

Abschlußbericht

für das Projekt

**Untersuchungen an freilebenden Fischottern
im Naturpark Nossentiner / Schwinzer Heide
(Mecklenburg-Vorpommern):
Individualerkennung mittels DNA-Analyse aus Kotproben**



Dr. Beate Kalz, Gesellschaft für Wildökologie und Naturschutz e.V., Simon-Dach-Str. 9, 10245 Berlin, Tel. 030 / 294 05 61, Fax: 030 / 294 920 13, e-Mail: bkalz@gmx.de

Ralf Koch, Förderverein Naturpark Nossentiner/Schwinzer Heide e.V., Ziegenhorn 1, 19395 Karow, Tel. 038 738 / 70 292, e-Mail: np.nsh@t-online.de

Inhalt

1.	Einleitung	2
2.	Material und Methode	3
3.	Ergebnisse der Untersuchungen anhand von DNA-Profilen und Hormonanalysen	5
3.1	Zuordnung der Proben zur Tierart	5
3.2	Anzahl nachgewiesener Tiere	6
3.3	Raumnutzung und Wanderbewegungen	6
3.4	Totfunde	6
3.5	Anzahl in einem Jahr nachgewiesener Tiere	6
3.6	Reproduktion	6
3.7	Verwandtschaft	7
3.8	Populationsdichte	7
3.9	Populationsstruktur	7
3.10	Fang-Wiederfang-Methode	8
3.11	Vergleich der Methoden zur Populationsanalyse	9
3.12	Verhalten freilebender Fischotter an einer Markierungsstelle	10
3.13	Tiermedizinische und parasitologische Untersuchungen	11
4.	Fehlerdiskussion	13
5.	Einschätzung der Methode bezüglich der Eignung für Monitoringverfahren	14
6.	Arbeitsplan für Monitoring-Projekte	18
7.	Literatur	20
8.	Danksagung	26
Abb. 1	Beispiele für die Erstellung individueller DNA-Profile	27
Abb. 2	Auswertung der Hormonanalysen	28
Abb. 3	Anzahl nachgewiesener Fischotter je Markierungsstelle	29
Abb. 4	Wiederfunde an gleicher Probenstelle	30
Abb. 5	Vergleich Nachweis reproduktiver Tiere und vorher geschätzte Reproduktionsgebiete	31
Abb. 6	Genetische Gruppen für Populationsanalysen	32
Abb. 7	Bewegungen zwischen verschiedenen Markierungsstellen	33

1. Einleitung

Der Eurasische Fischotter, *Lutra lutra* (L., 1758), ist eine der seltensten und bedrohtesten Tierarten in Europa. Er wird im Washingtoner Artenschutzabkommen und in der Berner Konvention in der höchsten Schutzkategorie geführt (Müller-Stiess & Ansorge 1996). Der Fischotter ist in den Anhängen 2 und 4 der Flora-Fauna-Habitat-Richtlinie aufgeführt und damit eine „Art von gemeinschaftlichem Interesse, die streng zu schützen ist“ (FFH-Richtlinie 1992). Nach der „Roten Liste der gefährdeten Wirbeltiere Deutschlands“ (Nowak et al. 1994) steht der Fischotter in der Kategorie 1 (vom Aussterben bedroht), in den Roten Listen der einzelnen Bundesländer wird er unter Kategorie 0 (ausgestorben oder verschollen) oder Kategorie 1 geführt. Lediglich in Mecklenburg-Vorpommern ist der Fischotter in der Kategorie 2 (stark gefährdet) gelistet (Labes 1991). In den meisten westeuropäischen Ländern ist diese Art innerhalb weniger Jahrzehnte so plötzlich verschwunden, wie dies bei kaum einer anderen Säugetierart beobachtet werden konnte. Die in letzter Zeit gelegentlich gemeldete Erholung einzelner Bestände (Boye 1997, Hertweck 1999) ist eher skeptisch zu betrachten – häufigere Nachweise könnten auch auf eine intensivere Suche nach hinterlassenen Spuren, verfeinerte Nachweismethoden oder auf höhere Mobilität der Tiere durch verschlechterte Lebensbedingungen zurückzuführen sein (Mühlenberg 2001).

Die Rückgangsursachen sind komplexer Art. Während direkte Verfolgung durch gezielte Jagd nicht mehr vorkommt und auch die unbeabsichtigte Tötung durch Totschlagfallen und Fischreusen rückläufig ist (Stubbe 1993, Binner 1997), wird die Belastung durch sich im Tier akkumulierende Umwelttoxine weiterhin diskutiert (Macdonald 1995, Reuther & Mason 1992, Weber 1992). Als wichtigste Gefährdungsursache jedoch erscheinen der zunehmende Straßenverkehr, der Ausbau von Straßen und Gewässern sowie die steigende Zersiedlung und intensivierete Nutzung der Landschaft durch Landwirtschaft und Tourismus (Binner 1997, Boye et al. 1997, Dolch et al. 1992, Henle et al. 1999, Hertweck et al. 1999, Müller-Stiess & Ansorge 1996, Nowak et al. 1994, Stubbe 1993).

Obwohl europaweit zahlreiche engagierte Forschungsprojekte am Fischotter durchgeführt werden, ist der Kenntnisstand, verglichen mit dem bei anderen Tierarten, immer noch gering. Selbst in sehr gut untersuchten Gebieten gibt es große Unterschiede in der Bestandsschätzung und divergierende Angaben zur Bestandsentwicklung; auch über individuelle Lebensraumansprüche weiß man sehr wenig. Ursache für den unzureichenden Kenntnisstand ist vor allem die Tatsache, dass die meisten gängigen wildbiologischen Methoden wie optische Individuenerkennung bei Direktbeobachtungen, Markierungen durch Tiermarken oder Funkpeilung (Telemetry) beim Fischotter kaum angewandt werden können (Kalz & Fickel 2003). Deshalb können Fragen z.B. nach den Auswirkungen von Bauprojekten, wasserwirtschaftli-

chen Maßnahmen, Landschaftsveränderungen, aber auch Schutz- und Vernetzungsmaßnahmen auf die Entwicklung der Otterpopulationen nicht ausreichend beantwortet werden, obwohl durchaus Bereitschaft besteht, bei Planungsvorhaben auf den Fischotterschutz Rücksicht zu nehmen.

Um Fischotter individuell unterscheiden und damit belastbare Daten zur Population eines Gebietes zu erhalten, wurde im IZW eine neue Nachweismethode entwickelt und beispielhaft im Naturpark Nossentiner / Schwinzer Heide angewendet. Es handelt sich um ein nicht-invasives (störungsfreies) Verfahren, bei dem Kotproben freilebender Fischotter verwendet werden, um individuelle DNA-Profile der Tiere zu erstellen. Kotproben können relativ leicht gewonnen werden, da Fischotter regelmäßig an auffälligen Geländepunkten markieren, um ihre Anwesenheit und ihren hormonellen Status anderen Tieren der Population anzuzeigen (Gorman & Trowbridge 1996). Frischer Kot enthält Darmzellen seines Verursachers, die als Material zur DNA-Extraktion dienen. Bei der Analyse der gewonnenen Proben wird ein art-spezifischer Fischotter-Testkit verwendet.

Ziel der vorliegenden Studie war es, die Anwendbarkeit der einzelnen Methoden in Bezug auf wild lebende Otter zu testen und Empfehlungen für das Design späterer Untersuchungen zu geben. Dabei wurde der Naturpark Nossentiner / Schwinzer Heide als Modell-Gebiet flächendeckend untersucht, um die Populationsgröße und –zusammensetzung der dort lebenden Fischotter-Population zu ermitteln. Außerdem wurde die Erfassung und Auswertung der Totfunde und der Tierbewegungen individuell erkennbarer Tiere genutzt, um das vom Straßenverkehr ausgehende Gefahrenpotential für den Bestand der Fischotter-Population zu erkennen und zu verringern.

2. Material und Methode

Es wurde mittels Mitochondrien-DNA-Analyse (cyt b, d-loop) ermittelt, ob es sich bei allen gesammelten Proben tatsächlich um Fischotter-Proben handelte. Ein Verwechslung von Fischotter-Kot z.B. mit solchem vom Mink (*Mustela vison*) erschien nicht ausgeschlossen. Als Referenz wurden drei Totfunde vom Mink sowie die Einträge aus der Gendatenbank verwendet.

Zur Unterscheidung der Individuen werden „genetische Merkmale“ benutzt, die für den Phänotyp des Tieres keine Bedeutung haben. Während beim ursprünglichen „Fingerprinting“ alle zu vergleichenden Proben gleichzeitig getestet werden müssen, hat sich inzwischen für viele Fragestellungen die Mikrosatelliten-Analyse-Technik durchgesetzt. Sie arbeitet mit spezifi-

schen Markern (sog. Mikrosatelliten), die für jede Tierart eigens bestimmt werden müssen. Mikrosatelliten enthalten nicht-codierende repetitive (d.h. sich mehrfach wiederholende) DNA-Sequenzen. Da die betreffenden Sequenzen weder den Phänotyp (= Aussehen) noch den biochemischen Stoffwechsel des Tieres beeinflussen, unterliegen sie keinem evolutivem Druck und können in einer großen Variationsbreite vorkommen. Die Anzahl dieser Wiederholungen ist bei den einzelnen Individuen der gleichen Art unterschiedlich. Da jedes Individuum mit den Chromosomen je eine Mikrosatelliten-Variante, ein sogenanntes Allel, vom Vater und von der Mutter erbt, kann es maximal 2 Allele pro Marker besitzen. Waren vererbtes väterliches und mütterliches Allel identisch, besitzt der Nachkomme nur ein Allel (in doppelter Ausführung). Mit einer artspezifischen DNA-Sonde (Primer) werden die entsprechenden Allele aus der Gesamt-DNA herausgesucht. Deshalb ist es irrelevant, ob die Probe Fremd-DNA aus Nahrung, Pflanzenteilen oder zersetzenden Organismen (Bakterien, Insekten) enthält.

Ist ein Testkit entwickelt, kann die Methode standardisiert und das Ergebnis digitalisiert werden, so dass Proben beliebig miteinander verglichen werden können. Mikrosatelliten-Testkits wurden in den letzten Jahren für verschiedene Tierarten entwickelt, u.a. auch für den Europäischen Fischotter (Dallas 1998 & 2000). Man erhält individuell unterscheidbare Muster für jedes Tier, die in einer Datenbank gespeichert und mit späteren Ergebnissen verglichen werden. (Abb. 1, S. 27)

Von Oktober 2001 bis März 2004 wurden 110 Markierungsstellen an 5 aufeinanderfolgenden Tagen pro Monat beprobt, dabei wurden monatlich mindestens 30 Proben gesammelt. Zur Probenahme wurde die obere, Darmzellen enthaltende Schicht des frischen Kothaufens mittels spezieller Wattestäbchen abgenommen und in einer dazugehörigen Schachtel aufbewahrt. Außerdem wurden 2 Proben in handelsüblichen Kotröhrchen für hormonelle Untersuchungen genommen und später eingefroren.

Im Labor des Institutes für Zoo- und Wildtierforschung wurden alle Proben aufgearbeitet. Aus den Darmzellen der Fischotter wurde DNA als Material für die Erstellung individueller Allel-Muster extrahiert. Parallel dazu wurden aus Gewebeproben auch DNA-Profile der Tiere ermittelt, die im Naturpark tot aufgefunden wurden. Die erhaltenen DNA-Profile wurden in einer Datenbank gespeichert und kartografisch ausgewertet (GIS ArcView 3.2).

Zwischen Oktober 2001 und März 2004 wurden 1.048 Kotproben untersucht, von denen 236 (22,5 %) erfolgreich analysiert wurden. Dazu kamen 14 Totfunde aus dem Naturpark und der Umgebung.

Die erfolgreich analysierten 112 (von insgesamt 471) Proben der ersten 12 Monate wurden verwendet, um mit statistischen Methoden die Anzahl der Tiere im Untersuchungsgebiet zu

schätzen. Bei diesen Proben wurde eine Erfolgsquote von 23,8 % erreicht. Bei den späteren Proben ist die etwas geringere Erfolgsquote möglicherweise durch Laborprobleme (Wechsel der zuständigen TA, dadurch bedingte zu lange Lagerung einiger Proben) zu erklären.

Für die statistische Analyse wurden zwei voneinander unabhängige Methoden verwendet:

1. Fang-Wiederfang-Analyse mit der Software MARK (Cooch & White 2004)
2. Ermittlung der miteinander verwandten Tiere unter Verwendung von GIMLET (Valière, N. 2002)

Ein DNA-Abschnitt, der nur auf dem (männlichen) y-Chromosom vorkommt (Y-chromosomaler Marker), wurde zur Geschlechtsbestimmung der Tiere verwendet (Dallas et al. 2000). Diese Methode funktioniert allerdings nur bei positivem Ergebnis zuverlässig, ein negativer Wert deutet auf ein Weibchen hin (kein Y-Chromosom vorhanden), kann aber auch durch eine zu geringe DNA-Konzentration verursacht werden.

Bei den erfolgreich analysierten Proben wurden zusätzlich Hormonuntersuchungen durchgeführt. Die Analyse des Testosteronspiegels im Kot ermöglicht es, adulte Männchen (hoher Testosteronspiegel) von subadulten Tieren und Weibchen zu unterscheiden. Die Analyse des Progesteronspiegels im Kot erlaubt die Identifizierung trächtiger Weibchen (hoher Progesteronspiegel) und adulter nicht-trächtiger Weibchen (mittlerer Progesteronspiegel) (Abb. 2, S. 28).

Im April 2003 und von Oktober 2003 bis Februar 2004 wurden an einer Markierungsstelle unter der Brücke der B 192 am Goldberger See parallel Videoaufnahmen mit Infrarottechnik und Probennahme zur DNA-Analyse durchgeführt (135 Proben). Diese Untersuchungen waren Bestandteil der Diplomarbeit von Steffi Haubold (Universität Greifswald) zum Verhalten freilebender Fischotter an einer häufig genutzten Markierungsstelle.

3. Ergebnisse der Untersuchungen anhand von DNA-Profilen und Hormonanalysen

3.1. Zuordnung der Proben zur Tierart

Alle gesammelten Proben stammten vom Fischotter, es gab keinen Hinweis auf die Verwechslung mit Mink-Proben oder mit dem Kot einer anderen Tierart.

3.2. Anzahl nachgewiesener Tiere

Von Oktober 2001 bis März 2004 wurden im Gebiet 76 Fischotter-Individuen ermittelt. 51 Tiere wurden einmal, neun Tiere zweimal, sechs Tiere dreimal, zwei Tiere viermal, je zwei Tiere fünf- und sechsmal, je ein Tier acht-, neun-, zehn- und elfmal nachgewiesen.

3.3. Raumnutzung und Wanderbewegungen

An einem Probenpunkt wurden bis zu 15 (meist 1-4) Einzeltiere registriert (Abb. 3, S. 29). 24 Tiere wurden am gleichen Standort (z.T. auch an mehreren Standorten) wiedergefunden, damit erwiesen sich diese Tiere als (mindestens vorübergehend) standorttreu (Abb. 4, S. 30). Bei 17 Tieren wurden Bewegungen zwischen verschiedenen Probenpunkten festgestellt, in den Wintermonaten nahm die Zahl der Wanderungen zu. Im Winter wurden längere Strecken zurückgelegt (5 -15 km) als in den Sommermonaten (0,5 - 7 km).

3.4. Totfunde

Von den untersuchten 14 Totfunde konnten drei wegen starker Verwesung nicht vollständig analysiert werden. Zwei Totfunde wiesen mit bereits bekannten Tieren identische DNA-Profile auf. Bei allen Jungtieren konnte mindestens ein potentiell Elternteil in der Population ermittelt werden, während für die adulten Tiere keine potentiellen Verwandten gefunden wurden. Die Stichprobe ist jedoch zu klein, um die Unterschiede statistisch abzusichern.

3.5. Anzahl in einem Jahr nachgewiesener Tiere

Der Zeitraum von Dezember 2001 bis November 2002 wurde separat ausgewertet, um beispielhaft die Daten eines Jahres zu erhalten. In dieser Zeit wurden im Untersuchungsgebiet 59 Otter-Individuen nachgewiesen (6 davon waren Totfunde). Davon waren 32 männlich und 27 weiblich. 33 Tiere waren adult (ausgewachsen), 23 subadult (jünger als zwei Jahre). Das Alter von drei Tieren konnte nicht ermittelt werden.

3.6. Reproduktion

Fünf Weibchen waren bei mindestens einer der Proben trächtig, die Fundorte stimmten mit den vorher postulierten Reproduktionsschwerpunkten nicht überein (siehe Abb. 5, S. 31).

Tab. 1: Trächtige Weibchen wurden an folgenden Probenpunkten gefunden:

Probenpunkt	Beschreibung	Tier
04.06	Uferbereich Lüschor See – Abfluß Nordwest	Tier 47, 3 Funde 09-11/2002, potentielle Eltern und Jungtiere im Gebiet
05.02	Brücke Seeverbindungsgraben nahe Goldberger See	Tier 44, 1 Fund 08/2002, potentielle Eltern und Jungtiere im Gebiet

08.12	Brücke Damerower See Ost	Tier 35, 8 Funde 03-11/2002, potentielle Eltern und Jungtiere im Gebiet
09.09	Uferbereich Krummer See – Zufluß Nordwest	Tier 30, 1 Fund 03/2002, potentielle Eltern und Jungtiere im Gebiet
13.12	Uferbereich Kraatzter See – Abfluß Nebel	Tier 36, 1 Fund 03/2002, keine verwandten Tiere im Gebiet

3.7. Verwandtschaft

Von 49 Tieren wurden die DNA-Profile in Bezug auf mögliche Eltern-Kind-Kombinationen überprüft, bei den übrigen 10 Tieren waren die DNA-Profile unvollständig und deshalb keine Analyse möglich. 35 Otter waren miteinander 1. Grades verwandt (Eltern-Kind-Kombinationen), stammen also aus der untersuchten Population oder haben dort erfolgreich reproduziert. 14 Tiere hatten keine verwandten Tiere im Gebiet, waren also nicht-reproduzierende Zuwanderer oder „transients“ (umherschweifende Tiere).

3.8. Populationsdichte

Es wurde eine Populationsdichte von einem Tier pro 611,7 ha Gesamtfläche, einem Tier pro 77,2 ha Wasserfläche und einem Tier pro 4,7 km Uferlänge berechnet. Das entspricht den Tierdichten, die Erlinge (1968) mit Hilfe von Fußspuren- und Kotanalysen in Südschweden ermittelt hat. Kruuk (1995) fand mit einer Kombination verschiedener Methoden (Direktbeobachtungen, Funkortung, Spurenanalysen) auf den Shetland-Inseln höhere Dichten von bis zu einem Otter pro 1,2 km Uferlänge, sein Untersuchungsgebiet ist allerdings für ungewöhnlich hohe Otterdichten bekannt, die sogar Beobachtungen der Tiere bei Tageslicht ermöglichen. Hung et al. (2004) fanden – ebenfalls mit Hilfe von DNA-Analysen aus Kotproben – noch höhere Otterdichten von 1,5 bis 1,8 Tieren pro km Uferlänge an zwei verschiedenen Flüssen auf der Insel Kinmen bei China.

3.9. Populationsstruktur

Die Populationsstruktur wurde mit Hilfe der Varianzanalyse (Excoffier et al. 1992) durchgeführt. Dazu wurden die Tiere entsprechend der räumlichen Nähe ihrer Nachweispunkte gruppiert und - nach Geschlecht und Alter getrennt - die genetischen Unterschiede innerhalb und zwischen den Gruppen getestet. (Abb. 6, S. 32)

Signifikante genetische Unterschiede ergaben sich in zwei Fällen:

- Gruppe B besteht aus den Tieren, welche den am meisten genutzten Markierungspunkt 05.02 am Verbindungsbach zwischen Goldberger und Woostener See (Südsei-

te des Goldberger Sees) aufsuchten. Die Markierungsstelle befindet sich unter einer Brücke der vielbefahrenen Bundesstraße B192, die im Jahr 2001 ottergerecht umgebaut wurde. Die Videoanalysen ergaben den Besuch von durchschnittlich 2 und maximal 7 Ottern pro Nacht. Die dort ermittelte Gruppe von 15 Tieren wies eine große genetische Vielfalt und einen signifikanten Unterschied zu allen anderen Gruppen auf. Dieses Phänomen lässt sich am ehesten dadurch erklären, dass nur ein Teil der dort markierenden Tiere tatsächlich in der Nähe des Markierungspunktes lebt, die Markierungsstelle jedoch auch von vielen wandernden Tieren aufgesucht wird, die nur diesen einen Markierungspunkt im Naturpark besuchen. Als Verbindungsstelle zwischen zwei Seen und in der Nähe einer Wasserscheide spielt dieser Punkt offenbar für die innerartliche Kommunikation der Tiere eine besondere Rolle.

- Gruppe D, die als einzige östlich der Autobahn (A19) lebt, ist genetisch signifikant unterschiedlich zu allen anderen Gruppen. Dieses Ergebnis deutet darauf hin, dass die Autobahn eine genetische Barriere für die Fischotter darstellt. Die Autobahn wird von Einzeltieren nachweislich passiert (vermutlich unterquert), wie eine Analyse der Tierbewegungen zeigt (Abb. 7, S. 33). Dies geschieht jedoch offenbar nicht häufig genug, um einen uneingeschränkten Gen-Austausch über die Autobahn hinweg zu gewährleisten. Die Landschaftszerschneidung durch die Autobahn wirkt sich also auf die genetische Vielfalt der Otterpopulation aus und kann langfristig zu isolierten Teilpopulationen und Inzuchteffekten beitragen.

3.10. Fang-Wiederfang-Methode (zusammen mit Dr. Bernd Gruber, UFZ Leipzig)

Fang-Wiederfang-Verfahren werden verwendet, um Populationsgrößen von Tierarten zu schätzen, deren genauer Bestand sich nicht zählen oder anderweitig ermitteln lässt. Dazu werden in einem bestimmten Gebiet zu einem konkreten Zeitpunkt Individuen einer Spezies gefangen, gezählt und markiert. Zu späteren Zeitpunkten wird unter möglichst gleichen Bedingungen das Fangverfahren wiederholt (Wiederfang). Dabei wird neben der Gesamtzahl der gefangenen Individuen auch die Anzahl der davon markierten, also wiedergefangenen, Tiere ermittelt. Einen Schätzwert für die aktuelle Populationsgröße erhält man, wenn man die ermittelten Daten ins Verhältnis setzt.

Bestimmte Annahmen werden als gegeben vorausgesetzt (Jolly-Seber-Annahmen):

- Die Markierung hat keinen Einfluss auf das Überleben der Tiere.
- Die Markierung hat keinen Einfluss auf die Fangwahrscheinlichkeit des Individuums.

- Die Population wird während der sekundären Intervalle als geschlossen angenommen (keine Zu- und Abwanderungen, Geburten oder Todesfälle) und als offen zwischen den Intervallen.

Im vorliegenden Projekt wurden die Otter zwar nicht wirklich gefangen, jedoch entspricht der Nachweis eines Tieres mittels DNA-Profil einem Fang und der erneute Nachweis einem Wiederfang. Da keine wirklichen Markierungen angebracht werden, sondern der Nachweis mittels DNA-Profil als „Fang“ = Nachweis bewertet wird, ist ein Einfluss des Nachweises auf das Einzeltier auszuschließen.

Wegen der relativ geringen Probenzahlen je Monat wurden jeweils vier Monate zu einem Intervall zusammengefasst: November bis Februar, März bis Juni, Juli bis Oktober. Dies beeinträchtigt allerdings die Annahme, dass während eines Intervalls keine Zu- und Abwanderungen, Geburten und Todesfälle stattfinden. Der Nachteil einer Verletzung der Geschlossenheitsannahme wird teilweise durch die Möglichkeit einer genaueren Schätzung kompensiert, da durch das Zusammenfassen eine höhere und auch konstantere Wiederfangrate gewährleistet wird. Für spätere Untersuchungen mit dem Ziel einer Ermittlung der Populationsdichte sollte dieser Punkt berücksichtigt und das Sammel-Protokoll angepasst werden.

Die Berechnungen ergeben robuste Daten und ein geringes Konfidenzintervall (= Unsicherheitsfaktor).

Dabei wurden 43 Tiere nachgewiesen mit einer "Überlebenswahrscheinlichkeit" von 0.8. Das bedeutet, es waren durchschnittlich etwa 43 Tiere pro Monat anwesend, von denen pro Monat jeweils 9 weitergezogen oder gestorben und 34 Tiere im Gebiet geblieben sind.

3.11. Vergleich der Methoden zur Populationsanalyse

Die Fang-Wiederfang-Analyse ergab ein Populationsgröße von 34 Tieren, die dauerhaft im Untersuchungsgebiet leben („residents“) und durch wandernde Tiere („transient otters“) „ergänzt“ werden. Die Ermittlung von Verwandtschaftsbeziehungen zwischen den Tieren führte zum Ergebnis, dass 35 Tiere potentielle Verwandte ersten Grades (Eltern oder Kinder) in der Population haben, also dort genetisch „verankert“ sind. Die beiden Zahlen sind sich so ähnlich, dass die Größe dieser stabilen (= „residenten“) Population als zuverlässig angenommen werden kann.

In die Population gingen allerdings nur markierende Tiere ein, so dass eine unbekannt Zahl zusätzlicher nicht-markierender Tiere nicht ausgeschlossen werden kann.

3.12. Verhalten freilebender Fischotter (*Lutra lutra* L.) an einer Markierungsstelle in der Mecklenburgischen Seenplatte (Diplomarbeit von Steffi Haubold)

Bei den Videoaufnahmen am Beobachtungspunkt 05.02 (Brücke der B 192 Seeverbindungsgraben nahe Goldberger See) wurden 122 Otterbeobachtungen aufgezeichnet und 109 Proben genommen. Ziel der Diplomarbeit war es, durch Videoaufnahmen das Verhalten der Tiere an der im Untersuchungsgebiet am häufigsten genutzten Markierungsstelle zu ermitteln, um die durch Kotprobenanalysen gewonnenen Daten zu ergänzen.

Der folgende Text ist der Diplomarbeit entnommen.

Zusammenfassung

Die nächtliche, versteckte Lebensweise der Eurasischen Fischotter (*Lutra lutra* L.) und die geringen individuellen Unterscheidungsmerkmale sind maßgebliche Gründe dafür, dass es sich derart schwierig gestaltet, mit nicht-invasiven Methoden mehr über die Ökologie und Lebensweise dieser stark bedrohten Tierart in Erfahrung zu bringen.

Dem Markierungsverhalten, welches eine entscheidende Rolle im Sozial- und Raumnutzungsverhalten der Tiere einzunehmen scheint, wird daher große Bedeutung beigemessen. Die vorliegende Diplomarbeit will versuchen, einen Forschungsbeitrag zu liefern, mit dessen Hilfe ein Teil der zahlreichen noch offenen Fragen bezüglich des Markierungsverhaltens der Fischotter beantwortet werden kann.

Durch die Kombination von Verhaltensbeobachtungen mit DNA- und Hormonanalysen zur Individualerkennung und Geschlechtsbestimmung konnten Einblicke in die Nutzung einer Markierungsstelle und das Verhalten der Tiere in diesem Zusammenhang gewonnen werden. Der Vergleich zwischen den Geschlechtern musste sich, aufgrund einer nur einmaligen Beobachtung eines adulten Männchens, auf den Vergleich zwischen adulten Weibchen und subadulten Tieren beschränken.

Für insgesamt 15 Otter wurde die Nutzung der Markierungsstelle nachgewiesen. Diese große Individuendichte spricht zum einen für die Qualität des Untersuchungsgebietes für die solitär lebenden Otter und zum anderen dafür, dass die räumliche Organisation der Tiere nicht strikt territorial erfolgen kann. Allem Anschein nach kommt den Markierungen der Fischotter demnach auch keine direkte territoriale Funktion zu. Da vier adulte Weibchen, von denen eines drei Jungtiere mit sich führte, als resident eingestuft worden sind, werden überlappende Aktionsräume bzw. Gruppenterritorien vermutet, deren Nutzung vermutlich durch ein hierarchisch organisiertes Sozialsystem gesteuert wird.

Im Laufe der Beobachtungsmonate konnte ein deutlicher Anstieg markierender Tiere und auch der Markierungshäufigkeit pro Tier festgestellt werden. Die größte Markierungsaktivität war dabei im Dezember zu verzeichnen, ebenso wie der größte Anteil Markierungen, der in erhöhter Position abgesetzt wurde. Eine mögliche Ursache für diese tendenziell saisonalen Unterschiede wird in der steigenden Anzahl an nachgewiesenen Individuen an der Markierungsstelle vermutet, die durch das verstärkte Migrationsverhalten der Tiere – wie beispielsweise abwandernde Subadulte – während der Wintermonate bedingt wird. Die gesteigerte Markierungsaktivität scheint in diesem Zusammenhang der Aufrechterhaltung bzw. Etablierung von Hierarchiepositionen innerhalb des Sozialgefüges der Fischotterpopulation zu dienen.

Bei dieser Untersuchung wurden die Proben ca. 30 Minuten nach dem Absetzen an der Markierungsstelle gesammelt. Dieses Verfahren erbrachte eine deutlich höhere Erfolgsquote der DNA-Extraktion und Erstellung individueller DNA-Profile von 59 % der gesammelten Proben gegenüber 23 % mit der Methode der morgendlichen Probennahme. Im Gegenzug scheint allerdings die Fehlerrate bei diesen sehr frisch gesammelten Proben erhöht zu sein. Es erscheint denkbar, dass die fehlerhaften Profile der sehr frischen Proben ein Nullergebnis liefern, wenn die Proben einige Stunden älter sind.

Die Diplomarbeit wurde im März 2005 im Fachbereich Biologie der Ernst-Moritz-Arndt-Universität Greifswald eingereicht und mit der Note 1,5 bewertet.

3.13. Tiermedizinische und parasitologische Untersuchungen (Teilprojekt von Dr. Jürgen Priemer, Institut für Zoo- und Wildtierforschung)

99 Organproben von 63 Fischotter-Individuen (50 Lungen-, 25 Milz- und 24 Darmproben) wurden mittels Polymerasekettenreaktion (PCR) auf Staupevirus-RNA bzw. Parvovirus-DNA hin untersucht. Alle untersuchten Proben waren negativ. Dies zeigt, dass eine Übertragung dieser Infektionskrankheiten z. B. von Haushunden und Hauskatzen auf freilebende Fischotter sehr unwahrscheinlich ist.

Bei nur 4 von 117 untersuchten Fischottern wurden im Darm Coccidien (Protozoen) gefunden, die einer erst im Jahre 2000 beschriebenen Art *Isospora lutrae* zuzuordnen sind. Der geringgradige Befall blieb ohne klinisch erkennbare Gesundheitsschädigungen.

Häufigster Parasit der Fischotter war der verbreitete Marderegel (*Isthmiophora melis*), der bei 16 % der Otter mit bis zu 27 Würmern pro Tier auftrat. Dieser Saugwurm hat einen obligaten Drei-Wirte-Zyklus über Schnecken als ersten Zwischenwirt. Zweiter Zwischenwirt sind

Süßwasserfische, über die sich Fischotter infizieren und durch den Befall auch erkranken können.

Der für Fischotter lebensbedrohliche Lungenwurmbefall mit dem Nematoden *Angiostrongylus vasorum* konnte bei den von uns untersuchten 117 Tieren nur zwei Mal nachgewiesen werden, und beide Tiere hatten die Erkrankung fast völlig ausgeheilt.

Nur einmal wurde der sehr große Bandwurm *Taenia martis* im Darm gefunden. Dieser bei Baum- und Steinmarder häufige Wurm hat als Zwischenwirt Wühlmäuse, die offensichtlich von Fischottern nur selten als Nahrung aufgenommen werden. Ebenfalls ein Bandwurm, *Mesocestoides lineatus*, wurde vereinzelt gefunden; dieser entwickelt sich über Kleinkrebse (Copepoden) im Wasser und bildet Wartestadien in Fröschen und Kaulquappen.

Die regelmäßig im Darm oder Kot von Fischottern auftretenden, jedem Angler bekannten Riemenwürmer (Ligula, Digramma, Schistocephalus) jedoch sind reine Darmpassanten, die Otter mit befallenen Fischen (vor allem Bleien und Plötzen) aufnehmen und die ihm selbst nichts anhaben. Endwirte sind Enten, Lappentaucher oder Möwen. Ebenso verhält es sich mit verschiedenen Proteocephalus-Fischbandwürmern. Andere Fischparasiten, wie z. B. die hakenbewehrten Kratzerwürmer (*Neoechinorhynchus rutili*, *Acanthocephalus lucii*, *Acanthocephalus anguillae*), die in unseren Gewässern häufig bei Karpfenfischen, Forellen, Zandern und Schleien vorkommen, versuchen manchmal, sich im Darm des Fehlwirtes anzuheften, was bei den betroffenen Ottern zu Darmentzündungen führen kann.

Insgesamt haben Fischotter zwar potentiell ein sehr reichhaltiges Parasiten-Spektrum, in unseren Untersuchungen aber waren nur 20 % der Otter überhaupt mit Parasiten befallen, und das auch nur mit vergleichsweise wenigen Parasiten pro Tier. Dies spricht für einen ausgezeichneten Gesundheitsstatus, eine funktionierende Immunabwehr der Tiere und eine lange Anpassung zwischen Wirt und Parasit in unserem Untersuchungsgebiet.

Bei Untersuchungen von im gleichen Biotop bei vergleichbarem Nahrungsspektrum vorkommenden Minks (Amerikanischen Nerzen) lag die Parasitenprävalenz bei 75 %. Diese eingebürgerten Marder werden von den gleichen Parasitenarten wie Fischotter befallen, jedoch ist bei ihnen die Parasitenbelastung wesentlich höher. Das birgt potentiell die Gefahr, dass sich die Entwicklungszyklen dieser Parasiten im Gewässer aufschaukeln können und auch für Fischotter wieder eine wachsende Bedrohung darstellen.

4. Fehlerdiskussion

Es wird kontrovers diskutiert, wie zuverlässig die Erstellung von DNA-Profilen von Einzeltieren aus Kotproben ist. Tatsache ist, dass Probenmaterial schlechter Qualität zu einer erhöhten Fehlerrate führt (Creel et al. 2003), die man durch Untersuchungen an Gehegetieren, Plausibilitätskontrollen und statistische Verfahren minimieren muss.

Zwei Fehler sind hierbei möglich:

1) Überschätzung der Tierzahl bzw. Populationsgröße (overestimation)

Eine Überschätzung der Tierzahlen kann vor allem dann zustande kommen, wenn durch Fehler bei der Erstellung des DNA-Profiles („Geister“-Allele) Proben des gleichen Tieres irrtümlich mehreren Tieren zugeordnet werden. Bei einigen Loci sind solche Fehler besonders häufig. Gehegeuntersuchungen unter den gleichen Bedingungen wie im Freiland ergaben in der vorliegenden Untersuchung eine Fehlerrate von 7,76 %. DNA-Profile von mehreren Proben des gleichen Tieres wurden ausnahmslos richtig zugeordnet. In der vorliegenden Studie wurden Messungen wiederholt bzw. DNA-Profile zusammengefasst, wenn sich die Profile in maximal einem Allel unterschieden und die Abstände maximal einen Schritt (2 bzw. 4 Basenpaare) auseinander lagen.

2) Unterschätzung der Tierzahl bzw. Populationsgröße (underestimation)

Zur Unterschätzung der Populationsgröße kommt es zum einen durch eventuelle nicht-markierende Tiere oder Tiere, deren Markierungen nicht gefunden wurden. Zum anderen gibt es die Möglichkeit, dass zwei Tiere das gleiche DNA-Profil haben, z.B. eineiige Zwillinge. Coxon et al. (1999) fanden identische DNA-Profile bei zwei verschiedenen Tieren. Dies fiel nur deshalb auf, weil eins der Tiere überfahren wurde, Proben mit dem betreffenden DNA-Profil aber auch danach noch im Gebiet gefunden wurden. Ein Fehler kann auch dadurch entstehen, dass die DNA-Profile von zwei Tieren so geringe Unterschiede aufweisen, dass sie fehlerhaft einem Tier zugeordnet werden, da man einen Analysefehler vermutet.

Insgesamt kann man sagen, dass die ermittelte Populationsgröße nicht notwendigerweise exakt mit der Realität übereinstimmt, da nicht genügend Informationen über das Markierungsverhalten von Fischottern im Freiland vorliegen. Da aber die ermittelte Populationsgröße den Angaben von den wenigen vorliegenden Untersuchungen entsprechen, die durch andere Methoden gewonnen wurden (Erlinge 1968, Kruuk 1995), scheint die Abweichung zwischen der ermittelten und der realen Tierzahl vernachlässigbar klein zu sein. Dies ist je-

denfalls ein Fortschritt gegenüber den meisten bisher verwendeten Methoden, die keinerlei Abschätzung der Tierzahl erlauben.

Eine Unterschätzung der Populationsgröße erscheint wahrscheinlicher als eine Überschätzung, da hier mehrere Fehlermöglichkeiten zusammenkommen (nicht markierende Tiere, nicht gefundene Markierungen z.B. an abgelegenen Orten, fehlerhafte Zusammenfassung von DNA-Profilen, die in Wirklichkeit von mehreren Tieren stammen).

Bei Fragestellungen zum Vergleich zwischen Gebieten (z.B. bei der Ausweisung von Schutzgebieten) oder dem Vergleich verschiedener Zeiträume innerhalb eines Gebietes (zur Ermittlung von Zu- oder Abnahme der Art) kann der mögliche Fehler vernachlässigt werden, da er immer gleich groß sein sollte.

5. Einschätzung der Methode bezüglich der Eignung für Monitoringverfahren

Aufgrund der Lebensweise des Fischotter ist die Forschung an diesem Tier im Freiland besonders schwierig. Seine großen Aktionsradien und die schwere Unterscheidbarkeit einzelner Individuen im Freiland haben zur Entwicklung einer Vielzahl von Methoden geführt (Tab. 3). Deren Einsatz hat in der Vergangenheit und auch in der Gegenwart dazu geführt, dass ein „Mosaik“ zur Biologie und Ökologie des Tieres entstanden ist. Dieses ermöglicht jedoch keine Aussagen zur Populationsdynamik. Die Frage, ob die Population abnimmt, stagniert oder zunimmt ist noch nicht geklärt. Das macht auch in der Zukunft weitere Forschung dringend erforderlich.

Tab. 3: Methoden der Fischotter-Forschung und ihre Bewertung:

Methoden	Vorteile	Nachteile
Direktbeobachtungen, Videoaufnahmen	weitgehend störungsfrei	nur selten möglich, wenig Daten, extrem hoher Personalaufwand, keine sichere individuelle Erkennung der Tiere (Henle et al. 1999)
Verwendung farbiger Ohrmarken (Kruuk 1995)	individuelle Erkennung bei Sichtbeobachtung möglich	nur bei häufigen Sichtbeobachtungen verwendbar, der nötige Fang stellt einen gravierenden Eingriff dar und ist überaus schwierig zu realisieren, extrem hoher Personalaufwand
Telemetrie mit Halsband- oder Rucksacksendern	Funkpeilung ermöglicht Untersuchung der individuellen Raum- und Habitatnutzung	Fang nötig = Eingriff, hohes Verletzungsrisiko des Tieres (Hoover 1984, Sikora 1995, Williams & Siniff 1983), Beeinträchtigung beim Fressen möglich beim Halsband, Einschränkung der Beweglichkeit beim Geschirr, Hängenbleiben in engen Durchschlüpfen und dadurch Ge-

Methoden	Vorteile	Nachteile
		fahr des Ertrinkens, Sender und Halsband bzw. Geschirr erhöhen den Wasserwiderstand -> Beeinträchtigung der Hydrodynamik beim Schwimmen
Telemetrie mit implantiertem Sender	Funkpeilung ermöglicht Untersuchung der individuellen Raum- und Habitatnutzung	Operation und Hospitalisierung nötig = erheblicher Eingriff für das Tier (Vogel 1995), schlechte Sendequalität, da Sender im Tierinneren (Scheibe, IZW Berlin, mdl.), Spätfolgen durch gesundheitliche Nachteile möglich, hohe Mortalitätsrate von verschiedenen Autoren beschrieben (Blundell 1999, Hertweck et al. 1999, Hoover 1984, Kranz 1995, Sjöåsen & Sandegren 1992, Williams & Siniff 1983, Woolf 1984)
Telemetrie mit Klebesender	Funkpeilung ermöglicht Untersuchung der individuellen Raum- und Habitatnutzung	Fang nötig = Eingriff, sehr kurze Laufzeit der Sender, bei langlebiger Tierart mit saisonalen Verhaltensunterschieden Ergebnisse nicht ausreichend (Binner et al. 1999, Vogel 1995)
Individuelle Erkennung durch Vermessung von Trittsiegeln	im Idealfall Untersuchung der individuellen Raumnutzung möglich	hohe Fehlerquelle ohne Nachprüfbarkeit, nur bei idealen Wetterbedingungen, nur in Schnee oder Schlamm möglich, dadurch wenige Daten verfügbar, Daten meist im Winter, deshalb saisonale Unterschiede der Raumnutzung nicht erkennbar, als Methode umstritten (Hertweck et al. 1999, Otter-Post 4/1998).
Kartierung von Kotproben an Gewässerufeln	als Fischotternachweis gut geeignet, da regelmäßig aufgesuchte Markierungsstellen, wird als standardisierte Methode für Verbreitungskartierungen international angewendet (empfohlen von IUCN/SSC Otter Specialist Group, Reuther et al. 2000)	individuelle Unterscheidung der Tiere fehlt (Reuther 1993, Otter-Post 3/1999), keine Informationen über Raumnutzung, Bedeutung der Habitate für Nahrungserwerb oder Reproduktion möglich, keine Aussagen zum Status der markierenden Tiere (ansässig oder durchwandernd, reproduktiv oder nicht), Anzahl der Markierungen korreliert nicht mit der Anzahl der Tiere (Kruuk 1995) Kot-Proben und Trittsiegel sind v.a. unter Brücken sehr lange nachweisbar und können auch dort ein Otter-Vorkommen vortäuschen, wo dieses bereits erloschen ist
Nahrungsanalysen aus Kotproben durch Analyse von Schuppen, Knochen, Federn und Haaren (Behl & Fritz 1993, Gourvelou 2000, Lanszki 2001)	Störungsfrei, ermöglicht Untersuchungen zur Nahrungswahl	Zuordnung zum Einzeltier fehlt, deshalb keine Untersuchungen zur individuellen Nahrungswahl möglich, unklar, ob Fundort der Probe und Jagdgebiet identisch
Verabreichung von radioaktiven Isotopen	ermöglicht Untersuchung individueller Futterpräfe-	Markierung nur für begrenzte Zeit, Tierzahl limitiert, Radioaktivität kann Neben-

Methoden	Vorteile	Nachteile
(Kruuk 1995) oder farbigen Plastikkugeln zur individuellen Markierung von Kot (Grohmann & Klenke 1996)	renzen, Streifgebiete, Verhältnis markierter und unmarkierter Tiere	wirkungen haben, Otter nehmen ausgelegte Köder schwer an, da sie frisch erlegte Beute bevorzugen, deshalb meist Fang der Tiere nötig = Eingriff
Erstellung von individuellen DNA-Profilen aus frischen Kotproben (Coxon et al. 1999, Kalz et al. 2002, 2003)	ermöglicht Bestandserfassung, Untersuchung der Bestandsentwicklung, individueller Futterpräferenzen, Streifgebiete, Verhältnis bekannter und unbekannter Tiere, Einfluss von Gebietsveränderungen und Schutzmaßnahmen	hoher logistischer Aufwand zur Gewinnung ausreichend frischer Proben, hohe Kosten für Laboranalysen
Hormonanalysen an frischen Kotproben (Tschirch et al. 1996)	ermöglicht Geschlechtsbestimmung, Unterscheidung subadulter - adulter Tiere, Erkennung von Trächtigkeiten; nur sinnvoll, wenn Kotproben den Tieren individuell zugeordnet werden können	hoher logistischer Aufwand zur Gewinnung ausreichend frischer Proben, hohe Kosten für Laboranalysen
Untersuchung tot aufgefundener Tiere	seit längerer Zeit durchgeführt, Untersuchungen zu Populationsstruktur, Kondition, Todesursachen, Krankheiten (Kruuk & Conroy 1991, Stubbe 1993, Ansorge et al. 1997, Hauer & Heidecke 1999, Sommer & Griesau 2003), gute Logistik vorhanden	tot aufgefundene Tiere sind nicht notwendig repräsentativ für überlebende Population (Kalz 2001), keine Verlaufsuntersuchungen möglich
Nachweis von Krankheiten (z. B. Staupe, Parvovirose, bakterielle Lungenentzündung) und Parasiten (Lungenwürmer, Leberegel, Magen-Darm-Helminthen)	Gesundheitsstatus von Einzeltieren kann als Maß für individuelle Fitness gelten. Parasitenarten, deren Entwicklungszyklus an das Vorkommen bestimmter Zwischenwirte und das Funktionieren von Übertragungsmechanismen gebunden ist, sind ein Indikator für den Zustand eines Ökosystems und die Habitatqualität (Priemer 2001)	keine Möglichkeiten zur Untersuchung der Erkrankungen freilebender Otter, man ist auf die Auswertung von Totfunden und Untersuchungen an Tieren in menschlicher Obhut angewiesen (Rogoshik & Brandes 1991)
Monitoring: Einschätzung der Population innerhalb eines definierten Gebietes in bestimmten Zeitabständen - Methoden: 1. Kartie-	Aussage zur Verbreitung möglich, Daten aus verschiedenen Gebieten vergleichbar	Einschätzung der Populationsgröße bzw. -dichte nicht möglich. Fraglich, ob Rückgang der Art rechtzeitig bemerkt würde, da eventuell durch Verhaltensänderungen (z.B. weitere Wanderungen, häufigere Markierungen) maskiert.

Methoden	Vorteile	Nachteile
rung von Kotproben an Gewässerufeln 2. Analyse von Totfun- den		

Die vorgestellte Methode ergibt die Größe der stabilen, in einem bestimmten Zeitraum nicht-wandernden Fischotter-Population, die wie vorgestellt mit zwei verschiedenen statistischen Verfahren ermittelt werden kann und im vorliegenden Fall erstaunlich ähnliche Ergebnisse hervorbrachten.

Bei der Interpretation der Daten muss berücksichtigt werden, dass bisher nicht bekannt ist, ob alle Tiere eines Gebietes auffindbare Markierungen hinterlassen. In der vorliegenden Untersuchung wurden zwar Markierungen von Tieren beider Geschlechter und aller Altersklassen nachgewiesen. Auch bei den Videoanalysen konnten Tiere unterschiedlichen Alters und beider Geschlechter beim Absetzen von Markierungen beobachtet werden. Jedoch wurden immer wieder Tiere beobachtet, die während der Beobachtungszeit nicht markierten. Ebenso gab es Fälle, in denen Tiere sichtbar markierten, jedoch keine Proben gefunden werden konnten. Offenbar wird in solchen Fällen lediglich (wenig) Analdrüsensekret abgesetzt, das im Untergrund versickert. Als Geruchsmarkierung für Artgenossen erfüllen diese nicht-sichtbaren Markierungen trotzdem ihren Zweck, erlauben jedoch keinen Nachweis. Aus dem Otter-Zentrum Hankensbüttel wird von Tieren berichtet, die zeitlebens an Land keine Markierungen hinterließen, sondern ins Wasser koteten (Krüger, mündliche Mitteilung). Kruuk (1995) beobachtete das gleiche Verhalten im Freiland. Die Grundlagen dieses Verhaltens sind bisher nicht untersucht oder verstanden.

Trotz der beschriebenen Probleme erscheint die Methode sehr gut geeignet:

- die Größe von Fischotter-Populationen zu ermitteln
- verschiedene Gebiete hinsichtlich ihrer Besiedlung durch den Otter und seiner Bedeutung für den Schutz dieser Art zu vergleichen
- die Entwicklung der Otterpopulation in einem Gebiet im Zeitverlauf zu untersuchen.

Durch Auswahl geeigneter Referenzgebiete sollte es auch möglich sein, die Entwicklung von größeren Otterpopulationen zu untersuchen.

Die Ergänzung durch andere Methoden wie Totfund-Analysen, Schnee-Tracking, Video-Aufnahmen, Direktbeobachtungen und wenig invasive Telemetrie mit Klebesendern ist für

Forschungsprojekte zu empfehlen. Die Kartierung von Nachweisen an Gewässern (IUCN-Methode) ist für die Auswahl geeigneter Untersuchungsgebiete ideal, da sie schnell und mit relativ geringem Aufwand durchgeführt werden kann.

6. *Arbeitsplan für Monitoring-Projekte*

Für ein Fischotter-Monitoring zum Vergleich zwischen verschiedenen Gebieten oder im Zeitverlauf ist es nicht notwendig, den Verlauf eines ganzen Jahres zu erfassen. Statt dessen empfiehlt es sich, flächendeckend viele Proben in kurzer Zeit zu sammeln und diese Sammlung nach einiger Zeit zu wiederholen, so dass zusätzlich zur Ermittlung der Tierzahl und der Verwandtschaft eine Fang-Wiederfang-Analyse durchgeführt werden kann.

Vor Beginn einer Untersuchung ist die Ermittlung aller potentiellen Markierungsstellen des Fischotters zu empfehlen, um die Anzahl auffindbarer frischer Proben und die daraus resultierende notwendige Dauer eines Sammelintervalls vorab planen zu können.

Für die statistische Auswertung sollten mindestens 45 DNA-Profile je Sammelintervall vorhanden sein, wie die Modellierung einer fiktiven Population von 35 Tieren ergab (in Zusammenarbeit mit Dr. Bernd Gruber, UFZ Leipzig). Bei einer Erfolgsquote von ca. 24 % müssen dazu ca. 200 Proben gesammelt werden. In unserem Untersuchungsgebiet mit 110 Markierungspunkten wurden pro Tag zwischen 2 und 36 Proben, durchschnittlich 7 Proben pro Tag gefunden, in vergleichbaren Gebieten sollte also ein Sammelintervall je nach Größe des Untersuchungsgebietes und Dichte frischer Proben 1-2 Monate dauern.

Die DNA in Kotproben degeneriert (=zerfällt) relativ schnell, zudem ist in Kot nur wenig DNA enthalten, so dass bei der Probensammlung einige Vorsichtsmaßnahmen eingehalten werden müssen. Die Proben müssen sehr frisch sein, maximal sollten in den frühen Morgenstunden Kotproben aus der vergangenen Nacht gesammelt werden. Bei unerfahrenen Bearbeitern empfiehlt es sich, vorhandene Kotproben am Vorabend der Beprobung zu markieren (z.B. durch eingesteckte Grashalme) oder wegzunehmen (was allerdings das Markierungsverhalten der Tiere in unbekannter Weise beeinflussen könnte).

Die besten Erfolge erhält man, wenn nicht die Kotproben selbst gesammelt werden, sondern die anhaftende Schleimschicht (Jelly) abgestreift wird. Markierungen, die nur aus Jelly bestehen, sind besonders erfolgversprechend. Dadurch wird auch der Kontakt zu Inhibitoren (Reaktionshemmern) und Fremd-DNA (aus Beute und zersetzenden Mikroorganismen) minimiert, die im Kot vorhanden sind.

Unsere Voruntersuchungen im Otter-Zentrum Hankensbüttel erbrachten den besten Erfolg, wenn die Proben mit Hilfe spezieller Wattestäbchen, wie in der Gerichtsmedizin verwendet, gesammelt sowie dunkel, trocken und kühl transportiert (Kühlbox) und gelagert (Kühlschrank) wurden.

Mehrere Autoren in verschiedenen Regionen Europas beschreiben eine erhöhte Markierungsintensität der Fischotter in den Wintermonaten (Erlinge 1968, Macdonald & Mason 1987 und 1994, Kruuk 1995). Auch unsere Untersuchungen ergaben die höchste Anzahl gefundener frischer Proben in dieser Zeit. Zudem war in den Monaten September bis März die Erfolgsquote bei der DNA-Extraktion am besten, so dass diese Monate oder ein Teil davon für die Probensammlung zu bevorzugen ist. Je nach Gegebenheiten sollte außerdem die Witterung berücksichtigt werden.

Die Proben sollten nicht tiefgefroren werden und auch im Gelände nicht gefrieren, da durch das Gefrieren und Auftauen ein Teil der DNA physikalisch zerstört wird. Zeiträume mit sehr kalter Witterung sind aus diesem Grund bei den Sammelaktionen zu vermeiden.

Sommermonate sind für die Probensammlung ungünstig, da durch Wärme und UV-Licht die DNA schnell zerstört wird, so dass nur wenige Sommer-Proben für die Erstellung von DNA-Profilen verwendbar sind.

DNA verträgt kein UV-Licht, die Proben sollten deshalb vor Sonnenaufgang gesammelt werden. Beschattete Markierungsplätze (z.B. unter Brücken) sind zu bevorzugen.

Regentage sind ungünstig, da das Wasser die Schleimschicht abwäscht. Eine Ausnahme bilden überdachte Markierungsplätze, die auch bei Regentagen eine normale Erfolgsquote aufweisen.

Bei angestrebter Verwendung der Fang-Wiederfang-Analyse sollten deshalb 2 oder 3 Sammelaktionen in diese Zeit gelegt werden, z.B. 1. Sammelaktion September / Oktober, 2. Sammelaktion Februar / März, oder 1. Sammelaktion September, 2. Sammelaktion Dezember, 3. Sammelaktion März. Anzahl und Länge der Intervalle hängen davon ab, wie wahrscheinlich in dem betreffenden Untersuchungsgebiet ausreichend viele frische Proben gefunden werden können. Beim Vergleich mehrerer Gebiete sollten Idealerweise die gleichen Zeiträume genutzt werden, eventuell durch abwechselnde Beprobung (z.B. 1., 3., 5. Tag Gebiet A, 2., 4., 6. Tag Gebiet B). Bei Langzeitprojekten ist es ideal, den gleichen Zeitraum in aufeinanderfolgenden Jahren zu nutzen.

Für die Ermittlung von Populationsgröße und Reproduktion empfiehlt sich die Fang-Wiederfang-Analyse parallel zur Ermittlung genetisch direkt verwandter Tiere. In Gebieten

mit vielen reproduzierenden Tieren sollte die Anzahl miteinander verwandter Tiere größer oder gleich der geschätzten Populationsgröße der dauerhaft im Gebiet lebenden Tiere sein. In Gebieten dagegen, in die viele Tiere aus anderen Gegenden zuwandern, müsste die Anzahl miteinander verwandter Tiere deutlich kleiner sein als die geschätzte Populationsgröße.

7. Literatur

- Ansorge, H., R. Schipke, O. Zinke (1997): Population structure of the otter, *Lutra lutra*. Parameters and model for a Central European region. Zeitschrift für Säugetierkunde 62: 143-151
- Behl, S., T. Fritz (1993): Habitatansprüche des Fischotters *Lutra lutra* L. Diplomarbeit Fachhochschule Güstrow
- Binner, U. (1997): Die Verbreitung des Fischotters (*Lutra lutra* L.) in Mecklenburg-Vorpommern. Natur und Naturschutz in Mecklenburg-Vorpommern 33, 3-41
- Binner, U., A. Hagenguth, R. Klenke, A. Waterstraat (1999): Analyse des Einflusses von Zerschneidungen und Störungen auf die Population des Fischotters (*Lutra lutra*) in Mecklenburg-Vorpommern. Endbericht Teilprojekt 3.2 im BMBF-Verbundprojekt „Auswirkungen und Funktion unzerschnittener störungsarmer Landschaftsräume auf Wirbeltierarten mit großen Raumansprüchen“
- Blundell, G.M., J.W Kern, R.T. Bowyer, L.K. Duffy (1999): Capturing river otters: a comparison of Hancock and leg-hold traps. Wildlife Society Bulletin, 27(1): 184-192
- Boye, P., R. Hutterer & H. Benke (1997): Rote Liste der Säugetiere (Mammalia). In: Binot, M., Bless, R., Boye, P., Gruttke, H. & Pretscher, P. (Bearb.) (1998): Rote Liste gefährdeter Tiere Deutschlands. – Schriftenreihe für Landschaftspflege und Naturschutz 55, 33-39
- Cassens, I., R. Tiedemann, F. Suchentrunk, G. Hartl (2000): Mitochondrial DNA Variation in the European Otter (*Lutra lutra*) and the Use of Spatial Autocorrelation Analysis in Conservation. The Journal of Heredity 91 (1), 31-35
- Cooch, E., G. White (2004): Program MARK. A gentle Introduction. 4th edition.
<http://www.phidot.org/software/mark/docs/book/>
<http://www.cnr.colostate.edu/~gwhite/mark/mark.htm>

- Coxon, K., P. Chanin, J. Dallas, T. Sykes (1999): The Use of DNA Fingerprinting to Study the Population Dynamics of Otters (*Lutra lutra*) in Southern Britain: A Feasibility Study. Research & Development Technical Report W202
- Creel, S., G. Spong, J.L. Sands J. L. Sands, J. Rotella, J.Zeigle, L.Joe, K. M.Murphys, D. Smith (2003): Population size estimation in Yellowstone wolves with error-prone non-invasive microsatellites genotypes. *Molecular Ecology*, 12, 2003-2009
- Dallas, J.F., S.B. Piertney (1998): Microsatellite primers for the Eurasian otter. *Molecular Ecology* 7, S. 1247-1263
- Dallas, J.F., P.J. Bacon, D.N. Carss (1999): Genetic diversity in the Eurasian otter, *Lutra lutra*, in Scotland. Evidence from microsatellite polymorphism. *Biological Journal of the Linnean Society*, 68, 73-86
- Dallas, J.F., D.N. Carss, F. Marshall, K.P. Koepfli, H. Kruuk (2000): Sex identification of the Eurasian otter *Lutra lutra* by PCR typing of spraints. *Conservation Genetics* 1, 181-183
- Dallas, J. F., K.E.Coxon, T. Sykes, P.R.F. Chanin, F. Marshall, D.N. Carss, P.J. Bacon, S.B. Stuart, B. Piertney, P.A. Racey (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
- Dolch, D., J. Teubner, J. Teubner (1992): Fischotter im Land Brandenburg. *Habitat* 7, 99-102
- Erlinge, S (1968) Territoriality of the otter *Lutra lutra* L. *Oikos*, 19, 259-270
- Excoffier, L., P.E. Smouse, J.M. Quattro (1992): Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes – application to human mitochondrial-DNA restriction data. *Genetics*, 131, 479-491.
- FFH-Richtlinie Anhang 2 und 4 (1992): Richtlinie 92/43/EWG des Rates vom 21. Mai 1992 zur Erhaltung der natürlichen Lebensräume sowie der wildlebenden Tiere und Pflanzen
- Frantz, A.C., L.C. Pope, P.J. Carpenter, T.J. Roper, G.J. Wilson, R.J. Delahays, T. Burke (2003): Reliable microsatellite genotyping of the Eurasian badger (*Meles meles*) using faecal DNA. *Molecular Ecology*, 12, 1649-1661
- Frantzen, M.A.J., J.B. Silk, J.W.H. Ferguson, R.K. Wayne, M.H. Kohn (1998): Empirical evaluation of preservation methods for faecal DNA. *Molecular Ecology* 7, 1423-1428
- Gorman, M. L., B. J. Trowbridge (1996): The role of odor in the social lives of Carnivores; In: Gittleman, J.L.: *Carnivore behaviour, Ecology, and Evolution*; Vol. 1, Corwell Univer-

sity Press; 57-85

- Grohmann, O., R. Klenke (1996): Farbmarkierte Nahrung. In: Artenschutzprogramm Fischotter in Sachsen, Sächsisches Landesamt für Umwelt und Geologie, Materialien zu Naturschutz und Landschaftspflege, 30-32
- Goudet, J. (1995) FSTAT (ver. 1.2): A computer program to calculate F-statistics. Journal of Heredity, 86, 485-486
- Gouvelou, E., N. Papageorgiou, C. Neophytou (2000): Diet of the otter *Lutra lutra* in lake Kerkini and stream Milli-Aggistro, Greece. Acta Theriologica, 45(1): 35-44
- Hansen, M.M., L. Jacobsen (1999): Identification of mustelid species: otter (*Lutra lutra*), American mink (*Mustela vison*) and polecat (*Mustela putorius*) by analysis of DNA from faecal samples. Journal of Zoology, 247, 177-181
- Haubold, S. (2005): Verhalten freilebender Fischotter (*Lutra lutra* L.) an einer Markierungsstelle in der mecklenburgischen Seenplatte. Diplomarbeit im FB Biologie der Ernst-Moritz-Arndt-Universität Greifswald
- Hauer, S., D. Heidecke (1999): Zur Verbreitung des Fischotters (*Lutra lutra* L., 1758) in Sachsen-Anhalt. Hercynia 32, 149-160
- Henle, K., K. Hertweck, U. Binner, A. Hagenguth, R. Klenke, A. Waterstraat, K. Frank (1999): Gefährdungspotential beim Fischotter durch Zerschneidung und Störung. Fachtagung zum Abschluß des BMBF-Verbundprojektes: Funktion unzerschnittener störungsarmer Landschaftsräume für Wirbeltiere mit großen Raumansprüchen, 7.-9.10.99 Stralsund, Tagungsband
- Hertweck, K., K. Frank, R. Klenke, K. Henle (1999): Raumnutzung und Migration des Fischotters, *Lutra lutra* (L. 1758), in der Oberlausitzer Teichlandschaft. Endbericht Teilprojekt 3.1 im BMBF-Verbundprojekt „Auswirkungen und Funktion unzerschnittener störungsarmer Landschaftsräume auf Wirbeltierarten mit großen Raumansprüchen
- Hoover, J.P. (1984): Surgical implantation of radiotelemetry devices in American river otters. Journal of the American Veterinary Medical Association (JAVMA) 185 (11), 1317-1320
- Hung, Chih-Ming, Shou-Hsien Li, Ling-Ling Lee (2004): Faecal DNA typing to determine the abundance and spatial organisation of otters (*Lutra lutra*) along two stream systems in Kinmen. Animal Conservation, 7(3): pp. 301-311
- Kalz, B. (2001): Populationsbiologie, Raumnutzung und Verhalten verwilderter Hauskatzen und der Effekt von Maßnahmen zur Reproduktionskontrolle, Dissertation Humboldt-Universität zu Berlin

- Kalz, B., J. Priemer, R. Koch, A. Reinsch, J. Fickel (2002): Investigations on free-living Eurasian otters in the nature park of Nossentiner/Schwinzer Heide (Germany) by DNA typing of spraints. *Advances in Ethology* 37, 99
- Kalz, B., J. Fickel (2003): Vom Fischotter-Kot zum DNA-Profil (Otter zählen und erkennen). *Methoden feldökologischer Säugetierforschung* 2, 171-180
- Kohn, M.H., R.K. Wayne (1997): Facts from faeces revisited. *Trends in Ecology and Evolution*, 12, 223-227.
- Kranz, A. (1995): Bestimmung und Analyse des Home Range beim Fischotter *Lutra lutra* L. In: Stubbe, M. et al. (Hrsg.): *Methoden feldökologischer Säugetierforschung* 1, 161-168
- Kruuk, H., J.W.H. Conroy (1991): Surveying otter *Lutra lutra* populations: A discussion of problems with spraints. *Biol. Conserv.* 41 (3), 179-183
- Kruuk, H (1995) *Wild otters*. Oxford University Press, Oxford, UK
- Labes, R. et al. (1991): Rote Liste der gefährdeten Säugetiere Mecklenburg-Vorpommerns. Umweltministerium des Landes Mecklenburg-Vorpommern, 22
- Lanszki, J., Koermendi, S., Hancz, C., Martin, T.G. (2001): Examination of some factors affecting selection of fish prey by otters (*Lutra lutra*) living by eutrophic fish ponds. *Journal of Zoology*, 255, 97-103
- Macdonald, S.M., C.F. Mason (1987): Seasonal marking in an otter population. *Acta Theriologica*, 32 (27), 449-462
- Macdonald, S.M., C.F. Mason (1994): Status and conservation needs of the otter (*Lutra lutra*) in the western Palaearctic - Convention on the Conservation of European Wildlife and Natural Habitats. *Nature and Environment*, 67, 1-54
- Macdonald, D. (1995): Mit Zähnen und Klauen. Leben und Überleben der Raubtiere. Vgs-Verlag, 215
- Mason C.F., S.M. Macdonald (1986): *Otters, ecology and conservation*. Cambridge University Press, Cambridge, UK
- Mason C.F., S.M. Macdonald (1993): Impact of organochlorine pesticide residues and PCBs on otters (*Lutra lutra*) – a study from western Britain. *Science of the total Environment*, 138, 127-145
- Miller, C. R., P.Joyce, L.P. Waits (2002): Assessing allelic dropout and genotype reliability using maximum likelihood. *Genetics* 160, 357-366
- Mühlenberg, M., M. Waltert (2001): Einfluß des Verhaltens auf Monitoringmethoden:

- Beispiele an Wirbeltieren in Westafrika. Naturschutz und Verhalten - Internationales Symposium am Zentrum für Naturschutz der Universität Göttingen (eds. Gottschalk, E., A. Barkow, M. Mühlenberg, J. Settele) (UFZ-Bericht, Nr. 2001.2). Leipzig/Halle: UFZ - pp. 123-134
- Müller-Stiess, H. & H. Ansorge (1996): Der Fischotter (*Lutra lutra*) – wertgebende Säugetierart in ökologischen Beiträgen zu Fachplanungen. In: Boye, P. et al. (Hrsg.) (1996): Säugetiere in der Landschaftsplanung. Fachtagung „Standardmethoden und Mindestanforderungen für säugetierkundliche Beiträge zu Umwelt- und Naturschutzplanungen“ 4.-5.12.93 Rauschholzhausen, S. 117-123
- Murphy, M.A., L.P. Waits, K. C. Kendall (2003): The influence of diet on faecal DNA amplification and sex identification in brown bears (*Ursus arctos*). *Molecular Ecology* 12, 2261-2265
- Mucci, N., C. Pertoldi, A.B. Madsen, V. Loeschicke, E. Randi (1999): Extremely low mitochondrial DNA control-region sequence variation in the otter (*Lutra lutra*) population of Denmark. *Hereditas* 130, 331-336.
- Nowak, E., J. Blab & R. Bless (1994): Rote Liste der gefährdeten Wirbeltiere in Deutschland. Kilda-Verlag, S. 29-31, 37
- O'Connell, M., J.M. Wright, A. Farid (1996): Development of PCR primers for nine polymorphic American mink *Mustela vison* microsatellite loci. *Molecular Ecology* 5, 311-312
- Otter-Post (1998): Trittsiegel ungeeignet zur individuellen Identifizierung. *Otter-Post* 4, 2
- Otter-Post (1999): Produktives Otter-Meeting in Finnland. *Otter-Post* 3, 18
- Pertoldi, C., M.M. Hansen, V. Loeschke, A.B. Madsen, L. Jacobsen, H. Baagoe (2001): Genetic consequences of population decline in the European otter (*Lutra lutra*): an assessment of microsatellite DNA variation in Danish otters from 1883 to 1993. *Proceedings of the Royal Society of London Series B, Biological Sciences*, 268, 1775-1781
- Priemer, J. (2001): Europe. In: Chowdhury, N., A.A. Aguirre (eds.): *Helminths of Wildlife* 9, 157-197. Science Publ. Enfield / Plymouth
- Raymond, M., F. Rousset (1995): GENEPOP (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism. *Journal of Heredity* 86, 248-249
- Reed, J.Z., D.J. Tollit, P.M. Thompson, W. Amos (1997): Molecular scatology: the use of molecular genetic analysis to assign species, sex and individual identity to seal faeces. *Molecular Ecology* 6, 225-234

- Reuther, C., F. Mason (1992): Erste Ergebnisse von Kotanalysen zur Schadstoff-Belastung deutscher Otter. *Habitat* 7, S. 7-21
- Reuther, C. (1993): Kann man Fischotter zählen? Ein Diskussionsbeitrag zur Dokumentation der Populationsentwicklung einer gefährdeten Säugetierart. *Natur und Landschaft* 68, 160-164
- Reuther, C. (1995): Otter 2000: An Otter Habitat Network Program for Germany. *Habitat* 11, Hankensbüttel, Germany
- Reuther, C., D. Dolch, R. Green, J. Jahrl, D. Jefferies, A. Krekemeyer, M. Kucerova, A.B. Madsen, J. Romanowski, K. Roche, J. Ruiz-Olmo, J. Teubner, A. Trindade, (2000): Surveying and Monitoring Distribution and Population Trends of the Eurasian Otter (*Lutra lutra*). *Habitat* 12, Hankensbüttel, Germany
- Reuther, C. (ed.) (2002) Fischotterschutz in Deutschland - Grundlagen für einen nationalen Artenschutzplan. *Habitat* 14, Hankensbüttel, Germany
- Rogoschik, B., B. Brandes (1991): Diseases among captive otters. In: Reuther, C., R. Röchert (eds.): Proceedings V. Internat. Otter Colloquium Hankensbüttel 1989, *Habitat* 6, 309- 315
- Roy, R. (2003): Analysis of human fecal material for autosomal and Y chromosome STRs. *Journal of Forensic Science*, 48, 1035-1040
- Schneider, S., D. Roessli, L. Excoffier (2000): Arlequin: a software for population genetic data analysis. ver. 2.001. Genetics & Biometry Lab., Dept. Anthropology & Ecology, University Geneva, Switzerland
- Sjöåsen, T., F. Sandegren (1992): Wiedereinbürgerung Eurasischer Fischotter (*Lutra lutra*) in Südschweden 1987-1992: Ein Projekt in der Entwicklung. *Habitat* 7, 41-45
- Sommer, R., A. Griesau (2003): Fischotter (*Lutra lutra* L.) Totfundbearbeitung am Institut für Biodiversitätsforschung der Universität Rostock. *Naturschutzarbeit in Mecklenburg-Vorpommern* 46(2): 78-81
- Stubbe, M., D. Heidecke, A. Stubbe (1993): Monitoring Fischotter 1985-1991. *Tiere im Konflikt*, Heft 1, S. 11-59
- Taberlet, P., G. Luikart (1999): Non-invasive genetic sampling and individual identification. *Biological Journal of the Linnean Society*, 68, 41-65
- Teubner, J., J. Teubner, D. Dolch (2003): Fischottermonitoring im Land Brandenburg - Entwicklung und gegenwärtige Umsetzung an ausgewählten Beispielen. *Methoden feldökologischer Säugetierforschung*, 2, 213-221
- Thompson, J.D., T.J. Gibson, F. Plewniak, F. Jeanmougin, D.G. Higgins (1997): The ClustalX windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided

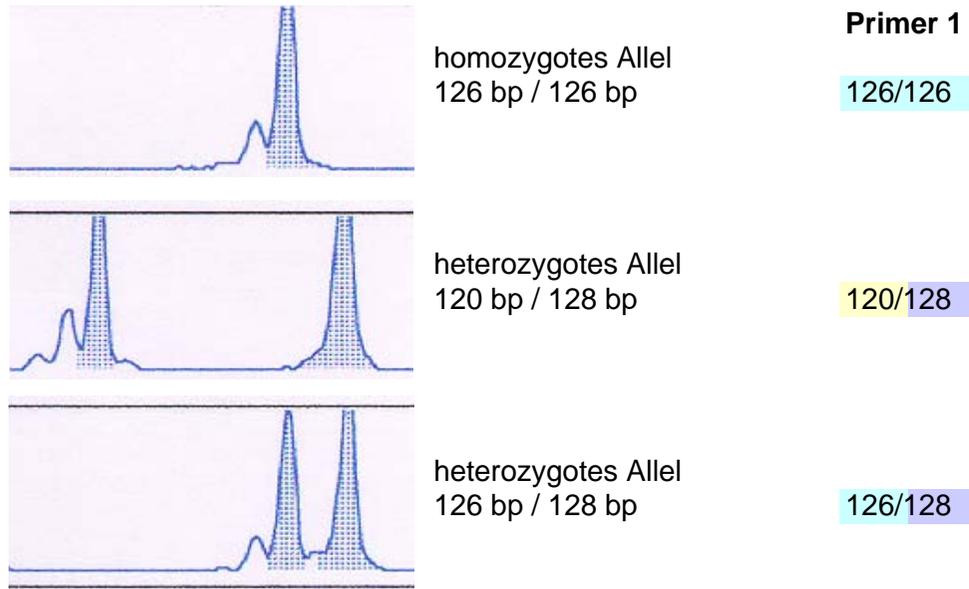
- by quality analysis tools. *Nucleic Acids Research*, 24, 4876-4882
- Tschirch, W., G. Hempel, H. Rothmann, R. Schipke, R. Klenke (1996): Fäkalsteroiduntersuchungen. In: Artenschutzprogramm Fischotter in Sachsen. 32-34
- Valière, N. (2002): Gimlet: a computer program for analysing genetic individual identification data. *Molecular Ecology Notes* 2, 377-379.
- Vogel, C. (1995): Fang und Telemetrie von Fischottern *Lutra lutra* L. in Mecklenburg-Vorpommern. *Methoden feldökologischer Säugetierforschung* 1, 169-172
- Waits, L.P., G. Luikart, P. Taberlet (2001): Estimating the probability of identity among genotypes in natural populations: cautions and guidelines. *Molecular Ecology* 10, 249-256
- Wang, R., J.N. Painter, I. Hanski (2002): Amplification of DNA markers from scat samples of the least weasel *Mustela nivalis nivalis*. *Acta Theriologica*, 47, 425-431
- Weber, D. (1992): Warum wurde der Versuch gestoppt, Otter in der Schweiz auszusetzen?. *Habitat* 7, S. 53-56
- Weir, B.S., C.C. Cockerham (1984): Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution* 38, 1358-1370
- Williams, T.D., D.B. Siniff (1983): Surgical implantation of radiotelemetry devices in the sea otter. *Journal of the American Veterinary Medical Association* 183, 1290-1291
- Woolf, A. (1984): Inanition following implantation of a radiotelemetry device in a river. *Journal of the American Veterinary Medical Association* 185, 1415-1416
- Wright, S. (1978): *Evolution and the genetics of populations*. The University of Chicago Press, IL, Chicago, USA

8. Danksagung

Unser besonderer Dank gilt den StAUN Lübz und Neubrandenburg sowie der Schutzgemeinschaft Wasser & Leben für die Finanzierung der Untersuchung.

Außerdem danken wir dem OTTER-ZENTRUM Hankensbüttel für die Bereitstellung von Probenmaterial für verschiedene Voruntersuchungen an Gehegetieren und Herrn Robert Sommer von der Universität Rostock für die Proben und Daten der tot aufgefundenen Otter. Steffi Haubold (Diplomandin), Dr. Jürgen Priemer vom IZW Berlin und Dr. Bernd Gruber vom UFZ Leipzig herzlichen Dank für die gute Zusammenarbeit!

Frangmentlängenanalyse (bp = Basenpaare)



DNA-Profile von zwei Tieren

Probe	Primer 1	Primer 2	Primer 3	Primer 4	Primer 5	Primer 6	Tier	Fundort	Bearbeiter	Datum
43	120/126	126/130	204/204	175/195	173/173	167/167	2	13.17	Arnds	06.11.2001
85	120/126	126/130	204/204	175/195	173/173	167/167	2	13.17	Arnds	07.12.2001
124	120/126	126/130	204/204	175/195	173/173	167/167	2	13.17	Mahnke	10.01.2002
136	120/126	126/130	204/204	175/195	173/173	167/167	2	13.15	Arnds	25.07.2002
52	128/128	128/128	196/196	175/175	165/177	154/171	10	07.01	Koch	06.11.2001
185	128/128	128/128	196/196	175/175	165/177	154/171	10	05.02	Koch	08.01.2002
153	128/128	128/128	196/196	175/175	165/177	154/171	10	03.08	Erlebach	13.02.2002
392	128/128	128/128	196/196	175/175	165/177	154/171	10	05.02	Koch	21.06.2002

Abb. 1: Beispiele für die Erstellung individueller DNA-Profile

Hormonanalyse für bekannte weibliche und männliche Otter

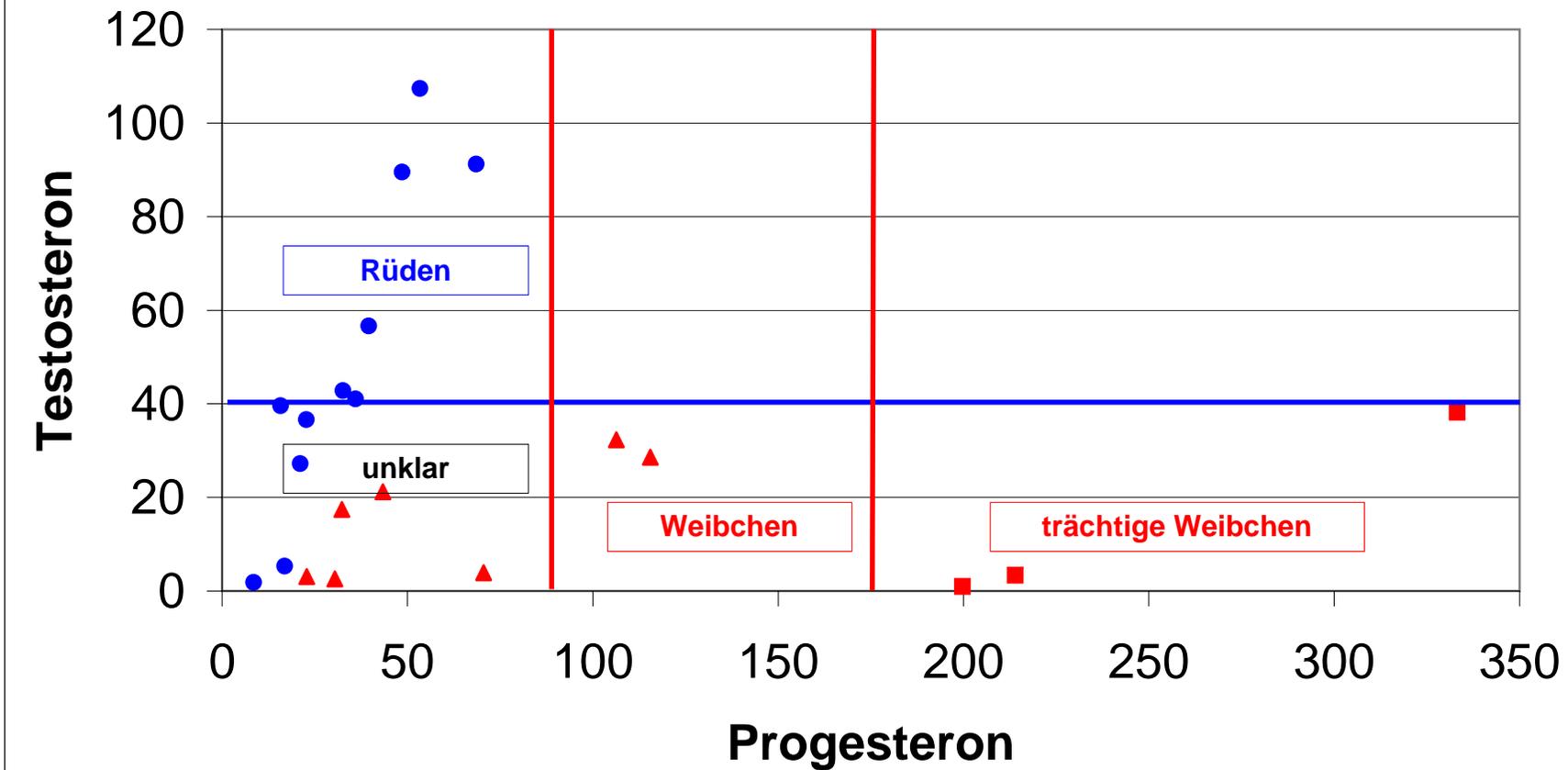


Abb. 2: Auswertung der Hormonanalysen

Abbildung 3
Anzahl nachgewiesener Fischotter
im Naturpark Nossentiner/Schwinzer Heide

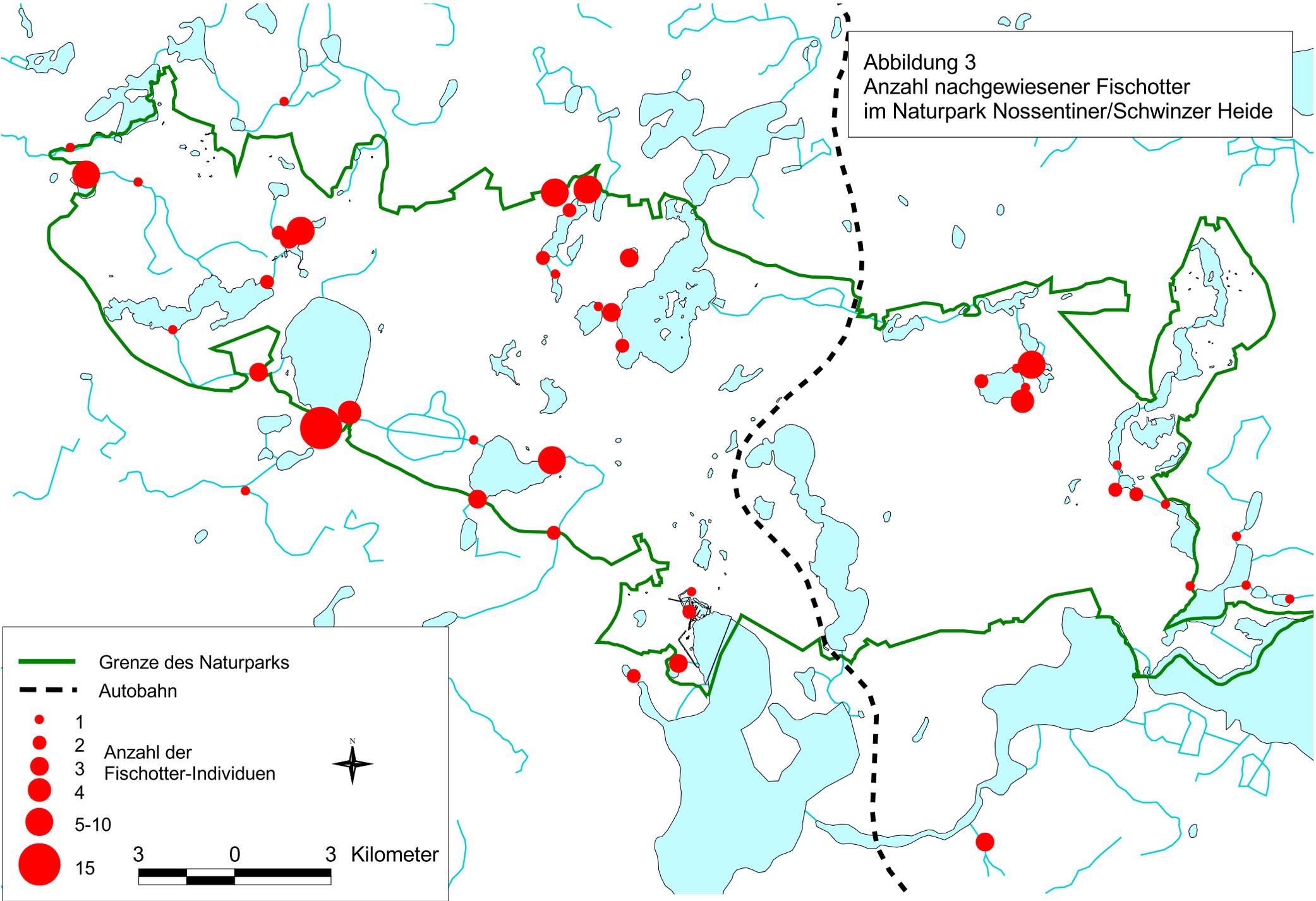
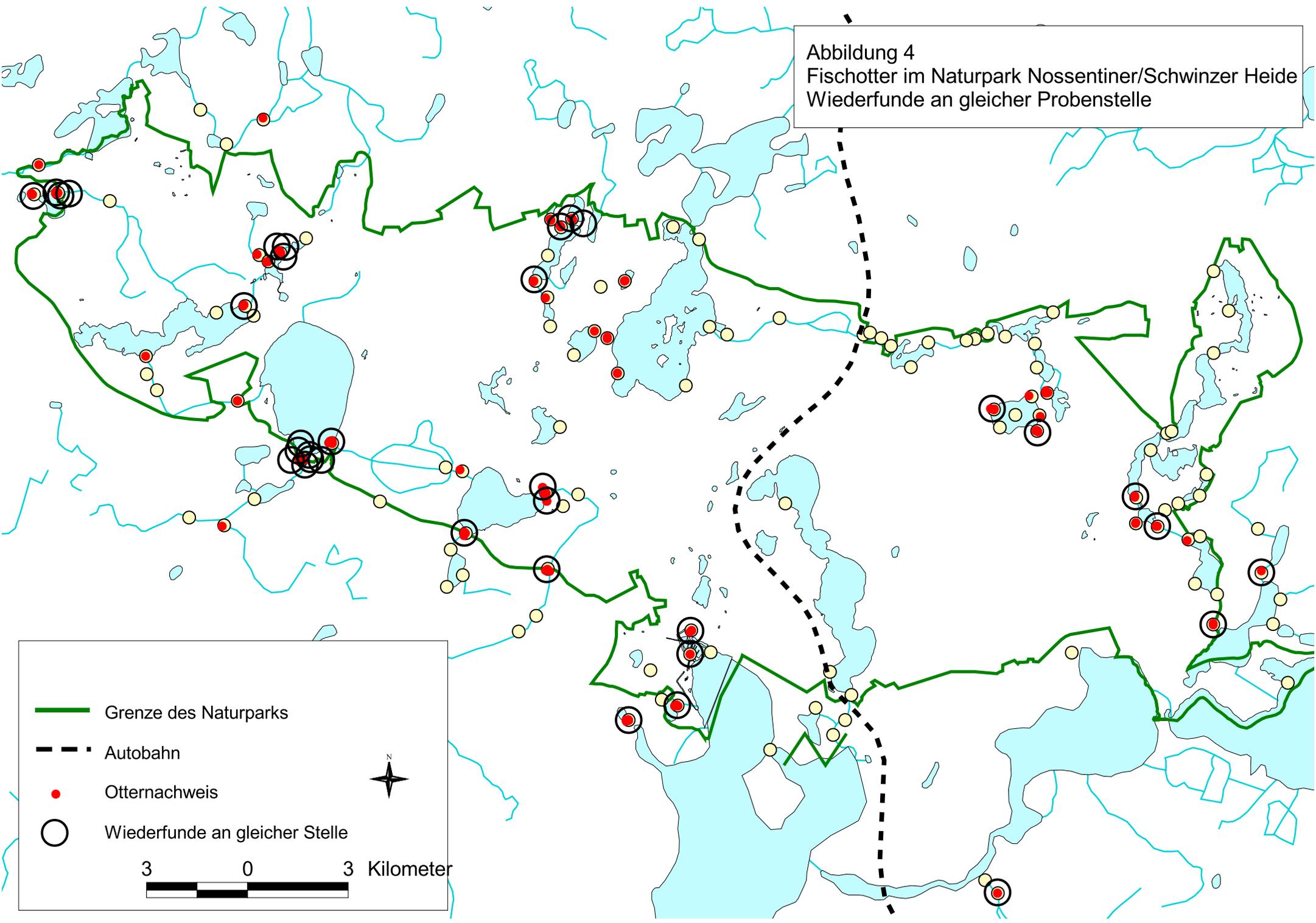


Abbildung 4
Fischotter im Naturpark Nossentiner/Schwinzer Heide
Wiederfunde an gleicher Probenstelle



— Grenze des Naturparks

- - - Autobahn

• Otternachweis

○ Wiederfunde an gleicher Stelle

3 0 3 Kilometer



Abbildung 5
Fischotter im Naturpark Nossentiner/Schwinzer Heide
Vergleich Nachweis reproduktiver Tiere und vorher geschätzte Reproduktionsgebiete (ohne Totfunde)

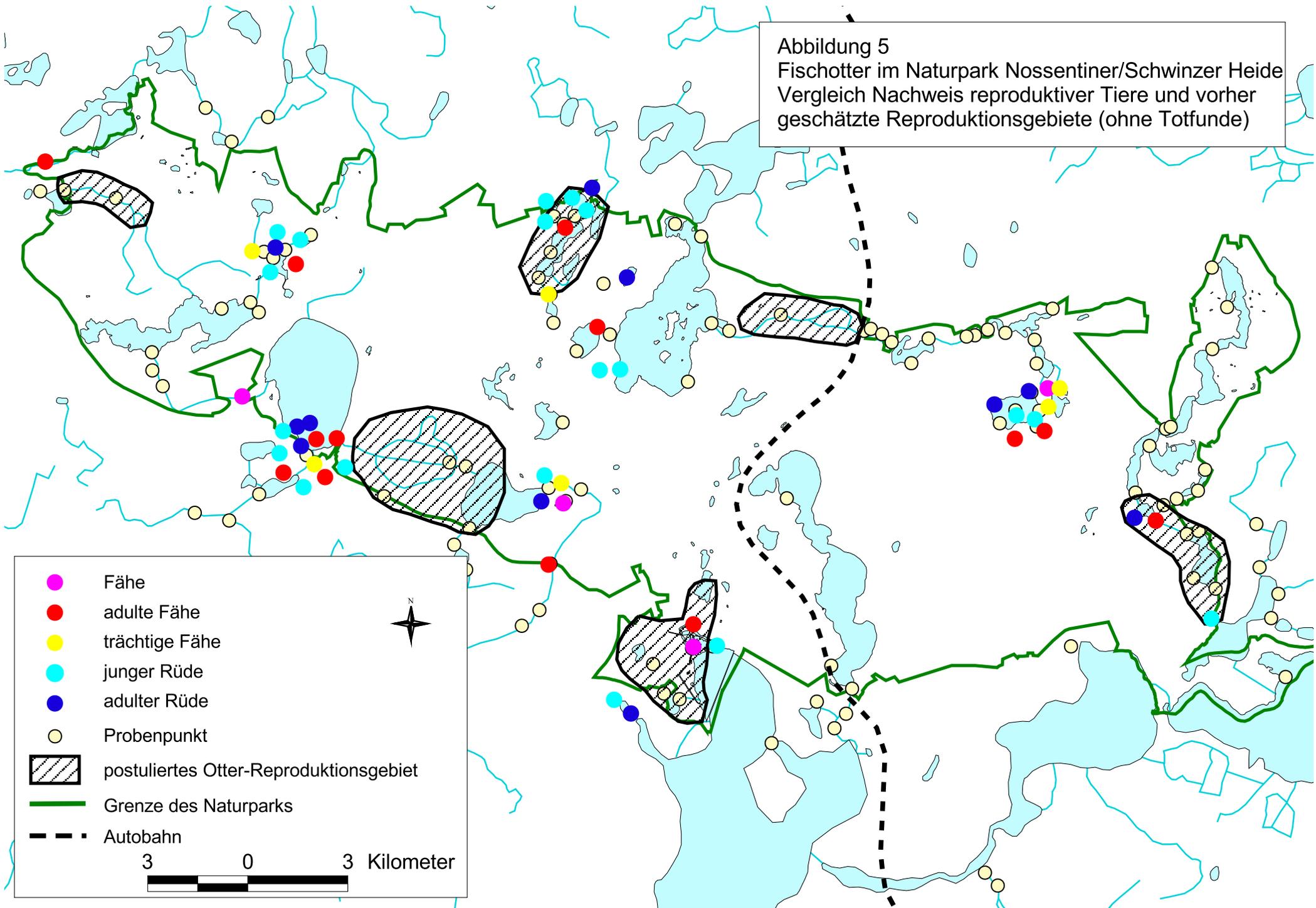
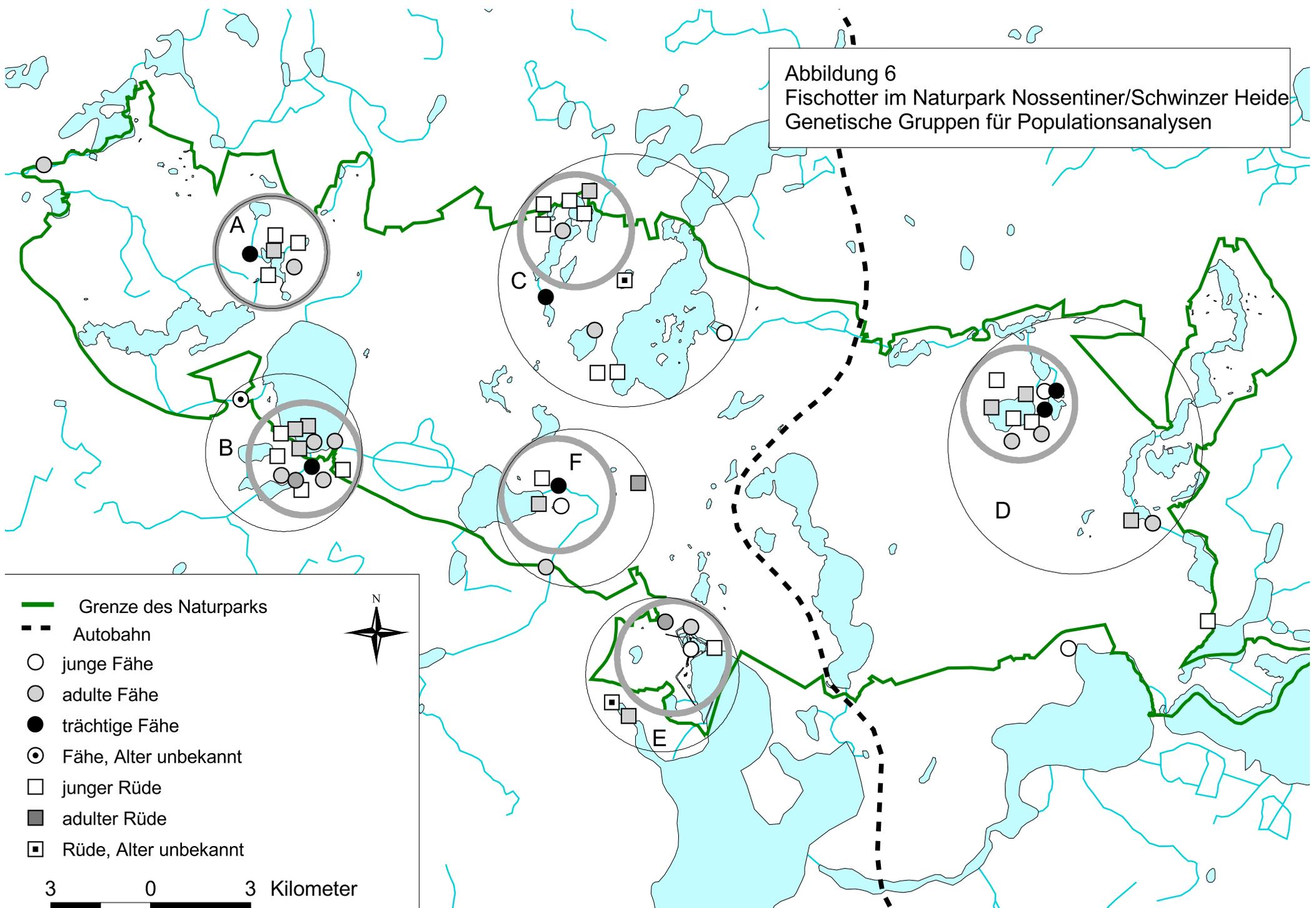


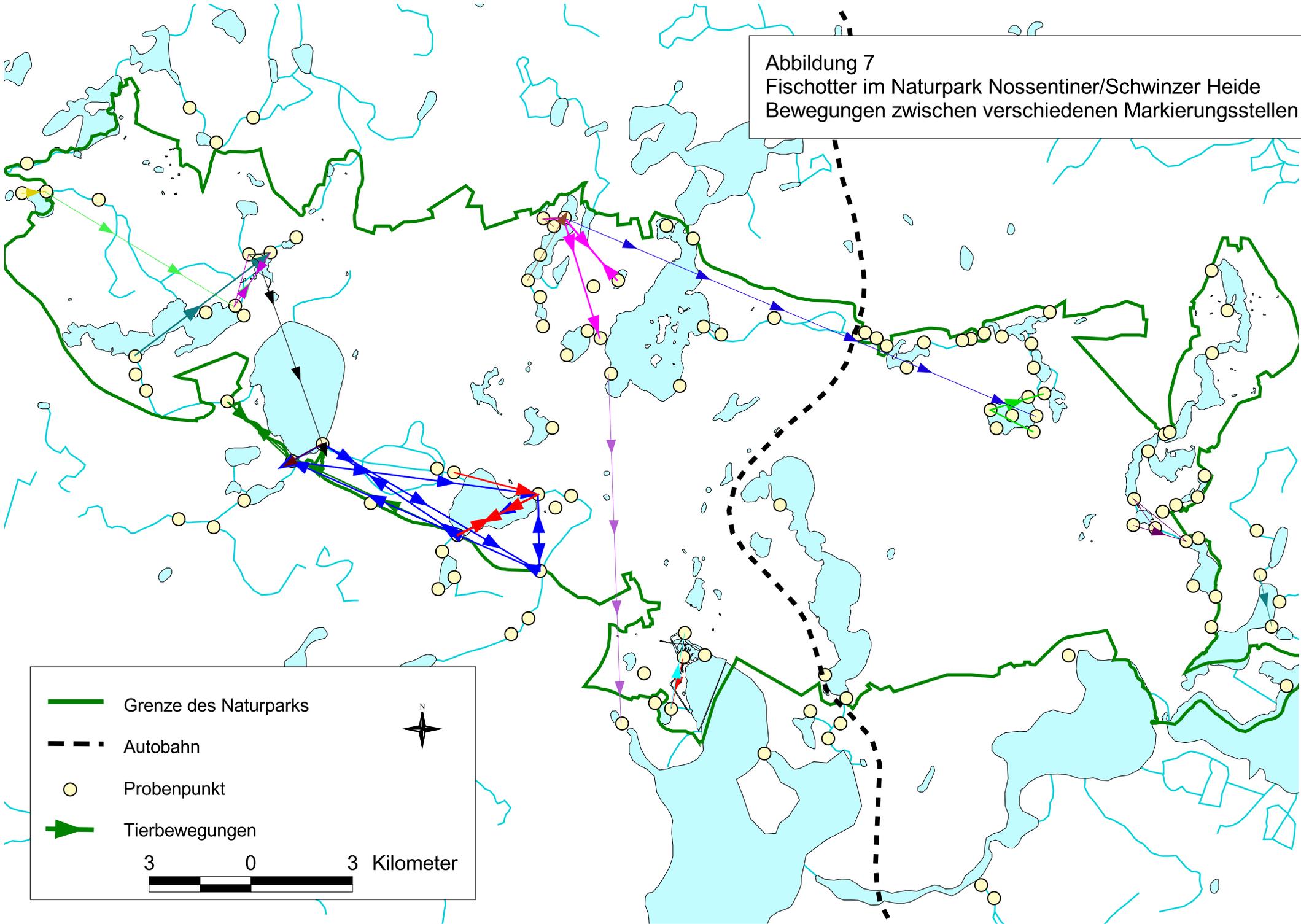
Abbildung 6
Fischotter im Naturpark Nossentiner/Schwinzer Heide
Genetische Gruppen für Populationsanalysen



- Grenze des Naturparks
- - - Autobahn
- junge Fähe
- adulte Fähe
- trüchtige Fähe
- ⊙ Fähe, Alter unbekannt
- junger Rüde
- adulter Rüde
- ⊠ Rüde, Alter unbekannt

3 0 3 Kilometer

Abbildung 7
Fischotter im Naturpark Nossentiner/Schwinzer Heide
Bewegungen zwischen verschiedenen Markierungsstellen



-  Grenze des Naturparks
-  Autobahn
-  Probenpunkt
-  Tierbewegungen

3 0 3 Kilometer