

LCIE Grundsatzklärung

Nicht autorisierte Übersetzung aus Guidelines for Population Management Plans for Large Carnivores in Europe

Monitoring von Großraubtieren

Das Monitoring von Großräuberpopulationen ist eine entscheidende Aktivität. Es ist erforderlich, um ihr Überleben zu garantieren, Managementpraktiken wechselnden Situationen anzupassen und für EU-Länder, um die Verpflichtungen der Habitatrichtlinie zu erfüllen. Es ist auch eine sehr anspruchsvolle Aufgabe durch den großen Maßstab, in dem sie auszuführen ist, häufig auch über internationale Grenzen hinweg und wegen der geringen Dichten und des heimlichen Verhaltens der Großräuber. Diese Arten kommen unter vielfältigen Bedingungen in Europa vor und ihr Monitoring stellt daher sehr unterschiedliche Anforderungen – diese Erklärung beschreibt daher nur einige der allgemeinen Grundsätze, obwohl es einige der artspezifischen Methoden erwähnt, die sich unter verschiedenen Umständen als erfolgreich erwiesen haben.

Parameter und Grundprinzipien

Es ist wichtig zu erkennen, dass viele verschiedene Aspekte eines Populationsstatus beobachtet werden können und dass für jeden unterschiedlichen Methoden erforderlich sind. Die gängigen Parameter sind:

Verbreitung: Das von einer Art besetzte Gebiet – das Verbreitungsgebiet – ist die gebräuchlichste Einflussgröße, die beobachtet wird. Die wiederholte Erfassung von Standorten, die von einer Art besetzt sind, ist für Aspekte wie Lebensraumansprüche, innerartliche Beziehungen, Verbreitung und Metapopulationsdynamik.

Für Großraubtiere ist es entscheidend, zwischen Gebieten ständiger und gelegentlicher Anwesenheit, und innerhalb des ständig besetzten Gebietes zwischen Bereichen der Fortpflanzung und denen ohne zu unterscheiden. Eine Vielzahl von Beobachtungen, wie Totfunde, Fotofallen, Spuren, Kot, Risse und Sichtbeobachtungen können genutzt werden, um die Verbreitung zu beschreiben, aber wir empfehlen, dass alle Beobachtungen in (1) harte Beweise (z. B. Totfunde, Fotos, genetische Nachweise), (2) bestätigte Beobachtungen von Spuren und Risse (von einer ausgebildeten Person bestätigt) und (3) unbestätigte Meldungen. Um ein stärker differenziertes Bild von Verbreitung und Lebensraumnutzung zu erhalten, aber immer noch einen ungenügenden Nachweis dieser schwer erfassbaren tolerierend, empfehlen wir die kürzlich entwickelten *Besetzungs-Analysemodelle*. Diese Methoden erlauben eine Anpassung in feinem Maßstab und können für Bestandsannahmen genutzt werden, speziell in Verbindung mit weiteren Daten.

Populationstrend: Indikatoren, welche die Zunahmen oder Rückgänge in der Bestandsgröße wiedergeben, sind wichtig, um die Entwicklung einer Population zu zeigen. Sie können auf einer Vielzahl von Parametern (z. B. Totfunde, Risse von Wild- und Haustieren, Sichtbeobachtungen pro Jahr, Spurenzählungen pro Kilometer usw.) basieren und verlangen kein direktes Messen oder Schätzen der Population. Es ist zwingend notwendig, dass diese Parameter über mehrere Jahr in einheitlicher Form (gleiche Methode, gleiches Gebiet, gleicher Aufwand) gesammelt werden. Wegen zufälliger Schwankungen der Parameter oder Proben kann die Bestandsentwicklung nur über mehrere Jahre gesehen werden und ist zuverlässiger, wenn mehrere unabhängige Parameter den gleichen Trend zeigen.

Populationsgröße: Ein verlässliches Maß für die Anzahl der Individuen in einem Bestand zu erhalten ist sehr anspruchsvoll. Einfache Zählmethoden geben einen Hinweis auf die Zahl der vorhandenen Individuen ohne statistische Annahme zur Unsicherheit. Verlässliche Schätzmethode berechnen einen Durchschnitt und eine Abweichung und geben so einen

Eindruck der statistischen Genauigkeit der Messung. Solche Annahmen beruhen in der Regel auf „Fang-Wiederfang“ Statistiken und verlangen eine Methode, die es erlaubt, einzelne Individuen zu erkennen. Für Großräuber kann dies die genetische Identifikation von Haaren oder Exkrementen sein, oder Fotofallenbilder für Arten wie den Europäischen Luchs mit seinem individuellen Fellmuster.

Gesundheit und Bestandsstruktur. Die Beobachtung der Krankheitssituation, genetischer Gesundheit und demografischer Struktur ist besonders wichtig für kleine Populationen und Populationen, die einen historischen Flaschenhals durchgemacht haben. Pathologische oder klinische Untersuchung verlangt den Umgang mit einem (betäubten) Tier oder einem Kadaver; wir empfehlen dringend die Einführung von Programmen, zur Sammlung aller getöteten oder tot gefundenen Tiere. Proben sollten immer für zukünftige Studien aufbewahrt werden. Tote Tiere sind nach Geschlecht und Alter zu bestimmen, weil Informationen über Entwicklungen der Alters- und Geschlechtsstruktur Hinweise auf die Bestandsentwicklung und den –status liefern können. Für genetische Analysen sind Proben von lebenden oder toten Tieren gut, aber einige Untersuchungen können auch mit Material aus Haaren oder Exkrementen durchgeführt werden.

Alle Parameter sind wichtig und es ist wahrscheinlich, dass ein Monitoringprogramm mehrere verschiedene Ansätze und Kombinationen von Methoden enthält. Es ist sehr unwahrscheinlich, dass viele Monitoringprogramme immer wieder versuchen, die Gesamtzahl einer Population zu zählen oder zu schätzen. Die meisten Programme werden einen gewissen Grad der Näherung einbeziehen. Dies kann besser von einem leicht zu dokumentierenden demografischen Teil der Population (wie reproduzierende Einheiten) auf den gesamten Bestand oder von kleinen repräsentativen Bereichen auf ein größeres Verbreitungsgebiet erfolgen.

Monitoringmethoden sollen über das gesamte Gebiet einer Population, vorzugsweise einer Metapopulation, koordiniert und standardisiert werden, um eine ganzheitliche Beurteilung des Erhaltungszustandes der Einheit zu erhalten. Dies verlangt häufig die Koordination der Monitoring-Bemühungen über internationale Grenzen. Wenn verschiedene unabhängige Einrichtungen in ein Monitoringprogramm eingebunden sind, ist es wichtig, dass nicht nur die anzuwendenden Methoden und Analyse der Daten abgestimmt werden, sondern auch die Bewertung und die Berichte. Daten des Monitorings von Großräubern werden häufig genutzt, um kontroverse Management-Entscheidungen zu treffen, es ist daher wichtig, fundierte und unanfechtbare Resultate zu vorzuweisen. Dies schließt professionelles Training von der Person, welche die Daten in der Natur sammelt, bis zum Statistiker der für die Analysen verantwortlich ist ein.

Der wichtigste Aspekt des Monitorings ist, dass Aktivitäten über die Zeit gleicher Weise wiederholt werde. Dies impliziert, das Programm von Beginn an sorgfältig zu planen, weil Änderungen im Verlauf Vergleiche erschweren.

Datensammlung und Speicherung

Entscheidend ist, dass Felddaten von ausgebildeten und kritischen Beobachtern bewertet werden. Dies betrifft alle Daten jeglicher Art. Rohdaten der Beobachtung sollen auch in einer Weise gespeichert werden, dass sie ungeachtet der Weise, wie sie analysiert wurden, leicht wieder verfügbar gemacht werden können. Es ist entscheidend, dass bestätigte Rohdaten ohne Interpretation zusätzlich zu den verarbeiteten Ergebnissen gespeichert werden. Es ist eine gute Idee, auch ungeprüfte Daten aufzunehmen und zu speichern, weil sie zukünftige Bemühungen zur Probenentnahme fokussieren können. Es ist höchst wünschenswert, dass solche Datenbestände so zentralisiert wie möglich sind – zumindest auf nationaler Basis. Moderne Computersysteme erlauben es unterschiedlichen Nutzern verschiedenen Plätzen aus Daten in einen zentralen Datenbestand einzugeben. Bezogen auf klinische und genetische Forschung ist es nicht nur wichtig, pathologische oder genetische Informationen in

Datenbeständen zu speichern, sondern auch Sammlungen von Originalproben für zukünftige Analysen zu erhalten.

Beispiele guter Praxis

Die nachfolgende Liste ist nicht erschöpfend, aber bezieht sich auf Monitoringprogramme, die als gute Modelle dienen können. Der zunehmende Gebrauch genetischer Methoden sollte erwähnt werden. Es gibt in diesen Methoden konstante Verbesserungen und sie werden zunehmend in einem sehr großen räumlichen Maßstab angewandt.

(nachfolgender Text nur für den Wolf übersetzt)

- Intensives Abspüren bei Schnee (Norwegen, Schweden, Finnland, Polen, Estland, Lettland, Litauen, italienische Alpen, Kroatien)
- Kotsammlung zur DNA-Bestimmung (Italienische Alpen, Frankreich, Schweiz)
- Heulproben, um Familienverbände zu erkennen (Spanien Italienischer Apennin)

Der Originaltext ist in diesem [Dokument](#) verfügbar (S. 82 ff.)