Universität für Bodenkultur Wien
Institut für Wildbiologie und Jagdwirtschaft

Naturhistorisches Museum Wien
Zentrale Forschungslaboratorien

Endbericht 02/2016

Erhebung des Fischotterbestandes in ausgewählten Fließgewässern Niederösterreichs mittels nicht-invasiver genetischer Methoden

Sittenthaler, M., Haring, E. & Parz-Gollner, R.

Wien, Feb. 2016

Fischotter Genetik NÖ
Endbericht 02/2016

Unter Mitarbeit von: Bodner, M., Heissenberger, K., Leeb, C., Schöll, E.

Auftraggeber

NÖ Landesfischereiverband

Fischereirevierverband I Krems
Fischereirevierverband II Korneuburg
Fischereirevierverband III Amstetten
Fischereirevierverband IV St. Pölten
Fischereirevierverband V Wr. Neustadt

NÖ LANDES
FISCHEREI
VERBAND

Ass.Prof.Dr.Rosemarie Parz-Gollner (Projektleitung)
Marcia Sittenthaler MSc (Sub-Projektleiterin, Projektkoordination)

Univ. f. Bodenkultur Wien (BOKU)
Dept. f. Integrative Biologie und Biodiversitätsforschung (DIB)
Inst. f. Wildbiologie und Jagdwirtschaft (IWJ)
Gregor Mendel Str.33, 1180 Wien
Tel. (+43-1) - 47654-4450
http://www.iwj.at

Priv.-Doz. Dr. Elisabeth Haring (Kooperationspartner)

Naturhistorisches Museum Wien (NHM)
Zentrale Forschungslaboratorien
Abteilung für Molekulare Systematik
Burgring 7, 1010 Wien
www.nhm-wien.ac.at

Copyright:
Das Copyright für alle Abbildungen, Karten, Diagramme sowie Bilder in dem vorliegenden Bericht verbleibt bei den Autoren und Projektauftraggebern. Für jede Form der Vervielfältigung oder Verwendung von Bildern, Graphiken, Karten oder Diagrammen in analoger oder digitaler Form ist die Zustimmung des/der jeweiligen Autors/Autorin sowie der Projektauftraggeber erforderlich.

Zitiervorschlag:
Sittenthaler, M.; Haring, E.; Parz-Gollner, R. (2016): Erhebung des Fischotterbestandes in ausgewählten Fließgewässern Niederösterreichs mittels nicht-invasiver genetischer Methoden. Endbericht. 93 S.

Wien, Feb. 2016

KURZFASSUNG

Die positive Entwicklung der Fischotterbestände in den letzten Jahren führte zu einem Wiederaufleben der Konflikte zwischen den fischereiwirtschaftlichen Interessen des Menschen und den Lebensraumansprüchen dieser fischfressenden Wildtierart. Waren es lange Jahre ungeschützte Fischteiche und Fischzuchtanlagen, die Fischverluste zu verzeichnen hatten, mehren sich seit einiger Zeit zusätzlich die Klagen über fischereiwirtschaftliche Schäden an Fließgewässern, insbesondere in der oberen und unteren Forellenregion, die vielerorts mit der erneuten Anwesenheit des Fischotters in Zusammenhang gebracht werden.

Ziel der vorliegenden **Projektstudie** war es daher, den Ist-Zustand der Fischotterbestände in fünf ausgewählten Untersuchungsgebieten in Niederösterreich (Pielachzubringer *Loichbach*, *Oberlauf der Piesting*, *Ois*, *Feistritz* und *Große Ysper*) zu erheben, um damit eine Grundlage für weiterführende Fragestellungen und Diskussionen, die den Einfluss des Fischotters auf Salmonidenfischbestände in Fließgewässern behandeln, zu schaffen.

Diese **Ist-Zustandserhebung** beinhaltet eine möglichst exakte Erfassung der Größe und Zusammensetzung der Fischotterbestände in den Untersuchungsgebieten. Die Erhebungen wurden mittels **nicht-invasiver genetischer Methoden**, i.e. der systematischen Sammlung und genetischen Analyse von Fischotterlosungen, durchgeführt.
Die Probensammlung erfolgte im 2-monatigen Rhythmus entlang der ausgewählten Gewässer und ihren Zubringern und erstreckte sich über einen **Zeitraum von 12 Monaten** (Juli 2014 bis Juli 2015). Für die Identifizierung der Fischotterindividuen wurde für jede Losungsprobe ein genetisches Profil, ein sogenannter **„genetischer Fingerabdruck“** mithilfe molekulargenetischer Marker (11 Mikrosatelliten, 2 Geschlechtsmarker) erstellt.
Die wiederholte **systematische Losungssammlung** in Kombination mit der **genetischen Analyse** ermöglicht nicht nur Aussagen über die **Anzahl an Fischotterindividuen** in den jeweiligen Untersuchungsgebieten, sondern – je nach räumlicher und zeitlicher Verteilung der Nachweise – auch Angaben zu deren **Status (gebietsansässig, durchziehend)** sowie deren räumlich-soziale Organisation. Weiters konnte anhand der genetischen Daten auf Verwandtschaftsverhältnisse zwischen den Individuen und damit auf **aktive Familienverbände** (führende Fähe mit Jungtier(en)) geschlossen werden.

Diese Informationen sind vor allem dann von Bedeutung, wenn es um die **Abschätzung des potentiellen Fraßdruckes** durch Fischotter an einem Gewässer geht, bei der eine Angabe von Fischotterzahlen alleine zu falschen bzw. unvollständigen Rückschlüssen führen würde.
Vor dem Hintergrund der Abschätzung des Einflusses des Fischotters auf Fischbestände im Jahresverlauf gilt es daher vor allem die **gebietsansässigen Fischotter** (*residents*) zu berücksichtigen – speziell jene, deren Revier zumindest zu großen Teilen durch das untersuchte Gebiet abgedeckt ist und daher von einer permanenten Nutzung des Gebiets für die Deckung des Nahrungsbedarfs ausgegangen werden kann. Für die Untersuchungsgebiete *Piesting Oberlauf*, *Ois*, *Feistritz* und *Große Ysper* konnten jeweils 3 bis 4 **Fischotterreviere** bestätigt werden. Der Pielachzubringer *Loichbach* stellt aufgrund seiner geringen Länge und Flussbreite vermutlich kein für sich allein stehendes Fischotterrevier dar. Das Gebiet deckt sehr wahrscheinlich nur einen Revierteil der dort gebietsansässigen Fischotter ab, wobei sich deren Reviere anschließend weiter in den Hauptfluss (*Pielach*) erstrecken. Auch in den flussab gelegenen Randbereichen der Untersuchungsgebiete *Ois* und *Große Ysper* wurden weitere gebietsansässige Individuen erfasst, wobei hier ebenfalls davon ausgegangen werden muss, dass große Teile ihres Reviers außerhalb der untersuchten Gewässerabschnitte liegen. Ihr Einfluss auf den lokalen Fischbestand muss daher dementsprechend berücksichtigt und diskutiert werden.

Durchziehende Individuen, sogenannte *transients* oder *floaters*, traten in den untersuchten Gewässern nur sporadisch auf und spielen bei der Abschätzung eines lokalen Fraßdruckes vermutlich nur eine untergeordnete Rolle.
In allen Untersuchungsgebieten konnten aktive Familienverbände (führende Fähe mit Jungtier(en)) erfasst werden. Heranwachsende **Jungtiere** (*offspring*) erhöhen zwar für die Dauer der Jungenaufzucht den Fraßdruck an einem Gewässer, nach Auflösung des Familienverbandes verlassen die subadulten Tiere jedoch in der Regel das Gebiet auf der Suche nach einem eigenen, unbesetzten Revier. Außerdem muss von einer hohen Mortalitätsrate in den ersten Lebensmonaten ausgegangen werden. Das bedeutet, dass die Anzahl an genetisch detektierten Jungtieren in den Untersuchungsgebieten nicht automatisch jener Anzahl entspricht, die das Gebiet nach erfolgreicher Jungenaufzucht (Dauer ca. 12 Monate) als selbständige Tiere auch verlassen.
Für eine Abschätzung des Fraßdruckes an einem Gewässer ist folglich primär die **Anzahl an etablierten und durchgehend besetzten Revieren** die ausschlaggebende **Kenngröße**.

Anhand der **Losungsfunddichten** konnte in der vorliegenden Studie zusätzlich zur Erfassung der Fischotterindividuen auf eine **relative Fischotteranwesenheitshäufigkeit** an einer Gewässerstrecke geschlossen werden. Die Fischotteraktivität (gemessen an der relativen Anzahl an Losungen) war in den Untersuchungsgebieten *Piesting Oberlauf*, *Feistritz* und *Große Ysper* in den quellnah gelegenen Abschnitten signifikant geringer als in den weiter flussab liegenden Strecken der untersuchten Fließgewässer. Hohe Losungsfunddichten konnten an größeren Zubringerbächen festgestellt werden. Außerdem kann im Untersuchungsgebiet *Große Ysper* von einer starken Nutzung der nahe gelegenen und zahlreich vorhandenen **Teiche** durch Fischotter ausgegangen werden.

Inwiefern ein unmittelbarer Zusammenhang zwischen **Nahrungsverfügbarkeit** und Fischotterdichten bzw. Fischotteraktivität (Losungsfunddichten) in den fünf Untersuchungsgebieten gegeben ist, und welche weiteren Faktoren (z.B. Gewässerbreite, Sozialsystem) noch ausschlaggebend für die Nutzung von Gewässerabschnitten und Fischotterbestandsdichten sein können, kann mit einer Gegenüberstellung aktuell erhobener Fischbestandsdaten und Daten zur Nahrungszusammensetzung der Fischotter (Datenmaterial in Ausarbeitung) diskutiert werden.

Gemeinsam mit den Ergebnissen aus den Fischbestandserhebungen (Projekt am Institut für Hydrobiologie und Gewässermanagement, Universität für Bodenkultur Wien) sollen die Resultate der vorliegenden Projektstudie folglich als Grundlage für weiterführende Fragestellungen dienen, die den Einfluss des Fischotters auf Salmonidenfischbestände behandeln, und so die Diskussion rund um Managementoptionen auf gewässer-, fisch- und wildtierökologischer sowie fischereiwirtschaftlicher Ebene unterstützen.

INHALTSVERZEICHNIS

1 EINLEITUNG & PROJEKTZIELE 3

2 UNTERSUCHUNGSGEBIETE 5

3 MATERIAL & METHODEN 13

3.1 Allgemeines zu Nachweismethoden und Bestandserhebung von Fischottern 13

3.2 Grunlagen der genetischen Analyse nicht-invasiv gesammelter (Fischotter-)Proben 13

3.3 Probensammlung und Untersuchungszeitraum 14

3.4 Genetische Analyse 16

3.5 Analyse der Verwandtschaftsbeziehungen 17

4 ERGEBNISSE & DISKUSSION 19

4.1 Probenumfang und Genotypisierungserfolgsraten 19

4.2 Zusammensetzung und Größe der Fischotterbestände in den Untersuchungsgebieten 20

4.2.1 Anzahl und Status der Fischotterindividuen 20

4.2.2 Räumlich-zeitliche Verteilung und soziale Organisation der Fischotterindividuen 21

4.2.3 Fischotter im Untersuchungsgebiet *Loichbach* 22

4.2.4 Fischotter im Untersuchungsgebiet *Piesting Oberlauf* 24

4.2.5 Fischotter im Untersuchungsgebiet *Ois (Obere Ybbs)* 26

4.2.6 Fischotter im Untersuchungsgebiet *Feistritz* 28

4.2.7 Fischotter im Untersuchungsgebiet *Große Ysper* 30

4.3 Fischotterdichten und Anzahl an Revieren 33

4.4 Losungshäufigkeiten 35

5 ZUSAMMENFASSUNG & AUSBLICK 41

6 LITERATUR 43

7 ANHANG 49

1 EINLEITUNG & PROJEKTZIELE

Der Eurasische Fischotter (*Lutra lutra*) steht als semi-aquatisches, fischfressendes Säugetier an der Spitze der Nahrungskette aquatischer Ökosysteme und bewohnt unterschiedliche Gewässerlebensräume. Neben Fließgewässern besiedeln Fischotter auch stehende Gewässer wie Seen und Teiche, aber auch in Küstengebieten kommen sie vor (Chanin 2003). Das ursprüngliche Verbreitungsgebiet erstreckt sich vom Westen Europas bis in den äußersten Osten Sibiriens, weite Teile Asiens und Nordafrika (Mason & MacDonald 1986; Kruuk 2006).

Menschliche Aktivitäten haben während des 20. Jahrhunderts dazu geführt, dass der Fischotter in Österreich und vielen Teilen Europas bis auf wenige Gebiete weitgehend verschwunden war. Ein Schicksal, das auch andere Wildtierarten ereilt hat, vor allem jene, die mit dem Menschen um biologische Ressourcen konkurrieren (Ring et al. 2008).
Verantwortlich für das großflächige Verschwinden des Fischotters waren neben direkter Verfolgung durch den Menschen Rückgänge der Fischbestände in Fließgewässern aufgrund von Gewässerverschmutzung und flussbaulichen Maßnahmen, Lebensraumzerstörung, Habitatfragmentierung sowie Gewässerbelastung durch Umweltgifte, die sich in der Nahrungskette akkumulieren und den Reproduktionserfolg maßgeblich beeinträchtigen (Mason & MacDonald 1986; Kruuk & Conroy 1991; Kruuk 2006).

Jahrzehnte lange, intensive Schutzbemühungen, gesetzliche Bestimmungen, internationale Schutzabkommen und nicht zuletzt verbesserte Umweltbedingungen im aquatischen Lebensraum (Chanin 2003) haben dazu beigetragen, dass der Fischotter bereits in vielen Teilen Europas und so auch in Österreich seinen ehemals angestammten Lebensraum zurückerobert hat.
Nach den aktuellen rechtlichen Rahmenbedingungen auf europäischer Ebene unterliegt der Fischotter der Flora-Fauna-Habitat-Richtlinie 92/43/EWG (FFH) zur Erhaltung der natürlichen Lebensräume sowie der wildlebenden Tiere und Pflanzen, und ist darin im Anhang II und IV gelistet. Das heißt, dass Fischotter streng geschützt sind und für deren Erhaltung besondere Schutzgebiete ausgewiesen werden müssen.

Die positive Entwicklung der Fischotterpopulation bringt jedoch auch Probleme mit sich, wenn die fischereiwirtschaftlichen Interessen der Menschen mit den Lebensraumansprüchen der Wildtierart in Konflikt geraten.
Waren es lange Jahre ungeschützte Fischteiche und Fischzuchtanlagen, die Fischverluste zu verzeichnen hatten, mehren sich seit einiger Zeit zusätzlich die Klagen über fischereiwirtschaftliche Schäden an Fließgewässern, insbesondere in der oberen und unteren Forellenregion, die vielerorts mit der erneuten Anwesenheit des Fischotters in Zusammenhang gebracht werden.
Der Fischotter wurde damit erneut zur Konfliktart im Spannungsfeld zwischen naturschutzfachlichen und fischereiwirtschaftlichen Interessen, vor dem besonderen Hintergrund, dass der Lebensraum Fließgewässer unter zahlreichen Nutzungsansprüchen und gesetzlichen Bestimmungen steht (Wasserbau, Energiewirtschaft, Fischerei, Natur- und Artenschutz, etc.). Fischbestände in Fließgewässern werden somit – abgesehen vom zurückgekehrten Prädator – auch von anderen Faktoren maßgeblich beeinflusst und können unter Umständen unter starken Druck geraten.

Diese Situation gibt den Anlass und zeigt den Bedarf die Auswirkungen des Vorkommens von Fischotter auf Fischbestände in Fließgewässern gezielter zu untersuchen. Dazu ist zunächst eine verlässliche Datengrundlage zum Ist-Zustand unerlässlich, die in Hinblick auf Managementmaßnahmen in einem gesamtheitlichen Kontext gesehen als fachlich fundierte Datenbasis dienen kann. Dabei sollen gewässer-, fisch- und wildökologische Aspekte Berücksichtung finden und in Zusammenhang mit fischereiwirtschaftlichen Aspekten diskutiert werden.

Einen wichtigen Kennwert stellt in diesem Zusammenhang aus wildökologischer Sicht zum einen die Bestandsgröße der Fischotter in einem definierten Gebiet dar, zum anderen sind aber auch Informationen zu Raumnutzung und Populationsstruktur und –zusammensetzung von wesentlicher Bedeutung, wenn es um die Ermittlung des potentiellen Einflusses der Fischotter auf Fischbestände geht.

Fischotter sind aufgrund ihrer einzelgängerischen, heimlichen und vorwiegend nachtaktiven Lebensweise nur schwer zu beobachten und zu zählen. Daher ist man hauptsächlich auf indirekte Anwesenheitszeichen angewiesen, um diese Tierart an einem Gewässer nachweisen zu können. Hierzu zählen Spuren in Schnee und Schlamm, aber vor allem die Losung des Fischotters (Kruuk 2006).
Neben der Präsenzinformation bieten Losungen allerdings noch eine weitere Möglichkeit für eine möglichst genaue Erfassung versteckt lebender und vorwiegend nachtaktiver Wildtiere, wie etwa Fischotter: die Erfassung von

Fischotterindividuen mittels genetischer Analyse nicht-invasiv gesammelten Probenmaterials (=Fischotterlosungen). Dieser Ansatz kommt bereits seit mehreren Jahren in der Wildtierforschung, u. a. auch beim Bestandsmonitoring von Fischottern national (Sittenthaler et al. 2015a, b) und international (z.B. Coxon et al. 1999; Jansman et al. 2001; Hájková et al. 2009: Vergara et al. 2014; Lampa et al. 2015) erfolgreich zur Anwendung und wurde auch im vorliegenden Projekt herangezogen.

Am Beispiel ausgewählter niederösterreichischer Fließgewässer der Salmonidenregion (*Loichbach*, *Piesting Oberlauf*, *Obere Ybbs*, *Feistritz* und *Große Ysper*) wurden im Rahmen dieser Projektstudie Fischotterbestände in Fließgewässerlebensräumen mittels genetischer Analyse von Fischotterlosungen erfasst.

Ziel der Erhebung ist also die Bestimmung der Anzahl von Fischotterindividuen in den ausgewählten Fließgewässerabschnitten sowie die Feststellung der räumlichen Verteilung und Reviersituation gebietsansässiger Fischotterindividuen.
Anhand der genetischen Informationen kann auf Verwandtschaftsverhältnisse zwischen den genetisch identifizierten Individuen geschlossen werden. So können aktive Familienverbände (führende Fähe mit Jungtier(en)) ausgemacht werden.

Die Ergebnisse dienen gemeinsam mit den Fischbestandserhebungen (aktuelles Projekt am Institut für Hydrobiologie und Gewässermanagement, Universität für Bodenkultur Wien) als Grundlage für weiterführende Fragestellungen und Diskussionen, die den Einfluss des Fischotters auf Fischbestände sowie die Nahrungsökologie des Fischotters behandeln.

2 UNTERSUCHUNGSGEBIETE

Die Auswahl der Untersuchungsgebiete wurde vom Projektauftraggeber vorgenommen. Fünf Fließgewässer der Oberen und Unteren Forellenregion (Salmonidenregion) wurden ausgewählt, welche im Folgenden kurz beschrieben werden sollen. Die Lage der ausgewählten Flüsse bzw. Flussabschnitte *Loichbach*, *Piesting Oberlauf*, *Ois*, *Feistritz* und *Große Ysper* im Bundesland Niederösterreich ist in Abbildung 1 ersichtlich.

Allen Fließgewässern gemein ist, dass über den gesamten Untersuchungszeitraum kein Fischbesatz in die Gewässer eingebracht wurde und keine fischereiwirtschaftliche Entnahme stattfand.

Abb. 1: *Lage der fünf Untersuchungsgebiete (dunkelblau) im Bundesland Niederösterreich. Quelle: NÖ GIS, verändert nach Amt der NÖ Landesregierung*

Loichbach

Der Loichbach (Abb. 2) ist der biozönotischen Region des Epirhithrals nach Illies (1961) zugeordnet. Als Zubringer der Pielach, gelegen in den nördlichen Kalkalpen im Bezirk St. Pölten, führt der Loichbach von seiner Quelle nahe der Seemühle (± 550 m ü. A.) durch die Gemeinde Loich bis zur Mündung in die Pielach (orographisch rechtes Ufer) bei der Gemeinde Dobersnigg im Pielachtal (± 400 m ü. A.).

Es handelt sich um einen Bach mit einer durchschnittlichen Breite bei Mittelwasser von ca. 3 bis 4 m, der streckenweise stark verbaut ist und Querbauwerke aufweist. Mit seinen insgesamt ca. 6 km stellt der Loichbach das kleinste Untersuchungsgewässer in diesem Projekt dar und deckt damit vermutlich nur einen Teil eines Fischotterreviers ab. Die Fischottererhebungen wurden daher über den gesamten Verlauf des Loichbachs durchgeführt und zusätzlich wurden ca. 3 km der Pielach untersucht, um potentiell angrenzende Fischotterreviere nachweisen zu können.

Fischereiwirtschaftlich genutzte Stillgewässer (Teiche), die im Wasserdatenverbund NÖ gemeldet und vermerkt sind und potentiell für den Fischotter zugänglich sind, spielen in diesem Gebiet eine untergeordnete Rolle.

Piesting (Oberlauf)
In den Kalkvoralpen liegend (Bezirk Wiener Neustadt) erstreckt sich die Piesting von ihrem Ursprung am Schneeberg bis nach Gramatneusiedl, wo sie in die Fischa mündet und schließlich in die Donau entwässert. Sie umfasst eine Gesamtlänge von 60 km und eine durchschnittliche Breite von ca. 4 bis 9 m. Das untersuchte Gebiet liegt ausschließlich im Oberlauf der Piesting (Abb. 3). Dieser wird als *Kalter Gang* bezeichnet und beginnt im Klostertal, vereinigt sich mit der Steina- und Längapiesting in der Gemeinde Gutenstein und wird hier zur Piesting. Die Steinapiesting besitzt eine Länge von 5 km und eine Breite von 3-5 m; die Längapiesting entsprechend 4,5 km und ebenfalls 3-5 m.
Die beprobte Fließstrecke von etwa 32 km umfasst neben dem Kalten Gang ausgehend vom Putzenhof (± 670 m ü. A.) flussab bis Gutenstein/Vorderbruck (± 500 m ü. A.) auch die Steinapiesting und Längapiesting, sowie die Zubringer Schwarzgraben, Urgersbach, Weißenbach und Zellenbach.
Hinsichtlich der biozönotischen Region können alle Flussabschnitte dem Epirhithral zugeordnet werden. Flussab von Gutenstein liegt die Piesting im Metarhithral.
Fischereiwirtschaftlich genutzte Stillgewässer (Teiche), die im Wasserdatenverbund NÖ gemeldet und vermerkt sind und potentiell für den Fischotter zugänglich sind, spielen in diesem Gebiet eine untergeordnete Rolle.

Ois (Obere Ybbs)
Dieser typische Voralpenfluss befindet sich in den Niederösterreichischen Kalkalpen und durchfließt das Natura2000-Gebiet „Ötscher – Dürrenstein“. Die Ois (Abb. 4) entspringt in ca. 1.200 m ü. A. am Pfannkogel und weist eine Gesamtlänge von ca. 138 km auf. Der Fluss wird ab der Mündung des Seebachs (Abfluss des Lunzer Sees) als Ybbs benannt.
Die untersuchten Flussstrecken von etwa 34 km (Hauptfluss inklusive Zubringer) liegt zwischen Lunz am See (± 600 m ü. A.) und, stromauf bis an die Weiße Ois, der Oisklause (± 1.000 m ü. A.). Das Untersuchungsgebiet umfasst neben der Ois als Hauptfluss auch folgende Zubringer, bzw. Teilbereiche der Zubringer: Seebach, Mühlbach, Lackenbach, Winkelbach, Taglesbach und Neuhauserbach.
Die Ois hat im Vergleich zu den anderen Untersuchungsgewässern ein wesentlich breiteres Flussbett (bei Mittelwasser zwischen 7 und 20 m) und wird von Lunz am See bis zur Mündung des Lackenbaches in Maierhöfen hinsichtlich der biozönotischen Region dem Metarhithral, weiter flussauf dem Epirhithral zugeordnet. Die Struktur des Flusses weist naturnahe bis natürliche Verhältnisse auf.
Abgesehen vom Lunzer See spielen fischereiwirtschaftlich genutzte Stillgewässer (Teiche), die im Wasserdatenverbund NÖ gemeldet und vermerkt sind und potentiell für den Fischotter zugänglich sind, in diesem Gebiet eine untergeordnete Rolle.

Feistritz
Den Ursprung der Feistritz (Abb. 5) bildet der Feistritzsattel an der Landesgrenze zur Steiermark. Sie fließt weiter durch Kirchberg am Wechsel, Feistritz am Wechsel und mündet schließlich bei Hinterleiten in die Pitten.
Die Beprobung im Untersuchungsgebiet Feistritz erfolgte vom Trattenbach bei Pfaffen (± 1.060 m ü. A.), flussabwärts übergehend in den Otterbach bis zur Mündung der Feistritz in die Pitten (± 440 m ü. A.) auf einer Strecke von 21,5 km. Zusätzlich wurden wenige Kilometer an der Pitten untersucht (4,6 km), sowie zahlreiche Zubringer verschiedener Größe (11,6 km). Der Molzbach stellt dabei mit einer Länge von 5 km und einer durchschnittlichen Breite von 3m den bedeutendsten Zubringer dar.
Der Hauptfluss mit einer Breite von 4 bis 7 m und seine Zubringer liegen im Epirhithral.
Fischereiwirtschaftlich genutzte Stillgewässer (Teiche), die im Wasserdatenverbund NÖ gemeldet und vermerkt sind und potentiell für den Fischotter zugänglich sind, spielen in diesem Gebiet eine untergeordnete Rolle.

Große Ysper
Die Große Ysper (Abb. 6) stellt das einzige der 5 Untersuchungsgewässer dar, das sich im Kristallin der Böhmischen Masse befindet. Sie entspringt im Weinsberger Wald (± 1.000 m ü. A.), durchfließt die Ysperklamm und mündet schließlich bei Isperdorf als Fluss vierter Ordnung in die Donau (± 230 m ü. A.).
Von der Quelle bis zur Mündung der Kleinen Ysper wird die Fließstrecke dem Epirhithral zugeordnet, flussab bis zur Donaumündung dem Metarhithral. Die Gewässerbreite variiert zwischen 3 m in der Klamm bis zu 7 m oberhalb der Mündung der Kleinen Ysper und vergrößert sich zunehmend bis zur Mündung in die Donau.

Für die Fischottererhebungen wurde die Große Ysper auf einer Strecke von ca. 25 km, sowie zwei Zubringer (3,5 km; Klafterbach und Saubachl mit einer Breite von 1 bis 2 m) beprobt.
Die Ysperklamm stellt eine spezielle Strecke dar, da sie durch schmale und steile Schluchten und Abfälle geprägt ist und ein Höhenunterschied von 270 Höhenmeter auf kurzer Strecke gegeben ist.
Im Gegensatz zu den anderen 4 Untersuchungsgewässern wurde in die Große Ysper noch im Jahr vor Beginn der Studie Fischbesatz eingebracht (Besatz zur Ertrags- und Attraktivitätssteigerung). Außerdem gibt es in dieser Region zahlreiche fischereiwirtschaftlich genutzte Stillgewässer (45 lt. Wasserdatenverbund NÖ). Von diesen wurden 13 Teiche in die Fischottererhebungen aufgenommen, da diese für lokal ansässige Fischotter mitunter von Bedeutung sein können. Die größeren dieser Teiche (z. B. Puschacherteich mit 3,5 ha, Hanslteich mit 0,7 ha, Kampleitenteich mit 1,5 ha, Waldteich 1,5 ha, Wihalmteich 0,7 ha) werden als Angelteiche genutzt, mit Karpfen, Schleie, Zander, Hecht, Regenbogen- und Bachforelle und Bachsaibling als Fischbesatz.

Hinsichtlich des Zeitpunktes der Wiederbesiedlung der Gebiete durch den Fischotter unterscheiden sich Waldviertler Gewässer stark von den voralpinen Flüssen.
In Österreich galt neben der Südoststeiermark mit dem angenzenden Südburgenland das Waldviertel in Niederösterreich (Teichlandschaft) gemeinsam mit dem Mühlviertel in Oberösterreich als wichtiges Rückzugsgebiet (Sackl et al. 1996; Jahrl 1999; Kranz 2000). Seit den späten 1980er Jahren findet, ausgehend von diesen Restbeständen, eine kontinuierliche Wiederausbreitung und Zunahme der Fischotterbestände in Österreich statt.
Jahrl (1999) fasst sämtliche Fischotternachweise basierend auf systematischen Kartierungen (indirekte Anwesenheitszeichen) und Zufallsfunden im Zeitraum von 1990-1998 für ganz Österreich zusammen. Für das für die vorliegende Arbeit relevante Bundesland Niederösterreich gibt es außerdem zwei systematische, flächendeckende Verbreitungskartierungen aus den Jahren 1999 und 2008 (Kranz et al. 2001; Kranz & Poledník 2009).
Für das gesamte Waldviertel und speziell auch für das südliche Waldviertel (betrifft Untersuchungsgebiet *Große Ysper*) werden seit 1990 stets positive Nachweise (anhand von indirekten Anwesenheitszeichen, wie z.B. Losungen) in hohen Dichten dokumentiert.
Unregelmäßige Losungsnachweise bzw. Einzelnachweise gab es bis 1999 im Einzugsgebiet der Pielach (betrifft Untersuchungsgebiet *Loichbach*) und im Einzugsgebiet der Pitten (betrifft Untersuchungsgebiet *Feistritz*). An der Oberen Ybbs (Untersuchungsgebiet *Ois*) sowie an der Piesting (Untersuchungsgebiet *Piesting Oberlauf*) wurden zu dieser Zeit keine Nachweise erbracht. Weitere unregelmäßige positive Nachweise gab es jedoch zu diesem Zeitpunkt bereits im Unterlauf der Ybbs (bei Göstling) (Kranz 1995), sowie am Oberlauf der Schwarza (Jahrl 1999; Kranz et al. 2001). Von einer dauerhaften Besiedlung wird in diesen Gebieten anhand der unregelmäßigen Nachweise zu diesem Zeitpunkt jedoch nicht ausgeganen.

Konzentrierte sich 1990 bis 1999 also die Verbreitung des Fischotters noch primär auf das Waldviertel und kleine Gebiete im Süden Niederösterreichs, konnten bei der nächsten systematischen Kartierung im Jahr 2008 Fischotter (mit unterschiedlicher Nachweisdichte) beinahe flächendeckend in Niederösterreich nachgewiesen werden (Kranz & Poledník 2009). Das Einzugsgebiet Ysper weist dabei sehr hohe, die Einzugsgebiete Piesting, Pitten und Pielach hohe und das Einzugsgebiet Obere Ybbs geringe Nachweisdichten auf (Kranz & Poledník 2009).
Die regelmäßige Anwesenheit des Fischotters im Untersuchungsgebiet *Große Ysper* wird damit mit einer Dauer von mindestens 25 Jahren dokumentiert. Für die anderen 4 Gewässer muss hingegen von einer erfolgreichen Wiederbesiedlung im Zeitraum von 1999 bis 2008 ausgegangen werden, exaktere Zeiträume liegen für die untersuchten Gewässer leider nicht vor.

Kartenausschnitt – *Loichbach*:

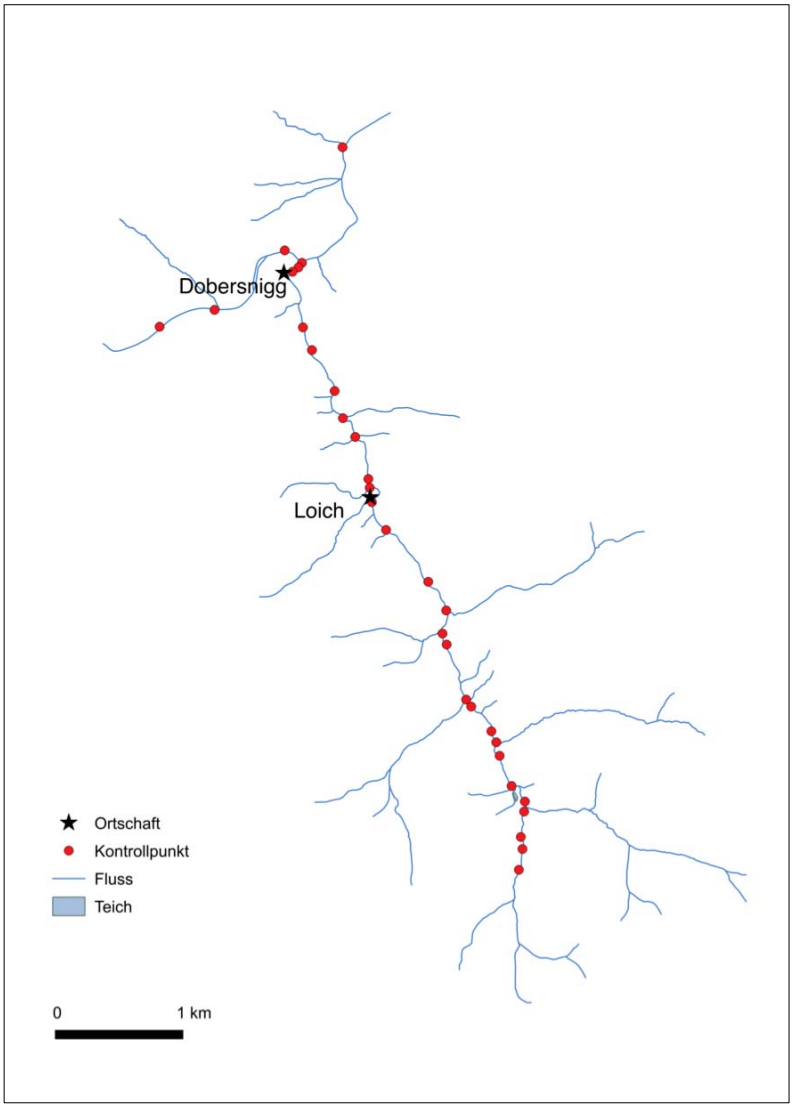


***Abb. 2**: Untersuchungsgebiet **Loichbach** – Lage und räumliche Verteilung der Kontrollpunkte (rote Punkte). Quelle: NÖ Gewässernetz, verändert nach Umweltbundesamt & Amt der NÖ Landesregierung*

Fotos: Loichbach bei Gemeinde Loich (Fotos: Kathrin Heissenberger)

Kartenausschnitt – *Piesting Oberlauf*:

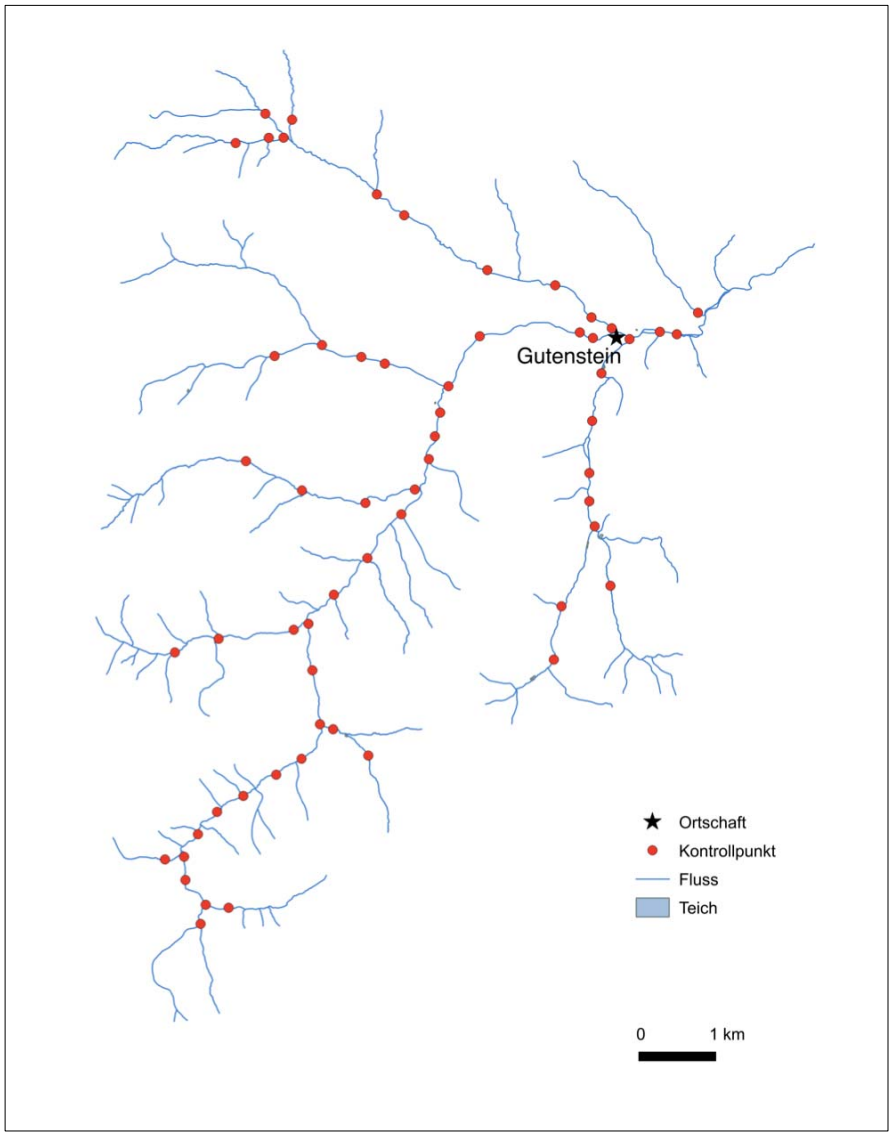


***Abb. 3**: Untersuchungsgebiet **Piesting Oberlauf** – Lage und räumliche Verteilung der Kontrollpunkte (rote Punkte). Quelle: NÖ Gewässernetz, verändert nach Umweltbundesamt & Amt der NÖ Landesregierung*

Fotos: Piesting (Kalter Gang) bei Mündung Urgersbach (links) und bei Gasthof Denk (rechts) (Fotos: Marcia Sittenthaler)

Kartenausschnitt – *Ois (Obere Ybbs)*:

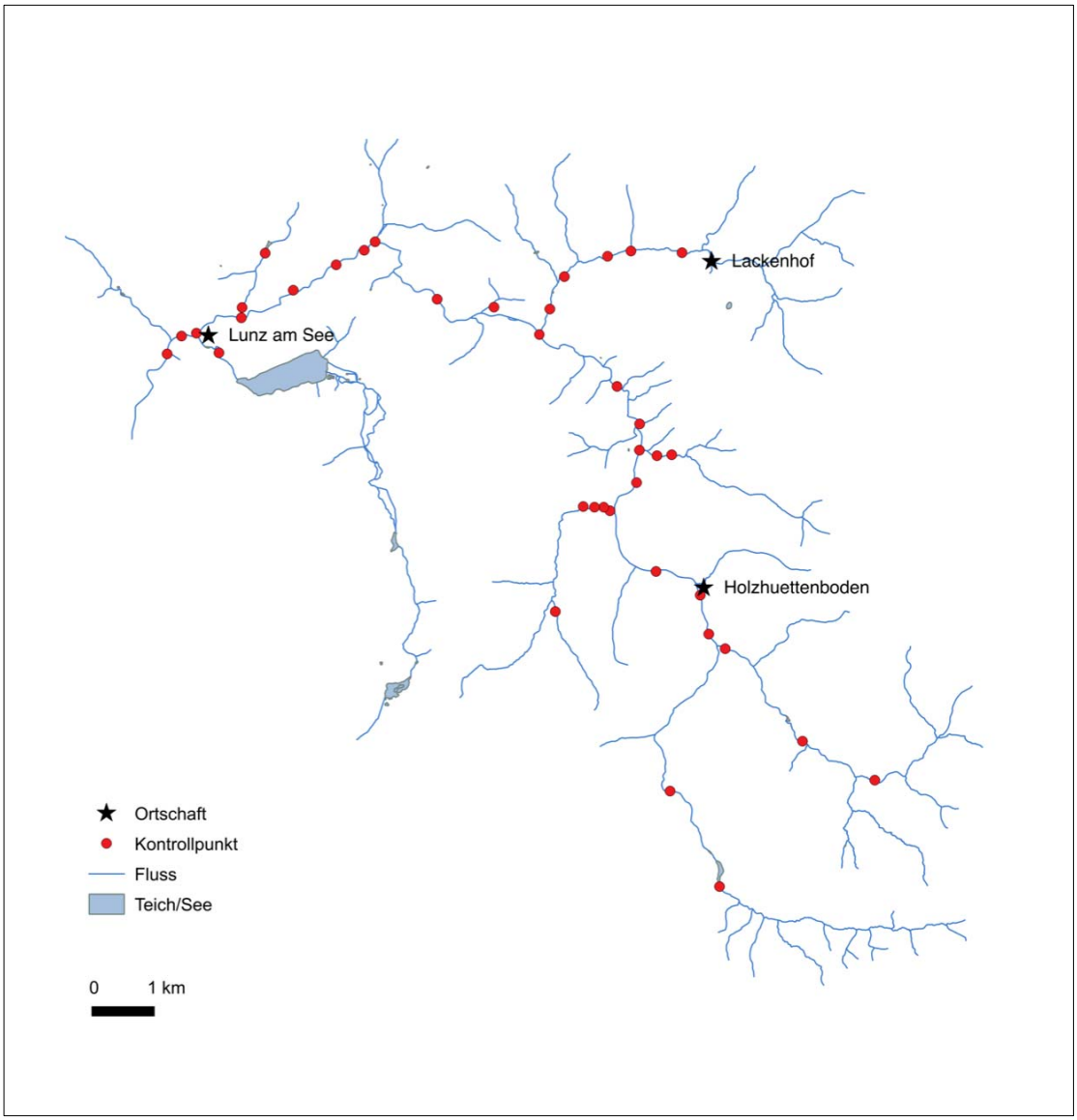
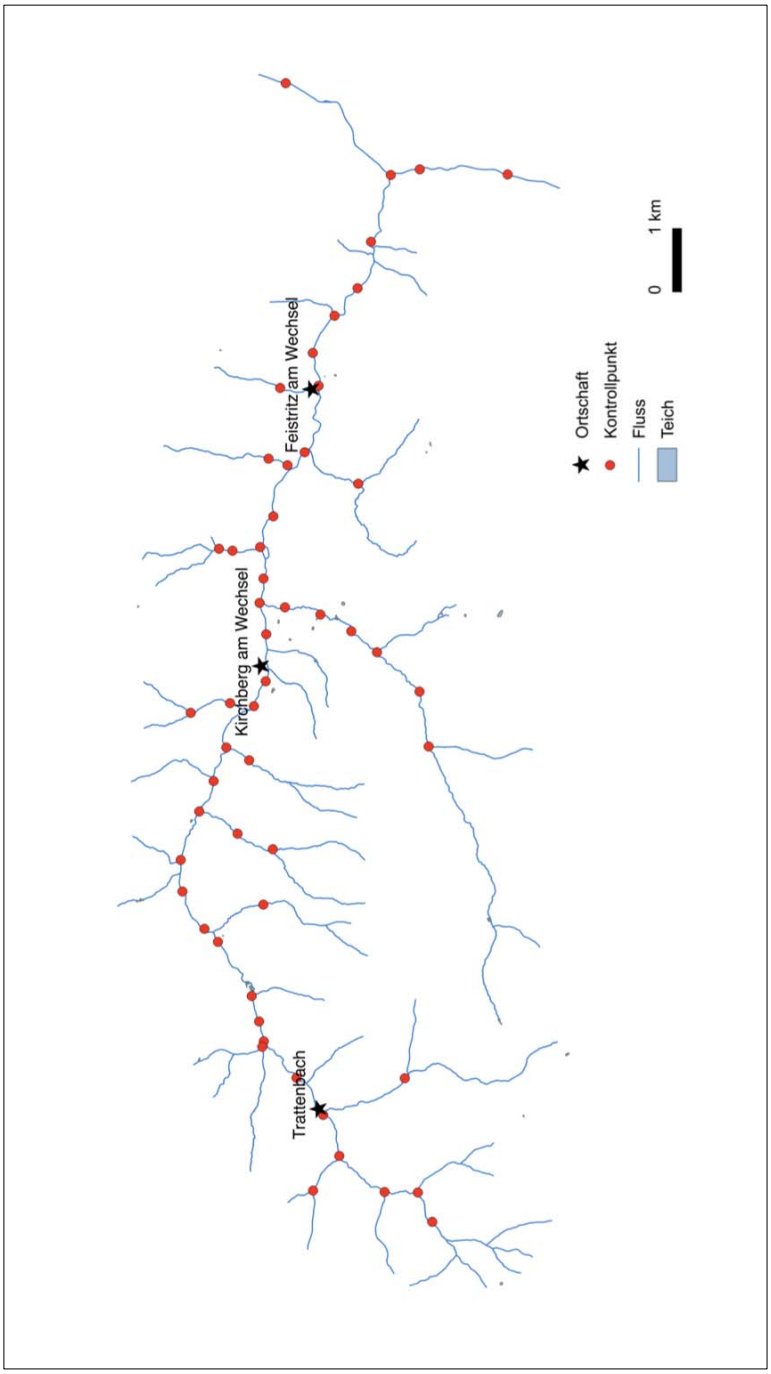


Abb. 4: *Untersuchungsgebiet* ***Ois*** *– Lage und räumliche Verteilung der Kontrollpunkte (rote Punkte).*
Quelle: NÖ Gewässernetz, verändert nach Umweltbundesamt & Amt der NÖ Landesregierung

Fotos: Ois bei Langau (links) und Weiße Ois bei Oisklause (Fotos: Eva Schöll)

Kartenausschnitt – *Feistritz*:



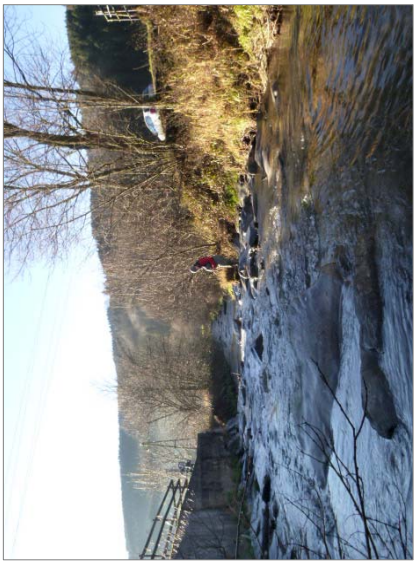


***Abb. 5**: Untersuchungsgebiet **Feistritz** – Lage und räumliche Verteilung der Kontrollpunkte (rote Punkte).*
Quelle: NÖ Gewässernetz, verändert nach Umweltbundesamt & Amt der NÖ Landesregierung

Fotos: Feistritz flussab von Feistritz am Wechsel (rechts oben) und Zubringer Molzbach (links unten) (Fotos: Kathrin Heissenberger & Eva Schöll)

Kartenausschnitt – *Große Ysper*:

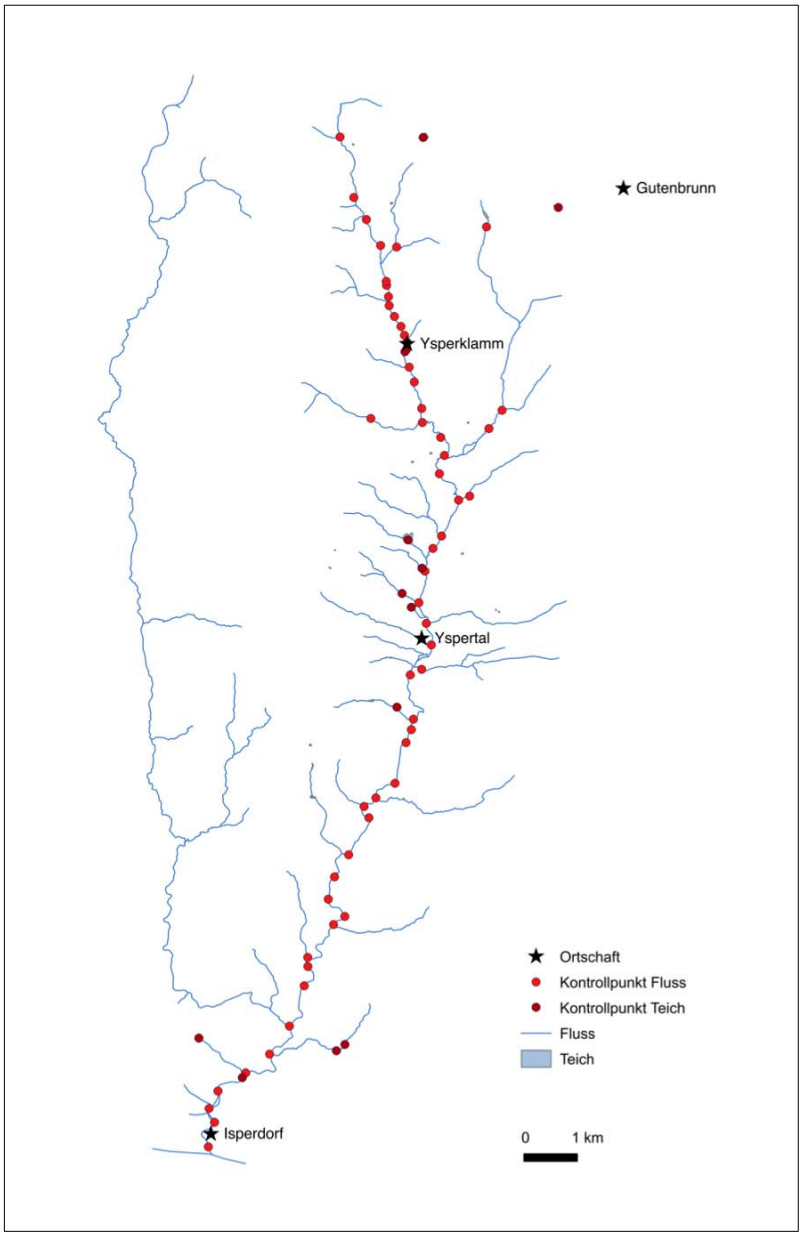


Abb. 6: *Untersuchungsgebiet* ***Große Ysper*** *– Lage und räumliche Verteilung der Kontrollpunkte (rote Punkte). Quelle: NÖ Gewässernetz, verändert nach Umweltbundesamt & Amt der NÖ Landesregierung*

Fotos: Große Ysper flussauf von Lembach (links) und bei Altenmarkt (rechts) (Fotos: Marcia Sittenthaler)

3 MATERIAL & METHODEN

3.1 Allgemeines zu Nachweismethoden und Bestandserhebung von Fischottern

Abhängig von der Fragestellung und dem Einsatzgebiet können für die Erfassung von Fischottern verschiedene Ansätze gewählt werden, die jedoch zum Teil unterschiedliche Ebenen eines Fischottermonitorings abdecken. Da es um die Feststellung des Einflusses des Fischotters auf Fischbestände in Fließgewässern (Fraßdruck) geht, sollte eine möglichst genaue Erfassung der Fischotteranzahl bezogen auf konkrete Fließgewässerabschnitte angestrebt werden.

Generell gestaltet sich die Erfassung von nachtaktiven, heimlich lebenden Wildtierarten mit geringer individueller Unterscheidbarkeit und großer Raumnutzung mit herkömmlichen Feldmethoden (z.B. Direktbeobachtung, Ermittlung von Losungsdichten) methodisch relativ schwierig oder ist mit großen Unsicherheiten behaftet.

Direkte Beobachtungen und Zählungen liefern nur in Gebieten, in denen Fischotter tag- bzw. dämmerungsaktiv sind verlässliche Ergebnisse – wie etwa an den Küsten der Shetlandinseln oder an Gewässern der Iberischen Halbinsel (Kruuk 2006; Ruiz-Olmo et al. 2001a; García et al. 2009). In Mitteleuropa, wo Fischotter vorwiegend nachtaktiv sind und Gewässer mit komplexen Uferstrukturen nutzen, sind systematische Direktbeobachtungen praktisch nicht durchführbar.

Ein aufgrund der Witterungsverhältnisse vor allem in Nordeuropa bewährter Ansatz zur Erfassung von Fischotterbeständen ist die Kartierung von Spuren bei Neuschnee (Erlinge 1967, 1968; Sulkava 2007). Auch in Mitteleuropa kommt diese Methode zur Bestandserfassung erfolgreich zum Einsatz (Poledník 2005; Kranz et al. 2013), jedoch ist sie von guten Schneebedingungen und der Anzahl kurzfristig verfügbarer, erfahrender Experten abhängig und folglich meist auf wenige Tage im Jahr beschränkt (Hájková et al. 2009). Hinzu kommt, dass man in Gebieten mit hohen Fischotterdichten Gefahr läuft, mit der Methode der Spurenzählung die Anzahl der gebietsansässigen Fischotter zu unterschätzen, da mehrere Individuen gleichen Alters und Geschlechts und somit ähnlicher Spurengröße auf engerem Raum vorzufinden sind und ein neues Individuum nicht als ein solches erkannt werden könnte (Ruiz-Olmo et al. 2001a; Arrendal et al. 2007; Hájková et al. 2009).

Eine weitere Möglichkeit stellt die Verwendung der Losung des Fischotters dar. Sie ist in der Regel im Feld gut auffindbar und gibt verlässlich Auskunft über die Anwesenheit des Fischotters.
Standardisierte, systematische Erhebungen der Losungsdichten lassen weiter Vergleiche zwischen Untersuchungszeiträumen (Jahren) und –gebieten anhand relativer Dichteunterschiede zu (Kranz & Poledník 2009), jedoch kann auf Basis der Losungsdichte allein nicht auf eine konkrete Anzahl von Fischotterindividuen in einem Gebiet geschlossen werden (Kranz 1990; Kruuk 2006). Grund dafür sind individuelle und saisonale Unterschiede im Markierungsverhalten der Fischotter, die mitunter zu erheblichen Schwankungen der Losungsdichten führen (Erlinge 1968; Mason & MacDonald 1986; Kruuk 2006). Weiters spielen bei der Auffindbarkeit der Losungen Witterung, Vegetation und Wasserstände eine maßgebliche Rolle.

Losungen bieten neben der Präsenzinformation allerdings eine weitere Möglichkeit für eine möglichst genaue Erfassung versteckt lebender und vorwiegend nachtaktiver Wildtiere, wie etwa des Fischotters: die Erfassung von Fischotterindividuen mittels genetischer Analyse nicht-invasiv gesammelten Probenmaterials (=Fischotterlosungen). Dieser Ansatz kommt bereits seit mehreren Jahren in der Wildtierforschung, u. a. auch beim Bestandsmonitoring von Fischottern national (Sittenthaler et al. 2015a, b) und international (z.B. Coxon et al. 1999; Jansman et al. 2001; Hájková et al. 2009; Vergara et al. 2014; Lampa et al. 2015) erfolgreich zur Anwendung und wurde auch im vorliegenden Projekt herangezogen, und wird im folgenden Kapitel näher erläutert.

3.2 Grunlagen der genetischen Analyse nicht-invasiv gesammelter (Fischotter-)Proben

Genetische Methoden haben für ein Monitoring und Management von Wildtierpopulationen in den vergangenen Jahrzehnten stark an Bedeutung gewonnen (Schwartz et al. 2007; Kruckenhauser et al. 2009; 2014). Speziell Entwicklungen im Bereich der nicht-invasiven Probenahme in Kombination mit genetischen Analysemethoden ermöglichen es, Fragestellungen zur Biologie und Ökologie versteckt lebender Arten zu bearbeiten. Als DNA-Quelle dient dabei verschiedenstes Probenmaterial, das Wildtiere in ihrem Lebensraum hinterlassen: Haare, Mauserfedern, Speichel,

Gewölle, Eischalen, Urin oder Kot (Taberlet & Luikart 1999; Beja-Pereira et al. 2009). Im Fall von Losungsproben liefern die darin enthaltenen Darmschleimhautzellen die DNA für die genetische Analyse.

Mit dem Ansatz der nicht-invasiven genetischen Probenanalyse kann nicht nur das bloße Vorkommen einer Art nachgewiesen werden, die Methode wird weiter dazu verwendet, Populationsgrößen anhand der genetischen Identifizierung einzelner Individuen zu ermitteln sowie Geschlechter- und Verwandtschaftsverhältnisse festzustellen (z.B. Dallas et al. 2003; Hung et al. 2004; Prigioni et al. 2006; Koelewijn et al. 2010; Sittenthaler et al. 2015a, b). Erfolgt eine intensive, wiederholte und über ein Untersuchungsgebiet gleichmäßig verteilte Probenahme, lassen sich anhand der räumlichen Verteilung und Nachweishäufigkeiten einzelner Individuen auch Hinweise zu individuellen Aktionsräumen, Streifgebieten und Reviergrenzen feststellen sowie eine Unterscheidung zwischen dauerhaft im Untersuchungsgebiet ansässigen und durchwandernden Tieren vornehmen (z.B. Hung et al. 2004; Sittenthaler et al. 2015a, b).

Fischotter setzen häufig Losung und Analdrüsensekret ab (Kruuk 2006: bis zu 20 Losungen pro Individuum pro Tag). Diese lassen sich anhand der Beutetierreste, ihrer Konsistenz, Farbe und dem Geruch gut von anderen Wildtierlosungen unterscheiden. Dies vereinfacht das Sammeln erlaubt einen systematische Vorgehensweise. Dem gegenüber stehen jedoch auch Herausforderungen, die mit der Analyse von nicht-invasiv gewonnenem Probenmaterial für genetische Analysen verbunden sind. Nicht-invasiv gesammeltes Probenmaterial enthält zumeist nur wenige körpereigene Zellen der Zielart und ist im Freiland UV-Strahlung, Temperatur und Feuchtigkeit ausgesetzt, die eine Degradierung der DNA fördern. Bei Losungsproben kommt hinzu, dass neben der DNA der Zielart große Mengen an Fremd-DNA von Beutetieren oder von im Kot befindlichen Bakterien sowie auch PCR-Inhibitoren enthalten sind (Beja-Pereira et al. 2009). Charakteristisch für diese DNA-Proben sind daher geringe Konzentration und starke Fragmentierung der daraus gewonnenen DNA (Taberlet et al. 1999). Diese Umstände können bei der genetischen Analyse zu hohen Probenausfallsraten und in der Folge sogar zu Falschinterpretationen der Genotypisierungsergebnisse (so genannten Genotypisierungsfehlern) führen (Taberlet et al. 1999; Lampa et al. 2013).
Mithilfe von Lösungsansätzen und Strategien für eine möglichst effiziente Erkennung und Vermeidung von hohen Ausfällen und Fehlinterpretationen und unter strikter Einhaltung gegenwärtiger Standards der nicht-invasiven genetischen Analytik (Sammlung, Probenkonservierung, DNA-Extraktion, Laborprotokolle) kann jedoch eine verlässliche Datenqualität gewährleistet werden.

3.3 Probensammlung und Untersuchungszeitraum

Die Erfassung der Fischotterindividuen basiert auf einer systematischen Sammlung von frischen Fischotterlosungen. Losungen des Fischotters sind im Feld in der Regel gut aufzufinden, da sie von den Tieren an markanten Stellen entlang der Gewässer abgesetzt werden.
Zunächst wurden entlang der ausgewählten Gewässer und deren Zuflüsse im Rahmen einer Gebietserstbegehung diese typischen Markierungplätze der Fischotter (Wechsel, Steine, Wurzelstöcke, Strukturen unter Brücken) aufgesucht und als Kontrollpunkte festgelegt.

Abhängig von der Beschaffenheit des Gewässers (z.B. starke Uferverbauungen) und dem Vorhandensein von geeigneten Markierungsstrukturen für Fischotter, wurde durchschnittlich je 500 m (Ausnahme Ois: je 1 km) Flusslänge ein Kontrollpunkt festgelegt. Die Kontrollpunktanzahl sowie die Anzahl an untersuchten Flusskilometern je Untersuchungsgebiet sind aus der Tabelle 1 ersichtlich. Die räumliche Verteilung der Kontrollpunkte ist in den Abbildungen 2 bis 6 dargestellt.

Die Kontrollpunkte jedes der 5 Untersuchungsgebiete wurden über einen Zeitraum von 12 Monaten (Juli 2014 – Juli 2015) in jeweils 6 Sammelperioden auf Fischotterlosungen untersucht. Das Untersuchungsdesign basiert daher auf einer wiederholten Probensammlung. Die 6 Sammelperioden je Untersuchungsgebiet wurden in regelmäßigen Abständen von ca. 2 Monaten geplant, abhängig von Witterungsbedingungen und Wasserstand. Eine Übersicht über die Freilandtermine gib Abbildung 7.
Jede Sammelperiode setzt sich aus 3 aufeinanderfolgenden Tagen zusammen, wobei alle Sammelpunkte täglich aufgesucht und auf Fischotterlosungen kontrolliert wurden, sofern die Zugänglichkeit gefahrenlos (z.B. Schneelage, Wasserstand) gegeben war.

Tab. 1: Länge der untersuchten Fließgewässerstrecken (Loichbach, Piesting Oberlauf, Ois, Feistritz, Große Ysper und Zubringer) und Anzahl der Kontrollpunkte.

Untersuchungsgebiet	Gewässer	Abschnittslänge km	Gesamtlänge km	Anzahl Kontrollpunkte
Loichbach	Loichbach	5,7	8,3	26
	Pielach	2,6		5
Piesting Oberlauf	Piesting (Kalter Gang)	13,0	32,2	28
	Schwarzgraben	0,8		2
	Urgersbach	2,0		3
	Weißenbach	2,6		4
	Zellenbach	2,6		4
	Steinapiesting	6,2		11
	Längapiesting	5,0		8
Ois	Ois	21,3	33,9	18
	Seebach	1,0		1
	Mühlbach	1,3		2
	Lackenbach	3,3		5
	Winkelbach	0,6		1
	Taglesbach	2,6		5
	Neuhauserbach	3,8		3
Feistritz	Feistritz (Trattenbach, Otterbach)	21,5	37,7	36
	Zubringer Alpeltal	1,4		2
	Zubringer unbekannt	1,1		2
	Zubringer Ramergraben	1,0		2
	Steinbach	1,0		1
	Malbachl	1,2		1
	Molzbach	4,3		6
	Schinkenbach	1,6		1
	Pitten	4,6		3
Große Ysper	Große Ysper	25,3	28,8	52
	Saubachl	1,9		2
	Klafterbach	1,6		2
	Teiche	-		13

Durch eine Untersuchungsdauer von 12 Monaten wird die Biologie des Fischotters im Verlauf eines Jahres berücksichtigt (z.B. saisonale Schwankungen in Markierungsintensität, Reproduktion, Zu- oder Abwanderung). Zum anderen werden durch die wiederholte Beprobung eines Gebietes (6 Sammelperioden zu je 3 Tagen) auch mögliche methodische Schwiergkeiten bei der Erfassung der Fischotter berücksichtigt, die einerseits durch die im Bereich des nicht-invasiven genetischen Monitorings gewöhnlich hohe Probenausfallsrate von ca. 50% (z.B. Hung et al. 2004; Kalz et al. 2006; Prigioni et al. 2006; Arrendal et al. 2007; Lampa et al. 2008; Hájková et al. 2009; Kruckenhauser et al. 2009; Koeljewijn et al. 2010; Sittenthaler et al. 2015a, b) und andererseits durch Schwankungen in der Auffindungsrate von Losungen entstehen können.

Aus den Untersuchungen von Hájková et al. (2006), Lampa et al. (2008) und Bayerl et al. (2008) ist bekannt, dass die DNA-Konzentration und somit die Erfolgsrate bei der Individuenbestimmung mit zunehmendem Alter der Losung zum Zeitpunkt der Sammlung abnimmt. Daher wurden am jeweils ersten Tag einer Sammelperiode sämtliche vorgefundenen (mehrere Tage bis Wochen alte) Losungen entfernt, um sicher zu gehen, dass in den darauffolgenden Tagen ausschließlich frische Losungen (nicht älter als 15 bis 20 Stunden) für die genetische Analyse eingesammelt wurden.

Jede frische Losungsprobe wurde in einem 30 ml Sammelröhrchen mit einer Konservierungsflüssigkeit aufbewahrt und sobald als möglich, spätestens jedoch am Abend des Sammeltages, bei -20 ° C bis zur Durchführung der Extraktion eingefroren. Bei der Aufbewahrungslösung handelt es sich um eine Pufferlösung, welche Nukleinsäuren fixiert und stabilisiert, um das Voranschreiten der DNA-Degradierung zu vermeiden.

Die alten Losungen wurden einzeln in Plastiktüten gesammelt und verwahrt, und können z.B. als Basismaterial für etwaige geplante Nahrungsanalysen (nicht Bestandteil dieses Projektes) verwendet werden. Außerdem liefern sie gemeinsam mit den frischen Losungen indirekt Informationen über die Nutzungshäufigkeit bzw. Anwesenheitshäufigkeit von Fischottern an den jeweiligen Fließgewässerabschnitten (siehe Kapitel 4.4).

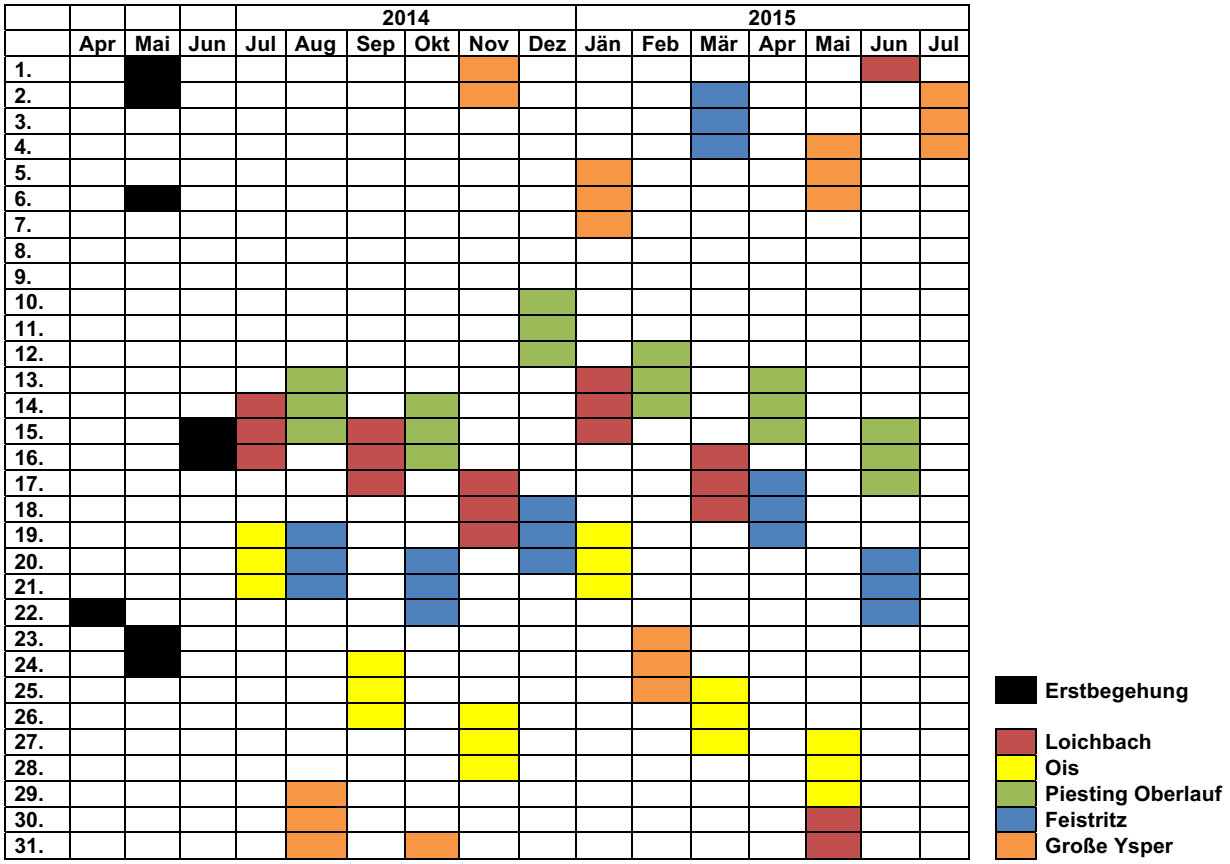


Abb. 7: *Terminübersicht der Gebietserstbegehungen und Losungssammlungstermine in den 5 Untersuchungsgebieten (Loichbach, Piesting Oberlauf, Ois, Feistritz, Große Ysper).*

3.4 Genetische Analyse

Unmittelbar im Anschluss an jeden Probensammlungstermin wurde aus den Fischotterlosungsproben (d.h., der darin enthaltenen Darmschleimhautzellen), die DNA isoliert und gelöst. Diese diente als Ausgangsmaterial für alle weiteren Analyseschritte.

Für die Identifikation der Fischotterindividuen durch Genotypisierung wurde für jede Probe ein genetisches Profil anhand einer so genannten Mikrosatellitenanalyse erstellt sowie eine genetische Geschlechtsbestimmung durchgeführt.

Bei Mikrosatelliten, sogenannten STRs – *short tandem repeats*, handelt es sich um molekulargenetische Marker in nicht protein-kodierenden Abschnitten der DNA des Zellkerns, die aus kurzen Sequenzabschnitten bestehen, die in (oft vielfacher) Wiederholung vorliegen. Diese Sequenzmotive können Di-, Tri- oder Tetranukleotide sein (wie z.B. GA, CAA, TAGA). Das Besondere dieser genetischen Marker ist eine hohe individuenspezifische Variation in der Anzahl der Wiederholungen dieser kurzen Sequenzen (z.B. GAGAGA..., CAACAACAA..., TAGATAGATAGA...) (Frankham et al. 2010). Bei der Replikation der DNA kann es zu „Fehlern“ kommen, wodurch die Anzahl an Mikrosatellitensequenzwiederholungen und damit die Länge der entsprechenden Nukleotidsequenz erhöht oder verringert werden kann. Da Replikationsfehler in solchen repetitiven Abschnitten besonders häufig sind, gelten Mikrosatelliten als stark polymorphe Marker (Tautz 1989), anhand derer auch einzelne Individuen unterschieden werden können. Die Kombination mehrerer geeigneter Mikrosatelliten ergibt für jede analysierte Probe ein genetisches Profil, einen sogenannten „genetischen Fingerabdruck“, anhand dessen eine eindeutige Identifizierung eines Individuums erfolgen kann. Die verschiedenen Varianten (d.h. Sequenzlängen) werden als Allele bezeichnet und können mittels PCR (Polymerase-Kettenreaktion) detektiert werden. Dazu werden die entsprechenden Abschnitte unter Einsatz spezifischer

Primer in einer PCR vervielfältigt. Für jeden Mikrosatelliten-Locus kann sodann die Länge des resultierenden DNA-Abschnitts bestimmt werden, welche durch die Anzahl an Basenpaaren (bp) angegeben wird.

Als Abschnitte der Kern-DNA unterliegen Mikrosatelliten der chromosomalen Rekombination und folgen dem Mendel´schen Erbgang. Somit besitzt jedes Individuum für jeden Mikrosatelliten zwei Allele – eines vom Vater, eines von der Mutter (siehe Kapitel 3.5). Zeigt ein Individuum an einem Mikrosatelliten-Locus sowohl am mütterlichen als auch am väterlichen homologen Chromosom die gleiche Anzahl an Wiederholungen des Sequenzmotivs, ist es an diesem Genlocus homozygot. Liegen unterschiedliche Allellängen vor, ist das Individuum heterozygot.
Aufgrund ihrer hohen Variabilität eignen sich Mikrosatellitensequenzen als genetische Marker hervorragend für die Unterscheidung von Individuen und Populationen sowie für die Bestimmung von Verwandtschaftsverhältnissen und Vaterschaftsanalysen (Frankham et al. 2010).

In der vorliegenden Studie erfolgte die Genotypisierung an 11 Mikrosatellitenloci. Dafür wurden die Mikrosatelliten Lut435, Lut453, Lut457, Lut604, Lut615, Lut701, Lut715, Lut717, Lut733, Lut832 (Dallas & Piertney 1998) herangezogen. Zusätzlich wurde das Geschlecht der Individuen mit zwei geschlechtsspezifischen Markern festgestellt, die in Y-chromosomalen Genabschnitten liegen. Dazu wurde zum einen ein Abschnitt des SRY-Gens gewählt (Lut-SRY) (Dallas et al. 2000), zum anderen ein geschlechtsspezifischer Marker für Musteliden auf dem DBY-Gen (DBY7Ggu; Hedmark et al. 2004).

Grundsätzlich besteht die Möglichkeit, dass zwei Individuen an einem Locus zufällig den gleichen Genotyp (die gleiche Anzahl an Wiederholungseinheiten) aufweisen. Je mehr Loci untersucht werden, desto kleiner ist die Wahrscheinlichkeit zwei Individuen mit dem gleichen genetischen Profil zu finden. Die Anzahl der Mikrosatelliten wurde daher so gewählt, dass auch nah verwandte Individuen (Verwandtschaft 1. Grades) unterschieden werden können. Dazu wurde die Wahrscheinlichkeit, dass 1) zwei zufällig ausgewählte Individuen einer Population bzw. 2) zwei eng verwandte Tiere anhand der eingesetzten Mikrosatelliten die gleiche Kombination an Genotypen aufweisen, berechnet (1. *Probability of Identity* – P_{ID} bzw. 2. *Probability of Identity for siblings* – P_{IDsibs}).
Je mehr Mikrosatelliten-Loci herangezogen werden, desto kleiner wird diese Wahrscheinlichkeit. Die P_{IDsibs} berücksichtigt nähere Verwandtschaften innerhalb der untersuchten Individuen und stellt ein strengeres Maß für die Auftrennschärfe dar (Waits et al. 2001; Taberlet & Luikart 1999).
Die Berechnung erfolgte mithilfe des Computerprogrammes GenAlEx 6.5 (Peakall & Smouse 2006, 2012).
Eine Wahrscheinlichkeit von $1{,}1 \times 10^{-8}$ für die P_{ID} bzw. von $3{,}5 \times 10^{-4}$ für die P_{IDsibs} zeigt, dass die Anzahl und Qualität der 11 Mikrosatelliten absolut ausreichend ist, um auch eng verwandte Tiere voneinander unterscheiden zu können.

Um oben beschriebene Genotypisierungsfehler zu detektieren und Fehlinterpretationen zu vermeiden, wurden die Standards der nicht-invasiven genetischen Analytik eingehalten. Die gegenwärtig anerkannte und konservative Methode stellt das Prinzip des *Multiple Tube Approach* nach Navidi et al. (1992) und Taberlet et al. (1996) dar. Dieses erfordert für jeden eingesetzten Marker (Mikrosatelliten-Locus und Geschlechtsmarker) mehrere unabhängige PCR-Amplifikationen einer Probe bis ein Konsensgenotyp erlangt wird. Die Analyse jeder Probe wurde daher mindestens 4 Mal wiederholt, für einzelne Proben (mit schlechter DNA-Qualität) erfolgten sogar bis zu 10 unabhängige Durchgänge. Besonderes Augenmerk lag dabei auch auf Proben, welche ein neu identifiziertes Individuum darstellten, das nur ein einziges Mal detektiert werden konnten.

3.5 Analyse der Verwandtschaftsbeziehungen

Die genetische Identitäts- und Geschlechtsbestimmung erlaubt Aussagen über potentielle Verwandtschaft von Organismen. Mikrosatelliten liegen auf DNA-Abschnitten der im Zellkern lokalisierten DNA (Kern-DNA), damit liegt jeder solche Genort zweifach vor (diploide Organismen). Die ermittelten Allele repräsentieren somit die Mikrosatellitenloci am väterlichen bzw. mütterlichen Chromosom. Basierend auf den Mendel´schen Vererbungsregeln sowie auf den Ergebnissen aus der genetischen Geschlechtsbestimmung und der räumlich-zeitlichen Verteilung der Individuen anhand der Nachweispunkte, wurden sämtliche Kombinationen der Genotypen auf potentielle Eltern-Kind-Beziehungen geprüft. Dabei wurden die Mikrosatellitenprofile miteinander verglichen und eine Eltern-Kind-Beziehung wurde verworfen, wenn der potentielle Elter an einem Mikrosatelliten-Locus keines der beiden Allele eines Genortes mit dem potentiellen Nachkommen teilte (*complete exclusion method*, Jones et al. 2010).

Zusätzlich wurde der Verwandtschaftskoeffizient *r* mit dem Computerprogramm ML-Relate (Kalinowski et al. 2006) berechnet. Der Koeffizient gibt die Nähe der Verwandtschaft zweier Individuen anhand der Wahrscheinlichkeit, dass diese dieselben Allele voneinander oder einem gemeinsamen Vorfahren geerbt haben, an (*identical by descent*; Blouin 2003). Der Wert liegt zwischen 0 und 1, wobei *r* gleich 1 beträgt, wenn eine komplette Übereinstimmung vorliegt, wie dies bei eineiigen Zwillingen der Fall ist. Wenn es sich um zwei nicht verwandte oder sehr entfernt verwandte Individuen handelt, beträgt *r* annähernd 0.
Das Programm ML-Relate arbeitet über ein Maximum-Likelihood-Verfahren und führt paarweise Vergleiche basierend auf den Allelfrequenzen der untersuchten Population für die Berechnung des Verwandschaftskoeffizienten *r* durch. Weiter gibt es die wahrscheinlichste Verwandtschaftsbeziehung zweier Individuen an (Kategorien: 1) Elternteil-Kind: *PO* = *parent-offspring,* 2) Vollgeschwister: *FS* = *fullsibs*, 3) Halbgeschwister bzw. Großelternteil-Enkelkind bzw. Onkel/Tante-Neffe/Nichte: *HS* = *halfsibs,* 4) *Nicht Verwandte: U* = *unrelated*).

4 ERGEBNISSE & DISKUSSION

4.1 Probenumfang und Genotypisierungserfolgsraten

In Zuge der insgesamt 30 Sammelperioden von Juli 2014 bis Juli 2015 wurden insgesamt 1.246 frische Fischotterlosungen an den festgelegten Kontrollpunkten aufgesammelt. In Ergänzung zu den für die genetische Analyse benötigten frischen Fischotterlosungen, wurden auch mehrere Tage bis Wochen alte Losungen aufgesammelt (N= 1.925), welche gemeinsam mit den Resten des frischen Probenmaterials aus der genetischen Analyse als Basismaterial für weitere Analysen (z.B. Nahrungsanalysen) herangezogen werden können.

In der nachstehenden Tabelle (Tab. 2) ist die Anzahl sämtlicher gefundener Losungsproben pro Sammelperiode und Untersuchungsgebiet aufgelistet. Weiters ist die Genotypisierungserfolgsrate, also jener Anteil der frischen Losungsproben, der bei der genetischen Analyse auch ein positives Ergebnis erbrachte, ersichtlich.

Tab. 2: *Anzahl der gesammelten frischen und alten Fischotterlosungsfunde und Genotypisierungserfolgsrate je Sammelperiode und Untersuchungsgebiet.*

Untersuchungsgebiet	Sammelperiode	Anzahl frische Losungen (Genetik)	Anzahl alte Losungen (für Nahrungsanalysen)	Erfolgsrate Genotypisierung %
Loichbach	1 (Jul 14)	18	21	33,3
	2 (Sept 14)	12	11	50,0
	3 (Nov 14)	29	41	48,3
	4 (Jan 15)	19	9	21,1
	5 (Mar 15)	36	28	61,1
	6 (Mai/Jun 15)	18	20	38,9
Piesting Oberlauf	1 (Aug 14)	42	25	59,5
	2 (Okt 14)	59	75	59,3
	3 (Dez 14)	63	110	60,3
	4 (Feb 15)	56	135	44,6
	5 (Apr 15)	74	100	66,2
	6 (Jun 15)	80	67	55,0
Ois	1 (Jul 14)	45	32	48,9
	2 (Sep 14)	20	20	65,0
	3 (Nov 14)	45	80	40,0
	4 (Jan 15)	22	41	50,0
	5 (Mar 15)	24	57	54,2
	6 (Mai 15)	22	18	45,5
Feistritz	1 (Aug 14)	38	45	65,8
	2 (Okt 14)	74	82	55,4
	3 (Dez 14)	39	100	48,7
	4 (Mar 15)	8	77	50,0
	5 (Apr 15)	27	59	66,7
	6 (Jun 15)	17	49	52,9
Große Ysper	1 (Aug 14)	56	43	39,3
	2 (Okt/Nov 14)	94	71	42,6
	3 (Jan 15)	59	86	62,7
	4 (Feb 15)	66	202	51,5
	5 (Mai 15)	59	136	45,8
	6 (Jul 15)	25	85	52,0
	gesamt	**1.246**	**1.925**	**52,3**

Eine potentielle Gefahr der Unterschätzung der Fischotteranzahl unter Einsatz des genetischen Monitorings ist insofern gegeben, als dass die Möglichkeit besteht, nicht von allen gebietsansässigen Individuen Losung gefunden, beziehungsweise auch erfolgreich genotypisiert zu haben.
Eine hohe Sammelintensität sowie die Optimierung der Probenaufarbeitung im Labor sollen diese Gefahr minimieren: der Anteil der an allen 11 Mikrosatelliten-Loci und den 2 Geschlechtsmarkern erfolgreich typisierten Losungsproben liegt im Durchschnitt über alle Losungssammeltermine bei 52,3% (Tab. 2) und trifft damit die Erwartungen einer 50%-Erfolgsrate (basierend auf den Erfahrungen aus Sittenthaler et al. 2015 a, b). Auch im Vergleich mit bisher durchgeführten Studien in denen Fischotterindividuen anhand der DNA aus Losungsproben bestimmt wurden, liegt die Erfolgsrate des vorliegenden Projektes im überdurchschnittlichen Bereich. Die publizierten Erfolgsraten reichen von 14% bis 73% (14% - Lanszki et al. 2008; 19% - Bonesi et al. 2013; 20% - Dallas et al. 2003; 21% - Ferrando et al. 2008; 24% - Kalz et al.

2006; 35% - Lerone et al. 2014; 41% - Prigioni et al. 2006; 43% - Vergara et al. 2014; 46% - Koelewijn et al. 2010; 49%-60% - Sittenthaler et al. 2015a, b; 31-63% - Arrendal et al. 2007; 55-63% Hájková et al. 2009; 65% - Hung et al. 2004; 73% - Janssens et al. 2008).
Weiter ist die Abdeckung der Kontrollpunkte bzw. Streckenabschnitte in allen Untersuchungsgebieten durch erfolgreich genotypisierte Proben in ausreichendem Ausmaß gegeben (*Spearman Korrelation: r=0,861, df=178, p=2,88x10^{-54})* und spiegelt die Losungsfundhäufigkeiten wider (Abb. 8). Es gibt nur wenige Kontrollpunkte an denen zwar frische Fischotterlosungen gefunden wurden, jedoch kein erfolgreiches Genotypisierungsergebnis erzielt werden konnte. Diese Totalausfälle von Probepunkten sind über alle Untersuchungsgewässer verteilt und konzentrieren sich nicht an einem speziellen Flussabschnitt.
Die Gefahr ein gebietsansässiges Individuum systematisch „übersehen“ zu haben ist damit als sehr gering einzuschätzen.

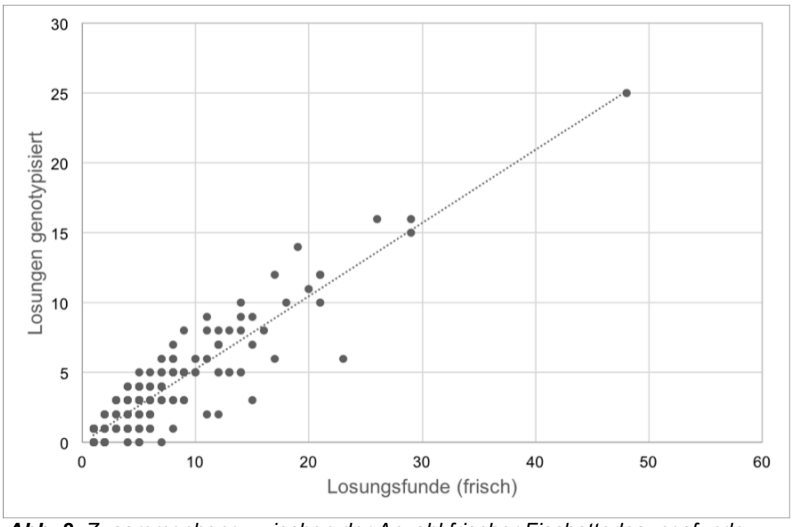


Abb. 8: *Zusammenhang zwischen der Anzahl frischer Fischotterlosungsfunde und erfolgreich genotypisierter Fischotterlosungen (r=0,861, df=178, p=2,88x10^{-54}).*

4.2 Zusammensetzung und Größe der Fischotterbestände in den Untersuchungsgebieten

4.2.1 Anzahl und Status der Fischotterindividuen

In den folgenden Unterkapiteln ist für jedes der 5 Untersuchungsgebiete die Fischotterbestandsgröße und deren jeweilige Individuenzusammensetzung beschrieben.

Ein großer Vorteil der Methode des nicht-inavsiven genetischen Monitorings ist, dass nicht nur die reine Anzahl der an einem Gewässer anwesenden Fischotterindividuen mit hoher Präzision ermittelt werden kann, sondern auch deren Status (gebietsansässiges oder durchziehendes Tier) und verwandtschaftliche Beziehung zueinander (z.B. Nachweis eines aktiven Familienverbandes zwischen einer führenden Fischotterfähe und ihren Jungtieren).
Dies ist vor allem dann von Bedeutung, wenn es um die Abschätzung des potentiellen Fraßdrucks durch Fischotter an einem Gewässer geht. In diesem Fall ist eine rein zahlenmäßige Erfassung der Fischotterindividuen allein nicht ausreichend, da ein dauerhaft im Gebiet verweilendes Tier eine andere Einflussgröße auf den Fischbestand darstellt als ein einmalig auftretendes, durchziehendes Individuum (z.B. subadulte Fischotter, die auf der Suche nach einem eigenen Revier über größere Distanzen umherstreifen).

Daher wurde im vorliegenden Projekt unter Berücksichtigung des Zeitraumes, in dem ein Fischotterindividuum nachgewiesen wurde, der räumlichen Verteilung der Nachweispunkte, der Anzahl an Nachweisen und dem

Verwandtschaftsgrad zusätzlich eine Einteilung in gebietsansässige und durchziehende Individuen, sowie Nachkommen in einem aktiven Familienverband (Mutter mit Jungtiere(n)) vorgenommen:

- Fischotterindividuen, die über einen längeren Zeitraum (entspricht mehreren Sammelperioden) erfasst wurden, können als gebietsansässig bzw. *resident (R)* angenommen werden.
  Innerhalb dieser Kategorie wird weiters unterschieden, ob es sich bei dem identifizierten Individuum um ein Tier handelt, dessen Revier zur Gänze bzw. zu großen Teilen im Untersuchungsgebiet liegt (= *R***) oder ob aufgrund der Länge der nachweislich genutzten Gewässerstrecke bzw. der räumlichen Lage der Nachweise davon ausgegangen werden kann, dass nur Teile bzw. Randbereiche eines Reviers mit dem Untersuchungsgebiet erfasst wurden (=*R**) (siehe Kapitel 4.2.2)

- Als Durchzügler (so genannte *transients, T*) gelten Fischotter, die über kurze Zeiträume (z.B. in einer einzigen Nacht einer Sammelperiode) erfasst wurden und in keinem Verwandtschaftsverhältnis 1. Grades mit anderen Individuen stehen.

- In die Kategorie der Nachkommen (*offspring, O*) fallen jene Individuen, für die eine Verwandtschaftsbeziehung 1. Grades mit anderen Individuen festgestellt werden konnte und deren Nachweise sich mit jenen des potentiellen Muttertieres räumlich und zeitlich decken. Hierbei handelt es sich um einen bestehenden Familienverband zwischen einer führenden Fähe und ihrem/n Jungtier/en.

4.2.2 Räumlich-zeitliche Verteilung und soziale Organisation der Fischotterindividuen

Aus Telemetriestudien ist die durchschnittliche Größe eines Fischotterrevieres in Fließgewässerlebensräumen (in Flusskilometer) bekannt (z.B. Erlinge 1967: ♂ - 10-21 km; Kruuk et al. 1993: ♂ - 34,8 km; ♀ - 20,0 km; Georgiev 2007: ♀ - 8,5 km; Ó Néill et al. 2009: ♂ - 13,2 km; ♀ - 7,5 km; Quaglietta 2011: ♀ - 17 km). Prinzipiell kann von einer durchschnittlichen Weibchenreviergröße von etwa 10 Flusskilometern ausgegangen werden, ein Männchenrevier umfasst in der Regel 2 bis 3 Weibchenreviere (Kranz 2000; Kruuk 2006). Eine große Rolle spielt in diesem Zusammenhang die Ressourcenverfügbarkeit (Nahrung) und Habitatbeschaffenheit (Kruuk 2006). Adulte Weibchen besetzen ein Revier, das eine ausreichende Nahrungsverfügbarkeit für die Jungenaufzucht sicherstellt. Die Größe von Männchenrevieren hingegen orientiert sich an der Maximierung des Fortpflanzungserfolgs, indem sie möglichst viele Reviere geschlechtsreifer Weibchen abdecken, einem polygynen Paarungssystem folgend (Kruuk 2006; Quaglietta 2011).

Generell gelten adulte Fischotter als territoriale Einzelgänger, die ihr Revier durch regelmäßiges Absetzen von Losungen markieren. Geht man von einem klassischen Sozialsystem, wie sie für die Famlilie der Marderartigen (*Mustelidae*) nach Powell (1979) angenommen wird, aus, haben adulte Fischotter zumeist individuelle, gegenüber ihren Geschlechtsgenossen exklusive Reviere. Bei Artgenossen unterschiedlichen Geschlechts kommt es hingegen zu häufigen Überlappungen der Reviere, wenngleich adulte Männchen und Weibchen abgesehen von der Paarung kaum miteinander Kontakt haben (Kruuk 2006). Kommen mehrere Fischotter über längere Zeiträume gemeinsam vor, handelt es sich zumeist um eine führende Fähe mit ihren Jungtieren. Bis zu deren Selbstständigkeit, also der Auflösung des Mutter-Jungtier-Verbandes, können 12 bis 15 Monate vergehen (Kruuk 2006).
Außerdem können auch durchziehende Tiere in den Revieren etablierter Artgenossen auftauchen. Dabei handelt es sich zumeist um subadulte Fischotter auf der Suche nach einem eigenen, noch unbesetzten Revier.
Studien, die das räumlich-soziale Verhalten anhand telemetrierter Fischotter untersuchten (Quaglietta et al. 2014) zeigten allerdings, dass das Konzept des klassischen Sozialsystems für Vertreter der Marderartigen zwar generell auf die räumliche Organisation der Fischotter zutrifft, aber eine gewisse Plastizität besteht.
So kommt es gelegentlich auch zwischen Individuen des gleichen Geschlechts zu Revierüberlappungen, wobei dies nicht auf die Revierkernzonen bezogen ist (Erlinge 1967, 1968; Durbin 1996; Quaglietta et al. 2014).
Entgegen bisheriger Annahmen, dass adulte Männchen und Weibchen abgesehen von der Paarung kaum miteinander in Kontakt treten (z.B. Kruuk 2006), konnten Quaglietta et al. (2014) außerdem zeigen, dass Fischotterpaare unterschiedlichen Geschlechts weitaus öfter miteinander interagieren als bisher angenommen.
Welche Mechanismen die räumlich-soziale Organisation steuern, ist bisher noch kaum untersucht. Die Verfügbarkeit von Ressourcen (z.B. Nahrung, Fortpflanzungspartner, Deckung) und deren Verteilung im Raum, die inter- und

intraspezifische Konkurrenz (Fischotterdichte) sowie der Grad der Verwandtschaft können aber neben anderen Faktoren eine maßgebliche Rolle spielen.

Ausgehend von der hohen Sammelintensität und der den Losungsfundraten entsprechenden Verteilung der genotypisierten Proben können Aussagen zur räumlichen Verteilung der Fischotterindividuen im untersuchten Gebiet getroffen werden. Für die festgestellten Individuen werden die Aktionsräume als Abbild der aufgefundenen und genotypisierten Losungen definiert. Dies kann Aufschluss über Revierüberlappungen bzw. Hinweise zu Reviergrenzen geben.
Die tatsächliche Größe der individuellen Streifgebiete und die Lage von Kernzonen innerhalb dieser können anhand des vorliegenden Datenmaterials allerdings nicht ermittelt werden, da die Möglichkeit, dass sich die Streifgebiete auch über die Grenzen des Untersuchungsgebiets erstrecken, nicht vollständig ausgeschlossen werden kann.
Man kann jedoch anhand der beiden äußersten Nachweispunkte je Fischotterindividuum von den individuell genutzten Streckenlängen im tatsächlich untersuchten Gebiet ausgehen. Hung et al. (2004) und Hájková et al. (2011) erwähnen in diesem Zusammenhang den Begriff der „*minimum home ranges*“, dieser bezeichnet die anhand der genetischen Analyse der Losungsfunde minimal festgestellten Streifgebietsgrößen.
Aus der Kombination dieser *minimum home ranges*, der räumlichen Verteilung der Individuen und der Lage der individuellen Nachweise im Untersuchungsgebiet im Vergleich mit den aus der Literatur bekannten Reviergrößenangaben lässt sich ableiten, ob die Abdeckung der Reviere durch das Untersuchungsgebiet potentiell gegeben ist, oder ob Teile eines Fischotterreviers mit großer Wahrscheinlichkeit auch außerhalb des untersuchten Gebiets liegen (siehe Kapitel 4.2.1; Einteilung gebietsansässiger Tiere in *R*** und *R**).

Im Folgenden Kapitel wird die Zusammensetzung und Größe der Fischotterbestände an den untersuchten Gewässern beschrieben und anhand der vorab genannten Aspekten (Kapitel 4.2.1 und 4.2.2) diskutiert.

4.2.3 Fischotter im Untersuchungsgebiet *Loichbach (8,3 km)*

Über den gesamten Untersuchungszeitraum ergab die genetische Individuenbestimmung insgesamt 5 verschiedene Genotypen, i.e. Fischotterindividuen.
Dabei handelt es sich um 1 männlichen Fischotter, 3 Weibchen, sowie ein weiteres Tier, dessen Geschlecht nicht zweifelsfrei bestimmt werden konnte.

In Abbildung 9 ist ersichtlich, in wievielen Sammelperioden die einzelnen Fischotterindividuen detektiert wurden.
3 Tiere (*L1, L2, L3*) wurden über mehrere Sammelperioden und damit längere Zeiträume nachgewiesen, was für eine dauerhafte Nutzung des Gebietes durch diese Individuen spricht. Daher wurden diese auch als gebietsansässige Tiere angenommen.

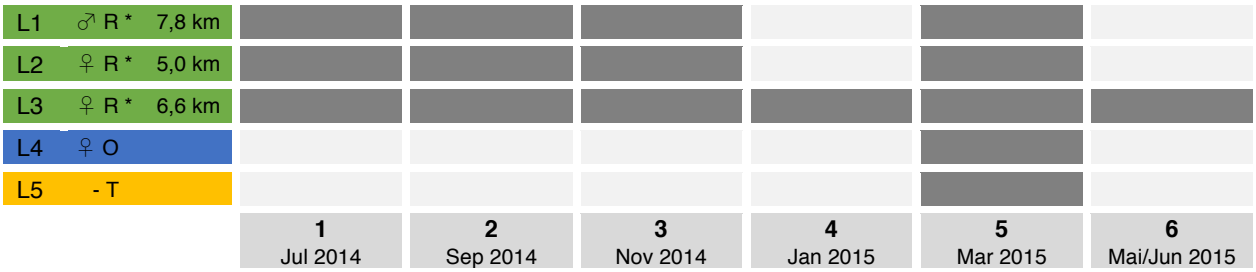


***Abb. 9**: Anhand nicht-invasiver genetischer Analysemethoden identifizierte Fischotterindividuen (L1-L5) im Untersuchungsgebiet **Loichbach** je Sammelperiode (1-6), Angabe zu Geschlecht (♀/♂), Status (R**, R*=resident, O=offspring, T=transient) und minimaler Streifgebietsgröße in km.*

Gestützt auf die Berechnung der Verwandtschaftskoeffizienten, die Ergebnisse der Geschlechtsbestimmung und der räumlich-zeitlichen Verteilung der individuellen Nachweispunkte konnte ein aktiver Familienverband mit Fischotter *L4* als Nachkomme der Fähe *L3* und des Männchens *L1* identifiziert werden.

Das Individuum *L5* wurde lediglich anhand einer Probe in einer einzigen Sammelperiode (Nr. 5, März 2015) detektiert und folglich als durchziehendes Individuum definiert.

In den Abbildungen A1-A5 im Anhang des Projektberichts ist die räumliche Verteilung und Anzahl der Nachweise je Individuum graphisch dargestellt. Weiters dient die schematische Abbildung 10 der Übersicht über die räumliche Organisation der einzelnen Fischotterindividuen im Untersuchungsgebiet über den gesamten Untersuchungszeitraum.

Mit einer Länge von 5,7 km ist davon auszugehen, dass der Pielachzubringer Loichbach kein für sich allein stehendes Fischotterrevier repräsentiert, sondern nur einen Revierausschnitt gebietsansässiger Fischotter darstellt, deren Revier sich weiter flussauf bzw. flussab des Hauptflusses (Pielach) erstreckt. Die Tatsache, dass alle dauerhaft im Gebiet festgestellten Individuen auch im untersuchten Pielachabschnitt (3 km lang) nachgewiesen werden konnten, unterstützt diese Annahme (vergleiche Abb. A1-A3 im Anhang).
Folglich wurden alle residenten Fischotterindividuen (*L1-L3*) als *R** eingestuft, i.e. das Untersuchungsgebiet *Loichbach* deckt nur einen Teil der Reviere der identifizierten Fischotterindividuen ab.

Entgegen der Annahme, dass sich Reviere adulter, etablierter Tiere des gleichen Geschlechts entsprechend eines für Marderartige typischen Sozialsystems, nicht überlappen, zeigen die Nachweise hier sehrwohl eine Überlappung der Streifgebiete von Fischotterweibchen *L2* und *L3*.
Anhand der Nachweishäufigkeit ist ersichtlich, dass das Fischotterweibchen *L3* den Loichbach öfter frequentiert als Individuum *L2*. Unter der Annahme, dass es sich aufgrund der geringen Größe des Untersuchungsgebietes vermutlich nur um einen Revierteil der nachgewiesenen gebietsansässigen Tiere handelt und angesichts der unterschiedlichen Frequenz, mit der die beiden Weibchen während des Untersuchungszeitraumes detektiert wurden, ist davon auszugehen, dass sich diese Weibchenreviere nur gelegentlich und geringfügig überschneiden. Dies ist auch im Einklang mit Ergebnissen anderer Studien (Erlinge 1967, 1968; Quaglietta et al. 2014).

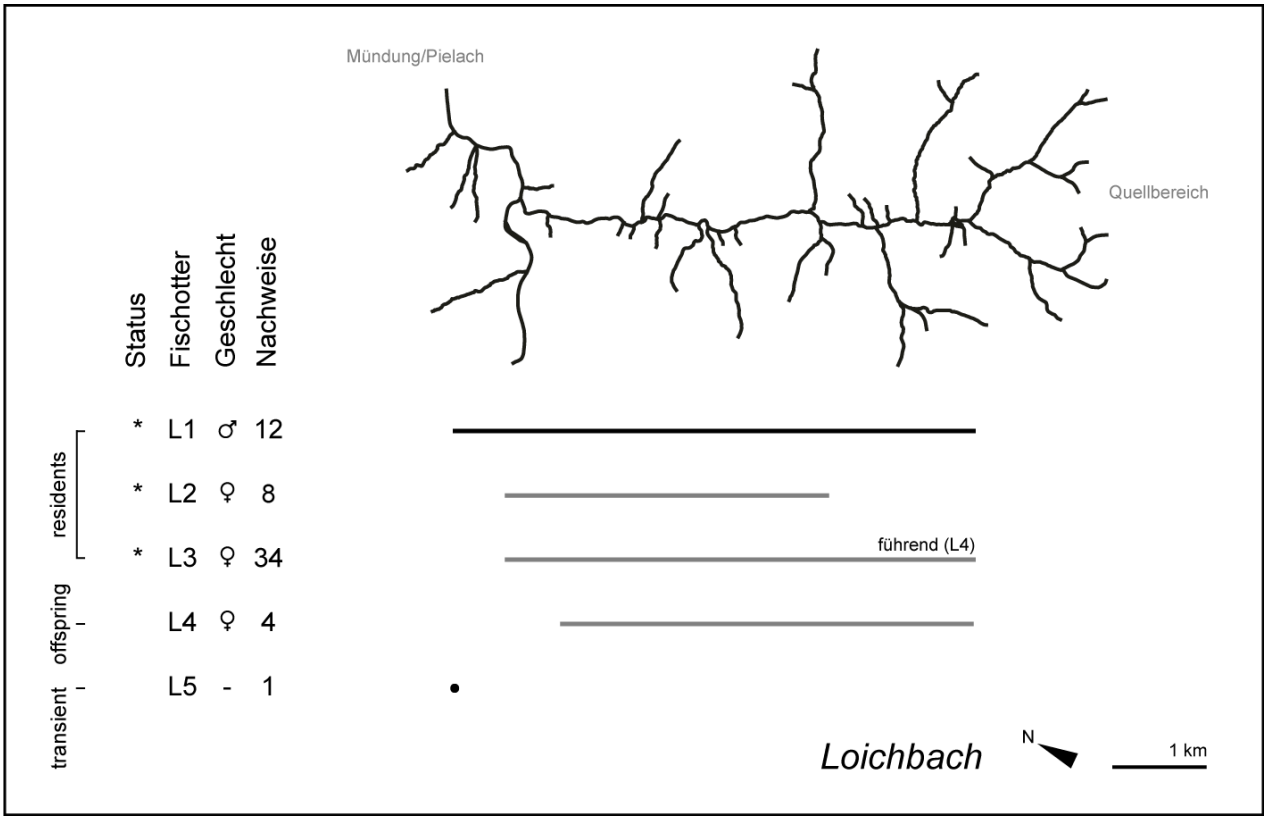


Abb. 10: *Räumliche Verteilung, Status (resident* **, offspring, transient), Geschlecht (♀/♂) und Anzahl der Nachweise der Fischotterindividuen im Untersuchungsgebiet* ***Loichbach*** *ermittelt anhand nicht-invasiver genetischer Methoden. Durchgezogene Linien geben minimale Streifgebietsgrößen residenter Individuen an, Punkte stehen für Nachweisorte durchziehender Individuen. Grau = ♀, schwarz = ♂.*

4.2.4 Fischotter im Untersuchungsgebiet *Piesting Oberlauf (32,2 km)*

Am Oberlauf der Piesting konnten über den gesamten Untersuchungszeitraum insgesamt 7 verschiedene Fischotterindividuen nachgewiesen werden. Diese setzen sich aus 3 Fähen und 4 Rüden zusammen, wobei nur 5 Fischotter über längere Zeiträume detektiert wurden (*P1, P2, P4, P5, P6*) (Abb. 11).

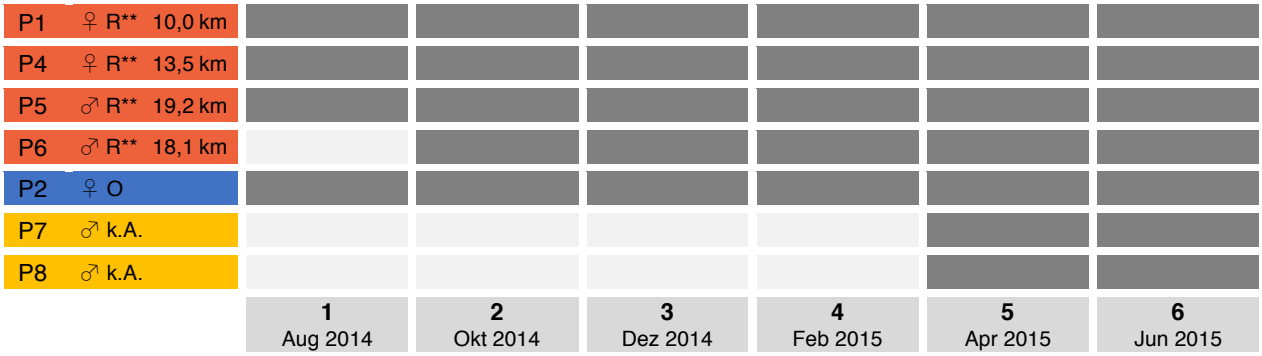


Abb. 11: *Anhand nicht-invasiver genetischer Analysemethoden identifizierte Fischotterindividuen (P1-P8) im Untersuchungsgebiet* ***Piesting Oberlauf*** *je Sammelperiode (1-6), Angabe zu Geschlecht (♀/♂), Status (R**, R*=resident, O=offspring, T=transient, k.A.=nicht kategorisiert) und minimaler Streifgebietsgröße in km.*

Die Ergebnisse der Verwandtschaftsanalyse bestätigten einen aktiven Familienverband (*P2* als Tochter von *P1* und *P5*) an den Flussläufen der Steinapiesting und Längapiesting sowie an der Piesting in der Ortschaft Gutenstein (vergleiche Abb. A6 & A7 im Anhang).
Als dauerhaft im Gebiet anwesende Fischotter mit selbstständigen, etablierten Revieren (*residents)* gelten daher nur die Individuen *P1, P4, P5* und *P6*.
Mit einer minimal anzunehmenden Streifgebietsgröße von 10,0 und 13,5 km für die Fischotterfähen bzw. von 18,1 und 19,2 km für die Fischottermännchen im Einzugsgebiet *Piesting Oberlauf* kann davon ausgegangen werden, dass die Reviere dieser Tiere zumindest großteils vom Untersuchungsgebiet abgedeckt werden (Kategorie *residents R***).

Hinsichtlich der räumlich-sozialen Organisation der Fischotter im Oberlauf der Piesting deuten die Nachweise der Weibchenreviere (*P1* und *P4*) auf gegenüber gleichgeschlechtlichen Artgenossen exklusive Reviere hin: während *P1* entlang der Steinapiesting und Längapiesting sowie auf einem kurzen Abschnitt des Hauptflusses (Kalter Gang) detektiert werden konnte, besetzt das Weibchen *P4* ein Revier flussauf von Gutenstein.
Zu räumlichen und zeitlichen Überlappungen der individuellen Nachweise kommt es hingegen zwischen den gebietsansässigen Männchen *P5* und *P6* (Abb. 12 und A9 & A10 im Anhang).
In diesem Fall legen die Verwandtschaftsanalysen eine Verwandtschaft 1. Grades zwischen den beiden Männchen nahe. Möglicherweise wird hier ein direkter Nachkomme im Revier auch über längere Zeiträume hinweg geduldet. In der aktuellen Literatur gibt es dazu jedoch keine vergleichbaren Informationen.

In den letzten beiden Sammelperioden (Nr. 5 und 6; April und Juni 2015) wurden außerdem 2 weitere Fischotterrüden (*P7* und *P8*) mit vergleichsweise geringer Nachweishäufigkeit festgestellt. Diese Individuen weisen keinerlei Verwandtschaft mit den anderen Fischottern in diesem Gebiet auf. Auch wenn ihr Status aufgrund des begrenzten Untersuchungszeitraumes nicht ganz eindeutig festgestellt werden konnte, spricht die Häufigkeit der Nachweise und ihre zeitliche Verteilung nicht für dauerhaft im Gebiet etablierte Tiere.

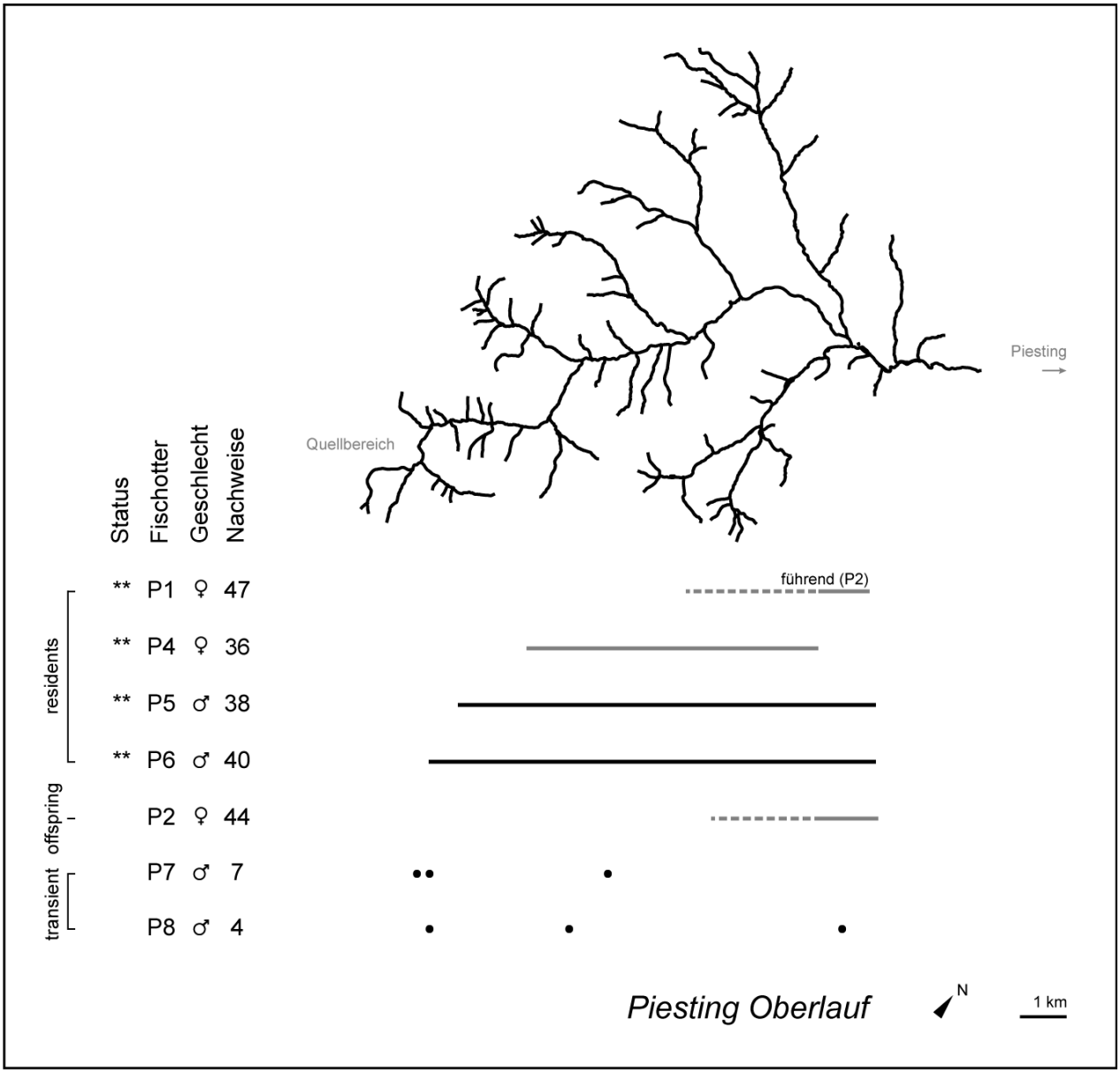


Abb. 12: *Räumliche Verteilung, Status (resident* **, offspring, transient), Geschlecht (♀/♂) und Anzahl der Nachweise der Fischotterindividuen im Untersuchungsgebiet* ***Piesting Oberlauf*** *ermittelt anhand nicht-invasiver genetischer Methoden. Durchgezogene Linien geben minimale Streifgebietsgrößen residenter Individuen an, Punkte stehen für Nachweisorte durchziehender Individuen, gestrichelte Linien geben die Verteilung der Nachweise von P1 und P2 entlang der Zubringer Steinapiesting und Längapiesting an, wodurch es zu keinen echten räumlichen Überlappungen mit P4 kommt. Grau = ♀, schwarz = ♂.*

4.2.5 Fischotter im Untersuchungsgebiet *Ois (Obere Ybbs; 33,9 km)*

Die Anzahl der mithilfe der genetischen Methoden festgestellten Fischotter beläuft sich im Untersuchungsgebiet *Ois (Obere Ybbs)* auf insgesamt 10 (5 ♀ und 5 ♂) Individuen.

Als resident, i.e. adulte Individuen mit etabliertem Revier, können die Fischottermännchen *O1, O9* und *O10* sowie die Weibchen *O2, O5* und *O8* angenommen werden. Ihre Nachweise erstrecken sich über mehrere Sammelperioden (Abb. 13) und ihre räumliche Verteilung (Abb. 14) weist auf eigenständige Reviere hin.

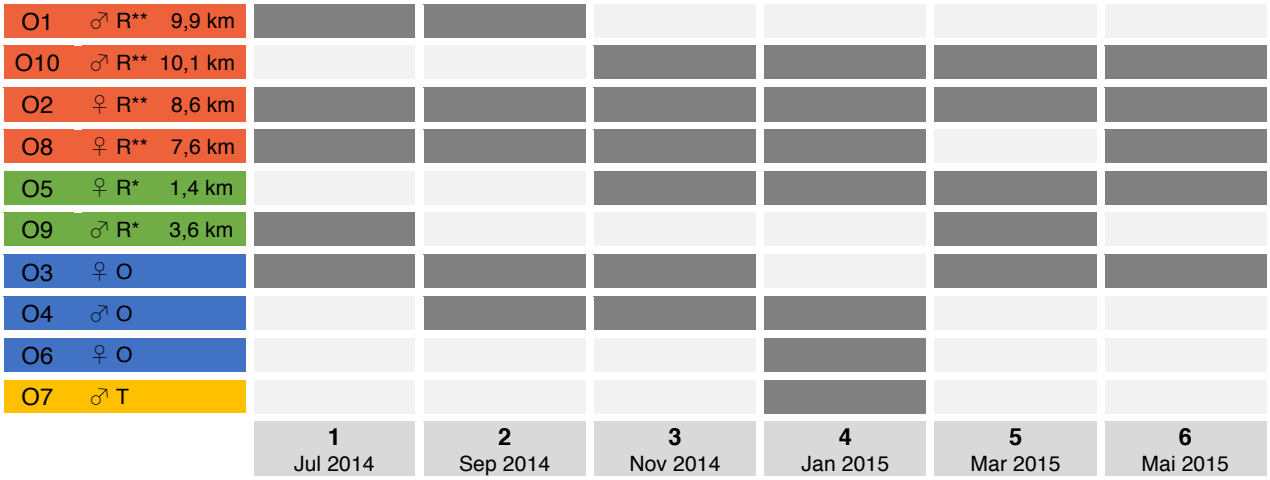


***Abb. 13**: Anhand nicht-invasiver genetischer Analysemethoden identifizierte Fischotterindividuen (O1-O10) im Untersuchungsgebiet **Ois** je Sammelperiode (1-6), Angabe zu Geschlecht (♀/♂), Status (R**, R*=resident, O=offspring, T=transient) und minimaler Streifgebietsgröße in km.*

Anhand der Verwandtschaftsanalyse und der räumlich-zeitlichen Verteilung der individuellen Nachweispunkte konnten weiters 2 aktive Familienverbände festgestellt werden: (1) Das Weibchen *O3* als Nachkomme der zwei gebietsansässigen Individuen *O2* und *O1* entlang der Ois sowie am Oiszubringer Lackenbach und (2) *O6* und *O4* als Nachkommen der Fischotter *O5* und *O9* in bzw. flussauf der Ortschaft Lunz am See.

Eine weitere Verwandtschaftsbeziehung wurde unter den Fischottern an der Ois festgestellt: Die Fähe *O8* stellt einen weiteren Nachkommen der beiden Fischotter *O1* und *O2* dar, wobei *O8* bereits ein eigenes, benachbartes Revier flussauf des Reviers von *O2* besetzt haben dürfte.
Dass weibliche Nachkommen oftmals ein Revier in der Nähe der Mutter besetzen ist auch aus anderen Studien bekannt (z.B. Sittenthaler et al. 2015a, b). Wie bei den meisten Säugetieren, wandern männliche Fischotter nach Auflösung des Mutter-Jungtier-Verbandes weiter ab als weibliche Nachkommen (Quaglietta et al. 2013).

Wie aus den Abbildungen 14 und A13 & A22 im Anhang ersichtlich, kommt es zu räumlichen Überlappungen zwischen den Fischotterrüden *O1* und *O10*. Allerdings tritt *O10* erst im Untersuchungsgebiet auf, nachdem *O1* nicht mehr nachgewiesen werden konnte. Die Daten werden dahingehend interpretiert, dass nach Wegfall (Tod, Abwanderung) des Männchens *O1* das Revier durch *O10* nachbesetzt wurde. Ähnliches zeigen Ó Néill et al. (2009) und Koelewijn et al. (2010), wo innerhalb kurzer Zeit das Revier des dominanten Männchens im Gebiet nach dessen Ableben durch ein anderes Männchen nachbesetzt wurde.
Ansonsten kommt es zu keinen Überlagerungen der Nachweise gleichgeschlechtlicher Fischotter an der Ois, womit die räumlich-soziale Organisation dem klassischen Sozialsystem für Marderartige nach Powell (1979) folgt.

Anhand der Lage und Größe der nachgewiesenen Streifgebiete bei den gebietsansässigen Individuen *O5* und *O9* bei der Ortschaft Lunz am See und wenige Kilometer flussaufwärts, ist ersichtlich, dass hier nur eine teilweise Abdeckung der Fischotterreviere durch das Untersuchungsgebiet gegeben ist. Die Reviere der beiden Fischotter (inkl. 2 Jungtiere *O4* und *O6*) erstrecken sich vermutlich über die Grenze des Untersuchungsgebiets hinaus weiter flussabwärts.
Folglich wurden die Fischotter *O5* und *O9* als *residents R** eingestuft.

Fischotter *O7* ist mit nur einer Probe repräsentiert und weist keine Verwandtschaft mit anderen Individuen auf. Folglich handelt es sich hier um einen durchziehenden Fischotter.

Zusammengefasst, gibt es im Untersuchungsgebiet *Ois* 3 Reviere (*O1* bzw. *O10, O2, O8*). Zwei weitere (O5 und O9) erstrecken sich über die Grenzen des Untersuchungsgebiets hinaus und müssen bei der Abschätzung des Einflusses von Fischotter auf Fischbestände dementsprechend berücksichtigt werden (siehe Kapitel 4.3).

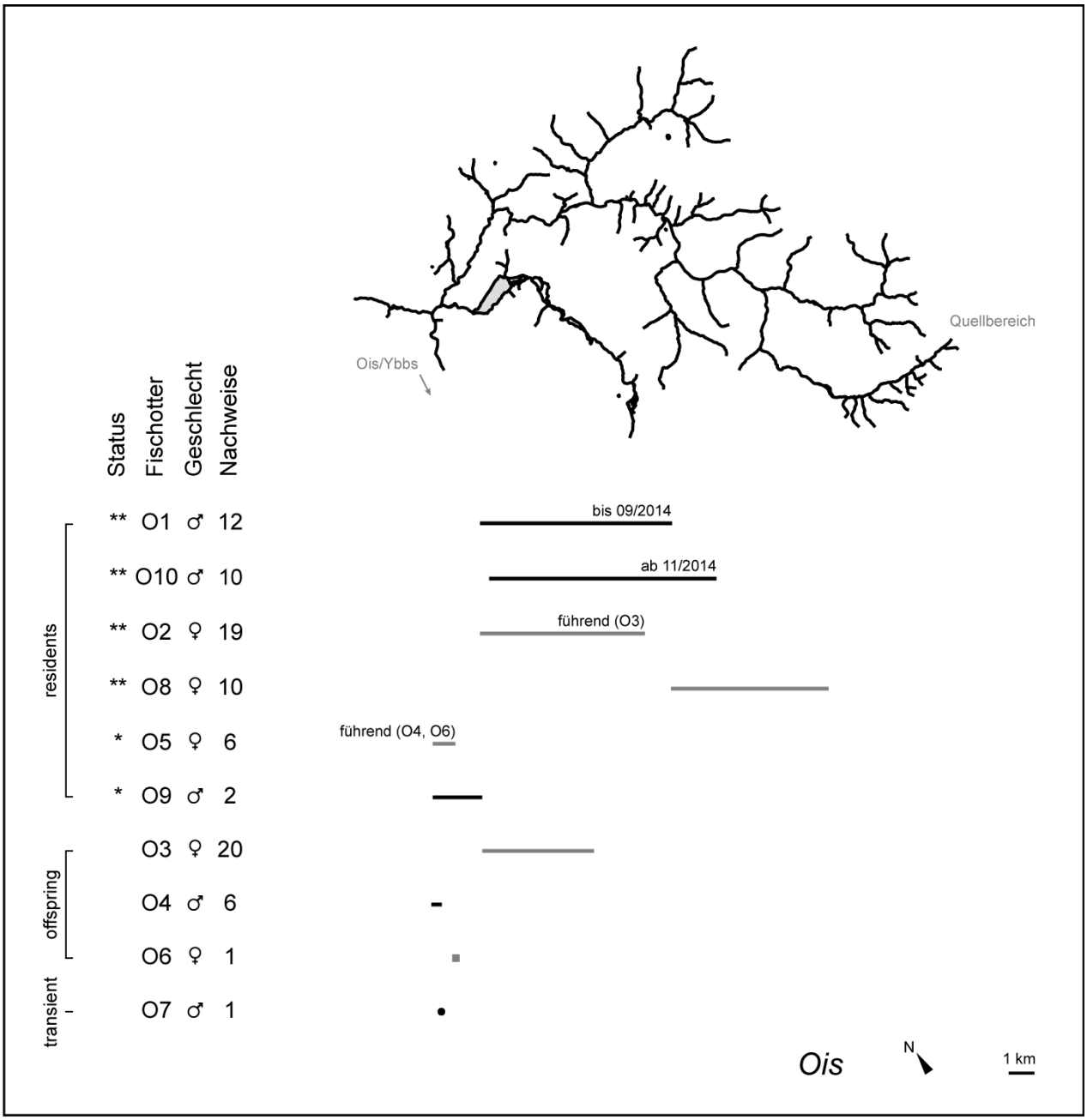


***Abb. 14**: Räumliche Verteilung, Status (resident* **, offspring, transient), Geschlecht (♀/♂) und Anzahl der Nachweise der Fischotterindividuen im Untersuchungsgebiet **Ois** ermittelt anhand nicht-invasiver genetischer Methoden. Durchgezogene Linien geben minimale Streifgebiete residenter Individuen an, Punkte stehen für Nachweisorte durchziehender Individuen. Grau = ♀, schwarz = ♂.*

4.2.6 Fischotter im Untersuchungsgebiet *Feistritz (37,7 km)*

Im Untersuchungsgebiet *Feistritz* wurden über den gesamten Untersuchungszeitraum 13 verschiedene Fischotter detektiert, davon wurden 6 Individuen als Männchen identifiziert, 7 als Fischotterfähen.

Die über mehrere Sammelperioden wiederholten Nachweise der Fischotter *F1, F2, F3, F6, F7* und *F8* und deren räumliche Verteilung im Gebiet lassen auf gebietsansässige Tiere schließen (Abb. 15 und 16).
3 Individuen (*F1*und *F6*) wurden allerdings ausschließlich an dem zusätzlich zum Flusslauf der Feistritz untersuchten knapp 5 km langen Abschnitt der Pitten, in die die Feistritz mündet, erfasst (gekennzeichnet mit *(R*)* in Abb. 15 und 16). Für die Ermittlung des Einflusses des Fischottes auf den Fischbestand in der Feistritz spielen diese Individuen folglich keine Rolle.
Die Verteilung der individuellen Nachweise der 4 gebietsansässigen Fischotter *F2, F3, F7* und *F8* entlang der Feistritz und die daraus ermittelten minimalen Streifgebietsgrößen sind mit bekannten Reviergrößen vergleichbar, daher erfolgt eine Einstufung dieser Individuen als *R**.*

Festgestellte Verwandtschaften 1. Grades und räumlich-zeitliche Überlappungen liegen zwischen folgenden Individuenkombinationen (Familienverbänden) vor:

(1) die Individuen *F11* und *F13* als Nachkommen der Fischotterfähe *F8* und des Rüden *F1* im Oberlauf der Feistritz,
(2) Fischotter *F9* als Nachkomme der Elternteile *F7* und *F3*,
(3) außerdem besteht zwischen dem Weibchen *F2* und dem Weibchen *F4* eine wahrscheinliche Eltern-Kind-Beziehung, wobei keines der detektierten Männchen als potentieller Vater in Frage kommt,
(4) Individuum *F5* als Tochter der Individuen *F6* und *F1* (entlang der Pitten!).

Einer typischen sozialen Organisation folgend, umfasst das Männchenrevier von F3 jene dreier gebietsansässiger Weibchen und ihrer Jungtiere.
Zu weiteren Überlagerungen der Nachweise kommt es an der Feistritz außerdem zwischen den gebietsansässigen Weibchen *F2, F7* und *F8*. – Eine räumlich-soziale Organisation, die nicht ganz dem klassischen Sozialsystem von Marderartigen mit exklusiven Revieren gegenüber Geschlechtsgenossen entspricht. Inwiefern es in diesem Fall jedoch tatsächlich zu Überlappungen der sogenannten Kernzonen kommt, oder ob es sich nur um Randbereiche der jeweiligen Reviere handelt (Kruuk 2006; Quaglietta et al. 2014), kann anhand der genetischen Nachweise nicht geklärt werden. Eine Verwandtschaft 1. Grades konnte zwischen den betroffenen Tieren jedenfalls nicht festgestellt werden.

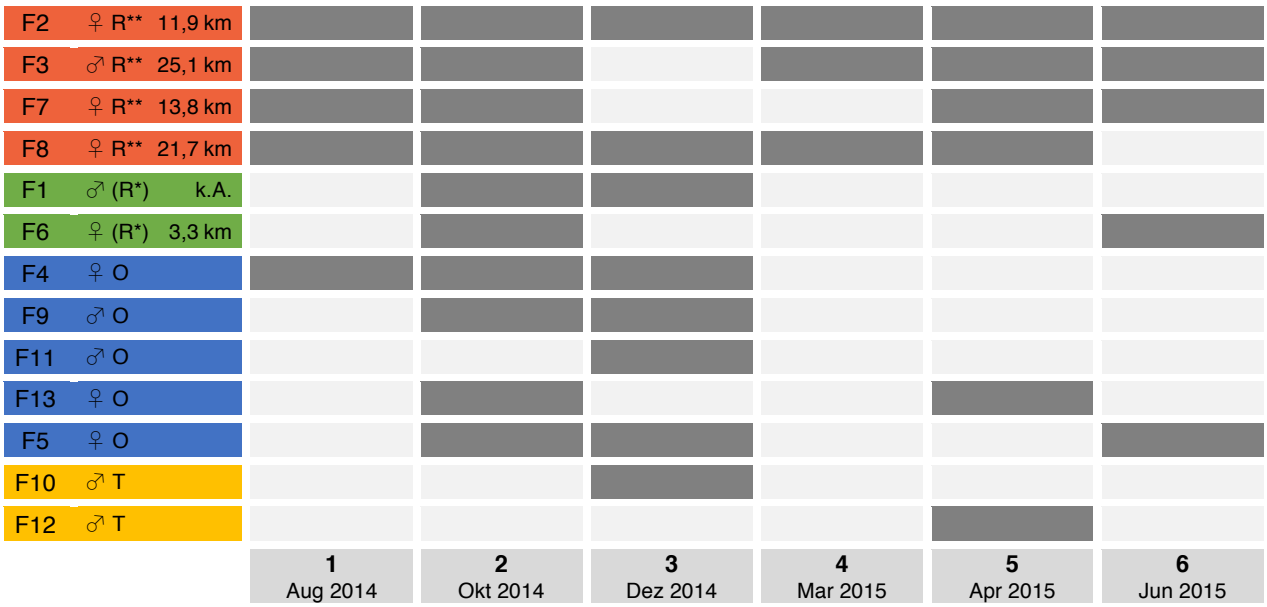


***Abb. 15**: Anhand nicht-invasiver genetischer Analysemethoden identifizierte Fischotterindividuen (F1-F13) im Untersuchungsgebiet **Feistritz** je Sammelperiode (1-6), Angabe zu Geschlecht (♀/♂), Status (R**, R*=resident, O=offspring, T=transient) und minimaler Streifgebietsgröße in km.*

Bei den Tieren *F10* und *F12* handelt es sich um durchziehende Fischotterindividuen. Beide Individuen konnten ausschließlich im Zuge eines einzigen Sammelereignisses detektiert werden und stehen in keinem Verwandtschaftsverhältnis mit anderen Individuen.

Zusammengefasst, im Untersuchungsgebiet *Feistritz* gibt es 4 gebietsansässige Tiere mit etablierten Revieren entlang der Fließgewässerstrecke Feistritz, inklusive sämtlicher Zubringer, sowie 2 gebietsansässige Tiere in den benachbarten Fischotterrevieren an der Pitten. Einer der 4 aktiven Familienverbände beschränkt sich ebenfalls auf den zusätzlich untersuchten Flussabschnitt der Pitten.

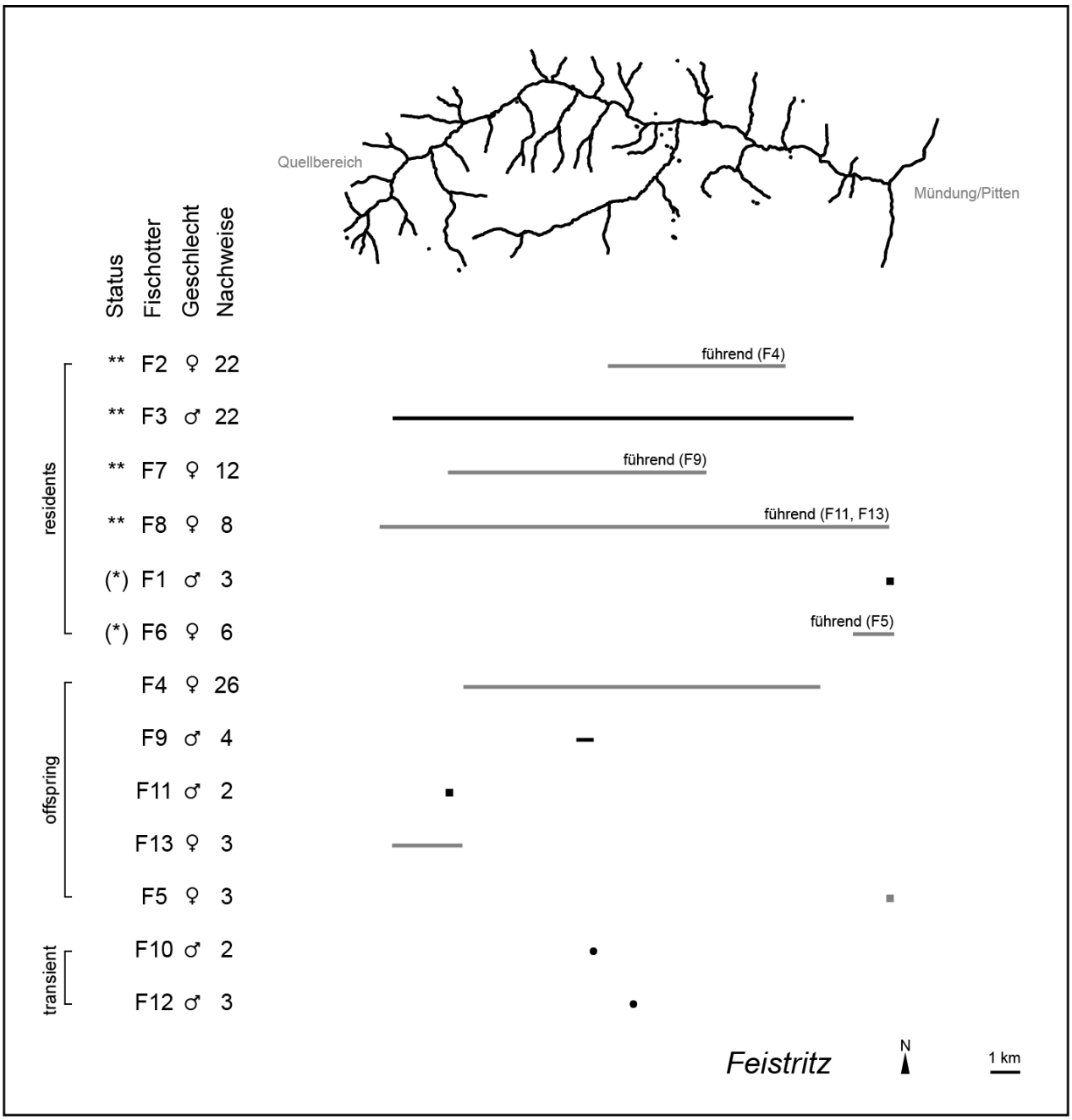


Abb. 16: *Räumliche Verteilung, Status (resident* **, offspring, transient), Geschlecht (♀/♂) und Anzahl der Nachweise der Fischotterindividuen im Untersuchungsgebiet* ***Feistritz*** *ermittelt anhand nicht-invasiver genetischer Methoden. Durchgezogene Linien geben minimale Streifgebiete residenter Individuen an, Punkte stehen für Nachweisorte durchziehender Individuen. Grau = ♀, schwarz = ♂.*

4.2.7 Fischotter im Untersuchungsgebiet *Große Ysper (28,8 km)*

An der Großen Ysper konnten mithilfe der genetischen Analyse der gesammelten Losungsproben insgesamt 15 verschiedene Fischotter erfasst werden (7 ♂ und 8 ♀).
Besonders hingewiesen sei auf die Tatsache, dass 3 dieser Tiere (*Y5, Y13* und *Y19*) bereits in einer im Jahr 2011 durchgeführten Erhebung im Rahmen der Masterarbeit von M. Sittenthaler (publiziert in Sittenthaler et al. 2015a) nachgewiesen wurden, was auf Gebietstreue hinweist und Informationen zu Status und Altersklasse der Tiere liefert.

Aus den Abbildungen 17 und 18 ist ersichtlich, in welchen Sammelperioden (1-6), i.e. über welche Zeiträume, die einzelnen Tiere erfasst wurden und wie sich ihre Nachweise entlang des Flusslaufes der Großen Ysper räumlich verteilen.
Auch in diesem Untersuchungsgebiet lassen sich basierend auf der räumlichen und zeitlichen Verteilung der Nachweise, den berechneten Verwandtschaftsgraden sowie der minimalen Streifgebietsgröße die Individuen in die genannten Kategorien gebietsansässige (*resident, R** R**) Individuen, durchziehende Tiere (*transient, T*) und Jungtiere in einem aufrechten Familienverband (*offspring, O*) einteilen.

Die Fischotter *Y2, Y5, Y13, Y19, Y3* sowie *Y6* sind demnach gebietsansässige Tiere, wobei für die beiden letztgenannten (*Y3, Y6*) aufgrund der kurzen nachgewiesenen Distanzen (3,1 km bzw. 2,2 km) im Unterlauf der Großen Ysper angenommen werden muss, dass große Teile ihres Reviers nicht im untersuchten Gebiet liegen und daher in die Unterkategorie *R** fallen (Definition siehe Kapitel 4.2.1).

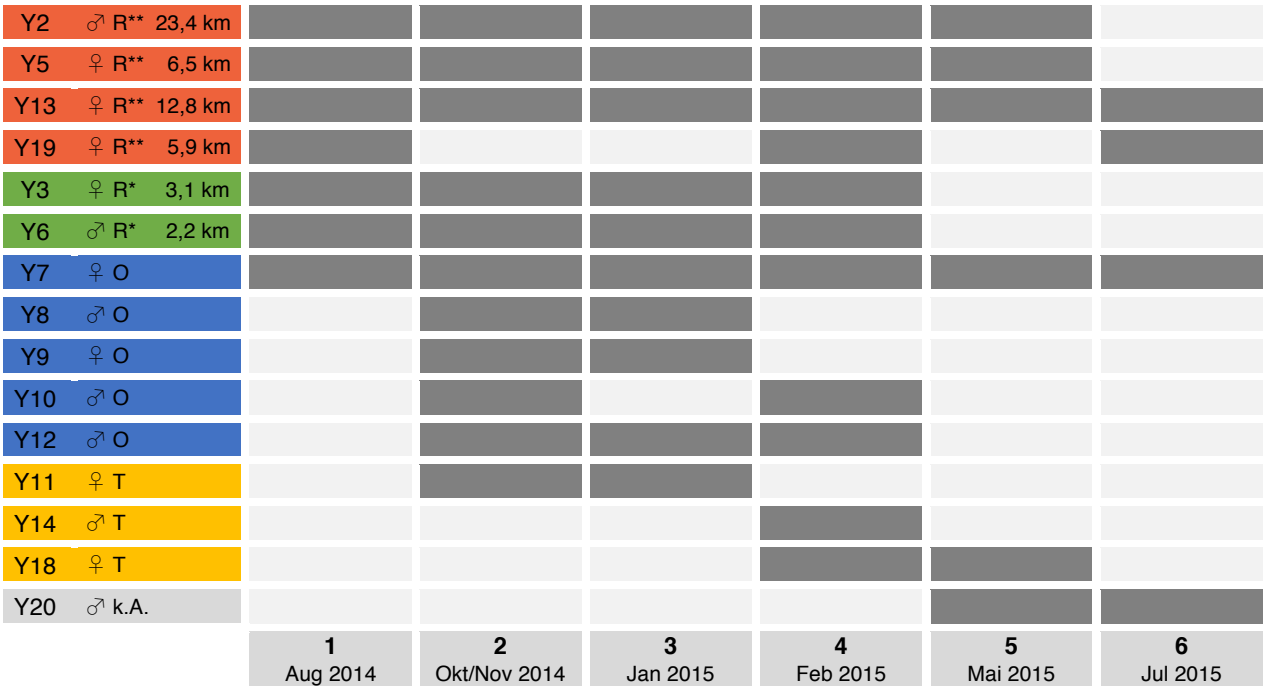


***Abb. 17**: Anhand nicht-invasiver genetischer Analysemethoden identifizierte Fischotterindividuen (Y2-Y20) im Untersuchungsgebiet **Große Ysper** je Sammelperiode (1-6), Angabe zu Geschlecht (♀/♂), Status (R**, R*=resident, O=offspring, T=transient) und minimaler Streifgebietsgröße in km.*

Aufgrund der berechneten Verwandtschaftsverhältnisse sowie der räumlichen und zeitlichen Verteilung der Nachweise konnten 3 führende Fähen (*Y5, Y13, Y19*) mit den Jungtieren *Y7, Y8, Y9, Y10* und *Y12* festgestellt werden (Abb. A36-A50).
Die Familienverbände setzen sich wie folgt zusammen:

(1) *Y8* und *Y12* als Nachkommen des Weibchens *Y5* und des Männchens *Y2*,
(2) *Y7* als Tochter der Fähe *Y19* im Oberlauf der Großen Ysper (Vater ist ein Männchen, das in der 2011 durchgeführten Studie Sittenthaler et al. (2015) festgestellt wurde; dort als Individuum *Nr. 4* bezeichnet)
(3) außerdem besteht zwischen dem Weibchen *Y13* und den Individuen *Y9* und *Y10* eine Verwandtschaft 1. Grades, wobei keines der detektierten Männchen als potentieller Vater in Frage kommt.

Drei weitere Individuen sind einmalig bzw. mit nur wenigen Proben repräsentiert (*Y11, Y14* und *Y18*). Dabei handelt es sich vermutlich um sporadisch auftretende, durchziehende Tiere oder um Individuen, die bereits das angrenzende Revier innehaben (wie dies bei *Y14* am Hanslteich bei Gutenbrunn oder bei *Y18* bei der Mündung der Kleinen Ysper in die Große Ysper der Fall sein könnte).

Keiner Kategorie konnte das Männchen *Y20* zugeordnet werden. Der Nachweiszeitraum erstreckt sich über die letzten beiden Sammelperioden (Nr. 5 und 6; Mai und Juli 2015) und die Anzahl der Nachweise beläuft sich auf 12, eine hohe Nachweisrate in Relation zu den anderen Individuen. Dieses Männchen weist keinerlei Verwandtschaft mit anderen Fischottern aus dem Gebiet auf, was auf einen Zuwanderer auf der Suche nach einem eigenen Revier hinweist.
Generell haben Fischotter für Raubtiere ihrer Größe verhältnismäßig große Streifgebiete (Mason & MacDonald 1986), die sich an der Gewässerkontur orientieren und in Fließgewässerlebensräumen für die Verteidigung gegenüber Konkurrenten ein ungünstiges Umfang-Fläche-Verhältnis aufweisen. Kurzzeitiges Eindringen in fremde Reviere konnte auch schon Erlinge (1968) beobachten, und dies könnte auch bei den Männchen *Y2* und *Y20* der Fall sein.
Die Frage, ob sich das Männchen im Gebiet der Großen Ysper dauerhaft etablieren konnte, bleibt allerdings anhand der bestehenden Datengrundlage (begrenzter Untersuchungszeitraum) offen.

Die räumlich-soziale Organisation der Fischotterindividuen an der Großen Ysper entspricht im Wesentlichen dem typischen Sozialsystem. Zu Revierüberlappungen gleichgeschlechtlicher, etablierter Fischotter kommt es nur im Fall der beiden führenden Weibchen *Y5* und *Y13*, und der Männchen *Y2* und *Y6*, wobei diese Üblappungen lediglich auf vereinzelte Proben beruhen und auf Randbereiche beschränkt sind.

Zusammengefasst, an der Großen Ysper bestehen 4 Fischotterreviere (besetzt von *Y2, Y5, Y13, Y19*) mit 3 führenden Fähen (=aktive Familienverbände). Im Unterlauf der Großen Ysper (bis zur Mündung in die Donau) konnten weitere zwei gebietsansässige Fischotter (*Y3* und *Y6*) identifiziert werden, deren Revier zumindest teilweise im Untersuchungsgebiet liegt.

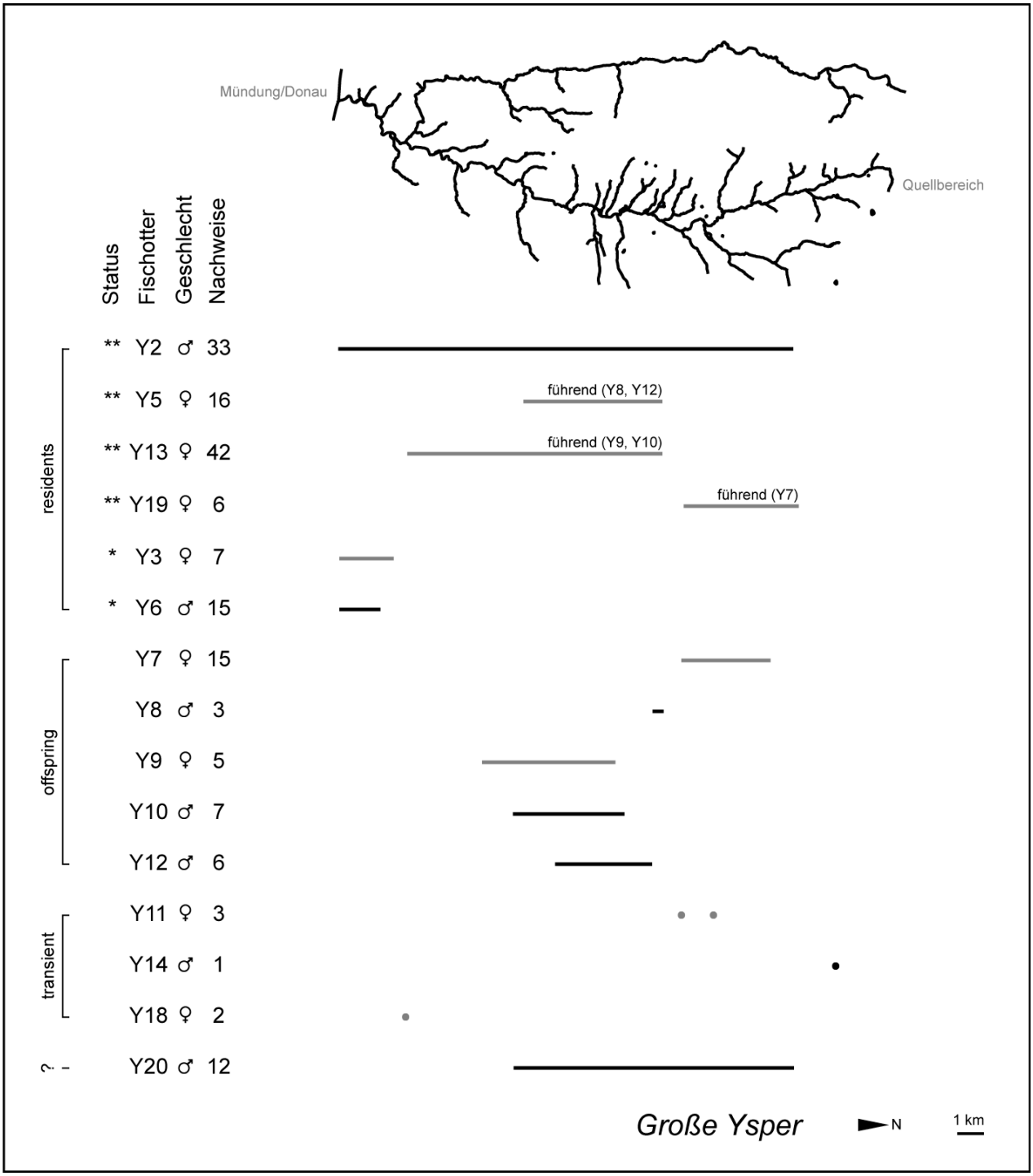


Abb. 18: *Räumliche Verteilung, Status (resident* **, offspring, transient), Geschlecht (♀/♂) und Anzahl der Nachweise der Fischotterindividuen im Untersuchungsgebiet* ***Große Ysper*** *ermittelt anhand nicht-invasiver genetischer Methoden. Durchgezogene Linien geben minimale Streifgebiete residenter Individuen an, Punkte stehen für Nachweisorte durchziehender Individuen. Grau = ♀, schwarz = ♂.*

4.3 Fischotterdichten und Anzahl an Revieren

In diesem Kapitel wird nun basierend auf den ermittelten Fischotterindividuen bzw. der Anzahl an Fischotterrevieren ein Wert für die Fischotterdichte berechnet, um eine Vergleichbarkeit zwischen den untersuchten Gewässern bzw. mit anderen Studien herzustellen.
Die Frage, in welcher räumlichen Einheit die erfassten Bestandsgrößen dargestellt werden sollen, wurde bereits diskutiert (z.B. Chanin 2003). Für Fließgewässerlebensräume werden Fischotterdichten in der Regel je Kilometer Fließgewässer angegeben. Diese Maßeinheit wird auch hier herangezogen, da davon ausgegangen werden kann, dass Fischotterstreifgebiete in Fließgewässerlebensräumen einen linearen Verlauf entlang der Fließgewässer aufweisen.

Vor dem Hintergrund der Abschätzung des Einflusses durch Fischotter auf Fischbestände im Jahresverlauf gilt es vor allem die gebietsansässigen Fischotter zu berücksichtigen, deren Revier zu großen Teilen durch die untersuchte Gewässerstrecke abgedeckt ist, also jene Tiere, die das Gebiet für die Nahrungsaufnahme permanent nutzen. Gebietsansässige Fischotter, deren Revier nur zu kleinen Teilen durch die Untersuchungsgebiete abgedeckt ist, sind bei der Ermittlung des Fraßdruckes entsprechend zu berücksichtigen. Allerdings ist in diesen Fällen schwer abzuschätzen, zu welchem Anteil der Nahrungsbedarf auch im tatsächlich untersuchten Gewässerabschnitt gedeckt wird. Dies kann höchstens anhand eines Vergleichs mit durchschnittlichen Reviergrößen (siehe Kapitel 4.2.2) nur sehr grob angenommen werden.

Heranwachsende Jungtiere erhöhen zwar für die Dauer der Jungenaufzucht den Fraßdruck an einem Gewässer, nach Auflösung des Familienverbandes verlassen die subadulten Tiere jedoch in der Regel das Gebiet auf der Suche nach einem eigenen, unbesetzten Revier. Außerdem muss von einer hohen Mortalitätsrate in den ersten Lebensmonaten ausgegangen werden. Eine Studie auf den Shetlandinseln zeigt, dass etwa 30% der Jungotter das erste Lebensjahr nicht überleben (Kruuk 2006). Das bedeutet, dass die Anzahl an genetisch detektierten Jungtieren in den Untersuchungsgebieten nicht automatisch jener Anzahl entspricht, die das Gebiet nach erfolgreicher Jungenaufzucht (Dauer ca. 12 Monate) als selbständige Tiere auch verlassen.
Fischotter können das ganze Jahr über Junge gebären. Ab einem Alter von etwa 2 Monaten verlassen die Jungen den Wurfbau und begleiten die Fähe (Kruuk 2006). Ab diesem Zeitpunkt sind die Jungtiere auch mithilfe der genetischen Analyse von Losungen theoretisch nachweisbar. Wie aus den Abbildungen 9, 11, 13, 15 und 17 ersichtlich konnten nur wenige Jungtiere über längere Zeiträume hinweg erfasst werden. Dies kann einerseits bedeuten, dass Jungtiere anhand der Losung schlechter erfassbar sind oder aber in einer hohen Jungensterblichkeit begründet sein.
Folglich bleibt der Fraßdruck an einem Gewässer durch Jungtiere schwer abzuschätzen, da die Überlebensrate auch stark vom zur Verfügung stehenden Nahrungsangebot abhängig ist (Ruiz-Olmo et al. 2011).

Durchziehende Tiere finden in der Dichteberechnung ebensowenig Berücksichtigung. Die sogenannten *floaters* streifen auf der Suche nach einem eigenen Revier große Gebiete ab (Kruuk 2006) und spielen bei der Ermittlung des permanenten Fraßdrucks vermutlich eine untergeordnete Rolle. Dies wird auch dadurch unterstützt, dass in keinem der untersuchten Gebiete ständig unterschiedliche, durchziehende Fischotter erfasst wurden. Es kann daher von einem sporadischen Auftreten von Tieren dieser Kategorie ausgegangen werden.

Zieht man nun die ermittelte Anzahl gebietsansässiger Fischotter bzw. die Anzahl an festgestellten Fischotterrevieren (=*R***) heran und stellt sie der beprobten Flusskilometeranzahl gegenüber, lässt sich ein Index für die Fischotterdichte ermitteln. Im Falle der Anwesenheit gebietsansässiger Tiere der Kategorie *R** (=gebietsansässige Fischotter, deren Revier durch das Untersuchungsgebiet nur teilweise abgedeckt ist) wird ein Wertebereich (minimale bis maximale Fischotterdichte) angegeben.
Für die Abschätzung des Einflusses des Fischotters auf Fischbestände primär entscheidend ist jedenfalls die Anzahl der dauerhaft im Gebiet etablierten und besetzten Fischotterreviere (=*R***).

Aus Tabelle 3 ist die Fischotteranzahl nach Kategorie (*R**, R*, O, T*) je Untersuchungsgewässer ersichtlich. Weiters ist die Fischotterdichte als Fischotterreviere bzw. adulte, gebietsansässige (*R** & R**) Fischotter pro Kilometer dargestellt. Die Dichteangaben beziehen sich auf die Anzahl der untersuchten Flusskilometer, wobei die Oberläufe der jeweiligen Untersuchungsgewässer bis zur Quelle bzw. bis zur Grenze des otterrelevanten Lebensraumes (Gewässerbreite) untersucht wurden.
Beim Untersuchungsgebiet *Loichbach* und *Feistritz* wurden ausschließlich die entsprechende Flusskilometeranzahl und Fischotterzahl des eigentlichen Untersuchungsgewässers selbst berücksichtigt, i.e. ohne die zusätzlichen Strecken entlang der Hauptflüsse Pielach bzw. Pitten.

*Tab. 3: Fischotterdichten gebietsansässiger Fischotter, untersuchte Gewässerlänge sowie Fischotteranzahl nach festgelegten Kategorien (R**, R*=residents, O=offspring, T=transients).*

Gewässer	Flusslänge	Anzahl Fischotter					Anzahl Reviere	Fischotterdichte	
	km	R**	R*	O	T	k.A.		resident otters/km	otter territories/km
Loichbach[a]	5,7	-	3	1	-	-	0	bis zu 0,53[b]	0
Piesting Oberlauf	32,2	4	-	1	2	-	4	0,12	0,12
Ois	33,9	3	2	3	1	-	3	0,09-0,15	0,09
Feistritz[a]	33,1	4	-	4	2	-	4	0,12	0,12
Große Ysper	28,8	4	2	5	2	1	4	0,14-0,21	0,14

*R** - gebietsansässige Fischotter, deren Revier zur Gänze durch das Untersuchungsgebiet abgedeckt ist*
R - gebietsansässige Fischotter, deren Revier durch das Untersuchungsgebiet nur teilweise abgedeckt ist*
[a] *beprobte Flusskilometer und Fischotterindividuen ohne Hauptflussstrecken (Pielach bzw. Pitten)*
[b] *Der Loichbach repräsentiert mit seiner geringen Länge kein für sich allein stehendes Fischotterrevier. Die Dichteangabe muss daher mit Vorbehalten interpretiert werden.*

Mit bis zu 0,53 Fischotter pro km erreicht der Loichbach den mit Abstand höchsten Wert. Dieser Wert relativiert sich jedoch schnell, wenn man die Anzahl an etablierten Fischotterrevieren im untersuchten Gebiet berücksichtigt. Der gesamte Loichbach repräsentiert mit seiner geringen Länge und Breite kein für sich allein stehendes Fischotterrevier, sondern stellt sehr wahrscheinlich nur einen Teilbereich der Reviere der 3 gebietsansässigen Fischotter dar. Dadurch können sich mitunter kleinräumig sehr hohe Dichten ergeben, die sich auf größerem Maßstab betrachtet wieder relativieren. Der Wert von 0,53 ist daher mit Vorbehalten zu interpretieren.

Piesting, Ois und Feistritz weisen hingegen wesentlich geringere, aber im Vergleich untereinander ähnliche Fischotterdichten auf. Obwohl die Ois im Gegensatz zu allen anderen Untersuchungsgebieten eine größere Gewässerdimension aufweist, scheint dies nicht die Fischotterlebensraumkapazität für adulte, etablierte Tiere zu erhöhen, sprich die Ausbildung von eigenständigen Revieren. Eine Rolle könnte in diesem Zusammenhang die Ökologie der Bachforelle als dominierende Fischart in den untersuchten Gewässern spielen. Bachforellen orientieren sich an Strukturen entlang der Flussufer, welche Schutz und Einstände bieten und sind seltener in der Freiwasserzone eines Fließgewässers anzutreffen (Armstrong et al. 2003; Klementsen et al. 2003). Um ihren Nahrungsbedarf auch decken zu können, müssen Fischotter Größe und Form ihrer Reviere dementsprechend anpassen (Ó Néill et al. 2009). In Salmonidengewässern, in denen der Großteil der Fischbestandsbiomasse Forellen ausmachen, scheint daher die Flusslänge entscheidender bei der Ausbildung von Fischotterrevieren zu sein als die Flussbreite bzw. Wasserfläche.

Mit 0,14 bis 0,21 gebietsansässigen Fischotter/km wurden an der Großen Ysper geringfügig höhere Dichten festgestellt, ähnlich zu den im Jahr 2011 festgestellten Werten von 0,23 adulten, gebietsansässigen Individuden/km für die Große Ysper und 0,22 für ein vergleichbares Waldviertler Fließgewässer, dem Kleinen Kamp (Sittenthaler et al. 2015a; Anmerkung: in dieser Arbeit wurde nicht zwischen *R** und *R*** unterschieden).
Das Untersuchungsgebiet *Große Ysper* unterscheidet sich aber in einem Punkt wesentlich von den anderen Untersuchungsgebieten, nämlich in der Verfügbarkeit von zusätzlichen Nahrungsressourcen in Form von Teichfischbeständen.
Während in der näheren Umgebung (Grenze zumeist Wasserscheide) von Loichbach, Piesting Oberlauf, Ois und Feistritz 1, 12, 16 bzw. 11 Teiche im Wasserdatenverbund NÖ erfasst sind, gibt es im Yspertal 45 Stück, charakteristisch für die Region Waldviertel. An der Großen Ysper kann daher von einer starken Nutzung der Teiche durch Fischotter ausgegangen werden, was durch Feldbeobachtungen (Losungen, Wechsel, Spuren im Schnee und Kamerafallenbildern) an 13 dieser Teiche auch bestätigt werden konnte.

Vorangehende Studien zeigen, dass die Nahrungsverfügbarkeit maßgeblich das Vorkommen und die Dichte von Fischotter steuert und somit Auswirkungen auf Reproduktionserfolg, Lebensraumkapazität und Sterblichkeit gegeben sind (Kruuk et al. 1993; Ruiz-Olmo et al. 2001b; Kruuk 2006; Lanszki et al. 2010; Ruiz-Olmo et al. 2011). Die Verfügbarkeit von Nahrungsressourcen spielt vor allem bei der Aufzucht der Jungtiere eine entscheidende Rolle. Das heißt, in

Gebieten, wo Nahrung knapp ist, ist zu erwarten, dass die Reproduktion weniger erfolgreich stattfindet (Ruiz-Olmo et al. 2011).

Inwiefern der positive Zusammenhang zwischen Nahrungsverfügbarkeit und Fischotterdichten bzw. der Anzahl an Jungtieren auch in den 5 untersuchten Gebieten gegeben ist, kann in einem zweiten Schritt mit der Gegenüberstellung der im Jahr 2014/2015 erhobenen Fischbestandsdaten untersucht werden.

Es sei aber auch darauf hingewiesen, dass der Fischotter als territorialer Einzelgänger abgesehen von der Nahrungsverfügbarkeit auch hinsichtlich räumlich-sozialer Restriktionen (Sozialsystem, Fortpflanzungsstrategie) in seiner Populationsdichte limitiert ist (vgl. Elbroch et al. 2015). Die Lage und Ausdehnung der Reviere orientiert sich demnach neben dem zur Verfügung stehenden Nahrungsangebot auch maßgeblich an Artgenossen, ihrem Sozialstatus, beziehungsweise ihrem Verhältnis zueinander (Erlinge 1967; Ó Néill et al. 2009; Koelewijn et al. 2010).

4.4 Losungshäufigkeiten

Wie andere Studien (Kruuk et al. 1986; Lampa et al. 2015; Sittenthaler et al. 2015b) bereits bestätigt haben, lässt die Anzahl an Fischotterlosungen keine Rückschlüsse auf die in einem Gebiet anwesende Anzahl von Fischotterindividuen zu. Fischotter setzen Losung ab, um mit Artgenossen zu kommunizieren, Ressourcen zu signalisieren und Reviergrenzen zu markieren (Kruuk 2006; Remonti et al. 2011), wodurch sich intraspezifische Unterschiede im Markierungsverhalten (individuelle Markierungsintensitäten) ergeben können.
Die Losungshäufigkeit kann also nicht als Indikator für Fischotterdichten herangezogen werden, sie kann aber bei systematischer Erhebung Hinweise auf die Fischotteranwesenheit in einem Gewässer(-abschnitt) liefern und damit als Index für die relative Fischotteraktivität in einem (Teil-)Gebiet gesehen werden.

In den folgenden Abbildungen 19 bis 23 sind sowohl die Fundhäufigkeiten frischer Losungen als auch die alter Fischotterlosungen über alle Sammelperioden bzw. für jede Sammelperiode extra dargestellt (siehe Abbildungen A51 bis A110 im Anhang des Berichts).

Die Fundhäufigkeiten frischer und alter Losungen liefern bei allen Untersuchungsgebieten ein ähnliches Muster, dennoch ist beim Vergleich der Häufigkeiten der alten Losungen aus verschiedenen Sammelperioden Vorsicht geboten, da Niederschlag und geringfügig erhöhter Abfluss in der Zeit zwischen zwei Sammelperioden vorhandene Fischotterlosungen weggespült haben könnte. Außerdem war die Zugänglichkeit einzelner Kontrollpunkte aufgrund von Witterungsbedingungen (Schneelage) oder befristeten jagdlichen und forstlichen Sperrgebieten nicht zu jedem Zeitpunkt gegeben, wodurch eine Kontrolle auf Fischotterlosungen nicht stattfinden konnte (= gelbe Punkte in den Abbildungen A51 bis A110 im Anhang).

Beim Vergleich der Losungsfundhäufigkeiten innerhalb der Untersuchungsgebiete lässt sich folgendes feststellen: Es fällt auf, dass vor allem an den quellnahen Fließgewässerabschnitten relativ weniger Losungen und folglich Fischotteraktivität festgestellt wurde. Statistisch signifikant war dies für die Untersuchungsgebiete *Piesting Oberlauf*, *Feistritz* und *Große Ysper* (*Wilcoxon-Mann-Whitney Test: W=130, p=0,019; W=139, p=0,014; W=489,* $p=1{,}27 \times 10^{-5}$). Die Einteilung der Fließgewässerabschnitte orientierte sich vor allem an der Flussordnungszahl und den Flussregionen, sowie an fischunpassierbaren Querbauwerken.
Stark genutzt wurden außerdem Zubringer, wie etwa der Lackenbach im Untersuchungsgebiet *Ois*, der Molzbach an der *Feistritz*, oder Steinapiesting und Längapiesting im *Piesting Oberlauf*. Im Untersuchungsgebiet *Große Ysper* kann von einer starken Nutzung der nahe gelegenen und zahlreich vorhandenen Teiche durch Fischotter ausgegangen werden.

In einer Arbeit aus Großbritanien von Kruuk et al. (1993) wurde der Zusammenhang zwischen Nahrungsangebot und Nutzung einer Fließgewässerstrecke durch Fischotter untersucht. Die Nutzung einer Strecke wurde hier mittels Radiotelemetrie und Losungsfundhäufigkeiten ermittelt. Die Autoren stellten eine starke Korrelation zwischen der Nutzung eines Gewässerabschnittes durch Fischotter und der verfügbaren Fließgewässerfischbiomasse fest. Außerdem wurde ein negativer Zusammenhang zwischen Nutzung und Gewässerbreite festgestellt, was damit erklärt wird, dass die Salmonidenbiomasse bzw. Abundanz pro Hektar Gewässerfläche mit der Breite eines Flusses abnimmt (vgl. dazu auch Unfer, unpublizierte Daten). Auch Durbin (1996) stellte fest, dass Zubringerbäche häufiger besucht werden als der

Hauptfluss und diskutiert dies in Zusammenhang mit größerem Erfolg bei der Nahrungssuche an schmäleren Bächen als im tieferen, breiteren Hauptfluss.
Ob dieser Zusammenhang zwischen Fischotteranwesenheit und Nahrungsangebot bzw. Gewässerbreite auch für die in dieser Projektstudie untersuchten Fließgewässer(abschnitte) gültig ist, kann mit einer Gegenüberstellung der aktuell erhobenen Fischbestandsdaten geprüft werden.

Trotzdem sei vorweg darauf hingewiesen, dass das Absetzen der Losung zwar von der Anwesenheit von Fischottern zeugt, dies aber nicht unbedingt mit der Nahrungsaufnahme vor Ort gleichbedeutend sein muss. Das heißt, dass manche Gewässerabschnitte zwar wichtige Bereiche eines Fischotterreviers darstellen (z.B. Reviergrenzen, Revierüberlappungen potentieller Fortpflanzungspartner) und daher auch regelmäßig besucht und intensiv markiert werden, aber nicht unbedingt als bedeutende Jagdgebiete genutzt werden (Sales-Luis et al. 2009).

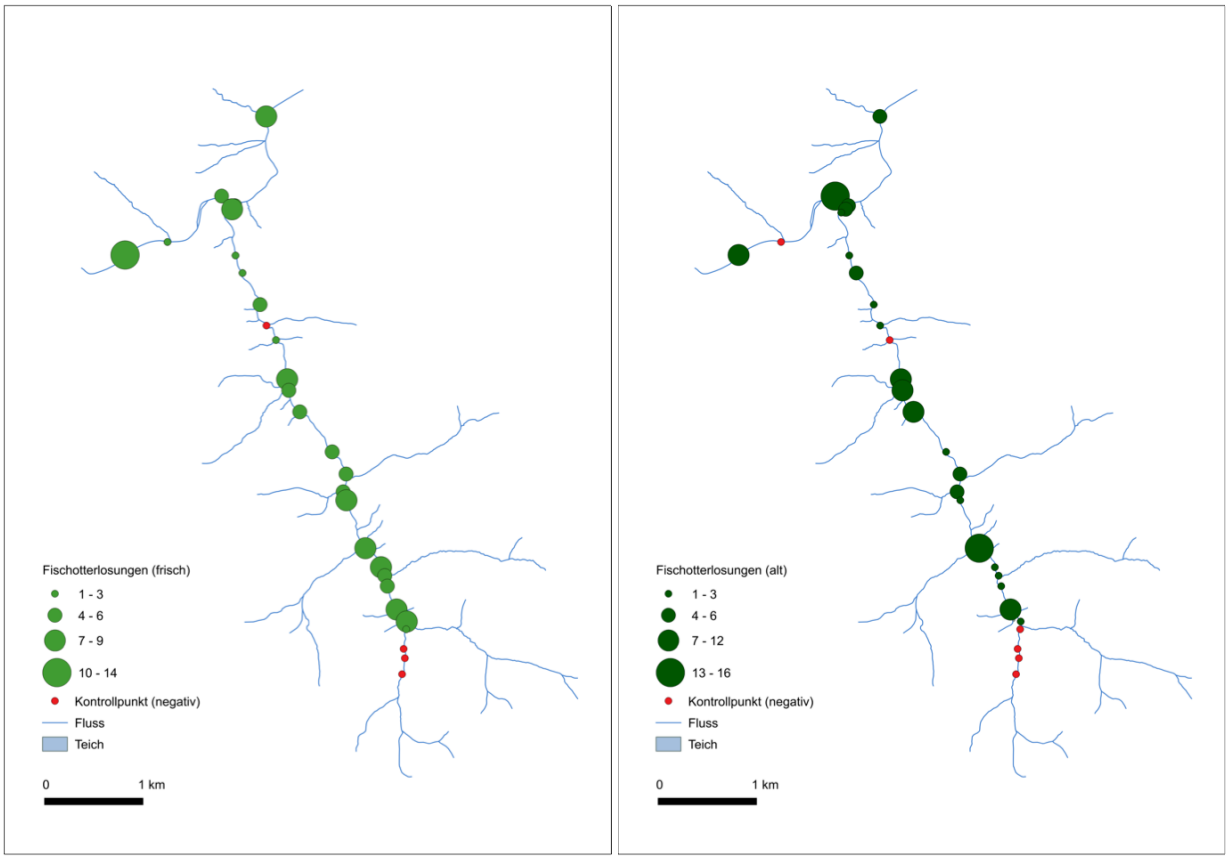


***Abb. 19**: **Loichbach** – Häufigkeiten und räumliche Verteilung frischer (hellgrün) und alter (dunkelgrün) Fischotterlosungen über den gesamten Untersuchungszeitraum (2014/2015).*

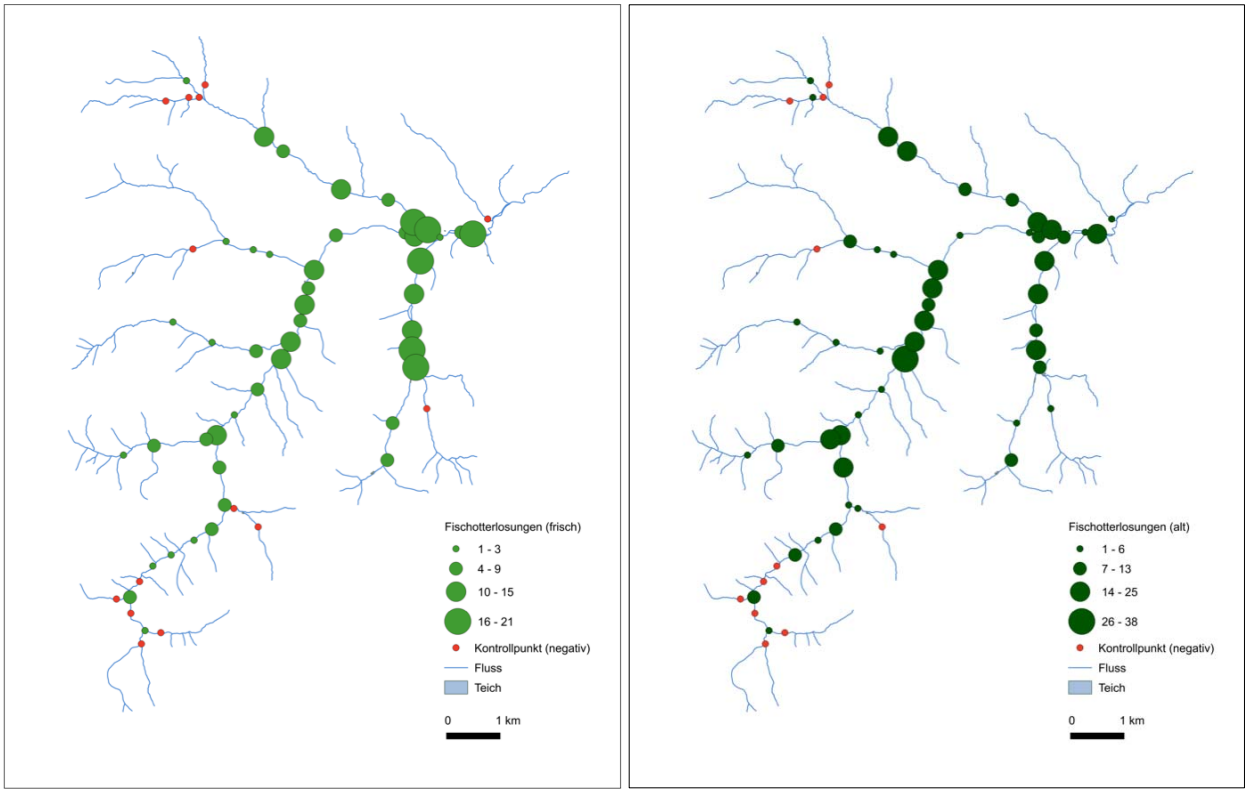


***Abb. 20: Piesting Oberlauf** – Häufigkeiten und räumliche Verteilung frischer (hellgrün) und alter (dunkelgrün) Fischotterlosungen über den gesamten Untersuchungszeitraum (2014/2015).*

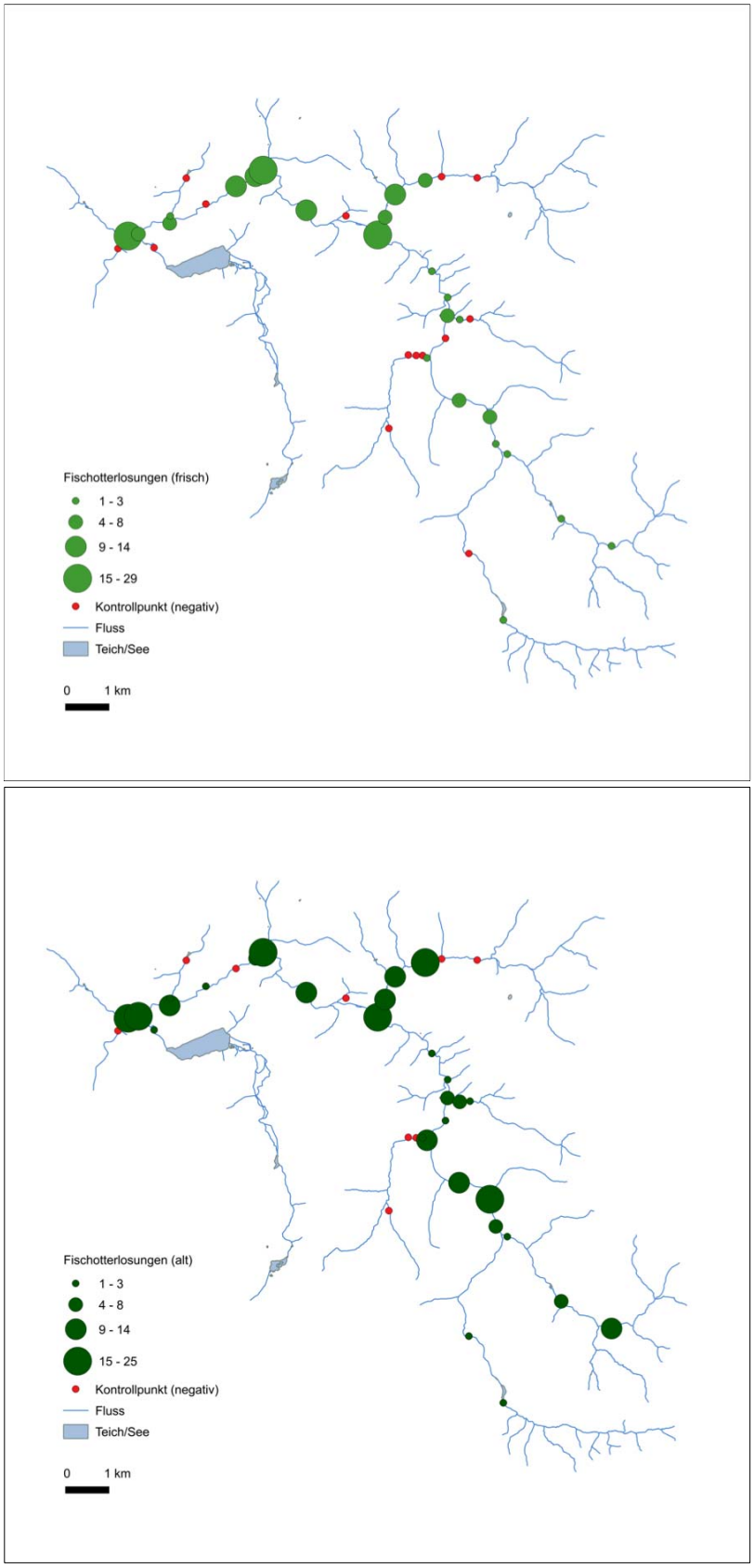
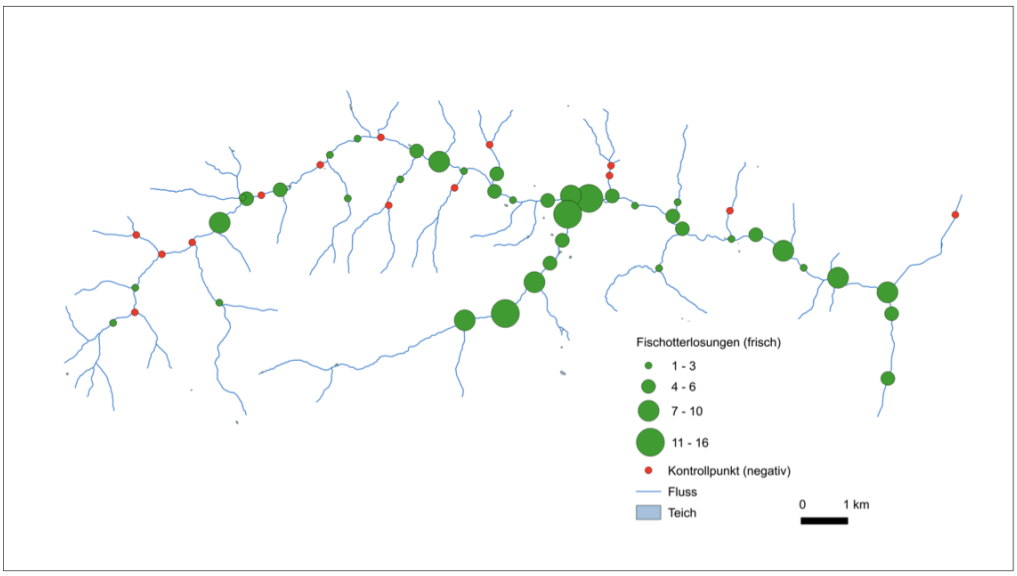


***Abb. 21**: **Ois** – Häufigkeiten und räumliche Verteilung frischer (hellgrün) und alter (dunkelgrün) Fischotterlosungen über den gesamten Untersuchungszeitraum (2014/2015).*



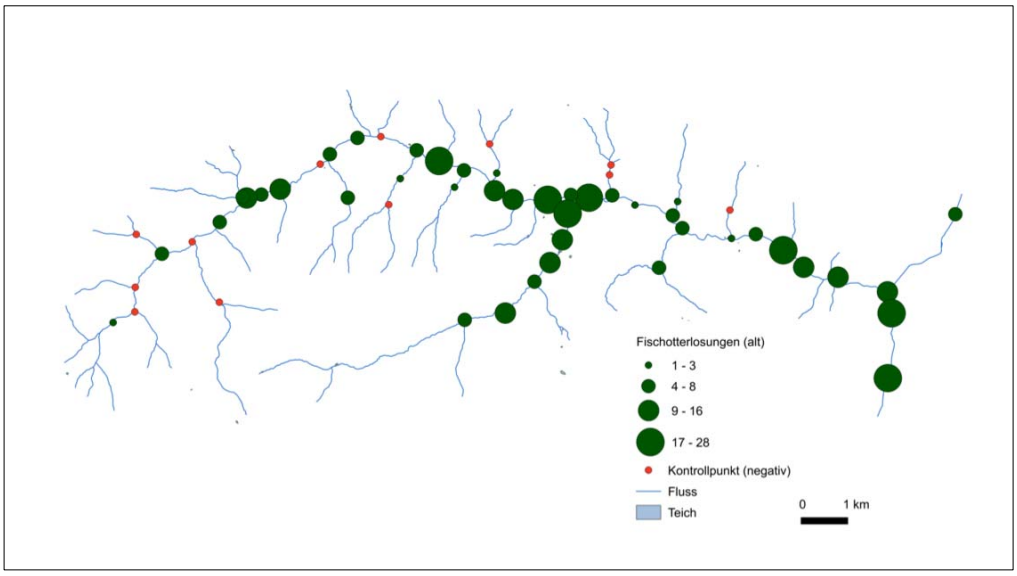
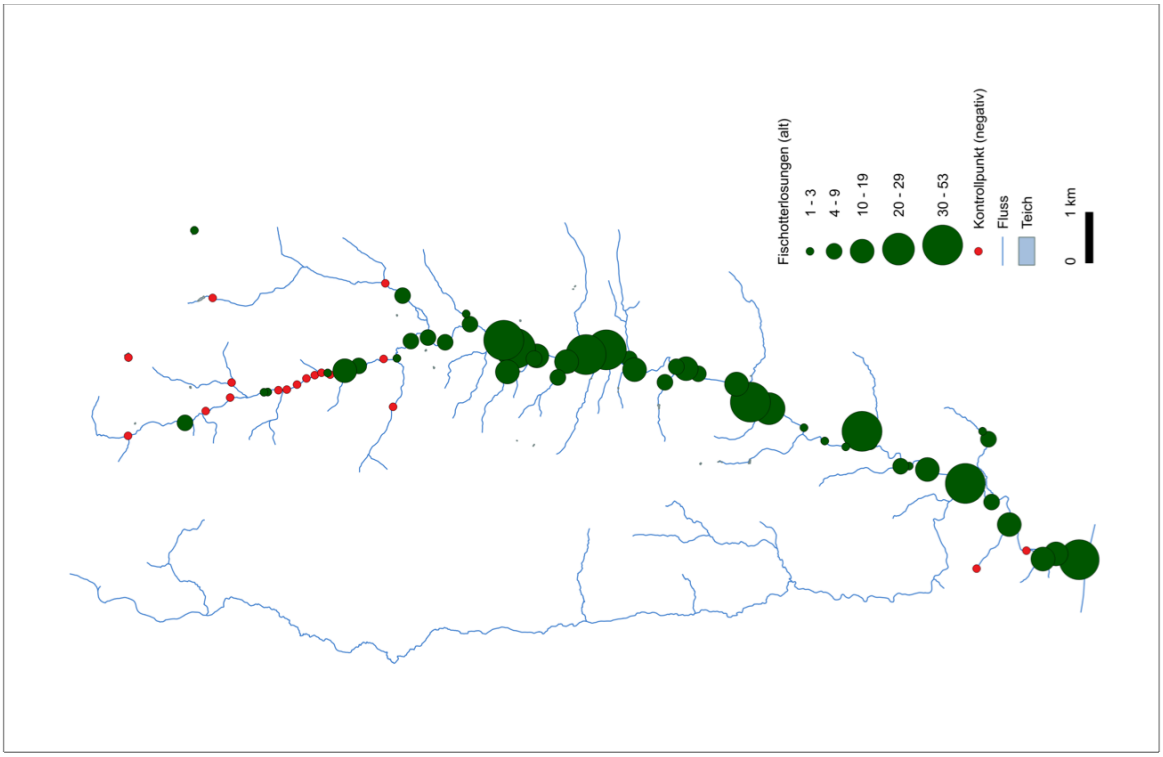


***Abb. 22**: **Feistritz** – Häufigkeiten und räumliche Verteilung frischer (hellgrün) und alter (dunkelgrün) Fischotterlosungen über den gesamten Untersuchungszeitraum (2014/2015).*



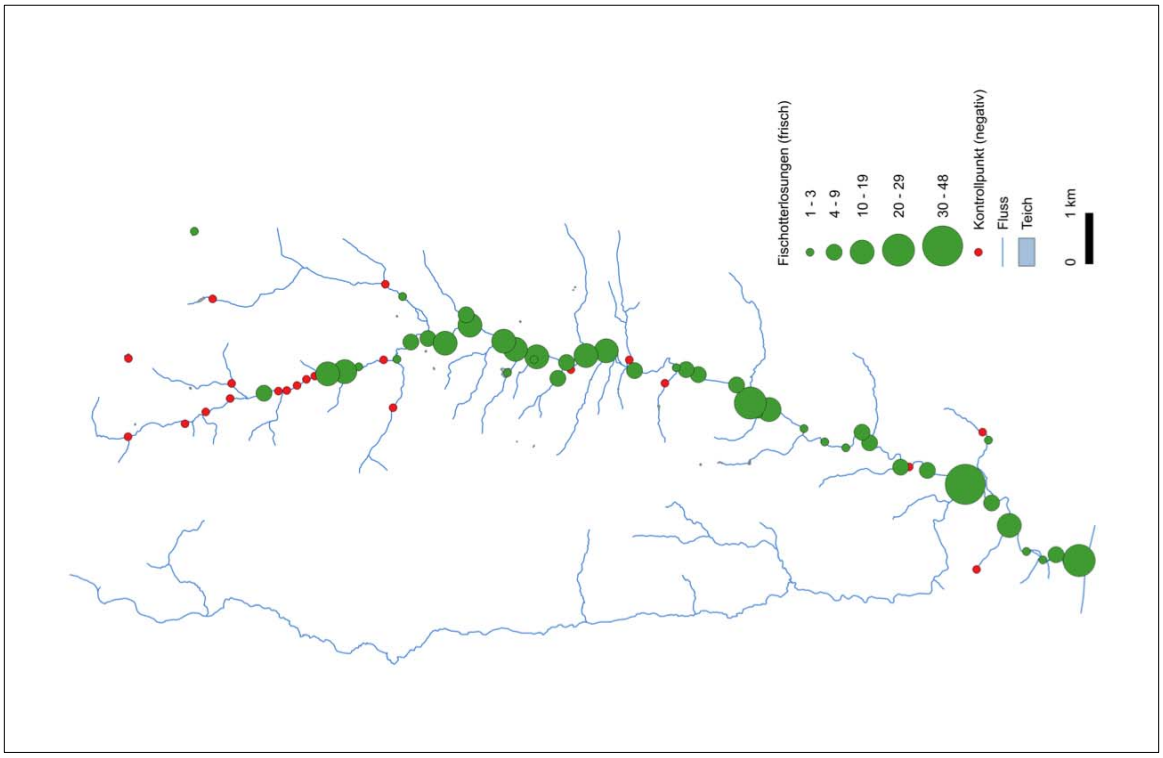


***Abb. 23**: **Große Ysper** – Häufigkeiten und räumliche Verteilung frischer (hellgrün) und alter (dunkelgrün) Fischotterlosungen über den gesamten Untersuchungszeitraum (2014/2015).*

5 ZUSAMMENFASSUNG & AUSBLICK

Ziel der vorliegenden Projektstudie war es, den Ist-Zustand der Fischotterbestände in fünf ausgewählten Untersuchungsgebieten in Niederösterreich (Pielachzubringer *Loichbach*, *Oberlauf der Piesting*, *Obere Ybbs*, *Feistritz* und *Große Ysper*) zu erheben, um damit eine Grundlage für weiterführende Fragestellungen und Diskussionen, die den Einfluss des Fischotters auf Salmonidenfischbestände in Fließgewässern behandeln, zu schaffen.

Diese Ist-Zustandserhebung beinhaltet eine möglichst exakte Erfassung der Größe und Zusammensetzung der Fischotterbestände in den Untersuchungsgebieten. Die Erhebungen wurden mittels nicht-invasiver genetischer Methoden, i.e. der systematischen Sammlung und genetischen Analyse von Fischotterlosungen, durchgeführt. Diese Methode erlaubt nicht nur Aussagen über die Anzahl an Fischotterindividuen in den jeweiligen Untersuchungsgebieten, sondern auch über deren Status (gebietsansässig, durchziehend) sowie deren räumliche und soziale Organisation. Weiters konnte anhand der genetischen Daten auf Verwandtschaftsverhältnisse zwischen den Individuen und damit auf aktive Familienverbände (führende Fähe mit Jungtier(en)) geschlossen werden.
Diese Informationen sind wesentlich für die Abschätzung des potentiellen Fraßdruckes auf Fischbestände durch den Fischotter, bei der eine Angabe von Fischotterzahlen alleine zu falschen bzw. unvollständigen Rückschlüssen führen würde.
Durchziehende Individuen können mitunter den Fraßdruck an einem Gewässer kurzzeitig erhöhen, es ist allerdings nur von einem sporadischen Auftreten von durchziehenden Tieren in den untersuchten Gebieten (und vergleichbaren Gewässer mit ähnlicher Fischotterdichte) auszugehen. Auch heranwachsende Jungtiere im aktiven Familienverband erhöhen zwar den Fraßdruck am Gewässer für die Dauer der Jungenaufzucht, Fischotterfähen bekommen jedoch nicht jedes Jahr Jungtiere bzw. sind nicht immer erfolgreich in der Jungenaufzucht (hohe Jungensterblichkeit).
Vor dem Hintergrund der Abschätzung des Einflusses des Fischotters auf Fischbestände im Jahresverlauf gilt es daher vor allem die gebietsansässigen Fischotter zu berücksichtigen – speziell jene, deren Revier zumindest zu großen Teilen durch das untersuchte Gebiet abgedeckt ist und daher von einer permanenten Nutzung des Gewässers für die Deckung des Nahrungsbedarfs ausgegangen werden kann (in vorliegender Projektstudie mit *R*** bezeichnet). Damit ist die Anzahl an etablierten und durchgehend besetzten Revieren die ausschlaggebende Kenngröße.

Anhand dieser Kenngrößen und Informationen zum Nahrungsbedarf des Fischotters lässt sich ein potentieller Fraßdruck ermitteln. Neben Fischen fressen Fischotter allerdings auch andere Beutetiere, wie Krebse, Amphibien, Reptilien, Wasservögel oder Kleinsäuger (Kruuk 2006). Die Nutzung der einzelnen Beutekategorien hängt stark vom Habitat, sowie vom Vorkommen und der Dichte der Beutetiergruppen ab (Clavero et al. 2003; Kruuk 2006; Krawczyk et al. 2015) und kann je nach Gebiet und Jahreszeit somit stark schwanken. So bieten z.B. Teiche in unmittelbarer Fließgewässernähe nicht nur zusätzliche Nahrung, sondern auch alternative Nahrung zu Forellenfischbeständen im Fließgewässer. Eine Studie von Kranz et al. (2003) an 5 Forellenbächen im Mühlviertel zeigte, dass Salmoniden über das Jahr gesehen 40 bis 77% der Nahrung des Fischotters ausmachten. Der Rest entfiel auf andere Fischarten wie z.B. Koppen und alternative Beutekategorien.
Weiterführende Fragestellungen hinsichtlich der Nahrungsökologie der Fischotter in den untersuchten Gebieten werden im Rahmen einer Masterarbeit an der Universität für Bodenkultur behandelt. Dabei soll anhand von Beutetierresten in den Fischotterlosungen auf das Nahrungsspektrum und die Nahrungswahl der Fischotter geschlossen werden und etwaige Unterschiede zwischen den Untersuchungsgebieten herausgerarbeitet werden.

Vorangehende Studien zeigen, dass die Nahrungsverfügbarkeit maßgeblich das Vorkommen und die Dichte von Fischottern steuert und somit Auswirkungen auf Reproduktionserfolg, Lebensraumkapazität und Sterblichkeit gegeben sind (Kruuk et al. 1993; Ruiz-Olmo et al. 2001b; Kruuk 2006; Lanszki et al. 2010; Ruiz-Olmo et al. 2011). Neben der Nahrungsverfügbarkeit sind Fischotter jedoch auch hinsichtlich räumlich-sozialer Restriktionen (Sozialsystem, Fortpflanzungsstrategien) in der Populationsdichte limitiert.
Inwiefern dieser positive Zusammenhang zwischen Nahrungsverfügbarkeit und Fischotterdichten bzw. der Anzahl an Jungtieren auch in den 5 untersuchten Gebieten gegeben ist, oder ob andere Faktoren (Sozialsystem etc.) überwiegen, kann in einem zweiten Schritt mit der Gegenüberstellung der im Jahr 2014/2015 erhobenen Fischbestandsdaten diskutiert werden.

Zusätzlich zur Erfassung der Fischotterindividuen konnte in der vorliegenden Studie anhand der Losungsfunddichten auf eine relative Nutzungshäufigkeit einer Gewässerstrecke geschlossen werden. Die Fischotteraktivität (gemessen an der

relativen Anzahl an Losungen) war in den meisten Untersuchungsgebieten in den quellnah gelegenen Abschnitten signifikant geringer als in den flussab gelegenen Strecken der untersuchten Fließgewässer. Relativ hohe Losungsfunddichten konnten an größeren Zubringerbächen festgestellt werden. In früheren Studien konnte ein positiver Zusammenhang zwischen der Nutzungshäufigkeit und dem Nahrungsangebot in Form von Fischbiomasse gezeigt werden. Ob dieser Zusammenhang auch für die in dieser Projektstudie untersuchten Fließgewässer(abschnitte) gültig ist, kann mit einer Gegenüberstellung der aktuell erhobenen Fischbestandsdaten geprüft werden.

Gemeinsam mit den Ergebnissen aus den Fischbestandserhebungen (Projekt am Institut für Hydrobiologie und Gewässermanagement, Universität für Bodenkultur Wien) sollen die Resultate der vorliegenden Projektstudie die bestehenden Datengrundlage zum Fischotter in Niederösterreich und zur Entwicklung der Salmonidenfischbestände bestmöglich ergänzen, um so die Diskussion rund um Managementoptionen auf gewässer-, fisch- und wildtierökologischer aber auch fischereiwirtschaftlicher Ebene in dieser Konfliktsituation zu unterstützen.

6 LITERATUR

Armstrong, J. D.; Kemp, P. S.; Kennedy, G. J. A.; Ladle, M.; Milner, N. J. (2003): Habitat requirements of Atlantic salmon and brown trout in rivers and streams. Fisheries Research 62, 143-170.

Arrendal, J.; Vilà, C.; Björklund, M. (2007): Reliability of noninvasive genetic census of otters compared to field censuses. Conservation Genetics 8, 1097-1107.

Bayerl, H.; Friedrich, M.; Ludt, C.; Hahn, N.; Chlebda, N.; Beck, R.; Schreiber, R.; Kühn, R. (2008): Wildtier und Mensch im Dreiländereck Bayern – Tschechien – Österreich am Beispiel des Fischotters. Projektbericht, Freising.

Beja-Pereira, A.; Oliveira, R.; Alves, P.; Schwartz, M.; Luikart, G. (2009): Advancing ecological understandings through technological transformations in noninvasive genetics. Molecular Ecology Resources 9, 1279-1301.

Blouin, M. S. (2003): DNA-based methods for pedigree reconstruction and kinship analysis in natural populations. Trends in Ecology and Evolution 18(10), 503-511.

Bonesi, L.; Hale, M.; MacDonald, D. W. (2013): Lessons from the use of non-invasive genetic sampling as a way to estimate Eurasian otter population size and sex ratio. Acta Theriologica 58, 157-168.

Chanin, P. (2003): Ecology of the European Otter. Conserving Natura 2000 Rivers Ecology Series No. 10. English Nature, Peterborough.

Clavero, M.; Prenda, J.; Delibes, M. (2003): Trophic diversity of the otter (*Lutra lutra* L.) in temperate and Mediterranean freshwater habitats. Journal of Biogeography 30, 761-769.

Coxon, K.; Chanin, P.; Dallas, J.; Sykes, T. (1999): The use of DNA fingerprinting to study the population dynamics of otters (*Lutra lutra*) in Southern Britain: a feasibility study. Research and Development. Technical Report W202.

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

Dallas, J. F.; Carss, D. N.; Marshall, F.; Koepfli, K. P.; Kruuk, H.; Piertney, S. B.; Bacon, P. J. (2000): Sex identification of the Eurasian otter *Lutra lutra* by PCR typing of spraints. Conservation Genetics 1, 181-183.

Dallas, J. F.; Coxon, K. E.; Sykes, T.; Chanin, P. R. F.; Marhall, F.; Carss, D. N.; Bacon, P. J.; Piertney, S. B.; Racey, P. A. (2003): Similar estimates of population genetic composition and sex ratio derived from carcasses and faeces of Eurasian otter (*Lutra lutra*). Molecular Ecology 12, 275-282.

Durbin, L. S. (1996): Individual differences in spatial utilization of a river-system by otters *Lutra lutra*. Acta Theriologica 41(2), 137-147.

Elbroch, L. M.; Lendrum, P.; Quigley, H.; Caragiulo, A. (2015): Spatial overlap in a solitary carnivore: support for the land-tenure, kinship, or resource dispersion hypotheses? Journal of Animal Ecology, DOI: 10.1111/1365-2656.12447.

Erlinge, S. (1967): Home range oft he otter *Lutra lutra* in Southern Sweden. Oikos 18, 186-209.

Erlinge, S. (1968): Territoriality oft he otter *Lutra lutra* L. Oikos 19, 81-98.

Ferrando, A.; Lecis, R.; Domingo-Roura, X.; Ponsà, M. (2008): Genetic diversity and individual identification of reintroduced otters (*Lutra lutra*) in north-eastern Spain by DNA genotyping of spraints. Conservation Genetics 9, 129-139.

Frankham, R.; Ballou, J. D.; Briscoe, D. A. (2010): Introduction to conservation genetics. Cambridge University Press, Cambridge.

García, P.; Arévalo, V.; Mateos, I. (2009): Using sightings for estimating population density of Eurasian otter (*Lutra lutra*): A preliminary approach with Rowcliffe et al.´s model. IUCN Otter Specialist Group Bulletin 26(1), 50-59.

Georgiev, D. G. (2007): Study on the home range of the resident female otter (*Lutra lutra*), (Carnivora, Mammalia) in South-East Bulgaria. Acta Zoologica Bulgarica 59(2), 165-172.

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.; Hàjek, B. (2009): An evaluation of field and noninvasive genetic methods for estimating Eurasian otter population size. Conservation Genetics 10, 1667-1681.

Hájková, P.; Zemanová, B.; Roche, K.; Hájek, B. (2011): Conservation genetics and non-invasive genetic sampling of Eurasian otters (*Lutra lutra*) in the Czech and Slovak Republics. IUCN Otter Specialist Group Bulletin 28(A), 127-138.

Hedmark, E.; Flagstad, O.; Segerström, P.; Persson, J.; Landa, A.; Ellegren, H. (2004): DNA-based individual and sex identification from wolverine (*Gulo gulo*) faeces and urine. Conservation Genetics 5, 405-410.

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.

Illies, J. (2005): Versuch einer biozönotischen Gliederung der Fließgewässer. Internationale Revue der gesamten Hydrobiologie und Hydrographie 46(2), 205-213.

Jahrl, J. (1999): Verbreitung des Eurasischen Fischotters (*Lutra lutra*) in Österreich, 1990-1998 (*Mammalia*). Joannea Zool. 1, 5-12.

Jansman, J.; Chanin, P. R. F.; Dallas, J. F. (2001): Monitoring otter populations by DNA typing of spraints. IUCN Otter Specialist Group Bulletin 18 (1), 12-19.

Janssens, X.; Fontaine, M. C.; Michaux, J. R.; Libois, R.; de Kermabon, J.; Defourny, P.; Baret, P. V. (2008): Genetic pattern of the recent recovery of European otters in southern France. Ecography 31, 176-186.

Jones, A. G.; Small, C. M.; Paczolt, K. A.; Ratterman, N. L. (2010): A practical guide to methods of parentage analysis. Molecular Ecology Resources 10, 6-30.

Kalinowski, S. T.; Wagner, A. P.; Taper, M. L. (2006): ML-RELATE: a computer program for maximum likelihood estimation of relatedness and relationship. Molecular Ecology Notes 6, 576-579.

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

Klemetsen, A.; Amundsen, P.-A.; Dempson, J. B.; Jonsson, B.; Jonsson, N.; O´Connell, M. F.; Mortensen, E. (2003): Atlantic salmon *Salmo salar* L., brown trout *Salmo trutta* L. and Arctic charr *Salvelinus alpinus* (L.): a review of aspects of their life histories. Ecology of Freshwater Fish 12, 1–59.

Koelewijn, H. P.; Pérez-Haro, M.; Jansman, H. A. H.; Boerwinkel, M. C.; Bovenschen, J.; Lammertsma, D. R.; Niewold, F. J. J.; Kuites, A. T. (2010): The reintroduction of the Eurasian otter (*Lutra lutra*) into the Netherlands: hidden life revealed by noninvasive genetic monitoring. Conservation Genetics 11, 601-614.

Kranz, A. (1990): Die Losung des Fischotters und ihr Aussagewert bei Untersuchungen im Freiland – eine methodenkritische Studie am Kamp (NÖ). Diplomarbeit, Universität für Bodenkultur Wien.

Kranz, A. (1995): Verbreitung der bayerisch-böhmisch-österreichischen Otterpopulation (*Lutra lutra*) 1994 in Österreich. BOKU-Berichte zur Wildtierforschung und Wildbewirtschaftung, Band 9.

Kranz, A. (2000): Zur Situation des Fischotters in Österreich. Verbreitung-Lebensraum-Schutz. Berichte BE-177. Umweltbundesamt, Wien.

Kranz, A.; Poledník, L.; Pinter, V.; Parz-Gollner, R. (2001): Distribution, status and conservation of otters in Lower Austria. Wissenschaftliche Mitteilungen Niederösterreichisches Landesmuseum St. Pölten 14, 39-50.

Kranz, A.; Poledník, L.; Poledniková, K. (2003): Fischotter im Mühlviertel: Ökologie und Management Optionen im Zusammenhang mit Reduktionsanträgen. Gutachten im Auftrag des Oberösterreichischen Landesjagdverbandes.

Kranz, A.; Poledník, L. (2009): Fischotter – Verbreitung und Erhaltungszustand 2008 in Niederösterreich. Endbericht im Auftrag der Abteilung Naturschutz des Amtes der Niederösterreichischen Landesregierung.

Kranz, A.; Poledník, L.; Pavanello, M.; Kranz, I. (2013): Fischotterbestand in der Steiermark – Spurenschneekartierungen 2010-2013. Endbericht im Auftrag der Abteilungen 10 (Umwelt und Raumordnung) und 13 (Land- und Forstwirtschaft) des Amtes der Steiermärkischen Landesregierung.

Krawczyk, A. J.; Bogdziewicz, M.; Majkowska, K.; Glazaczow, A. (2015): Diet composition of the Eurasian otter *Lutra lutra* in different freshwater habitats of temperate Europe: a review and meta-analysis. Mammal Review, DOI: 10.1111/mam.12054.

Kruckenhauser, L.; Rauer, G.; Däubl, B.; Haring, E. (2009): Genetic monitoring of a founder population of brown bears (*Ursus arctos*) in Central Austria. Conservation Genetics 10, 1223-1233.

Kruckenhauser, L.; Däubl, B.; Haring, E. (2014): Genetisches Monitoring der Braunbären in Österreich anhand von nicht invasiven Proben. Abschlussbericht Projektjahr 2014, Wien.

Kruuk, H. (2006): Otters: ecology behaviour and conservation. Oxford University Press, Oxford.

Kruuk, H.; Conroy, J.; Glimmerveen, U.; Ouwerkerk, E. J. 1986: The use of spraints to survey populations of otters *Lutra lutra*. Biological Conservation 35(2), 187-194.

Kruuk, H.; Conroy, J. W. H. (1991): Mortality of otters (*Lutra lutra*) in Shetland. Journal of Applied Ecology 28, 83-94.

Kruuk, H.; Carss, D. N.; Conroy, J. W. H.; Durbin, L. (1993): Otter (*Lutra lutra* L.) numbers and fish productivity in rivers in north-east Scotland. Symposium of the Zoological Society of London 65, 171-191.

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

Lampa, S.; Henle, K.; Klenke, R.; Hoehn, M.; Gruber, B. (2013): How to overcome genotyping errors in non-invasive genetic mark-recapture population size estimation – a review of available methods illustrated by a case study. The Journal of Wildlife Management 77(8), 1490-1511.

Lampa, S.; Mihoub, J.-B.; Gruber, B.; Klenke, R.; Henle, K. (2015): Non-invasive genetic mark-recapture as a means to study population sizes and marking behaviour of the elusive Eurasian otter (*Lutra lutra*). PLoS ONE 10(5), e0125684.

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, T.; Lehoczky, I.; Jeney, Z.; Weiss, S. (2010): Genetic structure of otter (*Lutra lutra*) populations from two fishpond systems in Hungary. Mammalian Biology, 75, 447-450.

Lerone, L.; Mengoni, C.; Carpaneto, G. M.; Randi, E.; Loy, A. (2014): Procedures to genotype problematic non-invasive otter (*Lutra lutra*) samples. Acta Theriologica 59, 511-520.

Mason, C.F.; MacDonald, S.M. (1986): Otters: ecology and conservation. Cambridge University Press, Cambridge.

Navidi, W.; Arnheim, N.; Waterman, M. S. (1992): A multiple-tube approach for accurate genotyping of very small DNA samples by using PCR: statistical considerations. American Journal of Human Genetics 50, 347-359.

Ó Néill, L.; Veldhuizen, T.; De Jongh, A.; Rochford, J. (2009): Ranging behaviour and socio-biology of Eurasian otters (*Lutra lutra*) on lowland mesotrophic river systems. European Journal of Wildlife Research 55, 363-370.

Peakall, R.; Smouse, P. E. (2006): GENALEX 6: genetic analysis in excel. Population genetic software for teaching and research. Molecular Ecology Notes 6, 288-295.

Peakall, R.; Smouse, P. E. (2012): GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update. Bioinformatics 28, 2537-2539.

Poledník, L. (2005): Otters (*Lutra lutra*) and fishponds in the Czech Republic: interactions and consequences. PhD thesis, Palacky University Olomouc.

Powell, R. A. (1979): Mustelid spacing patterns: variations on a theme by Mustela. Zeitschrift für Tierpsychologie 50, 153-165.

Prigioni, C.; Remonti, L.; Balestrieri, A.; Sgrosso, S.; Priore, G.; Mucci, N.; Randi, E. (2006): Estimation of European otter (*Lutra lutra*) population size by fecal DNA typing in Southern Italy. Journal of Mammalogy 87(5), 855-858.

Quaglietta L. (2011): Ecology and behaviour of the Eurasian otter (*Lutra lutra*) in a Mediterranean area (Alentejo, Portugal). PhD thesis, University of Roma „La Sapienza“, Rome.

Quaglietta, L.; Fonseca, V. C.; Hájoková, P.; Mira, A.; Boitani, L. (2013): Fine-scale population genetic structure and short-range sex-biased dispersal in a solitary carnivore, *Lutra lutra*. Journal of Mammalogy 94(3), 561-571.

Quaglietta, L.; Fonseca, V. C.; Mira, A.; Boitani, L. (2014): Sociospatial organization of a solitary carnivore, the Eurasian otter (*Lutra lutra*). Journal of Mammalogy 95(1), 140-150.

Remonti, L.; Balestrieri, A.; Smiroldo, G.; Prigioni, C. (2011): Scent marking of key food sources in the Eurasian otter. Annales Zoologici Fennici 48, 287-294.

Ring, I.; Henle, K.; Klenke, R.; Neßhöver, C.; Arnold, T. (2008): What to do when nature conservation is successful and humans face competition again? Journal of International Wildlife Law & Policy 11, 207-210.

Ruiz-Olmo, J.; Saavedra, D.; Jiménez, J. (2001a): Testing the surveys and visual and track censuses of Eurasian otters (*Lutra lutra*). Journal of Zoology 253, 359-369.

Ruiz-Olmo, J.; López-Martín, J. M.; Palazón, S. (2001b): The influence of fish abundance on the otter (*Lutra lutra*) populations in Iberian Mediterranean habitats. Journal of Zoology 254, 325-336.

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

Sackl, P.; Ilzer, W.; Kolmanitsch, E. (1996): Historische und aktuelle Verbreitung des Fischotters (*Lutra lutra*) in der Steiermark. Ergebnisse der steirischen Fischotterkartierung 1993-1994. Forschungsbericht Fischotter 3. Forschungsinstitut WWF Österreich 14, 4-25.

Sales-Luis, T.; Freitas, D.; Santos-Reis, M. (2009): Key landscape factors for Eurasian otter *Lutra lutra* visiting rates and fish loss in estuarine fish farms. European Journal of Wildlife Research 55, 345-355.

Schwartz, M. K.; Luikart, G.; Waples, R. S. (2007): Genetic monitoring as a promising tool for conservation and management. Trends in Ecology and Evolution 22, 25-33.

Sittenthaler, M.; Bayerl, H.; Unfer, G.; Kuehn, R.; Parz-Gollner, R. (2015a): Impact of fish stocking on Eurasian otter (*Lutra lutra*) densities: A case study on two salmonid streams. Mammalian Biology 80, 106-113.

Sittenthaler, M.; Bodner, M.; Parz-Gollner, R.; Gratzl, G.; Haring, E.; Bauer, C. (2015b): Fischteichmanagement und Fischotter – Fallstudie Teichgebiet Romaubach im Waldviertel NÖ. Abschlussbericht, Wien.

Sulkava, R. (2007): Snow tracking: a relevant method for estimating otter Lutra lutra populations. Wildlife Biology 13, 208-218.

Taberlet, P.; Griffin, S.; Goossens, B.; Questiau, S.; Manceau, V.; Escaravage, N.; Waits, L. P.; Bouvet, J. (1996): Reliable genotyping of samples with very low DNA quantities using PCR. Nucleic Acids Research 26, 3189-3194.

Taberlet, P.; Luikart, G. (1999): Non-invasive genetic sampling and individual identification. Biological Journal oft he Linnean Society 68, 41-55.

Taberlet, P.; Waits, L.; Luikart, G. (1999): Noninvasive genetic sampling: look before you leap. Trends in Ecology and Evolution 14, 323-327.

Tautz, D. (1989): Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. Nucleic Acids Resources 17, 6463-6471.

Waits, L. P.; Luikart, G.; Taberlet, P. (2001): Estimating the probability of identity among genotypes in natural populations: cautions and guidelines. Molecular Ecology 10, 249-256.

Vergara, M.; Ruiz-González, A.; López de Luzuriaga, J.; Gómez-Moliner, B. J. (2014): Individual identification and distribution assessment of otters (*Lutra lutra*) through non-invasive genetic sampling: Recovery of an endangered species in the Basque Country (Northern Spain). Mammalian Biology 79, 259-267.

7 ANHANG

<u>Abbildungen A1-A5</u>: Loichbach – Nachweispunkte und Nachweishäufigkeiten der Fischotterindividuen L1-L5 über alle Sammelperioden (2014/2015)

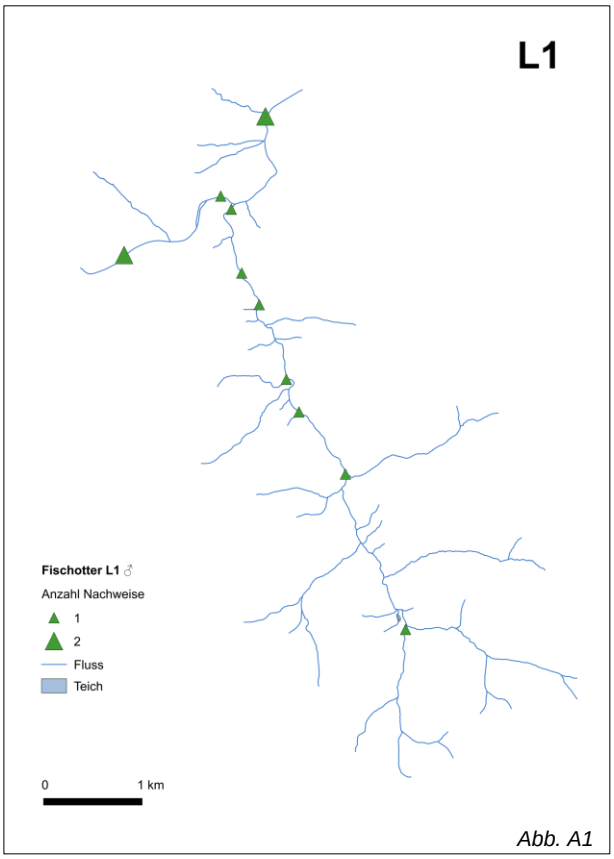


Abb. A1

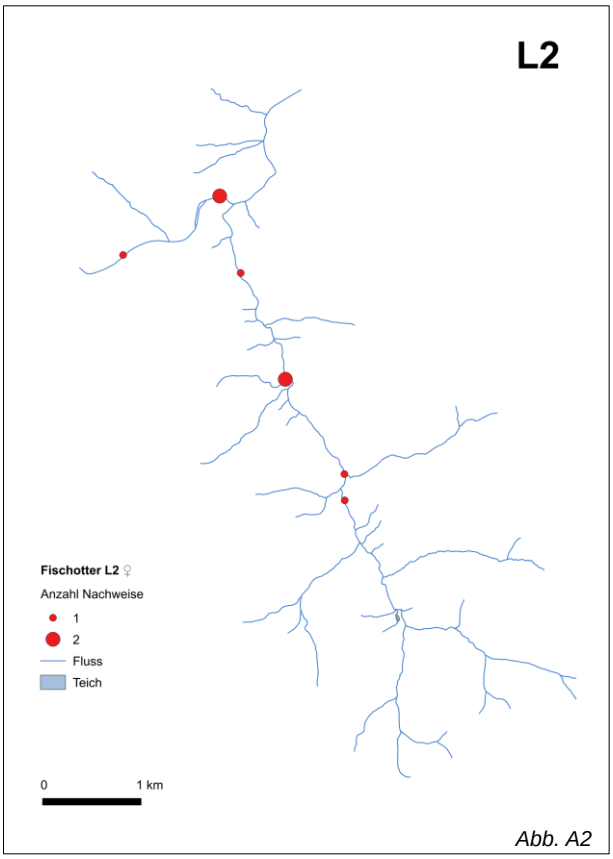


Abb. A2

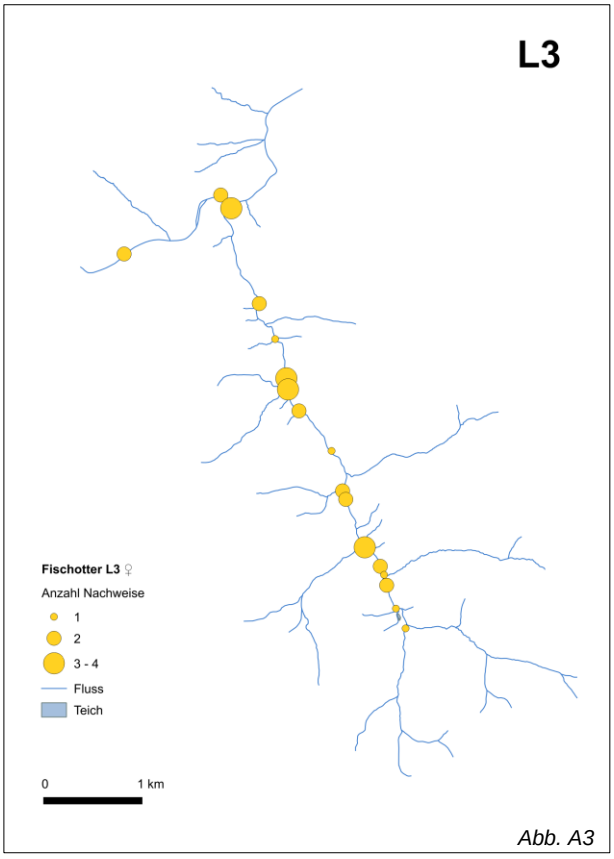


Abb. A3

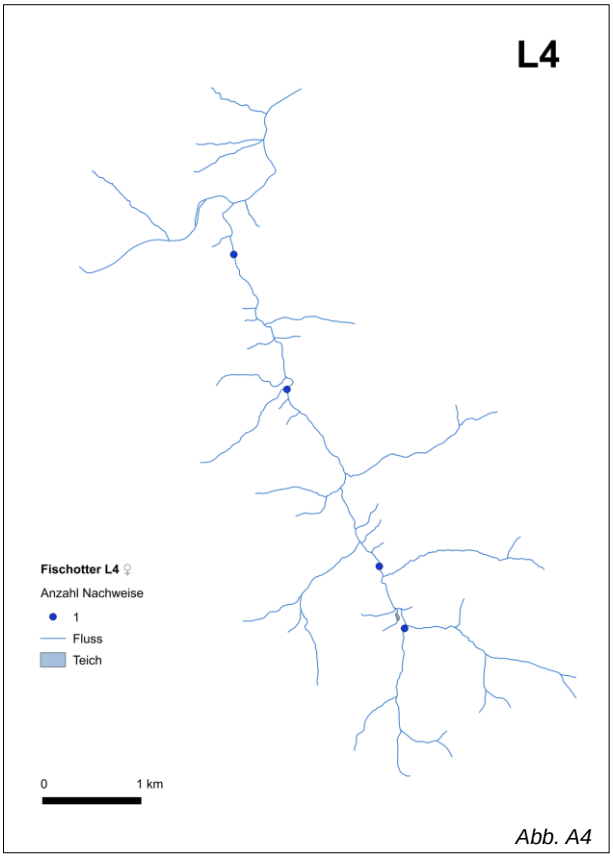


Abb. A4

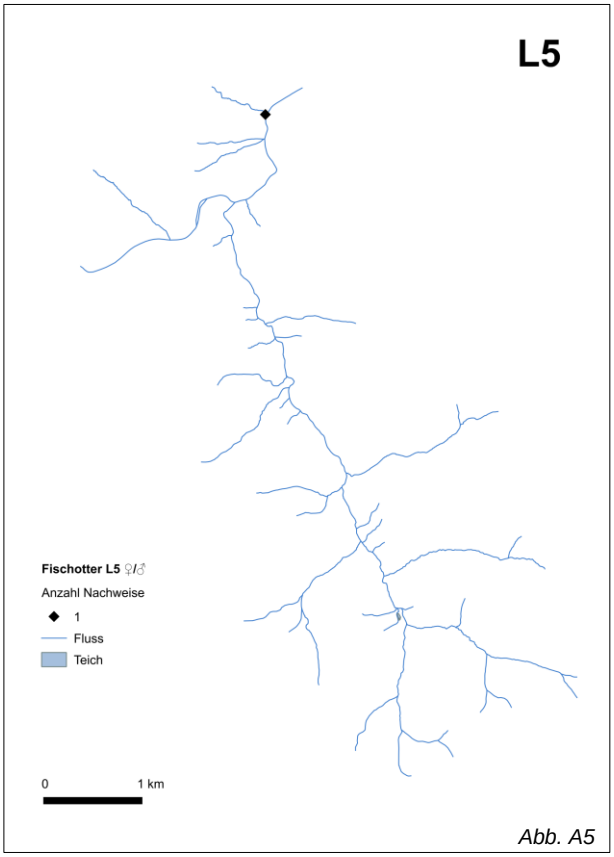


Abb. A5

<u>Abbildungen A6-A12</u>: Piesting Oberlauf – Nachweispunkte und Nachweishäufigkeiten der Fischotterindividuen P1-P8 über alle Sammelperioden (2014/2015)

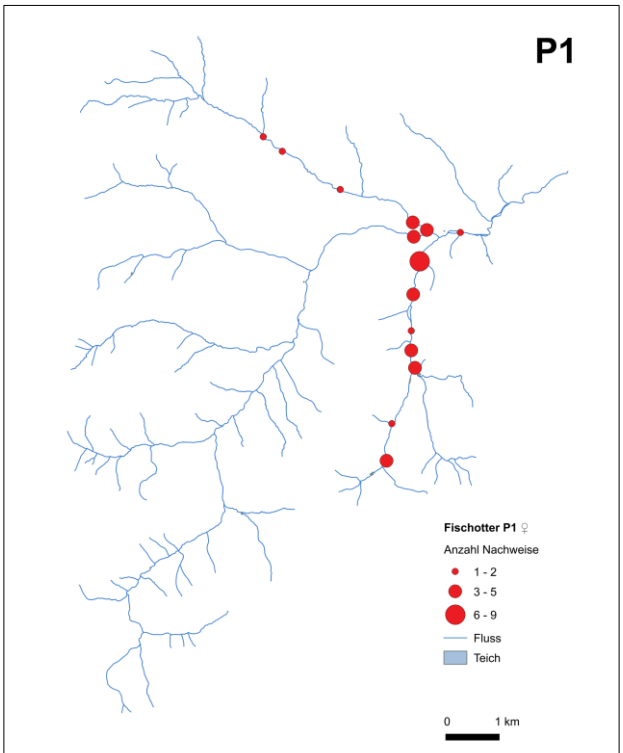


Abb. A6

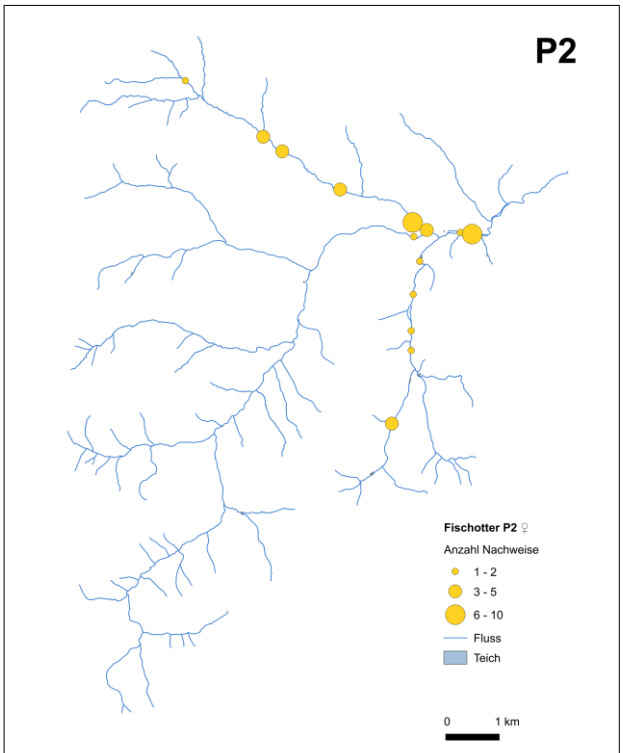


Abb. A7

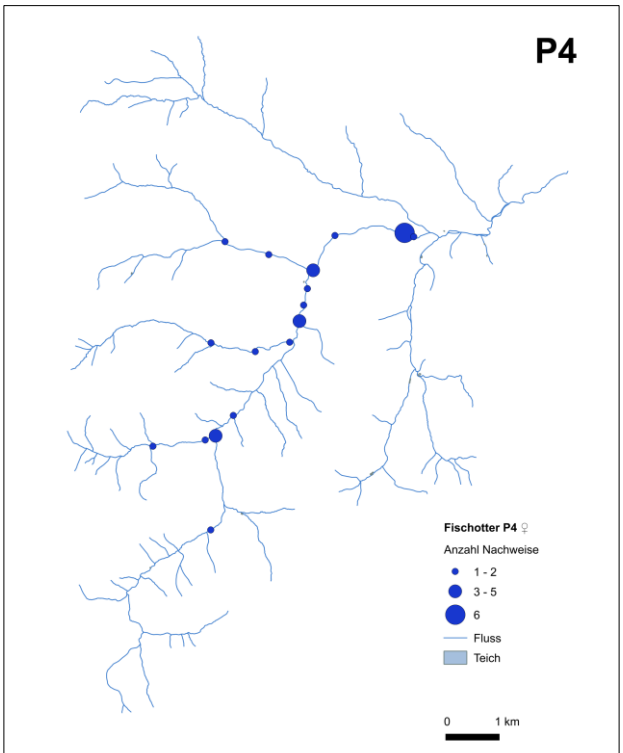


Abb. A8

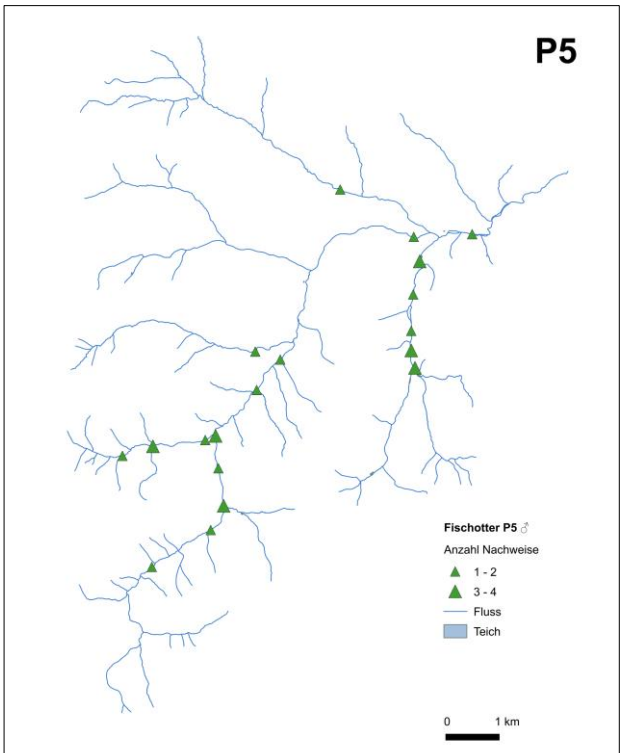


Abb. A9

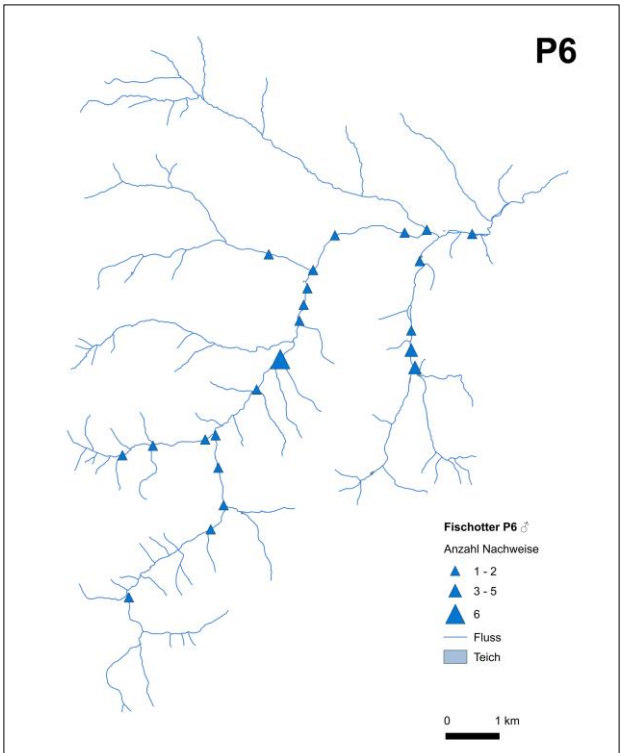


Abb. A10

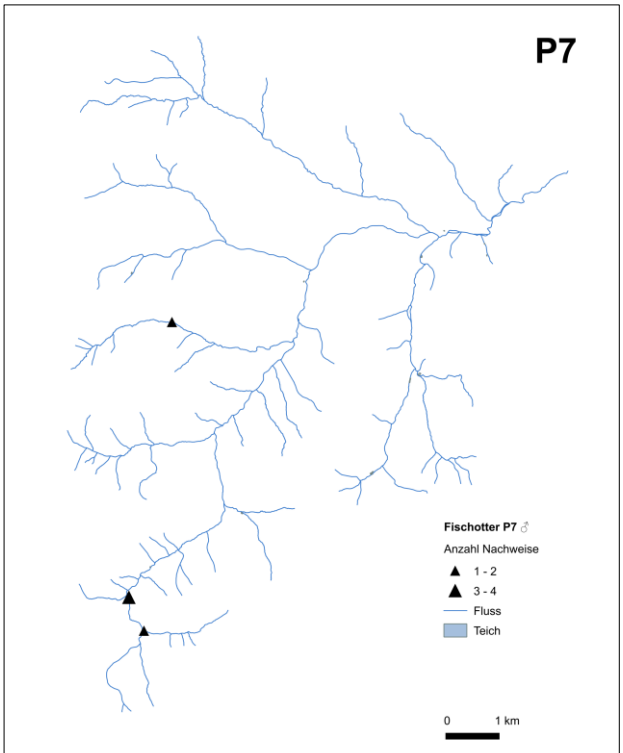


Abb. A11

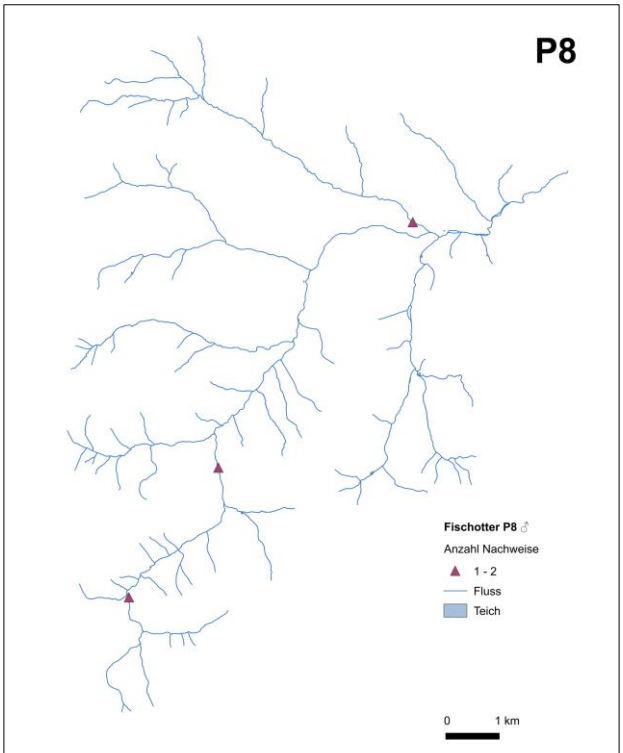


Abb. A12

<u>Abbildungen A13-A22</u>: Ois (Obere Ybbs) – Nachweispunkte und Nachweishäufigkeiten der Fischotterindividuen O1-O10 über alle Sammelperioden (2014/2015)

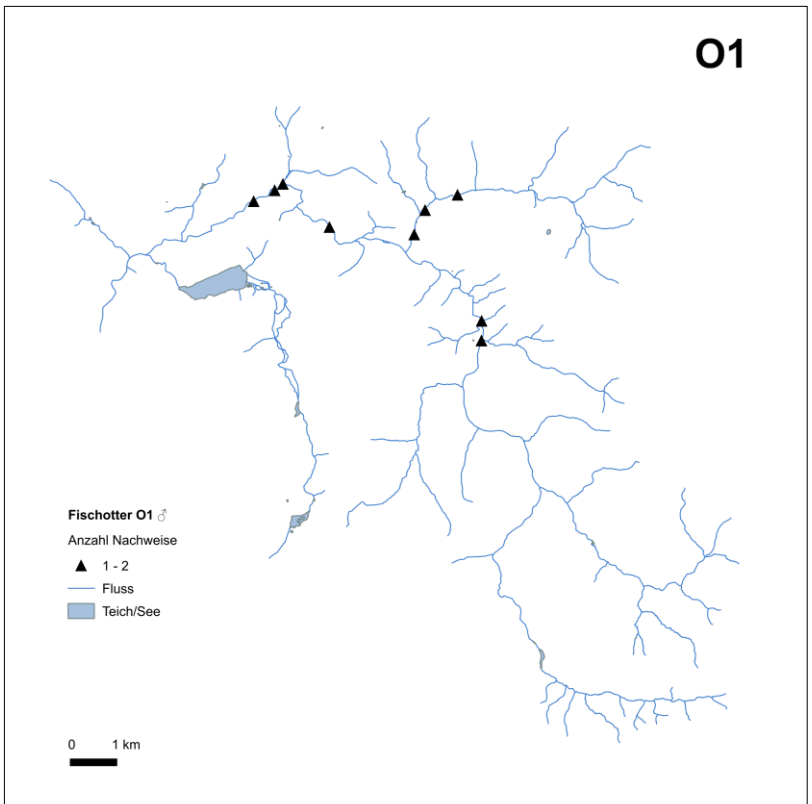


Abb. A13

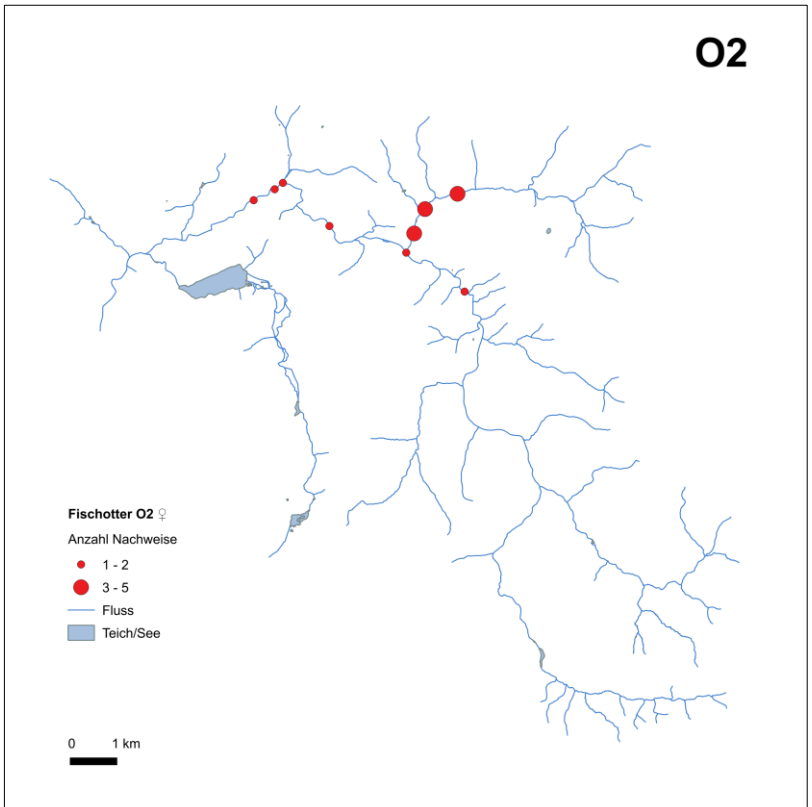


Abb. A14

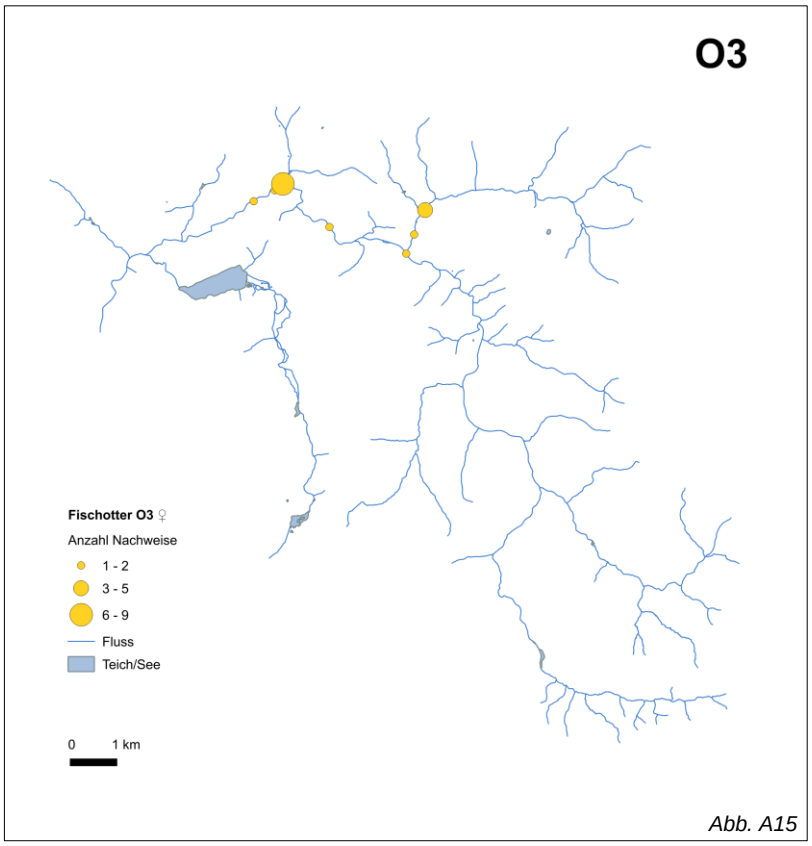


Abb. A15

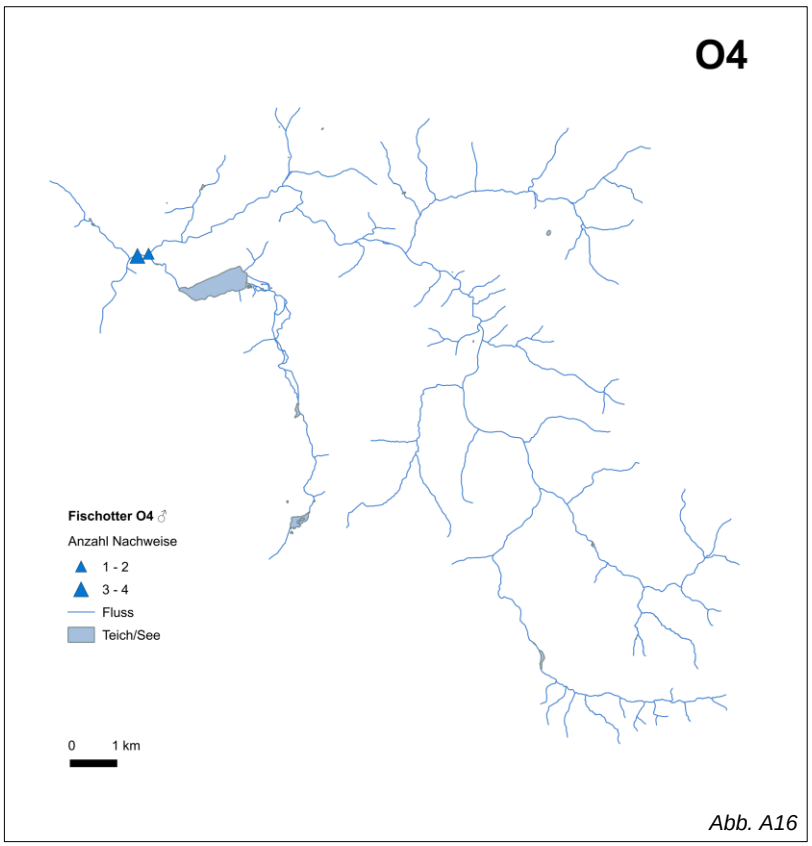


Abb. A16

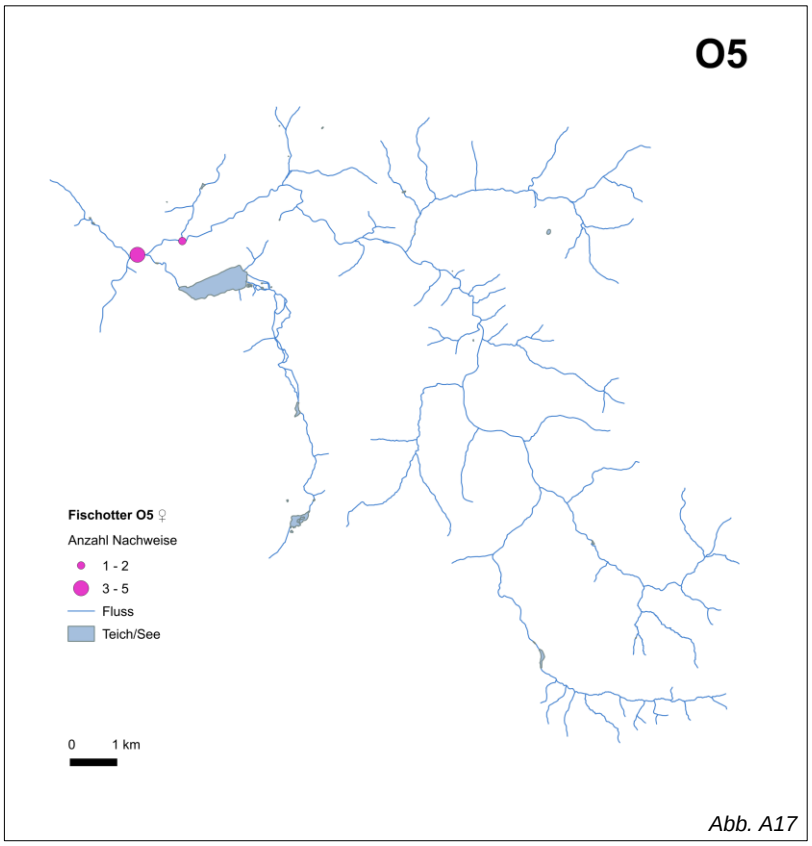


Abb. A17

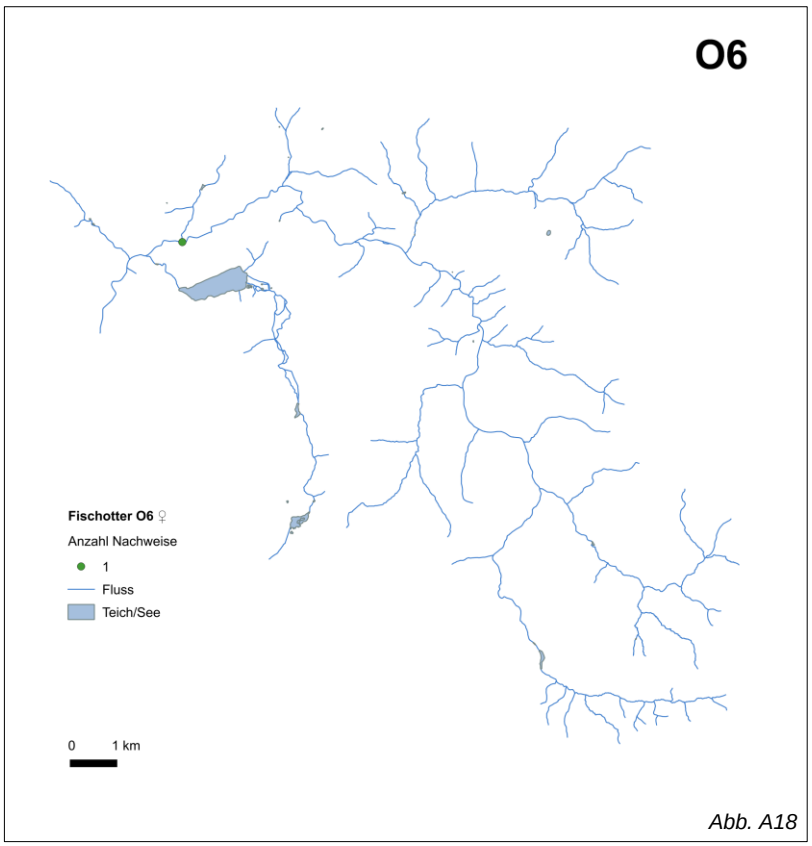


Abb. A18

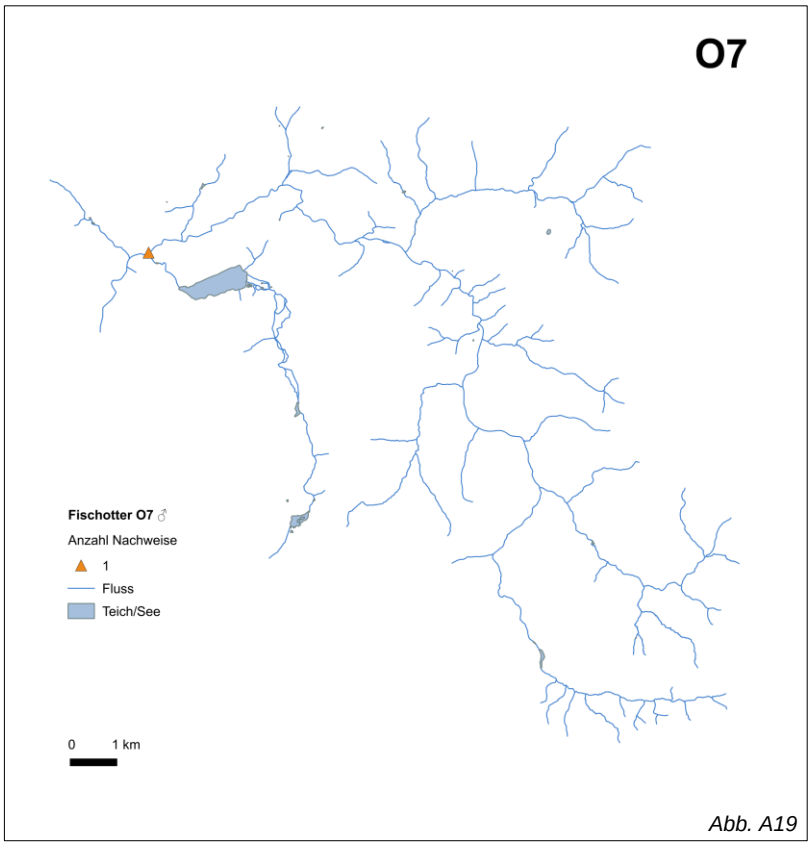


Abb. A19

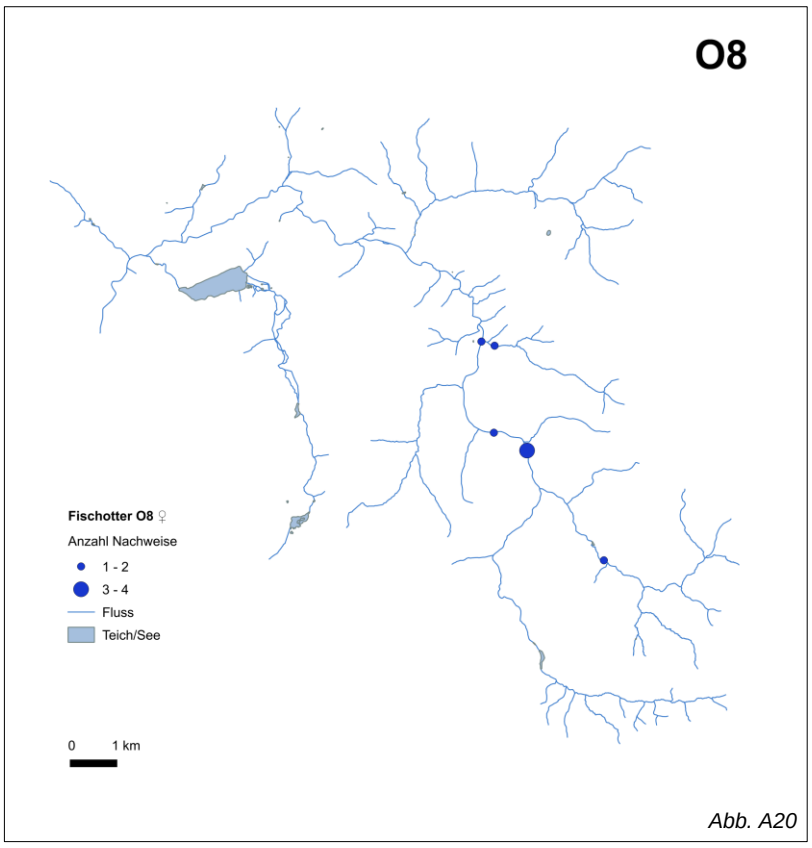


Abb. A20

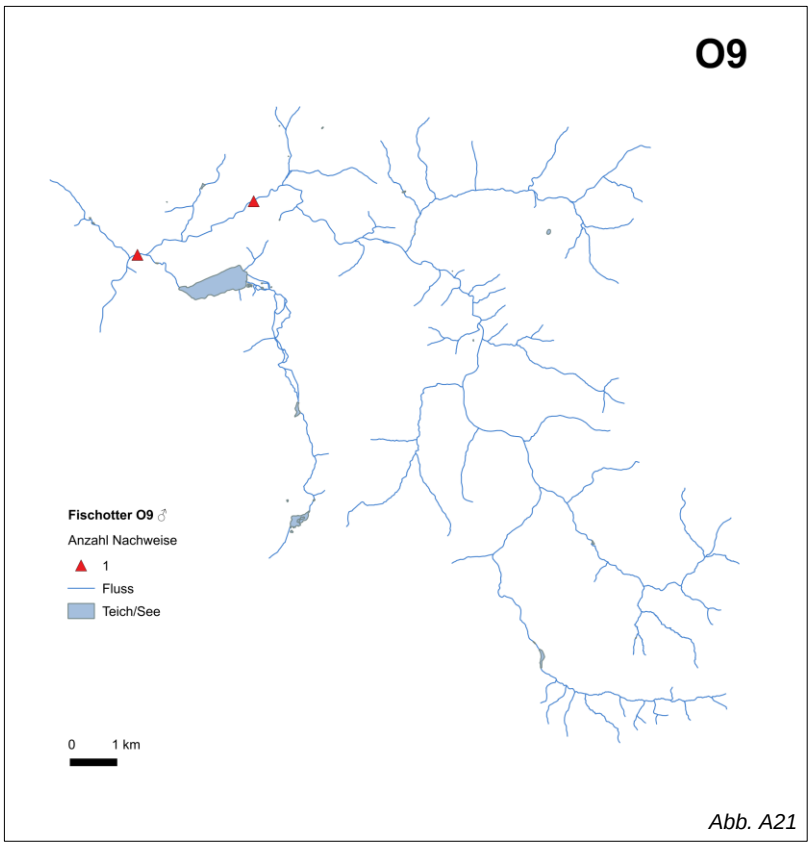


Abb. A21

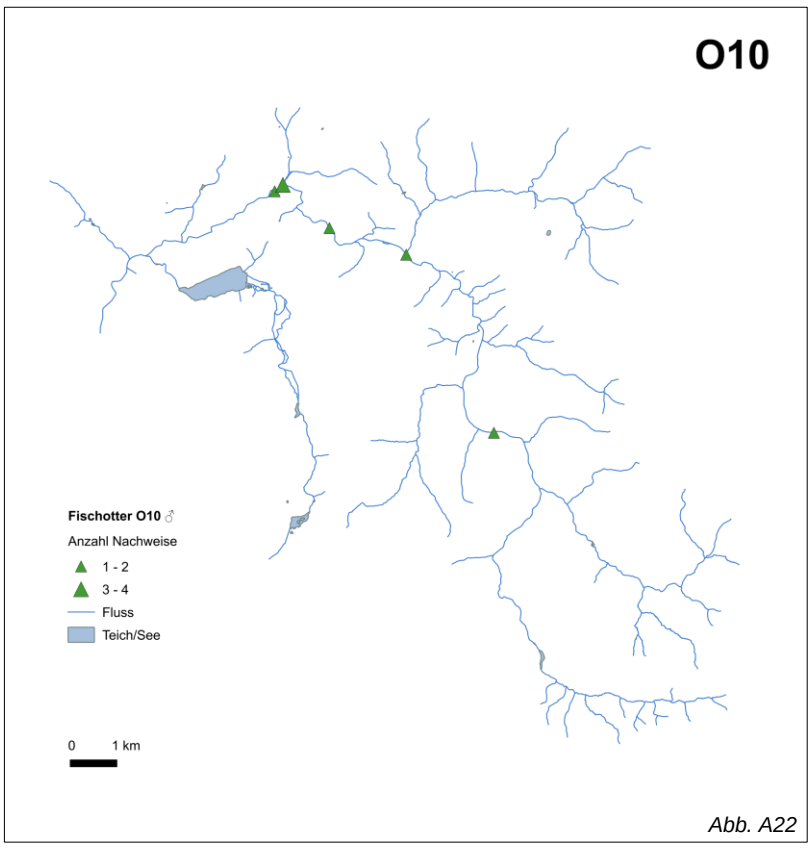


Abb. A22

<u>Abbildungen A23-A35</u>: Feistritz – Nachweispunkte und Nachweishäufigkeiten der Fischotterindividuen F1-F13 über alle Sammelperioden (2014/2015)

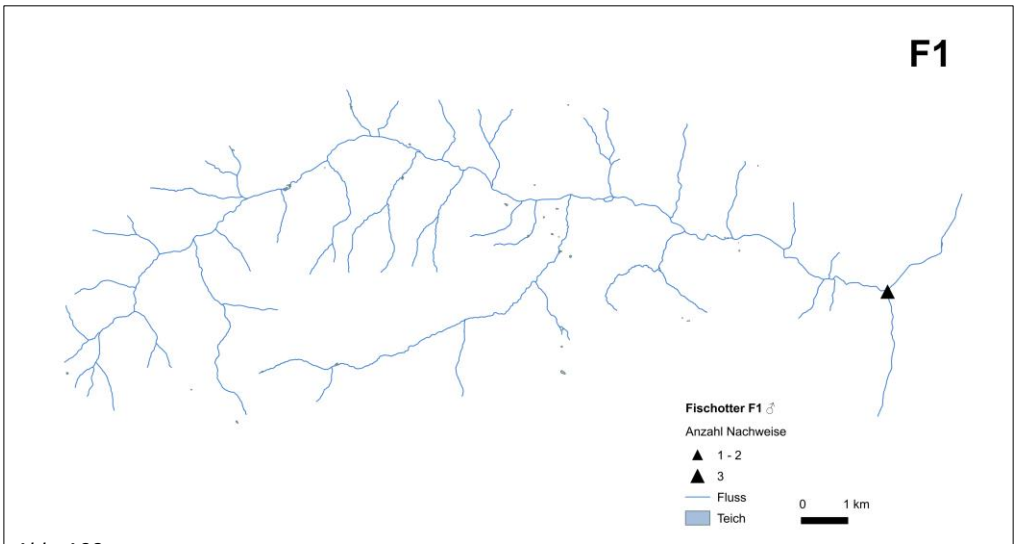


Abb. A23

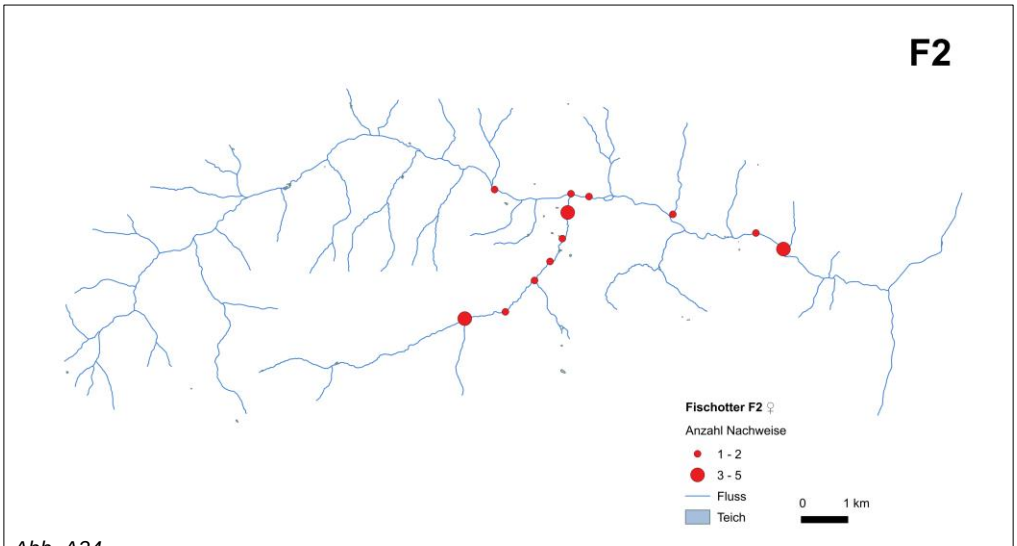


Abb. A24

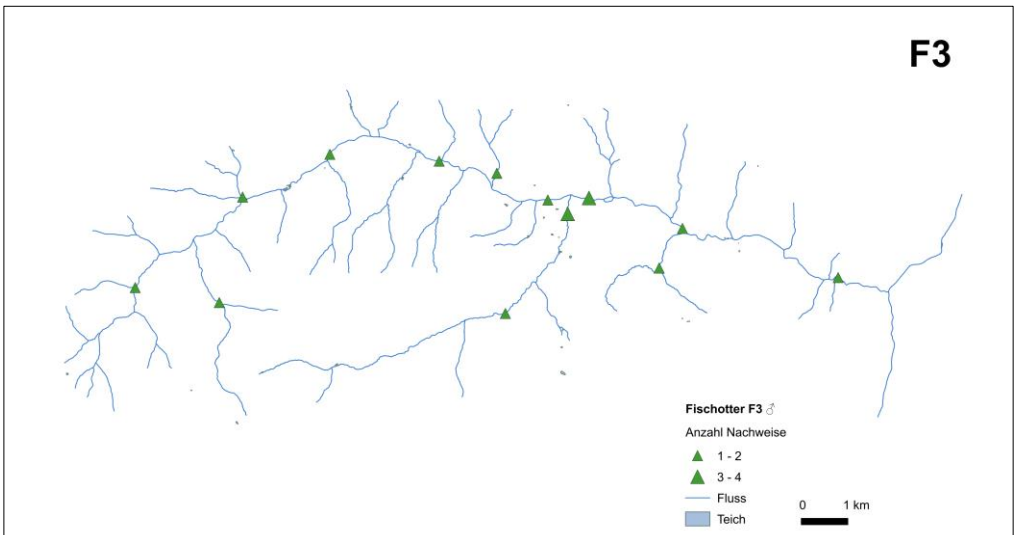


Abb. A25

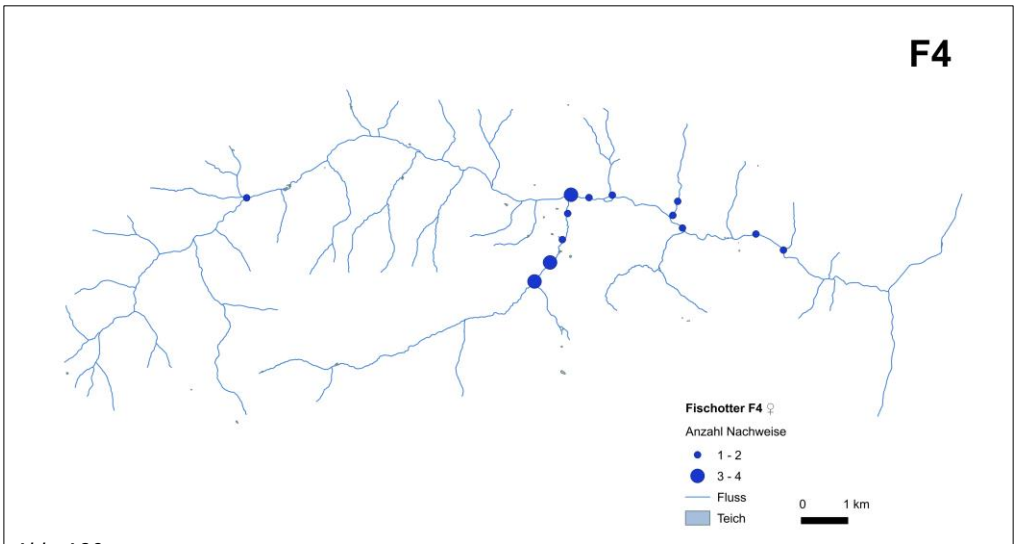


Abb. A26

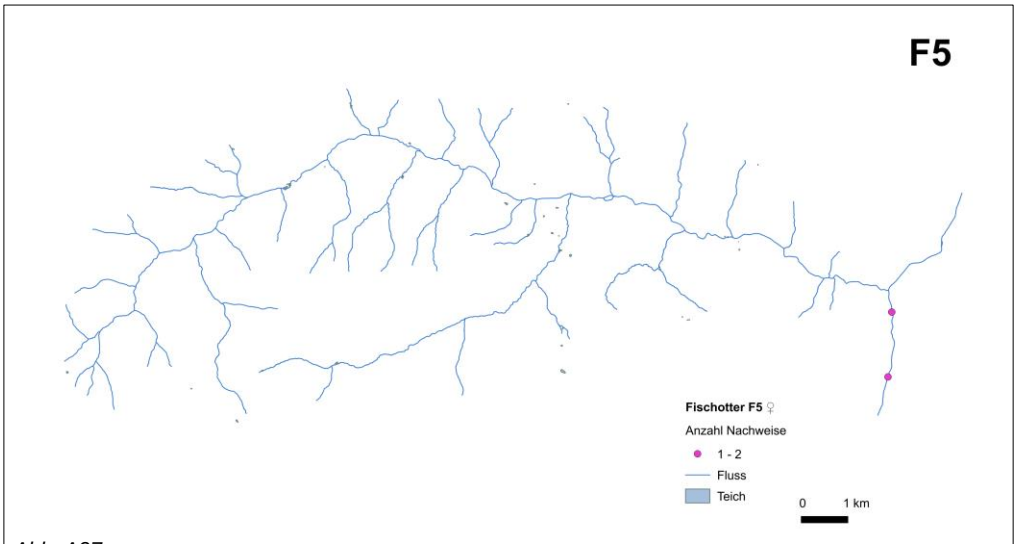


Abb. A27

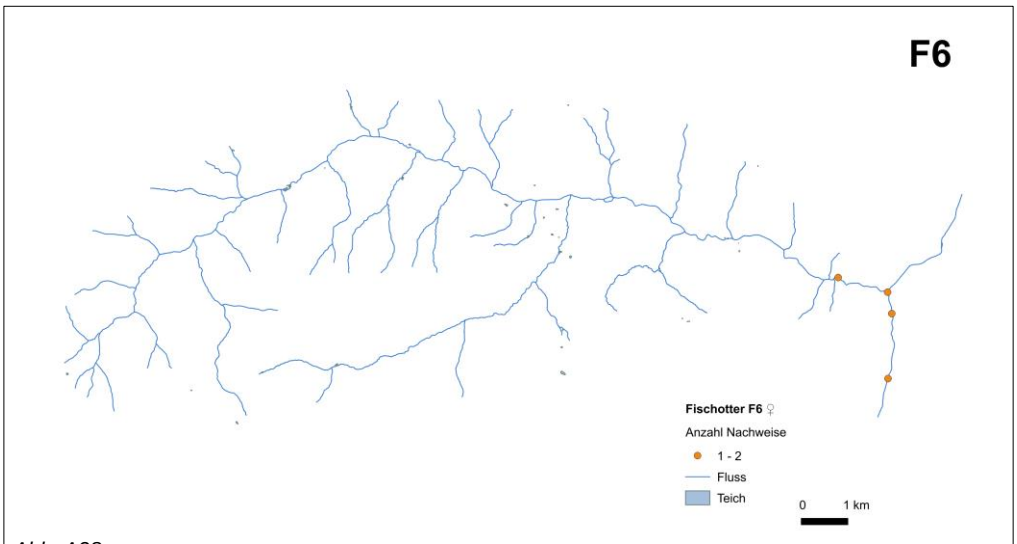


Abb. A28

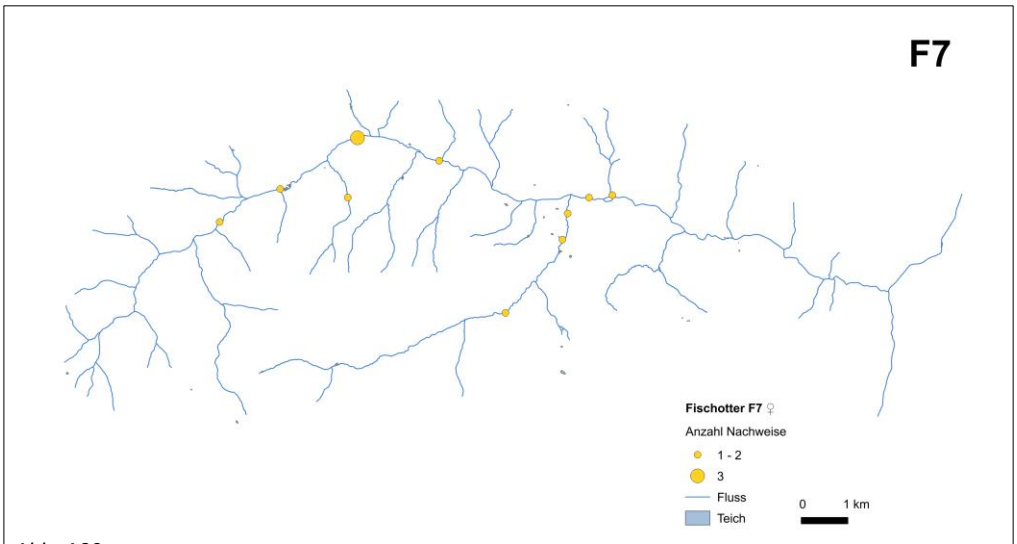


Abb. A29

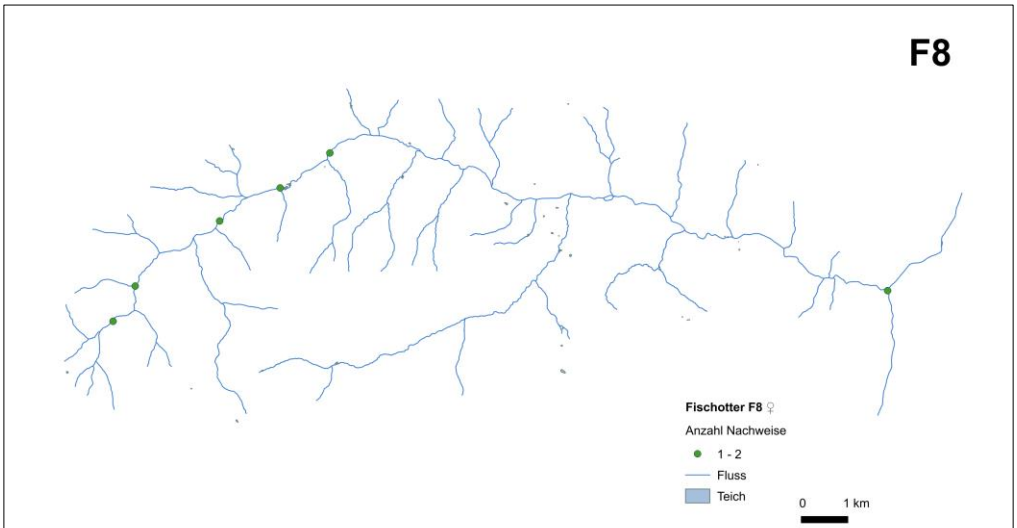


Abb. A30

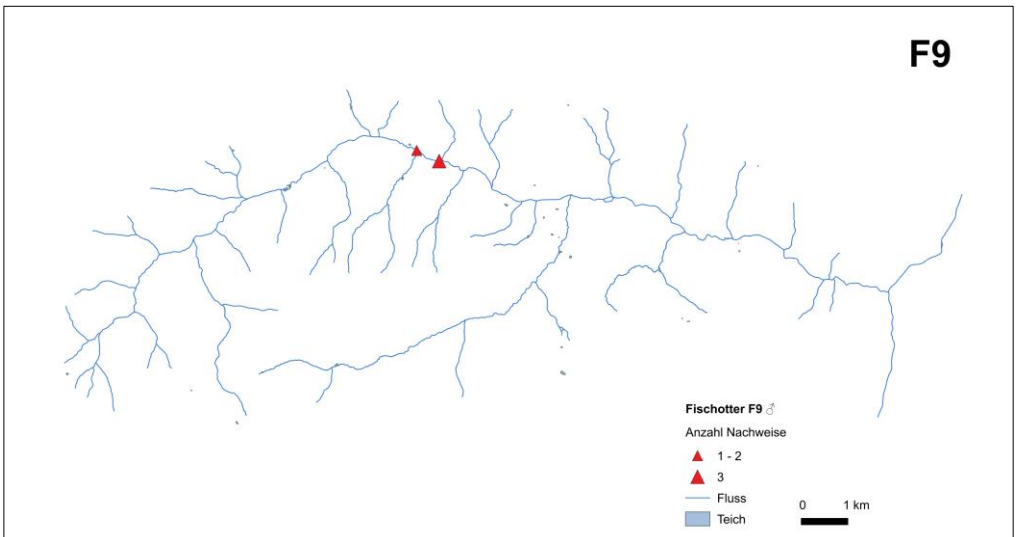


Abb. A31

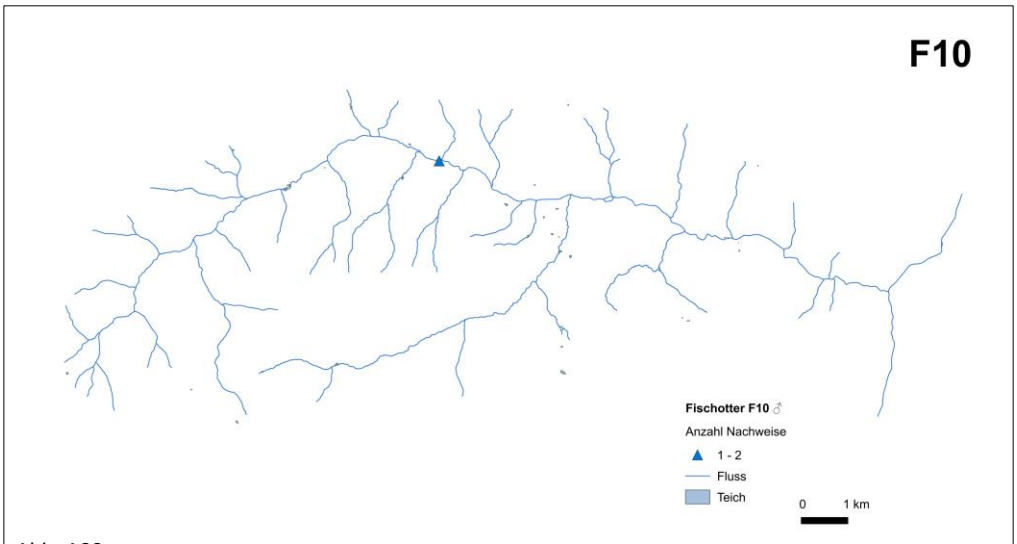


Abb. A32

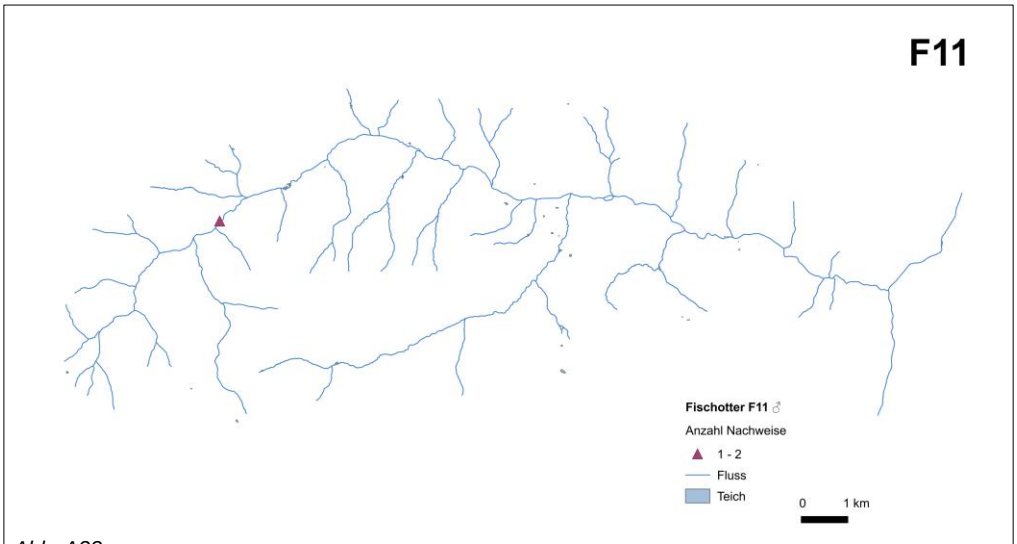


Abb. A33

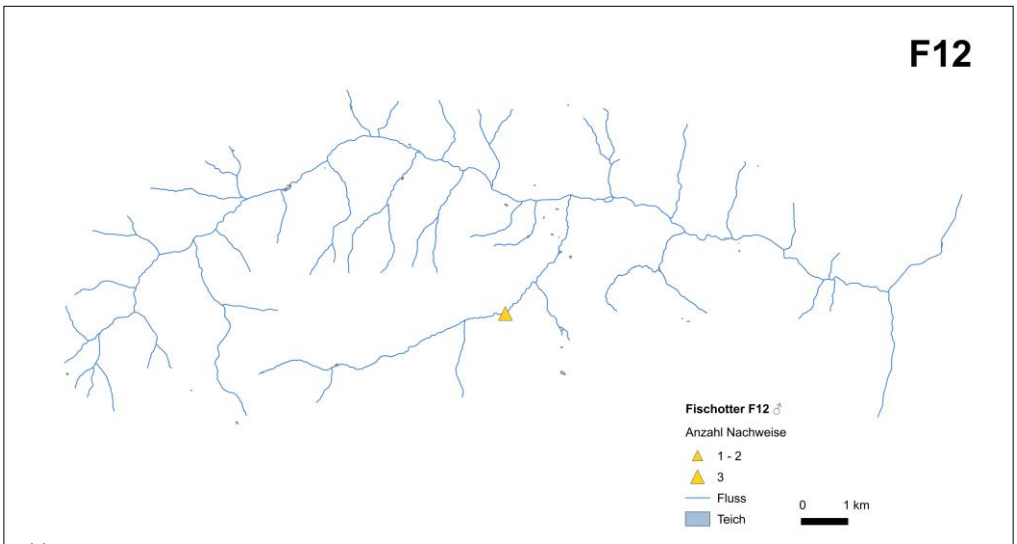


Abb. A34

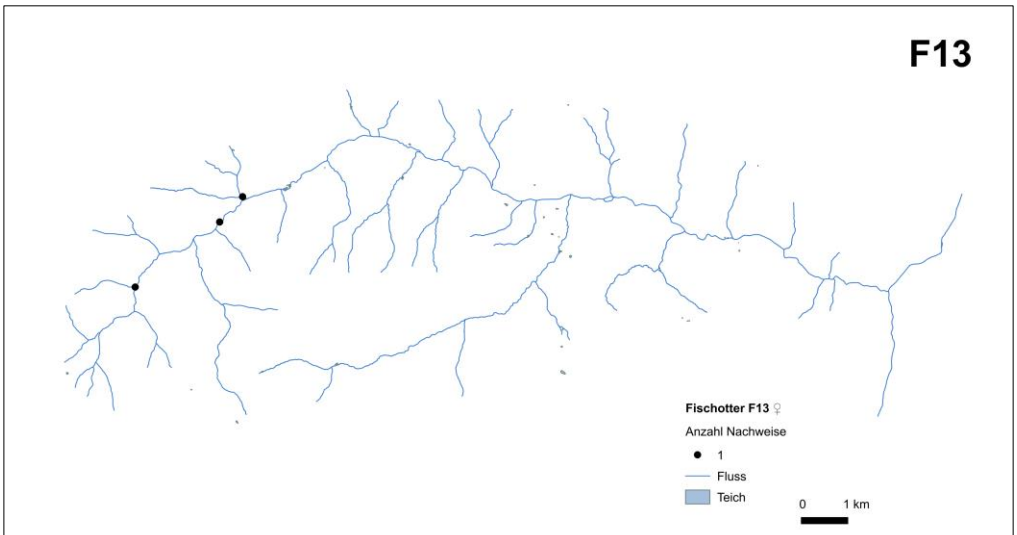


Abb. A35

<u>Abbildungen A36-A50</u>: Große Ysper – Nachweispunkte und Nachweishäufigkeiten der Fischotterindividuen Y2-Y20 über alle Sammelperioden (2014/2015)

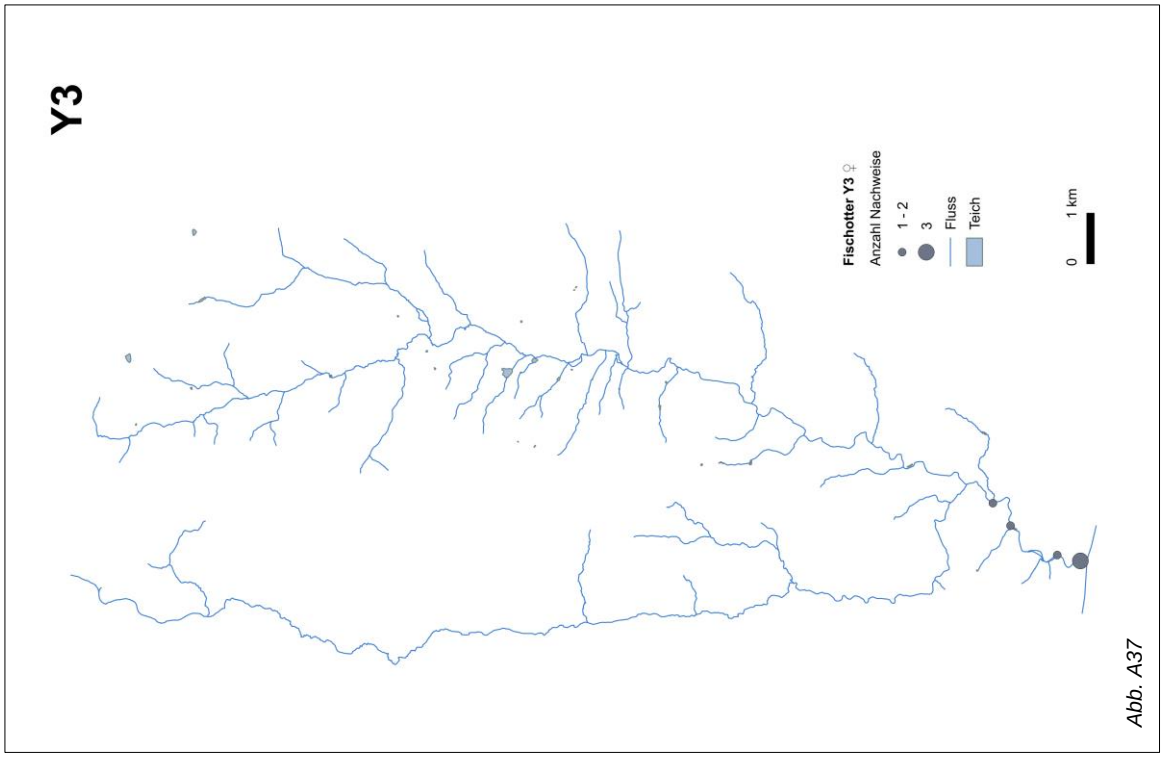


Abb. A37

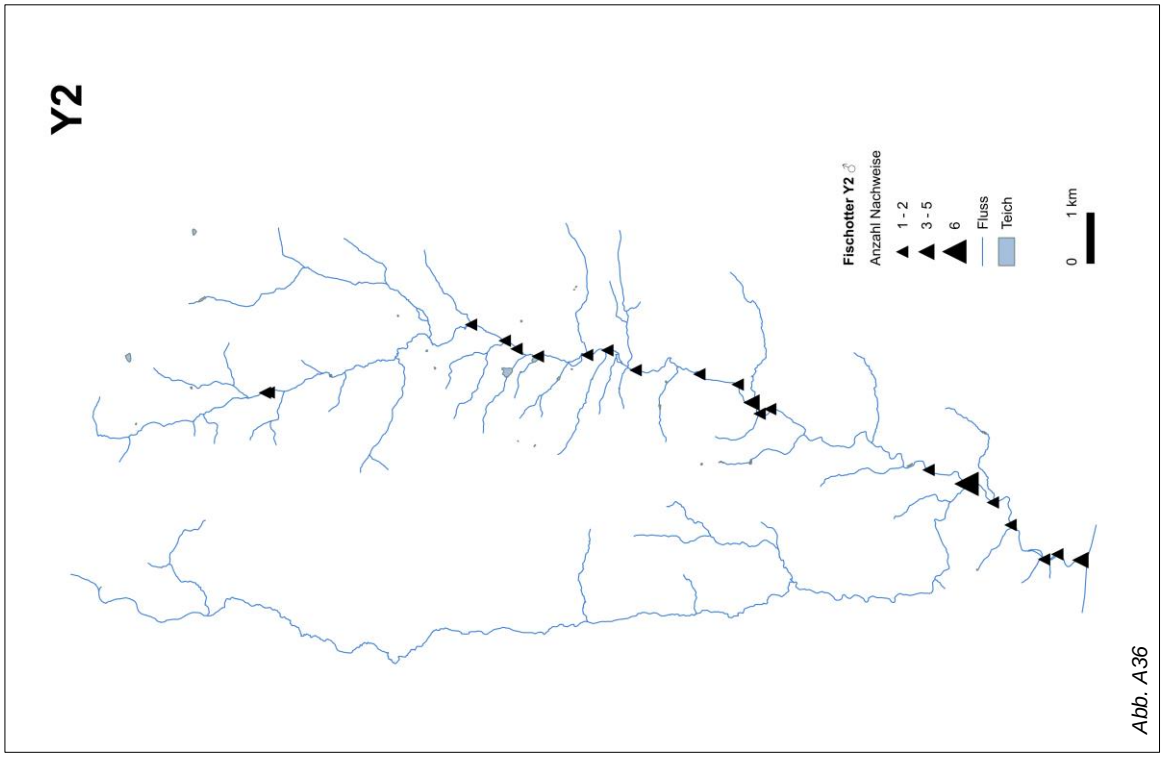


Abb. A36

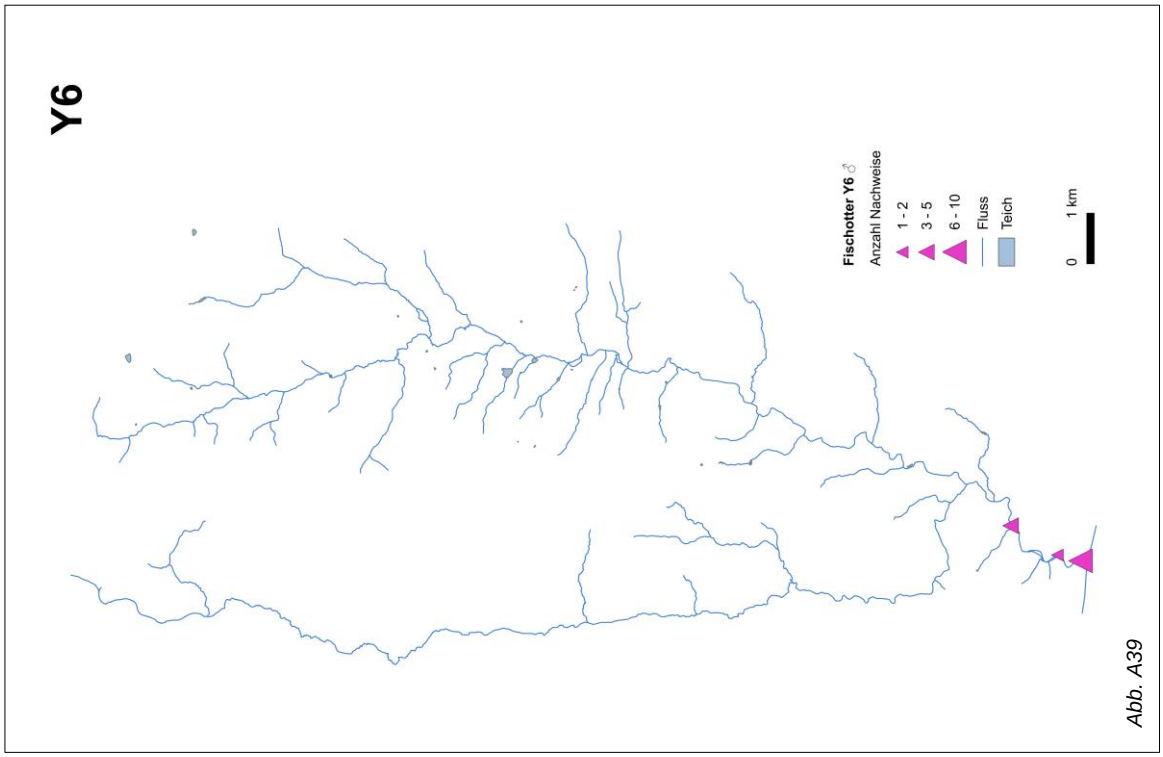


Abb. A39

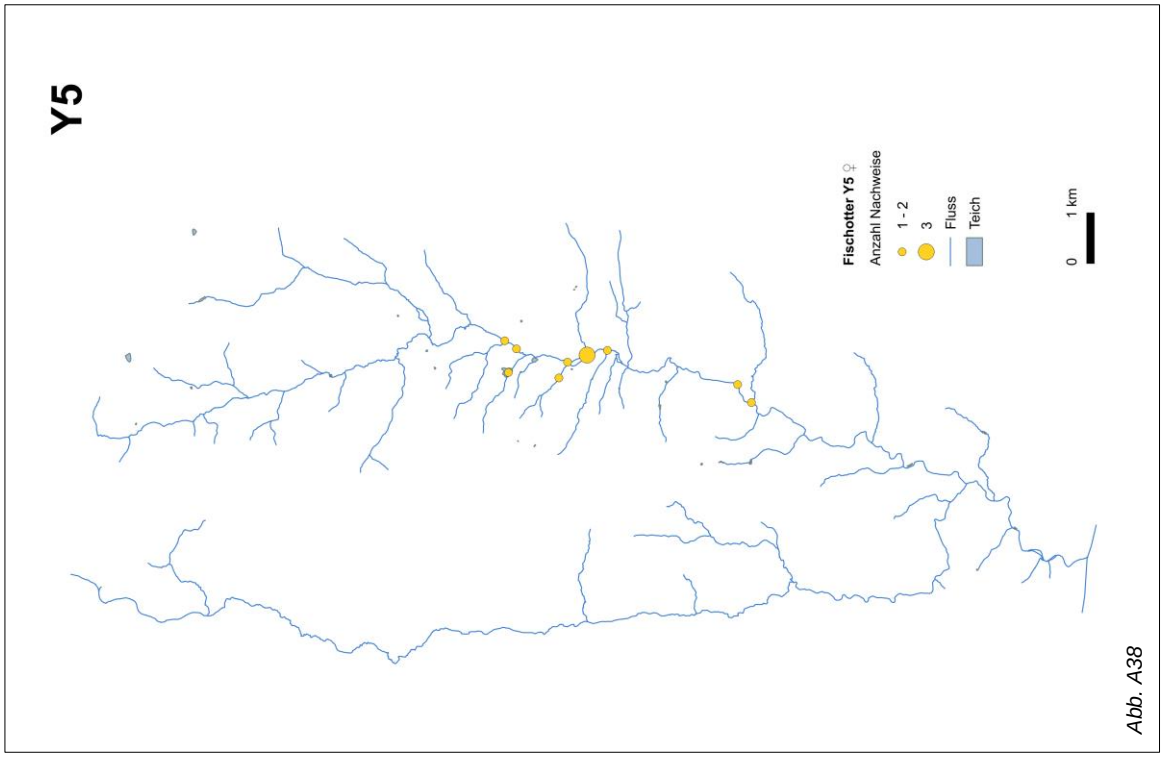


Abb. A38

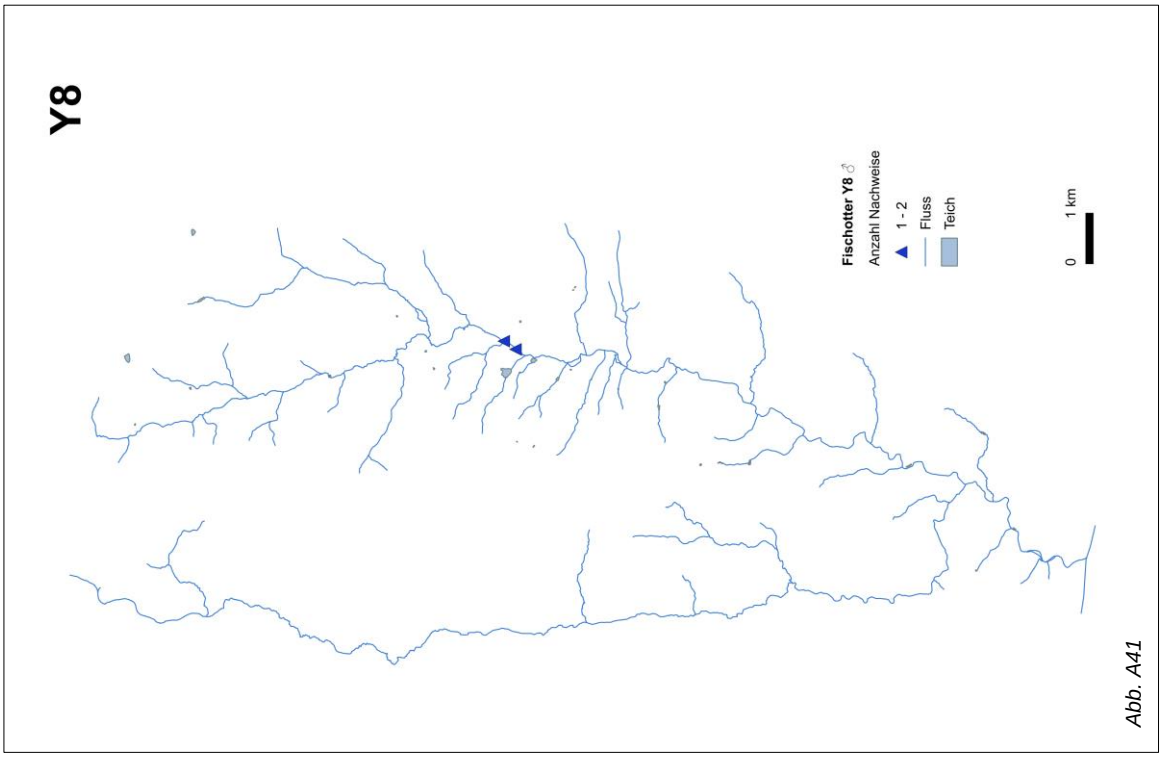


Abb. A41

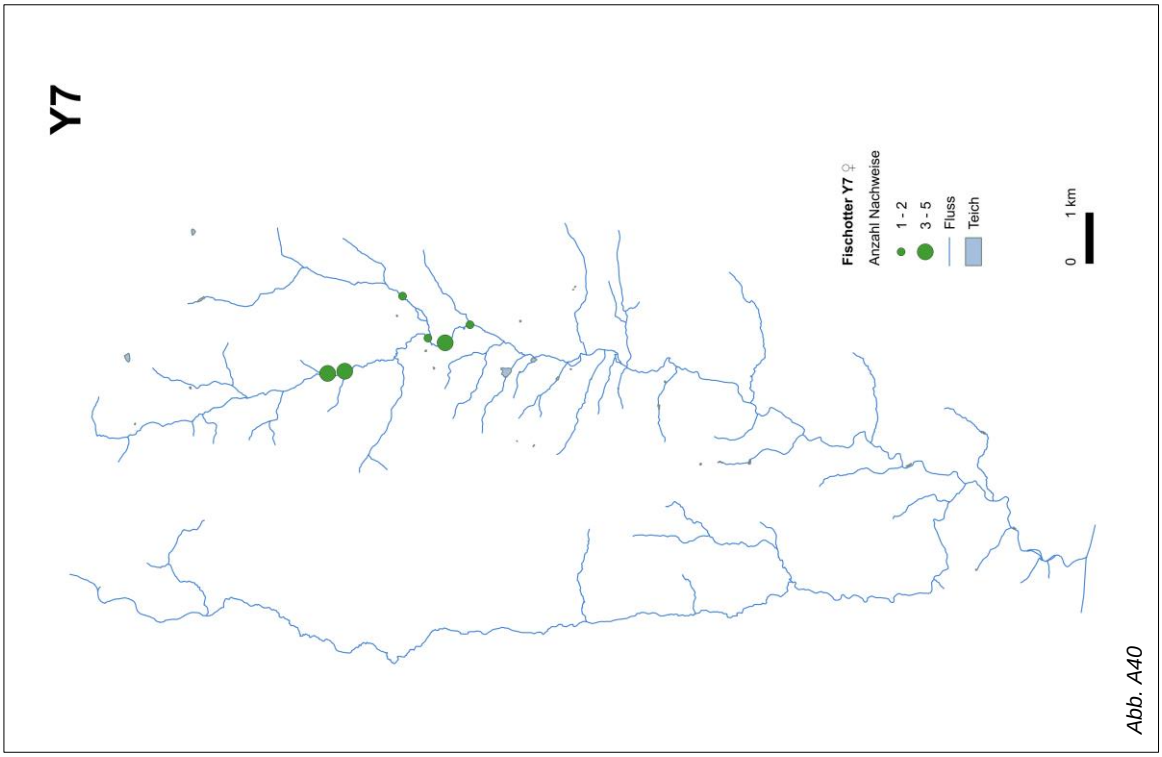


Abb. A40

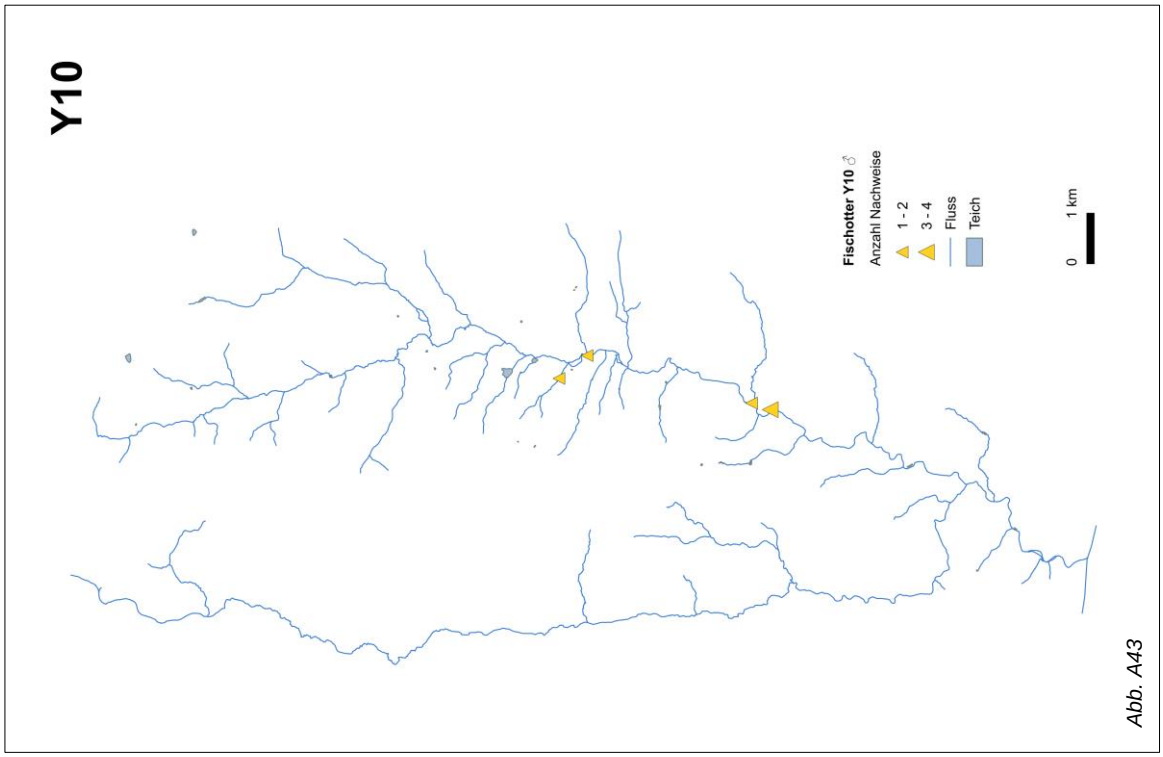


Abb. A43

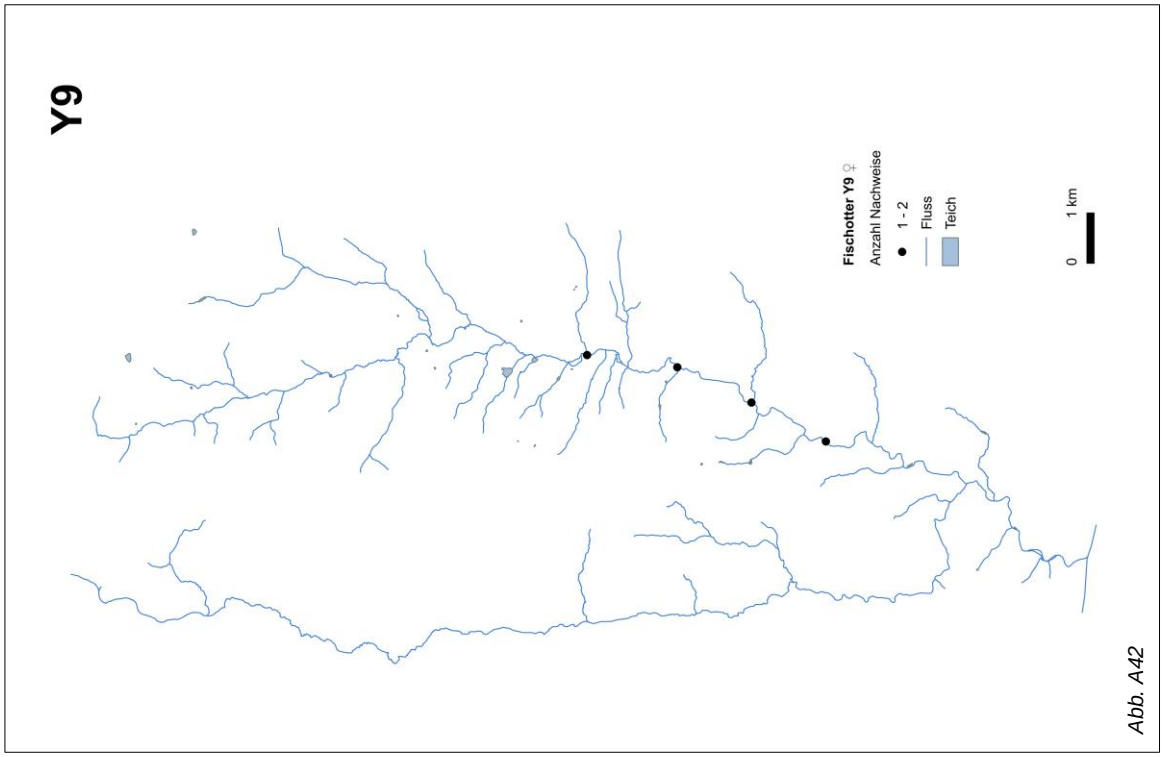


Abb. A42

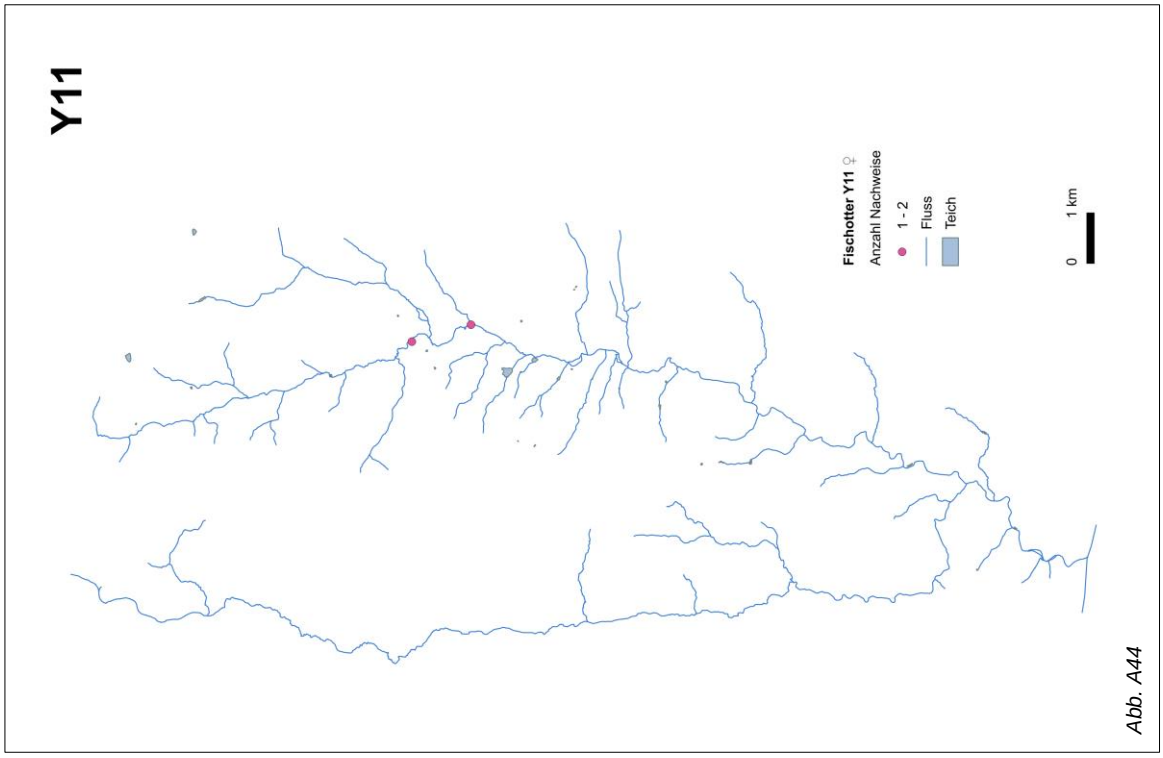


Abb. A44

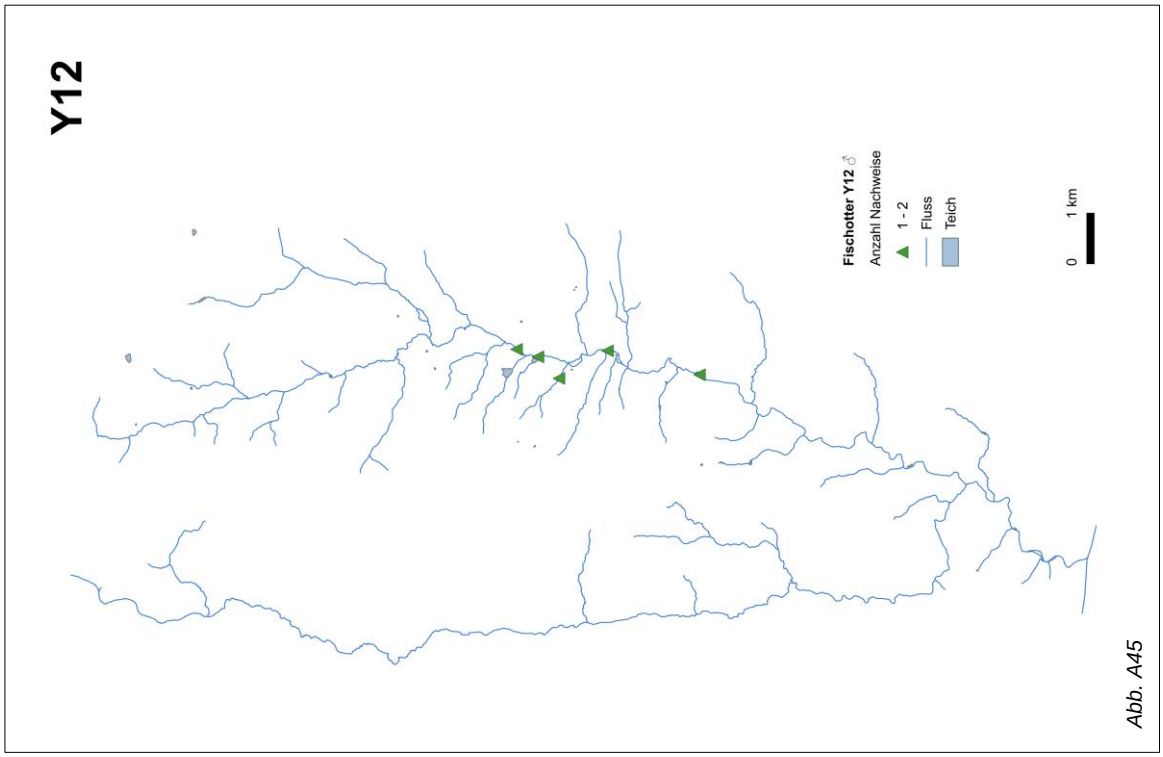


Abb. A45

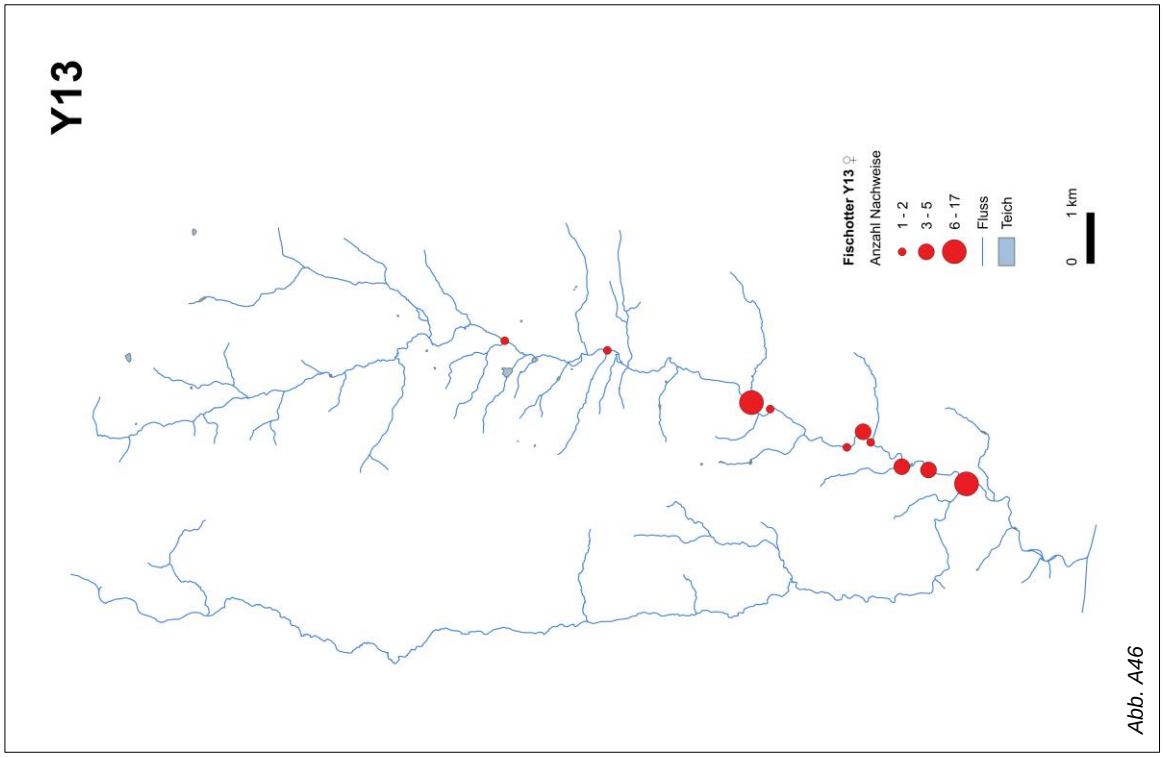


Abb. A46

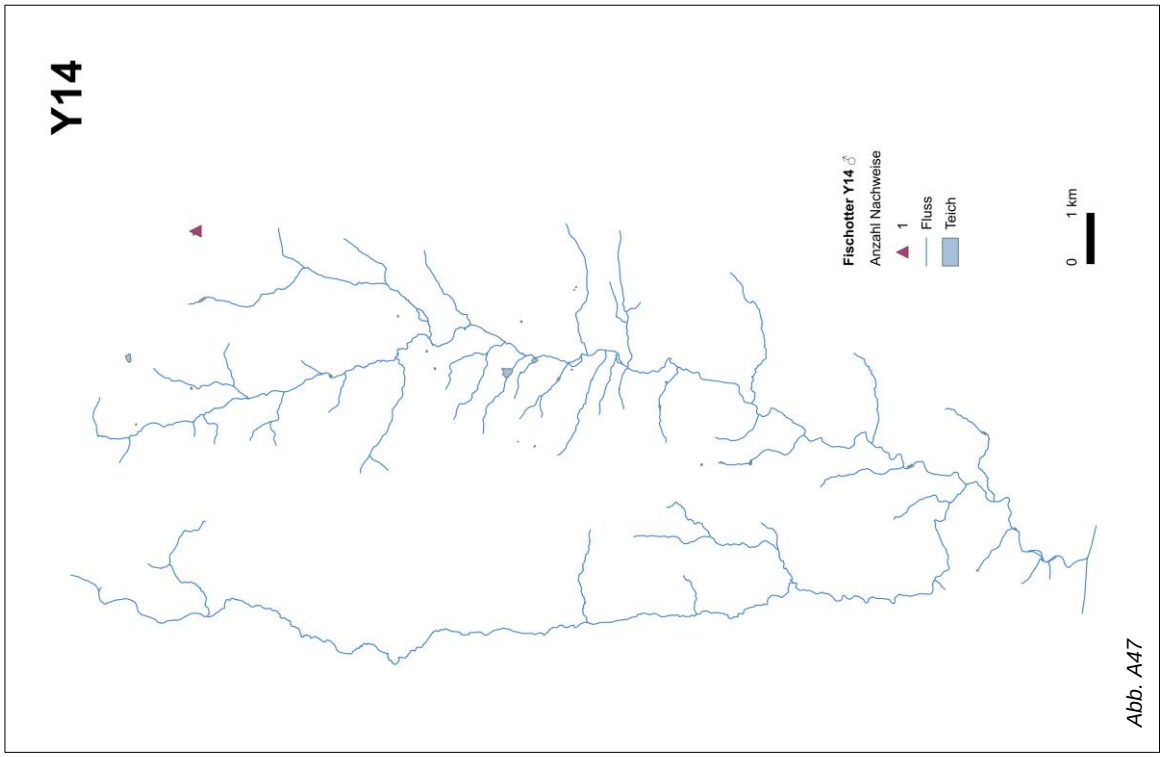


Abb. A47

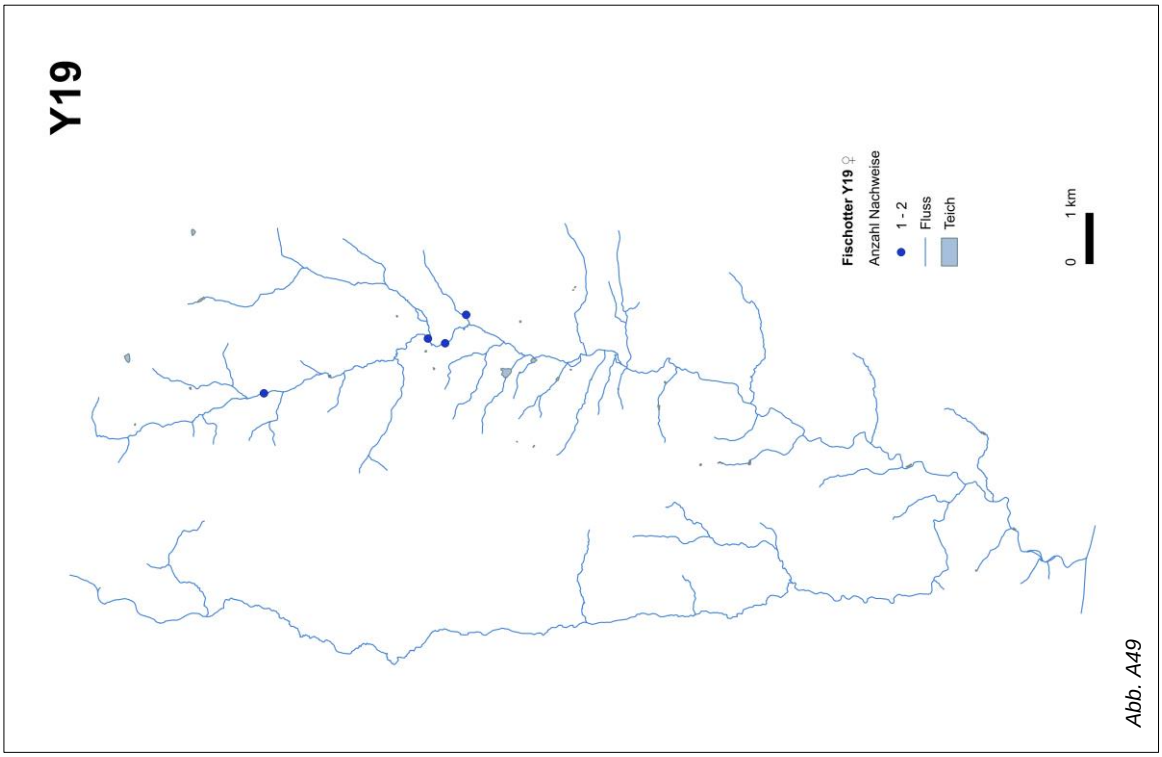


Abb. A49

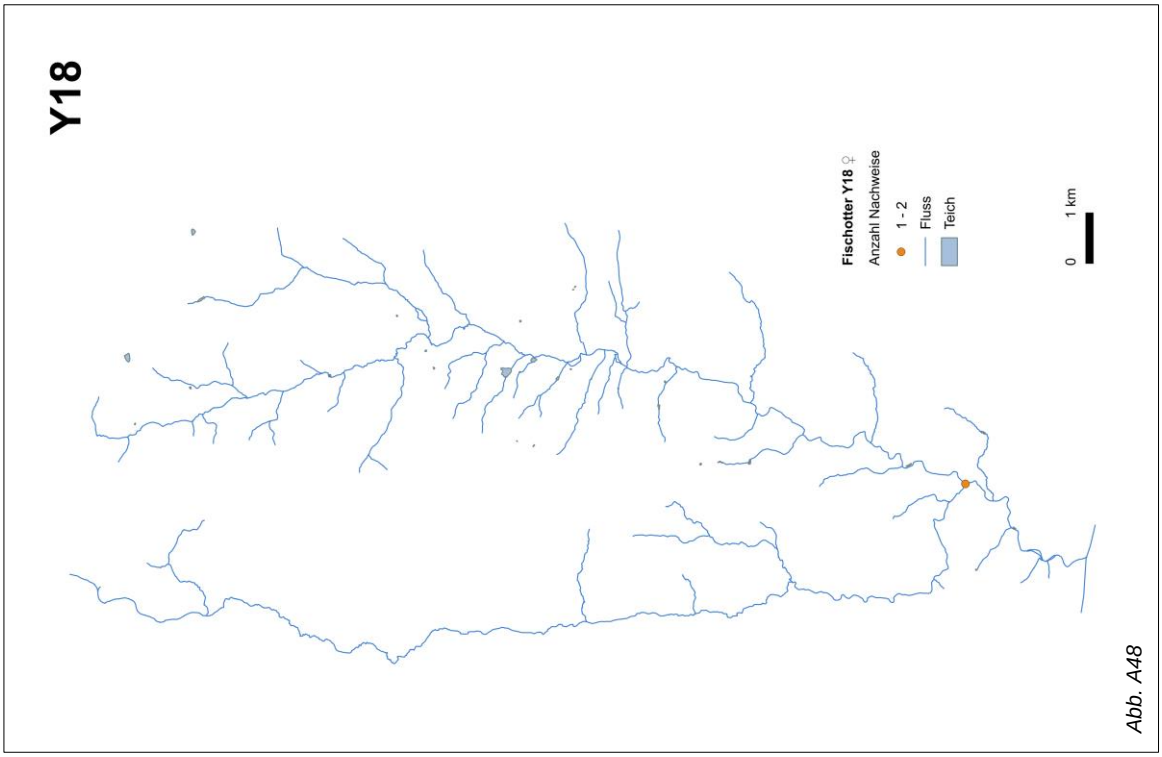


Abb. A48

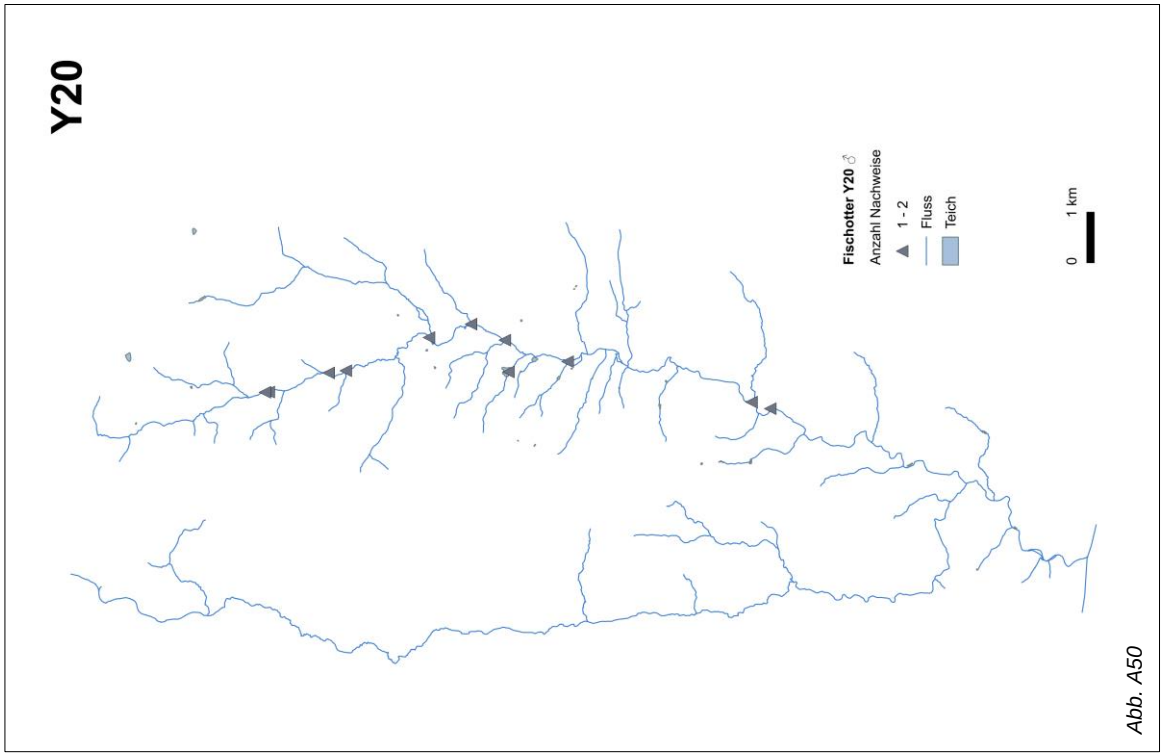


Abb. A50

Abbildungen A51-A62: Loichbach – Losungshäufigkeiten (frisch & alt) je Sammelperiode (SP1-6)

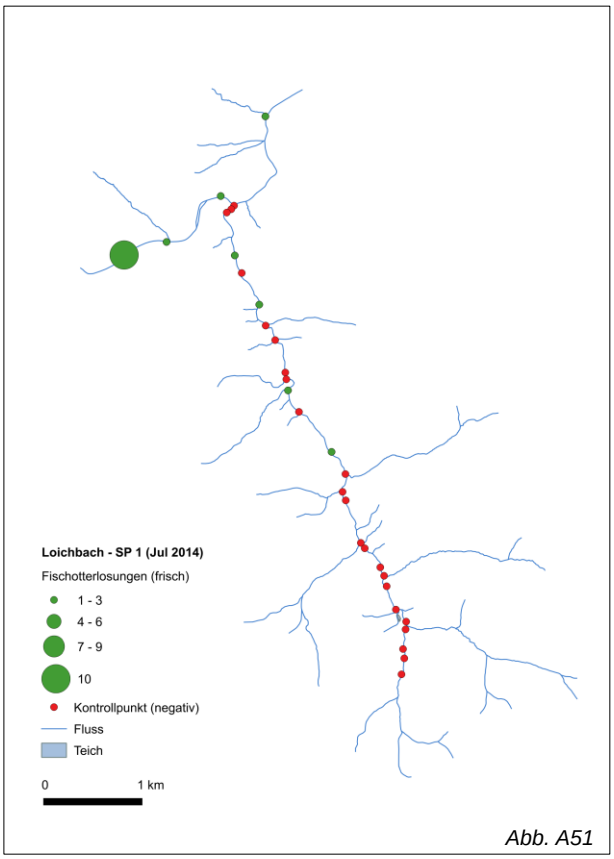


Abb. A51

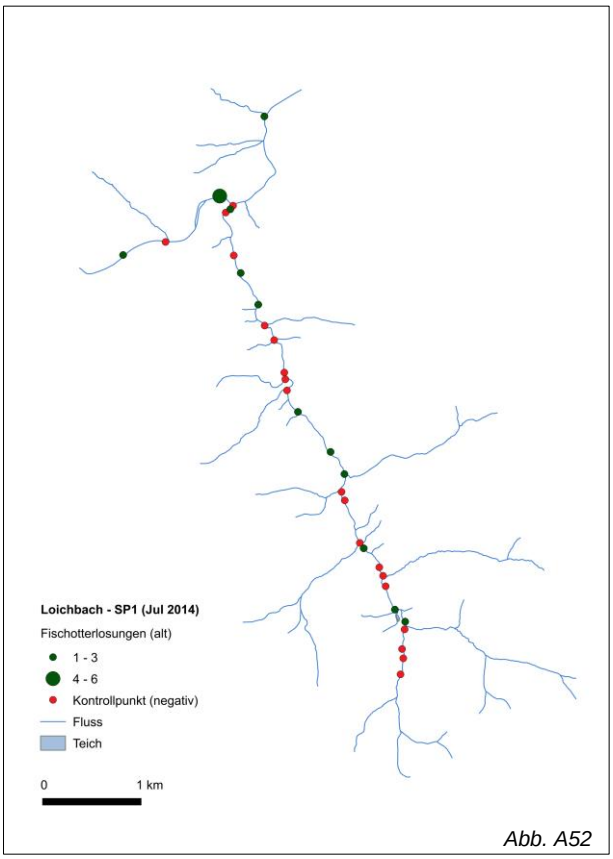


Abb. A52

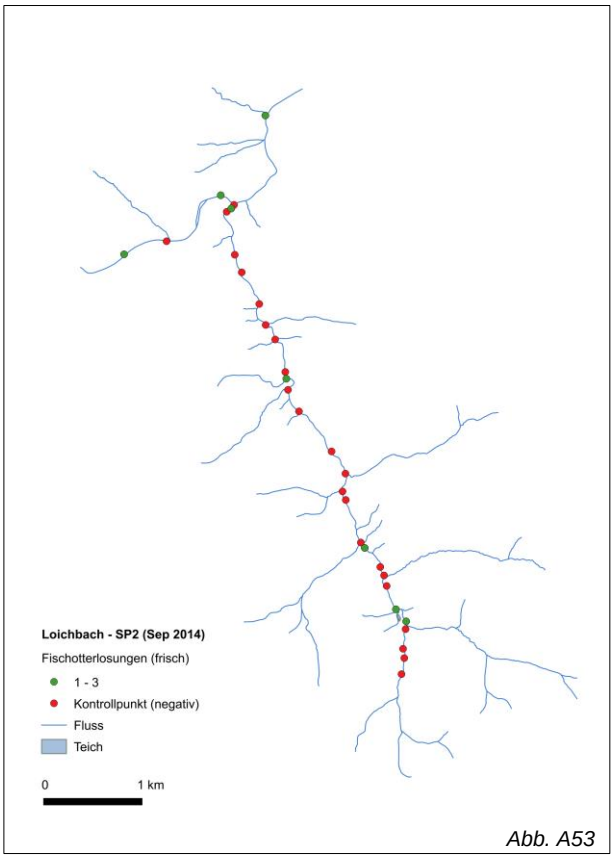


Abb. A53

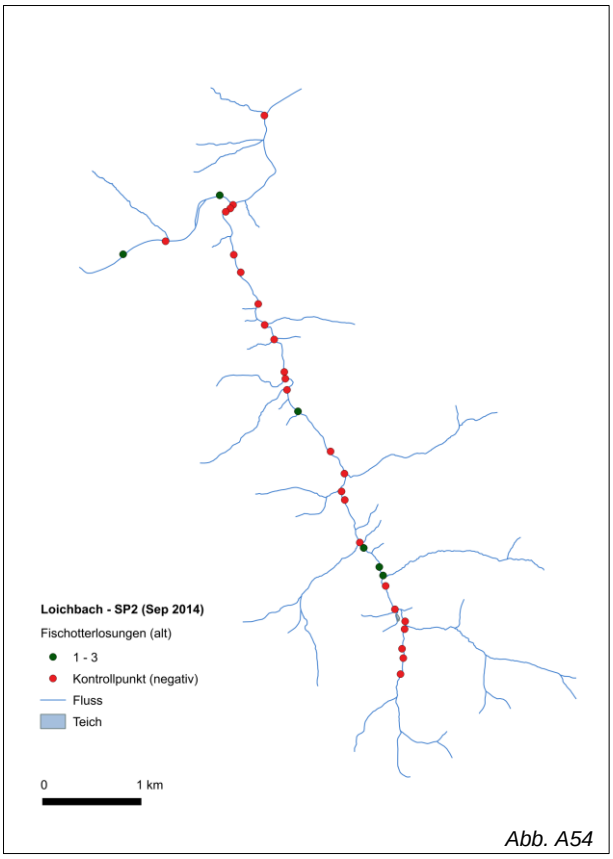


Abb. A54

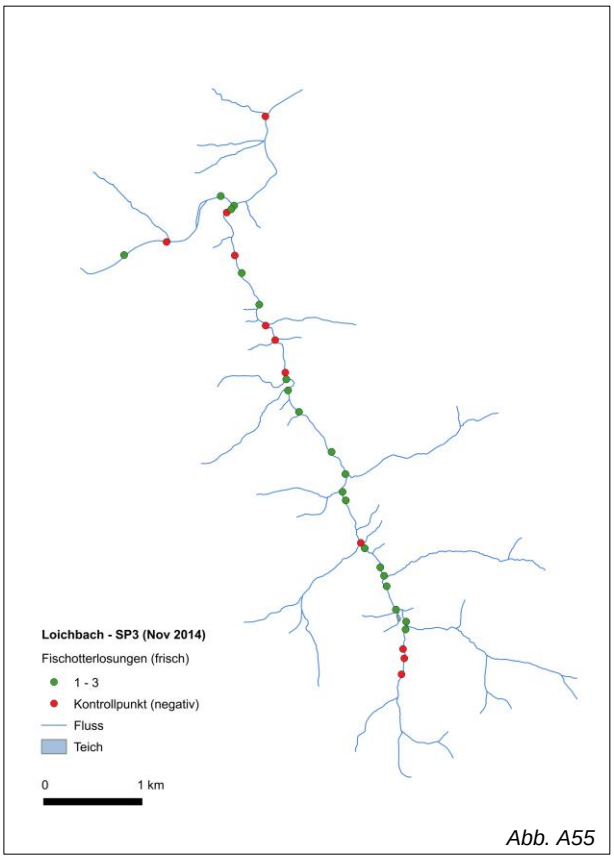


Abb. A55

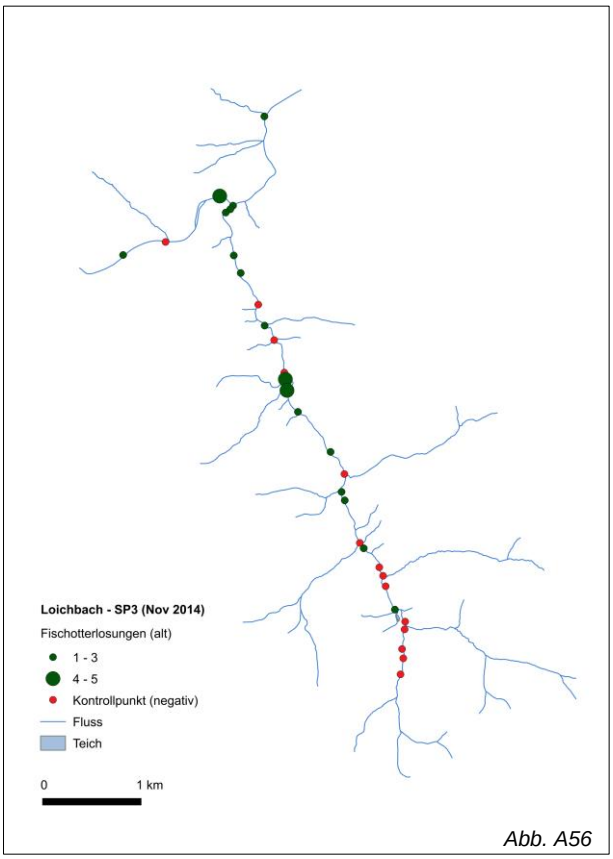


Abb. A56

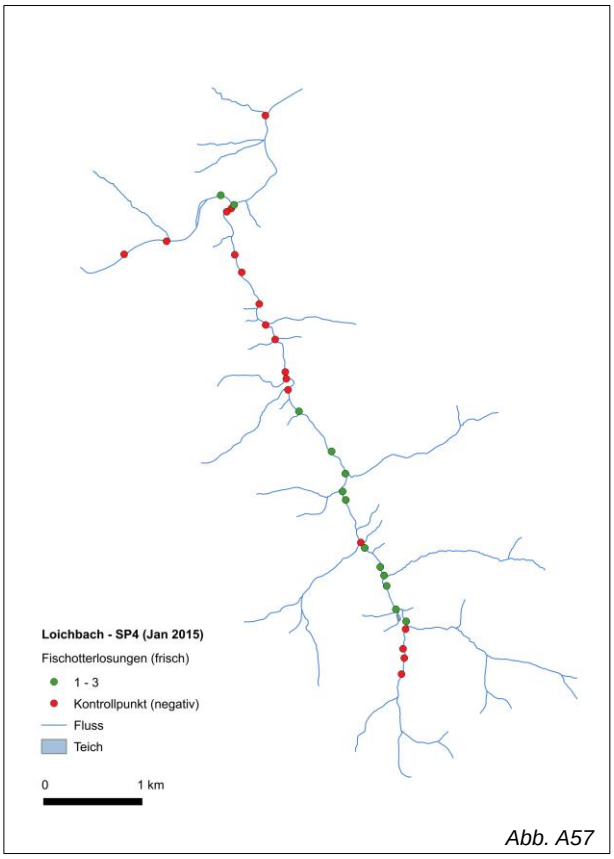


Abb. A57

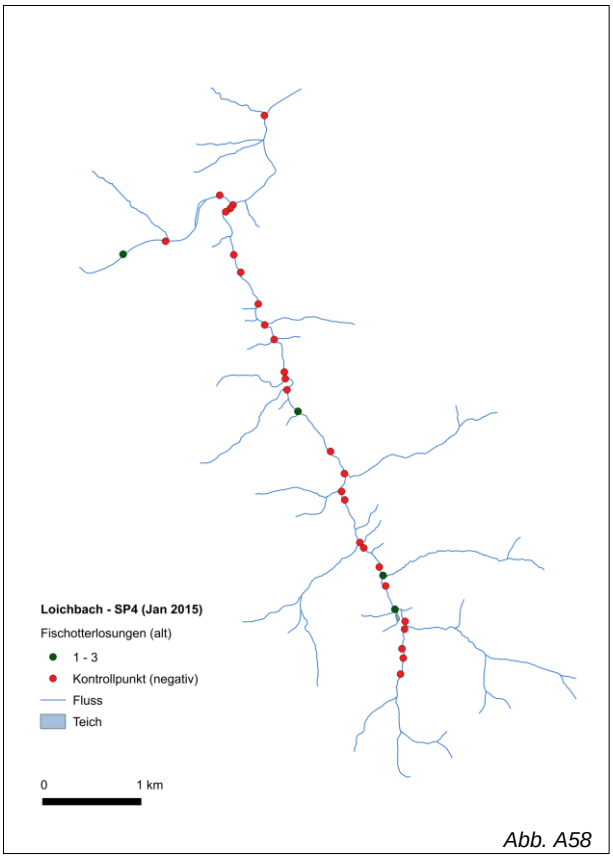


Abb. A58

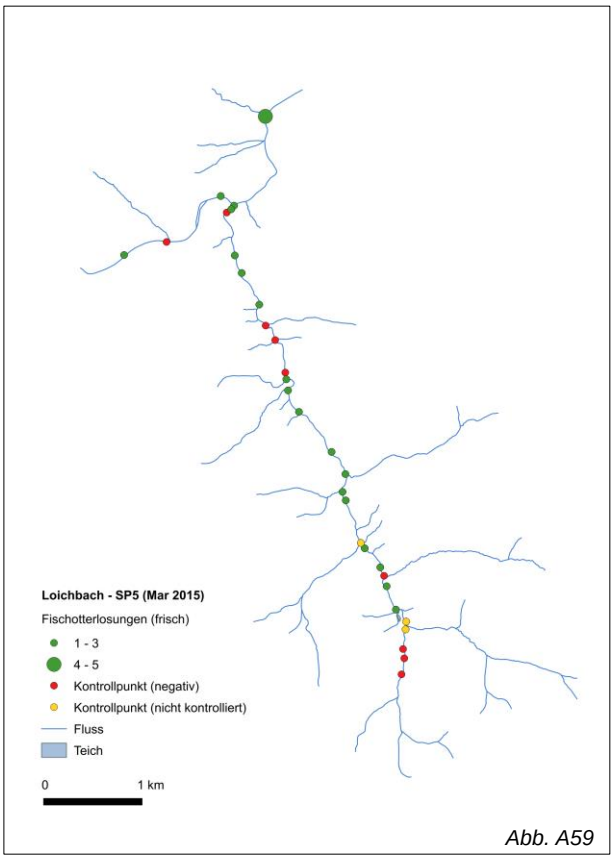


Abb. A59

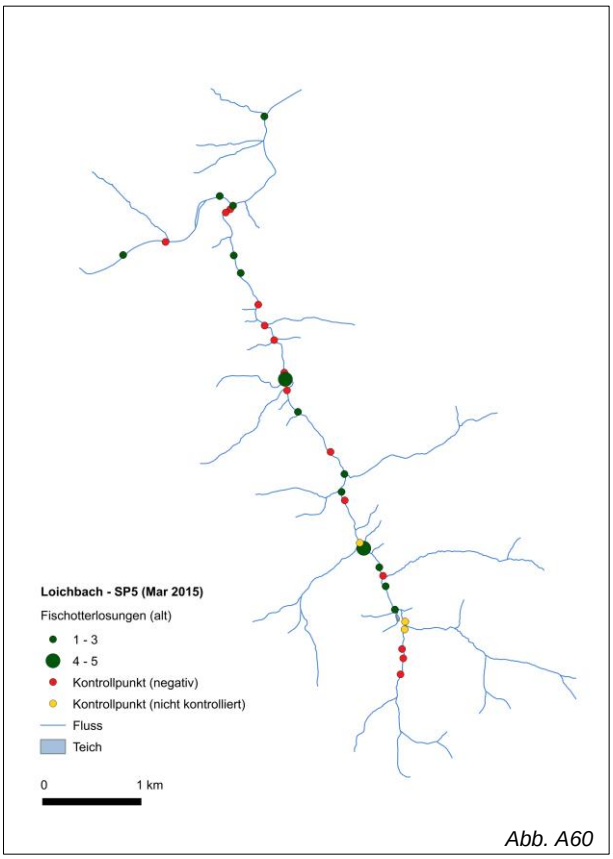


Abb. A60

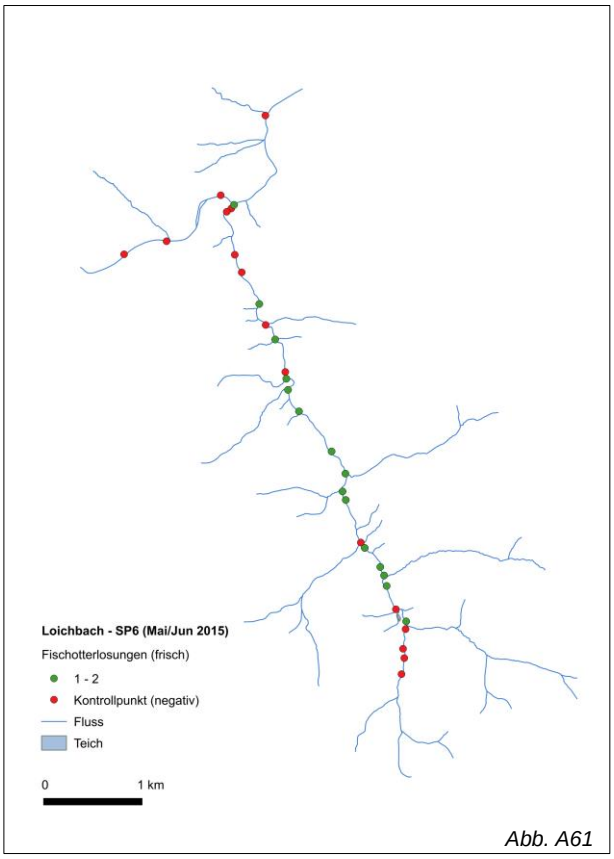


Abb. A61

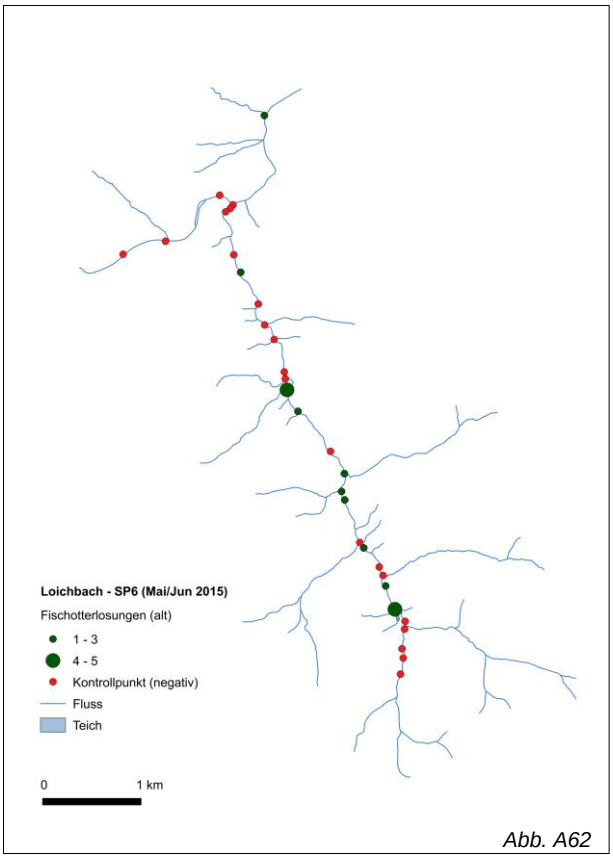


Abb. A62

<u>Abbildungen A63-A74</u>: Piesting Oberlauf – Losungshäufigkeiten (frisch & alt) je Sammelperiode (SP1-6)

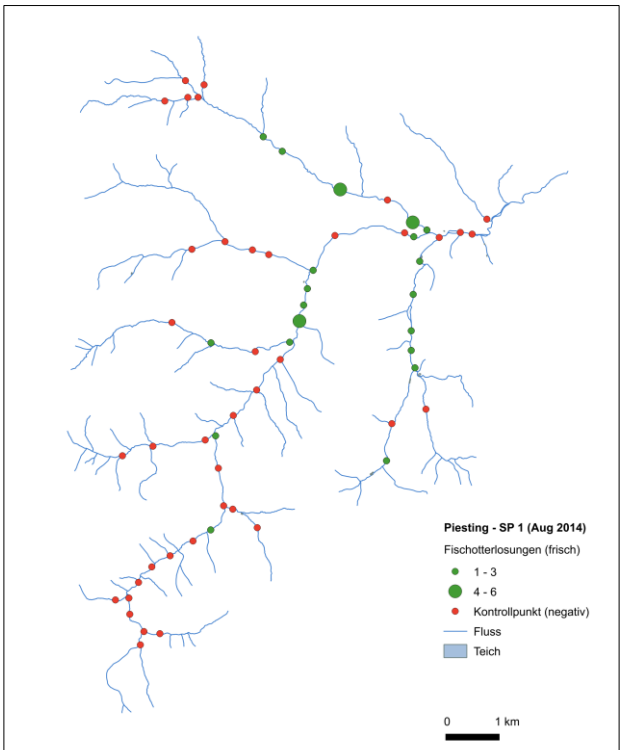


Abb. A63

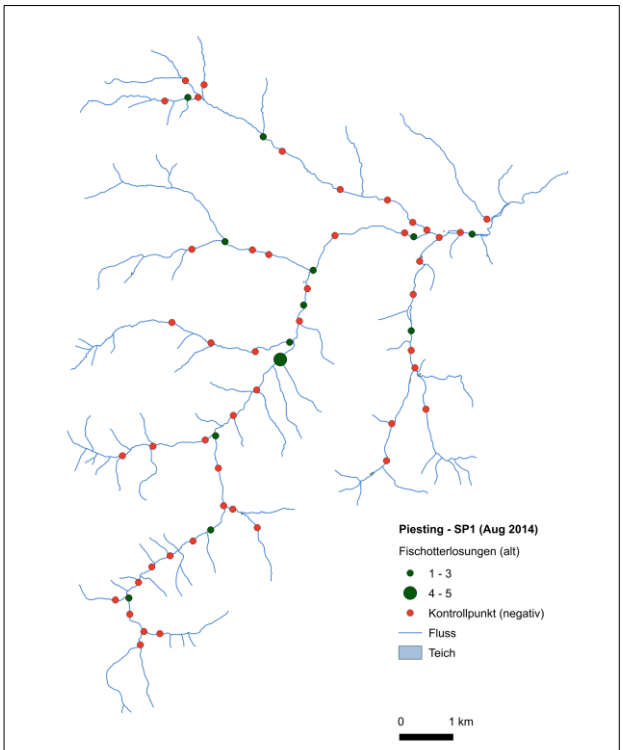


Abb. A64

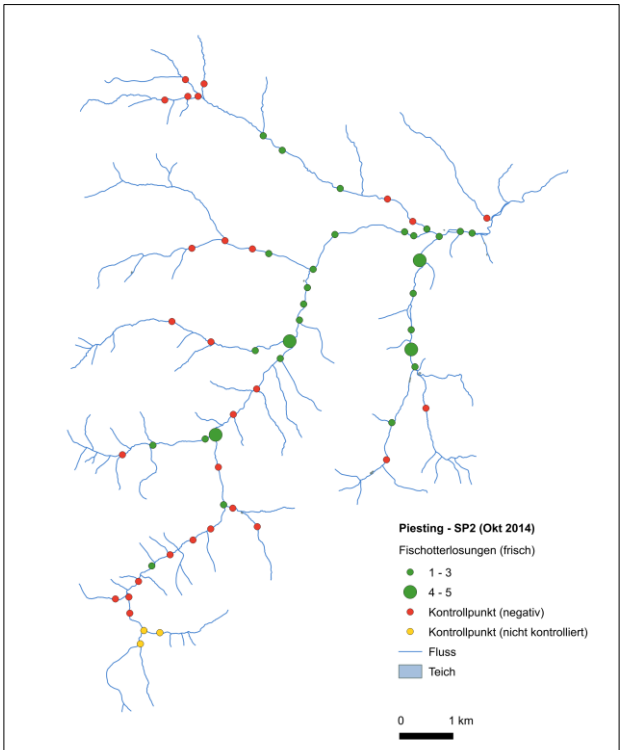


Abb. A65

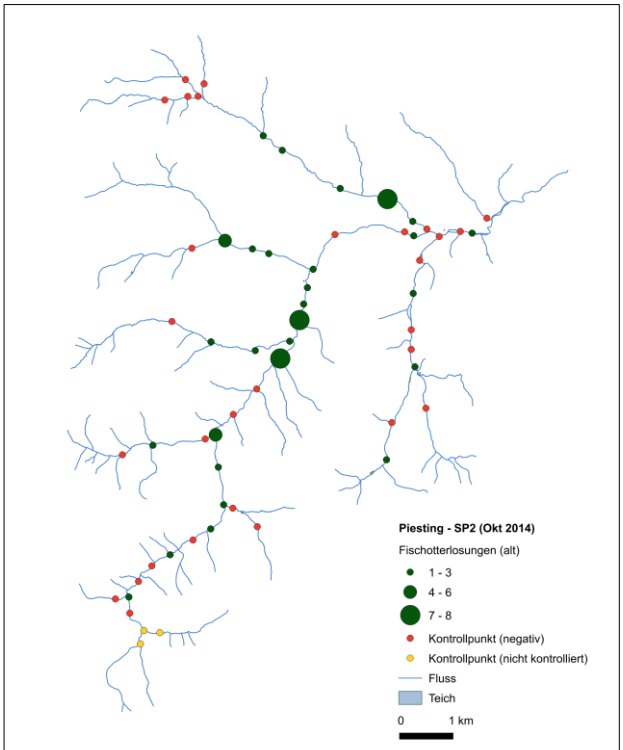


Abb. A66

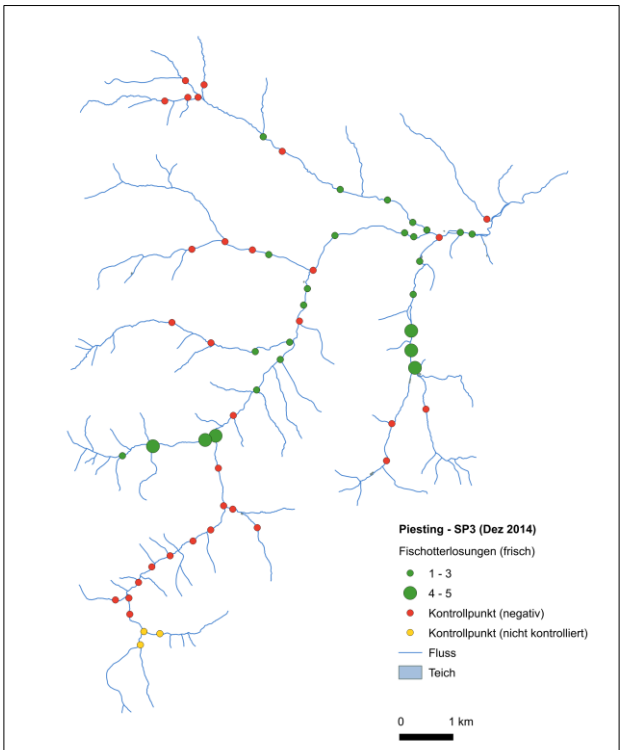


Abb. A67

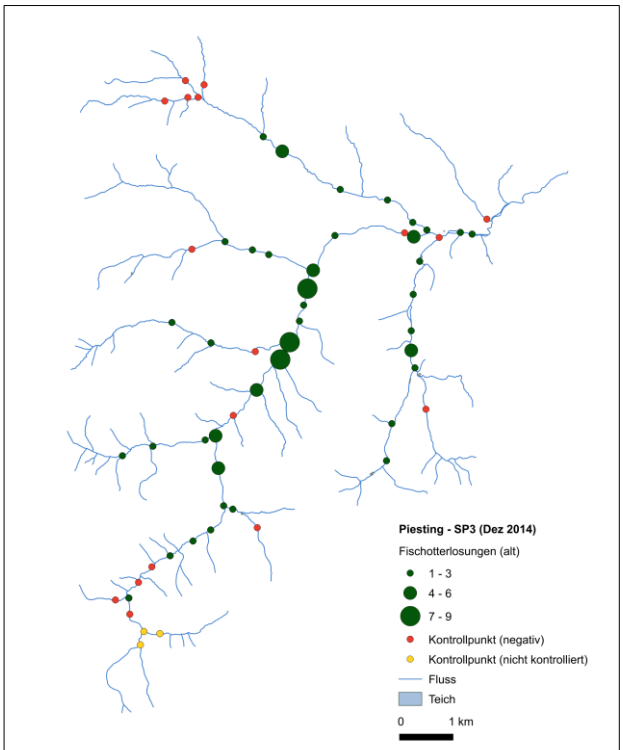


Abb. A68

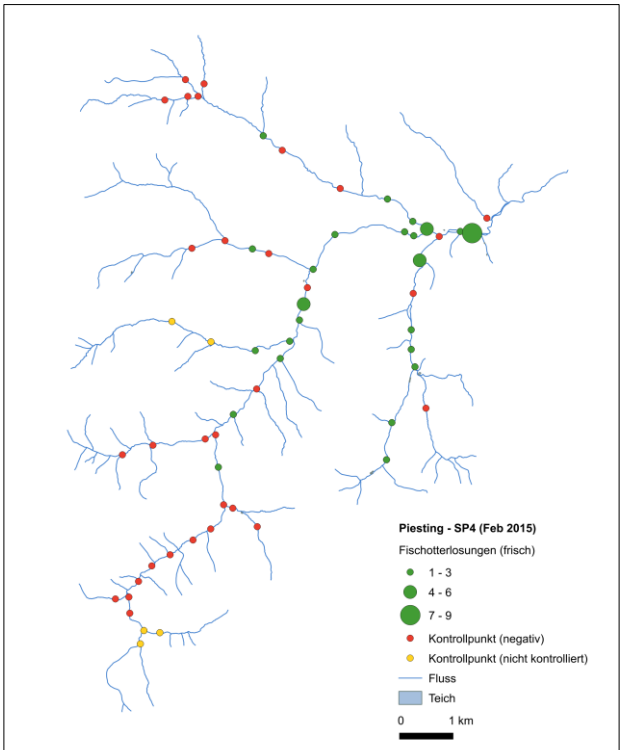


Abb. A69

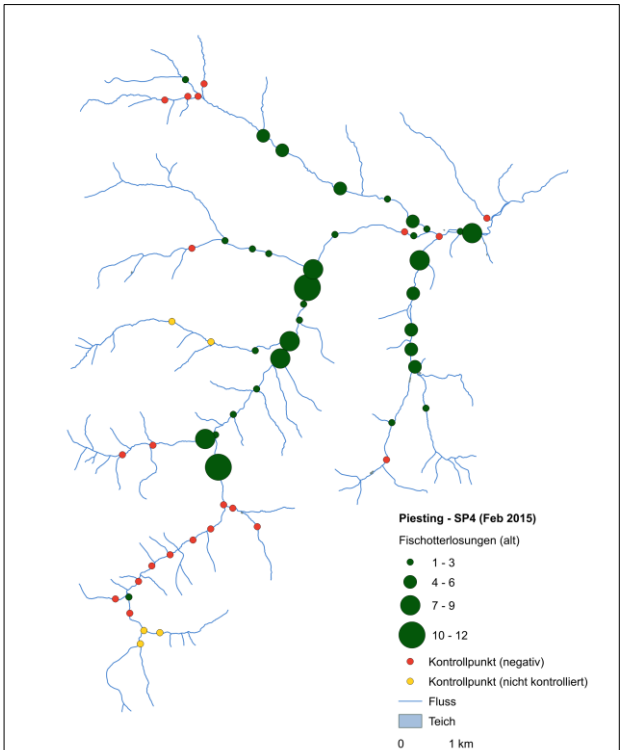


Abb. A70

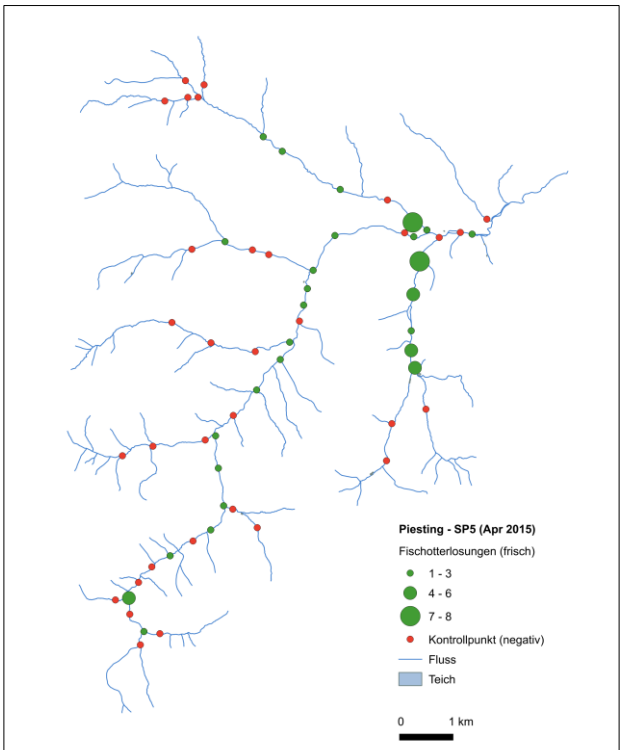


Abb. A71

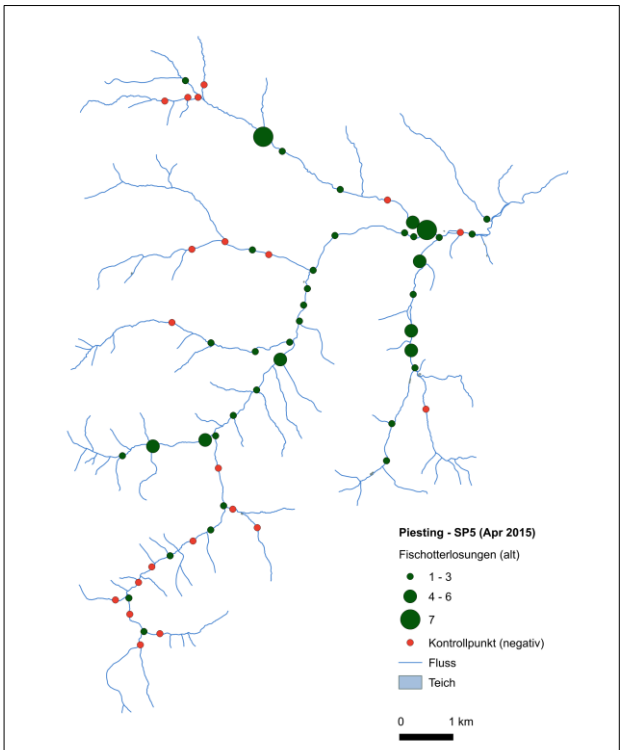


Abb. A72

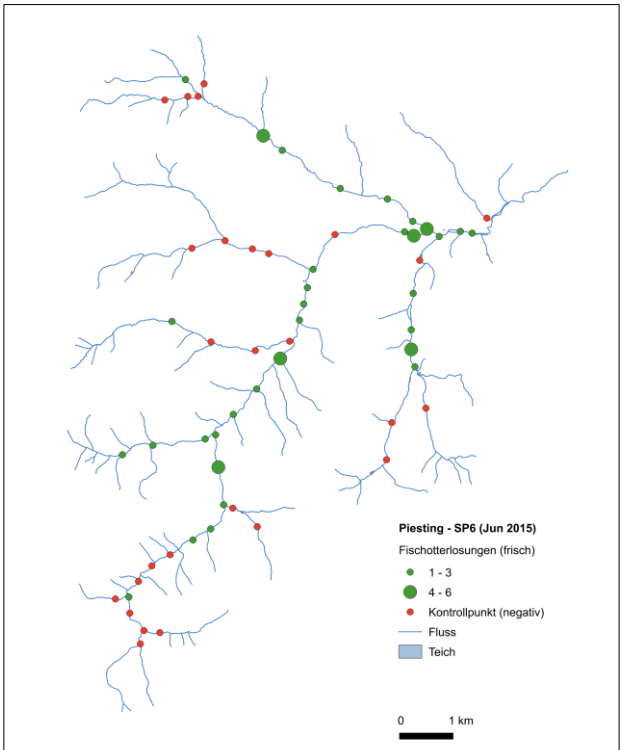


Abb. A73

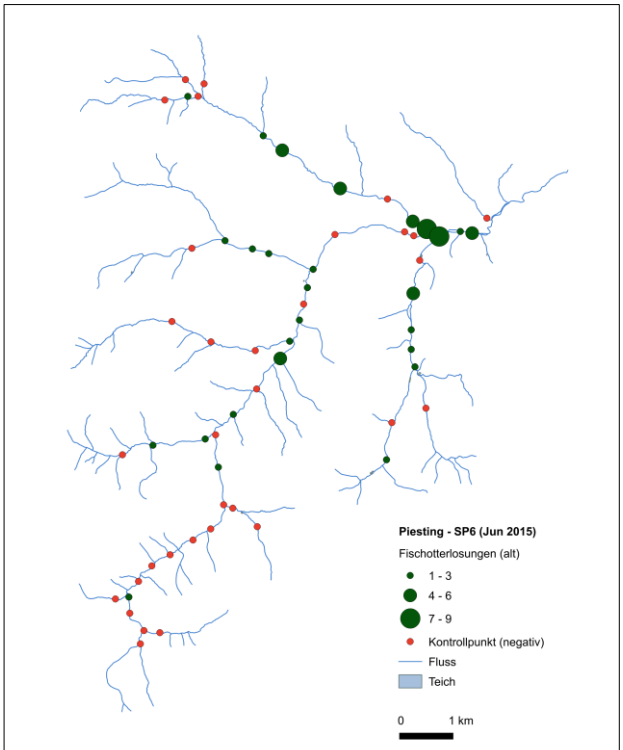


Abb. A74

<u>Abbildungen A75-A86</u>: Ois – Losungshäufigkeiten (frisch & alt) je Sammelperiode (SP1-6)

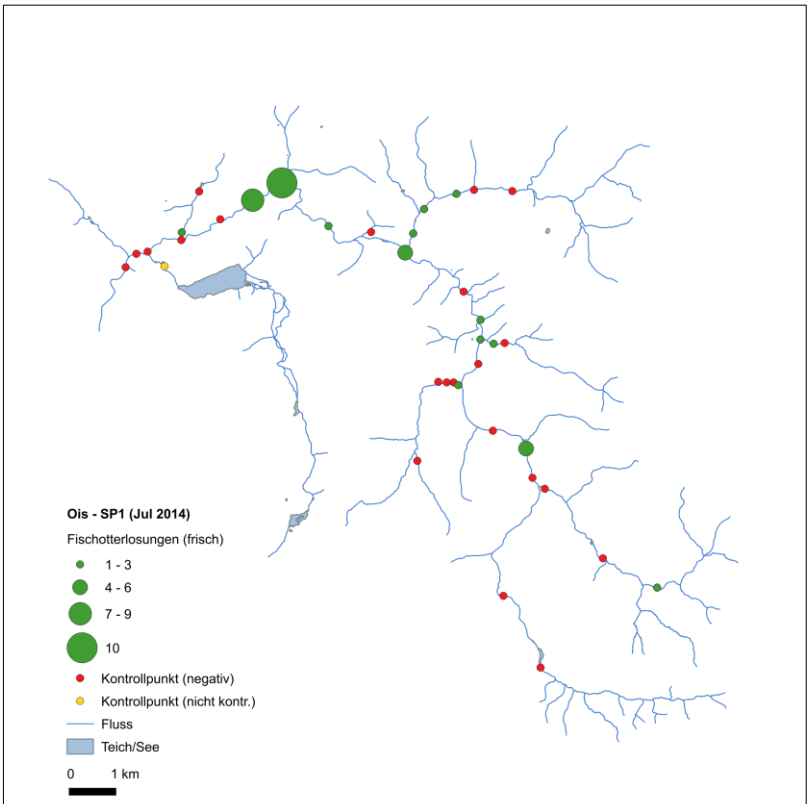


Abb. A75

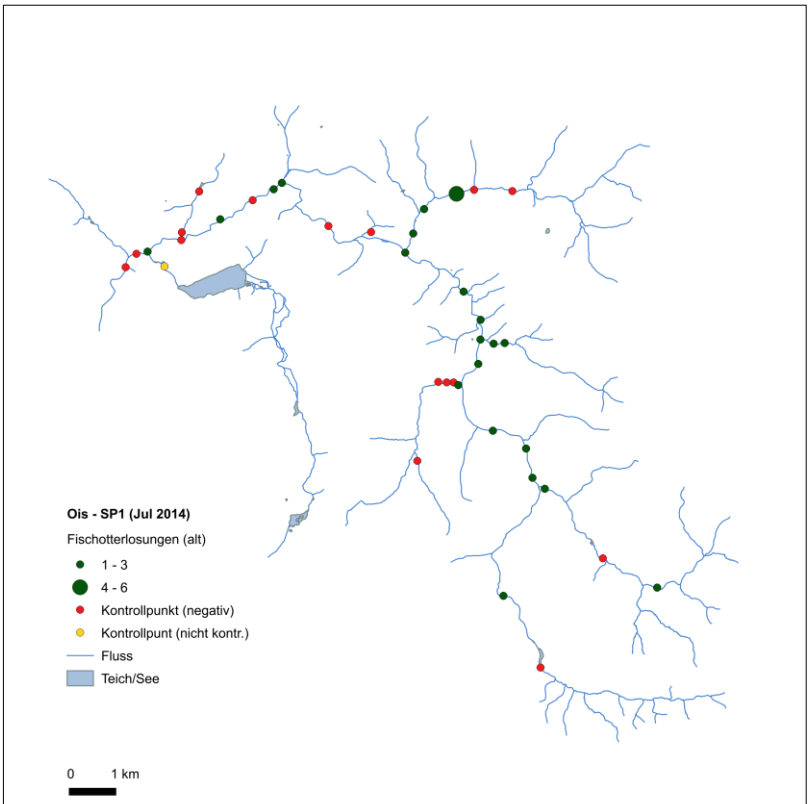


Abb. A76

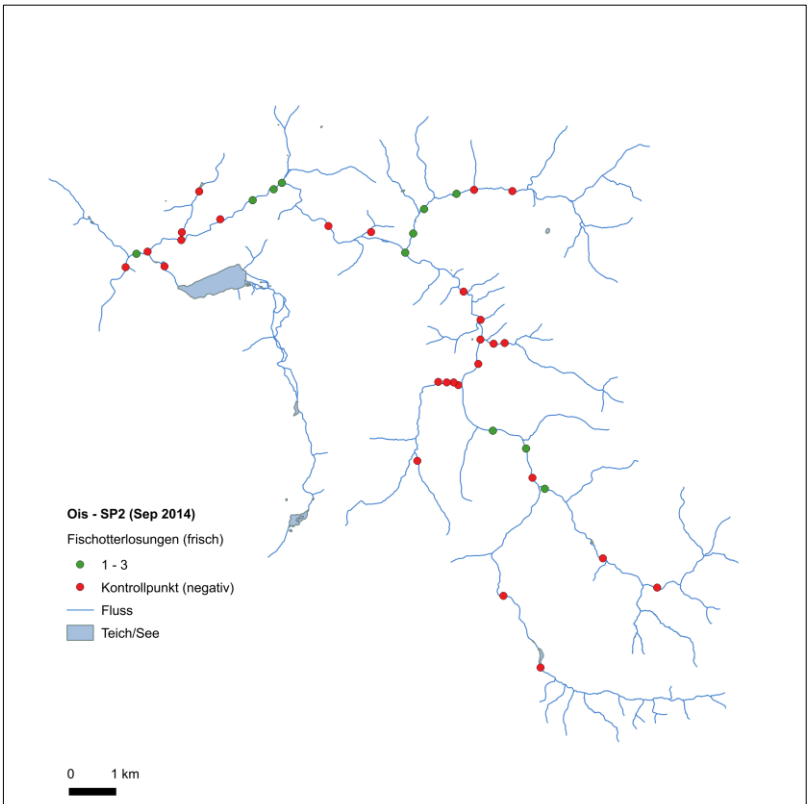


Abb. A77

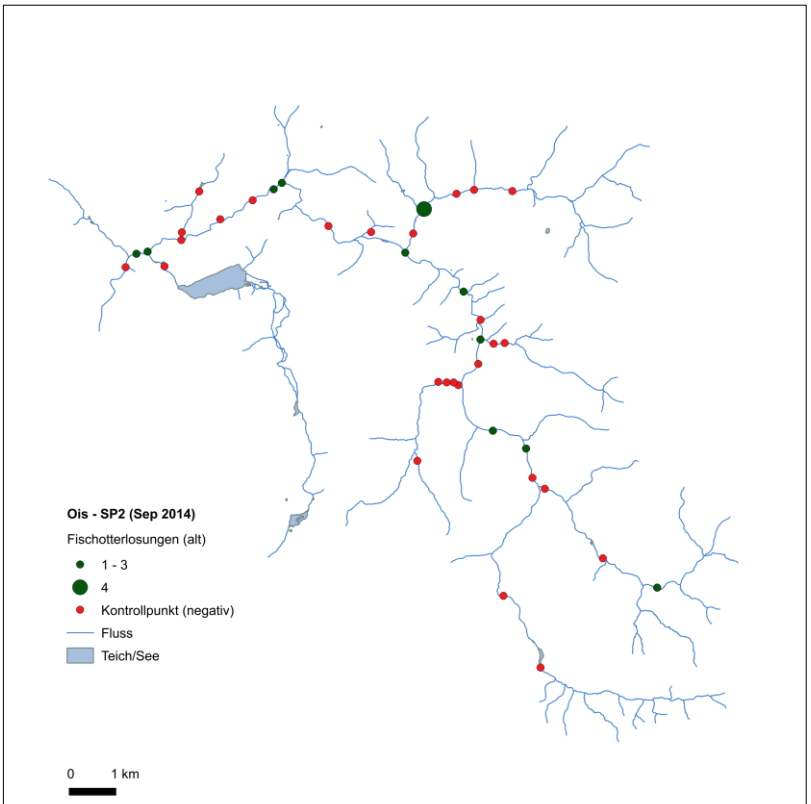


Abb. A78

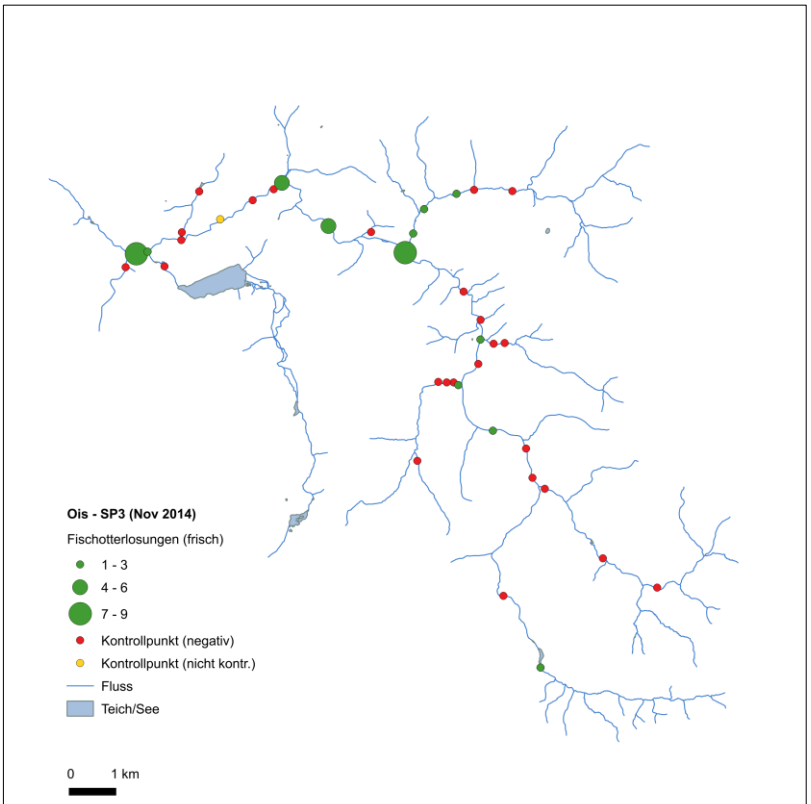


Abb. A79

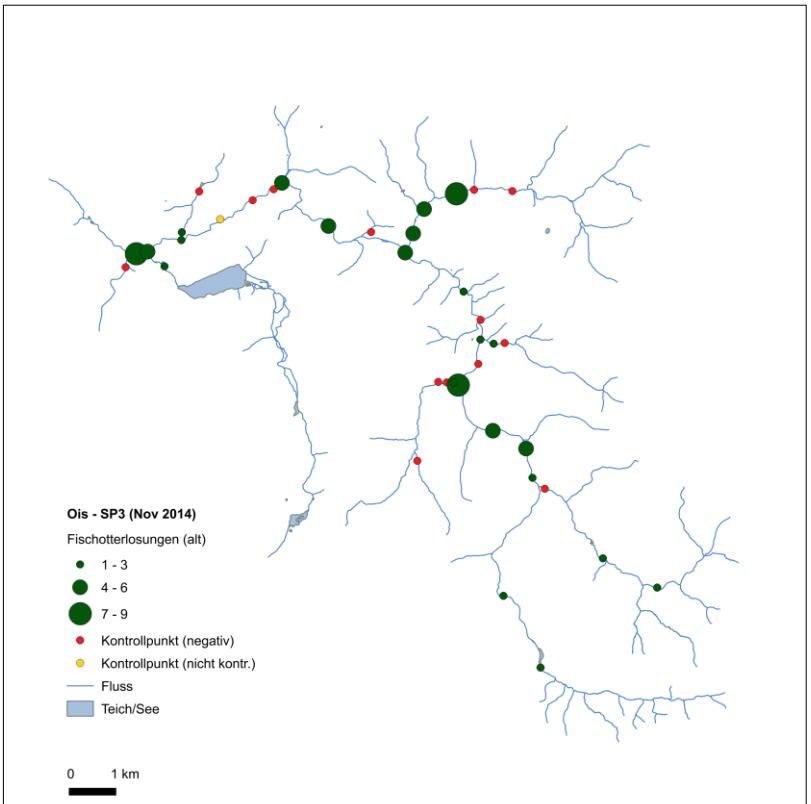


Abb. A80

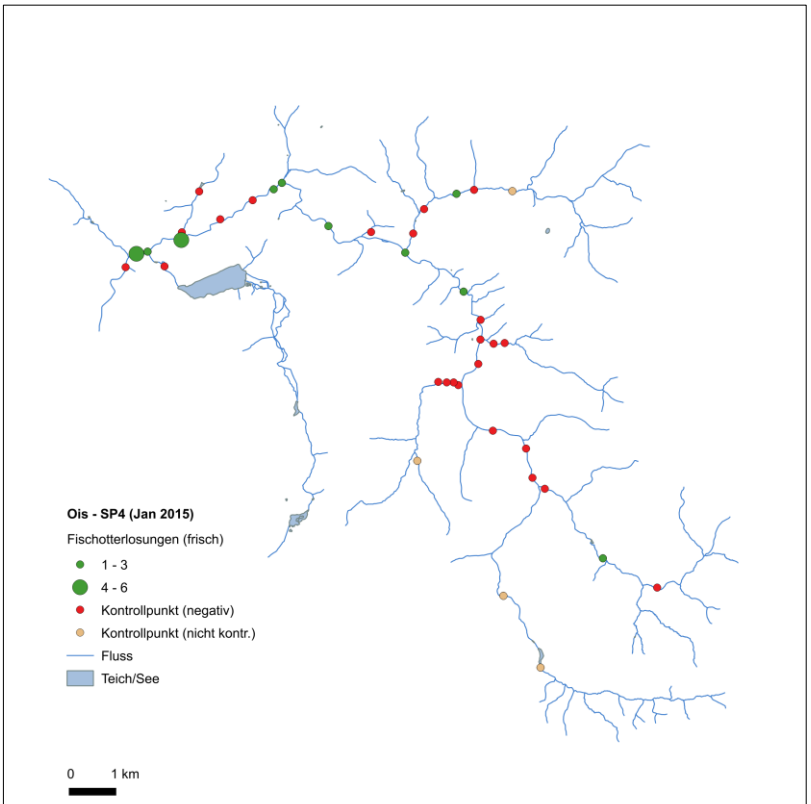


Abb. A81

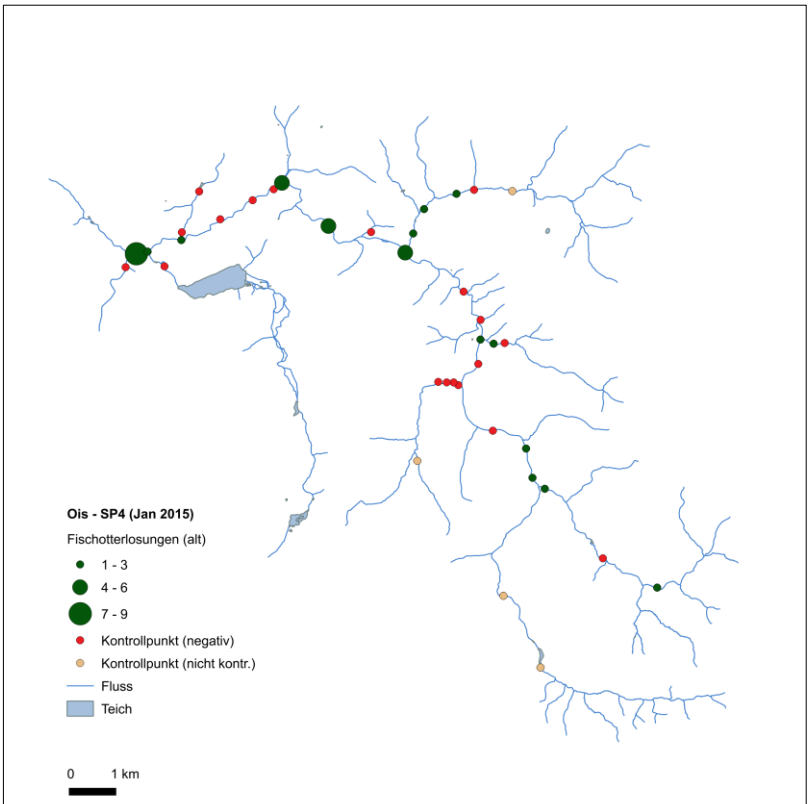


Abb. A82

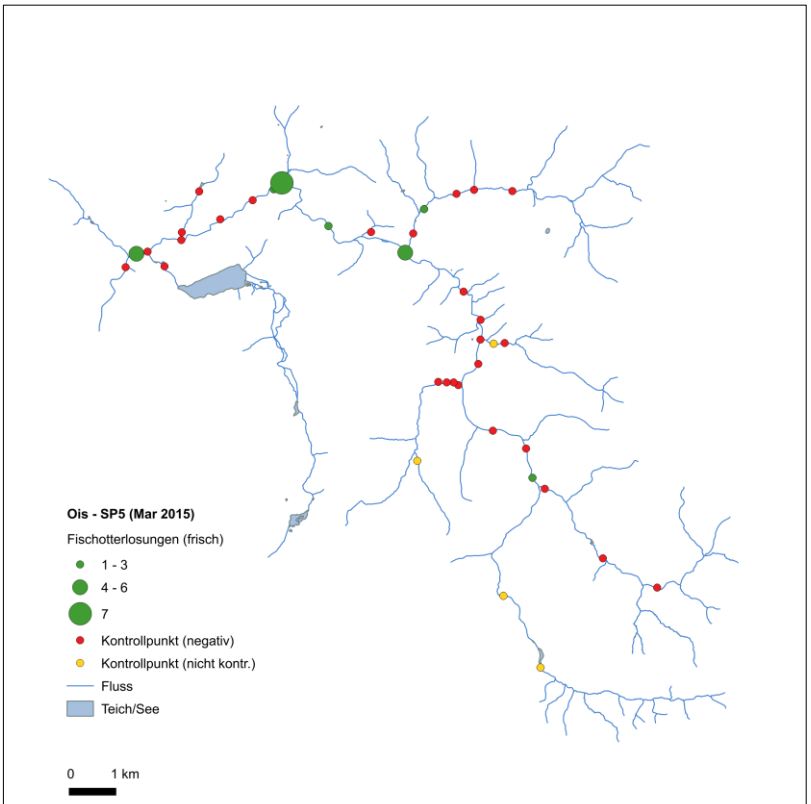


Abb. A83

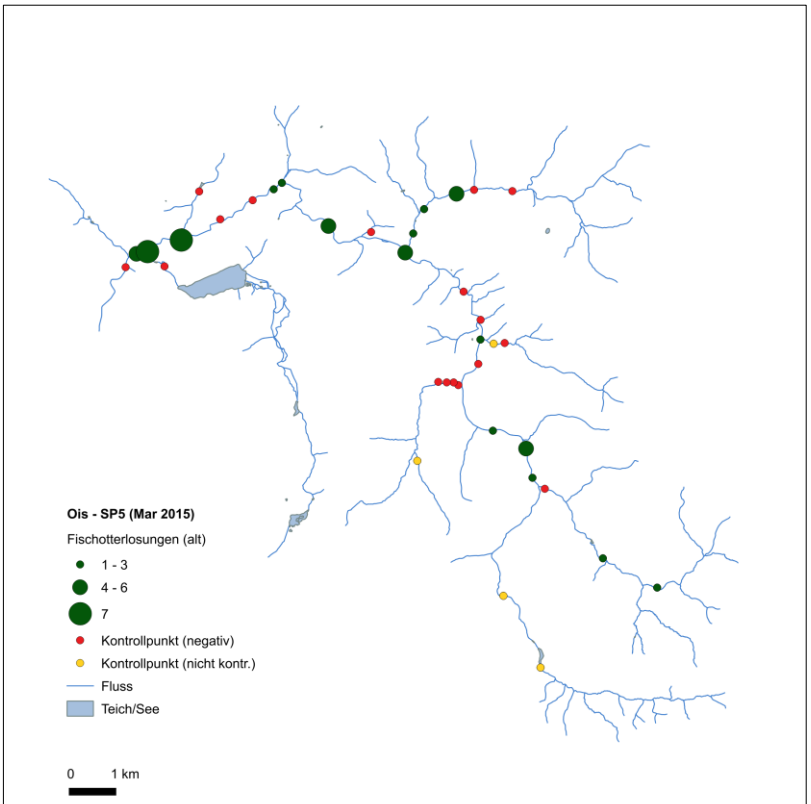


Abb. A84

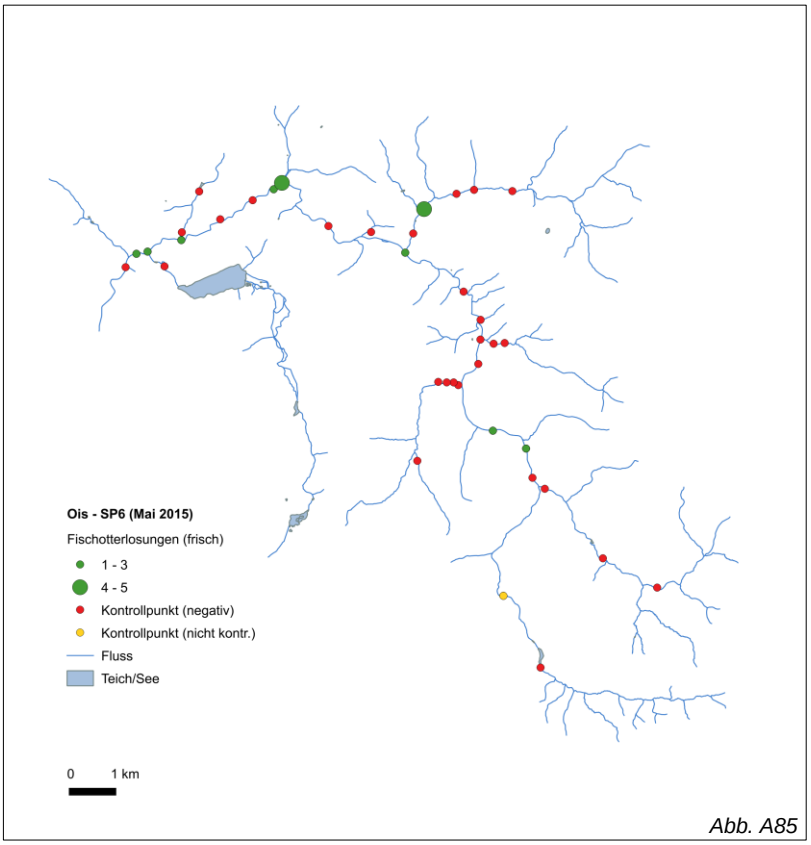


Abb. A85

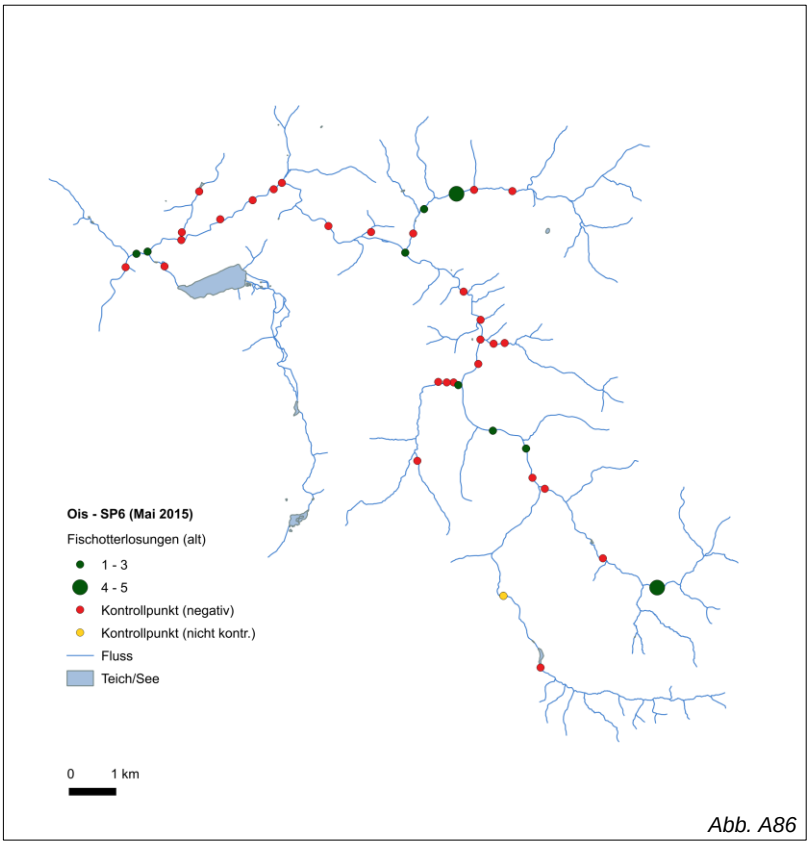


Abb. A86

<u>Abbildungen A87-A98</u>: Feistritz – Losungshäufigkeiten (frisch & alt) je Sammelperiode (SP1-6)

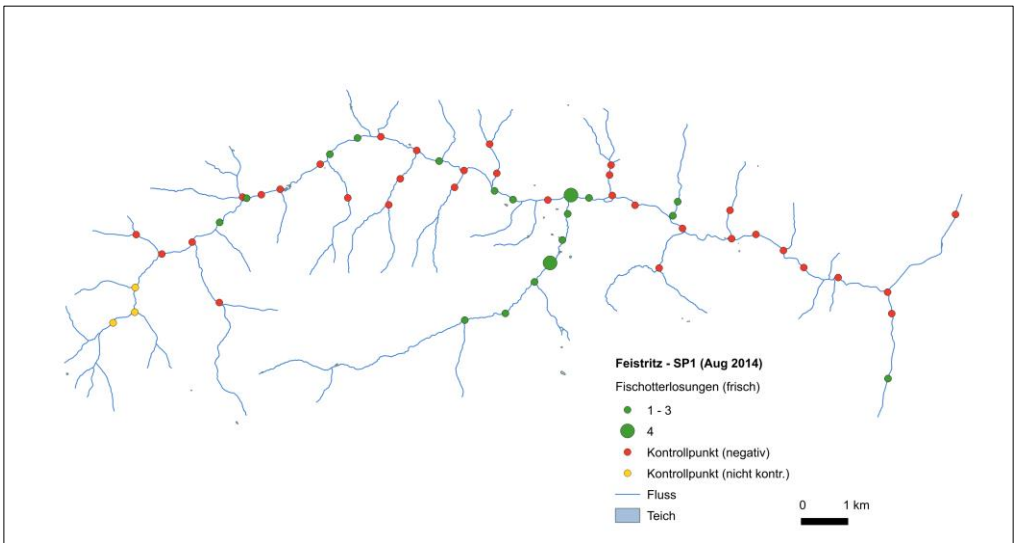


Abb. A87

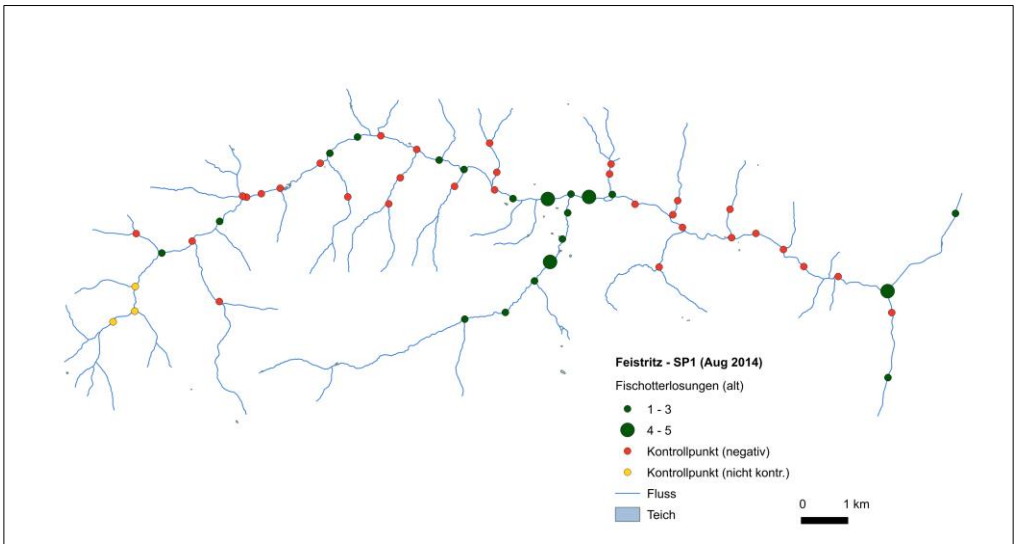


Abb. A88

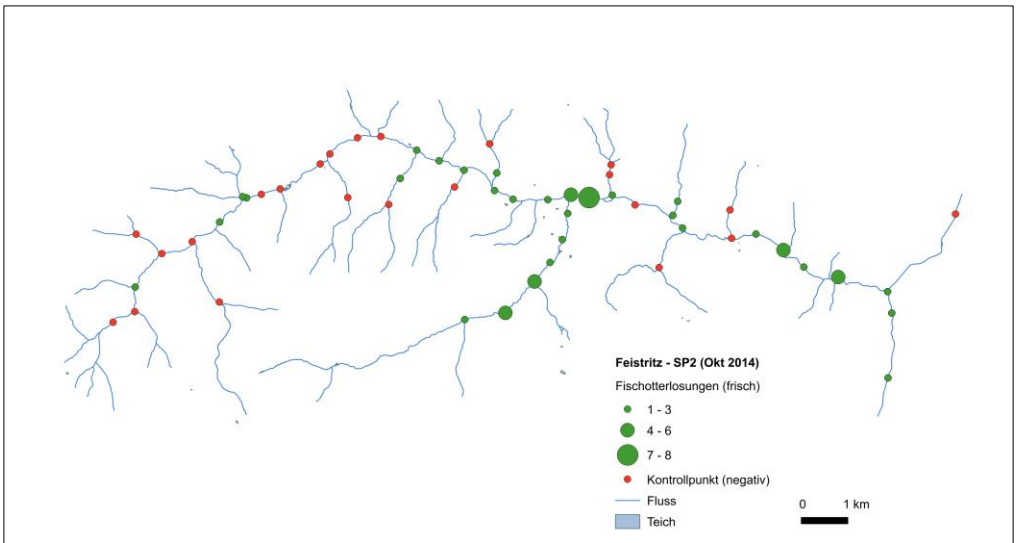


Abb. A89

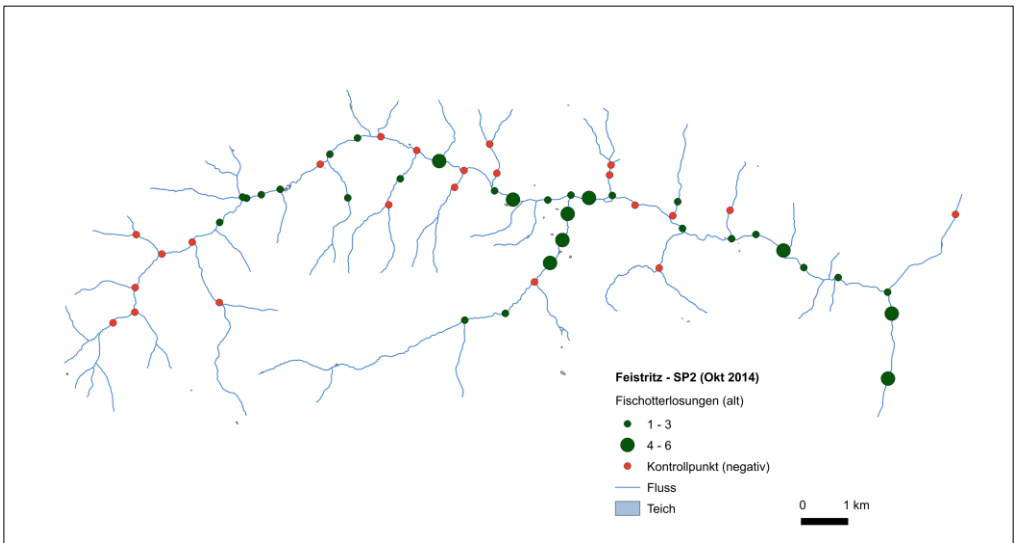


Abb. A90

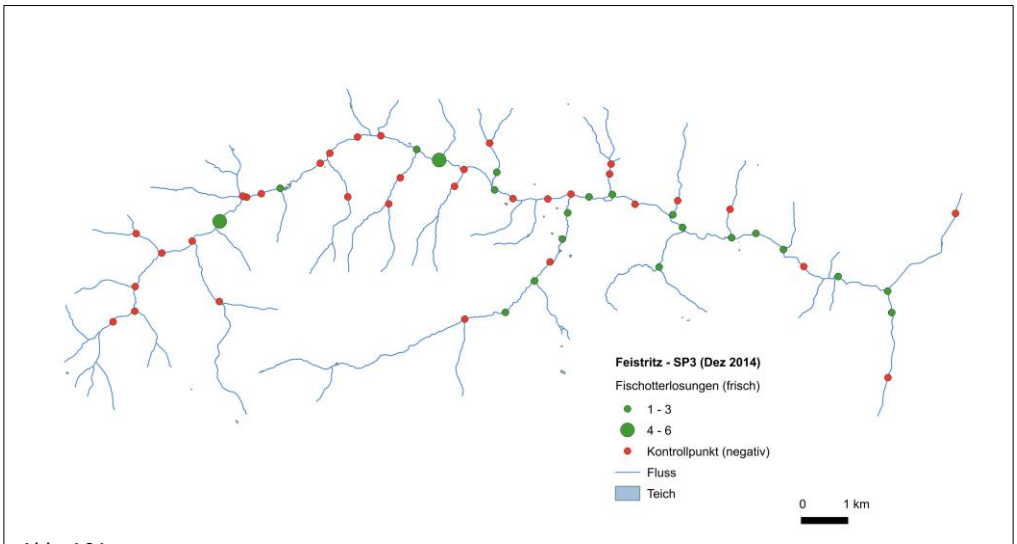


Abb. A91

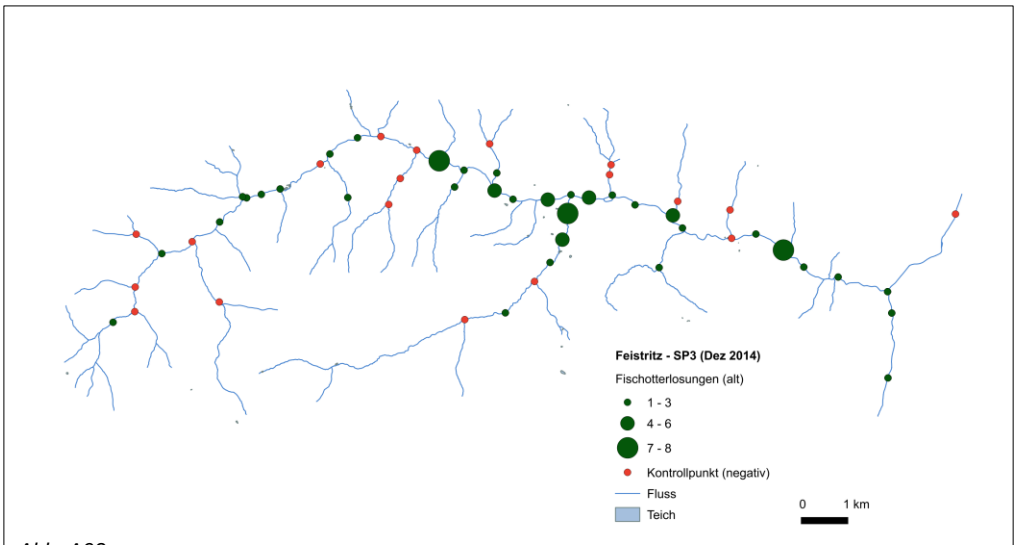


Abb. A92

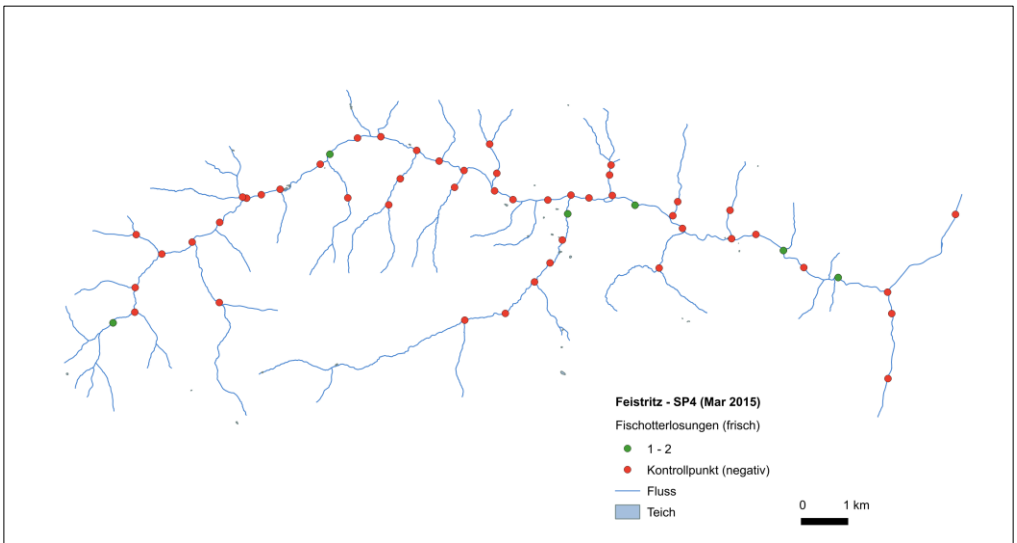


Abb. A93

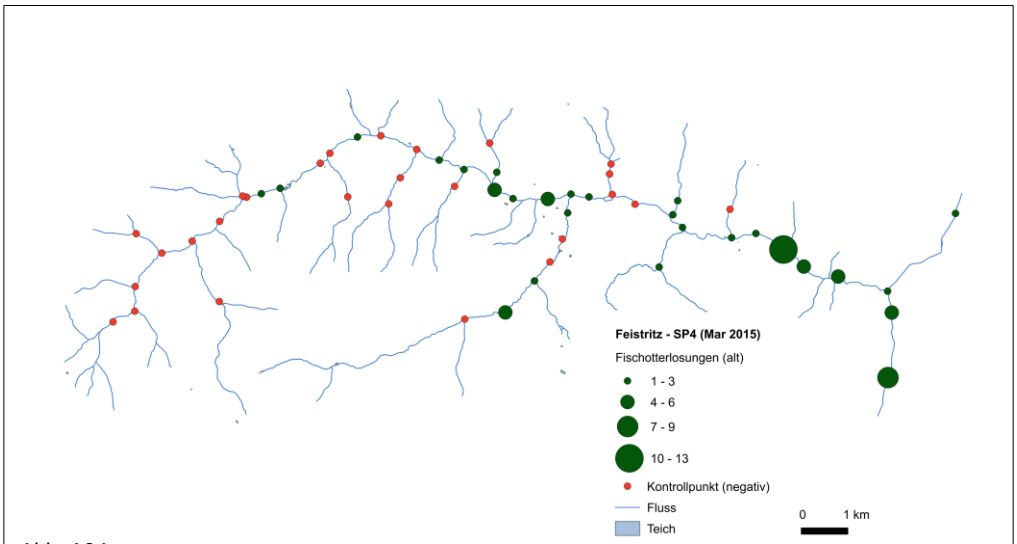


Abb. A94

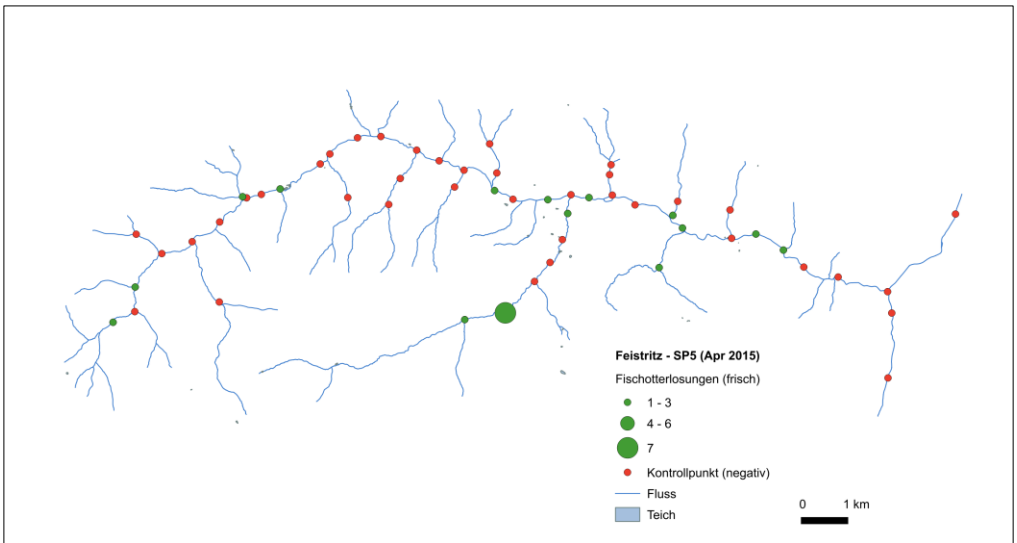


Abb. A95

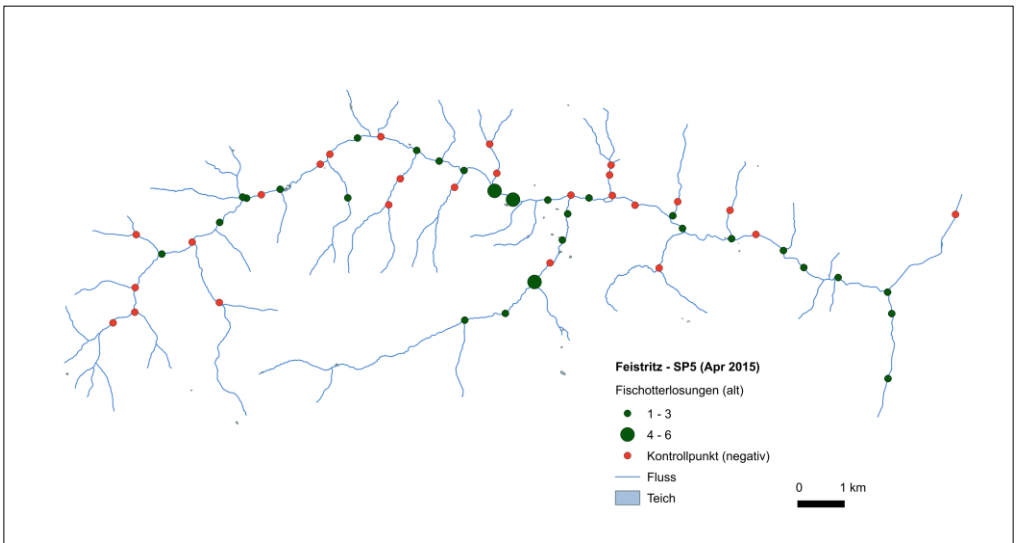


Abb. A96

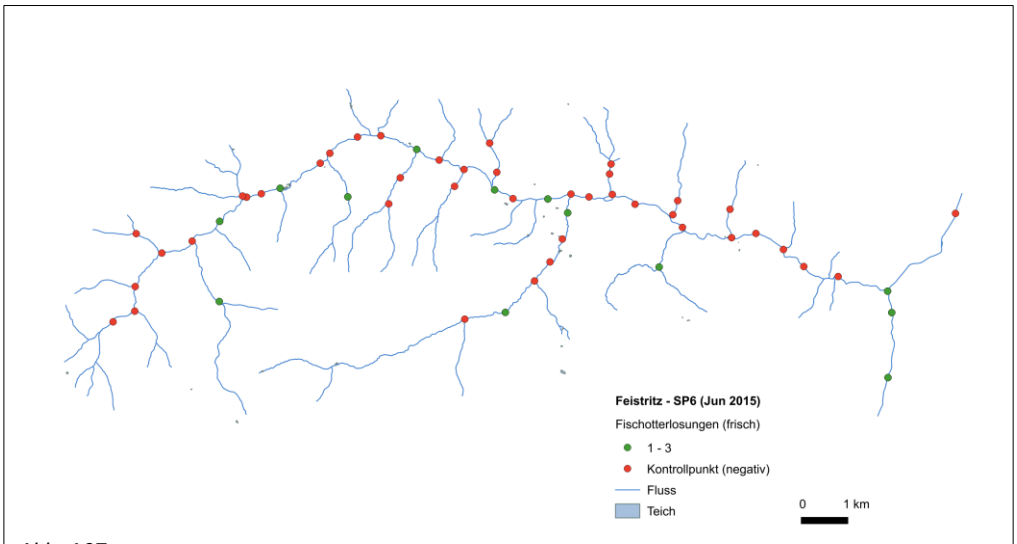


Abb. A97

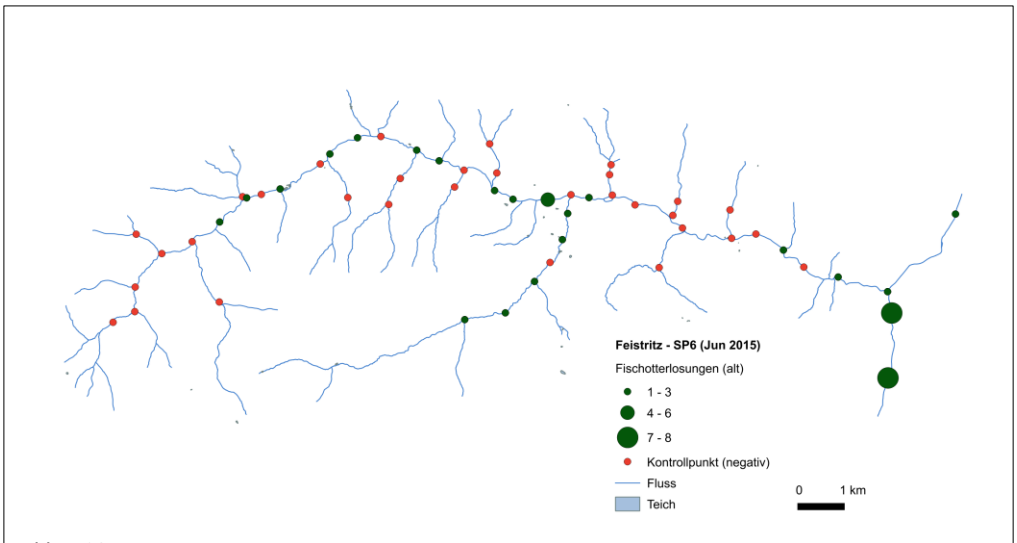


Abb. A98

<u>Abbildungen A99-A110</u>: Große Ysper – Losungshäufigkeiten (frisch & alt) je Sammelperiode (SP1-6)

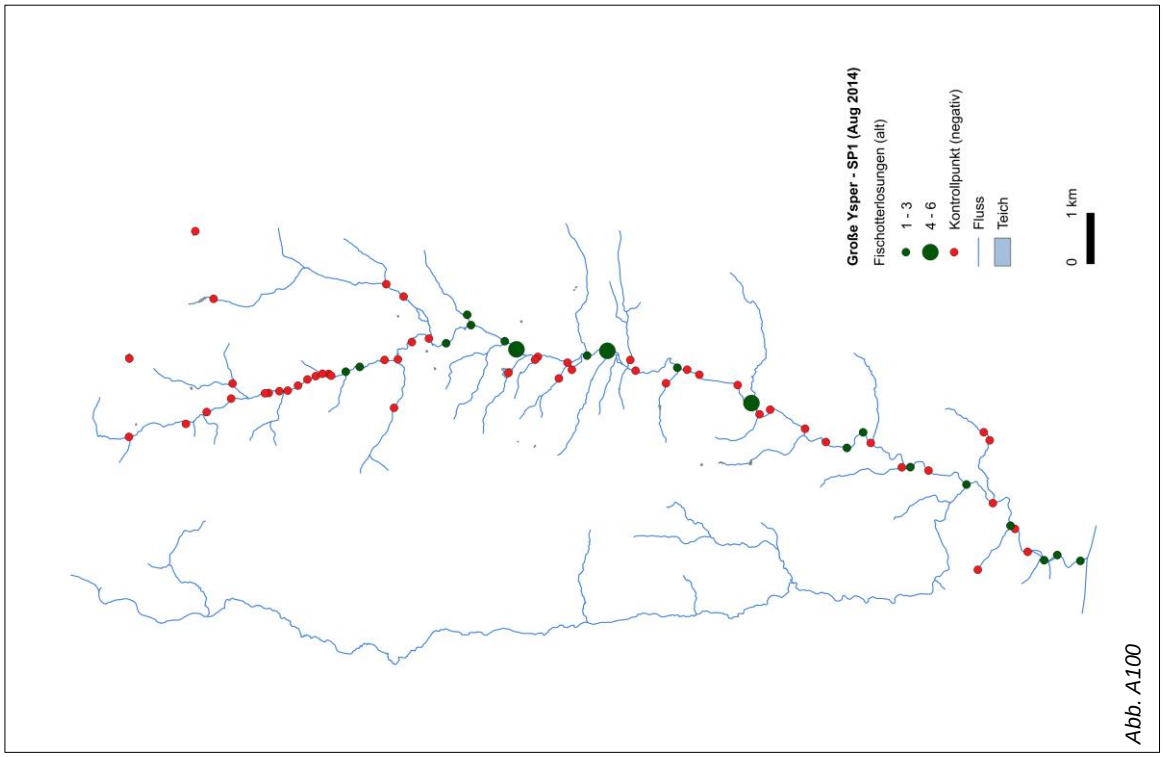


Abb. A100

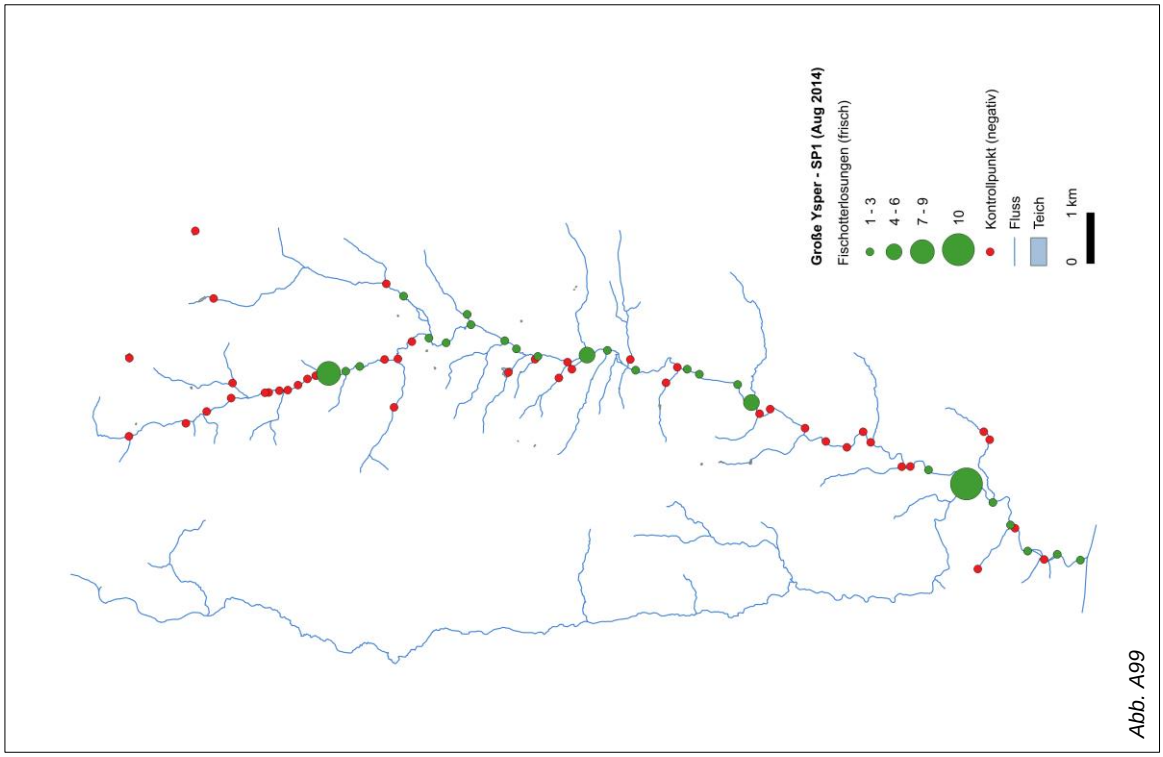


Abb. A99

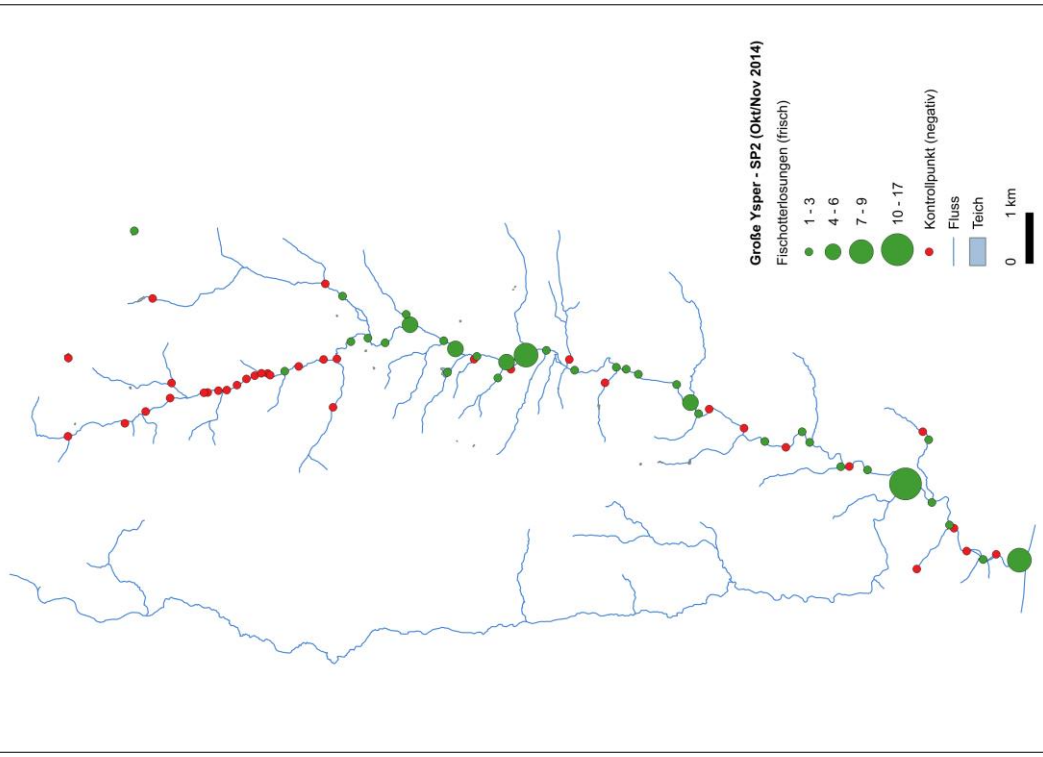


Abb. A101

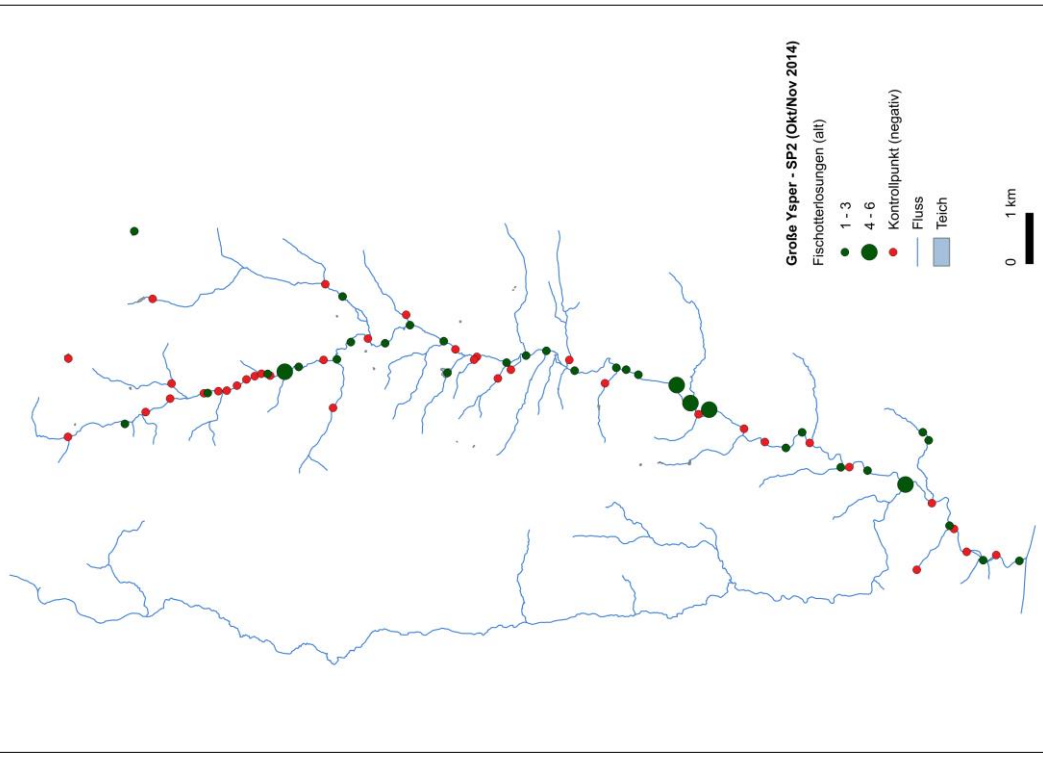


Abb. A102

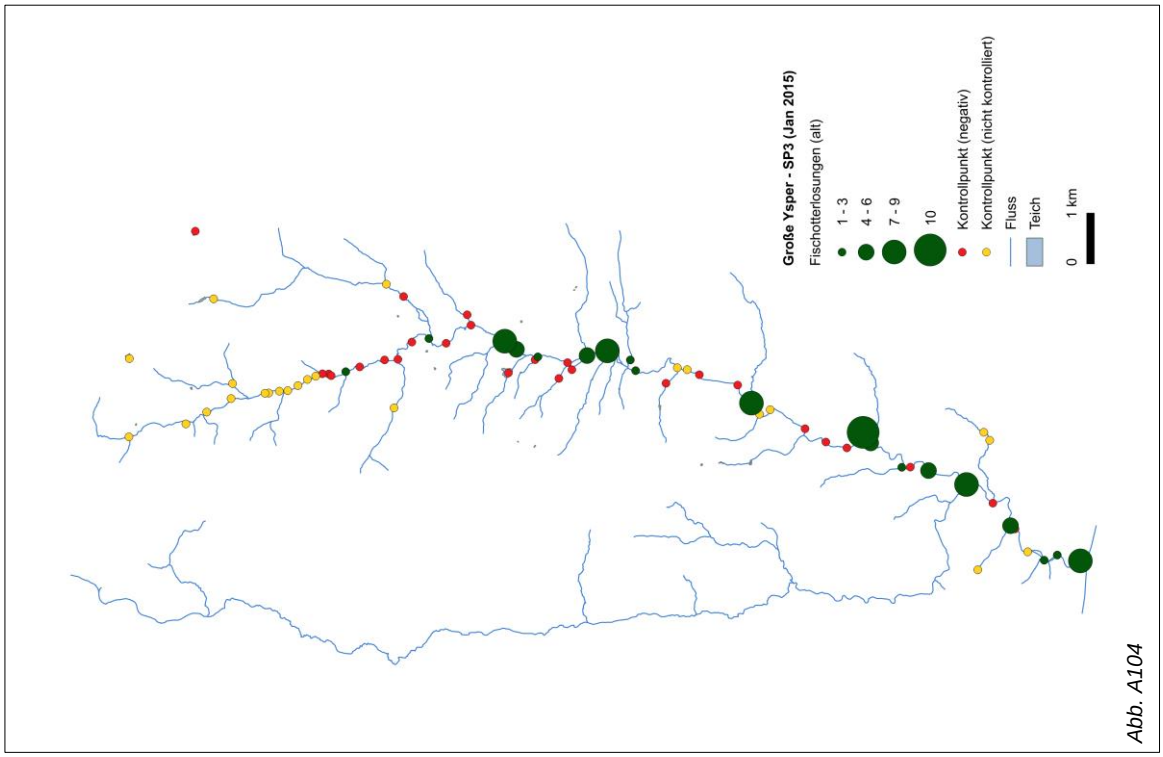


Abb. A104

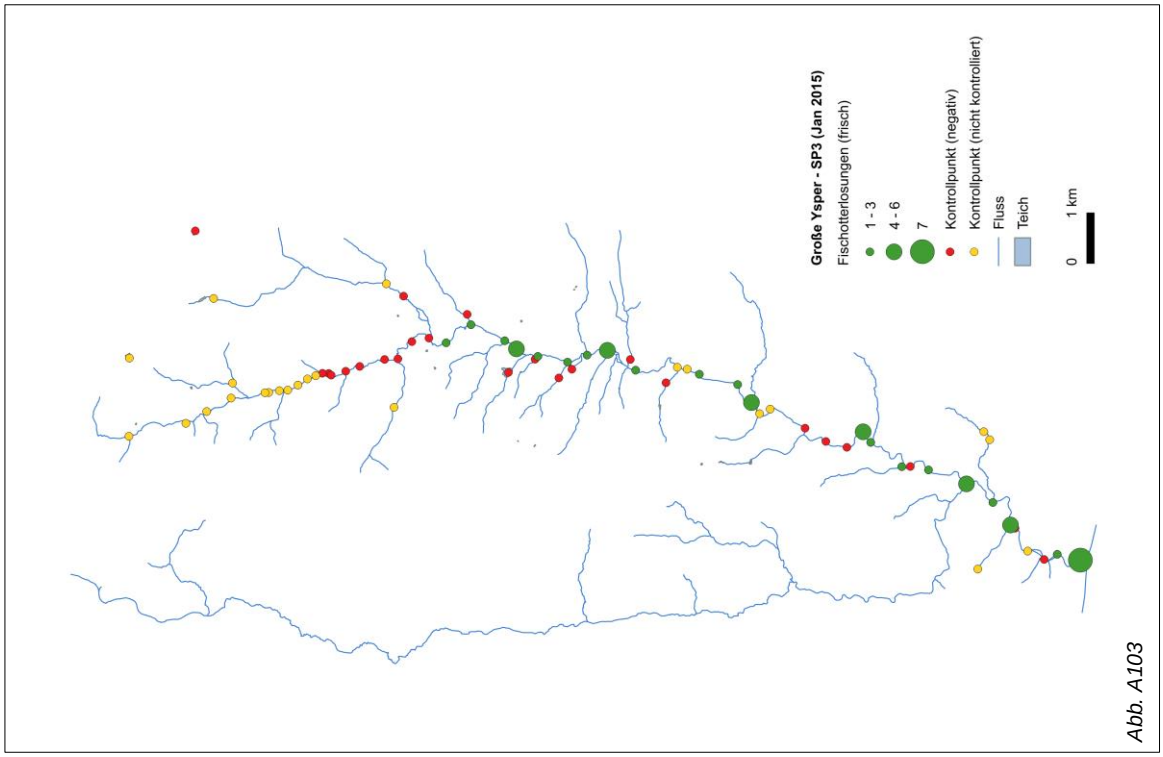


Abb. A103

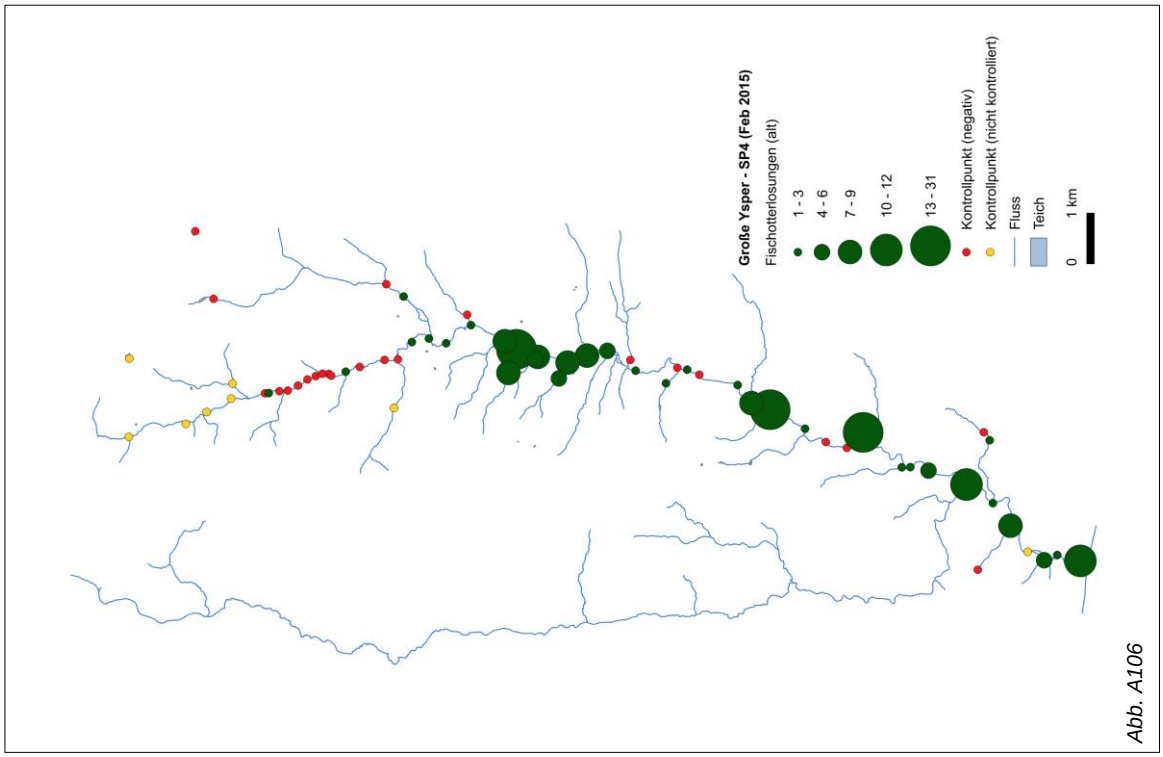


Abb. A106

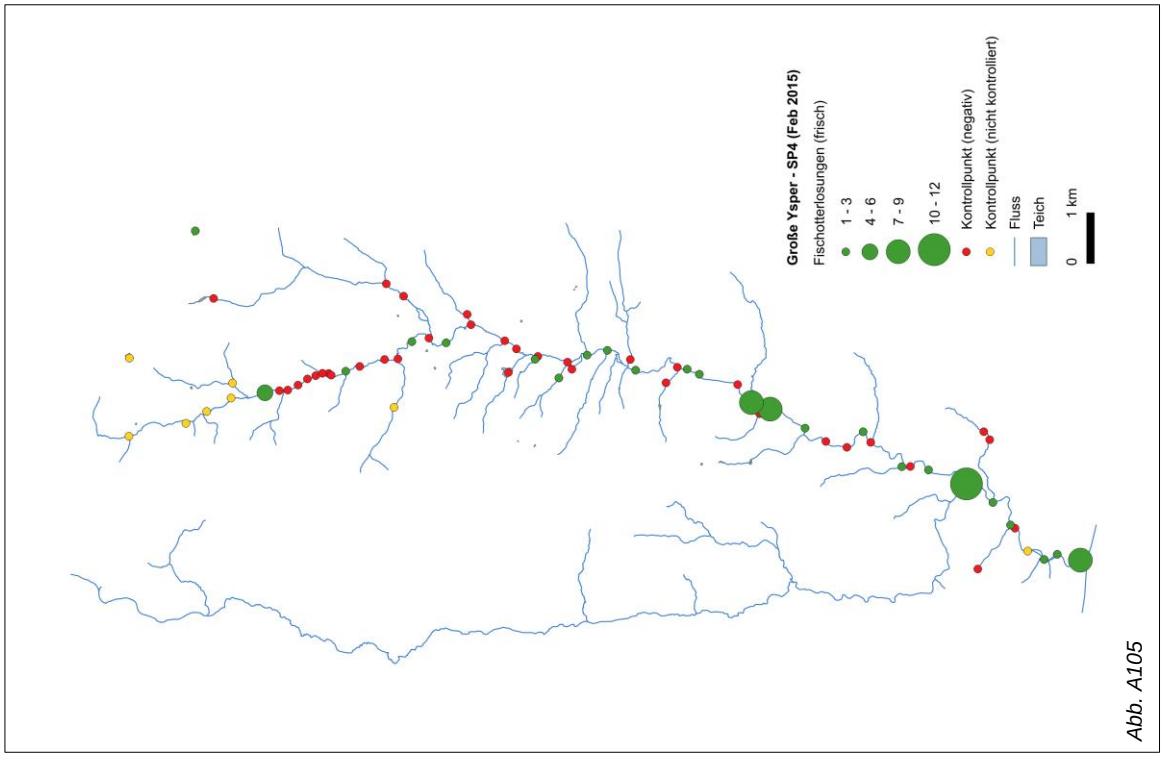


Abb. A105

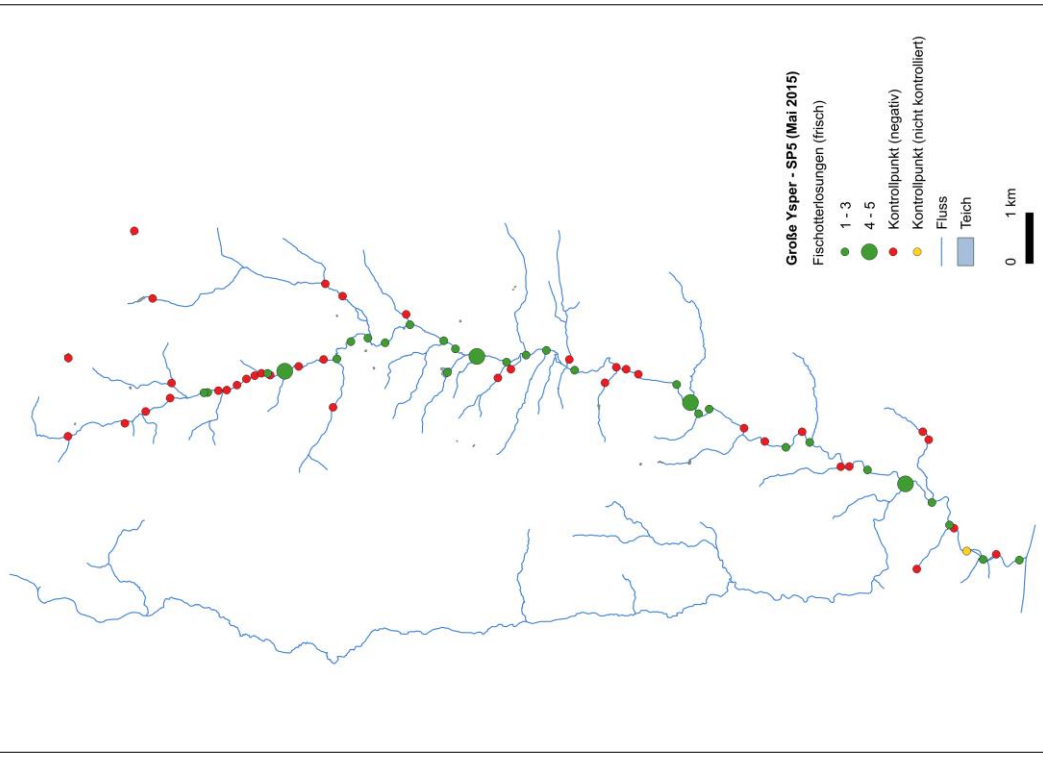


Abb. A107

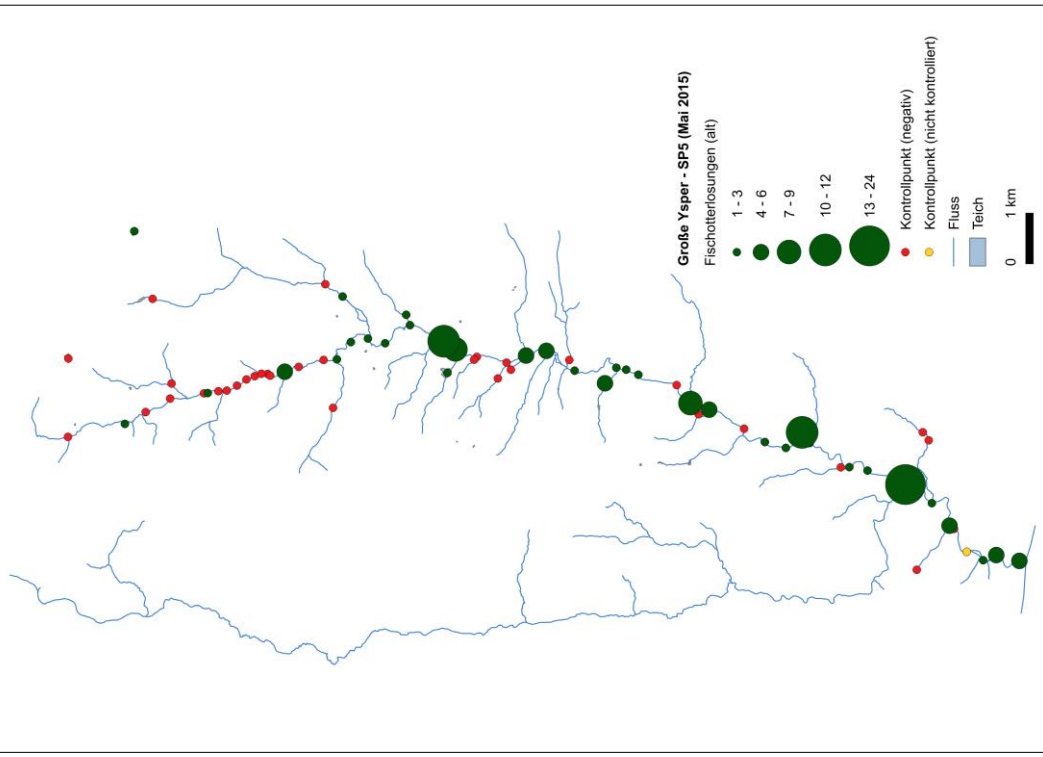


Abb. A108

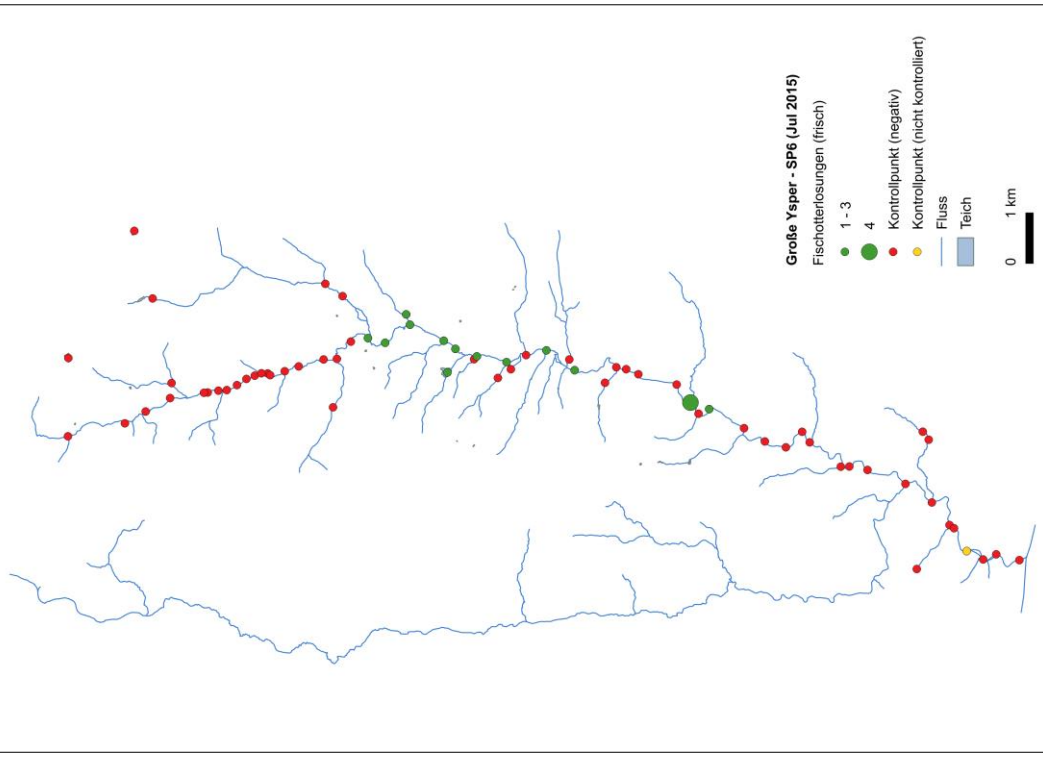


Abb. A109

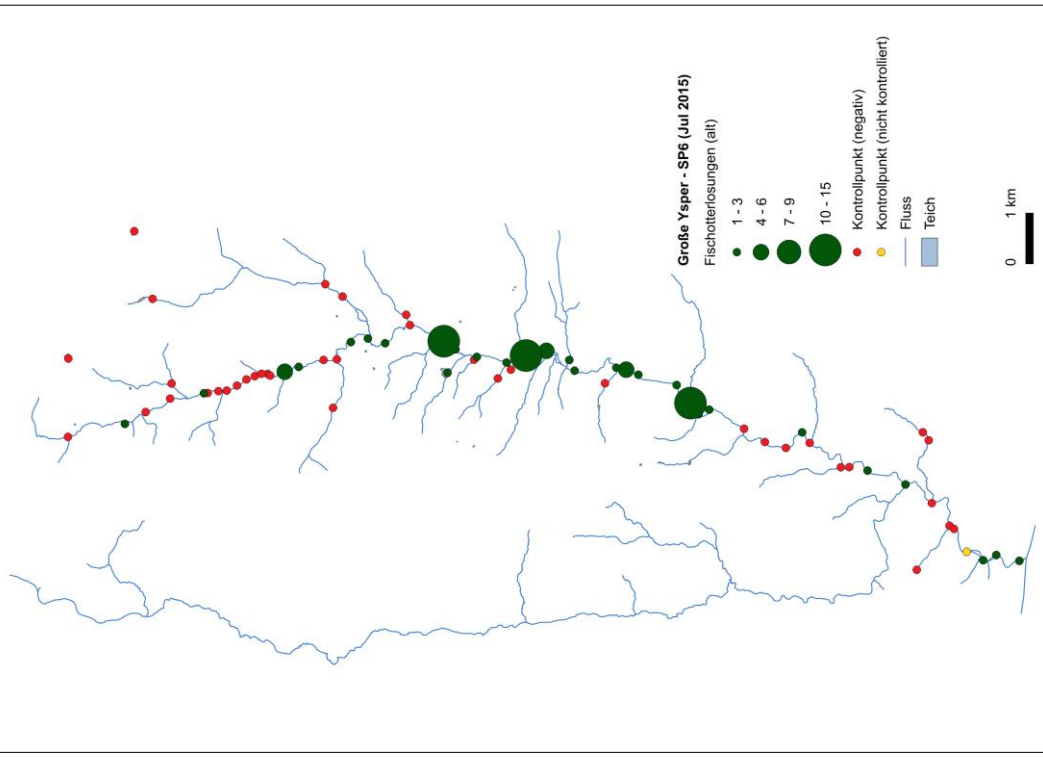


Abb. A110