

Kann man Wildschweine zählen? Eine Untersuchung über die nicht-invasive Gewinnung von Gewebeproben zur Verwendung bei der Bestandesschätzung von Wildschweinen

Cornelia Ebert^{1,2}, Kathrin Berger², Ditmar Huckschlag¹, Ivan Nikolov³, Tim Schikora⁴, Holger Schulz³, Ulf Hohmann¹

¹Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz

²Albert-Ludwigs-Universität Freiburg, Forstzoologisches Institut, Arbeitsbereich Wildtierökologie und Wildtiermanagement

³ Institut für Umweltwissenschaften, Universität Koblenz-Landau

⁴ Universität Frankfurt, Institut für Ökologie, Evolution und Diversität

Zusammenfassung

Bis heute existiert keine verlässliche und robuste Methode für die Bestandesschätzung bei Wildschweinen. Die vorliegende Untersuchung hat zum Ziel, eine auf der Genotypisierung nicht-invasiv gewonnener Gewebeproben basierende Schätzmethode zu entwickeln. Als theoretische Grundlage soll dabei der sogenannte „Fang- Wiederfang“- Ansatz dienen, wobei die Genotypisierung als Markierung und die Gewebegewinnung als Fang betrachtet werden. Zunächst sollte die Frage geklärt werden, welche Art von Gewebe und welche Beprobungstechnik eine gleiche Beprobungswahrscheinlichkeit für jedes Individuum der beprobten Population gewährleistet. Dazu wurden sowohl die Gewinnung von Haar- als auch von Kotproben im Freiland getestet. Im Falle der Haarbeprobung erfolgten die Versuche unter Videoüberwachung, um das beprobungsrelevante Verhalten der Wildschweine an den Beprobungsstationen analysieren zu können. Dies sollte Aufschluss über mögliche Einflüsse von Alter, Geschlecht und Status eines Tieres auf seine Beprobungswahrscheinlichkeit geben. Zusätzlich zur Gewinnung von Gewebeproben wurden im selben Gebiet die Raumbewegungen von 8 Wildschweinen radiotelemetrisch überwacht, um die räumliche Verteilung der Beprobung zu validieren.

Summary

For wild boar, until now no reliable and robust method to estimate population density exists. The study presented here aims to develop a method based on genotyping of non-invasively obtained tissue samples. Theoretical base of the method is a modified capture-recapture approach, with genotyping being considered as capture and sampling as recapture. The first question to answer was which kind of tissue sample and which sampling strategy is suitable to ensure an equal sampling probability for each individual in the sampled population. Therefore, two different strategies were tested in the field: hair and scat sampling. The hair sampling trials were carried out under video control in order to evaluate the behaviour of wild boar at the sampling stations. This procedure should help to detect potential bias in sampling probability due to age, sex or social status of the animals. Additionally, 8 wild boar were radio tagged in the same study area. Their movements were monitored in order to validate the spatial distribution of the hair sampling stations and of the transects for scat collection.

1. Einleitung

Seit den 1980'er Jahren bereiten ansteigende Wildschweinbestände in zunehmendem Maß Probleme in Rheinland-Pfalz wie auch europaweit (MELIS et al. 2006, SÁEZ-ROYUELA & TELLERIA 1986). Dabei sind vor allem Schäden in der Landwirtschaft ebenso wie die gesteigerte Gefahr der Schweinepestausbreitung zu nennen (ARTOIS et al. 2002). Der Populationsanstieg lässt sich qualitativ aus der im gleichen Zeitraum stark angestiegenen Jagdstrecke ableiten, eine quantitative Beschreibung des tatsächlichen Anstiegs ist aber bislang nicht möglich. Um effektive Maßnahmen

zum Populationsmanagement ergreifen zu können, ist es allerdings nötig, den Tierbestand möglichst genau zu kennen.

Die meisten der bislang bei Wildschweinen angewandten Methoden der Bestandesschätzung erlauben – wie auch die Jagdstreckenanalyse – lediglich das Ermitteln von Mindestanzahlen oder Dichteindices. Eine Methode, absolute Schätzwerte von Populationsdichten zu erhalten, basiert auf dem sogenannten Fang-Wiederfang-Ansatz (Lincoln-Petersen-Index). Dabei werden Tiere gefangen, markiert und dann wieder in die Population entlassen. Daraufhin wird durch Wiederfang der Anteil markierter Tiere an der Gesamtpopulation bestimmt. Daraus kann die Größe der Population (P) mit Hilfe der Formel $P = MC/R$ (mit M = Anzahl markierter Tiere, C = Anzahl bei Wiederfang gefangener Tiere, R = Anzahl der bei Wiederfang bereits markierten Tiere) bestimmt werden. Dies gilt unter der Annahme, dass die Fangwahrscheinlichkeit für jedes Individuum der untersuchten Population gleich groß sei. Der Ansatz ist – speziell bei Großsäugern wie dem Wildschwein – mit einem hohen Aufwand sowie großem Stress für die Tiere verbunden. Vor allem aber sind sowohl Fang- als auch Wiederfangwahrscheinlichkeit sehr heterogen und u.a. von Alter, Geschlecht und Vorerfahrungen eines Tieres abhängig. Dies erschwert eine genaue Schätzung (LINK 2003).

In den letzten Jahren haben die Anwendungsmöglichkeiten für genetische Analysemethoden zugenommen (TABERLET et al. 1999). Die Extraktion von DNA aus Gewebeproben und deren Genotypisierung erlaubt die individuelle Identifikation des „Gewebespenders“. In der Wildbiologie kommen als nicht- invasiv gewinnbare Gewebeproben z.B. Haare und Kot von Tieren in Frage. Der große Vorteil nicht-invasiver Methoden liegt darin, dass der Fang wegfällt und bei der Beprobung eine deutlich geringere Heterogenität zu erwarten ist. Das hier vorgestellte Projekt hat zum Ziel, eine Methode der Bestandesschätzung von Wildschweinen über einen modifizierten Fang- Wiederfang- Ansatz auf Basis der Genotypisierung nicht- invasiv gewonnener Gewebeproben zu entwickeln (Hohmann & Fickel 2004; Fickel & Hohmann 2006). Dazu sind zunächst folgende Fragen zu beantworten:

1. Welche Gewebeart ist am besten für die Analyse geeignet?
2. Welche Methode der Beprobung garantiert eine repräsentative Erfassung der Population (gleiche Beprobungswahrscheinlichkeit für jedes Individuum der beprobten Population)?
3. Welche räumliche Verteilung und Intensität der Beprobung ist erforderlich, um ausreichend Proben zur Erfassung zu gewinnen?
4. Über welchen Zeitraum und welche Fläche muss beprobt werden, um einen Fang- Wiederfang- bzw. „Beprobung- Wiederbeprobung“- Ansatz verfolgen zu können?

Zur Beantwortung der ersten beiden Fragen wurden in einem Untersuchungsgebiet im zentralen Pfälzerwald zwei verschiedene Gewebearten und Beprobungsmethoden getestet: Die Gewinnung von Haaren an Haarbeprobungsstationen sowie das Sammeln von Kotproben entlang von Transekten. Zur Beobachtung des Verhaltens der Tiere an den Haarbeprobungsstationen wurden diese mittels Infrarot-Videokameras überwacht.

Um Hinweise auf die Punkte 3 und 4 zu erhalten, wurden im selben Untersuchungsgebiet Wildschweine mit Sendern versehen und radiotelemetrisch überwacht. Dies sollte Aufschluss über ihre Raumbewegungen und räumliche und zeitliche Verteilung geben.

2. Methoden und Untersuchungsgebiet

Untersuchungsgebiet

Das 2005 gegründete Wildforschungsgebiet (WFG) liegt im Naturpark Pfälzerwald (Teil des UNESCO-Biosphärenreservats Pfälzerwald- Nordvogesen) im südlichen Rheinland-Pfalz (49°12'N, 7°45'O) ca. 25 km südlich von Kaiserslautern. Die vorliegende Studie wurde in einem ca. 4000 ha großen zentralen Bereich des insgesamt 10.100 ha umfassenden Forschungsgebiets durchgeführt.

Das Gebiet ist zu ca. 90% bewaldet, wobei Kiefer die Hauptbaumart darstellt und Buche zu einem Anteil von etwa 20% vorkommt. Die Topographie ist charakterisiert durch lang gezogene Bergrücken (höchste Erhebung: Weißenberg, 609 m ü NN) und z.T. enge, v-förmige Täler (tiefster Punkt: Wieslautertal, 210 m ü. NN). Die Böden sind im gesamten Pfälzerwald überwiegend von Buntsandstein geprägt; an den Hängen finden sich nährstoffarme Braunerden mit dünner Humusaufgabe, in den Tälern z.T. auch schluffreichere Lehm- und Tonböden.

Methodik Haarbeprobung

Für die Haarfänger-Untersuchungen im Mai bis August 2006 wurden 3 Haarfänger im WFG eingerichtet und ab Ende März 2006 täglich beködert. Dabei wurde jeweils ein Stacheldrahtkarree mit Seitenlängen von ca. 8 Metern zwischen 4 geeignet stehenden Bäumen bzw. unter Zuhilfenahme von Pfosten gespannt. Die Höhe des gespannten Drahtes über dem Boden betrug ca. 30 – 40 cm. Der Ködermais wurde bis einschließlich 6.7.2006 in einer hölzernen Kirtkiste (Länge ca. 65 cm) mit Deckel angeboten (Grund: Vermeiden, dass andere Tierarten wie z.B. Marder oder Vögel Zugang zum Mais erlangen können). Ab 19.5.2006 wurden an allen drei Haarfängern (HF) täglich Haarproben abgesammelt, ein HF wurde zu diesem Zeitpunkt bereits videoüberwacht. Ab dem 26.6.2006 war auch an einem zweiten HF eine Kamera installiert. Alle bisher gemachten Auswertungen über das (Querungs-) Verhalten der Wildschweine am HF und die Beprobungseffektivität beziehen sich auf die an diesen beiden HF gewonnenen Videodaten.

Ab dem 7.7.2006 wurde die Art der Fütterung an den beiden videoüberwachten HF geändert: Fortan wurde der Mais nicht mehr „zentral“ in einer Kiste, sondern „dezentral“, d.h. innerhalb der HF-Fläche unter Steinen auf 4-5 Stellen verteilt, angeboten.

Methodik Kotbeprobung

Um eine möglichst repräsentative Abdeckung des Untersuchungsgebiets zu gewährleisten, wurden 8 Transekte mit insgesamt 58 km Länge und jeweils ca. 3 m Breite in Nord-Süd-Ausrichtung angelegt. Die einzelnen Transekte waren parallel mit jeweils ca. 500 m Abstand zueinander angelegt. Der Transektverlauf wurde mit Sprühfarbe an Bäumen markiert

Die markierten Strecken wurden über 8 Tage jeweils 4 Mal abgelaufen (d.h. in 48- Stunden- Intervallen) und frischer Wildschweinkot eingesammelt. Für das Funktionieren der Genotypisierung im Labor sollte dieser nicht älter als ca. 48 Stunden sein.

Nach 4 Tagen Pause erfolgte eine Wiederholung des 8- Tage- Blocks. Block 1 der Beprobung wurde von 19.8.2006 bis 25.8.2006 durchgeführt, Block 2 von 29.8.2006 bis 5.9.2006.

Methodik Telemetrie

Zwischen 11.1.2006 und 11.9.2006 wurden 12 Mal Wildschweine im Untersuchungsgebiet lebend gefangen, davon konnten 8 mit VHF- Ohrmarkensendern (Fa. Wagener, Köln) versehen werden. Eines der Tiere erhielt zusätzlich ein GPS- Sendehalsband (Fa. Vectronics Aerospace, Berlin).

Das Orten der VHF- Sender erfolgte nach dem Prinzip der Triangulation (Kreuzpeilung), d.h. es wurde jeweils von mehreren Standorten aus die Richtung, aus der das stärkste Signal kam, ermittelt und aus dem Schnittpunkt der dabei entstehenden Richtungsgeraden der Aufenthaltsort des Tieres bestimmt. Die Ortungen wurden von einem PKW aus mit einer auf einem 6m- Mast teleskopartig ausfahrbaren Yagi- Antenne (Fa. Biotrack, England) vorgenommen. Pro Woche wurde jedes Tier in der Regel 2-4 Mal geortet. Im Fall des mit GPS- Sender ausgestatteten Tieres erfolgten die Ortungsversuche über Satelliten automatisch alle 30 Minuten. Dabei betrug die Erfolgsrate etwa 50%.

3. Ergebnisse und Diskussion:

Telemetrie:

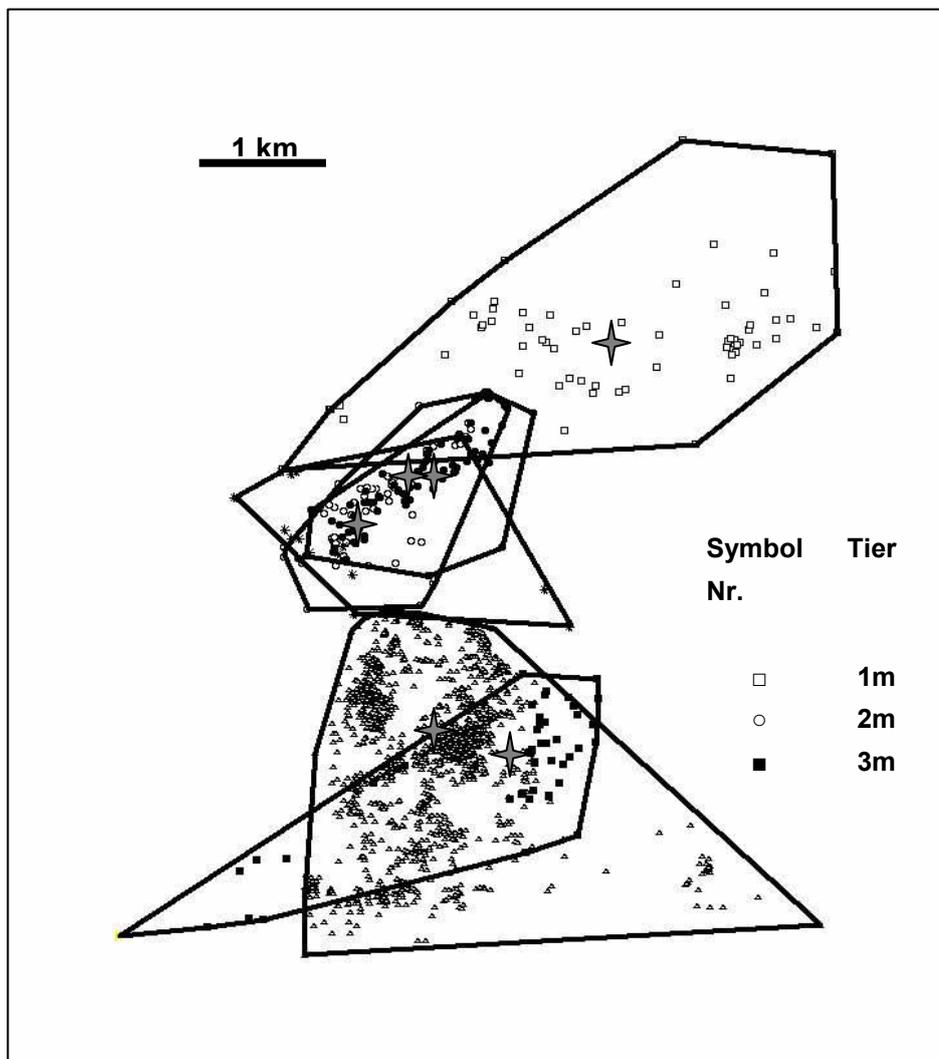


Abb. 1.: Streifgebiete der 6 Sendertiere (100 % Minimum Convex Polygone; Daten aus dem Zeitraum von 11.1.2006 bis 11.1.2007). Graue Sterne markieren jeweils das Zentrum (Recalculated arithmetic mean centre) der Streifgebiete

Von 6 der 8 telemetrisch überwachten Individuen konnten ausreichend Daten gewonnen werden, um die Größe des Streifgebiets (home range) zu bestimmen. Sie variierte zwischen 248 und 1080 ha (Tab. 1). Das Geschlechterverhältnis (Keiler zu Bachen) betrug bei den gefangenen Tieren 10:2 (Fänge: 5 Mal Frischlingskeiler, 5 Mal Überläuferkeiler, 1 Mal Überläuferbache, 1 Mal adulte Bache), d.h. 83,3 % der Fänge waren junge männliche Tiere.

Innerhalb der Streifgebiete zeigen die Aufenthaltsorte der Tiere eine deutlich geklumpfte Verteilung, d.h. sie halten sich innerhalb ihres Lebensraumes immer wieder an denselben Stellen auf und kehren meist regelmäßig an diese zurück (siehe Abb. 1). Der mittlere Abstand zwischen den Mittelpunkten von jeweils zwei benachbarten Streifgebieten beträgt 1255 m (Min.: 286 m, Max.: 2295 m).

Tier Nr.	Geschlecht	Fangdatum	Überwachungsdauer (Tage)	Anzahl Ortungen	Streifgebietsgröße (ha)	Sender
1m	♂	11.1.2006	124	63	1046	VHF
2m	♂	13.2.2006	240	78	248	VHF
3m	♂	13.3.2006	27	48	495	VHF
5m	♂	29.3.2006	105	15	377	VHF
6m	♂	11.4.2006	53	3	--	VHF
7m	♂	11.4.2006	57	3	--	VHF
8f	♀	23.5.2006	213	65	269	VHF
9f	♀	11.9.2006	76	2948	1080	GPS

Tab. 1.: Daten und Streifgebietsgrößen der radiotelemetrisch überwachten Wildschweine

Haarbeprobung

An den beiden videoüberwachten HF wurden im Zeitraum zwischen 18.5.2006 und 9.8.2006 an insgesamt 92 Nächten Besuche von Wildschweinen aufgezeichnet. Dabei konnten in 51 Fällen am nächsten Morgen Haarproben gewonnen werden (An insgesamt 244 Stacheldrahtspulen). Die Videoaufnahmen zeigten dabei 216 Besuchereignisse durch einzelne Wildschweine oder Gruppen bis zu 4 Tieren (bei der Auswertung der Daten wurden diesjährige Frischlinge nicht mitberücksichtigt, da sie zu klein waren, um beim Queren des Stacheldrahts diesen zu berühren, Haare zu hinterlassen und somit bei der Beprobung erfasst zu werden).

Die Analyse des Verhaltens der Wildschweine an den HF zeigte individuelle Unterschiede im Querungsverhalten sowohl innerhalb eines Tages zwischen den einzelnen Besuchern als auch zwischen den verschiedenen Besuchsnächten (Abb. 2). Bei wiederholten Besuchen einer dreiköpfigen Rotte an HF 1 hatte die adulte Bache im Mittel 3,45 (\pm 2,24) -mal den Draht gequert, die beiden Überläufer dagegen 2,71 (\pm 1,40) bzw. 2,86 (\pm 1,51) -mal (N = 51 Beobachtungsnächte, Friedman-Test: $\chi^2 = 3,619$, $p > 0,05$).

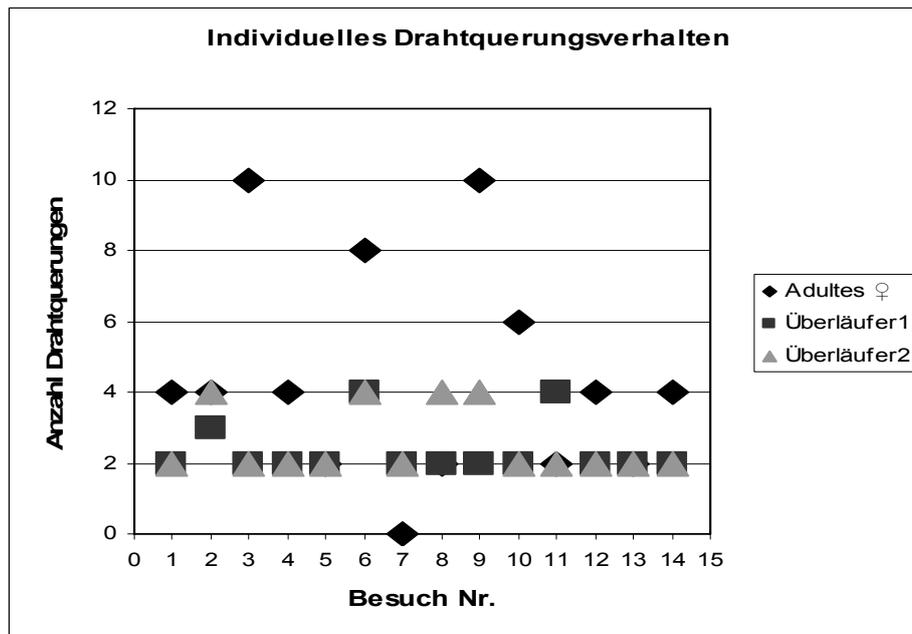


Abb. 2.: Individuelle Unterschiede im Drahtquerungsverhalten bei Wildschweinen am Beispiel eines 2-Wochen-Ausschnitts aus den Daten von Haarfänger 1

Der Unterschied in der Anzahl Querungen ist zwar nicht signifikant, wenn man das Mittel über alle Besuche betrachtet, in der Analyse der einzelnen Ereignisse zeigen sich aber deutliche individuelle Unterschiede (Abb. 2). In den meisten Fällen gab es bei der adulten Bache die maximale Anzahl Querungen zu verzeichnen.

Betrachtete man das Querungsverhalten der Wildschweine im Hinblick auf die Nutzung der 4 Seiten des Stacheldrahtkarrees, war an beiden HF eine Häufung von Querungen zu erkennen (Abb. 3.1. und 3.2.). Die Tiere hatten offenbar jeweils bestimmte Seiten bevorzugt genutzt. An HF 1 wurden dementsprechend an der am häufigsten gequerten Seite C signifikant mehr Haarproben gefunden als an den anderen Seiten (Kruskal-Wallis-Test: $\chi^2 = 53,48$, $r < 0,01$, $N = 123$ Proben). An HF 2 wurde an ausschließlich zwei Seiten (A und D) gequert, die etwa in gleichem Ausmaß genutzt wurden (Abb. 3.3.). Es bestand kein signifikanter Unterschied zwischen den Seiten A und D in der Anzahl gefundener Haarproben (Mann-Whitney-U-Test: $U = 12,6$, $p > 0,05$).

Eine Häufung von Querungen an bestimmten Stellen des HF könnte auch eine Akkumulation von Haaren an den entsprechenden Drahtabschnitten zur Folge haben. Um dem beobachteten Querungsverhalten entgegenzuwirken, wurde nach 50 Beobachtungsnächten die Art der Beköderung verändert und der Mais innerhalb des HF verteilt (siehe Abschnitt 2.). Damit sollte erreicht werden, dass sich die Tiere besser im HF verteilen und weniger Konkurrenz um Futter entsteht, was wiederum eine geringere Anzahl Drahtquerungen und eine bessere Verteilung der Querungen über die vier Drahtseiten erwarten lässt.

In der Anzahl Querungen bewirkte dies trotz der Tendenz zu einer etwas gleichmäßigeren Nutzung bei keinem der an HF 1 und 2 beobachteten Wildschweine eine signifikante Änderung (HF 1: Kruskal-Wallis-Test: $\chi^2 = 4,0$, $p > 0,05$; HF 2: Mann-Whitney-U-Test: $U = 10,0$, $p > 0,05$, jeweils $N = 51$ Beobachtungsnächte; Abb. 3.3. und 3.4.).

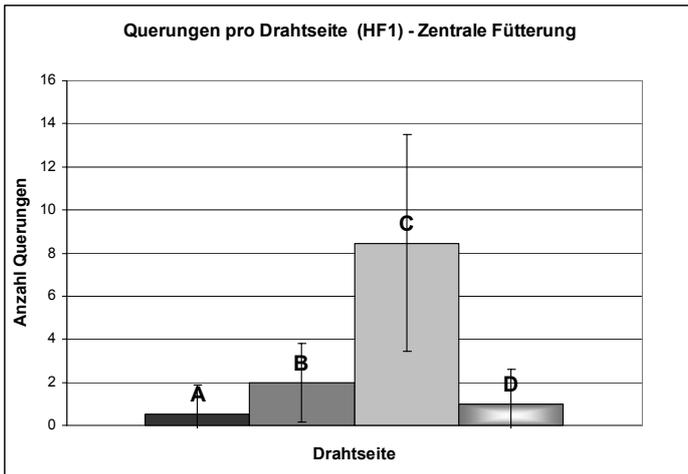


Abb. 3.1.: Nutzung der 4 Seiten des Haarfängers (HF) 1 im Vergleich zueinander. Aufgetragen ist die Anzahl Drahtquerungen aller besuchenden Wildschweine (N = 396 Querungen). Deutlich ist die Bevorzugung der Seite C zu erkennen.

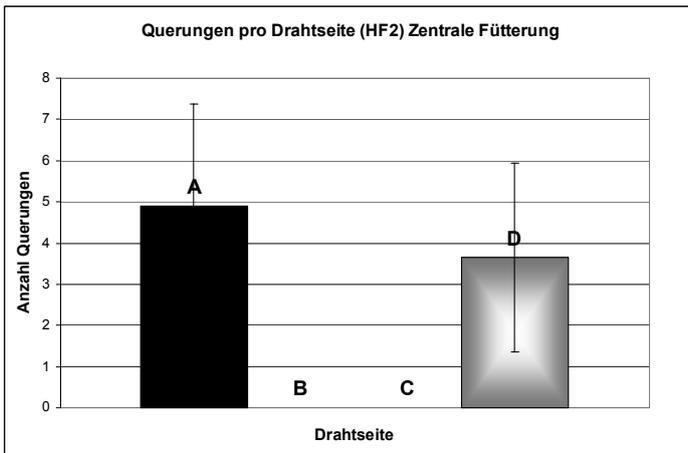


Abb. 3.2.: Nutzung der 4 Seiten des HF 2 im Vergleich zueinander. Aufgetragen ist die Anzahl Drahtquerungen aller besuchenden Wildschweine (N = 94 Querungen). Hier wurden nur Seite A und D von den Tieren zum Querem genutzt.

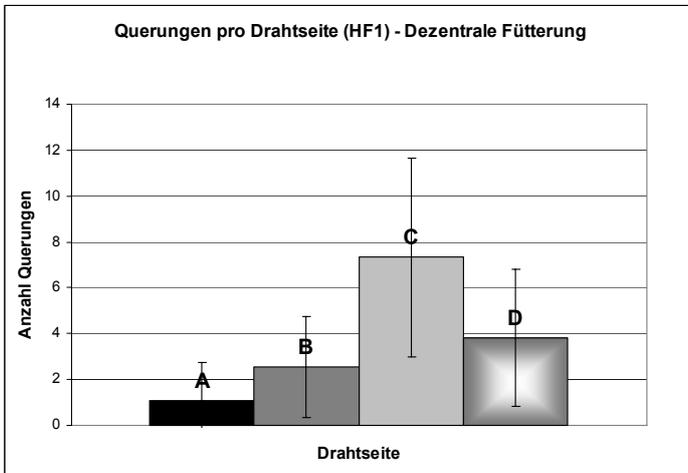


Abb. 3.3.: Nutzung der 4 Seiten des HF 1 im Vergleich zueinander bei dezentraler Fütterung (Erklärung siehe Text). Aufgetragen ist die Anzahl Drahtquerungen aller besuchenden Wildschweine (N = 458 Querungen). Die Verteilung der Querungen auf die 4 Seiten ist etwas gleichmäßiger als in Abb. 2.1., Seite C ist aber nach wie vor am häufigsten genutzt.

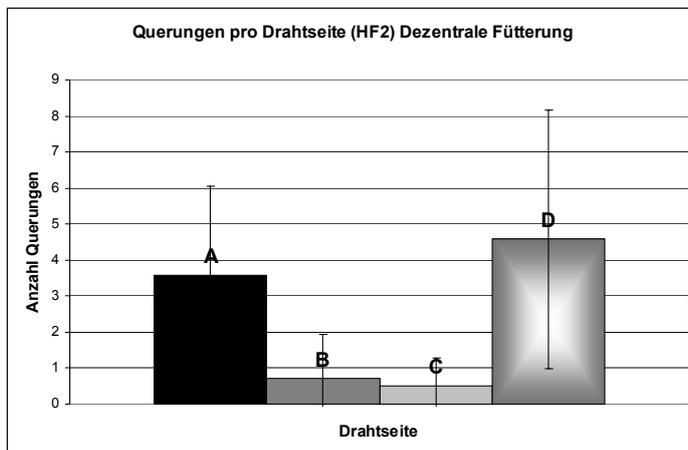


Abb. 3.4.: Nutzung der 4 Seiten des HF 2 im Vergleich zueinander bei dezentraler Fütterung (Erklärung siehe Text). Aufgetragen ist die Anzahl Drahtquerungen aller besuchenden Wildschweine (N = 225 Querungen). Im Vergleich zu Abb. 2.2. werden hier alle 4 Seiten genutzt, die Bevorzugung von Seite A und D bleibt aber bestehen.

Des Weiteren wurde die Hypothese getestet, dass sich die Anzahl Drahtspulen mit Haaren proportional zur Anzahl Querungen pro Nacht verhält. Eine Korrelationsanalyse mit den Daten dieser Untersuchung ergab jedoch keinen signifikanten Zusammenhang (Abb. 4).

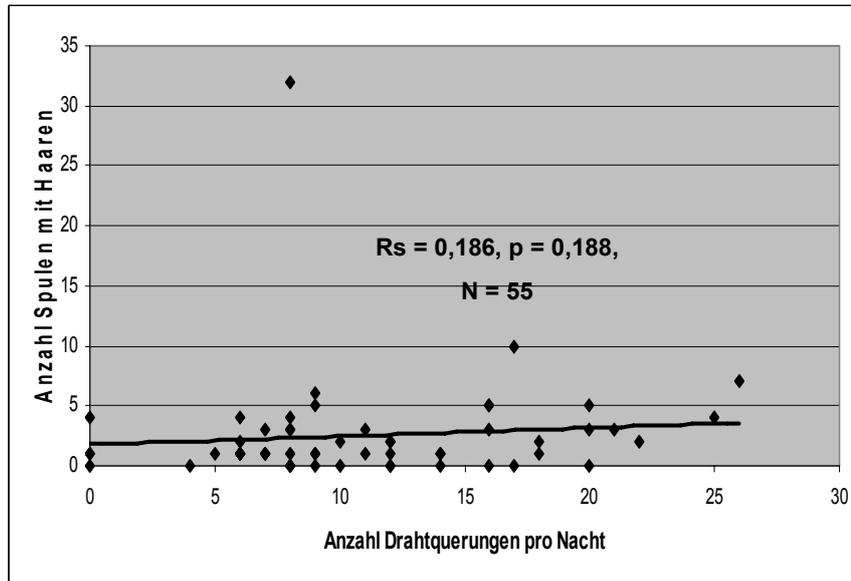


Abb. 4.: Zusammenhang zwischen der Anzahl Drahtquerungen an den HF pro Nacht und der Anzahl am darauffolgenden Morgen gefundener Haar-Proben (Spearman's rank- Korrelation, n.s.).

Dieser Befund ist sehr wahrscheinlich auf das Querungsverhalten der Tiere, das sich auf begrenzte HF- Bereiche beschränkt, zurückzuführen. Die beobachtete Akkumulation von Haaren an den entsprechenden Drahtbereichen kann verschiedene Folgen haben: Zum einen ist denkbar, dass die Drahtspulen nach Querung durch mehrere Tiere mit Haaren „gesättigt“ sind und somit nachfolgende Individuen nicht mehr beprobt werden. Zum anderen könnten nachfolgende Tiere beim Queren die Haare bereits beprobter Wildschweine wieder abstreifen, so dass diese unterrepräsentiert wären. In beiden Fällen hätte das Drahtquerungsverhalten eine gesteigerte Heterogenität der individuellen Beprobungswahrscheinlichkeit die Folge. Dies wird wahrscheinlich noch verstärkt durch die beobachtete Akkumulation von Drahtquerungen – und damit von Haarproben – an begrenzten HF- Anschnitten. Die hier vorgestellte Form der Haarbeprobung an HF verletzt somit offenbar das Kriterium der für jedes Individuum gleichen Beprobungswahrscheinlichkeit.

Kotbeprobung

In dem ersten Block des Transektversuchs (19.8.2006 bis 25.8.2006) wurden 20 Kotfunde gemacht, der zweite Block (29.8.2006 bis 5.9.2006) ergab 37 Funde. Dies entspricht 0,12 Funden pro Kilometer und 0,26 Funden pro Stunde Laufzeit. Auf die Fläche des Untersuchungsgebiets bezogen wurden 1,43 Kotproben pro km² gefunden. Ein Vergleich mit den aus der Radiotelemetrie im selben Gebiet gewonnenen Daten zeigt, dass der Abstand zwischen den einzelnen Transekten (500 m) deutlich geringer ist als der mittlere Abstand zwischen den Zentren der Streifgebiete telemetriertier Tiere (1255 m). Dies kann als Indiz für eine ausreichende räumliche Abdeckung des Gebiets durch die Transekte gewertet werden.

Für eine Verwendung von Kotproben bei der Schätzung von Bestandesdichten ist das Erreichen eines genügend hohen Erfassungsgrads unerlässlich. Orientiert man sich an den Jagdstrecken der

vergangenen Jahre, beträgt die zu erwartende Mindest- Populationsdichte im Untersuchungsgebiet 3 – 6 Wildschweine pro km². Für die Erfassung einer Population durch Genotypisierung von Kotproben sind nach den Ergebnissen von Untersuchungen an anderen Tierarten (SOLBERG et al. 2006, MILLER et al. 2005) 2,5 bis 3 Mal so viele Proben wie die erwartete Anzahl Tiere im Gebiet erforderlich. Dies ist u.a. in der nach wie vor recht hohen Ausfallrate bei der Laboranalyse begründet. Bei Annahme der oben genannten Mindest- Populationsdichte würde man also zwischen 7,5 und 18 Kotproben pro km² finden müssen. Dementsprechend wäre eine Steigerung des Findeerfolgs um den Faktor 5 – 12 notwendig.

4. Schlussfolgerung

Aufgrund der aus dem Verhalten der Wildschweine an den HF resultierenden Heterogenität in der individuellen Beprobungswahrscheinlichkeit erscheint die Haarbeprobung nach der hier beschriebenen Methode als wenig erfolgversprechend. Die repräsentative Erfassung der Population wird erschwert und somit eine Grundbedingung für das Funktionieren der nicht-invasiven „Beprobung-Wiederbeprobung“- Methode u.U. nicht erfüllt. Die Tatsache, dass die überwiegende Mehrzahl der für die Telemetrie gefangenen Wildschweine Frischlings- oder Überläuferkeiler waren, ist zudem ein Indiz dafür, dass die HF wie andere Köderstationen (Lebendfallen) nicht von allen Mitgliedern der Population in gleichem Ausmaß frequentiert werden, was die Heterogenität noch steigern würde.

Im Gegensatz hierzu sind bei der Kotbeprobung entlang von Transekten wesentlich geringere Einflüsse von Geschlecht, Status und individuellem Verhalten der Tiere zu erwarten. Die Methode erscheint daher für eine Populationsdichtebestimmung geeigneter. Erwartungsgemäß hängt die Beprobungswahrscheinlichkeit von der Defäkationsrate der Tiere und der Findewahrscheinlichkeit des Kots ab. Aus diesem Grund sollte in weiteren Untersuchungen geklärt werden, in welchem Maß die Defäkationsrate beeinflusst wird durch Alter, Geschlecht und physiologischen Zustand (z.B. Trächtigkeit, Laktation) eines Tieres. Auch hinsichtlich der Abhängigkeit der Verschwinderate des Kots, die wiederum die Findewahrscheinlichkeit mitbestimmt, von Faktoren wie Größe und Konsistenz des Kotballens, Witterungsverhältnisse, Insektenvorkommen etc. besteht noch Forschungsbedarf.

Ein weiteres Problem, das im Freiland zu lösen ist, ist das Erreichen eines genügend hohen Erfassungsgrads, d.h. eine Steigerung des Kotproben- Findeerfolgs. Hierzu kommen mehrere Ansätze in Frage; am erfolgversprechendsten erscheint eine Erhöhung der Transektichte im Gebiet in Kombination mit zusätzlichem Absuchen der Umgebung von Orten mit Mehrfachfunden, um geklumpfte Kotvorkommen der in Gruppen vorkommenden Wildschweine effektiver erfassen zu können (Adaptive Cluster- Sampling nach THOMPSON 1991; SCHIKORA in prep.). In der hier vorgestellten Freilandstudie sollen die Untersuchungen im Jahr 2007 in diesem Sinne weitergeführt werden. Im Labor des Instituts für Umweltwissenschaften der Universität Koblenz-Landau wird zudem momentan am Etablieren eines verlässlichen DNA- Analyseprotokolls für Kotproben gearbeitet.

Literatur

- ARTOIS, M, K. R. DEPNER, V. GUBERTI, J. HARS, S. ROSSI, D. RUTILI (2002): Classical swine fever (hog cholera) in wild boar in Europe. *Rev. sci. tech. Off. Int. Epiz.* 21 (2), 287-303.
- BOITANI, L.; TRAPANESE, P. et al (1995): Methods of population estimates of a hunted wild boar (*Sus scrofa* L.) population in Tuscany, Italy. *IBEX* 3, 204-208.
- FICKEL J. & U. HOHMANN (2006): A methodological approach for non-invasive sampling for population size estimates in wild boars (*Sus scrofa*). *European Journal of Wildlife Research* 52- 28-33
- HOHMANN U., J. FICKEL (2004): The use of non-invasive sampling in population estimates of wild boars (*Sus scrofa*) in Rhineland-Palatinate. In C. Voigt, H. Hofer (Ed.): *Contributions to the 5th International Symposium on Physiology, Behaviour and Conservation of Wildlife*. 26.-29. September, Berlin, Germany, *Advances in Ethology* 38, Blackwell, Berlin: 133
- LINK, W, (2003): Nonidentifiability of Population Size from Capture-Recapture Data with heterogeneous Detection Probabilities, *Biometrics* 59, 1123 - 1130
- MELIS, C.; SZAFRAŃSKA, P.A.; JĘDRZEJEWSKA, B. & BARTOŃ, K. (2006): Biogeographical variation in the population density of wild boar (*Sus scrofa*) in western Eurasia. *Journal of Biography* 33, 803-811.
- MILLER, C. R., JOYCE, P., WAITS, L. P. (2005): A new method for estimating the size of small populations from genetic mark-recapture data, *Molecular Ecology* 14, 1991 - 2005
- OTIS, D.L., BURNHAM, K.P., DAVID, L., CARY C., WHITE, G.C., ANDERSON, D.R. (1978): *Statistical Inference from Capture Data on Closed Animal Populations*. *Wildlife Monographs* No. 62, 135 S.
- SÁEZ-ROYUELA, C. & TELLERIA, J. L. (1986): The increased population of wild boar in Europe. *Mammal Review* 16: 97-101.
- SCHIKORA, T. (in prep.): *Felduntersuchung zur nicht-invasiven Kotprobengewinnung von Wildschweinen (Sus scrofa) im Pfälzerwald, zwecks Verwendung bei der Bestandesdichteschätzung auf Grundlage der Genotypisierung*, Diplomarbeit an der Johann-Wolfgang-Goethe- Universität Frankfurt, unveröffentlicht
- SOLBERG, K.H., BELLEMAIN, E., DRAGESET, O.-M., TABERLET, P., SWENSON, J. E. (2006): An evaluation of field and non-invasive genetic methods to estimate brown bear (*Ursus arctos*) population size, *Biological Conservation* 128: 158 - 168
- TABERLET, P., WAITS, L.P., LUIKART, G. (1999): Noninvasive genetic sampling: look before you leap. *Elsevier Science, TREE* 14, 8, 323-327.
- THOMPSON, S.K. (1991): *Adaptive Cluster Sampling: Designs with Primary and Secondary Units*, *Biometrics*, Vol. 47, No. 3, 1103 – 1115