

Aktuelles

Die Rotwildzählung

Ulf Hohmann, Moritz Rahlfs und Cornelia Ebert

Die Zählung von Wildtieren gehört seit je her zu den wichtigsten und zugleich zu den schwierigsten Aufgaben der Wildtierbewirtschaftung oder des Wildtiermanagements. Derartige Zählungen sind bei Tierarten in deckungsreichen Lebensräumen immer Schätzungen, die mit mehr oder weniger großen Unsicherheiten behaftet sind.

Aus diesem Grunde arbeitet die Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz (FAWF) seit 2009 an der Entwicklung genauere Zählverfahren für Rotwild. Wir bedienen uns dabei einer besonderen molekularbiologischen Technik, der sog. PCR (Polymerase Chain Reaction). Anhand kleinster körpereigener Gewebemengen, z. B. anhand einer Haarwurzel oder einer abgesetzten Losungspille, der auch ein wenig Darmschleimhaut anhaftet, kann mithilfe der PCR-Technik ein genetischer Fingerabdruck erstellt und damit Tiere indirekt oder „nicht-invasiv“ identifiziert werden (Abbildung).

Das Prinzip

Wie kann man sich dies für die Wildtierzählung nutzbar machen? Das Prinzip ist leicht erklärt: Führt man mehrere Rotwildlosungssuchen in einem ausreichend großen Gebiet innerhalb weniger Tage durch, ist zu erwarten, dass von Suchlauf zu Suchlauf immer mehr Tiere über die Analyse der von uns zufällig gefundenen Losung individuell identifiziert werden können. Der Anteil erstmalig beprobter Individuen ist logischerweise beim ersten Suchlauf am höchsten. In den letzten Suchläufen dürften wiederum mehr und mehr Proben von Tieren stammen, die bereits in den Tagen zuvor beprobt wurden. Die Wahrscheinlichkeit, dass ein bestimmtes Individuum doppelt oder gar mehrfach beprobt wird, steigt also mit der Zeit. Nun kann man sich vorstellen, dass je nach Größe der Population, die Steigerung von Mehrfachbeprobungen größer oder kleiner ausfällt. Ist die beprobte Population klein, sind Mehrfachbeprobungen eher zu erwarten, als in großen Populationen. Der Anteil der Mehrfachbeprobungen kann somit als direktes Maß der Populationsgröße genutzt werden. Soweit die Theorie.

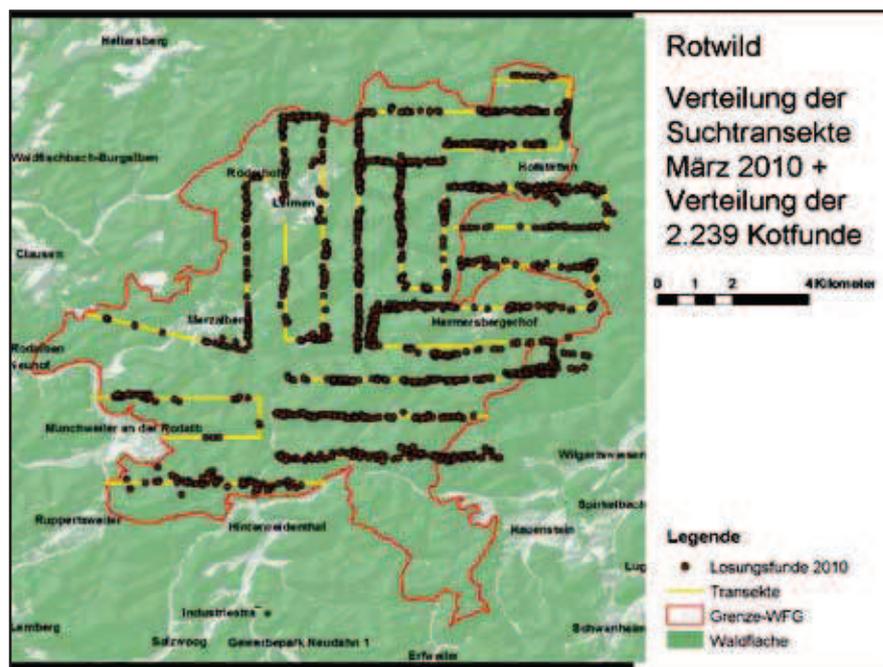
Der Praxistest

Für eine praxistaugliche Umsetzung mussten jedoch noch zwei weitere Fra-

gen geklärt werden: Wie erreichen wir einen ausreichend großen Stichprobenumfang und eine verlässliche genetische Identifikation, bei der auch eng verwandte Tiere ausreichend sicher voneinander unterschieden werden.

Letzteres wurde über sogenannte Blindtests überprüft, bei denen wir dem Labor Seq-IT GmbH in Kaiserslautern z. B. frisch abgesetzte Losungshaufen von 13 individuell erkannten Tieren aus dem Wildpark Silz bei Bad-Bergzabern verteilt auf 40 Einzelproben „blind“ vorlegten. Aus sechs Proben konnte das Labor keine DNA isolieren. Von den restlichen 34 Proben konnten allerdings alle korrekt zugeordnet werden. Schließlich konnten auch anhand 11 erlegter, trächtiger Alttiere mütterliche und fötale Gewebeproben, also Verwandte 1. Grades, im Labor voneinander unterschieden werden. Die genetische Zuordnung zeigte also eine ausreichend gute Trefferquote.

Gentest unterzogen. Mit einer Erfolgsrate von 2 gefundenen bzw. 1 beprobten Losungshaufen pro abgelaufenen Kilometer konnten wir zufrieden sein. Denn obwohl im Labor viele Lösungsproben kein Ergebnis brachten, stand am Ende von immerhin 398 Proben (35 %) ein Genotyp fest. Diese Proben stammten von 247 Individuen, von denen 53 Tiere zweimal, 20 dreimal, 7 viermal und 5 sogar mehr als fünfmal wiederbeprobzt worden waren. Daraus ergab sich nach einigen Modellberechnungen, dass im Beprobungsgebiet ca. 490 Stück Rotwild gelebt haben müssten. Stimmt diese Zahl, müsste uns ungefähr 50 % des Gesamtbestandes, nämlich 247 Tiere, genetisch bekannt sein. Dies ließ sich einfach über die Jagdstrecke überprüfen, da im Beprobungsgebiet im folgenden Sommer und Herbst von 31 erlegten Stück Rotwild (ohne Kälber) Gewebeproben genommen werden



Im März 2010 starteten wir schließlich die Losungssuchen im ca. 10.000 ha großen Wildforschungsgebiet „Pfälzerwald“ im Forstamt Hinterweidenthal. Wir waren gespannt, ob die 10 Suchläufer, die innerhalb von 10 Tagen je ca. 10 km lange Quer-Feld-ein-Transekte ablaufen sollten, ausreichend Frischlosung von Rotwild finden werden.

Schließlich wurden jedoch insgesamt 2.239 Losungshaufen gezählt und davon 1.128 Proben (ca. 50 %) als ausreichend frisch eingeschätzt und einem

konnten. Tatsächlich waren davon 13 Tiere (42 %) genetisch bekannt. Dieser Prozentwert entspricht ziemlich gut dem Erwartungswert, wenn man bedenkt, dass die Population in der Zwischenzeit Mischungseffekten ausgesetzt ist, was die „Wiederfangrate“ naturgemäß etwas reduzieren dürfte.

Die Schlussfolgerungen

Doch welche Populationsdichte und schließlich welche Abschussempfehlungen sind für das Untersuchungsge-

biet abzuleiten, wenn man eine Populationsgröße von 490 Tieren unterstellt? Das 10.000 ha große Untersuchungsgebiet liegt mitten in einem großen zusammenhängenden Waldgebiet, das nach außen nicht abgegrenzt ist. Daher wurde anhand von langjährigen Rotwildstudien zum Raumnutzungsverhalten aus den benachbarten Nordvogesen abgeleitet, dass die mit den Transekten abgedeckte Fläche rechnerisch um einen Gürtel von 500 m Breite erweitert werden muss. Das ergibt eine Bezugsfläche für die Dichtebestimmung der Population von 12.900 ha. Demnach liegt die derzeit beste Schätzung zur Gesamtdichte im Gebiet bei $\approx 3,3$ Stück Rotwild pro 100 ha. Ferner ist festzustellen, dass das Geschlechterverhältnis, das sich über die Genotypisierung ergeben hat, etwas zu Gunsten des Kahlwildes verschoben ist. Derzeit gehen wir im Gesamtbestand von einem GV von 1:1,35 aus, was auf eine Kahlwildsdichte von 2,3 Stück Kahlwild pro 100 ha hinauslaufen würde. Bei einem Kälberanteil von 33 % in den Kahlwildrudeln (ein Wert, der bei nächtlichen Scheinwerferzählungen zum gleichen Zeitpunkt im gleichen Gebiet ermittelt wurde) und einem GV bei Kälbern von wahrscheinlich 1:1, ergäbe sich eine Dichte von ca. 1,9 Schmal- und Alttieren pro 100 ha. Bei einer beabsichtigten Abschöpfung des Zuwachses, der

realistischerweise mit 70 % des Schmal- und Alttierbestandes (rechnerisch ab 1.4.) veranschlagt wird, müssten also 1,3 Stück Rotwild pro Jahr und 100 ha erlegt werden. Im gleichen Jahr wurde in dem 10.000 ha Wildforschungsgebiet eine Abschussdichte von 1 Stück / 100 ha realisiert. Auf der Gesamtfläche des Rotwildrings Pfälzerwald ist allerdings mit einem neu vereinbarten Abschussoll von 0,8 Stück / 100 ha fraglich, ob das Ziel einer Bestandesregulierung erreicht werden kann. Diese Vermutung erscheint plausibel, da das Wildforschungsgebiet zwar nur 16 % des gesamten Rotwildbewirtschaftungsbezirks einnimmt, diesen aber hinsichtlich der ungleichen Verteilung des Rotwildes und der Anteile von Rand- und Kerngebiet gut repräsentiert.

Das hier vorgestellte Verfahren bietet derzeit die genaueste Bestandsschätzung in deckungsreichen Lebensräumen für Rotwild. Sie hat zumindest für das



Das Corpus delicti in der Rotwildforschung. An den Losungspillen haftet eine feine Schicht körpereigener Darmschleimhaut. Über Losungsfunde aus einem Gebiet kann daher ein individueller genetischer Fingerabdruck der dort lebenden Tiere erstellt werden. Dies lässt sich für genaue Bestandsschätzungen nutzen. (Foto © U. Hohmann)

hier untersuchte Gebiet gezeigt, dass Abschussplanung bzw. Abschussrealisierung auf unzureichenden Bestandesannahmen fußte. Eine Fortführung des Einsatzes dieser Zählungsmethode in stärker besiedelten Rotwildregionen erscheint sinnvoll, auch mit dem Ziel, einfachere Zählverfahren, wie die Scheinwerferzählung, besser zu kalibrieren.

■ (aus ForstInfo 1/11, S. 21-22)

Schonzeitaufhebung für 19 Gänse

Die Gemeinde Tutzing am Starnberger See bläst zur finalen Jagd auf ihre Kanadagänse

Liebe Öko-Jäger,

manche Menschen können ja bekanntlich nicht genug bekommen – einige anscheinend nicht einmal wenig genug.

Am Starnberger See mit einem seit 10 Jahren stabilen Bestand von etwa 200 Gänsen kochen seit einigen Jahren die Gemüter über, seitdem vermeintliche

Fachleute den Anrainern eingeredet haben, dass gesundheitliche Gefahr von dem Gänsekot ausgeht, mit dem man sich dort die Liegewiesen teilen muss. Solche Aussagen kann man überprüfen – und siehe, es finden sich in dem grasartigen Kot nicht die kleinsten Hinweise, dass Gänse Krankheiten auf Menschen übertragen könnten. Es gehört aber auch zu den Angewohnheiten von uns Menschen, lieber gegen eingebildete Gefahren vorzugehen als gegen reale (Massentierhaltung, Straßenverkehr), wenn letztere uns einen Vorteil bringen. Ein 2006 angestrebter Managementplan zur Entkotung der Liegewiesen mit Duldungs- und Vergrämungsflächen scheiterte allerdings an dem Unwillen der Anrainergemeinden, überhaupt Gänse auf ihrem Gebiet zu tolerieren. Es fanden sich auch Fachleute, die Gänsegemeinden gegen entsprechende Vergütung anboten, zur Reduktion der »Überpopulation« unter dem Deckmantel der Wissenschaft geltende Gesetze zu umgehen. Das Landratsamt am Starnberger See wählte eine billigere Variante – und beauftragte die Seejäger, ab dem 20. Juli in möglichst wenigen

Für den Abschuss dieser Mauser- und Nachmausergruppe - insgesamt 19 Individuen – sowie die nachfolgend in das dann leere Revier einwandernden Gänse beantragt und erhält die Gemeinde Tutzing am Starnberger See eine Schonzeitaufhebung (Foto © privat)

