



Erhebung von Basisdaten zum Fischotterbestand an sechs Fließgewässern Oberösterreichs

Im Zuge von vier Erhebungen (Herbst 2016, Winter, Frühling und Sommer 2017) wurden 647 Kotproben an sechs Fließgewässerabschnitten gesammelt und genetisch analysiert.

An der Waldaist (Gutau abwärts 16,3 km) konnten acht Individuen identifiziert werden, an der Steinernen Mühl (Helfenberg - Haslach 15,6 km) elf, an der Gr. Rodl (18,6 km) elf, an der Steyr bei Hinterstoder (14,7 km) drei, am Reichramingbach (13,7 km) sechs und an Neustift- und Pechgraben bei Großraming (14,2 km) drei Otter.

Diese Otter nutzen offensichtlich auch Zuflüsse, Teiche und das Hauptgewässer ober- bzw. unterhalb des eigentlichen Untersuchungsgebietes. Die Otterpräsenzen wurde für die Untersuchungsgebiete entsprechend der zeitlichen und räumlichen Nachweisverteilung und dem umliegenden Lebensraumbangebot gutachterlich geschätzt und betragen an der Waldaist 3,2 Otter, an der Steinernen Mühl 3,3 Otter, an der Großen Rodl 2,5, an der Steyr 1,6, an der Reichraming 2,0 und im Untersuchungsgebiet Neustift- und Pechgraben 1,5 Otter.

MIT UNTERSTÜTZUNG VON LAND UND EUROPÄISCHER UNION



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

Auftragsnummer: 761A/2016/51

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

Zitiervorschlag:

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.

Anschrift der Verfasser:

* alka-kranz Ingenieurbüro für Wildökologie und Naturschutz e. U. Am Waldgrund 25, 8044 Graz, AT.
** Senckenberg Forschungsinstitut und Naturmuseum Frankfurt, Fachgebiet Naturschutzgenetik, Clamecystrasse 12, D-63571 Gelnhausen. Deutschland www.senckenberg.de/naturschutzgenetik

Alle Fotos im Bericht: alka-kranz

Inhalt

1.	Hintergrund & Aufgabenstellung.....	2
2.	Untersuchungsgebiete, Material & Methode.....	5
2.1.	Freiland	5
2.2	Labor	7
2.2.1	Genetische Analysen: DNA-Extraktion, Real-Time-PCR und Mikrosatelliten	7
2.2.2	Analyse der Verwandtschaftsverhältnisse.....	7
3.	Ergebnisse	9
3.1	Sammlung der Losungsproben und Erfolg der genetischen Analyse	9
3.2	Otternachweise in den Untersuchungsgebieten	10
3.2.1	Waldaist	10
3.2.2	Steinerne Mühl	15
3.2.3	Große Rodl	22
3.2.4	Steyr	27
3.5	Großer Bach - Reichraming.....	34
3.6	Neustiftgraben und Pechgraben.....	39
4.	Diskussion	42
4.1	Waldaist	43
4.2	Steinerne Mühl	44
4.3	Große Rodl	46
4.4	Steyr	48
4.5	Großer Bach - Reichraming.....	48
4.6	Neustiftgraben und Pechgraben.....	49
4.7	Vergleich der Otterpräsenzen in den Untersuchungsgebieten	50
4.8	Anmerkungen zum Probensammeln	51
4.9	Allgemeine Bemerkungen.....	52
5.	Literatur	53
6.	Anhang: Verwandtschaftsverhältnisse graphisch.....	55

1. Hintergrund & Aufgabenstellung

Der Fischotter (*Lutra lutra*) ist eine streng geschützte Säugetierart von gemeinschaftlichem Interesse in der Europäischen Union (EU). Daher ist die Art in den Anhängen II und IV der Fauna Flora Habitat Richtlinie (FFH-RL) angeführt. Otter waren in weiten Teilen der EU, so auch in fast ganz Österreich verschwunden. Zu Beginn der 1990er Jahre gab es erste Anzeichen, dass sich die Otterbestände in den Kernvorkommen Österreichs erholen. Zehn Jahre später gab es in weiten Teilen Mitteleuropas, so auch in Österreich, Beweise für einen positiven Bestandstrend.

Im Jahre 2012 wurde die Fischotterverbreitung in Oberösterreich zuletzt flächendeckend erfasst (Kranz & Poledník 2013). Damals wurde eine deutliche Zunahme und daraus resultierend fast flächendeckende Verbreitung festgestellt.

In den Folgejahren wurde ein Managementplan für den Fischotter in Oberösterreich erarbeitet und 2015 finalisiert. Er gilt als Leitfaden für den Umgang mit dem Fischotter unter gleichzeitiger Berücksichtigung der berechtigten Interessen der Bewirtschafter von Fischwässern und Fischteichen.

Im Verlauf der Erstellung des Managementplans wurde klar, dass noch zahlreiche Aspekte zum Thema Fischotter nicht bzw. nicht ausreichend erforscht sind. Es wurde daher die Empfehlung ausgesprochen, neben einem wissenschaftlich fundierten Monitoring von Managementmaßnahmen weitere wissenschaftliche Daten, insbesondere im Hinblick auf die tatsächliche Auswirkung des Vorkommens von Fischottern auf den Fischbestand in Freigewässern unter kontrollierten Bedingungen im Rahmen von Pilotprojekten zu erheben.

Das erklärte Ziel der gegenständlichen Studie ist es, in sechs definierten Gewässerabschnitten den aktuellen Fischotterbestand wissenschaftlich fundiert zu erheben und daraus gutachtlich abzuleiten, ob der Fischotter hier eine maßgebliche negative Einflussgröße auf den Fischbestand darstellt.

Der gegenständliche Bericht befasst sich ausschließlich mit der Quantifizierung des Fischotterbestandes; die Quantifizierung der Fischbestände sowie die Auswirkungen des Otters und allfällige Maßnahmenvorschläge sind Inhalt eigenständiger Berichte (Ratschan 2017, Kranz & Ratschan 2017).

Vom Auftraggeber wurden folgende Vorgaben hinsichtlich Untersuchungsgebiet und Methode gemacht:

Im Laufe des vorgegeben Leistungszeitraumes eines Jahres ist die Anzahl der Fischotterindividuen an den vorgegebenen Gewässerabschnitten inkl. eines Uferstreifens von jeweils 10 Metern pro Flussseite zu ermitteln. Dies soll durch eine viermalige Losungsprobennahme im Abstand von 3 Monaten entlang der sechs Gewässerbereiche und anschließender genetischer Laboranalyse der Losungsproben erfolgen. Die Ergebnisse der Laboranalyse sind auszuarbeiten und auszuwerten.

*Die Gewässerabschnitte für den **alpinen Bereich** wurden wie folgt festgelegt:*

- *Abschnitt an der Steyr:
von 47°39'21.08"N 14°05'58.05"E (oberhalb Dietlgut)
bis 47°44'47.87"N 14°09'58.81"E (Höbach)*
- *Abschnitt am Reichramingbach:
von 47°47'33.96"N 14°28'33.72"E (Teufelsgraben)
bis 47°53'29.63"N 14°27'43.60"E (Mündung Enns)*
- *Abschnitte Neustiftgraben und Pechgraben:
Die beiden Abschnitte Neustiftgraben und Pechgraben sind als ein übergreifendes Fischotterrevier anzusehen, da die beiden Bäche nahe beieinanderliegen. Bei der Untersuchung sollen die beiden Bäche als Einheit angesehen werden.
Abschnitt am Neustiftgraben:
von 47°55'49.71"N 14°36'38.29"E (Mündung Wegerergraben)
bis 47°53'28.50"N 14°32'26.98"E (Mündung)*

und Abschnitt am Pechgraben
 von $47^{\circ}56'01.61''\text{N } 14^{\circ}32'52.05''\text{E}$ (Streicher)
 bis $47^{\circ}53'28.50''\text{N } 14^{\circ}32'26.98''\text{E}$ (Mündung).

Die Gewässerabschnitte für den **kristallinen Bereich** sind wie folgt festgelegt:

- Abschnitt an der Waldaist:
 von $48^{\circ}25'04.76''\text{N } 14^{\circ}39'19.08''\text{E}$ (Haslach Brücke)
 bis $48^{\circ}20'33.98''\text{N } 14^{\circ}34'38.76''\text{E}$ (Brücke Mörtenbergerbach)
- Abschnitt an der Großen Rodl:
 von $48^{\circ}26'49.91''\text{N } 14^{\circ}15'35.43''\text{E}$ (Pöllersbachmündung)
 bis $48^{\circ}21'06.88''\text{N } 14^{\circ}08'46.62''\text{E}$ (flussab Flussbad Walding)
- Abschnitt an der Steinernen Mühl:
 von $48^{\circ}32'55.51''\text{N } 14^{\circ}08'39.92''\text{E}$ (Brücke oberhalb Helfenberg)
 bis $48^{\circ}34'30.44''\text{N } 14^{\circ}02'09.28''\text{E}$ (Mündung Gr. Mühl).

Die Lage der sechs Untersuchungsgebiete zeigt **Abb. 1** im Kontext des Bundeslandes Oberösterreich sowie etwas detaillierter getrennt für die drei Gewässer nördlich der Donau (**Abb. 2**) und im alpinen Bereich südlich der Donau (**Abb. 3**).

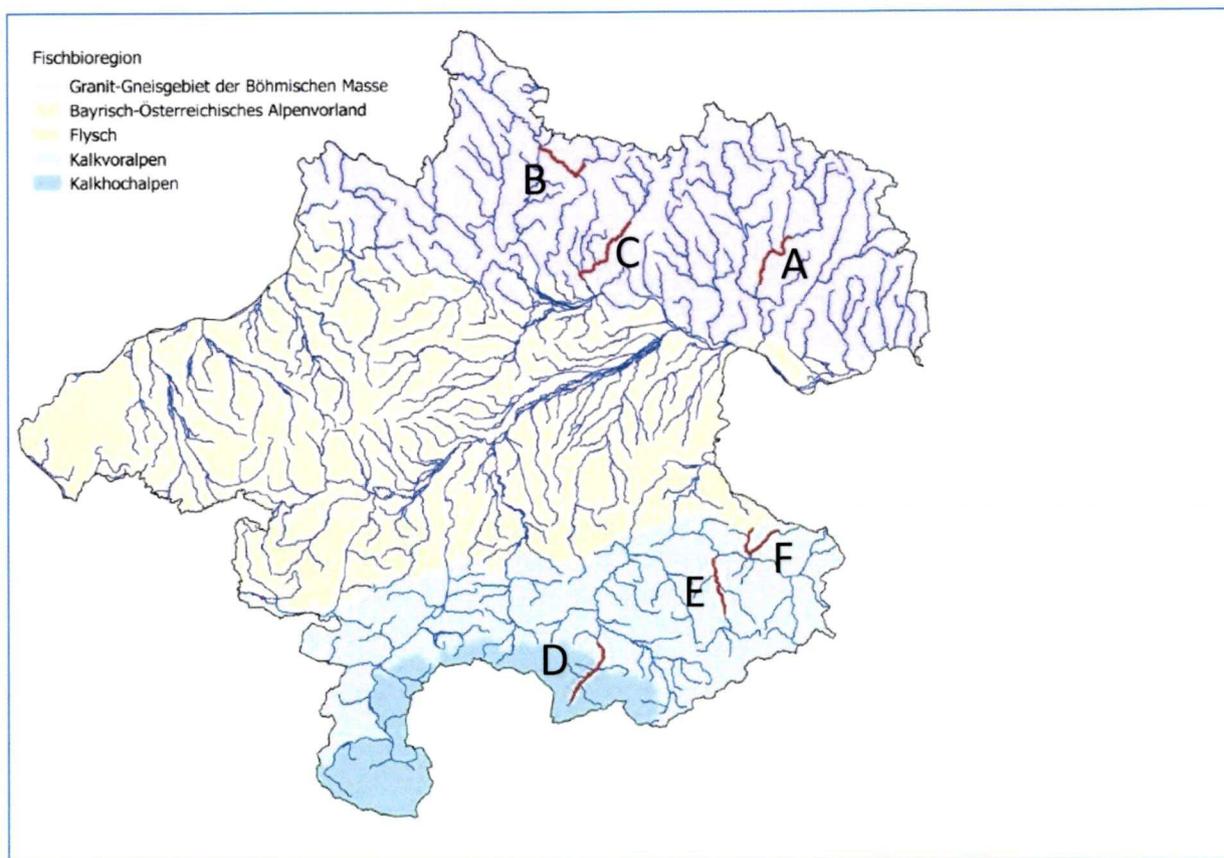


Abb. 1: Lage der sechs Untersuchungsgebiete in Oberösterreich: Waldaist (A), Steinere Mühl (B) und Große Rodl (C), Steyr (D), Reichramingbach (E) und Neustift-Pechgraben (F).

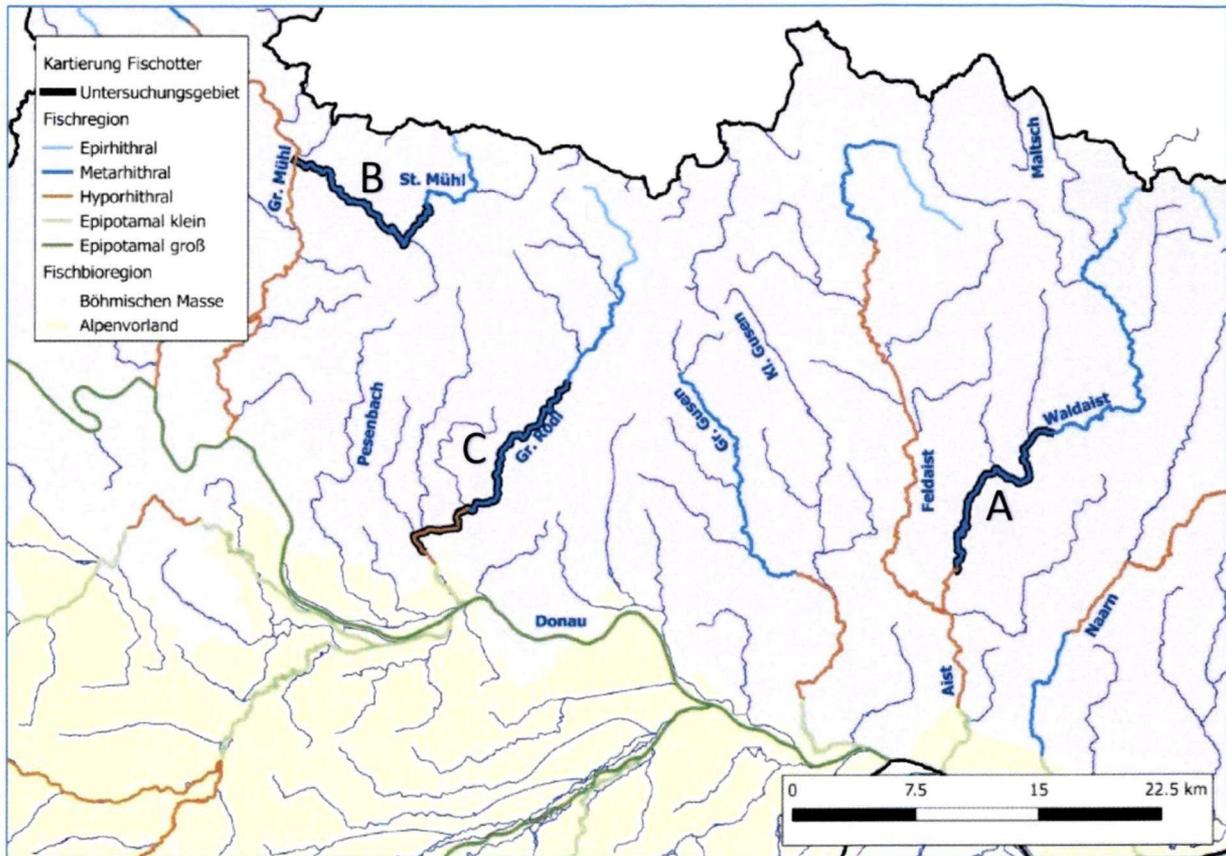


Abb. 2: Lage der Untersuchungsgebiete Waldaist (A), Steinerne Mühle (B) und Große Rodl (C) im nördlichen Oberösterreich.

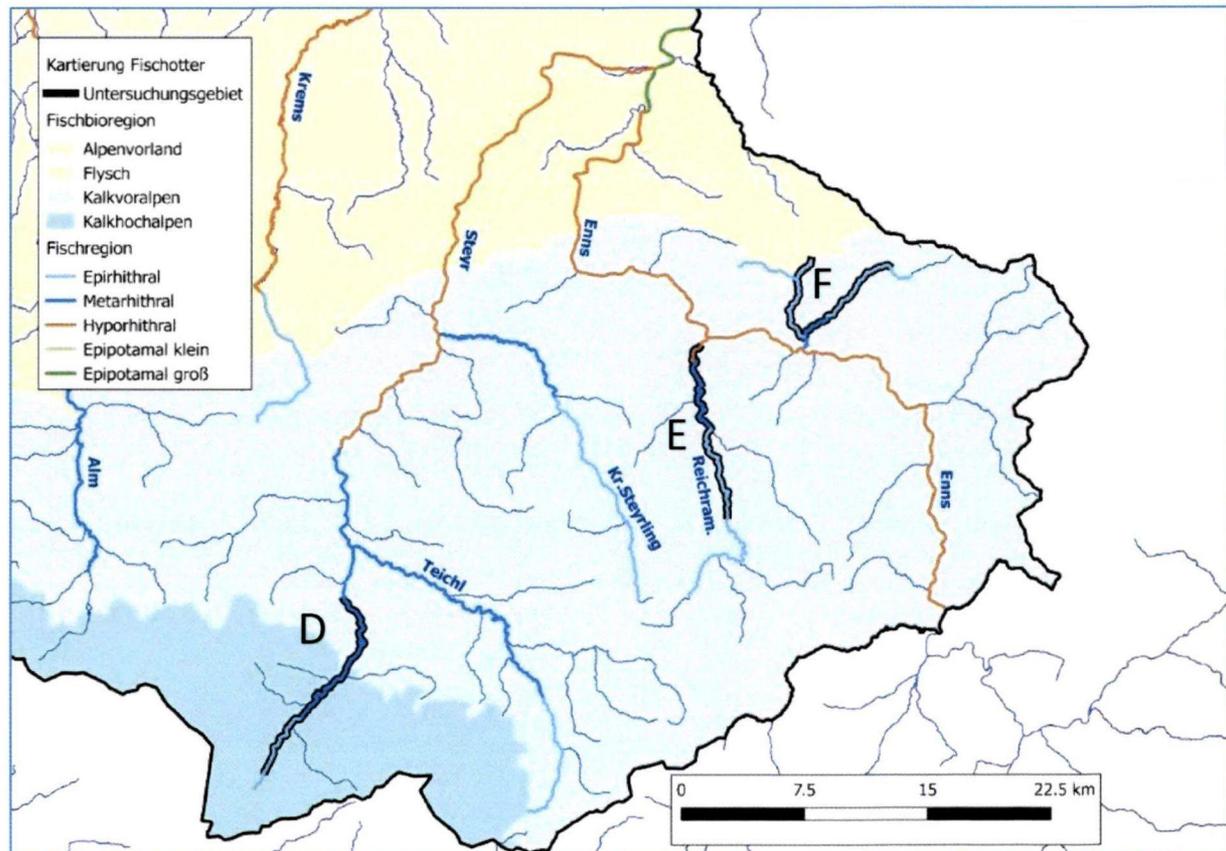


Abb. 3: Lage der Untersuchungsgebiete Steyr (D), Reichramingbach (E) und Neustift-Pechgraben (F) im südlichen Oberösterreich.

2. Untersuchungsgebiete, Material & Methode

2.1. Freiland

Die drei Untersuchungsgebiete nördlich der Donau befinden sich im Mühlviertel, jene südlich im Bereich der nördlichen Kalkalpen. Jene des Mühlviertels liegen alle im Granit-Gneisgebiet der Böhmisches Masse und betreffen an Waldaist und Steinerne Mühl ausschließlich das Metarhithral (untere Forellenregion), an der Großen Rodl auch das Hyporhithral (Äschenregion); siehe auch Abb. 2). 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 (Abb. 3). 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 (Abb. 3). In Tabelle 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.

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

U-Gebiet	FKm unten	mündet in	Länge	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

Um den gesamten Verlauf der jeweiligen Gewässerabschnitte bestmöglich abzudecken, sollten sofern vorhanden pro Kilometer im Durchschnitt zwei Losungen für die genetischen Analysen zur Verfügung gestellt werden. Da erfahrungsgemäß zirka 50% der Losungen auch tatsächlich eine genetische Identifikation der Individuen erlauben, würde im Idealfall im Durchschnitt eine genetisch identifizierte Losung pro Kilometer die Situation am Gewässer abdecken. In jedem Fall verspricht diese Vorgangsweise, ein repräsentatives Bild von den das Gebiet nutzenden Ottern zu vermitteln.

Die Proben wurden großteils von A. Kranz, aber auch von L. Poledník gesammelt. Die Fundorte wurden GPS-mäßig erfasst. Die Proben selbst wurden mit jeweils frischen Einweghandschuhen in mit hochreinem 96% Ethanol befüllte Behältnisse verbracht bzw. zu einem sehr kleinen Teil auch durch einen Tupfer erfasst und mit Silikagel getrocknet, was insbesondere bei sehr kleinen Losungsproben und reinen Schleimproben (Jelly) zur Anwendung kam. Die Frische der Losungen wurde im Gelände gutachterlich erfasst, um, im Falle, dass mehr als die notwendigen zwei Losungen / km gefunden werden, die genetische Analyse auf die frischesten konzentrieren zu können. Dabei wurden vier Alters- bzw. Frischekategorien untergeschieden:

- 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 trocken.

Im Zuge der Felderhebungen wurden die Proben in einer Kühlbox im PKW gelagert und im Büro dann bei minus 18 Grad Celsius gelagert, bis sie pro Jahreszeit gesammelt Express binnen 24 Stunden an das Labor in Deutschland geschickt wurden; nur die Proben der Wintererhebung wurden in zwei Tranchen an das Labor geschickt.

Die Wintererhebung konnte auf Grund von Vereisung und teilweise damit einhergehender beträchtlicher Grundeisbildung nicht wie ursprünglich geplant im Jänner, sondern teilweise erst im Februar erfolgen. Die Sommererhebung wurde im Einvernehmen mit dem Auftraggeber bereits im Juni durchgeführt.

Neben den für die genetischen Analysen gesammelten Losungen wurden auch ältere Losungen zahlenmäßig erfasst, um einen Eindruck von der Otterpräsenz zu bekommen und um potentielle Markierstellen zu kennen. Auf diese wird im gegenständlichen Bericht nur an der Steyr näher eingegangen. An den anderen Gewässern haben diese Daten keinen unmittelbaren Mehrwert. Weiters wurde der Inhalt der Losungsproben vor Ort auf das Vorhandensein von Krebsresten angesprochen, um hier einen ersten Anhaltspunkt der Bedeutung von Krebsen für die Ernährung des Otters an den Gewässerabschnitten zu haben.

Tab. 2: Details zu den Probensammlungen

Waldaist 16,3 km	Erheber	Sum. Lsg.	Lsg/km	brauchbar	brauchbar/km
12.10.2016	AK	37	2,3	14 38%	0,9
17.02.2017	AK	34	2,1	16 47%	1,0
22.04.2017	AK	34	2,1	17 50%	1,0
15.06.2017	AK	32	2,0	15 46%	0,9
Summe		137		45%	
Steinerne Mühl 15,6 km	Erheber	Sum. Lsg.	Lsg/km	brauchbar	brauchbar/km
13.10.2016	AK	30	1,9	11 37%	0,9
17.01.2017	AK	38	2,4	11 29%	0,7
25.04.2017	AK	38	2,4	14 37%	0,9
14. & 15.06.2017	AK	30	1,9	13 43%	0,8
Summe		136		44%	
Große Rodl 18,6 km	Erheber	Sum. Lsg.	Lsg/km	brauchbar	brauchbar/km
14.10.2016	AK	38	2,0	14 37%	0,8
18.01.2017	AK	53	2,9	18 34%	1,0
21.04.2017	AK	22	1,2	10 46%	0,5
14.06.2017	AK & LP	37	2,0	9 24%	0,5
Summe		150		34%	
Steyr 14,7 km	Erheber	Sum. Lsg.	Lsg/km	brauchbar	brauchbar/km
15.10.2016	AK	6	0,4	3 50%	0,2
25.02.2017	AK	18	1,2	13 72%	0,9
22.05.2017	AK & LP	13	0,9	6 46%	0,4
13.06.2017	AK & LP	9	0,6	4 44%	0,3
Summe		46		57%	
Reichraming 13,7 km	Erheber	Sum. Lsg.	Lsg/km	brauchbar	brauchbar/km
10. & 11.10.2016	AK	26	1,7	13 50%	1,0
28.02.2017	AK	18	1,2	12 67%	0,9
23.05.2017	AK & LP	31	2,3	11 36%	0,8
14.06.2017	AK & LP	38	2,8	15 40%	1,1
Summe		113		45%	
Neustift- & Pechgraben 14,2 km	Erheber	Sum. Lsg.	Lsg/km	brauchbar	brauchbar/km
09.10.2016	AK	19	1,3	14 74%	1,0
26.02.2017	AK	19	1,3	8 42%	0,6
22.05.2017	AK & LP	16	1,1	4 25%	0,3
13.06.2017	AK & LP	11	0,8	4 36%	0,3
		65		46%	

2.2 Labor

2.2.1 Genetische Analysen: DNA-Extraktion, Real-Time-PCR und Mikrosatelliten

DNA aller 647 Proben wurde in einem eigens für die Prä-PCR-Behandlung nichtinvasiv gesammelter und forensischer Umweltproben eingerichteten Reinstlabor mittels QiAmp DNA Stool Mini Kit (Qiagen) und dem QIAcube Extraktionsroboter (Qiagen) nach Herstellerangaben vorsichtig extrahiert. Zur Kontaminationsvermeidung wurden nur sterile Gerätschaften verwendet und Handschuhe sowie weitere Verbrauchsmaterialien nach jeder bearbeiteten Probe gewechselt.

Die Qualität der DNA-Extrakte wurde unter Verwendung eines in-house entwickelten, für Fischotterproben spezifischen Multi-Locus Real-Time Assays geprüft. Hierfür wurde der Ct-Wert (*Cycle threshold*) jeder Probe und deren Schmelzkurvenprofil ermittelt und mit Referenzproben bekannter Konzentrationen wie auch guter Qualität verglichen. DNA-Extrakte, welche die Qualitätsanforderungen (niedriger Ct-Wert und erwartetes Schmelzkurvenprofil) erfüllten, wurden nachfolgend bevorzugt analysiert. Proben mit höherem Ct-Wert und/oder abweichenden Schmelzkurvenprofil wurden nur dann weitergehend analysiert, wenn die an einem Gewässer gefundene Probenanzahl bei der jahreszeitlichen Erhebung geringer als der Sollwert von 15-20 Proben lag. Im Falle eines Überschusses an geeigneten Proben wurden für die weiterführende Analyse diejenigen Proben ausgewählt, welche in einem größeren räumlichen Abstand zueinander gefunden wurden. Dieses Auswahlkriterium sollte die Wahrscheinlichkeit erhöhen, möglichst alle vorhandenen Individuen zu detektieren.

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. 3). Um Genotypisierungsfehler über die Erstellung von Konsensusgenotypen zu vermeiden, wurde nach dem allgemein anerkannten *Multiple Tubes*-Prinzip (nach Navidi et al. (1992), Taberlet et al. 1996) jede Probe 3-fach repliziert. Die erhaltenen Genotypen wurden mit dem R package DNA TOOLS (Tvedebrink et al. 2014) auf das Vorhandensein identischer Profile abgeglichen und nachfolgend per Hand verifiziert. Zur Ermittlung der Trennschärfe des Mikrosatellitensets zwischen nah verwandten Individuen wurde die P_{ID} (Wahrscheinlichkeit, dass zwei zufällig ausgewählte Individuen einer Population den gleichen Genotyp aufweisen) und die P_{IDsibs} (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. Die Berechnung ergab, dass bereits Profile mit 10 der 21 verwendeten Mikrosatelliten-Markern ausreichen, um zwischen nahverwandten Individuen statistisch abgesichert unterscheiden zu können.

2.2.2 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), Coancestry (Wang 2011) und ML Relate (Kalinowski et al. 2006) auf Eltern-Kind- und Geschwisterbeziehungen 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 Auge ist nach unserer Erfahrung aus zahlreichen ähnlichen Projekten gut bewährt und führt zu besseren Ergebnissen, als die strikte Anwendung eines bestimmten Algorithmus.

Tabelle 3: Verwendeten Mikrosatelliten-Marker zur genetischen Erhebung des Fischottervorkommens

Mikrosatellit	Primersequenz (vor- u. rückwärts)	Motiv	Publikation
Lut435	TGAAGCCCAGCTTGGTACTTC	(CA) ₂₉	Dallas et al. 1998
	ACAGACAGTATCCAAGGGACCTG		
Lut453	AGTGCTTTGACTTGGTAATGG	(CA) ₂₆	Dallas et al. 1998
	AGACTGAAAGCTCTGTGAGGTC		
Lut604	TATGATCCTGGTAGATTAACCTTTGTG	(CA) ₂₆	Dallas et al. 1998
	TTTCAACAATTCATGCTGGAAC		
Lut615	TGCAAAATTAGGCATTTTCATTC	(CA) ₂₇	Dallas et al. 1998
	ATTCTCTTTTGCCTTTGCTTC		
Lu701	GGAAACTGTTAAAGGAGCTCACC	(GATA) ₁₁ GAA(GATA) ₂ GAA(GATA) ₄	Dallas et al. 1998
	CAGTGTCATAAGGATGCTCCTAC		
Lu715	TTCACAATAGCCAAGATATGGAC	(GATA) ₆ GAT(GATA) ₇ GAT(GATA) ₁	Dallas et al. 1998
	TGGCATAATATCCTTTCTCATGG		
Lu717	TGTTGCCTTCAGAGTCTGTG	(GATA) ₁₂	Dallas et al. 1998
	GTCAGGCATTGTAACATATTCTCAG		
Lu733	GATCTCATTTTAAATGTTCTTACCAC	(GATA) ₄ GAT(GATA) ₁₂	Dallas et al. 1998
	TGGTCTCTTGCAAGTCTG		
Lut782	GAGATATCACTAAGCAATACACGATG	(GATA) ₆ GAT(GATA) ₁₀	Dallas et al. 1998
	ACAAAGACTGAGCAAAACAAGC		
Lu818	AAGGATGTGAAACAGCATTG	(GATA) ₁₁	Dallas et al. 1998
	CCATTTTATACACATAAATCGGAT		
Lu832	TGATACTTTCTACCCAGGTGTC	(GATA) ₁₁	Dallas et al. 1998
	TCCTTAGCATTATCTTATTACCAC		
Lu833	CAAAATCCTTTGGACAGTCAG	(GATA) ₁₅	Dallas et al. 1998
	GAAGTTATCTAATTTGGCAGTGG		
Lut902	CAGGAGTGAATGTAAAGAGTTGG	-	Dallas et al. 1999
	CTTCACACCATTTGCAGACC		
OT04	AACTCTGACTCTGGGTGGAGGTGTT	(GAAA) ₁₆	Huang et al. 2005
	GCCTGGGAGGCAGCATGATTAGT		
OT05	TGGAGAAAAGCATTATCTTACTG	(GAAA) ₁₄	Huang et al. 2005
	ATTCAGGGAGGCAGGAGAGC		
OT07	CACAGTGAAGGGTGACCAGATCACC	(GAAA) ₁₂ GAAGG(GAAA) ₉	Huang et al. 2005
	CCACCTCATCCAAATGATCCTCT		
OT14	GGTCCAAGTCCAAGCCTGCCT	(GAAA) ₁₃	Huang et al. 2005
	TTCATATTCTTCAGGTGAATCCCAT		
OT17	ATCAGGTATGAGGATACATTTACCT	(GAAA) ₁₃	Huang et al. 2005
	TGCAACCTACTTCTATATGAATT		
OT19	ATAGGTCTCTCAGCACGGTGTCT	(GAAA) ₁₂	Huang et al. 2005
	TTAAATCCACATCTGTACTCTGCA		
OT22	CTATCTGACCATTGTCCCATGA	(GAAA) ₁₆	Huang et al. 2005
	ACCCATGTAGGGTGCCATGCT		
RI18	TTCCATTGTCTCTTGCTTG	(CT) ₆ (CTAT) ₁₄	Beheler et al. 2005
	CCCTCTCCACACTTGTGCTC		
SRYOtter	GAATCCCCAAATGCAAAACTC	-	Dallas et al. 2000
	GGCTTCTGTAAGCATTTCCAC		
P1-5EZ	ATAATCACATGGAGAGCCACAAGCT	-	Mucci et al. 2007
	TTGTTCAAGCTGTCTCATATTCACA		

3. Ergebnisse

3.1 Sammlung der Losungsproben und Erfolg der genetischen Analyse

Im Zuge aller Erhebungen wurden insgesamt 647 Losungen für die genetische Analyse gesammelt, anhand derer insgesamt 42 Individuen identifiziert werden konnten. Die meisten Proben wurden im Winter (N=180) gefunden, während die Anzahl bei den übrigen drei Erhebungen (N= 154-157) geringer war. Die Proben wurden anhand ihrer Beschaffenheit im Freiland in folgende Alterskategorien eingeschätzt:

- o A – feucht, frisch, wahrscheinlich < 24 h
- o B - oberflächlich feucht, wahrscheinlich < 48 h
- o C - älter als B, jedoch Restfeuchte vorhanden
- o D – durchgetrocknet

Bei den Probensammlungen wurden nur recht wenige A-Proben, dafür viele B- und C-Proben gefunden (**Abb. 4A**). D-Proben wurden nur dann für eine genetische Analyse berücksichtigt, wenn regional nur sehr wenige Losungsfunde gemacht wurden.

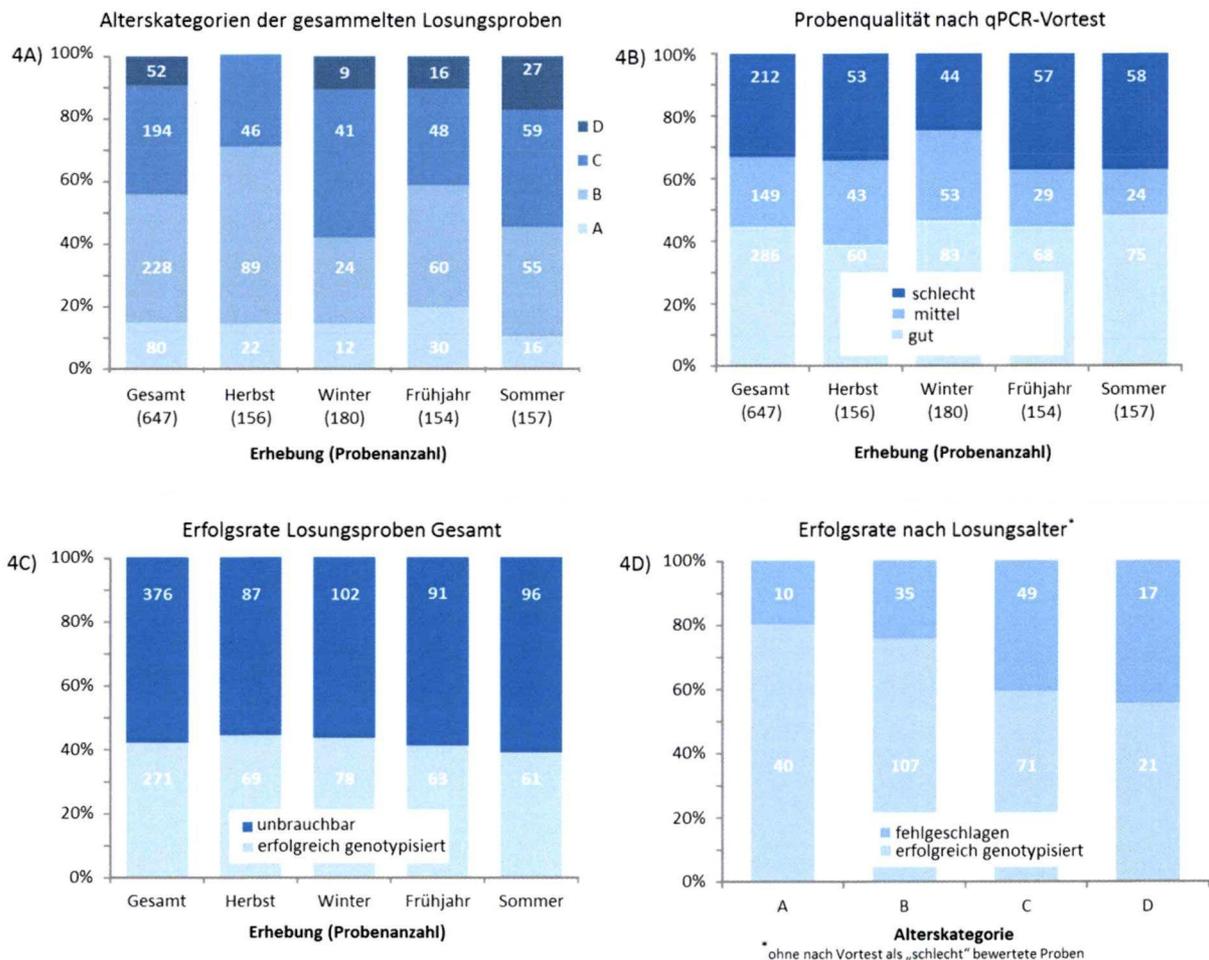


Abb. 4: Charakterisierung der gesammelten Losungsproben und Erfolgsraten der genetischen Analysen. Absolute Probenanzahlen der jeweiligen Kategorien sind als weiße Zahlen dargestellt **A** Prozentuale Anteile der gesammelten Losungsproben für die gesamte Studie und die einzelnen Erhebungen in den vier Alterskategorien (von A – frisch, bis D – alt, trocken) **B** Probenqualität (gut, mittel, schlecht) nach qPCR-Vortest für die gesamte Studie und die verschiedenen Erhebungen **C** Erfolgsraten der Losungsproben für die gesamte Studie und die einzelnen Erhebungen **D** Erfolgsrate nach Losungsalter für die vier Alterskategorien

Mittels eines für Fischotterproben spezifischen Multi-Locus Real-Time Assays, im Weiteren als qPCR-Vortest bezeichnet, wurden die gesammelten Proben auf brauchbare DNA bzw. PCR-Qualität geprüft (**Abb. 4B**). Die Proben wurden im Allgemeinen zu mindestens 60% als potentiell brauchbar eingestuft, beginnend von 70 % bei den frischesten (Kategorie A) bis 62% bei den älteren Proben (Daten in Altersabhängigkeit nicht gezeigt). Durchschnittlich 44,2% der Proben wurden als „gut“, 32,7% als „schlecht“ und 23,1% als „mittel“ bewertet, wobei die Erhebung im Winter die geringste Anzahl unbrauchbarer Proben lieferte. Die Erfolgsrate der Genotypisierung lag sehr konstant über alle Erhebungen hinweg - mit einem leichten Abfall im Sommer auf 39%- deutlich über 40% (**Abb. 4C**). Die Erfolgsrate lag bei frischen Proben der Kategorie A und B, welche im Vortest als potentiell geeignet bewertet und daraufhin genotypisiert wurden, bei 75-80%, während die älter eingeschätzten Proben einen knapp 60%igen Genotypisierungserfolg zeigten (**Abb. 4D**). 94 Proben konnten nicht sicher morphologisch charakterisiert werden und wurden daher aus dieser Berechnung ausgeschlossen.

3.2 Otternachweise in den Untersuchungsgebieten

Die Ergebnisse der genetischen Verwandtschaftsrekonstruktion (siehe Anhang, Abb. A1 A und B) werden in den nachfolgenden Abschnitten zu den jeweiligen Gebieten detailliert behandelt. Den identifizierten Individuen wurden zur eindeutigen Unterscheidung Individuums-Bezeichnungen zugewiesen. Die ersten zwei Buchstaben beziehen sich auf den Fundort der Probe (Steyr (ST); Reichramingbach (GB); Neustift-Pechgraben (NP); Waldaist (WA); Steinernen Mühl (SM); Große Rodl (GR)). Ein ‚M‘ bzw. ‚W‘ steht für das Geschlecht des Tieres (männlich / weiblich), wobei die Fundort- und Geschlechtsbezeichnung durch einen Unterstrich getrennt sind. Die nachfolgende Ziffer wurde chronologisch nach Fundort und Geschlecht zur eindeutigen Identifizierung der Tiere - über die Erhebungen hinweg - vergeben (Beispiel: GR_M1 = erstes identifiziertes männliches Individuum im Gebiet Große Rodl).

3.2.1 Waldaist

Im Untersuchungsgebiet der Waldaist wurden im Zuge der vier Erhebungen fünf weibliche und drei männliche Otter registriert (Tab. 4). Im Herbst konnten dort drei weibliche und zwei männliche Otter nachgewiesen werden, im Winter ebenso, bei den Weibchen waren aber nur zwei mit jenen vom Herbst identisch. Im Frühling konnten vier weibliche und drei männliche Otter nachgewiesen werden im Sommer je zwei weibliche und männliche. Die Lage der Nachweise sowie auch die Losungsfunde, die sich letztendlich für die genetische Identifikation nicht eigneten, zeigt pro Jahreszeit die Abb. 4. Die Nachweise jedes einzelnen Individuums im Verlauf der vier Erhebungen zeigen die **Abb. 5 & Abb. 6**.

WA_W5 ist die Mutter der Schwestern WA_W1 und WA_W4, die im selben Gebiet, aber nicht immer zur selben Jahreszeit, also nicht immer gemeinsam, nachgewiesen werden konnten. WA_W3 ist die Mutter von WA_W2, der zugehörige Vater ist WA_M1. WA_W1 ist die Mutter eines Männchens, das an der Großen Rodl nachgewiesen worden ist (GR_M7) und WA_W4 ist die Mutter des an der Steinernen Mühl nachgewiesenen Männchens SM_M5.

WA_W1 (Tochter von WA_W5) konnte im Herbst, Winter und Frühjahr im obersten Viertel des U-Gebietes nachgewiesen werden. WA_W2 (Tochter von WA_W3 und möglicher Weise noch im Familienverband) hat sich im Herbst und Frühjahr im unteren Drittel des U-Gebietes aufgehalten. WA_W3 war im Herbst, Winter und Sommer nachzuweisen und hat ähnlich wie WA_W2 einen zentralen Bereich des U-Gebietes genutzt. WA_W4 war im Winter und Frühling in der oberen Hälfte des U-Gebietes nachzuweisen. WA_M1, Vater von WA_W2 war zu jeder Jahreszeit nachzuweisen und die Nachweise verteilen sich auf gut Zweidrittel des U-Gebietes. Das Männchen WA_M2 konnte nur im oberen Viertel des U-Gebietes nachgewiesen werden, es ist offensichtlich mit keinem der oben genannten Otter verwandt. Von WA_M3 gibt es nur einen Fund aus dem Frühling im unteren Bereich des U-Gebietes. Im Anhang werden diese Verwandtschaftsverhältnisse graphisch dargestellt.

Tab. 4: Nachgewiesene Otterindividuen an der Waldaist (W = weiblich, M = männlich)

Otter	Herbst	Winter	Frühling	Sommer
WA_W1	x	x	x	
WA_W2	x		x	
WA_W3	x	x		x
WA_W4		x	x	
WA_W5			x	x
WA_M1	x	x	x	x
WA_M2	x	x	x	x
WA_M3			x	

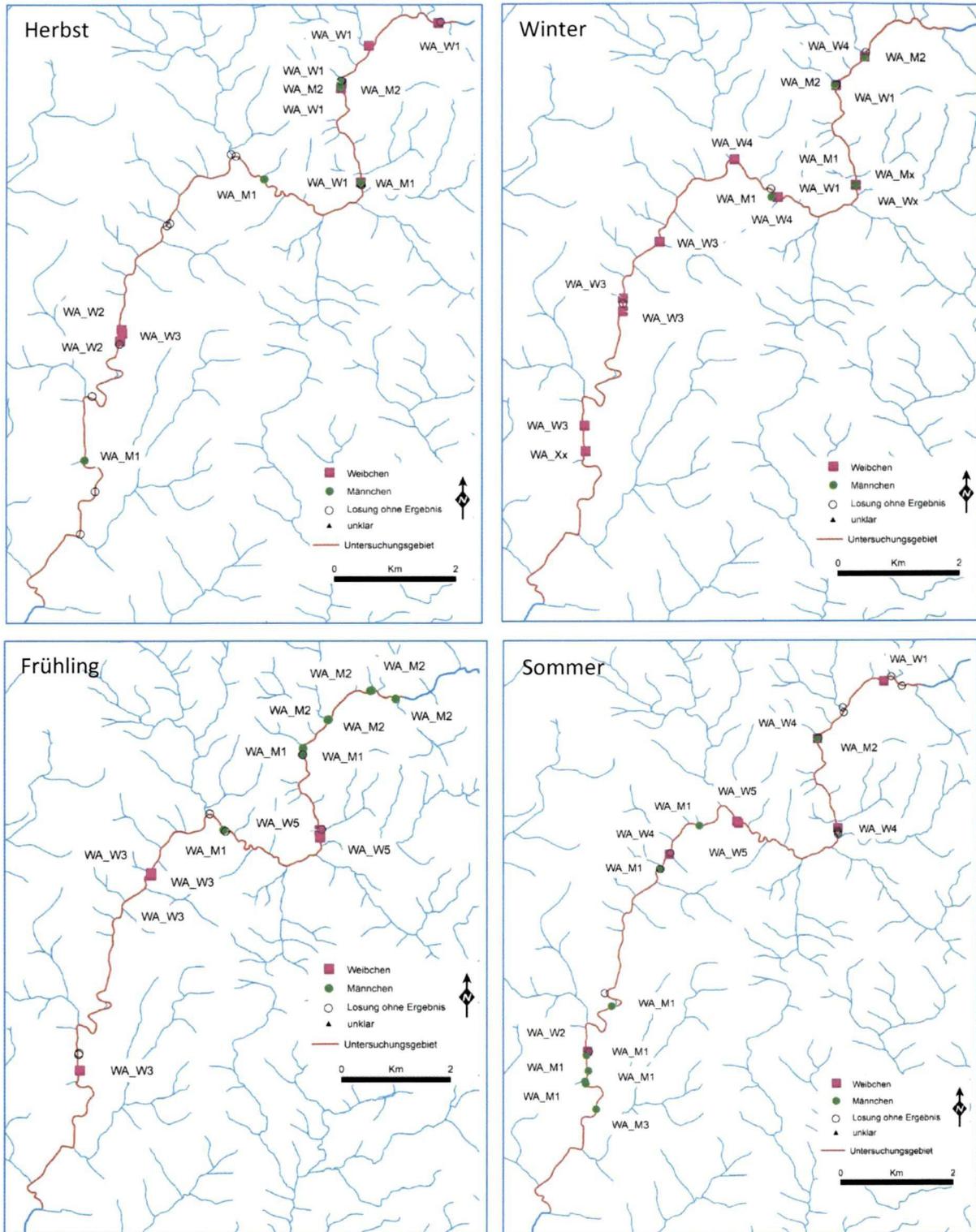


Abb. 5: Lage der nachgewiesenen Otter und der unergiebigen Losungsfunde an der Waldai

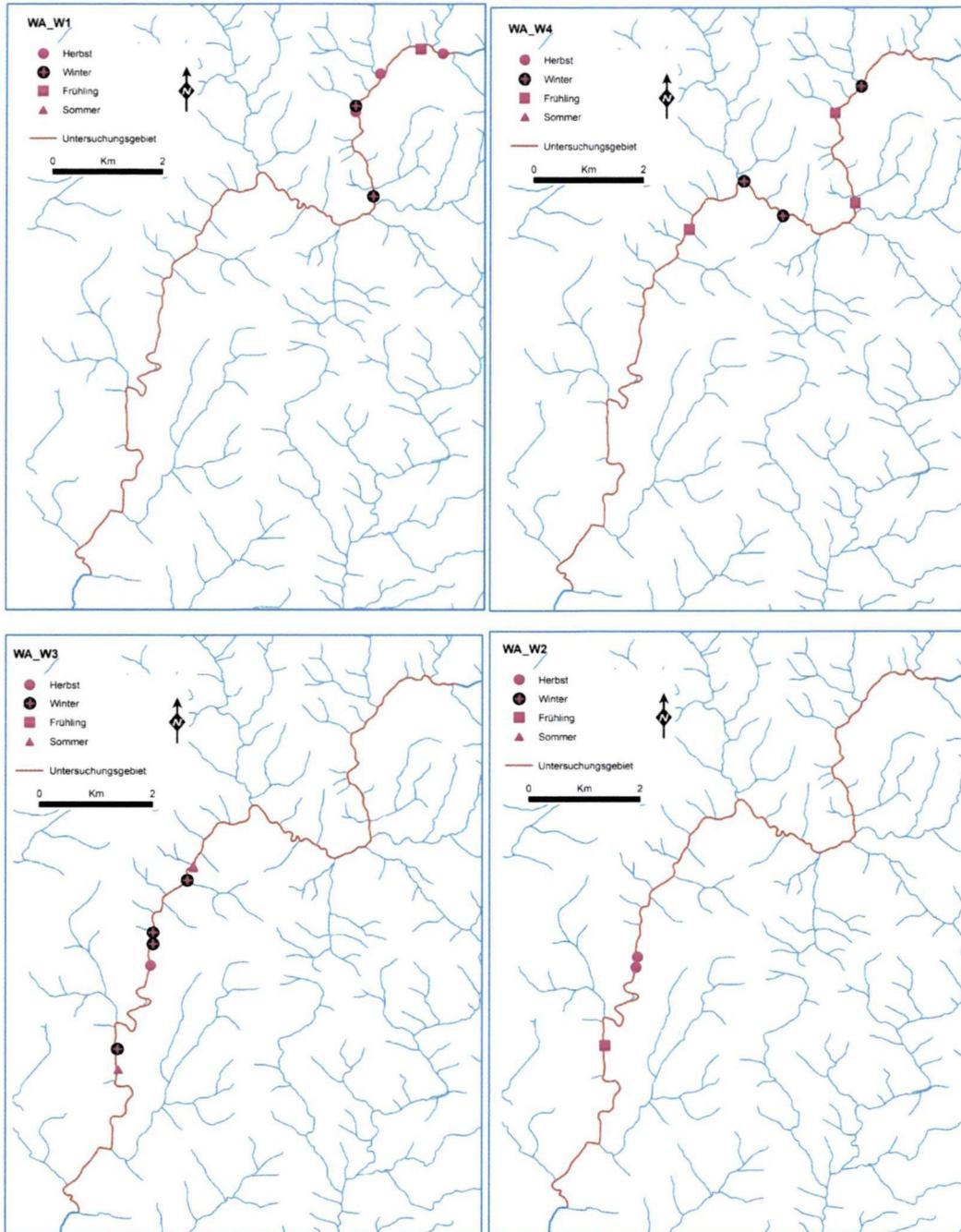


Abb. 6: Lage der Nachweise von vier weiblichen Tieren an der Waldai. Die Weibchen WA_W1 und WA_W4 sind Geschwister mit identen Vätern. WA_W1 ist darüber hinaus die Mutter des an der Großen Mühl festgestellten Männchens GM_M7 und WA_W2 ist die Tochter von WA_M1 und WA_W3. Das Weibchen WA_W4 ist die Mutter des an der Steinernen Mühl festgestellten Männchens SM_M5.

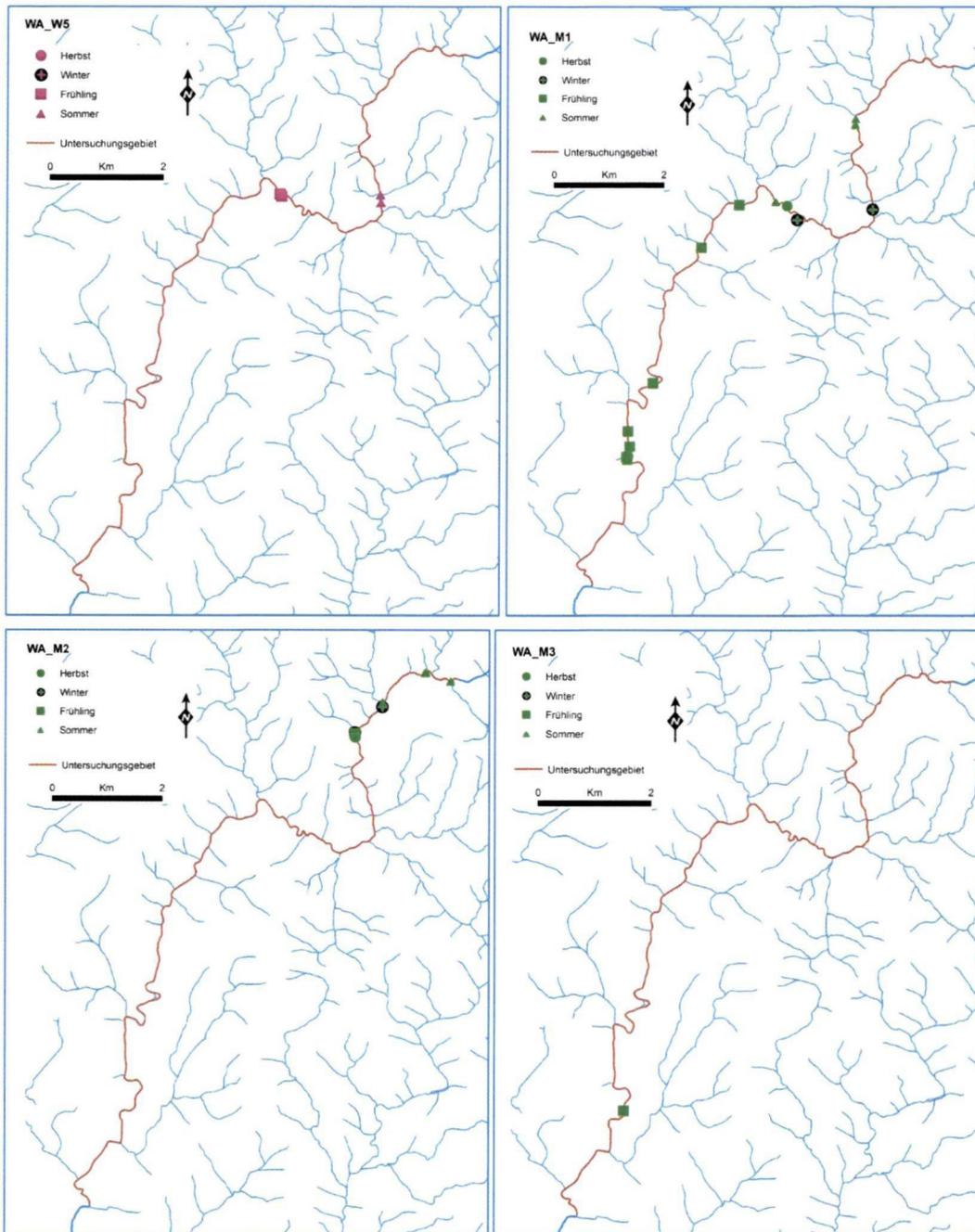


Abb. 7: Lage der Nachweise von einem weiblichen und drei männlichen Tieren an der Waldaist. Das Weibchen WA_W5 ist die Mutter der beiden Schwestern WA_W1 und WA_W4 und WA_M1 ist der Vater des Weibchens WA_W2.

3.2.2 Steinernen Mühl

Im Untersuchungsgebiet der Steinernen Mühl wurden im Zuge der vier Erhebungen fünf weibliche und sechs männliche Otter registriert (Tab. 5). Drei weibliche und drei männliche Otter waren bei der Herbsthebung nachzuweisen, zwei weibliche und fünf männliche im Winter, zwei weibliche und männliche im Frühling und drei weibliche und zwei männliche im Sommer. Die Lage der Nachweise sowie auch die Losungsfunde, die sich letztendlich für die genetische Identifikation nicht eigneten, zeigen pro Jahreszeit die **Abb. 8 & Abb. 9**. Die Nachweise jedes einzelnen Individuums im Verlauf der vier Erhebungen zeigen die **Abb. 10 bis Abb. 13**.

SM_M4 und SM_W5 sind mindestens Halbgeschwister und gleichzeitig die Eltern des Weibchens SM_W3. SM_M5, selbst Sohn des an der Waldaist festgestellten Weibchens WA_W4, ist der Vater von SM_W2 und dieses ist wiederum die Mutter von SM_M2 (siehe auch Anhang). Weiters besteht zwischen SM_M3 und SM_W4 eine Eltern-Kind-Beziehung, wer hier Elternteil und wer Kind ist, ist wie in vielen Fällen nicht zu sagen. SM_W1 ist weiters mit dem Männchen GR_M4 von der Großen Rodl die Mutter des Männchens GR_M6 an der Großen Rodl. Die Männchen SM_M6 und SM_M7 sind innerhalb der an der Steinernen Mühl identifizierten Individuen mit niemandem verwandt. SM_M6 dürfte aber ein Bruder des an der Großen Rodl festgestellten Männchens GR_M5 sein. Weiters ist das an der Großen Rodl festgestellte Weibchen GR_W1 eine Schwester der eingangs erwähnten SM_W5 und SM_M4.

Das Weibchen SM_W1 konnte nur im Herbst und nur ganz am obersten Rand des U-Gebietes nachgewiesen werden, das Weibchen SM_W2 war von Herbst bis Frühjahr in der oberen Hälfte des U-Gebietes nachzuweisen. Das Weibchen SM_W3 war nur im Frühling nicht nachzuweisen. Im Herbst und Winter lagen die Nachweise unterhalb der Nachweise von SM_W2, im Sommer erstreckten sie sich auch weiter flussaufwärts, dort war SM_W2 zu jener Jahreszeit aber nicht nachweisbar. SM_W4 konnte nur mit jeweils einem Nachweis im Frühling und Sommer am unteren Rand des U-Gebietes nachgewiesen werden. SM_W5 wurde mit mehreren Nachweisen im Sommer und zwar im mittleren Bereich des U-Gebietes nachgewiesen. SM_M2 war zu allen Jahreszeiten nachweisbar und zwar in den unteren Zweidrittel des U-Gebietes. SM_M3 und SM_M4 waren beide im Herbst und Winter im untersten Viertel des U-Gebietes nachweisbar. SM_M5 und SM_M6 waren jeweils nur mit einem Nachweis an derselben Örtlichkeit im Winter vertreten. SM_M7 war im Frühling und Sommer über jeweils nur einen Losungsfund nachweisbar, sie befinden sich in der oberen Hälfte des U-Gebietes.

Tab. 5: Nachgewiesene Otterindividuen an der Steinernen Mühl (W = weiblich, M = männlich)

Otter	Herbst	Winter	Frühling	Sommer
SM_W1	x			
SM_W2	x	x	x	
SM_W3	x	x		x
SM_W4			x	x
SM_W5				x
SM_M2	x	x	x	x
SM_M3	x	x		
SM_M4	x	x		
SM_M5		x		
SM_M6		x		
SM_M7			x	x

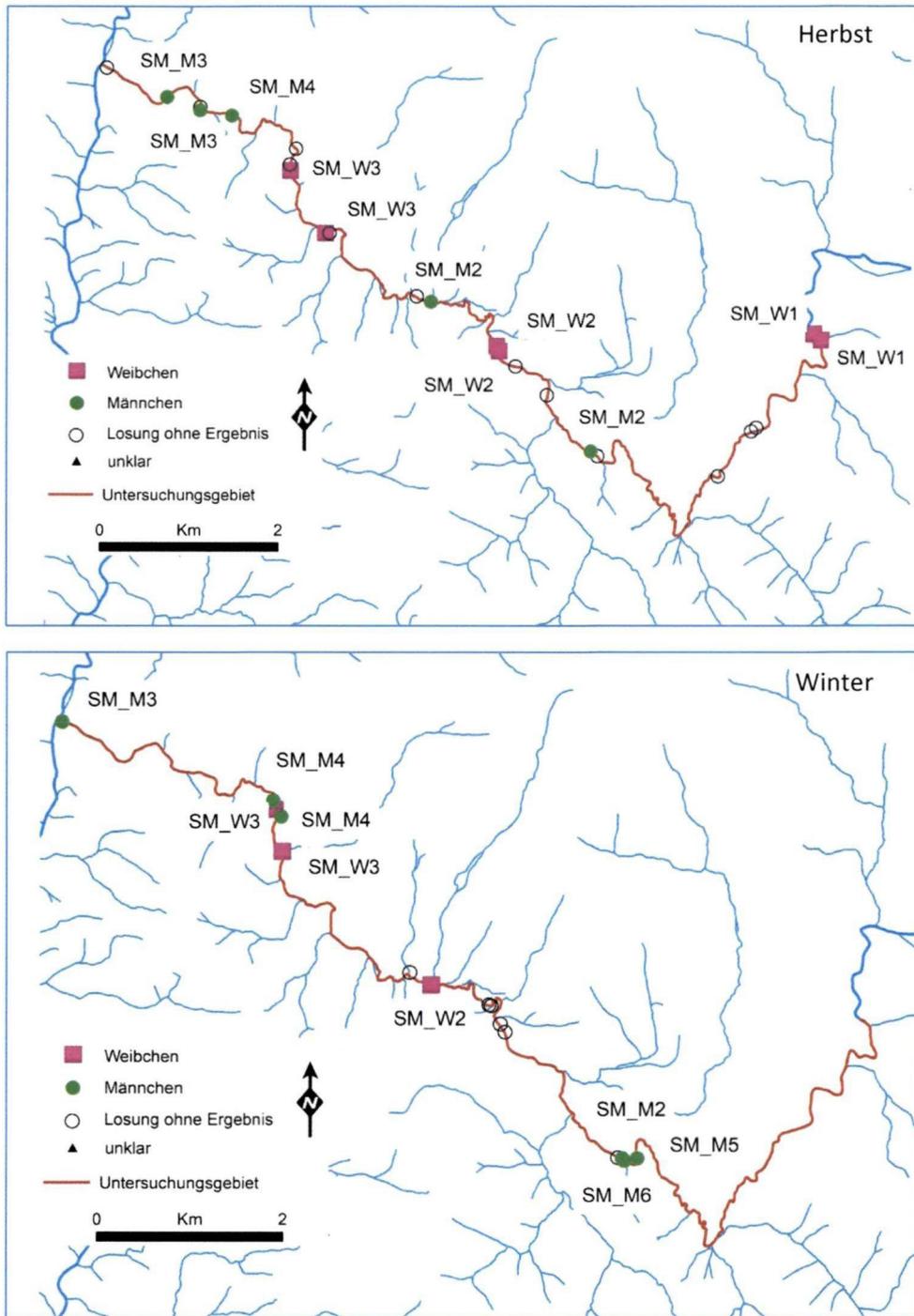


Abb. 8: Lage der nachgewiesenen Otter und der unergiebigen Losungsfunde im Herbst und Winter an der Steineren Mühl

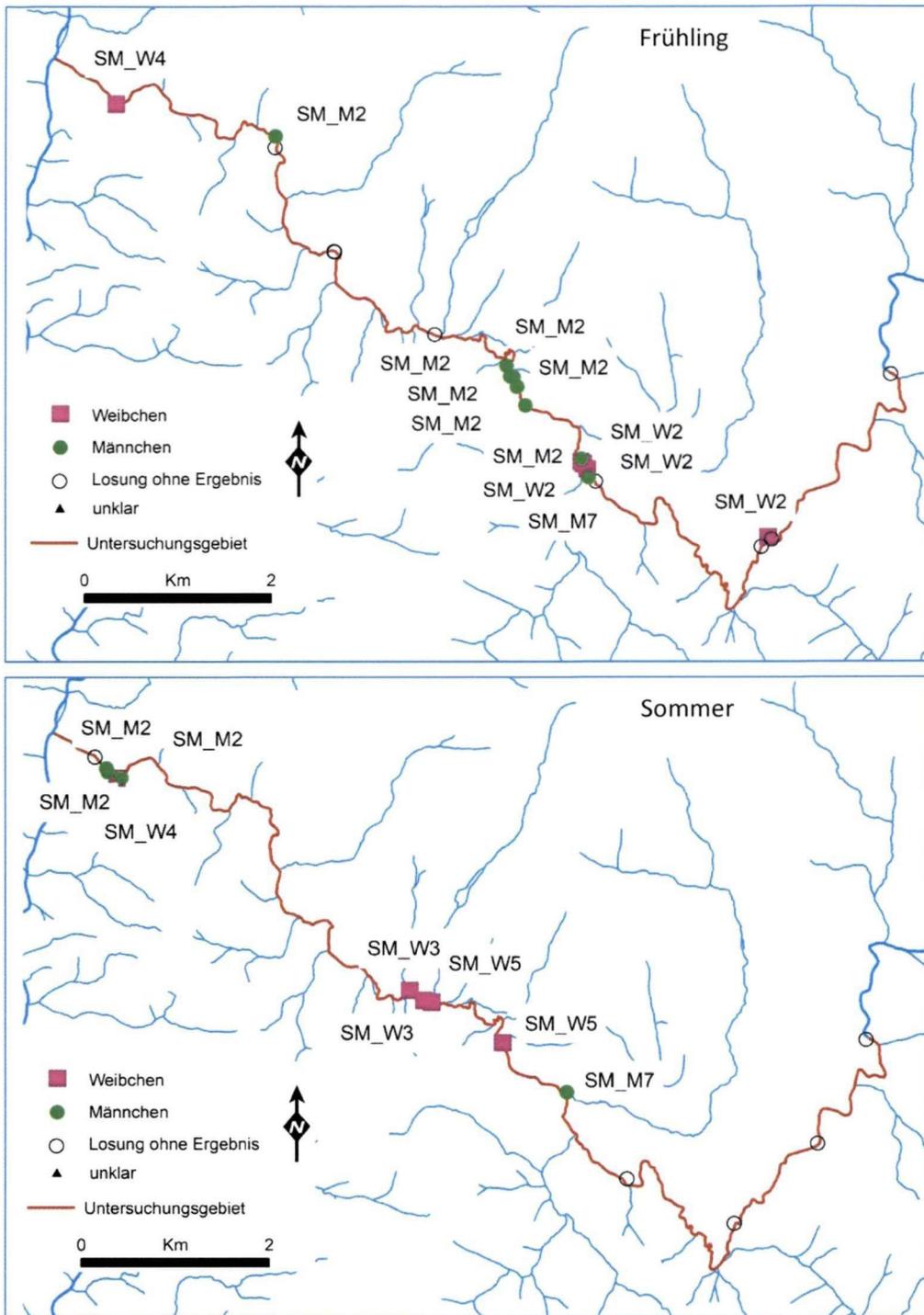


Abb. 9: Lage der nachgewiesenen Otter und der unergiebigten Losungsfunde im Frühling und Sommer an der Steineren Mühl.

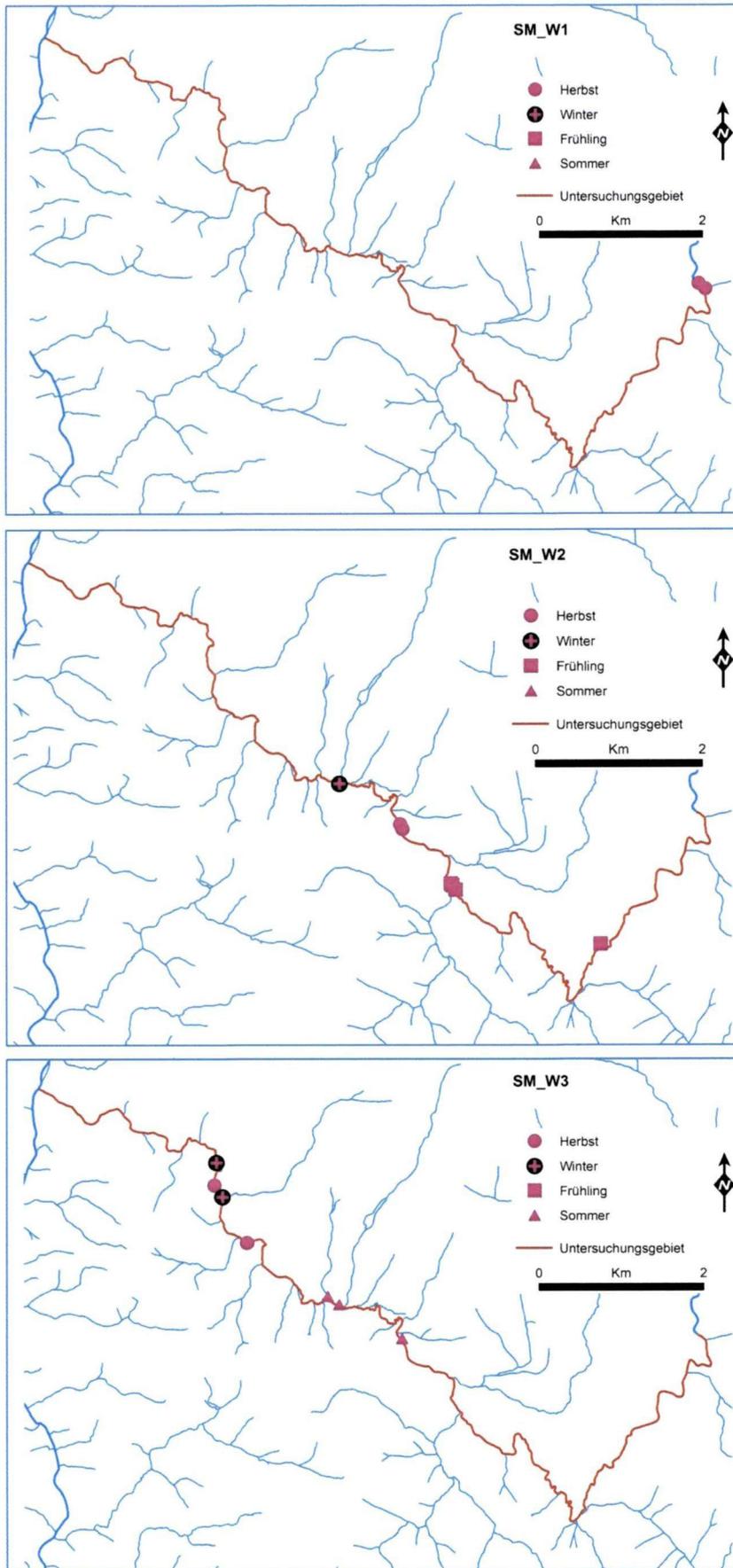


Abb. 10: Lage der Nachweise von drei weiblichen Tieren während der vier Erhebungen an der Steinernen Mühl

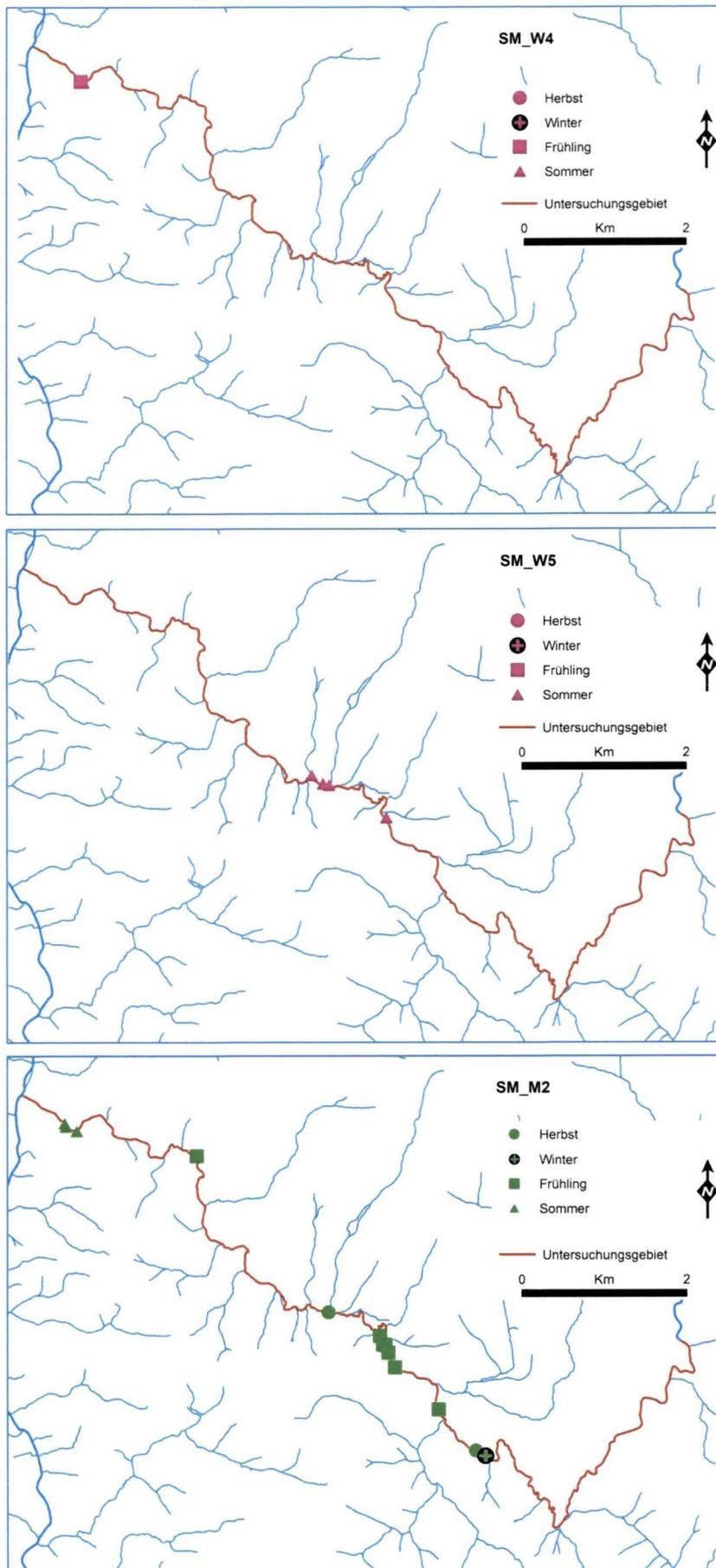


Abb. 11: Lage der Nachweise von zwei weiblichen und einem männlichen Otter an der Steinernen Mühl.

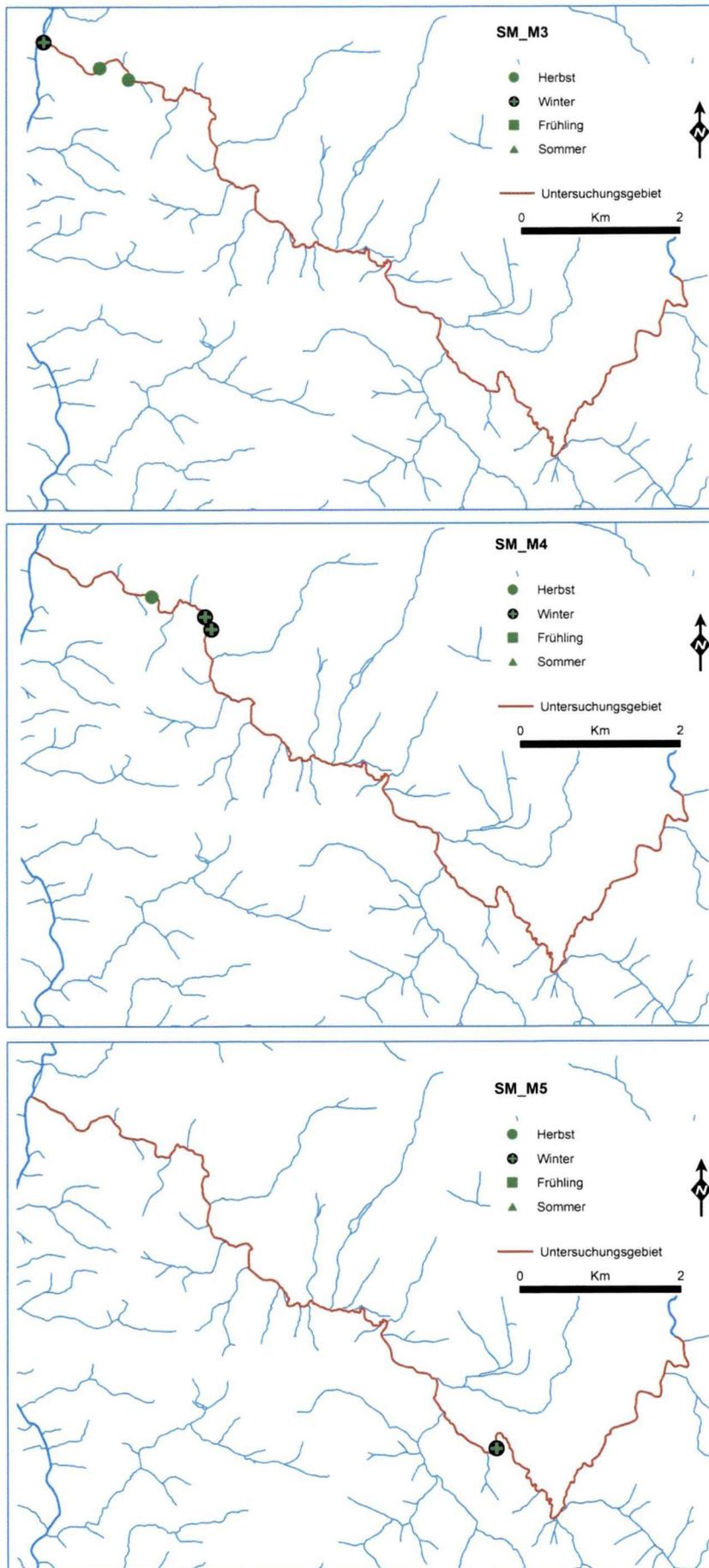


Abb. 12: Lage der Nachweise von drei männlichen Ottern an der Steinernen Mühl.

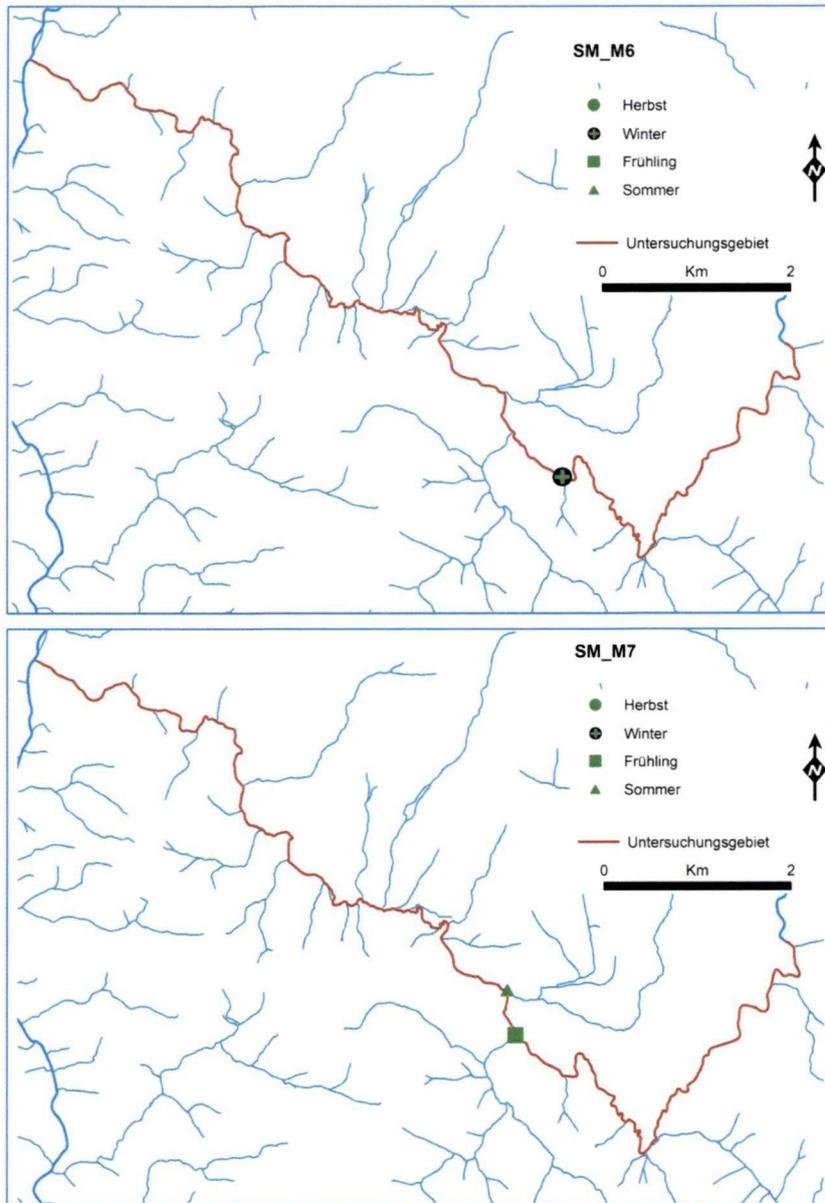


Abb. 13: Lage der Nachweise von zwei männlichen Ottern an der Steinernen Mühl.

3.2.3 Große Rodl

Im Untersuchungsgebiet der Großen Rodl wurden im Zuge der vier Erhebungen vier weibliche und sieben männliche Otter registriert (Tab. 6). Zwei weibliche und drei männliche Otter waren bei der Herbsterberhebung nachzuweisen, zwei weibliche und fünf männliche im Winter sowie im Frühling, aber nur eines der Weibchen (W1) und drei der Männchen (M4, M5, M6) waren identisch. Im Sommer waren zwei Weibchen und ein Männchen nachzuweisen. Die Lage der Nachweise sowie auch die Losungsfunde, die sich letztendlich für die genetische Identifikation nicht eigneten zeigen pro Jahreszeit die **Abb. 14 & Abb. 15**. Die Nachweise jedes einzelnen Individuums im Verlauf der vier Erhebungen zeigen die **Abb. 16 & Abb. 17**.

GR_W4 und GR_W3 sind Schwestern und GR_W4 ist die Mutter von GR_M4. Dieses Männchen (GR_M4) ist wiederum der Vater von GR_M6, die zugehörige Mutter wurde wie erwähnt an der Steineren Mühl festgestellt (SM_W1). GR_M6 ist selbst wiederum der Vater der Halbgeschwister GR_W2 und GR_M3. GR_W2 und GR_M7 sind die Eltern von GR_M1. Das Männchen GR_M7 ist ein Sohn des an der Waldaist festgestellten Weibchens WA_W1. Das Männchen GR_M5 ist möglicherweise ein Bruder des an der Steineren Mühl festgestellten Männchens SM_M6.

GR_W1 war das einzige Individuum in diesem U-Gebiet, das zu jeder der vier Erhebungen nachweisbar war. Die Nachweise erstreckten sich auf das unterste Drittel des Gebietes. Das Weibchen GR_W2 war im Herbst und Winter nachweisbar, ebenso wie ihr Halbbruder GR_M3, die Verteilung der Nachweise deckte sich allerdings nicht bzw. nur teilweise im Herbst. Die beiden weiteren weiblichen Otter, GR_W3 und GR_W4 waren nur bei jeweils einer Erhebung an einer Stelle nachweisbar. Das Männchen GR_M1 war im Herbst und Winter im oberen Viertel des U-Gebietes nachweisbar, vermutlich war es noch im Familienverband mit der Mutter GR_W2 unterwegs. GR_M3 war im Herbst und Winter auf Zweidrittel im zentralen U-Gebiet nachweisbar. GR_M4 war bei drei Erhebungen nachweisbar, sie lagen im oberen Viertel. GR_M5 und GR_M6 waren beide im Winter und Frühling nachweisbar, das eine im unteren, das andere im oberen Bereich des Gebietes. GR_M7 war nur im Frühjahr im oberen Drittel des Gebietes zu finden, GR_M8 im Frühling und Sommer im mittleren Bereich des U-Gebietes.

Tab. 6: Nachgewiesene Otterindividuen an der Großen Rodl (W = weiblich, M = männlich)

Otter	Herbst	Winter	Frühling	Sommer
GR_W1	x	x	x	x
GR_W2	x	x		
GR_W3			x	
GR_W4				x
GR_M1	x	x		
GR_M3	x	x		
GR_M4	x	x	x	
GR_M5		x	x	
GR_M6		x	x	
GR_M7			x	
GR_M8			x	x

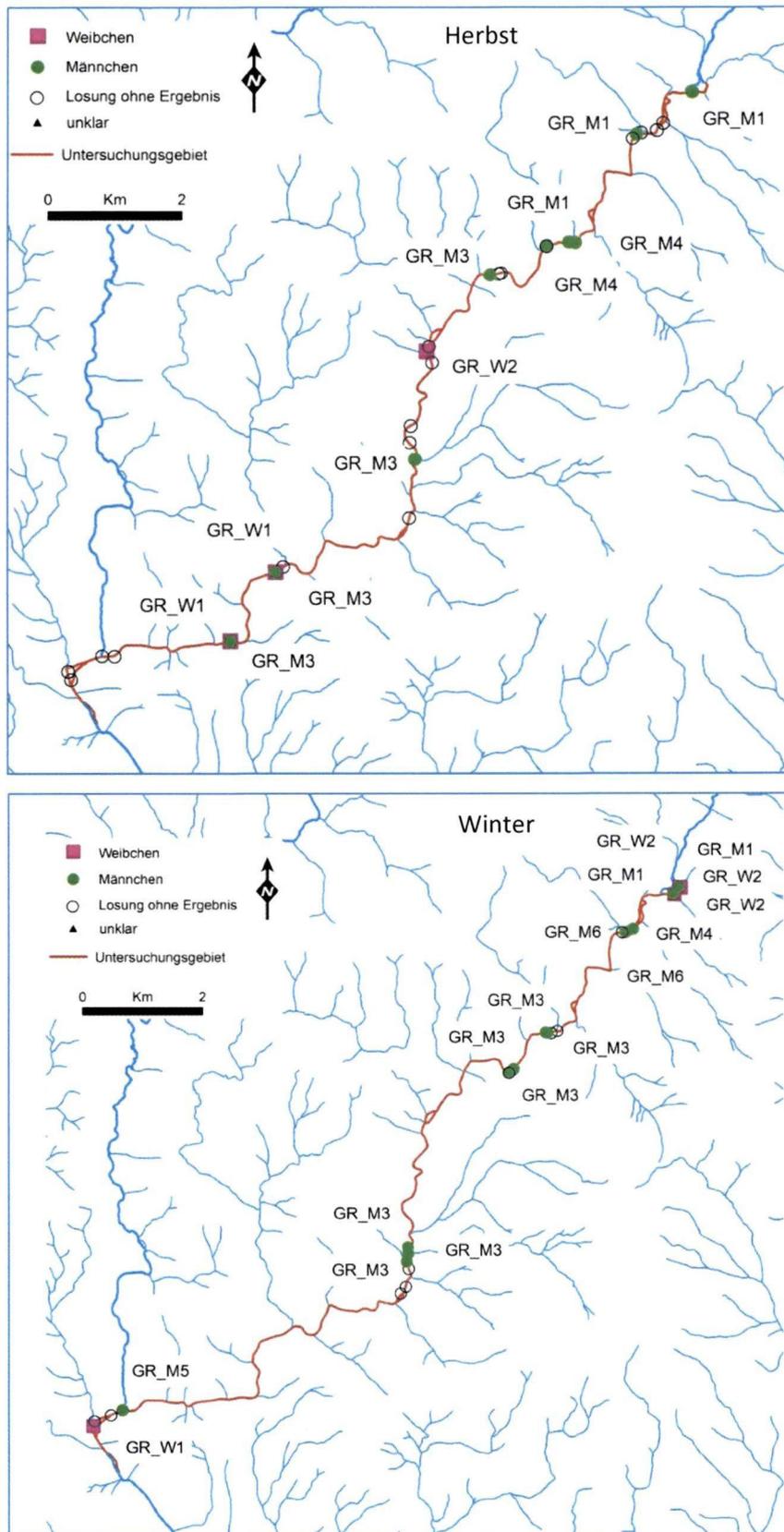


Abb. 14: Große Rodl – Ergebnisse der Herbst- und Wintererhebung

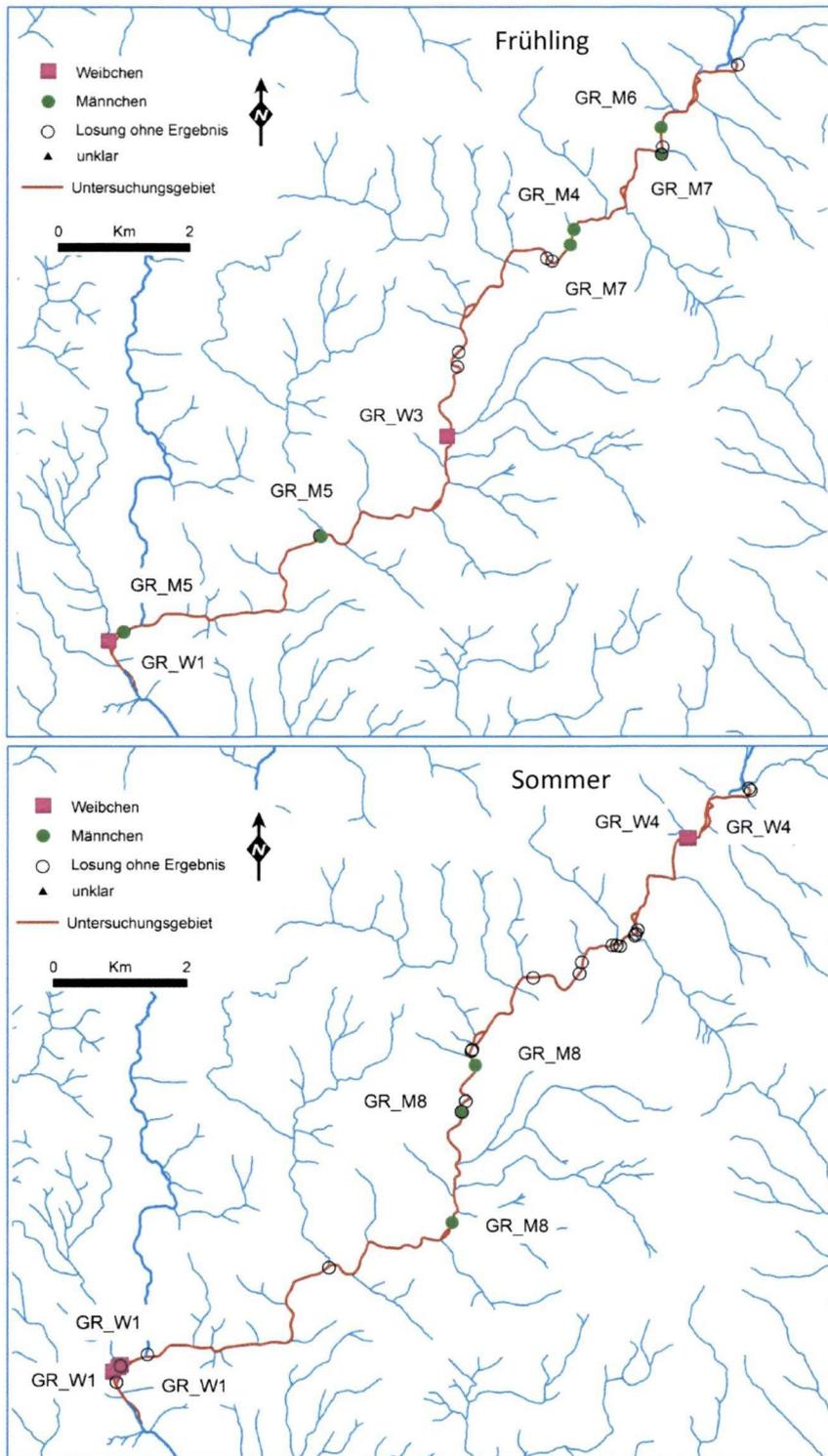


Abb. 15: Große Rodl – Ergebnisse der Frühlings- und Sommererhebung

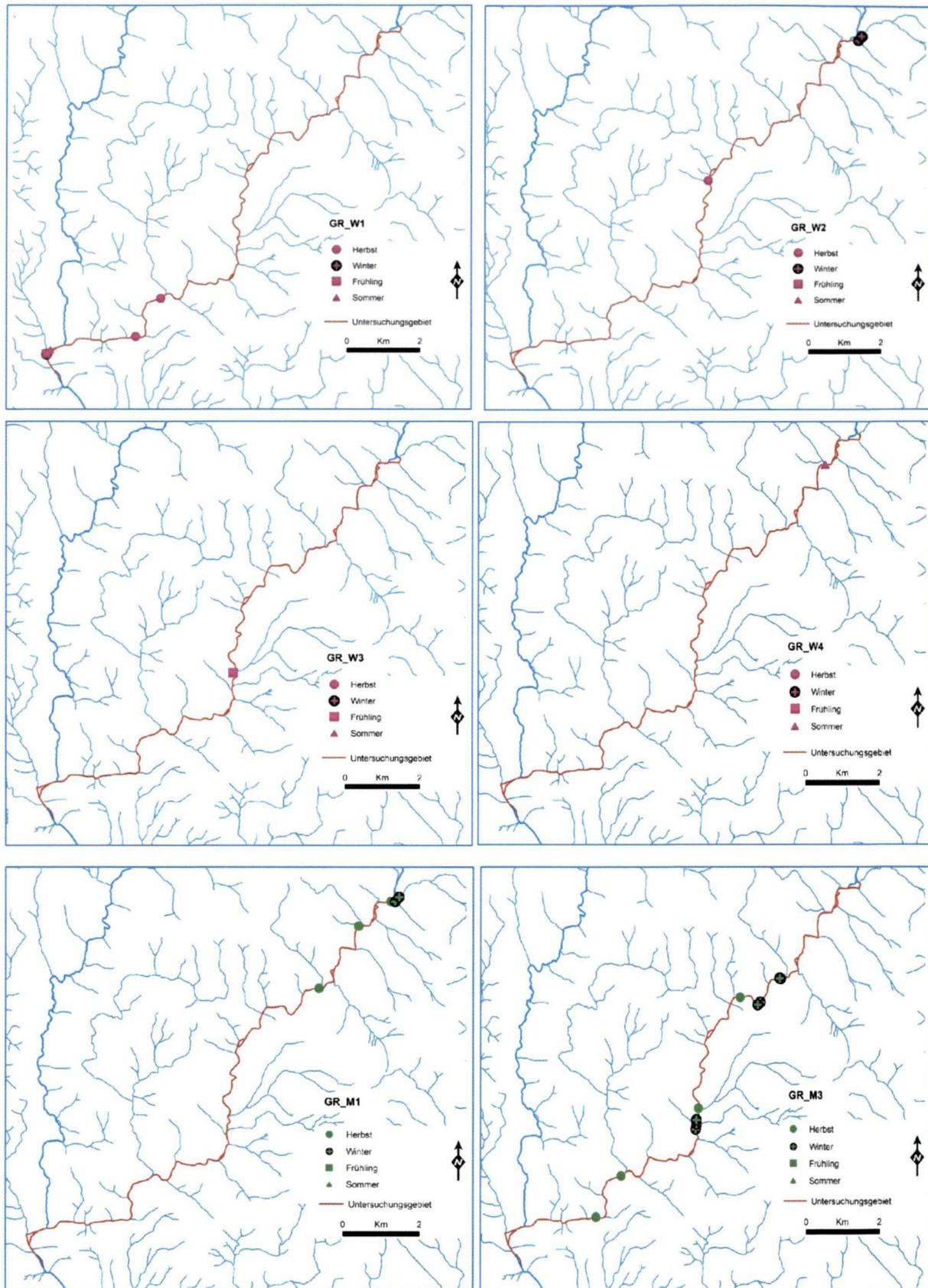


Abb. 16: Nachweise der vier weiblichen und zweier männlicher Otter im Zuge der Erhebungen an der Gr. Rodl.

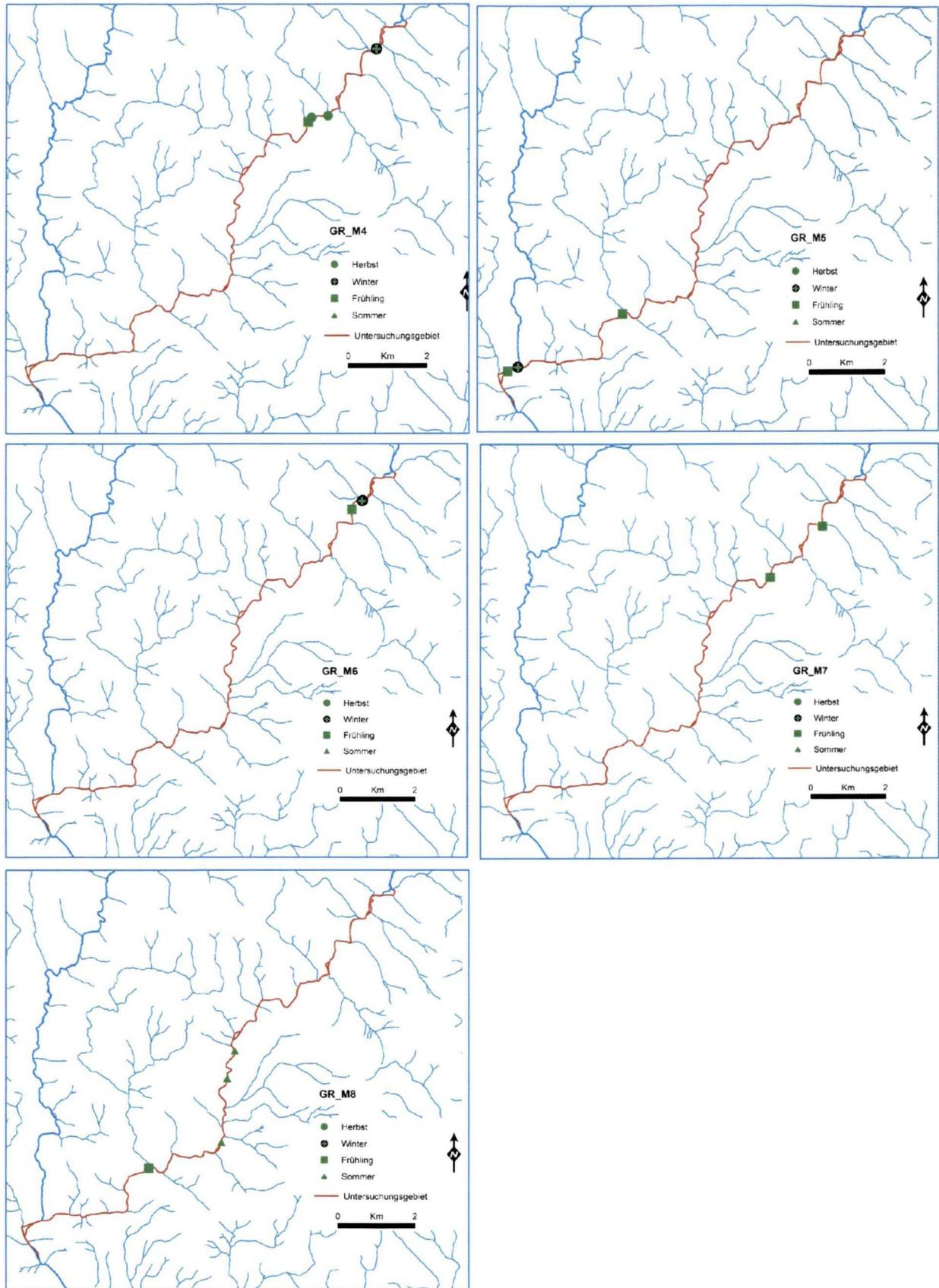


Abb. 17: Nachweise von fünf männlichen Ottern im Zuge der vier Erhebungen an der Gr. Rodl

3.2.4 Steyr

Im Untersuchungsgebiet der Steyr wurden im Zuge der vier Erhebungen ein weiblicher und zwei männliche Otter registriert (Tab. 7). Der weibliche (ST_W1) und ein männlicher Otter (ST_M1) waren bei der Herbsthebung nachzuweisen, im Winter konnte zusätzlich noch ein weiteres Männchen (ST_M2) festgestellt werden. Im Frühjahr wurden nur die beiden Männchen nachgewiesen, im Sommer waren wie im Herbst das Weibchen ST_W1 und das männliche Tier ST_M1 anwesend.

Die Lage der Nachweise sowie auch die Losungsfunde, die sich letztendlich für die genetische Identifikation nicht eigneten, zeigt pro Jahreszeit die **Abb. 18**. Die Nachweise jedes einzelnen Individuums im Verlauf der vier Erhebungen zeigt die **Abb. 19**.

Das Weibchen ST_W1 und das Männchen ST_M1 sind die Elterntiere des zweiten männlichen Otters (ST_M2) im Gebiet. Weiters ist dieses Weibchen eine Schwester des an der Reichraming festgestellten Männchens GB_M2.

Alle drei Individuen sind sowohl oberhalb als auch unterhalb des Wasserfalls Strumboding nachgewiesen worden. Im Gegensatz zu allen anderen Untersuchungsgebieten waren in einem erheblichen Teil des U-Gebietes an der Steyr nicht nur keine genetisch brauchbaren, sondern überhaupt keine bzw. sehr wenige Otternachweise zu finden. In **Abb. 20** bis **Abb. 26** und in Tab. 8 wird dieser Umstand näher dokumentiert. Der am weitesten flussaufwärts gelegene Otternachweis befand sich bei der Brücke beim Dietlgut, weiter oben konnten bei den vier Erhebungen auch keinerlei alte Losungen, Losungsreste oder Spuren festgestellt werden. Im Bereich zwischen Dietlgut und der Mündung der Krummen Steyr waren Nachweise jeglichen Alters extrem selten, erst unterhalb konnten zumindest alte Losungen bei jeder Erhebung gefunden werden. Unter einer Brücke in Hinterstoder, Punkt 11 in **Abb. 20** konnten zwar bei der Herbsthebung 13 Losungen gefunden werden, diese waren aber sehr alt, ihre Präsenz wurde genau erfasst und bis Ende Februar waren dort nur zwei neue Losungen dazugekommen, im Frühjahr dann fünf Losungen, in den drei Wochen bis zur Sommererhebung wiederum keine weitere Losung. Diese fehlende bzw. extrem geringe Otterpräsenz ist in Hinblick auf den Fischrückgang bei den oberen beiden E-Befischungsstellen von Relevanz; Näheres siehe Kranz & Ratschan (2017).

Tab. 7: Nachgewiesene Otterindividuen im U-Gebiet Steyr (W = weiblich, M = männlich); der Nachweis des Männchens ST_M2 im Frühling ist zwar plausibel aber genetisch nicht so eindeutig. Da es sich bei dem Nachweis um eine einzelne Kotprobe handelte, ist daher der Nachweis dieses Individuums mit einem Fragezeichen versehen.

Otter	Herbst	Winter	Frühling	Sommer
ST_W1	x	x		x
ST_M1	x	x	x	x
ST_M2		x	? x ?	

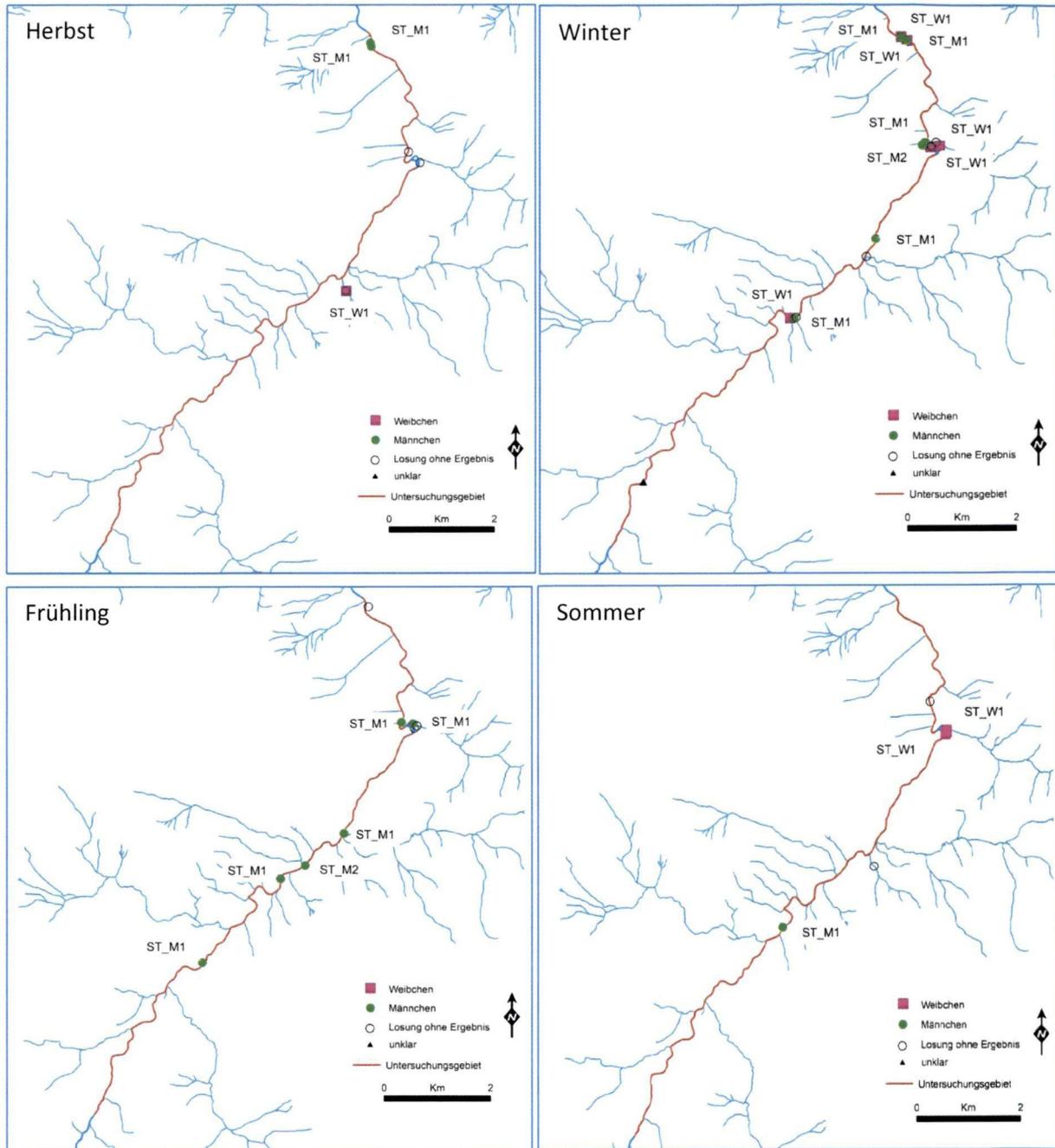


Abb. 18: Steyr – Ergebnisse der vier Erhebung

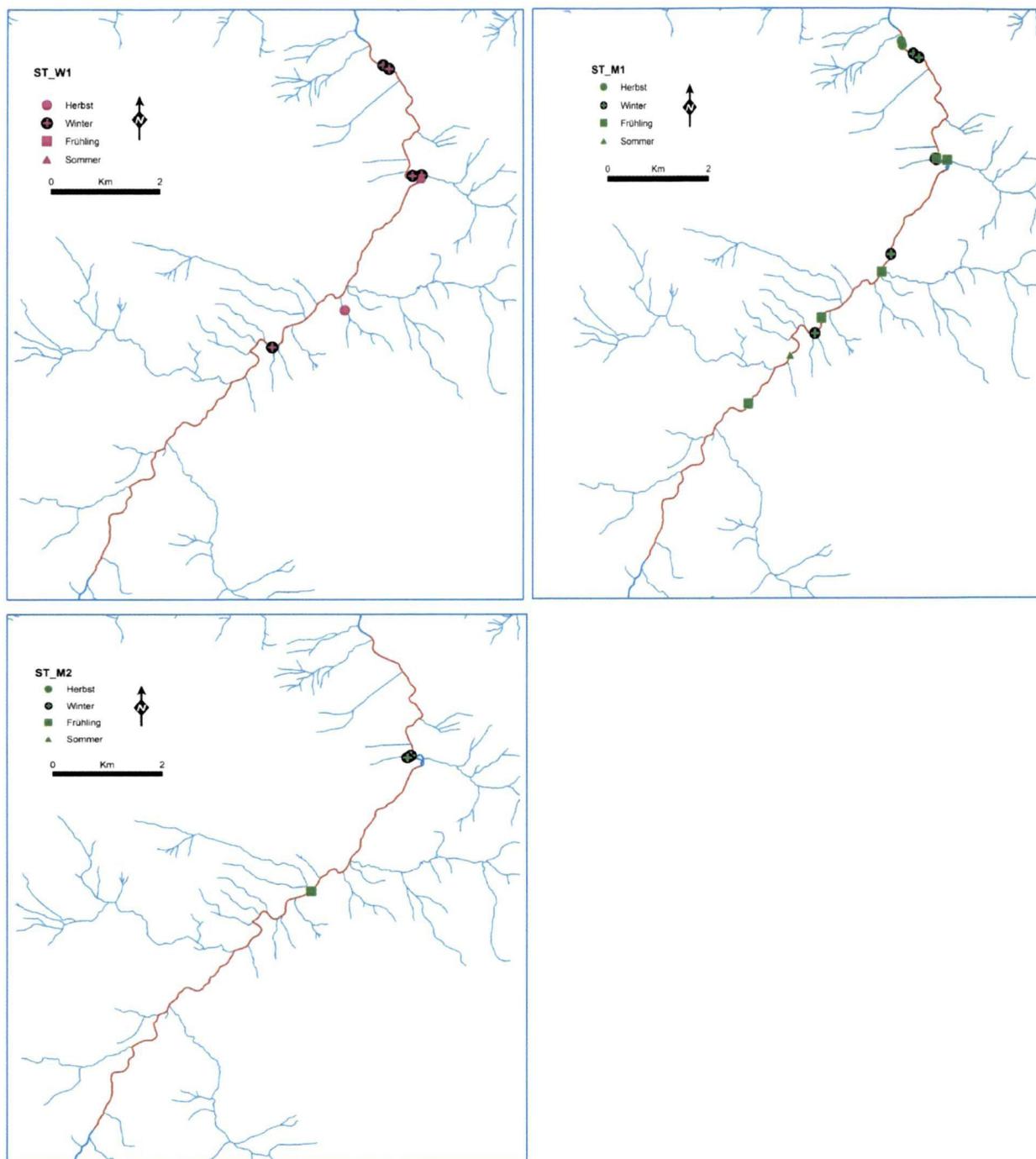


Abb. 19: Nachweise von drei Individuen im Laufe der vier Erhebungen (ST_W1 und ST_M1 sind die Elterntiere von ST_M2).

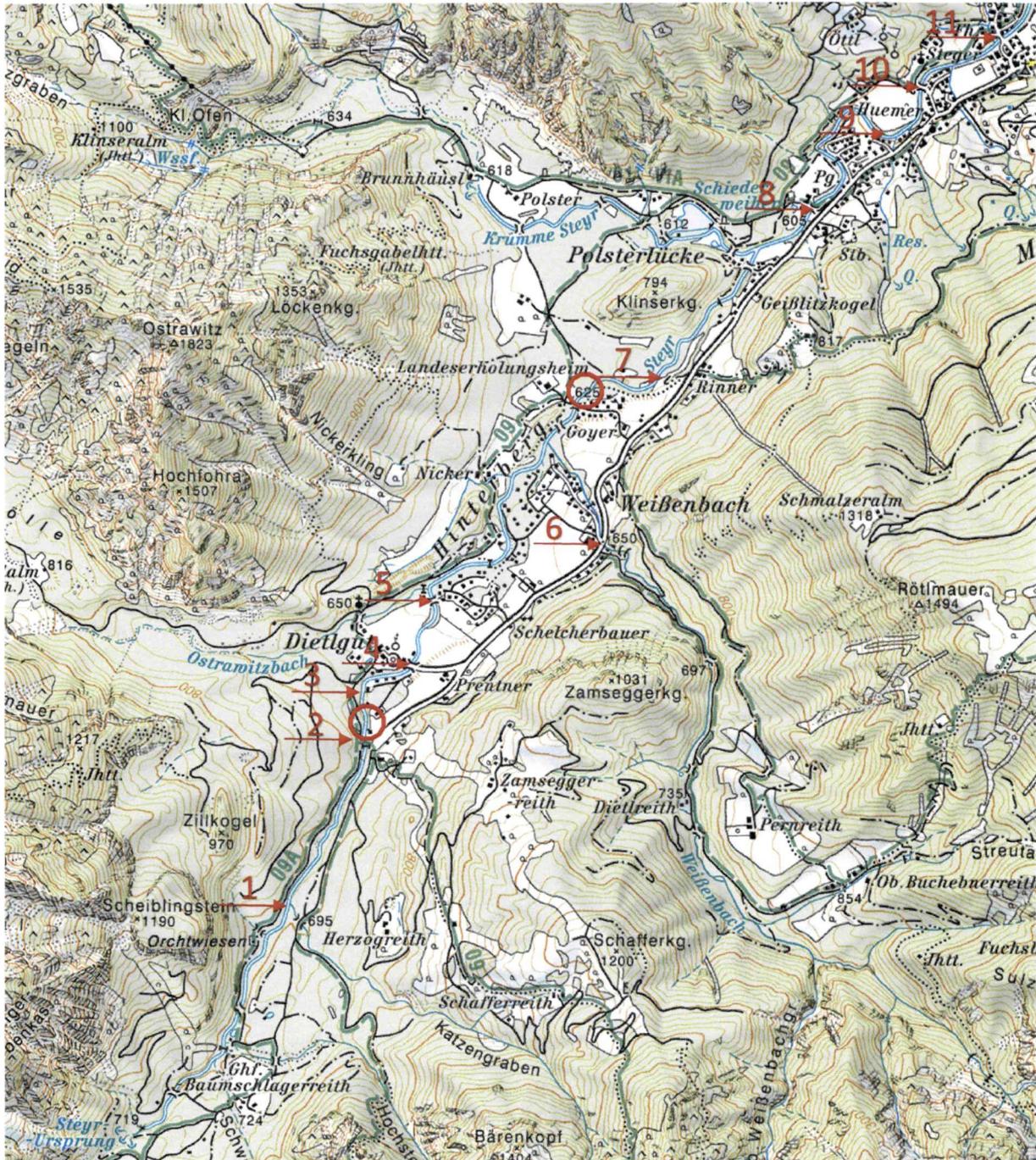


Abb. 20: Obere Steyr mit der Lage einer Auswahl markanter Kontrollpunkte sowie Lage aller Nachweise aller Alter (Pfeil mit Nummer verweist auf nachfolgende Abbildungen mit Fotos und Tabelle 7) sowie die Lage der Elektrofischungsstellen – rote Ringe (Ratschan 2017).

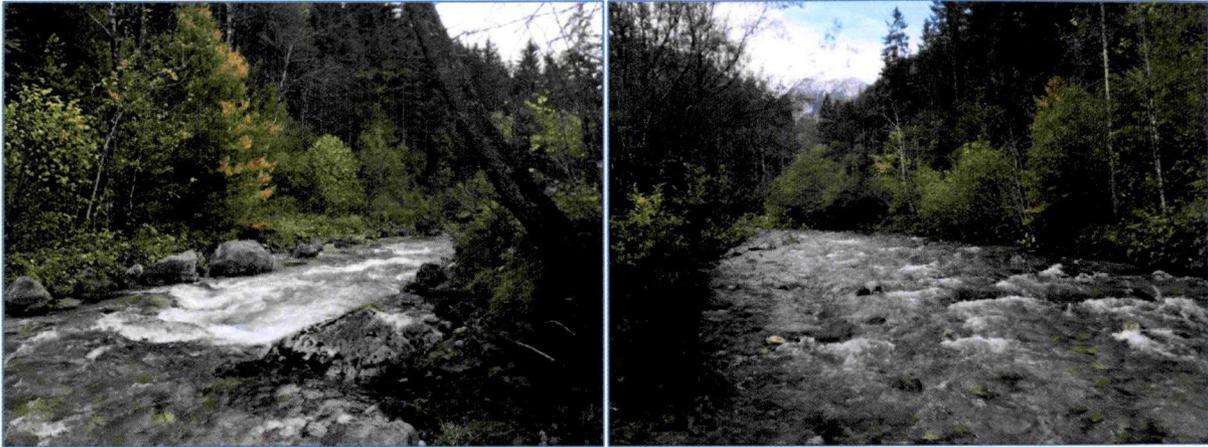


Abb. 21: Steyr im Bereich des oberen Endes des Untersuchungsgebietes (Punkt 1 in Abb. 20)



Abb. 22: potentielle Zwangswechsel für den Fischotter in Punkt 2 und 3 in Abb. 20



Abb. 23: Gut geeignete Monitoringbrücke (Punkt 4 in Abb. 20) im Bereich Dietlgut. Der rote Kreis markiert den Stein, auf dem im Zuge der Wintererhebung zwei Losungen des Fischotters gefunden werden konnten; sie waren aber zu alt, um genotypisiert zu werden.

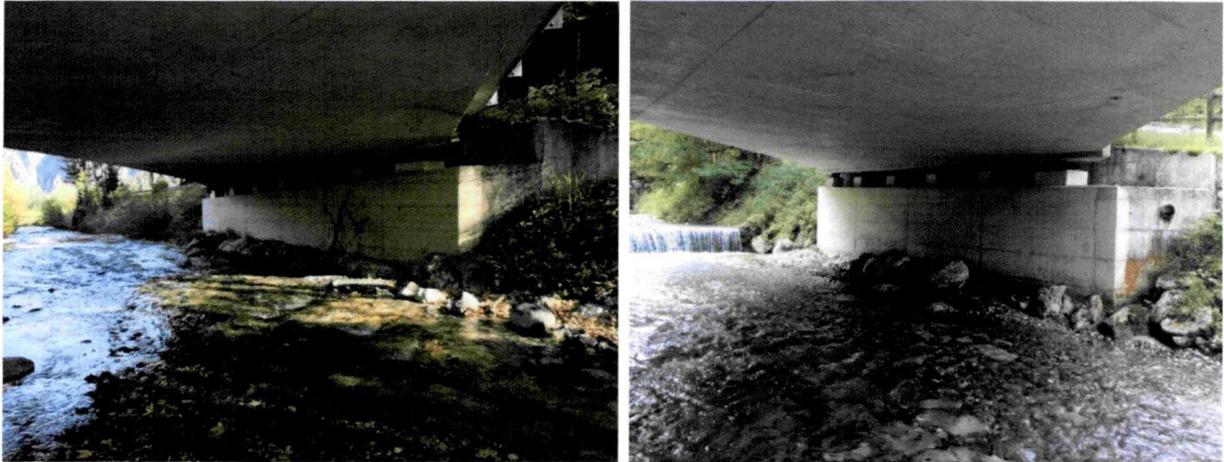


Abb. 24: Sehr gut geeignete Monitoringbrücke am Weißenbach (Punkt 6 in Abb. 20) – hier konnten im Herbst eine und im Winter zwei Losungen gefunden werden, im Frühling und Sommer gelang kein Nachweis.



Abb. 25: Sehr gut geeignete Monitoringbrücke bei Punkt 8 in Abb. 20, wo im Herbst am rechten Ufer eine alte und im Sommer am linken Ufer eine für die genetische Analyse brauchbare Losung gefunden werden konnte.



Abb. 26: Markierstelle (Punkt 9 in Abb. 20), wo im Zuge der Wintererhebung ST_W1 und ST_M1 nachgewiesen werden konnten; darüber hinaus konnten dort noch zwei alte Losungen gefunden werden.

Tab. 8: Otternachweise an ausgewählten Kontrollpunkten (korrespondieren jenen in Abb. 19) am Oberlauf der Steyr. Die Liste enthält alle Stellen an denen von Punkt 11 aufwärts Otternachweise ungeachtet ihres Alters gefunden werden konnten, weiters einige prädestinierte Kontrollstellen.

Punkt	Bezeichnung	Herbst	Winter	Frühling	Sommer
2	Sohlrampe (siehe auch Foto Abb. 21)	0	0	0	0
3	Wehr (siehe auch Foto Abb. 22)	0	0	0	0
4	gut geeignete Monitoringbrücke Dietlgut (s.a. Abb. 22)	0	2	0	0
5	geeignete Monitoringbrücke	1	0	0	0
6	gut geeignete Monitoringbr. über Weißenbach (Abb. 23)	1	2	0	0
7	genetischer Nachweis	0	1	0	0
8	gut geeignete Monitoringbrücke (s.a. Abb. 24)	1	0	0	1
9	genetischer Nachweis (siehe auch Abb. 25)	0	4	0	0
10	gut geeignete Monitoringbrücke	0	6	0	0
11	gut geeignete Monitoringbrücke	13	2	5	0

3.5 Großer Bach - Reichraming

Im Untersuchungsgebiet Großer Bach – Reichraming wurden im Zuge der vier Erhebungen drei weibliche und drei männliche Otter registriert (Tab. 9). Der weibliche Otter (GB_W1) war im Herbst, Winter und Sommer nachweisbar, das zweite Weibchen (GB_W2) nur im Herbst und Winter, hingegen das dritte Weibchen (GB_W3) nur im Frühling und Sommer. Der männliche Otter (GB_M1) war nur bei der Herbsterberhebung nachzuweisen, das Männchen GB_M2 bei jeder der vier Erhebungen, das männliche Tier GB_M3 hingegen nur im Frühjahr.

Die Lage der Nachweise sowie auch die Losungsfunde, die sich letztendlich für die genetische Identifikation nicht eigneten, zeigt pro Jahreszeit die **Abb. 27**. Die Nachweise jedes einzelnen Individuums im Verlauf der vier Erhebungen zeigen die **Abb. 28 - 30**.

Die weiblichen Otter GB_W1 und GB_W2 sind Schwestern. Weiters ist das Männchen GB_M2 ein Männchen mit vielen Verwandten: er ist sowohl mit dem Weibchen GB_W3, dem Weibchen NP_W1 am Neustiftgraben und dem Weibchen ST_W1 an der Steyr geschwisterlich verwandt. Weiters sind GB_M1 und GB_W1 die Eltern von GB_M3.

GB_W1 war im unteren Bereich, ihre Schwester hingegen im oberen (weiter südlich) gelegenen Bereich nachweisbar. Das dritte Weibchen (GB_W3) war nur oberhalb der Klause nachzuweisen. Der männliche Otter GB_M1 ließ sich im unteren Bereich ähnlich GB_W1 nachweisen. Das Männchen GB_M2 nutzte fast das gesamte U-Gebiet. GB_M3 war hingegen nur mit einem Nachweis im untersten Bereich des U-Gebietes vertreten.

Tab. 9: Nachgewiesene Otterindividuen im U-Gebiet Großer Bach - Reichraming (W = weiblich, M = männlich)

Otter	Herbst	Winter	Frühling	Sommer
GB_W1	x	x		x
GB_W2	x	x		
GB_W3			x	x
GB_M1	x			
GB_M2	x	x	x	x
GB_M3			x	

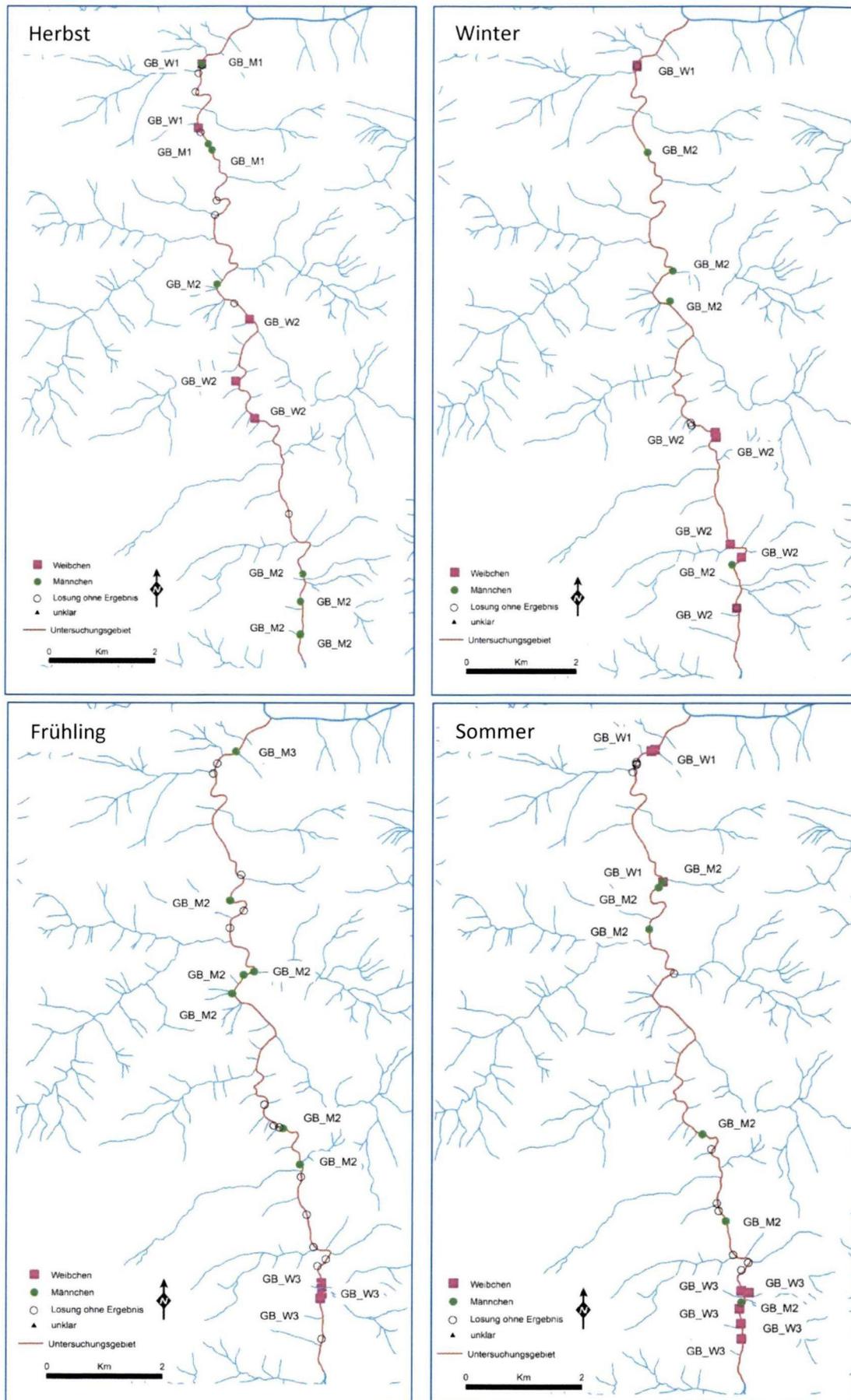


Abb. 27: Großer Bach - Reichraming – Ergebnisse der vier Erhebungen

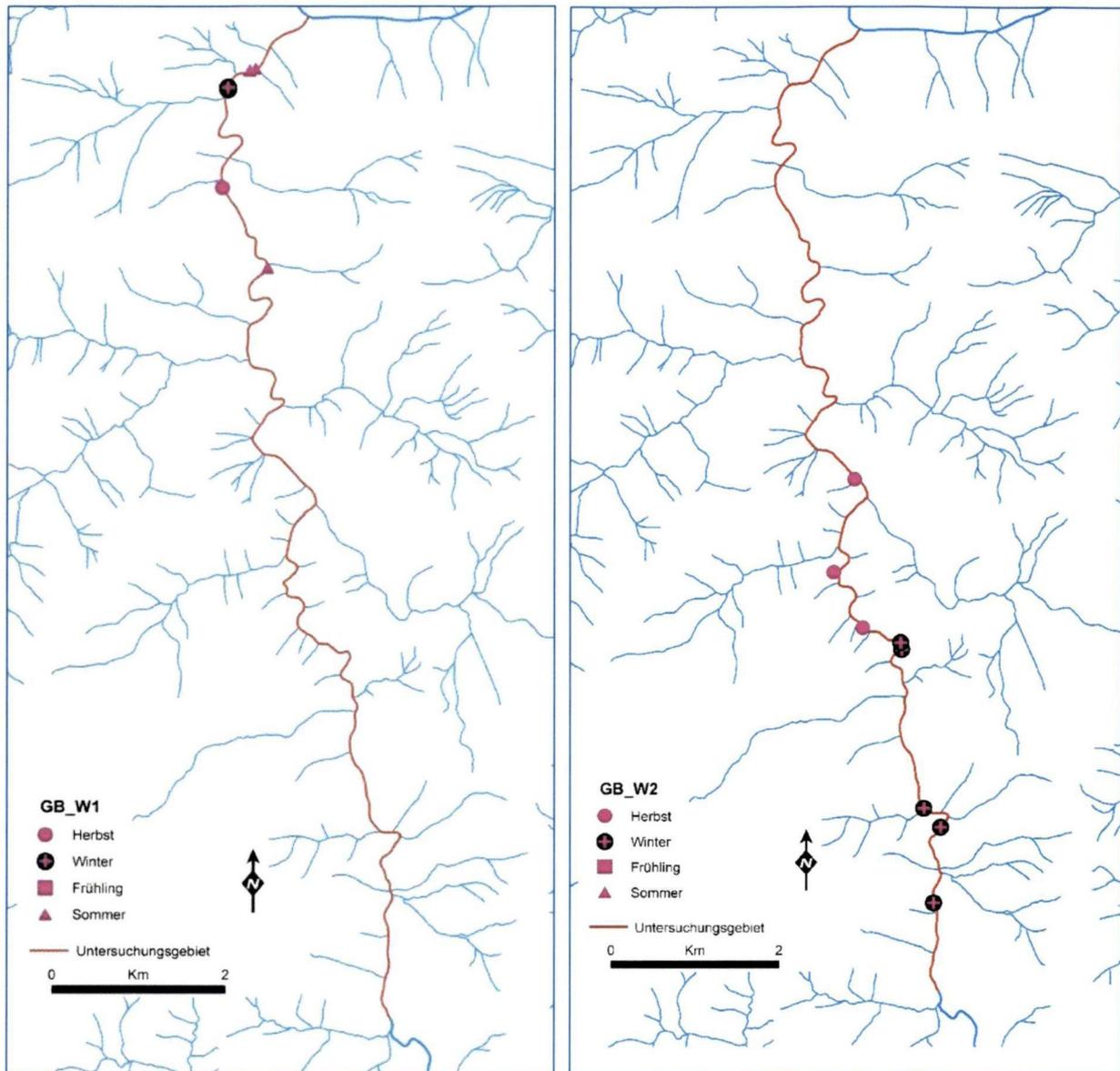


Abb. 28: Nachweise von zwei weiblichen Ottern im Laufe der vier Erhebungen

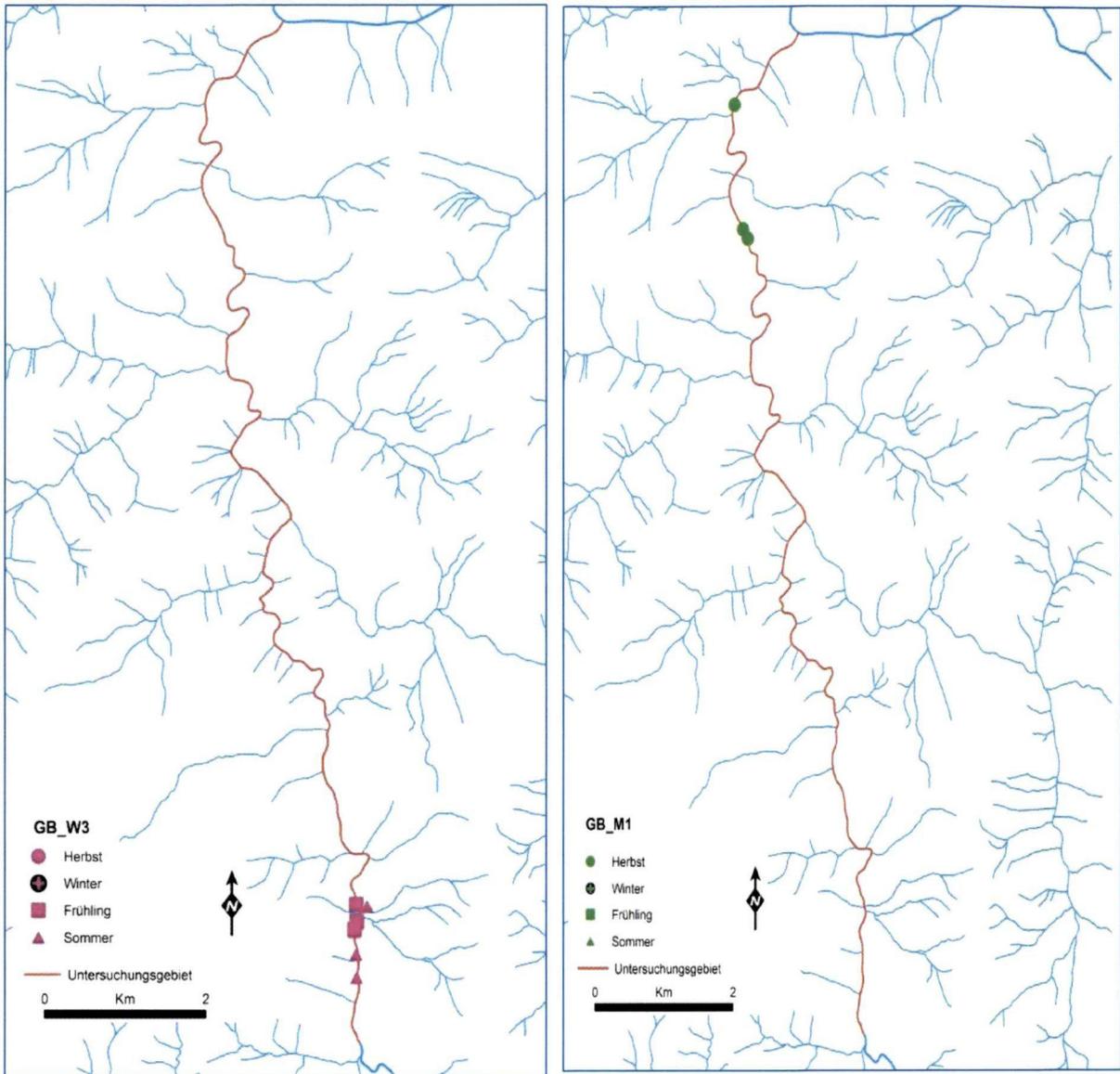


Abb. 29: Nachweise eines weiblichen und eines männlichen Otters im Laufe der vier Erhebungen

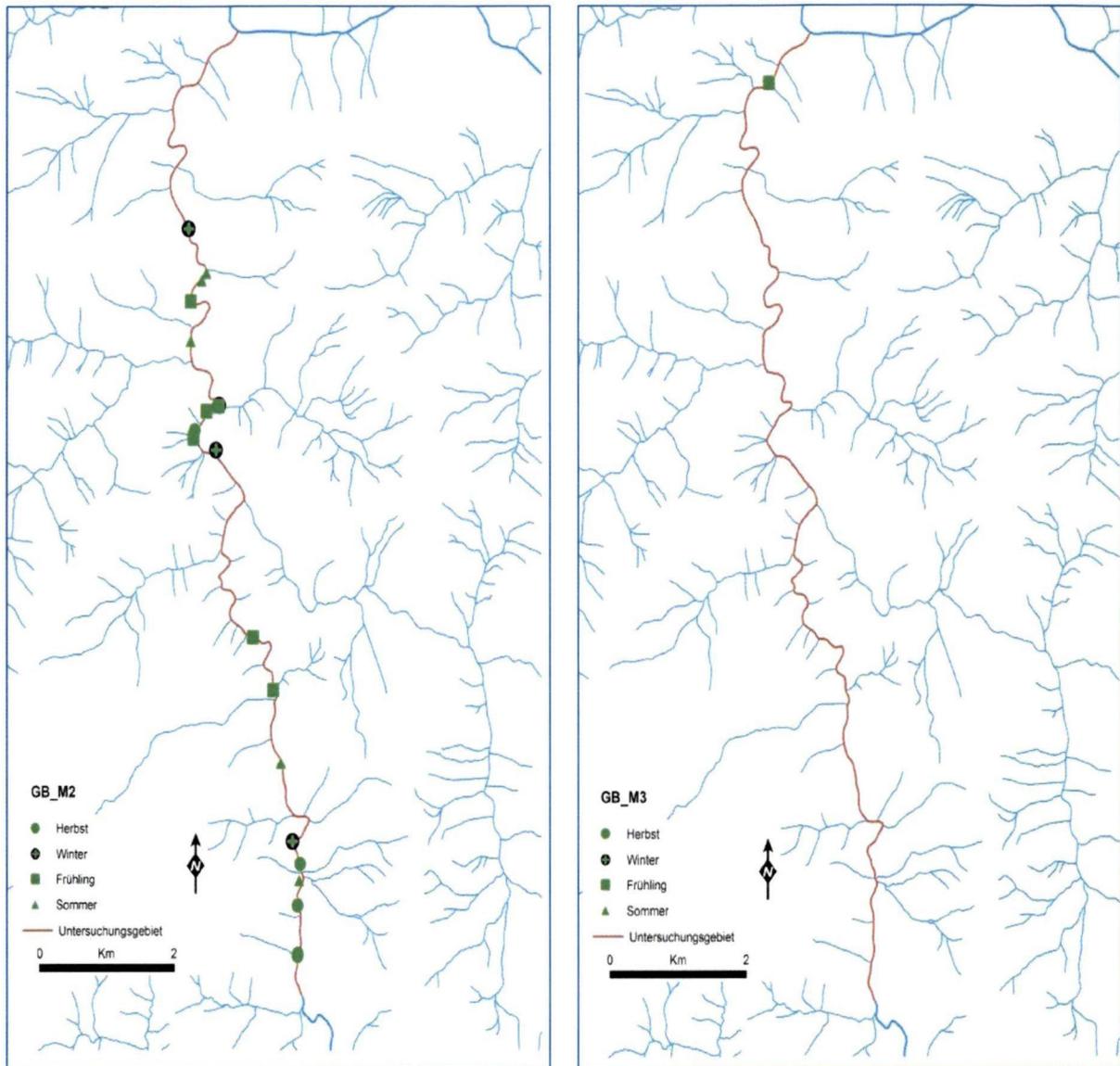


Abb. 30: Nachweise zweier männlicher Otter im Laufe der vier Erhebungen

3.6 Neustiftgraben und Pechgraben

Im Untersuchungsgebiet Neustiftgraben - Pechgraben wurden im Zuge der vier Erhebungen ein weiblicher und zwei männliche Otter registriert (Tab. 10). Der weibliche Otter (NP_W1) und der männliche NP_M1 waren bei jeder Erhebung nachweisbar.

Die Lage der Nachweise sowie auch die Losungsfunde, die sich letztendlich nicht für die genetische Identifikation eigneten, zeigen pro Jahreszeit die **Abb. 31 & Abb. 32**. Die Nachweise jedes einzelnen Individuums im Verlauf der vier Erhebungen zeigt die **Abb. 33**.

Zwischen den beiden Männchen NP_M1 und NP_M2 besteht eine Vater-Sohn Beziehung, wer Vater bzw. Sohn ist, kann man nicht sagen. Das Weibchen NP_W1 ist mit beiden Männchen nicht verwandt, ist aber eine Schwester des an der Reichraming nachgewiesenen Männchens GB_M2.

Der weibliche Otter NP_W1 und der männliche NP_M1 waren am Neustiftgraben vom Oberlauf bis zum Zusammenfluss nachzuweisen, weiters am Pechgraben von dessen Mündung aufwärts bis zum Zusammenfluss von Pechgraben und dem Ahorngrabenbach. An diesem selbst konnten auch keine alten Losungen gefunden werden. Das zweite männliche Tier, NP_M2, war ausschließlich am Pechgraben nachweisbar.

Tab. 10: Nachgewiesene Otterindividuen im U-Gebiet Neustift – Pechgraben (W = weiblich, M = männlich)

Otter	Herbst	Winter	Frühling	Sommer
NP_W1	x	x	x	x
NP_M1	x	x	x	x
NP_M2	x	x		x

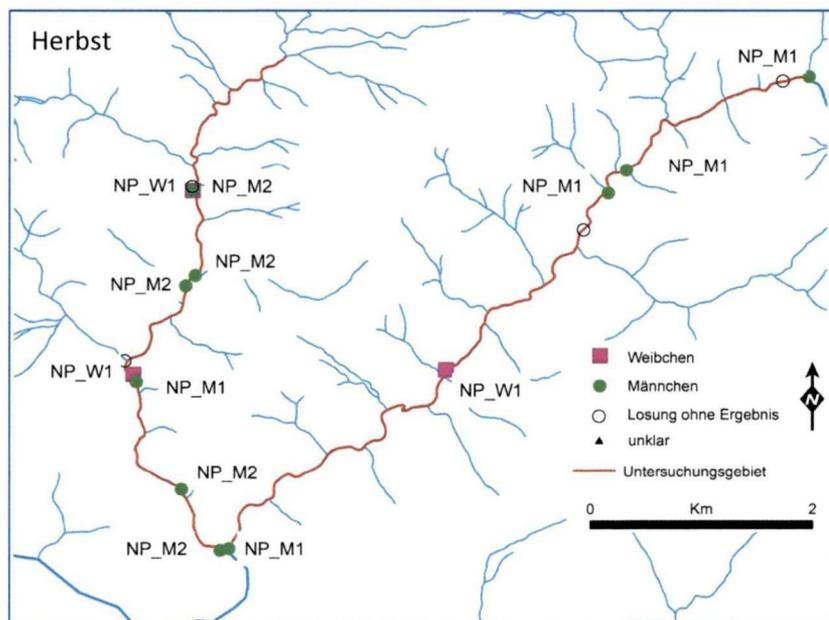


Abb. 31: Ergebnis der Herbstenerhebung im U-Gebiet Neustiftgraben - Pechgraben

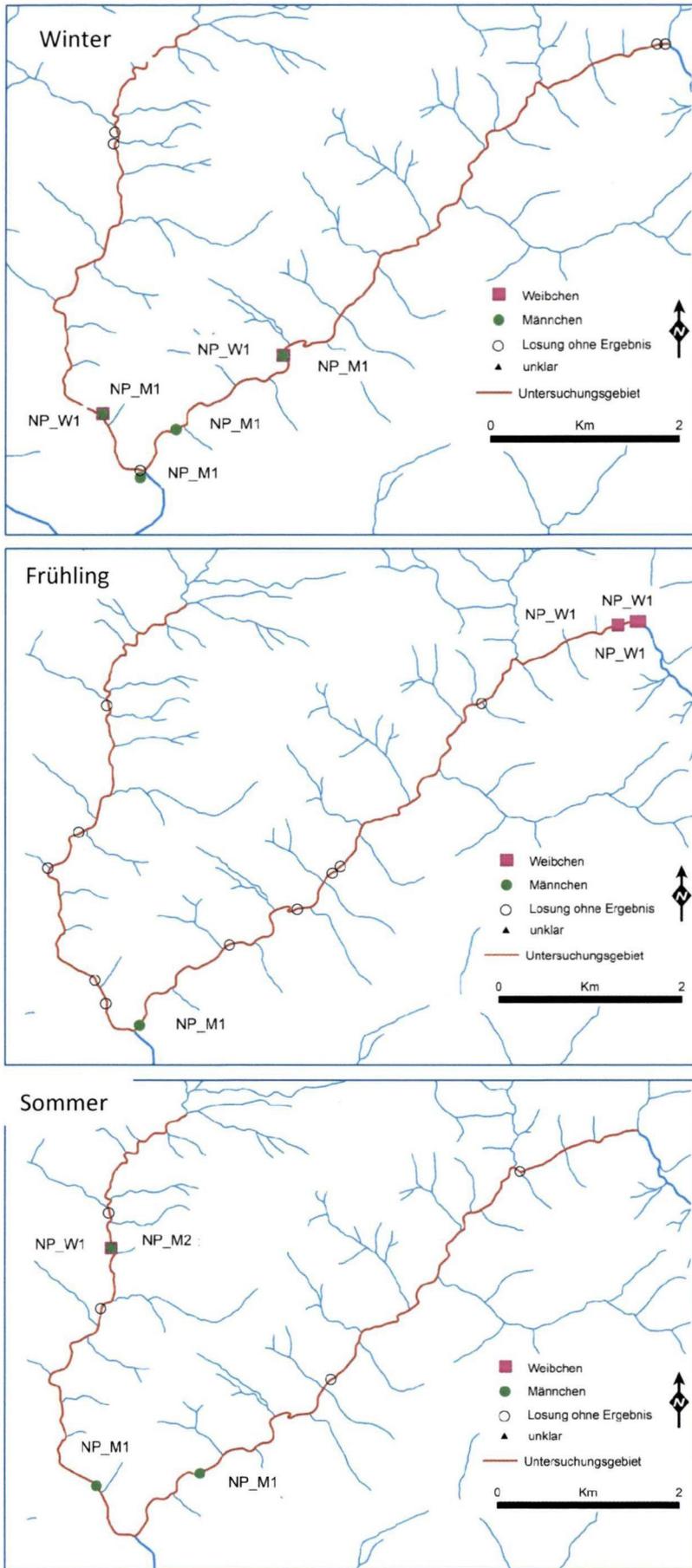


Abb. 32: Ergebnis der Winter-, Frühling- und Sommererhebung im U-Gebiet Neustiftgraben - Pechgraben

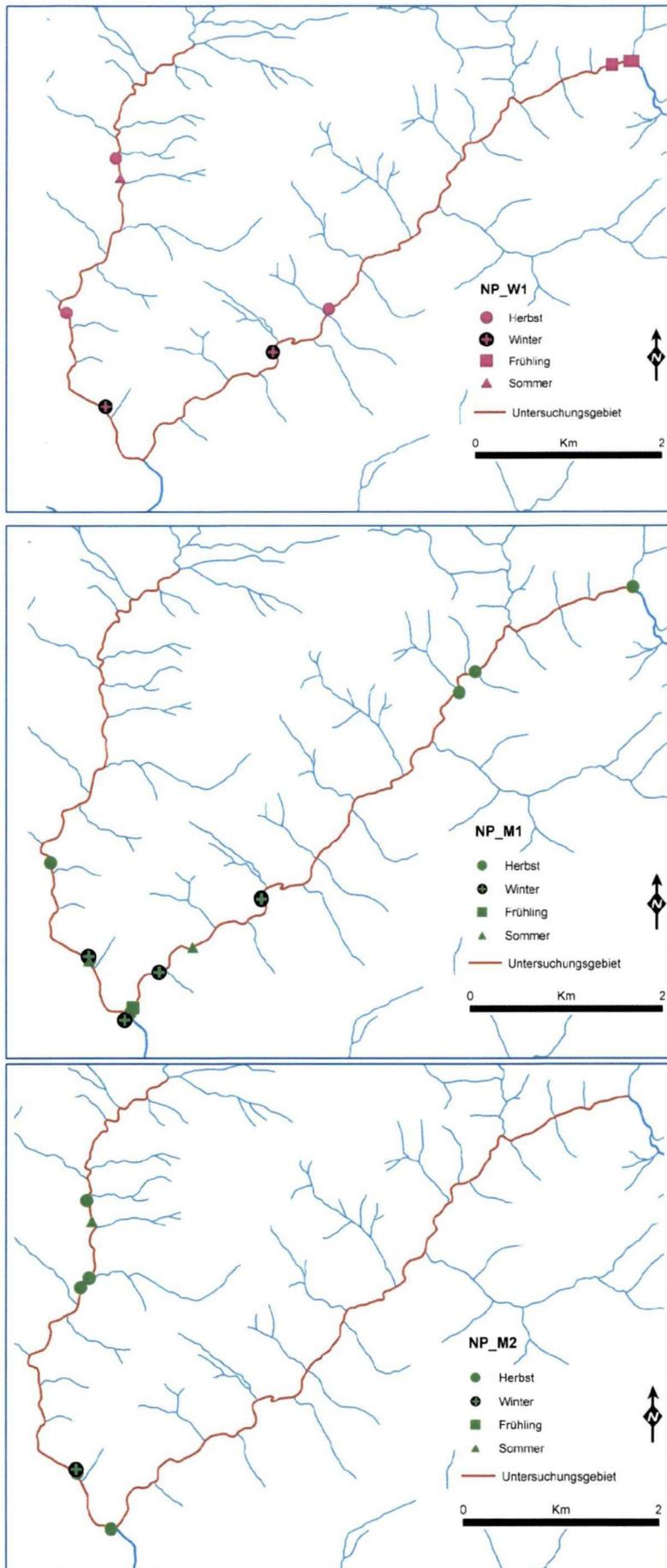


Abb. 33: Nachweise der drei Otter im Laufe der vier Erhebungen

4. Diskussion

Fischotter haben an Fließgewässern auf Grund ihres linearen Lebensraumes vergleichsweise lange Streifgebiete. Die diesbezüglich jüngste und geographisch nächste Studie im Bereich Kapfenberg (Mürz, Mur und Zuflüsse) ergab für sieben besenderte weibliche Otter Streifgebietsgrößen von im Durchschnitt $16,1 \pm 3,4$ km und für drei Männchen im Durchschnitt $28,3 \pm 2,9$ km (Weinberger et al. 2016), wobei hier auch subadulte Tiere subsumiert sind, die oftmals deutlich kleinere Streifgebiete haben als Revierinhaber. Telemetriestudien im Waldviertel und angrenzenden Tschechien (Kranz 1995, Poledník 2005) haben gezeigt, dass sich Streifgebiete jedenfalls im hochplateauartigen Hügelland wie dem Wald- und Mühlviertel auch über Wasserscheiden hinweggehen, Otter also regelmäßig unterschiedliche Gewässer nutzen und dabei über Land wandern.

Die Streifgebiete der Otter beschränken sich nicht auf die Hauptgewässer, sondern umfassen auch Zuflüsse, Stillgewässer und andere Feuchtbiootope, wo potentielle Nahrung der Otter zu finden ist.

In der gegenwärtigen Studie wurde daher der Otterbestand nicht im gesamten Lebensraum eines oder mehrerer Individuen erfasst, sondern nur in einem Teilbereich, der auf Grund seiner Größe und Lage und die Zuflüsse verbindenden Funktion eine zentrale Rolle einnimmt bzw. einnehmen kann. Die genetischen Analysen haben gezeigt, wie viele Individuen in diesen Teilbereichen der Otterlebensräume nachzuweisen waren.

Im Folgenden wird gutachterlich eingeschätzt, welcher Anteil der Otterpräsenz auf die jeweiligen Untersuchungsgebiete entfallen dürfte. Diese gutachterliche Annäherung zielt darauf ab, die Einzelergebnisse der jeweiligen Individuen zusammenzufassen und einen summarischen Überblick (Tab. 11 bis Tab. 16) der Otterpräsenz für die jeweiligen U-Gebiete zu schaffen. Würde sich ein Otter ausschließlich im vorgegebenen Untersuchungsgebiet aufhalten, würde die Otterpräsenz für dieses Tier eins (1) betragen. Davon ist aber in keinem der 42 nachgewiesenen Otter auszugehen, weshalb die gutachterliche Schätzung stets kleiner als 1 ist (siehe Tab. 11 bis 16).

Die gutachterlichen Abschätzungen sind mit einem entsprechenden Unsicherheitsfaktor versehen. Für eine belastbarere Abschätzung der Otterpräsenz (Otternächte) wäre es nötig sowohl das gesamte Lebensraumangebot in einem Teilgebiet zu kennen und zu quantifizieren als auch diese Bereiche in die Probensuche für genetische Analysen einzubeziehen. Im gegenständlichen Projekt waren nur die definierten Abschnitte der Hauptgewässer zu untersuchen.

Bei nachfolgender Einschätzung der Otterpräsenz wurden folgende Parameter berücksichtigt:

- die Länge des genutzten Bereiches, auf Basis der genetischen Nachweise,
- das Alter bzw. der Status des Individuums anhand der Verwandtschaftsverhältnisse,
- die Anzahl der Jahreszeiten, in denen das Individuum nachgewiesen worden ist,
- die offensichtliche Nutzung anderer Lebensräume außerhalb des Untersuchungsgebietes, namentlich das Hauptgewässer oberhalb oder unterhalb des Untersuchungsgebietes, größere Zuflüsse innerhalb des Untersuchungsgebietes sowie Teiche im Einzugsgebiet der Untersuchungsgebiete.

Bei der gutachterlichen Berücksichtigung der genutzten Länge wurden drei Kategorien unterschieden: weite, kurze Strecken bzw. die lediglich einmalige Lage eines Nachweises im Verlauf der vier Erhebungen. Auf eine Vermessung der Länge der Streckenabschnitte innerhalb eines Untersuchungsgebietes wurde bewusst verzichtet, weil dies eine Genauigkeit vorgetäuscht hätte, die hier nicht gegeben ist.

Das Alter bzw. der Status eines Individuums ist insofern für die Ermittlung der Otterpräsenz relevant als die Nachweise von offensichtlich juvenilen Tieren mit denen ihrer Muttertiere zusammengefasst werden können und sich das Streifgebiet innerhalb des Untersuchungsgebietes erweitern kann. Der Status jedes einzelnen Individuums wurde anhand aller vorliegenden genetischen bzw. verwandtschaftlichen Informationen mit B. Cocchiararo beurteilt und einem Alter zugeordnet.

Einzelfälle, bei denen beispielsweise der Status eines Individuums nicht eindeutig zu bestimmen war oder die Zugänglichkeit zu Fischteichen im Bereich des U-Gebietes nicht einschätzbar war, sind in den nachfolgenden Tabellen mit einem Fragezeichen versehen.

Im ersten Schritt wurde die sich aus den einzelnen Parametern ergebende Otterpräsenz von A. Kranz und L. Poledník unabhängig voneinander bestimmt. In einem zweiten Schritt wurden diese Bewertungen verglichen und allfällige Unterschiede bis zur Bildung eines Konsensuswertes erörtert. In den folgenden Teilkapiteln werden nun die Otter und deren Präsenz (Anwesenheit) für die einzelnen Teilgebiete behandelt.

4.1 Waldaist

Im Untersuchungsgebiet der Waldaist wurden im Verlauf der vier Erhebungen insgesamt fünf weibliche und drei männliche Otter nachgewiesen.

Die Nachweise des adulten Weibchens WA_W1 erstrecken sich nur auf einen relativ kleinen Bereich des U-Gebietes (siehe Abb. 6), der Großteil ihres Streifgebietes liegt offensichtlich außerhalb desselben. Dies könnte auch der Grund sein, warum sie im Sommer nicht nachgewiesen worden ist: unter Umständen hatte sie die Tage vor der Erhebung nicht in diesem Bereich des Streifgebietes verbracht, aber es kann natürlich auch nicht ausgeschlossen werden, dass das Tier verstorben ist, eine Abwanderung ist unwahrscheinlich, da sie bereits erwachsen ist (sie hat den Sohn GR_M7, siehe auch Anhang).

WA_W2 ist ein Jungtier bzw. dann ein subadultes Weibchen, die Mutter ist WA_W3. Es gelangen drei Nachweise im Herbst und einer im Frühjahr. Im Herbst waren die beiden Tiere noch im Familienverband. Die Nachweise beschränken sich auf das gleiche Gebiet im Zentrum des U-Gebietes. Der Großteil ihres Streifgebietes liegt möglicher Weise zu einem Gutteil im Einzugsgebiet der westlich gelegenen Feldaist. An dieser Stelle sei vermerkt, dass am unteren Ende des Untersuchungsgebietes ganz generell extrem wenig Otteraktivität zu verzeichnen war, obwohl es dort im Bereich einer Wehranlage einen sehr guten Zwangswechsel gibt. Warum die untersten ca. 2,3 km von Ottern so wenig genutzt werden, ist unklar.

Das adulte Weibchen WA_W3 war durch mehr Nachweise und während dreier Erhebungen im ähnlichen Abschnitt wie ihre Tochter WA_W2 nachweisbar. Auch bei diesem Tier muss ein Gutteil des Streifgebietes außerhalb des Untersuchungsgebietes liegen.

WA_W4 ist die Mutter des Männchens SM_M5. Sie war nur im Winter und Frühling nachweisbar, die Nachweise liegen in der oberen Hälfte des U-Gebietes, ein Teil ihres Streifgebietes liegt offensichtlich nicht im U-Gebiet.

WA_W5 ist die Mutter der Schwestern WA_W1 und WA_W4. Die Nachweisorte liegen auch im Bereich der beiden adulten Töchter, sie konnte allerdings nur im Frühling und Sommer nachgewiesen werden. Ganz wesentliche Bereiche ihres Streifgebietes liegen daher vermutlich an Zuflüssen wie dem Klausbach, dem Fehrerhoferbach und zahlreichen Fischteichen an diesen und anderen kleineren Zuflüssen.

WA_M1 war bei allen vier Erhebungen mehrmals im selben Bereich nachweisbar. Er ist Vater von WA_W2 und nutzt weite Teile des U-Gebietes, kleinere Teile seines Streifgebietes liegen aber außerhalb im Bereich von Zuflüssen in die Waldaist sowie an Teichen ebendort.

Die Nachweise von WA_M2 beschränken sich auf den obersten Bereich des U-Gebietes. Sein Streifgebiet liegt vermutlich zum Gutteil am Stämpfenbach und an der Waldaist oberhalb des U-Gebietes. Er war im Herbst und Winter mit zwei Proben nachzuweisen, im Frühjahr nur mit einer und im Sommer mit fünf. Es handelt sich daher dabei um ein im Bezugszeitraum permanent anwesendes Tier.

WA_M3 ist nur mit einem einzigen Nachweis belegt, er stammt vom Frühjahr und stellt den südlichsten aller genetischen Nachweise im U-Gebiet der Waldaist dar. Es handelt sich hierbei offensichtlich um ein durchwanderndes Individuum.

In Tabelle 11 werden die wesentlichen Anwesenheits- und Lebensraumparameter für das U-Gebiet der Waldaist angeführt und die Otterpräsenz dort entsprechend der räumlichen Verteilung und dem jahreszeitlichen Auftreten geschätzt.

Tab.11: Anwesenheitsparameter und Schätzung der Otterpräsenz im U-Gebiet der Waldaist (Status: ad = adult = erwachsen = >24 Monate alt; sub = subadult = halbwüchsig = 12-24 Monate alt; juv = juvenil = Jungtier weniger als 12 Monate alt; trans = transient = durchwandernd)

	Status	im U-Gebiet	Jahreszeiten	offensichtlich außerhalb des U-Gebietes			Präsenz 0 - 1
				am Hauptgew.	an großen Zuflüssen	an Teichen	
WA_W1	ad	kurz	3	X	X	X	0,4
WA_W2	juv-sub	kurz	2	?	X	X	0,4
WA_W3	ad	weit	3	?	X	X	0,7
WA_W4	ad	weit	2	X	X	X	0,3
WA_W5	ad	kurz	2		X	X	0,2
WA_M1	ad	weit	4		X	X	0,8
WA_M2	sub-ad	kurz	4	X	X	X	0,3
WA_M3	trans	einmal	1	X	X	X	0,1
							3,2

In diesem U-Gebiet dominierte die Präsenz eines dominanten Männchens (WA_M1), weiters wurde in dem Gebiet nur ein Weibchen (WA_W3) mit einem Jungtier nachgewiesen. Weiters waren drei erwachsene Weibchen ohne Jungtiere nachzuweisen. Auch wenn man vom eher ungünstigen Fall ausgeht, dass Weibchen nur jedes zweite Jahr tatsächlich Junge haben, so ist der Reproduktionserfolg in diesem Gebiet sehr gering. Offensichtlich sind die Nahrungsbedingungen ungünstig, weshalb diese Weibchen entweder keine Jungen bekommen oder aber diese bald verloren haben. Die Nachweise von zwei adulte Schwestern (WA_W1 und WA_W4) und deren Mutter WA_W5 im selben Gebiet sind ungewöhnlich. Die permanente Präsenz eines jüngeren Männchens (WA_M2) sowie das Durchwandern eines anderen Männchens (WA_M3) sind nicht ungewöhnlich.

4.2 Steinerne Mühl

Im Untersuchungsgebiet der Steinernen Mühl wurden im Verlauf der vier Erhebungen insgesamt fünf weibliche und sechs männliche Otter nachgewiesen.

SM_W1 wurde nur im Herbst und nur ganz im Oberlauf des U-Gebietes nachgewiesen. Es handelt sich aber um ein adultes Tier, da es mit GR_M4 bereits einen Nachkommen, GR_M6 hat. Ganz offensichtlich liegt der Großteil des Territoriums dieses Weibchens außerhalb des U-Gebietes, vermutlich erstreckt es sich über den Weißenbach Richtung Bad Leonfelden und dort an den Amesschläger- bzw. Steinbach, beides Zuflüsse zur Großen Rodl, wo GR_M4 im Oberlauf des U-Gebietes ebenso wie der bereits erwachsene Sohn GR_M6 nachgewiesen werden konnten.

SM_W2 war in einem größeren Bereich im Herbst, Winter und Frühling nachweisbar. Es ist ein adultes Weibchen und hat den Sohn SM_M2. Ein Teil ihres Streifgebietes liegt sicherlich außerhalb des U-Gebietes.

SM_W3 nutzte ähnlich wie SM_W2 einen größeren Bereich des U-Gebietes, allerdings räumlich versetzt flussabwärts. Es handelt sich bei SM_W3 um die Tochter des Weibchens SM_W5, es ist aber

unwahrscheinlich, dass es sich dabei um ein Jungtier handelt, der Familienverband scheint bereits aufgelöst zu sein. Ein Teil ihres Streifgebietes liegt sicherlich außerhalb des U-Gebietes.

Bei dem im Frühling und Sommer festgestellten Weibchen SM_W4 handelt es sich um die Mutter des juvenilen SM_M3. Ihr Revier liegt großteils außerhalb des U-Gebietes, offensichtlich an der Großen Mühl.

SM_W5 ist einerseits ein adultes Tier (Mutter von SM_W3) und damit ein Tier mit Territorium, andererseits konnte es nur im Sommer mitten im U-Gebiet festgestellt werden. Offensichtlich liegt der weit überwiegende Großteil ihres Revieres nicht im U-Gebiet. Ihr Hauptgebiet liegt vermutlich, verbunden über Zuflüsse (Pürwaldbach) im mittleren Bereich des U-Gebietes im Einzugsgebiet der Gr. Mühl (Fleckbach) südlich oder an Fließgewässern in Tschechien (Scheidelbach, selbst Zufluss zur Steineren Mühl im Oberlauf).

SM_M2 war im Herbst, Winter und Frühling offensichtlich noch im Familienverband mit der Mutter SM_W2. Im Sommer waren sich nicht mehr gemeinsam nachweisbar und die Nachweise des Männchens lagen außerhalb des bekannten Streifgebietes der Mutter. Ein Teil seines Streifgebietes liegt sicherlich außerhalb des U-Gebietes.

SM_M3 war nur im Herbst und Winter im Unterlauf nachweisbar, er ist der Sohn von SM_W4 und war im Beobachtungszeitraum offensichtlich mit der Mutter unterwegs, also juvenil. Sein Revier liegt großteils außerhalb des U-Gebietes, offensichtlich an der Großen Mühl.

SM_M4 ist ein adultes Männchen (Vater von SM_W3), konnte aber nur im Herbst und Winter im unteren Bereich des U-Gebietes nachgewiesen werden. Sein Territorium liegt weit überwiegend außerhalb des U-Gebietes, vermutlich an der Gr. Mühl.

SM_M5 wurde nur im Winter und nur über eine Probe nachgewiesen, ist aber ein adultes Tier, da Vater von SM_W2 und seine Mutter lebt an der Waldaist. Ganz offensichtlich liegt sein Streifgebiet weitgehend außerhalb des U-Gebietes.

SM_M6 konnte ebenfalls nur im Winter und nur über eine Probe und am selben Ort wie SM_M5 nachgewiesen, die beiden Männchen sind nicht verwandt. SM_M6 ist auch mit keinem der anderen identifizierten Individuen näher verwandt. Auch hier gilt, dass sein Streifgebiet weit außerhalb des U-Gebietes liegen muss.

SM_M7 ist ebenfalls mit niemandem näher verwandt und konnte in einem kleinen Bereich des U-Gebietes im Frühling wie Sommer nachgewiesen werden, auch sein Streifgebiet muss weitgehend außerhalb des U-Gebietes liegen.

In Tabelle 12 werden die wesentlichen Anwesenheits- und Lebensraumparameter für das U-Gebiet der Steinernen Mühl angeführt und die Otterpräsenz entsprechend der räumlichen und jahreszeitlichen Verteilung geschätzt.

Im Untersuchungsgebiet der Steinernen Mühl dominierte kein adultes Männchen das Gebiet. Dies könnte auch der Grund sein, warum in diesem Gebiet so eine große Anzahl von subadulten bzw. adulten Männchen nachgewiesen werden konnten. In diesem Gebiet hat es weiters zwei Weibchen gegeben, die jedes wiederum nur ein Jungtier geführt haben (SM_W2 & SM_M2 sowie SM_W4 & SM_M3). Die Familie von SM_W2 nutzte weite Bereiche des U-Gebietes, die Familie von SM_W4 hingegen nur randlich. Darüber hinaus gibt es noch ein jüngeres Weibchen, das 2016 keine Jungen hatte, vielleicht noch nie Junge hatte. Weiters gibt es ein weiteres adultes Weibchen, das das Gebiet nur ganz randlich genutzt hat und das nur im Sommer 2017 nachgewiesen werden konnte; hier bleibt ungewiss, ob dieses Tier 2016 Junge führte oder nicht, jedenfalls nicht in diesem U-Gebiet. Der Anteil reproduzierender Weibchen lag bei 50%, allerdings hatten beide nur jeweils ein Junges. Demnach war der Reproduktionserfolg an der Steinernen Mühl gering, wenn auch etwas besser als an der Waldaist. Er erscheint typisch für Bedingungen mit angespannten Nahrungsbedingungen.

Tab.12: Zusammenfassung wesentlicher Anwesenheitsparameter und gutachterliche Schätzung der Otterpräsenz im Untersuchungsgebiet der Steinernen Mühl

	Status	im U-Gebiet	Jahreszeiten	offensichtlich außerhalb des U-Gebietes			Gesamtpräsenz 0 - 1
				am Hauptgew.	an großen Zuflüssen	an Teichen	
SM_W1	ad	kurz	1	X	X	X	0,1
SM_W2	ad	weit	3		X	X	0,7
SM_W3	sub ?	weit	3		X	X	0,7
SM_W4	ad	kurz	2	X	X	X	0,2
SM_W5	ad	kurz	1		X	X	0,1
SM_M2	juv & sub	weit	4	?	X	X	0,8
SM_M3	juv	kurz	2	X	X	X	0,2
SM_M4	ad	kurz	2	X	X	X	0,2
SM_M5	ad	einmal	1	X	X	X	0,1
SM_M6	sub-ad	einmal	1	X	X	X	0,1
SM_M7	ad?	kurz	2	X	X	X	0,1
							3,3

4.3 Große Rodl

Im Untersuchungsgebiet der Großen Rodl wurden im Verlauf der vier Erhebungen insgesamt vier weibliche und sieben männliche Otter nachgewiesen.

Das Weibchen GR_W1 (eine Verwandtschaft 1. Grades mit SM_M4 kann nicht ausgeschlossen werden) konnte zu jeder Jahreszeit im untersten Bereich des U-Gebietes nachgewiesen werden. Da es mit keinem der bekannten Individuen dieses U-Gebietes verwandt ist, dürfte es sich um ein adultes Weibchen ohne Nachwuchs im Untersuchungszeitraum handeln. Ihr Streifgebiet liegt offensichtlich weit überwiegend unterhalb des U-Gebietes an der Gr. Rodl.

GR_W2 konnte im Herbst mitten im U-Gebiet, im Winter nur am äußersten obersten Rand des U-Gebietes nachgewiesen werden. Es handelt sich um ein adultes Weibchen, da es einen Sohn, GR_M1, hat. Die Verteilung der Fundpunkte deutet darauf hin, dass beide noch im Familienverband lebten. Einerseits belegen die wenigen Nachweise, dass dieses Weibchen samt dem Jungen einen recht großen Teil des U-Gebietes abdecken, andererseits sprechen das Fehlen von Nachweisen beider Individuen im Frühling und Sommer und die äußerste Randlage (ganz am oberen Ende des U-Gebietes) der Winternachweise dafür, dass ein ganz erheblicher Teil ihrer Streifgebiete außerhalb des U-Gebietes liegen muss, es sei, denn beide Tiere wären nach der Wintererhebung verstorben, was entsprechend unwahrscheinlich ist.

GR_W3 ist offensichtlich adult, weil es die Vollschwester von GR_W4 ist, die bereits einen ebenfalls bereits adulten Nachwuchs (GR_M4) hat. GR_W3 war nur im Frühling mitten im Untersuchungsgebiet an einer Stelle nachweisbar. Wo ihr übriges Streifgebiet liegt, bleibt unklar.

GR_W4 ist ein altes Weibchen, Mutter von GR_M4, Großmutter von GR_M6 und Urgroßmutter von GR_M3 und GR_W2. Sie war aber nur im Sommer ganz im Oberlauf nachweisbar. Ganz offensichtlich liegt ihr Territorium oberhalb des Untersuchungsgebietes.

GR_M1 ist der Sohn von GR_W2, die wie bereits erwähnt offensichtlich noch im Familienverband lebten, weshalb bezüglich der räumlichen und zeitlichen Nutzung des U-Gebietes durch dieses Individuum auf die Ausführungen bei GR_W2 verwiesen werden kann.

GR_M3 ist der Sohn von GR_M6, aber die Mutter ist unbekannt. Offensichtlich war es nicht mehr juvenil und hatte sich von der Mutter bereits gelöst. Dieses Tier konnte im Herbst und Winter mit vielen Nachweisen über weite Bereiche des U-Gebietes nachgewiesen werden, im Frühling und Sommer gab es keine Nachweise mehr. Es ist unklar, ob dieses Tier gestorben ist oder seine Raumnutzung geändert hat.

GR_M4 ist ein adultes Männchen, es hat mit dem Weibchen SM_W1 ein Jungtier und war im Herbst, Winter und Frühling im oberen bzw. obersten Bereich des U-Gebietes nachweisbar. Offensichtlich liegt der Großteil seines Streifgebietes außerhalb/oberhalb des U-Gebietes.

GR_M5 war nur im Winter und Frühling im unteren und untersten Bereich des U-Gebietes nachweisbar. Offensichtlich liegt der Großteil seines Streifgebietes außerhalb/unterhalb des U-Gebietes.

GR_M6 ist ein adultes Tier, da Vater von GR_W2 und GR_M3. Er war allerdings nur im Winter und Frühling im obersten Bereich des U-Gebietes nachweisbar, was klar dafürspricht, dass der Großteil seines Streifgebietes oberhalb des U-Gebietes liegen muss.

Auch GR_M7 ist ein adultes Tier, da es mit GR_W2 den Nachkommen GR_M1 hat. Seine Mutter (WA_W1) wurde übrigens an der Waldaist festgestellt. Dieses Männchen konnte allerdings nur im Frühling und nur an zwei Stellen im oberen Bereich des U-Gebietes festgestellt werden. Der Großteil seines Streifgebietes muss außerhalb des U-Gebietes liegen.

GR_M8 ist offensichtlich mit niemandem näher verwandt und daher auch kein juveniles Tier. Er tauchte im Frühling mit einem einzigen Nachweis in der unteren Hälfte des U-Gebietes auf und war auch im Sommer noch an drei Stellen im mittleren Bereich des U-Gebietes nachweisbar.

In Tabelle 13 werden die wesentlichen Anwesenheits- und Lebensraumparameter für das U-Gebiet der Großen Rodl angeführt und die Otterpräsenz entsprechend der räumlichen und jahreszeitlichen Verteilung geschätzt.

Tab. 13: Zusammenfassung wesentlicher Anwesenheitsparameter und gutachterliche Schätzung der Otterpräsenz an der Großen Rodl

	Status	im U-Gebiet	Jahreszeiten	offensichtlich außerhalb des U-Gebietes			Gesamtpräsenz 0 - 1
				am Hauptgewässer	an großen Zuflüssen	an Teichen	
GR_W1	ad?	kurz	4	X	X	X	0,3
GR_W2	ad	weit	2	X	X	X	0,3
GR_W3	ad	einmal	1	X	X	X	0,1
GR_W4	ad	einmal	1	X	X	X	0,1
GR_M1	juv	weit	2	X	X	X	0,3
GR_M3	sub-ad	weit	2	?	X	X	0,4
GR_M4	ad	kurz	3	X	X	X	0,3
GR_M5	sub	kurz	2	X	X	X	0,2
GR_M6	ad	kurz	2	X	X	X	0,2
GR_M7	ad	kurz	1	X	X	X	0,1
GR_M8	sub-ad	kurz	2	?	X	X	0,2
							2,5

Das vielleicht dominante und am weitesten das Gebiet der Gr. Rodl nutzende Männchen war GR_M3, es war aber nur bei den ersten beiden Erhebungen nachweisbar, dann nicht mehr. Es könnte aber auch sein, dass es ein subadultes Tier war, dass im Winter abgewandert ist. Die anderen fünf adulten oder

allenfalls subadulten Männchen waren nur in Randbereichen des U-Gebietes nachweisbar. Von den vier nachgewiesenen Weibchen im Gebiet waren drei sicher erwachsen, eines (GR_W1 möglicher Weise auch subadult), hatte nur eines ein Jungtier (GR_W2 mit GR_M1). Geht man davon aus, dass jedes Weibchen nur jedes zweite Jahr Nachwuchs hat, so liegt die Reproduktionsrate in diesem Untersuchungsgebiet unter dem Erwartungswert und wieder hatte das eine Weibchen nur ein Junges.

4.4 Steyr

Im Untersuchungsgebiet der Steyr wurden im Verlauf der vier Erhebungen ein weiblicher und zwei männliche Otter nachgewiesen. ST_M1 und ST_W1 sind die Eltern des zweiten Männchens, ST_M2. Über den Status von ST_M2 kann keine gesicherte Aussage getätigt werden, möglicher Weise lebte er noch im Familienverband mit der Mutter. Alle drei Tiere nutzten Bereiche oberhalb und unterhalb des Wasserfalls Strumboding, alle nutzen offensichtlich auch andere Gewässer als das gegenständliche U-Gebiet und alle drei waren nicht im U-Gebiet oberhalb des Dietlgutes nachweisbar. Beide adulten Tiere waren im Winter auch oberhalb von Hinterstoder nachweisbar und das Männchen ST_M1 war dort auch im Frühling und Sommer nachweisbar, obwohl dort am 28. Februar an zwei Befischungsstellen nur Fischbiomassen von 5,6 bzw. 1,4 kg festgestellt worden sind (Ratschan 2017).

In Tabelle 14 werden die wesentlichen Anwesenheits- und Lebensraumparameter und die Otterpräsenz entsprechend der räumlichen Verteilung und jahreszeitlichen Nachweise geschätzt.

Tab. 14: Zusammenfassung wesentlicher Anwesenheitsparameter und gutachterliche Schätzung der Otterpräsenz an der Steyr

	Status	im U-Gebiet	Jahreszeiten	offensichtlich außerhalb des U-Gebietes			Gesamtpräsenz 0 - 1
				am Hauptgewässer	an großen Zuflüssen	an Teichen	
ST_W1	ad	weit	3	X	X	?	0,6
ST_M1	ad	weit	4	X	X	?	0,6
ST_M2	sub?	weit	1-2	X	X	?	0,4
							1,6

Dieses Gebiet wird offensichtlich von einem Männchen und einem Weibchen genutzt, das Alter ihres gemeinsamen Nachwuchses (ST_M2) ist unklar. Die Verteilung der Nachweise von Mutter und Sohn deutete nicht daraufhin, dass diese noch im Familienverband waren.

4.5 Großer Bach - Reichraming

Im Untersuchungsgebiet Großer Bach – Reichraming wurden im Verlauf der vier Erhebungen drei männliche und drei weibliche Otter registriert.

GB_W1 ist die Mutter von GB_M3 und damit ein adultes Tier. Sie konnte im Herbst, Winter und Frühling im unteren Bereich des U-Gebietes nachgewiesen werden. Ein Gutteil ihres Revieres dürfte an der Enns liegen.

GB_W2 ist die Schwester von GB_W1, sie hatten aber klar voneinander getrennte Aufenthaltsbereiche. GB_W2 konnte allerdings nur im Herbst und Winter nachgewiesen werden, möglicherweise liegt ein Gutteil ihres Streifgebietes bzw. Revieres am Plaißabach, einem größeren Zufluss im mittleren Bereich des U-Gebietes.

GB_W3 war nur oberhalb der Klause, also im oberen bzw. obersten Bereich des U-Gebietes nachzuweisen und hat dort vermutlich zumindest das gesamte Einzugsgebiet des Großen Baches genutzt. Sie war allerdings nur im Sommer und Herbst nachweisbar, ist also entweder erst im Frühjahr

zugewandert oder aber war im Herbst und Winter im hinteren, oberen Gebieten des Großen Baches außerhalb des U-Gebietes unterwegs.

Das Männchen GB_M1 ist ein adultes Tier, da es der Vater von GB_M3 ist. Es war aber nur im Herbst und nur im unteren, bzw. untersten Bereich des U-Gebietes und hat daher den weitaus größten Teil seines Streifgebietes außerhalb des U-Gebietes, wohl an der Enns.

GB_M2 ist offensichtlich ein adultes Männchen, das zu jeder Jahreszeit mit Ausnahme des untersten Bereiches das gesamte Untersuchungsgebiet, aber auch den Oberlauf oberhalb des U-Gebietes sowie diverse Zuflüsse wie Plaißabach genutzt hat.

GB_M3 konnte nur im Frühjahr und nur im untersten Bereich des U-Gebietes festgestellt werden. Sein Alter ist unklar, möglicherweise ist es ein subadultes Tier, falls es stationär lebt, so erstreckt sich sein Streifgebiet weitestgehend auf Bereiche außerhalb des U-Gebietes.

In Tabelle 15 werden wiederum die wesentlichen Anwesenheits- und Lebensraumparameter für das U-Gebiet angeführt und die Otterpräsenz entsprechend der räumlichen und jahreszeitlichen Verteilung geschätzt.

Tab. 15: Zusammenfassung von Anwesenheitsparametern und gutachterliche Schätzung der Otterpräsenz am Großen Bach – Reichraming.

	Status	im U-Gebiet	Jahreszeiten	offensichtlich außerhalb des U-Gebietes			Gesamtpräsenz 0 - 1
				am Hauptgew.	an großen Zuflüssen	an Teichen	
GB_W1	ad	kurz	3	X	X	?	0,3
GB_W2	ad	weit	2	X	X	?	0,4
GB_W3	sub?-ad	weit	2	X			0,4
GB_M1	ad	kurz	1	X		?	0,1
GB_M2	ad	weit	4	X	X		0,7
GB_M3	sub?	einmal	1	X		?	0,1
							2,0

In diesem U-Gebiet gab es ein dominantes Männchen (GB_M2), das den Großteil des Gebietes kontrollierte und damit die Aufenthaltsbereiche zweier Weibchen (GB_W2 und GB_W3) exklusiv abdeckte. Mit dem dritten Weibchen gab es eine leichte räumliche Überschneidung. Unterhalb des Streifgebietes dieses Männchens war ein zweites adultes Männchen anwesend (GB_M1). Ganz im Unterlauf war noch ein offensichtlich junges Männchen im Frühjahr nachzuweisen. Die Verteilung und der Status der hier nachgewiesenen Otter entspricht einer typischen Raumnutzung der Otter. Bemerkenswert ist, dass keines der drei Weibchen im Jahre 2016 Junge führte, was auf eine angespannte Nahrungssituation hindeutet.

4.6 Neustiftgraben und Pechgraben

Im Untersuchungsgebiet von Neustiftgraben und Pechgraben wurden im Verlauf der vier Erhebungen zwei männliche und ein weiblicher Otter registriert.

Das Weibchen NP_W1 war bei allen vier Erhebungen nachweisbar. Es deckte das gesamte Untersuchungsgebiet des Neustiftgrabens und den Großteil des Pechgrabens ab. Im Herbst erstreckten sich die Nachweise auf die Unterläufe beider Gewässer, im Winter war es nur im Unterlauf des Pechgrabens nachweisbar, im Frühling nur im äußersten Oberlauf des Neustiftgrabens und im Sommer nur an einer Stelle am oberen Pechgraben. Ganz offensichtlich nutzt dieser Otter auch den Neustiftgraben oberhalb und unterhalb des U-Gebietes, wahrscheinlich erstreckt sich sein Streifgebiet auch auf die Enns.

Zwischen den beiden Männchen in diesem U-Gebiet besteht eine Vater-Sohn Beziehung. NP_M1 hat das gesamte U-Gebiet des Neustiftgrabens genutzt sowie den unteren Teil des U-Gebietes am Pechgraben. NP_M2 war hingegen nur am Pechgraben nachweisbar. Beide Tiere dürften einen Gutteil ihres Streifgebietes am Neustiftgraben unterhalb des U-Gebietes und an der Enns haben.

In Tabelle 16 werden die wesentlichen Anwesenheits- und Lebensraumparameter für das U-Gebiet der Neustiftgraben - Pechgraben angeführt und die Otterpräsenz entsprechend der räumlichen jahreszeitlichen Verteilung geschätzt.

Tab. 16: Zusammenfassung von Anwesenheitsparametern und gutachterliche Schätzung der Otterpräsenz an Neustift- und Pechgraben

	Status	im U-Gebiet	Jahreszeiten	offensichtlich außerhalb des U-Gebietes			Gesamtpräsenz 0 - 1
				am Hauptgewässer	an großen Zuflüssen	an Teichen	
NP_W1	ad	weit	4	X	X	?	0,7
NP_M1	ad	weit	4	X	X	?	0,5
NP_M2	sub?	weit	3	X	X	?	0,3
							1,5

Die Verteilung der Nachweise legt nahe, dass NP_M1 das dominante Männchen der Region und demnach der Vater von NP_M2 ist. Das Weibchen NP_W1 ist mit den Männchen nicht verwandt und ist ganz offensichtlich das dominante Weibchen der Region. Reproduktionserfolg hat es 2016 offensichtlich keinen gegeben.

4.7 Vergleich der Otterpräsenzen in den Untersuchungsgebieten

Die Untersuchungsgebiete waren unterschiedlich lange und auch deren Größe ausgedrückt in Hektar Wasserfläche variierte erheblich. Im Folgenden wird deshalb die Otterpräsenz in den sechs Untersuchungsgebieten auf ein Kilometer Gewässerslänge bzw. auch ein Hektar Wasserfläche bezogen, um somit Unterschiede in den Otterpräsenzen und dem sich daraus ergebenden Prädationsdruck erkennen zu können (Tab. 17).

Bezüglich der Gewässerfläche an der Reichraming ist allerdings anzumerken, dass es bei diesem Gewässertyp in Kontrast zu den anderen U-Gebieten zu einer Überschätzung der Fläche kommt, da sich die Fläche aus der Breite bei Mittelwasser (MQ) berechnet. Die im Vergleich mit den anderen Gebieten geringste Otteranwesenheit von 0,07 Otter / ha dürfte darauf zurückzuführen sein; ein unmittelbarer Vergleich mit den anderen U-Gebieten erscheint hier nicht sinnvoll. Bei den anderen Gebieten sind hingegen nur sehr geringe Unterschiede zwischen den Gewässerflächen bei Mittel- und Niedrigwasser geben.

Tab. 17: Otteranwesenheiten pro Kilometer und pro Hektar in den U-Gebieten

	km	ha	Otter	Otter/km	Otter/ha
Waldaist	16,3	19,6	3,2	0,20	0,16
Steinerne Mühl	15,6	13,1	3,3	0,21	0,25
Große Rodl	18,6	17,4	2,5	0,13	0,14
Steyr	14,7	20,7	1,6	0,11	0,08
Großer Bach - Reichraming	13,7	26,7	2,0	0,15	(0,07)
Neustift. & Pechgraben	14,2	8,5	1,5	0,11	0,18

4.8 Anmerkungen zum Probensammeln

In den bisherigen Studien zum Fischotter, welche auf genetischen Analysen von Losungsproben basierten, wurden zumeist hohe Ausfallraten festgestellt (Hájková et al., 2006 & 2009), weshalb in neueren Studien hauptsächlich frische Losungen gesammelt wurden. Dieses Vorgehen kann die Erfolgsraten erhöhen, ist jedoch auch mit einem stark erhöhten Beprobungsaufwand verbunden. In der vorliegenden Studie konnte gezeigt werden, dass die Verwendung einer neu entwickelten Methode, des hier verwendeten Multi-Locus Real-Time Assays, eine gute Vorhersage zur Eignung von Proben unterschiedlichen Alters für eine erfolgreiche Genotypisierung erlaubt (**Abb. 34**).

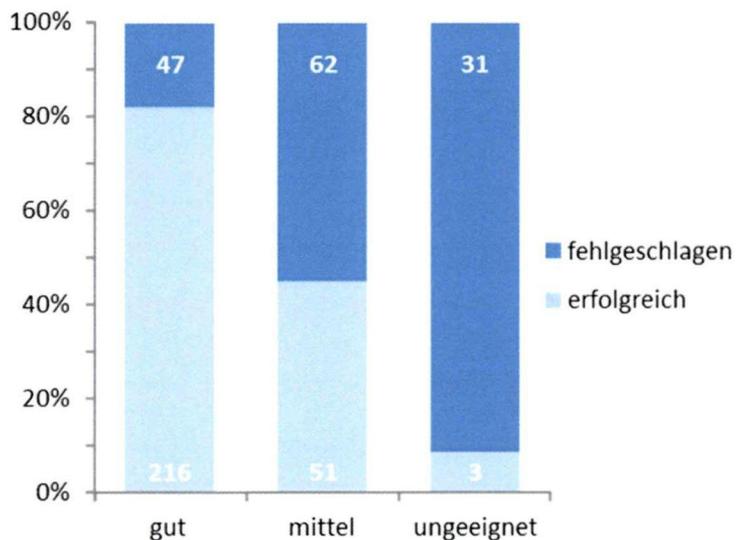


Abb. 34 Erfolgsrate der Genotypisierung nach Vorhersage des qPCR-Vortests [in %], zusätzlich sind die absoluten Probenzahlen der fehlgeschlagenen und erfolgreichen Genotypisierungen für die Kategorien ‚gut‘, ‚mittel‘ und ‚ungeeignet‘ dargestellt.

Es konnte auch hier bestätigt werden, dass frischere Losungen durchschnittlich einen höheren Genotypisierungserfolg erzielen; durch die gezielte Selektion anhand des qPCR-Vortests konnten jedoch auch ältere Proben (Erfolgsquote der C- und D-Proben = 38%) erfolgreich genotypisiert und somit die Ergebnisse der Erhebungen signifikant verbessert werden (siehe Abb. 4D). Ein konsequentes Sammeln frischer Losungsproben (Kategorien A und B) kann zukünftige Fischotterbestands-erhebungen durch die Kombination mit dem neuen Multi-Locus Real-Time Assay noch effizienter machen und zu sehr hohen Erfolgsraten führen. So konnten in dieser Studie mehr als 80% der nach Vortest als geeignet („gut“) kategorisierten Proben erfolgreich genotypisiert werden.

Die Rate erfolgreicher Genotypisierungen in dieser Studie gemessen an den insgesamt gefundenen Proben liegt mit 42% in einem durchschnittlichen Bereich. Durch die Ergebnisse des Vortests wurde jedoch ein Teil der Proben gar nicht genotypisiert, was die tatsächliche **Erfolgsquote** auf **66%** anhebt (270 von 410). Diese Quote wäre ohne die Bearbeitung einiger nach Vortest als eher ungeeignet eingestufte Losungsproben (8%) noch höher ausgefallen. Die effizienteste Strategie der genetischen Bestandserhebung von Ottern hängt nach den Erfahrungen aus dieser und vorherigen Studien von den relativen Kosten für die Freiland-erhebungen und die Laboruntersuchungen ab. Ein erhöhter Aufwand für die Suche ausschließlich frischer Losungen wird die Laborkosten niedrig halten, alternativ kann jedoch durch eine konsequente Nutzung des Vortests auch schnell und ohne vorherige Probenkategorisierung gesammelt und die Bestimmung der Probeneignung über den neuen Vortest geschehen. Eine zukünftige Entwicklung von Hochdurchsatzverfahren für die DNA-Extraktion von Otterlosungen würde die Kosten für den Vortest deutlich reduzieren, was eine Bevorzugung der zweiten Strategie (Sammeln aller gefundenen Proben) mit sich brächte.

4.9 Allgemeine Bemerkungen

Die vom Auftraggeber vorgegebene Methode (vier Erhebungen im Zeitraum von neun Monaten) stellt keine Grundlage für eine Populationsabschätzung im eigentlichen Sinn dar. Hierfür wäre es notwendig gewesen, möglichst geschlossene Lebensräume, nicht nur lineare Teillebensräume in kurzer Zeit (täglich über einen Zeitraum von fünf bis max. acht Tagen) mehrfach zu beproben, um über den Anteil wiederholt nachgewiesener und neu identifizierter Individuen einen tatsächlichen Gesamtbestand zu ermitteln. Dieser Ansatz entspräche der methodischen Vorgangsweise zur Ermittlung des Fischotterbestandes vorgeschlagenen in Lampa (2015).

Die erste Erhebung im Herbst ergab eine erste Abschätzung der das jeweilige Untersuchungsgebiet nutzenden Individuen. Bei den zeitlich viele Monate später stattgefundenen Folgeerhebungen kann sich der Status einzelner Individuen verändert haben. Juvenile Tiere wurden subadult und subadulte wurden adult. Es kann zu Zu-, bzw. Abwanderungen gekommen sein, bzw. Individuen könnten gestorben bzw. neu geboren worden sein, letzteres ist auf Grund der letzten Erhebung im Juni eher unwahrscheinlich. In Hinblick auf die Frage der Otterpräsenz ist es jedenfalls irrelevant, ob Tiere abgewandert oder gestorben sind.

Die hier verfolgte Methode ergab vier schlaglichtartige Erfassungen der anwesenden Otter und es ist davon auszugehen, dass diese repräsentative Stichproben darstellen. Die Tatsache, dass ein Gutteil der Individuen wiederholt erfasst worden sind, dass Verwandtschaftsverhältnisse offensichtlich geworden sind und damit auch recht deutlich wurde, welche Individuen offensichtlich nur durchgewandert sind, legt nahe, dass die Anzahl der hier ermittelten Otter einen Minimalwert darstellen, der dem Gesamtbestand sehr nahe kommt.

In Hinblick auf das übergeordnete Ziel, nämlich abzuklären, ob Otter einen relevanten Einfluss auf den Fischbestand haben, ist die absolute Anzahl der Otter von sekundärer Bedeutung. Relevant ist die Abschätzung der Otterpräsenz („Otternächte“) in den Untersuchungsgebieten. Diese erfolgte gutachterlich unter Einbeziehung der Lage und Häufigkeit von Nachweisen innerhalb einer Aufnahme (Jahreszeit) und summarisch für alle vier Aufnahmen und unter Kenntnis von Verwandtschaftsverhältnissen und damit des Status vieler, aber nicht aller Individuen.

5. 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.
- 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.
- Hájková P, Zemanová B, Bryja J, Hájek B, Roche K, Tkadlec E, Zima J (2006) Factors affecting success of PCR amplification of microsatellite loci from otter faeces. *Molecular Ecology Notes* 6, 559-562.
- 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.
- Hájková P, Zemanová B, Bryja J, Hájek B, Roche K, Tkadlec E, Zima J (2006) Factors affecting success of PCR amplification of microsatellite loci from otter faeces. *Molecular Ecology Notes* 6, 559-562.
- Hájková P, Zemanová B, Roche K, & Hájek B (2009) An evaluation of field and noninvasive genetic methods for estimating Eurasian otter population size. *Conservation Genetics* 10, 1667-1681.
- 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.
- 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 (1995) On the ecology of otters (*Lutra lutra*) in Central Europe. Dissertation an der Universität für Bodenkultur Wien.
- Lampa S, Mihoub J-B, Gruber B, Klenke R, Henle K (2015) Non-invasive genetic mark-recapture as a means to study population sizes and marking behaviour of the elusive Eurasian otter (*Lutra lutra*). *PLoS ONE* 10(5): e0125684. doi:10.1371/journal.pone.0125684.
- 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.
- Poledník L (2005) Otters (*Lutra lutra* L.) and fishponds in the Czech Republic: interactions and consequences. PhD thesis. Dep of Zoology and Anthropology. Faculty of Science, Palacky University Olomouc.
- 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.

Sinnwell JP, Therneau TM, Schaid DJ (2014) The kinship2 R package for pedigree data. *Human Heredity* 78, 91-93.

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.

Tvedebrink T, Curran J (2014) DNAtools: Statistical Functions for Analysing Forensic DNA Databases. R Package Version 0. 2014, 1-18 (available at CRAN: <http://www.cran.rproject.org/web/packages/DNAtools/>).

Wang J (2011) COANCESTRY: a program for simulating, estimating and analysing relatedness and inbreeding coefficients. *Molecular Ecology Resources* 11, 141-145.

Weinberger IC, Muff S, de Jongh A, Kranz A & Bontadina F (2016) Flexible habitat selection paves the way for a recovery of otter populations in the European Alps. *Biological Conservation* 199, 88 - 95.

6. Anhang: Verwandtschaftsverhältnisse graphisch

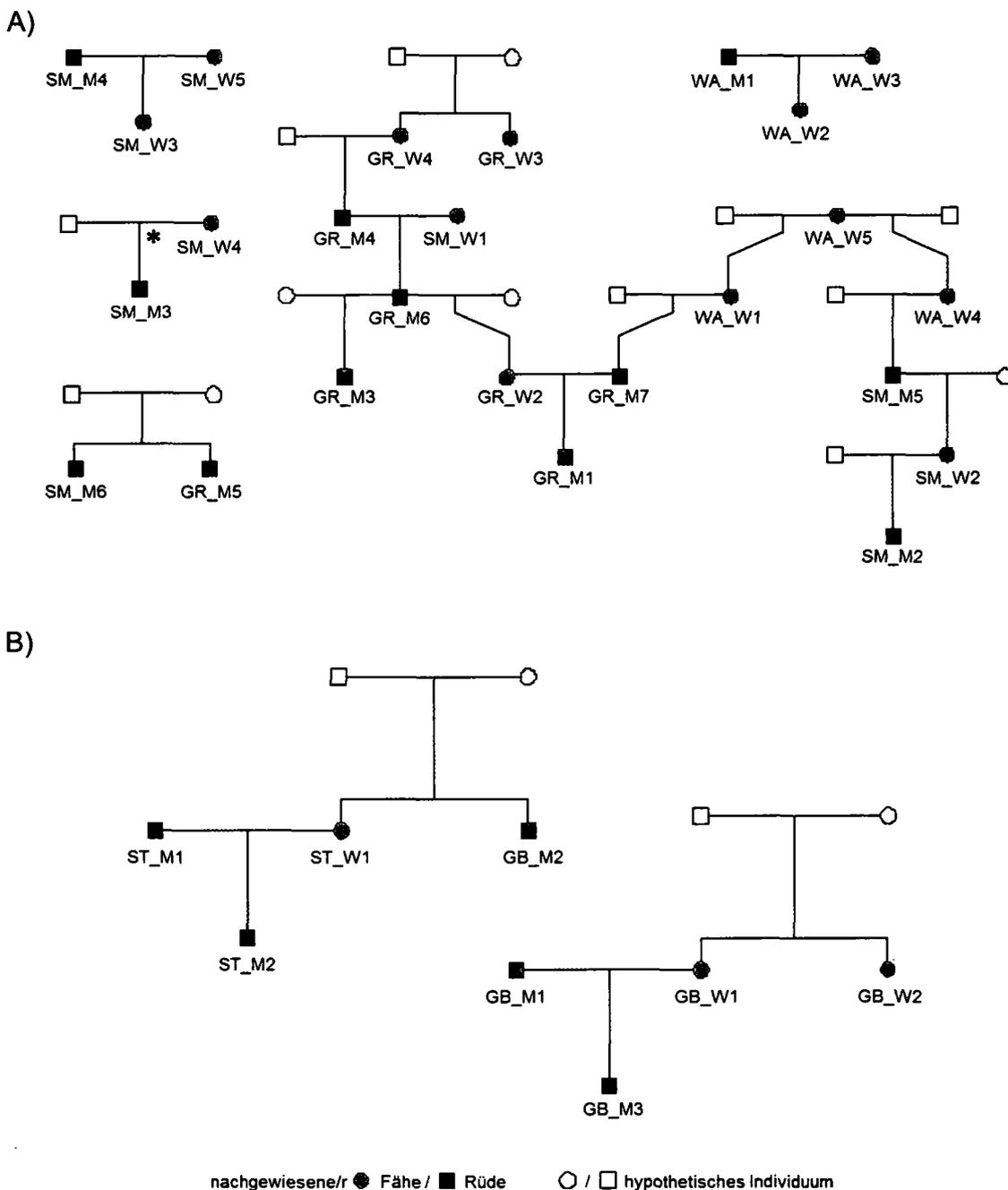


Abb. A1: Verwandtschaftsbeziehungen zwischen den genetisch identifizierten Otter-Individuen in den kristallinen (A) und alpinen (B) Gebieten. Gebietskürzel in der Individuenbezeichnung stehen für: Steyr (ST); Reichramingbach (GB); Neustift-Pechgraben (NP); Waldaist (WA); Steinerne Mühl (SM); Große Rodl (GR). „M“ bezeichnet Männchen, „W“ Weibchen. Nicht ausgefüllte Symbole kennzeichnen hypothetische Individuen, die nur zur Verdeutlichung der verwandtschaftlichen Beziehung der genetisch ermittelten Tiere (ausgefüllte Symbole) dargestellt sind. * SM_W4 als Mutter von SM_M3 wird als wahrscheinlicher angenommen, obwohl aus genetischer Sicht auch SM_M3 als Vater von SM_W4 infrage kommt. Um die Übersicht zu wahren, wurden nicht alle Verwandtschaftsverhältnisse dargestellt, sondern nur die hier relevantesten.