

Entwicklung genauerer Zählverfahren für Rotwild

DIE ROTWILDZÄHLUNG

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 FAWF seit 2009 an der Entwicklung genauerer Zählverfahren für Rotwild. Wir bedienen uns dabei einer besonderen molekularbiologischen Technik, der sogenannten PCR (Polymerase Chain Reaction). Anhand kleinster körpereigener Gewebemengen, z. B. anhand einer Haarwurzel oder einer abgesetzten Losungspille, der auch ein wenig Darmschleimhaut anhaftet, kann mit Hilfe der PCR-Technik ein genetischer Fingerabdruck erstellt und damit Tiere indirekt oder „nicht-invasiv“ identifiziert werden.



■ Über Losungsfunde aus einem Gebiet kann ein individueller genetischer Fingerabdruck der dort lebenden Tiere erstellt werden
Foto: Archiv FAWF

Das Prinzip

Wie kann man sich dies für 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

beprobte 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 Fragen 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 elf 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.

Im März 2010 starteten wir schließlich die Losungssuchen im ca. 10.000 Hektar großen Wildforschungsgebiet „Pfälzerwald“ im Forstamt Hinterweidenthal. Wir waren gespannt, ob die zehn Suchläufer, die innerhalb von zehn Tagen je ca. 10 km lange Quer-Feld-Ein-Transecte 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 Gentest unterzogen. Mit einer Erfolgsrate von zwei gefundenen bzw. einem beprobten Losungshaufen pro abgelaufenen Kilometer konnten wir zufrieden sein. Denn obwohl im Labor viele Losungsproben 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 wiederbeprobtert worden waren. Daraus ergab sich nach einigen Modellberechnungen, dass im Beprobungsgebiet ca. 490 Stück Rotwild gelebt haben müssten. Stimmt diese Zahl, müssten 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 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 Untersuchungsgebiet abzuleiten, wenn man eine Populationsgröße von 490 Tieren unterstellt? Das 10.000 Hektar 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 Hektar. Demnach liegt die derzeit beste Schätzung zur Gesamtdichte im Gebiet bei $\approx 3,8$ Stück Rotwild pro 100 Hektar. 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 Geschlechterverhältnis von 1 : 1,5 aus, was auf eine Kahlwildsdichte von 2,3 Stück Kahlwild pro 100 Hektar 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 Geschlechterverhältnis bei Kälbern von wahrscheinlich 1 : 1, ergäbe sich eine Dichte von ca. 1,9 Schmal- und Alttieren pro 100 Hektar. Bei einer beabsichtigten Abschöpfung des Zuwachses, der realistischere Weise mit 70 % des Schmal- und Alttierbestandes (rechnerisch ab 1.4.) veranschlagt wird, müssten also 1,3 Stück Rotwild pro Jahr und 100 Hektar erlegt werden. Im gleichen Jahr wurde in dem 10.000 Hektar Wildforschungsgebiet eine Abschussdichte von 0,7 Stück / 100 Hektar realisiert. Vorgenommen hatte man sich ein Erlegungssoll von immerhin mehr als 1 Stück / 100 Hektar. Auf der Gesamtfläche des Rotwildrings Pfälzerwald ist allerdings mit einem neu vereinbarten Abschussoll von 0,8 Stück / 100 Hektar in jedem Fall 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 Bestandesschätzung in deckungsreichen Lebensräumen für Rotwild. Sie hat zumindest für das 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.

Dr. Ulf Hohmann
Moritz Rahlfs
Cornelia Ebert
FAWF