



# Auswirkungen der Entnahme von Fischottern auf die Otterpräsenz an sechs Fließgewässerabschnitten Oberösterreichs

Endbericht von

Andreas Kranz, Berardino Cocchiararo und Lukáš Poledník

Februar 2022

**Mit Unterstützung von Land und Europäischer Union**



LAND  
OBERÖSTERREICH



Europäischer  
Landwirtschaftsfonds für  
die Entwicklung des  
ländlichen Raums:  
Hier investiert Europa in  
die ländlichen Gebiete.



Auftraggeber:

Amt der Oö. Landesregierung  
Direktion für Landesplanung, wirtschaftliche  
und ländliche Entwicklung  
Abteilung Land- und Forstwirtschaft  
Bahnhofplatz 1  
4021 Linz

Auftragnehmer:

alka-kranz Ingenieurbüro für Wildökologie und  
Naturschutz e. U.  
Am Waldgrund 25  
8044 Graz  
Österreich  
FN 287742 a LG Graz  
Tel.: +43 664 2522017  
[andreas.kranz@alka-kranz.eu](mailto:andreas.kranz@alka-kranz.eu)

Zitiervorschlag:

Kranz\* A, Cocchiararo\*\* B, Poledník\* L 2022: Auswirkungen der Entnahme von Fischottern auf die Otterpräsenz an sechs Fließgewässerabschnitten Oberösterreichs. Endbericht im Auftrag des Amtes der Oberösterreichischen Landesregierung, Direktion für Landesplanung, wirtschaftliche und ländliche Entwicklung, Abteilung Land- und Forstwirtschaft; 39 Seiten.

Anschrift der Verfasser:

\* alka-kranz Ingenieurbüro für Wildökologie und Naturschutz e. U. Am Waldgrund 25, 8044 Graz, AT.  
\*\* Senckenberg Forschungsinstitut und Naturmuseum Frankfurt, Zentrum für Wildtiergenetik, Fachgebiet Naturschutzgenetik, Clamecystrasse 12, D-63571 Gelnhausen, Deutschland.

Titelbild © Sven Zacek

Danksagung:

Wir sind Herrn **Jürgen Plass** vom Biologiezentrum in Linz zu aufrichtigem Dank verpflichtet. Er hat die genetischen Proben der getöteten Otter zur Verfügung gestellt und hat keine Mühen gescheut, uns in kürzester Zeit Fragen zu beantworten und Proben zu schicken. Weiters danken wir dem Auftraggeber, namentlich **Mag<sup>a</sup>. Manuela Kopecky** und **Mario Eckert MSc.** für ihr Interesse wie auch Geduld, da ja COVID-bedingt die Analysen nicht in der veranschlagten Zeit bewerkstelligt werden konnten.

## Inhalt

1. Hintergrund & Aufgabenstellung .....	2
2. Untersuchungsgebiete, Material & Methode .....	4
2.1. Untersuchungsgebiete .....	4
2.2. Erhebungen im Freiland .....	7
2.3. DNA-Extraktion, mitochondriale Artbestimmung und Mikrosatellitengenotypisierung ....	7
2.4. Analyse der Verwandtschaftsverhältnisse .....	8
3. Ergebnisse.....	11
3.1 Sammlung der Losungsproben und Erfolg der genetischen Analyse .....	11
3.2 Otternachweise in den Untersuchungsgebieten.....	13
3.2.1 Waldaist.....	13
3.2.2 Steinerne Mühl .....	14
3.2.3 Große Rodl.....	18
3.2.4 Steyr.....	22
3.2.5 Großer Bach - Reichraming .....	25
3.2.6 Neustiftgraben und Pechgraben .....	26
4. Diskussion.....	29
4.1 Methodisches .....	29
4.2 Auswirkungen der Entnahme auf die Otterpräsenz.....	29
4.3 Auswirkungen auf den Fischbestand.....	30
5. Resümee .....	32
6. Literatur .....	33
7. Anhang: Karten zu genetischen Nachweisen .....	35

## 1. Hintergrund & Aufgabenstellung

Im Rahmen des Managementplanes Fischotter des Landes Oberösterreich<sup>1</sup> wurde in den Jahren 2016 bis 2021 ein Forschungsprojekt umgesetzt, um Erfahrungen mit der Entnahme von Ottern zu sammeln und die Wirkung derartiger Entnahmen auf die Entwicklung des Fischbestandes an Fließgewässern beurteilen zu können.

Dieses Experiment wurde an sechs jeweils zirka 15 km langen Fließgewässerabschnitten, drei im Mühlviertel und drei in den nördlichen Kalkalpen durchgeführt. In den Jahren 2016 und 2017 wurde der IST-Zustand der Otterpräsenz und der Fischbestände erhoben (Kranz *et al.* 2017, Ratschan 2017).

Als Quintessenz dieser Befunde schlussfolgerten Kranz & Ratschan 2017, dass im Mühlviertel, also an Waldaist, Steinerner Mühl und Großer Rodl, ein ökologisch intakter Fischbestand vorhanden ist, aber negative Auswirkungen des Otters auf die fischereiwirtschaftliche Nutzung wahrscheinlich sind, da kaum Fische über dem Brittelmaß im Frühjahr vorhanden waren und deren Verschwinden über den Winter mit der Otterpräsenz zusammenhängen dürfte.

Anders war die Situation in den Nördlichen Kalkalpen: Die Steyr wurde differenziert bewertet: oberhalb des Stromboding Wasserfalls war die Otterpräsenz so gering, dass jeglicher Einfluss auf den Fischbestand auszuschließen war; auch unterhalb dieses Wasserfalls war die Otterpräsenz gering, man wollte aber eine allfällige Auswirkung des Otters auf den Fischbestand nicht kategorisch ausschließen. Am Großen Bach im Nationalpark Kalkalpen, der auch Reichramingbach genannt wird, war die Otterpräsenz höher als an der Steyr und auch hier wurde ein Einfluss des Otters auf Anzahl und Größe der Fische nicht ausgeschlossen. Am Neustift- und Pechgraben, einem Zuflusssystem in die dort aufgestaute Enns, war keine Beurteilung der Lage möglich. Die Enns-nahen Bereiche dieser Bäche werden saisonal sehr stark von Cypriniden genutzt, die aus dem Stausee der Enns zuwandern. Trotz des zumindest saisonal guten Nahrungsangebotes war die Otterpräsenz gering.

Das Land Oberösterreich genehmigte mittels Bescheides an vier der sechs Untersuchungsgebiete Otter in unbegrenzter Zahl im Zeitraum von Februar 2018 bis April 2021 auf ganzer Fläche jener Jagdreviere zu entnehmen, die unmittelbar an die zu untersuchenden Fließgewässerabschnitte grenzen. An je einem Gewässer des Mühlviertels (Waldaist) und der Kalkalpen (Großer Bach) wurden keine Otter entnommen, sie liegen innerhalb von Natura 2000 Gebieten und sollten als Kontrolle für die Entnahmestrecken dienen.

Auf Basis der Vorerhebungen ließen sich folgende Hypothesen für die vier Untersuchungsgebiete mit Otterentnahme formulieren:

- Die Entnahme von Ottern an der Steinernen Mühl und Großen Rodl wird zu einer signifikanten Zunahme der größeren Fische (über Brittelmaß, also über 25 cm Länge) im Frühjahr führen; der Effekt sollte jedes Jahr sichtbar sein, falls der Fischotter der für die Forellen begrenzende Faktor ist.
- An der Steyr könnte es unterhalb des Wasserfalls zu einer Zunahme am Fischbestand kommen, nicht aber oberhalb.
- An Neustift- und Pechgraben sollte es in den Oberläufen, die nicht unter dem Einfluss der Cyprinidenmigration aus der Enns stehen, zu einer Zunahme des Forellenbestandes kommen.

Die Entwicklung des Fischbestandes wurde hierauf in der Regel jährlich durch Befischungen im Frühjahr und Herbst bis zum Frühjahr 2021 erhoben (Ratschan & Hammerschmied 2022). Der Otterbestand wurde nicht jährlich, sondern auftragsgemäß nur noch einmal im Frühjahr 2021 an allen sechs Gewässerabschnitten erhoben. Somit erfolgt die Analyse des Fischotter-Einflusses auf den

---

<sup>1</sup> [http://www.lfvooe.at/wp-content/uploads/managementplan\\_fischotter\\_2015.pdf](http://www.lfvooe.at/wp-content/uploads/managementplan_fischotter_2015.pdf)

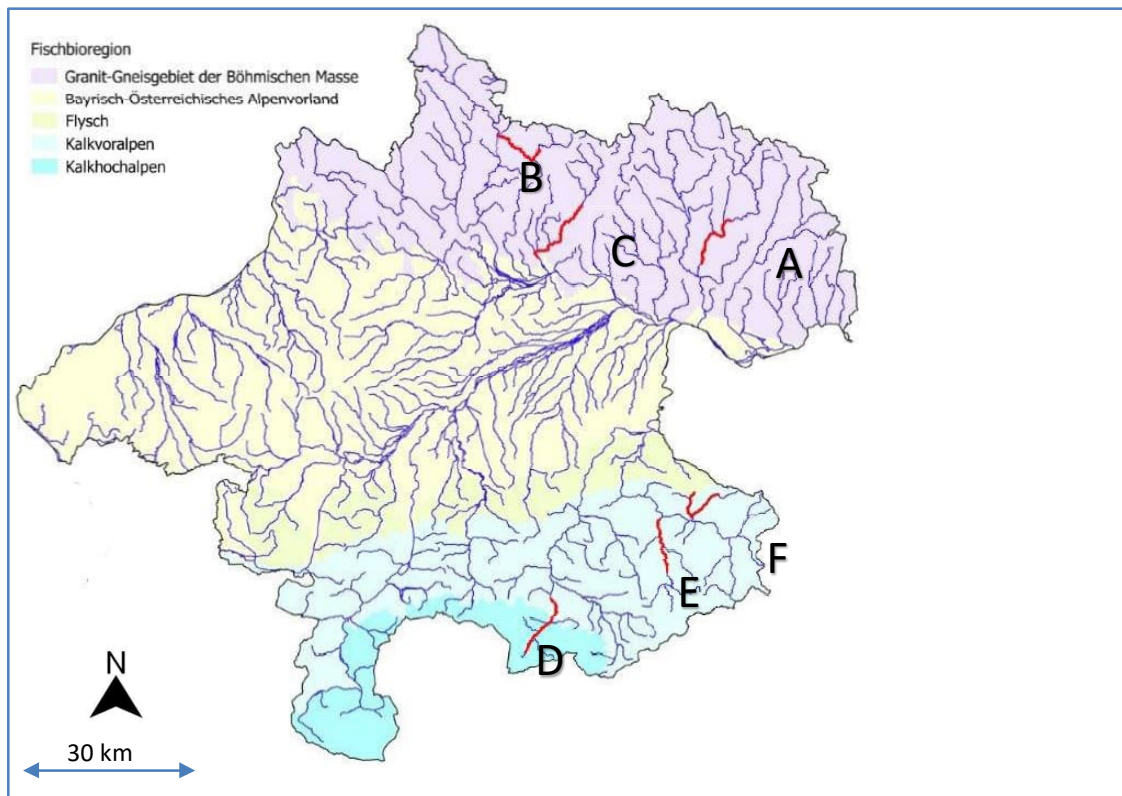
Fischbestand auf Basis einer einzelnen Erhebung im Frühjahr 2021. Dadurch ist eine Beurteilung der Bestandszahlen und deren Dynamik zwischen den Jahren 2017 und 2020 als auch die Zuordnung neu nachgewiesener Otter, ob sie resident oder Durchwanderer sind, limitiert.

Der gegenständliche Bericht gibt Auskunft über die Otterbestände im Frühjahr 2021 an den sechs Gewässerabschnitten und analysiert die Entwicklung vor dem Hintergrund der entnommenen Otter.

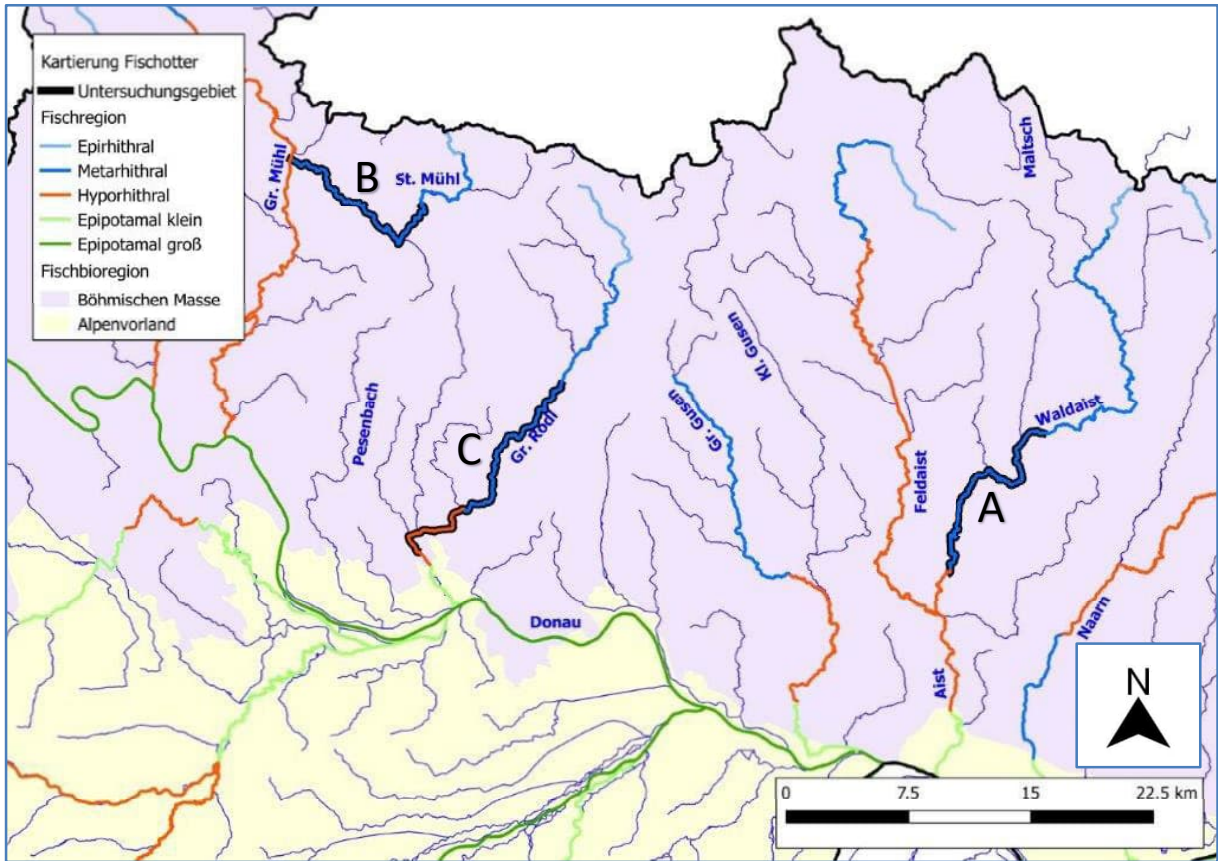
## 2. Untersuchungsgebiete, Material & Methode

### 2.1. Untersuchungsgebiete

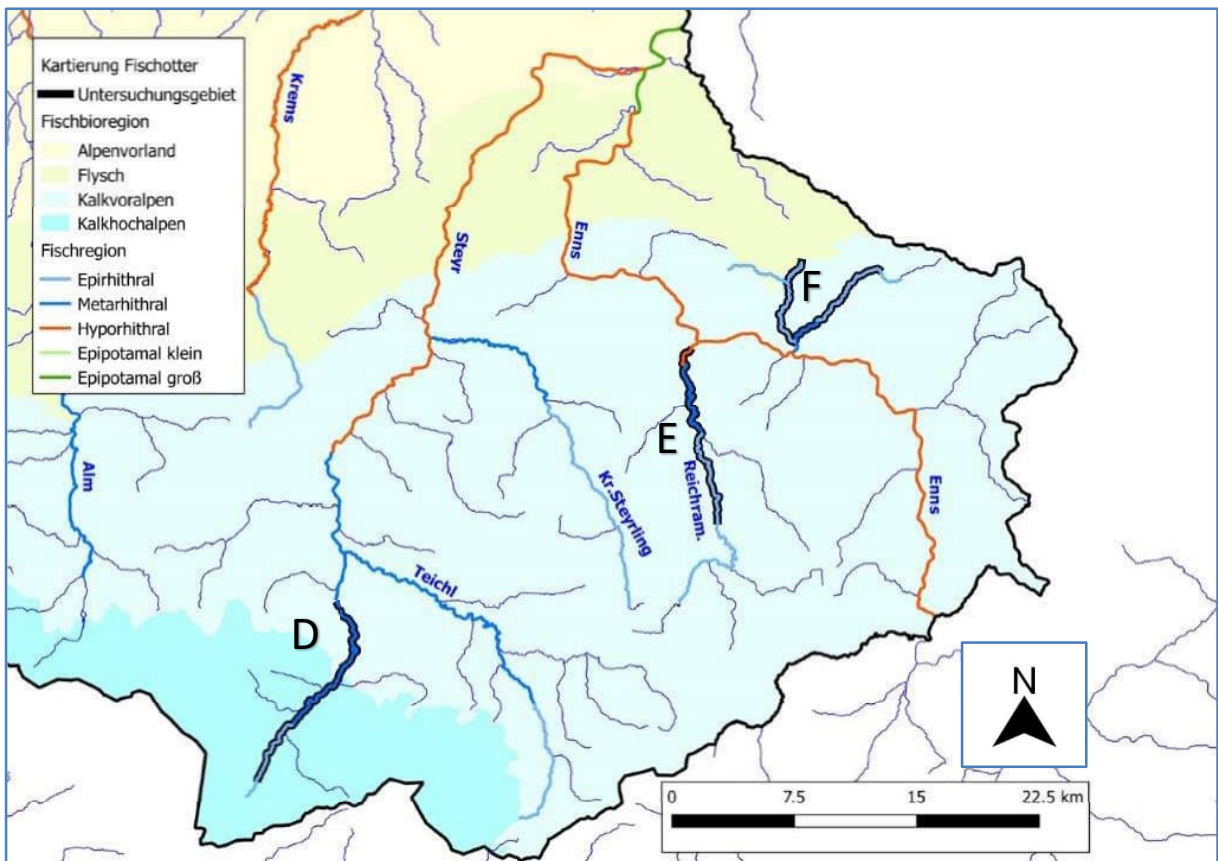
Die drei Untersuchungsgebiete nördlich der Donau befinden sich im Mühlviertel, südlich im Bereich der nördlichen Kalkalpen (Abb. 1 bis Abb. 3). Jene des Mühlviertels liegen alle im Granit- und Gneisgebiet der Böhmisches Masse und betreffen an Waldaist und Steinerner Mühl ausschließlich das Metarhithral (untere Forellenregion), an der Großen Rodl auch das Hyporhithral (Äschenregion). Das Untersuchungsgebiet an der Steyr liegt zum größeren Teil in den Kalkhochalpen, aber auch in den Kalkvoralpen und betrifft im oberen Drittel die obere Forellenregion, im unteren Bereich die untere Forellenregion. Das Gebiet an der Reichraming liegt im Bereich der Kalkvoralpen und betrifft die obere und untere Forellenregion, im untersten Bereich aber auch die Äschenregion. Neustift- und Pechgraben befinden sich ebenfalls in den Kalkvoralpen, betreffen aber nur die obere Forellenregion. In Tab. 1 werden relevante Kennziffern der Gewässer aufgeführt. In diesen sechs Gewässerabschnitten mündeten Vorfluter (Zuflüsse) unterschiedlicher Größe. Im Gewässereinzugsgebiet der zu untersuchenden Gewässerabschnitte befanden sich auch Stillgewässer, vor allem Teiche. Sowohl die Zuflüsse als auch die Stillgewässer waren nicht Teile des Untersuchungsgebietes.



**Abb. 1** Lage der sechs Untersuchungsgebiete in Oberösterreich: Waldaist (A), Steinerner Mühl (B) und Große Rodl (C), Steyr (D), Reichramingbach (E) und Neustift-Pechgraben (F).



**Abb. 2** Lage der Untersuchungsgebiete Waldaist (A), Steinerne Mühle (B) und Große Rodl (C) im nördlichen Oberösterreich.



**Abb. 3** Lage der Untersuchungsgebiete Steyr (D), Reichramingbach auch Großer Bach genannt (E) und Neustift-Pechgraben (F) im südlichen Oberösterreich.

**Tabelle 1** Die Untersuchungsgebiete werden über ihre Länge, die Breite bei Mittelwasser und Fläche sowie den Flusskilometer (FKm unten = Abstand zur Mündung in das nächstgrößere Fließgewässer sowie den Namen des übergeordneten Fließgewässers) beschrieben.

U-Gebiet	FKm unten	mündet in	Länge (km)	Breite MQ	Fläche (ha)
Waldaist	3,5	Feldaist	16,3	12,0	19,6
Steinerne Mühl	0	Große Mühl	15,6	8,4	13,1
Große Rodl	5,4	Donau	18,6	9,3	17,4
Steyr	51,5	Enns	14,7	14,1	20,7
Reichraming	1	Enns	13,7	19,5	26,7
Neustiftgraben	1	Enns	8,0	6,0	4,8
Pechgraben	0	Neustiftgraben	6,2	6,0	3,7
Neustift. & Pechgraben			14,2		8,5

In Hinblick auf den Fischotter lässt sich noch folgendes zu den Untersuchungsgebieten anmerken:

Das Mühlviertel ist ein Hochplateau, das von diversen Fließgewässern in Nord-Süd-Richtung zur Donau entwässert wird. Es gibt weder auf Grund der Morphologie noch auf Grund anthropogener Überprägungen nennenswerte Hindernisse für Otter, die über Landwechsel hinweg zwischen diesen Gewässern wandern wollen.

Ein Zuzug an Ottern in das Untersuchungsgebiet der Steinernen Mühl bzw. ein Durchwandern ist sowohl vom Unterlauf von der Großen Mühl als auch vom Oberlauf möglich und zu erwarten; darüber hinaus ist auch ein Kontakt zum benachbarten Gewässersystem der Großen Rodl über mehrere Zuflüsse vorhanden. Die Steinerne Mühl ist eines der Verbindungsgewässer zum Gewässersystem der Moldau. Der für Otter nötige Landwechsel zwischen den beiden Gewässersystemen ist einen Kilometer lang und verläuft ohne weitere Hindernisse im bewaldeten Gebiet. Demnach ist davon auszugehen, dass Otter an diesen Gewässern im Austausch stehen und mitunter (bei Entnahmen an der Steinernen Mühl) auch Otter von Tschechien nachwandern werden.

Das Gewässersystem der Großen Rodl liegt südöstlich von jenem der Steinernen Mühl. Die das Untersuchungsgebiet der Großen Rodl frequentierenden Otter können sowohl vom Oberlauf, als auch vom Unterlauf zuwandern. Weiters ist ein Zuzug vom westlich gelegenen Pesenbach sowie dem östlich gelegenen Gewässersystem der Gusen möglich. Der Oberlauf der Großen Rodl grenzt weiters an das Einzugsgebiet des Kettenbaches an, der zur Moldau entwässert. In dieser Kontaktzone ist auch die Entfernung zum Einzugsgebiet der Feldaist und damit zur Waldaist gering.

Otter an der Waldaist stehen über kurze Landwechsel, (Wasserscheiden) mit jenen an der Maltsch (Moldausystem) und Gusen westwärts sowie Naarn ostwärts in Kontakt.

Die drei Gewässer südlich der Donau befinden sich in den Nördlichen Kalkalpen bzw. deren Vorbergen und daraus resultiert eine im Vergleich zum Mühlviertel etwas stärkere Gliederung bzw. Segmentierung der Otterlebensräume.

Die beiden Untersuchungsgebiete Reichraming und Neustiftgraben-Pechgraben sind über die Enns direkt verbunden. Die unteren Enden der beiden Gebiete sind entlang der Enns nur gut fünf Kilometer voneinander entfernt. An Neustift- und Pechgraben ist abgesehen von der Enns ein Zuzug bzw. Nachzug an Ottern von den Gewässersystemen der Url und Ybbs auf Grund der Geländeerhebungen leicht möglich.

Der Reichramingbach stellt auch eine gewisse Verbindung zu Zuflüssen der Steyr dar, namentlich der Steyerling und der Teichl. Allerdings müssen hier Otter ziemlich unwegsames, felsiges Gelände durchqueren.



Das Untersuchungsgebiet an der Steyr ist jenes, das in Hinblick auf Zuzug und Durchwandern am meisten von anderen Gewässern isoliert ist. Eine Zuwanderung aus dem Oberlauf ist quasi auszuschließen, da hierfür der Hauptkamm der nördlichen Kalkalpen überwunden werden müsste. Allenfalls könnten Otter über den Zufluss Loigisbach, der bei Hinterstoder in die Steyr mündet, an den Oberlauf der Teichl gelangen; diese ist wiederum ein Zufluss der Steyr (siehe [Abb. 3](#)). Ansonsten bleibt den Ottern im Untersuchungsgebiet der Steyr nur die Zuwanderung über den Unterlauf der Steyr. Diese Route weist aber eine wesentliche, wenn auch nicht unüberwindbare Barriere für Otter auf. Der Stromboding-Wasserfall, der das gegenständliche Untersuchungsgebiet in eine obere und untere Hälfte teilt, zwingt Otter, abseits des Gewässers zu wechseln; Otter benützen dafür im steilen Gelände einen dort verlaufenden markierten Wanderweg.

## 2.2. Erhebungen im Freiland

Die Proben wurden größtenteils von A. Kranz, aber auch von L. Poledník gesammelt. Dabei wurden die Gewässer mit Watstiefeln in der gleichen Weise auf Otternachweise abgesucht wie 2016/2017. Die Fundorte wurden GPS-mäßig erfasst. Die Proben selbst wurden mit jeweils frischen Einweghandschuhen in mit Pufferlösung befüllte Behältnisse verbracht. Die Frische der Losungen wurde im Gelände gutachterlich erfasst, um, im Falle eines Überangebots an Losungsfunden, die genetischen Analysen auf die frischesten Losungen konzentrieren zu können. Dabei wurden vier Alters- bzw. Frischekategorien unterschieden:

- A nass, offensichtlich von der letzten Nacht
- B oberflächlich feucht, vermutlich aus der vorletzten Nacht
- C älter als B aber mit noch deutlich erkennbarer Feuchte im inneren der Losung
- D/E trocken.

Wie vom Auftraggeber mitgeteilt, hat der Landesfischereiverband, an den der Bescheid zur Entnahme der Otter gegangen war, alle an die Untersuchungsgebiete angrenzenden Jagdreviere kontaktiert und sie um Mithilfe am Entnahmeexperiment ersucht.

Genetische Proben der entnommenen Otter wurden von den Jägern direkt an das Biologiezentrum in Linz geschickt. In den meisten Fällen wurden auch Gewicht, Länge und Geschlecht vom Jäger zur Verfügung gestellt, weil das Fell des Otters beim Erleger blieb. In den übrigen Fällen wurde der ganze Kadaver an das Biologiezentrum geschickt.

## 2.3. DNA-Extraktion, mitochondriale Artbestimmung und Mikrosatellitengenotypisierung

Die DNA der Losungsproben (N = 80) wurde in einem eigens für die Prä-PCR-Behandlung nichtinvasiv gesammelter und forensischer Umweltproben eingerichteten Reinstlabor mittels QiAmp Fast DNA Stool Mini Kit (Qiagen) und dem QIAcube-Extraktionsroboter (Qiagen) nach Herstellerangaben vorsichtig extrahiert. Zur Kontaminationsvermeidung wurden nur DNA-freie und sterile Gerätschaften verwendet sowie Handschuhe und weitere Verbrauchsmaterialien nach jeder Probe gewechselt. Die DNA der Gewebeproben (N=57) wurde in einem separaten Labor für Proben mit hohem DNA-Gehalt mittels Blood & Tissue Kit (Qiagen) nach Herstellerangaben extrahiert, über einen Nanodrop (Thermo Scientific) spektrophotometrisch quantifiziert und für die weiteren Analysen auf ca. 5 ng/µl normalisiert.

Um individuelle genetische Profile zu erhalten, wurden die Proben mittels eines Sets aus 21 Mikrosatelliten (Dallas *et al.* 1998 und 1999, Huang *et al.* 2005, Beheler *et al.* 2005) zuzüglich zweier Geschlechtsmarker (Dallas *et al.* 2000, Mucci *et al.* 2007) genotypisiert ([Tab. 2](#)). Unter Verwendung des Programms *GENEMARKER v3.0.1* (Softgenetics) wurden die Mikrosatelliten-Rohdaten ausgewertet und die gefundenen Allele bestimmt. Zur Vermeidung von Genotypisierungsfehlern wurde nach dem allgemein anerkannten Multiple Tubes-Prinzip (nach Navidi *et al.* 1992, Taberlet *et al.* 1996) jede Probe

3-9fach repliziert und Konsensusgenotypen erstellt. Diese wurden nach folgenden Regeln gebildet (nach Koelewijn *et al.* 2010, geringfügig modifiziert):

- i) 3-9 Replikate mit jeweils nur einem gefundenen Allel werden als homozygoter Locus akzeptiert
- ii) ein heterozygot akzeptierter Locus setzt voraus, dass beide Allele mindestens zweimal in 3-9 Replikaten vorhanden sind
- iii) kommt ein zweites Allel innerhalb von 6-9 Replikaten nur einmal vor, wird es nicht akzeptiert und der Locus als homozygot gewertet.

Anschließend wurden zur Erstellung des Datensatzes Individuen in folgender Reihenfolge festgelegt:

- iv) Konsensusgenotypen mit hoher Übereinstimmung zwischen den Replikaten und kompletten Genotypen aus 21 Markern
- v) Konsensusgenotypen mit hoher Übereinstimmung zwischen den Replikaten und geringfügiger Anzahl fehlender Loci
- vi) Konsensusgenotypen mit wenigstens 13 vorhandenen Loci (basierend auf der Berechnung der PID<sub>sib</sub>, siehe [Abb. 5](#)) wurden Individuen, die über iv) und v) ermittelt wurden, zugeordnet.

Konsensusgenotypen, die den oben genannten Kriterien nicht entsprachen, wurden verworfen.

Zur Ermittlung der Trennschärfe des Mikrosatellitensets zwischen nah verwandten Individuen wurde die PID (Wahrscheinlichkeit, dass zwei zufällig ausgewählte Individuen einer Population den gleichen Genotyp aufweisen) und die PID<sub>sibs</sub> (Wahrscheinlichkeit, dass zwei eng verwandte Individuen einer Population das identische Profil aufweisen) mithilfe des Programms *GenAlEx 6.5* (Peakall *et al.* 2006 und 2012) berechnet ([Abb. 5](#)).

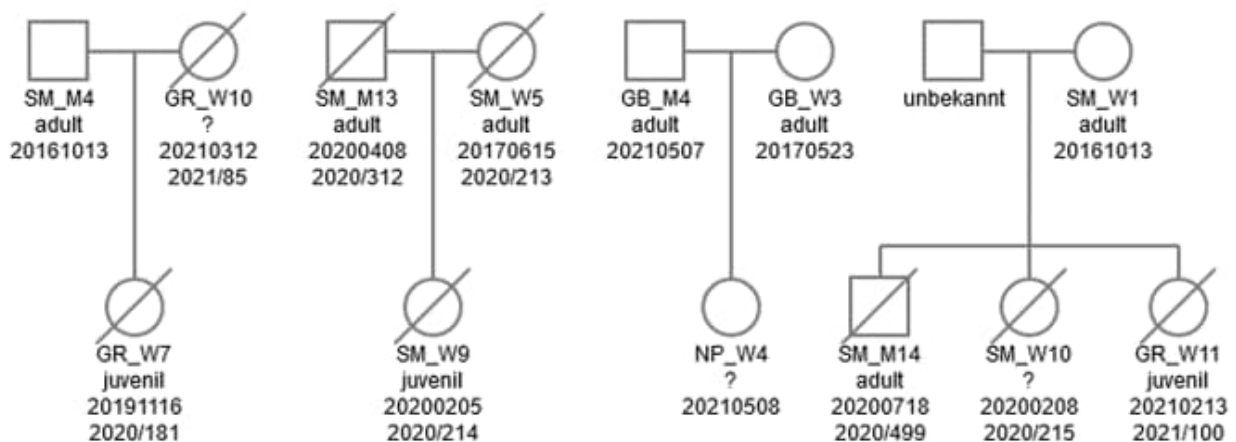
Losungsproben, die kein genetisches Profil ergaben, wurden zur Überprüfung der Artzugehörigkeit einer Artbestimmung mittels PCR (Polymeraseketten-Reaktion) unterzogen. Hierzu wurde ein Fragment der mitochondrialen Kontrollregion unter Verwendung der Primerkombination L15995 (5'-3' CTCCACTATCAGACCCAAAG) und H16498 (5'-3' CCTGAAGTAAGAACCAGATG) (Pun *et al.* 2009) amplifiziert und auf einem ABI 3730 Genetic Analyzer (ThermoFisher Scientific) sequenziert. Die erhaltenen Sequenzen wurden mittels der Programme ABI Sequence Scanner (Thermo Fisher Scientific) und Bioedit (Hall 1999) analysiert und mit der NCBI Genbank ([www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank)) abgeglichen.

#### 2.4. Analyse der Verwandtschaftsverhältnisse

Die ermittelten Konsensusgenotypen jedes Individuums wurden zur weiteren Verringerung von Genotypisierungsfehlern miteinander abgeglichen und auf potentielle Unstimmigkeiten hin überprüft. Alle individuellen DNA-Profile wurden anschließend mittels der Analyseprogramme Colony (Jones und Wang 2009) und ML Relate (Kalinowski *et al.* 2006) auf Eltern-Kind- und Vollgeschwisterbeziehungen untersucht. Individuelle Genotypen aus Gebieten, in denen trotz des Nachweises mehrerer Otter keine Verwandtschaftsstrukturen aufgelöst werden konnten, wurden per Hand auf eventuell übersehene Verwandtschaften überprüft.

Dieses Verfahren der mehrfachen Überprüfung mit Hilfe unterschiedlicher Programme, wie auch per Hand, ist nach unserer Erfahrung aus zahlreichen ähnlichen Projekten gut bewährt und führt zu besseren Ergebnissen. Gefundene Verwandtschaften mittels Analyseprogrammen zwischen Individuen in Freilandstudien unterliegen einer gewissen Unsicherheit (Walling *et al.* 2010). Die Tendenz der Programme geht erfahrungsgemäß eher in die Richtung, mehr Verwandtschaften zu finden, als tatsächlich vorliegen oder die Kategorie falsch zuzuordnen. Im Umkehrschluss ist das Ergebnis über keine vorliegende Verwandtschaft als ziemlich sicher zu betrachten.

Für die Interpretation der Verwandtschaften legen wir in dieser Studie folgendes zugrunde: Verwandtschaften der engsten Kategorie, nämlich auf Eltern/Kind- oder Vollgeschwister-Niveau, welche die verwendeten Programme gefunden haben, werden als zumindest sehr enge Verwandtschaften berücksichtigt, jedoch ohne absolute Sicherheit, dass die vorliegende Kategorie tatsächlich zutrifft. Per Auge und unter Verwendung der Metadaten geprüfte Verwandtschaftsverhältnisse, welche mit sehr hoher Wahrscheinlichkeit genau in gezeigter Konstellation vorliegen, sind in Abb. 4 gezeigt und mit dem *pedigree tool* von Progeny Genetics (<https://www.progenygenetics.com/online-pedigree/>) visualisiert worden.



**Abb. 4** Verwandtschaftsbeziehungen zwischen den genetisch identifizierten Otter-Individuen in den Untersuchungsgebieten zum Zeitpunkt der Bestandserhebung im Frühjahr 2021. Gebietskürzel in der Individuenbezeichnung stehen für: Großer Bach (GB); Neustift-Pechgraben (NP); Steinerne Mühl (SM); Große Rodl (GR). „M“ bzw. Viereck bezeichnet Männchen, „W“ bzw. Kreis Weibchen. „Unbekannt“ sind simulierte, hypothetische Individuen, die nur zur Verdeutlichung der verwandtschaftlichen Beziehung der genetisch ermittelten Otter dargestellt sind. Entnommene Individuen sind durchgestrichen. Das Datum gibt den ersten genetischen Nachweis an (entweder über das Sammeldatum der Losungen oder den Tag der Entnahme). Die angegebenen Alterskategorien sind über die Metadaten der entnommenen Tiere bestätigt oder bei den über Losungsproben nachgewiesenen Tieren über das Sammeldatum des ersten Nachweises abgeleitet. Lediglich bei GB\_M4 ist die Alterseinstufung über das ermittelte Verwandtschaftsverhältnis abgeleitet. Für wenige entnommene Individuen war zum Zeitpunkt der genetischen Analysen die Alterskategorie noch nicht bekannt und durch ein „?“ ersetzt.

Tabelle 2: Verwendete Mikrosatelliten-Marker zur genetischen Analyse des Fischottervorkommens

Name	Primersequenzen	Motiv	Referenz
Lut435	TGAAGCCCAGCTTGGTACTTC	(CA) <sub>29</sub>	Dallas <i>et al.</i> 1998
	ACAGACAGTATCCAAGGGACCTG		
Lut453	AGTGCTTTGTAAGGTAATGG	(CA) <sub>26</sub>	Dallas <i>et al.</i> 1998
	AGACTGAAAGCTCTGTGAGGTC		
Lut604	TATGATCCTGGTAGATTAACCTTGTG	(CA) <sub>26</sub>	Dallas <i>et al.</i> 1998
	TTTCAACAATTCATGCTGGAAC		
Lut615	TGCAAAATTAGGCATTTATTCC	(CA) <sub>27</sub>	Dallas <i>et al.</i> 1998
	ATTCTCTTTGCCCTTTGCTTC		
Lu701	GGAAACTGTAAAGGAGCTCACC	(GATA) <sub>11</sub> GAA(GATA) <sub>2</sub> GAA(GA TA) <sub>4</sub>	Dallas <i>et al.</i> 1998
	CAGTGTTTCATAAGGATGCTCCTAC		
Lu715	TTCAATAGCCAAGATATGGAC	(GATA) <sub>6</sub> GAT(GATA) <sub>7</sub> GAT(GAT A)	Dallas <i>et al.</i> 1998
	TGGCATAATATCTTTCTCATGG		
Lu717	TGTTGCCTTCAGAGTCTGTG	(GATA) <sub>12</sub>	Dallas <i>et al.</i> 1998
	GTCAGGCATTGTAACATATTCTCAG		
Lu733	GATCTCATTTTAAATGTTCTTACCAC	(GATA) <sub>4</sub> GAT(GATA) <sub>12</sub>	Dallas <i>et al.</i> 1998
	TGGTTCTCTTGACAGGATCTG		
Lut782	GAGATATCACTAAGCAATACACGATG	(GATA) <sub>6</sub> GAT(GATA) <sub>10</sub>	Dallas <i>et al.</i> 1998
	ACAAAGACTGAGCAAAACAAGC		
Lu818	AAGGATGTGAAACAGCATTG	(GATA) <sub>11</sub>	Dallas <i>et al.</i> 1998
	CCATTTTATACATAAATCGGAT		
Lu832	TGATACTTTCTACCCAGGTGTC	(GATA) <sub>11</sub>	Dallas <i>et al.</i> 1998
	TCCTTAGCATTATCTTATTACCAC		
Lu833	CAAATATCCTTTGGACAGTCAG	(GATA) <sub>15</sub>	Dallas <i>et al.</i> 1998
	GAAGTTATCTAATTTGGCAGTGG		
Lut902	CAGGAGTGAATGTAAAGAGTTGG	-	Dallas <i>et al.</i> 1999
	CTTCACACCATTGACAGACC		
OT04	AACTCTGACTCTGGGTGGAGGTGTT	(GAAA) <sub>16</sub>	Huang <i>et al.</i> 2005
	GCCTGGGAGGCAGCATGATTAGT		
OT05	TGGAGAAAAGCATTATCTTACTG	(GAAA) <sub>14</sub>	Huang <i>et al.</i> 2005
	ATTCAGGGAGGCAGGAGAGC		
OT07	CACAGTGAAGGGTGACCAGATCACC	(GAAA) <sub>12</sub> GAAGG(GAAA) <sub>9</sub>	Huang <i>et al.</i> 2005
	CCACCTCATCCAAATGATCCTCT		
OT14	GGTCCAAGTCCAAGCCTGCCT	(GAAA) <sub>13</sub>	Huang <i>et al.</i> 2005
	TTCATATTCTCAGGTGAATCCCAT		
OT17	ATCAGGTATGAGGATACATTTACCT	(GAAA) <sub>13</sub>	Huang <i>et al.</i> 2005
	TGCAACCTACTTCTATATGAATTT		
OT19	ATAGGTCTCTCAGCACGGTGTCT	(GAAA) <sub>12</sub>	Huang <i>et al.</i> 2005
	TTAAATCCACATCTGTGACTCTGCA		
OT22	CTATCTGACCATTGTCCCATGA	(GAAA) <sub>16</sub>	Huang <i>et al.</i> 2005
	ACCCATGTAGGGTGCCATGCT		
R18	TTCCATTGTCTCTTGGCTTG	(CT) <sub>6</sub> (CTAT) <sub>14</sub>	Beheler <i>et al.</i> 2005
	CCCTCTCCACACTTGTGCTC		
SRYOtter	GAATCCCAAATGCAAACTC	{Geschlechtsbestimmung}	Dallas <i>et al.</i> 2000
	GGCTTCTGTAAGCATTITCCAC		
P1-5EZ	ATAATCACATGGAGGCCACAAGCT	{Geschlechtsbestimmung}	Mucci <i>et al.</i> 2007
	TTGTTACAGTGTCTCATATTCACA		

### 3. Ergebnisse

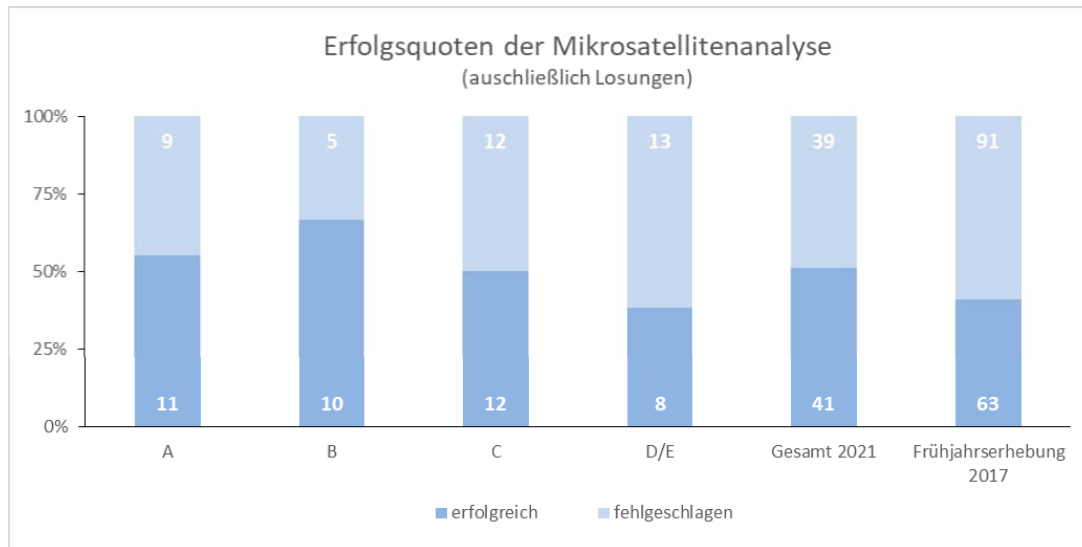
#### 3.1 Sammlung der Losungsproben und Erfolg der genetischen Analyse

Es wurden insgesamt 80 Losungen für die genetischen Analysen gesammelt. Deren Verteilung auf die Gebiete und die Vergleichswerte vom Frühjahr 2017 zeigt [Tabelle 3](#). Das Losungsaufkommen war 2021 an den Strecken des Mühlviertels deutlich geringer, an der Waldaist betrug es 2021 nur 35% von 2017, an der Steinernen Mühl nur 40%, an der Gr. Rodl 50%. An der Steyr lag der Wert bei 70%, am Großen Bach (Reichraming) bei 48%, im Neustift-Pechgraben Gebiet dagegen bei 113%. Der Anteil der Losungen, die dann tatsächlich genetische Ergebnisse gebracht hatten, war an der Waldaist mit einem Drittel von dem Wert von 2017 sehr gering; an der Steinernen Mühl und der Gr. Rodl war der Output entsprechend dem Aufgebot gefundener Losungen etwas bzw. deutlich besser als 2017. Ebenso war der Output am Großen Bach und der Steyr trotz der Tatsache, dass nur halb so viele Losungen zur genetischen Analyse gelangten mit 0,7 und 0,3 genetisch brauchbaren Losungen sehr hoch. Im Neustift-Pechgraben war die Ergiebigkeit sogar doppelt so hoch wie 2017.

**Tab. 3** Details zur Probensammlung 2021 und Vergleich mit der Frühjahrserhebung 2017

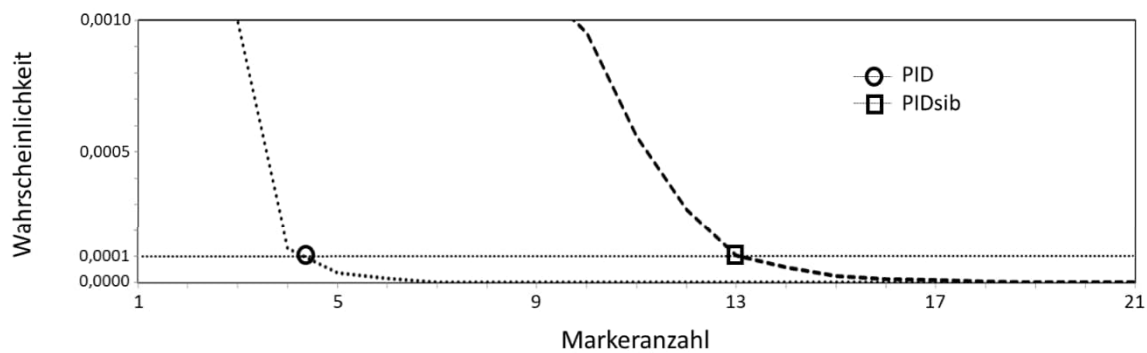
Waldaist 16,3 km	Erheber	Sum. Lsg.	Lsg/km	genetisch brauchbar/km
22.04.2017	AK	34	2,1	1,0
24.04.2021	AK	12	0,7	0,3
Steinerne Mühl 15,6 km	Erheber	Sum. Lsg.	Lsg/km	brauchbar/km
25.04.2017	AK	38	2,4	0,9
22.04.2021	AK	15	1,0	0,5
Große Rodl 18,6 km	Erheber	Sum. Lsg.	Lsg/km	brauchbar/km
21.04.2017	AK	22	1,2	0,5
23.04.2021	AK	11	0,6	0,4
Steyr 14,7 km	Erheber	Sum. Lsg.	Lsg/km	brauchbar/km
22.05.2017	AK & LP	13	0,9	0,4
08.05.2021	AK & LP	9	0,6	0,3
Reichraming 13,7 km	Erheber	Sum. Lsg.	Lsg/km	brauchbar/km
23.05.2017	AK & LP	31	2,3	0,8
07.05.2021	AK & LP	15	1,1	0,7
Neustift- & Pechgraben 14,2 km	Erheber	Sum. Lsg.	Lsg/km	brauchbar/km
22.05.2017	AK & LP	16	1,1	0,3
08.05.2021		18	1,3	0,6

Von den 80 gesammelten Losungsproben wurden mittels der genetischen Analysen 79 dem Fischotter zugewiesen. Eine Probe ergab weder ein Mikrosatellitenprofil noch eine mitochondriale Sequenz. Die hohe Erfolgsrate bei der mitochondrialen Artbestimmung zeigt, dass die Sammlung der Fischotterlosungen mit einer hohen Trefferquote durchgeführt wurde. Die Individualisierung per Mikrosatellitenanalyse gelang bei 41 der 79 Losungsproben (51,90 %), wobei sich die Erfolgsquote nach Alterskategorien folgendermaßen aufteilt: 60 % für A und B (frisch bis relativ frisch, <48 h), 50 % für C (älter, aber Restfeuchte vorhanden, ca. 2-4 Tage) und 38% für D/E (trocken, deutlich über 4 Tage alt) ([Abb. 5](#)). Im Vergleich zur Frühjahrserhebung 2017, die in derselben Jahreszeit wie diese Erhebung durchgeführt wurde, liegt die Erfolgsquote im Jahr 2021 um ca. 11% höher (2017: 40,1 %). Zudem war das Verhältnis von Proben der Alterskategorie A und B gegenüber der Alterskategorien C, D und E im Jahr 2021 geringer (35 zu 45) als in 2017 (90 zu 64). Die weiteren 38 Losungen, die kein brauchbares Mikrosatellitenprofil ergaben, wurden durch die mitochondriale Sequenzanalyse als Fischotterlosungen identifiziert. Die Gewebeproben der getöteten Otter konnten alle erfolgreich genotypisiert werden.



**Abb. 5** Erfolgsquoten der Mikrosatelliten-Analyse der Losungsproben nach Alterskategorie der Frühjahrserhebung 2021 und insgesamt für die Frühjahrserhebungen 2021 und 2017. A, feucht, offensichtlich von der letzten Nacht; B, oberflächlich feucht, vermutlich aus der vorletzten Nacht; C, älter als B, aber mit noch deutlich erkennbarer Feuchte im inneren der Losung; D/E, trocken.

Aus den 41 ermittelten genetischen Profilen der gesammelten Losungen wurden insgesamt 12 Individuen identifiziert. Darunter befanden sich 5 Männchen und 7 Weibchen. Fünf der 12 Individuen wurden bei den Erhebungen der Jahre 2016/17 bereits nachgewiesen. Profile von mindestens 13 Mikrosatellitenmarkern waren notwendig, um auch sehr nah verwandte Individuen sicher zu unterscheiden (Abb. 6).



**Abb. 6** Trennschärfe des Mikrosatellitensets zur sicheren Unterscheidung zwischen zwei zufällig ausgewählten Individuen (PID) und zwei nahe verwandten Individuen (PIDsib). Nach Waits *et al.* (2001) ist für wildlebende Populationen die Verwendung der Mindestanzahl genetischer Marker geeignet, die bei einem Schwellenwert von 0,0001 liegt (also bei einer Wahrscheinlichkeit, dass in jedem zehntausendsten Fall genetische Profile zweier Individuen identisch sind).

### 3.2 Otternachweise in den Untersuchungsgebieten

#### 3.2.1 Waldaist

Im Untersuchungsgebiet der Waldaist wurde im Zuge der Frühjahrserhebung 2021 nur ein Weibchen (WA\_W2) eindeutig nachgewiesen. Dieses Weibchen war auch 2016-2017 im Untersuchungsgebiet anwesend. Mit hoher Wahrscheinlichkeit stammten zwei der gefundenen Losungen von einem zweiten Individuum mit nicht eindeutig zu ermittelndem Geschlecht. Diese Losungen erfüllten zwar nicht die notwendige Qualität für die Individualisierung (13 sichergestellte Loci) - es könnte sich demnach sogar auch um zwei weitere, miteinander nahverwandte Otter handeln - aber anhand der verfügbaren Allele und fünf Loci mit guter Amplifikation kann zumindest mit hoher Sicherheit angenommen werden, dass es sich nicht um Losungen von WA\_W2 handelt, sondern um jene eines anderen Otters.

Im Frühjahr 2017 wurden dort vier weibliche und drei männliche Otter festgestellt (Tab. 4, Karten im Anhang). Es kam also zu einem deutlichen Rückgang nachgewiesener Otter, obwohl in diesem Gebiet keine Tiere zur Entnahme frei gegeben waren.

Die insgesamt an der Waldaist genetisch identifizierten Otter wiesen drei Eltern-Kind-Beziehungen (PO) auf, zwei davon zu Individuen an der Großen Rodl und eine zur Steinernen Mühl, aber keine innerhalb der Waldaist. Verwandtschaftsverhältnisse von Vollgeschwistern (FS) konnten 6-mal zu Individuen festgestellt werden, die ebenfalls an der Waldaist identifiziert worden sind, weiters 6-mal zu Individuen an der Gr. Rodl und 1-mal zu einem Geschwister an der Steinernen Mühl. Eines der acht an der Waldaist identifizierten Tiere war mit keinem der anderen verwandt (Tab. 5).

Tab. 4 Übersicht der an der Waldaist 2016/2017 und im Frühjahr 2021 nachgewiesenen Otter

Herbst 2016	Winter 2017	Frühling 2017	Sommer 2017	Frühling 2021
WA_W1	WA_W1	WA_W1		
WA_W2		<b>WA_W2</b>		<b>WA_W2</b>
WA_W3	WA_W3		WA_W3	
	WA_W4	<b>WA_W4</b>		
		<b>WA_W5</b>	WA_W5	
WA_M1	WA_M1	<b>WA_M1</b>	WA_M1	
WA_M2	WA_M2	<b>WA_M2</b>	WA_M2	
		<b>WA_M3</b>		
				<b>WA_M/W?</b>

Tab. 5: Kenndaten und enge Verwandtschaftsbeziehungen Eltern-Kind (parent – offspring PO) bzw. Vollgeschwister (full sibling FS); grau hinterlegt sind Verwandtschaftsbeziehungen mit anderen Untersuchungsgebieten:

ID	Sex	Alter	Status	geschossen	PO	FS
WA_W1	W	adult	Revierinhaber		GR_M7	WA_W4 WA_W5
WA_W2	W	juvenil				WA_M1 WA_W3 GR_M9
WA_W3	W	adult	Revierinhaber			WA_M1 WA_W2
WA_W4	W	adult	Revierinhaber		SM_W11	WA_W1 WA_W5 SM_M5 GR_W6 GR_M7
WA_W5	W					WA_W1 WA_W4 GR_W6
WA_M1	M	adult	Revierinhaber		GR_M9	WA_W2 WA_W3 GR_W1
WA_M2	M					GR_W9
WA_M3	M					

### 3.2.2 Steinernen Mühl

Im Untersuchungsgebiet der Steinernen Mühl wurde im Zuge der Frühjahrserhebung 2021 nur ein weiblicher Otter nachgewiesen (SM\_W6). Im Frühjahr 2017 wurden dort zwei weibliche und zwei männliche Otter festgestellt (Tab. 6). Von den 2017 nachgewiesenen Tieren wurden zwei Weibchen (SM\_W3 und SM\_W5) entnommen.

Von 2018 bis 2021 wurden in diesem Gebiet 13 Otter entnommen. Die zeitliche Verteilung zeigt Abb. 7, die räumliche illustriert Abb. 8. 2018-2019 wurden nur drei Otter entnommen. Ab Februar 2020 wurden dann die übrigen zehn Otter im unmittelbaren Nahbereich der Befischungstrecke SM3 (Ratschan & Hammerschmied 2022) entnommen.

Den Status und die Verwandtschaftsbeziehungen der über Losungen oder Gewebeproben (Entnahmen) nachgewiesenen Otter an der Steinernen Mühl zeigt Tab. 7. Insgesamt, also sowohl über Losungen als auch über Entnahmen wurden an der Steinernen Mühl 23 Individuen identifiziert, 13 davon wurden entnommen, nur zwei dieser 13 stammten von dem Bestand, der 2016/2017 über Losungen im Gebiet nachgewiesen worden ist. Von den dreizehn getöteten Otter hatten siebzehn Individuen Eltern-Kind (PO) oder Vollgeschwister (FS) Verwandtschaftsverhältnisse zu Individuen, die auch über Losungen nachgewiesen worden sind. Diese getöteten 10 Tiere waren also Kinder, Eltern oder Geschwister der dort nachgewiesenen Otter.

Eltern-Kind-Beziehungen (PO) konnten 20-mal nachgewiesen werden, acht davon betrafen die Steinernen Mühl, fünf die Große Rodl und in einem Fall war das Elternteil oder der Nachwuchs an der Waldaist nachgewiesen worden.



Vollgeschwister (FS) der an der Steinernen Mühl nachgewiesenen Otter fanden sich in neun Fällen an der Steinernen Mühl und ebenso häufig an der Großen Rodl sowie einmal an der Waldaist.

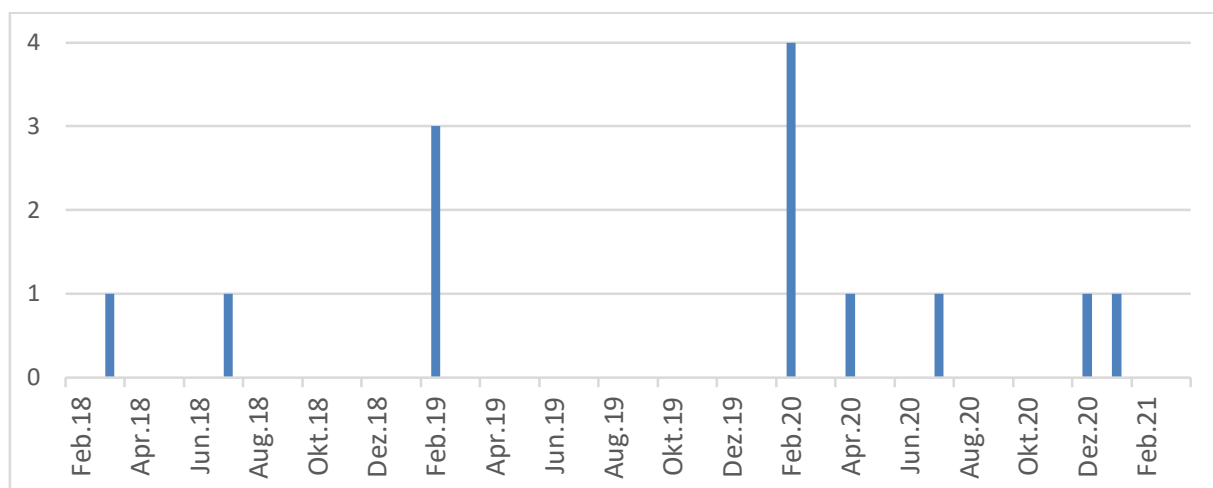
Der Austausch und Kontakt zwischen Individuen von Steinerne Mühl und Großer Rodl ist daher ein intensiver.

Weiters gab es acht Tiere im Gebiet, die mit überhaupt keinen anderen Ottern verwandt waren; in vier Fällen handelte es sich um getötete Otter, in weiteren vier Fällen um solche, die nur über Losungen nachgewiesen worden sind.

Der Vollständigkeit halber wird erwähnt, dass im November 2019 in Haslach also quasi ganz am unteren Ende des Untersuchungsgebietes zwei männliche Otter überfahren wurden; auch diese wiesen keine Verwandtschaftsverhältnisse (PO oder FS) zu den sonst im Gebiet nachgewiesenen Otter auf.

**Tab. 6** Übersicht der an der Steinernen Mühl 2016/2017 und im Frühjahr 2021 nachgewiesenen Otter; in roter Schrift sind jene Otter ausgewiesen, die im Entnahmeexperiment entnommen worden sind.

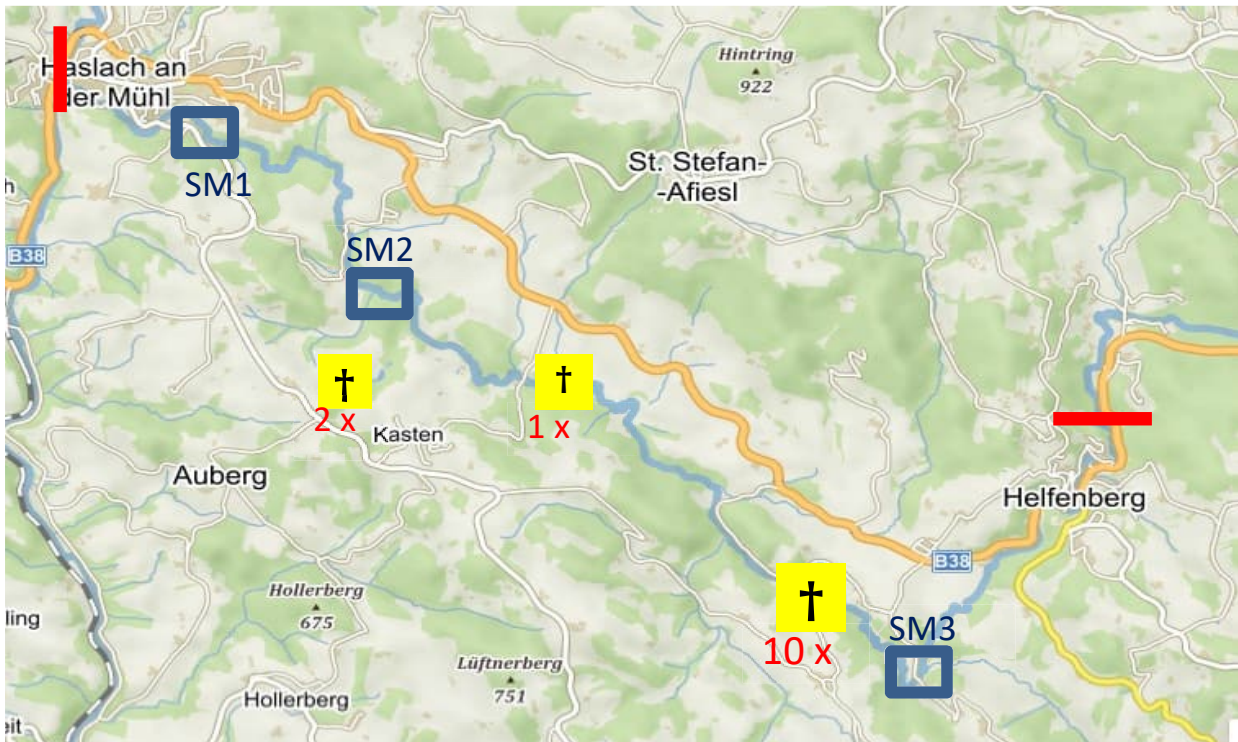
Herbst 2016	Winter 2017	Frühling 2017	Sommer 2017	Frühling 2021
SM_W1				
SM_W2	SM_W2	<b>SM_W2</b>		
<b>SM_W3</b>	<b>SM_W3</b>		<b>SM_W3</b>	
		<b>SM_W4</b>	SM_W4	
			<b>SM_W5</b>	
				<b>SM_W6</b>
SM_M2	SM_M2	<b>SM_M2</b>	SM_M2	
SM_M3	SM_M3			
SM_M4	SM_M4			
			SM_M5	
	SM_M6			
		<b>SM_M7</b>	SM_M7	



**Abb. 7** Zeitliche Verteilung der 13 an der Steinernen Mühl entnommenen Otter.

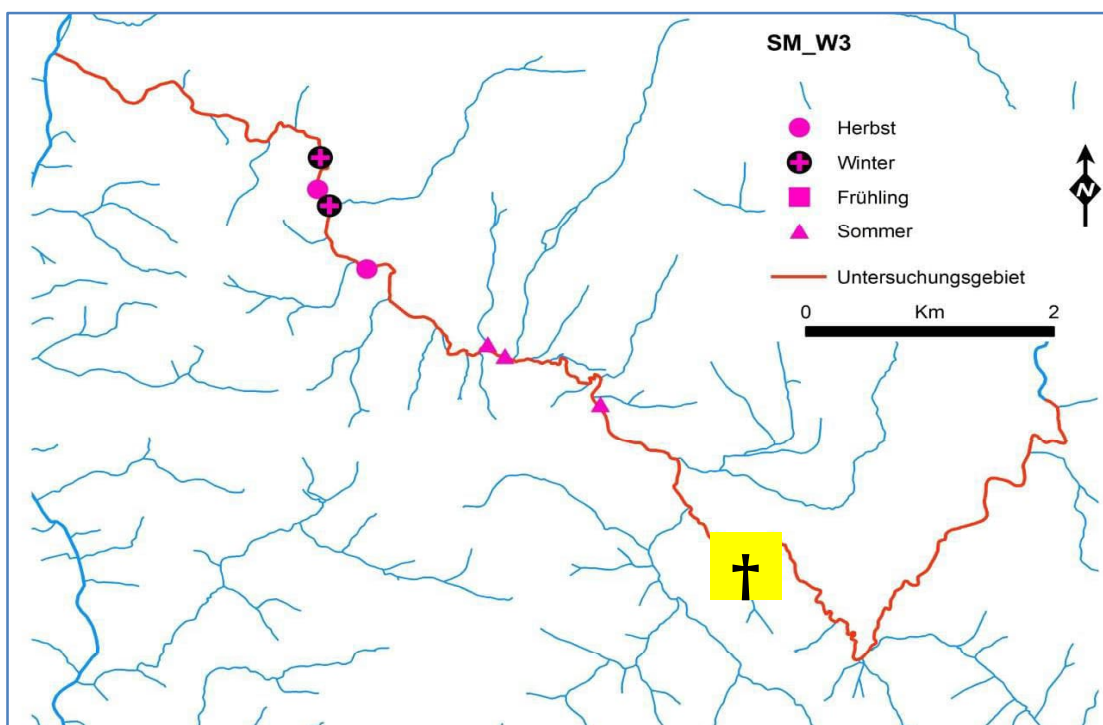
**Tab. 7** Kenndaten und enge Verwandtschaftsbeziehungen Eltern-Kind (parent – offspring PO) bzw. Vollgeschwister (full sibling FS); rötlich hervorgehoben sind getötete Otter; grau hinterlegt sind Verwandtschaftsbeziehungen mit anderen Untersuchungsgebieten:

ID	Sex	Alter	Status	geschossen	PO	FS
SM_W1	W	?	Revierinhaber		SM_W10 SM_M14 GR_M6 GR_W11	GR_W2
SM_W2	W	adult	Revierinhaber		SM_M2	SM_M5
SM_W3	W	adult	Revierinhaber	13.2.2020	SM_M4 SM_W5	
SM_W4	W	?	Durchwanderer			
SM_W5	W	adult	Revierinhaber	30.01.2020	SM_M3 SM_W9	SM_M4 GR_W7
SM_W6	W	?	?			GR_M7
SM_W7	W	adult?	?	23.02.2019		SM_M5
SM_W8	W	adult?	?	17.02.2019		
SM_W9	W	juvenil	Familienmitglied	05.02.2020	SM_W5 SM_M13	GR_W1 SM_W10
SM_W10	W	adult	Revierinhaber	08.2.2020	SM_W1	GR_M3 GR_M6 SM_W9 SM_M14
SM_W11	W	juvenil	Familienmitglied	06.01.2021	WA_W4	
SM_M2	M	?	?		SM_W2	
SM_M3	M	?	?			GR_W2
SM_M4	M	?	?		SM_W3 GR_W1 GR_W17 GR_W11	SM_W5
SM_M5	M	?	?		SM_W2	WA_W4 SM_W7
SM_M6	M	?	Durchwanderer?			
SM_M7	M	?	Durchwanderer?			
SM_M8	M	?	?	10.03.2018		
SM_M9	M	?	?	16.07.2018		
SM_M10	M	juvenil	?	18.02.2019		
SM_M13	M	adult	?	08.04.2020	SM_W9	
SM_M14	M	adult	?	18.07.2020	SM_W1	GR_M5 GR_W2 SM_W10
SM_M15	M	ad-subad	?	20.12.2020		

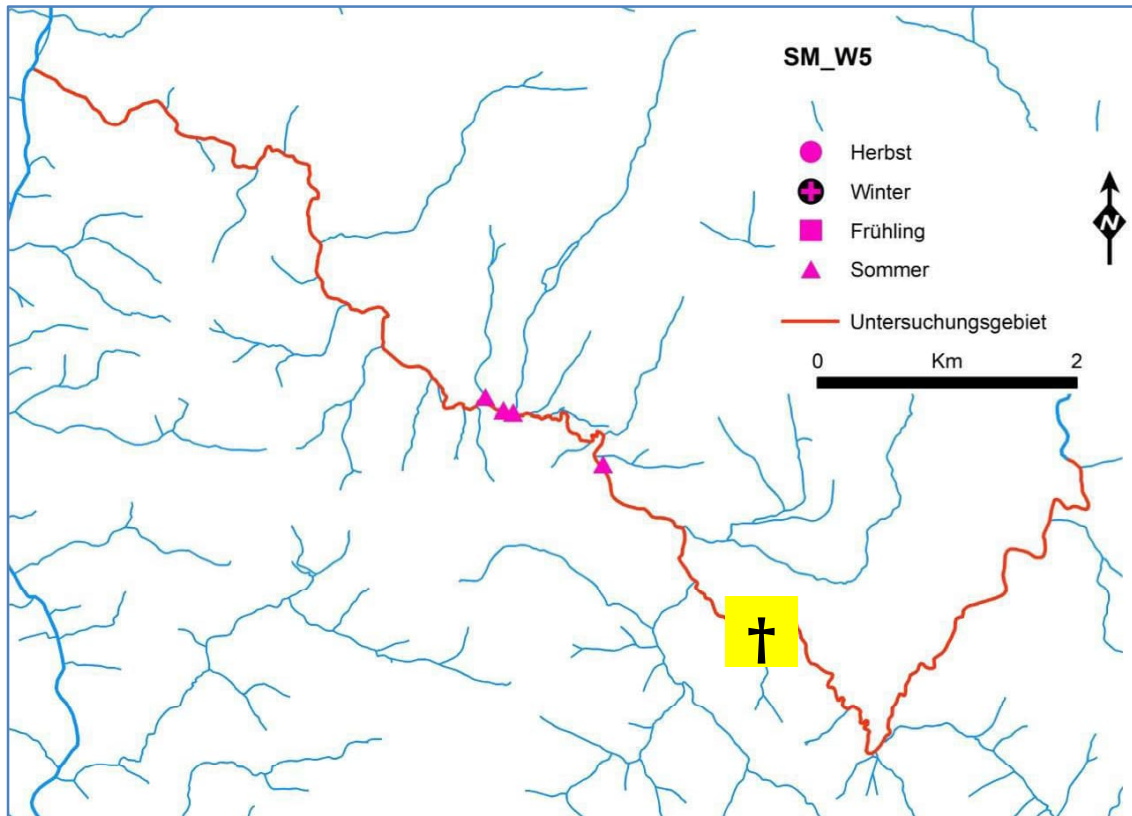


**Abb. 8** Lage der 13 entnommen Otter (SM1, SM2 und SM3 = Lage der Befischungsstrecken; rote Querbalken = Grenzen des Untersuchungsgebietes).

In *Abbildung 9* wird illustriert, wo das Weibchen SM\_W3 2016/2017 nachweisbar war, das dann im Februar 2020 entnommen worden ist. Dieses Tier hatte ein Streifgebiet, das sich jedenfalls auch auf die Befischungstrecke SM2 erstreckte. Ähnliches gilt für das ebenfalls im Februar 2020 entnommene Weibchen SM\_W5, das allerdings 2017 nur im Sommer nachgewiesen worden ist (*Abb. 10*).



**Abb. 9** Lage der Nachweise vom Weibchen SM\_W3 2016-2017 sowie dessen Entnahme im Februar 2020.



**Abb. 10** Lage der Nachweise vom Weibchen SM\_W5 im Sommer 2017 sowie dessen Entnahme im Februar 2020.

### 3.2.3 Große Rodl

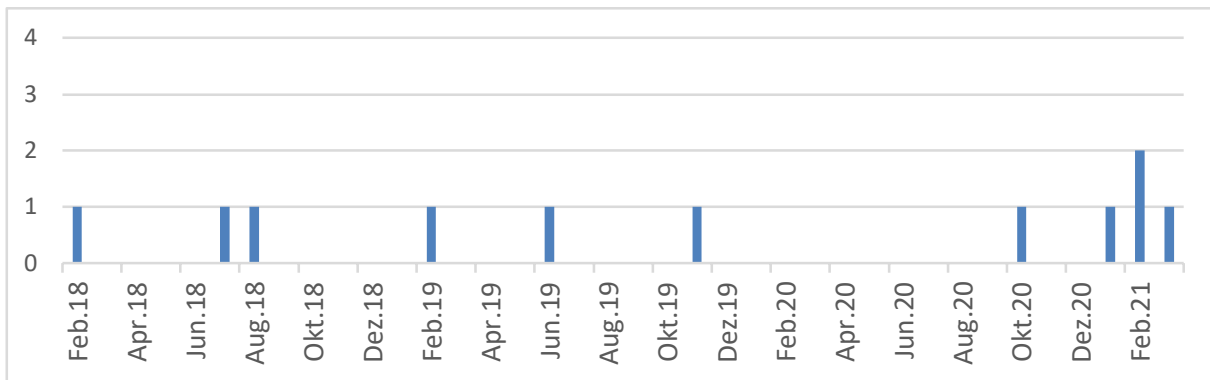
Im Untersuchungsgebiet der Großen Rodl wurden im Zuge der Frühjahrserhebung 2021 ein Weibchen (GR\_W5) und ein Männchen (GR\_M9) nachgewiesen. Im Frühjahr 2017 wurden dort zwei weibliche und fünf männliche Otter festgestellt (Tab. 8). Insgesamt wurden elf Otter entnommen (Abb. 11 und Abb.12). Davon war aber keines der 2017 nachgewiesenen Tieren betroffen. Die Tiere wurden alle am Rand oder abseits des eigentlichen Untersuchungsgebietes getötet. Fünf Otter wurden in unmittelbarer Nähe der untersten Befischungsstrecke (GR1) entnommen.

Die Verwandtschaftsanalyse (Tab. 9) der Otter zeigt, dass es von den getöteten Ottern 13 PO bzw. FS Verwandtschaftsverhältnisse gab, dass die entnommenen Otter also über Eltern-Kind-Beziehungen bzw. Vollgeschwisterbeziehungen mit anderen Ottern, die über das Lösungsmonitoring nachgewiesen worden waren, verwandt waren.

Insgesamt, also bei getöteten wie nicht getöteten konnten 16 PO Beziehungen festgestellt werden, sieben davon betrafen Tiere von der Steinernen Mühl und zwei von der Waldaist. Noch ausgeprägter waren die geschwisterlichen Verwandtschaftsverhältnisse (FS) zu den Gebieten Steinerne Mühl mit acht und zur Waldaist mit sechs Fällen. Tiere ohne jegliche Verwandtschaft betraf in vier Fällen getötete Tiere (3 Männchen, 1 Weibchen) und ein Männchen, das nur über Losungen nachgewiesen, aber nicht getötet worden war.

**Tab. 8** Übersicht der an der Großen Rodl 2016/2017 und im Frühjahr 2021 nachgewiesenen Otter

Herbst 2016	Winter 2017	Frühling 2017	Sommer 2017	Frühling 2021
GR_W1	GR_W1	GR_W1	GR_W1	
GR_W2	GR_W2			
		GR_W3		
			GR_W4	
				GR_W5
GR_M1	GR_M1			
GR_M3	GR_M3			
GR_M4	GR_M4	GR_M4		
	GR_M5	GR_M5		
	GR_M6	GR_M6		
		GR_M7		
		GR_M8	GR_M8	
				GR_M9



**Abb. 11** Zeitliche Verteilung der elf an der Großen Rodl entnommenen Otter.



**Abb. 12** Lage der 11 entnommenen Otter (GR1, GR2 und GR3 = Lage der Befischungsstrecken; rote Querbalken = Grenzen des Untersuchungsgebietes).

**Tab. 9** Kenndaten und enge Verwandtschaftsbeziehungen Eltern-Kind (parent – offspring PO) bzw. Vollgeschwister (full sibling FS); rötlich hervorgehoben sind getötete Otter; grau hinterlegt sind Verwandtschaftsbeziehungen mit anderen Untersuchungsgebieten:

ID	Sex	Alter	Status	geschossen	PO	FS
GR_W1	W	adult	Revierinhaber		GR_W7 SM_M4	GR_M5 WA_W1 SM_W9
GR_W2	W	adult	Revierinhaber (aber wo?)		GR_M1 GR_M6 GR_W6	SM_M1 SM_M3 SM_M14
GR_W3	W	adult	Revierinhaber			GR_W4
GR_W4	W	adult	Revierinhaber		GR_M4	GR_W4
GR_W5	W				GR_M4	GR_M6
GR_W6	W	adult	Revierinhaber	16.2.2019	GR_W2 GR_M3	WA_W4 WA_W5
GR_W7	W	Juvenil		16.11.2019	GR_W1 GR_W10 SM_M4	SM_W5
GR_W8	W	adult		13.01.2021		
GR_W9	W	adult		15.10.2020		WA_W2
GR_W10	W			12.3.2021	GR_W7	
GR_W11	W	juvenil		13.2.2021	SM_W1 SM_M4	GR_M14
GR_M1	M				GR_W2	
GR_M3	M				GR_W6 GR_M6	SM_W10
GR_M4	M				GR_W5 GR_M6	
GR_M5	M					GR_W1 SM_M14
GR_M6	M		Revierinhaber		GR_W2 GR_M3 GR_M4 SM_W1	GR_W5 GR_M13 SM_W10
GR_M7	M				WA_W1	WA_W4 SM_W6
GR_M8	M					
GR_M9	M				WA_W1	WA_W2
GR_M10	M	subadult		24.2.2018		
GR_M11	M	adult		4.7.2018		
GR_M12	M	adult		16.8.2018		
GR_M13	M	adult		5.6.2019		GR_M6
GR_M14	M	juvenil		10.2.2021	SM_W1 SM_M4	GR_W11

### 3.2.4 Steyr

Im Untersuchungsgebiet der Steyr wurden im Zuge der Frühjahrserhebung 2021 genau jenes Weibchen (ST\_W1) und jenes Männchen (ST\_M1) nachgewiesen, welche auch 2017 dort nachgewiesen worden waren. Im Frühjahr 2017 war dort noch ein zweites Männchen (ST\_M2) vorhanden (Tab. 10, Karten im Anhang), welches zunächst als Sohn beider Individuen, nun aber durch die Analyse des neuen Datensatzes als Bruder des Weibchens eingeordnet wurde. Zumindest besteht sehr wahrscheinlich eine sehr enge Verwandtschaft zwischen diesen beiden Individuen.

Insgesamt wurden 14 Otter entnommen (Abb. 13 und Abb. 14). Davon war keines der 2017 nachgewiesenen Tiere betroffen (Tab. 10). Es konnten auch keine Verwandtschaftsverhältnisse zwischen den über Losungen über die gesamte Dauer der Untersuchung anwesenden zwei Otter und den 14 entnommenen Ottern nachgewiesen werden; dies gilt auch für das zweite Männchen, das nur im Frühjahr 2017 nachgewiesen worden war und ein Bruder vom dort dauerhaft anwesenden Weibchen ST\_W1 ist. Die einzige Ausnahme bildet das adulte 10 kg schwere Männchen ST\_M8, das am 29. Dezember 2020 getötet wurde. Es war ein Bruder (Vollgeschwister = gleicher Vater und gleiche Mutter) des seit 2016 bis 2021 im Gebiet nachgewiesenen Männchens ST\_M1. Bei beiden Männchen handelt es sich um erwachsene Tiere, die gleichzeitige Präsenz erschließt sich aus dem Sozialsystem der Art nicht wirklich. Abgesehen von den Verwandtschaftsbanden zwischen den entnommenen Tieren an der Steyr zeigen sich je eine PO und eine FS Verwandtschaft zu zwei unterschiedlichen Tieren aus dem Gebiet Neustiftgraben - Pechgraben. Auch das nur über Losungen nachgewiesene, also nicht entnommene Tier ST\_M2 hatte eine PO Beziehung zum Großen Bach, war als Vater oder Sohn des dort festgestellten Männchens GB\_M2 sowie ein Bruder vom Weibchen NP\_W7 vom Neustift-Pechgraben. Der Vollständigkeit halber wird auch hier ein KFZ-Todfund erwähnt. Er soll in Hinterstoder Hinterberg im Mai 2019 zu Tode gekommen sein, es war, obwohl das Gewicht auf ein juveniles Tier hinweist, mit niemandem verwandt; das Tier wurde TKV-mäßig entsorgt und konnte daher nicht weiter untersucht werden.

Tab. 9 Übersicht der an der Steyr 2016/2017 und im Frühjahr 2021 nachgewiesenen Otter

Herbst 2016	Winter 2017	Frühling 2017	Sommer 2017	Frühling 2021
ST_W1	ST_W1		ST_W1	ST_W1
ST_M1	ST_M1	ST_M1	ST_M1	ST_M1
		ST_M2		

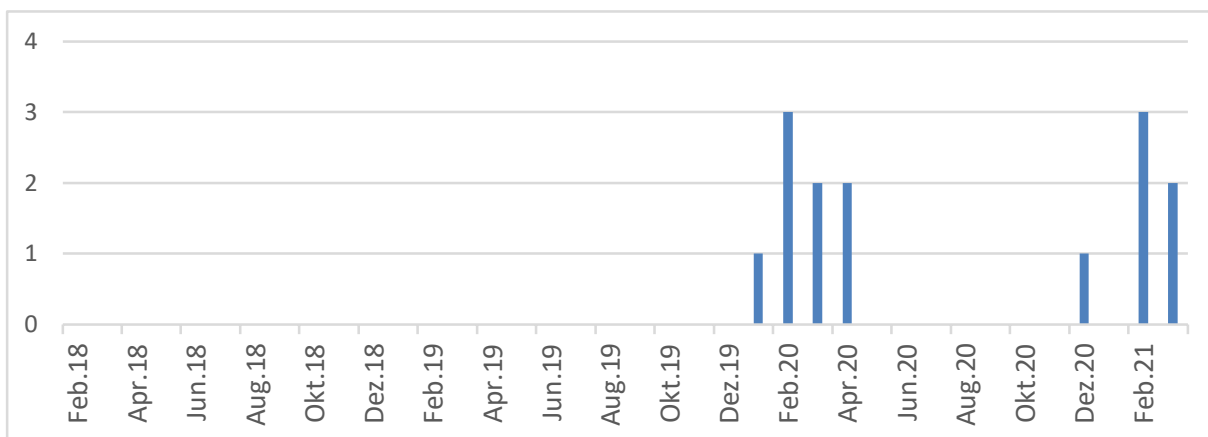
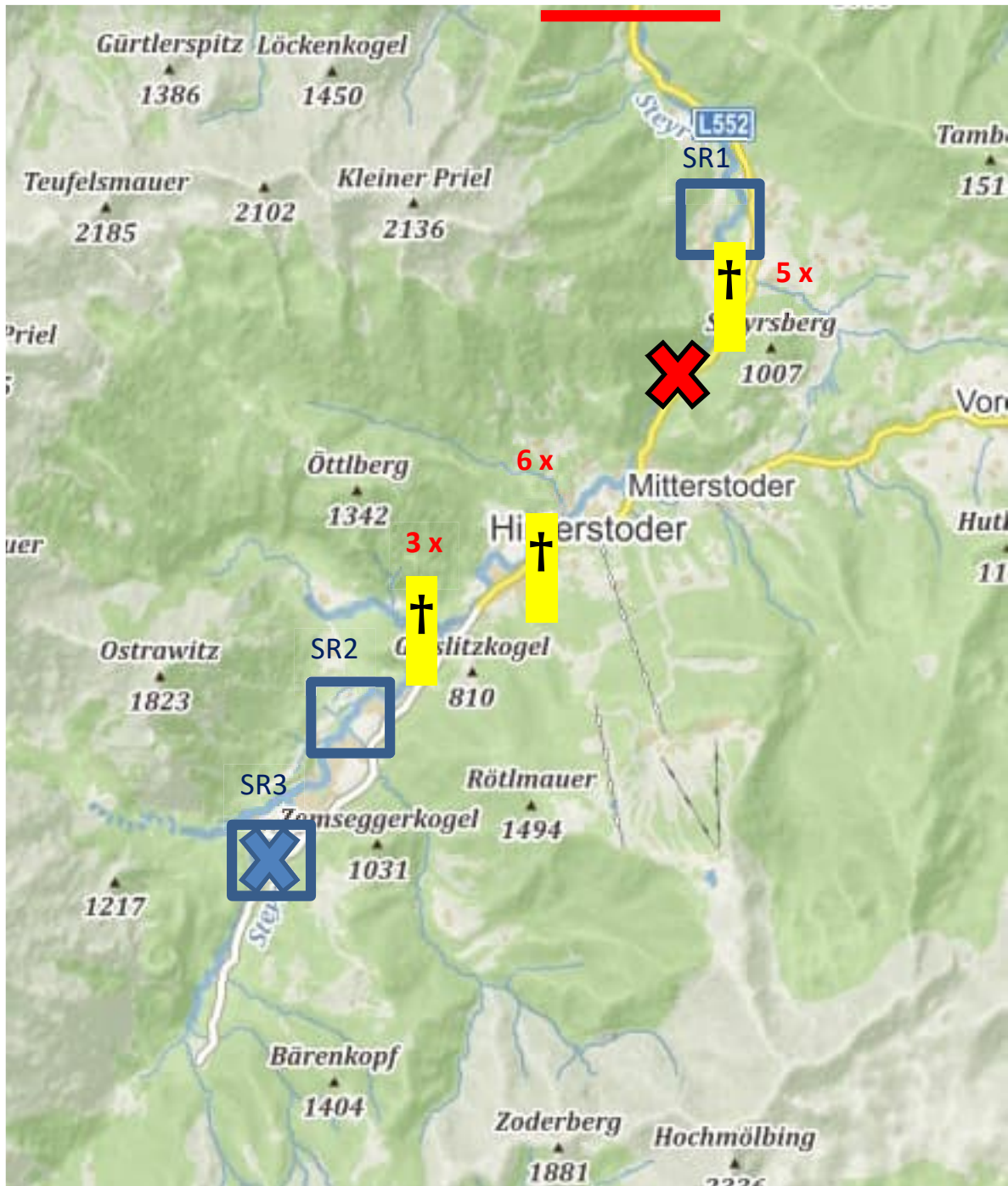


Abb. 13 Zeitliche Verteilung der 14 an der Steyr entnommenen Otter.



**Tab. 10** Kenndaten und enge Verwandtschaftsbeziehungen Eltern-Kind (parent – offspring PO) bzw. Vollgeschwister (full sibling FS); rötlich hervorgehoben sind getötete Otter; grau hinterlegt sind Verwandtschaftsbeziehungen mit anderen Untersuchungsgebieten:

ID	Sex	Alter	Status	geschossen	PO	FS
ST_W1	W	ad	Revierinhaber			ST_M2
ST_W2	W	ad/subad		6.2.2020		
ST_W3	W	adult	führend	29.2.2020	ST_M7	
ST_W4	W	ad/subad		26.2.2020	ST_M8	ST_W5
ST_W5	W	ad/subad		3.4.2020	ST_M8	ST_W4
ST_W6	W	juvenil		8.2.2021	ST_W7	
ST_W7	W	adult		8.2.2021	ST_W6	
ST_M1	M	adult	Revierinhaber			ST_M8
ST_M2	M	adult			GB_M2	NP_W7
ST_M4	M	subadult		18.1.2020		ST_M9 ST_M11
ST_M5	M	adult		8.4.2020		
ST_M6	M			26.3.2020	NP_M13	
ST_M7	M	juvenil		3.3.2020	ST_W3	
ST_M8	M	adult		29.12.2020	ST_W4 ST_W5	ST_M1 ST_M9 NP_W6
ST_M9	M	juvenil		21.2.2021		ST_M4 ST_M8 ST_M11
ST_M10	M	adult		20.3.2021		
ST_M11	M	ad/subad		8.3.2021	ST_M8	ST_M4 ST_M9



**Abb. 14** Lage der 14 entnommen Otter an der Steyr (GR1, GR2 und GR3 = Lage der Befischungsstrecken; rote Querbalken = Grenzen des Untersuchungsgebietes. Das rote X markiert den Stromboding Wasserfall; die SR3 wurde 2021 nicht befischt.

### 3.2.5 Großer Bach - Reichraming

Im Untersuchungsgebiet des Großen Baches wurden im Zuge der Frühjahrserhebung 2021 jenes Weibchen (GB\_W2) und jenes Männchen (GB\_M4) nachgewiesen, die auch 2017 dort nachweisbar gewesen sind. Im Frühjahr 2017 wurden dort ein weiblicher und zwei männliche Otter festgestellt (Tab. 11).

Alle Individuen weisen zumindest eine PO bzw. eine FS Verwandtschaftsbeziehung auf (Tab. 12). Die PO Beziehungen beziehen sich alle auf Tiere am Neustift-Pechgraben und in einem Fall auf eines von der Steyr. Die FS-Beziehungen betreffen hingegen nur Tiere vom Großen Bach.

**Tab. 11** Übersicht der am Großen Bach 2016/2017 und im Frühjahr 2021 nachgewiesenen Otter

Herbst 2016	Winter 2017	Frühling 2017	Sommer 2017	Frühling 2021
GB_W1	GB_W1		GB_W1	
GB_W2	GB_W2			GB_W2
		GB_W3	GB_W3	
GB_M1				
GB_M2	GB_M2	GB_M2	GB_M2	
		GB_M3		
				GB_M4

**Tab. 12** Kenndaten und enge Verwandtschaftsbeziehungen Eltern-Kind (parent – offspring PO) bzw. Vollgeschwister (full sibling FS); grau hinterlegt sind Verwandtschaftsbeziehungen mit anderen Untersuchungsgebieten:

ID	Sex	Alter	Status	geschossen	PO	FS
GB_W1	W	adult	Revierinhaber			GB_M3
GB_W2	W	adult	Revierinhaber		NP_W8	
GB_W3	W				NP_W4	
GB_M1	M	adult	Revierinhaber			GB_M3
GB_M2	M	adult	Revierinhaber		ST_M2	
GB_M3	M					GB_W1 GB_M1
GB_M4	M				NP_W4	

### 3.2.6 Neustiftgraben und Pechgraben

Im Untersuchungsgebiet Neustiftgraben-Pechgraben wurden im Zuge der Frühjahrserhebung 2021 zwei Weibchen und ein Männchen nachgewiesen. Im Frühjahr 2017 wurden dort nur ein Männchen und ein Weibchen nachgewiesen (Tab. 13). Von den 16 entnommenen Ottern war einer bereits 2017 nachgewiesen worden, es war das damals bei jeder Erhebung anwesende Männchen NP\_M1; es wurde im November 2018 entnommen. Aus der zeitlichen Abfolge der Entnahmen in Abb. 15 wird ersichtlich, dass ein Schwerpunkt der Entnahme im Oktober und Dezember 2020 war. Die Otter wurden laut Jagdausübungsberechtigtem alle an zwei Orten entnommen. Der dadurch theoretisch am meisten von Otterprädation entlastete Abschnitt sollte demnach die Befischungstrecke NG2 sein, unweit oberhalb von dort wurden elf der 16 Otter entnommen (Abb. 16).

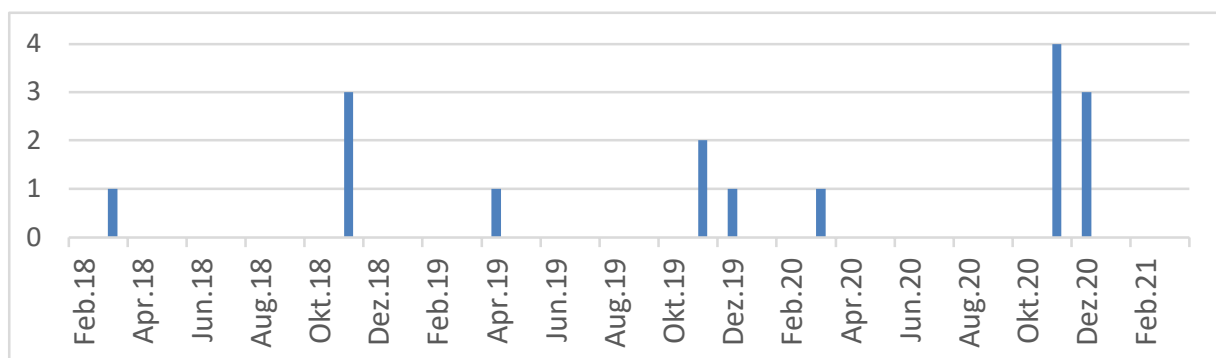
Die Analyse der Verwandtschaftsverhältnisse der getöteten Individuen (Tab. 14) zeigt fünf PO bzw. FS Verwandtschaften zu Individuen, die über Losungen nachgewiesen worden sind.

Insgesamt, also bei getöteten wie nicht getöteten Ottern, konnten elf PO Beziehungen festgestellt werden, drei davon bezogen sich auf Tiere vom Reichramingbach und eine auf ein Tier von der Steyr. Weiters wurden fünf geschwisterlichen Verwandtschaftsverhältnisse (FS) gefunden, zwei davon bezogen sich auf Tiere von der Steyr (eines, ST\_M2, war dort 2017 über Losungen nachgewiesen worden). Tiere ohne jegliche Verwandtschaft betrafen ein subadultes Weibchen und fünf adulte Männchen; all diese Tiere wurden getötet und waren nicht über die Losungsfunde nachgewiesen worden.

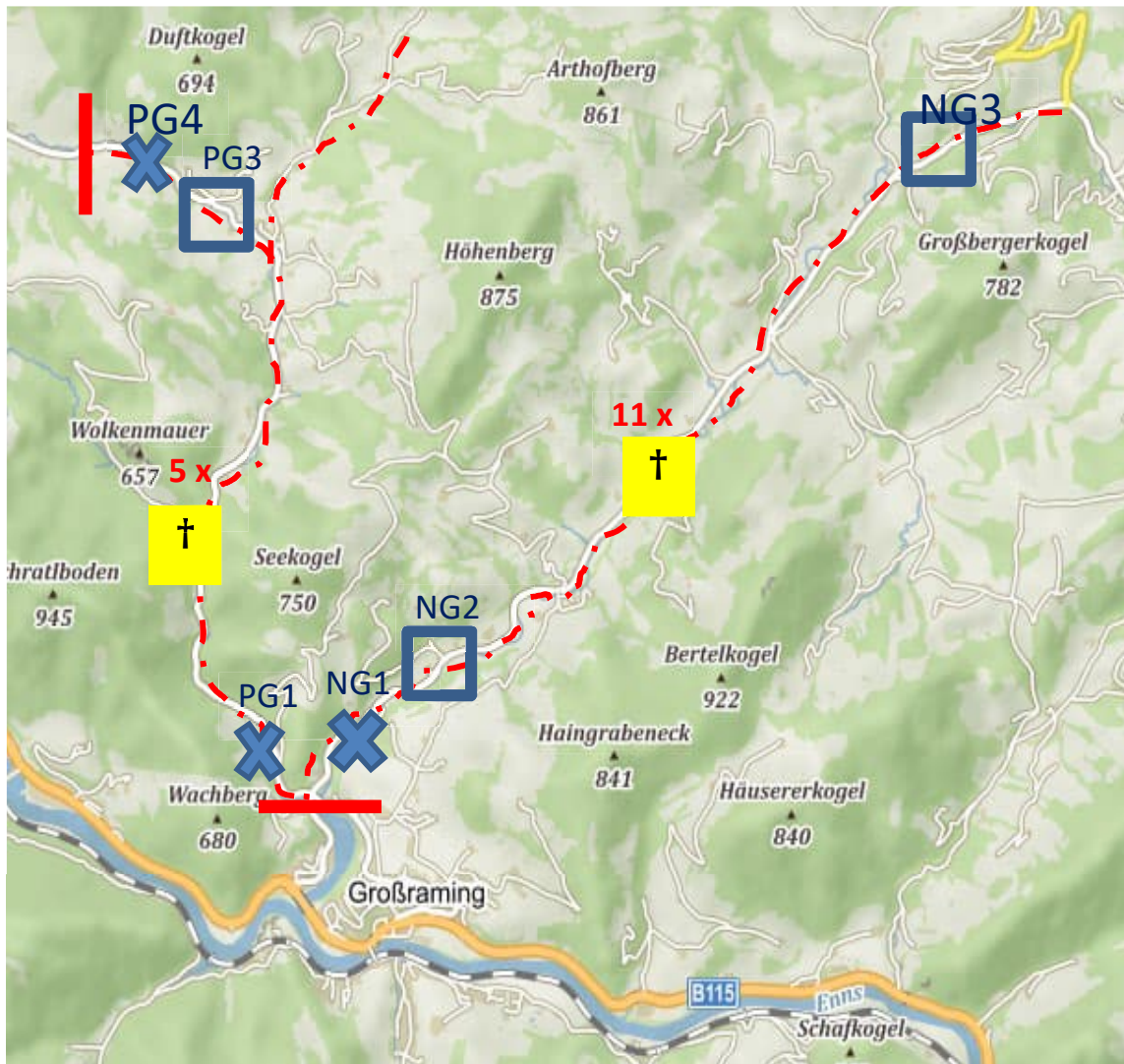
Der Vollständigkeit halber sei auch hier ein KFZ-toter männlicher Otter erwähnt, er wurde am 7.10.2019 gefunden und war wieder mit niemanden näher verwandt (weder PO noch FS).

**Tab. 13** Übersicht der am Neustiftgraben-Pechgraben 2016/2017 und im Frühjahr 2021 nachgewiesenen Otter

Herbst 2016	Winter 2017	Frühling 2017	Sommer 2017	Frühling 2021
NP_W1	NP_W1	NP_W1	NP_W1	
				NP_W4
				NP_W10
NP_M1	NP_M1	NP_M1	NP_M1	
NP_M2	NP_M2		NP_M2	
				NP_M14



**Abb. 15** Zeitliche Verteilung der 16 an Neustift- und Pechgraben entnommenen Otter.



**Abb. 16** Lage der 16 entnommenen Otter an Neustift- und Pechgraben (PG, NG = Lage der Befischungsstrecken; rote Querbalken = Grenzen des Untersuchungsgebietes. PG1, NG1 und PG4 wurde 2021 nicht befischt.

**Tab. 14** Kenndaten und enge Verwandtschaftsbeziehungen Eltern-Kind (parent – offspring PO) bzw. Vollgeschwister (full sibling FS); rötlich hervorgehoben sind getötete Otter; grau hinterlegt sind Verwandtschaftsbeziehungen mit anderen Untersuchungsgebieten:

ID	Sex	Alter	Status	geschossen	PO	FS
NP_W1	W	adult	Revierinhaber		NP_M7	NP_W5 NP_M14
NP_W4	W				GB_W3 GB_M4	
NP_W5	W	adult		11.3.2018		NP_W1
NP_W6	W	adult		20.11.2018		ST_M8
NP_W7	W	adult		6.11.2019		ST_M2
NP_W8	W	adult	Revierinhaber	25.11.2018	NP_M2 NP_M3 NP_M11 GB_W2	
NP_W9	W	subadult		26.3.2020		
NP_W10	W					NP_M9
NP_M1	M	adult	Revierinhaber	6.11.2018	NP_M2 NP_M3	NP_M11
NP_M2	M	adult	Revierinhaber		NP_W8 NP_M2 NP_M3 NP_M11	
NP_M3	M	subadult		2.4.2019	NP_W8 NP_M1	
NP_M5	M	adult		19.11.2019		
NP_M6	M	adult		17.12.2019		
NP_M7	M	adult		3.11.2020	NP_W1	
NP_M8	M	adult		10.11.2020		
NP_M9	M	adult		20.11.2020		NP_W10
NP_M10	M	adult		28.11.2020		
NP_M11	M	adult		12.12.2020	NP_W8 NP_M2	NP_M1
NP_M12	M	adult		23.12.2020		
NP_M13	M	subadult		28.12.2020	ST_M6	
NP_M14	M	adult				NP_W1

## 4. Diskussion

### 4.1 Methodisches

Die Ergebnisse und deren Interpretation sind aus methodischen Gründen eingeschränkt. Es ist daher nicht möglich, das Potential des Entnahmeexperimentes voll auszuschöpfen. Eine gravierende Einschränkung stellt die Beschränkung der Datenerhebung des Jahres 2021 auf lediglich eine Jahreszeit dar. Eine an einem einzigen Tag durchgeführte Erhebung von Ottern setzt ganz auf dieses eine Ereignis. Mit dem gleichen Aufnahmedesign wie 2016/2017 hätte man hingegen einen entsprechenden Vorher-Nachher-Vergleich durchführen zu können.

Weiters hätte das Otterteam die Entnahme der Otter begleiten sollen. Damit hätte vermieden werden können, dass Tiere ohne Fell oder aber auch nur Gewebeproben von den Jägern übermittelt werden. So gingen viele wertvolle Daten wie zum Alter und Reproduktionszustand der Tiere verloren. Darüber hinaus hätte man Details zu den Entnahmen erfahren können und die Entnahmen optimieren können. Es waren offensichtlich nur wenige Jäger bereit, sich an dem Experiment zu beteiligen und viele der Entnahmen fanden nicht im Zentrum der Untersuchungsgebiete statt.

### 4.2 Auswirkungen der Entnahme auf die Otterpräsenz

Die Ergebnisse der sechs untersuchten Strecken sind differenziert zu betrachten.

An der Steinernen Mühl kam es zu einer dramatischen Abnahme des Otterbestandes, ganz ähnlich ist die Situation auch an der Großen Rodl. An beiden Gewässern wurden erhebliche Anzahlen von Ottern entnommen. Allerdings kam es auch an der Waldaist zu einem ähnlich starken Rückgang des Otters. Dieser Befund zeigt auf, dass unter Umständen auch andere Faktoren einen Otterrückgang als allein die Entnahme herbeigeführt haben könnten, beispielsweise ein geringeres Nahrungsangebot. Zu berücksichtigen ist im Fall der Waldaist jedoch, dass die ermittelte geringere Otteranzahl methodische Ursachen haben könnte (z.B. die geringe Erfolgsquote bei der genetischen Analyse (nur vier der zwölf Proben waren brauchbar) oder ein Zufallseffekt, der sich durch die nur einmalige Erhebung ausgewirkt hat).

In den Nördlichen Kalkalpen kam es trotz ähnlich hoher Entnahmen nicht zu einer Abnahme des Otterbestandes. Auch am Großen Bach (Reichraming, an dem ja keine Otter entnommen worden sind, war keine bemerkenswerte Veränderung zu beobachten. Eines der drei 2017 nachgewiesenen Weibchen war auch 2021 noch nachweisbar, die beiden 2017 nachgewiesenen Männchen waren im Frühling 2021 nicht mehr nachweisbar. Es bleibt auf Grund der einmaligen Untersuchung 2021 aber offen, ob sie tatsächlich gestorben bzw. abgewandert sind oder aber nur im Frühling 2021 nicht nachweisbar waren.

An Neustiftgraben und Pechgraben waren trotz des sehr guten Nahrungsangebotes im Unterlauf 2016/2017 nur ein Weibchen und zwei Männchen nachgewiesen worden. Eines dieser Männchen wurde dann im November 2018 getötet. Das zweite Männchen von 2017 war 2021 nicht nachzuweisen, dafür war 2021 ein neues Männchen im Gebiet, ein Bruder des 2017 nachgewiesenen und offensichtlich revierinhabenden Weibchens. Darüber hinaus war ein weiblicher Otter vom Großen Bach zugewandert, ihre Eltern wurden jedenfalls dort nachgewiesen. Das zweite 2021 neu nachgewiesene Weibchen im Gebiet hatte einen Bruder, der hier im November 2020 entnommen worden ist. Die anwesenden Otter waren also nicht mehr dieselben, die Gesamtzahl der vorkommenden Otter hat sich aber nicht wesentlich verändert.

An der Steyr zeigt sich, dass mit einer Ausnahme die 15 dort getöteten Otter nicht mit den dort nachgewiesenen Otter verwandt waren. Bemerkenswerter Weise waren die 2017 dort ansässigen Otter auch 2021 noch nachweisbar. In den drei anderen Gebieten mit Otterentnahme gab es mannigfaltige Eltern-Kind oder Vollgeschwisterbeziehungen zwischen den getöteten Ottern einerseits und den dort 2017 bzw. 2021 über Losungen nachgewiesenen Ottern. An der Steinernen Mühl wurden 17 solcher enger Beziehungen festgestellt, an der Großen Rodl dreizehn und im Bereich

Neustiftgraben-Pechgraben fünf. Des Weiteren wurden an der Steyr - bei Berücksichtigung, dass sowohl 2016/2017 als auch 2021 nur maximal drei Individuen nachgewiesen und bei all den Begehungen auch nur sehr wenig Losungen gefunden werden konnten - unerwartet viele, Otter, nämlich 14, entnommen. Unter diesen Ottern befand sich auch ein juveniler Otter aus Hinterstoder, also oberhalb des Wasserfalls, der mit keinem weiteren Otter nah verwandt war, weder mit einem dort entnommenen Weibchen samt Jungtier, noch mit irgendeinem anderen Individuum. Zu guter Letzt ist zu bedenken, dass im Vergleich zu den anderen fünf Gebieten die Steyr isolierter liegt und eine hohe, frequente Zuwanderung von Ottern schwieriger und unwahrscheinlicher ist. Im Kontext der schweren Zugänglichkeit des Gebiets wäre zu erwarten gewesen, dass sich die zwei seit 2016 nachgewiesenen und noch 2021 ansässigen Otter mit hoher Wahrscheinlichkeit unter den entnommenen Tieren befinden würden. Diese sind aber der Entnahme entgangen. Es ist daher schwierig, die Ergebnisse von der Steyr plausibel einzuordnen und zu interpretieren.

An Steinerner Mühl, Großer Rodl und Neustift- und Pechgraben betrafen die Otterentnahmen in vielen Fällen nicht ortsansässige adulte Otter, also Otter, die dort offensichtlich nicht ihr Revier hatten. Von 40 Entnahmen an Steinerner Mühl, Großer Rodl und Neustift-Pechgraben war ein Viertel ohne verwandtschaftliche Beziehung im Sinne von PO und FS, es handelte sich also offensichtlich um Durchwanderer; 20% der entnommenen Otter waren juvenil oder subadult. In den ersten beiden Lebensjahren ist eine hohe Mortalität zu erwarten und die Entnahme durch den Menschen wird leichter durch verringerte anderweitige Mortalität wie Verhungern und innerartliche Aggression mit tödlichem Ausgang kompensiert.

### 4.3 Auswirkungen auf den Fischbestand

Die Entnahme der Fischotter hat zu keiner nennenswerten Zunahme des Fischbestandes geführt. Dies gilt insbesondere für die Frühjahrsfischbestände im Nahbereich der getätigten Otterentnahmen an der Steinernen Mühl, der Großen Rodl und Neustift- und Pechgraben. Der Einfluss der Entnahmen auf den Fischbestand an der Steyr ist auch deshalb nicht bewertbar, weil massiver Fischbesatz in den letzten Jahren stattgefunden hatte: Im Jahre 2019 wurden dort zu dem vorhandenen Bestand von 3 kg Fischbiomasse pro Hektar weitere 140 kg/ha ausgesetzt (Ratschan & Zimmermann 2022), ähnlich hoch, wenn auch etwas geringer, war die Besatzmenge 2020. Dies führte bereits zu einer deutlichen Zunahme des Fischbestandes noch bevor ein Otter an der Steyr entnommen worden ist.

Ratschan & Zimmermann (2022) fassen in ihrem fischökologischen Endbericht die Auswirkungen der Otterentnahmen auf die Fischbestände wie folgt zusammen:

*„Die Ergebnisse aus der Steinernen Mühl zeigen keine positive Reaktion des Fischbestands der drei befischten Strecken in zeitlichem Zusammenhang mit der Entnahme von Fischottern. Ein für die Produktivität der Bachforelle ungünstig wirkendes Hochwasser im Frühjahr 2019 kann erschwerend auf die Nachweisbarkeit eines allfälligen Effekts gewirkt haben. Leichte Indizien zeigen sich bezüglich eines höheren Frühjahrsbestands in einer Strecke mit räumlicher Nähe zur Otterentnahme in einem der untersuchten Jahre, einer über die Jahre leicht ansteigenden Forellengröße im Herbst und eines Rückgangs des Anteils verletzter Forellen im Frühjahr. Diese Teilergebnisse sind aber statistisch nicht abgesichert und können leicht auch durch zufällige Einflüsse zustande gekommen sein. Auch an der Großen Rodl kann keine positive Reaktion des Fischbestands in Zusammenhang mit der Entnahme von Fischottern nachgewiesen werden. Auch hier wirkt das bereits erwähnte Winterhochwasser erschwerend für die Nachweisbarkeit. Auch auf Ebene der einzelnen Strecken und in Zusammenschau mit der Örtlichkeit der Otter-Entnahmen lassen sich dort keine Hinweise auf einen Effekt finden. Im Referenzgewässer Waldaist zeigte der Fischbestand ganz ähnliche zeitliche Entwicklungen wie an der Steinernen Mühl und der Großen Rodl. Dieses Ergebnis deutet darauf hin, dass andere Faktoren als die Entnahme von einigen Fischottern pro Jahr die zeitlich-räumlichen Muster der Fischbestandsentwicklung in den beobachteten Jahren geprägt haben. Die aus fischereilicher Sicht nach wie vor ungünstige Ausprägung der Bachforellenbestände speziell in den flussab gelegenen*



*Teilgebieten dieser Gewässer hat sich im untersuchten Zeitraum nicht verbessert, sondern sogar tendenziell verschlechtert. Diese Tendenz zeigt sich bei der Betrachtung über die Dauer weniger Jahre und muss keinesfalls auf einen übergeordneten, sich längerfristig fortsetzenden Rückgang hindeuten. Die fischökologischen Daten aus dem Neustift- und Pechgraben bieten keine Anhaltspunkte für eine positive Reaktion des Fischbestands in Zusammenhang mit der Entnahme von Ottern. Im Frühjahr nach der stärksten Entnahme wurde der geringste Forellenbestand vorgefunden, sodass auch dort davon auszugehen ist, dass andere Faktoren prägend für die Bestandsentwicklung im beobachteten Zeitraum wirkten. An der Oberen Steyr war hingegen ein Anstieg der Fischbestände mit Fortdauer des Experiments zu beobachten. Dieser steht zwar in einem zeitlichen Zusammenhang mit der Entnahme von Fischottern. Diese Entwicklung wird aber quantitativ so stark durch massiv intensiverte Besatzmaßnahmen überprägt, dass ein Rückschluss auf einen ursächlichen Zusammenhang keinesfalls möglich ist. Auch die geringe Zahl von Befischungsterminen nach Beginn der erst seit 2020 umgesetzten Otter-Entnahmen schränkt die Aussagekraft dieses Teilerperiments ein. Im Referenzgewässer Reichraming (ohne Otter-Entnahme) sowie im Zubringer Plaißabach wurden überraschend geringe Fisch- und Bachforellenbestände dokumentiert, die nur schwer mit den dort ausgezeichneten Habitatbedingungen in Zusammenhang zu bringen sind. Als Gründe dafür sind vorhandene Defizite bezüglich der Durchgängigkeit (Erreichbarkeit aus der Enns) in Kombination mit mehreren dort auftretenden Prädatorenarten oder weitere, unbekannte Faktoren zu diskutieren.“*

Die eingangs formulierten Hypothesen (siehe Kapitel Hintergrund und Aufgabenstellung, Seite 2) können durch die Ergebnisse aus dieser und der Studie von Ratschan & Zimmermann (2022) nicht bestätigt werden. Durch die Entnahmen von Ottern konnte keine Steigerung des Fischbestands festgestellt werden. Somit lässt sich annehmen, dass die Fischbestände mit hoher Wahrscheinlichkeit durch andere Faktoren stark beeinflusst wurden. Die Entnahme von Ottern als Maßnahme zur Verbesserung oder Regeneration der Fischbestände erwies sich in dem Fall in Hinblick auf die Hypothesen als ein nicht nützliches oder zielführendes Mittel.

Bereits 2003 kam man für Fließgewässer des Mühlviertels zu demselben Ergebnis (Kranz *et al.* 2003). Die damals untersuchten Fische von der Waldaist litten offensichtlich unter Nahrungsmangel und wuchsen trotz ausreichenden Alters nicht über das für Angler relevante Brittelmaß von 25 cm hinaus (Haunschmid 2003). Das Fehlen größerer Fische war also nicht primär auf den Otter zurückzuführen, sondern auf die Ernährungsbedingungen der Fische.

## 5. Resümee

Das gegenständliche wissenschaftlich begleitete Entnahmeexperiment ist bislang in seiner Dimension und Dauer einzigartig. Über die Dauer von drei Jahren durften in der Anzahl unbegrenzt viele Fischotter im Bereich von vier ca. 15 km langen Fließgewässerabschnitten entnommen werden. Die Entnahme erfolgte über die ortsansässigen Jäger und die Motivation zur Mitwirkung erfolgte über den Landesfischereiverband. Das Ziel des Experimentes war zu testen, ob man über die Reduktion des Fischotterbestandes den Bachforellenbestand fördern kann, insbesondere, ob man dadurch den Anteil der größeren Forellen signifikant heben kann.

Wenn auch die wildbiologischen und fischereiökologischen Untersuchungen in ihrem Umfang verbesserungsfähig wären und damit deutlich mehr Informationen aus so einem Entnahmeexperiment gewonnen werden könnten, so lassen sich doch einige Kernbotschaften formulieren:

- Die gegenständliche Studie liefert vier realistische Fallbeispiele bezüglich der Wirkung einer Otterreduktion auf den Zielfischbestand. Aus den Ergebnissen folgt, dass eine Einzelfallprüfung von Eingriffen in den Otterbestand, wie sie die FFH-Richtlinie in besonders zu begründenden Ausnahmen ermöglicht, notwendig wie auch zweckmäßig ist.
- Im Mühlviertel wurde der Forellenbestand im Untersuchungszeitraum nicht vom Fischotter, sondern mit hoher Wahrscheinlichkeit von anderen Faktoren begrenzt.
- Auch der nachgewiesene Otterbestand wurde nicht ausschließlich über die Entnahmen geprägt; vielmehr deutet sich an, dass auch der Otterbestand durch andere Faktoren als die Entnahme ganz wesentlich mitbestimmt wird.
- Es fehlen weiterhin Grundlagen, um abschätzen zu können, wie sich die Entnahme der Otter auf den verbleibenden Bestand, die Geburten- und Sterberate sowie den Zuzug von Ottern auswirkt. In diesem Zusammenhang wäre wichtig zu wissen, inwieweit Eingriffe durch den Menschen in den Otterbestand durch eine Reduktion anderer Todesursachen kompensiert werden. Erst dann wäre man in der Lage, die Stärke des Eingriffes in den Otterbestand richtig zu dosieren und dies wäre nicht nur in Hinblick auf die angestrebte Wirkung (mehr/größere Fische), sondern auch in Hinblick auf die Argumentation einer Ausnahme vom strengen Schutz gemäß Artikel 16 der Fauna-Flora-Habitatrichtlinie unerlässlich.
- Sowohl eine Ursachenanalyse (Feststellung der tatsächlich den Fischbestand begrenzende Faktoren) als auch ein entsprechendes Monitoring der Auswirkungen des Eingriffes auf den Fisch- und Otterbestand erscheinen unerlässlich.
- In Hinblick auf allfällige zukünftige Entnahmexperimente wie auch generell Entnahmen wird daher angeregt, das wildökologische Begleitmonitoring deutlich zu intensivieren, um möglichst viel Informationen zum besseren Verständnis der Wirkung auf den Otterbestand wie die Auswirkung auf den Fischbestand zu erhalten. Hierzu zählen unter anderem die Auswahl der Orte und die Art der Entnahme, die vorübergehende Bereitstellung der gesamten Kadaver zu wildbiologischen Auswertungen und ein deutlich längeres Monitoring vor dem Eingriff, während desselben und danach.

## 6. Literatur

- Beheler AS, Fike JA, Dharmarajan G, Rhodes OE JR, Serfass TL 2005: Ten new polymorphic microsatellite loci for North American river otters (*Lontra canadensis*) and their utility in related mustelids. *Molecular Ecology Notes* 5, 602–604.
- Walling CA, Pemberton JM, Hadfield JD, Kruuk LEB 2010: Comparing parentage inference software: reanalysis of a red deer pedigree. *Molecular Ecology* 19, 1914–1928
- Dallas JF, Bacon PJ, Carss DN, Conroy JWH, Green R, Jefferies DJ, Kruuk H, Marshall F, Piertney SB, Racey PA 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 JF, Piertney SB 1998: Microsatellite primers for the Eurasian otter. *Molecular Ecology* 7, 1248.
- Dallas JF, Carss DN, Marshall F, Koepfli KP, Kruuk H, Piertney SB, Bacon PJ (2000): Sex identification of the Eurasian otter *Lutra lutra* by PCR typing of spraints. *Conservation Genetics* 1, 181-183.
- Huang CC, Hsu YC, Lee LL, Li SH 2005: Isolation and characterization of tetramicrosatellite DNA markers in the Eurasian otter (*Lutra lutra*). *Molecular Ecology Notes* 5, 314-316.
- Hall TA 1999: BioEdit: A User-Friendly Biological Sequence Alignment Editor and Analysis Program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series*, 41, 95-98.
- Haunschmid R 2003: Fischbestandserhebung in Mühlviertler Fließgewässern 2001-2002 unter besonderer Berücksichtigung des Fischotters. Gutachten. 100 Seiten. Im Auftrag der ARGE Fischereireviere des Mühlviertels, Am Schlosserhügel 22, A- 4150 Rohrbach.
- Jones OR, Wang J 2010: COLONY: a program for parentage and sibship inference from multilocus genotype data. *Molecular Ecology Resources* 10, 551-555.
- Kalinowski ST, Wagner AP, Mark LT 2006: ML-Relate: a computer program for maximum likelihood estimation of relatedness and relationship. *Molecular Ecology Notes* 6, 576-579.
- Kranz A, Polednik L, & Poledníková K. 2003: Fischotter im Mühlviertel: Ökologie und Management Optionen im Zusammenhang mit Reduktionsanträgen. Gutachten im Auftrag des Oberösterreichischen Landesjagdverbandes, Hohenbrunn 1, A-4490 St. Florian. 73 Seiten.
- Kranz A, & Ratschan C 2017: Zu Auswirkungen des Fischotters auf Fischbestände in Fließgewässern Oberösterreichs. Analysen und gutachterliche Einschätzungen sowie Managementvorschläge. Bericht im Rahmen des ELER Projektes „Basisdaten Fischotter Oberösterreich“. Im Auftrag des Amtes der Oö. Landesregierung, Direktion für Landesplanung, wirtschaftliche und ländliche Entwicklung, Abteilung Land- und Forstwirtschaft, 22 Seiten.
- Kranz A, Cocchiararo B, Poledník L, Jaraus A & Nowak C. 2017: Erhebung von Basisdaten zum Fischotterbestand an sechs Fließgewässern Oberösterreichs. Endbericht im Auftrag des Amtes der Oberösterreichischen Landesregierung, Direktion für Landesplanung, wirtschaftliche und ländliche Entwicklung, Abteilung Land- und Forstwirtschaft, 56 Seiten.
- Mucci N, Randi R 2007: Sex identification of Eurasian otter (*Lutra lutra*) non-invasive DNA samples using ZFX/ZFY sequences. *Conservation Genetics* 8, 1479-1482.
- Navidi W, Arnheim N, Waterman MS 1992: A multiple-tubes approach for accurate genotyping of very small DNA samples by using PCR: statistical considerations. *American Journal of Human Genetics* 50, 347-359.
- Peakall R, Smouse PE 2006: GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes* 6, 288-295.

Peakall R, Smouse PE 2012: GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics* 28, 2537-2539.

Pun KM, Albrecht C, Castella V, Fumagalli L. 2009: Species identification in mammals from mixed biological samples based on mitochondrial DNA control region length polymorphism. *Electrophoresis* 30, 1008-1014.

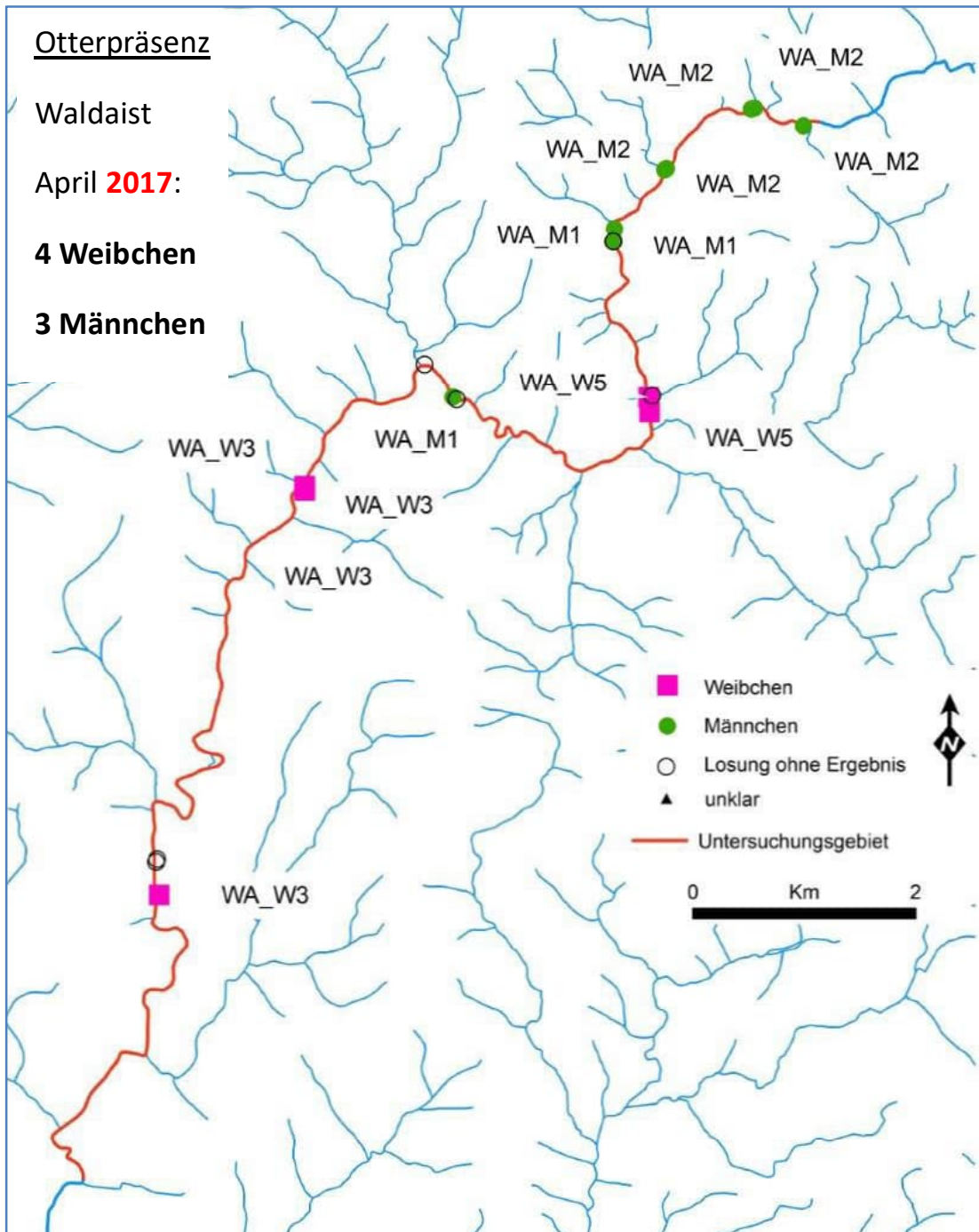
Ratschan C 2017: Erhebungen von Basisdaten über Fischbestand den Fischotter in OÖ. Gewässern. Ergebnisse Fischökologie. Vorabzug im Auftrag des Amtes der OÖ Landesregierung, Abt. Land- und Forstwirtschaft. 135 Seiten.

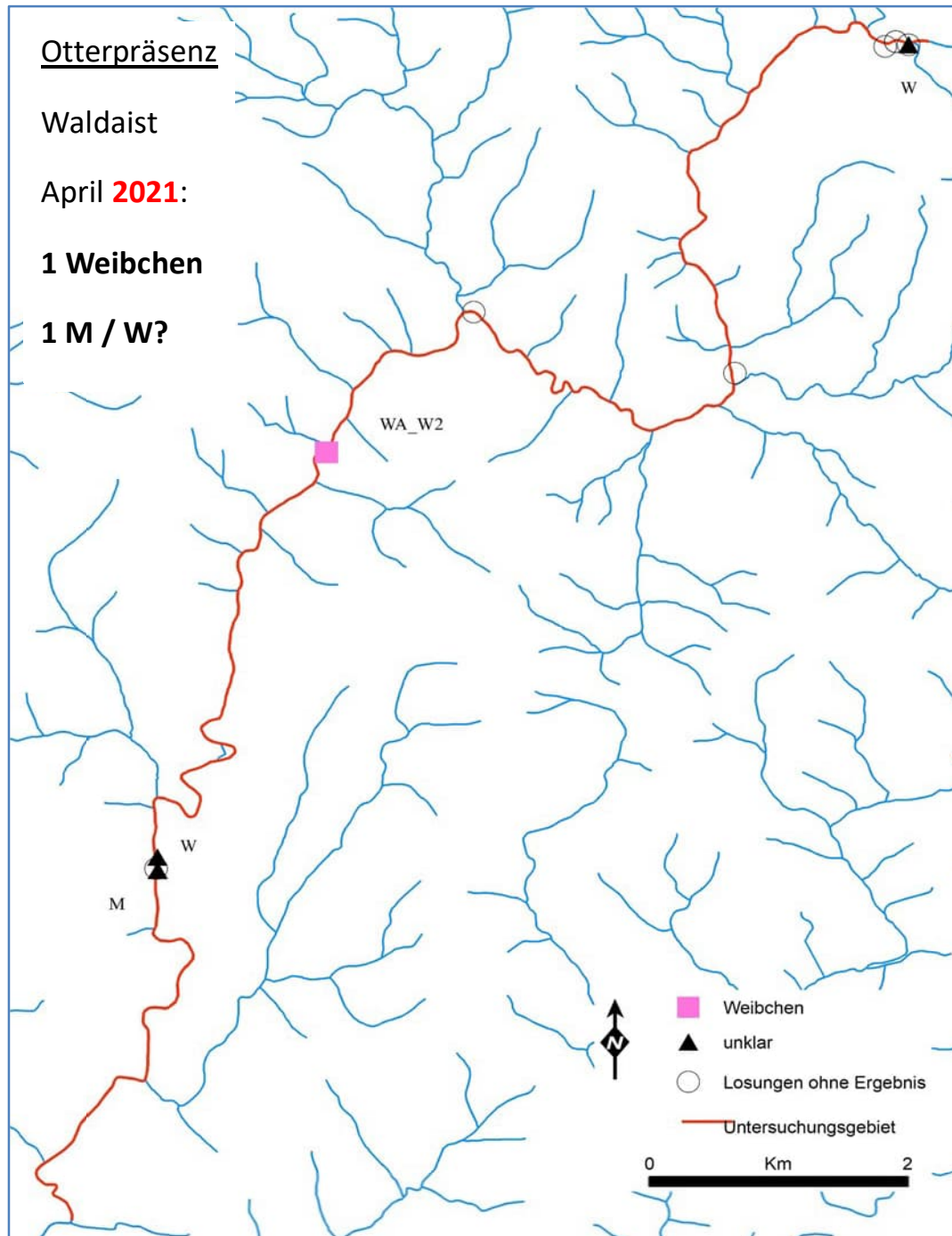
Ratschan C & Hammerschmied U 2022: Studie über die Auswirkungen von Fischotterentnahmen auf den Fischbestand in OÖ. Gewässern. Endbericht. I. A. Land OÖ, Abt. Land- und Forstwirtschaft; 166 Seiten.

Taberlet P, Griffin S, Goossens, Questiau S, Manceau V, Escaravage N, Waits LP, Bouvet J 1996: Reliable genotyping of samples with very low DNA quantities using PCR. *Nucleic Acids Research* 24, 3189-3194.

Waits LP, Luikart, G, Taberlet, P 2001: Estimating the probability of identity among genotypes in natural populations: Cautions and guidelines. *Molecular Ecology*, 10, 249–256.

## 7. Anhang: Karten zu genetischen Nachweisen





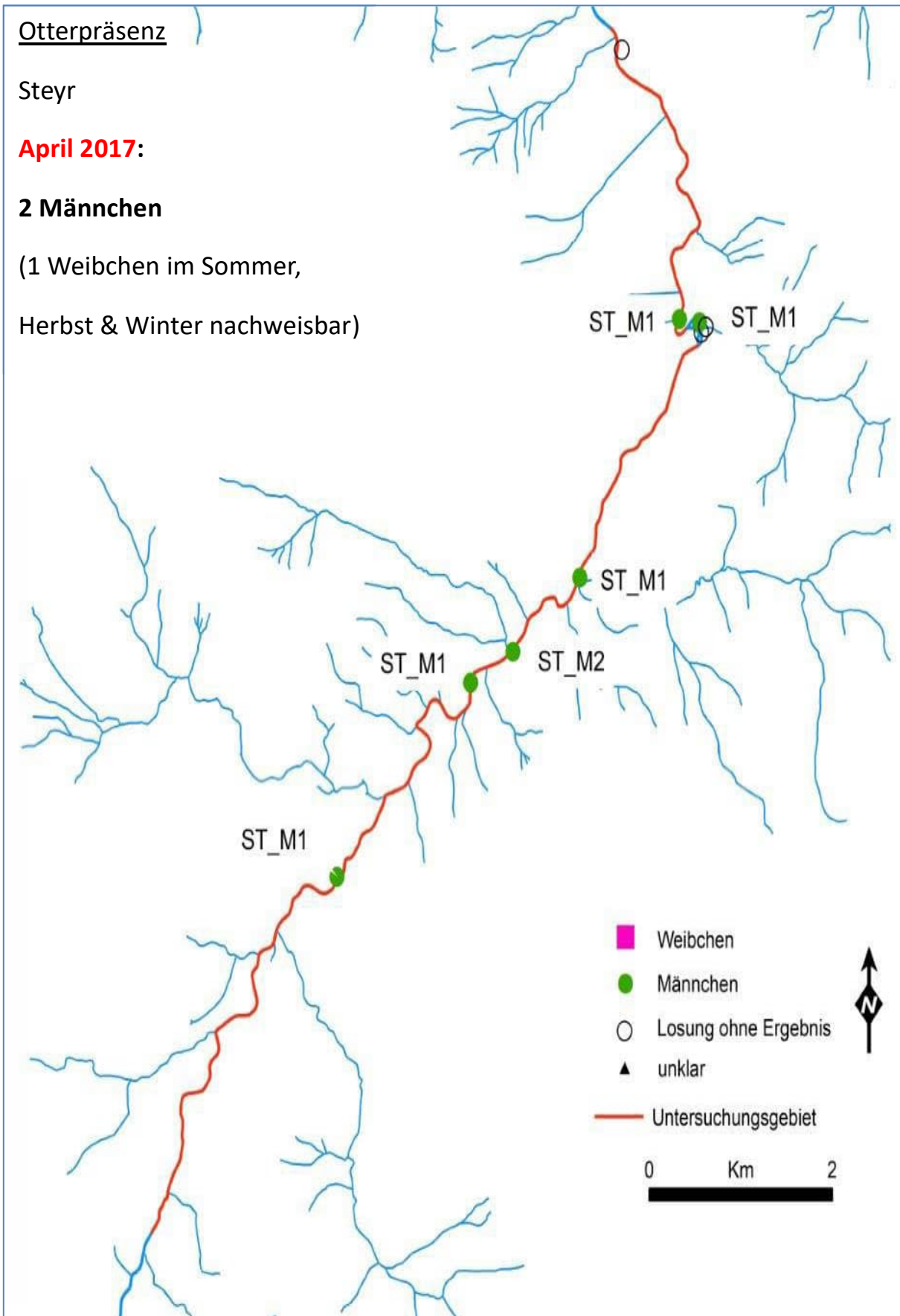
Otterpräsenz

Steyr

**April 2017:**

**2 Männchen**

(1 Weibchen im Sommer,  
Herbst & Winter nachweisbar)



**Otterpräsenz**

Steyr

**April 2021:**

**1 Weibchen**

**1 Männchen**

