

Fischottermonitoring an den Fließgewässern Oberösterreichs

Bericht genetische Dichteerhebungen



von

Dr. Tamara Schenekar, Claudia Walter, BSc. &

Assoz. Univ.-Prof. (i.R.) Dr. Steven Weiss

Graz, Juni 2026

Auftraggeber:

AMT DER OÖ LANDESREGIERUNG
Direktion für Landesplanung, wirtschaftliche
und ländliche Entwicklung
Abteilung Land- und Forstwirtschaft
Bahnhofplatz 1
4021 Linz



LAND
OBERÖSTERREICH

Auftragnehmer:

KARL-FRANZENS-UNIVERSITÄT GRAZ
Institut für Biologie
Universitätsplatz 2
8010 Graz



Zitiervorschlag:

Schenekar, T., Walter, C. Weiss, S. (2026) Fischottermonitoring an den Fließgewässern Oberösterreichs – Bericht genetische Dichteerhebungen. Bericht im Auftrag des Amtes der OÖ Landesregierung. 21 Seiten mit einem Anhang.

Foto-Copyright und Kartengrundlagen:

Die Urheberrechte der in diesem Bericht verwendeten Fotos liegen bei der in der jeweiligen Bildlegende angegebenen Person, ansonsten bei den Autoren dieses Berichts. Zur Erstellung der Karten dieses Berichts wurden folgende Kartengrundlagen verwendet: Bezirksgrenzen Oberösterreich (Land Oberösterreich; Zugriff über data.gv.at am 10.11.2023), Nationaler Gewässerbewirtschaftungsplan 2021 (Zugriff über WISA am 15.6.2026), Berichtsgewässernetz (Umweltbundesamt, Zugriff über geomatadatensuche.inspire.gv.at, 26.1.2018), Digitales Geländemodell Österreich (geoland.at; Zugriff über data.gv.at, 1.12.2020); Geländeschummerung (geoland.at; Zugriff über data.gv.at, 29.6.2021), Corine Landbedeckung 2018 (Umweltbundesamt, Zugriff über data.gv.at, 30.6.2021) Abbildung Titelblatt: Genetische Lösungsprobe gesammelt an der Großen Mühl. Foto © Steven Weiss.

Inhalt

Zusammenfassung.....	3
1. Ausgangslage & Zielsetzung	4
2. Methodik	7
2.1 Referenzstrecken.....	7
2.1.1 Große Mühl	8
2.1.2 Antiesen.....	9
2.1.3 Enns	10
2.2 Losungssammlung	11
2.3 Genetische Analysen	11
3. Ergebnisse	12
3.1 Referenzstrecke Große Mühl	13
3.2 Referenzstrecke Antiesen.....	15
3.3 Referenzstrecke Enns	17
3.1 Vergleich der Otterdichten zwischen 2021 und 2026	19
4. Diskussion der Ergebnisse	20
5. Referenzen	21

Zusammenfassung

Im Rahmen des begleitenden Monitorings zur oberösterreichischen Fischotter-Verordnung wurde eine genetische Erhebung an ausgewählten Fließgewässern Oberösterreichs durchgeführt. Ziel war es, die Fischotterdichte an drei Referenzstrecken (Große Mühl, Antiesen, Enns) zu erheben und mit den Ergebnissen von 2021 zu vergleichen.

Die drei rund 30 Fluss-km langen Referenzstrecken wurden im Februar 2026 vollständig begangen, frische Losungen gesammelt und im Labor mittels Mikrosatelliten-Analysen ausgewertet. Auf Basis der genetisch identifizierten Individuen wurde die Otterdichte je Flusskilometer berechnet.

An der Großen Mühl wurden 18 Individuen und eine Fischotter-Dichte von 0,601 Tieren je Fluss-km nachgewiesen, an der Antiesen 12 Individuen mit 0,401 Tieren je Fluss-km und an der Enns acht Individuen mit 0,273 Tieren je Fluss-km. Im Vergleich zu 2021 zeigte sich an allen drei Referenzstrecken ein Anstieg der Fischotterdichte um durchschnittlich 31,6% (Große Mühl +28,4%, Antiesen +33,2% und Enns + 33,2%). Die Ergebnisse deuten damit auf eine Zunahme der lokalen Dichten hin.

Die identische Methodik, vergleichbare Probenzahlen und die strenge Qualitätskontrolle der Genotypendaten sprechen dafür, dass die beobachtete Zunahme biologisch begründet ist und nicht auf methodische Artefakte zurückgeht. Ob diese Zunahmen von kurzzeitigen temporären Schwankungen beeinflusst sind, und ob diese einen allgemeinen Trend in ganz Oberösterreich widerspiegeln, müsste durch ein ausgeweitetes Monitoring erhoben werden.

1. Ausgangslage & Zielsetzung

Im Jahr 2021 wurde im Auftrag des Amtes der oberösterreichischen Landesregierung eine umfassende Studie zur Verbreitung und Populationsgröße des Fischotters (*Lutra lutra*) an den Fließgewässern Oberösterreichs durchgeführt (Schenekar & Weiss, 2021). Neben einem landesweiten Brückenmonitoring an 481 Monitoringbrücken, von denen 76,7 % als Fischotter-positiv eingestuft wurden, wurden damals an acht Referenzstrecken á 30 Fluss-km (Abbildung 1) Fischotter-Lösungen genetisch untersucht. Anhand der Lösungen wurden die an der Strecke vorkommenden Fischotter-Individuen identifiziert und über die Anzahl der identifizierten Tiere wurde die Fischotterdichte je Referenzstrecke errechnet. Hierbei schwankte die erhobene Fischotterdichte zwischen 0,205 und 0,468 Fischottern je Fluss-km (Tabelle 1). Basierend auf diesen streckenbezogenen Dichteschätzungen wurde im damaligen Bericht eine Abschätzung der Gesamtpopulationsgröße an den Fließgewässern Oberösterreichs vorgenommen, welche 646 Tiere (95%iges Konfidenzintervall 536-749 Tiere) ergab.

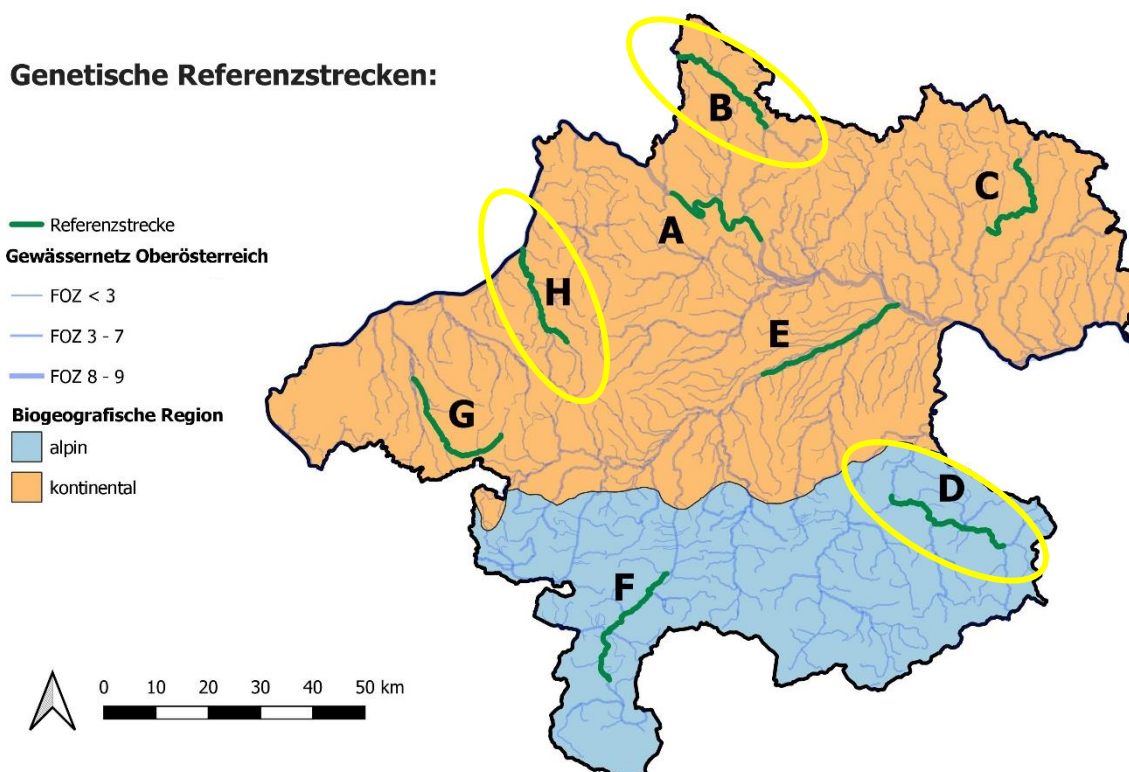


Abbildung 1 Lage der acht Referenzstrecken für die genetischen Dichteerhebungen im Jahr 2021. A: Donau; B: Große Mühl, C: Waldaist, D: Enns, E –Traun 1, F – Traun 2, G – Schwemmbach, H – Antiesen. Drei der Strecken wurden für das genetische Monitoring des vorliegenden Berichts ausgewählt (gelbe Ellipsen).

Tabelle 1 Ergebnisse der genetischen Dichteerhebungen von Schenekar & Weiss (2021) an den Fließgewässern Oberösterreichs. Angegeben ist der Name der acht damaligen Referenzstrecken und deren jeweilige Längen in Fluss-Kilometern. Weiters sind die Anzahl der identifizierten Fischotter-Individuen (# Individuen) an der jeweiligen Referenzstrecke, und die Anzahl der männlichen und weiblichen Tiere (# Männchen & # Weibchen) gelistet. Ebenso ist auch die daraus resultierende Fischotter Dichte (Otterdichte Ind./km) in Fischottern-je-Fluss-km angegeben. Mit* markierte Strecken wurden in der vorliegenden Studie erneut erhoben.

Strecke	Länge (Fluss-km)	# Individuen	# Männchen	# Weibchen	Otterdichte (Ind./km)
Donau	31,49	14	4	10	0,445
Große Mühl*	29,91	14	4	10	0,468
Waldaist	30,9	12	6	6	0,388
Enns*	29,3	6	3	3	0,205
Traun 1	30,33	13	5	8	0,429
Traun 2	29,64	12	4	8	0,405
Schwemmbach	29,55	8	4	4	0,271
Antiesen*	29,91	9	3	6	0,301

Mit Ende Juni 2022 trat die oberösterreichische Fischotter-Verordnung (OÖ LGBl. Nr. 56/2022) in Kraft, die eine vorübergehende Ausnahme von der Schonzeit für den Fischotter vorsieht. Gleichzeitig verpflichtet sich das Land Oberösterreich, ein begleitendes Monitoring durchzuführen, um sicherzustellen, dass die Fischotterpopulation im Bundesland trotz der regulierten Entnahmen in einem günstigen Erhaltungszustand verbleibt und im natürlichen Verbreitungsgebiet langfristig gesichert ist.

Dieses begleitende Monitoring ist zweistufig aufgebaut und umfasst:

1. **Jährliche Verbreitungserhebung:** Eine jährliche Erhebung der Fischotter-positiven Brückenrate an rund 200 Brücken in ganz Oberösterreich, um die aktuelle Verbreitung des Fischotters zu erheben. Diese Erhebung wurde für die Jahre 2023, 2024 und 2025 durchgeführt werden und hatte das Ziel, die Verbreitung des Fischotters in Oberösterreich zu überwachen und mögliche Trends oder Veränderungen in der Population zu erkennen.
2. **Fischotterdichtenerhebung:** Eine Erhebung der Fischotterdichte an drei ausgewählten Referenzstrecken durch Streckenbegehungen und genetische Analysen im letzten Jahr des dreijährigen Monitorings. Diese Erhebung soll die Fischotterdichte an den Referenzstrecken schätzen und ebenfalls als Grundlage für die Bewertung des laufenden Fischottermanagements dienen. Ziel ist es ausdrücklich nicht, eine neue landesweite Populationsgrößenschätzung durchzuführen, sondern die damaligen Dichteschätzungen an ausgewählten Referenzstrecken zeitlich zu wiederholen, um mögliche Veränderungen der Fischotterdichte in diesen Abschnitten zu dokumentieren.

Die vorliegende Studie stellt die Umsetzung des zweiten Teils des Monitorings dar und hat folgende Zielsetzungen:

- Erhebung der aktuellen Fischotterdichte an drei ausgewählten Referenzstrecken in Oberösterreich anhand genetisch identifizierter Individuen aus Losungen.
- Vergleich der aktuellen Dichteschätzungen mit den im Jahr 2021 an denselben Referenzstrecken erhobenen Dichten, um Veränderungen der Dichte auf Streckenebene zu erkennen.
- Dokumentation möglicher Trends (Stabilität, Zu- oder Abnahme) der Fischotterdichte an den untersuchten Referenzstrecken im Zeitraum 2021–2026.

2. Methodik

2.1 Referenzstrecken

Für die vorliegende Studie wurden drei der acht im Jahr 2021 genetisch untersuchten Referenzstrecken erneut herangezogen, nämlich die Große Mühl, die Enns und die Antiesen. Die Auswahl folgte dabei zwei Überlegungen: Zum einen sollten mit den drei Strecken gezielt unterschiedliche Dichtebereiche aus der Erhebung 2021 abgedeckt werden, indem eine Referenzstrecke mit vergleichsweise hoher Fischotterdichte (Große Mühl), eine mit mittlerer Dichte (Antiesen) und eine mit niedriger Dichte (Enns) wiederholt untersucht wurden. Zum anderen wurde darauf geachtet, die Strecken räumlich über das Bundesland zu verteilen.

2.1.1 Große Mühl

Die Referenzstrecke Große Mühl umfasst den Flusslauf von der Grenzstrecke zu Deutschland bis in den Ortsbereich von Haslach. Hydromorphologisch wird der Abschnitt im Grenzbereich dem kleinen Hyporhithral, der weiter flussabwärts gelegene Teil dem großen Hyporhithral zugeordnet. Für die gesamte Strecke ist die Flussordnungszahl 5 ausgewiesen. Der überwiegende Anteil des Verlaufs wird derzeit als Gewässer mit mäßigem ökologischem Zustand eingestuft. Im Bereich Aigen–Schlägl liegt jedoch ein als erheblich verändertes Oberflächengewässer ausgewiesener Abschnitt vor, der ein mäßiges bis schlechtes ökologisches Potential besitzt. In den obersten rund 10 Flusskilometern wechseln Abschnitte mit guter und sehr guter Bewertung einander ab, während im Raum Klaffer am Hochficht ein etwa 200 m langer Abschnitt mit unbefriedigendem Zustand ausgewiesen ist (Abbildung 2). Im Jahr 2021 wurden entlang der Referenzstrecke 14 verschiedene Fischotter identifiziert, was eine Fischotter-Dichte von 0,468 Fischottern je Fluss-km ergab.

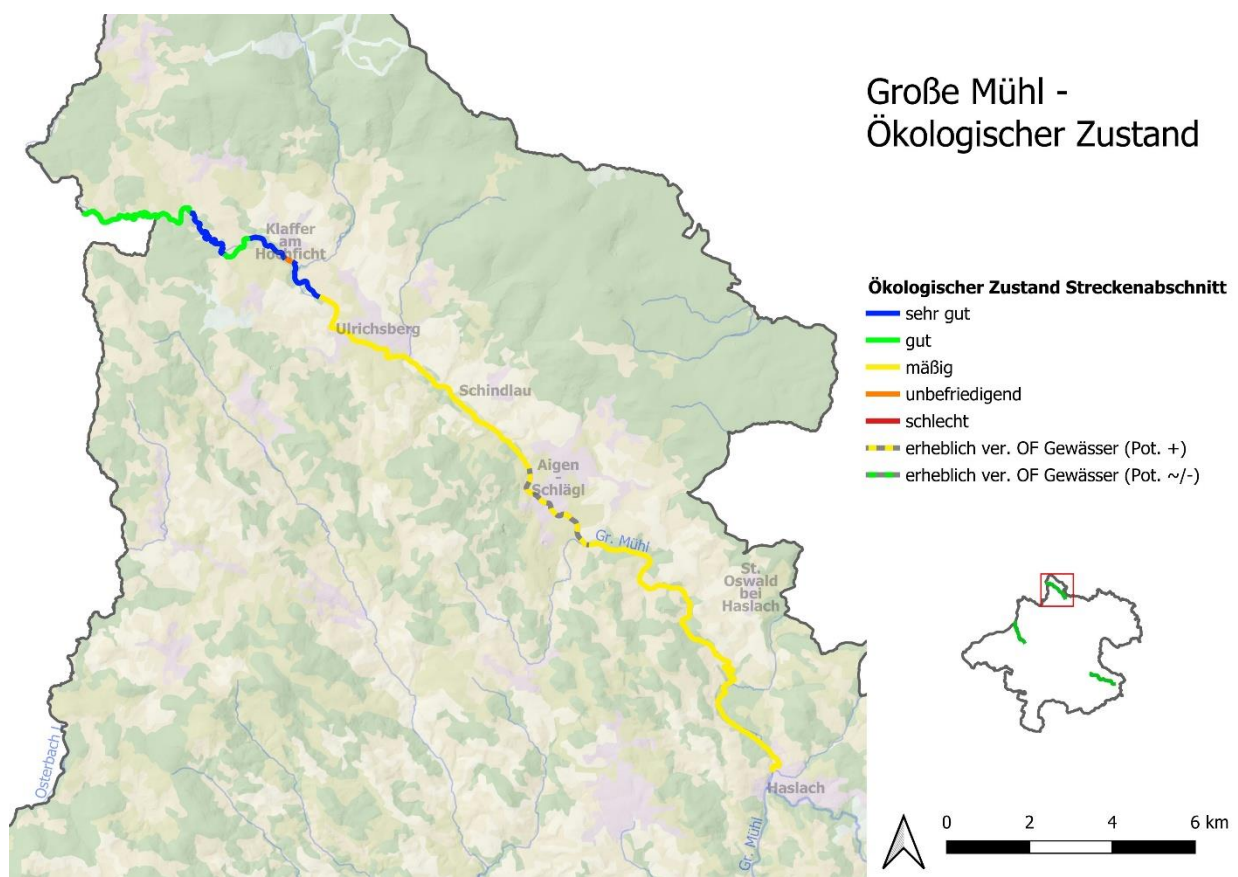


Abbildung 2 Ökologischer Zustand der Referenzstrecke Große Mühl

2.1.2 Antiesen

Die Referenzstrecke Antiesen umfasst den Flusslauf von Langstadt bis zur Mündung in den Inn. Hydrologisch wird der Abschnitt bis zur Einmündung der Oberach dem Metarhithral zugeordnet, der anschließende Verlauf bis Ort dem großen Hyporhithral und der unterste Abschnitt von Ort bis zur Mündung dem mittleren Epipotamal. Der überwiegende Teil der Strecke weist die Flussordnungszahl 4 auf, lediglich die obersten 6,36 Flusskilometer sind mit der Flussordnungszahl 3 klassifiziert. In Bezug auf den Gewässerzustand wird der Großteil der Antiesen in diesem Abschnitt als mäßig eingestuft. Die obersten rund zwei Flusskilometer sind als erheblich verändertes Oberflächengewässer mit gutem ökologischem Potential ausgewiesen. Drei weitere Teilabschnitte, die ebenfalls als erheblich veränderte Oberflächengewässer klassifiziert wurden, weisen hingegen nur ein mäßiges bis schlechtes ökologisches Potential auf (Abbildung 3). Im Jahr 2021 wurden entlang der Referenzstrecke Antiesen neun verschiedene Fischotter identifiziert, was eine Fischotter-Dichte von 0,301 Fischottern je Fluss-km ergab.

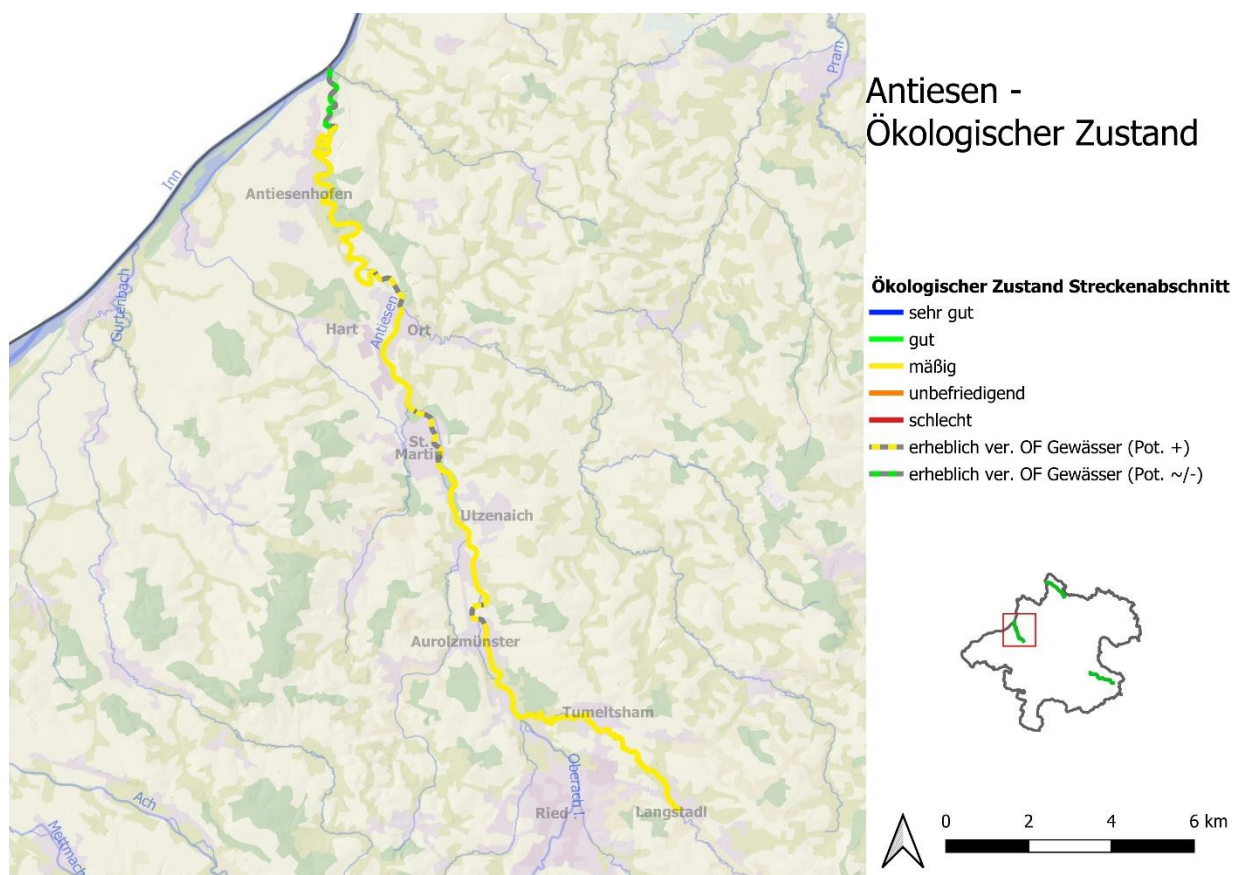


Abbildung 3 Ökologischer Zustand der Referenzstrecke Antiesen

2.1.3 Enns

Die Referenzstrecke D – Enns verläuft entlang der Enns von Anger bis Ternberg. Sie ist dem großen Hyporhithral zugeordnet und weist durchgehend die Flussordnungszahl 6 auf. In der aktuellen Bewertung wird dieser Abschnitt als erheblich verändertes Oberflächengewässer mit einem überwiegend mäßigem bis schlechtem ökologischen Potential eingestuft (Abbildung 4). Im Jahr 2021 wurden entlang der Referenzstrecke Enns sechs verschiedene Fischotter identifiziert, was eine Fischotter-Dichte von 0,205 Fischottern je Fluss-km ergab.

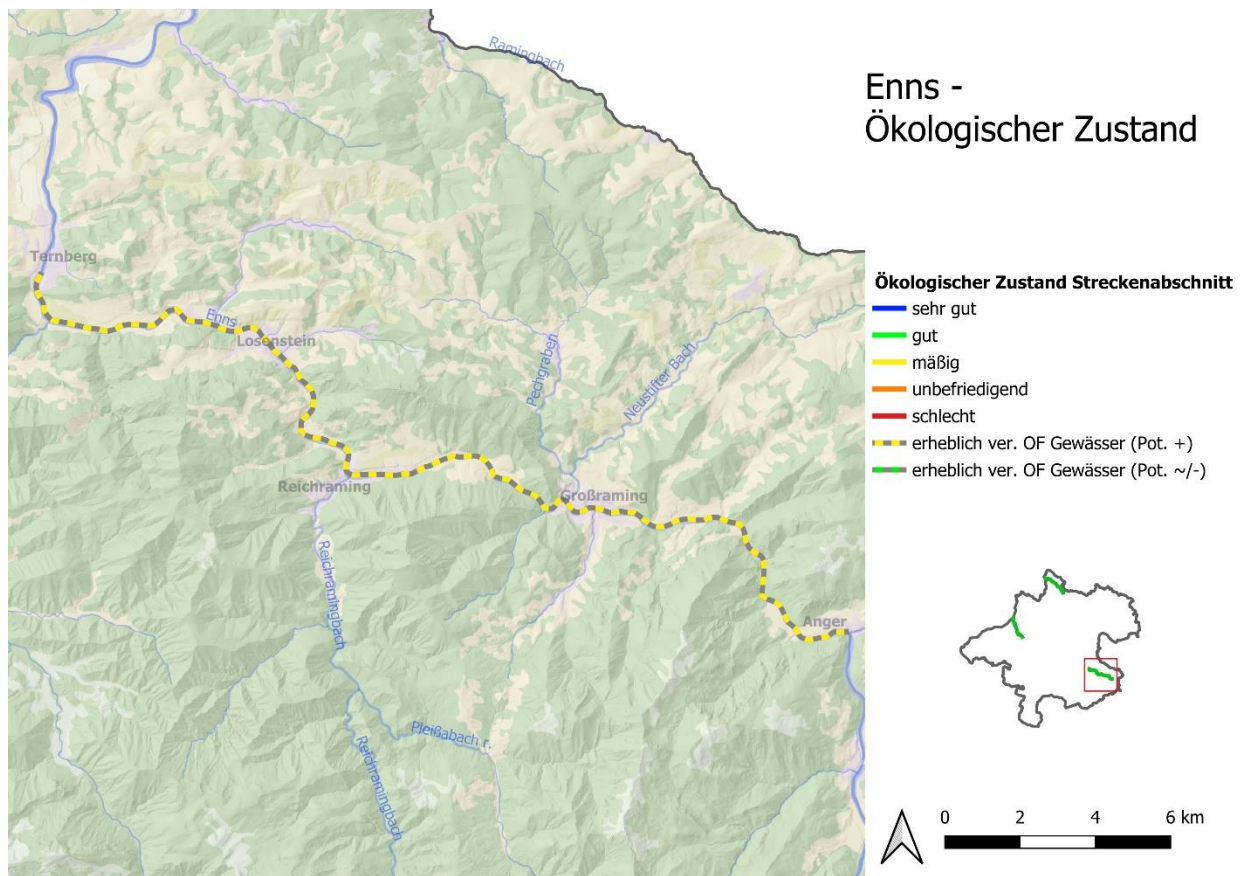


Abbildung 4 Ökologischer Zustand der Referenzstrecke Enns

2.2 Losungssammlung

Die Methodik der Probensammlung folgte grundsätzlich jenem Vorgehen, das in der Studie von 2021 etabliert wurde. Die jeweiligen Flussabschnitte wurden, soweit das Gelände dies zuließ, beidufig begangen und dabei systematisch auf Fischotterlosungen (Kot oder Analjelly) kontrolliert. Im Vordergrund stand die Sammlung frischer Losungen, die als jünger als 24 Stunden eingeschätzt wurden (Kategorie A). In Streckenabschnitten mit geringem Probenaufkommen wurden wie 2021 ergänzend auch Losungen mittleren oder höheren Alters (Kategorien B = 7 – 14 Tage und C = älter als 14 Tage) aufgesammelt. Die Losungen wurden ohne direkte Berührung in Probenröhrchen mit konservierender Pufferlösung überführt, nach kurzer Inkubation im Feld gekühlt und bis zur weiteren Verarbeitung tiefgefroren gelagert. Zu jeder Probe wurden Datum, GPS-Koordinaten, Uferseite, Frischegrad und gegebenenfalls Hinweise auf Zubringer oder besondere Standortmerkmale dokumentiert.

2.3 Genetische Analysen

Auch die genetischen Analysen entsprechen in Aufbau und Durchführung dem in Schenekar & Weiss (2021) beschriebenen Protokoll. Es sollten je Strecke ca. 70 Proben analysiert werden. Aus den Kotproben wurde die DNA im Labor mit etablierten Kits für Kotproben (QIAamp Fast DNA Stool Mini Kit) extrahiert. Die individuelle Identifizierung der Fischotter erfolgte anschließend über ein Set aus 11 Mikrosatellitenloci (Dallas & Piertney, 1998), die mittels Polymerase-Kettenreaktion (PCR) amplifiziert und danach per Kapillarsequenzierer ausgelesen wurden. Zur Sicherung der Datenqualität wurde der Multiple-Tube-Ansatz angewandt, bei dem jede Probe an jedem Locus in mehreren unabhängigen PCRs untersucht wird und ein Genotyp nur dann als bestätigt gilt, wenn sich die Ergebnisse in den Wiederholungen decken. Ein heterozygoter Genotyp musste hierbei in mindestens zwei unabhängigen Wiederholungen beobachtet werden, ein homozygoter in mindestens drei. Hierbei wurde jeder Locus neunmal in der jeweiligen Multiplex-Reaktion amplifiziert. Konnten nach diesen neun Multiplex Reaktionen 1 – 4 der 11 Loci noch nicht eindeutig genotypisiert werden, wurden die fehlenden Loci in sechs Wiederholungen per Einzellocus Reaktionen amplifiziert. Proben, bei denen danach mindestens neun der elf Loci zuverlässig typisiert werden konnten, wurden als erfolgreich genotypisiert gewertet und in weiterer Folge zur Bildung individueller Multilocus-Genotypen herangezogen. Zusätzlich wurde an diesen Proben wie 2021 eine Geschlechtsbestimmung mittels zweier unabhängiger Geschlechtsmarker durchgeführt, um die identifizierten Individuen hinsichtlich ihres Geschlechts zuzuordnen. Die Genotypen wurden danach mithilfe des Programmes CERVUS (Kalinowski, Taper, & Marshall, 2007) untereinander abgeglichen und so den jeweiligen Fischotter-Individuen zugeordnet.

Auf dieser Grundlage wurden für jede der drei Referenzstrecken die Anzahl der dort nachgewiesenen Individuen und daraus abgeleitet die aktuelle Fischotterdichte je Flusskilometer berechnet und mit den Werten aus 2021 verglichen.

3. Ergebnisse

Alle drei Strecken wurden im Zeitraum zwischen 02.02.2026 und 27.02.2026 begangen. Insgesamt wurden hierbei 199 Fischotterlosungen (127 der Kategorie A, 53 der Kategorie B und 19 der Kategorie C) aufgesammelt, wovon 187 extrahiert und im Labor weiterverarbeitet wurden. Insgesamt konnten 96 dieser Losungsproben erfolgreich genotypisiert werden (Erfolgsrate: 51,3%). Es wurden 38 unterschiedliche Fischotter-Individuen identifiziert (Tabelle 3), davon 17 Männchen und 19 Weibchen, und zwei Tiere unbekannten Geschlechts. Alle identifizierten Individuen unterschieden sich an drei oder mehr Mikrosatellitenloci. Weitere Details über die gesammelten Proben können Anhang I entnommen werden.

Tabelle 3 Übersicht über die gesammelten Losungsproben sowie die Identifizierten Fischotter an den drei Referenzstrecken. Angegeben sind das jeweilige Begehungsdatum der Strecken, die Anzahl der aufgesammelten Losungen (# aufgesammelt), sowie die Anzahl der Losungen, welche davon im Labor analysiert (# analysiert) wurden. Des Weiteren ist die Anzahl der Losungen, die erfolgreich genotypisiert wurden angegeben, die Anzahl der Fischotter-Individuen und die draus resultierende Fischotterdichte.

Referenz-strecke	Begehungs-datum	# gesammelt	# analysiert	# genotypisiert	# Fischotter	Otterdichte (Ind./km)
Große Mühl	02.-03.02.2026	77	77	31	18	0,601
Antiesen	04.-05.02.2026	88	76	52	12	0,401
Enns	26.-27.02.2026	34	34	13	8	0,273

Im Folgenden sind die Ergebnisse der drei Referenzstrecken im Detail beschrieben.

3.1 Referenzstrecke Große Mühl

Die genetischen Begehungen an der Großen Mühl fanden am 2.2.2026 und am 3.2.2026 statt (Abbildung 5). Hierbei wurden 77 Proben aufgesammelt, davon 53 der Frischekategorie A, 21 der Kategorie B und drei der Kategorie C (Abbildung 6a). Es wurden alle dieser 77 Proben analysiert.



Abbildung 5 Momentaufnahmen der Referenzstrecke Große Mühl. Foto © A. Kaufmann

Von den analysierten Proben konnten 31 erfolgreich genotypisiert werden (Erfolgsrate: 40,3%). Insgesamt wurden 18 verschiedene Fischotter-Individuen identifiziert, davon neun Weibchen, acht Männchen sowie ein Tier unbekannten Geschlechts (Abbildung 6b). Somit beträgt die mittlere Otterdichte der Referenzstrecke 0,601 Fischotter je Fluss-km. Fünf der Weibchen und fünf der Männchen sowie das Tier unbekannten Geschlechts konnten nur anhand einer Probe nachgewiesen werden, alle anderen Tiere anhand von mindestens zwei Proben. Drei Weibchen (BW07, BW09, BW10) wurden bereits 2021 an der Großen Mühl nachgewiesen.

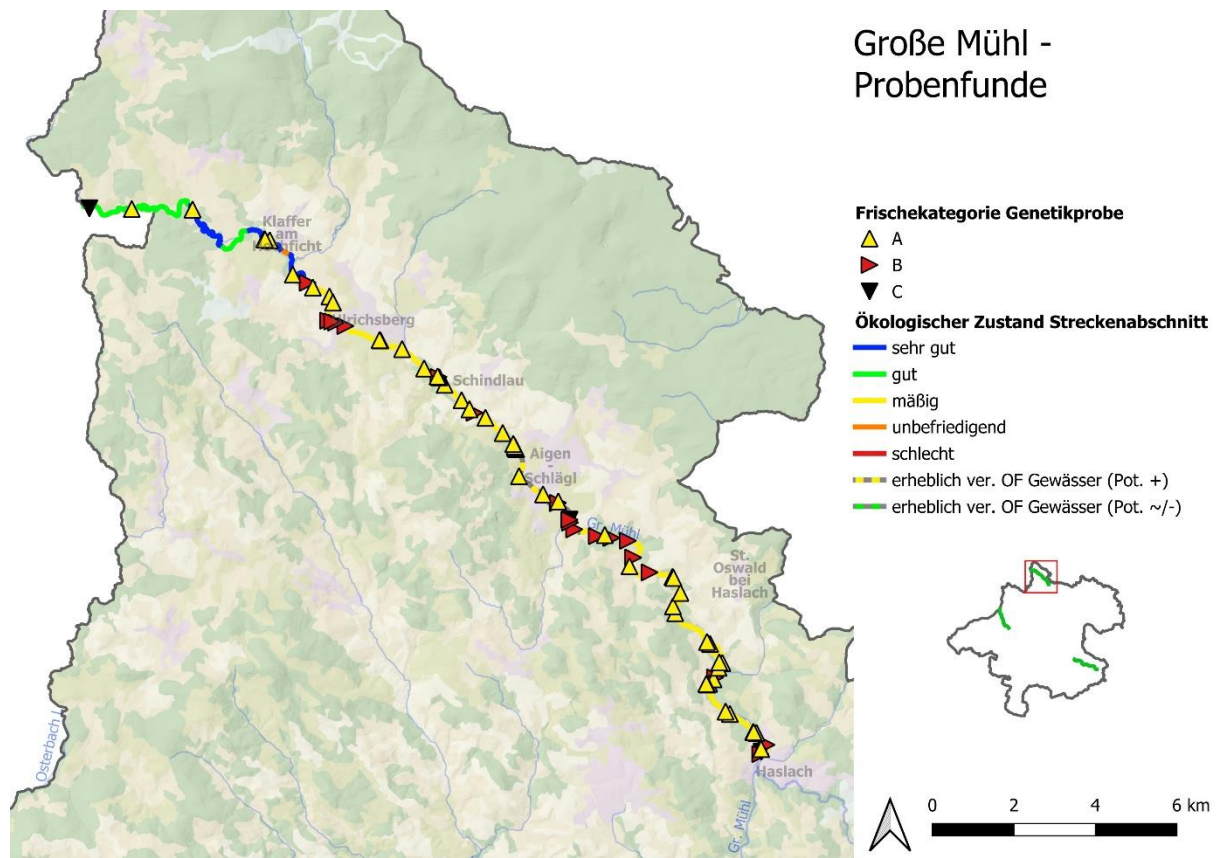


Abbildung 6a Fundpunkte der genetischen Proben entlang der Referenzstrecke Große Mühl, sowie deren ökologischer Zustand.

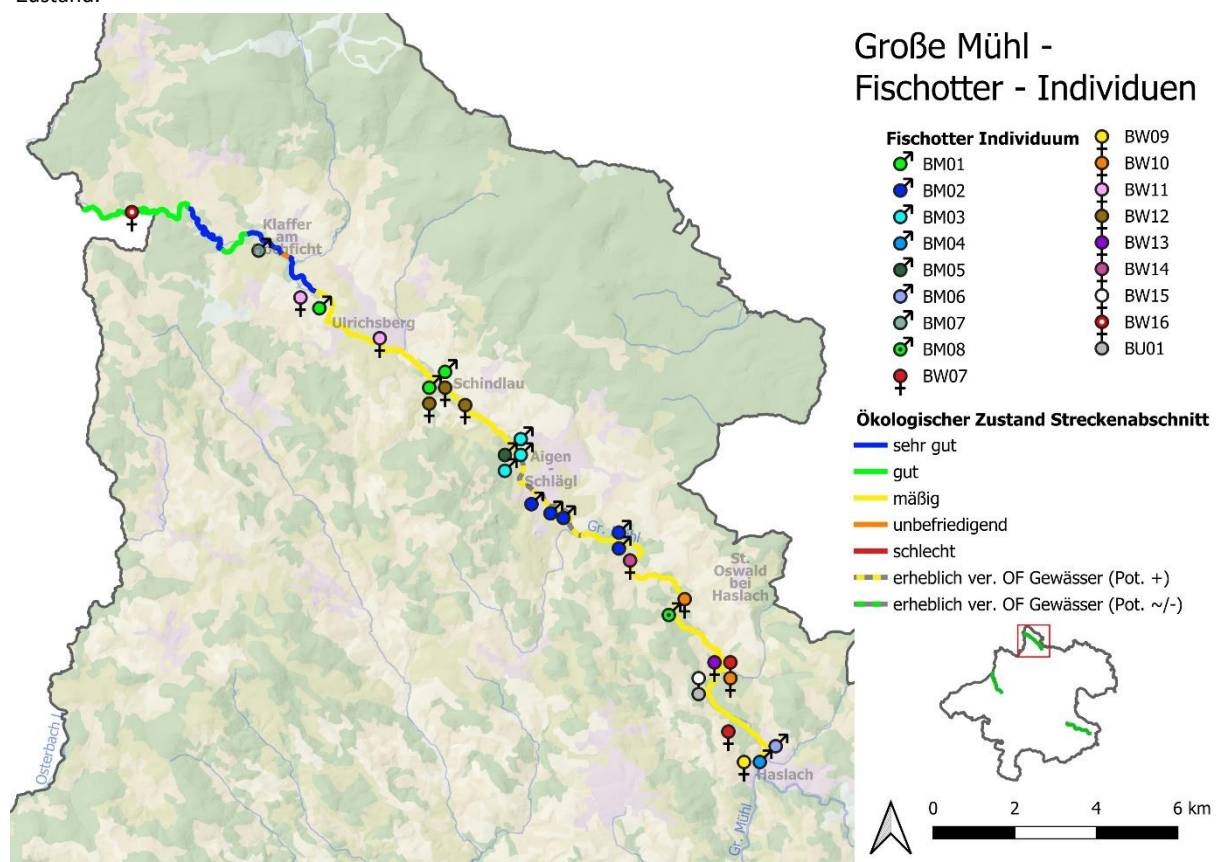


Abbildung 6b Zuordnung der Genetikproben zu den jeweiligen identifizierten Fischotter-Individuen an der Großen Mühl. Die individuellen Kürzel der Tiere bestehen aus Streckenkürzel (B), Geschlecht (W = weiblich, M = männlich), sowie einer Laufnummer für dieses Geschlecht an dieser Strecke. Die Laufnummern wurden aus Schenekar & Weiss (2021) übernommen bzw. fortgeführt.

3.2 Referenzstrecke Antiesen

Die genetischen Begehungen an der Antiesen fanden am 4.2.2026 und am 5.2.2026 statt (Abbildung 7). Hierbei wurden 88 Proben aufgesammelt, davon 60 der Frischekategorie A, 23 der Kategorie B und fünf der Kategorie C (Abbildung 8a). Von diesen 88 Proben wurden 76 analysiert.



Abbildung 7 Momentaufnahmen der Referenzstrecke Große Mühl. Foto © A. Kaufmann & S. Weiss

Von den analysierten Proben konnten 52 erfolgreich genotypisiert werden (Erfolgsrate: 59,1%). Insgesamt wurden 12 verschiedene Fischotter-Individuen identifiziert, davon sieben Weibchen, vier Männchen und ein Tier unbekannten Geschlechts (Abbildung 8b). Somit beträgt die mittlere Otterdichte der Referenzstrecke 0,401 Fischotter je Fluss-km. Zwei der Männchen und das Tier unbekannten Geschlechts konnten nur anhand einer Probe nachgewiesen werden, alle anderen Tiere anhand von mindestens zwei Proben. Zwei der Weibchen (HW01, HW02) wurden bereits 2021 an der Antiesen nachgewiesen.

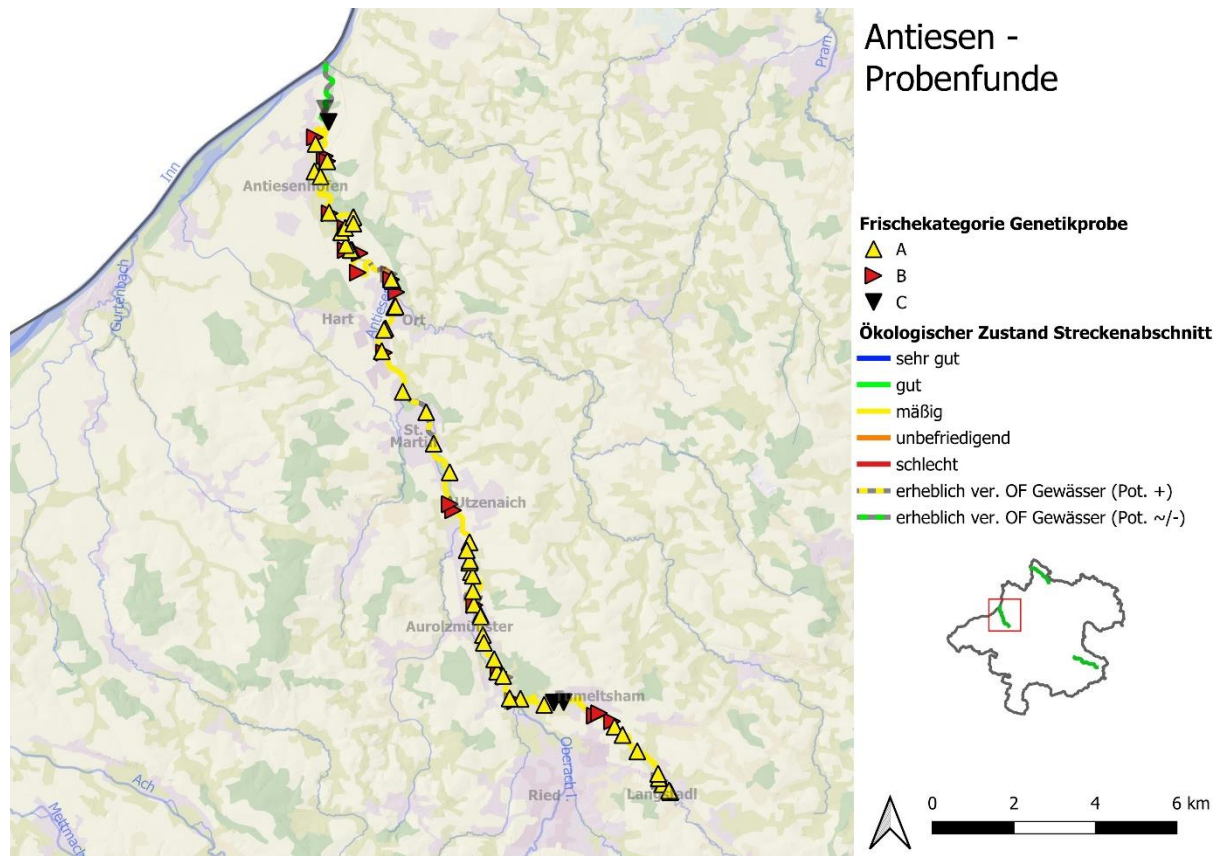


Abbildung 8a Fundpunkte der genetischen Proben entlang der Referenzstrecke Antiesen, sowie deren ökologischer Zustand. Proben, welche aufgesammelt aber nicht weiterverarbeitet wurden, sind halbttransparent dargestellt.

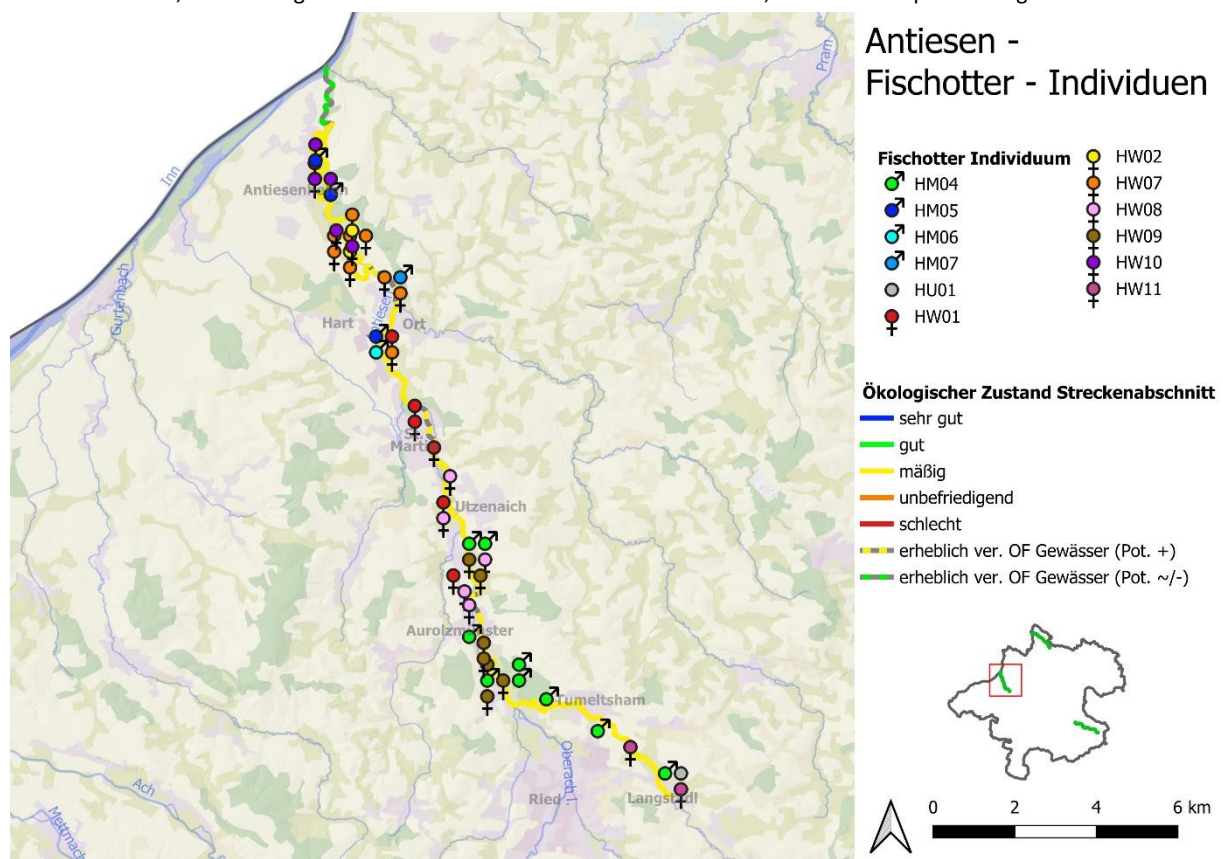


Abbildung 8b Zuordnung der Genetikproben zu den jeweiligen identifizierten Fischotter-Individuen an der Antiesen. Die individuellen Kürzel der Tiere bestehen aus Streckenkürzel (H), Geschlecht (W = weiblich, M = männlich), sowie einer Laufnummer für dieses Geschlecht an dieser Strecke. Die Laufnummern wurden aus Schenekar & Weiss (2021) übernommen bzw. fortgeführt.

3.3 Referenzstrecke Enns

Die genetischen Begehungen an der Enns fanden am 26.2.2026 und am 27.2.2026 statt (Abbildung 9). Hierbei wurden 34 Proben aufgesammelt, davon 14 der Frischekategorie A, 9 der Kategorie B und 11 der Kategorie C (Abbildung 10a). Es wurden alle dieser 34 Proben analysiert.



Abbildung 9 Momentaufnahmen der Referenzstrecke Enns. Foto © A. Kaufmann

Von den analysierten Proben konnten 13 erfolgreich genotypisiert werden (Erfolgsrate: 38,2%). Insgesamt wurden acht verschiedene Fischotter-Individuen identifiziert, davon drei Weibchen und fünf Männchen (Abbildung 10b). Somit beträgt die mittlere Otterdichte der Referenzstrecke 0,273 Fischotter je Fluss-km. Zwei der Männchen konnten anhand mehrerer Proben nachgewiesen werden, alle anderen Tiere nur anhand von einer. Ein Weibchen (DW02) wurde bereits 2021 an der Enns nachgewiesen.

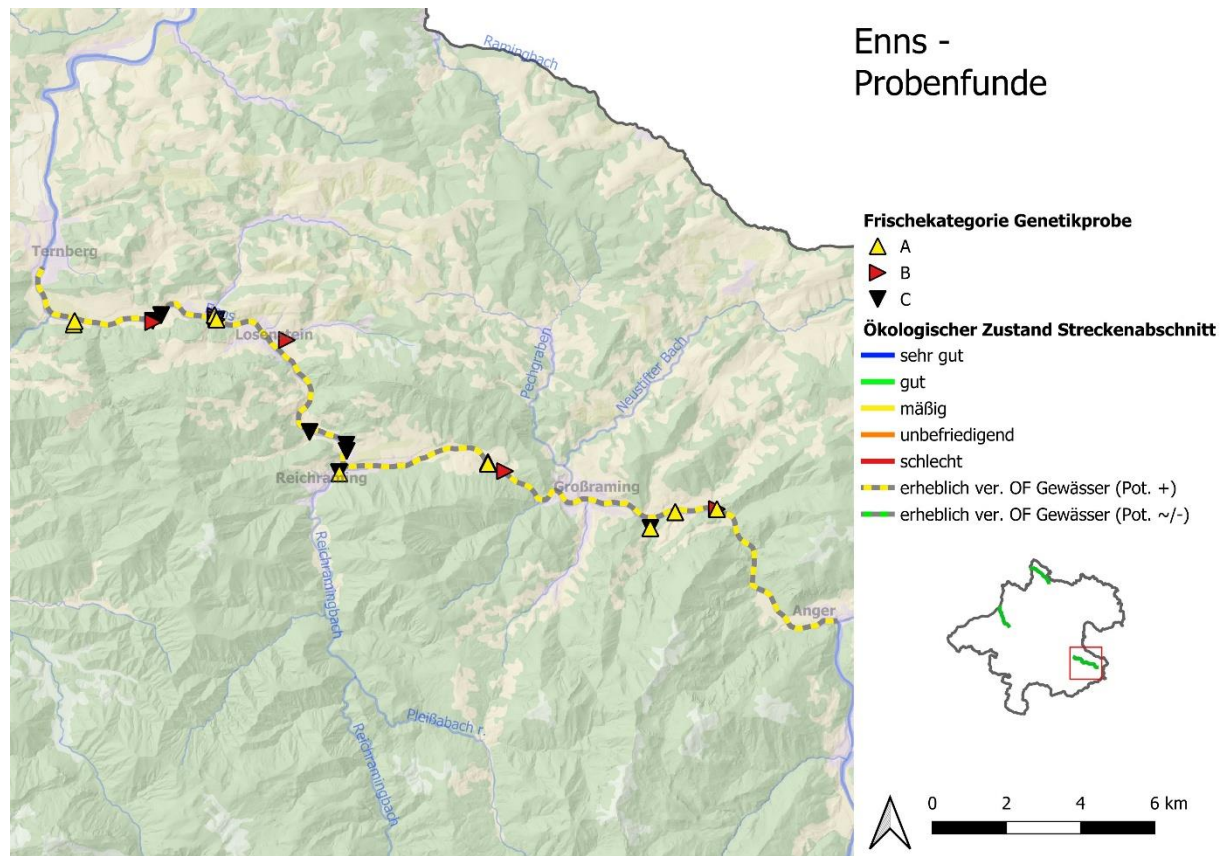


Abbildung 10a Fundpunkte der genetischen Proben entlang der Referenzstrecke Enns, sowie deren ökologischer Zustand. Proben, welche aufgesammelt aber nicht weiterverarbeitet wurden, sind halbdurchsichtig dargestellt.

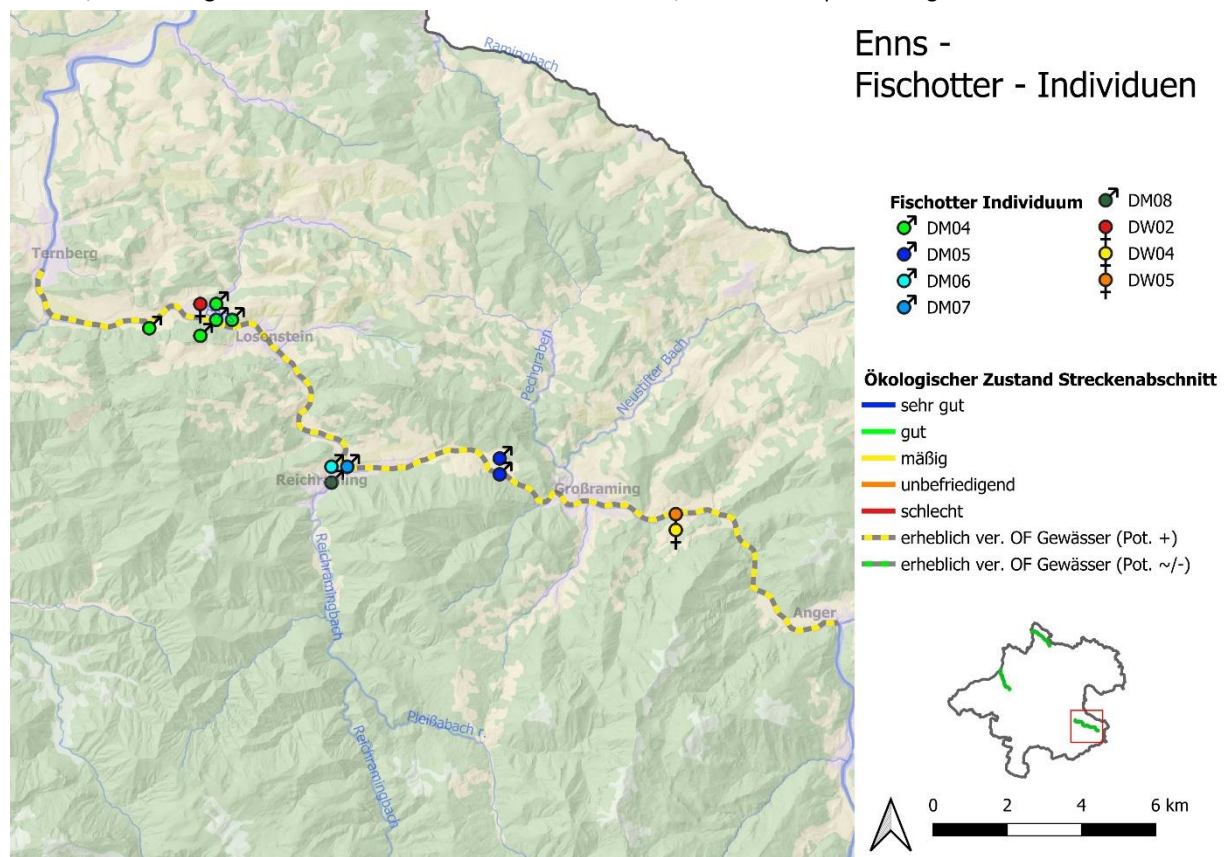


Abbildung 10b Zuordnung der Genetikproben zu den jeweiligen identifizierten Fischotter-Individuen an der Enns. Die individuellen Kürzel der Tiere bestehen aus Streckenkürzel (D), Geschlecht (W = weiblich, M = männlich), sowie einer Laufnummer für dieses Geschlecht an dieser Strecke. Die Laufnummern wurden aus Schenekar & Weiss (2021) übernommen bzw. fortgeführt.

3.1 Vergleich der Otterdichten zwischen 2021 und 2026

Vergleicht man die Anzahl der erfolgreich genotypisierten Lösungen, die der identifizierten Individuen und die daraus errechneten Otterdichten aus der Studie (Schenekar & Weiss, 2021) und der vorliegenden Studie, ergibt sich folgendes Bild (Tabelle 4). Die Anzahl der erfolgreich genotypisierten Lösungsproben nahm bei zwei der drei Strecken leicht ab, bei der Antiesen deutlich zu. Bei allen drei Referenzstrecken sind 2026 mehr Individuen und somit auch höhere resultierende Fischotterdichten zu beobachten. Hierbei beträgt die Änderung jeweils ca. +30% bei allen drei Strecken.

Tabelle 4 Zusammenfassung der Anzahl der erfolgreich genotypisierten Lösungsproben (# Proben), der identifizierten Fischotter (Ind.) und der Fischotterdichten (Dichte) an den drei Referenzstrecken im Jahr 2021 und in der vorliegenden Studie 2026. Zusätzlich ist die Veränderung der Fischotterdichten zwischen 2021 und 2026 in Prozent angegeben (+/- in %).

Referenz- strecke	2021			2026			+/- in %
	# Proben	Ind.	Dichte	# Proben	Ind.	Dichte	
Große Mühl	37	14	0,468	31	18	0,601	+ 28,4%
Antiesen	32	9	0,301	52	12	0,401	+ 33,2%
Enns	16	6	0,205	13	8	0,273	+ 33,2%

4. Diskussion der Ergebnisse

Die vorliegende Studie hat erfolgreich die Fischotterdichten an den drei vordefinierten Referenzstrecken Große Mühl, Antiesen und Enns á 30 Fluss-km erhoben. Die angewandte Methode bei der Beprobung, als auch die Laboranalysen sind praktisch ident mit jenen der Studie aus 2021, was die Basis für eine gute Vergleichbarkeit der Studien bildet. Die zur Analyse verwendeten Probenzahlen sind zwischen 2021 und 2026 sind sehr vergleichbar (Große Mühl: 2021 – 70 Proben, 2026 – 77 Proben; Antiesen: 2021 – 70 Proben, 2026 – 76 Proben; Enns: 2021 – 33 Proben, 2026 – 34 Proben). Die Anzahl der erfolgreich genotypisierten Proben, die welche die Grundlage für die Dichteberechnungen darstellen, war bei der Großen Mühl und Enns 2026 etwas geringer als im Jahr 2021, bei der Antiesen 2026 jedoch deutlich höher (Tabelle 4).

Hinter diesem Hintergrund interpretieren wir die Zunahme der errechneten Fischotterdichten als ein klares Signal biologischen Ursprungs und nicht als ein Artefakt von abweichender Methodik oder Probenumfang. Die Zunahme der Otterdichten erfolgte auch bei jenen beiden Strecken, bei denen 2026 weniger Proben erfolgreich genotypisiert wurden. Auch wurden die erhaltenen Genotypen wurden mit der gleichen Stringenz kontrolliert wie 2021, um Geist-Genotypen zu vermeiden.

Somit schließen wir auf tatsächlich höhere Fischotterdichten an allen drei Strecken zum Zeitpunkt der Erhebung 2026 im Vergleich zu 2021. Hierbei ist zu erwähnen, dass die Dichteaufnahmen nur Momentaufnahmen darstellen und eventuelle kurzzeitige Schwankungen der Dichten (z.B. innerhalb eines Jahres) nicht widerspiegeln können. Ob dieses Muster sich auf das gesamte Gewässernetz Oberösterreichs erstreckt, kann von dieser Studie weiters auch nicht beurteilt werden

Abschließend unterstreichen die Ergebnisse, dass das aktuell praktizierte Fischottermanagement in Oberösterreich zumindest auf die Fischotterpopulation an den Referenzstrecken zu keiner Dichtereduktion geführt zu haben scheint. Um die langfristige Entwicklung des Bestandes in ganz Oberösterreich belastbar beurteilen zu können, erscheint jedoch eine Fortführung des bzw. Ausweitung des genetischen Monitorings sinnvoll.

5. Referenzen

Dallas, J. F., & Piertney, S. B. (1998). Microsatellite primers for the Eurasian otter. *Molecular Ecology*, 7(9), 1248–1251.

Kalinowski, S., Taper, M., & Marshall, T. (2007). Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment (vol 16, pg 1099, 2007). *Molecular Ecology*, 16, 1099–1106. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2007.03089.x>

Schenekar, T., & Weiss, S. (2021). *Studie zur Populationsgröße des Fischotters an den Fließgewässern Oberösterreichs. Endbericht im Auftrag des Amtes der OÖ Landesregierung. 66 Seiten mit einem Anhang.*