



SCHIRMHERR: BUNDESPRÄSIDENT A.D.
PROF. DR. ROMAN HERZOG

Gamsmonitoring per Losungssuche. Eine neue Methode zur Populationsschätzung in waldreichen Lebensräumen

Rosa Mayrhofer¹, Luca Corlatti¹, Christine Miller²; Paulo Alves³;
Andreas Kinser⁴ & Klaus Hackländer¹

HINTERGRUND

Die Jagdgesetze Deutschlands, Österreichs und der Schweiz basieren unter anderem auf dem Grundsatz der nachhaltigen Nutzung von Wildtieren. Die grundlegende Voraussetzung für eine nachhaltige Bestandsnutzung bzw. -regulation ist dabei die Kenntnis der ungefähren Größe einer Schalenwildpopulation. Rückschlüsse aus der Jagdstrecke auf die Bestandsdichte der Arten sind meistens unzureichend. Um abschätzen zu können, welchen Einfluss die Jagd auf die Entwicklung eines Wildbestandes hat, ist ein auf die Wildart und die regionalen Verhältnisse abgestimmtes Monitoring notwendig (GRÄBER et al. 2016, MILLER & CORLATTI 2014, MAYLE et al. 2008, SKALSKI et al. 2005).

Eine besondere Bedeutung hätte ein solches Monitoring für Arten, die im Anhang V der FFH-Richtlinie gelistet sind. Für die Jagd auf diese Arten können besondere Regelungen getroffen werden und sie ist nur im Rahmen von Managementmaßnahmen zulässig. Zu diesen Arten gehört das Gamswild. Entgegen den besonderen Anforderungen werden die Abschussvorgaben im Alpenraum bisher leider nicht auf Grundlage eines Monitorings formuliert. Um den gesetzlichen Vorgaben einer nachhaltigen Nutzung von Gamswild unter Berücksichtigung verschiedener Ziel- und Nutzungskonflikte nachzukommen, müssen belastbare Daten über die tatsächlich vorhandenen Teilpopulationen und ihre Entwicklungstrends vorhanden sein.

DAS PROJEKT

Im Winter 2015/ 16 wurden in einem westbayerischen Untersuchungsgebiet zuvor festgelegte Lini-Transsekte in regelmäßigen Abständen und jeweils zur gleichen Tageszeit abgegangen und alle entdeckten Spuren, Losungshaufen und direkten Sichtbeobachtungen von Gams erfasst. Die jeweilige Beobachtungsentfernung wurde mithilfe eines Laser-Entfernungsmessers ermittelt. Ebenso wurden von allen frischen (!) Losungshaufen zwei Proben gesammelt, die an der Universität Porto mittels DNA-Analyse untersucht wurden. Die in der Losung gefundenen Genfragmente können einzelnen Individuen zugeordnet werden. Da in dem Untersuchungsgebiet insgesamt vier Schalenwildarten vorkommen, ist es notwendig, die Proben zusätzlich auf artspezifische Marker zu testen.

Aufgrund der Wiederholung der Transekt-Begänge kann aus dem Verhältnis der Losung bereits bekannter Tiere zur Losung neu entdeckter Tiere auf die mindestens im Gebiet vorkommende Anzahl von Individuen geschlossen werden. Die Ergebnisse der genetischen Analyse werden abschließend mit anderen ebenfalls im Untersuchungsgebiet angewandten Monitoringmethoden (Block counts, Distance sampling, Traktaufnahmen) verglichen, um deren Schätzfehler quantifizieren zu können. Auch können von diesen Daten Rückschlüsse auf die Aktionsradien der Tiere im Untersuchungsgebiet und deren Verwandtschaftsbeziehungen gezogen werden.

Die Ergebnisse des Losungsmonitorings liegen voraussichtlich im Winter 2016/ 17 vor.

1 Institut für Wildbiologie und Jagdwirtschaft, Universität für Bodenkultur Wien

2 Büro für Wildbiologie Bayern

3 CIBIO – Research Centre in Biodiversity and Genetic Resources, University of Porto

4 Deutsche Wildtier Stiftung