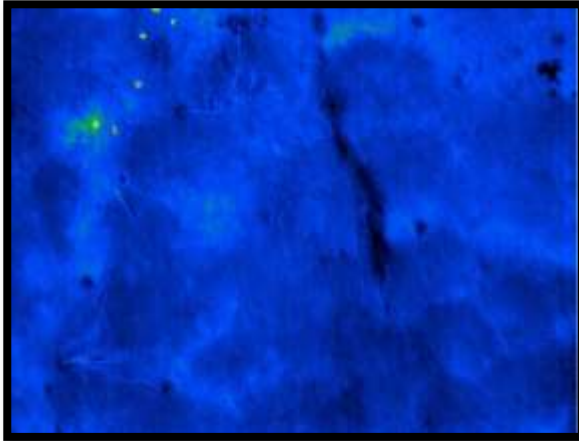


Rotwildmonitoring mittels IR-VIS Befliegungen und Genotypisierung von Lösungsproben im Reinhardswald im Frühjahr 2020



Auftraggeber:

Rotwildhegegemeinschaft Reinhardswald
Obere Kasseler Str. 27
D-34359 Reinhardshagen

Gefördert durch:

Hessisches Ministerium für Umwelt, Klimaschutz, Landwirtschaft und
Verbraucherschutz
Postfach 3109
D-65021 Wiesbaden

Auftragnehmer:

Wildlifemonitoring
by aerosense
Ludwigstraße 80
67483 Edesheim
Tel.: +49 (0)6323-9869680
Mobil: +49 (0)176-64180883
info@wildlifemonitoring.eu
www.wildlifemonitoring.eu



Bearbeiter: Ulrich Franke
Dr. Cornelia Ebert

Edesheim, Juli 2021

Inhaltsverzeichnis

1	Zusammenfassung	4
2	Ziel des Projektes	5
3	Standardisierte IR-VIS-Befliegung	6
3.1	Auswertung	7
3.2	Ergebnisse der Befliegung vom 31. März 2020	9
3.3	Ergebnisse der Befliegung vom 2. April 2020	11
3.4	Ergebnisse der Befliegung vom 3. April 2020	12
3.5	Weißes Rotwild	13
4	Genotypisierung.....	15
4.1	Methoden	15
4.2	Ergebnisse	15
5	Diskussion	18
5.1	Die Entdeckungswahrscheinlichkeit	18
5.2	Dichte- und Bestandsschätzung Rothirsch	19
5.3	Weißes Rotwild	22
5.4	Genotypisierung	22
5.5	Vergleich der Befliegung mit der Genotypisierung für das Wildschutzgebiet.....	24
5.6	Abschätzung des Zuwachses	25
6	Abschlussarbeiten und weiterer Forschungsbedarf.....	26
7	Literatur	27
8	Anlage	28

1 Zusammenfassung

Die Befliegungen wie auch die Losungssammlungen konnten im Frühjahr 2020 trotz den Corona-Bedingungen erfolgreich durchgeführt werden.

Für die ca. 19.000 Hektar große beflogene Fläche wurde eine mittlere Rothwildichte für das Frühjahr 2020 von 2,7 Tieren pro 100 Hektar beflogener Fläche ermittelt. Die zur Dichteschätzung verwendete Entdeckungswahrscheinlichkeit von 82% ist relativ groß, sodass der Zählanteil groß und der Schätzanteil klein ist.

Es gibt Verbreitungsschwerpunkte im zentralen Bereich des Untersuchungsgebietes, wobei sich die Dichten zwischen den drei Befliegungen nur relativ gering unterscheiden. Die Rothirschdichte für das Wildschutzgebiet liegt mit 2,4 Tieren / 100 ha nur geringfügig unter der mittleren Dichteschätzung für das gesamte Untersuchungsgebiet. Beim Flug am 31. März 2020 wurde im zentralen Bereich des Untersuchungsgebietes mit 3,5 Tieren / 100 ha die höchste Rothirschdichte ermittelt.

Mit der mittleren Rothirschdichte von 2,7 Tieren / 100 ha und der ca. 19.000 ha beflogenen Fläche wird ein Frühjahrsbestand 2020 von 513 Rothirschen geschätzt.

Die Dokumentation der weißen Rothirsche funktioniert mit den Luftbilddaten gut. Bei den drei Erfassungsflügen schwankten die Anteile weißer Tiere zwischen 6% und 53% sehr stark. Die meisten weißen Tiere wurden im Frühjahr 2020 im zentralen Bereich des Untersuchungsgebietes erfasst, wohingegen im Norden und Süden keine Tiere dieser Farbvariation anzutreffen waren.

400 Losungsproben wurden im Labor Seq-IT in Kaiserslautern analysiert. Davon waren 347 Proben auswertbar, was einer überdurchschnittlichen Erfolgsquote von 86% entspricht. Die 347 Proben teilen sich auf 178 Individuen (49 männlich, 124 weiblich und 5 nicht auswertbar) auf. Da das Geschlechterverhältnis der Stichprobe nicht dem tatsächlichen GV in der Population entsprechen muss, wurde eine geschlechtsspezifische Bestandsschätzung über eine Fang-Wiederfang-Modellierung durchgeführt. Mit dieser Modellierung wird das Geschlechterverhältnis auf 1 : 1,8 männliche zu weibliche Tiere geschätzt. Für das Frühjahr 2020 entsprächen dies 330 weibliche und 183 männliche Tiere im Untersuchungsgebiet.

Bei einer angenommenen Reproduktionsrate von 90% des weiblichen Wildes wäre mit einem Zuwachs von 297 Tieren zu rechnen. Bei 80% wären es 264 Tiere.

Um den jagdlich nutzbaren Zuwachs zu beurteilen ist allerdings das gesamte dynamische System mit Reproduktionsraten, natürliche Mortalität und Zu- und Abwanderung zu berücksichtigen.

Hierzu sollen weitere Forschungsarbeiten wertvolle Erkenntnisse liefern

2 Ziel des Projektes

Ziel des Projektes war die Schätzung der Rotwildldichte im Reinhardswald durch standardisierte Befliegungen mit einer Kombination von Wärmebildtechnik und Echtfarbaufnahmen (IR - VIS Befliegungen). Weiterhin sollte das Geschlechterverhältnis (GV) mittels Genotypisierung von Rotwildlosung untersucht werden. Auf Grund der Erfahrungen der letzten Jahre war klar, dass das Geschlechterverhältnis der Stichprobe nicht unbedingt dem tatsächlichen GV der Population entsprechen muss, sodass dieser Themenbereich einen größeren Forschungscharakter aufwies. Deswegen wurde auch angedacht für diesen Themenkomplex eine Abschlussarbeit zu vergeben.

Eine Besonderheit im Reinhardswald stellt das weiße Rotwild dar. Dieser Phänotyp wurde von der Universität Gießen bereits genauer untersucht (Reiner, et al., 2020). Es sollte überprüft werden, ob der Anteil weißen Rotwilds mittels IR-VIS Befliegung geschätzt werden kann.

3 Standardisierte IR-VIS-Befliegung

Bei dieser Beprobung wird das Untersuchungsgebiet in parallel laufende Flugrouten befliegen. Diese lassen sich flexibel über das gesamte Untersuchungsgebiet legen und haben bei dieser Untersuchung einen Abstand von ca. 300 Metern.

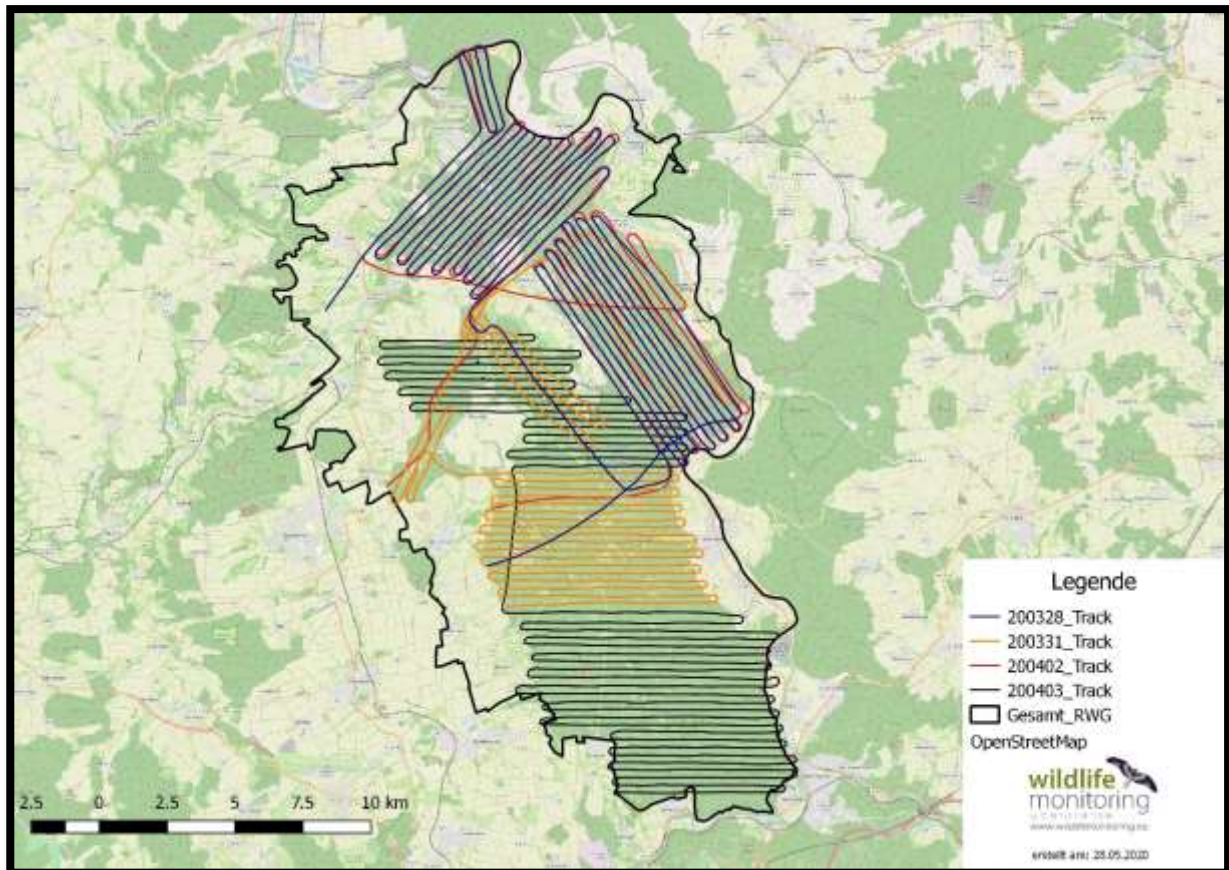


Abbildung 1: Tatsächliche Flugrouten der vier durchgeführten Erfassungsflüge.

Zwischen dem 28. März und 3. April 2020 wurden über dem Untersuchungsgebiet Reinhardswald 4 Flüge mit über 1.000 km Transektlänge durchgeführt.

Ein gekoppeltes Kamerasystem, welches aus einer Wärmebildkamera (Jenoptic 1024*768 Pixel) und einer hochauflösenden visuellen Kamera (Sony ILCE 7R mit 42 MP) besteht, ist im Flugzeug so montiert, dass es senkrecht nach unten schaut. Die Wärmebildtechnik ist vor allem für die Detektion der Tiere verantwortlich, wohingegen die hochauflösenden visuellen Aufnahmen für die Verifikation und die artspezifische Ansprache genutzt werden. Der Pilot fliegt standardisiert die Strecke ab, ohne als Beobachter zu fungieren. Das computergestützt arbeitende Kamerasystem speichert die Daten digital ab, sodass diese nachträglich ausgewertet werden können.

3.1 Auswertung

Die Auswertung der standardisierten Befliegung erfolgt weitestgehend manuell. Der Infrarotfilm wird oft in Zeitraffer angeschaut und bei einem potenziellen Detektionsereignis wird das visuelle Bild zum Abgleich betrachtet. Es ist enorm wichtig, dass ein IR-Film und nicht nur ein IR-Standbild vorhanden ist, da damit auch Tiere, die unter Vegetation stehen, besser detektiert werden können. Beim Überflug wird das Tier aus unterschiedlichen Perspektiven gefilmt. So ist gewährleistet, dass oft für einen kurzen Augenblick die Wärmestrahlung zum Detektor durchdringen kann. Steht ein Rothirsch zum Beispiel in Flugrichtung gesehen hinter einem Baum, so erreicht die Wärmestrahlung den Detektor oft erst, wenn sich das Flugzeug mit der Kamera genau über dem Baum befindet oder sogar schon etwas weiter geflogen ist. Das Tier wandert beim Überflug von oben nach unten durch das Bild und wird auf Grund der Abdeckung durch den Baum aber erst im unteren Teil wahrgenommen. Die Detektionsereignisse werden dokumentiert und später in einem Geoinformationssystem (GIS) verortet.

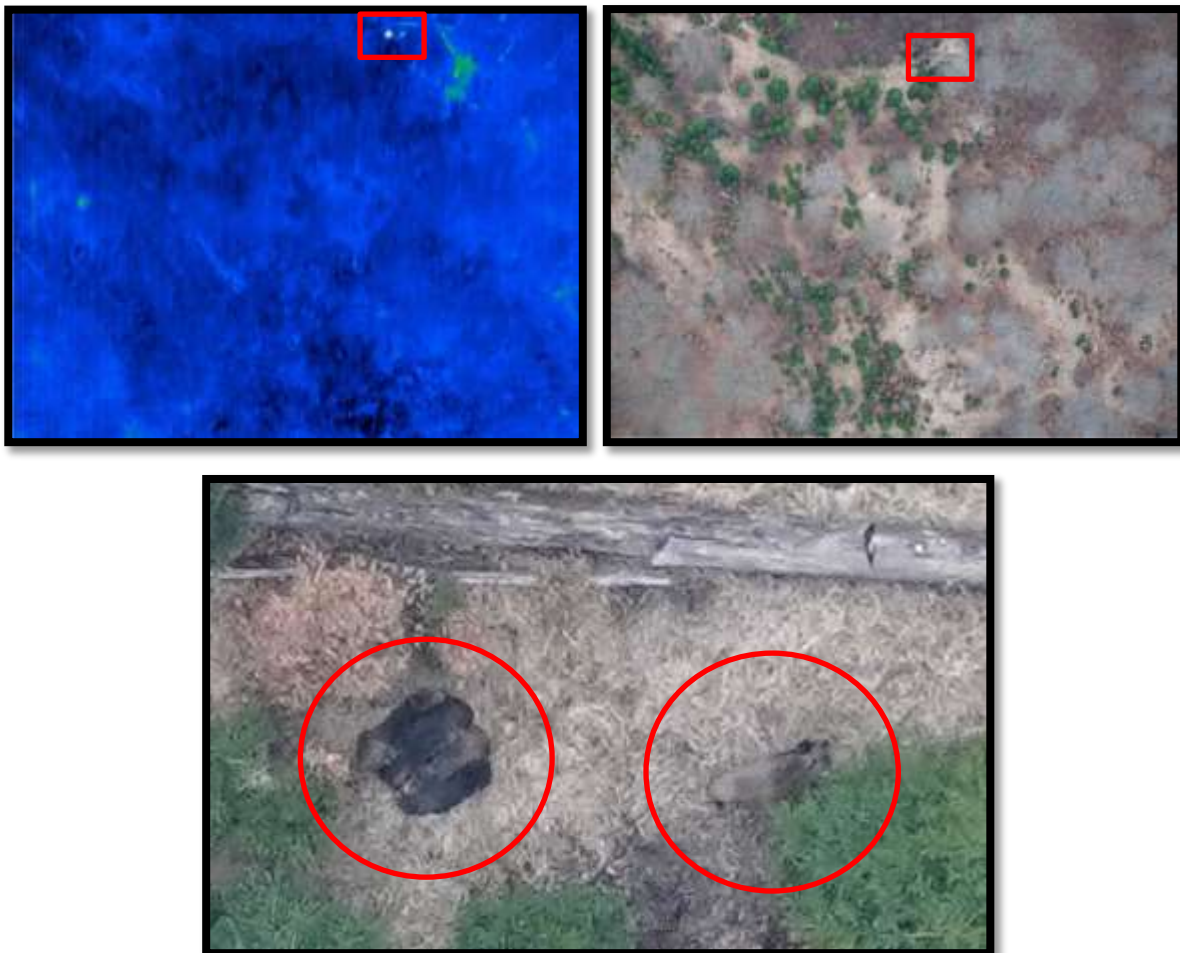


Abbildung 2 a-c: IR VIS Bildpaar und vergrößerter VIS Bildausschnitt einer Wildschweindetektion vom 03. April 2020



Abbildung 4 a-c: IR VIS Bildpaar und vergrößerter VIS Bildausschnitt von einer Rothirschdetektion am 3. April 2020.

Weiterhin konnte schon während der Flüge weißes Rotwild dokumentiert werden. Folgendes Bildbeispiel zeigt 3 weiße Tiere in einem mindestens 12 Tiere starken Rudel.

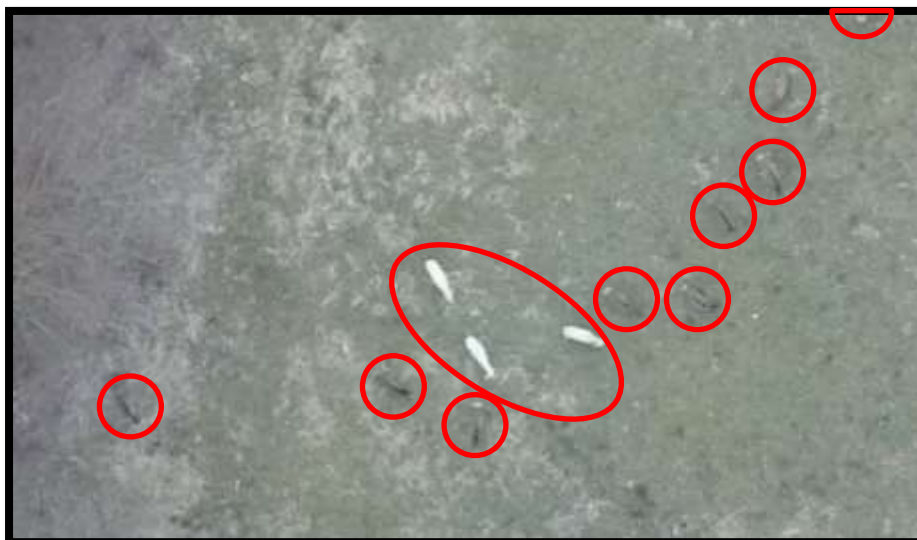


Abbildung 3: 3 weiße Tiere in einem größeren Rudel.

3.2 Ergebnisse der Befliegung vom 31. März 2020

Am 31. März 2020 wurde der mittlere Teil des Untersuchungsgebietes zwischen 12:20 und 14:10 Uhr befliegen.

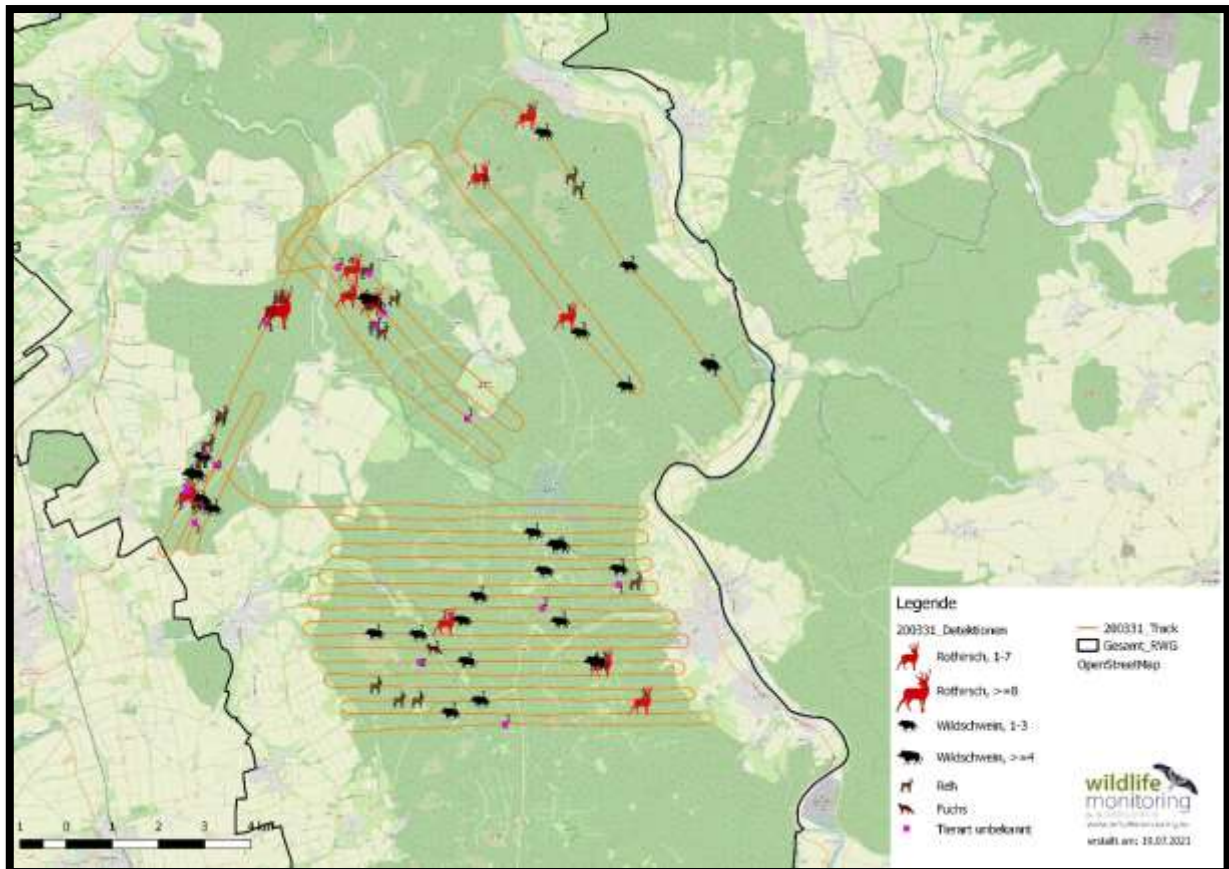


Abbildung 5: Flugroute und Detektionsereignisse vom 31. März 2020

Tabelle 1: Ergebnisse der Befliegung vom 31. März 2020

Tierart	Anzahl Tiere	Anzahl Detektionen	Ø Tiere pro Detektion
Rothirsch	42	8	5,3
Rothirsch?	5	3	1,7
Wildschwein	36	12	3,0
Wildschwein?	30	15	2,0
Reh	10	6	1,7
Reh?	20	10	2,0
Fuchs	1	1	1,0
unbestimmt	27	18	1,5
Summe	171	73	

Ist die Tierart mit Fragezeichen versehen, bedeutet dies, dass anhand des visuellen Bildes keine eindeutige artspezifische Ansprache möglich war, dass aber auf Grund von verschiedenen Informationen (IR-Signatur, VIS-Bild, Umgebung, etc.) davon ausgegangen werden kann, dass es sich um die angegebene Tierart handelt.

Die durchschnittliche Rudelgröße bei den 8 sicher angesprochenen Rothirschdetektionen beträgt 5,3 Tiere / Rudel. Das größte Rudel umfasste 23 Tiere. Es gab aber auch 3 Rothirschdetektionen mit jeweils nur einem Tier.

3.3 Ergebnisse der Befliegung vom 2. April 2020

Am 2. April wurde zwischen 11:50 und 14:11 Uhr der nördliche Teil des Untersuchungsgebietes befliegen. Zum Ende des Fluges wurden die Bedingungen

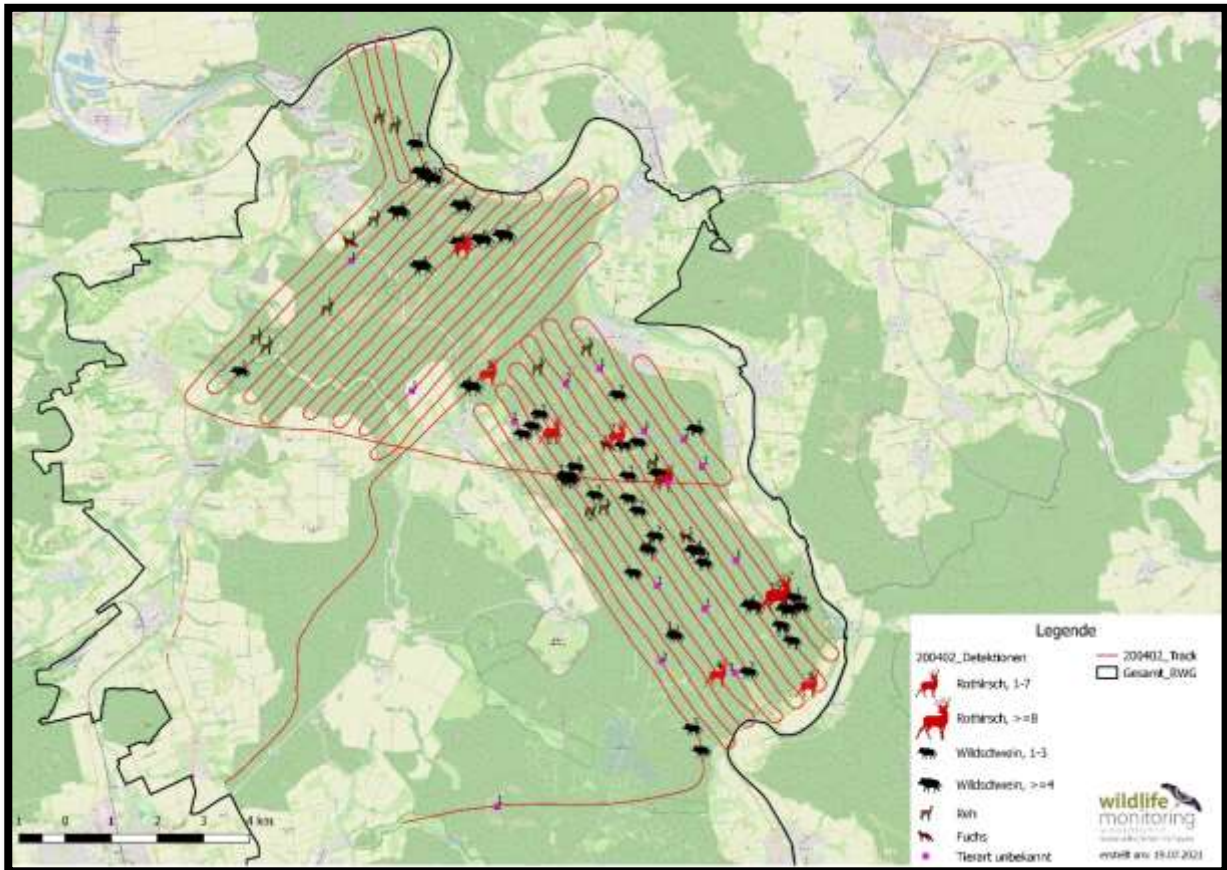


Abbildung 6: Flugroute und Detektionseignisse vom 2. April 2020.

schlechter, sodass letztendlich eine von den Kameras aufgenommene Fläche von 1.645 Hektar ausgewertet werden konnte.

Tabelle 2: Ergebnisse des Fluges vom 2. April 2020

Tierart	Anzahl Tiere	Anzahl Detektionen	Ø Tiere pro Detektion
Rothirsch	30	7	4,3
Rothirsch?	1	1	1,0
Wildschwein	116	30	3,9
Wildschwein?	21	13	1,6
Reh	8	6	1,3
Reh?	9	8	1,1
Fuchs	2	2	1,0
Fuchs?	2	2	1,0
unbestimmt	18	15	1,2
Summe	207	84	

Mit 7 Detektionsereignissen wurden 30 Rothirsche dokumentiert, was einer durchschnittlichen Rudelgröße von 4,3 Tieren pro Detektion entspricht. 1, bzw. 15 Rothirsche pro Detektionsereignis waren die jeweils kleinste, bzw. größte Anzahl Tiere pro Ereignis.

3.4 Ergebnisse der Befliegung vom 3. April 2020

Am 3. April konnte bei guten Bedingungen ein sehr langer Erfassungsflug durchgeführt werden. Zwischen 15:48 und 18:33 Uhr konnte eine Fläche von 3.264 Hektar im Süden und zentralen Bereich des Untersuchungsgebietes mit den Kameras abgesucht werden.

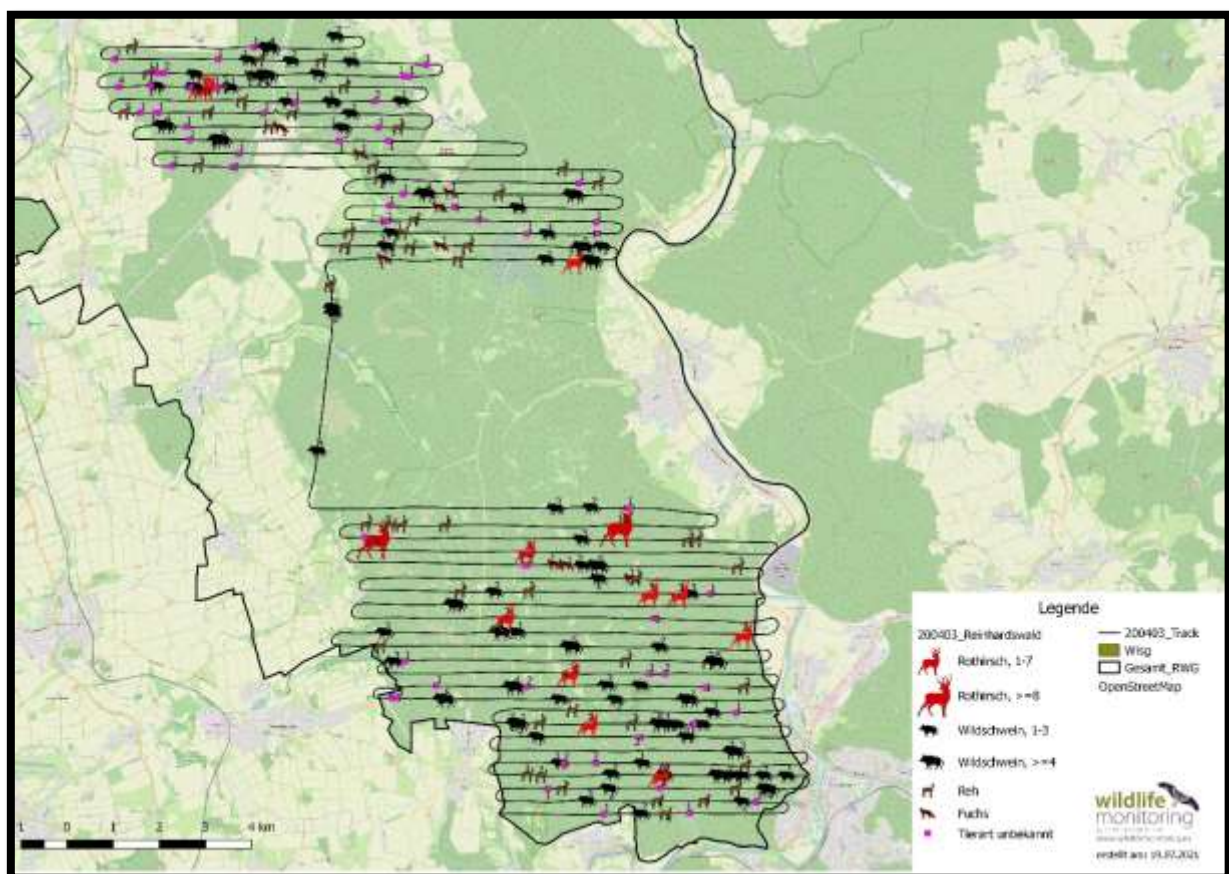


Abbildung 7: Flugroute und Detektionsereignisse vom 3. April 2020.

Tabelle 3: Ergebnisse des Fluges vom 3. April 2020

Tierart	Anzahl Tiere	Anzahl Detektionen	Ø Tiere pro Detektion
Rothirsch	55	9	6,1
Rothirsch?	10	4	2,5
Wildschwein	100	26	3,8
Wildschwein?	124	56	2,2
Reh	45	25	1,8
Reh?	45	27	1,7
Fuchs	6	6	1,0
Fuchs?	4	4	1,0
unbestimmt	88	66	1,3
Summe	477	223	

Mit 13 Detektionsereignissen konnten 65 Rothirsche (incl. Rothirsch?) dokumentiert werden. Das größte Rudel war 12 Tiere stark, das kleinste bestand aus 2 Tieren.

Weiterhin wurden mit 82 Detektionsereignissen 224 Wildschweine und mit 52 Ereignissen 90 Rehe (jeweils mit Wildschwein? und Reh?) gezählt.

Beim Wildschwein ist zu beachten, dass nur adulte Tiere erfasst wurden.

3.5 Weißes Rotwild

In den Luftbildern konnten die weißen Tiere im Normalfall sehr gut von den braunen unterschieden werden. Von den insgesamt 32 Rothirschdetektionen, waren bei 10 Ereignissen weißes Rotwild beteiligt. Die größte Anzahl weißer Tiere in einem Rudel wurde am 31. März mit der Detektion Nummer 45 dokumentiert. In dem 23 Tiere starken Rudel waren 13 Tiere weiß. Es wurden aber auch weiße Einzeltiere erfasst. Folgende Tabelle zeigt sehr deutlich, dass die meisten weißen Tiere im Zentrum des Untersuchungsgebietes am 31. März gefunden wurden.

Tabelle 4: Anteile von weißem Rotwild bei den einzelnen Erfassungsflügen.

	31. März 2020	2. April 2020	3. April 2020
Rothirsch	47	31	65
Rothirsch weiß	25	2	8
Rothirsch weiß %	53%	6%	12%

Die Abbildung 8 zeigt die geografische Verteilung der Detektionsereignisse mit weißen Tieren. Weder ganz im Norden, noch ganz im Süden des Untersuchungsgebietes wurden weiße Tiere dokumentiert.

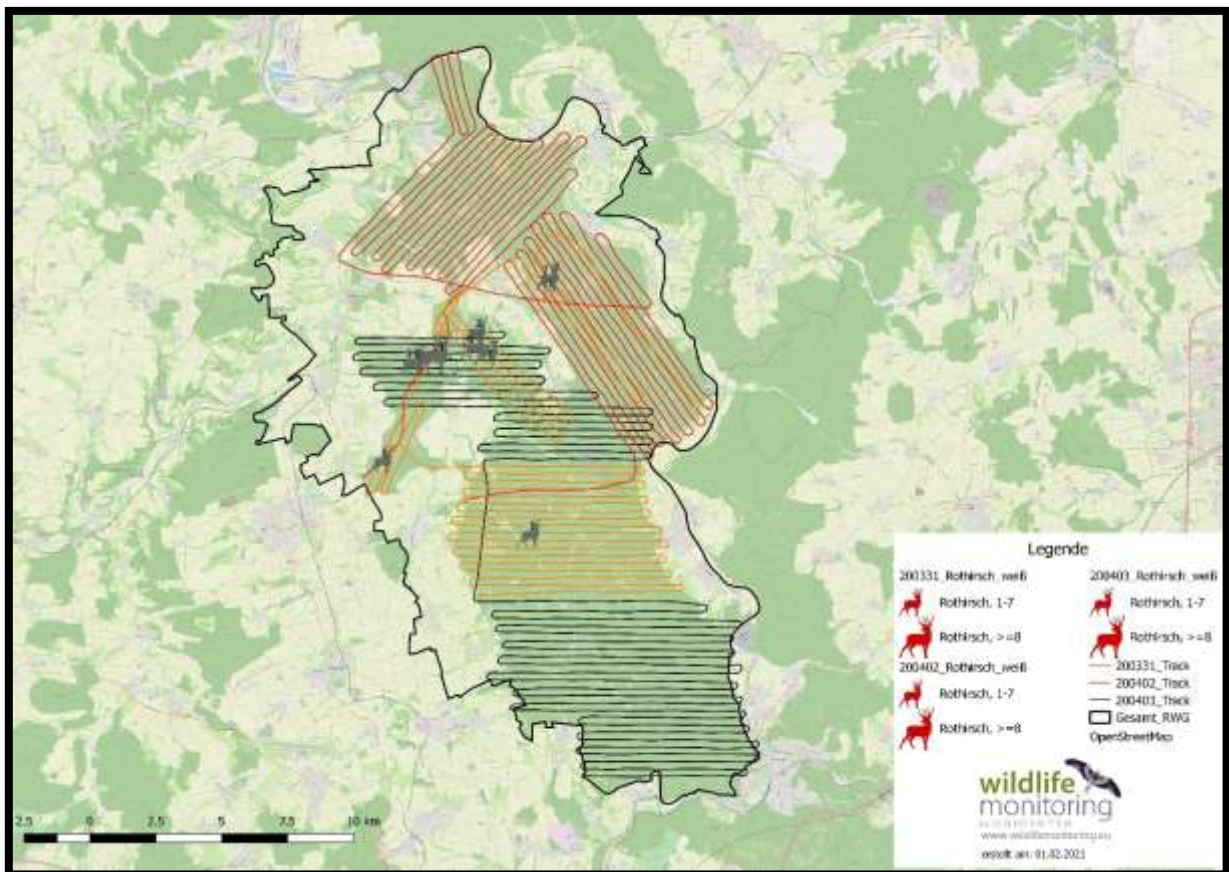


Abbildung 8: Verteilung der erfassten weißen Rothirsche im Untersuchungsgebiet.

4 Genotypisierung

4.1 Methoden

Von den zu analysierenden gesammelten Lösungsproben wird im ersten Schritt die DNA aus den einzelnen Kotproben extrahiert. Die extrahierte DNA wird mittels Multiplex-PCR vervielfältigt und zur Identifizierung einzelner Rothirsch-Individuen verwendet. Hierfür wird ein Set aus 8 Mikrosatelliten und einem weiteren Marker zur Geschlechtsbestimmung eingesetzt (Details zur Methode und den verwendeten Mikrosatelliten in Ebert et al. 2021).

Die PCR wurde jeweils in einem Doppelansatz durchgeführt, d.h. zwei Wiederholungen der PCR pro Probe. Mit den PCR-Produkten wurde anschließend im Kapillarsequenzierer eine Fragmentlängenanalyse durchgeführt. Die entstandenen Rohdaten wurden unter Verwendung der Software GENEMAPPER für jede Probe händisch ausgewertet, auf Ergebniskonsistenz hin überprüft und aus den Ergebnissen für jeden Marker und jede Probe jeweils ein Consensus-Genotyp ermittelt. Proben, deren Genotyp mit den zwei Wiederholungen nicht eindeutig auswertbar war, wurden weitere zwei Mal analysiert. Die Genotypen wurden dann mit Hilfe der Software GENECAAP miteinander verglichen und die so genannten „Matches“ bestimmt, d.h. gleiche Genotypen verschiedener Proben, die zum gleichen Individuum gehören (Mehrfacherfassungen).

Die Wiederholungen werden standardmäßig durchgeführt, um das Risiko einer Fehlzuordnung von Genotypen durch Genotypisierungsfehler (Allel-Ausfälle oder Falschallele) zu minimieren. Proben, bei denen mehr als zwei Marker komplett ausgefallen waren oder deren Ergebnisse keine eindeutige Zuordnung ermöglichten, wurden aus dem Datensatz entfernt. Bei der Suche nach „Matches“ wurden alle Probenpaare, die sich nur an einem oder an zwei Allelen unterschieden, nochmals untersucht (zunächst durch direktes Vergleichen der Rohdaten aller betroffenen Proben; im Falle bestehender Unsicherheiten ggf. durch wiederholte Analyse der Proben). Detailliertere Informationen zur Laborauswertung finden sich in Ebert et al. 2021.

Im Rahmen der Auswertung der Labor-Rohdaten werden neben den Consensus-Genotypen zusätzlich zur Validierung mit Hilfe der Software GIMLET (Valière 2002) sowohl die Probability of Identity (PID, entspricht der Wahrscheinlichkeit, dass zwei verschiedene, nicht näher verwandte Individuen an allen untersuchten Markern den gleichen Genotyp zeigen) als auch die als strengeres Maß geltende PID für Vollgeschwister (PID_{sib}) bestimmt.

4.2 Ergebnisse

Neben den Befliegungen wurde zwischen dem 10. und 25. April 2020 an sieben Tagen 458 Rothirschlösungsproben gesammelt.

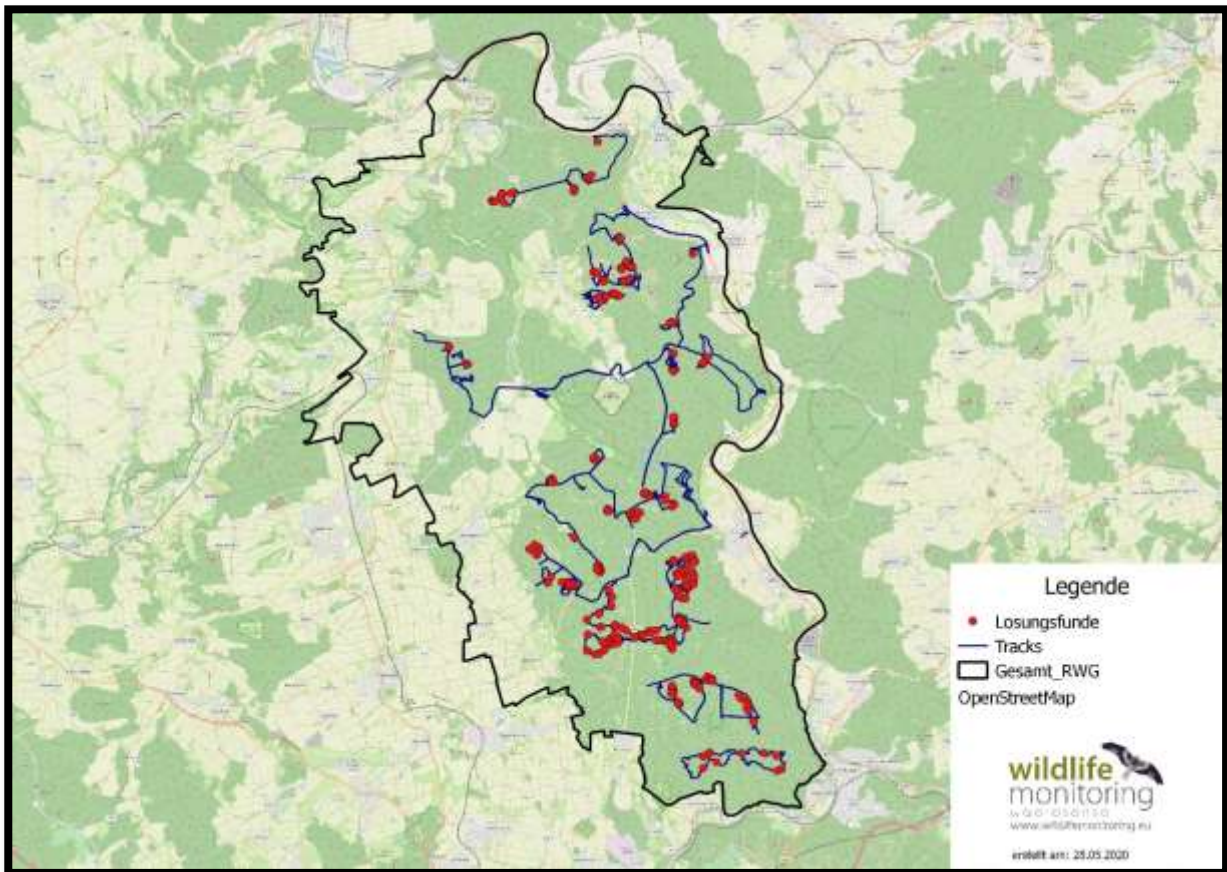


Abbildung 9: Kartografische Darstellung der Losungsfunde.

Trotz großem Beprobungsaufwand wurden nur relativ wenige Losungsproben gefunden. Auf Grund der während des Beprobungszeitraums hohen Temperaturen war unklar, wie gut die Proben im Labor zu analysieren sein würden.

Eine Teilauswertung ergab überraschenderweise eine sehr gute Auswertbarkeit, sodass daraufhin die geplanten 400 Proben im Labor Seq-IT in Kaiserslautern analysiert wurden.

Von diesen 400 analysierten Losungsproben lieferten 347 (86%) ein verwendbares Ergebnis. Es konnten 178 Individuen (49 männliche und 124 weibliche sowie 5, deren Geschlecht nicht bestimmbar war) nachgewiesen werden. Daraus resultiert ein Geschlechterverhältnis der Stichprobe von 1 : 2,5 [♂:♀].

Bei der Kotgenotypisierung ist eine Differenzierung nach Altersklassen nicht möglich. Von den 178 genetisch bekannten Individuen sind 100 Tiere nur einmal und 78 Tiere mehrfach erfasst worden, davon 33 zweimal und 45 mehr als zweimal (Maximum: zwölf Erfassungen); die Detailbetrachtung ist Tabelle 5 zu entnehmen. Somit liegt die Wiedererfassungsrate über den Gesamtdatensatz bei 44 %. Bei einer geschlechterweisen Betrachtung der Wiedererfassungsrate fällt auf, dass der weibliche Bestand mit 63 mehrfach erfassten von 124 Individuen mit 51% eine deutlich höhere Wiedererfassungsrate aufweist als der männliche Bestand mit einer Wiedererfassungsrate von 33% (bei 15 mehrfach erfassten von 49 genetisch bekannten männlichen Tieren).

Die durchschnittliche Anzahl Erfassungen pro Individuum beträgt für die Gesamtstichprobe (d.h. Daten beider Geschlechter) 1,95, bezogen auf die erfassten männlichen Individuen 1,73 und bezogen auf die erfassten weiblichen Individuen 2,06.

Tabelle 5: Erfassungshäufigkeiten des im Reinhardswald beprobten Rotwilds (Erf. = Erfassungen, Individ. = Individuen).

Anzahl	Erf.	1x	2x	3x	4x	5x	6x	7x	8x	9x	10x	11x	12x
männlich		34	7	4	2	0	1	0	0	0	0	0	1
weiblich		61	26	21	7	3	5	1	0	0	0	0	0
Geschl. unbek.		5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Anzahl Individ.		100	33	25	9	3	6	1	0	0	0	0	1

Um sicherzustellen, dass das verwendete Markerset in der untersuchten Rotwildpopulation 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 (PID_{sib}) mit Hilfe der Software GIMLET bestimmt. Die ermittelte PID betrug für die verwendete Markerkombination $5,95 \times 10^{-11}$, die PID_{sib} betrug 0,00023.

5 Diskussion

5.1 Die Entdeckungswahrscheinlichkeit

Die Wahrscheinlichkeit ein Tier zu entdecken ist besonders vom Grad der Abdeckung durch Vegetation abhängig. Um die unterschiedlichen Entdeckungswahrscheinlichkeiten besser zu berücksichtigen, wurde eine habitatspezifische (Laubwald, Nadelwald, etc.) Auswertung durchgeführt.

Folgendes Bildpaar zeigt links Laubwald mit hoher Entdeckungswahrscheinlichkeit und rechts Nadelwald mit geringer Entdeckungswahrscheinlichkeit.



Abbildung 10 a): Ereignis 22 vom 3. April 2020 mit hoher Entdeckungswahrscheinlichkeit unter Laubwald. Und b) Ereignis 101 vom 3. April mit niedriger Entdeckungswahrscheinlichkeit unter Nadelwald.

Da es bei den drei Erfassungsflügen jeweils nur relativ wenige Detektionsereignisse für Rotwild gab, wurden alle 32 Ereignisse aller Flüge zusammengefasst und eine mittlere Entdeckungswahrscheinlichkeit bestimmt.

Die angenommenen habitatspezifischen Entdeckungswahrscheinlichkeiten beruhen auf Experimenten, Gatterbefliegungen, Vergleiche mit anderen Methoden und einer langjährigen Erfahrung.

Habitatspezifische Auswertung Rothirsch

Mit 18 Detektionsereignissen fand über die Hälfte unter entlaubtem Laubwald mit einer hohen Entdeckungswahrscheinlichkeit von 85% statt.

Tabelle 6: Bestimmung der mittleren Entdeckungswahrscheinlichkeit für Rotwild bei den drei Erfassungsflügen über dem Reinhardswald.

Verteilung der 32 Rothirschdetektionen mit habitatspezifischen Entdeckungswahrscheinlichkeiten			
Habitat	P Entdeckungswahrscheinlichkeit	N Anzahl Detektionen	P*N
Offenland	1	2	2
Sukzession	0,9	4	3,6
Laubwald	0,85	18	15,3
Mischwald	0,75	3	2,25
Mischwald dicht	0,6	2	1,2
Nadelwald	0,6	3	1,8
Mittlere Entdeckungswahrscheinlichkeit ($\sum P*N$)/32:			0,82

Nach obiger Tabelle errechnet sich für den Rothirsch eine mittlere Entdeckungswahrscheinlichkeit von 82% ($P=0,82$).

5.2 Dichte- und Bestandsschätzung Rothirsch

	31.03.2020		02.04.2020		03.04.2020	
	Anzahl Tiere	Anzahl Det.	Anzahl Tiere	Anzahl Det.	Anzahl Tiere	Anzahl Det.
Rothirsch (incl.?)	47	11	31	8	65	13
Flächenbezug:	1.643 ha		1.645 ha		3.264 ha	
Entdeckungswahrscheinlichkeit p:	0,82		0,82		0,82	
Rothirschdichte (p=0,82)	3,5 Tiere/100ha		2,3 Tiere/100ha		2,4 Tiere/100ha	
Gewichtete mittlere Rothirschdichte:	2,7 Tiere/100ha					

Gewichtet man die jeweiligen Rothirschdichten mit den verschiedenen Flächenbezügen, so ergibt sich eine mittlere Rothirschdichte von 2,7 Tieren pro 100 Hektar Befliegungsgebiet.

Schätzung des Frühjahrsbestandes 2020

Die standardisierte IR – VIS Befliegung erhält in erster Linie eine Dichteschätzung als Ergebnis. Um einen Bestand zu ermitteln, muss darüber diskutiert werden, auf welche

Fläche die Ergebnisse übertragen werden können. Bei Dichte und Bestandswerten muss immer klar definiert werden, auf welche Flächen sich die Werte beziehen. Es ist ein Unterschied, ob man von 2,7 Tieren pro 100 Hektar Untersuchungsgebiet oder Wald spricht. Die für die Befliegung angegebenen Dichten beziehen sich auf die Befliegungsflächen, das heißt die Flugrouten umspannenden Polygone.

Ziehen wir nun ein Polygon um alle drei Erfassungsflüge, so ergibt sich ein Befliegungsgebiet von ca. 19.000 Hektar. Mit den Kameras haben wir bei den drei Flügen eine Fläche von 6.552 Hektar abgesucht. Damit haben wir aus dem Befliegungsgebiet eine Stichprobe von 34% gezogen. Unter der Annahme, dass die Ergebnisse repräsentativ für die gesamten Befliegungsflächen sind, wird ein Frühjahrsbestand 2020 von 513 Rothirschen geschätzt.

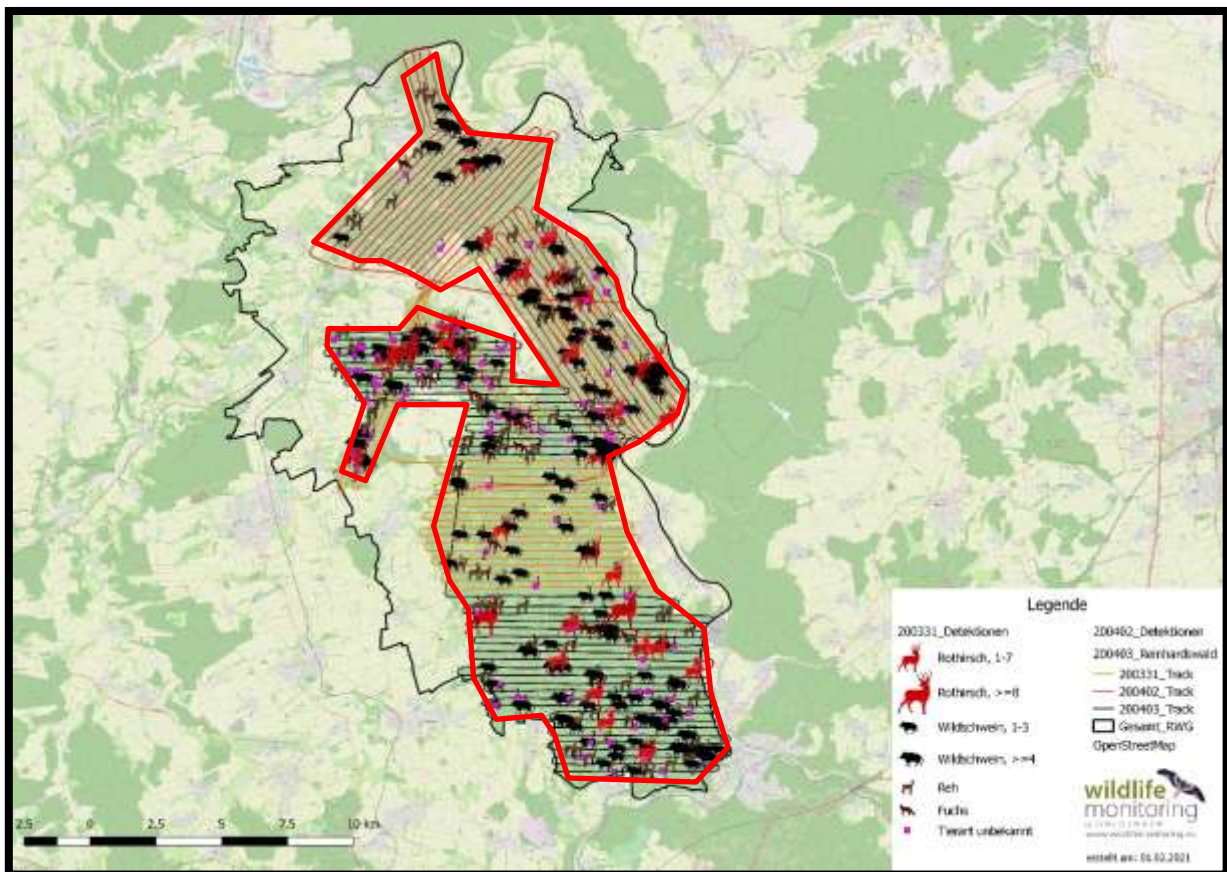


Abbildung 11: Ca. 19.000 Hektar Befliegungsgebiet (rotes Polygon um die Flugrouten)

Rothirschdichte Wildschutzgebiet

Für eine Auswertung der Rothirschdichte nur für das Wildschutzgebiet wurden im Geoinformationssystem die Flugrouten und Detektionen mit dem Polygon des Wildschutzgebietes verschnitten.

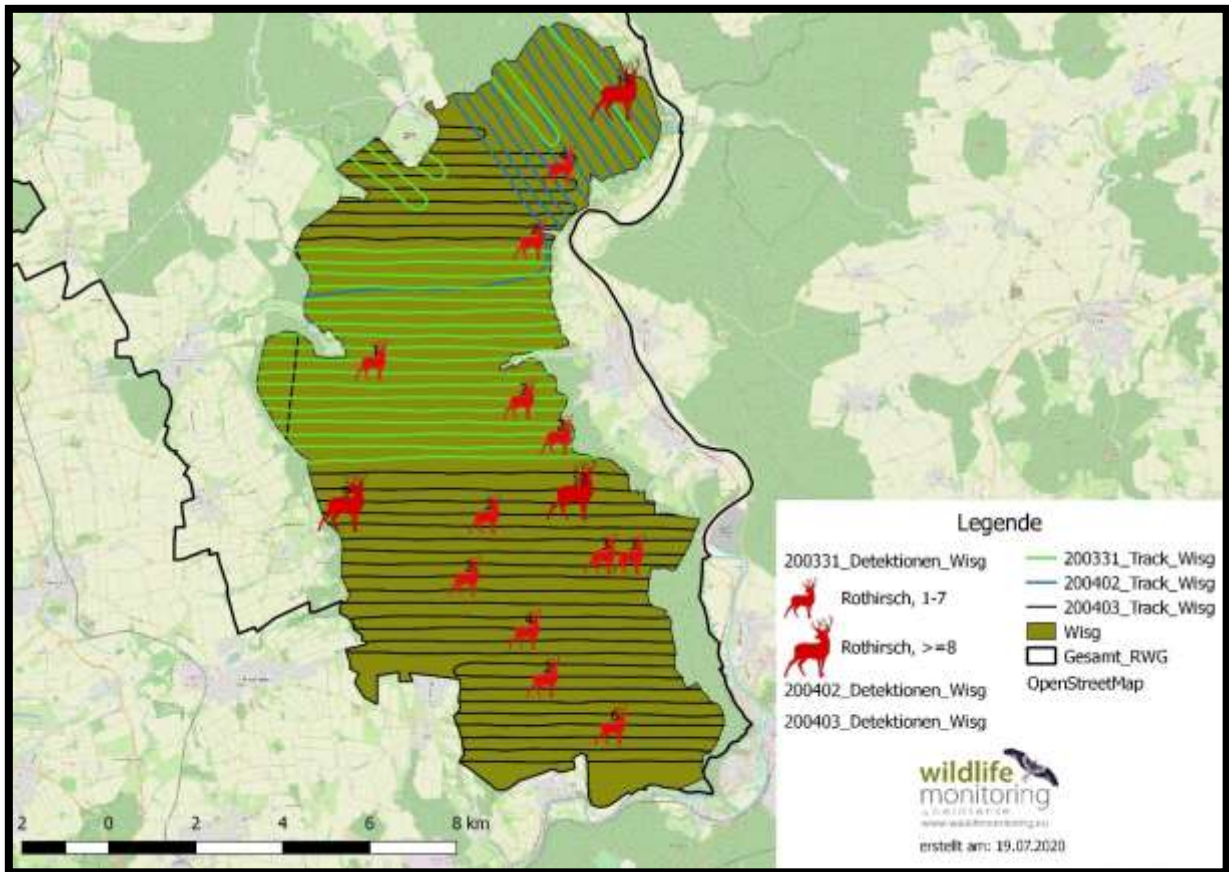


Abbildung 12: Rotwilddetektionen innerhalb des Wildschutzgebietes

An den drei Erfassungstagen wurden im Wildschutzgebiet mit 15 Detektionsereignissen 74 Rothirsche gezählt.

Tabelle 7: Schätzung der Rothirschdichte im Wildschutzgebiet.

	Anzahl Tiere	Anzahl Detektionen
Rothirsch (incl. ?)	74	15
Flächenbezug:	3.744 ha	
Entdeckungswahrscheinlichkeit p:	0,82	
Rothirschdichte D Wisg:	2,4 Tiere / 100ha	

Bezogen auf die von den Kameras abgesuchte Fläche von 3.744 ha und unter Berücksichtigung der mittleren Entdeckungswahrscheinlichkeit von 82% wird für das Wildschutzgebiet eine Rothirschdichte (Frühjahr 2020) von 2,4 Tiere / 100 ha geschätzt.

5.3 Weißes Rotwild

Das weiße Rotwild war im Frühjahr 2020 sehr ungleichmäßig verteilt und kam vor allem im Zentrum des Untersuchungsgebietes vor.

Tabelle 8: Berechnung des mittleren Anteils weißer Tiere für das Untersuchungsgebiet.

	31. März 2020	2. April 2020	3. April 2020
Rothirsch	47	31	65
Rothirsch weiß	25	2	8
Rothirsch weiß %	53%	6%	12%
Flächenbezug	1.643 ha	1.645 ha	3.264 ha
Gewichteter mittlerer Anteil weißer Tiere	≈ 20%		

Der auf den Flächenbezug gewichtete mittlere Anteil weißer Tiere, bezogen auf das gesamte Untersuchungsgebiet beträgt ca. 20%.

Da die Anzahl der Detektionsereignisse mit weißen Tieren (10 Ereignisse) relativ gering und die Verteilung sehr inhomogen ist, sollte mit diesem Wert vorsichtig umgegangen werden.

5.4 Genotypisierung

Mit einem Anteil von 86% erfolgreich genotypisierten Kotproben weist die Kotgenotypisierung im Reinhardswald eine vergleichsweise hohe Erfolgsquote auf (vergleiche z.B. Broquet et al. 2007). Dies ist sicher zum Teil auf die gute Qualität des Probenmaterials zurückzuführen (je nach Witterungsverhältnissen, Frische der Proben sowie Einhaltung der Kühlkette kann die DNA-Qualität beträchtlich schwanken).

Angesichts der ermittelten PID und PIDsib ist die Wahrscheinlichkeit, mit dem verwendeten Markerset zwei Individuen aus der Rotwildpopulation im Reinhardswald nicht auseinanderhalten zu können, auch für nah miteinander verwandte Tiere sehr gering (0,023 %), und für nicht näher miteinander verwandte Individuen vernachlässigbar (Woods et al. 1999).

Insgesamt wurden 44% der genetisch erfassten Individuen mehrfach beprobt. In Bezug auf den Erfassungsgrad und Wiedererfassungsrate unterscheiden sich die beiden Geschlechter allerdings. So wurde ein deutlich höherer Anteil des weiblichen Rotwilds mehr als einmal beprobt als bei den Hirschen. Dies könnte bedeuten, dass der weibliche Teil der Population besser durch die Stichprobe abgebildet wurde als der männliche, d.h. dass im Vergleich ein geringerer Anteil der anwesenden männlichen Tiere erfasst wurde. Ursache hierfür könnten z.B. Unterschiede zwischen den Geschlechtern in der Raumnutzung sein.

Schätzung des Geschlechterverhältnisses

Das Geschlechterverhältnis der Stichprobe (d.h. der erfassten Individuen) ist mit 1 : 2,5 (männliche zu weiblichen Tieren) vergleichsweise stark in Richtung der weiblichen Tiere hin verschoben. Durch die bessere Erfassung der weiblichen Tiere ist es aber äußerst wahrscheinlich, dass das tatsächliche Geschlechterverhältnis in der Population deutlich weniger stark in Richtung des weiblichen Rotwilds verschoben ist. Dies erklärt sich daraus, dass von den besser in der Stichprobe vertretenen weiblichen Tieren ein kleinerer Anteil der Population unbekannt ist (d.h. nicht erfasst wurde), bei den männlichen Tieren wird von einer größeren Anzahl unbekannter Tiere ausgegangen.

Möglichkeit der Bestandsschätzung über die Genotypisierungsdaten

Bei entsprechendem Studiendesign und ausreichend Losungsproben kann über eine Fang-Wiederfangmodellierung von Genotypisierungsdaten eine gute Bestandsschätzung durchgeführt werden. Innerhalb dieses Projektes sollte die Genotypisierung eigentlich nur für die Schätzung des Geschlechterverhältnisses genutzt werden. Auf Grund einer hohen Erfolgsrate bei der Analyse der Proben und vermutlich eines vergleichsweise geringen Rotwildbestands wurde dieser mit den Proben recht gut erfasst, sodass über eine Bestandsschätzung hier zumindest diskutiert werden soll.

Die wichtigste Größe zur Schätzung des Tierbestandes über eine Fang-Wiederfang-Modellierung ist die Wiedererfassungsrate. Werden nur wenige Tiere mehrfach erfasst, muss noch ein großer „unbeprobter“ Anteil des Bestandes vorhanden sein. Wird dagegen ein großer Anteil der erfassten Tiere mehrfach beprobt (viele Wiederfänge), so wird der tatsächliche Bestand von den Daten schon gut abgedeckt und es muss nur mit einem geringen Anteil unbekannter Tiere gerechnet werden.

Mit einer mittleren Anzahl Erfassungen von 1,95 Proben pro Individuum für den gesamten Datensatz, bzw. 1,99 Erfassungen pro Individuum für die Daten aus dem Wildschutzgebiet lagen die Erfassungsraten schon in ähnlicher Höhe mit Projekten, in denen explizit eine Bestandsschätzung durchgeführt werden sollte. So betrug die mittlere Erfassungshäufigkeit im Binger Wald 2,34 Proben pro Individuum und in einem Rotwildprojekt im Nationalpark Hainich 1,91 Proben pro Individuum.

Allerdings muss beachtet werden, dass im Reinhardswald nicht auf der gesamten Fläche gleichmäßig nach Losung gesucht wurde, sodass damit eine größere Unsicherheit vorhanden ist. Bei einer geringeren Beprobungsdichte wäre es zum Beispiel denkbar, dass ein oder mehrere Rudel gar nicht beprobt wurden.

Auf Grund der relativ guten Wiedererfassungsrate wurde unter Verwendung zweier verschiedener Fang-Wiederfang-Modelle mit der Auswertungssoftware CAPWIRE

(Miller et al. 2005) exemplarisch eine Schätzung der Populationsgröße (N) vorgenommen. CAPWIRE umfasst zwei Urnenmodelle: ein Modell, welchem die Annahme zugrunde liegt, dass alle Tiere die gleiche Fangwahrscheinlichkeit haben, das so genannte **Equal Catchability (ECM) Modell**, und eines, in welchem davon ausgegangen wird, dass innerhalb der Population zwei Gruppen bestehen, die sich in ihrer Fangwahrscheinlichkeit unterscheiden, das so genannte **Two Innate Rates (TIRM) Modell**. Die berechneten Modelle wurden basierend auf einem Likelihood-Ratio-Test einem Ranking unterworfen (Miller et al. 2005).

Laut Likelihood-Ratio-Test ist das TIRM für den Datensatz das besser passende Modell, weswegen nachfolgend diese Schätzungen aufgeführt werden.

Tabelle 9: Ergebnisse von mittels CAPWIRE aus den genetischen Erfassungsdaten für den Gesamtdatensatz sowie für beide Geschlechter einzeln vorgenommenen Bestandsschätzungen.

	Schätzung N gesamtes Untersuchungsgebiet	Schätzung N Wildschutzgebiet
TIRM alle	333 (249-354)	275 (201 - 300)
TIRM männlich	109 (66 - 129)	89 (55 – 104)
TIRM weiblich	198 (172 - 245)	162 (136 – 204)

Aus der hier exemplarisch vorgenommenen Schätzung kann eine Annäherung an das tatsächliche Geschlechterverhältnis hergeleitet werden, da die CAPWIRE-Schätzung die unterschiedlich gute Erfassung der beiden Geschlechter in der Stichprobe berücksichtigt und daher einen gewissen Korrekturfaktor darstellt. Das GV der geschätzten Population liegt bei etwa 1 : 1,8 und ist damit weniger in Richtung der weiblichen Tiere verschoben als das GV der Stichprobe (dies gilt für beide Schätzungen aus Tabelle 9). Es kann davon ausgegangen werden, dass dieses geschätzte GV dem tatsächlichen Verhältnis in der Population näher kommt als das unkorrigierte GV der Stichprobe.

5.5 Vergleich der Befliegung mit der Genotypisierung für das Wildschutzgebiet

Es wurde nicht in allen Bereichen des Untersuchungsgebietes gleichmäßig nach Losung gesucht. So gibt es zum Beispiel nur wenige Losungsproben für das Gebiet westlich der Sababurg, wo bei der Befliegung viel Rotwild detektiert wurde. Allerdings ist die Beprobungsdichte für das Wildschutzgebiet relativ gut, sodass für dieses Teilgebiet ein Vergleich der Ergebnisse der Befliegung mit den der Genotypisierung sinnvoll erscheint.

Grundsätzlich muss allerdings beachtet werden, dass die Fang-Wiederfang-Modellierung der Genotypisierungsdaten mittels Capwire den Bestand N schätzt. Die Befliegung schätzt dagegen die Dichte D.

Tabelle 10: Vergleich der Befliegung mit der Genotypisierung für das Wildschutzgebiet.

	Befliegung WISG	Genotypisierung WISG
Fläche WISG ca.	10.500 ha	10.500 ha
Rothirschdichte D	2,4 Tiere / 100 ha	
Rothirschbestand N	252 Tiere	
Rothirschbestand N Capwire		275 (201 – 300)

Während bei der Befliegung der Rotwildbestand innerhalb von einer sehr kurzen Zeit (ca. 2 h / „Spotaufnahme“) erfasst wird, kann es bei der Genotypisierung sein, dass mehrere Tage alte Losung im Labor analysiert wird. Bei den über Capwire modellierten Bestandszahlen stellt sich deswegen immer die Frage nach dem Flächenbezug. Auch wenn nur Losung innerhalb des Wildschutzgebietes berücksichtigt wurde, so wurde faktisch eine größere Fläche beprobt, da es wahrscheinlich ist, dass innerhalb mehrerer Tage Tiere von außerhalb ins Wildschutzgebiet kamen und dort Losung hinterlassen haben. Dieses Problem löst man meist mit einem Flächenpuffer um das Untersuchungsgebiet.

Alleine der Vergleich der geschätzten Bestandszahlen aus Tabelle 10 (252 zu 275 Tiere) zeigt schon eine fast gleiche Schätzung. Würde man jetzt noch die notwendige Flächenpufferung (z.B. + 10%) berücksichtigen, lägen die Werte noch näher zusammen.

Es muss allerdings beachtet werden, dass die Genotypisierung hier nicht als Methode zur Bestandsschätzung geplant war und das Studiendesign dementsprechend nicht ideal ist.

Aber für das Wildschutzgebiet, wo die Beprobungsdichte recht groß ist, können nach unserer Auffassung die Genotypisierungsdaten die Ergebnisse der Befliegung sehr gut bestätigen.

5.6 Abschätzung des Zuwachses

Legt man den durch die Befliegungen geschätzten Frühjahrsbestand 2020 von 513 Tieren und das durch die Genotypisierung geschätzte Geschlechterverhältnis von 1 : 1,8 zu Grunde, so ergibt dies einen weiblichen Frühjahrsbestand von 330 Tieren.

Bei einer angenommenen Reproduktionsrate von 90% des weiblichen Wildes, wäre mit einem Zuwachs von 297 Tieren zu rechnen. Bei 80% wären es 264 Kälber.

Um den jagdlich nutzbaren Zuwachs zu beurteilen ist allerdings das gesamte dynamische System mit Reproduktionsraten, natürliche Mortalität und Zu- und Abwanderung zu berücksichtigen.

6 Abschlussarbeiten und weiterer Forschungsbedarf

Im Rahmen dieses Projektes schrieb Lukas Hüller von der Hochschule Weihenstephan seine Bachelorarbeit: ***Analyse möglicher Einfluss- und Störfaktoren bei der Bestimmung des Geschlechterverhältnisses von Rotwild mittels Genotypisierung über Losungsproben am Beispiel des Forstamtes Reinhardshagen.***

Diese wird aktuell (Ende Juli 2021) korrigiert und steht dann zur Verfügung.

Frau Josephine Trisl beschäftigt sich in ihrer Masterarbeit mit der Streckenrückrechnung und dem Vergleich mit anderen Methoden. Die Arbeit soll im Herbst 2021 abgeschlossen werden.

Weiterer Forschungsbedarf besteht unseres Erachtens in der Betrachtung vor allem des Studiendesigns für die Genotypisierung. Wir wissen, dass man mit vielen Losungsproben, die standardisiert in einem engen Suchraster gesammelt wurden, eine gute Bestandsschätzung durchführen kann. Vor allem bei großen Beständen ist diese Methode aber aufwändig und sehr teuer. Es wäre interessant genauer herauszufinden, wie man auch mit einer geringeren Stichprobe möglichst valide zumindest das Geschlechterverhältnis schätzen kann. Herr Hüller hat hier mit seiner Bachelorarbeit wichtige Vorarbeit geleistet. Diese könnte nun vertieft werden.

Hinsichtlich der Befliegung besteht weiterer Forschungsbedarf in der möglichst effektiven Nutzung der Daten auch für die anderen Schalenwildarten. Ähnlich wie beim Fotofallenmonitoring ist ein Vorteil der Befliegung, dass Daten für verschiedene Spezies gleichzeitig gesammelt werden. Bisher führen wir Dichteschätzungen aber vor allem für Rot- und Damhirsch durch. Wir arbeiten aktuell schon an Möglichkeiten zur Nutzung der Daten für die anderen Schalenwildarten. Diese Arbeit soll aber weiter vertieft werden.

In den letzten Monaten gab es schon intensiven Austausch mit den verschiedensten Institutionen. Das Forstamt Reinhardshagen plant in Zusammenarbeit mit der Abteilung Wildtierwissenschaften der Universität Göttingen ein Fotofallenmonitoring. Hier sollen vor allem Fragen zum Geschlechterverhältnis und zur Reproduktion bearbeitet werden.

All dies sind wichtige Bausteine, um die Dynamik von Rotwildpopulationen im Allgemeinen und speziell die im Reinhardswald besser zu verstehen.

7 Literatur

Broquet, T., Ménard, N., Petit, E. (2007): Noninvasive population genetics: a review of sample source, diet, fragment length and microsatellite motif effects on amplification success and genotyping error rates. *Conservation Genetics* 8, 249 – 260.

Ebert, C., Sandrini, J., Welter, B., Thiele, B., Hohmann, U. (2021): Estimating red deer (*Cervus elaphus*) population size based on non-invasive genetic sampling. *European Journal of Wildlife Research* 67, 27.

Miller, C.R., Joyce, P., Waits, L.P. (2005) A new method for estimating the size of small populations from genetic capture-recapture data. *Molecular Ecology* 14, 1991-2005.

Reiner, G., Tramberend, K., Nietfeld, F., Volmer, K., Wurmser, C., Fries, R., Willems, H. (2020): A genome-wide scan study identifies a single nucleotide substitution in the tyrosinase gene associated with white coat colour in a red deer (*Cervus elaphus*) population. *BMC Genetics*.

Taberlet, P., Waits, L.P., Luikart, G. (1999): Non-invasive genetic sampling: look before you leap. *Trends in Ecology and Evolution* 14, 323-327.

Valière, N. (2002): GIMLET: a computer program for analysing genetic individual identification data. *Molecular Ecology Notes* 2, 377-379.

Woods, J. G., Paetkau, D., Lewis, D., McLellan, B. N., Proctor, M. & Strobeck, C. (1999) Genetic tagging of free-ranging black and brown bears. *Wildlife Society Bulletin*, 27, 616-627.

8 Anlage

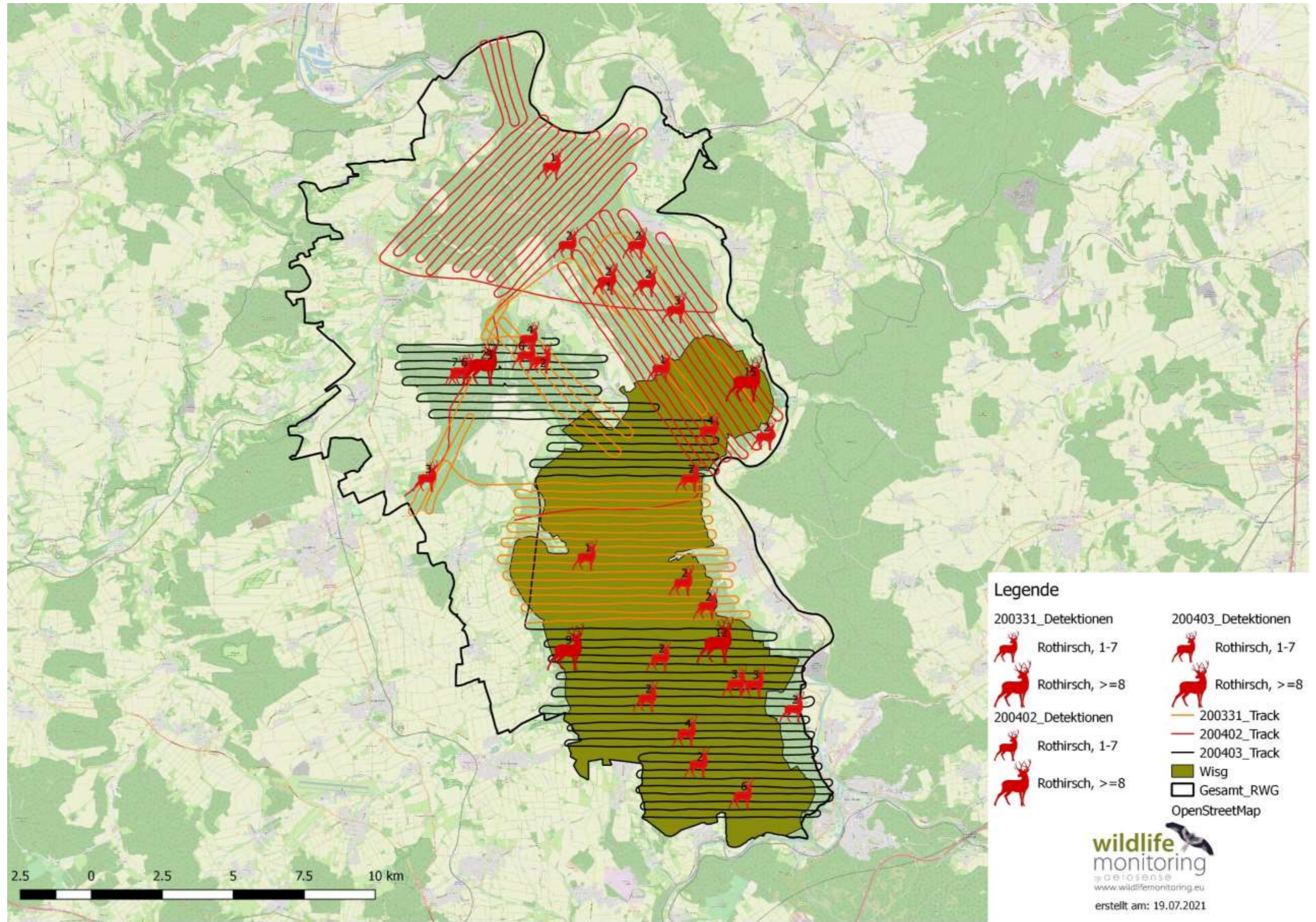


Abbildung 13: Alle Rothirschdetektionen der Flüge vom 31. März, 2. April und 3. April 2020.

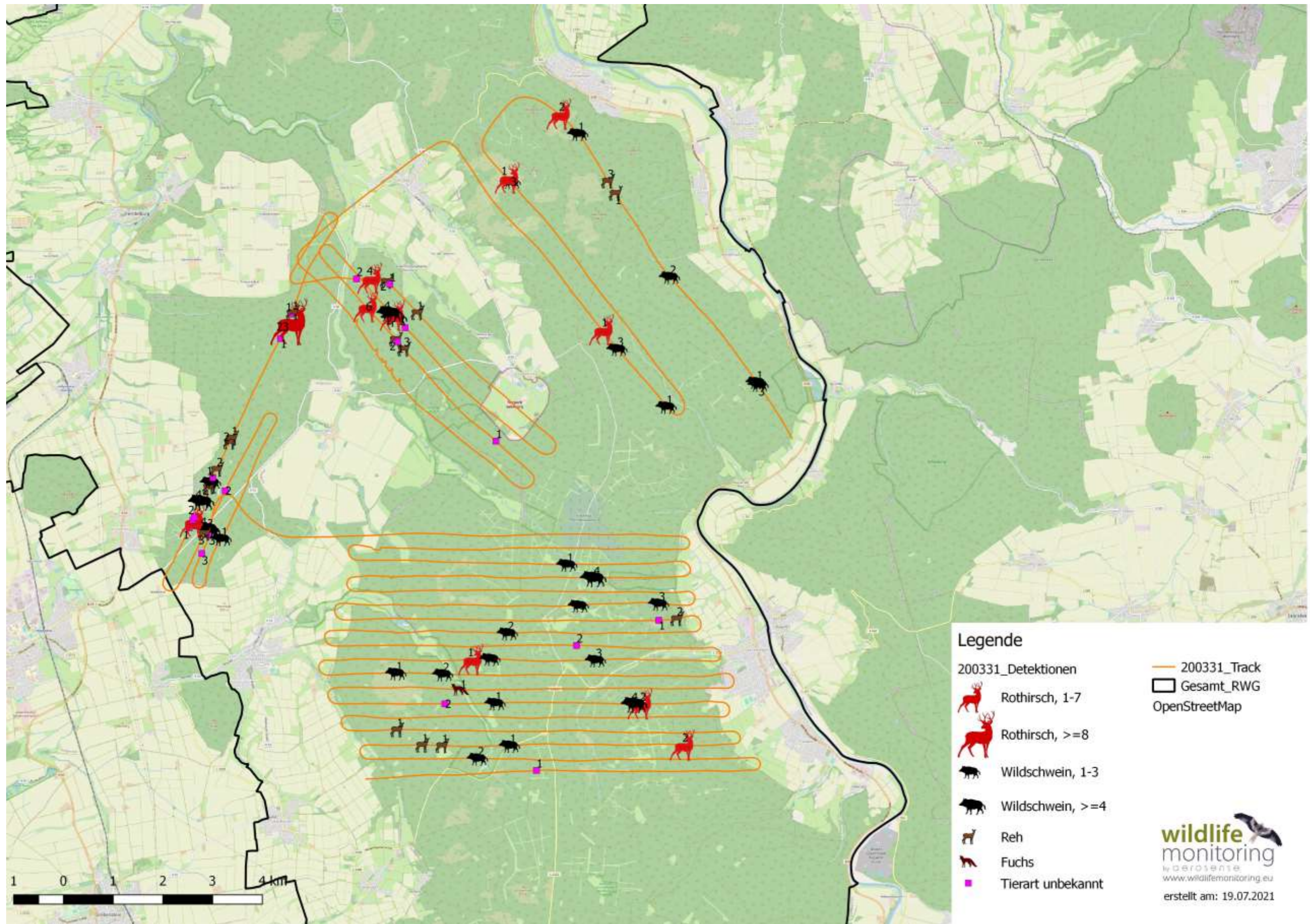


Abbildung 14: Flugroute und Detektionsereignisse vom 31. März 2020.

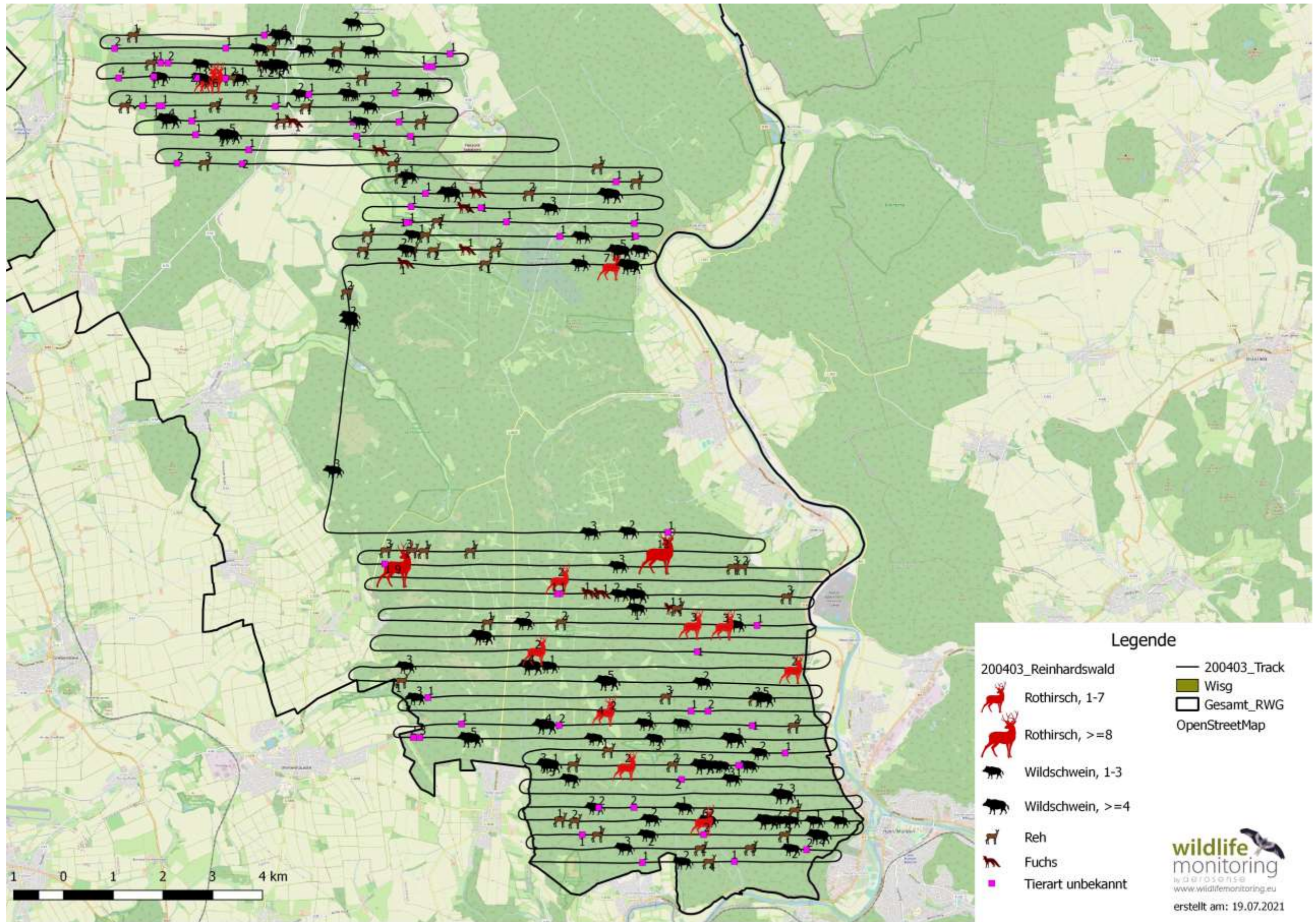


Abbildung 15: Flugroute und Detektionsereignisse vom 3. April 2020.

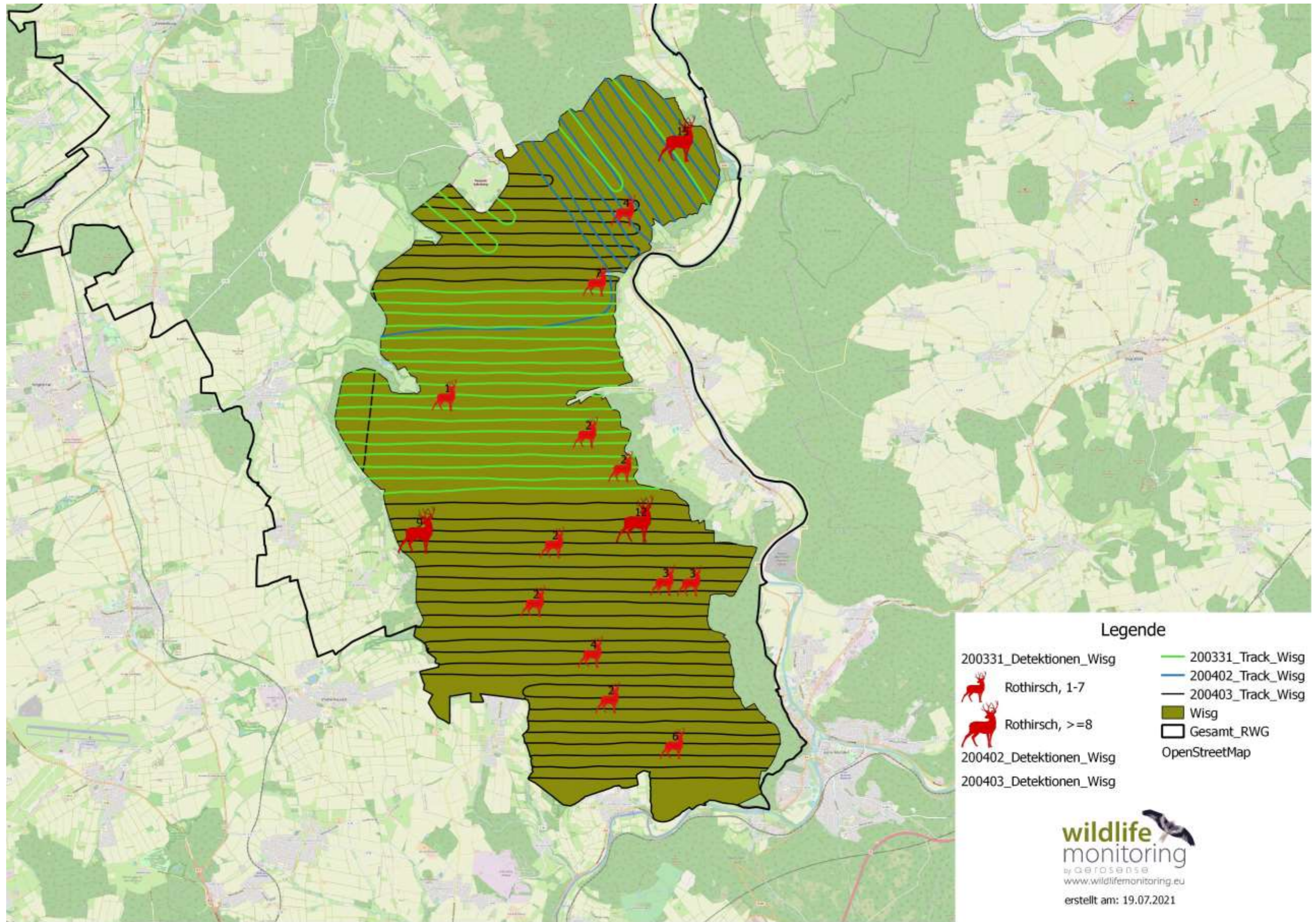


Abbildung 16: Flugrouten und Detektionsereignisse aller Flüge innerhalb des Wildschutzgebietes.

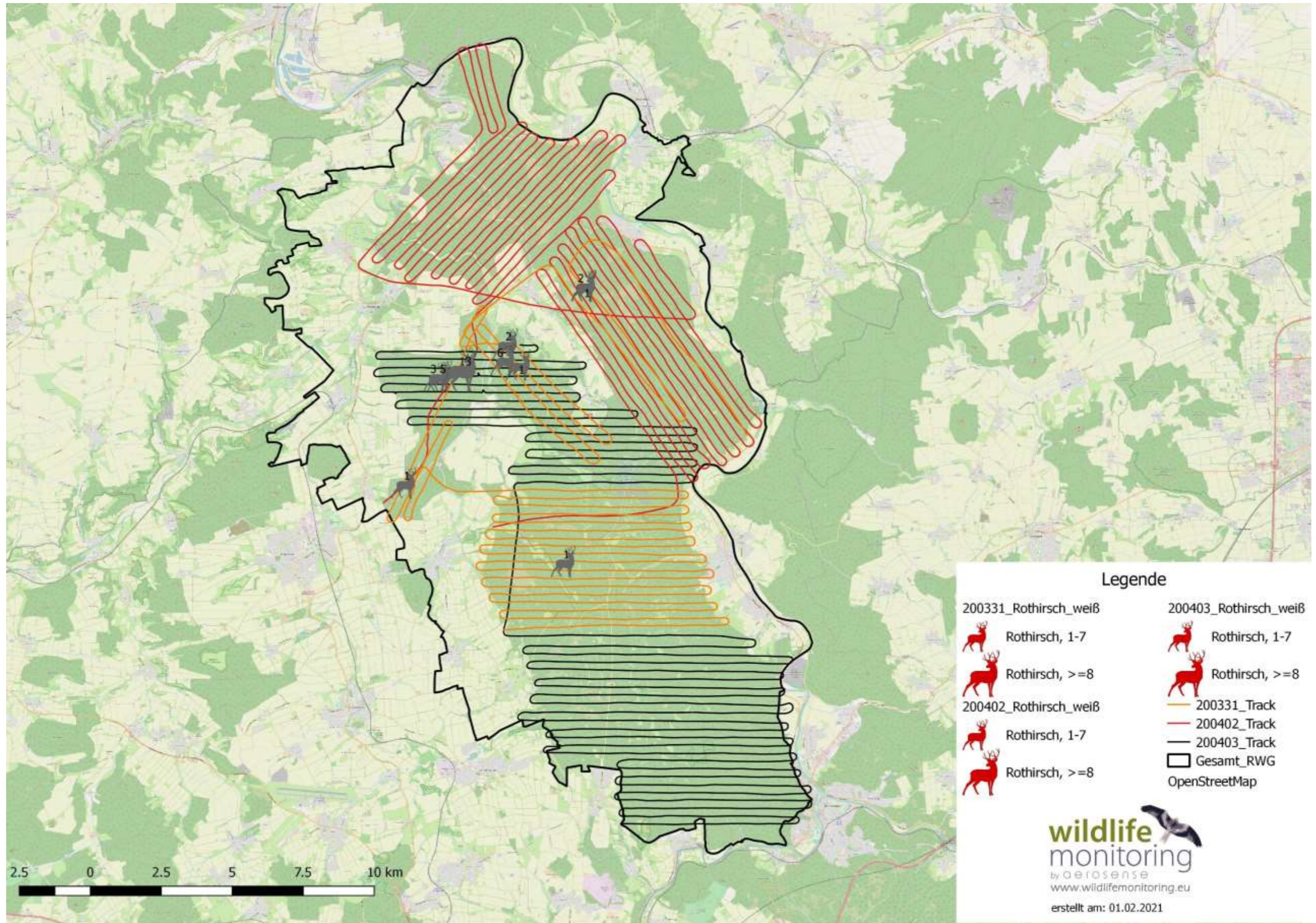


Abbildung 17: Darstellung aller Rothirschdetektionen mit weißen Tieren.

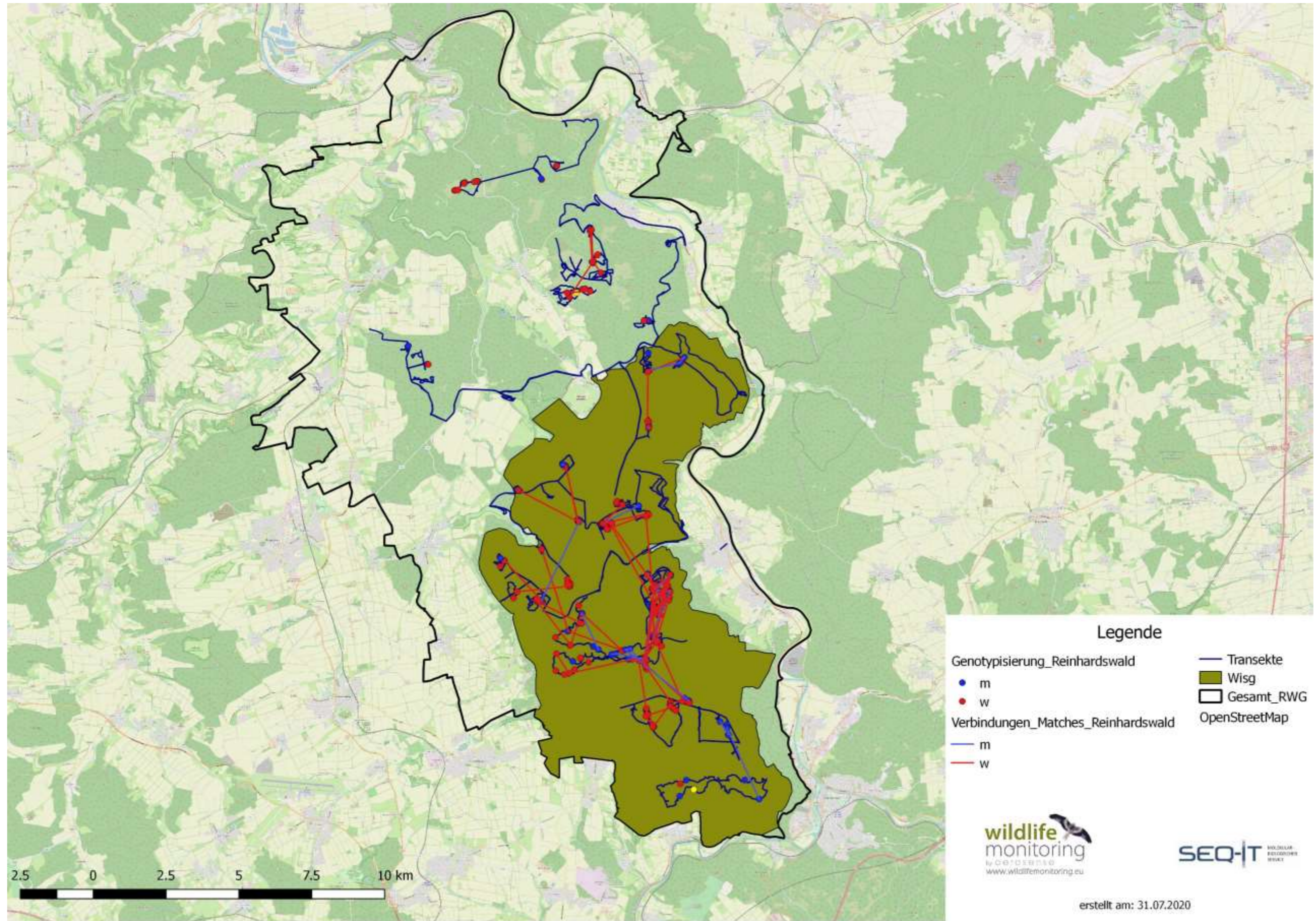


Abbildung 18: Genotypisierte Losungsproben mit Verbindungslinien der mehrfach erfassten Individuen (rot = weiblich, blau = männlich).