszählungen an der Raba

Insgesamt wurden die vier Brücken an der Raba an 40 Tagen begangen (einmal im Dezember, 2015, 22-mal im Jahr 2016 und 17-mal im Jahr 2017). Die Zahl der Losungen reichte von 0 bis maximal 5, 8, 11 und 6 Losungen jeweils für die Brücken bei Niederdorf, Schulweg, Görtschitztalstraße und Gottesbichl. Insgesamt wurden 355 Losungen gezählt. Im jahreszeitlichen Verlauf der Zählungen kann man eine Tendenz von weniger Losungsaktivität im Frühjahr als im Herbst erkennen (Abbildung 23a), was auch mit den relativ geringeren Losungsfunden der allgemeinen Brückenbegehungen (Durchgang 2 im Mai) korreliert. Im chronologischen Verlauf nach Jahresquartalen eingeteilt sieht man einen Rückgang in der Losungsaktivität im Sommer 2017 (Abbildung 23b). Zwischen den beiden Jahren 2016 und 2017 lässt sich kein signifikanter Unterschied in der Losungsaktivität erkennen (Abbildung 23c).

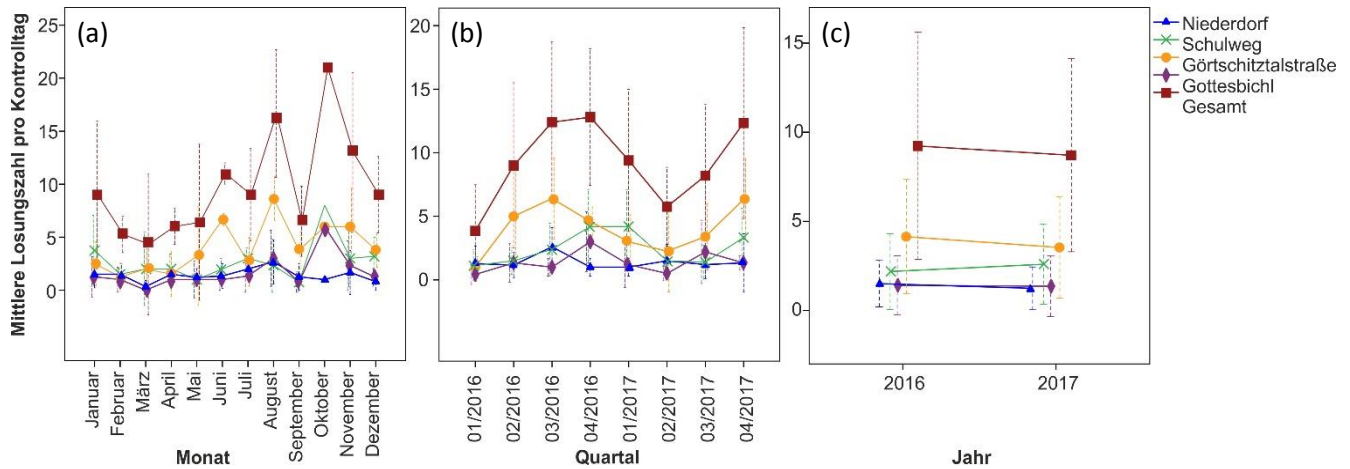


Abbildung 23 Ergebnisse der Losungszählungen an den vier Brücken der Raba im zeitlichen Verlauf nach (a) Monat (b) Quartalen und (c) Jahren. Die Losungszahl ist jeweils als durchschnittliche Losungszahl Pro Begehung angegeben. Die vertikalen Linien stellen die Standardabweichung dar. Für Abbildung (b) wurde die Zählung von Dezember 2017 zum Quartal 01/2016 hinzugefügt.

4. Diskussion der Ergebnisse

4.1 Entwicklung der Verbreitung & Losungsdichte des Fischotters in Kärnten

Vergleicht man die Ergebnisse der Brückenbegehungen des gegenständlichen Monitorings mit den Brückenbegehungen aus den Vorgängerstudien (Kranz et al. 2005, Kranz & Poledník 2009, Kranz & Poledník 2015), kann man eine langsame, stete Ausbreitung des Fischotters im Bundesland Kärnten beobachten. **Im Jahre 2004 wurden Fischotter auf 20% der untersuchten Flächen nachgewiesen werden, 2009 auf 65,6% der Fläche, 2014 auf 90,6% der Flächen (87 von 96 Rasterquadrate) und mit der vorliegenden Studie 2017 auf 97,9% der untersuchten Flächen (jeweils bezogen auf 10 x 10 km Rasterquadrate).** So kann man hier wohl von einer derzeitig flächendeckenden Ausbreitung des Fischotters auf den fischottertauglichen Flächen im Land Kärnten sprechen.

Grundsätzlich gab es durch die Begehungen (Kranzbrücken, sowie weitere Begehungsstellen) zwei Rasterquadrate ohne Fischotternachweis. Eines dieser Rasterquadrate umfasst den Ursprung der Lieser, das zweite das obere Mölltal. Jenes am Ursprung der Lieser liegt nur zu 12% auf der Landesfläche Kärntens, wodurch sich nur ein Begehungspunkt in diesem Quadrat befand (welcher bei einmaliger Begehung negativ war). Durch die zusätzlichen Begehungen an der Lieser wurde auch in diesem Rasterquadrat Fischottervorkommen eindeutig belegt. Das obere Mölltal war auch in den vorangegangenen Studien mit reinen Negativnachweisen belegt worden. Dies wurde auf die vermutete Besiedelungsrouten des Fischotters entlang der Drau zurückgeführt, so dass sich dort noch keine Fischotter etablieren konnten. Ein weiterer Faktor könnte die allgemein höhere Höhenlage dieser Region sein (siehe Tabelle 2 – durchschnittliche Seehöhe der Einzugsgebiete). Jedoch wurde eine persönliche Sichtung eines Otters im oberen Mölltal an Monitoringbrücke Nr. 64 gemeldet (siehe Abbildung 18, äußerster Datenpunkt links oben). Wodurch auch dieses betreffende Rasterquadrat über alle Daten kombiniert einem Positivnachweis aufwies. Diese Einzelsichtung könnte jedoch darauf hinweisen, dass es sich hierbei nur um einen Durchzügler handelte.

Zieht man die Losungsdichte als Dichteindikator heran, kann man auch hier eine relative Zunahme des Anteils der „dicht und sehr dicht“ besiedelten Flächen erkennen: 5,5% in 2004, 31% in 2009, 25,7% (bezogen auf die Flächen der dort definierten Einzugsgebiete und die dortigen durchschnittliche Losungszahl im Vergleich zu den Dichteklassen von Kranz & Poledník 2009) in 2014, und nun, in 2017 52,2%.

Die höchste Losungsdichte wies das Einzugsgebiet der Gurk auf. Aber auch entlang der Lavant fanden sich gehäuft Rasterflächen mit höheren Losungsdichten. In den Berichten von Kranz et al. bzw. Kranz & Poledník (2005 bzw. 2009) waren die höchsten Otterdichten im Bereich der Drau zwischen Villach und Lavamünd zu beobachten, welches im Drau2 Einzugsgebiet des gegenständlichen Berichtes inkludiert ist. Dieses hat interessanterweise dieser Studie die niedrigste Otterdichte. Jedoch weisen wir erneut darauf hin, dass die quantitative Aussagekraft von Losungsdichten über Otterdichten (vor allem bei höheren Fischotterdichten) wahrscheinlich sehr begrenzt ist (siehe Kapitel 1.2).

4.2 Schätzungen der Populationsgröße des Fischotters in Kärnten

Der Schätzwert für die Gesamtpopulationsgröße des Fischotters in Kärnten liegt laut CAPWIRE Berechnungen (welche unserer Ansicht nach den besten Schätzwert für den gegebenen Datensatz liefert) bei 361 Tieren insgesamt bzw. bei 285 Tieren ohne diesjährige Jungtiere. Die in diesem Bericht erhobenen Schätzwerte zur Populationsgröße stellen die ersten nach quantitativen statistischen Auswertemethoden berechneten Werte zur Populationsgröße des Fischotters in Kärnten dar. So lassen sie sich auch nur bedingt mit den vorangegangenen Schätzwerten (aus Kranz et al. 2005, Kranz & Poledník 2009, Kranz & Poledník 2015) vergleichen. Jedoch kann man auch bei Annahme einer sehr weiten Schwankungsbreite der jeweiligen Schätzwerte einen eindeutigen Trend im Zuwachs erkennen (Abbildung 24)

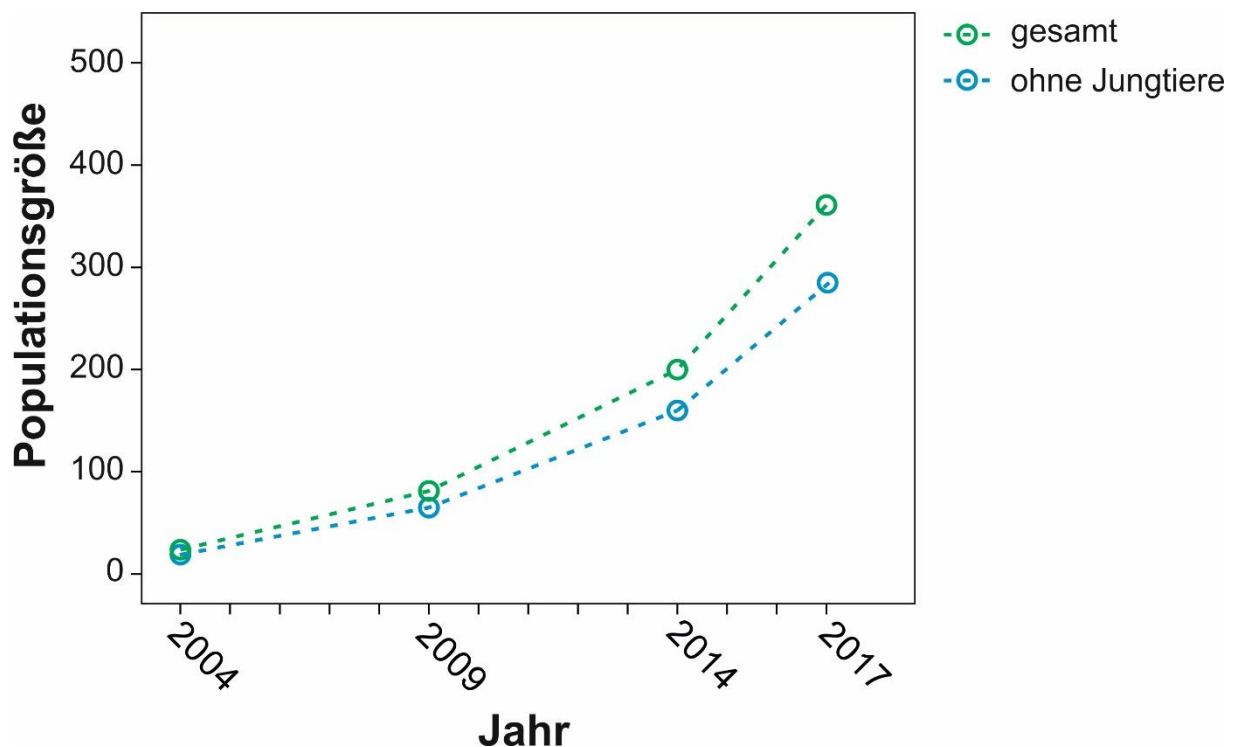


Abbildung 24 Entwicklung der Populationsgrößenschätzungen des Fischotters in Kärnten. Werte für die Jahre 2004 – 2014 stammen aus Kranz 2005, Kranz & Poledník 2009 und Kranz & Poledník 2015. Jene aus 2017 aus den CAPWIRE Berechnungen dieser Studie. Für die „gesamt“-Werte der Jahre 2004, 2009 und 2014 wurden 25% des Schätzwertes ohne Jungtiere addiert (nach Kranz & Poledník 2015). Für das Jahr 2017 bezieht „Jungtiere“ auf Tiere, die während des Untersuchungszeitraums geboren wurden.

Die Ergebnisse der beiden Schätzwerte (CAPWIRE und M_h -Chao) liegen für die Gesamtpopulationsschätzung recht nahe beieinander (361 und 391 Tiere) und sind für die Berechnungen ohne Jungtiere beinahe ident (285 und 279 Tiere), jedenfalls liegen sie jeweils innerhalb der gegenteiligen 95% Konfidenzintervalle. Somit können beide, vor allem der Schätzwert ohne Jungtiere als sehr robustes Ergebnis gesehen werden. Ebenso spiegelt die Summe über die CAPWIRE Berechnungen der einzelnen Einzugsgebiete (339 Individuen) sehr gut die Berechnung des gesamten Datensatzes (361 Individuen) wieder, wenn man berücksichtigt, dass für das Drau2 Einzugsgebiet keine Einzelberechnung durchgeführt werden konnte und somit in der Aufsummierung fehlt.

Zu erwähnen sei, dass aufgrund der Lage der Begehungspunkte (der 378 vordefinierten Begehungsbrücken, sowie der meisten zusätzlichen Begehungsstellen) an den Kärntner Fließgewässern sich die Schätzwerte auf die Fischotterpopulation an den Fließgewässern beziehen. Tiere, deren Reviere ausschließlich Teiche oder Seen umfassen konnten daher in der Hochrechnung nicht berücksichtigt werden.

4.3 Populationsstruktur und Geschlechterverhältnis der Fischotterpopulation

Die genetische Variabilität der identifizierten Individuen deutet auf keine starke Fragmentierung der Fischotterpopulation in Kärnten hin. Dies ist vielleicht einerseits auf die relativ junge Besiedelung Kärntens zurückzuführen, so dass noch gar nicht genügend Zeit für die eventuelle Bildung einer genetischen Strukturierung innerhalb Kärntens verstrichen ist, andererseits kann es aber auch das Ergebnis von wandernden Individuen, vor allem Männchen, welche in einer Nacht bis zu 16,2 km zurücklegen können (Mason & Macdonald 1986, Weinberger et al. 2016), sein. Es wurden zwar im Laufe des Untersuchungszeitraumes keine Tiere identifiziert, welche das Einzugsgebiet „wechselten“, und die größte Wiederfangdistanz desselben Tieres betrug 14,1 km, jedoch wäre für eine bessere Abschätzung der Wanderdistanzen der Tiere eine Untersuchung über einen größeren Zeitraum (von ein oder zwei Jahren) ratsam. Allerdings zeigte sich auch schon bei unserem Datensatz eine schwache Tendenz zu größeren Wiederfangdistanzen bei männlichen Tieren.

Es gab keine Anzeichen einer starken Inzucht innerhalb der Population, was auf ausreichend Genfluss der Tiere in Kärnten mit benachbarten Populationen in anderen Bundesländern oder Slowenien schließen lässt. Interessant wäre hierbei ein Vergleich der genetischen Variabilität mit den benachbarten Fischotterpopulationen, vor allem jener in der Steiermark, aber auch jener in Ober- und Niederösterreich.

Das Geschlechterverhältnis (Männchen:Weibchen) zeigt einen interessanten zeitlichen Verlauf über die drei Begehungsdurchgänge: Bei Durchgang 1 kamen auf jedes Weibchen knapp 2 Männchen (1:0,53), im zweiten Durchgang näherte sich dies mehr einer Gleichverteilung (1:0,76) und kippte im dritten Durchgang in Richtung einer Weibchen Überzahl (1:1,42). Dies könnte seinen Ursprung in der Fortpflanzungsbiologie des Fischotters haben. Grundsätzlich sind Fischotter das ganze Jahr über fortpflanzungsfähig (Kruuk 2006), jedoch gibt es Hinweise auf saisonal gehäufte Fortpflanzungsperioden, welche sich wohl hauptsächlich nach dem gehäuften Nahrungsangebot richten. So scheinen in küstenfernen Regionen Zentraleuropas Geburten gehäuft im Frühjahr statt zu finden (Chanin 2003 und dortige Referenzen). So könnten die stark männchenlastigen Geschlechterverhältnisse in den beiden ersten Durchgängen (Februar/März & Mai) dadurch zustande zu kommen, dass sich die Fischotterweibchen zu dieser Zeit mehr in Nähe des Baues im Zuge des Werfens und der Jungenaufzucht befinden und auch somit weniger Markierungsverhalten an den Brückenstandorten zeigen. Dies könnte eventuell auch durch die schwächere Lösungsaktivität an der Raba im Frühjahr wiedergespiegelt werden. Im Alter von zwei bis sechs Monaten verlassen die Jungen mehr und mehr den Otterbau, so dass auch die Mutter wieder mehr Zeit außerhalb und weiter entfernt des Baues verbringt (Kruuk 2006), welches zum stark

weibchenlastigen Geschlechterverhältnis im dritten Durchgang (Oktober) beitragen könnte. Grundsätzlich befand sich das Gesamt-Geschlechterverhältnis (54% Männchen und 46% Weibchen) innerhalb des von anderen Populationen Europas berichteten Schwankungsbereich (50-60% Männchen; Chanin 2003).

Der geschätzte Anteil an diesjährigen Jungtieren unserer Studie beträgt nach CAPWIRE Berechnung 21,1% (76 von 361 Tieren), nach M_h -Chao Berechnung 28,9% (112 von 391 Tieren). Beide Werte liegen nahe der Annahme von 25% juveniler Tiere von Kranz & Poledník (2015). In Deutschland gab es eine Schätzung des Anteils Jungtiere jünger als zwei Jahre von 21%, wobei dies als eher ungewöhnlich niedrig angesehen wurde. Weitere Schätzungen in Europa berechneten einen Anteil juveniler Tiere bis zu 40% (Chanin 2003, Hauer et al. 2000).

Im internationalen Vergleich liegt die errechnete Fischotterdichte von 0,245 (in Fischottern pro Flusskilometer, nur Gewässer ab einer Flussordnungszahl 4) im eher höheren Durchschnittsbereich. In Ungarn betrug die mittlere Fischotterdichte entlang der Drau 0,17 Tiere pro Flusskilometer. Erlinge (1968) berichtete in Deutschland eine Dichte von 0,2 Tieren pro Flusskilometer. In Italien belief sich in einer Studie von Prigioni et al. (2006) auf 0,18-0,2 Tiere pro Flusskilometer. Die mittlere Weibchenrevierlänge Gesamtkärntens (8,9 km) entspricht in etwa jener von Fischotterweibchen in mesotrophen Gewässern Irlands (7,5 km; Ó Néill 2008), liegt jedoch deutlich unter jener von Fischottern in oligotrophen Gewässern in Schottland (18,7 km; Kruuk 2006). Eine relativ hohe Fischotterdichte wurde kürzlich in einer Studie im Böhmerwald (auf einer Untersuchungsfläche von 1500 km²) berichtet einem Tier pro 3,1 Flusskilometer. Dies entspricht in etwa jener Dichte (in Tieren pro Flusskilometer) der Einzugsgebiete mit den höheren Fischotterdichten in Kärnten (Gurk bzw. Drau3).

Die Sequenzierungen am Cytochrom B Gen lieferten nur Sequenzen vom autochthonen (ansässigen) Eurasischen Fischotter. Somit gibt es keine Hinweise auf ein Aussetzen von anderen Fischotter-Arten (wie dem Nordamerikanischen Fischotter) im Bundesland Kärnten.

4.4 Ausblick

Die vorliegenden Ergebnisse stellen die ersten landesweiten, durch genetische und statistisch quantitative Ansätze ausgewerteten Daten dar. Sie liefern einen guten Einblick in die Verbreitung des Fischotters im Bundesland Kärnten und robuste Hochrechnungen zur Populationsgröße. Diese werden herangezogen werden, um eine Beurteilung des Erhaltungszustandes des Fischotters im Bundesland Kärnten abzugeben.

Die Daten dieses Berichts liefern jedoch auch nur eine Momentaufnahme des derzeitigen Zustandes der Fischotterpopulation in Kärnten. Für eine längerfristige Überwachung einer Population wäre es wichtig, einen Monitoring-Plan zu entwickeln, welcher auch die Erhebung von populationsdynamischen Faktoren wie Populationswachstum, Rekrutierungs- oder Überlebensrate erlaubt.

Es wurde von der Landesregierung Kärnten informell bei der Präsentation des Zwischenberichtes nach einem Vorschlag für solch ein Monitoring angefragt. Wir schlagen hierbei ein Monitoring auf zwei Ebenen vor: 1) Um die Verbreitung des Fischotters zu überwachen wären weitere Losungskontrollen an Brücken ausreichend. 2) Um genaue Informationen der populationsdynamischen Parameter zu erhalten, schlagen wir detailliertere Untersuchungen, inklusive genetischer Analysen, in einzelnen ausgewählten Flächen (z.B. ein oder zwei Einzugsgebieten) vor, welche, zumindest qualitativ, für das gesamte Bundesland repräsentativ sein sollten. Solch ein Monitoring wäre von besonderer Wichtigkeit, falls es zu einer Änderung der Managementsituation des Fischotters in Kärnten kommen sollte.

5. Literatur

- Arrendal J, Vilà C, Björklund M (2007) Reliability of noninvasive genetic census of otters compared to field censuses. *Conservation Genetics* 8, 1097-1107.
- Belkhir K, Borsa P, Chikhi L, Raufaste N, Bonhomme F (1996-2004) GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. *Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II, Montpellier*.
- Borthakur U, Barman RD, Das C et al. (2011) Noninvasive genetic monitoring of tiger (*Panthera tigris tigris*) population of Orang National Park in the Brahmaputra floodplain, Assam, India. *European Journal of Wildlife Research* 57 (3), 603-613.
- Chanin P (2003) Ecology of the European Otter. *Conserving Natura 2000 Rivers Ecology Series No. 10*. English Nature, Peterborough.
- Chao A (1988) Estimating animal abundance with capture frequency data. *Journal of Wildlife Management* 52, 295–300.
- Dallas JF, Pieltney SB (1998) Microsatellite primers for the Eurasian otter. *Molecular Ecology* 7, 1248–1251.
- Dallas JF, Carss DN, Marshall F, Koepfli K-P, Kruuk H, Bacon PJ, Pieltney SB (2000) Sex identification of the Eurasian otter *Lutra lutra* by PCR typing of spraints. *Conservation Genetics* 1, 181-183.
- Erlinge S (1968) Territoriality of the otter *Lutra lutra* L. *Oikos* 19, 259–270.
- Foster-Turley P, Macdonald SM, Mason CF (1990) Otters, an action plan for conservation. *International Union for the Conservation of Nature, Gland*.
- Goudet J (1995) Fstat version 1.2: a computer program to calculate Fstatistics. *Journal of Heredity* 86 (6), 485-486.
- Gutleb AC (1994) Todesursachenforschung Fischotter: Grundlagen für ein Schutzkonzept von *Lutra lutra* L. 1758 – Bericht für die Jahre 1990-1992. *Forschungsbericht Fischotter* 2, *Forschungsinstitut WWF Österreich* 11,12-25.
- Gutleb AC (1995) Umweltkontamination und Fischotter. Eine Risikoabschätzung für *Lutra lutra* (L., 1758) in Österreich. *Dissertation, Veterinärmedizinische Universität Wien*, 216 Seiten.
- Gutleb A, Kranz A, Henninger W, Loupal G (1998) Mortality of otters (*Lutra lutra*) in Austria with special reference to evidence for poaching. *Boku-Rep. Wildl. Res.& Game Manage.* 14, 138-141.

- Hájková P, Zemanová B, Bryja J, Hájek B, Roche K, Tkadlec E, Zima J (2006) Factors affecting success of PCR amplification of microsatellite loci from otter faeces. *Molecular Ecology Notes* 6, 559-562.
- Hájková P, Zemanová B, Roche K, Hájek B (2009) An evaluation of field and noninvasive genetic methods for estimating Eurasian otter population size. *Conservation Genetics* 10, 1667-1681.
- Hauer S, Ansorge H & Zinke O (2000) A long-term analysis of the age structure of otters (*Lutra lutra*) from eastern Germany. *Zeitschrift für Säugetierkunde* 65, 360–368.
- Hedmark E, Flagstad Ø, Segerström P, Persson J, Landa A, Ellegren H (2004) DNA-Based Individual and Sex Identification from Wolverine (*Gulo Gulo*) Faeces and Urine *Conservation Genetics* 5 (3), 405-410.
- Hung C-M, Li S-H, Lee L-L (2004) Faecal DNA typing to determine the abundance and spatial organisation of otters (*Lutra lutra*) along two stream systems in Kinmen. *Animal Conservation* 7, 301-311.
- Jahrl J (1995) Historische und aktuelle Situation des Fischotters (*Lutra lutra*) und seines Lebensraumes in der Nationalparkregion Hohe Tauern. Studie im Auftrag des Vereins der Freunde des Nationalparks Hohe Tauern, Salzburg, 94 Seiten.
- Jahrl J, Gutleb AC (1999) Verbreitung des Eurasischen Fischotters (*Lutra lutra*) in Österreich 1990–1998 (Mammalia) *Joannea Zool.* 1, 5-12.
- Jones AG, Small CM, Paczolt KA, Ratterman NL (2010) A practical guide to methods of parentage analysis. *Molecular Ecology Resources* 10, 6–30.
- Jones OR, Wang J (2010) COLONY: a program for parentage and sibship inference from multilocus genotype data. *Molecular Ecology Resources* 10, 551–555.
- Kalinowski ST, Taper ML, Marshall, TC (2007) Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Molecular Ecology* 16, 1099-1106.
- Kranz A (2000) Zur Situation des Fischotters in Österreich. Verbreitung-Lebensraum-Schutz. – *Publikationen des Umweltbundesamtes, Wien BE-177*, 41 Seiten
- Kranz A, Poledník L, Pinter V (2000) Zur aktuellen Verbreitung des Fischotters in Österreich. *BOKU Berichte zur Wildforschung & Wildbewirtschaftung*.
- Kranz A, Poledník L, Toman A (2004): Der Fischotter in Österreich. *Der Anblick* 2, 12-15.
- Kranz A, Poledník L, Toman A (2005) Aktuelle Verbreitung des Fischotters (*Lutra lutra*) in Kärnten und Osttirol. *Carinthia II* 195./115. Jahrgang, 317 – 344.
- Kranz A, Poledník L (2009) Fischotter - Verbreitung und Erhaltungszustand 2009 in Kärnten *Endbericht im Auftrag der Abteilung 20 des Amtes der Kärntner Landesregierung*, 39 Seiten.

- Kranz A, Poledník L (2015) Fischotter in Kärnten: Verbreitung und Bestand 2014. *Endbericht im Auftrag des Amtes der Kärntner Landesregierung*, 32 Seiten inklusive vier Anhänge.
- Kranz A, Poledník L (2017) Fischotter in Salzburg: Verbreitung und Bestand 2016. *Endbericht im Auftrag des Amtes der Salzburger Landesregierung*. 27 Seiten inklusive 2 Anhänge.
- Kranz A, Cocchiararo B, Poledník L, Jarausch A, Nowak C (2017) Erhebung von Basisdaten zum Fischotterbestand an sechs Fließgewässern Oberösterreichs. *Endbericht im Auftrag des Amtes der Oberösterreichischen Landesregierung, Direktion für Landesplanung, wirtschaftliche und ländliche Entwicklung, Abteilung Land- und Forstwirtschaft*, 56 Seiten.
- Kruuk H (2006) Otters Ecology, Behaviour and Conservation. *Oxford University Press, Oxford*, 265 Seiten.
- Lampa S, Henle K, Klenke R, Hoehn M, Gruber B (2013) How to Overcome Genotyping Errors in Non-Invasive Genetic Mark-Recapture Population Size Estimation—A Review of Available Methods Illustrated by a Case Study. *The Journal of Wildlife Management* 77 (8) DOI: 10.1002/jwmg.604.
- Lampa S (2014) From Faeces to Ecology and Behaviour – Non-Invasive Microsatellite Genotyping as a Means to Study Wild Otters (*Lutra lutra*). *Dissertation, Friedrich Schiller University Jena*, 116 Seiten.
- Lampa S, Mihoub J-B, Gruber B, Klenke R, Henkle K (2015) Non-Invasive Genetic Mark-Recapture as a Means to Study Population Sizes and Marking Behaviour of the Elusive Eurasian Otter (*Lutra lutra*). *PLOS ONE* 10 (5), e0125684. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0125684>.
- Lanszki, J, Hidas, A, Szentes K, Révay T, Lehoczky I, Weiss S (2008) Relative spraint density and genetic structure of otter (*Lutra lutra*) along the Drava River in Hungary *Mammalian Biology* 73, 40-47.
- Lanszki J, Hidas A, Szentes K, Révay, Lehoczky I, Jeney Zs, Weiss S (2010) Genetic structure of otter *Lutra lutra* populations from two fishpond systems in Hungary. *Mammalian Biology* 75 (5), 447-550.
- Leopold LB, & Miller JP (1956) Ephemeral streams; hydraulic factors and their relation to the drainage network. *U.S. Geological Survey, Professional Paper* 282-A.
- Macdonald SM, Mason CF (1994) Status and Conservation need of the otter (*Lutra lutra*) in the western Palaearctic. *Council of Europe, Strassburg*. 54 Seiten.
- Mason CF, Macdonald SM (1986) Otters: ecology and conservation. *Cambridge University Press, Cambridge*, 236 Seiten.
- Mason CF, Macdonald SM (1987) The use of spraints for surveying otter *Lutra lutra* populations: an evaluation. *Biological Conservation* 41 (3), 167–177.

- Mowry R, Gompper ME, Beringer J, Eggert LS (2011) River Otter Population Size Estimation Using Noninvasive Latrine Surveys. *The Journal of Wildlife Management* 75 (7), 1625-1636.
- Navidi W, Arnheim N, Waterman MS (1992) A multiple-tube approach for accurate genotype of very small DNA samples by using PCR. *The American Journal of Human Genetics* 50 (2), 347-359.
- Nichols J (1992) Capture-Recapture Models. *BioScience* 42(2), 94-102.
- Petersen CGJ (1896) The yearly immigration of young plaice into the Limfjord from the German Sea. *Report of the Danish Biological Station* 6, 5–84.
- O'Mahony DT, Powell, C, Power J, et al. (2017) Non-invasively determined multi-site variation in pine marten *Martes martes* density, a recovering carnivore in Europe. *European Journal of Wildlife Research* 63 (3), 48.
- Ó Néill L (2008) Applying quantitative methods to conservation planning. Population dynamics of the Eurasian otter in Ireland. *PhD Thesis*. Trinity College, Dublin. 148 Seiten.
- Perez T, Naves J, Vazquez JF, et al. (2014) Estimating the population size of the endangered Cantabrian brown bear through genetic sampling. *Wildlife Biology* 20 (5), 300-309.
- Pledger S, Pollock KH, Norris JL (2003) Open capture-recapture models with heterogeneity: I. Cormack-Jolly-Seber model. *Biometrics* 59 (4), 786-794.
- Pollock KH (2000) Capture-Recapture Models. *Journal of the American Statistical Association* 95 (449), 293-296.
- QGIS Development Team (2014) QGIS Geographic Information System. *Open Source Geospatial Foundation Project*. <http://qgis.osgeo.org>.
- R Core Team (2014) R: A language and environment for statistical computing. *R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria*. <http://www.R-project.org/>.
- Rivest J-P and Baillargeon S (2014) Rcapture: Loglinear Models for Capture-Recapture Experiments. *R package version 1.4-2*. <https://CRAN.R-project.org/package=Rcapture>.
- Roos A, Loy A, de Silva P, Hajkova P, Zemanová B (2015) *Lutra lutra*. The IUCN Red List of Threatened Species 2015: e.T12419A21935287. <http://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2015-2.RLTS.T12419A21935287.en>. Am 25.1.2018.
- Sittenthaler M, Bayerl H, Unfer G, Kuehn R, Parz-Gollner R (2015) Impact of fish stocking on Eurasian otter (*Lutra lutra*) densities: A case study on two salmonid streams. *Mammalian Biology - Zeitschrift für Säugetierkunde* 80 (2), 106-113.
- Sittenthaler M, Haring E, Parz-Gollner R (2016) Erhebung des Fischotterbestandes in ausgewählten Fließgewässern Niederösterreichs mittels nicht-invasiver genetischer Methoden. *Endbericht*, 93 Seiten.

- Valiére N (2002) GIMLET: a computer program for analysing genetic individual identification data. *Molecular Ecology Notes* 2, 377-379.
- Van Oosterhout C, Hutchinson WF, Wills DPM, Shipley P (2004) MICRO-CHECKER: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Molecular Ecology Notes* 4, 535–538.
- Weinberger IC, Muff S, de Jongh A, Kranz A, Bontadina F (2016) Flexible habitat selection paves the way for a recovery of otter populations in the European Alps. *Biological Conservation* 166, 88-95.
- Wieser A (1993) Fischottervorkommen in Kärnten zwischen 1880 und 1992. *Diplomarbeit. Universität Graz*, 106 Seiten.
- Yoxon P, Yoxon K (2013) Estimating Otter Numbers Using Spraints: Is It Possible? *Journal of Marine Biology*, Art. ID 430683.