Stammbaumbasierte Analyse von Nutztierrissen im deutschen Wolfsbestand

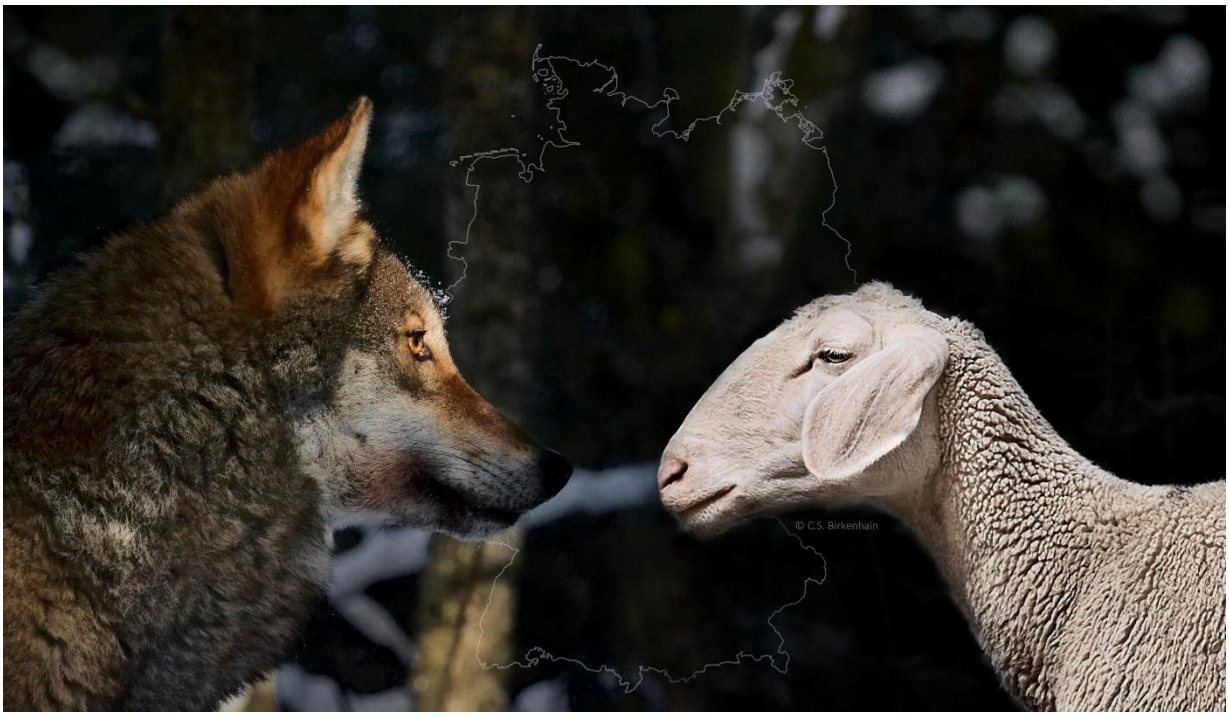
- Bericht im Rahmen der B-L-Verwaltungsvereinbarung Großkarnivorengenetik -

Berichtsdatum:
05.12.2023

Verfasser:

Caroline Sophie Birkenhain[*], Stephan Kurbin, Gregor Rolshausen[*], Carsten Nowak[*]

[*] *Senckenberg Forschungsinstitut und Naturmuseum Frankfurt*
Zentrum für Wildtiergenetik



SENCKENBERG ABTEILUNG FÜR FLIESSGEWÄSSERÖKOLOGIE UND NATURSCHUTZFORSCHUNG
Fachgebiet Naturschutzgenetik | Zentrum für Wildtiergenetik
Clamecystraße 12 | D-63571 Gelnhausen
T +49 (0) 6051 61954 - 3138 F +49 (0) 6051 61954 - 3118 wildtiergenetik@senckenberg.de www.senckenberg.de

SENCKENBERG Gesellschaft für Naturforschung | Senckenberganlage 25 | 60325 Frankfurt am Main
Direktorium: Prof. Dr. Klement Tockner, Prof. Dr. Angelika Brandt, Dr. Martin Mittelbach, Prof. Dr. Andreas Mulch

Mitglied der Leibniz Gemeinschaft

Inhalt

Abbildungs- und Tabellenverzeichnis 3
I. Einleitung und Fragestellung 4
II. Material und Methoden 6
II.1 Auswahl der Risskategorien 6
II.2 Auswahl des Studiengebiets 6
II.3 Auswahl und Aufbereitung der geeigneten Datensätze 7
II.4 Auswahl der Fokusindividuen und Analyse der Rissdaten 9
III. Ergebnisse und Diskussion 11
III.1 Ergebnisse der allgemeinen Betrachtung von NRV-Vorfällen im Studiengebiet 11
III.2 Ergebnisse der Analyse des Zusammenhangs von NRV von Eltern und deren Nachkommen 14
III.4 Ergebnisse zur bundesweiten Analyse von Rissen an großen Nutztieren 18
IV. Fazit 19
V. Anlagen 20

Abbildungsverzeichnis

Abb. 1: Übersicht des verwendeten Datensatzes „NRV Bundesländer“, aufgeschlüsselt nach Individuen-Details (Territorialität und bekannte Verwandtschaftsbeziehungen) sowie Risskategorien. **12**
Abb. 2: Nutztierrissvorfälle (NRV) von 149 erfassten territorialen Wolfsindividuen mit bekannter Eltern-Kind-Beziehung innerhalb des Studiengebiets im Zeitraum 2015-2022. (a) NRV-Gesamtzahl pro Risskategorie und (b) NRV/territoriales Jahr pro Risskategorie. Insgesamt wurden 753 NRV erfasst. Für mehr als die Hälfte der Individuen sind keine NRV verzeichnet (Median = 0). Für viele Individuen wurden ein oder zwei (a) bzw. weniger als zwei Vorfälle pro Jahr (b) bekannt (rote Linien). Individuen mit hohen NRV-Zahlen gelten statistisch als Ausreißer (Kreise). **13**
Abb. 3: Gesamtanzahl an Nutztierrissvorfällen pro Wolfsindividuum von Elterntieren und deren Nachkommen in Relation zueinander als Gesamtansicht (a) und in Vergrößerung beim Datenschwerpunkt (b). Bei Eltern mit vielen NRV hatten Nachkommen wenige Vorfälle und umgekehrt. **15**
Abb. 4: Mittlere Anzahl an Nutztierrissvorfällen pro territorialem Jahr von Elterntieren und deren Nachkommen in Relation zueinander als Gesamtansicht (a) sowie in Vergrößerung beim Datenschwerpunkt (b). Eine Korrelation zwischen NRV der Eltern und der Nachkommen ist nicht zu erkennen. **15**
Abb. 5: Mittlere Anzahl an Nutztierrissvorfällen pro Wolfsindividuum bei vorhandenem Mindestschutz gem. RL Wolf pro territorialem Jahr bei Elterntieren und deren Nachkommen in Relation zueinander als Gesamtansicht (a) und in Vergrößerung beim Datenschwerpunkt (b). Bei Eltern mit vermehrten NRV hatten Nachkommen wenige Vorfälle und umgekehrt. **16**
Abb. 6: Mittlere Anzahl an Nutztierrissvorfällen pro Wolfsindividuum bei großen Nutztieren (Rind, Pferd) pro territorialem Jahr von Elterntieren und deren Nachkommen in Relation zueinander als Gesamtansicht (a) und Vergrößerung beim Datenschwerpunkt (b). Bei Eltern mit vermehrten NRV hatten Nachkommen wenige Vorfälle und umgekehrt. **16**
Abb. 7: Bundesweite Anzahl an Nutztierrissvorfällen pro Wolfsindividuum bei großen Nutztieren (Rind, Pferd) von Elterntieren und deren Nachkommen in Relation zueinander als Gesamtwert (a) und für territoriale Individuen als Durchschnittswert pro territorialem Jahr (b). Bei Eltern mit vermehrten NRV hatten Nachkommen wenige Vorfälle und umgekehrt. **18**
Anlage A.2. Abb. 8: Stammbäume territorialer Wölfe im Studiengebiet mit NRV gesamt und bei Herdenschutz gem. RL Wolf. **24**
Anlage A.3. Abb. 9: Stammbäume territorialer Wölfe im Studiengebiet mit NRV gesamt und bei großen Nutztieren. **26**

Tabellenverzeichnis

Tab. 1: Abgefragte Zusatzdetail der Bundesländer zu den bekannten Monitoring Daten. **8**
Tab. 2: Individuen mit 10 oder mehr Nutztierrissvorfällen (NRV). Dargestellt sind pro Individuum: Anzahl an NRV gesamt, Anzahl an NRV trotz Herdenschutzmaßnahmen gem. RL Wolf (HS), NRV an großen Nutztieren (gNt), sowie durchschnittliche Anzahl an NRV territorialen Jahr (/Jahr). **14**
Tab. 3: Für das Studiengebiet errechnete statistische Ergebnisse des Pearson Korrelationstests. **17**
Tab. 4: Bundesweit errechnete statistische Ergebnisse des Pearson Korrelationstests für NRV an großen Nutztieren. **18**
Anlage 1. Tab. 4: Übersicht der Fokusindividuen (territoriale Wölfe im Studiengebiet mit territorialen Verwandten im Studiengebiet) mit Details zu Herkunft, Angaben zur eigenen Territorialität und Anzahl der Nutztierrissvorfällen pro Kategorie. **20**

I. Einleitung und Fragestellung

Seit dem Jahr 2009 führt das Zentrum für Wildtiergenetik der Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung als nationales Referenzzentrum die genetischen Probenanalysen aus dem bundesweiten Wolfsmonitoring durch und wird von den Bundesländern für die genetische Untersuchung bei Nutztierrissen beauftragt. Mit Inkrafttreten der „Verwaltungsvereinbarung zwischen Bund und Ländern über die gemeinsame Nutzung der Daten aus genetischen Untersuchungen von Großkarnivoren“ (Verwaltungsvereinbarung Großkarnivoren-Genetik) zum 01.01.2021 verpflichtet sich Senckenberg unter anderem zum Erstellen eines jährlichen Berichtes über die Konzeption und Durchführung einer wissenschaftlichen Analyse zu abgestimmten relevanten naturschutzfachlichen Aspekten anhand der erhobenen Daten.

In dem vorliegenden Bericht wird eine nach Abstimmung mit dem BfN und den Bundesländern durchgeführte stammbaumbasierte Analyse von Nutztierrissen im deutschen Wolfsbestand vorgestellt. Die Analyse erfolgt anhand der durch das Wolfsmonitoring bekannten Verwandtschaftsbeziehungen deutscher Wölfe und einem umfassenden Datensatz zu Nutztierrissvorfällen zwischen den Monitoringjahren 2015 und 2022. Hintergrund der Forschungsarbeit ist die zunehmende Zahl an vom Wolf verursachten Nutztierrissen, welche den zentralen Konflikt im Zusammenleben von Mensch und Wolf darstellen (DBBW 2022). Ein zentrales Ziel des Wolfsmanagement ist es daher, die Anzahl an Übergriffen auf Nutztiere nachhaltig zu reduzieren, bzw. in einem für die Nutztierhalter tolerierbaren Ausmaß zu halten.

Aus den bisherigen Erfahrungen in Deutschland sowie weiteren Ländern ist gut bekannt, dass nicht alle Wölfe regelmäßig Nutztiere reißen; vielmehr häufen sich Nutztierrisse in bestimmten Regionen und über genetische Analysen konnten in Einzelfällen > 50 Rissereignisse einzelnen Individuen zugewiesen werden (z.B. GW954f in NRW und GW356f in NI). Die Gründe für die räumliche Heterogenität im Auftreten von Nutztierrissen in Deutschland sind bislang nicht ausreichend erforscht; jedoch scheinen sich Nutztierrisse insbesondere dort zu häufen, wo eine hohe Anzahl an nicht wolfssicher geschützten Nutztieren (in der Regel vor allem Schafe) gehalten werden (BfN 2019). Es erscheint zudem plausibel anzunehmen, dass einzelne Individuen durch positive Erfahrungen lernen, Herdenschutzzäune zu überwinden und wiederholt Nutztiere zu erbeuten. Dabei ist die Frage bedeutend, inwieweit das Überwinden von Herdenschutzmaßnahmen oder eine gewisse Neigung zum Erbeuten von Nutztieren oder bestimmten Nutztierarten (z.B. Rinder, Pferde) innerhalb von Rudeln von den Eltern an die Nachkommen weitergegeben wird. Aktuell gibt es in der Literatur keine verlässlichen Aussagen darüber, inwieweit sich eine mögliche Neigung zum Erbeuten von Nutztieren durch genetische Prädisposition oder Erlernen auf nachfolgende Generationen übertragen kann (van Liere *et al.* 2021). Die Beantwortung

der Frage ist jedoch für ein effektives Wolfsmanagement bedeutend und spielt in der öffentlichen Diskussion um die Entnahme von Einzeltieren, die wiederholt geschützte Nutztiere erbeuten, eine wichtige Rolle. Durch die genetische Analyse tausender Rissverdachtsproben, die durch die Bundesländer in Auftrag gegeben werden, liegt in Deutschland ein einzigartiger Datensatz vor, anhand dessen die Frage nach einer Weitergabe spezialisierter Verhaltensmuster hinsichtlich Nutztierrissen beantwortet werden soll. Durch die Analyse der Nutztierrisshäufigkeiten genetisch identifizierter Eltern und Nachkommen sollten folgende Fragen beantwortet werden:

(i) Gibt es ein statistisch signifikantes Muster, dass spezialisierte Verhaltensmuster hinsichtlich des Erbeutens von Nutztieren (Häufigkeit von Nutztierrissen; Angriffe auf große Nutztiere, wie Rinder und Pferde) von Eltern an deren Nachkommen weitergegeben werden?
(ii) Könnte auf diese Weise solch unerwünschtes Beuteerwerbsverhalten im Falle abwandernder Wölfe in andere Regionen übertragen werden?

Um diese Fragen zu beantworten, wurden die genetischen Rissdaten derjenigen Bundesländer, die Rissvorfälle in den meisten Fällen genetisch untersuchen lassen, aufbereitet, die individuellen Nutztierrisszahlen mit den genetisch bekannten Verwandtschaftsverhältnissen in Beziehung gesetzt und statistisch untersucht, inwieweit individuelle Risshäufigkeiten in den Elternterritorien mit denen in den neu etablierten Territorien der Nachkommen korrelieren.

II. Material und Methoden

Die Grundlage für die folgenden Untersuchungen bilden die über genetische Analysen individuellen Wölfen zugeordneten Nutztierrissvorfälle, die im Folgenden als NRV abgekürzt werden. Dabei wird die Anzahl der verletzten oder getöteten Tiere nicht betrachtet. Als Nutztiere werden neben Schafen, Ziegen, Rindern und Pferden auch die seltenen Fälle von Rissen an weiteren sich in menschlicher Obhut befindlichen Arten (z.B. Alpakas) und auch Gatterwild berücksichtigt.

II.1 Auswahl der Risskategorien

Die Anzahl der NRV pro Individuum wurde innerhalb von drei Risskategorien basierend auf den Zusatzinformationen der Bundesländer (siehe II.3 Datensatz NRV_B) erfasst und statistisch ausgewertet:

1. **NRV gesamt**: Gesamte bekannte Anzahl an Nutztierrissen pro Individuum unabhängig von vorhandenen oder nicht vorhandenen Herdenschutzmaßnahmen während des Vorfalls und unabhängig von der gerissenen Tierart.
2. **NRV bei Herdenschutz (NRV HS)**: NRV pro Individuum, bei denen Herdenschutzmaßnahmen vorhanden waren, die den lokalen Vorgaben des Mindestschutzes gem. Richtlinie Wolf (RL Wolf) entsprachen.
3. **NRV bei großen Nutztieren (NRV gNt)**: NRV pro Individuum, bei denen große Nutztiere (Rinder, Pferde, Ponys) gerissen wurden.

II.2 Auswahl des Studiengebiets

Eine Auswertung der NRV für alle drei Kategorien war nicht für alle deutsche Bundesländer möglich, da zur Beantwortung der Forschungsfragen eine möglichst lückenlose Abdeckung von genetischen Untersuchungen der NRV erforderlich war. In Regionen, die Bearbeitung der NRV meist ohne genetische Überprüfung stattfindet, konnten keine zuverlässigen Häufigkeiten von NRV pro Individuum ermittelt werden, sodass zu hohe Dunkelziffern bei der statistischen Auswertung anzunehmen gewesen wären. Daher wurde ein Studiengebiet (SG) festgelegt, welches jene Bundesländer einschloss, in denen nahezu alle Rissvorfälle genetisch untersucht wurden. Die Auswahl der beteiligten Bundesländer geschah demnach über die Datenverfügbarkeit der Bundesländer. Folgende Bundesländer wurden statistisch berücksichtigt: Baden-Württemberg, Bayern, Bremen, Hamburg, Hessen, Mecklenburg-Vorpommern, Niedersachsen, Nordrhein-Westfalen, Rheinland-Pfalz, Schleswig-Holstein und Thüringen. Von der Analyse ausgeschlossen wurden die Daten aus Brandenburg, Sachsen und Sachsen-Anhalt, da in diesen Bundesländern ein zu geringer Anteil der NRV genetisch beprobt wurde, sowie das Saarland und Berlin,

da dort zum Zeitpunkt der Analyse kein Wolfsbestand vorhanden war. Auf **erster Ebene** erfolgte die Analyse aller drei Risskategorien für das genannte **Studiengebiet**.

Große Nutztiere gelten weithin nicht als übliche Nahrungsquelle für Wölfe (Reinhardt *et al.* 2023), weshalb Herdenschutzmaßnahmen gem. RL. Wolf für diese nicht gelten. Dennoch ist dieses spezialisierte Verhaltensmuster bei einigen Wölfen zu beobachten und für die Untersuchung von besonderem Interesse. Daher wurden diese Vorfälle auch in den Bundesländern außerhalb des Studiengebiets in den meisten Fällen genetisch überprüft, sodass auf **zweiter Ebene** eine **bundesweite** Analyse der dritten Risskategorie möglich war.

II.3 Auswahl und Aufbereitung der geeigneten Datensätze

Im Rahmen der Analyse wurden Datensätze von Senckenberg, der Bundesländer und der DBBW genutzt. Alle Datensätze wurden als Rohdatensätze in R Studio normalisiert und verarbeitet, um Fehler durch manuelle Bearbeitung auszuschließen. Nur die Datensätze der Bundesländer mussten manuell (teilweise aus analogen Protokollen) von den Bundesländern zusammengetragen werden und wurden dann mittels R Script weiterverarbeitet.

Datensatz „NRV Proben“ (NRV_P). Dieser Datensatz setzt sich zusammen aus allen genetischen Proben deutscher Wölfe, die im Rahmen des jährlichen Wolfsmonitorings einschließlich der Aufnahme von Totfunden, sowie der Beprobung von Nutztierrissvorfällen gesammelt und am Senckenberg Forschungsinstitut untersucht wurden. Für die Analyse wurden alle Proben, die im Zusammenhang von Nutztierrissen stehen, nach Vorfall gruppiert, mit den Vorfallsdaten der Bundesländer (siehe NRV_B) abgeglichen und zur Informationsergänzung genutzt (z.B. vereinzelt fehlende Vorfälle in NRV_B durch manuelle Bearbeitung und Ergänzung von Abstrichstellen).

Datensatz „NRV Bundesländer“ (NRV_B). Der Datensatz NRV_P lieferte nicht alle notwendigen Details für die Analyse. Daher wurde für Vorfälle im Studiengebiet mit den Bundesländern ein Abgleich vorgenommen und Daten von den Bundesländern ergänzt (Details zu geschädigter Tierart, Herdenschutzmaßnahmen, Abstrichstelle etc.) (siehe Tab. 1).

Tab. 1: Abgefragte Zusatzdetail der Bundesländer zu den bekannten Monitoring Daten.

ABFRAGEPARAMETER	PARAMETER DEFINITION/VARIABLEN
RISS ID	Interne Riss ID des Bundeslandes des NRVs
AUFTRAGSNUMMER	Auftragsnummer der genetischen Analyse bei Senckenberg
EREIGNISDATUM	dd.mm.yyyy
BUNDESLAND	
FUNDORT	Ortsangabe: nächste Ortschaft
XWERT/ YWERT	Ortsangabe: Lon/Lat
GESCHÄDIGTE TIERART	o Alpaka o Damwild o Gatterwild o Muffelwild o Pferd/Pony o Rind o Schaf o Ziege o unbekannt
ANZAHL TOT	Anzahl getöteter Tiere des NRV
ANZAHL VERLETZT	Anzahl verletzter Tiere des NRV
ANZAHL VERSCHOLLEN	Anzahl verschollener Tiere des NRV
SUMME	Summe aus getöteter, verletzter und verschollener Tiere
GENETIK ABSTRICHSTELLE	o Kehle o Hals o Fraßstelle etc.
HERDENSCHUTZ MIT MINDEST-SCHUTZ GEM. RL WOLF	o Ja o Nein o Beeinträchtigt o Nicht erforderlich o NA
ZAUN INFO	o Festzaun o Elektrozaun + Zaundetails (Litzen etc.) o NA
HERDENSCHUTZHUND	o Ja o Nein o NA
STÖRUNG IM RUDEL	Bspw. verstorbener Partner etc.
GENETIK INDIVIDUUM 1	genetisch nachgewiesenes Individuum
GENETIK INDIVIDUUM 2	ggf. zweites genetisch nachgewiesenes Individuum
GENETIK INDIVIDUUM 3	ggf. drittes genetisch nachgewiesenes Individuum
GENETIK ANZAHL GENETIKPROBE	Summe eingesendeter Proben

Datensatz „Territorien“ (T_DE). Im Rahmen des Wolfsmonitorings werden bekannte Wolfsterritorien von den zuständigen Stellen der Bundesländer erfasst und über die DBBW bundesweit zusammengefasst und dargestellt. Dieser Datensatz wurde zur Auswahl derjenigen Territorien genutzt, die sich im Studiengebiet befinden. Dieser Datensatz bildete außerdem die strukturelle Grundlage für die Rudelzuordnung (siehe R_DE).

Datensatz „Rudel“ (R_DE). In Deutschland werden bekannte Territorien, wenn möglich, den jeweiligen territorialen Wölfen und Wolfsrudeln für jedes Monitoringjahr (01.05. des laufenden Jahres bis 30.04 des Folgejahres) zugeordnet. Dieser Datensatz listet für jedes Monitoringjahr Fähe und Rüde des Rudels als Territorieninhaber auf. Basierend auf der Individuenzuordnung wurde anhand dieses Datensatzes ausgewählt, welche NRV auf territoriale Tiere zurückführbar sind und über welchen Zeitraum diese Wölfe territorial waren (siehe I_DE).

Datensatz „Wolfsindividuen“ (I_DE). Dieser Datensatz basiert auf der jahrelangen genetischen Erfassung von Wölfen (siehe NRV_P) im Rahmen des bundesweiten Wolfsmonitorings. Anhand von Mikrosatelliten-Genotypen führt Senckenberg eine genetische Wolfs-Datenbank zu allen bekannten Individuen im deutschen Wolfsbestand sowie deren Verwandtschaftsbeziehungen und Geburtsterritorien. Dieser Datensatz bildete die Basis zur Auswahl der Fokusindividuen (siehe II.4).

II.4 Auswahl der Fokusindividuen und Analyse der Rissdaten

Mit dieser umfassenden Datengrundlage war es möglich eine generelle Auswertung über Anzahl von NRV von genetisch ermittelten Individuen im Studiengebiet durchzuführen (siehe III.1). Hierbei wurde ermittelt, bei wie vielen NRV der verursachende Wolf genetisch identifiziert werden konnte, ob es sich um territoriale Individuen handelte und ob die Verwandtschaftsverhältnisse bekannt waren. Für die Überprüfung eines möglichen Zusammenhangs zwischen Verwandtschaftsbeziehungen und NRV-Zahlen konnten nicht von allen vorhanden Wolfsindividuen die erfassten NRV in die statistische Auswertung integriert werden. Daher war es für die Analyse auf erster Ebene nötig, sogenannte Fokusindividuen auszuwählen, deren NRV-Zahlen sich statistisch auswerten ließen.

Individuen wurden als **Fokusindividuum** in die Analyse aufgenommen, wenn sie

(i) im SG geboren wurden, im SG als Adulte territorial wurden und Nachkommen hatten (→ integriert als Nachkommen und Eltern) oder

(ii) im SG geboren wurden und im SG als Adulte territorial wurden (→ integriert als Nachkommen) oder

(iii) außerhalb des SG geboren wurden, aber im SG territorial wurden und Nachkommen hatten (→ integriert als Eltern).

Um statistische Verfälschungen durch zu erhebliche Datenlücken zu vermeiden, ist die Nutzung des Studiengebiets als Integrationskriterium für Fokusindividuen bedeutend (wie in II.2 beschrieben). Wichtig ist dabei auch, dass für eine exakte Datenauswertung nur territoriale Individuen integriert werden, da auch nicht-territoriale Individuen einen erheblichen Datenbias erzeugen könnten. Nicht-territoriale Individuen wandern häufig über große Distanzen und reißen dabei auch außerhalb des SG Nutztiere. Daher wären die ermittelten NRV-Daten für nicht-territoriale Tiere lückenhaft, was die Korrelation verfälschen könnte. Auch wurden Vorfälle, an denen die Nachkommen an Rissen in deren Elternterritorien nachgewiesen wurden, nicht berücksichtigt, da mit einer nicht geringen Wahrscheinlichkeit davon ausgegangen werden muss, dass es sich bei den Rissverursachern um die Elterntiere handelte.
Für die Analyse auf zweiter Ebene (bundesweite Analyse gNt) wurden auf bundesweiter Ebene alle Wolfsindividuen integriert, für die hier relevanten Verwandtschaftsbeziehungen bekannt waren. Die Territorialität wurde in diesem Teil nicht berücksichtigt, da Rissvorfälle an großen Nutztieren auf Bundesebene nahezu lückenlos erfasst werden. Eine Integration von nicht-territorialen Individuen erfolgt ggf. in einer zukünftigen Weiterführung der Studie.

Die statistische Auswertung erfolgte auf beiden Ebenen mittels Korrelationsplots und -tests, bei welchen die Anzahl $NRV_{Nachkommen}$ und die Anzahl NRV_{Eltern} auf einen Zusammenhang untersucht wurden. Da Wölfe, die über lange Zeiträume als territorial nachgewiesen werden, in dieser Zeit durchschnittlich mehr Nutztiere reißen werden, als Tiere, die nur ein oder wenige Jahre territorial sind, wurden neben der Gesamtzahl an NRV pro Individuum auch die durchschnittliche Zahl an NRV pro Individuum und Jahr ermittelt (nur Ebene SG). Diese wurde durch die Gesamtzahl an Rissen eines jeden Individuums geteilt durch die Anzahl an territorialen Jahren ermittelt („NRV gesamt/Jahr“; „NRV HS/Jahr“ und „NRV gNt/Jahr“).

III. Ergebnisse und Diskussion

III.1 Ergebnisse der allgemeinen Betrachtung von NRV-Vorfällen im Studiengebiet

Im Untersuchungszeitraum wurden für das Studiengebiet zwischen den Monitoringjahren 2015 und 2022 insgesamt 1596 NRV genetisch bestimmten Wolfsindividuen zugeordnet. Dabei waren bei knapp 135 Vorfällen große Nutztiere wie Rinder oder Pferde betroffen (auf Basis der vorliegenden Datensätze wird hier nicht zwischen Kälbern/Fohlen und adulten Tieren unterschieden). Bei großen Nutztieren ist in der Regel kein Mindestschutz gem. RL Wolf vorgeschrieben, da sie meist nicht in das Nahrungsspektrum von Wölfen fallen und in der Regel seltener gerissen werden (Reinhardt *et al.* 2023). Auffällig ist, dass bei mehr als der Hälfte der NRV mit Individualisierung (59%, n=950) die Mindestanforderungen an den Herdenschutz gemäß Richtlinie Wolf nicht vorhanden oder diese zumindest beeinträchtigt waren. Lediglich bei 21% (n=338, siehe Abb. 1) der nachweislich vom Wolf verursachten NRV waren die Mindestanforderungen an den Herdenschutz erfüllt. In den verbleibenden Vorfällen war eine Mindestanforderung nicht vorgeschrieben oder die Angabe nicht vorhanden.

Von den 1596 NRV mit genetisch individualisierten Wölfen waren bei 1027 Vorfällen (64%) die verursachenden Wölfe territorial. Durch die ausschließliche Berücksichtigung territorialer Tiere in dieser Untersuchung sollte das Problem reduziert werden, dass mit dem genetischen Nachweis eines Individuums streng genommen nicht auf den Rissverursacher geschlossen werden kann. Lediglich bei 51% der Vorfälle (n=817) wurde seitens der Länder angegeben, dass ein Abstrich des Kehlbisses genommen wurde, was die Wahrscheinlichkeit, dass es sich bei dem Individuum auch um den Verursacher handelt, deutlich erhöhen würde.

Für die statistische Analyse wurden zudem nur Tiere integriert, die in einem Eltern-Nachkommen-Verhältnis stehen (siehe I_DE). Es konnten insgesamt 149 Fokusindividuen identifiziert werden, welche die Analysekriterien erfüllten (siehe Anlage A1. Tab. 4). Von diesen wurden 73 Tiere an Nutztierrissen nachgewiesen (auch einmalig).

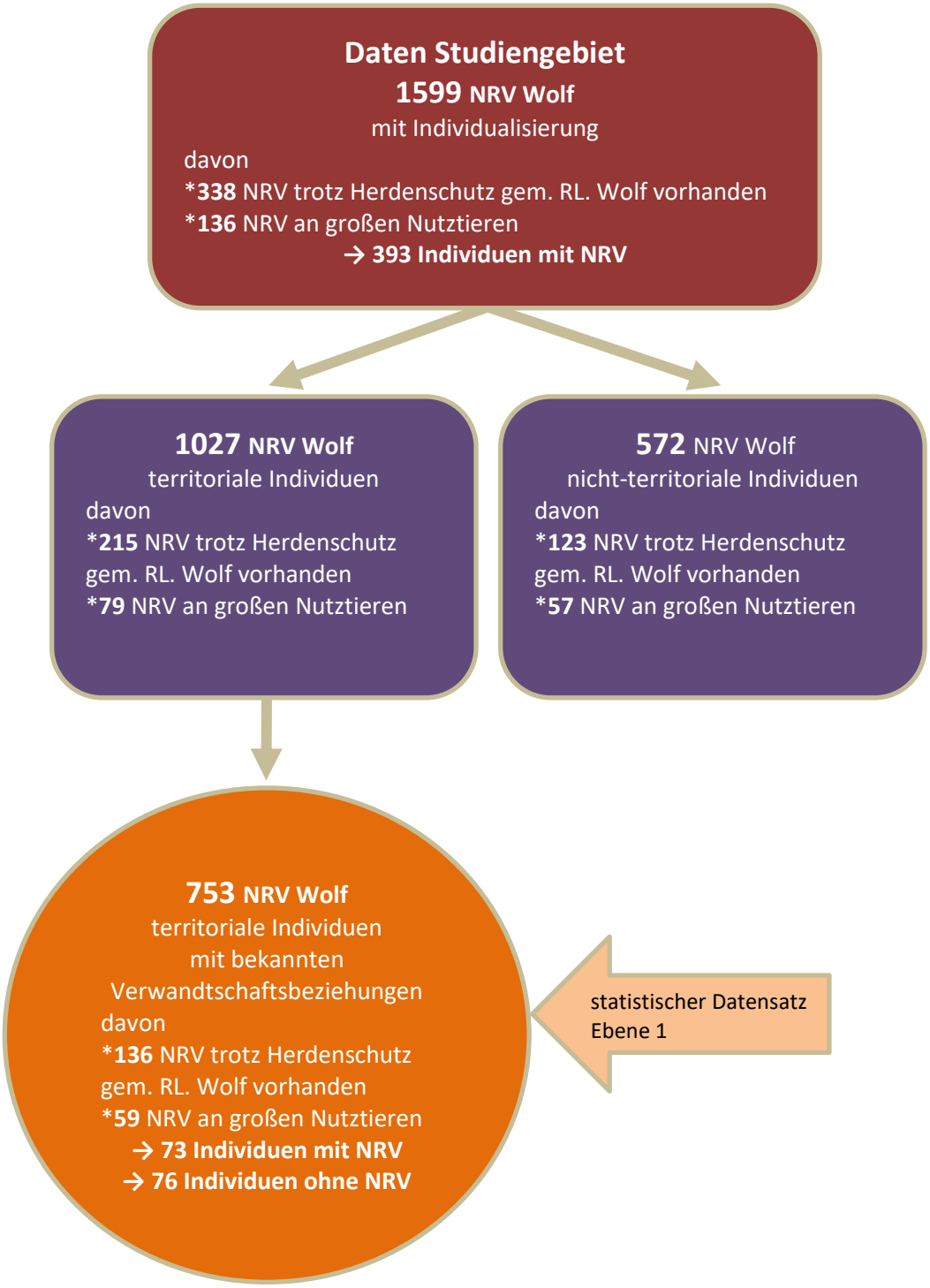


Abb. 1: Übersicht des verwendeten Datensatzes „NRV Bundesländer“, aufgeschlüsselt nach Individuen-Details (Territorialität und bekannte Verwandtschaftsbeziehungen) sowie Risskategorien.

Die Häufigkeitsverteilung der NRV-Anzahlen pro Individuum (Abb. 2) bei Vorfällen mit genetischer Individualisierung zeigt, dass beim gesamten Datensatz der Datenschwerpunkt unter 5 Vorfällen (Abb. 2.a) bzw. unter 2/Jahr (Abb. 2.b, rote Linie) pro Individuum liegt (Quartil). Der Median liegt bei null, was bedeutet, dass mind. für die Hälfte aller Individuen gesamt (a.) und durchschnittlich (b.) keine NRV nachgewiesen wurden. Ein gehäuftes Reißen von Nutztieren pro Individuum, hier definiert als ≥ 10 NRV (gesamt Vorfälle), wurde bei 18 Individuen festgestellt (vgl. Tab. 2), welche statistisch als Ausreißer gelten. Im Falle der Risskategorie „Überwinden von Herdenschutzmaßnahmen“ trat das Verhalten lediglich bei drei Individuen auf (GW267f, GW872f & GW954f), bei großen Nutztieren nur bei einem Individuum (GW717m).

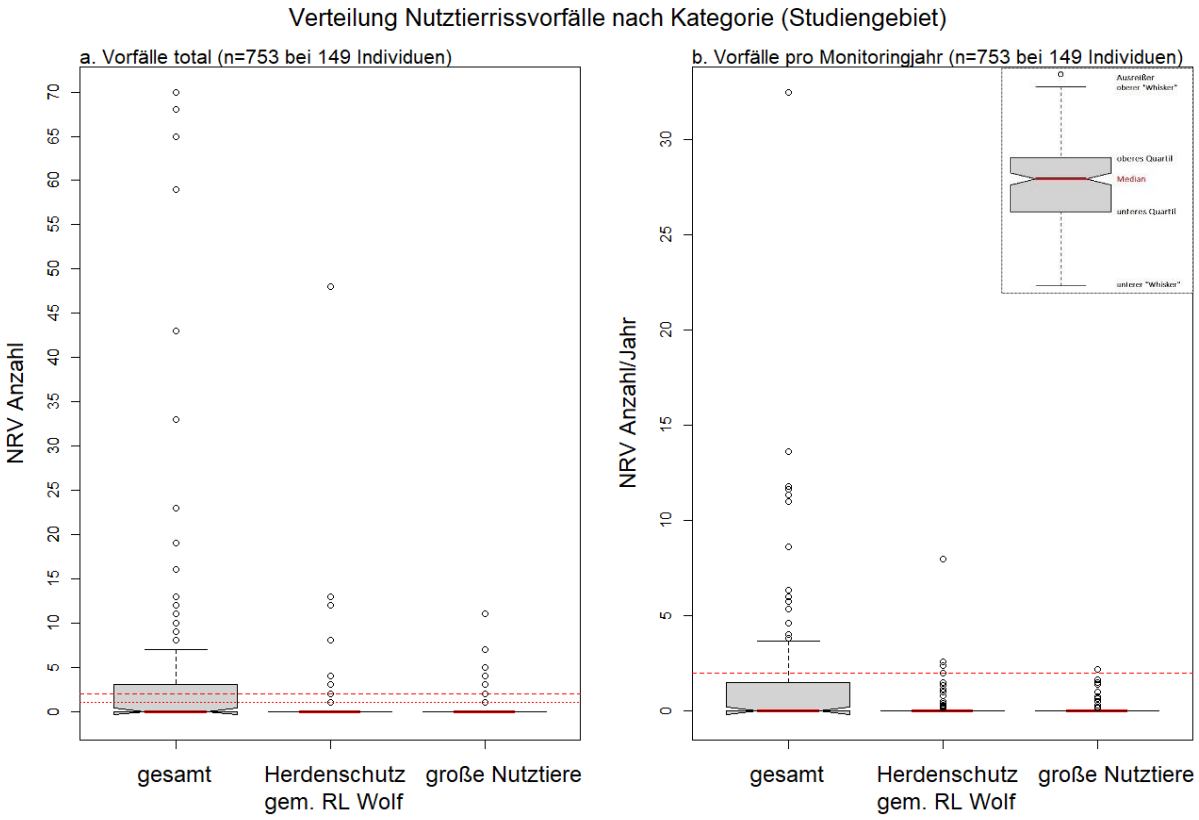


Abb. 2: Nutztierrissvorfälle (NRV) von 149 erfassten territorialen Wolfsindividuen mit bekannter Eltern-Kind-Beziehung innerhalb des Studiengebiets im Zeitraum 2015-2022. (a) NRV-Gesamtzahl pro Risskategorie und (b) NRV/territoriales Jahr pro Risskategorie. Insgesamt wurden 753 NRV erfasst. Für mehr als die Hälfte der Individuen sind keine NRV verzeichnet (Median = 0). Für viele Individuen wurden ein oder zwei (a) bzw. weniger als zwei Vorfälle pro Jahr (b) bekannt (rote Linien). Individuen mit hohen NRV-Zahlen gelten statistisch als Ausreißer (Kreise).

Tab. 2: Individuen mit 10 oder mehr Nutztierrissvorfällen (NRV). Dargestellt sind pro Individuum: Anzahl an NRV gesamt, Anzahl an NRV trotz Herdenschutzmaßnahmen gem. RL Wolf (HS), NRV an großen Nutztieren (gNt), sowie durchschnittliche Anzahl an NRV territorialen Jahr (/Jahr).

Individuum	*NRV gesamt*	*NRV gesamt/Jahr*	*NRV HS*	*NRV HS/Jahr*	*NRV gNt*	*NRV gNt/Jahr*
GW356f	70	11,7	8	1,3	3	0,5
GW267f	68	11,3	48	8	0	0
GW954f	68	13,6	12	2,4	1	0,2
GW1896m	65	32,5	2	1	0	0
GW872f	59	11,8	13	2,6	0	0
GW717m	43	8,6	4	0,8	11	2,2
GW1111m	33	11	3	1	0	0
GW852m	23	4,6	0	0	0	0
GW950m	23	5,8	8	2	4	1
GW1113m	19	6,3	1	0,3	0	0
GW242f	19	2,7	8	1,1	0	0
GW618f	19	3,8	2	0,4	1	0,2
GW1415f	16	5,3	1	0,3	0	0
GW911m	16	2,7	0	0	0	0
GW745f	13	2,6	0	0	7	1,4
GW651m	12	6	3	1,5	2	1
GW1480m	11	3,7	0	0	3	1
GW505m	10	1,4	1	0,1	0	0

III.2 Ergebnisse der Analyse des Zusammenhangs von NRV von Eltern und deren Nachkommen

Die Untersuchung eines potentiellen Zusammenhangs zwischen dem Rissverhalten von Eltern und dem Rissverhalten ihrer Nachkommen erfolgte über eine Korrelationsanalyse. Hierzu wurde die Anzahl NRV_{Eltern} gegen die Anzahl $NRV_{Nachkommen}$ in Beziehung gesetzt und über eine Produkt-Moment-Korrelation quantifiziert. Zudem diente die visuelle Inspektion der Verteilung der Datenpunkte relativ zur Ursprungsgeraden (1:1 Verhältnis) der allgemeinen Einordnung, ob Eltern häufiger als ihre Nachkommen reißen (Punkte oberhalb der Geraden), beziehungsweise umgekehrt die Nachkommen mehr als ihre Eltern (Punkte unterhalb der Geraden, Abb. 3 bis 7).

Die Korrelationsanalyse ergab keinen signifikanten Zusammenhang zwischen NRV_{Eltern} und $NRV_{Nachkommen}$, weder in der Analyse der Mutter-Kind-, noch in der Vater-Kind-Beziehung (Koeffizient r zwischen -0.03 und -0.06, alle $p > 0.1$, Abb. 3 und 4, Tabelle 3). Auch bei den Datensätzen „Überwinden von Herdenschutzmaßnahmen“ (Abb. 5) und „Reißen von großen Nutztieren“ (Abb. 6) ergab sich kein Zusammenhang zwischen NRV_{Eltern} und $NRV_{Nachkommen}$; ein Zusammenhang zwischen dem Rissverhalten der Eltern und dem Rissverhalten ihrer Nachkommen wird aufgrund dieser Ergebnisse nicht belegt.

Eine Ausnahme scheint sich im Datensatz „Nutztierrissvorfälle gesamt /Jahr“ zu zeigen (Abb. 4). Hier zeigen die Nachkommen stets eine höhere Anzahl von NRV im Vergleich zu den Eltern. Hier ist allerdings der Daten-Cutoff zu beachten, da hier nur Individuen mit >1NRV/Jahr analysiert wurden.

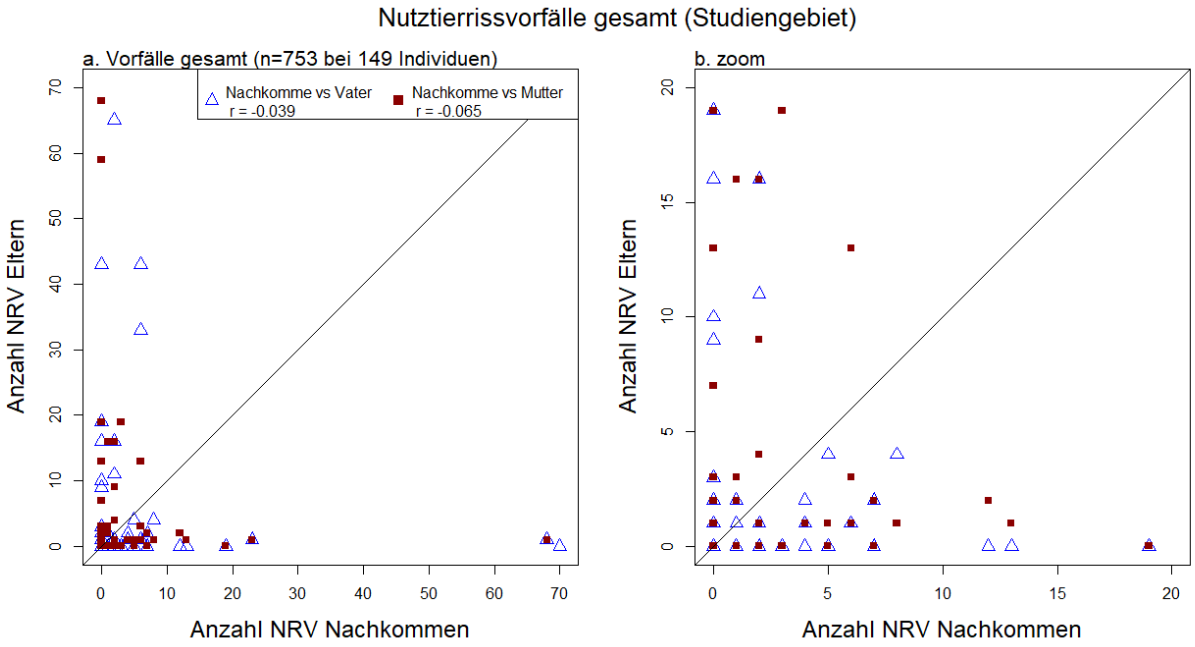


Abb. 3: Gesamtanzahl an Nutztierrissvorfällen pro Wolfsindividuum von Elterntieren und deren Nachkommen in Relation zueinander als Gesamtansicht (a) und in Vergrößerung beim Datenschwerpunkt (b). Bei Eltern mit vielen NRV hatten Nachkommen wenige Vorfälle und umgekehrt.

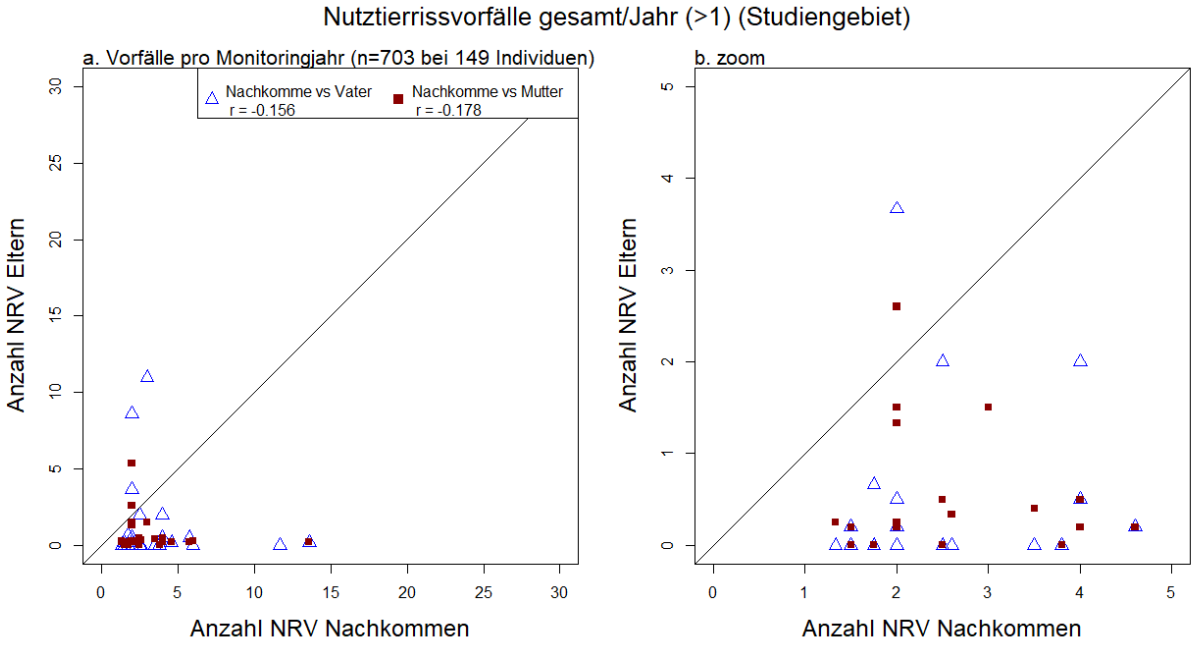


Abb. 4: Mittlere Anzahl an Nutztierrissvorfällen pro territorialem Jahr von Elterntieren und deren Nachkommen in Relation zueinander als Gesamtansicht (a) sowie in Vergrößerung beim Datenschwerpunkt (b). Eine Korrelation zwischen NRV der Eltern und der Nachkommen ist nicht zu erkennen.

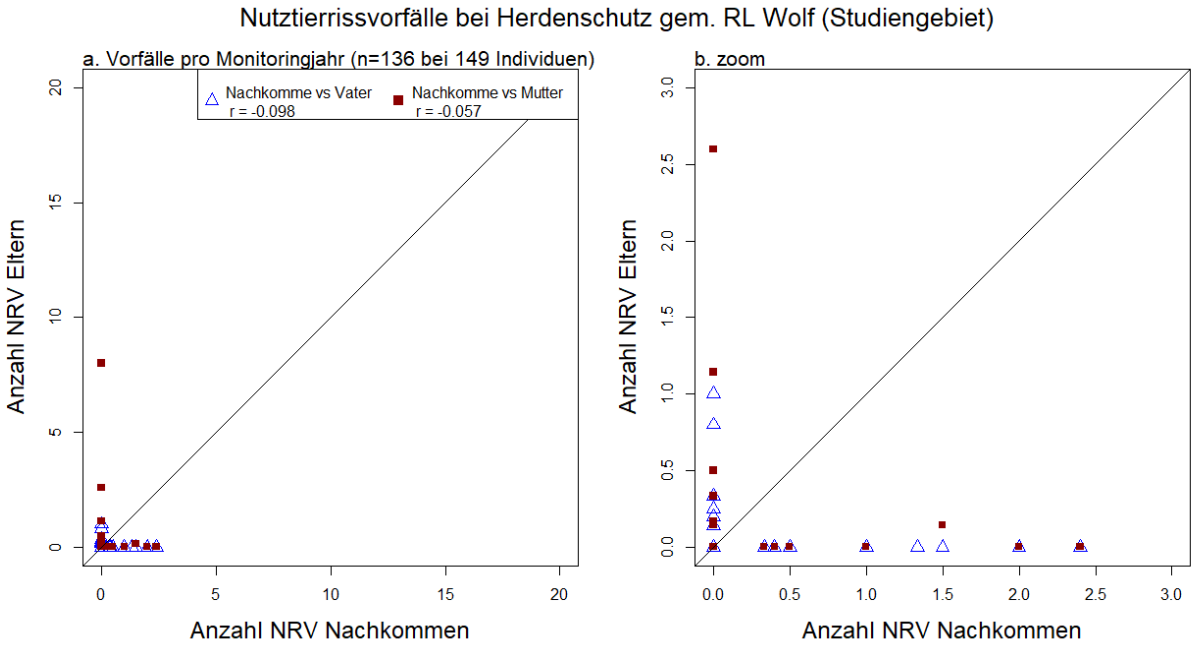


Abb. 5: Mittlere Anzahl an Nutztierrissvorfällen pro Wolfsindividuum bei vorhandenem Mindestschutz gem. RL Wolf pro territorialem Jahr bei Elterntieren und deren Nachkommen in Relation zueinander als Gesamtansicht (a) und in Vergrößerung beim Datenschwerpunkt (b). Bei Eltern mit vermehrten NRV hatten Nachkommen wenige Vorfälle und umgekehrt.

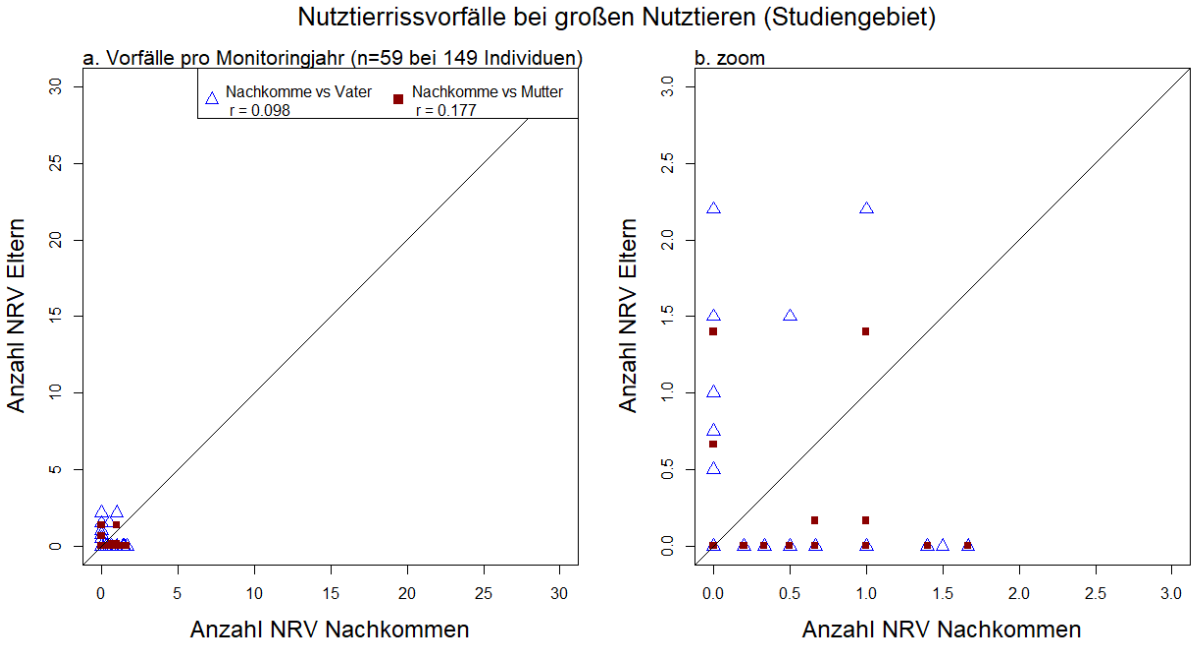


Abb. 6: Mittlere Anzahl an Nutztierrissvorfällen pro Wolfsindividuum bei großen Nutztieren (Rind, Pferd) pro territorialem Jahr von Elterntieren und deren Nachkommen in Relation zueinander als Gesamtansicht (a) und Vergrößerung beim Datenschwerpunkt (b). Bei Eltern mit vermehrten NRV hatten Nachkommen wenige Vorfälle und umgekehrt.

Tab. 3: Für das Studiengebiet errechnete statistische Ergebnisse des Pearson Korrelationstests.

Pearson Korrelation		*Korrelationskoeffizient*	*p-Wert*
NRV gesamt	Vater	-0,039	0,7198
	Mutter	-0,065	0,5601
NRV gesamt/Jahr	Vater	-0,156	0,4559
	Mutter	-0,178	0,4171
NRV mind.	Vater	-0,098	0,3621
Herdenschutz/Jahr	Mutter	-0,057	0,6036
NRV große	Vater	0,098	0,3626
Nutztiere/Jahr	Mutter	0,177	0,1071

III.3 Ergebnisse der Stammbaumanalyse

In einer stammbaumbasierten Analyse wären im Falle einer Weitergabe des Rissverhaltens an die Nachkommen Ketten zu erkennen, die zeigen, dass das Verhalten über die Generationen immer wieder auftritt. Für jede NRV-Kategorie wurde ein Stammbaum der Fokusindividuen erstellt (Abb. 8 und 9 in den Anlagen). In keiner der Kategorien konnte beobachtet werden, dass im Falle von Eltern mit gehäuftem Nutztierrissvorkommen das Verhalten auch bei deren Nachkommen vermehrt auftritt. Bei insgesamt 15 Paaren von Eltern und Nachkommen ist zwar zu erkennen, dass Nachkommen ebenfalls Nutztiere reißen, wenn die Eltern dies getan haben (Kategorie gesamt NRV), hierbei sind jedoch auch einmalige NRV pro Individuum miterfasst. Bei 8 Paaren mit NRV wurde keines der Nachkommen an NRV nachgewiesen. Für eine präzisere Auswertung solcher Ketten im Stammbaum sollte auch die Anzahl der NRV berücksichtigt werden. Beachtet man demnach die Anzahl Eltern-Nachkommen-Verbindung bei welchen das Reißen von Nutztieren ein gehäuftes Verhalten ist, was >1/Jahr vorkommt, dann gibt es nur 6 Elternpaare bei denen ein oder mehrere Nachkommen ebenfalls gehäuft Nutztiere gerissen haben. Dies spricht ebenfalls gegen eine Weitergabe des Verhaltens an nächste Generationen. Auffällig ist, dass insbesondere beim Überwinden von Herdenschutzmaßnahmen oftmals die territorialen Partner ein Cluster im Stammbaum bilden. Dabei ist jedoch zu beachten, dass die Rüden (z.B. GW1896m, GW1113m, GW1264m & GW505m) nur ein oder zweimalig an diesen Rissen nachgewiesen wurden und hingegen die häufigen Wiederholungen auf die Fähen (z.B. GW267f & GW242f) zurückzuführen sind.

III.4 Ergebnisse zur bundesweiten Analyse von Rissen an großen Nutztieren

Die bundesweite Betrachtung der NRV an großen Nutztieren zeigt das gleiche Bild wie bei der strengeren Betrachtung im Studiengebiet (vgl. Abb. 6 und Abb. 7). Bei NRV an Rindern und Pferden liegt kein statistischer Zusammenhang zwischen der Anzahl der von Eltern und deren Nachkommen verursachten Vorfällen vor (Tab. 4). Demnach scheint ein gehäuftes Reißen von großen Nutztieren zumeist nicht an Nachkommen weitergegeben zu werden.

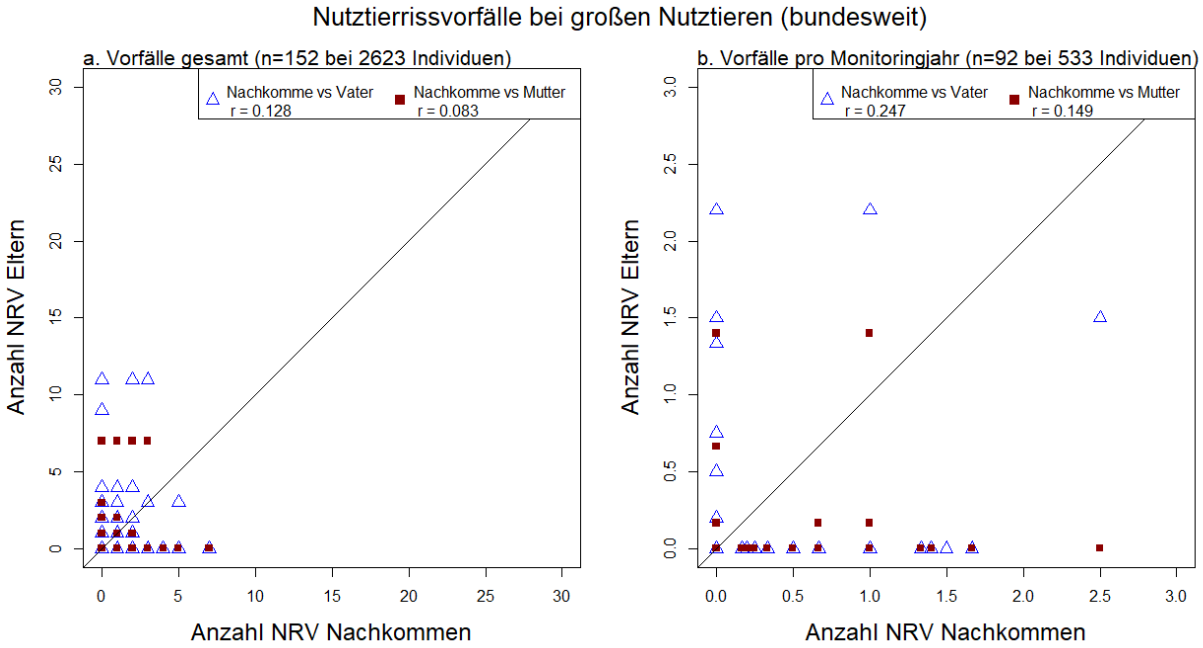


Abb. 7: Bundesweite Anzahl an Nutztierrissvorfällen pro Wolfsindividuum bei großen Nutztieren (Rind, Pferd) von Elterntieren und deren Nachkommen in Relation zueinander als Gesamtwert (a) und für territoriale Individuen als Durchschnittswert pro territorialem Jahr (b). Bei Eltern mit vermehrten NRV hatten Nachkommen wenige Vorfälle und umgekehrt.

Tab. 4: Bundesweit errechnete statistische Ergebnisse des Pearson Korrelationstests für NRV an großen Nutztieren.

Pearson Korrelation		*Korrelationskoeffizient*	*p-Wert*
NRV große	Vater	0,128	5,17E-07
Nutztiere	Mutter	0,083	4,85E-02
NRV große	Vater	0,247	5,27E-03
Nutztiere/Jahr	Mutter	0,149	0,0056

IV. Fazit

Auf Basis der vorliegenden Ergebnisse konnte kein statistischer Zusammenhang zwischen der Anzahl genetisch nachgewiesener Nutztierrisse von Wolfseltern und ihren in einem anderen Gebiet territorial gewordenen Nachkommen ermittelt werden. Hierbei war es gleichbedeutend, ob die Gesamtzahl an Nutztierrissen, die durchschnittliche Rissanzahl pro Territorienjahr, oder die ausschließliche Betrachtung geschützter Herden bzw. das Reißen großer Nutztiere (Rind, Pferd) analysiert wurde. Damit wird gezeigt, dass ein gehäuftes Reißen von Nutztieren beim Wolf in Deutschland in der Regel nicht an die Nachkommen weitergegeben wird. Eine Verbreitung dieses für den Menschen unerwünschten Verhaltens durch das Erlernen im elterlichen Territorium in neue Regionen findet demnach nicht statt.

Bei der Interpretation der Ergebnisse muss darauf hingewiesen werden, dass die vorhandene Stichprobe durch den Wegfall der territorienreichen Bundesländer Brandenburg, Sachsen und Sachsen-Anhalt in ihrem Umfang begrenzt ist. Dennoch lässt das Fehlen (i) eines jeglichen statistischen Zusammenhangs sowie (ii) einer zumindest anhand der graphischen Darstellungen anzunehmenden Beziehung zwischen den Risshäufigkeiten von Eltern und Nachkommen den Schluss zu, dass hier tatsächlich kein Zusammenhang besteht. Auch bei einer Analyse der bundesweit vorliegenden Daten (zweite Ebene) bezüglich des Reißens großer Nutztiere konnte kein Zusammenhang gefunden werden.

Durch die geringe Anzahl an Rissen vorschriftsmäßig geschützter Nutztiere sowie das verhältnismäßig seltene Erbeuten von Rindern oder Pferden ist die Betrachtung dieser besonders relevanten Fälle als vorläufig anzusehen. Dennoch geben die graphischen Darstellungen der paarweisen individuellen Rissanzahlen von Eltern und deren Nachkommen in keinem Fall auch nur den Hinweis einer möglichen Korrelation. Die Betrachtung der Stammbäume in Abb. 7-8 (Anlagen) bestätigt dieses Ergebnis, auch wenn bei Betrachtung der gesamten Risszahlen pro Individuum wenige Einzelfälle zu erkennen sind, in denen gehäuftes Reißen von Nutztieren auch innerhalb von Verwandtschaftsgruppen vorkommt. Trotz fehlender Signifikanzen im Gesamtdatensatz kann daher nicht gänzlich ausgeschlossen werden, dass eine Weitergabe unerwünschten Verhaltens im Einzelfall vorkommen kann. Allgemein wird angenommen, dass Wölfe von ihren Eltern lernen, welche Tierarten als Beute infrage kommen (Kojola *et al.* 2004; Fabbri *et al.* 2018). Wölfe sind zudem oft konservativ in ihrer Nahrungswahl und können sich auf leicht zu jagende und häufig vorkommende Nahrung spezialisieren (Reinhardt *et al.* 2023). Es erscheint daher ratsam, eine Umsetzung flächendeckender Herdenschutzmaßnahmen weiter zu fördern, um der Rissproblematik effektiv entgegenzuwirken. Wie die vorgelegten Analyseergebnisse zeigen, kann jedoch vorerst nicht davon ausgegangen werden, dass durch fehlende Entnahme nutztierreißender Wölfe eine zukünftige Zunahme an Rissen aufgrund einer Weitergabe dieses unerwünschten Verhaltens zu erwarten wäre.

V. Anlagen

Anlage 1. Tab. 5: Übersicht der Fokusindividuen (territoriale Wölfe im Studiengebiet mit territorialen Verwandten im Studiengebiet) mit Details zu Herkunft (Bundesland: Herk-BL, Rudel: Herk-Rudel, Eltern: Mutter/Vater), Angaben zur eigenen Territorialität (Bundesland: Terri-BL, Rudel: Terri-Rudel und Anzahl territorialer Jahre: Terri-Jahre) und Anzahl der Nutztierrissvorfällen pro Kategorie (gesamt: NRV gesamt, Herdenschutzmaßnahmen: NRV HS und große Nutztiere: NRV gNt).

Individuum	*Herk-BL*	*Herk-Rudel*	*Mutter*	*Vater*	*Terri-BL*	*Terri-Rudel*	*Terri-Jahre*	*NRV gesamt*	*NRV HS*	*NRV gNt*
GW146m	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	BB	KRH	5	1	1	0
GW153m	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	MV	LUE	2	0	0	0
GW163f	BB	LE	n.a.	n.a.	NI	WI	5	2	0	0
GW188m	ST	AG	n.a.	n.a.	NI	BE	3	0	0	0
GW191f	ST	AG	n.a.	n.a.	NI	WAL	5	0	0	0
GW203f	ST	AG	n.a.	n.a.	NI	CUX	2	1	0	0
GW213m	SN	SL	n.a.	n.a.	NI	MU	1	0	0	0
GW215m	SN	DN	n.a.	n.a.	NI	GA	5	0	0	0
GW223m	SN	N	n.a.	n.a.	MV	UEM	4	0	0	0
GW242f	BB	LE	n.a.	n.a.	NI	ES	7	19	8	0
GW257f	BB	GKL	n.a.	n.a.	MV	UEM	8	2	1	0
GW258f	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	MV	LUE	2	0	0	0
GW260m	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	NI	MU	3	2	0	0
GW263f	NI	MU	n.a.	GW213m	NI	MU	2	0	0	0
GW267f	SN	SP	n.a.	n.a.	TH	OHR	6	68	48	0
GW317m	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	NI	SNV	5	1	0	0
GW339m	NI	MU	n.a.	GW213m	NI	CUX	2	4	0	3
GW356f	NI	GA	n.a.	GW215m	NI	BAT	6	70	8	3
GW359f	NI	RM	n.a.	GW260m	NI	EB	7	4	0	0
GW367m	NI	BE	GW191f	GW188m	NI	WI	4	2	0	2
GW375m	MV	UEM	GW257f	GW223m	MV	TOR	4	0	0	0
GW376m	MV	UEM	GW257f	GW223m	NI	OMO	3	1	0	0
GW377f	MV	LUE	GW258f	GW153m	MV	KAL	4	0	0	0
GW421m	BB	GKL	n.a.	n.a.	NI	VIS	5	0	0	0
GW432f	NI	MU	n.a.	GW213m	NI	GOE	7	0	0	0
GW445f	ST	AH	n.a.	n.a.	NI	VIS	3	1	0	0
GW472f	NI	GA	n.a.	GW215m	NI	SNV	5	1	0	0
GW477m	NI	CUX	GW203f	GW339m	NI	EB	2	8	1	0
GW504m	BB	SPJ	n.a.	n.a.	NI	GOE	5	0	0	0
GW505m	BB	BA	n.a.	n.a.	NI	ES	7	10	1	0
GW524f	NI	BE	GW191f	GW188m	NI	OMO	3	0	0	0
GW527f	BB	BA	n.a.	n.a.	NI	WTZ	2	0	0	0
GW533m	MV	LUE	GW258f	GW153m	NI	WTZ	2	0	0	0
GW583m	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	MV	LUE	8	0	0	0
GW618f	NI	MU	GW263f	GW213m	NI	WEN	5	19	2	1

Anlage 1 (Fortsetzung)

Individuum	*Herk-BL*	*Herk-Rudel*	*Mutter*	*Vater*	*Terri-BL*	*Terri-Rudel*	*Terri-Jahre*	*NRV gesamt*	*NRV HS*	*NRV gNt*
GW631f	NI	CUX	GW203f	GW339m	NI	CUX	2	5	0	1
GW644f	BB	BA	n.a.	n.a.	NI	WAL	3	0	0	0
GW647f	NI	ES	GW242f	n.a.	NI	EHL	5	3	0	0
GW651m	MV	UEM	GW257f	GW223m	NI	BAT	2	12	3	2
GW665f	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	BY	SRN	5	0	0	0
GW667m	NI	OMO	GW524f	GW376m	NI	MEP	3	1	0	0
GW669f	NI	OMO	GW524f	GW376m	NI	OMO	2	0	0	0
GW671f	NI	OMO	GW524f	GW376m	NI	STM	2	1	0	0
GW676m	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	BY	SRN	6	0	0	0
GW682f	BB	KRH	GW769f	GW146m	MV	MÜR	4	0	0	0
GW683f	MV	LUE	GW258f	GW153m	MV	PRI	6	0	0	0
GW685f	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	NI	GST	6**	9	1	1
GW702m	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	BY	VF	5	2	0	0
GW714f	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	NI	VIS	4	1	0	0
GW716f	BB	BA	n.a.	n.a.	BY	VF	3	0	0	0
GW717m	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	NI	RWA	5	43	4	11
GW735m	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	MV	REJ	4	0	0	0
GW739f	NI	WI	GW163f	GW367m	NI	WID	4	0	0	0
GW740f	MV	LUE	GW258f	GW153m	NI	WER	4	7	2	0
GW742f	NI	MU	GW263f	GW260m	NI	MU	4	0	0	0
GW745f	NI	VIS	GW445f	GW421m	NI	RWA	5	13	0	7
GW763f	SN	DZ	n.a.	n.a.	NI	HER	2	3	0	0
GW769f	ST	AG	n.a.	n.a.	BB	KRH	5	0	0	0
GW791m	SN	GH	n.a.	n.a.	NI	WID	2	0	0	0
GW794m	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	NI	OMO	4	0	0	0
GW801f	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	NI	MU	1	0	0	0
GW808m	NI	WI	GW163f	GW367m	NI	BE	3	0	0	0
GW814m	ST	HF	n.a.	n.a.	NI	GST	2	1	0	0
GW816m	SN	NY	n.a.	n.a.	NI	LUC	2	1	0	0
GW825m	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	NI	AMT	4	3	0	0
GW834f	NI	BE	GW191f	GW188m	NI	BE	3	0	0	0
GW837f	NI	SNV	GW472f	GW317m	NI	GSF	3	2	1	0
GW841m	NI	WAL	GW644f	GW911m	NI	WI	1	0	0	0
GW850m	MV	KAL	GW377f	GW583m	NI	BGD	1	0	0	0
GW852m	NI	SNV	GW472f	GW317m	BW	ENZ	5	23	0	0
GW870f	NI	GOE	GW432f	GW504m	NI	BGD	1	0	0	0
GW871f	BY	SRN	GW665f	GW676m	BY	RUD	1	0	0	0
GW872f	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	NI	AMT	5	59	13	0
GW911m	BB	GKL	n.a.	n.a.	NI	WAL	6	16	0	0
GW912f	NI	WAL	GW644f	GW911m	NI	NOD	3	2	0	1

Anlage 1 (Fortsetzung)

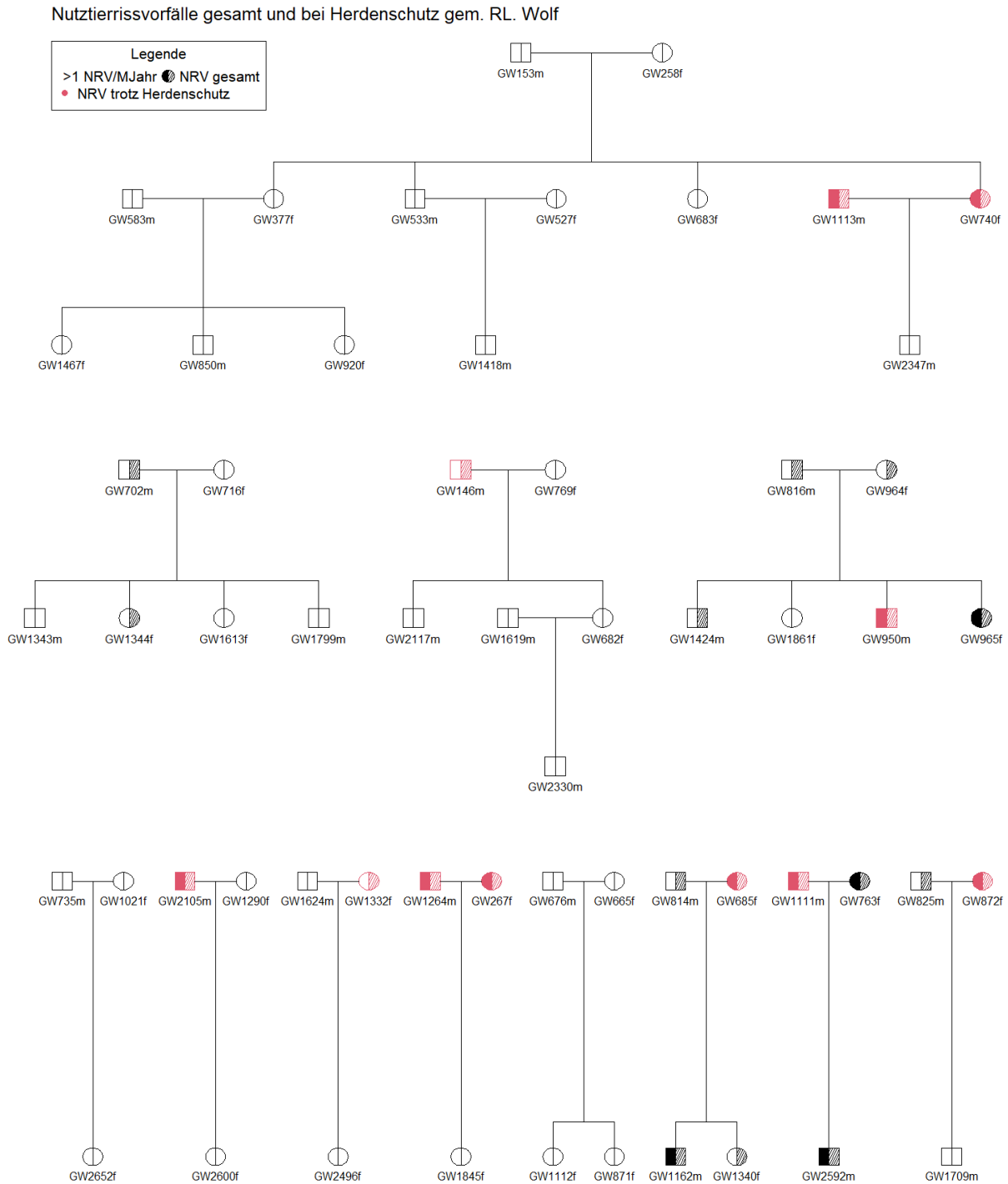
Individuum	*Herk-BL*	*Herk-Rudel*	*Mutter*	*Vater*	*Terri-BL*	*Terri-Rudel*	*Terri-Jahre*	*NRV gesamt*	*NRV HS*	*NRV gNt*
GW920f	MV	KAL	GW377f	GW583m	MV	JAS	4	0	0	0
GW947f	NI	SNV	GW472f	GW317m	NI	SOL	3	0	0	0
GW950m	NI	LUC	GW964f	GW816m	NI	BGD	4*	23	8	4
GW952m	NI	GA	GW1188f	GW215m	NI	GSF	3	0	0	0
GW954f	NI	SNV	GW472f	GW317m	NW	SBK	5	68	12	1
GW964f	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	NI	LUC	5	1	0	0
GW965f	NI	LUC	GW964f	GW816m	NI	HER	1	4	0	0
GW1021f	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	MV	REJ	4	0	0	0
GW1027m	NI	MU	GW801f	GW260m	NI	EB	4	7	2	0
GW1040m	NI	GOE	GW432f	GW504m	NI	WI	2	5	2	0
GW1056f	SN	KN	n.a.	n.a.	MV	BIL	4	0	0	0
GW1072f	NI	GOE	GW432f	GW504m	RP	STG	1	0	0	0
GW1111m	BB	LE	n.a.	n.a.	NI	HER	3	33	3	0
GW1112f	BY	SRN	GW665f	GW676m	BY	RUD	2	0	0	0
GW1113m	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	NI	WER	3	19	1	0
GW1121f	NI	WID	GW739f	GW791m	NI	WID	1	0	0	0
GW1129m	NI	SNV	GW472f	GW317m	BW	SLS	3	6	0	5
GW1159m	n.a.	n.a.	GW191f	n.a.	RP	FWN	3	1	0	0
GW1161m	NI	ES	GW242f	GW505m	NI	MU	1	0	0	0
GW1162m	NI	GST	GW685f	GW814m	NI	CUX	1	2	0	1
GW1180m	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	NI	EHL	6	2	0	0
GW1188f	NI	RM	n.a.	GW260m	NI	GA	5	0	0	0
GW1264m	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	TH	OHR	4	9	1	3
GW1290f	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	MV	WOK	3	0	0	0
GW1321m	NI	SNV	GW472f	GW317m	NI	SEL	4	0	0	0
GW1322m	NI	EHL	GW647f	GW1180m	NI	WID	1	1	1	0
GW1332f	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	MV	GRA	4	2	2	0
GW1340f	NI	GST	GW685f	GW814m	NI	SFD	3*	2	0	2
GW1343m	BY	VF	GW716f	GW702m	BY	MF	3	0	0	0
GW1344f	BY	VF	GW716f	GW702m	BY	VF	2	1	0	0
GW1415f	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	NW	LEU	3	16	1	0
GW1418m	NI	WTZ	GW527f	GW533m	NI	BAT	1	0	0	0
GW1424m	NI	LUC	GW964f	GW816m	NI	LAC	4*	2	0	0
GW1429m	NI	SNV	GW472f	GW317m	ST	MRI	3	0	0	0
GW1439f	NI	WI	GW163f	GW367m	NI	BRB	1	1	0	0
GW1467f	MV	KAL	GW377f	GW583m	MV	USE	1	0	0	0
GW1480m	BB	BBG	n.a.	n.a.	NI	REH	3*	11	0	3
GW1483m	NI	SNV	GW472f	GW317m	NI	ROT	2	0	0	0
GW1489f	NI	RWA	GW745f	GW717m	NI	STM	1	0	0	0
GW1573f	NI	SNV	GW472f	GW317m	NI	SEL	1	0	0	0

Anlage 1 (Fortsetzung)

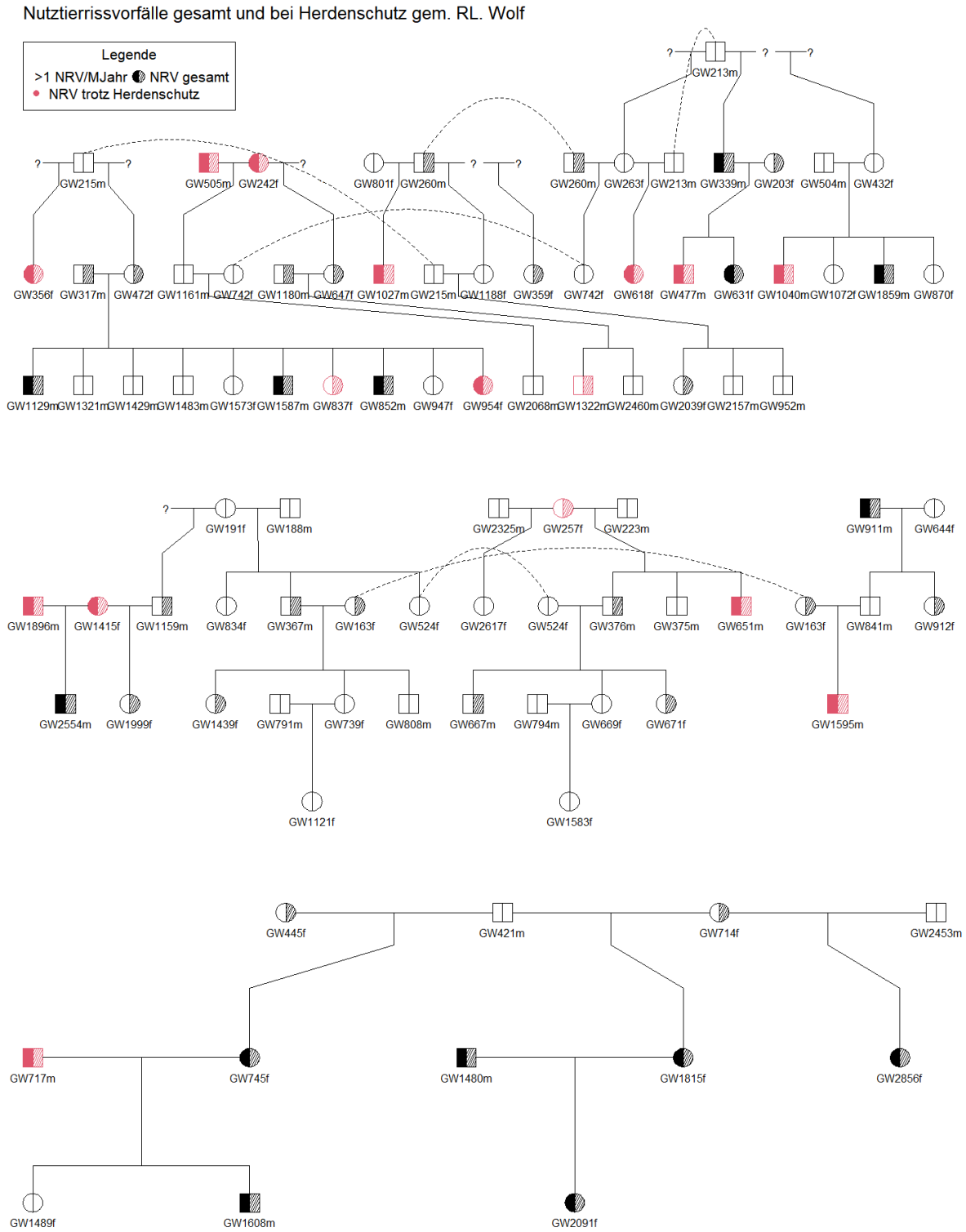
Individuum	*Herk-BL*	*Herk-Rudel*	*Mutter*	*Vater*	*Terri-BL*	*Terri-Rudel*	*Terri-Jahre*	*NRV gesamt*	*NRV HS*	*NRV gNt*
GW1583f	NI	OMO	GW669f	GW794m	NI	WED	1	0	0	0
GW1587m	NI	SNV	GW472f	GW317m	NW	SBK	4	6	0	2
GW1595m	NI	WI	GW163f	GW841m	NI	RIG	2*	7	4	0
GW1608m	NI	RWA	GW745f	GW717m	NI	SFD	3**	6	0	3
GW1613f	BY	VF	GW716f	GW702m	BY	AM	2	0	0	0
GW1619m	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	MV	MÜR	3	0	0	0
GW1624m	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	MV	GRA	4	0	0	0
GW1709m	NI	AMT	GW872f	GW825m	MV	JAS	1	0	0	0
GW1799m	BY	VF	GW716f	GW702m	BY	GW	2	0	0	0
GW1815f	NI	VIS	GW714f	GW421m	NI	REH	3*	4	0	2
GW1820f	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	MV	NOH	2	6	1	0
GW1845f	TH	OHR	GW267f	GW1264m	TH	OHR	2	0	0	0
GW1859m	NI	GOE	GW432f	GW504m	NI	CUX	2*	3	0	0
GW1861f	NI	LUC	GW964f	GW816m	NI	RIG	3	0	0	0
GW1896m	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	NW	LEU	2	65	2	0
GW1999f	NW	LEU	GW1415f	GW1159m	NW	LEU	1	1	0	0
GW2039f	NI	GA	GW1188f	GW215m	ST	MRI	3	1	0	0
GW2068m	NI	MU	GW742f	GW1161m	HE	WIL	2	0	0	0
GW2091f	NI	REH	GW1815f	GW1480m	NI	FDB	1	2	0	0
GW2105m	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	MV	WOK	2	3	2	0
GW2117m	BB	KRH	GW769f	GW146m	MV	AWA	1	0	0	0
GW2157m	NI	GA	GW1188f	GW215m	TH	ILF	2	0	0	0
GW2325m	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	MV	UEM	2	0	0	0
GW2330m	MV	MÜR	GW682f	GW1619m	MV	LEH	3	0	0	0
GW2347m	NI	WER	GW740f	GW1113m	NW	HOM	2	0	0	0
GW2453m	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	NI	VIS	2	0	0	0
GW2460m	NI	EHL	GW647f	GW1180m	MV	LL	1	0	0	0
GW2496f	MV	GRA	GW1332f	GW1624m	MV	FBH	2	0	0	0
GW2554m	NW	LEU	GW1415f	GW1896m	HE	BUZ	1	2	0	1
GW2592m	NI	HER	GW763f	GW1111m	NI	MEP	2*	6	0	0
GW2600f	MV	WOK	GW1290f	GW2105m	MV	ROH	1	0	0	0
GW2617f	MV	UEM	GW257f	GW2325m	MV	AWA	1	0	0	0
GW2652f	BB	REJ	GW1021f	GW735m	MV	REJ	2	0	0	0
GW2856f	NI	VIS	GW714f	GW2453m	NW	EBB	1	2	0	0

Ergänzte Territorialität für die Untersuchung
*Territorialität in 2022 wurde bestätigt, aber seitens der DBBW noch nicht eingetragen
** Territorialität in 2022 wurde noch nicht bestätigt, ist jedoch anzunehmen

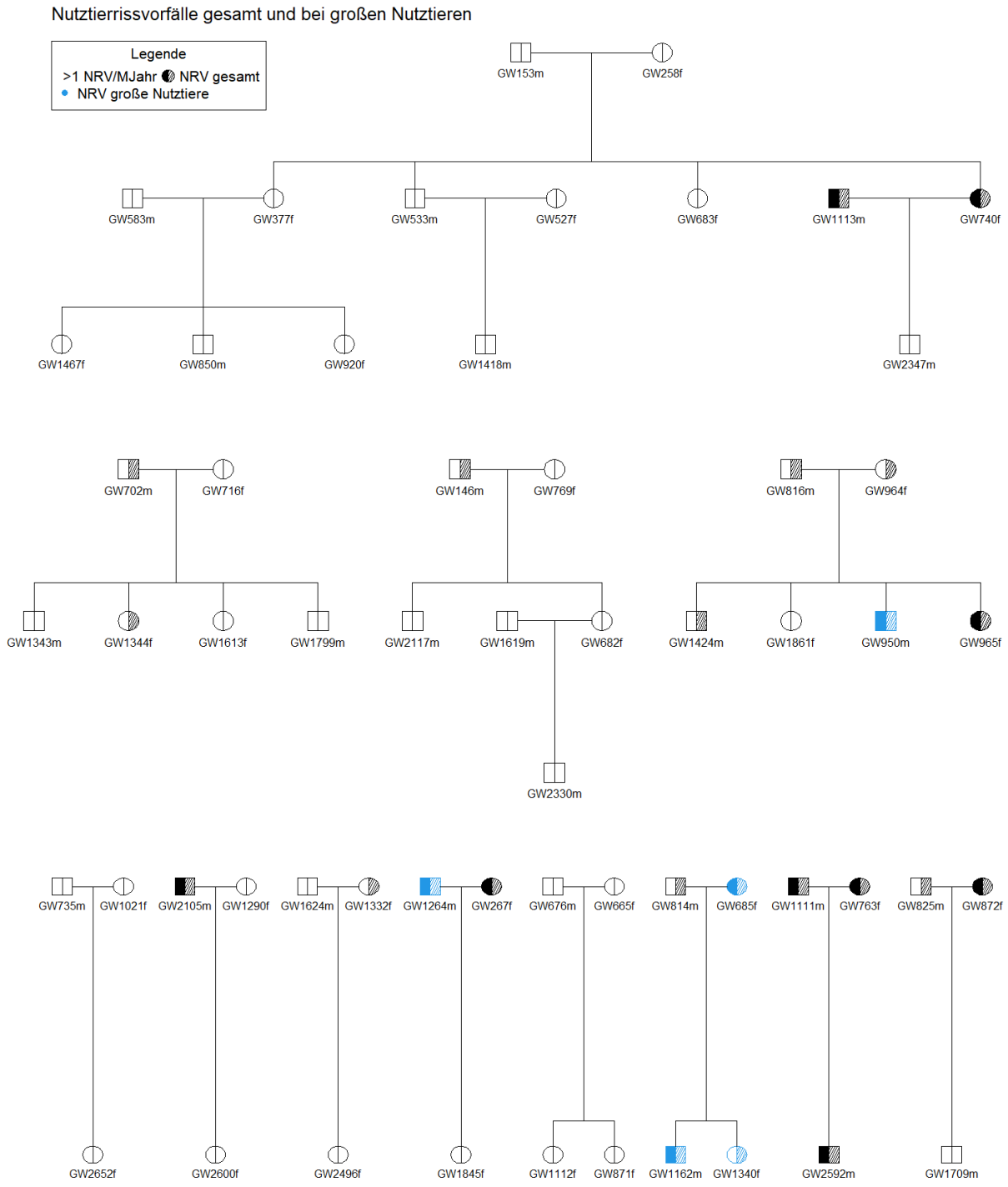
Anlage A.2. Abb. 8: Stammbäume territorialer Wölfe im Studiengebiet mit NRV gesamt und bei Herdenschutz gem. RL Wolf.



Anlage A.2 (Fortsetzung)

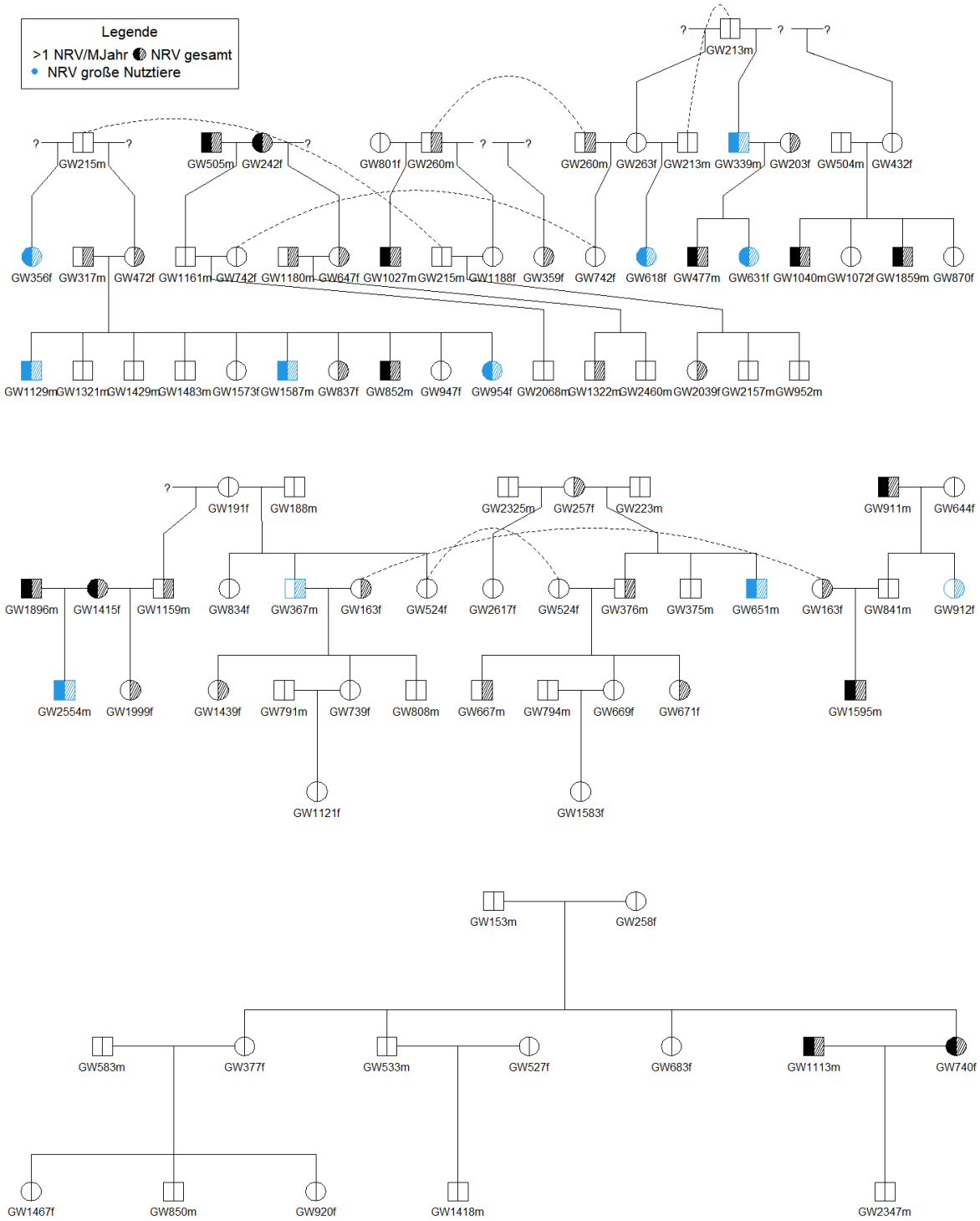


Anlage A.3. Abb. 9: Stammbäume territorialer Wölfe im Studiengebiet mit NRV gesamt und bei großen Nutztieren.



Anlage A.3 (Fortsetzung)

Nutztierrissvorfälle gesamt und bei großen Nutztieren



Anlage A.4: Literatur

Bundesamt für Naturschutz und Dokumentations- und Beratungsstelle des Bundes zum Thema Wolf (2019): Empfehlungen zum Schutz von Weidetieren und Gehegewild vor dem Wolf - Konkrete Anforderungen an die empfohlenen Präventionsmaßnahme. BfN-Skripten 530.

DBBW - Dokumentations- und Beratungsstelle des Bundes zum Thema Wolf (2022): Wolfsverursachte Schäden, Präventions- und Ausgleichszahlungen in Deutschland 2021. 41 S.

Fabbri E, Velli E, D'Amico F, Galaverni M, Mastrogiuseppe L, Mattucci F, Caniglia R (2018) From predation to management: monitoring wolf distribution and understanding depredation patterns from attacks on livestock. Hystrix, Ital J Mammal 29(1):101–110.

Kojola I, Ronkainen S, Hakala A, Heikkinen S, Kokko S (2004) Interactions between wolves *Canis lupus* and dogs *C. familiaris* in Finland. Wildl Biol 10(1):101–105.

van Liere D., Siard N., Martens P., Jordan D. (2021): Conflicts with Wolves Can Originate from Their Parent Packs. Animals: an open access journal from MDPI 11(6). DOI: 10.3390/ani11061801

Reinhardt, I., Knauer, F., Herdtfelder, M., Kluth, G., Kaczensky, P. (2023). Wie lassen sich Nutztierübergriffe durch Wölfe nachhaltig minimieren? – Eine Literaturübersicht mit Empfehlungen für Deutschland. In: Voigt, C.C. (eds) Evidenzbasiertes Wildtiermanagement. Springer Spektrum, Berlin, Heidelberg