

Richtigstellung der wissenschaftlichen Aussagen im Beitrag „Rotwild im Pfälzerwald - Wegen Überfüllung geschossen“ Wild und Hund 20/2011, S. 48 - 52



Foto: D. Huckschlag

In dem oben genannten Artikel wird von der Jagdzeitschrift *Wild und Hund* über ein hierzulande noch weitgehend unbekanntes Verfahren der Bestandesschätzung von Rotwild berichtet. Es ist begrüßenswert, wenn eine so vielgelesene Jagdzeitschrift wie die *Wild und Hund* bemüht ist, über neue Entwicklungen in der wildökologischen Forschung zeitnah und kritisch zu berichten. Die abgedruckten Äußerungen des hinzugezogenen externen Experten, Dr. Daniel Hoffmann, machen allerdings deutlich, dass Herr Hoffmann das Verfahren offensichtlich nicht im gebotenen Umfang kennt. In dem oben genannten Artikel verfehlen nämlich viele der vorgebrachten Kritikpunkte die tatsächliche Sachlage, so dass eine Richtigstellung angebracht erscheint. Die Redaktion von *Wild und Hund* hat uns zwar den Abdruck eines kurzen Leserbriefes gewährt, darin konnten allerdings die wesentlichen Punkte nur angesprochen werden. Hier daher eine etwas ausführlichere Richtigstellung für Rotwildinteressierte:

Das in Rede stehende Verfahren nennen wir Frischkotgenotypisierung. Erfahrungen aus anderen Regionen haben gezeigt, dass sich über die genetische Identifikation von nicht-invasiv gesammelten Gewebeproben (zumeist Haare oder Kot) die Populationsgrößen auch ansonsten schwer zählbarer oder seltener Arten ermitteln lassen. Die Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft (FAWF) ist in Deutschland die erste Forschungseinrichtung, die dieses Verfahren seit 2005 auf unsere heimischen Schalenwildarten, basierend auf frischen Losungsfunden,

anwendet. Die bisherigen Befunde deuten an, dass der Umgang mit unseren angeblich nichtzählbaren Schalenwildarten damit auf eine objektivere Grundlage gestellt werden könnte.

Alle unsere Schlussfolgerungen für die Abschussplanung im Rotwildgebiet Pfälzerwald stehen natürlich unter dem Vorbehalt, dass die Daten aus dem 10.000 ha großen Forschungsgebiet für die Gesamtfläche des ca. 62.000 ha großen Rotwildgebietes repräsentativ sind. Nur dann wäre eine Anhebung des Sollabschlusses zu rechtfertigen. Diese relativierende Einschränkung wurde in dem Artikel nicht genannt, obwohl wir dies dem verantwortlichen Redakteur, Herrn Deutsch gegenüber schriftlich als auch fernmündlich mehrfach betont haben.

Das Verfahren hat Schwachstellen. Die größten Unsicherheiten ergeben sich aus der Tatsache, dass auch dieses Verfahren nicht auf eine geschlossene Population angewendet wird (wie ein gezäuntes Wildgatter), sondern auf offene Populationen (wie in einem großem Waldgebiet), so dass die Berechnung der effektiv erfassten Bezugsfläche nach wie vor nur geschätzt werden kann. Eine Bezugsfläche ist allerdings wichtig, will man aus der Populationsgröße auch Populationsdichten berechnen.

Aber auch ohne die Berechnung von Populationsdichten sind die von uns ermittelten Zahlen bereits erstaunlich. Der Rotwildring „Pfälzerwald“ unterstellt in den letzten Jahren für seine Abschussplanung auf 62.000 ha einen Grundbestand von 850 Tieren. Auf einer 20%-Teilfläche haben wir im April 2011 Losung von 247 Individuen gefunden. Die Losung einiger Tiere wurde mehrfach gefunden, die Losung der meisten Tiere allerdings nur einmal. Daraus wird die Populationsgröße nach folgendem Prinzip berechnet: Führt man mehrere Losungssuchen durch, ist zu erwarten, dass von Suchlauf zu Suchlauf immer mehr Tiere über die Analyse der von uns zufällig gefundenen Losung individuell identifiziert werden können. Der Anteil erstmalig beprobter Individuen ist logischerweise beim ersten Suchlauf am höchsten. In den letzten Suchläufen dürften wiederum mehr und mehr Proben von Tieren stammen, die bereits in den Tagen zuvor beprobt wurden. Die Wahrscheinlichkeit, dass ein bestimmtes Individuum doppelt oder gar mehrfach beprobt wird, steigt also mit der Zeit. Nun kann man sich vorstellen, dass je nach Größe der Population, die Steigerung von Mehrfachbeprobungen größer oder kleiner ausfällt. Ist die beprobte Population klein sind Mehrfachbeprobungen eher zu erwarten als in großen Populationen. Der Anteil der Mehrfachbeprobungen kann somit als direktes Maß der Populationsgröße genutzt werden.

Die darauf aufbauenden mathematischen Modelle führen zu zwei möglichen Schlussfolgerungen. Entweder 40 % - 50 % des vom Rotwildring zugrunde gelegten gesamten Grundbestandes hat sich auf dieser repräsentativen 20%- Teilfläche versammelt oder aber der Grundbestand ist größer als bisher angenommen. Für die Konzentrationshypothese fanden sich keine Hinweise, so dass wir eher von einem größeren Bestand ausgehen.

Der kritische Hinweis in dem Artikel der WuH, wonach durch die Losungssammlung die Tiere möglicherweise gestört werden und dadurch die Wiederfangzahlen reduziert werden, ist korrekt. Dies ist in der Tat ein Problem und wir arbeiten gerade an einer Verkürzung der Losungssuchen, um die Störeffekte weiter zu mindern. Beim Rehwild gelang dies kürzlich mit guten Resultaten. Durch den Störeffekt nahm allerdings beim Rotwild nicht nur die Wiederfang- sondern auch die Erstfangrate im Laufe der Beprobung ab. Dies spricht für einen Vertreibungseffekt. Dadurch tritt jedoch keine Überschätzung, wie in dem Artikel behauptet wird, ein. Eher trifft das Gegenteil zu. Der Effekt wirkt Richtung Unterschätzung der Population. Es dürften also sogar noch mehr Tiere im Gebiet ohne Störung gewesen sein. In jedem Fall sinkt die Aussagekraft durch den Störeffekt, was wir auch klar so benannt haben und sich in den genannten Konfidenzintervallen, also der Breite des Schätzwertbereiches, niederschlägt.

Ferner wird von Herr Hoffmann kritisch bemerkt, dass sich die Altersklassen mit der Kotgenotypisierung nicht bestimmen lassen. Das ist zwar richtig. Dies ist allerdings für die Zuwachsberechnung entgegen der in dem Artikel vertretenen Ansicht ohne Belang, da die Genotypisierung im zeitigen Frühjahr stattfand, also zu einem Zeitpunkt, in dem die neue Kälbergeneration noch nicht geboren ist, also nur Schmaltiere und Alttiere vorkommen. Aus Schmal- und Alttierbestand wird üblicherweise der Zuwachs mit dem Faktor 70 % geschätzt. Das haben wir auch getan. Der Umstand, dass die vorjährigen Kälber noch nicht an der Reproduktion teilnehmen, ist darin also schon berücksichtigt.

Unzutreffend ist auch die Kritik, wonach die Gewebeproben erlegter Tiere eine nicht zufällige Stichprobe seien und deshalb nicht als grobe Fehlerkontrolle benutzt werden dürften. Dies ist ohne Relevanz, solange der Losungssucher anders als der Jäger zufällig (lineare per Kompass abgelaufene Suchtransekte) vorgeht. Ferner ist der Hinweis, Jäger würden dort jagen, wo viel Wild vermutet wird, entgegen der Darstellung in dem Bericht ebenfalls für das Verfahren unbedeutend. Auch der Losungssucher kann nur dort viel Losung finden, wo vermehrt Rotwild vorkommt. So gesehen schlägt sich in beiden Stichproben, erlegtes Wild und Losungsfunde, ein räumlicher Verteilungsgradient nieder, der für diese Tierart typisch ist.

Wer weitere Infos zu diesem Verfahren sucht, hier noch ein paar Quellenhinweise für Wissbegierige:

- HOHMANN, U., M. RAHLFS & C. EBERT (2011): Die Rotwildzählung. ForstInfo 1/11, 21-22 (abgedruckt auch in ÖkoJagd August 2011)

- SANDRINI J., C. EBERT, U. HOHMANN (2011): Estimating roe deer density using DNA from faecal Pellets, and mark-recapture-analysis. 85. Annual Conference of the German Society for Mammalian Biology, 13.-17. September 2011, Luxembourg
- EBERT, C., KNAUER, F., STORCH, I., HOHMANN, U. (2010): Individual heterogeneity as a pitfall in population estimates based on non-invasive genetic sampling: a review and recommendations. *Wildlife Biology* 16, 225-240.
- EBERT, C., HUCKSCHLAG, D., SCHULZ, H.K., HOHMANN, U. (2010): Can hair traps sample wild boar (*Sus scrofa*) randomly for the purpose of non-invasive population estimation? *European Journal of Wildlife Research* 56, 583-590.
- EBERT, C., KOLODZIEJ, K., SCHIKORA, T., SCHULZ, H.K., HOHMANN, U. (2009): Is non-invasive genetic population estimation via faeces sampling feasible for abundant mammals with low defecation rates? A pilot study on free-ranging wild boar (*Sus scrofa*) in South-West Germany.- *Acta Silvatica et Lignaria Hungarica* 5, 167-177.
- FICKEL J. & U. HOHMANN (2006): A methodological approach for non-invasive sampling for population size estimates in wild boars (*Sus scrofa*). *European Journal of Wildlife Research* 52- 28-33.

Weitere Publikationen aus der Forschungsgruppe „Wildökologie“ finden Sie unter

<http://www.wald-rlp.de/index.php?id=3698>

gez. 12.12.2011

Ulf Hohmann (Leiter Forschungsgruppe Wildökologie)

Zentralstelle der Forstverwaltung
Forschungsanstalt für Waldökologie
und Forstwirtschaft