

Endbericht zum Forschungsprojekt

Vergleichende Analyse verschiedener Methoden zur Erfassung von freilebenden Huf-tieren

finanziert durch die Deutsche Bundesstiftung Umwelt (DBU)



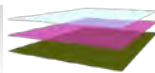
- Projektzeitraum 2013-2015 -



INSTITUT FÜR TERRESTRICHE UND AQUATISCHE WILDTIERFORSCHUNG
STIFTUNG TIERÄRZTLICHE HOCHSCHULE HANNOVER
Dipl.-Biol. R. Gräber, Dr. Katrin Ronnenberg, Dr. E. Strauß, Prof. Dr. U. Siebert

IN KOOPERATION MIT:

-Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft: Dr. U. Hohmann,
Dipl.-Forstwiss. J. Sandrini, Dr. C. Ebert, Dipl.-Forstwirt. U. Hettich
- Aerosense, Dipl.-Ing. U. Franke



a e r o s e n s e
Ingenieurbüro

INHALTSVERZEICHNIS

1	<u>HINTERGRUND</u>	1
2	<u>PROJEKTZIEL</u>	3
3	<u>UNTERSUCHUNGSGEBIETE</u>	4
3.1	LÜNEBURGER HEIDE	6
3.2	HUNSRÜCK	7
3.3	BIENWALD	9
3.4	SOONWALD	10
4	<u>ANGEWENDETE METHODEN</u>	11
4.1	SCHEINWERFERTAXATION	11
4.1.1	GRUNDLAGEN UND VORAUSSETZUNGEN	11
4.1.2	METHODENBESCHREIBUNG/DURCHFÜHRUNG	12
4.2	IR-ERFASSUNG UND DISTANCE SAMPLING	15
4.2.1	DISTANCE SAMPLING: GRUNDLAGEN UND VORAUSSETZUNGEN	15
4.2.2	METHODENBESCHREIBUNG/DURCHFÜHRUNG	18
4.3	ZÄHLUNGEN AUS DER LUFT MITTELS KOMBINATION VON WÄRMEBILD- UND DIGITALKAMERA	20
4.3.1	GRUNDLAGEN UND VORAUSSETZUNGEN	20
4.3.2	METHODENBESCHREIBUNG/DURCHFÜHRUNG	21
4.4	KOTGENOTYPISIERUNG	22
4.4.1	GRUNDLAGEN UND VORAUSSETZUNGEN	22
4.4.2	METHODENBESCHREIBUNG/DURCHFÜHRUNG	23
4.5	FOTOFALLENMONITORING	28
4.5.1	GRUNDLAGEN UND VORAUSSETZUNGEN	28
4.5.2	METHODENBESCHREIBUNG/DURCHFÜHRUNG	28
5	<u>ERGEBNISSE</u>	31
5.1	UNTERSUCHUNGSGEBIET LÜNEBURGER HEIDE	32
5.1.1	SCHEINWERFERTAXATION 2014	32
5.1.2	IR-ERFASSUNG UND DISTANCE SAMPLING 2014	33
5.1.3	BEFLIEGUNG 2014	36
5.2	UNTERSUCHUNGSGEBIET HUNSRÜCK	39
5.2.1	SCHEINWERFERTAXATION 2011-2015	39
5.2.2	IR-ERFASSUNG UND DISTANCE SAMPLING 2014 UND 2015	43
5.2.3	KOTGENOTYPISIERUNG REH 2014 UND ROTHIRSCH 2012	51
5.2.4	FOTOFALLENMONITORING 2014	59
5.2.5	BEFLIEGUNG 2014 UND 2015	63
5.3	UNTERSUCHUNGSGEBIET BIENWALD	66
5.3.1	IR-ERFASSUNG UND DISTANCE SAMPLING 2015	66
5.3.2	KOTGENOTYPISIERUNG REH 2012	69
5.3.3	FOTOFALLENMONITORING 2013	70
5.4	UNTERSUCHUNGSGEBIET SOONWALD	73
5.4.1	SCHEINWERFERZÄHLUNG 2015 (SIMON 2015)	73

5.4.2 KOTGENOTYPISIERUNG ROTHIRSCH 2015	73
5.4.3 BEFLIEGUNG 2015	74
6 ZUSAMMENFASSUNG UND VERGLEICHENDE BEWERTUNG	76
6.1 REH	78
GEBIET 1: LÜNEBURGER HEIDE	78
GEBIET 2: HUNSRÜCK	79
GEBIET 3: BIENWALD	82
ZUSAMMENFASSUNG ERFASSUNGSMETHODEN REH	83
6.2 ROTHIRSCH	85
GEBIET 1: LÜNEBURGER HEIDE	85
GEBIET 2: HUNSRÜCK	86
ERSATZGEBIET SOONWALD	88
ZUSAMMENFASSUNG ERFASSUNG ROTHIRSCH	89
7 ANHANG	90
7.1 ALLGEMEINE METHODENDARSTELLUNG	90
7.1.1 SCHEINWERFERTAXATION	90
7.1.2 IR-ERFASSUNG UND DISTANCE SAMPLING	92
7.1.3 BEFLIEGUNG (IR-VIS)	94
7.1.4 KOTGENOTYPISIERUNG	96
7.1.5 FOTOFALLENMONITORING	98
7.2 TABELLE: METHODENVERGLEICH	102
8 LITERATUR	103

ABBILDUNGSVERZEICHNIS

ABBILDUNG 1: LAGE DER UNTERSUCHUNGSGEBIETE IN DEN JAHREN 2014 UND 2015	4
ABBILDUNG 2: DIE LÜNEBURGER HEIDE, NATURSCHUTZGEBIET (©B.EVERS)	6
ABBILDUNG 3: BLICK VON DER KIRSCHWEILER FESTUNG (©FUNK)	7
ABBILDUNG 4: FEUCHTGEBIETSWALD BIENWALD	9
ABBILDUNG 5: SOONWALD (© MICHAEL JOCHUM)	10
ABBILDUNG 6: UNTERSUCHUNGSGEBIET IM HUNSRÜCK (IDAR-/HOCHWALD) MIT DEN UNTERSUCHUNGSFLÄCHEN FÜR SCHEINWERFERTAXATION, FOTOFALLENMONITORING UND DEN KOTGENOTYPISIERUNGEN ROTHIRSCH 2012 (BLAUER UMRISS) UND REH 2014 (ROTER UMRISS, GLEICH WIE FOTOFALLENFLÄCHE)	12
ABBILDUNG 7: UNTERSUCHUNGSGEBIET IM SOONWALD MIT DER FLÄCHE DER GESAMTEN ROTWILDHEGEGEMEINSCHAFT (SCHWARZ UMRANDET) UND DER UNTERSUCHUNGSFLÄCHE (ROT UMRANDETER DUNKELGRÜNER BEREICH; GEZÄUNTE UND DAMIT BEI DER AUSWERTUNG NICHT BERÜCKSICHTIGTE FLÄCHEN SIND ROT MARKIERT) FÜR SCHEINWERFERTAXATION, BEFLIEGUNG UND KOTGENOTYPISIERUNG 2015 (QUELLEN: SCHEINWERFERZÄHLUNG SIMON 2015, SONST FAWF).	13
ABBILDUNG 8: UNTERSUCHUNGSGEBIET IN DER LÜNEBURGER HEIDE FÜR DIE SCHEINWERFERTAXATION	14
ABBILDUNG 9: BEISPIEL EINER „HAZARD RATE“ ENTDECKUNGSFUNKTION (LINIE) UND DIE ANZAHL DER BEOBACHTUNGEN IN DEN ENTFERNUNGSKLASSEN (BALKEN). AUF DER	

X-ACHSE SIND DIE RECHTWINKLIGEN ENTFERNUNGEN (DISTANCE) IN METERN VON DER TRANSEKTLINIE AUFGETRAGEN.	15
ABBILDUNG 10: SCHRITTE ZUM ERFOLGREICHEN DENSITY SURFACE MODEL: DIE ERHOBENEN RÄUMLICHEN DATEN (Z.B. ENTFERNUNG ZUM WALD (A)) WERDEN DEN SICHTUNGEN IN DEN SEGMENTEN ZUGEORDNET (B). AUS DEN RÄUMLICHEN DATEN UND DEN BERECHNETEN WILDTIERDICHTEN WIRD EIN MODELL (GAM: GENERALISIERTES ADDITIVES MODELL) BERECHNET UND AUF DIE FLÄCHE HOCHGERECHNET (C).	17
ABBILDUNG 11: DIE TRANSEKTE WERDEN IN DER NACHT ABGEFAHREN UND ZU BEIDEN SEITEN WIRD DAS GEBIET MIT DER WÄRMEBILDKAMERA ABGESUCHT (@ERDMANNFILMPRODUKTION)	18
ABBILDUNG 12: ROTHIRSCH IM BILD DER WÄRMEBILDKAMERA (LINKS); ZUDEM WERDEN DATEN WIE ENTFERNUNG UND KOORDINATEN ZUSÄTZLICH AUFGENOMMEN, SO DASS EINE DARSTELLUNG IN DER KARTE ERFOLGEN KANN (RECHTS)	19
ABBILDUNG 13: ULTRALEICHTFLUGZEUG DES TYP S-STOL (@U. FRANKE)	21
ABBILDUNG 14: UNTERSUCHUNGSGEBIET, TRANSEKTE (GRÜNE LINIEN) UND REH-LOSUNGSFUNDE (ROTE PUNKTE) IM HOCHWALD	27
ABBILDUNG 15: STANDORTE DER FOTOFALLEN IM UNTERSUCHUNGSGEBIET HUNSRÜCK 2014	29
ABBILDUNG 16: FAHRTROUTEN UND ROTHIRSCH-SICHTUNGEN DER DREI FAHRTEN	32
ABBILDUNG 17: TRANSEKTE DER IR-ERFASSUNG IN DER LÜNEBURGER HEIDE (IN GRÜN SIND WALDFLÄCHEN DARGESTELLT, OFFENLAND IN HELLGELB)	33
ABBILDUNG 18: VERTEILUNG DER REHSICHTUNGEN UND GRUPPENGROÖBE IN DER LÜNEBURGER HEIDE BEI DEN IR-ERFASSUNGEN	34
ABBILDUNG 19: VERTEILUNG DER ROTHIRSCHSICHTUNGEN UND GRUPPENGROÖBE IN DER LÜNEBURGER HEIDE BEI DEN IR-ERFASSUNGEN	34
ABBILDUNG 20: ENTDECKUNGEN IN ENTFERNUNGSKLASSEN UND DIE KURVE DER ENTDECKUNGSWAHRSCHEINLICHKEIT FÜR REHE	35
ABBILDUNG 21: MODELLIERTE DICHTEVERTEILUNG (DSM) FÜR REHE IN DER LÜNEBURGER HEIDE 2014	36
ABBILDUNG 22: FLUGROUTE INKL. SICHTUNGSEREIGNISSE IN DER LÜNEBURGER HEIDE	37
ABBILDUNG 23: FAHRTROUTEN ALLER TEAMS UND ROTHIRSCH-SICHTUNGEN AM 03.04.2014	39
ABBILDUNG 24: FAHRTROUTEN ALLER TEAMS UND ROTHIRSCH-SICHTUNGEN AM 22.04.2015	41
ABBILDUNG 25: ROTWILD-ZÄHLERGEBNISSE IN DEN JAHREN 2011-2015 (GESEHENE INDIVIDUEN JE 100 HA WALD). BEZUGSFLÄCHE IN DEN JAHREN 2011-2014: 27.500 HA WALD, 2015: 17.250 HA. DAS JEWEILS HÖCHSTE ERGEBNIS EINES JAHRES WIRD ALS "WERTUNGSERGEBNIS" BEZEICHNET	43
ABBILDUNG 26: ÜBERSICHT ÜBER ALLE BEFAHRENEN TRANSEKTE DER IR-ERFASSUNG IM HUNSRÜCK 2014 UND 2015	44
ABBILDUNG 27: REHSICHTUNGEN IM UNTERSUCHUNGSGEBIET HUNSRÜCK WÄHREND DER IR-FAHRTEN 2014	45
ABBILDUNG 28: ENTDECKUNGEN IN ENTFERNUNGSKLASSEN UND DIE FUNKTION DER ENTDECKUNGSWAHRSCHEINLICHKEIT FÜR REHE	45
ABBILDUNG 29: MODELLIERTE DICHTEVERTEILUNG FÜR REHE IM HUNSRÜCK 2014	46
ABBILDUNG 30: MODELLIERTE DICHTEVERTEILUNG FÜR REHE IM HUNSRÜCK 2014 AUF DER KLEINEREN FLÄCHE DER KOTGENOTYPISIERUNG UND DES FOTOFALLENMONITORINGS	47
ABBILDUNG 31: TRANSEKTE DER IR-ERFASSUNG IM HUNSRÜCK 2015	48
ABBILDUNG 32: REH-SICHTUNGEN IM UNTERSUCHUNGSGEBIET HUNSRÜCK WÄHREND DER IR-ERFASSUNG 2015	49
ABBILDUNG 33: ENTDECKUNGEN IN ENTFERNUNGSKLASSEN UND DIE KURVE DER ENTDECKUNGSWAHRSCHEINLICHKEIT FÜR REHE	49
ABBILDUNG 34: MODELLIERTE DICHTEVERTEILUNG FÜR REHE IM HUNSRÜCK 2015	50

ABBILDUNG 35: MODELLIERTE DICHTEVERTEILUNG FÜR REHE IM HUNSRÜCK 2015 AUF DER KLEINEREN FLÄCHE DER KOTGENOTYPISIERUNG UND DES FOTOFALLENMONITORINGS	51
ABBILDUNG 36: VERTEILUNGSSCHWERPUNKTE DER REH-LOSUNGSFUNDE (ROTE PUNKTE) IM HOCHWALD DARGESTELLT IN FORM EINER KERNEL-AUSWERTUNG (ROTE PUNKTE = LOSUNGSFUNDE). DIE INTENSITÄT DER FUNDDICHTE NIMMT MIT DUNKLER WERDENDEM GRAU BIS HIN ZUM SCHWARZ ZU.	54
ABBILDUNG 37: VERTEILUNG DER POSTERIOREN WAHRSCHEINLICHKEITSFUNKTION FÜR DIE POPULATIONSSCHÄTZUNG MIT HILFE DES BAYESISCHEN ANSATZES. DIE HIERBEI GESCHÄTZTE GESAMTPOPULATION AN REHEN IM UNTERSUCHUNGSGEBIET HUNSRÜCK – HOCHWALD BETRÄGT 319 (305 – 333) TIERE	57
ABBILDUNG 38: HETEROGENITÄTSTEST NACH PUECHMAILLE & PETIT: DIE GRAFIK ZEIGT SOWOHL DIE ERWARTETE (--●--) ALS AUCH DIE TATSÄCHLICHE VERTEILUNG (___▲___) DER INDIVIDUEN AUF EINFACH- BZW. MEHRFACHERFASSUNGEN IM UNTERSUCHUNGSGEBIET HUNSRÜCK – HOCHWALD.	57
ABBILDUNG 39: VERTEILUNG DER VERSCHIEDENEN AUSLÖSEGRÜNDE DES GESAMTEN BILDMATERIALS IM BETRACHTUNGSZEITRAUM	60
ABBILDUNG 40: ÜBERSICHT DER BILDEREIGNISSE DES REH-FOTOFALLENMONITORINGS 2014 PRO STANDORT	61
ABBILDUNG 41: FLUGROUTE INKL. SICHTUNGSEREIGNISSE HUNSRÜCK 2014	63
ABBILDUNG 42: FLUGROUTE INKL. SICHTUNGSEREIGNISSE HUNSRÜCK 2015	64
ABBILDUNG 43: TRANSEKTE DER IR-ERFASSUNG IM BIENWALD 2015	66
ABBILDUNG 44: REH-SICHTUNGEN IM UNTERSUCHUNGSGEBIET BIENWALD WÄHREND DER IR-FAHRTEN 2015	67
ABBILDUNG 45: ENTDECKUNGEN IN ENTFERNUNGSKLASSEN UND DIE KURVE DER ENTDECKUNGSWAHRSCHEINLICHKEIT FÜR REHE	67
ABBILDUNG 46: MODELLIERTE DICHTEVERTEILUNG FÜR REHE IM BIENWALD 2015	68
ABBILDUNG 47: LAGE DER TRANSEKTE INNERHALB DES ZENTRAL IM BIENWALD GELEGENEN ETWA 3000 HA GROßEN BEPROBUNGSGEBIETES	69
ABBILDUNG 48: VERTEILUNG DER VERSCHIEDENEN AUSLÖSEGRÜNDE DES GESAMTEN BILDMATERIALS IM BETRACHTUNGSZEITRAUM	70
ABBILDUNG 49: ÜBERSICHT DER BILDEREIGNISSE DER REHE-FOTOFALLENMONITORINGS 2013 PRO STANDORT	71
ABBILDUNG 50: FLUGROUTE INKL. SICHTUNGSEREIGNISSE SOONWALD 2015	75
ABBILDUNG 51: ERKLÄRUNG DER GRAPHIKSYMBOLE FÜR DIE DARSTELLUNG DER MODELLSCHÄTZWERTE OHNE GESCHLECHTERDIFFERENZIERUNG (LINKS) UND MIT GESCHLECHTERDIFFERENZIERUNG (MITTIG). BEI BESTIMMTEN METHODEN WIRD EIN MINDESTBESTAND ERMITTELT, DER DANN DURCH ANNAHME EINER ERFASSUNGSWAHRSCHEINLICHKEIT HOCHGERECHNET WIRD. VERWENDET WIRD HIER DIE DARSTELLUNG VON ZWEI ERFASSUNGSWAHRSCHEINLICHKEITEN (Z.B.: $P=0,6$ ENTSPRICHT EINER ERFASSUNGSWAHRSCHEINLICHKEIT VON 60 %)	77
ABBILDUNG 52: ABUNDANZSCHÄTZUNGEN ZUM REH IM UNTERSUCHUNGSGEBIET LÜNEBURGER HEIDE FÜR DAS FRÜHJAHR 2014 (SYMBOLERKLÄRUNG IN	78
ABBILDUNG 53: ABUNDANZSCHÄTZUNGEN ZUM REHWILD IM UNTERSUCHUNGSGEBIET HUNSRÜCK FÜR DAS FRÜHJAHR 2014 (SYMBOLERKLÄRUNG IN	79
ABBILDUNG 54: GEBIETSAUSWAHL IM HUNSRÜCK, LAGE DER FAHRTROUTEN UND VERSCHIEDEN GESCHÄTZTE REH-VERBREITUNGSSCHWERPUNKTE IM GEBIET (MITTE, RECHTS)	80
ABBILDUNG 55: ABUNDANZSCHÄTZUNGEN ZUM REHWILD IM UNTERSUCHUNGSGEBIET HUNSRÜCK FÜR DAS FRÜHJAHR 2015 (SYMBOLERKLÄRUNG IN	81
ABBILDUNG 56: ABUNDANZSCHÄTZUNGEN ZUM REHWILD IM UNTERSUCHUNGSGEBIET BIENWALD FÜR DIE FRÜHJAHRE 2012, 2013 UND 2015 (SYMBOLERKLÄRUNG IN	82
ABBILDUNG 57: STRECKENSTATISTIK EINES ZENTRALEN REGIEJAGDREVIERES DES FORSTAMTES BIENWALD. ÄNDERUNGEN IN DER BEJAGUNGSINTENSITÄT IM ZEITRAUM 2011 – 2015 SIND NICHT ERKENNTLICH GEWESEN, SO DASS DER RELATIV STABILE STRECKENVERLAUF EINEN WEITGEHEND STABILEN POPULATIONSVERLAUF VERMUTEN LÄSST.	83

ABBILDUNG 58: ABUNDANZSCHÄTZUNGEN ZUM ROTWILD IM UNTERSUCHUNGSGEBIET HUNSRÜCK FÜR DEN ZEITRAUM 2011 -2015 (SYMBOLERKLÄRUNG IN	86
ABBILDUNG 59: GESCHÄTZTE ROTHIRSCHDICHTEN IM UNTERSUCHUNGSGEBIET HOCHWALD ZWISCHEN 2011 UND 2015 ERMITTELT AUF BASIS DER SCHEINWERFERZÄHLERGEBNISSE BEI ANGENOMMENEN ERFASSUNGSRATEN VON 30% BEIM MÄNNL. WILD UND 60 % BEIM WEIBL. WILD. ZUDEM WERDEN DER ERMITTELTE ZUWACHS SOWIE DER ABSCHUSS AUF DEN REGIEJAGDEN DARGESTELLT.	87
ABBILDUNG 60: ABUNDANZSCHÄTZUNGEN ZUM ROTWILD IM UNTERSUCHUNGSGEBIET SOONWALD 2015 (SYMBOLERKLÄRUNG IN	88
ABBILDUNG 61: LOSUNGSFUNDSCHEWERPUNKTE VON REHWILD (ROT) UND ROTWILD (BLAU) BEI DER LOSUNGSSAMMLUNG IM ZUGE DER REHWILD-LOSUNGS-GENOTYPISIERUNG 2014	99

TABELLENVERZEICHNIS

TABELLE 1: ÜBERSICHT: GEBIETSCHARAKTERISTIKA DER UNTERSUCHUNGSGEBIETE	5
TABELLE 2: FÜR DIE INDIVIDUELLE IDENTIFIZIERUNG VON REHEN IM HOCHWALD VERWENDETE MIKROSATELLITEN	24
TABELLE 3: ÜBERSICHT ÜBER DIE ZUR INDIVIDUELLEN IDENTIFIZIERUNG DES 2012 IM HOCHWALD UND 2015 IM SOONWALD BEPROBTEN ROTWILDS VERWENDETEN MIKROSATELLITEN. MARKER AMELXY DIENTE ZUR GESCHLECHTSBESTIMMUNG	25
TABELLE 4: DURCHGEFÜHRTE METHODEN IN DEN VERSCHIEDENEN GEBIETEN + ERGEBNISSE AUS ANDEREN PROJEKTEN, FINANZIERT DURCH ANDERE GELDGEBER (IN ROT DARGESTELLT)	31
TABELLE 5: ANZAHL VON GESEHENEN ROTHIRSCHEN (RUDELANZAHL) BEI DER SCHEINWERFERTAXATION IN DER LÜNEBURGER HEIDE 2014	32
TABELLE 6: ANZAHL VON ROTHIRSCHEN UND REHEN BEI DEN IR-ERFASSUNGSFAHRTEN IN DER LÜNEBURGER HEIDE	33
TABELLE 7: DETEKTIONEN DER BEFLIEGUNG IN DER LÜNEBURGER HEIDE AM 28.03.2014	37
TABELLE 8: KLASSEN UND ALTERSVERTEILUNG DER „SICHER ANGESPROCHENEN INDIVIDUEN“, DER ALS „KAHLWILDRUDEL“ UND ALS „ROTHIRSCH“ ANGESPROCHENEN STÜCKE UND DARAUS ERMITTELTE, MÖGLICHE GESAMTKLASSENVERTEILUNG FÜR DIE SCHEINWERFERTAXATION HUNSRÜCK 2014.	40
TABELLE 9: KLASSEN UND ALTERSVERTEILUNG DER „SICHER ANGESPROCHENEN INDIVIDUEN“, DER ALS „KAHLWILDRUDEL“ UND ALS „ROTHIRSCH“ ANGESPROCHENEN STÜCKE UND DARAUS ERMITTELTE, MÖGLICHE GESAMTKLASSENVERTEILUNG FÜR DIE SCHEINWERFERTAXATION HUNSRÜCK 2015.	42
TABELLE 10: BEI DEN WERTUNGSZÄHLUNGEN IM HOCHWALD ZWISCHEN 2011-2015 FESTGESTELLTE GESCHLECHTERVERHÄLTNISSE BEIM GESEHENEN ROTWILD	42
TABELLE 11: EIGENSCHAFTEN DER STR-MARKER, DIE 2014 ZUR INDIVIDUELLEN IDENTIFIZIERUNG VON REH-KOTPROBEN IM HOCHWALD VERWENDET WURDEN (H EXP = ERWARTETE HETEROZYGOTIE, H OBS = BEOBACHTETE HETEROZYGOTIE, PCR+ = ANTEIL POSITIVE PCR, ADO = ALLELIC DROPOUT, FA = FALSCH-ALLELE).	52
TABELLE 12: VERTEILUNG ALLER IM HOCHWALD GENETISCH ERFASSTER REHE GESAMT SOWIE NACH GESCHLECHTERN GETRENNT AUF EINFACH- (1) BZW. MEHRFACHERFASSUNG (2-14). „UNBEKANNT“ BEDEUTET, DASS BEI DEN BETREFFENDEN TIEREN DER GESCHLECHTSMARKER NICHT NACHWEISBAR WAR	53
TABELLE 13: ÜBERSICHT ÜBER DIE ANZAHL ERFOLGREICH GENOTYPISierter REH-LOSUNGSPROBEN AUS DEM HOCHWALD SOWIE DER DABEI GENETISCH ERMITTELTEN ANZAHL INDIVIDUEN BEIDERLEI GESCHLECHTS. BEI DEN 9 „UNBEKANNTEN“ TIEREN WAR DER GESCHLECHTSMARKER NICHT NACHWEISBAR	55
TABELLE 14: ERGEBNISSE DER ANALYSEN VON GEWEBEPROBEN IN UND UM DAS UNTERSUCHUNGSGEBIET (UG) IM HOCHWALD ERLEGTER REHE	55

TABELLE 15: POPULATIONSSCHÄTZUNG MITTELS CAPWIRE (TIRM UND ECM) UND DEM BAYES-ANSATZ: BERECHNET WURDEN GESAMTPOPULATION SOWIE ANTEIL MÄNNLICHER BZW. WEIBLICHER TIERE AN DER POPULATION IM TIRM- UND ECM-MODELL. LAUT LIKELIHOOD-RATIO-TEST GEEIGNETERES MODELL JEWEILS UNTERSTRICHEN. POPULATIONSGRÖßE UND –DICHTE SIND JEWEILS MIT 95%-KONFIDENZINTERVALLEN (IN KLAMMERN) ANGEZEIGT. DIE DICHTE BEZIEHT SICH AUF DIE EFFEKTIV ERFASTE FLÄCHE, D.H. BEPROBUNGSGEBIET PLUS PUFFER (MMDM). ZUM VERGLEICH IST DIE MITTELS SECR BERECHNETE GESAMTDICHTE EBENFALLS ANGEZEIGT.	56
TABELLE 16: ÜBERSICHT ÜBER DIE IM LABOR GENETISCH UNTERSUCHTEN ROTHIRSCH-LOSUNGSPROBEN AUS DEM HUNSRÜCK	59
TABELLE 17: ERFASSUNGSHÄUFIGKEITEN DES IM HUNSRÜCK 2012 ÜBER LOSUNG GENETISCH ERFASTEN ROTHIRSCHBESTANDES	59
TABELLE 18: POPULATIONSSCHÄTZUNG, MITTELS MARK WURDEN DIE GESAMTPOPULATION SOWIE ANTEIL MÄNNLICHER BZW. WEIBLICHER TIERE AN DER POPULATION. POPULATIONSGRÖßE UND –DICHTE SIND JEWEILS MIT 95%-KONFIDENZINTERVALLEN (IN SPALTE CI) ANGEZEIGT. DIE DICHTE BEZIEHT SICH AUF DIE EFFEKTIV ERFASTE FLÄCHE, D.H. BEPROBUNGSGEBIET PLUS PUFFER (MMDM:518M).	62
TABELLE 19: DETEKTIONSEREIGNISSE DER BEFLIEGUNG IM HUNSRÜCK AM 03.04.2014	64
TABELLE 20: DETEKTIONSEREIGNISSE DER BEFLIEGUNG IM HUNSRÜCK AM 22.03.2015	65
TABELLE 21: GEZÄHLTE ROTHIRSCH AN DEN DREI ZÄHLFAHRTEN (VERÄNDERT NACH SIMON 2015)	73
TABELLE 22: ÜBERSICHT ÜBER DIE IM LABOR GENETISCH UNTERSUCHTEN ROTHIRSCH-LOSUNGSPROBEN AUS DEM SOONWALD	73
TABELLE 23: ERFASSUNGSHÄUFIGKEITEN DER IM SOONWALD 2015 ÜBER LOSUNG GENETISCH ERFASTEN ROTHIRSCH	74
TABELLE 24: DETEKTIONSEREIGNISSE DER BEFLIEGUNG IM BIENWALD AM 26.03.2015	75
TABELLE 25: DATENGRUNDLAGE FÜR DIE AUSWERTUNGEN ZU REHDICHTEN, INKL. DER ERGEBNISSE AUS ANDEREN PROJEKTEN (IN ROT MARKIERT)	78
TABELLE 26: DATENGRUNDLAGE FÜR DIE AUSWERTUNGEN ZU ROTHIRSCHDICHTEN, INKL. DER ERGEBNISSE AUS ANDEREN PROJEKTEN (IN ROT MARKIERT)	85

1 Hintergrund

Zuverlässige Angaben zu Schalenwildbestandsdichten als Trendindizes oder in Form von Abundanzen sind für ein modernes Wildtiermanagement zwingend erforderlich. Bestandszahlen, wie auch die Kenntnisse über die räumliche und zeitliche Verteilung von freilebenden Huftieren, sind für die Formulierung von Naturschutzziele, beim Schutzgebietsmanagement sowie im Straßenneubau und der Siedlungsentwicklung wichtige Grundlagen. Weiterhin erfordern die ökonomischen Interessen der Landnutzer – Landwirtschaft, Forstwirtschaft und Jagd - verlässliche Bestandsangaben, da z.B. Verbiss- und Schälschäden durch Rehe und Rothirsche oder Wühlschäden durch Wildschweine immer wieder zu Konflikten zwischen Jagd, Forstwirtschaft bzw. Landwirtschaft und Naturschutz führen (z.B. (FISCHER & WOTSCHIKOWSKY 2004)). Für dieses Projekt liegt der Fokus auf den Wildarten Reh, als flächendeckend vorkommende Wildart, und Rothirsch, da dem Rothirsch eine hohe Bedeutung bei Jagd, Forstschäden und Diskussionen um Lebensraumzerschneidung zukommt.

Die Kenntnisse über die Populationsgröße von Reh und Rothirsch sowie deren Verhalten sind aber auch grundlegende Voraussetzungen für nachhaltige Bestandsregulationen. Fundierte und nachhaltige Entscheidungen für Abschusspläne sind schwierig zu treffen und nicht zuletzt aus diesem Grund wird das momentane Schalenwildmanagement besonders vor dem Hintergrund des sogenannten „Wald + Wild - Konfliktes“ kontrovers diskutiert (AMMER et al. 2010). Um gezielt effektive Maßnahmen einzuleiten und Fehlurteile zu vermeiden, müssen die Hauptaufenthaltsgebiete sowie die Ursachen von Bestandsschwankungen in Reh- und Rothirschpopulationen bekannt sein. Darüber hinaus werden Managementmaßnahmen von den verschiedenen Interessensgruppen und Betroffenen nur dann akzeptiert und umgesetzt, wenn sie auf nachvollziehbaren und wissenschaftlichen Daten beruhen.

Verschiedene Weiserverfahren bieten die Möglichkeit, die Auswirkungen von Reh- und Rothirschvorkommen zu messen. Aussagen über Bestandsdichten sind auf diese Weise jedoch nicht möglich. Lediglich vor dem Hintergrund einer speziellen Zielsetzung können mit diesen Verfahren Aussagen über „zu viel“ oder „zu wenig“ Wild in einem Gebiet getroffen werden. Andere Faktoren wie anthropogene Störungen und Lebensraum- bzw. Nahrungsangebot beeinflussen die Aussagekraft solcher Weiserverfahren jedoch enorm. Dass ein rein „weiserbasiertes“ Management von Schalenwildpopulationen nicht ausreichend effektiv bzw. zielführend sein kann, belegen beispielsweise die Erfahrungen aus Rheinland-Pfalz. Dort existiert seit den 1995er Jahren landesweit ein „weiserorientiertes“ Bejagungskonzept auf der Grundlage standardisierter Verbiss- und Schälerhebungen (KASSEL et al. 2005). Seit dieser Zeit wird bei einer Gefährdung des waldbaulichen Betriebsziels eine Erhöhung des Abschusses gefordert. Doch trotz stetig steigender Erlegungszahlen verharrte die Schadsituation nahezu unverändert auf hohem Niveau. Als Ursache ist zu vermuten, dass die „Weiser“ zwar einen zu hohen Grundbestand indizierten,

jedoch keine Aussage über das für eine Bestandesreduktion notwendige Maß der Abschusserhöhung liefern konnten. Es ist davon auszugehen, dass die Bestände deutlich unterschätzt wurden und die Abschusserhöhungen zu gering ausfielen. Das rein „weiserbasierte“ Abschussmanagement hatte auch aufgrund dieser Wissenslücke eine nachhaltige Verbesserung der waldbaulichen Situation über einen Zeitraum von 18 Jahren nicht erreichen können.

Daher ist es besonders wichtig, Bestandsdichten und –trends nicht nur „weiserbasiert“, sondern mittels valider Zählmethoden zu erfassen. Nur so können Daten erhoben werden, die die Basis für ein von allen Seiten akzeptiertes Wildtiermanagement bilden können. In vereinzelt Studien werden bereits Methoden zur Bestandserfassung angewandt, um Trends in den Bestandsentwicklungen sowie lokale Bestandsdichten zu ermitteln. Die Validität der einzelnen Methoden ist dabei jedoch meist ungewiss, da oftmals nur eine Methode pro Studie und Gebiet angewendet wird. Da aber die genauen Bestandszahlen im Freiland unbekannt sind, ist so eine Validierung der verwendeten Methode nicht möglich. Ein Studiendesign, bei dem verschiedene Methoden parallel in einem Gebiet angewendet werden, kann hier helfen, die Aussagekraft der einzelnen Methoden zu überprüfen. So können schließlich Aussagen darüber getroffen werden, mit welchen Methoden sich verlässliche Daten über Wildbestandsdichten erheben lassen (SMART et al. 2004, DANIELS 2006a).

2 Projektziel

Ziel des Projektes ist die Evaluierung von Erfassungsmethoden, anhand derer Aussagen über Wildbestandsdichten und –trends getroffen werden können. Dafür sollen unterschiedliche Methoden zeitnah und räumlich in den gleichen Gebieten durchgeführt werden. Die Anwendung der Methoden in insgesamt vier unterschiedlichen Gebieten erfolgt parallel im Jahr 2014 und teils mit Wiederholungen im Jahr 2015. Auf diese Weise wird der Schätzfehler eines Ansatzes sichtbar bzw. dessen Robustheit überprüfbar. Damit soll eine Entscheidungshilfe für die Auswahl der genauesten, effektivsten und/oder kostengünstigsten Erfassung für die jeweilige Wildart (Reh und Rothirsch) erarbeitet werden.

Für das Untersuchungsvorhaben werden sowohl traditionelle wie neuartige und technisch hoch entwickelte Verfahren in den Mittelpunkt gestellt. Mit diesen Methoden sollen die Bestandsdichten und die Abundanzen in den Untersuchungsgebieten ermittelt werden.

Da die tatsächliche Zahl vorhandenen Wildes auf einer definierten Fläche, zumindest unter natürlichen Bedingungen, meist unbekannt ist, fehlen bisher Tests über die Verlässlichkeit oder gar Genauigkeit einer Zählmethode. Allerdings kann diese methodenabhängige Varianz bzw. die Genauigkeit der getroffenen Aussagen (Reproduzierbarkeit) wie auch zwischen verschiedenen Methoden (Vergleichbarkeit) über die wiederholte und parallele Anwendung verschiedener Zählungen in dem gleichen Gebiet und innerhalb einer kurzen Zeitspanne besser eingeschätzt werden (DANIELS 2006a). Es gibt drei verschiedene Faktoren, die die Varianz beeinflussen:

1. Die Anzahl der Tiere im Gebiet variiert (Witterung, Nahrungsangebot, etc.),
2. die Beobachtungs- bzw. Erfassungsbedingungen (Wetter, Vegetation etc.) variieren und
3. die Beobachtungsfähigkeit schwankt (DANIELS 2006a).

3 Untersuchungsgebiete

Die Methoden sollen in verschiedenen Gebieten vergleichend durchgeführt werden. Die Zielarten Reh und Rothirsch müssen im Untersuchungsgebiet flächendeckend vorkommen (Abbildung 1).

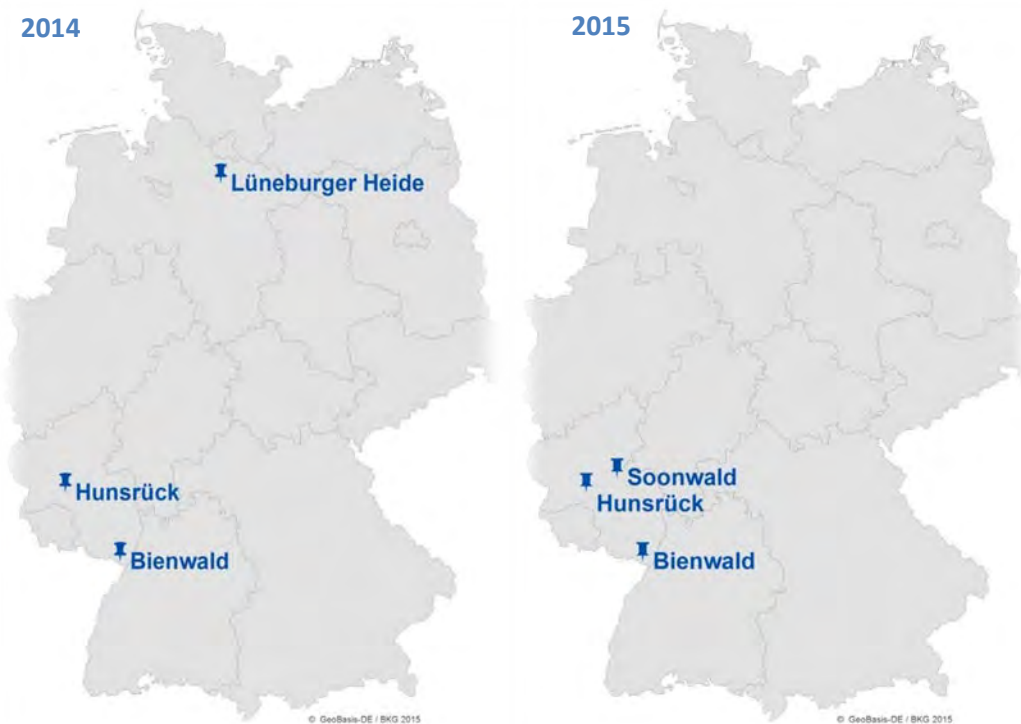


Abbildung 1: Lage der Untersuchungsgebiete in den Jahren 2014 und 2015

Aufgrund des großräumigen Raumnutzungsverhaltens von Rothirschen können Bestandszahlen zeitlich und räumlich besonders variieren. Rehe sind deutlich standorttreuer und die Bestandszahlen schwanken weniger. Um den Einfluss der Variabilität der Bestände auf die Untersuchungsbefunde zu minimieren, sollen alle Erhebungen parallel und in einem möglichst kleinen Zeitfenster durchgeführt werden. Um den Einfluss kleinräumiger Schwankungen der Verteilung und Dichte auf die Untersuchungsbefunde zu reduzieren bzw. um möglichst repräsentative und nicht durch Randeffekte zu stark beeinflusste Aussagen zur Verteilung zu erhalten, sollen die Gebiete relativ zu den Raumnutzungsansprüchen der Fokusarten eine ausreichende Größe aufweisen. Für Reh und Rothirsch sollten die Gebiete inkl. einer Pufferzone daher zwischen 2.000 ha und 10.000 ha groß sein.

Tabelle 1: Übersicht: Gebietscharakteristika der Untersuchungsgebiete

			2011	2012	2013	2014	2015	
Untersuchungsfläche in Hektar (davon Waldfläche in Hektar)	Reh	Gebiet 1 Halboffenland	IR&Distance				16.316 (8.685)	
		Lüneburger Heide	Befliegung				7.600	
		Gebiet 2 Bergwald Hunsrück	IR&Distance				22.300 (16.190)	22.300 (16.190)
			Kotgenotypisierung				4.590 (4.324)	
			Fotofallenmonitoring				4.590 (4.324)	
		Gebiet 3 Tieflandwald Bienwald	IR&Distance					3.000 (3.000)
			Kotgenotypisierung		3.000 (3.000)			
			Fotofallenmonitoring			3.000 (3.000)		
		Rothirsch	Gebiet 1 Halboffenland Lüneburger Heide	Befliegung				7.600
	Scheinwerferta- xation						16.316 (8.685)	
	Befliegung						8.000	8.000
	Gebiet 2 Bergwald Hunsrück		Scheinwerferta- xation	39.700 (27.500)	39.700 (27.500)	39.700 (27.500)	39.700 (27.500)	39.700 (27.500)
			Kotgenotypisierung		10.500 (10.500)			
			Fotofallenmonitoring				4.590 (4.324)	
Ersatzge- biet Soonwald	Befliegung						7.700	
	Scheinwerferta- xation						25.000 (15.820)	
	Kotgenotypisierung						14.000 (12.000)	

Im ersten Untersuchungsjahr 2014 fanden die Untersuchungen in der Lüneburger Heide, Hunsrück und Bienwald statt. Im Jahr 2015 stand das Gebiet in der Lüneburger Heide nicht mehr zur Verfügung, alternativ fanden Untersuchungen im Soonwald statt. Dort konnten als Vergleich andere Untersuchungen herangezogen werden.

3.1 Lüneburger Heide



Abbildung 2: Die Lüneburger Heide, Naturschutzgebiet (©B.Evers)

Die Lüneburger Heide ist eine große, geografisch überwiegend flachwellige Heide-, Geest- und Waldlandschaft im Nordosten Niedersachsens in den Einzugsbereichen der Städte Hamburg, Bremen und Hannover.

Das Naturschutzgebiet Lüneburger Heide (NSG LH) liegt inmitten der naturräumlichen Region Lüneburger Heide. Diese ist Teil der Geest, der weiträumigsten Naturlandschaft in Niedersachsen. Die Geest ist eine durch die Eiszeit geschaffene Altmoorlandschaft, die sich aus Grundmoränen, Endmoränen, Sandern und Urstromtälern zusammensetzt. Auf den lehmigen Grundmoränen finden sich meist Ackerflächen; auf den sandigen Endmoränenzügen und Sandern vor allem Kiefernforste. Auf den Talböden der Urstromtäler sind neben Au- und Bruchwäldern auch Wiesen und Weiden zu finden. Das Zentrum bildet der Wilseder Berg, ein Endmoränenzug mit 169,2 m über NN die höchste Erhebung der nordwestdeutschen Tiefebene. Die einst unfruchtbare und wenig besiedelte Geest erhielt durch die Entwicklung von Düngungs- und Landbautechniken eine starke Aufwertung, so dass sie heute zu den größten Überflussgebieten an landwirtschaftlichen Produkten zählt (SEEDORF & MEYER 1992).

Die naturräumliche Region Lüneburger Heide war einst eine von weitem Offenland geprägte Kulturlandschaft. Im NSG LH entstanden die heutigen Waldflächen zu etwa 90 % vor allem ab Mitte des 19. Jhd. durch Aufforstungen der ehemaligen Heideflächen. Die derzeitig weitflächigen Heiden in dem Gebiet sind die letzten, die noch aus der Zeit der Heidebauernwirtschaft verblieben sind.

Klimatisch gesehen nimmt das Gebiet eine Sonderstellung ein. Es werden deutlich höhere Jahresniederschläge verzeichnet als in den westlich und östlich angrenzenden Gebieten. Die Jahresniederschlagssummen schwanken allerdings innerhalb des Gebietes stark. Die Jahresmitteltemperaturen sind im Vergleich zu westlich vorgelagerten Gebieten niedriger. Dadurch sind die durchschnittliche Zahl der Frosttage, die Tage mit Schneelage und die Häufigkeit der Spät- und Frühfrost höher als im Umland (LÜTKEPOHL & PRÜTER 2000).

Das NSG LH ist mit seiner Größe von 23.437 ha und dem Inkrafttreten der Erstverordnung im Jahre 1922 das größte und älteste Naturschutzgebiet in Niedersachsen. Die Fläche ist zum größten Teil bewaldet (66 %). Heideflächen bedecken 22 % der Flächen und die restlichen 12 % umfassen Acker, Grünland, Wege, Bebauung und Wasserflächen (PRÜTER & WÜBBENHORST 2004). Das NSG LH unterliegt dem Status „Besonderes Schutzgebiet“ gemäß den EU-Vogelschutzrichtlinien (PRÜTER & WÜBBENHORST 2004). Die Untersuchungen im Rahmen dieses Projektes fanden in erster Linie auf Flächen des Vereins Naturschutzpark Lüneburger Heide (VNP) und der Klosterforst statt. Das Untersuchungsgebiet hatte eine Gesamtfläche von 16.316 ha.

3.2 Hunsrück



Abbildung 3: Blick von der Kirschweiler Festung (©Funk)

Der Hunsrück wird als kolliner bis montaner Mischwaldkomplex mit flächigem Rot- und Rehvorkommen ausgewählt, ferner sind Wildschweine bis in die Höhenlagen verbreitet. Der Hunsrück befindet sich im südwestlichen Teil des Rheinischen

Schiefergebirges. Er liegt flächenmäßig hauptsächlich im Bundesland Rheinland-Pfalz, zu Teilen auch im Saarland. Als Teil der Deutschen Mittelgebirgsschwelle ist die Landschaft des Hunsrücks durch Höhenzüge und Hügelländer mit tief eingesenkten Tälern gekennzeichnet. Während die Höhenzüge wie der Soonwald, der Idarwald und der Hochwald weitgehend bewaldet sind, werden die tiefer liegenden Flächen, wie zum Beispiel die Simmerner Mulde, durch landwirtschaftliche Nutzung geprägt. Mit Höhen von 400 m bis 800 m lässt sich der Hunsrück durch die Flüsse Mosel im Nordwesten, Rhein im Osten und Nahe im Süden geographisch vom Umland abgrenzen. Die höchste Erhebung ist der Erbeskopf mit 816 m ü. NN (LIEDKE & MARCINEK 2002).

Die potentiell natürliche Vegetation sind hauptsächlich die Hainsimsen-Buchenwälder (Luzulo-Fagetum, (FLORAWEB 2012), auf vernässten Standorten treten auch Erlenbruchwälder und in trocken-warmen Bereichen Eichen-Birkenwälder auf. Im höheren Bergland mischen sich Tanne und/oder Fichte bei. Durch die Forstwirtschaft wurden relativ anspruchslose und ertragreiche Nadelbaumarten gefördert, daher besteht die reale Vegetation zu ca. 50 % aus Fichte (*Picea abies*), ca. 30 % aus Buche (*Fagus sylvatica*), ca. 10 % aus Birke (*Betula spec.*) und Erle (*Alnus spec.*) sowie zu ca. 10 % aus anderen Laubbaumarten. Der Hunsrück ist geprägt von relativ milden Wintern und kühlen Sommern mit hohen Niederschlägen. Die Jahresmitteltemperatur liegt zwischen 7 °C und 8 °C (Messstation Deuselbach, DWD) und das jährliche Niederschlagsmittel zwischen 900 mm und 1.100 mm (Messstationen Beuren und Börfink, DWD).

3.3 Bienwald



Abbildung 4: Feuchtgebietswald Bienwald

Der Bienwald liegt im Südosten von Rheinland-Pfalz im Landkreis Germersheim und zum kleineren Teil im Landkreis Südliche Weinstraße. Direkt angrenzend liegen Frankreich und Baden-Württemberg. Der Bienwald ist ein zusammenhängendes, ca. 135 km² großes Waldgebiet gelegen auf der Niederterrasse des Rheins (BEHRENDT 2000). Er reicht von Westen her von der Deutschen Weinstraße bis nach Osten in die Rheinebene hinein. Die Hauptbaumarten innerhalb dieses geschlossenen Waldsystems sind mit abnehmendem Anteil Kiefer (46 %), Stieleiche (24 %), Buche (13 %) (Behrendt 2000). Der Bienwald ist eines der hochwertigsten Feuchtwaldgebiete Süddeutschlands und zeichnet sich durch seine Biotopvielfalt und seine Artendiversität aus. Aufgrund der für europäische Verhältnisse „einmaligen eiszeitlichen Schwemmfächerlandschaft“ wurde im Bienwald mit Unterstützung des Bundesamtes für Naturschutz das „Naturschutzgroßprojekt Bienwald“ ins Leben gerufen und eine Fläche von ca. 1.700 ha als Naturwaldfläche aus der forstlichen Nutzung genommen. Die Untersuchungen im Rahmen dieses Projektes fanden in erster Linie auf Flächen der Forstreviere Viehstrich und Schaibenhardt (Forstamt Bienwald) statt. Das Untersuchungsgebiet hat eine Gesamtfläche von 3.042 ha.

3.4 Soonwald



Abbildung 5: Soonwald (© Michael Jochum)

Der Soonwald befindet sich ebenfalls in Rheinland-Pfalz und ist Teil des Naturparks Soonwald-Nahe etwa zwischen dem Hauptkamm des Hunsrücks (Nordwesten) und dem Nahetal (Südosten). Auf etwa 40 km Länge erstreckt er sich in Südwest-Nordost-Richtung vom an der Nahe gelegenen Simmertal bis zum Tal des Guldenbachs, das an der Nahtlinie des Soonwaldes zum westlich des Rheinknies bei Bingen gelegenen Binger Wald liegt.

Nach allen Himmelsrichtungen schließen sich an den stark bewaldeten Soonwald (weitere) Mittelgebirgszüge bzw. Waldgebiete an.

Der Soonwald und der sich südwestlich anschließende Lützelsoon bilden zusammen eine weitgehend geschlossene Waldfläche von, unterschiedlichen Angaben zufolge, 20.000 bis 35.000 ha Fläche. Damit zählt er eher zu den kleineren Waldgebieten Deutschlands, aber zu dessen größeren zusammenhängenden.

Die Flora des Soonwaldes zeichnet sich durch Vielfalt und Eigenart aus. Pflanzen mit ganz unterschiedlichen Lebensraumsansprüchen wachsen auf engem Raum nebeneinander. Die wesentlichen Nutzbaumarten des Soonwaldes sind die Fichte sowie die Buche. Daneben gibt es Eichen, Erlen, Tannen und Douglasien. Die traditionellen Monokulturen weichen, vor allem durch Windwurfschäden, immer mehr artenreichen Mischwäldern.

4 Angewendete Methoden

4.1 Scheinwerfertextation

4.1.1 Grundlagen und Voraussetzungen

Bei der Scheinwerferzählung von Rothirschen werden verschiedene Eigenarten dieser Wildart zur Erfassung ausgenutzt. Der Erfassungszeitraum liegt vorzugsweise im April zur Vollblüte des Buschwindröschens. In dieser Zeit ist die Attraktivität der früh auskeimenden Wiesen, Weiden und Felder für diese Schalenwildart offenbar sehr hoch. Im geschlossenen Wald setzt die Verfügbarkeit frischer Grünäsung am Boden im Gegensatz zu den sonnenbeschienenen Offenlandbereichen deutlich verzögert ein. Gleichzeitig ist der Bedarf an hochwertiger Nahrung am Ende des Winters besonders für die hochträchtigen Weibchen maximal. Die Methode ist vorrangig dazu geeignet sog. Kahlwildrudel (weibliche Rothirsche, Kälber, ggf. auch zugehörige Spießler und männliche Tiere der Jugendklasse) zu erfassen. Ausgewachsene männliche Tiere, in kleineren Rudeln oder einzeln werden nach Ansicht vieler Anwender hingegen vergleichsweise selten erfasst. Insbesondere in den einsehbaren Offenlandbereichen sind dann die das Scheinwerferlicht reflektierenden Augen dieser Tierart auf bis zu 250 – 300 m gut erkennbar, so lassen sich Anzahl und z.T. auch Alter und Geschlecht der Gruppen erfassen. Diese Methode zur Erfassung des Rothirsches wird in weiten Teilen Europas, wie auch in Deutschland, eingesetzt. Durch die Einbindung der örtlichen Akteure ist diese Methode relativ kostengünstig umsetzbar. Hinzu kommt das hohe Maß an Transparenz, eine kurze Auswertzeit und daher unmittelbare Feststellung eines gesehenen Mindestbestandes. Kritiker bemängeln die geringe Erfassbarkeit des älteren männlichen Bestandes, das notwendige Vorhandensein ausreichend großer Freiflächen und die Abhängigkeit des Zählergebnisses von der Motivation und Qualifikation der Zählteams. Bei Kahlwildrudeln wird derzeit von einer Erfassungsrate von mindestens 60 % in waldgeprägten Zählgebieten ausgegangen, wengleich Schwankungen von ca. plus 10 % oder gar 20 % je nach Zählbedingungen möglich sind. Für die männlichen Tiere liegt der Wert in der Regel deutlich niedriger. Die Aussagekraft der Ergebnisse steigt in jedem Fall bei konstanter, mehrjähriger Anwendung. Die Befunde einmaliger Erfassungen sind hingegen schwerer zu interpretieren. Um valide Ergebnisse zu erhalten sind mindestens zwei, besser drei Zähldurchgänge je Frühjahr erforderlich.

Voraussetzungen:

Gebiet:

- Fläche sollte ca. 10.000 ha umfassen
- Gutes Wegenetz im Untersuchungsgebiet (Erreichbarkeit von Freiflächen)

Ressourcen:

- 4 Personen pro Team (ein Team bewältigt ca. 2.000 - 4.000 ha)
- Möglichst ortskundige Teilnehmer mit Rothirscherfahrung

- Geeignete Fahrzeuge, starke Handscheinwerfer, Ferngläser

Umsetzung:

- Gleichmäßige Verteilung der Fahrtrouten über das Untersuchungsgebiet, dabei möglichst viele Freiflächen anfahren (> 50 % Offenland)
- Ggf. angrenzende landwirtschaftliche Flächen integrieren
- Synchrone Befahrung aller Routen während eines Zählvorgangs – Ausschluss von Doppelzählungen
- 1-2 Wiederholungszählungen (insgesamt mind. 2, besser 3 Zählungen pro Frühjahr)

4.1.2 Methodenbeschreibung/Durchführung

Hunsrück

Im Gebiet Hunsrück (Rotwild-Bewirtschaftungsbezirk Hochwald) werden seit 2011 jährlich Frühjahrsscheinwerfertaxationen durchgeführt. Die Taxationsfläche umfasst insgesamt ca. 39.700 ha (Abbildung 6), davon sind ca. 27.500 ha Waldfläche. Das Kernprojektgebiet dieser und früherer Untersuchungen (Fotofallen, frühere Rothirschkotgenotypisierung 2012, IR-Erfassung, Befliegung) liegt im Zentrum dieser Zählfläche. Mit Gründung des Nationalparks Hunsrück-Hochwald wurde die Taxationsfläche bei der Zählung 2015 erstmals auf die Nationalparkfläche und angrenzende Gebiete auf ca. 25.000 ha reduziert, die Waldfläche umfasste nun 17.250 ha.

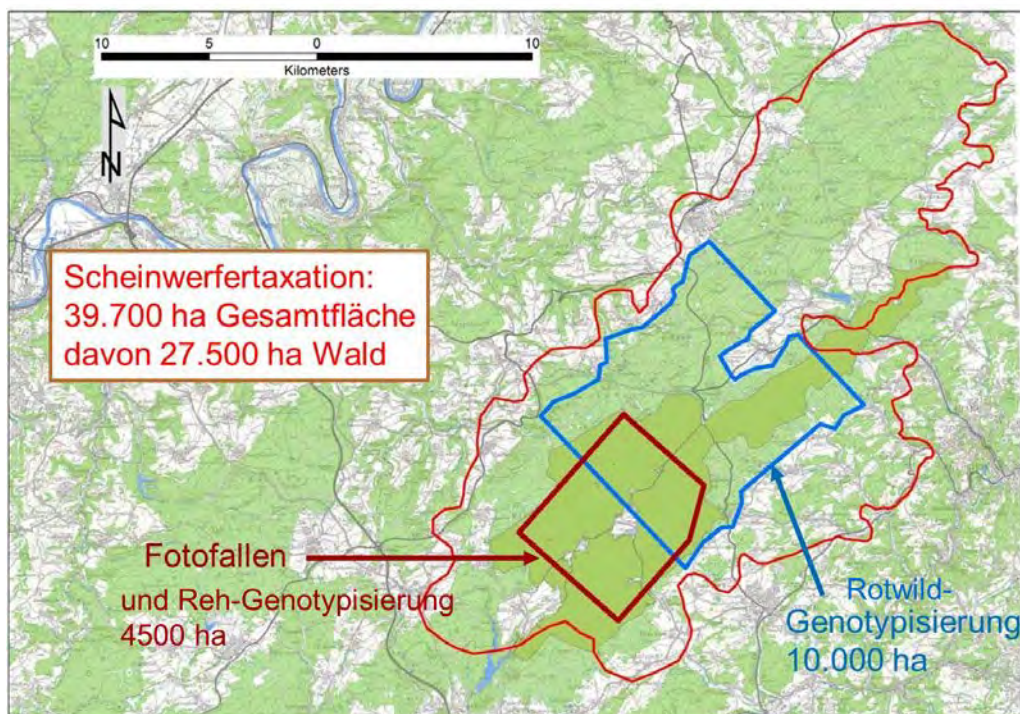


Abbildung 6: Untersuchungsgebiet im Hunsrück (Idar-/Hochwald) mit den Untersuchungsflächen für Scheinwerfertaxation, Fotofallen-Monitoring und den Kotgenotypisierungen Rothirsch 2012 (blauer Umriss) und Reh 2014 (roter Umriss, gleich wie Fotofallenfläche)

Die 10 Fahrtrouten wurden bereits 2011 so gelegt, dass ein möglichst hoher Anteil des waldangrenzenden Offenlandes und der Wildwiesen erfasst wird. Auf den seitdem unveränderten Fahrtrouten mit einer Gesamtlänge von ca. 700 km (2,6 km je 100 ha Wald) finden jährlich drei Zählthroughänge statt, wobei alle Routen zeitgleich befahren werden. Die Zählteams bestehen jeweils aus einer/m FahrerIn, zwei LeuchterInnen und einer/m ProtokollantIn.

Für jede Rothirschsichtung wird der Sichtungsort, die Anzahl, die Uhrzeit und das Habitat dokumentiert. Zusätzlich wird, sofern eine genaue Klassifizierung des gesichteten Rotwildes möglich ist, die Altersklasse und das Geschlecht protokolliert. Ansonsten werden Klassen zusammengefasst bzw. lediglich die Stückzahl vermerkt. Mögliche Doppelzählungen werden zur Ermittlung des Gesamtergebnisses gestrichen. Im Abstand von mehreren Tagen erfolgen jeweils drei Zählthroughänge, wobei das höchste Zählergebnis als Wertungsergebnis bzw. als Frühjahrsmindestbestand betrachtet wird.

Soonwald

Im Soonwald erfolgte 2015 eine Scheinwerfertextation durch das Institut für Naturbildung und Tierökologie (ITN). Die Daten aus dieser Erhebung werden diesem Projekt als Vergleich zur Verfügung gestellt. Die Scheinwerfertextation fand auf Flächen der Rotwild-Hegegemeinschaft (RHG) Soonwald (Gesamtfläche 25.180 ha) statt (SOONWALD 2015). Die Jagdfläche der RHG umfasst 23.885 ha, untergliedert in 50 Jagdreviere; 15.820 ha Wald und 8.065 ha Feld (Abbildung 7).

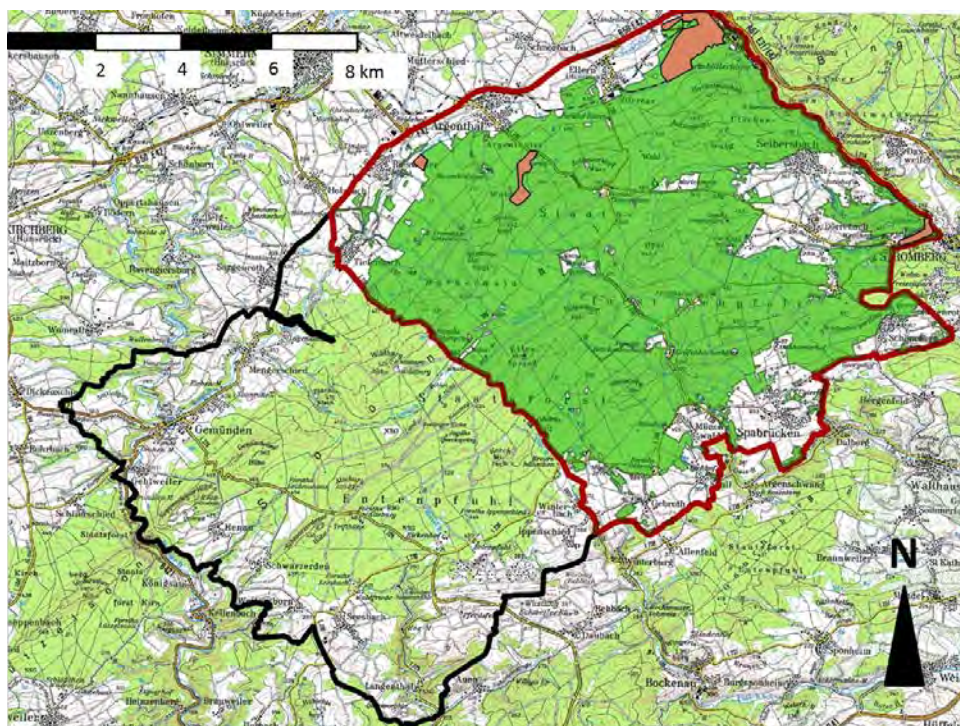


Abbildung 7: Untersuchungsgebiet im Soonwald mit der Fläche der gesamten Rotwildhegegemeinschaft (schwarz umrandet) und der Untersuchungsfläche (rot umrandeter dunkelgrüner Bereich; gezäunte und damit bei der Auswertung nicht berücksichtigte Flächen sind rot markiert) für Scheinwerfertextation, Befliegung und Kotgenotypisierung 2015 (Quellen: Scheinwerferzählung Simon 2015, sonst FAWF).

Die Wald- und Feldgebiete wurden mit acht Zählteams am 24.03.2015, 10.04.2015 und 18.04.2015 zeitgleich bearbeitet. Jedes Zählteam war so zusammengesetzt, dass eine objektive Datenaufnahme und eine korrekte Führung des Zählprotokolls gewährleistet war. Die Zählungen wurden das ITN begleitet (SIMON 2015). Die Fahrtrouten zu allen drei Zählterminen wurden mit GPS Loggern aufgezeichnet und in einer Karte aufgetragen. Am Morgen nach den Zählungen wurden die Ergebnisse gemeinsam zusammengetragen und besprochen.

Lüneburger Heide

Im Untersuchungsgebiet der Lüneburger Heide wurde im Jahr 2014 auf einer Gesamtfläche von 16.316 ha, davon 8.685 ha Wald erstmals die Scheinwertertaxation durchgeführt (Abbildung 8). Zwei Teams deckten die zwei Fahrtrouten im Untersuchungsgebiet ab.

Die Zählteams bestehen jeweils aus einer/m FahrerIn, zwei LeuchterInnen und einer/m ProtokollantIn.

VNP | Untersuchungsgebiet

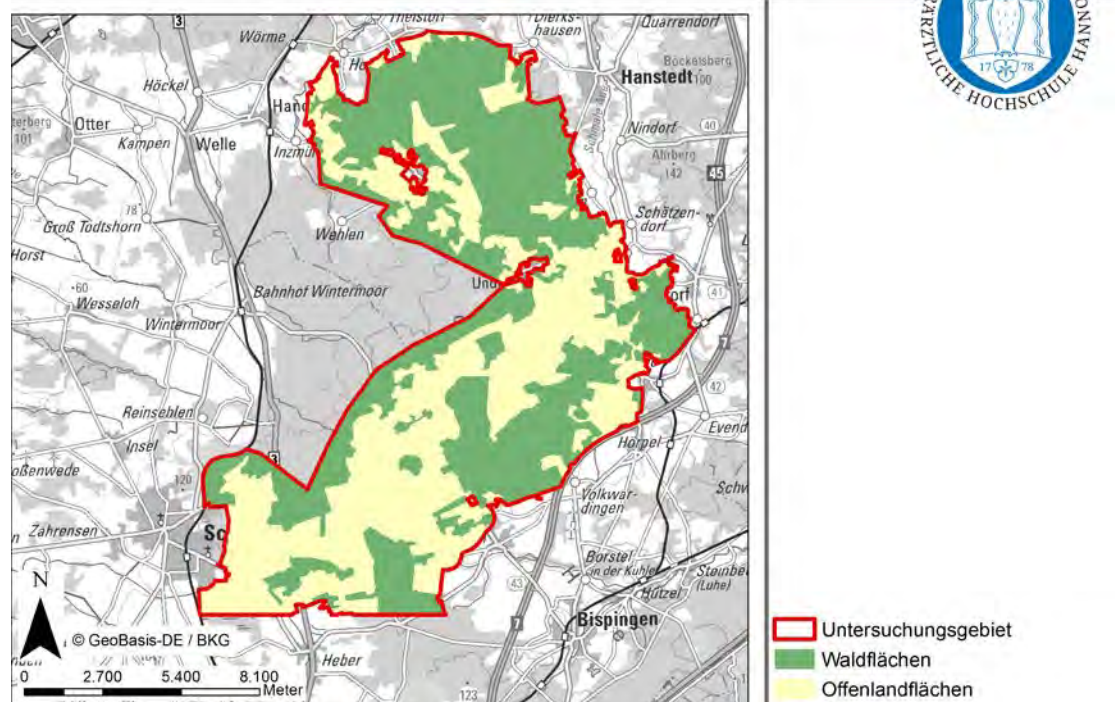


Abbildung 8: Untersuchungsgebiet in der Lüneburger Heide für die Scheinwertertaxation

4.2 IR-Erfassung und Distance Sampling

4.2.1 Distance Sampling: Grundlagen und Voraussetzungen

Bei der Methode des Distance Sampling wird die Häufigkeit von beobachteten Wildtieren und die Entfernung des Wildtieres zum Beobachter für eine Dichteschätzung genutzt (BUCKLAND et al. 2001, BUCKLAND et al. 2004). Alle Berechnungen werden in der Programmiersprache R gerechnet (IHAKA & GENTLEMAN 1996).

CD- Classical Distance Sampling

Das **klassische Distance Sampling** (CD – Classical Distance Sampling) verlangt eine zufällige, systematische, repräsentative Verteilung von Transekten durchs Untersuchungsgebiet (BORCHERS et al. 2002). Aufgrund der Einschränkungen, die durch die Beschaffenheit der Untersuchungsgebiete gegeben ist, erfolgt die Erfassung freilebender Huftiere in der Regel von Waldwegen aus. CD nimmt eine Gleichverteilung der Tiere in Raum und Zeit an. Da dies mit der Realität nicht immer übereinstimmt, muss dieses im Design berücksichtigt werden. Transekte sollten vertikal zur Wildtierdichteverteilung gelegt werden.

In dieser Untersuchung werden Linientransekte genutzt, um die Sichtungen aufzunehmen. Die allgemeine Entdeckungswahrscheinlichkeit („detection probability“) der Zählobjekte (Anzahl der Tiere in einem Verband) wird in Relation zu der rechtwinkligen Distanz zum Erfasser (line-transect-sampling: „perpendicular distance“) gebracht.

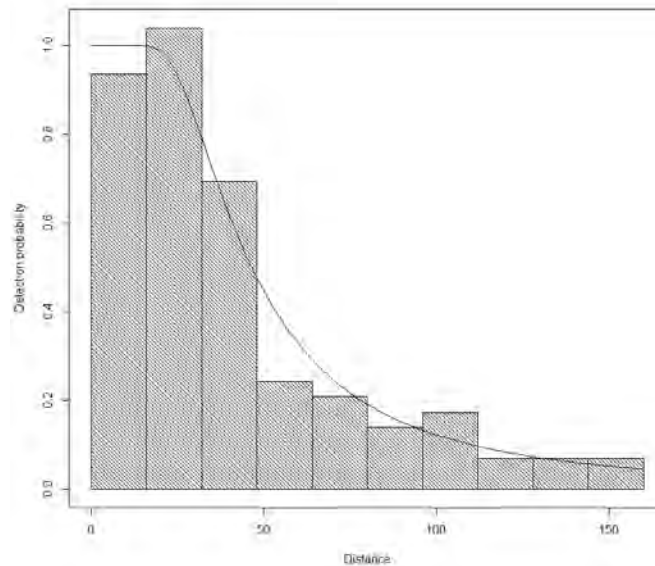


Abbildung 9: Beispiel einer „hazard rate“ Entdeckungsfunktion (Linie) und die Anzahl der Beobachtungen in den Entfernungsklassen (Balken). Auf der X-Achse sind die rechtwinkligen Entfernungen (Distance) in Metern von der Transektlinie aufgetragen.

Eine wichtige Grundannahme ist, dass auf dem Transekt (auf 0 m Entfernung) hundert Prozent der dort vorhandenen Tiere gesehen werden und mit zunehmender Distanz mehr Tiere übersehen werden. So wird aus der Entfernung der entdeckten

Wildtiere eine „detection function“ errechnet. Diese Funktion schätzt die Wahrscheinlichkeit, ein Tier zu entdecken und kalkuliert daraus die Wilddichte und die Genauigkeit der Schätzung. Diese Funktion sollte monoton absteigend sein und eine sog. „Schulter“ in der Nähe zum Transekt besitzen (Abbildung 9). Verschiedene Grundformen dieser Funktionen bieten sich an. Am häufigsten wird dabei die mathematische Funktion der „hazard rate“ (Abbildung 9) angewendet.

Häufig ist es nötig, um eine geeignete Entdeckungsfunktion zu erhalten, die Daten manuell in Entfernungsklassen zu poolen oder auch Entfernungsklassen für das Model auszuschließen (left or right truncation).

Die Objekte sollten sich nicht vor bzw. bei der Beobachtung bewegen und die Distanzen zum Zeitpunkt der ersten Detektion möglichst gemessen werden (Entfernungsmesser). Abweichungen von diesen Bedingungen schränken die Aussagekraft von Distance Sampling ein. Für eine verlässliche Berechnung der Dichte werden mind. 40, sinnvoller Weise aber 60-80 Beobachtungen benötigt unabhängig von der Untersuchungsfläche (BUCKLAND et al. 2001, BUCKLAND et al. 2004).

MCDS- Multiple Covariate Distance Sampling

Eine Verbesserung zum klassischen Distance Sampling stellt das **MCDS (Multiple Covariate Distance Sampling)** dar (Marques & Buckland, 2004). Das MCDS ist eine Verbesserung der Modellierung der Entdeckungswahrscheinlichkeit. So wird beim MCDS berücksichtigt, dass Umweltfaktoren, Sichtungsbedingungen aber auch Gruppengröße, die Entdeckungswahrscheinlichkeit beeinflussen können. So werden Einzeltiere in größerer Distanz leichter übersehen als große Rudel. Einleuchtend ist auch, dass im Wald die Sicht gegenüber dem Offenland deutlich eingeschränkt ist. Anhand von Kriterien wie dem **AIC (Akaike Information Criterion)** wird eine sogenannte „model selection“ durchgeführt. Über diesen Prozess werden Umweltvariablen ausgewählt, die für die Verbreitung der Wildtiere im Raum entscheidend sind. Das Modell geschätzt, welche Faktoren eine sinnvolle Verbesserung des mathematischen Modells zum CD darstellen. So sind es nicht für alle Tierarten und Gebiete die gleichen Faktoren, die in die Detection Function einfließen.

DSM- Density Surface Modelling, ein modellbasierter Ansatz

Im Gegensatz zum CD und MCDS ist das „**density surface modelling**“ eine Verbesserung in dem es die ökologischen Präferenzen der Wildtiere in der Verteilung modelliert. Die Annahme, dass sich die Verteilung von Wild und damit auch die der Wildtierdichte an bestimmten, messbaren ökologischen und geografischen Habitatfaktoren orientiert, wird damit berücksichtigt. So sollten bei ähnlichen Konstellationen des Habitats auch die Wildtierdichten vergleichbar sein. Bei einer Bevorzugung der Rothirsche von Offenlandflächen einer bestimmten Beschaffenheit, werden auch auf vergleichbaren Offenlandflächen, die nicht angefahren werden, die gleichen Dichten erwartet. Durch diese differenzierte Betrachtung im Vergleich zu der simplen Hochrechnung auf die Gebietsgröße (siehe CD und MCDS), ist es möglich die strikten, bei den untersuchten Arten z.T. nicht praktikablen Vorgaben des zufäl-

lig, systematischen Sampling Designs etwas weniger streng zu berücksichtigen. Das DSM wurde im R package `dsm` (MILLER et al. 2015) berechnet.

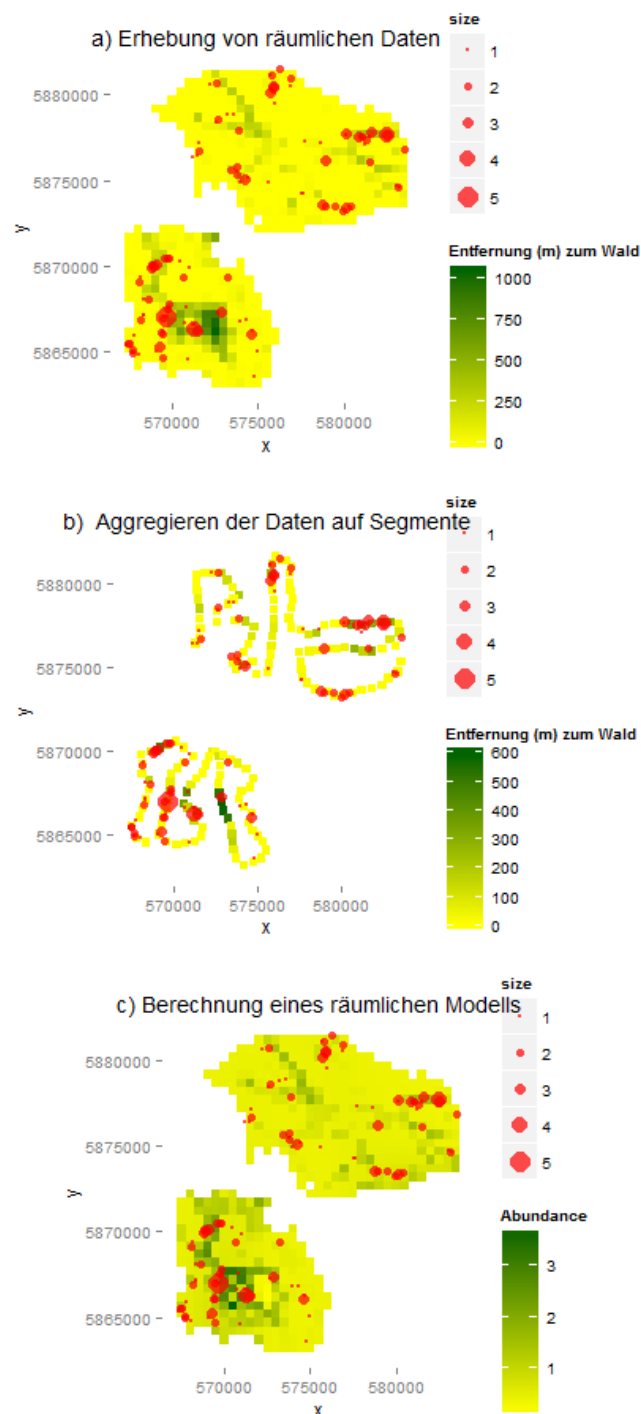


Abbildung 10: Schritte zum erfolgreichen Density Surface Model: Die erhobenen räumlichen Daten (z.B. Entfernung zum Wald (a)) werden den Sighting in den Segmenten zugeordnet (b). Aus den räumlichen Daten und den berechneten Wildtierdichten wird ein Modell (GAM: Generalisiertes Additives Modell) berechnet und auf die Fläche hochgerechnet (c).

Wie auch beim CD und der MCDS wird aus den aufgenommenen Daten zu den Beobachtungen im Gebiet die Entdeckungsfunktion berechnet (s. oben). Die Beobachtungen werden Segmenten zugeordnet. Mittels *Generalisierter Additiver Modelle*

(GAMs) wird die geschätzte Dichte durch Umweltfaktoren optimiert und eine Vorhersage für das gesamte Gebiet nach ökologischen Faktoren getroffen (Abbildung 10).

Distance Sampling umfasst daher mehrere Schritte, das MCDS benötigt die Schritte 1-4, während das DSM noch einen Schritt weiter geht:

(1) Die Entdeckungsfunktion (detection function) wird aus dem line-transect Daten und Kovariaten, die die Entdeckungswahrscheinlichkeit beeinflussen können, berechnet;

(2) die Anzahl der Gruppen in jedem Segment wird durch Horwitz - Thompson - Schätzer (Borchers et al. 2002) berechnet;

(3) Abundanz von Gruppen wird als Funktion von geografischen und ökologischen Daten modelliert;

(4) Gruppengröße wird als eine Funktion der Kovariaten modelliert;

(5) Abundanz von Gruppen und Gruppengröße wird aus den endgültigen Modellen in allen Gitterzellen des Gebiets vorhergesagt.

4.2.2 Methodenbeschreibung/Durchführung

Für die Entdeckung der Wildtiere wurden verschiedene Wärmebildkameramodelle (WBK) (Raytheon Palm JR 250-D mit 100 mm Objektiv, Nyxus Bird, Jenoptic VC hr mit 75mm Objektiv und VC hd mit 60mm Objektiv) genutzt, mittels derer die Wildtiere in Abhängigkeit von der Baumbestands- und Vegetationsdichte detektiert wurden (Abbildung 11).



Abbildung 11: Die Transekte werden in der Nacht abgefahren und zu beiden Seiten wird das Gebiet mit der Wärmebildkamera abgesucht (©erdmannfilmproduktion)

Die Zählfahrten mit der Wärmebildkamera werden in der Regel in der Nacht durchgeführt, da in dieser Zeit das Schalenwild hauptsächlich aktiv ist und die Temperaturunterschiede zwischen den Suchobjekten und ihrer Umgebung durch die nächtliche Abkühlung besonders groß sind. Die WBK erfasst dabei Temperaturunterschiede von 0,2°C und ist unabhängig vom Tageslicht. Da auch die unbelebte Umgebung in ihren Temperaturdifferenzen erfasst wird, erscheint im Display ein Landschaftsbild, in dem Landschaftsstrukturen in unterschiedlichen Grautönen und die Tierkörper als hervortretende Wärmequellen hellleuchtend erscheinen (Abbildung

12). Zur Identifizierung der Tierart bedarf es ab ca. 200 m Entfernung einer intensiven Beobachtungszeit, um anhand des Bewegungsmusters eine eindeutige Identifizierung zu ermöglichen. Zusätzlich kann ein Scheinwerfer zur Arterkennung hinzugezogen werden.



Abbildung 12: Rothirsche im Bild der Wärmebildkamera (links); zudem werden Daten wie Entfernung und Koordinaten zusätzlich aufgenommen, so dass eine Darstellung in der Karte erfolgen kann (rechts)

Die maximale Sichtweite wird von der Witterung, dem Baumbestand, der Vegetation und den Geländehindernissen bestimmt.

Die ErfasserInnen suchen im Winkel von ca. 90 ° zur Fahrtrichtung mit der WBK die Flächen systematisch nach Rothirschen bzw. Rehen ab. Die Erfassung von Schalenwild in Waldbeständen ist mit einer maximalen Geschwindigkeit von ca. 10-20 km/h möglich. Als Durchschnittsgeschwindigkeit ist ein Wert von 5 km/h realistisch.

Neben der Wildart werden Angaben zu Rudelgröße und zu weiteren Variablen wie z.B. Entfernung zum Weg und Koordinaten aufgenommen. Für die Modelle MCDS und DSM wurden die Umweltvariablen für das Gebiet ausgewählt, die verfügbar waren und die Verbreitung von Rothirschen und Rehen erklären könnten, wie z.B. Bodentypen und Habitatypen.

4.3 Zählungen aus der Luft mittels Kombination von Wärmebild- und Digitalkamera

4.3.1 Grundlagen und Voraussetzungen

Aus der Luft lassen sich Flächen unabhängig von jedem Wegenetz und sonstiger Zugänglichkeit untersuchen. Je dichter der Bewuchs (z.B. dichter Fichtenbestand) und je stärker das Relief ist, desto schwieriger wird die Erfassung mit dieser Methode. Um hochaufgelöste digitale Echtfarbbilder zur Verifikation und Artansprache der Detektionen zu nutzen, finden die Untersuchungen am Tage statt.

Folgende Voraussetzungen erhöhen die Aussagekraft:

- möglichst geringe Vegetationsabdeckung (z. B. entlaubter Zustand)
- keine starke Störstrahlung durch die Sonne (ideal ist bedeckter Himmel)
- bei einer Stichprobenbefliegung sollen die Flugrouten so über das Untersuchungsgebiet gelegt werden, dass eine Repräsentativität angenommen werden kann

Das Versuchsdesign kann entsprechend folgender Punkte gestaltet werden:

- flexible Stichprobenbefliegung für große Flächen bis Vollbefliegung mit dicht nebeneinander liegenden Flugrouten. Bei einer typischen Stichprobenbefliegung wird in Flughöhen von ca. 400 m über Grund mit daraus resultierenden Bildfeldbreiten von ca. 100 m geflogen. Die Transektlinien liegen z.B.: 300 m auseinander, sodass zwischen 2 Transekten ein 200 m breiter Streifen bleibt, der von den Kameras nicht abgefilmt wird
- die Flugrouten können flexibel (zufällig, strukturiert oder nach bestimmten Kriterien) über das Untersuchungsgebiet gelegt werden
- Erfassungsrelevante Verhaltensbeeinflussungen durch das Ultraleichtflugzeug (UL), wie Ausweichbewegungen sind bei den hier behandelten Wildarten nicht dokumentiert

Für die Auswertung der digital gespeicherten Daten gilt folgendes:

- die Auswertung muss von geschultem Fachpersonal durchgeführt werden
- eine Auswertekontrolle oder Wiederholung der Auswertung ist auf Grund der gespeicherten Daten jederzeit möglich
- ein Flächenbezug lässt sich über die Flughöhe über Grund und des Öffnungswinkels der Kamera sehr gut herstellen
- in Abhängigkeit der Tierart und des Abdeckungsgrades müssen Entdeckungswahrscheinlichkeiten angenommen werden; diese werden für die hier untersuchten Gebiete aus Untersuchungen einer Diplomarbeit (WILMES 2010) und Befliegungen von Gattern mit 60-70 % abgeleitet

4.3.2 Methodenbeschreibung/Durchführung

Kameraträger

Die Befliegungen wurden mit einem Ultraleichtflugzeug (UL) der Marke Roland Aircraft S-STOL am Tage durchgeführt (Abbildung 13).

Das Flugzeug ist mit einem GPS-Navigationssystem ausgestattet, das eine genaue Navigation und ein genaues Abfliegen der vorher festgelegten Route (Transekte) ermöglicht.



Abbildung 13: Ultraleichtflugzeug des Typs S-Stol (©U. Franke)

Aufnahmesystem

Eine Besonderheit dieser Erfassungsmethode ist die Kopplung einer Thermografiekamera (IR) mit einer hochauflösenden Normalbildkamera (VIS) mit der neben dem Auffinden der Tiere die artspezifische Ansprache ermöglicht wird (u.a. FRANKE et al. 2012).

Die Infrarotkamera VarioCam HD des deutschen Herstellers Jenoptic ist mit einem modernen ungekühlten Mikrobolometer Detektor mit 1024*768 Pixel ausgestattet. Die kompakte Kamera wiegt nur ca. 1,5 kg. Sie ist mit einer GigE-Vision Schnittstelle ausgestattet und ermöglicht so die digitale Echtzeitspeicherung. Die Temperaturauflösung liegt bei 0,05° C. Es wurde ein Objektiv mit 60 mm Brennweite eingesetzt, was zu Öffnungswinkeln (FOV) von 16*12 Grad führt.

Die visuelle Kamera Sony ILCE 7R verfügt über einen Vollformat CMOS Sensor mit 36 Mio. Pixeln. Es wurde ein Objektiv mit 135 mm Brennweite verwendet, was ein ähnliches Bildfeld wie die IR Kamera realisiert.

Die IR-Aufnahmen, visuellen Aufnahmen und die Daten des GPS-Gerätes werden digital gespeichert und stehen für die nachträgliche Auswertung zur Verfügung.

Durch die automatisierte Datenerfassung wird eine Einflussnahme der/s PilotIn oder der/s BeobachterIn auf die Messergebnisse ausgeschlossen.

4.4 Kotgenotypisierung

4.4.1 Grundlagen und Voraussetzungen

Die Kotgenotypisierung ermöglicht eine Bestimmung von Populationsgrößen über ein modifiziertes Fang-Wiederfang-Experiment (capture-mark-recapture, CMR), bei dem einzelne Individuen anhand von nicht-invasiv gewonnenen Gewebeproben (hier Kot) über genetische Methoden individuell bestimmt/ markiert werden (MOWAT & STROBECK 2000). Hierzu wird DNA aus abgestorbenen Darmepithelzellen, die dem Kot anhaften, isoliert und mittels Polymerase-Kettenreaktion (PCR) vervielfältigt. Dazu werden spezifische genetische Marker – so genannte Mikrosatelliten oder single tandem repeats (STR) – verwendet, die eine individuelle genetische Zuordnung der Proben sowie eine Geschlechtsbestimmung erlauben. Haare und Kot sind die gängigsten DNA-Quellen für nicht-invasive Studien. Die Methodik wurde bereits bei verschiedenen Tierarten angewandt (siehe z.B. (VALIÈRE et al. 2006), darunter Bären, Kojoten, Wölfe, Elefanten aber auch Huftiere wie z.B. Schwarzwedelhirsche (BRINKMAN et al. 2011) und Rehe und Wildschwein (EBERT ET AL. 2012).

Wichtige Voraussetzungen für ein genetikbasiertes Populationsmonitoring sind ein tierartspezifisches variables Mikrosatelliten-Markerset, um eine verlässliche Individualerkennung sicherzustellen, sowie eine ausreichend große Stichprobe, die die Population möglichst repräsentativ widerspiegelt.

Nachdem über die Genotypisierung der Proben die Individuen und ihr Geschlecht bestimmt wurden, wird die eigentliche Populationsschätzung aus dem Beprobungsmuster der einzelnen Individuen berechnet. Hierbei kann der Gesamtbestand oder für beide Geschlechter jeweils eine eigene Schätzung berechnet werden. Neben der reinen Populationsschätzung ermöglichen die Genotypisierungsdaten auch das Bestimmen des Geschlechterverhältnisses in einer Population. Weiterhin kann die räumliche Verteilung der Funde von mehrfach beprobten Individuen Hinweise auf Wanderbewegungen oder Streifgebietsgrößen geben.

Das in diesem Projekt angewandte Verfahren wurde im Vorfeld an drei verschiedenen Rehpopulationen im Pfälzerwald, Bienwald und Saarkohlenwald etabliert und getestet. Für die Genotypisierung der Reh-Proben wird ein hierfür zusammengestelltes Markerset von sieben Mikrosatelliten plus einem Geschlechtmarker verwendet (Tabelle 2); Details zur Methodik der Genotypisierung finden sich in (EBERT et al. 2012).

In zeitlicher und räumlicher Nähe zur im Rahmen dieses DBU-Projekts durchgeführten Reh-Kotgenotypisierung wurden zwei weitere Projekte zur nicht-invasiven genetischen Bestandesschätzung beim Rothirsch durchgeführt: in 2012 im Hochwald (Hunsrück) auf einer Fläche von gut 10 000 ha – teilweise überlappend mit dem hier vorgestellten Reh-Projektgebiet – und 2015 im ebenfalls zum Hunsrück gehörenden Soonwald auf ca. 12 000 ha Fläche. Beide Projekte wurden federführend von der FAWF sowie dem Kaiserslauterer Genetiklabor Seq-IT durchgeführt und vom Ministerium für Umwelt, Ernährung, Landwirtschaft, Ernährung, Weinbau

und Forsten (MULEWF) Rheinland-Pfalz finanziert. In den Ergebnisteilen zu den jeweiligen Untersuchungsgebieten (Hunsrück: Seite 51, Soonwald: Seite 73) werden die wichtigsten Ergebnisse beider Projekte kurz vorgestellt.

4.4.2 Methodenbeschreibung/Durchführung

Über die zu beprobende Fläche im Gebiet Hunsrück von 4.500 ha (Abbildung 6) wurden insgesamt 71 Suchtransekte in Nord-Süd-Richtung gelegt. Die Transekte haben einen Abstand von 250 m zueinander, um eine flächige Erfassung des gesamten Untersuchungsgebietes zu gewährleisten (Abbildung 14). Sie waren im Mittel ca. 6 km lang. Diese Transekte wurden an vier aufeinanderfolgenden Tagen im Zeitraum 7.4.2014-11.4.2014 täglich von jeweils einer Person begangen. Die insgesamt von allen MitarbeiterInnen abgesuchte Transektlänge beträgt ca. 432 km. Die TransektläuferInnen waren dazu angehalten, an potenziell von Rehen stärker frequentierten Habitatstrukturen (z.B. Wildwiesen, Brombeer- oder Heidelbeerflächen) maximal etwa 50 m von der Transektroute abzuweichen, und anschließend wieder auf den ursprünglichen Transektverlauf zurückzukehren. Die SuchläuferInnen hatten zur Orientierung ein GPS-Handgerät (Garmin Etrex10) mit integriertem Suchroutenverlauf, Kompass und eine topographische Karte (1:25.000) mit eingezeichnetem Transektverlauf. Des Weiteren führte jede/r SuchläuferIn einen GPS-Datenlogger (Mobile Action Inc., I-gotU GT 120, <http://www.i-gotu.com>) mit sich, der im 60-Sekunden-Takt die Position des Transektläufers erfasste. Die TransektläuferInnen absolvierten die Transektstrecke in normalem Schrittempo und suchten auf etwa 3 m Breite des Sichtfeldes nach Losung. Bei Fund einer Losungsgruppe wurden die Fundzeit, die Frische und die Probennummer protokolliert. Danach wurde, bei ausreichender Frische der Losungsprobe, der Losungsfund mittels nummerierter Gefrierbeutel kontaminationsfrei („auf links gedrehte Beutel“) eingesammelt und am Abend bis zur weiteren Laboranalyse bei -19 °C tiefgefroren. Mit Hilfe der Daten aus den GPS-Datenloggern und den Fundprotokollen konnte über die Fund-Uhrzeit die genaue Fundposition der einzelnen Losungsfunde in einem Geoinformationssystem (ArcGIS 9.3) präzise rekonstruiert werden.

Genotypisierung

Im Folgenden ist die Methodik für Reh-Losungsproben vorgestellt; Im Falle des Rotwilds ist die Herangehensweise nahezu gleich mit dem Unterschied, dass ein anderes Markersset verwendet wird (siehe Tabelle 2 bzw. Tabelle 3).

Im Labor erfolgte als erster Schritt die Isolation von DNA aus den Losungsproben (Details zur Methode in Ebert et al. 2012). Die isolierte DNA wurde mittels einer Multiplex-STR-PCR vervielfältigt und zur Identifizierung einzelner Reh-Individuen verwendet. Hierfür wurde ein Set aus 7 STR- Markern (Mikrosatelliten) und einem weiteren Marker zur Geschlechtsbestimmung eingesetzt (Tabelle 2). In der anschließenden Fragmentlängenanalyse im Kapillarsequenzierer wurden die Allellängen der Marker bestimmt. Es wurden jeweils Marker ausgewählt, die nach Möglich-

keit zusammen in einer einzigen Multiplex-PCR analysiert werden können. Daher wurden Marker gewählt, die sich in ihren Allel-Längenbereichen möglichst wenig überlappen. Für Marker mit teilweise überlappenden Allellängen werden verschiedene Fluoreszenzfarbstoffe verwendet.

Für jede Probe wurden immer mindestens drei PCR-Ansätze durchgeführt und ausgewertet, um das Risiko von Genotypisierungsfehlern wie z.B. Allelausfällen zu minimieren. Aus den Ergebnissen der drei Ansätze wurde unter Verwendung der Software GENEMAPPER für jede Probe ein Consensus-Genotyp ermittelt. Diese Genotypen wurden dann mit Hilfe des Programms GENEAP miteinander verglichen, und es wurden so genannte „Matches“ bestimmt, d.h. gleiche Genotypen verschiedener Proben, die zum gleichen Individuum gehören (Mehrfacherfassungen; Details siehe EBERT et al. 2012).

Im Rahmen der Auswertung der Labor-Rohdaten wurden neben den Consensusgenotypen zusätzlich Genotypisierungsfehlerraten sowie einige populationsgenetische Parameter ermittelt. Beides diente der Validierung der Daten; die populationsgenetischen Parameter gaben zusätzlich einen Einblick in die genetische Variabilität der Bestände. Mit Hilfe der Software GIMLET (VALIÈRE 2002) werden sowohl die Probability of Identity (PID, entspricht der Wahrscheinlichkeit, dass zwei verschiedene, nicht näher verwandte Individuen an allen untersuchten Markern den gleichen Genotyp zeigen) und die als strengeres Maß geltende PID für Vollgeschwister (PIDsib) als auch die Genotypisierungsfehlerraten (Alleldropout [ADO] und Falschallele [FA]) bestimmt. Hierbei wurden ADO und FA nach der in BROQUET & PETIT (BROQUET & PETIT 2004) angegebenen Methode berechnet. Sowohl ADO- als auch FA-Rate sind als Anteil von allen erfolgreichen PCRs pro Locus und als gewichteter Mittelwert über alle Loci angegeben, wobei nach BROQUET & PETIT für die Bestimmung der ADO-Rate für alle STR-Loci nur die heterozygoten Proben berücksichtigt wurden, da an homozygoten Proben kein ADO nachgewiesen werden kann. Eine mittlere ADO-Rate von unter 5 % wird für den Zweck der Populationschätzung als ausreichend hohe Genauigkeit betrachtet (TABERLET et al. 1999, LUKACS & BURNHAM 2005), zumal der Anteil tatsächlicher Fehl-Zuordnungen von Genotypen („misidentification rate“) aufgrund der mindestens dreimaligen Wiederholung der PCR für alle Proben im Normalfall weit unter der Genotypisierungsfehlerrate liegt. Dies wurde zusätzlich mit Blindtests überprüft.

Tabelle 2: Für die individuelle Identifizierung von Rehen im Hochwald verwendete Mikrosatelliten

Marker	Anzahl Allele	Länge (bp)	Referenz
BMC1009	8	276-291	Galan et al. 2003
BM848	8	353-367	Galan et al. 2003
BM757	14	175-210	Galan et al. 2003
OarFCB304	16	158-193	Galan et al. 2003
Roe6	8	87-105	Vial et al. 2003
Roe8	9	59-80	Vial et al. 2003
MAF70Q	10	123-166	Vial et al. 2003

Tabelle 3: Übersicht über die zur individuellen Identifizierung des 2012 im Hochwald und 2015 im Soonwald beprobten Rotwilds verwendeten Mikrosatelliten. Marker AMELXY diente zur Geschlechtsbestimmung

STR-Marker	Länge (bp)	Anzahl Allele	Referenz
IDVGA55	195-209	11	Valière et al.
BMC1009	282-306	13	Valière et al.
TGLA53	151-193	13	Valière et al.
BM203	214-236	14	Valière et al.
CSSM16	152-162	7	Frantz et al. 2006
CSSM19	139-169	12	Frantz et al. 2006
Haut14	108-148	14	Frantz et al. 2006
AMELXY	228 + 282	2	Gurgul et al.

Blindtest

Für die Evaluierung der Laborergebnisse wurde eine Kontrolle in Form eines Blindtests durchgeführt. Dafür wurden überschüssige Kotpellets von bereits erfolgreich analysierten Proben mit einer neuen Probennummer ausgestattet und neu verpackt. Danach wird die Probe dem Labor, das keine Kenntnis dieser Dopplung hat, zur Auswertung überlassen. Die Laborergebnisse - die Allele der verschiedenen Marker und der Geschlechtsmarker - der künstlich duplizierten Proben werden mit den Laborergebnissen aller anderen analysierten Proben verglichen und dürfen keine Abweichungen zu ihrer jeweiligen Ursprungsprobe aufzeigen. Des Weiteren dürfen sie mit keiner Probe von einem anderen Tier übereinstimmen. Durch diese Blindprobenanalyse wird getestet, ob das Labor reproduzierbare Ergebnisse liefert.

Modellierung der Bestandesdichte

Für die Modellierung der Bestandesdichte wurden drei verschiedene Ansätze parallel angewandt: zum einen wurde die Bestandesgröße mit Hilfe der Auswertungssoftware CAPWIRE (MILLER et al. 2005), die zwei verschiedene Fang-Wiederfang-Modelle umfasst, berechnet. Dem ersten Modell liegt die Annahme zugrunde, dass alle Tiere die gleiche Fangwahrscheinlichkeit haben (sog. Equal catchability-Modell, ECM), das zweite Modell geht davon aus, dass innerhalb der Population zwei Gruppen bestehen, die sich in ihrer Fangwahrscheinlichkeit unterscheiden (sog. Two-innate-rates-Modell, TIRM). Die berechneten Modelle wurden - basierend auf einem Likelihood-Ratio-Test - einem Ranking unterworfen (MILLER et al. 2005). So kann das für die jeweiligen Daten am besten passende Modell ausgewählt werden.

In einem zweiten Ansatz wurde die Bestandesdichte mittels eines Bayesschen Verfahrens geschätzt (PETIT & VALIÈRE 2006, PUECHMAILLE & PETIT 2007). Dieses ist ebenso wie CAPWIRE ein sogenanntes *single sampling*-Verfahren, d.h. es können mehrere Proben desselben Individuums in einer einzigen Beprobungsaktion berücksichtigt werden. Beide Verfahren kommen auch statistisch ohne weiteres mit nur einer Beprobungsaktion aus. Wiederholtes Ablaufen derselben Transektstrecken ist, anders als bei einer klassischen Fang-Wiederfang-Auswertung, nicht notwendig.

Sowohl CAPWIRE als auch der Bayessche Ansatz schätzen die Bestandesgröße, so dass zur Berechnung der Bestandesdichte ein Flächenbezug erforderlich ist. Ein

Ansatz, der versucht, diesen Flächenbezug direkt in die Bestandesmodellierung mit einzubeziehen, ist das so genannte „spatially explicit capture recapture“ (SECR; siehe z.B. (EFFORD et al. 2004, ROYLE & YOUNG 2008). Hierbei wird neben der individuellen Zuordnung der Proben mittels Genetik auch die räumliche Information (d.h. die Koordinaten des Fundorts einer jeden Probe von einem bestimmten Tier) mit in den Schätzprozess einbezogen. Die mittlere Distanz zwischen mehreren Detektionen eines durch seine DNA identifizierten Tieres kann Aufschluss darüber geben, wie sich das Tier im Raum bewegt. SECR kann unter anderem mit Hilfe der Software „R“ implementiert werden (hierzu wurde das R-Paket „secr 2.9.0“ verwendet, Quelle: <http://www.otago.ac.nz/density/SECRinR.html>). Anhand der räumlichen Informationen der einzelnen Erfassungen wird für jedes erfasste Individuum ein Aktionszentrum errechnet unter der Annahme, dass die Detektionswahrscheinlichkeit mit zunehmender Entfernung der Detektion zum Aktionszentrum abnimmt (EFFORD 2004). Zusätzlich wird die räumliche Verteilung der Aktivitätszentren modelliert. Grundsätzlich geht SECR davon aus, dass die Detektionswahrscheinlichkeiten innerhalb der Population homogen verteilt sind, d.h. alle Individuen die gleiche Detektionswahrscheinlichkeit besitzen (M0 = Nullmodell, entsprechend dem ECM-Modell beim CAPWIRE-Ansatz). Weiterhin bietet SECR aber auch die Möglichkeit, verschiedene Einflussfaktoren in die Populationsschätzung zu modellieren, z.B. heterogene Erfassungswahrscheinlichkeiten (so genannte Mh-Modelle). Eine andere, häufig angewandte und in der Literatur gut belegte Ermittlung eines Flächenbezugs ist das Legen eines Puffers um die eigentliche Beprobungsfläche (z.B. (TIOLI et al. 2009). Er entspricht in seiner Breite der mittleren maximalen Wiederfangentfernung (engl. *mean maximum distance moved*, MMDM). Damit wird, ebenso wie beim SECR-Ansatz, ein aus den tatsächlichen Raumnutzungsdaten der beprobten Population ermittelter Wert genutzt, um der Tatsache Rechnung zu tragen, dass die Rehe sich an den Außenrändern der Fläche ein und aus bewegen.

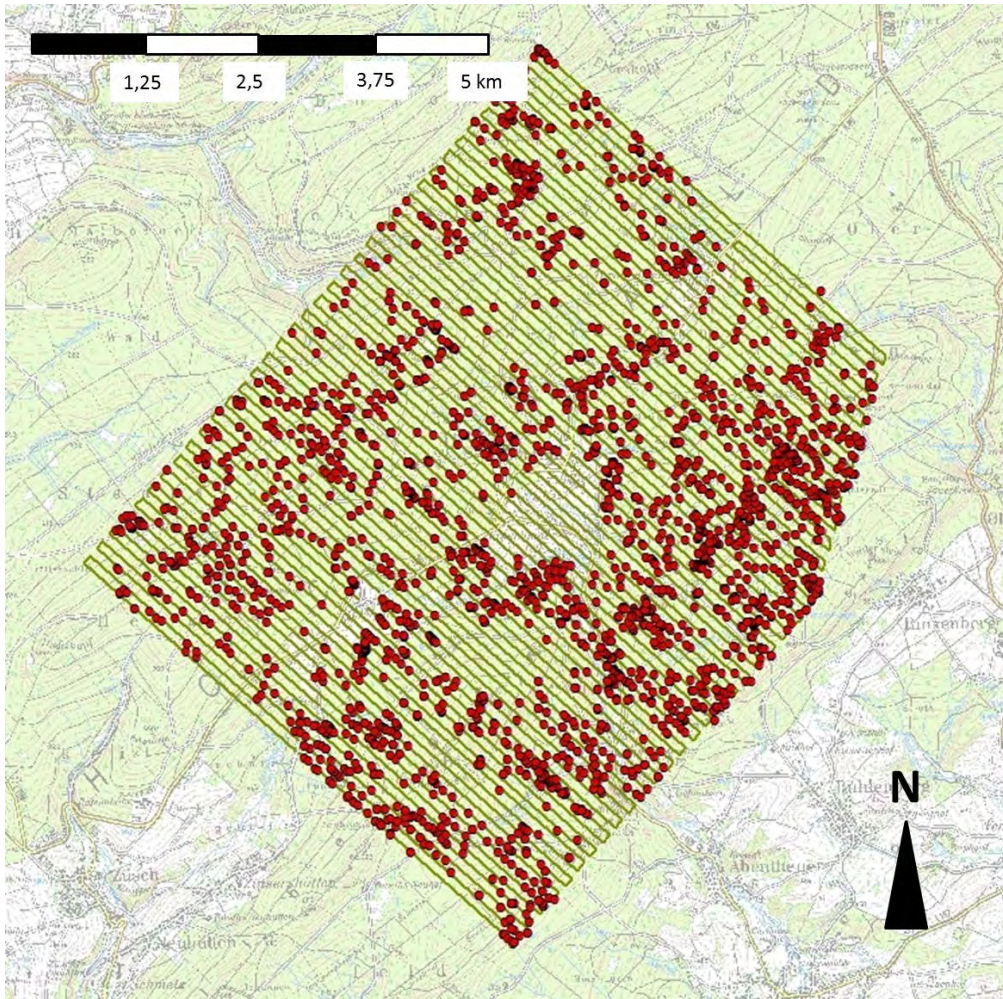


Abbildung 14: Untersuchungsgebiet, Transekte (grüne Linien) und Reh-Losungsfunde (rote Punkte) im Hochwald

4.5 Fotofallenmonitoring

4.5.1 Grundlagen und Voraussetzungen

Eine weitere nicht-invasive Monitoringmethode ist das Fotofallenmonitoring. Die Methode findet unter anderem Anwendung zur Erfassung von Abundanz und Dichte von Arten, die individuelle Körpermerkmale aufweisen. Insbesondere waren das in der Vergangenheit Arten mit heimlicher Lebensweise und/oder hohem Gefährdungsgrad wie z.B. Tiger (KARANTH & NICHOLS 1998, WANG & MACDONALD 2009), Luchs (ZIMMERMANN & BREITENMOSE 2007) oder Schneeleopard (JACKSON et al. 2006). Die Methode kam aber auch zum Einsatz z.B. zur Arteninventarisierung in artenreichen Lebensräumen wie tropischen Regenwäldern (GIMAN et al. 2007) oder zur Kontrolle der Funktionalität von Straßenquerungshilfen (FORD et al. 2009). Fotofallenbasierte Fang-Wiederfang-Verfahren für Ungulaten wurden bereits für die Arten Weißwedelhirsch (JACOBSON et al. 1997, CURTIS et al. 2009), Steinbock (SANDFORT 2009) und Reh (Identifizierung durch Halsbänder oder Ohrmarken) (SANDFORT & HACKLÄNDER 2011) angewendet. Neuere Entwicklungen sehen den Einsatz von Fotofallen zur Dichte- und Abundanzschätzung von Arten ohne körpereigene Identifikationsmerkmale vor (ROWCLIFFE & CARBONE 2008, ROWCLIFFE et al. 2008, ROYLE et al. 2011). Der Vorteil der Methode ist zugleich ihr Nachteil: die umfassende Überwachung des Kamerabereiches kollidiert u. U. mit datenschutzrechtlichen Bestimmungen (LDN 2015). Getestet wurde das Verfahren zuvor in einer zweijährigen Projektphase im Bienwald in der Rheinebene bei Kandel (FAWF 2013).

4.5.2 Methodenbeschreibung/Durchführung

Für eine Abdeckung von 4.500 ha in dem Gebiet Hunsrück (Abbildung 6) mit dem bestehenden Materialpool wurde eine Clusterverteilung angewendet. Die 160 Fotofallen wurden größtenteils in quadratischen Nestern zu je vier Fotofallen installiert. Der Abstand zur nächsten Fotofalle innerhalb eines solchen quadratischen Nestes betrug ca. 280 m. Zwischen den einzelnen 4er-Clustern betrug der Abstand zum nächsten 4er-Cluster ca. 840 m. Neben einer derart gewährleisteten gleichmäßigen Verteilung der Standorte wurde schließlich bei der Festlegung des konkreten Fotofallenstandort ein Bereich betrachtet, der sich nicht weiter als 100 m von dem theoretischen Clusterpunkt befand. In diesem Bereich wurde kleinstandörtlich nach Stellen gesucht, die vermutlich mit erhöhter Wahrscheinlichkeit von Rehen frequentiert werden. Dabei wurde auf das Vorhandensein von Äsung, Fegemöglichkeiten und Barrierefreiheit bzw. vorhandene Wechsel geachtet (Abbildung 15).

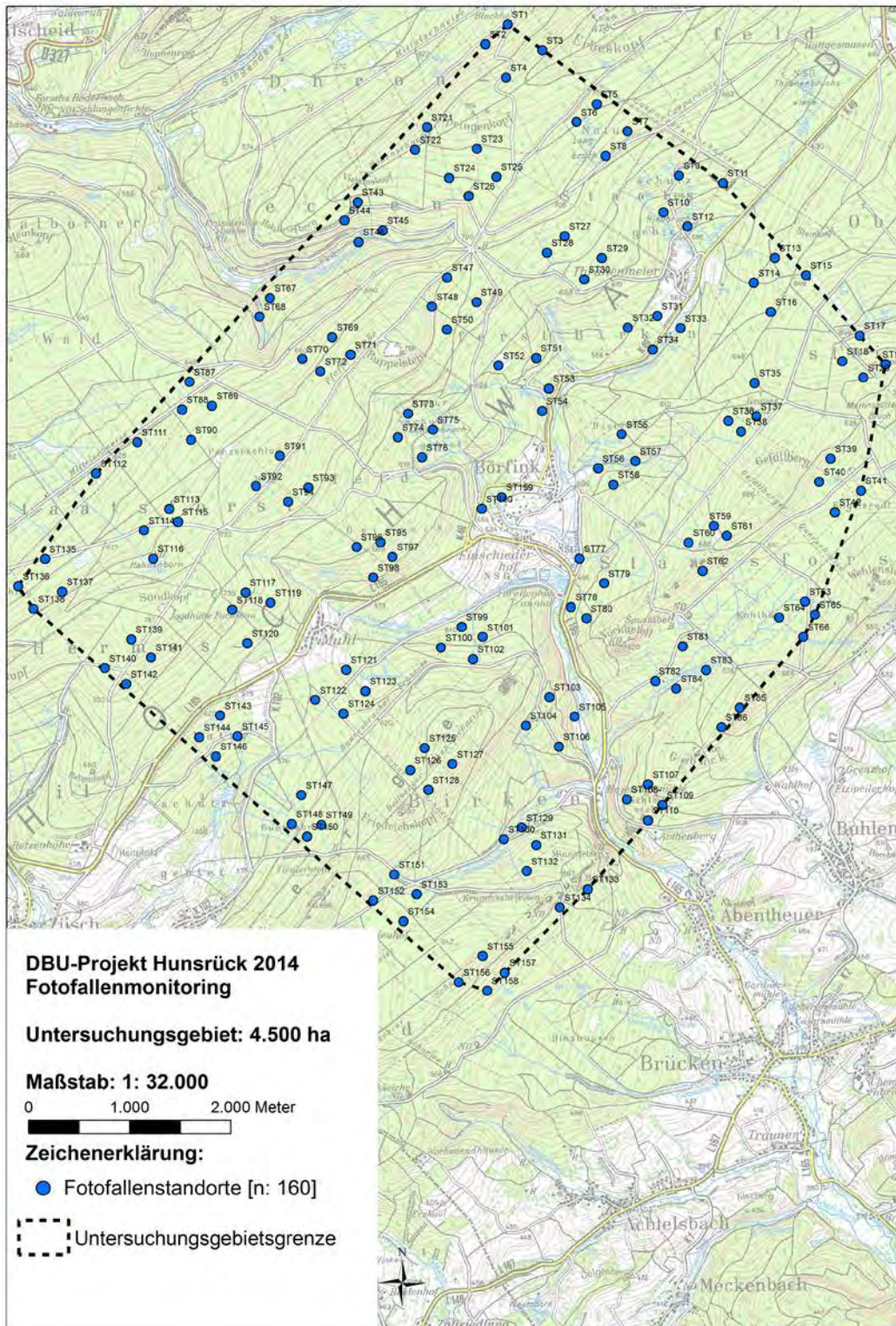


Abbildung 15: Standorte der Fotofallen im Untersuchungsgebiet Hunsrück 2014

Als Untersuchungszeitraum dient der Zeitraum Anfang April (3.4) bis Ende Juni (29.6). In dieser Zeit haben die Böcke größtenteils ihr Geweih verfest und sind individuell erkennbar. Nach der Untersuchung werden die Böcke mittels Vergleich der Gehörne identifiziert.

Anhand der erkannten Bockindividuen kann z.B. mittels der Programme MARK (WHITE & BURNHAM 1999) die Abundanz oder SECR (EFFORD & FEWSTER 2012) die Dichte des Bockbestandes bestimmt werden. Die Erfassung des Gesamtbestandes folgt der Capture-Mark-Resight Methode (McCLINTOCK 2011). Die Rehböcke fungieren hier mit ihren Gehörnen als individuell wiedererkennbarer Anteil an der Reh-Population, die Ricken und Schmalrehe als der unmarkierte Anteil. Es wird angenommen, dass beide Geschlechter die gleichen Fängigkeiten aufweisen.

5 Ergebnisse

In den beiden Untersuchungsjahren wurden die verschiedenen Methoden in den vier verschiedenen Gebieten angewendet.

Neben den Methoden, die im Rahmen dieses Forschungsprojektes finanziert wurden, konnte zusätzlich auf andere Ergebnisse aus diesen Gebieten zurückgegriffen werden (in roter Schrift, s. Tabelle 4).

Tabelle 4: Durchgeführte Methoden in den verschiedenen Gebieten + Ergebnisse aus anderen Projekten, finanziert durch andere Geldgeber (in rot dargestellt)

	2011	2012	2013	2014	2015	Zielart
Gebiet 1 Halb- fenland Lünebur- ger Heide				Scheinwer- fertaxation IR& DISTANCE Befliegung		Rothirsch und Rehe
Gebiet 2 Bergwald Hunsrück	Scheinwer- fertaxation	Geno- Typisierung Scheinwer- fertaxation	Scheinwer- fertaxation	IR& DISTANCE Befliegung Scheinwer- fertaxation Geno- Typisierung Fotofallen- monitoring	IR& DISTANCE Befliegung Scheinwer- fertaxation	Rothirsch und Rehe Genotypi- sierung: nur Rehe
Gebiet 3 Tiefland- wald Bienwald		Geno- typisierung	Fotofallen- monitoring		IR& DISTANCE	Rehe
Zusatzge- biet Soonwald					Geno- typisierung Befliegung Scheinwer- fertaxation (durch Insti- tut für Tier- ökologie und Naturbil- dung)	Rothirsch

5.1 Untersuchungsgebiet Lüneburger Heide

5.1.1 Scheinwerfertaxation 2014

Bei den Zählungen mit dem Scheinwerfer konnten die großen Offenlandflächen im Untersuchungsgebiet überwiegend abgedeckt werden (Abbildung 8).

VNP | Rotwild 2014

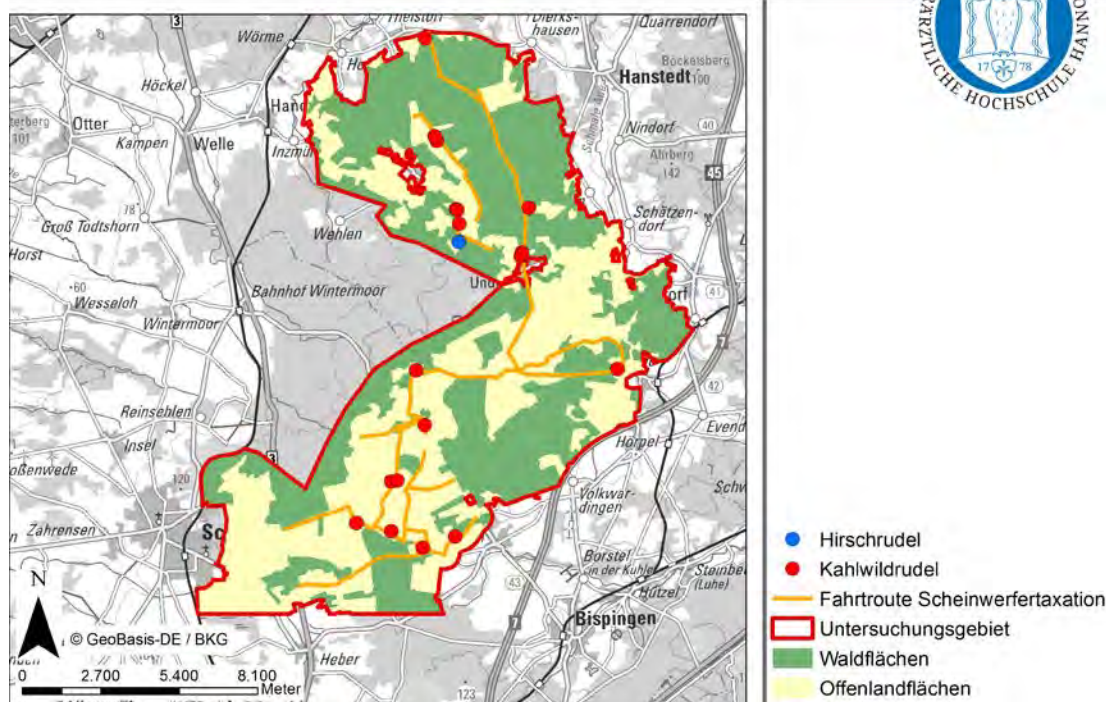


Abbildung 16: Fahrtrouten und Rothirsch-Sichtungen der drei Fahrten

Die Zählungen fanden am 26. und 28. März und am 07. April statt. Insgesamt konnten während der Fahrten maximal 38 Rothirsche gezählt werden (Tabelle 5), alle Sichtungen waren im Offenland, meist in großen Entfernungen (Abbildung 16). Eine Altersansprache war bei der Entfernung nicht möglich. Es wurden überwiegend nur Kahlwildrudel mit dazugehörigen männlichen Tieren der Jugendklasse beobachtet (Tabelle 5).

Tabelle 5: Anzahl von gesehenen Rothirschen (Rudelanzahl) bei der Scheinwerfertaxation in der Lüneburger Heide 2014

	26.03.14	28.03.14	07.04.14
Rothirsche (Rudelanzahl)	31 (7)	38 (7)	38 (6)
<i>davon Kahlwild inkl. dazugehöriger männlicher Tiere der Jugendklasse (Rudelanzahl)</i>	31 (7)	38 (7)	34 (5)
<i>davon Hirsche (Rudelanzahl)</i>			4 (1)

Für die Untersuchungsfläche von 16.316 ha, davon 8.685 ha Wald, ergibt sich daraus rechnerisch ein Schätzbestand von 54-63 Rothirschen (nimmt man eine Entdeckungswahrscheinlichkeit 70 bzw. 60 % an). Dies entspräche einer Dichte auf der Gesamtfläche von 0,3-0,4 Rothirschen auf 100 ha, bezogen nur auf die Waldfläche als Hauptlebensraum eine Dichte von 0,6-0,7 Rothirschen auf 100 ha Wald.

5.1.2 IR-Erfassung und Distance Sampling 2014

Die Transektlänge betrug 57,5 km (Abbildung 17). Die Fahrten erfolgten am 17.03., 21.03. und 25.03.2014.

VNP | Fahrtroute

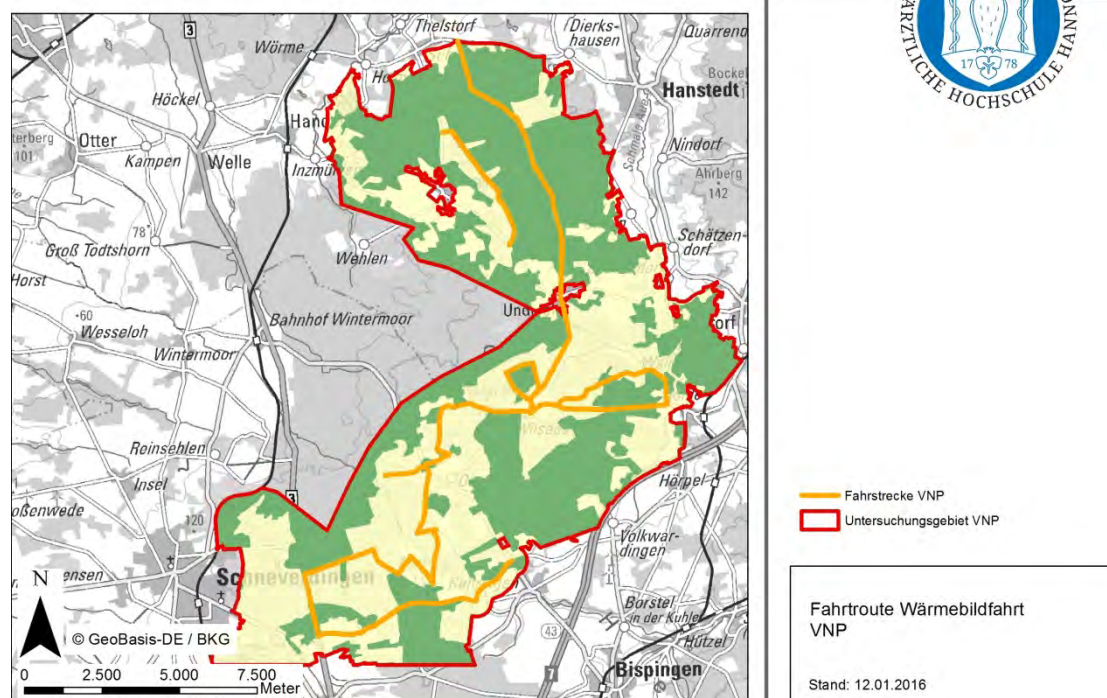


Abbildung 17: Transekte der IR-Erfassung in der Lüneburger Heide (in grün sind Waldflächen dargestellt, Offenland in hellgelb)

Die Anzahl der gesehenen Rothirsche stieg im Laufe der Zählfahrten (17.03., 21.03. und 25.03.2014) an und die Anzahl der gesehenen Rehe sank (Tabelle 6).

Tabelle 6: Anzahl von Rothirschen und Rehen bei den IR-Erfassungsfahrten in der Lüneburger Heide

	17.03.	21.03.	25.03.
Rothirsch	11	22	37
Reh	165	153	134

Rehe wurden gleichmäßig über alle Transekte im Gebiet gezählt mit Gruppengrößen von 1 bis 5 Rehen (Abbildung 18). Im Gegensatz dazu unterscheidet sich die Verteilung der Rothirsche im Gebiet deutlich. Zudem wurden bei Gruppengrößen von bis zu 13 Tieren deutlich weniger Ereignisse gezählt (Abbildung 19).

Aufgrund der geringen Anzahl an Rothirschsichtungen erfolgte keine Auswertung für die Rothirsche.

VNP | Rehwild

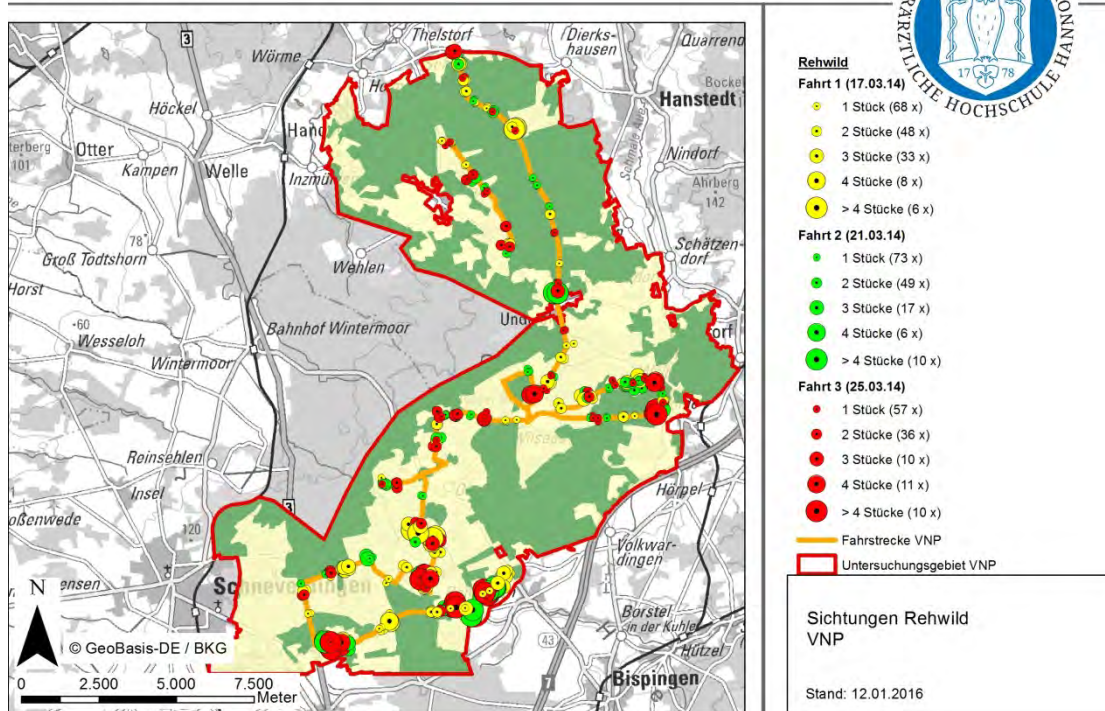


Abbildung 18: Verteilung der Rehsichtungen und Gruppengröße in der Lüneburger Heide bei den IR-Erfassungen

VNP | Rotwild

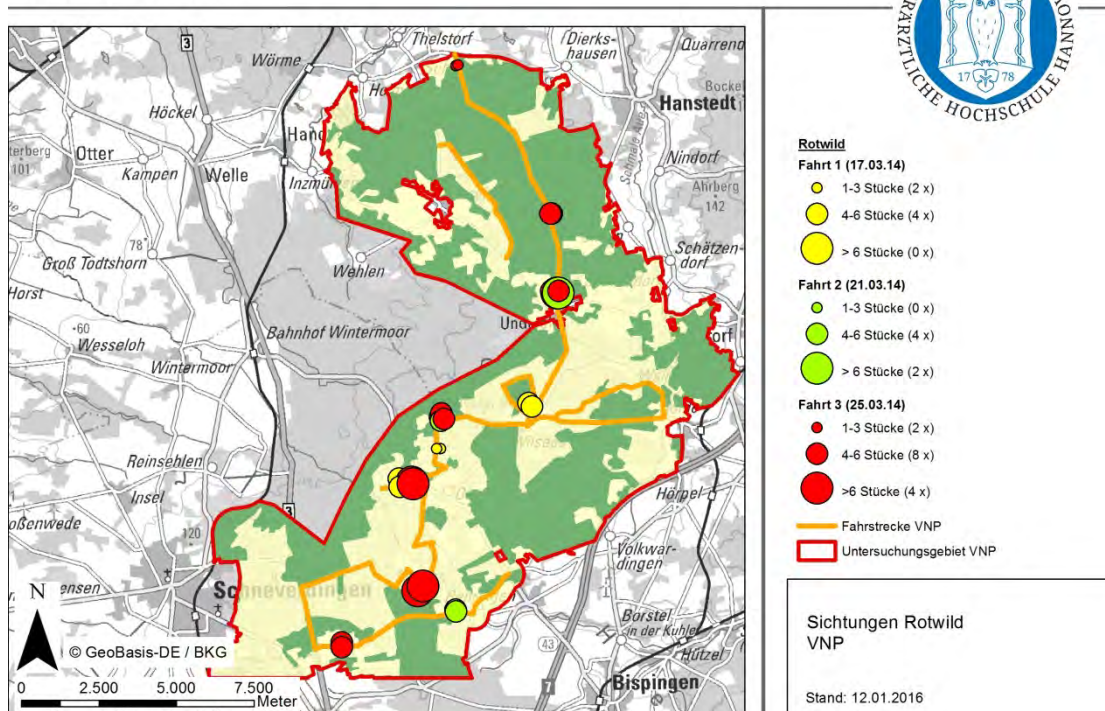


Abbildung 19: Verteilung der Rothirschsichtungen und Gruppengröße in der Lüneburger Heide bei den IR-Erfassungen

Entdeckungsfunktion

Reh

Zur Anpassung der Entdeckungsfunktion wurde eine „right truncation“ (s. Methodenbeschreibung) bei 300 m vorgenommen (Abbildung 20).

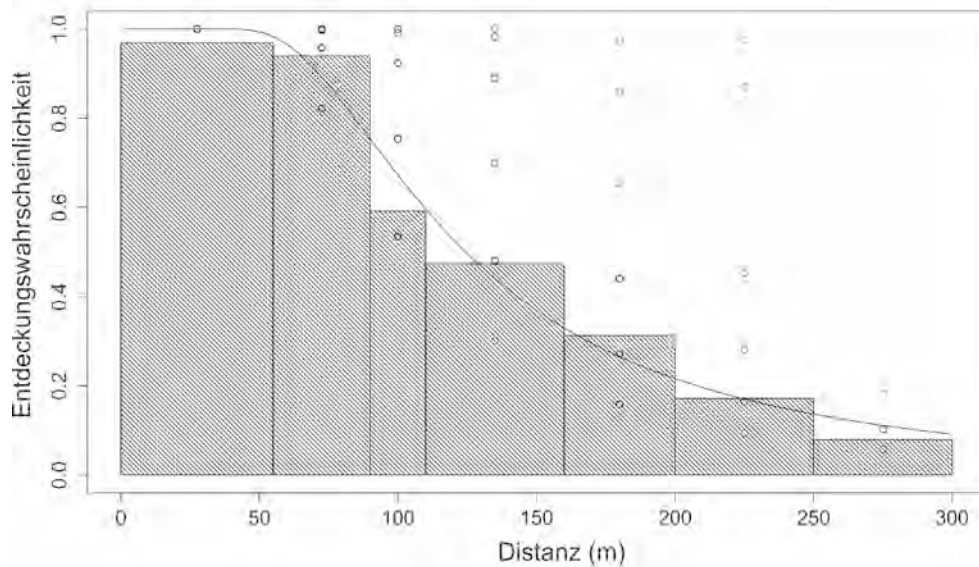


Abbildung 20: Entdeckungen in Entfernungsklassen und die Kurve der Entdeckungswahrscheinlichkeit für Rehe

MCDS

Reh

Insgesamt konnten nach der „right truncation“ so für die Analyse 223 Beobachtungen von Rehen berücksichtigt werden.

Als Model wurde die „Hazard-rate key function“ gewählt, die Gruppengröße beeinflusste die Entdeckungswahrscheinlichkeit positiv.

Rehe konnten mit einer durchschnittlichen Entdeckungswahrscheinlichkeit von knapp 50 % gezählt werden ($p=0.49$).

Bei einer durchschnittlichen Dichte von ca. 7,8 Rehen/100 ha (Konfidenzintervall 5.9-10.3) waren im Frühjahr 2014 ca. 1633 Rehe (Konfidenzintervall 1232 - 2164) im Untersuchungsgebiet der Lüneburger Heide (16.316 ha).

DSM

Reh

Im modellbasierten Ansatz wurden als Faktoren die x/y-Koordinaten, Höhe, Hanglage/Himmelsrichtung und die Entfernung zum Wald für die Rehschätzung, nach „model selection“ berücksichtigt (Abbildung 21):

$$\text{Geschätzte Dichte/ Segment} \sim \text{X*Y-Koordinaten} + \text{Höhe} + \text{Himmelsrichtung} \\ + \text{Entfernung zum Wald}$$

Rehe zeigen eine Präferenz zu den südlichen und südwestlichen Hangneigungen (ca. 180-250°), während der Nordwesten gemieden wird (ca. 280-330°). In den übrigen Himmelsrichtungen gibt es keine signifikanten Zusammenhänge. Der Faktor „Entfernung zum Wald“ war nicht signifikant, verbesserte aber das Modell (AIC-Wert). Am seltensten waren Rehe jedoch direkt am Waldrand zu sehen und mit einer höheren Frequenz in 200-400 m Entfernung zum Wald. Die Hügel wurden eher gemieden und häufiger hielten sich die Rehe in den Höhenlagen unter 80 m NN auf.

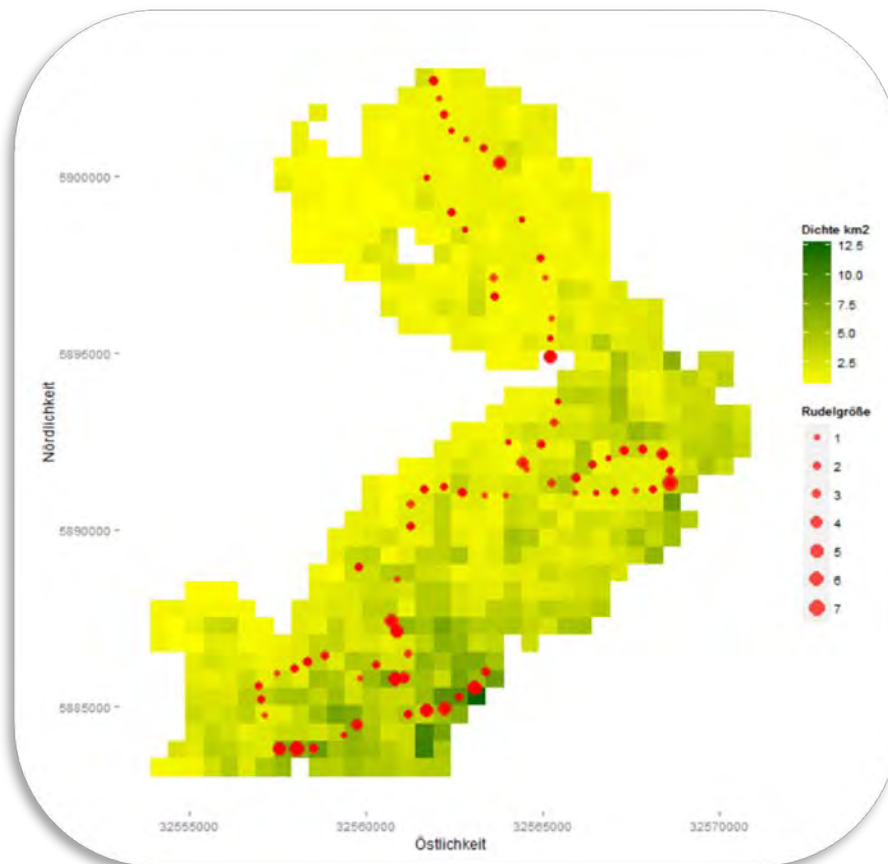


Abbildung 21: Modellierte Dichteverteilung (DSM) für Rehe in der Lüneburger Heide 2014

Bei einer durchschnittlichen Dichte von ca. 9 Rehen/100 ha (Konfidenzintervall 8.6 - 9.4) waren im Frühjahr 2014 ca. 1.886 Rehe (Konfidenzintervall 1.796-1.976) im Untersuchungsgebiet der Lüneburger Heide (16.316 ha).

5.1.3 Befliegung 2014

Die Befliegung konnte am 28. März 2014 durchgeführt werden. Mit bedecktem Himmel herrschten für die Wärmebildaufnahme gute Bedingungen. Tiefliegende Bewölkung und Hochnebfelder zwangen allerdings zu einer niedrigeren Flughöhe, was wiederum zu einer geringeren Flächenabdeckung führt. Auf der anderen Seite wurde damit eine höhere geometrische Auflösung erzielt, sodass in Verbindung mit

dem abgedeckten Himmel mit relativ hohen Entdeckungswahrscheinlichkeiten zu rechnen ist.

Die Kameras haben aus der beflogenen Fläche von ca. 7.600 ha (Polygon um die Flugroute) eine Stichprobe von 1.731 ha aufgenommen.

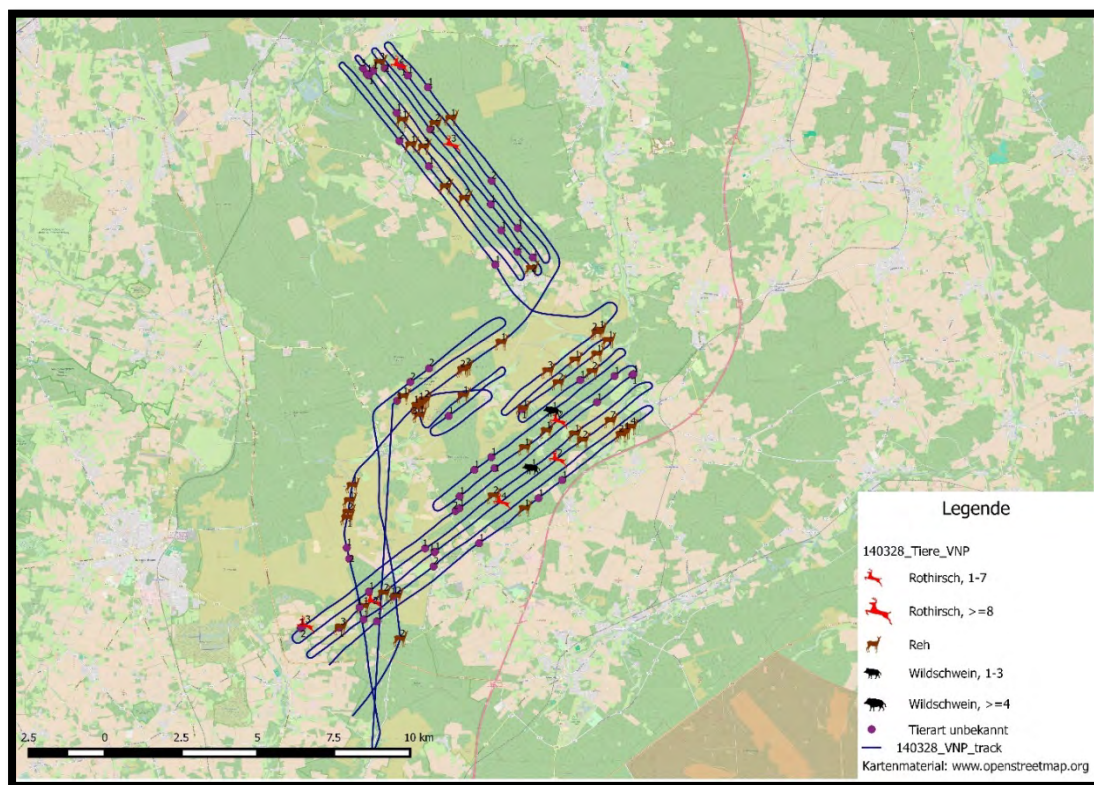


Abbildung 22: Flugroute inkl. Sichtungereignisse in der Lüneburger Heide

Innerhalb dieser Stichprobe konnten 109 Detektionen erfasst werden (Abbildung 22; Tabelle 7). Ist in der Tabelle die Tierart mit Fragezeichen versehen, bedeutet dies, dass anhand des visuellen Bildes keine eindeutige artspezifische Ansprache möglich war, dass aber auf Grund verschiedener Faktoren (IR Signatur, VIS Bild, Rudelbildung, Ort, etc.) davon ausgegangen werden kann, dass es sich um die angegebene Tierart handelt.

Tabelle 7: Detektionen der Befliegung in der Lüneburger Heide am 28.03.2014

Tierart	Anzahl	Detektionen	Tiere/Detektionen
Rothirsch	13	5	2,6
Rothirsch?	5	2	2,5
Reh	57	31	1,8
Reh?	27	16	1,7
Wildschwein	0	0	0
Wildschwein?	2	2	1,0
unbestimmt	66	53	1,2
gesamt:	170	109	

Für die überflogene Fläche des Untersuchungsgebietes (alle Habitate) ergibt sich eine Rothirschdichte von 1,5-1,7 Rothirsche/100 ha, bei angenommenen Entdeckungswahrscheinlichkeiten von 60-70 %.

Obwohl die Methode bisher für Rehe nicht geeignet schien, wurde auf Grund der vielen Rehsichtungen eine Dichte bestimmt. Wegen der großen Unsicherheiten bzgl. der Höhe der Entdeckungswahrscheinlichkeiten für das Reh, aber auch die vielen Detektionsereignisse, die nicht auf Artniveau bestimmt werden konnten, sollten die folgenden Rehdichten nur als grobe Diskussionsgrundlage dienen.

Mit einer angenommenen mittleren Entdeckungswahrscheinlichkeit von 70 % ($p=0,7$) und ohne jegliche Berücksichtigung der unbestimmten Detektionen ergibt sich für das Reh eine Dichte von 6,9 Rehe/100 ha. Bei $p=0,6$ eine Dichte von 8,1 Rehe/100 ha.

5.2 Untersuchungsgebiet Hunsrück

5.2.1 Scheinwerfertextation 2011-2015

Zunächst werden die Ergebnisse der Scheinwerfertextationen der Projektjahre 2014 und 2015 als integraler Bestandteil des DBU-Erfassungsprogramms dargestellt.

Ergebnisse 2014

Die Scheinwerferzählungen im Frühjahr 2014 wurden am 01., 03. und 07. April durchgeführt. Der ausgewählte Zählzeitpunkt und die äußeren Bedingungen ließen eine durchschnittliche Erfassungswahrscheinlichkeit von $p=0,6$ erwarten (HETTICH & HOHMANN 2014).

Am 03.04.2014 wurde mit 873 gezählten Rothirschen auf der taxierten Fläche das höchste Zählergebnis 2014 erreicht (Abbildung 23). Das entspricht einer durchschnittlichen Dichte von 3,2 gesehenen Rothirschen je 100 ha Wald. Am 01.04.2014 wurden 835 Rothirsche gezählt (- 38 Rothirsche), am 07./08.04.2014 insgesamt 640 Rothirsche (- 233 Rothirsche).

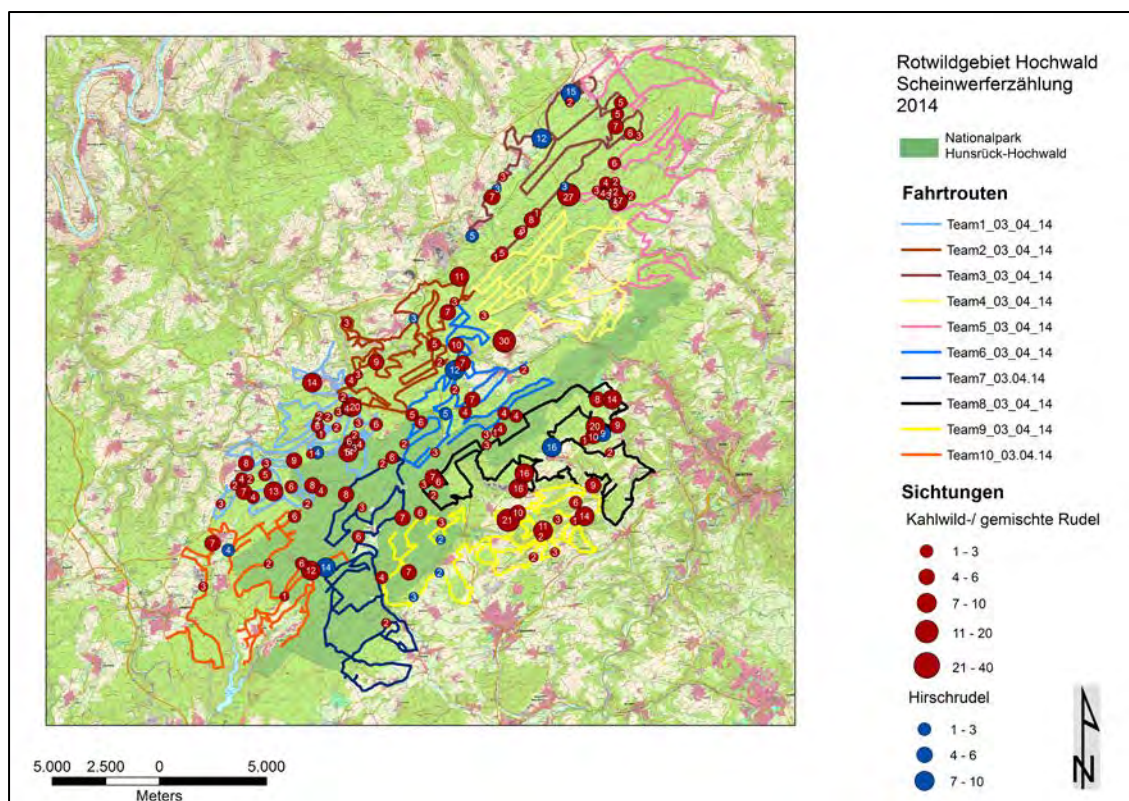


Abbildung 23: Fahrtrouten aller Teams und Rothirsch-Sichtungen am 03.04.2014

Die Ergebnisse der drei Zähl Nächte 2014 zeigen somit deutliche Schwankungen. Bei der dritten Zählung betrug das Zählergebnis nur ca. 73 % des Ergebnisses der ersten Zählung. Derartige Ergebnisschwankungen bei den drei Zähl durchgängen innerhalb eines Frühjahres wurden z.T. auch in den Vorjahren festgestellt (Abbildung 25).

Von den am 03.04.2014 gezählten 873 Rothirschen konnten 329 Individuen sicher nach Geschlecht bzw. Altersklasse angesprochen werden. 454 Individuen wurden als Kahlwildrudel klassifiziert. Um die Klassenverteilung aller gesehenen Stücke annähernd zu ermitteln, wurde das ermittelte Verhältnis der angesprochenen Stücke auf die Gesamtanzahl der gesehenen Stücke übertragen (Tabelle 8).

Tabelle 8: Klassen und Altersverteilung der „sicher angesprochenen Individuen“, der als „Kahlwildrudel“ und als „Rothirsch“ angesprochenen Stücke und daraus ermittelte, mögliche Gesamtklassenverteilung für die Scheinwerfertaxation Hunsrück 2014.

03.04.2014							
Rotwild	Alttiere/ Schmal- tiere	Käl- ber	Spie- ßer	III	II & I	als "Hirsch" angespro- chen	Ge- samt
Sicher angesprochen	120	89	26	18	7	69	329
Lediglich als Kahlwil- drudel angesprochen		454					
Verhältnis der ange- sprochenen AT, ST, und SSP aus allen 3 Zählungen 2014 (%)	52%	40%	9%				
Daraus abzuleitende Verteilung in den Kahlwildrudeln	234	180	40				454
Lediglich als "Rot- wild" angesprochen (gemäß Gesamtver- hältnis)	41	31	8	2	1	8	90
SUMME 2014	395	300	73	20	8	77	873
SUMME 2014 je 100 ha Wald (27.500 ha)	1,4	1,1	0,3	0,1	0,03	0,3	3,2

Ergebnisse 2015

Die Scheinwerferzählungen im Frühjahr 2015 wurden am 15. und 22. April durchge-
führt. Der ausgewählte Zählzeitpunkt und die äußeren Bedingungen ließen erneut
eine durchschnittliche Erfassungswahrscheinlichkeit von $p=0,6$ erwarten (Hettich &
Hohmann 2016). Mit Gründung des Nationalparks Hunsrück-Hochwald wurde die
Taxationsfläche bei der Zählung 2015 erstmals auf die Nationalparkfläche und an-
grenzende Gebiete von zuvor 39.700 ha auf ca. 25.000 ha reduziert, die Waldfläche
umfasste statt zuvor 27.500 ha nun 17.242 ha.

Am 22.04.2015 wurde mit 500 gezählten Rothirschen auf der taxierten Fläche das
höchste Zählergebnis 2015 erreicht. Das entspricht einer durchschnittlichen Dichte
von 2,9 gesehenen Rothirschen je 100 ha Wald. Am 15.04.2015 wurden
422 Rothirsche gezählt.

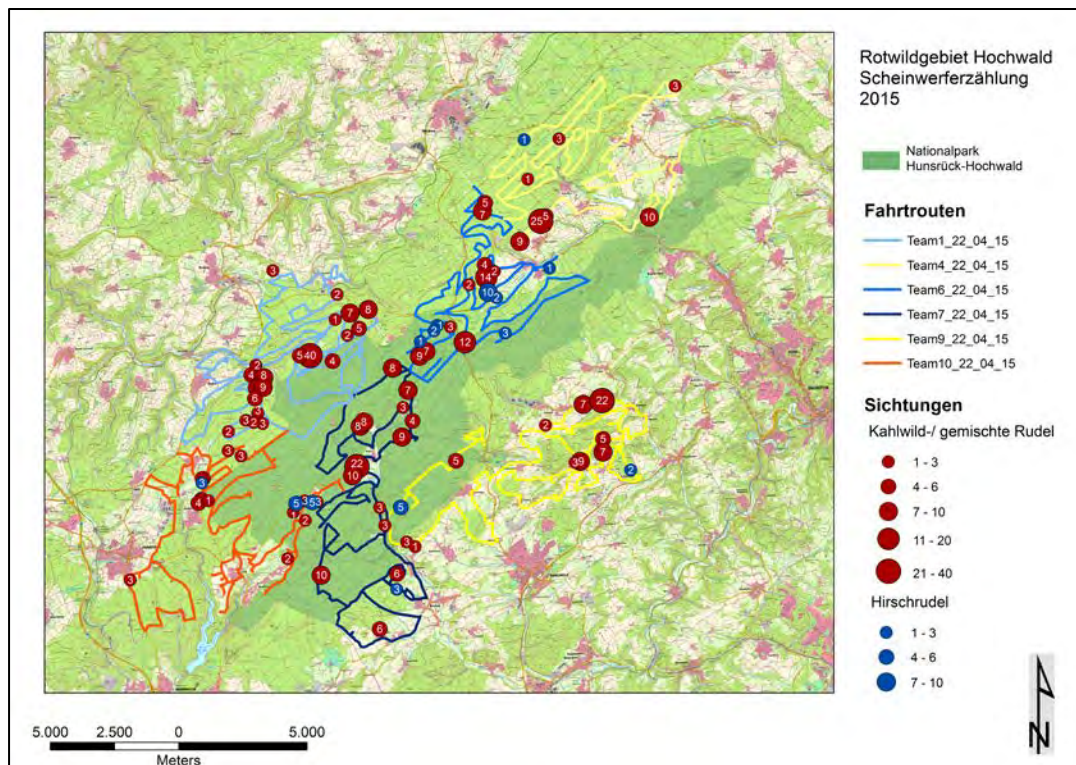


Abbildung 24: Fahrtrouten aller Teams und Rothirsch-Sichtungen am 22.04.2015

Die Ergebnisse der zwei Zähl Nächte 2015 zeigen erneut gewisse Schwankungen.

Von den am 22.04.2015 gezählten 500 Rothirschen konnten 214 Individuen sicher nach Geschlecht bzw. Altersklasse angesprochen werden. 138 Individuen wurden als Kahlwildrudel klassifiziert. Um die Klassenverteilung aller gesehenen Stücke annähernd zu ermitteln, wurde das ermittelte Verhältnis der angesprochenen Stücke auf die Gesamtanzahl der gesehenen Stücke übertragen (Tabelle 9).

Tabelle 9: Klassen und Altersverteilung der „sicher angesprochenen Individuen“, der als „Kahlwildrudel“ und als „Rothirsch“ angesprochenen Stücke und daraus ermittelte, mögliche Gesamtklassenverteilung für die Scheinwertfartaxation Hunsrück 2015.

22.04.2015							
Rotwild	Alttiere/ Schmal- tiere	Kälber	Spießler	III	II & I	als "Hirsch" angespro- chen	Ge- sam- t
Sicher angesprochen	97	59	11	22	18	7	214
Lediglich als Kahlwildru- del angesprochen		138					
Verhältnis der angespro- chenen AT, ST, und SSP aus allen 2 Zählungen 2015 (%)	59%	35%	6%				
Daraus abzuleitende Verteilung in den Kahl- wildrudeln	81	48	8				138
Lediglich als "Rotwild" angesprochen (gemäß Gesamtverhältnis)	67	40	7	15	12	8	148
SUMME 2015	246	147	26	37	30	15	500
SUMME 2014 je 100 ha Wald (17.250 ha)	1,4	0,9	0,15	0,2	0,17	0,09	2,9

Ergebnisse der Gesamtreihe 2011-2015

Dem hier berücksichtigten Projektzeitraum vorausgegangen Zählungen von Landesforsten Rheinland-Pfalz in den 2011 bis 2013 wurde ein noch höherer Weibchenanteil ermittelt (Tabelle 10, Hettich & Hohmann 2013).

Tabelle 10: Bei den Wertungszählungen im Hochwald zwischen 2011-2015 festgestellte Geschlechterverhältnisse beim gesehenen Rotwild

	2011	2012	2013	2014	2015
Geschlechterverhältnis	1 : 2,6	1 : 2,2	1 : 1,4	1 : 1,7	1 : 1,8

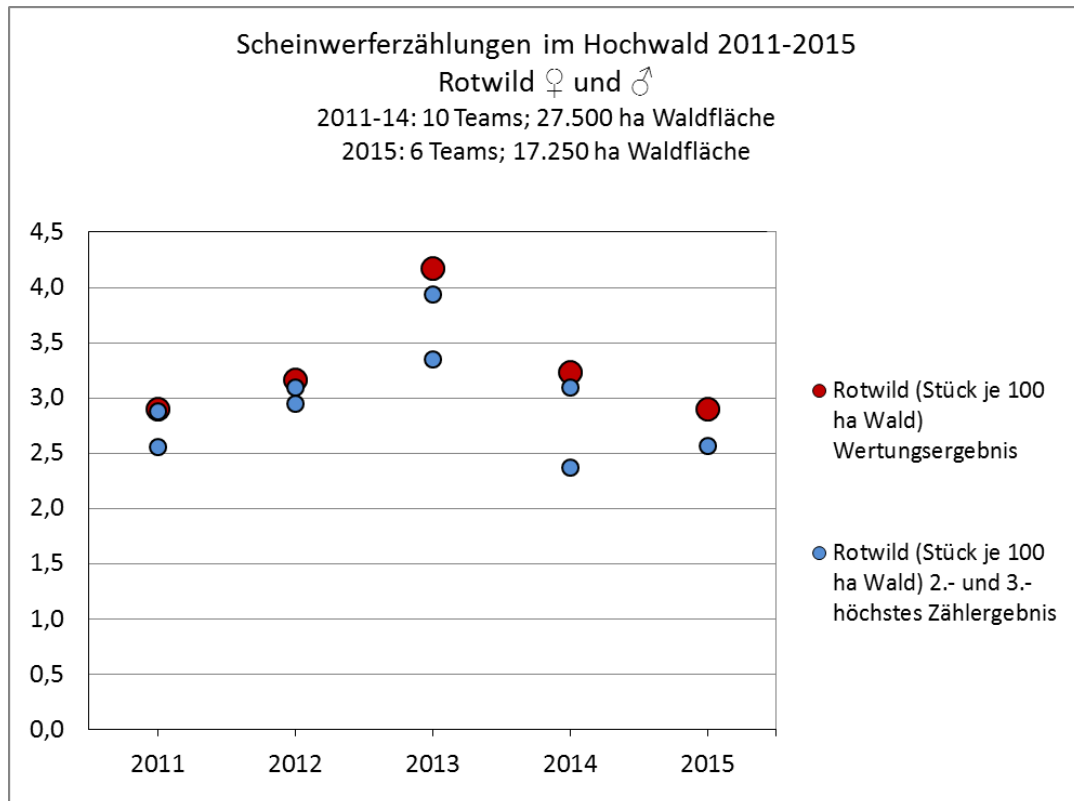


Abbildung 25: Rotwild-Zählergebnisse in den Jahren 2011-2015 (gesehene Individuen je 100 ha Wald). Bezugsfläche in den Jahren 2011-2014: 27.500 ha Wald, 2015: 17.250 ha. Das jeweils höchste Ergebnis eines Jahres wird als "Wertungsergebnis" bezeichnet

Betrachtet man die jährlichen Wertungsergebnisse, so fällt insbesondere das überdurchschnittliche Ergebnis von 2013 auf. Den Zählungen 2013 ging eine außergewöhnlich lang anhaltende, schneereiche Kälteperiode voraus, die zu einem späten Vegetationsbeginn, zu einer vermutlich intensiven Nutzung der Wildwiesen und des Grünlandes durch das Rotwild und somit zu einer überdurchschnittlichen Erfassungsrate geführt haben könnte.

5.2.2 IR-Erfassung und Distance Sampling 2014 und 2015

In den beiden Untersuchungsjahren variierten die gewählten Transekte, da wenige Wege nicht befahrbar waren. Um für das Distance Sampling eine repräsentative Fläche abdecken zu können wurde der südliche Teil des Gebietes Hunsrücks aus der Scheinwerferzählung gewählt (vgl. Abbildung 25). In diesem Teil lag zudem das Gebiet der Kotgenotypisierung und des Fotofallenmonitorings. Eine Berechnung erfolgte sowohl für das IR Gebiet (Abbildung 26) als auch für das Untersuchungsgebiet der Kotgenotypisierung und des Fotofallenmonitorings zur besseren Vergleichbarkeit der Ergebnisse (vgl. Abbildung 27).

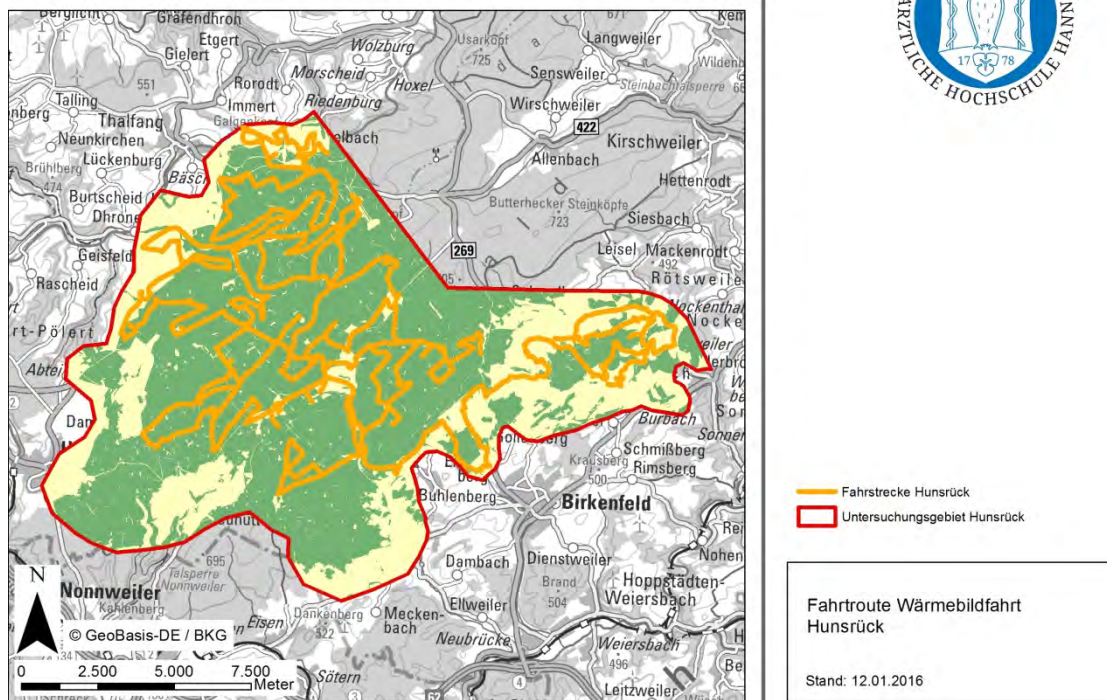


Abbildung 26: Übersicht über alle befahrenen Transekte der IR-Erfassung im Hunsrück 2014 und 2015

Ergebnisse 2014

Für die IR-Erfassung wurden die bestehenden Fahrtrouten der Scheinwerfertaxation (aus anderen vorherigen Untersuchungen) mit der Fläche des Untersuchungsgebietes verschnitten und aus den Teilrouten eine Fahrtroute für die IR-Erfassung erstellt. Diese Route wurde am 05. 08. und 09. April (5. und 8.4. im Fotofallen/ Kotgenotypisierungsgebiet) mit einem Fahrzeug mit 2 Wärmebildkameras (rechts und links) abgefahren.

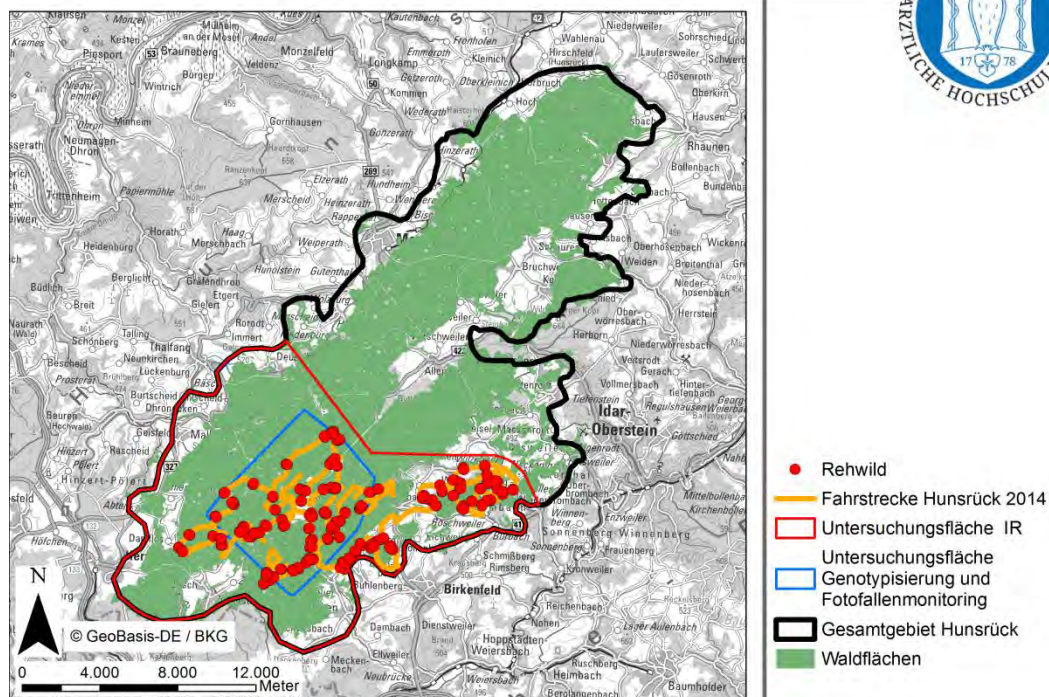


Abbildung 27: Rehsichtungen im Untersuchungsgebiet Hunsrück während der IR-Fahrten 2014

Rehe wurden gleichmäßig über alle Transekte im Gebiet gezählt (Abbildung 27). Insgesamt konnten im Jahr 2014 in den Fahrten zusammen 207 (davon 90 im Fotofallen/ Kotgenotypisierungsgebiet) Rehe notiert werden.

Entdeckungsfunktion 2014

Für die Entdeckungsfunktion zeigte sich die hazard-rate key-function (s. Methodenbeschreibung), unter Berücksichtigung der Gruppengröße und der Sichtungsbedingungen innerhalb und außerhalb des Waldes, als optimale Modellanpassung (Abbildung 28).

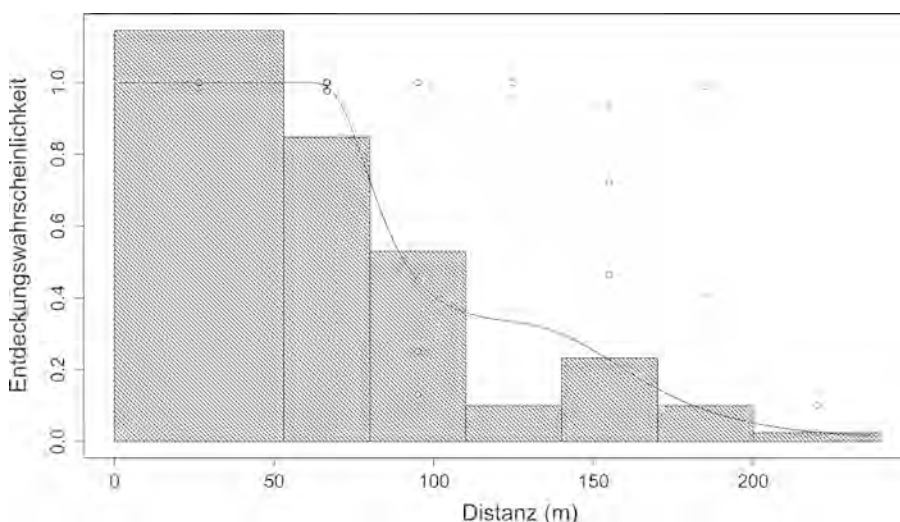


Abbildung 28: Entdeckungen in Entfernungsklassen und die Funktion der Entdeckungswahrscheinlichkeit für Rehe

MCDS-2014

Rehe konnten entlang der Fahrtroute mit einer durchschnittlichen Entdeckungswahrscheinlichkeit von 47 % gezählt werden ($p=0.47$).

Für die Fläche der IR-Taxation (Abbildung 27) kann so ein Bestand von 1.347 Rehen berechnet werden (Konfidenzintervall 1.006 – 1.803) und eine Dichte von 6,0 Rehen/100 ha (Konfidenzintervall 4,5-8.0).

Die Berechnung für ausschließlich die Kotgenotypisierungs- / Fotofallenmonitoringfläche (blaues Gebiet, Abbildung 27), ergab eine Schätzung von 202 Rehen (Konfidenzintervall 137 - 298) und eine Dichte 4,4 (Konfidenzintervall 3,9-6,5) Rehe/100 ha.

DSM-2014

Im modellbasierten Ansatz wurden als signifikante Faktoren die x*y-Koordinaten, Höhe und Wald für die Rehschätzung berücksichtigt:

$$\text{Geschätzte Dichte/ Segment} \sim X*Y\text{-Koordinaten} + \text{Wald} + \text{Höhe}$$

Im Wald ist dabei die Rehdichte etwas geringer als auf den Offenlandflächen.

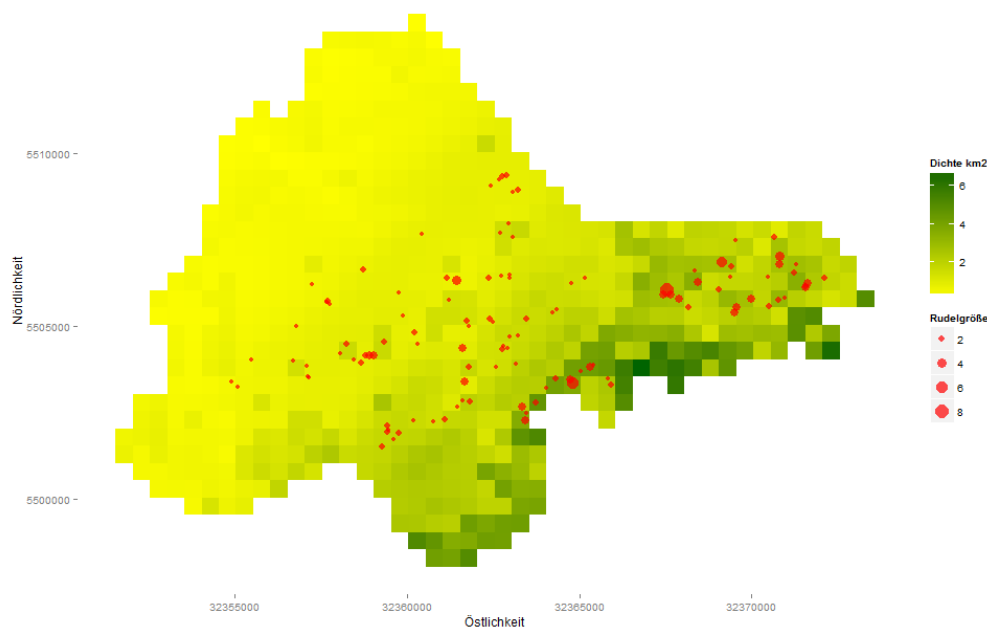


Abbildung 29: Modellierter Dichteverteilung für Rehe im Hunsrück 2014

Für die Fläche der IR-Taxation (Abbildung 29) kann im DSM ein Bestand von 1.351 Rehen berechnet werden (Konfidenzintervall 1.255 – 1.449) und eine Dichte von 5,8 (Konfidenzintervall 5,4 - 6,2) Rehen/100 ha.

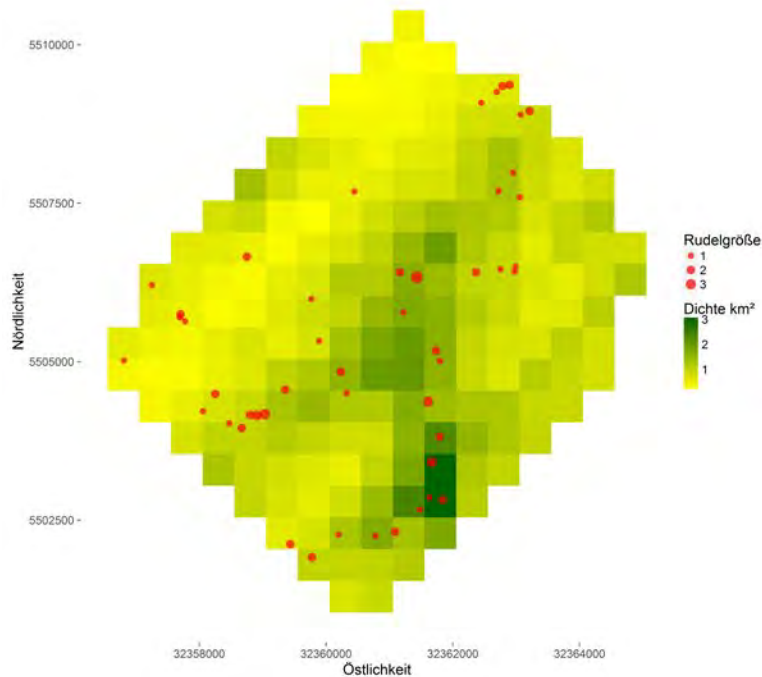


Abbildung 30: Modellierter Dichteverteilung für Rehe im Hunsrück 2014 auf der kleineren Fläche der Kotgenotypisierung und des Fotofallenmonitorings

Die Berechnung auf die Kotgenotypisierungs- / Fotofallenmonitoringfläche ergab einen Bestand von 213 Rehen (Konfidenzintervall 202 – 224) und eine Dichte von 4,6 (Konfidenzintervall 4,3 – 4,8) Rehen/100 ha (Abbildung 30).

Ergebnisse 2015

Für die IR-Erfassung wurden die bestehenden Fahrtrouten der Scheinwerfertaxation (aus anderen vorherigen Untersuchungen) mit der Fläche des Untersuchungsgebietes verschnitten und aus den Teilrouten eine Fahrtroute für die IR-Erfassung erstellt. Die Fahrtrouten wurden im Vergleich zum Vorjahr etwas geändert (Abbildung 31).

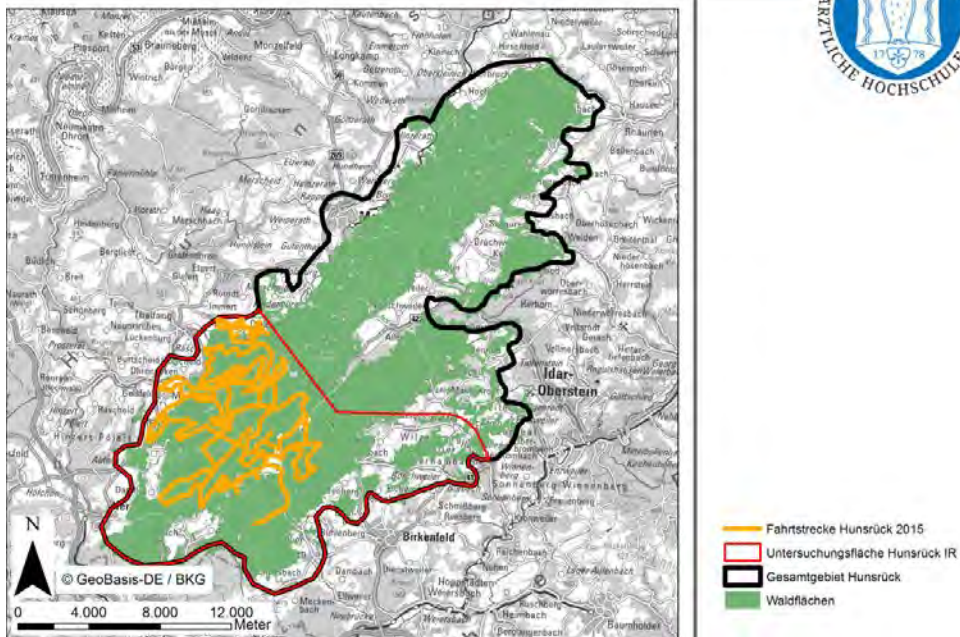


Abbildung 31: Transekte der IR-Erfassung im Hunsrück 2015

Rehe wurden gleichmäßig über alle Transekte im Gebiet gezählt mit Gruppengrößen von 1 bis maximal 7 Rehen (Abbildung 32). Insgesamt konnten im Jahr 2015 222 (74 im Kotgenotypisierungs- / Fotofallenmonitoringgebiet) Rehe mit der Wärmebildkamera gezählt werden, mit 150/48 Sichtungen (für IR-Gebiet/ Kotgenotypisierungs- / Fotofallenmonitoringgebiet). Die Fahrten wurden für das Kotgenotypisierungs- / Fotofallenmonitoringgebiet am 17. und 19. April durchgeführt. Für das IR-Gebiet kamen noch Fahrten am 18. 23. 24. und 25. April dazu.

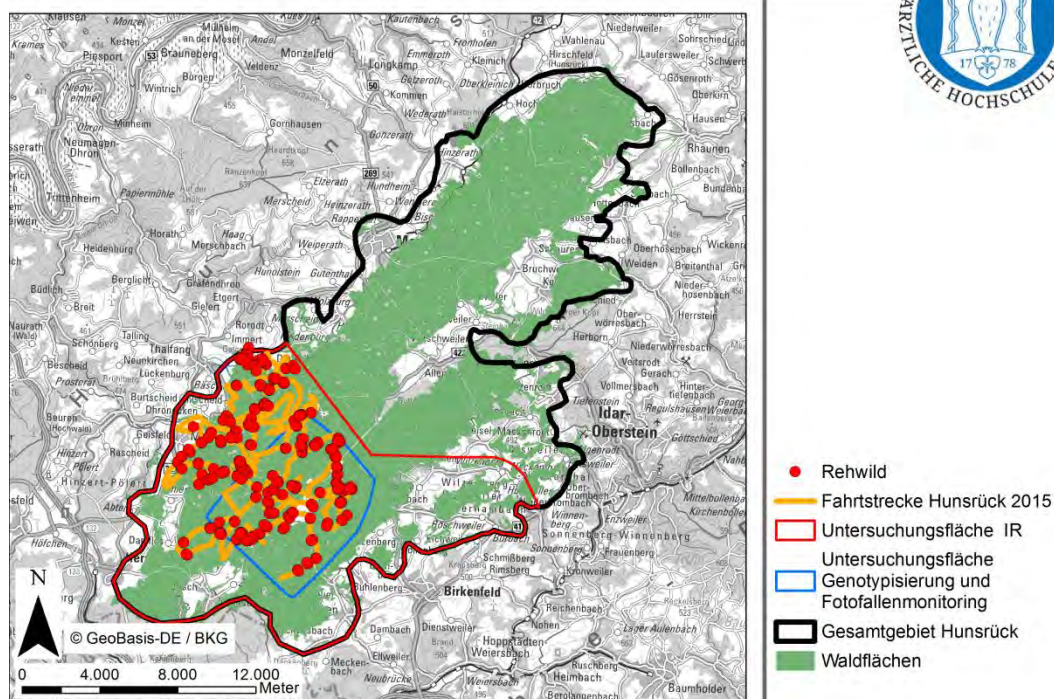


Abbildung 32: Reh-Sichtungen im Untersuchungsgebiet Hunsrück während der IR-Erfassung 2015

Entdeckungsfunktion 2015

Als Modell wurde die „Hazard-rate key function“ gewählt. Die Entdeckungswahrscheinlichkeit im Wald war deutlich niedriger als im Offenland und wurde als Kovariate berücksichtigt (Abbildung 33).

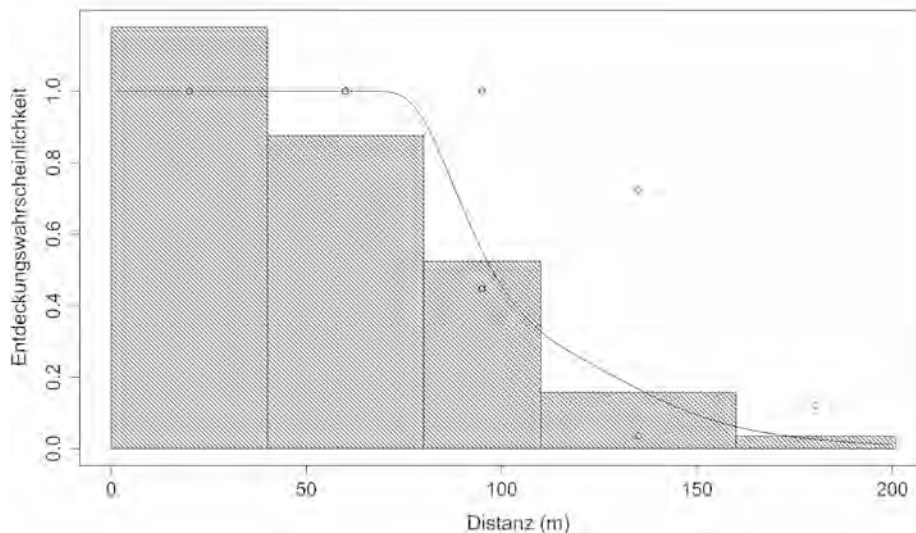


Abbildung 33: Entdeckungen in Entfernungsklassen und die Kurve der Entdeckungswahrscheinlichkeit für Rehe

MCDS-2015

Rehe konnten mit einer durchschnittlichen Entdeckungswahrscheinlichkeit von 53% gezählt werden ($p=0.53$).

Für die Fläche der IR-Taxation (Abbildung 31) kann ein Bestand von 1.147 (Konfidenzintervall 852 – 1.543) Rehen berechnet werden und eine Dichte von 5,2 (Konfidenzintervall 3,8 - 6,9) Rehen/100 ha.

Für die Untersuchungsfläche, auf der auch die Genotypisierung und das Foto-fallenmonitoring stattfand ergab sich nach dem MCDS ein Schätzbestand von 216 Rehen (Konfidenzintervall 139 - 339) mit einer entsprechenden Dichte von 4,7 (Konfidenzintervall 3,0 - 7,4) Rehen/100 ha

DSM-2015

Im modellbasierten Ansatz wurden als die x/y-Koordinaten, Waldflächen und die gemittelten Ellenberg- Feuchtezeigerwerte für die Rehschätzung nach „model selection“berücksichtigt:

$$\text{Geschätzte Dichte/ Segment} \sim \text{X*Y-Koordinaten} + \text{Ellenbergfeuchtezeiger} + \text{Wald}$$

Rehe halten sich demnach in der Nacht seltener im Wald auf als auf Offenlandflächen. Für die nicht signifikanten Werte der Ellenberg-Feuchtezeiger gilt ein annäherungsweise unimodaler Zusammenhang. Die Rehe zeigen eine Präferenz für mittlere Feuchtwerte und eine gewisse Meidung der feuchtesten und trockensten Flächen. Für die Flächen im Südosten, die in diesem Jahr nicht befahren wurden, sagt das Modell die geringsten Dichten voraus (Abbildung 34).

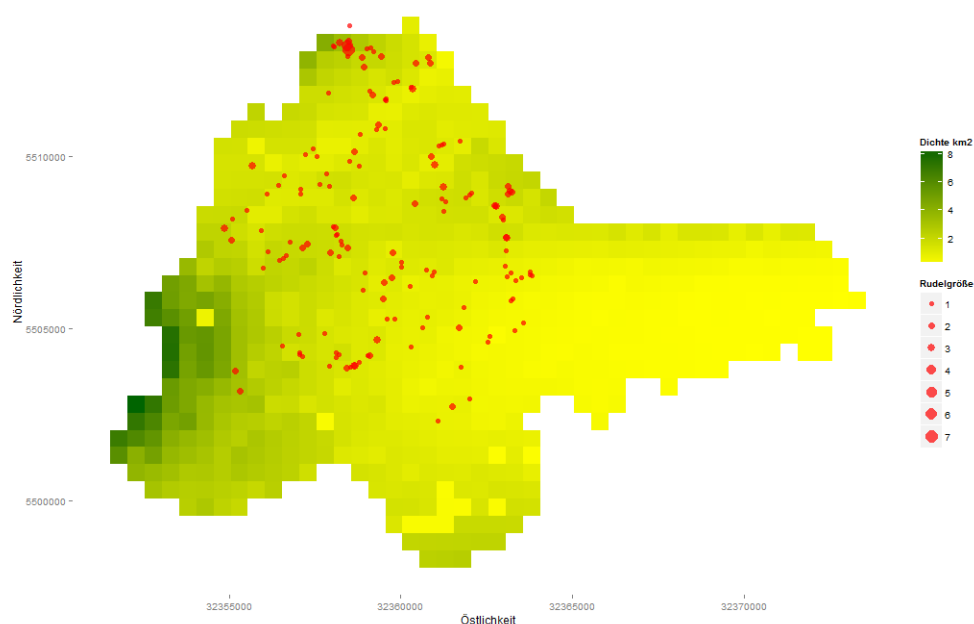


Abbildung 34: Modellierter Dichteverteilung für Rehe im Hunsrück 2015

Für die Fläche der IR-Erfassung (Abbildung 34) kann durch das DSM ein Bestand von 1.371 Rehen berechnet werden (Konfidenzintervall 1.277 – 1.464) und eine Dichte von 5,8 (Konfidenzintervall 5,5 – 6,2) Rehen/100 ha.

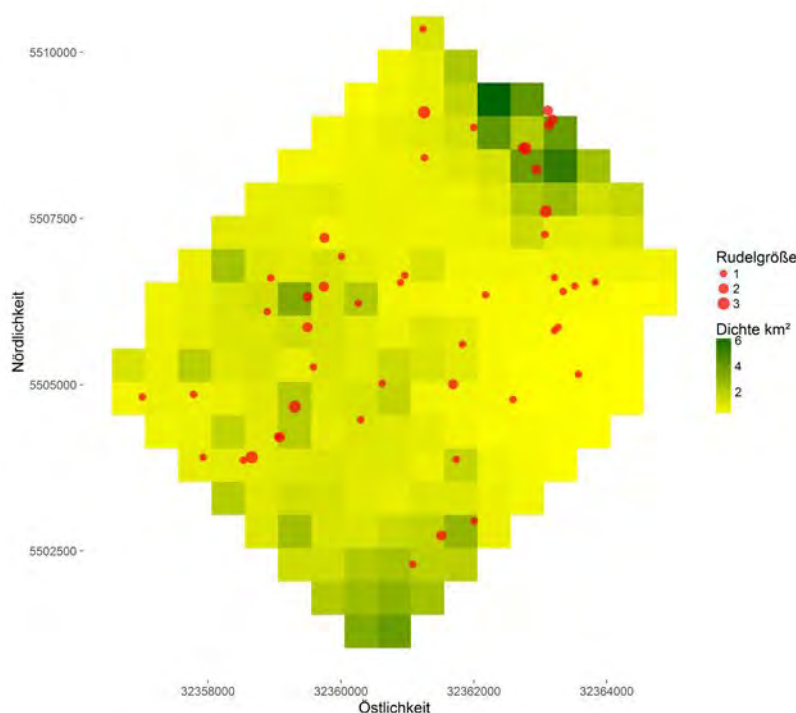


Abbildung 35: Modellierte Dichteverteilung für Rehe im Hunsrück 2015 auf der kleineren Fläche der Kotgenotypisierung und des Fotofallenmonitorings

Für die Untersuchungsfläche, auf der auch die Kotgenotypisierung und das Fotofallenmonitoring stattfanden (Abbildung 35), ergab sich nach dem DSM ein Bestand von 236 Rehen (Konfidenzintervall 196 – 276) und eine Dichte von 5,1 (Konfidenzintervall 4,2 – 5,9) Rehen/100 ha.

5.2.3 Kotgenotypisierung Reh 2014 und Rothirsch 2012

Ergebnisse Kotgenotypisierung Reh 2014

Beprobung

Aufgrund der hohen Anzahl beim Transektlauf im April 2014 gefundener Rehlosungen (3.600 Losungen gefunden, davon 2.208 beprobt) wurde aus Budgetgründen eine Unterstichprobe aller gesammelten Rehkotproben im Labor bearbeitet. Es wurden 900 der Proben ausgewählt, davon wurden 24 Blindtestproben, die als interne Kontrolle dienen sollten, doppelt analysiert (siehe unten).

Aus den Proben wurde DNA isoliert und von den ersten 135 Proben über eine Echtzeit-PCR der Gehalt an Ziel-DNA bestimmt. Alle Proben, die einen ausreichend hohen Gehalt an Ziel-DNA enthalten, wurden im Anschluss in einer STR-PCR weiterbearbeitet. Da von den 135 Proben, die zunächst über das RT-PCR-Screening getestet wurden, 106 (78,5 %) genügend Ziel-DNA aufwiesen, wurde für die restlichen der

900 Proben auf das Screening verzichtet. Die verbleibenden Proben wurden nach der DNA-Isolation direkt mittels STR-PCR weiterbearbeitet. Die STR-PCR wurde jeweils in einem Dreifach-Ansatz durchgeführt (sprich: 3 Wiederholungen der PCR pro Probe), und aus den Ergebnissen der drei Ansätze wurde unter Verwendung der Software GENEMAPPER für jede Probe ein Consensus-Genotyp ermittelt. Diese Genotypen wurden dann mit Hilfe des Programms GENEAP miteinander verglichen und die so genannten „Matches“ bestimmt, d.h. gleiche Genotypen verschiedener Proben, die zum gleichen Individuum gehören. Über GENEAP wird auch die *capture history* für alle bei der Beprobung erfassten Individuen erstellt. Diese ist wichtig für das Berechnen der Populationsschätzungen.

Genotypisierung

Die STR-PCRs der 900 Proben ergaben 711 für die Populationsschätzung verwendbare Genotypen (entspricht 79 %). Diese wurden 284 verschiedenen Individuen zugeordnet, 188 weibliche und 87 männliche Tiere (bei 9 Tieren zeigte der Geschlechtsmarker kein auswertbares Ergebnis; Tabelle 12 und Tabelle 13). Dies entspricht einem Geschlechterverhältnis von 1 : 2,16 (männliche zu weiblichen Rehen). Um sicherzustellen, dass das verwendete Markersset in der untersuchten Rehwildpopulation eine ausreichende Sicherheit der Individualunterscheidung ermöglicht, wurden sowohl die Probability of Identity (PID, entspricht der Wahrscheinlichkeit, dass zwei verschiedene, nicht näher verwandte Individuen an allen untersuchten Markern den gleichen Genotyp zeigen) und die als strengeres Maß geltende PID für Vollgeschwister (PIDsib) mit Hilfe der Software GENEAP bestimmt. Die ermittelte PID betrug für die verwendete Markerkombination $1,04886 \times 10^{-8}$, die PIDsib betrug 0,001. Damit ist die Wahrscheinlichkeit, mit dem verwendeten Markersset zwei Individuen nicht auseinanderhalten zu können, auch für nah miteinander verwandte Tiere sehr gering (0,1 %), und für nicht näher miteinander verwandte Individuen vernachlässigbar (WOODS et al. 1999).

Tabelle 11: Eigenschaften der STR-Marker, die 2014 zur individuellen Identifizierung von Reh-Kotproben im Hochwald verwendet wurden (H exp = erwartete Heterozygotie, H obs = beobachtete Heterozygotie, PCR+ = Anteil positive PCR, ADO = Allelic dropout, FA = Falsch-Allele).

STR-Marker	Anzahl Allele	H exp	H obs	PCR+	ADO	FA
Roe8	6	0,74	0,69	0,96	0,000	0,000
Roe6	9	0,69	0,70	0,90	0,013	0,011
MAF70Q	11	0,82	0,81	0,99	0,035	0,006
BMC1009	9	0,70	0,65	0,91	0,023	0,000
BM848	9	0,70	0,65	0,80	0,129	0,006
BM757	15	0,85	0,80	0,96	0,043	0,017
OarFCB304	16	0,85	0,74	0,93	0,102	0,006
Mittelwert	10,7	0,76	0,72	0,92	0,049	0,007

Tabelle 12: Verteilung aller im Hochwald genetisch erfasster Rehe gesamt sowie nach Geschlechtern getrennt auf Einfach- (1) bzw. Mehrfacherfassung (2-14). „Unbekannt“ bedeutet, dass bei den betreffenden Tieren der Geschlechtsmarker nicht nachweisbar war

Erfassung	gesamt	männlich	weiblich	unbekannt
1	106	29	68	9
2	80	28	52	0
3	40	12	28	0
4	29	7	22	0
5	7	3	4	0
6	11	6	5	0
7	2	0	2	0
8	1	1	0	0
9	4	0	4	0
10	0	0	0	0
11	1	0	1	0
12	1	0	1	0
13	1	0	1	0
14	1	1	0	0

Validierung der Genotypisierungsergebnisse durch Blindtests

Um die Reproduzierbarkeit der Genotypisierungsergebnisse zu überprüfen, wurde ein Blindtest (d.h. blinde Analyse und anschließende Zuordnung von Kotproben z.T. gleicher Individuen) durchgeführt. Hierzu wurden 24 der Transektlauf-Proben doppelt in die Analyse gegeben („blind“, d.h. ohne Wissen des Laborpersonals, welche der Proben doppelt vorliegen). Das jeweilige Probenpaar sollte als „Match“ (gleicher Genotyp) erkannt werden. Alle komplett auswertbaren Blindtestpaare ergaben ein Match, konnten also korrekt zugeordnet werden.

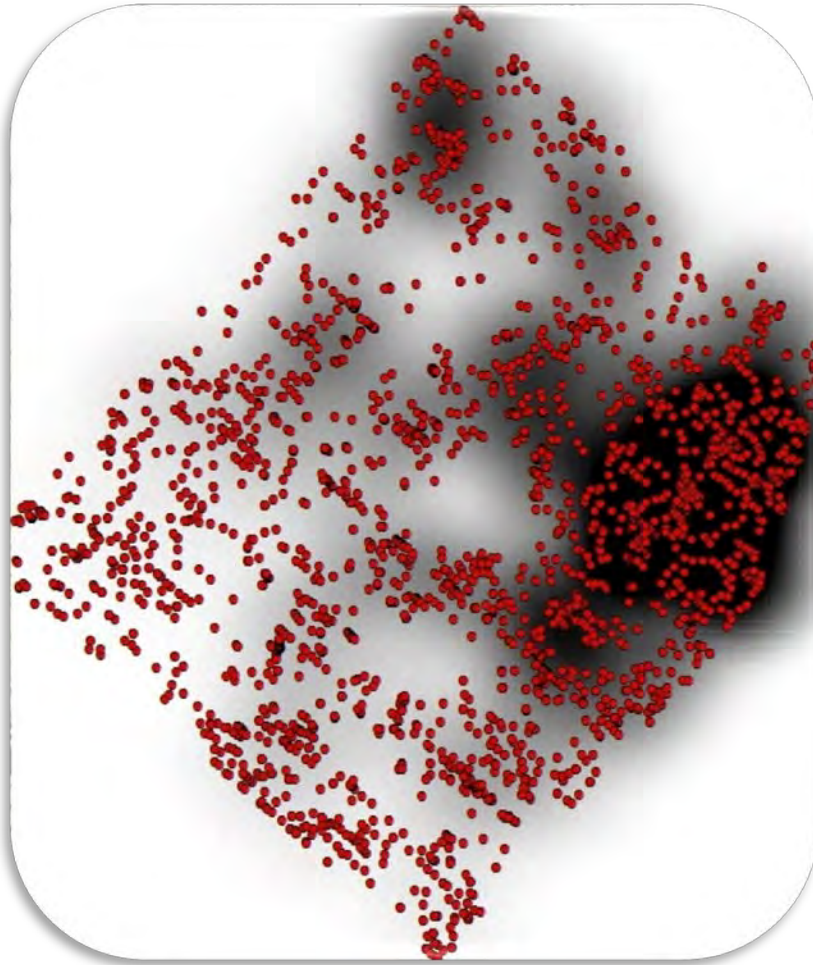


Abbildung 36: Verteilungsschwerpunkte der Reh-Losungsfunde (rote Punkte) im Hochwald dargestellt in Form einer Kernel-Auswertung (rote Punkte = Losungsfunde). Die Intensität der Funddichte nimmt mit dunkler werdendem Grau bis hin zum Schwarz zu.

Visualisierung der Verteilungsschwerpunkte, MMDM

Insgesamt wurden mit wenigen Ausnahmen (Ortschaft Börfink, aber auch Abschnitte mit für Rehe offenbar unattraktiven Buchenhallenwäldern) über das gesamte Untersuchungsgebiet Rehlosungsfunde gemacht.

Eine Kernelanalyse der Losungsfundverteilung (Abbildung 36) zeigt einen deutlichen und relativ großräumigen Haupt-Verteilungsschwerpunkt im Südosten des Untersuchungsgebiets. Weitere kleinere Schwerpunkte finden sich im Zentrum sowie im Nordosten des Gebiets, so dass insgesamt dessen Osthälfte eine höhere Dichte an Rehlosung aufweist.

Die MMDM beträgt – gemittelt über alle mehrfach erfassten Rehe beiderlei Geschlechts – 573,2 m. Betrachtet man nur die Böcke, so liegt die MMDM bei 585,3 m, für die Ricken liegt sie bei 567,3 m. Es ist somit kein nennenswerter Unterschied zwischen den beiden Geschlechtern festzustellen.

Genotypisierung von Gewebeproben erlegter Rehe

Insgesamt wurden Gewebeproben von 45 bei der Jagd erlegten Rehen genotypisiert (es konnten 47 Proben vom Projektträger zur Verfügung gestellt werden, von diesen wurden die diesjährigen Kitze ausgeschlossen, da sie bei der Losungsbeprobung

noch nicht anwesend waren). Von den 45 genotypisierten Individuen stimmten 12 (26,7 %) mit bei der Kotbeprobung erfassten Genotypen überein. Dies erscheint zunächst geringer als erwartet, da anhand der geschätzten Populationsgröße mindestens 70 % der Population aus der Kotgenotypisierung bekannt sein müssten (dieser Mindestwert ergibt sich, wenn man die Schätzung des CAPWIRE TIRM zugrundelegt und stellt, da diese die Population vergleichsweise hoch schätzt, einen Mindestwert für den Erfassungsgrad dar). Es ist hierbei allerdings zu berücksichtigen, dass nur ein Teil der Gewebeproben von Rehen stammt, die direkt im Beprobungsgebiet erlegt wurden (17, d.h. knapp 37,8 %). Von dem Rest wurden 11 außerhalb des Beprobungsgebiets erlegt und fünf Tiere (d.h. 10%) in einem Randbereich direkt außerhalb der Transekte. Von den 17 im Transektbereich erlegten Rehen sind neun (53%) Individuen bereits zuvor über die Kotbeprobung erfasst worden, wohingegen keines der 11 außerhalb des Transektgebiets erlegten Rehe mit zuvor beprobten Genotypen übereinstimmt (Tabelle 14). Von den fünf im Randbereich des beprobten Gebiets erlegten Individuen zeigten zwei ein Match mit zuvor über die Losung erfassten Genotypen. Das anhand des AMELXY-Markers genetisch bestimmte Geschlecht stimmte in 100 % der Fälle mit dem in den Erlegungsdaten angegebenen überein. Leider konnten nicht alle Gewebeproben verortet werden und somit in die Auswertung eingehen (12 Proben waren nicht eindeutig einem Tier in den Streckenlisten zuzuordnen und damit auch nicht verortbar). Insgesamt wäre eine höhere Stichprobe an sicher verorteten erlegten Rehen aus dem tatsächlichen Transektgebiet wünschenswert, um eine konkretere Aussage hinsichtlich des Erfassungsgrads machen zu können.

Tabelle 13: Übersicht über die Anzahl erfolgreich genotypisierter Reh-Losungsproben aus dem Hochwald sowie der dabei genetisch ermittelten Anzahl Individuen beiderlei Geschlechts. Bei den 9 „unbekannten“ Tieren war der Geschlechtsmarker nicht nachweisbar

	Gesamt	männlich	weiblich	unbekannt
Proben	711	222	480	9
Individuen	284	87	188	9

Tabelle 14: Ergebnisse der Analysen von Gewebeproben in und um das Untersuchungsgebiet (UG) im Hochwald erlegter Rehe

	Anzahl Genotypen	Match mit Kotprobe?
Gewebeproben gesamt	45	12 (26,7 %)
im UG erlegt	17	9 (53 %)
Im Randbereich erlegt	5	2 (40 %)
Außerhalb d. UG erlegt	11	0
Nicht zu verorten	12	1

Die durchschnittliche Entfernung zwischen dem Erlegungsort eines beprobten Rehes und der nächstgelegenen dazu gehörigen Losungsprobe beträgt 352,2 m (STABW: 267,4 m, Median 300 m, Minimum: 35 m, Maximum: 900 m). Die durchschnittliche Entfernung aller beprobten erlegten Rehe (unabhängig davon, ob sie über ihre Losung zuvor erfasst worden waren oder nicht) zum nächsten Transekt beträgt 684 m.

Populationsschätzung mittels CAPWIRE, Bayesansatz, SECR

Die aus den Erfassungsdaten mit Hilfe des CAPWIRE-Ansatzes geschätzte Gesamt-
 Populationsgröße beträgt laut ECM-Modell 317 (Konfidenzintervall 302 – 330) Rehe
 und laut TIRM-Modell 398 (Konfidenzintervall 375 – 441) Rehe (Tabelle 15). Der Li-
 kelihood-Ratio-Test, der die beiden Modelle miteinander vergleicht, ergab eine
 deutliche Bevorzugung des TIRM-Modells, was darauf hindeutet, dass der Datensatz
 hinsichtlich der individuellen Erfassungswahrscheinlichkeiten eine gewisse Hetero-
 genität aufweist. Im Falle einer vorliegenden Heterogenität der Erfassungswahr-
 scheinlichkeiten würde das ECM die tatsächliche Population unterschätzen. Gleiches
 gilt für die Ergebnisse der Einzelschätzungen für männliche und weibliche Re-
 he: auch hier spiegelt laut Likelihood-Ratio-Test das TIRM die tatsächliche Populati-
 onsgröße besser wieder (Tabelle 15). Somit ergibt sich ein geschätzter Bestand von
 118 (Konfidenzintervall 106 – 140) männlichen und 260 (Konfidenzintervall 241 –
 295) weiblichen Rehen.

Tabelle 15: Populationsschätzung mittels CAPWIRE (TIRM und ECM) und dem Bayes-Ansatz: Berechnet wurden Gesamtpopulation sowie Anteil männlicher bzw. weiblicher Tiere an der Population im TIRM- und ECM-Modell. Laut Likelihood-ratio-Test geeigneteres Modell jeweils unterstrichen. Populationsgröße und -dichte sind jeweils mit 95%-Konfidenzintervallen (in Klammern) angegeben. Die Dichte bezieht sich auf die effektiv erfasste Fläche, d.h. Beprobungsgebiet plus Puffer (MMDM). Zum Vergleich ist die mittels SECR berechnete Gesamtdichte ebenfalls angegeben.

Proben	Individuen	Modell	Geschätzte	
			Populationsgröße	Populationsdichte
gesamt (711)	284	<u>TIRM</u>	398 (375-441)	6,52 (6,15-7,23)
		ECM	317 (302-330)	5,2 (4,95-5,41)
		Bayes	319 (305 – 333)	5,23 (5,00-5,46)
		SECR	-	6,6 (6,1-7,5)
männlich (222)	87	<u>TIRM</u>	118 (106-140)	1,93 (1,74-2,30)
		ECM	96 (89-102)	1,57 (1,46-167)
weiblich (480)	188	<u>TIRM</u>	260 (241-295)	4,26 (3,95-4,84)
		ECM	208 (197-219)	3,41 (3,23-3,59)

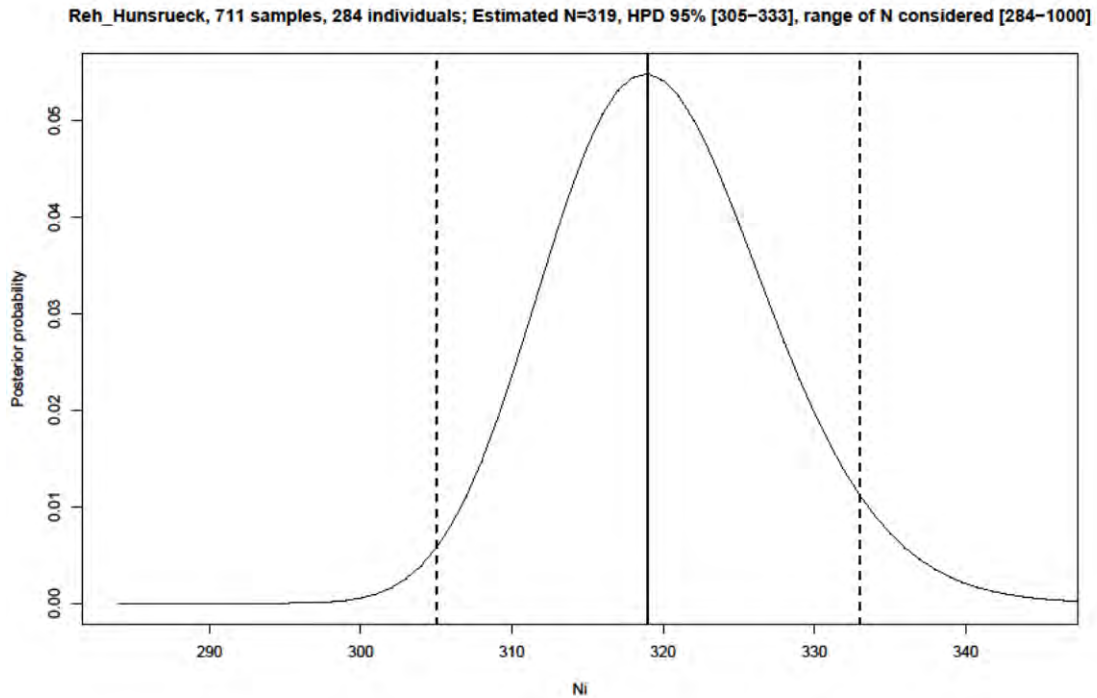


Abbildung 37: Verteilung der posterioren Wahrscheinlichkeitsfunktion für die Populationschätzung mit Hilfe des Bayesischen Ansatzes. Die hierbei geschätzte Gesamtpopulation an Rehen im Untersuchungsgebiet Hunsrück – Hochwald beträgt 319 (305 - 333) Tiere

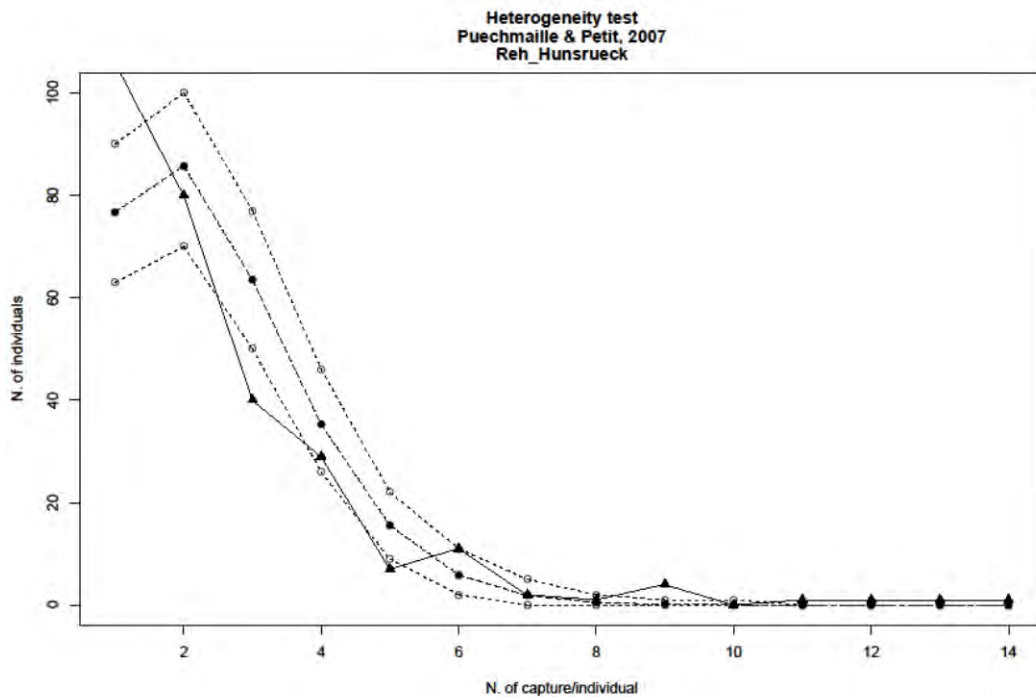


Abbildung 38: Heterogenitätstest nach Puechmaile & Petit: Die Grafik zeigt sowohl die erwartete (---●---) als auch die tatsächliche Verteilung (—▲—) der Individuen auf Einfacherfassungen im Untersuchungsgebiet Hunsrück – Hochwald.

Die Schätzung nach dem Bayesischen Ansatz ergibt mit 319 (Konfidenzintervall 305 – 333) Rehen fast genau den gleichen Bestand wie das CAPWIRE ECM-Modell (Abbildung 37). Auch der Bayesische Ansatz ermöglicht das Überprüfen der Daten

auf Heterogenität (Test nach PUECHMAILLE & PETIT 2007). Im vorliegenden Fall zeigt die tatsächliche Verteilung der Erfassungshäufigkeiten (Abbildung 38) deutliche Abweichungen von den entsprechenden Erwartungswerten, was heterogene Erfassungswahrscheinlichkeiten anzeigt. Zusammengenommen deuten die Ergebnisse des CAPWIRE-Likelihood-Ratio-Tests und des Bayes-Heterogenitätstests darauf hin, dass die CAPWIRE-TIRM-Schätzung, die als einzige eine Erfassungsheterogenität im Modell berücksichtigt, die Realität am besten widerspiegelt.

Die räumlich explizite Bestandesschätzung mittels SECR, bei der direkt ein Dichtewert generiert wird, ergab einen Wert von 6,6 (Konfidenzintervall 6,1 – 7,5) Rehen/ km².

Legt man einen Puffer mit der Breite der MMDM um die Waldfläche des Beprobungsgebietes, um aus den mittels CAPWIRE und Bayes-Ansatz berechneten Populationsgrößen Dichten ermitteln zu können, so ergibt sich eine effektiv erfasste Bezugsfläche von 6100 ha (Tabelle 15).

Fazit Bestandesschätzung

In der Modellselektion sowohl bei CAPWIRE mittels Likelihood-Ratio-Test als auch laut Heterogenitätstest (Bayes-Verfahren) zeigt sich deutlich, dass das Modell, das Heterogenitäten in der Erfassungswahrscheinlichkeit mitberücksichtigt (TIRM) das aussagekräftigere ist und die Realität besser widerspiegelt. Bei Vorliegen solcher Erfassungsheterogenitäten ist davon auszugehen, dass die Nullmodelle (ECM und Bayes) die Population deutlich unterschätzen. Daher stellt sich als Modell der Wahl, was die Populationsgröße angeht, das CAPWIRE TIRM mit einem geschätzten Bestand von 398 (Konfidenzintervall 375 – 441) Tieren und einer geschätzten Dichte von 6,52 (Konfidenzintervall 6,15 – 7,23) Rehen 100 ha dar. Die Dichteschätzung mittels SECR, bei der ja die räumlichen Erfassungsdaten direkt in die Schätzung mit eingehen und somit der Flächenbezug direkt hergestellt wird, liegt mit 6,6 (Konfidenzintervall 6,1 – 7,5) Rehen/ 100 ha fast genau bei der Berechnung anhand von CAPWIRE TIRM. Die Tatsache, dass zwei statistisch völlig unterschiedliche und voneinander komplett unabhängige Verfahren die gleiche geschätzte Dichte ergeben, spricht für die Güte der Daten und die Validität der geschätzten Bestandesdichten.

Ergebnisse Kotgenotypisierung Rothirsch 2012

Von den 1218 im Labor analysierten Losungsproben ergaben 823 einen für die Bestandesschätzung verwendbaren Genotypen (entspricht 67,5 %). Dabei konnten 504 verschiedene Rothirschindividuen genetisch unterschieden werden. Von diesen wurden 239 genetisch als männlich zugeordnet und 265 als weiblich. Das Geschlechterverhältnis (über alle Altersklassen) beträgt somit 1 : 1,3.

Tabelle 16: Übersicht über die im Labor genetisch untersuchten Rothirsch-Losungsproben aus dem Hunsrück

Anzahl Genotypen	1218
Anzahl Individuen	504
männlich	239
weiblich	265
Geschlecht unbekannt	0

Tabelle 17: Erfassungshäufigkeiten des im Hunsrück 2012 über Losung genetisch erfassten Rothirschbestandes

Anzahl Erfassungen	gesamt	männlich	weiblich
1	329	164	165
2	100	38	62
3	40	17	23
4	18	10	8
5	6	4	2
6	7	3	4
7	2	1	1
8	2	2	0

Populationsschätzung mittels CAPWIRE

Im Hunsrück wurde der Rothirschbestand mittels CAPWIRE (TIRM) auf 1.000 (Konfidenzintervall 839 – 1.105) Tiere geschätzt. Die aus den Erfassungsdaten ermittelte MMDM beträgt 1101 m. Erweitert man die Waldfläche des Untersuchungsgebietes um einen entsprechenden 1.101 m- Puffer, so ergibt dies eine effektiv erfasste Fläche von 12 900 ha. Damit ergibt sich aus dem geschätzten Rothirschbestand eine Dichte von 7,8 (Konfidenzintervall 6,5 – 8,5) Individuen/ 100 ha. Die mittlere Anzahl Erfassungen pro Individuum beträgt 1,63.

5.2.4 Fotofallenmonitoring 2014

Insgesamt standen die 160 Fotofallenstandorte 88 Tage synchron zur Wildtiererfassung im Feld. Dies in der Zeit ab dem 3.4.2014 bis zum 29.6.2014. Das Kontrollintervall betrug 3-4 Wochen. Theoretisch wären 14.080 potenzielle Fallennächte realisierbar gewesen, tatsächlich wurden 13.777 effektive Fallennächte realisiert, dies entspricht einem Wert von 98 %. Hauptgrund für die Ausfälle waren anthropogene Gründe in Form von Diebstahl ganzer Kameras in zwei Fällen (St-93, St-121), und der Datenträger (SD-Karten) in vier Fällen (St-35, St-41, St-98, St-94)

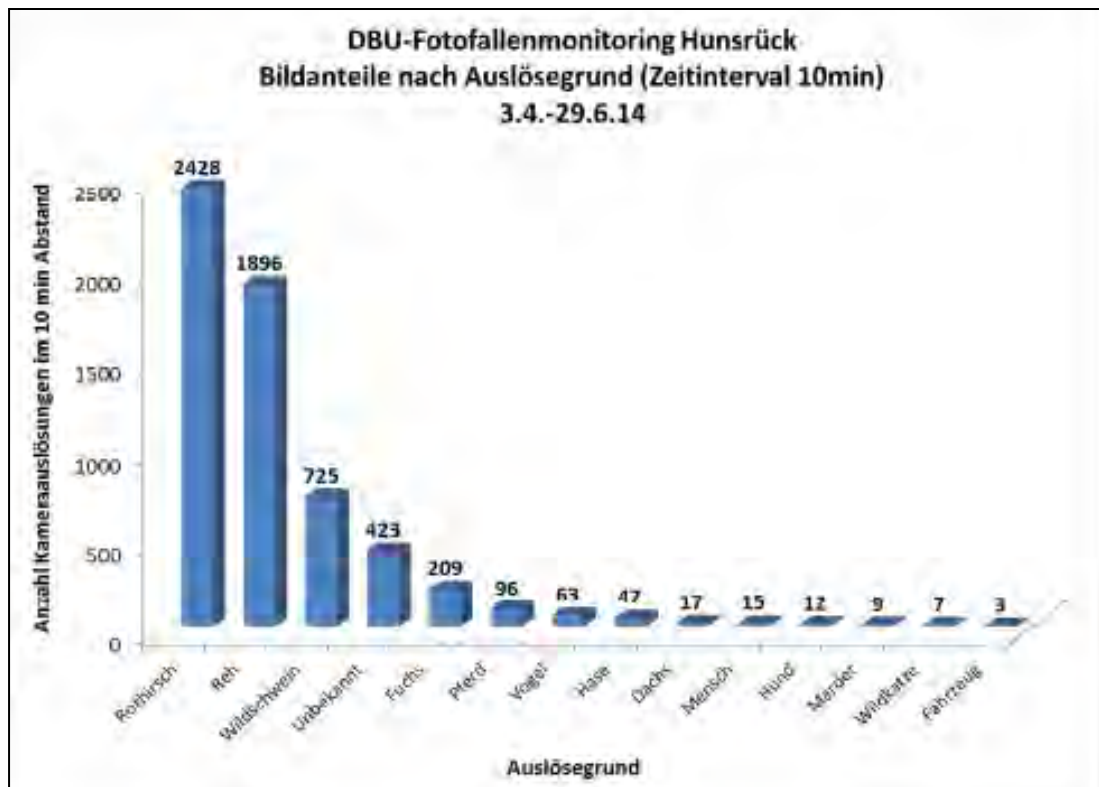


Abbildung 39: Verteilung der verschiedenen Auslösegründe des gesamten Bildmaterials im Betrachtungszeitraum

Die gewonnen Bilddaten des Frühjahres Monitorings mit Fokus auf Reh verteilen sich über die verschiedenen Auslösegründe (Abbildung 39). Rothirsche dominierten die Gruppe der am häufigsten abgelichteten Arten mit 2428 Bildereignissen direkt gefolgt von Rehen mit 1.896 (32 %) und Wildschwein mit schon deutlichem Abstand mit nur noch 725 Bildereignissen. Die sog. Bildereignisse sind keine reinen Bildanzahlen da es durch z.B. Äsen vor der Kamera zu Mehrfachauslösungen kommen kann. Daher wurde ein 10 minütiges Zeitfenster angewendet, in der ein erneutes Auslösen der gleichen Kamera durch die gleiche Tierart nicht als ein neues Bilderereignis gezählt wurde.

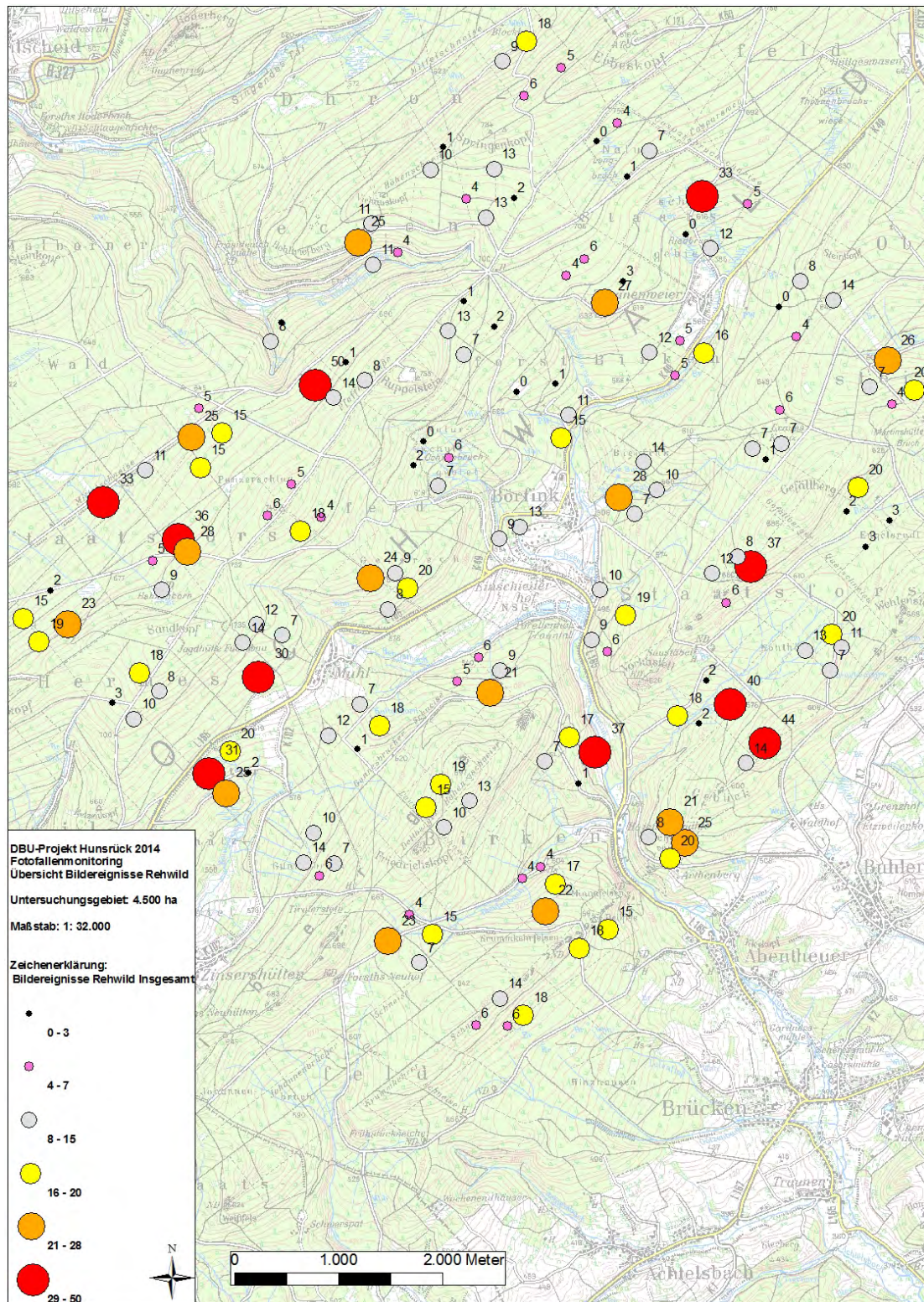


Abbildung 40: Übersicht der Bildereignisse des Reh-Fotofallenmonitorings 2014 pro Standort

Die Reh-Bildereignisse teilen sich auf in 1.155 weibliche und 613 männliche, bei 91 unbekannte. Das aus den Bildereignissen geschlossene Geschlechterverhältnis beträgt 1:1,9 Männchen zu Weibchen.

Die Standorte waren unterschiedlich erfolgreich. An wenigen Standorten wurden keine Rehe fotografiert. Die Reh-Erfassungshäufigkeit der einzelnen Fotofallenstandorte ist sehr heterogen verteilt. Insgesamt konnte an 3 % aller Standorte (n=5)

kein Reh innerhalb der 88-tägigen Untersuchungszeit nachgewiesen werden. Dieser Wert steigt bei Betrachtung der Standorte ohne Bockerfassung auf 12 % (n=19) an. Bei der individuellen Ansprache des männlichen Bildmaterials konnten 70 Bockindividuen identifiziert werden, die insgesamt für 342 (56 %) der 613 männlichen Bildereignisse verantwortlich sind.

Die Raumnutzungsparameter der identifizierten Böcke, die mittels des SECR Paketes berechnet wurden, ergaben für den RPSV-Wert 618 m. Das ist der Durchmesser einer idealisierten durchschnittlichen Homeranges, bei der Verwendung dieses Durchmessers zur Berechnung eines idealisierten kreisrunden Durchschnitts-Homeranges ergibt sich eine Größe von 30 ha. Für den MMDM-Wert: 915 m, das ist der Mittelwert der Maximalen Widerfangentfernungen aller bekannten Individuen. Die Dichteschätzung, die mittels der Methode SECR für die Böcke berechnet wurde und auf den Daten der identifizierten Böcke basiert, beträgt 1,1 (SE 0,13; Konfidenzintervall 0,8-1,4) Böcke /100 ha.

Die Abundanzschätzung ergibt 252 weibliche Tiere (Konfidenzintervall 174-363; SE: 47,6). Die Bockbestandschätzung der identifizierten Böcke beträgt 95 (Konfidenzintervall 80-133; SE: 12,4)

Die Dichteschätzung resultiert durch die in Bezugnahme der Abundanzschätzwerte auf die mit dem MMDM-Wert, (570 m aus dem genetischen DBU-Projektteil 2014) gepufferte Untersuchungsgebietsfläche von 5.950 ha.

Die Dichte für die Ricken beträgt geschätzte 4,2 (Konfidenzintervall 2,9-6,1) Tiere /100 ha. Für die Böcke wird ein Wert von 1,6 (Konfidenzintervall 1,3-2,2) geschätzt (vgl. Tabelle 18).

Tabelle 18: Populationsschätzung, mittels MARK wurden die Gesamtpopulation sowie Anteil männlicher bzw. weiblicher Tiere an der Population. Populationsgröße und -dichte sind jeweils mit 95%-Konfidenzintervallen (in Spalte CI) angegeben. Die Dichte bezieht sich auf die effektiv erfasste Fläche, d.h. Beprobungsgebiet plus Puffer (MMDM:518m).

FF-Rehwild Monitoring 2014	Abunanz [Rehe pro 100 ha]	(CI)	Dichte [Rehe pro 100 ha]	(CI)	FF-Rehwild Monitoring 2014
männlicher Bestand	95 (SE:47,6)	80- 133	1,6	1,3 – 2,2	Männlicher Bestand
weiblicher Bestand	252 (SE: 12,4)	174- 363	4,2	2,9 – 6,1	weiblicher Bestand
GV: modelliert= Ereignisba- siert=	1 : 2,7 1 : 1,9	Event s: ♀ 1155 ♂ 613			Untersu- chungsgebiet (UG) gepuffert mit mmDM=518 m UG-Größe= 5.952 ha
Gesamtbestand	Σ 347	254- 496	Σ 5,8	Σ 7,9 - 16,8	Gesamtbestand

5.2.5 Befliegung 2014 und 2015

Ergebnisse 2014

Die Befliegung wurde am 03. April 2014 mit einer Transektlänge von 306 km durchgeführt. Da Anfangs die Bedingungen mit teilweiser Sonneneinstrahlung nicht ideal waren, wurde der Flug im südlichen Teil weiter verlängert, sodass dort bei 8/8 Bedeckung unter idealen Wetterbedingungen geflogen werden konnte. Auf den visuellen Bildern ist zwar teilweise schon frisches Grün zu sehen, aber in so geringem Maße, dass noch kein großer Einfluss auf die Entdeckungswahrscheinlichkeit zu erwarten ist.

Insgesamt wurde eine Fläche von ca. 8.000 ha überflogen (Polygon um die Flugroute) (Abbildung 41).

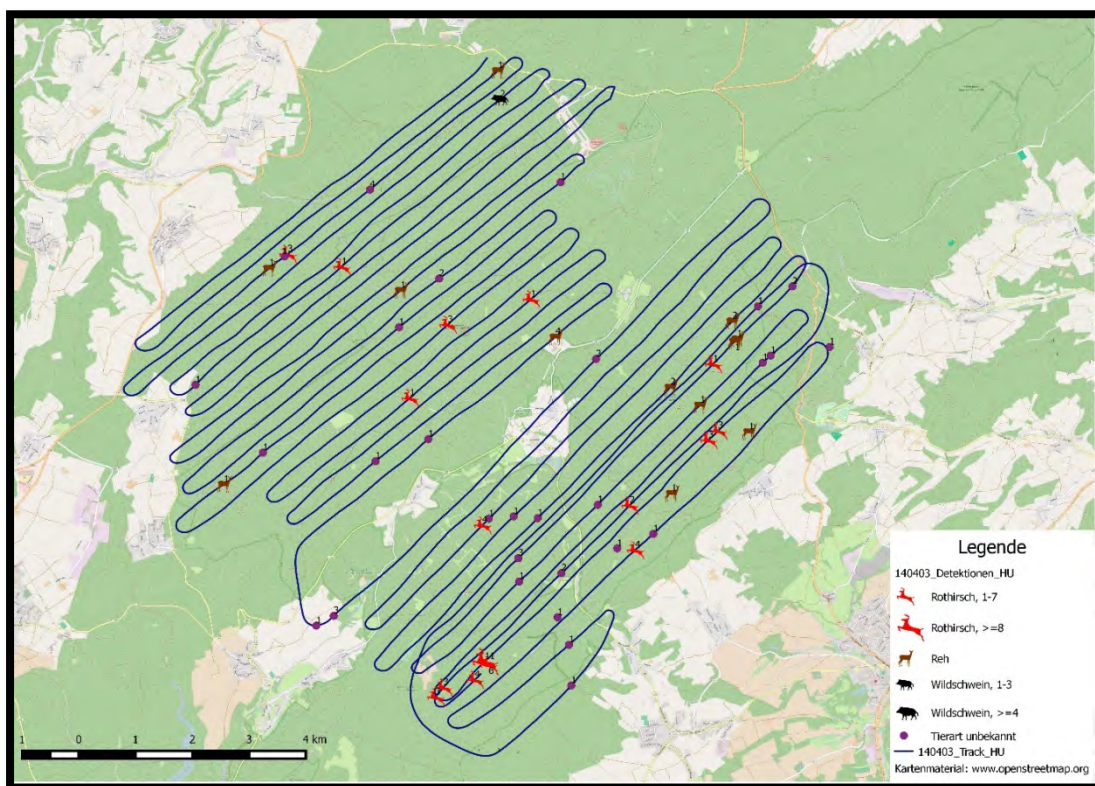


Abbildung 41: Flugroute inkl. Sichtungsereignisse Hunsrück 2014

Über den ganzen Flug wurden mit 58 Detektionsereignissen 112 größere Tiere erfasst. Rothirsche (Rothirsch + Rothirsch?) wurden mit 16 Detektionsereignissen 53 Tiere gezählt. Mit 12 Ereignissen wurden 17 Rehe (Reh + Reh?) gezählt, wobei auch weitere 40 Tiere mit 29 Detektionsereignissen nicht auf Artniveau bestimmt werden konnten (Tabelle 19).

Wird nur der südliche Teil mit guten Bedingungen betrachtet, so wurden mit 26 Rothirschen (6 Detektionsereignisse) einem Flugaufwand von 73 km und einer abgesuchten Fläche von 846 ha (alle Habitate) Rothirschdichten zwischen 4,4 und 5,1 Tiere / 100 ha ($p=0,7-0,6$) ermittelt.

Tabelle 19: Detektionsereignisse der Befliegung im Hunsrück am 03.04.2014

Tierart	Anzahl	Detektionen	Tiere/Detektion
Rothirsch	45	13	3,5
Rothirsch?	8	3	2,7
Reh	4	3	1,3
Reh?	13	9	1,4
Wildschwein	0	0	0
Wildschwein?	2	1	2,0
unbestimmt	40	29	1,4
gesamt:	112	58	

Ergebnisse 2015

In 2015 konnte am 22. März 2015 die gleiche Fläche wie im Jahr zuvor bei durchgehend guten Bedingungen befliegen werden (Abbildung 42).

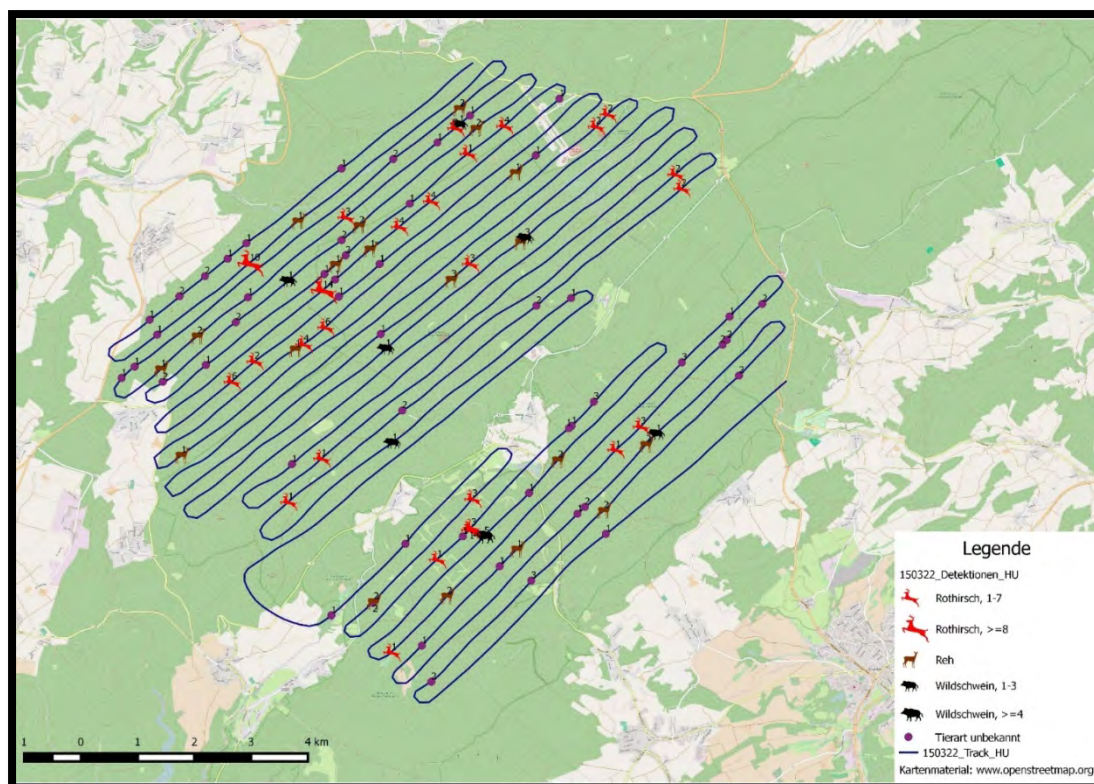


Abbildung 42: Flugroute inkl. Sichtungsergebnisse Hunsrück 2015

Bei der Befliegung konnten mit insgesamt 105 Detektionen 204 größere Säugetiere dokumentiert werden. Mit 26 Detektionsereignissen (Rothirsch + Rothirsch?) wurden 86 Rothirsche gezählt (Tabelle 20).

Mit den guten Bedingungen konnte jetzt im Norden auch eine höhere Rothirschdichte erfasst werden. Über den gesamten Flugaufwand von 242 km und einer von den Kameras abgesuchten Fläche von 1949 ha (alle Habitate) wurden Rothirschdichten zwischen 6,3 und 7,4 Tiere / 100 ha ($p=0,7-0,6$) ermittelt.

Tabelle 20: Detektionsereignisse der Befliegung im Hunsrück am 22.03.2015

Tierart	Anzahl	Detektionen	Tiere/Detektion
Rothirsch	58	15	3,9
Rothirsch?	28	11	2,5
Reh	15	8	1,9
Reh?	15	11	1,4
Wildschwein	8	2	4,0
Wildschwein?	5	5	1,0
Fuchs?	2	2	1,0
unbestimmt	73	51	1,4
gesamt:	204	105	

5.3 Untersuchungsgebiet Bienwald

Im Jahr 2014 konnte aufgrund der Witterung die IR Taxation nicht mehr rechtzeitig durchgeführt werden.

Zusätzlich stehen für dieses Gebiet Daten aus den Vorjahren zur Verfügung, die hier als Vergleiche herangezogen werden können.

5.3.1 IR-Erfassung und Distance Sampling 2015

Im Frühjahr 2015 wurden die Fahrten für Distance Sampling durchgeführt. Die Transekte wurden zur besseren Vergleichbarkeit in das Untersuchungsgebiet der Überfliegung aus dem Jahr 2013 gelegt (Abbildung 43).

Bienwald | Fahrtroute 2015

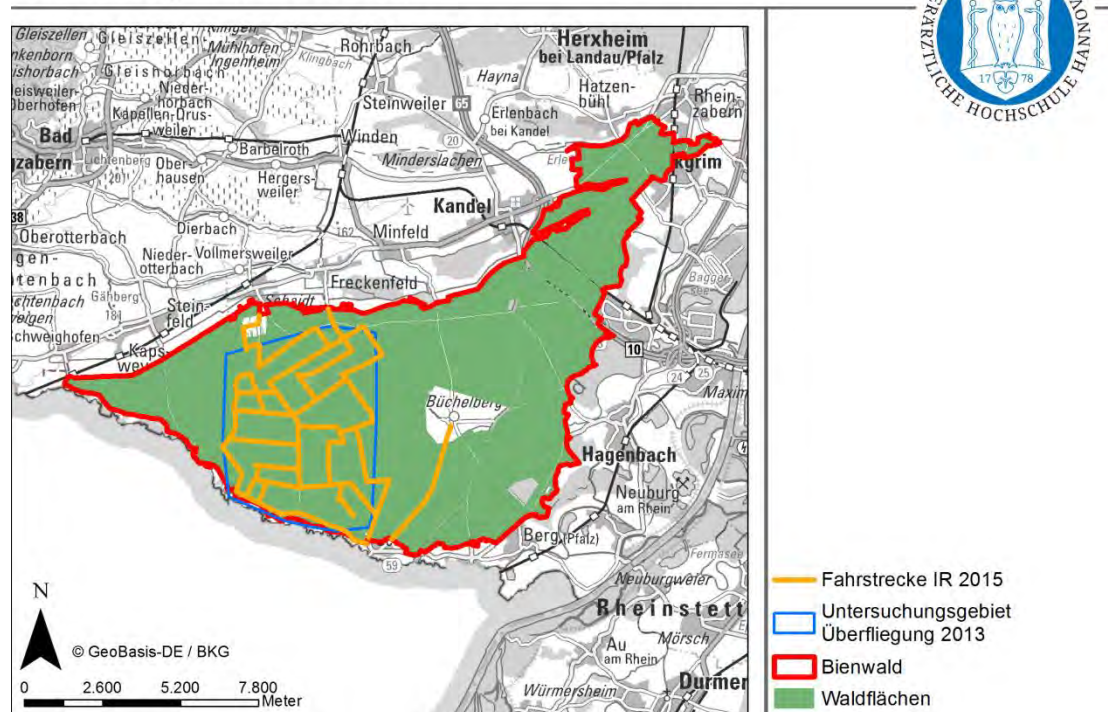


Abbildung 43: Transekte der IR-Erfassung im Bienwald 2015

Nicht alle Reh-Sichtungen lagen im Untersuchungsgebiet der Befliegung aus dem Jahr 2013. Für eine direkte Vergleichbarkeit der Ergebnisse wurden nur 47 Sichtungen (78 Rehe) innerhalb dieser Fläche für die Berechnung berücksichtigt (blaue Fläche, Abbildung 44).

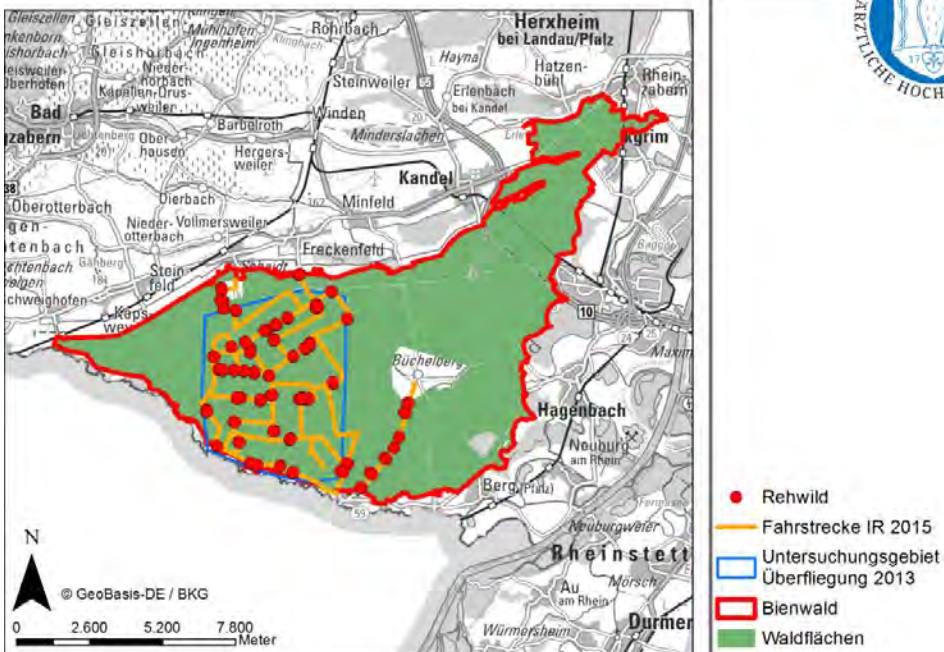


Abbildung 44: Reh-Sichtungen im Untersuchungsgebiet Bienwald während der IR-Fahrten 2015

Entdeckungsfunktion 2015

Reh

Als Model wurde die „Hazard-rate key function“ gewählt. Zur Anpassung der Entdeckungsfunktion wurde eine „right truncation“ bei 100 m vorgenommen. Die Gruppengröße wurde als Kovariate berücksichtigt.

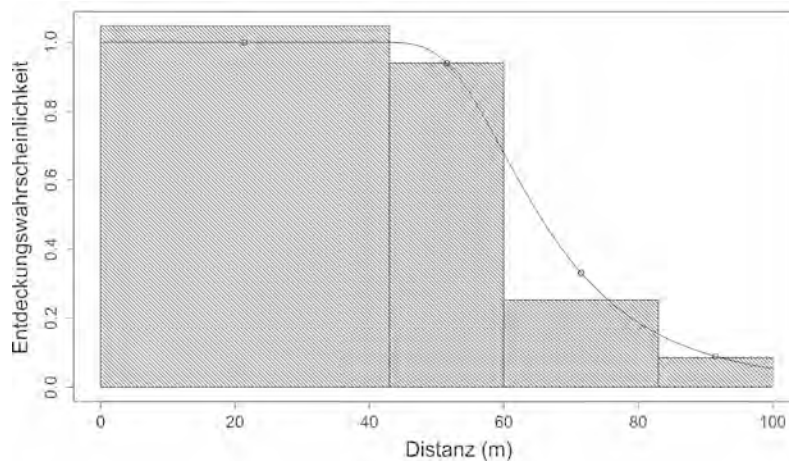


Abbildung 45: Entdeckungen in Entfernungsklassen und die Kurve der Entdeckungswahrscheinlichkeit für Rehe

MCDS-2015

Reh

Rehe konnten entlang der Fahrtroute mit einer durchschnittlichen Entdeckungswahrscheinlichkeit von gut 70 % gezählt werden ($p=0.71$). Dabei hatte die Gruppengröße einen positiven Einfluss auf die Entdeckungswahrscheinlichkeit.

Bei der Schätzung des MCDS auf die Gesamtfläche der IR-Taxation (blaue Fläche, Abbildung 43) mit einer Fläche von 3.042 ha wurde so ein Bestand von 177 Rehen berechnet (Konfidenzintervall 124 - 251) und eine Dichte von 5,9 Rehen/100 ha (Konfidenzintervall 4. 2 - 8. 3).

DSM-2015

Im Bienwald zeigen sich die Grenzen der Modellierbarkeit von Aufenthaltswahrscheinlichkeiten. Das Gebiet ist relativ klein und damit auch ökologisch relativ einheitlich. Anhand von Umweltparametern hier die Aufenthaltswahrscheinlichkeiten zu berechnen ist damit schwierig. Keine der Umweltparameter erwiesen sich als signifikant und damit sind auch die Ergebnisse als weniger aussagekräftig anzusehen. Trotz allem ergab der Prozess der model selection ein optimales Modell mit den x*y-Koordinaten, Waldtypen und Ellenbergfeuchtwerten, die für die Rehschätzung berücksichtigt wurden:

Geschätzte Dichte/ Segment \sim X*Y-Koordinaten + Ellenbergfeuchtezeiger + Waldtypen

Tendenziell war die Dichte hier auf den feuchteren Flächen höher und in den Nadelwald höher als im Laubwald oder Offenland.

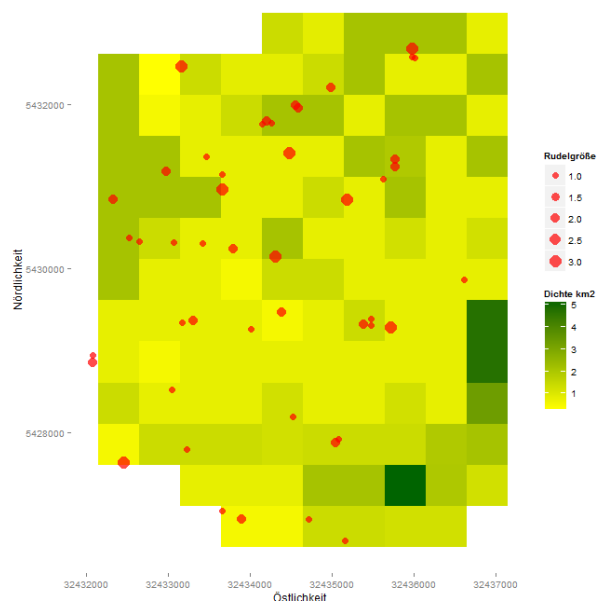


Abbildung 46: Modellierter Dichteverteilung für Rehe im Bienwald 2015

Für die Fläche der IR-Taxation (Abbildung 43) von einer Fläche von 3.042 ha kann so ein Bestand von 166 Rehen berechnet werden (Konfidenzintervall 148 - 186) und eine Dichte von 6,2 Rehen/100 ha (Konfidenzintervall 4.9 - 6.2).

5.3.2 Kotgenotypisierung Reh 2012

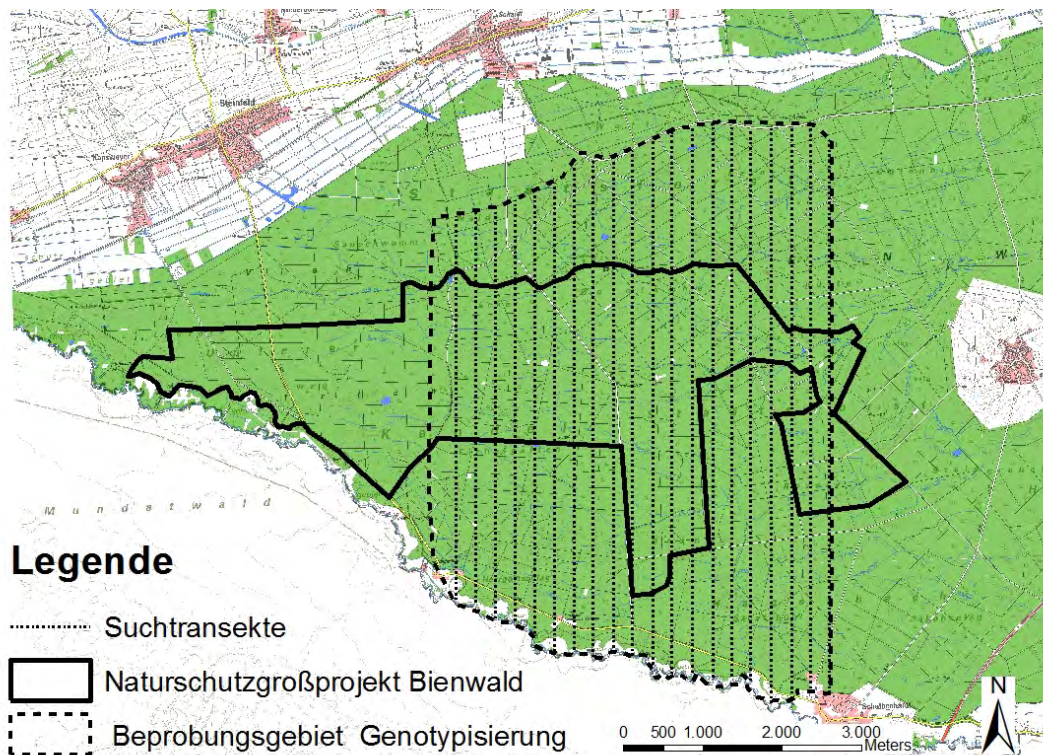


Abbildung 47: Lage der Transekte innerhalb des zentral im Bienwald gelegenen etwa 3000 ha großen Beprobungsgebietes

Laboranalyse

Von den 974 analysierten Losungsproben konnten 678 Proben erfolgreich genotypisiert werden, dies entspricht einer Erfolgsrate von 80 %. Nachgewiesen werden konnten 271 Individuen (97 ♂-Rehe, 164 ♀-Rehe und 10 Rehe unbekanntes Geschlechts).

Daraus resultiert ein Geschlechterverhältnis von 1 : 1,68 . [♂:♀]

Von den 271 genetisch bekannten Individuen sind 134 Tiere nur einmal und 137 Tiere mehrfach erfasst worden (49 zweimal und 87 mehr als zweimal). Somit liegt die Wiedererfassungsrate bei 50,5 %.

Die Modellierung der Bestandesdichte wurde unter Verwendung verschiedener Fang-Wiederfang-Modelle im Statistikprogramm R (R Development Core Team 2012, URL <http://www.R-project.org/>) mittels des R-Paketes SECR (Borchers & Effort 2008) vorgenommen.

Die Schätzung für die Gesamt -Rehdichte im gesamten Untersuchungsgebiet gemittelt über alle Modelle liegt bei 10,2 Rehen /100 ha (\pm SE 1,0; Konfidenzintervall 8,4 – 12,3 Rehe/100 ha). Dies entspricht einer Schätzgenauigkeit von \pm 19 %.

Die Schätzung für die weibliche Rehdichte im gesamten Untersuchungsgebiet gemittelt über alle Modelle liegt bei 6,1 Rehen /100 ha (SE \pm 0,6; Konfidenzintervall 5,0 – 7,4 Rehe/100 ha). Dies entspricht einer Schätzgenauigkeit von \pm 20 %.

5.3.3 Fotofallenmonitoring 2013

Insgesamt standen die 151 Fotofallenstandorte 39 Tage synchron zur Wildtiererfassung im Feld. Dies in der Zeit ab dem 23.3.2013 bis zum 1.5.2013. Das Kontrollintervall betrug 2 Wochen. Theoretisch wären 5.889 potenzielle Fallennächte realisierbar gewesen, tatsächlich wurden 5.836 effektive Fallennächte realisiert, dies entspricht einem Wert von 99 %.

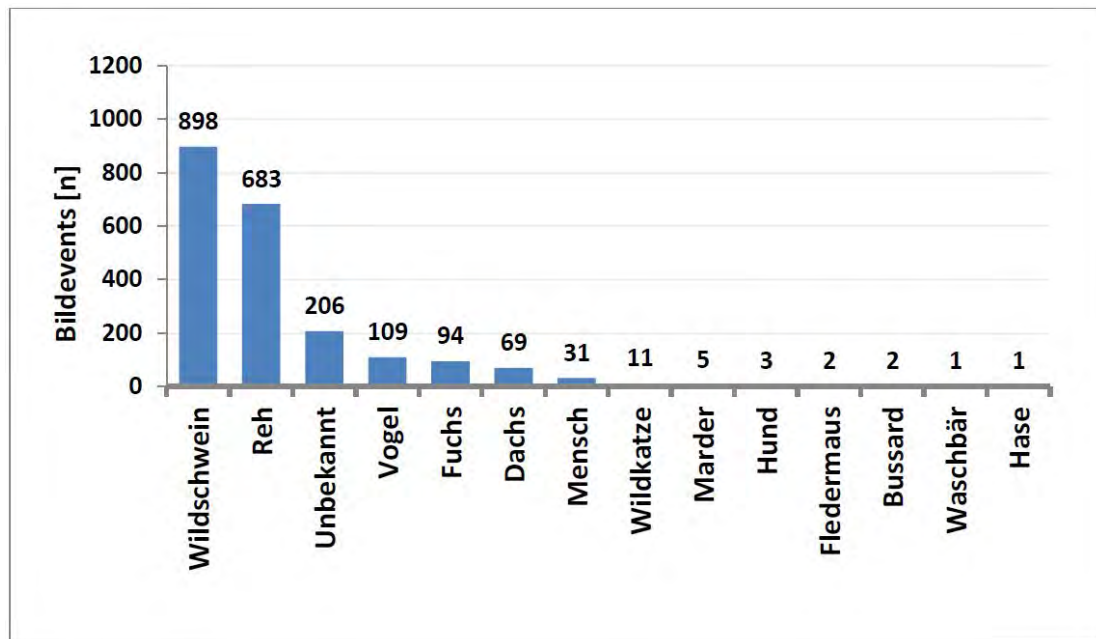


Abbildung 48: Verteilung der verschiedenen Auslösegründe des gesamten Bildmaterials im Betrachtungszeitraum

Die gewonnen Bilddaten des Frühjahres-Monitorings mit Fokus auf Reh, verteilen sich über die verschiedenen Auslösegründe (Abbildung 48). Das Wildschwein dominiert die Gruppe der am häufigsten abgelichteten Arten mit 889 Bildereignissen direkt gefolgt von Reh mit 683 (32 %) und Bilder ohne erkennbaren Auslösegrund mit schon deutlichem Abstand mit nur noch 206 Bildereignissen. Die sog. Bildereignisse sind keine reinen Bildanzahlen da es durch z.B. Äsen vor der Kamera zu Mehrfachauslösungen kommen kann. Daher wurde ein 5 minütiges Zeitfenster angewendet, in der ein erneutes Auslösen der gleichen Kamera durch die gleiche Tierart nicht als ein neues Bildereignis gezählt wurde.

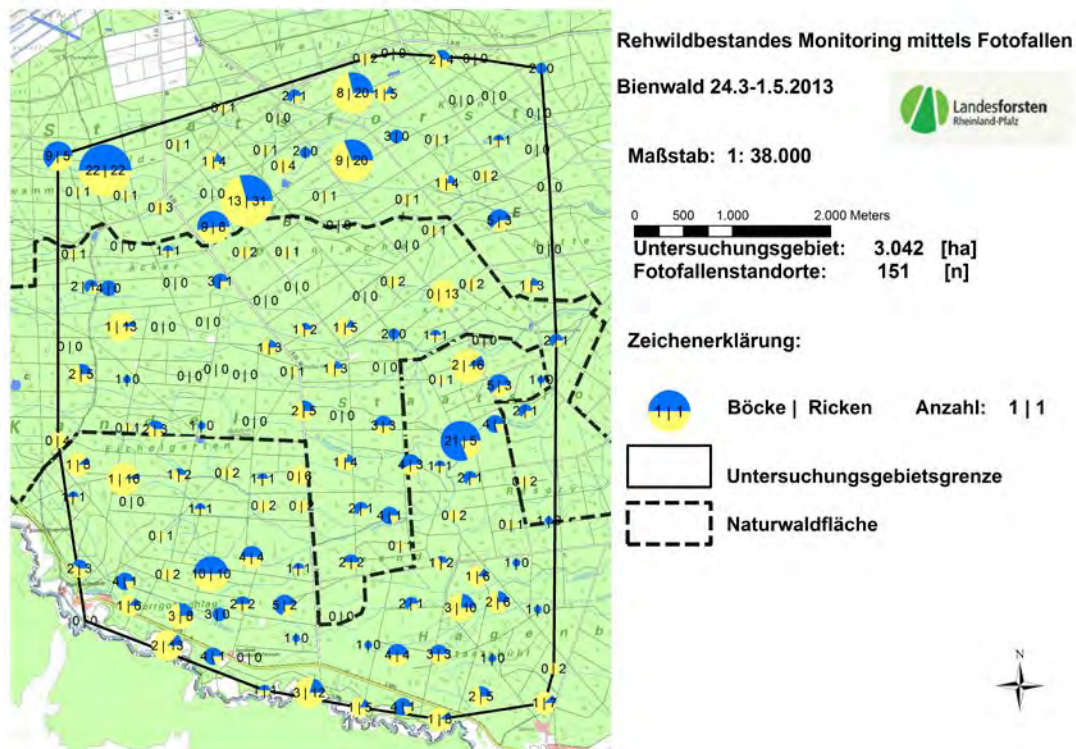


Abbildung 49: Übersicht der Bildereignisse der Rehe-Fotofallenmonitorings 2013 pro Standort

Die Reh-Bildereignisse teilen sich auf in 408 weibliche und 255 männliche, bei 35 unbekannte. Das aus den Bildereignissen geschlossene Geschlechterverhältnis beträgt 1:1,7 Männchen zu Weibchen.

Die Standorte waren unterschiedlich erfolgreich. An einigen Standorten wurden keine Rehe fotografiert. Die Reh-Erfassungshäufigkeit der einzelnen Fotofallenstandorte ist sehr heterogen verteilt. Insgesamt konnte an 21 % aller Standorte (n=31) kein Reh innerhalb der Untersuchungszeit nachgewiesen werden. Dieser Wert steigt bei Betrachtung der Standorte ohne Bockerfassung auf 43 % (n=65) an.

Bei der individuellen Ansprache des männlichen Bildmaterials konnten 37 Bockindividuen identifiziert werden, die insgesamt für 87 (34 %) der 255 männlichen Bildereignisse verantwortlich sind.

CM-Resight Modellierung in MARK

Die Abundanzschätzung ergibt 222 weibliche Tiere (Konfidenzintervall 140 - 351; SE: 52,7). Die Bockbestandschätzung der identifizierten Böcke mit MARK beträgt 44 (Konfidenzintervall 37 - 49).

Die Dichteschätzung resultiert durch die in Bezugnahme der Abundanzschätzwerte auf die mit dem Median des weiblichen MMDM-Wertes, (328 m aus dem genetischen Bienwald-Projektteil 2012) gepufferte Untersuchungsgebietsfläche von 3.773 ha.

Die Dichte für die Ricken beträgt geschätzte 5,9 (Konfidenzintervall 3,7 – 9,3) Tiere /100 ha. Für die Böcke wird ein Wert von 1,1 (Konfidenzintervall 0,9 – 1,6) geschätzt. Aufgrund des hohen Anteils von Bastböcken im männlichen Bildmaterial (39 %) in Kombination mit dem frühen Ende der Untersuchung zum Jagdbeginn am ersten Mai und des relativ kurzen Untersuchungszeitraums ist ein Großteil des Bock-Bildmaterials nicht mit in die Bockbestandsschätzung eingeflossen. Entsprechend ist die Schätzung zu gering und bildet den Bockbestand nicht realistisch ab. Die Bockdaten fungieren in MARK als Referenz, um den weiblichen Bestand zu schätzen. Bei der Modellierung werden Rückschlüsse vom kleineren Teil der Population (identifizierte Böcke) auf den Hauptteil der Population (weiblicher Bestand) gezogen, weshalb die Schätzung des weiblichen Bestandes ein große Unsicherheiten aufweist. Das Geschlechterverhältnis ist von den Problemen um die Bockidentifizierung nicht beeinflusst, weshalb die resultierenden Geschlechterverhältnisse von Fotofallenmonitoring und Kotgenotypisierung recht gut harmonieren.

5.4 Untersuchungsgebiet Soonwald

5.4.1 Scheinwerferzählung 2015 (Simon 2015)

Die Zählungen fanden in den Nächten 24.03.2015, 10.04.2015 und 18.04.2015 statt. Das maximale Zählergebnis wurde am 10.04.2015 mit 664 gezählten Rothirschen in 80 Kontakten/Begegnungen gezählt (Tabelle 21).

Bezugsgröße ist die Fläche der RHG Soonwald mit 23.885 ha Jagdfläche bzw. 15.820 ha Wald.

Tabelle 21: Gezählte Rothirsche an den drei Zählfahrten (verändert nach Simon 2015)

	Rothirsche Gesamt	Alttier/Schmaltier	Kalb	Spießer	Hirsch III	Hirsche II+I
24.03.2015	617	370	181	30	24	12
10.04.2015	664	397	205	25	31	6
18.04.2015	469	272	142	28	16	11

Die Zählung hat 65%-70% des vorhandenen weiblichen Wildbestandes erfasst. Mithilfe der eingesetzten Korrekturfaktoren resultiert ein Frühjahrsbestand weiblichen Tiere von 715-770 Stück. Die Zählung hat 40 %-45 % des vorhandenen männlichen Wildbestandes erfasst. Mithilfe der eingesetzten Korrekturfaktoren resultiert ein Frühjahrsbestand männlicher Rothirsche von 361-410 Stück. Daraus resultiert ein Frühjahrsgesamtbestand von 1.076-1.180 Rothirsche. Bezogen auf die Waldfläche (15.820 ha) ergibt sich daraus ein Frühjahrsbestand von 6,8-7,5 Rothirsche/ 100 ha Wald. Bezogen auf die bejagbare Fläche (23.885 ha) umfasst der Frühjahrsbestand 4,5-4,9 Rothirsche/ 100 ha Jagdfläche (Simon 2015).

5.4.2 Kotgenotypisierung Rothirsch 2015

Ergebnisse

Von den 1.700 im Labor analysierten Losungsproben ergaben 1.234 einen für die Bestandesschätzung verwendbaren Genotypen (entspricht 72,6 %). Dabei konnten 600 verschiedene Rothirschindividuen genetisch unterschieden werden. Von diesen wurden 208 genetisch als männlich zugeordnet und 371 als weiblich, bei 21 Individuen war der Geschlechtsmarker nicht auswertbar (Tabelle 22). Das Geschlechterverhältnis (bezogen auf die 579 Tiere mit bekanntem Geschlecht, über alle Altersklassen) beträgt somit 1:1,78.

Tabelle 22: Übersicht über die im Labor genetisch untersuchten Rothirsch-Losungsproben aus dem Soonwald

Anzahl Genotypen	1234
Anzahl Individuen	600
männlich	208
weiblich	371
Geschlecht unbekannt	21

Tabelle 23: Erfassungshäufigkeiten der im Soonwald 2015 über Losung genetisch erfassten Rothirsche

Anzahl Erfassungen	gesamt	männlich	weiblich	Geschlecht unbekannt
1	306	101	187	18
2	127	47	77	3
3	80	26	54	0
4	47	17	30	0
5	17	10	7	0
6	12	3	9	0
7	4	2	2	0
8	3	0	3	0
9	2	2	0	0
10	2	0	2	0

Populationsschätzung mittels CAPWIRE

Im Soonwald wurde der Rothirschbestand mittels CAPWIRE (TIRM) auf 977 (Konfidenzintervall 908 – 1.000) Tiere geschätzt. Die aus den Erfassungsdaten ermittelte MMDM beträgt 1545 m. Erweitert man die Waldfläche des Untersuchungsgebietes um einen entsprechenden 1545 m- Puffer, so ergibt dies eine effektiv erfasste Fläche von 12 000 ha. Damit ergibt sich aus dem geschätzten Rothirschbestand eine Dichte von 8,1 (Konfidenzintervall 7,6 – 8,3) Individuen/ 100 ha. Die mittlere Anzahl Erfassungen pro Individuum beträgt 2,1.

5.4.3 Befliegung 2015

Am 26. März 2015 wurde das Untersuchungsgebiet des Soonwalds (ca.7.700 ha) mit zwei Flügen untersucht (Abbildung 50). Der erste Flug fand vormittags bei anfänglich guten Bedingungen statt. Die Bedingungen wurden mit der Zeit schlechter, sodass mit den Erfahrungen vom Vorjahr die Flächen flexibler untersucht und nur die Transekte ohne direkte Sonneneinstrahlung abgeflogen wurden. Mit weiterer Verschlechterung der Bedingungen wurde der erste Flug abgebrochen und nachmittags/abends bei wieder guten Bedingungen der Rest der Fläche befliegen.

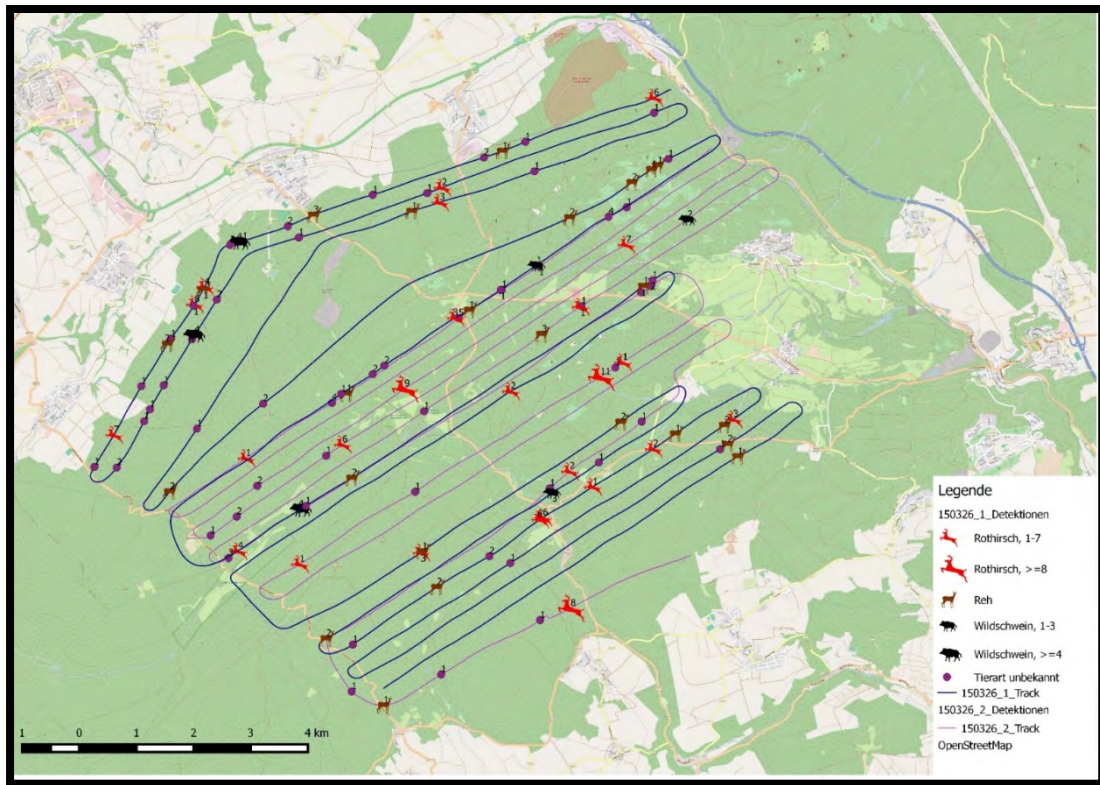


Abbildung 50: Flugroute inkl. Sichtungsereignisse Soonwald 2015

In die Gesamtwertung floss ein Flugaufwand von 224 km mit einer abgesehenen Fläche von 2.069 ha (alle Habitate) ein. Mit diesem Aufwand wurden mit 113 Detektionsereignissen 244 größere Säugetiere dokumentiert. Rothirsche (Rothirsch + Rothirsch?) wurden mit 25 Detektionsereignissen 105 Tiere dokumentiert (Tabelle 24).

Daraus resultieren Rothirschdichten zwischen 7,3 und 8,5 Tiere / 100 ha ($p = 0,7 - 0,6$).

Tabelle 24: Detektionsereignisse der Befliegung im Bienwald am 26.03.2015

Tierart	Anzahl	Detektionen	Tiere/Detektion
Rothirsch	75	14	5,4
Rothirsch?	30	11	2,7
Wildschwein	9	3	3,0
Wildschwein?	9	3	3,0
Reh	17	9	1,9
Reh?	21	15	1,4
Fuchs?	3	2	1,5
unbestimmt	80	56	1,4
gesamt:	244	113	

6 Zusammenfassung und vergleichende Bewertung

Grundidee des hier vorgestellten Forschungsvorhabens war, verschiedene Erfassungsmethoden für Reh und Rothirsch zu vergleichen, um daraus Rückschlüsse auf die Praktikabilität der Methode und die Qualität der Ergebnisse zu gewinnen. Dieser Ansatz des Vergleiches hat sich bereits bewährt, selbst dann, wenn die wahren Bestandeshöhen bzw. -dichten unbekannt bleiben sollte (DANIELS 2006b, COLLIER et al. 2013). Die gleichzeitige Anwendung verschiedener Erfassungsmethoden auf der identischen Fläche ist dazu geeignet, Aussagen darüber zu treffen, welche Methoden die höchsten Mindestbestandszahlen liefern bzw. welche geringe Schätzgenauigkeiten erreichen. Die Qualität der verglichenen Methoden kann aber auch unter Berücksichtigung ihre Effizienz (Aufwand-Ergebnisrelation) und Praktikabilität unter den gegebenen Rahmenbedingungen beurteilt werden.

Nicht alle Maßnahmen und Ziele konnten in dem hier vorgestellten Forschungsvorhaben wie geplant umgesetzt bzw. erreicht werden. Dadurch ergaben sich Einschränkungen in der Aussagekraft des vorgestellten Ansatzes z.B. durch den Wegfall von Untersuchungsflächen (Lüneburger Heide 2015) oder durch die fehlende Möglichkeit, Methoden gleichzeitig anzuwenden, ohne die zu erfassenden Tierpopulationen durch die Erfassungswiederholungen zu sehr zu manipulieren. Andererseits profitierte dieses Projekt durch Bereitstellung von Ergebnissen anderer Projekte, die in den Untersuchungsgebieten zeitnah umgesetzt worden sind. Dies waren entweder Daten aus Vorhaben der beteiligten Projektpartner (z. B. Scheinwerferzählungen Hunsrück und Kotgenotypisierung Soonwald 2015 durch FAWF) oder die Bereitstellung von Daten durch Dritte (Scheinwerfertaxation Soonwald 2015 durch die dortige Rotwildhegegemeinschaft).

Bei der öffentlichen Vorstellung dieser Vergleichsstudie im Rahmen einer Vortragsreihe am 6. November 2015 am Umweltcampus der Universität Trier in Birkenfeld wurden die einzelnen Methoden, die Datengrundlage, die statistischen Auswertungsverfahren und die wesentlichen Ergebnisse vorgestellt. Daran orientiert sich diese Zusammenschau.

Für die vergleichende Gegenüberstellung der einzelnen Modellschätzungen wird im Folgenden ein einheitliches, vereinfachtes Darstellungsschema verwenden (Abbildung 51).

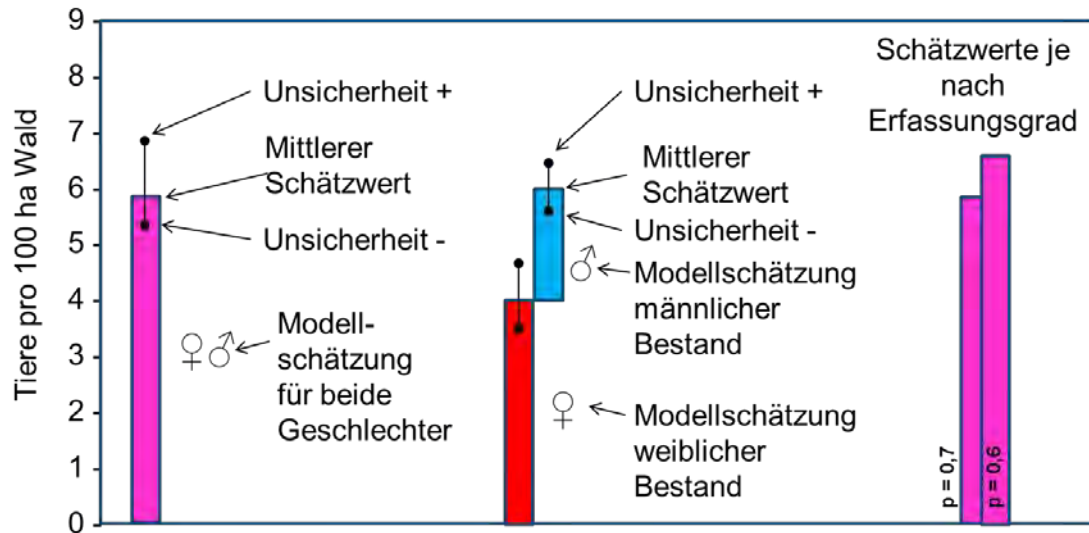


Abbildung 51: Erklärung der Graphiksymbole für die Darstellung der Modellschätzwerte ohne Geschlechterdifferenzierung (links) und mit Geschlechterdifferenzierung (mittig). Bei bestimmten Methoden wird ein Mindestbestand ermittelt, der dann durch Annahme einer Erfassungswahrscheinlichkeit hochgerechnet wird. Verwendet wird hier die Darstellung von zwei Erfassungswahrscheinlichkeiten (z.B.: $p=0,6$ entspricht einer Erfassungswahrscheinlichkeit von 60 %)

6.1 Reh

Für die Wildart Reh stehen Ergebnisse aus drei verschiedenen Gebieten zur Verfügung. Dabei konnten Daten mit vier verschiedenen Methoden erhoben und die Ergebnisse miteinander verglichen werden. Im Untersuchungsgebiet Hunsrück wurden drei verschiedene Methoden zeitgleich mit Wiederholung einer Erfassung in 2015 durchgeführt (s. Tabelle 25). Im Bienwald stehen Daten aus Vorjahren zur Verfügung. Darüber hinaus wird auf die Daten, die mit der Methode IR&DS erhoben wurden, zwei verschiedene Berechnungsmodelle angewendet (MCDS und DSM).

Tabelle 25: Datengrundlage für die Auswertungen zu Rehichten, inkl. der Ergebnisse aus anderen Projekten (in rot markiert)

	2012	2013	2014	2015
Gebiet 1 Halboffenland Lüneburger Heide			IR&DISTANCE Befliegung	
Gebiet 2 Bergwald Hunsrück			IR & DISTANCE Genotypisierung Fotofallenmonitoring	IR & DISTANCE
Gebiet 3 Tiefenwald Bienwald	Genotypisierung	Fotofallenmonitoring		IR & DISTANCE

Gebiet 1: Lüneburger Heide

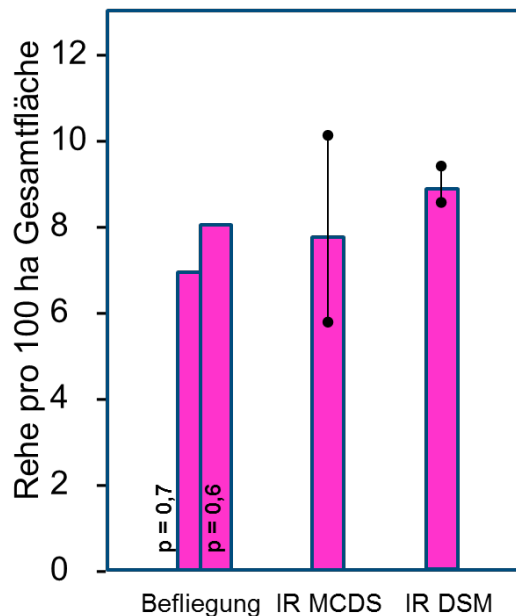


Abbildung 52: Abundanzschätzungen zum Reh im Untersuchungsgebiet Lüneburger Heide für das Frühjahr 2014 (Symbolerklärung in Abbildung 51). Die Kürzel unter den Säulen stehen für folgende Methoden: „Befliegung“: Zählungen aus der Luft mit der Wärme- und Digitalkamera auf 7.600 ha (alle Habitate) (siehe Abbildung 22), „IR MCDS“ und „IR DSM“: Distance Sampling auf 16.316 ha, davon 8.685 ha Wald, mit Hilfe des Multiple Covariate Distance Sampling (MCDS) oder Density Surface Modelling (DSM) (siehe Abbildung 27)

Für die halboffene Landschaft in der Lüneburger Heide liegen die Ergebnisse der beiden angewandten Methoden relativ dicht beieinander. Das DSM schätzt hierbei mit 9 Rehen/ 100 ha die höchste Dichte, mit sehr kleinen Konfidenzintervallen.

Aufgrund der guten Sichtbedingungen und der gleichmäßigen Verteilung der Rehe konnten mit der Wärmebildkamera ausreichend viele Sichtungen von Rehen aufgenommen werden. Dies ist für eine Auswertung mittels Distance Sampling entscheidend.

Die Methode der Befliegung wurde bislang für die Wildart Reh nicht angewendet, da in anderen Erfassungen in Waldbereichen Rehe nur unzureichend entdeckt und identifiziert werden konnten (FRANKE et al. 2012). Im halboffenen Habitat liefert sie allerdings im Vergleich zur IR-Erfassung und Distance Sampling auch für das Reh akzeptable Ergebnisse, wenn eine eher geringere Erfassungsrate von 60 % angenommen wird. Rehe nutzen in diesem Gebiet auch am Tag die offenen Strukturen und waren daher auch aus der Luft relativ gut sichtbar und artspezifisch zu erkennen.

Gebiet 2: Hunsrück

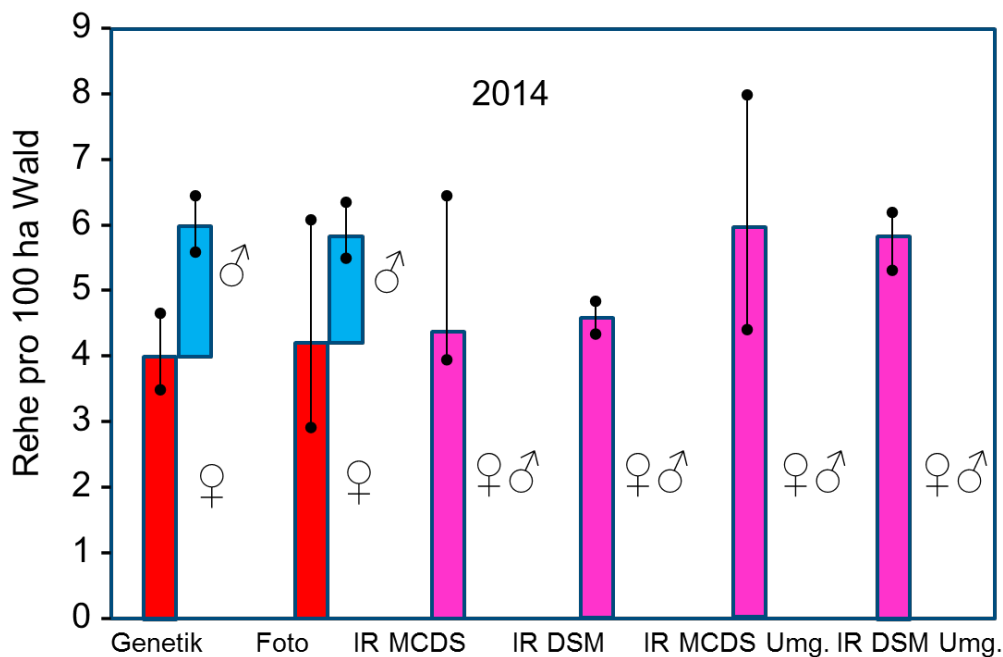


Abbildung 53: Abundanzschätzungen zum Rehwild im Untersuchungsgebiet Hunsrück für das Frühjahr 2014 (Symbolerklärung in Abbildung 51). Die Kürzel unter den Säulen stehen für folgende Methoden: „Genetik“: Kotgenotypisierung auf 4.500 ha (siehe Abbildung 36), „Foto“: Fotofallenmonitoring auf 4.500 ha (siehe Abbildung 40), „IR MCDS“ und „IR DSM“: Distance Sampling auf den gleichen Flächen mit Hilfe des Multiple Covariate Distance Sampling (MCDS) oder Density Surface Modelling (DSM) (siehe Abbildung 27); „IR MCDS Umg.“ und „IR DSM Umg.“: Distance Sampling auf einer die Waldrandflächen einschließenden 22.000 ha großen Fläche sowohl mit dem Multiple Covariate Distance Sampling (MCDS) als auch Density Surface Modelling (DSM) (siehe auch Abbildung 27).

Im Jahr 2014 wurden für das Reh im Untersuchungsgebiet Hunsrück mit der Kotgenotypisierung, dem Einsatz von Fotofallen und der IR-Erfassungen und Distance Sampling drei verschiedene Erfassungsmethoden durchgeführt.

Für die Berechnung in Distance Sampling ist die Flächenauswahl und Transektlegung für die nächtlichen Erfassungsfahrten von großer Bedeutung (vgl. Abbildung 54). Es fällt auf, dass die nächtlichen IR-Erfassungen und Distance Sampling bei Konzentration auf das waldzentrale Kernuntersuchungsgebiet (Abbildung 6), ohne Einbeziehung der Waldränder, unabhängig der Modelle MCDS oder DSM vergleichsweise niedrige Schätzwerte gegenüber dem genetischen Verfahren produzierten. Bei der größeren Untersuchungsfläche, inkl. der Umgebungsflächen mit den Waldrandbereiche, die für die IR-Erfassung mit Distance Sampling aufgrund der Größe und Repräsentativität des Gebietes sinnvoller ist, gleichen sich die mittleren Schätzwerte der Distance-Modelle den Vergleichswerten des genetischen Verfahrens und der Fotofallenansatzes an (Höhe der Säulen in Abbildung 53). Zudem muss die Gebietsauswahl repräsentativ für die Rehdichte sein und ist bei der Transektlegung unbedingt zu berücksichtigen.

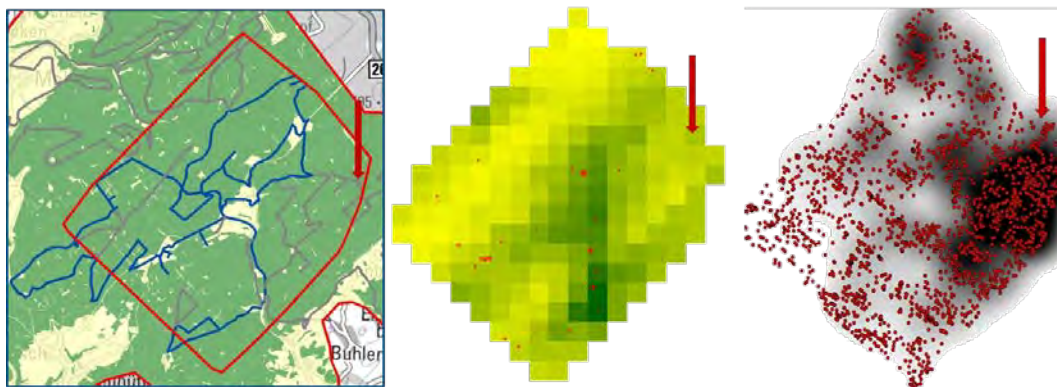


Abbildung 54: Gebietsauswahl im Hunsrück, Lage der Fahrtrouten und verschieden geschätzte Reh-Verbreitungsschwerpunkte im Gebiet (Mitte, rechts)

Im Gebiet Hunsrück zeigen sich die verschiedenen Schätzung aufgrund nicht sinnvoll repräsentativ gelegter Transekte. Die berechneten Reh-Verbreitungsschwerpunkte unterscheiden sich in den Methoden Kotgenotypisierung/ IR-Erfassung mit Distance. Die Transekte, die für die Berechnung im Distance Sampling berücksichtigt werden konnten, gingen nicht durch das Schwerpunktgebiet im Osten. Daraus folgt eine geringere eingeschätzte Dichte.

Hinsichtlich der Schätzgenauigkeiten fallen wiederum beim Fotofallenmonitoring und bei den Distance-MCDS-Modellen größere Konfidenzintervalle auf. Mit großer Wahrscheinlichkeit spielt hier die Stichprobengröße eine entscheidende Rolle. So ist die Größe des Zählgebietes aber auch die Anzahl der Sichtungen für das Distance Sampling eher am unteren Rand der sinnvollen Anwendung angesiedelt. Daher wird auch die Schätzgenauigkeit im größeren Umgebungsgebiet höher (siehe Abbildung 55). Die unterschiedliche Fehlerrechnung sowohl bei den beiden Modellen in Distance als auch bei Fotofallenmonitoring und der Kotgenotypisierung spielt eine

Rolle bei den Konfidenzintervallen und produziert unter Umständen eine „Schein-
genauigkeit“.

Beim Fotofallenmonitoring betrifft diese Unsicherheit die Schätzung des weiblichen Bestandes. Der Rehbestand wird im Wesentlichen auf Grundlage des Anteils der wiedererkennbaren Rehböcke geschätzt. Die Schätzung des weiblichen Bestandes verursacht mutmaßlich höhere Ungenauigkeiten als die Schätzung des Rehbockbestandes. Die „Fangdaten“ der identifizierten Rehböcke als das kleinere Teilkollektiv, dienen bei der Modellierung als Referenz zur Schätzung des weiblichen Bestandes als größeres Teilkollektiv. Die Unsicherheit der Schätzung steigt bei der Modellierung des weiblichen Bestandes infolge dessen an.

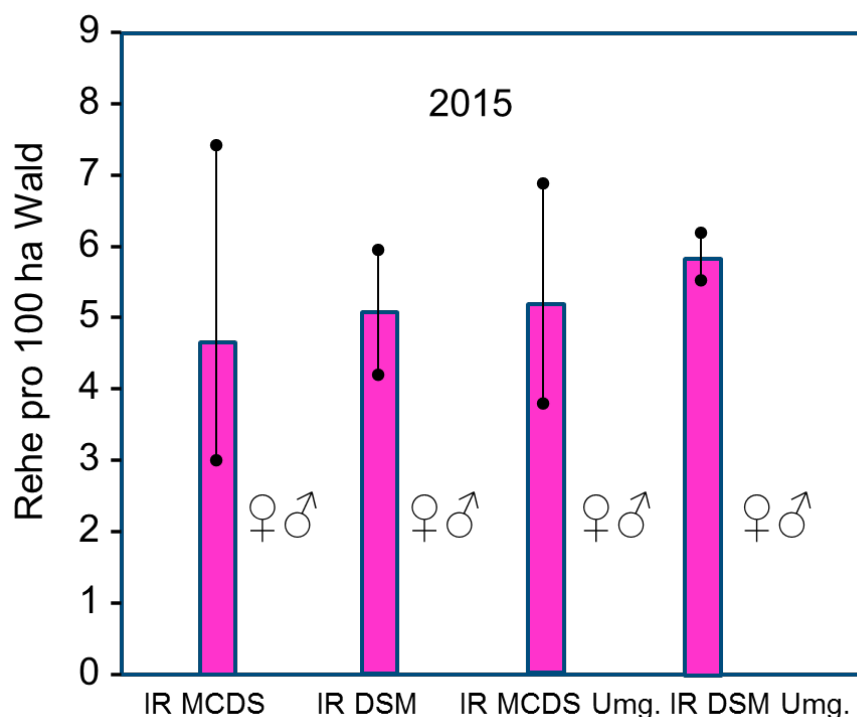


Abbildung 55: Abundanzschätzungen zum Rehwild im Untersuchungsgebiet Hunsrück für das Frühjahr 2015 (Symbolerklärung in Abbildung 51). Die Kürzel unter den Säulen stehen für folgende Methoden: „IR MCDS“ und „IR DSM“: Distance Sampling auf den gleichen Flächen mit Hilfe des Multiple Covariate Distance Sampling (MCDS) oder Density Surface Modelling (DSM) (siehe Abbildung 27); „IR MCDS Umg.“ und „IR DSM Umg.“: Distance Sampling auf einer die Waldrandflächen mit einschließenden mit 22.000 ha größeren Fläche ebenfalls mit Hilfe des Multiple Covariate Distance Sampling (MCDS) oder Density Surface Modelling (DSM) (siehe auch Abbildung 27).

Im Jahr 2015 wurde im Hunsrück nach 2014 die IR-Erfassung mit Distance Sampling wiederholt. Dabei zeigten sich die in 2014 aufgetretenen Ungenauigkeiten erneut: ein größeres Konfidenzintervall bei den MCDS-Modellen gegenüber den DSM-Modellen sowie höhere Schätzwerte bei der Einbindung der Waldrandumgebung (Abbildung 55). Dabei liegen die verschiedenen modellierten Dichtewerte in beiden Jahren dicht beieinander. Der Vergleich über die Jahre war sonst nur noch bei der Scheinwerferzählung und der Befliegung möglich. Zur Kotgenotypisierung und dem

Fotofallenmonitoring existieren keine Wiederholungen, somit ist die Beurteilung von Ausreißerwerten nicht möglich.

Gebiet 3: Bienwald

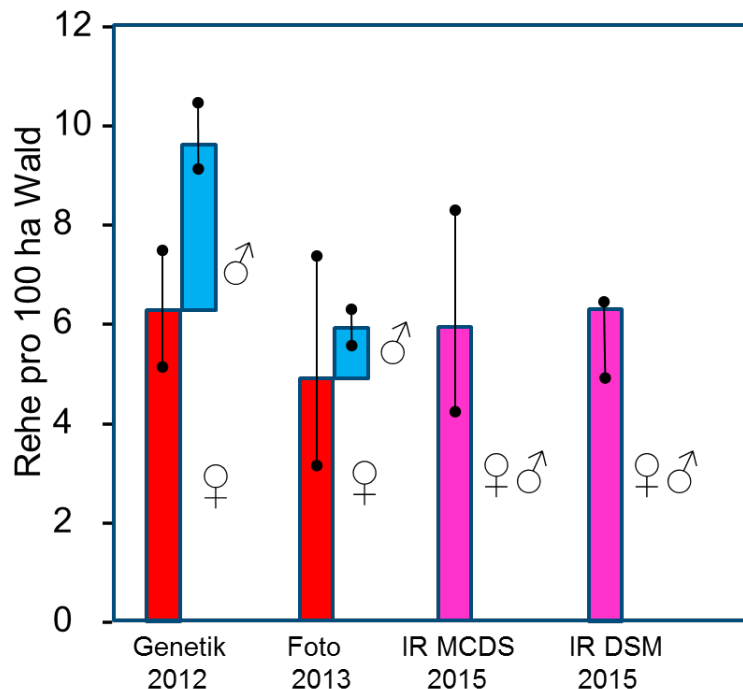


Abbildung 56: Abundanzschätzungen zum Rehwild im Untersuchungsgebiet Bienwald für die Frühjahre 2012, 2013 und 2015 (Symbolerklärung in Abbildung 51). Die Kürzel unter den Säulen stehen für folgende Methoden: „Genetik“: Kotgenotypisierung auf 3.000 ha (siehe Abbildung 47), „Foto“: Fotofallenmonitoring auf den gleichen 3.000 ha (siehe Abbildung 49), „IR MCDS“ und „IR DSM“: Distance Sampling auf den gleichen 3.000 ha Flächen mit Hilfe des Multiple Covariate Distance Sampling (MCDS) oder Density Surface Modelling (DSM) (siehe Abbildung 43)

Für den Bienwald konnten Ergebnisse aus vorangegangenen Studien der Kotgenotypisierung aus dem Jahr 2012 sowie des Fotofallenmonitorings aus dem Jahr 2013 für den Vergleich herangezogen werden (FAWF 2012). Die Ergebnisse der IR-Erfassung mit Distance Sampling 2015 zeigen ähnliche Populationsdichten wie das Fotofallenmonitoring 2013. Die Kotgenotypisierung schätzte dagegen im Jahr 2012 den Rehbestand deutlich höher ein als das Fotofallenmonitoring 2013 bzw. die IR-Erfassung mit Distance Sampling 2015. Die Schätzung des Rehbockbestandes beim Fotofallenmonitoring ist aufgrund des jahreszeitlich frühen Erfassungszeitraumes im Bienwald und den damit verbundenen Schwierigkeiten der individuellen Wiedererkennung von Rehböcken während des Gehörnwachstums (Bast) ungenau (siehe Ergebnisteil Seite 70), wonach wir uns auf eine kleinere Stichprobe, den bereits gefegten Bockbestand, beziehen mussten. Der Erfassungszeitraum ist hier von großer Bedeutung. Rückschlüsse auf den weiblichen Bestand sind aber trotzdem möglich gewesen, mit einer etwas größeren Schätzungsungenauigkeit. Wie im Hunsrück fallen die höheren Konfidenzintervalle bei der geschätzten weiblichen Population bei der Fotofallenerfassung bzw. bei der Gesamtpopulation bei den MCDS-Modellen durch die IR-Erfassung mit Distance Sampling auf.

Die hier dargestellten Daten wurden aus drei von vier aufeinanderfolgenden Jahren zusammengefasst. Über diese Zeitspanne kann sich der Rehwildbestand selbstverständlich verändert haben, was die Vergleichbarkeit einschränkt. Allerdings deuten die dort erzielten kaum veränderten Jagdstrecken für das Rehwild bei vermutlich unveränderter Jagdintensität auf keine starken Populationsschwankungen hin (Abbildung 57).

Analog zum Hunsrück ist davon auszugehen, dass eine zu geringe Einbindung der nächtlich vermehrt aufgesuchten Randbereiche zu Unterschätzungen bei der IR-Erfassung führen kann. Dies war auch bei der Transektlegung im Bienwald der Fall (Abbildung 43). Das Geschlechterverhältnis beim Fotofallenmonitoring und bei der Kotgenotypisierung, ausgehend von den reinen Erfassungszahlen, ist quasi identisch und bei beiden Methoden deutlich zum weiblichen Bestand verschoben, wenn auch die Untersuchungen im Bienwald aus zwei aufeinanderfolgenden Jahren stammen. Das Geschlechterverhältnis nach der Modellierung ist, aufgrund des relativ kurzen Untersuchungszeitraums, dem frühen Untersuchungsendes, dem restriktiven Standortwahlmöglichkeiten aufgrund der Datenschutzproblematik und dem daraus resultierenden sehr hohen Anteils an Bastbockbildern nicht realistisch.

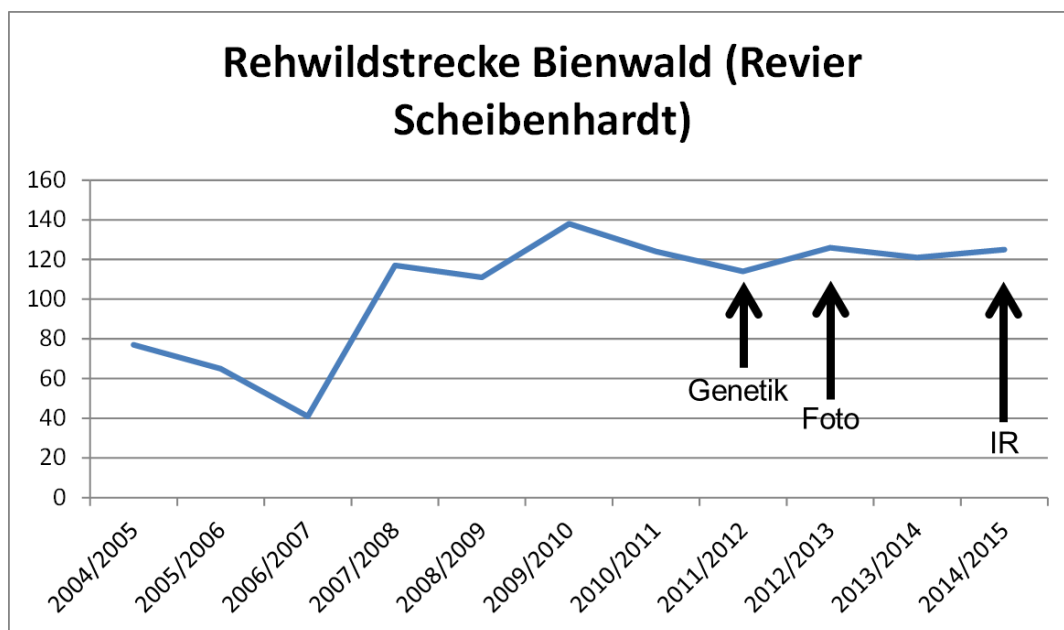


Abbildung 57: Streckenstatistik eines zentralen Regiejagdreviers des Forstamtes Bienwald. Änderungen in der Bejagungsintensität im Zeitraum 2011 – 2015 sind nicht erkenntlich gewesen, so dass der relativ stabile Streckenverlauf einen weitgehend stabilen Populationsverlauf vermuten lässt.

Zusammenfassung Erfassungsmethoden Reh

Die Kotgenotypisierung liefert wahrscheinlich zuverlässige Rehpopulationsdichten mit Aussagen zum Geschlechterverhältnis. Für die Dichteschätzung ist die Gebietswahl und der gewählte Pufferbereich abhängig von den berechneten Raumnut-

zungsgrößen, d.h. es werden Erfassungsdaten aus der jeweiligen Population genutzt, um die effektiv erfasste Fläche für die Dichteberechnung zu ermitteln. Dies betrifft sowohl die Schätzungen aus dem CAPWIRE- als auch für den SECR-Ansatz zu, allerdings auf völlig unterschiedlicher statistischer Basis. Die Kotgenotypisierung ist aufgrund der hohen Kosten nur für ausgewählte und besondere Erfassungen als Kontrolle sinnvoll.

Die nächtliche IR-Erfassung mit Distance Sampling schätzt wahrscheinlich ebenso zuverlässig die Rehdichte. Die repräsentative Gebietsauswahl mit der Berücksichtigung der nächtlichen Verteilung der Rehe ist dabei von großer Bedeutung (s. zwei Gebiete im Hunsrück). Die hohe Sichtungsanzahl und die relative gleichmäßig verteilten Rehe bei kleinen Gruppengrößen sind für die Modellierung vorteilhaft.

Das Fotofallenmonitoring schätzt bei ausreichend individuell erkennbaren Rehbockbildern ähnliche Dichten. Zu beachten ist bei dieser Erfassungsmethode, dass Jährlinge und Rehböcke im Bast nicht bzw. schlecht individuell erkennbar sind und damit die Genauigkeit der Gesamteinschätzung einschränkt. Lange Erfassungszeiträume während der Jagdzeiten verringern den „Wiederfang“.

Im Halboffenland kann auch aus den Daten der Befliegung eine Rehpopulationsdichte berechnet werden. Durch die gute Entdeckung und Identifizierung der Wärmequellen im Offenland kann diese Methoden in einer solchen Gebietskulisse auch für Rehe eine verlässliche Populationsdichte ermitteln.

6.2 Rothirsch

Bei der Wildart Rothirsch konnten im Gebiet 1 Lüneburger Heide nur im Jahr 2014 jeweils die Befliegung und die Scheinwerfertextation durchgeführt werden, sodass vergleichende Auswertungen nur eingeschränkt möglich sind. Im Gebiet 2 Hunsrück und im Ersatzgebiet Soonwald wurden parallele Erfassungen durchgeführt (Tabelle 26). Darüber hinaus stehen für das Gebiet 2 noch zurückliegende Datenreihen aus Scheinwerferzählung seit 2011 und einer Kotgenotypisierung im Jahr 2012 zur Verfügung. Die Daten aus diesen Gebieten bilden die Kernelemente auf die sich die folgenden Schlussfolgerungen stützen.

Tabelle 26: Datengrundlage für die Auswertungen zu Rothirschdichten, inkl. der Ergebnisse aus anderen Projekten (in rot markiert)

	2011	2012	2013	2014	2015
Gebiet 1 Halboffenland Lüneburger Heide				Befliegung Scheinwerfertextation	
Gebiet 2 Bergwald Hunsrück	Scheinwerfertextation	Genotypisierung Scheinwerfertextation	Scheinwerfertextation	Befliegung Scheinwerfertextation Fotofallenmonitoring	Befliegung Scheinwerfertextation
Ersatzgebiet Soonwald					Genotypisierung Befliegung Scheinwerfertextation (durch Institut für Tierökologie und Naturbildung)

Gebiet 1: Lüneburger Heide

In einem halboffenen Gebiet wie der Lüneburger Heide sind aufgrund des Habitates höhere Detektionsereignisse bei einer Befliegung wahrscheinlich. Aufgrund der geringen Rothirschdichte in den Heideflächen konnten allerdings nur eine geringe Anzahl an Rothirschdetektionen aufgenommen werden. Daraus leitet sich eine vergleichsweise geringe Dichte von 1,5-1,7 Rothirsche pro 100 ha Gesamtfläche (inkl. offenen Heideflächen) (Erfassungswahrscheinlichkeit von $p=0,6-0,7$) ab. Auf der Grundlage der Scheinwerfertextation wurden allerdings noch geringere Populationsdichten berechnet. Ein Grund für diesen Unterschied könnte in den unterschiedlichen verwendeten Bezugsflächen liegen. Bei der Befliegung werden nur die tatsächlich überflogenen Bereiche, bei der Scheinwerferzählung auch nicht direkt abgeleuchtete Bereiche in die Berechnung einbezogen (Vergleiche Fahrtroute mit Umriss Untersuchungsgebiet in Abbildung 16, Seite 32). Ein weiterer Grund dürfte in der für männliche Rothirsche geringen Erfassungswahrscheinlichkeit bei Einsatz der nächtlichen Scheinwerferzählung liegen. Dazu im Folgekapitel mehr. Die Berechnung über Distance Sampling aus der nächtlichen IR-Erfassung war aufgrund

der geringen Sichtungszahl nicht möglich. Eine tiefere Analyse der unterschiedlichen Rothirschzahlen aus dem Gebiet 1 erfolgt daher hier nicht.

Gebiet 2: Hunsrück

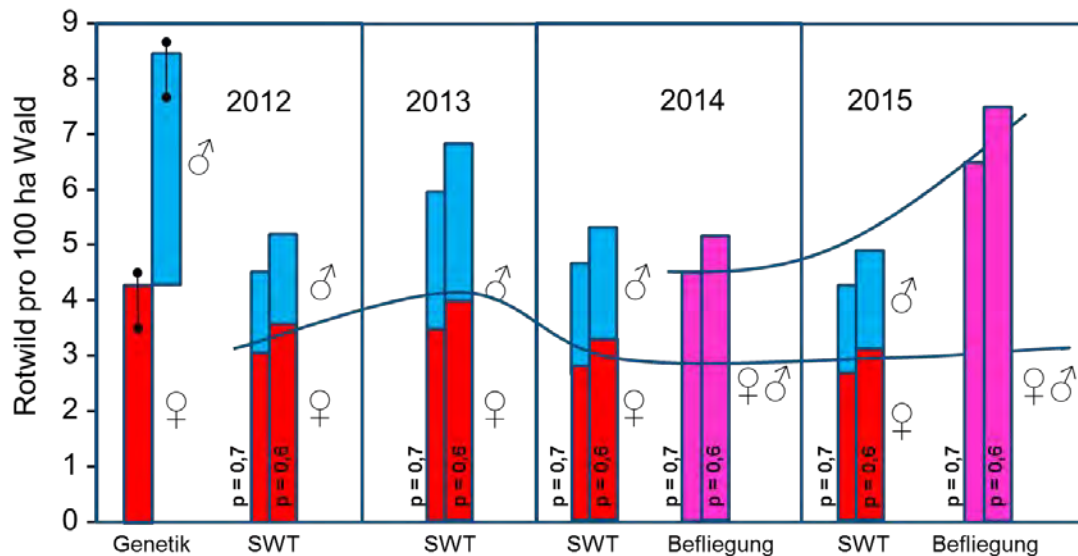


Abbildung 58: Abundanzschätzungen zum Rotwild im Untersuchungsgebiet Hunsrück für den Zeitraum 2011 -2015 (Symbolerklärung in Abbildung 51). Die Kürzel unter den Säulen stehen für folgende Methoden: „Genetik“: Kotgenotypisierung auf 10.500 ha Waldfläche (siehe Seite 51), „SWT“: Scheinwerfertextation oder -zählung auf 27.500 ha Waldfläche 2012 -2014, 2015 17.500 Waldfläche. „Befliegung“: Zählungen aus der Luft mit der Wärmebild- und Digitalkamera auf ca. 8.000 ha (alle Habitats) (siehe Abbildung 41 und Abbildung 42).

Bei der Befliegung 2014 waren streckenweise die Zählbedingungen wegen der aufgetretenen Sonneneinstrahlung pessimal, so dass effektiv nur eine Teilfläche ausgewertet werden konnte. Die dabei ermittelten Rothirschdichteschätzungen lagen unabhängig vom angenommenen p-Wert deutlich unter den im Folgejahr ermittelten Werten, als eine Wolkendecke vorlag, die direkte Sonnenstrahlung verhinderte und für bessere Erfassungsbedingungen sorgte. Die 2014er-Werte lagen auch deutlich unter den genetisch ermittelten Bestandesschätzungen zwei Jahre zuvor. Das unterstreicht die Abhängigkeit der Qualität der Zählwerte von den aktuellen Bedingungen während der Befliegung. Ein Faktum, dass bei der Befliegungsplanung prioritär berücksichtigt werden sollte. Schließlich konnte die Befliegung, bei einer angenommenen Erfassungswahrscheinlichkeit von etwas unter $p = 0,6$, Werte zum gesamten Rothirschbestand liefern, die mit der Scheinwerferzählung nicht erreicht werden können, wie sich 2015 eindrücklich zeigte.

Die Scheinwerferzählungen zeigen für die Geschlechter unterschiedliche Erfassungswahrscheinlichkeiten. Gemessen an den Ergebnissen der im Hochwald 2012 durchgeführten Kotgenotypisierung wurde bei der im gleichen Frühjahr durchgeführten Scheinwerferzählung allenfalls beim weiblichen Anteil eine passable Schätzung erzielt, wenn eine Erfassungswahrscheinlichkeit von etwas unter $p=0,6$ angenommen wird (Abbildung 58). Die geringe Höhe der blauen Säule im Jahr 2012 für die Scheinwerfertextation deutet an, dass hingegen beim männlichen Bestand die p-

Werte weit unter 0,6 liegen müssen. Sie liegen tatsächlich bei einem p-Wert von nur 0,3. Für das Untersuchungsgebiet Hochwald scheinen die Erfassungsraten insbesondere für das besser erfasste weibliche Wild auch in den nachfolgenden Zähljahren zuzutreffen (Ausnahme 2013), wenn der berechnete jährliche Populationszuwachs sowie die im Gebiet getätigten Abschüsse in die Betrachtung einbezogen werden (Abbildung 59, mögliche Gründe für das hohe Zählergebnis von 2013 wurden bereits auf Seite 43 erläutert). Durch die Betrachtung der Zeitreihe konnte bestätigt werden, dass die mit dieser Methode gewonnen Zählergebnisse von den jeweiligen Zählbedingungen (insbesondere Vegetationsentwicklung) stark beeinflusst werden. Diese Abhängigkeit ist bei Betrachtung von Einzeljahren unbedingt zu berücksichtigen. Rein zähltechnisch bedingte Schwankungen der p-Werte sind je nach Zählbedingungen durchaus möglich.

Zu konstatieren ist, dass aufgrund der unterschiedlichen Erfassungsraten für die Geschlechter die Scheinwerferzählung vorrangig dazu geeignet ist, Kahlwildrudel (weibliches Wild, Kälber, ggf. auch zugehörige Spießer und einige Hirsche der Jugendklasse) zu erfassen. Kleinere Hirschrudel und Einzelhirsche werden hingegen zu häufig nicht erfasst. Das liegt vermutlich vorrangig darin begründet, dass weibliche Rothirschrudel die gut einsehbaren Wiesenflächen vermehrt aufsuchen und dort leichter erkannt werden. Beispielsweise wurde 2012 männliches zu weiblichen Wild im Verhältnis von 1:2,2 erfasst (Tabelle 10 auf Seite 42), während die Kotgenotypisierung, die vermutlich den tatsächlichen Verhältnisse am nächsten kommende Bestimmung ein Geschlechterverhältnis von 1:1,3 erbrachte (Tabelle 17 auf Seite 59).

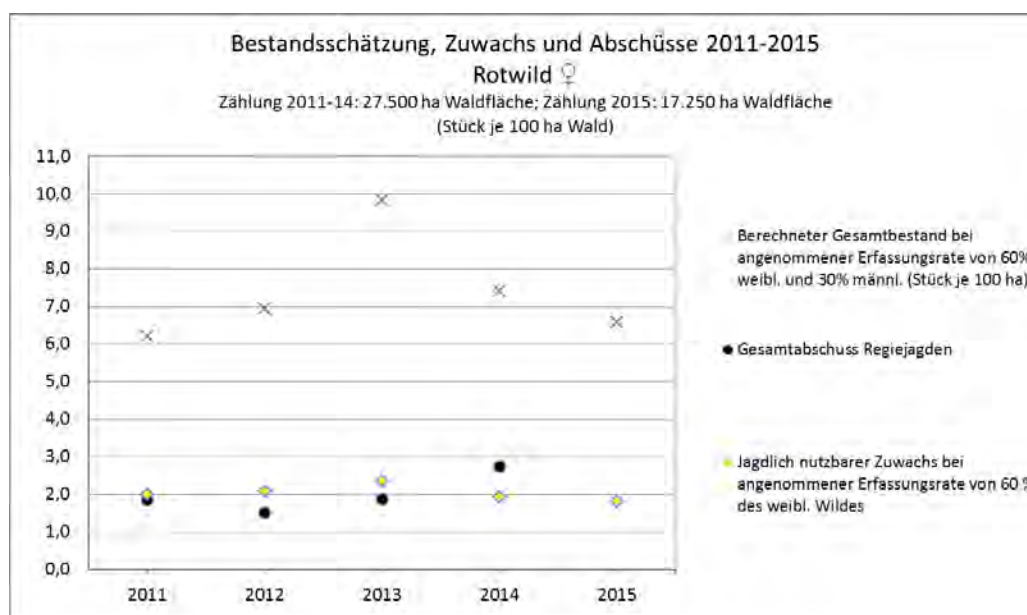


Abbildung 59: Geschätzte Rothirschdichte im Untersuchungsgebiet Hochwald zwischen 2011 und 2015 ermittelt auf Basis der Scheinwerferzählergebnisse bei angenommenen Erfassungsraten von 30% beim männl. Wild und 60 % beim weibl. Wild. Zudem werden der ermittelte Zuwachs sowie der Abschuss auf den Regiejagden dargestellt.

Ersatzgebiet Soonwald

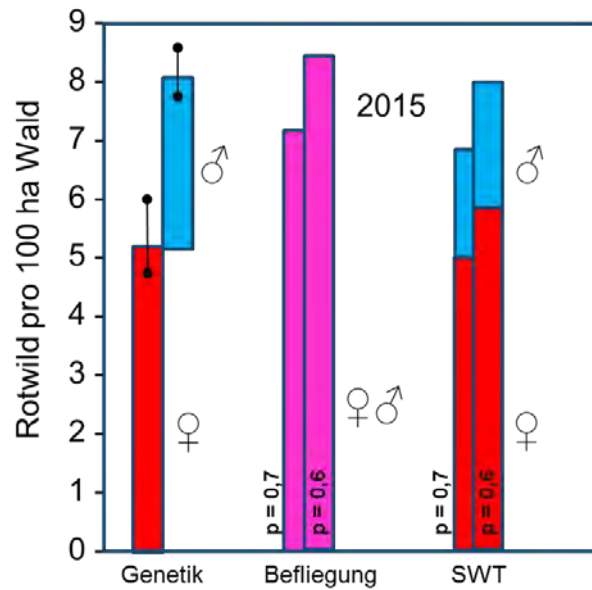


Abbildung 60: Abundanzschätzungen zum Rotwild im Untersuchungsgebiet Soonwald 2015 (Symbolerklärung in Abbildung 51). Die Kürzel unter den Säulen stehen für folgende Methoden: „Genetik“: Kotgenotypisierung auf 10.000 ha Waldfläche, „SWT“: Scheinwerfertaxation oder -zählung auf 10.000 ha Waldfläche. „Befliegung“: Zählungen aus der Luft mit der Wärmebild- und kamera auf ca. 7.700 ha (alle Habitats) (siehe Abbildung 41 und Abbildung 42).

Wesentliche Schlussfolgerungen zur Erfassung von Rothirschen, die aus der Betrachtung der Hunsrückdaten gezogen werden können, lassen sich am Beispiel der Erhebungen im Soonwald im Jahr 2015 bestätigen:

Bei guten Flugbedingungen mit angenommenen Erfassungswahrscheinlichkeiten von $p=0,6$ sind die geschätzten Populationsdichten mit den zeitgleich genetisch ermittelten Werten vergleichbar. Bei der vom Institut für Tierökologie und Naturbildung im Auftrag der dortigen Rotwildhegegemeinschaft durchgeführten Scheinwerfertaxation fällt wiederum die Unterschätzung der männlichen Teilpopulation auf, wenn diese mit gleichen Erfassungswahrscheinlichkeiten, wie sie für das weibliche Wild angenommen werden, gerechnet werden (Simon 2015).

Im Vergleich zum Hunsrück hat das genetische Verfahren ein noch weiter zum weiblichen Anteil verschobenes Geschlechterverhältnis ergeben (Ebert et al. 2016). Die Scheinwerfertaxation konnte diese Verschiebung ebenfalls abbilden, allerdings müsste dafür eine höhere Erfassungswahrscheinlichkeit im Vergleich zum Hunsrück von $p=0,7$ annehmen. Vermutlich ist im Soonwald ein höherer Anteil von Freiland-sichtungen (77 % statt 55 % im Hunsrück) für den höheren Erfassungsgrad verantwortlich.

Zusammenfassung Erfassung Rothirsch

Für die hier untersuchten Mittelgebirgslandschaften mit Mischwaldbestockung konnte mit Hilfe der Befliegung bei Beachtung guter Flugbedingungen ca. 60 % des nach der Kotgenotypisierung geschätzten Rothirschbestandes erfasst werden. Für andere Gebiete mit mehr Laubwald und/oder weniger Reliefenergie sind höhere Entdeckungswahrscheinlichkeiten zu erwarten. Deshalb sollte eine habitatspezifische Auswertung erfolgen. Aufgrund der hohen Abhängigkeit der Datenqualität von den Flugbedingungen sind ggf. Wiederholungen einzuplanen. Eine nach Geschlechtern differenzierte Bestandserfassung ist nicht möglich.

Obwohl bei der nächtlicher Scheinwerferzählungen die Geschlechter oftmals angesprochen werden können, wird der männliche Bestand offenbar stark unterschätzt. Daher sind Hochrechnungen auf den Gesamtbestand bei Verwendung von Schweinwerfertaxationsdaten problematisch. Dafür lassen sich mit dieser Methode die Kahlwildbestände besser erfassen. Unter Berücksichtigung des Anteils der Rudelkontakte im Offenland wird eine Erfassungswahrscheinlichkeit für Kahlwild von $p=0,6$ (z. B. Hunsrück) bis $p=0,7$ (z. B. Soonwald) vermutet. Der Anteil der Offenlandkontakte könnte in zukünftigen Erhebungen mittels Scheinwerfertaxation als Hinweis für die zu verwendende Erfassungswahrscheinlichkeiten genutzt werden. Voraussetzung ist allerdings ein vergleichbares Design insbesondere der Transektlegung (siehe Abschnitt Scheinwerfertaxation 4.1.1 Grundlagen und Voraussetzungen, Seite 11).

Darüber hinaus wird die Erfassungswahrscheinlichkeit von Rothirschen bei der Scheinwerferzählung ebenfalls von äußeren Bedingungen beeinflusst. Anhand der fünfjährigen Zeitreihe im Gebiet Hunsrück konnte gezeigt werden, dass je nach Vegetationsentwicklung die Erfassungswahrscheinlichkeiten von Jahr zu Jahr um 0,1 – 0,2 schwanken können. Der Durchführung von insgesamt 2-3 Zählungen pro Frühjahr hat sich bewährt, um z. B. den optimalen Zeitraum der Vegetationsentwicklung abpassen zu können. Ferne dürfte beim Vorliegen einer mehrjährigen Zeitreihe das Erkennen von Ausreisern eher möglich werden.

Die Kotgenotypisierung erzielt nach den bisherigen Erfahrungen die vermutlich zuverlässigsten Populationsdichten. Leider konnte für eine bessere Beurteilung diese Methode nicht wiederholend in den Gebieten durchgeführt werden.

7 Anhang

7.1 Allgemeine Methodendarstellung

7.1.1 Scheinwerfertaxation

Die Scheinwerfertaxation liefert in relativ kurzer Zeit leicht nachvollziehbare Ergebnisse zum vorhandenen Rothirschbestand. Insbesondere das Mitwirken lokaler Akteure sorgt für eine hohe Ergebnistransparenz und -glaubwürdigkeit. Prinzipiell wird jedoch mit der Scheinwerfertaxation zunächst lediglich ein Rothirsch-Mindestbestand ermittelt, so wie dies bei anderen Methoden ebenfalls der Fall ist. Der reale Bestand kann wesentlich höher liegen. Die Ergebnisse der Scheinwerfertaxation können ggf. unter Verwendung des "Distance-Sampling-Verfahrens" zur rechnerischen Ermittlung des realen Bestandes verwendet werden, sofern bei der Zählung die Winkeldistanzen zu den gesehenen Tieren präzise ermittelt wurden. Dies erfordert jedoch eine zusätzliche, kompetente Auswertung (siehe IR-Distance-Sampling).

Die unbearbeiteten Ergebnisse der Scheinwerferzählung können dennoch als Indikator für einen Populationstrend dienen, sofern das Zählverfahren kontinuierlich über mehrere Jahre hinweg angewandt wird. Bedingt durch Witterungseinflüsse und/oder eine zeitlich verschobene Vegetationsentwicklung können allerdings "Ergebnisaußreißer" entstehen, die erst bei Betrachtung mehrjähriger Zählreihen als solche erkennbar werden.

Erfassungsraten bei Scheinwerfertaxationen können in Abhängigkeit von Topographie, Wededichte, Landschaftsstruktur und der Vegetationsentwicklung zum Zeitpunkt der Zählung in unterschiedlichen Untersuchungsgebieten deutlich variieren. Die Auswertung der Ergebnisse im Hochwald hat ergeben, dass bei der Scheinwerfertaxation vorwiegend der weibliche Rothirschbestand inkl. der Kälber und Schmalspießer erfasst wird. Da sich diese Tiere im Frühjahr noch in größeren Rudelverbänden bewegen, ist deren Erfassungswahrscheinlichkeit offenbar höher als die der älteren männlichen Tiere. Ältere Hirsche bewegen sich zum Zeitpunkt der Zählungen im März/April häufig noch einzeln oder in kleineren Trupps, somit scheint deren Erfassungswahrscheinlichkeit geringer zu sein.

Voraussetzungen

Gebiet:

- Mindestgröße ca. 10.000 ha
- Gutes Wegenetz im Untersuchungsgebiet (Erreichbarkeit von Freiflächen)

Ressourcen:

- 4 Personen pro Team

- Möglichst ortskundige Teilnehmer mit Rotwilderfahrung
- Geeignete Fahrzeuge, Scheinwerfer, Ferngläser

Umsetzung:

- Gleichmäßige Verteilung der Fahrtrouten über das Untersuchungsgebiet, dabei möglichst viele Freiflächen anfahren (>50 Prozent Offenland)
- Evtl. angrenzende landwirtschaftliche Flächen integrieren
- Synchrone Befahrung aller Routen während eines Zählthroughgangs – Ausschluss von Doppelzählungen
- 1-2 Wiederholungszählungen (insgesamt mind. 2, besser 3 Zählungen pro Frühjahr)
- Möglichst ortskundige Teilnehmer mit Rotwilderfahrung

Vorteile	Nachteile
<ul style="list-style-type: none"> • Leicht nachvollziehbare Ermittlung der unbestreitbaren Mindestpopulation • Gute Einbindungsmöglichkeit der lokalen Jagd ausübenden, dadurch hohe Glaubwürdigkeit • Kostenkalkulation unabhängig von der Populationsdichte leicht möglich • Schnelle Auswertung (bereits am Folgetag stehen die Ergebnisse fest) • Günstige Umsetzung, insbesondere bei Einbindung freiwilliger Helfer (0,5 – 1,3 €/ha) 	<ul style="list-style-type: none"> • Differenzierungsgrade (Einschätzung von Alter und Geschlecht) selten überprüfbar • Ermittlung des Mindestbestandes: Um den tatsächlichen Bestand näherungsweise zu ermitteln müssen Erfassungsraten definiert werden. • "Ausreißer" aufgrund ungewöhnlichen Witterungsverlaufs sind nicht auszuschließen (siehe Hochwald 2013) • Geringe Erfassbarkeit des männlichen Bestandes • Größere Freiflächenanteile notwendig • Zählergebnis abhängig von Motivation und Qualität der Zählteams

7.1.2 IR-Erfassung und Distance Sampling

Diese Evaluierung gilt nicht der Methode Distance Sampling, sondern der Anwendbarkeit von Distance Sampling bei Schalenwildarten. Anders als in einer klassischen, designbasierten Anwendung, besteht bei Schalenwildarten die Einschränkung, dass die Erfassung auf das Wegenetz angewiesen ist. Erfasser, die zu Fuß im Untersuchungsgebiet unterwegs sind, würden zu einer viel stärkeren Fluchtreaktion führen als Autos. Daher verliefen die Transekte nicht zufällig systematisch im Untersuchungsgebiet, sondern entlang der Wege. Damit sind Einschränkungen gegeben, deren Tragweite es abzuschätzen gilt.

MCDS

Beim MCDS ist die Entdeckungswahrscheinlichkeit nicht nur abhängig von der Entfernung, auch andere Faktoren, die die Sichtbarkeit der Objekte beeinflussen, können hierbei berücksichtigt werden. Marques & Buckland (2003, 2004:38–43) und MARQUES *et al.* (2007);

Die Gebietseinteilung hat einen großen Einfluss im MCDS auf die Schätzung des Wildbestandes. Eine Diskussion der Gebietsaufteilung und eine mögliche Änderungen bedingen daher erhebliche Veränderungen in der Schätzung.

Um eine größere Schätzungsgenauigkeit für alle Gebiete zu erreichen (Verringerung des Standardfehlers) ist die Erfassung über eine Dauer von drei Jahren sinnvoll. Dadurch kann die Entdeckungsfunktion weiter optimiert werden.

Zudem kann eine Entdeckungsfunktion für alle Teilflächen berechnet werden, die die Genauigkeit insgesamt steigern kann.

Wald verringert die Entdeckungswahrscheinlichkeit, insbesondere dichte Bestände i.e. Fichte, Douglasie.

DSM

Wenn Transekte nicht zufällig im Gebiet verteilt sind, können design-basierten Berechnungen unzuverlässig sein. Anhand von räumlichen Informationen im Untersuchungsgebiet wird in diesem Modell die Schätzung der Wilddichte vorgenommen. Die repräsentative und zufällige Verteilung der Transekte verliert dabei an Bedeutung.

Beim DSM werden die Zählungen in Segmente (Segmente müssen vorher definiert werden) in Abhängigkeit von Kovariablen modelliert, wie Lebensraumtyp, Höhe oder Bodentiefe, Entfernung vom menschlichen Zugang, Landnutzungstyp, Breitengrad und Längengrad.

Dies geschieht üblicherweise mit verallgemeinerten Additiven Modellen (GAM) (WOOD 2006), die einer Residuenverteilung von Zähldaten berücksichtigen, wie z.B. Tweedie-Error- Struktur.

Die Zählungen in jedem Segment werden umgewandelt in die Bestandsschätzung des jeweiligen Segmentes, wobei die Fläche des Segments den Offset bildet. Alternativ kann die geschätzte Dichte als die „Antwortvariable“, ohne offset, und die Fläche des Segments verwendet werden.

Um DSM zu verwenden, fordert DISTANCE, dass die Transektlinien in Segmente unterteilt sind, und dass Kovariablen jedes Segmentes in dem Modell einbezogen werden. Sobald ein Dichte-Oberflächenmodell erstellt wurde, kann die Dichte oder Abundanz über ein Gitter von Punkten im Untersuchungsgebiet für jede Teilfläche geschätzt werden.

Vorteile	Nachteile
<ul style="list-style-type: none"> • hoher Erfassungsgrad auch in dichter Vegetation und auf größeren Entfernungen (Rothirsch) • wissenschaftlich etablierte Modellierung der Bestandsdichte und Populationsverteilung • unmittelbare artspezifische Zählergebnisse • gute Reproduzierbarkeit • relativ geringe Kosten (1-3 €/ha) • Bearbeitung großer Flächen möglich 	<ul style="list-style-type: none"> • geringe Partizipationsmöglichkeiten • Fachkenntnis notwendig • Populationsdichte wird adäquat nur für die Nacht geschätzt. Kommt es zu einer Verschiebung der räumlichen Nutzung, müssen alle Lebensräume repräsentativ vertreten sein

7.1.3 Befliegung (IR-VIS)

Die IR VIS Befliegung zeigt ihr Hauptpotential vor allem in dem flexiblen Studiendesign. Es können sowohl Stichprobenuntersuchungen als auch Vollflächenuntersuchungen realisiert werden. Weiterhin ist kein Wegenetz notwendig, womit die Methode ideal für unzugängliche Gebiete ist. Der Einsatz eines ULs bietet gegenüber Hubschraubern oder den größeren Motormaschinen mehrere Vorteile. Es ist geräuscharm, so dass kein Fluchtverhalten der Tiere zu beobachten ist (FRANKE 2004, FRANKE et al. 2012). Auch Bildsequenzen aus aktiven Suchflügen in ähnlicher Flughöhe zeigen, dass selbst bei einmaligem Umkreisen der Tiere keine Flucht stattfindet. Weitere Vorteile in der Verwendung eines Ultraleichtflugzeuges liegen in den guten Flugeigenschaften im Langsamflugbereich (70–100 km/h) und in den kurzen Lande- und Startstrecken. Letzteres erlaubt den Einsatz auch von kleinen Flugplätzen aus, was die Kosten aufgrund kurzer An- und Abflüge zu den Untersuchungsgebieten reduziert.

Aktuell ist die Methode vor allem für Rothirsch und Damhirsch geeignet. Je nach Habitat kann sie auch für andere Arten interessant sein oder werden, besonders weil technische Neuerungen und Methodenverbesserungen die Anwendbarkeit dieser Methode in Zukunft noch erhöhen werden.

Die größten Nachteile der Methode sind vor allem die abnehmenden Entdeckungswahrscheinlichkeiten mit zunehmender Abdeckung durch Vegetation und die hohe Wetterabhängigkeit. Eine zielführende Untersuchung ist nur dann gewährleistet, wenn keine bis geringe Störstrahlung (direkte Sonneneinstrahlung) vorhanden ist. Von Vorteil ist, dass die Güte der Bedingungen direkt während des Fluges bestimmbar ist, sodass darauf sehr flexibel reagiert werden kann. So kann es schon ausreichen, sonnenbeschienene Flächen auszulassen und zu einem späteren Zeitpunkt mit Wolkenabdeckung zu überfliegen.

Bezüglich der Entdeckungswahrscheinlichkeiten muss in Betracht gezogen werden, dass bei hoher Vegetationsabdeckung der tatsächliche Zählanteil geringer und der Schätzanteil höher wird. Je höher der Schätzanteil, desto angreifbarer ist die Methode, sodass die Methode zum Beispiel für dichten Nadelwald nicht geeignet sein kann.

Um die verschiedenen Entdeckungswahrscheinlichkeiten und die Aufenthaltsorte der Tiere zu berücksichtigen, wird mittlerweile eine habitatspezifische Auswertung durchgeführt. Eine Weiterführung dieser Fehlerrechnung wird zur Zeit entwickelt und getestet (DEUKER & FRANKE 2015).

Ein weiterer Nachteil dieser Methode ist die aufwändige nur von Fachpersonal durchzuführende Auswertung und die eher geringen Partizipationsmöglichkeiten der Auftraggeber. Alle Daten liegen digital vor, sodass die Auswertung nachvollziehbar und auch wiederholbar ist.

Weiterhin ist zu sagen, dass diese Methode mit zunehmender Wildtierdichte immer besser anzuwenden ist. Neben Dichtewerten liefert diese Methode auch die Verteilung der Tiere in ihren Tageinständen.

Da diese Methode bisher nicht für Rehe geeignet schien und auch wenige Erfahrungen zu Entdeckungswahrscheinlichkeiten für Rehe vorliegen, stehen auch diese Daten in Klammern und sind gelb hinterlegt. Die Befliegung des Naturschutzgebietes Lüneburger Heide hat damit sehr eindrücklich gezeigt, dass mittels IR-VIS Befliegung auch Rehe in offenen und halboffenen Habitaten gezählt werden können, und das mit technischen und methodischen Verbesserungen in Zukunft noch Potential nach oben ist.

Die Kosten liegen je nach Stichprobe aktuell bei ca. 1,6 €-5 € / ha bei Vollaufnahme

Vorteile	Nachteile
<ul style="list-style-type: none"> • geeignete Monitoringmethode in unzugänglichem Gelände • Bearbeitung großer Flächen möglich • störungsarm • gute Reproduzierbarkeit aufgrund der Aufzeichnungen (beobachterunabhängig) • ermöglicht neben Dichtehinweisen auch Verteilungsinformationen • je nach Stichprobe Kosten ca. zwischen 1,6€ - 5€ /ha (bei Vollaufnahme) 	<ul style="list-style-type: none"> • aktuell nur für Rothirsch und Damhirsch geeignet • hohe Wetterabhängigkeit • Partizipationsmöglichkeiten gering • Auswertung vergleichsweise aufwändig • Übersehraten z.T. kaum bekannt • in störungsintensiven Bereichen mit dichtem Bewuchs Erfassung am Tag schwierig

7.1.4 Kotgenotypisierung

Die nicht-invasive Bestandesschätzung mittels Kotgenotypisierung ermöglicht mit wenigen Tagen Datenaufnahme (sprich: Probensammeln) im Feld und damit vergleichsweise wenig Störung im Gebiet sehr genaue Bestandesschätzungen. Eine einmalige Begehung eines Gebietsabschnitts reicht im Normalfall aus. Dadurch, dass ein Gebiet nur einmal begangen werden muss und die zu sammelnden Proben zu diesem Zeitpunkt im Gebiet bereits vorliegen, beeinflusst die potentielle Störung die Ergebnisse der Schätzung zudem grundsätzlich nicht. Die eigentliche Beprobung ist unabhängig von einem Wegenetz, allerdings sollte der Start- und Endpunkt eines Transekts nach Möglichkeit über Wege erreichbar sein. Die Probensammlung bietet gute Möglichkeiten zur Einbindung lokaler Akteure, da sie auch von geschulten Laien durchgeführt werden kann. Dies kann auch zur Minimierung der Gesamtkosten beitragen.

Die Analyse der gesammelten Proben wiederum kann nur von Fachlaboren durchgeführt werden und nimmt sowohl von den Projektkosten als auch der Bearbeitungsdauer den Hauptanteil in Anspruch. Für die Analyse und Auswertung von – je nach Gebietsgröße und Wilddichte - ca. 800 bis 2.000 Kotproben im Labor muss man mit mehreren Monaten Bearbeitungsdauer rechnen. Da man eine größere Stichprobe an Kotproben analysieren muss, um eine Population mit höherer Dichte mit der gleichen Genauigkeit abzubilden wie eine Population geringerer Dichte, steigen die Analysekosten in gewissem Maße mit zunehmender Populationsdichte. Es ist allerdings aufgrund der im Bereich Genetik raschen technischen Entwicklung und Verbesserungen anzunehmen, dass mittelfristig die Analysekosten insgesamt sinken werden. Momentan belaufen sich die Kosten einer genetischen Bestandesschätzung inklusive Beprobung und Auswertung auf 4–6 €/ ha.

Es ist ohne weiteres möglich, in einem Beprobungsgang mit geringem Mehraufwand und ohne Mehrkosten Kotproben mehrerer Tierarten zu sammeln und somit mehrere Arten im gleichen Gebiet zu erfassen. Allerdings addieren sich hierbei die Laborkosten, da sich die Gesamtanzahl zu analysierender Proben erhöht. Insgesamt sind die momentan noch vergleichsweise hohen Analysekosten sicherlich der Hauptnachteil der Kotgenotypisierung.

Vorteilhaft hingegen ist bei dieser Methode neben der Tatsache, dass sie bei ausreichender Stichprobe eine sehr hohe Schätzgenauigkeit bietet, auch, dass die Modellrechnungen wissenschaftlich etabliert und statistisch gut belegt sind (siehe z.B. MILLER ET AL. 2005, MOWAT & STROBECK 2000, EFFORD & FEWSTER 2012). Ein Hauptpluspunkt der Methode liegt darin, dass über die Genotypisierung das Geschlecht der beprobten Tiere bestimmt werden und damit zum einen ein Geschlechterverhältnis der Population bestimmt und zum anderen neben dem Gesamtbestand auch geschlechterspezifische Bestandesschätzungen berechnet werden können.

Dies wird besonders deutlich, wenn man die Ergebnisse der Rothirsch-Schätzungen von Hunsrück (2012) und Soonwald (2015) vergleichend betrachtet: Wenn bei gleicher Gesamtdichte der Anteil weiblicher Tiere in einem Bestand höher ist, erhöht

sich auch der jährliche Zuwachs, was erhebliche Konsequenzen für das Rotwildmanagement hat.

Weiterhin ermöglicht die Verortung der Probenfunde das Ermitteln von Verteilungsschwerpunkten und Hinweise auf Raumbewegungen der Tiere (wie z.B. die Entfernungen zwischen Mehrfachfunden, Unterschiede in der Verteilung zwischen den Geschlechtern etc.). Hierbei kann allerdings nicht zwischen Tag- und Nachtaufenthaltsorten der Tiere unterschieden werden. Auf Basis der genetischen Marker (Mikrosatelliten) sind neben der Individual- und Geschlechtszuordnung auch Verwandtschaftsanalysen und andere populationsgenetische Parameter möglich. Eine zusätzliche Beprobung der bei der Jagd erlegten Tiere kann, wenn die Erlegungsorte bekannt sind, Informationen über Wiederfundraten und mögliche Abwanderung geben.

Vorteile	Nachteile
<ul style="list-style-type: none">• hohe Schätzgenauigkeit• einmalige Begehung/Probensammlung pro Gebiet• Beprobung auch durch geschulte Laien möglich• Modellberechnungen wissenschaftlich etabliert• geschlechterspezifische Auswertung	<ul style="list-style-type: none">• aufwändige Laboranalysen• Laborarbeiten und Auswertungen nur von Fachinstituten durchführbar und z.T. langwierig• Kosten abhängig von Populationsdichte, 4 – 6 € / ha

7.1.5 Fotofallenmonitoring

Einige Grundannahmen der klassischen Fang-Widerfang-Methode (OTIS ET AL. 1978) konnten in dieser Untersuchung, wie auch in den meisten anderen (z.B. ZIMMERMANN & BREITENMOSE 2007, KARANTH & NICHOLS 1998), nicht erfüllt werden. So ist die Population im Untersuchungszeitraum nicht geographisch geschlossen, da keine Insellage vorliegt oder andere natürliche Barrieren das Untersuchungsgebiet abriegeln. Die demographische Geschlossenheit ist insofern verletzt, da ab 1. Mai die Jagd auf einen Teil der Rehpopulation beginnt, wenngleich die Tiere zumindest in der ersten Hälfte der Untersuchung hätten erfasst werden können. Die Geschlossenheit von Populationen ist ein Hauptproblem von CMR-Studien (BOULANGER & MCLELLAN 2001).

Daraus resultiert eine weitere Quelle für eine individuell heterogene Erfassungswahrscheinlichkeit (HEW), die teilautomatisierte Standortauswahl. Wie Abbildung 40 mit den unterschiedlichen Erfassungshäufigkeiten der Standorte im Ergebnisteil zeigt, liegt es nicht allein an der Verteilung und der kleinräumigen Dichte, wie viele Reherfassungen ein Standort generiert. Im Gegensatz zur gleichzeitig durchgeführten Losungskartierung zwecks genetischer Reherfassung zeigt es sich, dass mit dieser Art der Auswahl von Fotofallenstandorten offenbar nur unzureichend eine Aussage über Verteilungsschwerpunkte von Rehen getroffen werden kann. Die Fokussierung auf den Aspekt Äsung, sofern realisierbar am Makrostandort (100m Umkreis um den fixen GPS-Punkt) sorgt für teilweise sehr gute Bildraten mit mehr als 30 Erfassungen in 88 Tagen. Standorte, die nur rudimentär Äsungsmöglichkeiten im Zielbereich der Standortsuche boten, wiesen hingegen teilweise keine einzige Erfassung auf.

Unterschiede in der Erfassungswahrscheinlichkeit kommen jedoch auch von unterschiedlicher Habitatnutzung, Konkurrenzdruck und Territorialität (BELLEMAIN ET AL. 2005; LUKACS & BURNHAM 2005), scheinen jedoch vergleichsweise geringeren Einfluss auf die Bildraten zu haben als das spezifische Äsungsangebot und variierende interspezifischer Konkurrenz an den verschiedenen Standorten.

Die Optimierung der Bildquantität und -qualität durch eine höhere Erfassungswahrscheinlichkeit als auch längeren Verweilens bzw. höherer Wiederkehrfrequenz an äsungslastigen Standorten rechtfertigt die Vorgehensweise. Zukünftig wären homogenere Charakteristika (Äsungsquantität) der Standorte anzustreben, da manche Standorte überhaupt keine Äsung boten und entsprechend geringe Bildraten produzierten. Andererseits scheinen spezielle Standorteigenschaften die Bildraten unabhängig vom Äsungsangebot zu erhöhen, so z.B. Standorte an Wildwechseln direkt an gezäunten Verjüngungsflächen. Diese kanalisierende Wirkung kann sich erheblich auf die realisierten Bildraten auswirken. Zusätzlich passieren Rehe solche Standorte häufig in idealem Abstand (3-5 m) und einer optimalen Geschwindigkeit, was zu erfreulich hochwertigen Bildern führt und entsprechend den Anteil identifizierbarer Bilder erhöht. Einzig der Bildhintergrund muss bei der Aufstellung bedacht werden, da der Kontrast des Gehörns auf den Bildern bei sehr unruhigem

Hintergrund, z.B. Buchenverjüngung, schnell verloren geht und die Bockidentifizierung dann erschwert ist. Eine teilweise größere Entfernung der realen Standorte zueinander als bei der idealisierten clusterbasierten Standortverteilung ist, in Anbetracht der eher gering dimensionierten Cluster (280m x 280m), als unproblematisch einzuschätzen, da die Rehe eher ein größeres Streifgebiet haben. Auch die durchschnittlichen Wiedererfassungsdistanzen (~600m) zeigen, dass auch mit größeren Clustern die Mehrfacherfassung einzelner Individuen forciert werden kann. Die durchschnittliche Raumnutzung eines Bockes liegt bei ~30 ha und liegt somit im Normalbereich dessen, was für Rehe in Waldlebensräumen von festgestellt wurde (HEWISON et al. 1998).

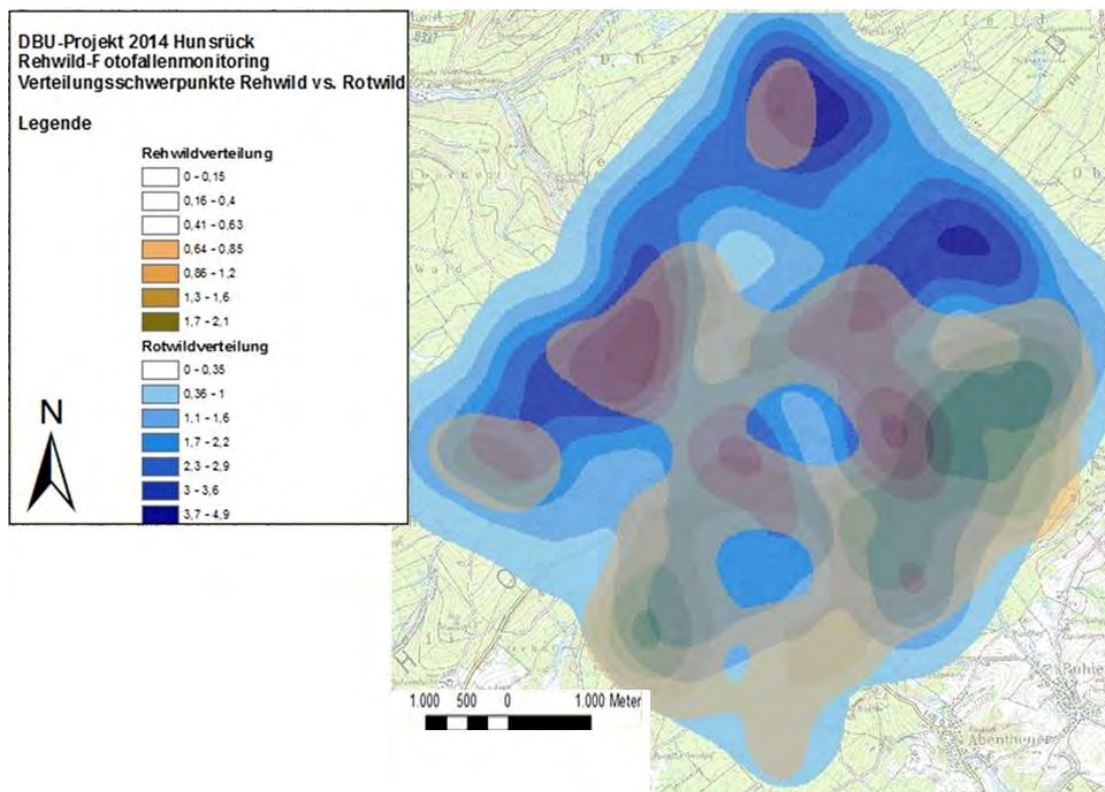


Abbildung 61: Losungsfundschwerpunkte von Rehwild (rot) und Rotwild (blau) bei der Losungssammlung im Zuge der Rehwild-Losungs-Genotypisierung 2014

Darüber hinaus sind die Verdrängungseffekte durch Rothirsche zu beachten, die einen erheblichen Einfluss auf die Dichteverteilung der Rehe haben können, wie der Vergleich der Losungsfunde von Rehwild und Rotwild im Rahmen dieses Projektes gezeigt hat (vergl. Abbildung 49), überlappen sich die Hotspotregionen der jeweiligen Arten nicht.

Die Identifizierung von Bockindividuen gelang in nur 56% der Fälle. Der Einsatz von zwei Kameras pro Standort wäre eine zu diskutierende Möglichkeit, den Anteil zu steigern, jedoch würde das eine Halbierung des Untersuchungsareals bedeuten, wenn die Zahl der Kameras nicht weiter erhöht werden sollte, bei entsprechender Steigerung der Randeffekte. Erfahrungen aus der Fotofallenmonitoring-Pilotstudie

im Bienwald (FAWF 2012) haben gezeigt, dass keine Steigerung der Identifizierungsraten bei Doppelbestückung zu erwarten ist. Dies liegt an der Verwendung von Bäumen zum Aufbau der Kameras. Diese befinden sich zu selten in ausreichender Nähe, um eine Doppelauslösung zu forcieren oder sind schlicht, wie auf Äsungsflächen, gar nicht vorhanden. Die Häufung von nicht verwendbaren Bildern bei zumindest einer Kamera durch Überbelichtung oder nur Teilabbildung des Rehs bei der Doppelauslösung schmälern zusätzlich den Nutzen einer Doppeltbesetzung der Standorte.

Das gewonnene Geschlechterverhältnis (1 : 1,9) entspricht fast dem der Kotgenotypisierungsergebnisse (1 : 2,2). In vielen Populationen von Ungulaten ist das GV zu den Weibchen verschoben (CLUTTON-BROCK & MCLONERGAN 1994). Beispielsweise kamen (PEGEL & THOR 2000) sowie EBERT et al. (2012) bei Untersuchungen in der Schwäbischen Alb bzw. im Pfälzerwald auf Geschlechterverhältnisse von 1:1,5 und 1:1,4.

Bei der Identifizierung der Böcke können Identifizierungsfehler nicht völlig ausgeschlossen werden. Die konservative Vorgehensweise des Ausschlusses von Bildern mit unsicherer Zuordnung hat sich als Methode bewährt, stimmen doch die geschätzten Dichtewerte mit der Kotgenotypisierung als Referenzmethode zumindest bei den managementrelevanteren Reproduktionsträgern weitestgehend überein. Die Automatisierung der Individuenansprache mithilfe von Software, wie sie auch zur Gesichtererkennung angewendet wird, kann in Zukunft eine erhebliche Erleichterung bringen. Derzeit befindet sich noch keine entsprechend ausgereifte Software auf dem Markt. Ausschlaggebend für die Verwendung der identifizierbaren Bockdaten für die Modellierung des weiblichen Bestandes ist die Repräsentativität der Erfassungshäufigkeiten über die gesamte Population. Ausgehend von der über beide Geschlechter gleichsam wirksamen Anziehungskraft von guter Äsung besteht kein Anlass, die Repräsentativität anzuzweifeln. Die konstante Positionierung der Kameras während der Untersuchung generiert eine individuelle Erfassungswahrscheinlichkeit für jedes Reh unabhängig von dessen Geschlecht und abhängig von dessen Raumnutzungsschwerpunkten. Insofern hat die tendenziell größere Raumnutzung der Böcke auch keinen negativen Einfluss auf die Repräsentativität der Erfassungshäufigkeiten für die gesamte Population.

Die Schätzungen des Bockbestandes bleiben hinter den Werten der Kotgenotypisierung zurück. Vor dem Hintergrund des Quasi-Ausschlusses fast der Hälfte der Bockdaten verwundert das nicht. Der Wegfall der darin inkludierten Individuen ist nicht greifbar oder nachträglich modellierbar. Einzig der kategorische Ausschluss spezieller Gruppen (Jährlinge, Gabler) aus den identifizierbaren Bockkollektiven wäre denkbar und durch Integration in die Modellierung des weiblichen Bestandes auf anderem Wege womöglich besser erfassbar. Die vorherige Markierung der Rehe mit Ohrmarken und oder Halsbändern könnte eine Reihe von Fragen beantworten, die im Zuge des Fotofallenmonitorings von Rehen aufkommen. Dies wäre die Frage nach unterschiedlichen Erfassungswahrscheinlichkeiten von Ricken gegenüber Bö-

cken. Die Frage nach der Häufigkeit von Identifizierungsfehlern auch bei konservativer Herangehensweise, denn diese sind momentan nicht zu verifizieren aus Mangel an Kontrollmarkierungen, die Frage nach der sicheren Verwendbarkeit des Bildverhältnisses als Geschlechterverhältnis, unabhängig von jedweder Individuen Identifizierung . Teilweise erscheinen diese Fragen indirekt beantwortet, da die Ergebnisse sehr gut zur den Referenzergebnissen der Genotypisierung passen. Jedoch bleibt das Risiko eines lediglich erfreulichen Zufallstreffers bestehen. Die Schätzgenauigkeit beim weiblichen Bestand ist mit ca. $\pm 38\%$ deutlich unpräziser als die Referenzmethode Kotgenotypisierung.

Die Herleitung der Fläche für die Dichtebestimmung mittels der Pufferung (MMDM-Puffer;(DICE 1938, 1941)) des Untersuchungsgebietes ist eine beliebte Ad hoc-Methode mit geringer theoretischer Rechtfertigung (WILLIAMS et al. 2002)). Ergebnisse sind aufgrund veränderlicher Puffergrößen schwer untereinander zu vergleichen. Die zukünftige Verwendung von „spatially explicit CMR Modellen“ (EFFORT & FEWSTER 2012) bietet diese Vergleichbarkeit. Im Fall der Rehwilddaten wären vor einer naiven Verwendung der SECR Methode (GARDNER et al. 2009, CHANDLER & ROYLE 2013) für den weiblichen Bestand zunächst die bereits aufgetretenen Fragen zu beantworten. Die durchdachte Anwendung der Dichteschätzung mittels gepuffertem Untersuchungsgebiets auf Basis des MMDM zeigt durchaus fast gleichwertige Schätzungen wie die Anwendung des SECR R-Paketes. Dies zeigt sich beispielsweise bei der Anwendung beider Methoden bei der genetischen Untersuchung in diesem Projekt (EBERT et al. in prep.).

Vorteile	Nachteile
<ul style="list-style-type: none"> • transparente, reproduzierbare Bestandsschätzungen • tages-, wetter- und gebietsunabhängig • Projektkosten (ca. 1,15 - 2,30 €/ha) • artübergreifendes Monitoring möglich • Kontrolle von Managementmaßnahmen • Partizipationsmöglichkeit als FF-BetreuerIN • 24h Beobachtung 	<ul style="list-style-type: none"> • große Datenmengen, zeitintensive Auswertung • Einschränkungen durch Datenschutzvorgaben, Anwendung u.U. auf wissenschaftliche Zwecke begrenzt • nachts größere Übersehraten • anfällig für Diebstahl und Vandalismus • lange Datenerhebung • Praktikabilität abhängig vom Wegenetz

7.2 Tabelle: Methodenvergleich

	Grundlage	Datenaquise		Reproduzierbarkeit	Auswertung/Statistik		Aussage	Kosten	Zusammenfassung
	Stichprobeverfahren (repräsentative Stichprobe) Schätzung des Bestandes Schätzung der Dichte Tierarten Flächeneignung	Studiendesign Durchführung		Wiederholungsgüte von Datenaquise bis Auswertung	Aufwand Fehlerrechnung			ungefähre Kosten in Euro pro Hektar	Take-home-Message
		Pro	Contra		Pro	Contra			
Methode									
Scheinwerfertaxation	Erfassung möglichst vieler Tiere; kein direkter Flächenbezug; v.a. Rothirsch; kann von Laien durchgeführt werden	einfach; sehr gute lokale Einbeziehung; hohe Akzeptanz	Wegenetz erforderlich; Störung durch Fahrzeug auf den Wegen; Gefahr von Mehrfachzählungen; viele Beobachter (Fehler schwer einschätzbar); Nachterfassung	Abhängigkeit von Qualifikation und Motivation der Zählenden	geringer Aufwand und direkt verfügbar; Erfahrungswerte für Erfassungsraten verfügbar	keine Fehlerrechnung; angenommene Entdeckungswahr- scheinlichkeit begrenzt übertragbar	Mindestbestand; relativ genaue Bestandseinschätzung des weiblichen Wildes; (eingeschränkt) Alterstruktur	0,5 - 1,3 €/ha	einfache Methode (durchführbar auch von lokalen Akteuren); ideal als Zeitreihe; für Rothirsch geeignet
IR-Distance Sampling	Stichprobenverfahren; Dichteschätzung; genauer Flächenbezug; Reh, Rothirsch, andere Arten (geringe Zusatzkosten); Fachkenntnis notwendig	einfache Durchführung; digitale Datenaufnahme; relativ große Flächen	Wegenetz erforderlich (repräsentatives Studiendesign); Störung durch Fahrzeug auf den Wegen; bei geringer zu erwartender Bestandsdichte höherer Aufwand; Nachterfassung	Reproduzierbarkeit der Auswertung wissenschaftlich erprobt; digitale Datenaufnahme; geringer beobachter- abhängiger Fehler	nachvollziehbar; Fehlerrechnung etabliert; verschiedene Modelle möglich (CD vs. MCDS vs. DSM)	mittlerer Aufwand; Modellabhängigkeit von Covariablen/Habitat-daten	Populationsdichte und - verteilung (Nacht)	1 - 3 €/ha (je nach Flächengröße und Aufwand)	wissenschaftlich etabliert; gute Genauigkeit (inkl. Fehlerrechnung); Zusatzinformationen (andere Wildarten)
Befliegung	Stichprobenverfahren oder Volluntersuchung; Dichteschätzung genauer Flächenbezug; Rothirsch, Damhirsch, bedingt andere Arten; Fachkenntnis notwendig	zufällige/repräsentative Transektlegerung möglich; kein Wegenetz erforderlich; keine Störung; digitale Datenaufnahme; große Fläche in kurzer Zeit	bei geringer zu erwartender Bestandsdichte höherer Aufwand; wetterabhängig; Tagerfassung	Reproduzierbarkeit der Datenaufnahme witterungsabhängig; Reproduzierbarkeit der Auswertung; digitale Datenaufnahme; geringer beobachter- abhängiger Fehler	nachvollziehbar; aufgrund repräsentativer Datenaufnahme ist zukünftig Statistik denkbar	noch keine Fehlerrechnung etabliert; hoher Aufwand	Populationsdichte und -verteilung (Tag)	ca. 1,6 €/ha (Stichprobenerfassung) - 5 €/ha (Vollaufnahme)	ideal für unzugängliches Gelände; keine Störung; für Rot- und Damhirsch geeignet
Genotypisierung (capture-recapture)	Schätzung des Bestandes; verschiedene Arten, allerdings steigen die Kosten mit jeder Art; Flächenbezug über SECR; Fachkenntnis notwendig	kein Wegenetz erforderlich; lokale Einbeziehung; geringe Wetterabhängigkeit	je höher die Dichte desto höher der Aufwand/Kosten; Störung durch einmalige Probensammlung im Gebiet	Reproduzierbarkeit der Auswertung wissenschaftlich erprobt; digitale Datenaufnahme inkl. Rückstellproben	nachvollziehbar; Kontrolle möglich (Rückstellproben); Fehlerrechnung etabliert	hoher Aufwand	Populationsgröße; Populationsdichte (Bezugsraum-herleitung komplex, SECR ggf. Lösung); Populationsverteilung; Geschlechterverhältnis	4 - 6 €/ha	recht genau und wissenschaftlich etabliert; geeignetes Kalibrierungsinstrument für andere Methoden; Zusatzinformationen (Geschlechterverhältnis)
Fotofallenmonitoring (capture-recapture)	Schätzung des Bestandes; artübergreifend, für Dichteschätzung jedoch Individualmerkmale (Geweih, Fellmuster) notwendig; Flächenbezug über SECR; Fachkenntnis notwendig; Flächengröße von Anzahl der Fotofallen abhängig	Gebiets-, Wetter- und Tagesunabhängigkeit; einfache Laieneinbindung; Fotofallen-Verteilung systematisch, zufällig oder für größere Untersuchungsgebiete in Clustern; 24h Überwachung; störungsarm	Mindestfalldichte als limitierender Faktor der Untersuchungsgebiets-größe; Störung durch Aufstellen/Kontrolle der Fotofallenstandorte; Praktikabilität abhängig von Datenschutzauflagen und Wegenetzdichte; umweltabhängige Bildqualität	Reproduzierbarkeit der Auswertung wissenschaftlich erprobt; digitale Datenaufnahme; Fotofallenabhängiger Fehler	Bilddaten, Fotofallenstandort, Datum für jeden überprüfbar; Fehlerrechnung etabliert	hoher Aufwand; Individualerkennung (Anteil verwendbarer Bilder, Fehlidentifikation); Abhängigkeit von Zeitpunkt (z.B. Bastgeweihe im April) und Fallenstandorten (Äsungsangebot vs. Datenschutzvorgaben)	Populationsgröße; Populationsdichte (Bezugsraum-herleitung komplex, SECR ggf. Lösung); (eingeschränkt) Geschlechterverhältnis	1,15-2,3 €/ha	für solitär-lebende Arten; Individualerkennung notwendig; Zusatzinformationen (Monitoring von Krankheiten und Neozoen- Ausbreitung); teilweise durchführbar von lokalen Akteuren (Datenschutzvorgaben)

8 Literatur

- AMMER C, VOR T, KNOKE T, WAGNER S (2010): Der Wald-Wild-Konflikt. Göttinger Forstwissenschaften, 5, Universitätsverlag Göttingen, Göttingen.
- BEHRENDT A (2000): Naturschutzgroßprojekt Bienwald und Randbereiche. Voruntersuchungen zur Erstellung eines Pflege- und Entwicklungsplanes. Universität Koblenz-Landau Koblenz.
- BORCHERS DL, BUCKLAND ST, ZUCCHINI W (2002): Estimating Animal Abundance: Closed Populations. Statistics for Biology and Health. Springer Verlag, London.
- BRINKMAN TJ, PERSON DK, CHAPIN III FS, SMITH W, HUNDERTMARK KJ (2011): Estimating abundance of Sitka black-tailed deer using DNA from fecal pellets. Journal of Wildlife Management 75, 232-242.
- BROQUET T, PETIT E (2004): Quantifying genotyping errors in noninvasive population genetics. Molecular Ecology 13, 3601-3608.
- BUCKLAND ST, ANDERSON DR, BURNHAM KP, BORCHERS DL, THOMAS L (2004): Advanced Distance Sampling - Estimating abundance of biological populations., Oxford University Press, Oxford.
- BUCKLAND ST, ANDERSON DR, BURNHAM KP, LAAKE JL, BORCHERS DL, THOMAS L (2001): Introduction to distance sampling: estimating abundance of biological populations. Oxford University Press.
- CHANDLER RB, ROYLE AJ (2013): Spatially explicit models for inference about density in unmarked or partially marked populations. Annals of Applied Statistics 7 (2), 936-954.
- CLUTTON-BROCK TH, MCLONERGAN ME (1994): Culling regimes and sex ratio biases in highland red deer. J Appl Ecol 31, 521-527.
- COLLIER BA, DITCHKOFF SS, RUTH CR, RAGLIN JB (2013): Spotlight surveys for white-tailed deer: Monitoring panacea or exercise in futility? The Journal of Wildlife Management 77 (1), 165-171.
- CURTIS PD, BOLDGIV B, MATTISON PM, BOULANGER JR (2009): Estimating deer abundance in suburban areas with infrared-triggered cameras. Human-Wildlife Conflicts 3 (1), 116-128.
- DANIELS MJ (2006a): Estimating red deer (*Cervus elaphus*) populations: an analysis of variation and cost-effectiveness of counting methods. Mammal Review 36 (3), 235-247.
- DANIELS MJ (2006b): Estimating red deer (*Cervus elaphus*) populations: an analysis of variation and cost-effectiveness of counting methods. Mammal Review 36 (3), 235-247.
- DEUKER C, FRANKE U (2015): ESAI – ESTimator for Aerial Imagery. Density estimation for Wildlife Monitoring using vertical imagery in aerial field research. ScienceSocial.net; S2n15-05-01; <http://sciencesocial.net/pages/archive.html>.
- DICE LR (1938): Some census methods for mammals. J Wildlife Manage 2, 119-130.
- DICE LR (1941): Methods for estimating populations of mammals. J Wildlife Manage 5, 398-407.
- EBERT C, SANDRINI J, SPIELBERGER B, THIELE B, HOHMANN U (2012): Non-invasive genetic approaches for estimation of ungulate population size: a study on roe deer (*Capreolus capreolus*) based on faeces. Animal Biodiversity and Conservation 35, 267-275.
- EFFORD MG (2004): Density estimation in live-trapping studies. Oikos 106, 598-610.
- EFFORD MG, DAWSON D, ROBBINS C (2004): DENSITY: software for analysing capture-recapture data from passive detector arrays. Animal Biodiversity and Conservation 27, 217-228.

- EFFORD MG, FEWSTER RLM (2012): Estimating population size by spatially explicit capture-recapture. *Oikos*, online first.
- FAWF (2012): Jahresbericht 2012, Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz, Trippstadt, 46 S.
- FAWF (2013): Jahresbericht 2013, Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz, Trippstadt, 48 S.
- FISCHER A, WOTSCHIKOWSKY U (2004): Wald und Schalenwild in den Isarauen : waldökologisch-wildbiologisches Gutachten für das Rotwildgebiet Isarauen. Forstliche Forschungsberichte Muenchen 197, Technischen Universität München, Freising. 109 S.
- FLORAWEB (2012): <http://www.floraweb.de/vegetation/pnv/index.html>. Stand: 08.08.2012.
- FORD AT, CLEVENGER AP, BENNETT A (2009): Comparison of Methods of Monitoring Wildlife Crossing-Structures on Highways. *Wildlife Management* 73, 1213-1222.
- FRANKE U (2004): Technische Erprobung der artspezifischen und quantitativen Erfassung von Schalenwild durch kostengünstige, luftgestützte IR-Aufnahmesysteme aus Leichtflugzeugen. Diplomarbeit. FH Bingen 56 S. S.
- FRANKE U, GOLL B, U. H, M. H (2012): Aerial ungulate surveys with a combination of infrared and high-resolution natural colour images. *Animal Biodiversity and Conservation* 35.2.
- GARDNER B, ROYLE JA, WEGAN MT (2009): Hierarchical models for estimating density from DNA mark-recapture studies. *Ecology* 90 (4), 1106-1115.
- GIMAN B, STUEBING R, MEGUM N, MCSHEA WJ, STEWART CM (2007): A Camera Trapping Inventory for Mammals in a Mixed Use Planted Forest in Sarawak. *The Raffles Bulletin of Zoology* 55 (1), 209-215.
- HETTICH U, HOHMANN U (2014): Scheinwerfertaxationen zur Erfassung von Rothirschen im Rotwildbewirtschaftungsbezirk Hochwald, Rheinland-Pfalz. Ermittlung des Mindestbestandes im Frühjahr 2014 (Vierte Zählung). Unveröffentlicht.
- HEWISON AJM, VINCENT J-P, REBY D (1998): Social organisation of European roe deer. . *The European roe deer: the Biology of Success*. Oslo, Aschehoug Scandinavian University Press. 376.
- IHAKA R, GENTLEMAN R (1996): R: A Language for Data Analysis and Graphics. *Journal of Computational and Graphical Statistics* 5 (3), 299-314.
- JACKSON RM, ROE JD, WANGCHUK R, HUNTER DO (2006): Estimating Snow Leopard Population Abundance Using Photography and Capture-Recapture Techniques. *Wildlife Society Bulletin* 34 (3), 772-781.
- JACOBSON HA, KROLL JC, BROWNING RW, KOERTH BH, CONWAY M (1997): Infrared-triggered cameras for censusing white-tailed deer. *Wildlife Society Bulletin* 25, 547-556.
- KARANTH KU, NICHOLS JD (1998): Estimation of tiger densities in India using photographic captures and recaptures. *Ecology* 79 (8), 2852-2862.
- KASSEL R, BÜCKING M, JOCHUM M (2005): Verbiss- und Schälsituation in Rheinland-Pfalz. *Öko Jagd – Magazin des ökologischen Jagdverbandes* 9 (4), 18-23.
- LDN (2015): Orientierungshilfe "Videoüberwachung mit Wildkameras".
- LIEDKE H, MARCINEK J (2002): *Physische Geographie Deutschlands*. Klett-Perthes, Gotha.
- LUKACS PM, BURNHAM KP (2005): Estimating population size from DNA-based closed capture-recapture data incorporating genotyping error. *Journal of Wildlife Management* 69, 396-403.
- LÜTKEPOHL M, PRÜTER J (2000): *Die Vögel im Naturschutzgebiet Lüneburger Heide*. Verlag H.M. Hauschild GmbH, Bremen.

- MCCLINTOCK B (2011): Mark-resight models. In: COOCH EG, GC WHITE (Hrsg.). A gentle introduction to program MARK. Ithaca, New York, USA. 1-34.
- MILLER CR, JOYCE P, WAITS LP (2005): A new method for estimating the size of small populations from genetic mark-recapture data. *Molecular Ecology* 14, 1999 - 2005.
- MILLER DL, REXSTAD E, BURT L, BRAVINGTON MV, HEDLEY S (2015): Density Surface Modelling of Distance Sampling Data. CRAN.
- MOWAT G, STROBECK C (2000): Estimating Population Size of Grizzly Bears Using Hair Capture, DNA Profiling, and Mark-Recapture Analysis. *The Journal of Wildlife Management* 64, 183-193.
- PEGEL M, THOR G (2000): Rehwildprojekt Borgerhau. Wildforschung in Baden-Württemberg Band 5, Projektbericht der Staatliche Lehr- und Versuchsanstalt für Viehhaltung und Grünlandwirtschaft Aulendorf.
- PETIT E, VALIÈRE N (2006): Estimating population size with noninvasive capture-mark-recapture data. *Conservation Biology* 20, 1062-1073.
- PRÜTER J, WÜBBENHORST J (2004): Zur Situation des Birkhuhns (*Tetrao tetrix*) im Naturschutzgebiet Lüneburger Heide Jahrbuch des Naturwissenschaftlichen Vereins für das Fürstentum Lüneburg 43, 73-82.
- PUECHMAILLE SJ, PETIT E (2007): Empirical evaluation of non-invasive capture-mark-recapture estimation of population size based on a single sampling session. *J Appl Ecol* 44 (843-852).
- ROWCLIFFE JM, CARBONE C (2008): Surveys using camera traps: are we looking to a brighter future? , 11. *Animal Conservation*.
- ROWCLIFFE JM, FIELD J, TURVEY ST, CARBONE C (2008): Estimating animal density using camera traps without the need for individual recognition. *Journal of Applied Ecology* 45 (4), 1228-1236.
- ROYLE JA, MAGOUN AJ, GARDNER B, VALKENBURG P, LOWELL RE (2011): Density Estimation in a Wolverine Population Using Spatial Capture-Recapture Models. *Journal of Wildlife Management* 75 (3), 604-611.
- ROYLE JA, YOUNG KV (2008): A hierarchical model for spatial capture-recapture data. *Ecology* 89, 2281-2289.
- SANDFORT R (2009): Estimating ibex abundance from photographic sampling. BOKU-Universität für Bodenkultur, Wien.
- SANDFORT R, HACKLÄNDER K (2011): Camera trapping roe deer - the influence of intraspecific variation on photographic captures. *Mammal Biology* 76S.
- SEEDORF HH, MEYER H-H (1992): Landeskunde Niedersachsen. Natur- und Kulturgeschichte eines Bundeslandes. Band 1: Historische Grundlagen und naturräumliche Ausstattung., Karl Wachholtz Verlag, Neumünster.
- SIMON O (2015): Scheinwerfertaxationen zur Erfassung von Rotwild in der Rotwild-Hegegemeinschaft Soonwald im Vorderen Hunsrück, Rheinland-Pfalz Ermittlung des Mindestbestandes im Frühjahr 2015. Unveröffentlichter Bericht des Instituts für Naturbildung und Tierökologie im Auftrag der Rotwildhegegemeinschaft Soonwald, 34 S.
- SMART JCR, WARD AI, WHITE PCL (2004): Monitoring woodland deer populations in the UK: an imprecise science. *Mammal Review* 34, 99-114.
- SOONWALD R (2015): Methodik-Scheinwerfertaxation - Stand-01_2015. Pdf-Dokument (URL: rhg-soonwald.de/wp-content/uploads/2015/03/Methodik-Scheinwerfertaxation_Stand-01_2015.pdf).
- TABERLET P, WAITS LP, LUIKART G (1999): Non-invasive genetic sampling: look before you leap. *Trends in Ecology and Evolution* 14, 323-327.
- TIOLI S, CAGNACCI F, STRADIOTTO A, RIZZOLI A (2009): Edge effect in density estimates of a radiotracked population of yellow-necked mice. *J Wildlife Manage* 73 (184-190).

- VALIÈRE N (2002): GIMLET: a computer program for analysing genetic individual identification data. *Mol Ecol Notes* 2, 377-379.
- VALIÈRE N, BONENFANT C, TOIGO C, LUIKART G, GAILLARD J-M, KLEIN F (2006): Importance of a pilot study for non-invasive genetic sampling: genotyping errors and population size estimation in red deer. *Conservation Genetics* 8, 69-78.
- WANG SW, MACDONALD DW (2009): The use of camera traps for estimating tiger and leopard populations in the high altitude mountains of Bhutan. *Biological Conservation* 142 (3), 606-613.
- WHITE GC, BURNHAM KP (1999): Program MARK: Survival estimation from populations of marked animals. *Bird Study* 46 120-138.
- WILLIAMS BK, NICHOLS JD, CONROY MJ (2002): Analysis and management of animal populations: modelling, estimation, and decision making., Academic Press, San Diego, California, USA. .
- WILMES F (2010): Experimentelle Bestimmung von Detektionswahrscheinlichkeiten bei Großsäugern unter Waldvegetation mit Hilfe luftgestützter IR-Systeme. Diplomarbeit. Hochschule Weihenstephan-Triesdorf 49 S. S.
- WOODS JG, PAETKAU D, LEWIS D, MCLELLAN BN, PROCTOR M, STROBECK C (1999): Genetic tagging of free-ranging black and brown bears. *Wildlife Society Bulletin* 27, 616-627.
- ZIMMERMANN F, BREITENMOSE U (2007): Potential distribution and population size of the Eurasian lynx *Lynx lynx* in the Jura Mountains and possible corridors to adjacent ranges. *Wildlife Biology* 13 (4), 406-416.

