

Monitoringprogramm

OTTERNETZ HAMBURG

Projektbericht 2025/2026

Verbreitungs- und genetisches Monitoring des eurasischen Fischotters (*Lutra lutra*)
sowie Bewertung der Durchgängigkeit von Querungsbauwerken



Foto: Susann Parlow, Aktion Fischotterschutz e.V.

Auftraggeber

Freie und Hansestadt Hamburg
Behörde für Umwelt, Klima, Energie und Agrarwirtschaft
Neuenfelder Str. 19
21109 Hamburg

Auftragnehmer

Aktion Fischotterschutz e. V.
Sudendorfallée 1
29386 Hankensbüttel

Projektbearbeitung

Susann Parlow, M. Sc. Biologie
Dipl. Geogr. Astrid Kiendl
Dipl. Biol. Eva Baumgärtner



INHALTSVERZEICHNIS

TABELLENVERZEICHNIS	1
ABBILDUNGSVERZEICHNIS.....	2
1. EINLEITUNG.....	3
2. MATERIAL UND METHODEN	5
2.1. Methodische Grundlagen	5
2.1.1. Stichprobennetz und Auswahl der Stichprobenorte	5
2.1.2. Kartierung von Fischotternachweisen	5
2.1.3. Bewertung der Querungsbereiche und -bauwerke	6
2.1.4. Genetische Untersuchung	7
2.2. Durchführung im Untersuchungszeitraum 2025/26	8
2.2.1. Untersuchungskulisse und Überprüfung der Stichprobenorte	8
2.2.2. Kartierung von Fischotternachweisen	11
2.2.3. Bewertung der Querungsbereiche und -bauwerke	11
2.2.4. Genetische Beprobung	12
2.3. Ergänzende Nachweisdaten aus Hamburg und dem angrenzenden Umland	12
3. ERGEBNISSE.....	14
3.1. Anpassung der Stichprobenorte.....	14
3.2. Ergebnisse der Kartierung.....	16
3.3. Bewertung der Querungsbereiche und -bauwerke	18
3.4. Genetische Untersuchungen.....	20
3.4.1. Probenumfang und Artbestimmung	20
3.4.2. Individualisierung und identifizierte Individuen	21
3.4.3. Populationsgenetische Zuordnung und mitochondriale Haplotypen	23
3.4.4. Verwandtschaftsbeziehungen	24
3.5. Ergänzende Nachweisdaten	25
4. DISKUSSION	27
4.1. Langfristige Entwicklung des Fischottervorkommens	27
4.2. Stichprobenorte und Querungsbauwerke	29
4.3. Genetische Entwicklung und Individuendynamik.....	32
4.4. Räumliche Vernetzung, Verwandtschaft und genetische Herkunft	35
4.5. Ergänzende Nachweisdaten und räumliche Einordnung im Umland	37
5. FAZIT UND EMPFEHLUNGEN.....	39
LITERATUR.....	41
ANHÄNGE	42

TABELLENVERZEICHNIS

Tabelle 2.1: Klassifikation der Brückenformen und Typen anhand ihrer baulichen Merkmale.	6
Tabelle 2.2: Stichprobenorte der Untersuchungskulisse 2025/26 mit Zuordnung der Querungstypen.	8
Tabelle 2.3: Stichprobenorte der Querungstypen D, E, F und N mit vor der Kartierung 2025/26 dokumentierten Fischotternachweisen.	10
Tabelle 3.1: Im Untersuchungszeitraum 2025/26 verlegte Stichprobenorte.	14
Tabelle 3.2: Fischotternachweise an den Stichprobenorten im Untersuchungszeitraum 2025/26.	18
Tabelle 3.3: Bewertung des Maßnahmenbedarfs an den Stichprobenorten im Untersuchungszeitraum 2025/26.	19
Tabelle 3.4: Standortbezogene Maßnahmenempfehlungen zur Verbesserung der Durchgängigkeit für den Fischotter im Untersuchungszeitraum 2025/26.	20
Tabelle 3.5: Ergebnisse der genetischen Artbestimmung im Untersuchungszeitraum 2025/26.	21
Tabelle 3.6: Geschlechtsverteilung der genetisch identifizierten Fischotter im Untersuchungszeitraum 2025/26.	21
Tabelle 3.7: Genetisch identifizierte Individuen im Untersuchungszeitraum 2025/26 mit Angaben zu Geschlecht, Erstnachweis, Anzahl der genetischen Nachweise und Stichprobenorten.	22
Tabelle 4.1: Zeitliche Entwicklung des Nachweisstatus der Stichprobenorte im Hamburger Fischotter-Monitoring seit 2013/14.	29
Tabelle 4.2: Zeitliche Nachweise genetisch identifizierter Fischotter im projektbezogenen Monitoring.	33

ABBILDUNGSVERZEICHNIS

Abbildung 3.1: Verlegung des Stichprobenortes FHH_18.	14
Abbildung 3.2: Verlegung des Stichprobenortes FHH_37.	15
Abbildung 3.3: Verlegung des Stichprobenortes FHH_38.	15
Abbildung 3.4: Räumliche Verteilung der Querungstypen an den Stichprobenorten nach den im Untersuchungszeitraum 2025/26 vorgenommenen Anpassungen.	16
Abbildung 3.5: Räumliche Verteilung der im Untersuchungszeitraum 2025/26 positiv bewerteten Stichprobenorte.	17
Abbildung 3.6: Beispiele für Fischotternachweise im Untersuchungszeitraum 2025/26.	17
Abbildung 3.7: Räumliche Verteilung der Dringlichkeit von Maßnahmen zur Verbesserung der Durchgängigkeit für den Fischotter an den Stichprobenorten im Untersuchungszeitraum 2025/26.	19
Abbildung 3.8: Räumliche Verteilung der empfohlenen Maßnahmen zur Verbesserung der Durchgängigkeit für den Fischotter an den Stichprobenorten im Untersuchungszeitraum 2025/26.	20
Abbildung 3.9: Räumliche Verteilung der genetisch identifizierten Individuen im Untersuchungszeitraum 2025/26.	23
Abbildung 3.10: Populationsgenetische Zuordnung der untersuchten Hamburger Fischotter zu den in der STRUCTURE-Analyse berücksichtigten Referenzpopulationen.	24
Abbildung 3.11: Verwandtschaftsbeziehungen zwischen den im Untersuchungszeitraum 2025/26 genetisch nachgewiesenen Fischottern.	25
Abbildung 3.12: Räumliche Verteilung der Fischotternachweise aus Hamburg und dem angrenzenden Umland im Zeitraum von September 2021 bis August 2026.	26
Abbildung 4.1: Entwicklung des Anteils positiv bewerteter Stichprobenorte im Hamburger Fischotter-Monitoring seit 2013/14.	27
Abbildung 4.2: Räumliche und zeitliche Nachweise ausgewählter wiederholt genetisch identifizierter Fischotter in Hamburg.	35
Abbildung 4.3: Gesicherte Verwandtschaftsbeziehungen zwischen den genetisch nachgewiesenen Fischottern Ham014w, Ham027m, Ham029m, Ham023w, Ham039w, Ham041w und Ham042m.	36
Abbildung 4.4: Räumliche Einordnung der Fischotternachweise aus Hamburg und dem angrenzenden Umland im Zeitraum von September 2021 bis August 2026.	38

1. EINLEITUNG

Verbreitung und Bestandsentwicklung gehören zu den wichtigsten Parametern, anhand derer der Gefährdungsgrad einer Tierart eingeschätzt wird (Reuther et al. 2000). Diese Daten erlauben es, Populationsveränderungen frühzeitig zu erkennen, noch bevor sich negative Trends verfestigen und ermöglichen so ein rechtzeitiges Eingreifen. Da die im Naturschutz verfügbaren personellen und finanziellen Mittel begrenzt sind, tragen belastbare Verbreitungs- und Bestandsdaten zudem entscheidend dazu bei, diese Ressourcen dort einzusetzen, wo der Handlungsbedarf am größten ist.

Vor diesem Hintergrund kommt Hamburg und seinem Umland aus naturschutzfachlicher Sicht eine besondere Bedeutung für den Eurasischen Fischotter (*Lutra lutra*), im Folgenden als Fischotter bezeichnet, zu. Nachdem die Art in weiten Teilen Deutschlands im 20. Jahrhundert stark zurückgedrängt worden war, ist für Nordwestdeutschland in den vergangenen Jahrzehnten eine fortschreitende Wiederbesiedlung dokumentiert, wobei genetische Untersuchungen enge Verbindungen zu den östlichen deutschen Populationen zeigen (Honnen et al. 2011). Ein urbaner Ballungsraum wie Hamburg stellt für eine wandernde und auf durchgängige Gewässersysteme angewiesene Art wie den Fischotter jedoch eine besondere Herausforderung dar. Die dichte Bebauung, die intensive Nutzung der Gewässer und insbesondere die Zerschneidung der Landschaft durch Verkehrswege erschweren die ökologische Vernetzung erheblich. Die Sicherung durchgängiger Gewässersysteme und geeigneter Querungsmöglichkeiten an Verkehrswegen ist daher ein zentraler Baustein des Fischotterschutzes im urbanen Raum (Philcox et al. 1999).

Eine besondere methodische Schwierigkeit besteht darin, dass Fischotter zu den Tierarten zählen, deren Bestandsgröße sich nur schwer direkt erfassen lässt. Aufgrund ihrer überwiegend nachtaktiven und heimlichen Lebensweise sowie ihrer hohen Mobilität innerhalb großer Aktionsräume entziehen sie sich weitgehend einer unmittelbaren Beobachtung. Die Verbreitung der Art wird daher überwiegend anhand indirekter Nachweise wie Trittsiegeln, Losungen und Sekretmarkierungen erfasst (Reuther et al. 2000). Diese klassische Methode stößt jedoch an ihre Grenzen, sobald es um Aussagen zur Individuenebene geht. Der Nachweis von Fischotterspuren an einem bestimmten Standort erlaubt keine Aussage über die Anzahl der dort vorkommenden Tiere und auch der wiederholte Fund von Spuren über mehrere Jahre hinweg lässt nicht erkennen, ob es sich um dasselbe Tier oder um unterschiedliche Individuen handelt.

Um diese Lücke zu schließen, werden ergänzend genetische Analysen von Losungs- und Sekretproben eingesetzt, die die Identifizierung einzelner Fischotter ermöglichen (Kalz et al. 2006; Lampa et al. 2015). Wiederholte genetische Nachweise liefern darüber hinaus wertvolle Informationen zur räumlichen Nutzung und können Hinweise auf die wiederholte Nutzung bestimmter

Bereiche durch einzelne Tiere geben. Mit zunehmender Dauer der genetischen Untersuchungen lassen sich zudem Verwandtschaftsbeziehungen und populationsgenetische Zuordnungen der nachgewiesenen Fischotter untersuchen (Honnen et al. 2011). Dies ist ein Erkenntnisgewinn, der mit klassischen Spurennachweisen allein nicht zu erzielen wäre. Dabei ist zu berücksichtigen, dass die Anzahl genetisch nachgewiesener Individuen nicht unmittelbar mit der tatsächlichen Bestandsgröße gleichzusetzen ist (Lampa et al. 2015).

Diese methodische Kombination aus Spurenkartierung und genetischer Analyse bildet die Grundlage des Hamburger Fischotter-Monitorings, das die Aktion Fischotterschutz e. V. in den vergangenen Jahren kontinuierlich weiterentwickelt hat. Im ersten Untersuchungszeitraum 2013/14 begann der Verein mit dem Aufbau eines Netzes von Stichprobenorten zur Erfassung von Fischotterspuren in Hamburg. Die Stichprobenorte werden seither regelmäßig untersucht und das Netz bei Bedarf angepasst. In den Anfangsjahren wurde jährlich wechselnd das nördliche beziehungsweise südliche Hamburger Stadtgebiet erfasst (Borggräfe und Kiendl 2014). Im Winterhalbjahr 2017/18 wurde erstmals das gesamte Stadtgebiet untersucht, die Untersuchungskulisse um weitere Stichprobenorte erweitert und das Monitoring erstmals durch genetische Analysen ergänzt (Piepho et al. 2018). Ab 2018/19 wurde zur jährlich wechselnden Erfassung zurückgekehrt und es wurden erstmals Fotofallen zur zusätzlichen Dokumentation eingesetzt (Kiendl und Reinhold 2019).

Eine wichtige methodische Weiterentwicklung erfolgte 2021/22 mit dem Wechsel der genetischen Analysen zur Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung. Die dort eingesetzte Methodik erlaubt es, neben frischen auch ältere Lösungs- und Sekretproben auszuwerten, wodurch eine deutlich größere Zahl geeigneter Proben in die Untersuchung einbezogen werden konnte (Kiendl 2022). Im Untersuchungszeitraum 2022/23 wurde erstmals seit 2017/18 wieder das gesamte Stadtgebiet innerhalb eines Zeitraums erfasst, die weiterentwickelte genetische Methodik fortgeführt und ergänzend sechs Fotofallen gleichzeitig an verschiedenen Standorten eingesetzt (Kiendl et al. 2023).

Auch im Untersuchungszeitraum 2025/26 wurde erneut das gesamte Hamburger Stadtgebiet untersucht. Im Mittelpunkt standen die aktuelle Verbreitung des Fischotters, die Fortführung der genetischen Untersuchungen und die Bewertung der Durchgängigkeit von Querungsbauwerken. Auf den Einsatz von Fotofallen wurde in diesem Zeitraum verzichtet. Die inzwischen über mehrere Untersuchungszeiträume hinweg vorliegenden Daten ermöglichen darüber hinaus eine weitergehende Betrachtung der langfristigen räumlichen Entwicklung des Fischottervorkommens sowie genetischer Wiederfunde und Veränderungen in der Zusammensetzung der nachgewiesenen Individuen. Der vorliegende Bericht verbindet damit die aktuelle Untersuchung mit einer Einordnung in die längerfristige Entwicklung des Hamburger Fischottermonitorings.

2. MATERIAL UND METHODEN

2.1. Methodische Grundlagen

2.1.1. Stichprobennetz und Auswahl der Stichprobenorte

Zu Beginn des Hamburger Fischotter-Monitorings wurden auf Grundlage der Kriterien der IUCN/OSG 40 Stichprobenorte festgelegt. Die Auswahl orientierte sich an der von Reuther et al. (2000) beschriebenen Standardmethode, nach der innerhalb eines 10 × 10 km großen Quadranten vier Stichprobenorte vorgesehen sind. Aufgrund der hohen Siedlungsdichte und der teilweise starken Überbauung der Gewässer konnte dieses Raster im Hamburger Stadtgebiet nicht in allen Bereichen vollständig umgesetzt werden. Insgesamt wurde jedoch eine gute räumliche Abdeckung erreicht. Die Stichprobenorte erhielten Regionalnummern (RegNr.), die sich aus „FHH“ für Freie und Hansestadt Hamburg und einer fortlaufenden Nummer zusammensetzen (Kiendl und Reinhold 2019).

Im weiteren Verlauf des Monitorings wurde das Stichprobennetz auf insgesamt 60 Stichprobenorte erweitert. Die zusätzlich aufgenommenen Stichprobenorte erhielten Regionalnummern mit der Bezeichnung „Z_FHH“ für Zusatzpunkt Freie und Hansestadt Hamburg sowie einer fortlaufenden Nummer (Piepho et al. 2018).

Die Eignung der Stichprobenorte wird im Rahmen des Monitorings regelmäßig überprüft. Dabei werden insbesondere die Zugänglichkeit und die Eignung des jeweiligen Standortes für die Nachweissuche berücksichtigt. Erweist sich ein Stichprobenort als ungeeignet, kann er an einen besser geeigneten Standort verlegt werden. Die bestehende Regionalnummer wird dabei nach Möglichkeit beibehalten (Kiendl 2022; Kiendl et al. 2023).

2.1.2. Kartierung von Fischotternachweisen

Die europäische Standardmethode für das Fischotter-Monitoring wurde im Jahr 2000 von der Otter Specialist Group (OSG) der International Union for Conservation of Nature (IUCN) auf Grundlage der bis dahin erworbenen praktischen Erfahrungen erarbeitet (Reuther et al. 2000).

Die Erfassung erfolgt an festgelegten Stichprobenorten entlang von Gewässern. Als Fischotternachweise gelten Losungen, Analdrüsensekret und Trittsiegel. Die Nachweissuche beginnt jeweils im festgelegten Querungsbereich des Stichprobenortes. Wird dort ein sicherer Fischotternachweis erbracht, wird die Suche beendet und der Stichprobenort als positiv bewertet. Bleibt ein Nachweis aus, wird die für den jeweiligen Stichprobenort festgelegte Uferseite auf einem definierten Abschnitt von maximal 600 m abgesucht. Kann auch innerhalb dieses Abschnitts kein Nachweis erbracht werden, wird der Stichprobenort als negativ bewertet (Reuther et al. 2000). Der

Suchabschnitt bleibt für bestehende Stichprobenorte unverändert und wird nur bei neu angelegten oder verlegten Stichprobenorten neu festgelegt.

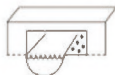
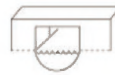
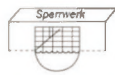
Die im Rahmen der Kartierung erhobenen Daten werden im Informationssystem Otterspuren (ISOS) der Aktion Fischotterschutz e. V. zentral erfasst und archiviert (Borggräfe und Kiendl 2014). Für Funde werden die Nachweisart und Anzahl sowie die Angabe dokumentiert, ob der Fund unterhalb einer Brücke lag. Ergänzende Angaben zu Fund, Fundort und Untersuchung können jeweils unter Bemerkungen festgehalten werden (Borggräfe und Kiendl 2014). Vorgefundene Nachweise werden fotografisch dokumentiert.

2.1.3. Bewertung der Querungsbereiche und -bauwerke

Im Rahmen des Monitorings werden die Querungsbereiche an den Stichprobenorten hinsichtlich ihrer Durchgängigkeit für den Fischotter beurteilt. Grundlage hierfür sind die im Informationssystem Otterspuren (ISOS) beziehungsweise in OTTER-SPOTTER hinterlegten Angaben sowie die bei den Begehungen vor Ort erfassten Merkmale des jeweiligen Querungsbereichs. Berücksichtigt werden unter anderem die Bauform, die Lichte Weite, der Wasserstand, vorhandene Uferstrukturen einschließlich Bermen sowie weitere konstruktive Merkmale (Borggräfe und Kiendl 2014).

Die Querungsbereiche werden anhand ihrer baulichen Ausprägung verschiedenen Brückenformen beziehungsweise Typen zugeordnet (Tabelle 2.1). Die Typen A bis F sowie N entsprechen der im Informationssystem Otterspuren (ISOS) verwendeten Klassifikation.

Tabelle 2.1: Klassifikation der Brückenformen und Typen anhand ihrer baulichen Merkmale.

Typ	Skizze (schematisch)	Charakteristische Merkmale
A		auf Stützen stehend; überspannt den Fluss ohne Einfluss auf die Form des Flussbettes zu nehmen
B		Bermen auf beiden Flussuferseiten; bei normalem Wasserstand nicht überflutet
C		Berme nur an einer Flussuferseite; bei normalem Wasserstand nicht überflutet
D		ohne Bermen
E		Verrohrung
F		Sperrwerk
N	Keine Brücke	keine Brücke vorhanden

Hinweis: Eigene Darstellung auf Grundlage der ISOS-Anleitung und des OTTER-SPOTTER-Glossars der Aktion Fischotterschutz e. V.

Im Rahmen der ISOS-Erfassung werden seitliche Uferstrukturen als Bermen gewertet, wenn sie mindestens 20 cm breit und für ein Tier belaufbar sind (Borggräfe und Kiendl 2014).

Die Brückenform beziehungsweise der Typ allein erlaubt keine abschließende Bewertung des Querungsbereichs. Zusätzlich werden die konkrete Ausprägung des Querungsbereichs sowie verkehrsbezogene Merkmale berücksichtigt.

Die Dringlichkeit eines Maßnahmenbedarfs wird im ISOS-Zusatzmodul Störstelle automatisch anhand einer hinterlegten Bewertungsmatrix ermittelt. Berücksichtigt werden Straßentyp, Brückenbreite, inner- oder außerörtliche Lage, Tempolimit und Verkehrsintensität (Kiendl und Reinhold 2019). Die Auswahl geeigneter Maßnahmen erfolgt standortbezogen auf Grundlage der am jeweiligen Querungsbereich vorgefundenen Strukturen und beruht auf einer fachlichen Bewertung.

2.1.4. Genetische Untersuchung

Ergänzend zur Kartierung werden genetische Untersuchungen von Proben aus Losung beziehungsweise Analdrüsensekret des Fischotters durchgeführt. Diese umfassen die Individualisierung und Geschlechtsbestimmung der nachgewiesenen Tiere sowie den Abgleich mit bereits vorliegenden genetischen Profilen zur Erkennung von Wiederfunden. Darüber hinaus werden Verwandtschaftsbeziehungen und populationsgenetische Zuordnungen zu Referenzpopulationen untersucht.

Geeignetes Probenmaterial aus Losung beziehungsweise Analdrüsensekret wird in gepufferten Probenröhrchen gesichert und dokumentiert. Die Proben werden bei Raumtemperatur gelagert und zur genetischen Analyse an das Zentrum für Wildtiergenetik der Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung am Standort Gelnhausen übermittelt (Kiendl 2022). Die Artbestimmung erfolgt anhand mitochondrialer DNA. Die mitochondrialen Sequenzen werden zugleich zur Bestimmung der Haplotypen herangezogen. Proben ohne erfolgreiche mitochondriale Artbestimmung können ergänzend anhand nuklearer DNA mittels Mikrosatellitenanalyse *Lutra lutra* zugeordnet werden. Die Individualisierung basiert ebenfalls auf der Analyse nuklearer Mikrosatellitenmarker. Ergänzend werden Geschlechtsmarker eingesetzt. Die detaillierte Beschreibung der genetischen Analyseverfahren ist dem genetischen Untersuchungsbericht in Anhang 1 zu entnehmen.

Die genetisch individualisierten Fischotter werden nach einem einheitlichen Bezeichnungssystem erfasst. Die Bezeichnung setzt sich aus „Ham“, einer fortlaufenden dreistelligen Nummer und der Angabe des Geschlechts zusammen, beispielsweise Ham001m oder Ham041w.

2.2. Durchführung im Untersuchungszeitraum 2025/26

2.2.1. Untersuchungskulisse und Überprüfung der Stichprobenorte

Die Untersuchungskulisse für den Untersuchungszeitraum 2025/26 umfasste insgesamt 60 Stichprobenorte im gesamten Hamburger Stadtgebiet, die sich gleichmäßig auf die beiden Teilgebiete Nord und Süd mit jeweils 30 Stichprobenorten verteilen. Sie umfasste sowohl die ursprünglich eingerichteten FHH-Stichprobenorte als auch die im Verlauf des Monitorings ergänzten Z_FHH-Stichprobenorte (Tabelle 2.2).

Tabelle 2.2: Stichprobenorte der Untersuchungskulisse 2025/26 mit Zuordnung der Querungstypen.

RegNr.	Gebiet	Gewässer	Standort/Lage	Typ
FHH_01	Nord	Wandse	Rahlstedt, Wandselauf unter der Höltingbaumbrücke	E
FHH_02	Nord	Berner Au	Kreuzung Berner Allee mit Berner Au	E
FHH_03	Nord	Alster	Brücke in Rodenbek über Alster	B
FHH_04	Nord	Alster	Hamburg-Ohlsdorf, Fußgängerbrücke am Alsterpark bei Brombeerweg	B
FHH_05	Nord	Bornbach	Buurredder, Langenhorner Chaussee/B433 in HH-Langenhorn	E
FHH_06	Nord	Kollau	Nördlich HH-Stellingen, östlich A7, Brücke über die Kollau	D
FHH_07	Nord	Wandse	Kreuzung Holzmühlenstraße/Wandse in Wandsbek, Fußgängerbrücke im Park	B
FHH_08	Nord	Schleemer Bach	HH-Billstedt, Kreuzung Glinder Straße/Schleemer Bach	B
FHH_09	Süd	Bille	Südlich Boberg Richtung Eichbaum, Brücke Boberger Furt über die Bille	D
FHH_10	Süd	Dove-Elbe (Altarm der Elbe)	Bei Allermöhe, Kirchenbrücke über die Dove-Elbe, Verbindung Allermöher Deich/Vorderdeich	B
FHH_11	Nord	Osterbekkanal	HH-Barmbek	D
FHH_12	Nord	Bille	HH-Hammerbrook, Grüne Brücke über die Bille	D
FHH_13	Süd	Engelbek	K80 Maldfeldstraße	C
FHH_14	Süd	Altengammer Hafen	Wall zwischen großem und kleinem Altengammer Hafen	N
FHH_15	Süd	Dove-Elbe (Altarm der Elbe)	Blaue Brücke in Neuengamme über die Dove-Elbe, Verbindung Curslaker Deich/Neuengammer Hausdeich	B
FHH_16	Süd	Gose-Elbe	Holaake, Kreuzung Kirchwerder Landweg mit Gose-Elbe	B
FHH_17	Süd	Südlicher Ochsenwerder Sammelgraben	Nördlich von Dortkaten, Dortkatenweg, Verbindung Gauerter Hauptdeich/Ochsenwerder Landscheideweg	B
FHH_18	Süd	Fünfhausener Wettern	Brücke Kanzlershofer Weg, Ecke Großmoordamm	D
FHH_19	Süd	namenloser Graben	Altenwerder Süderdeich, südlich des Schwanenteichs	N

RegNr.	Gebiet	Gewässer	Standort/Lage	Typ
FHH_20	Süd	Engelbek	Fußgängerbrücke am Krönenbarg	B
FHH_21	Süd	Riethbach	Zwischen Seniorenresidenz und Voßdrift, nördliche Straßenseite der B73	D
FHH_22	Süd	Scheidebach	In de Krümm	D
FHH_23	Süd	Moorwettern	Francoper Straße, Kreuzung Moorwettern	E
FHH_24	Süd	Viersieler Schleusenfleet	Nincoper Straße in Neuenfelde, am Ostende der Straße	D
FHH_25	Süd	Aue	Sperrwerk zwischen Altenwerder und Finkenwerder	F
FHH_26	Süd	Moorender Hauptwettern	L140 bei Nincoper Ort	B
FHH_27	Nord	Isebekkanal	Zwischen Eimsbüttel und Eppendorf, westlich der Außenalster, Brücke über den Alsternebenarm	D
FHH_28	Nord	Mühlenau	Fußgängerbrücke an der nordöstlichen Ecke des Rückhaltebeckens Schießplatzgraben/Graben Stadionstraße/Mühlenau	D
FHH_29	Süd	Mahlbusen/Kirchdorfer Wettern	König-Georg-Deich	D
FHH_30	Süd	Bille	HH-Bergedorf, nahe Möörkenweg/Bahnbrücke	B
FHH_31	Süd	Südlicher Kirchwerder Sammelgraben	HH-Kirchwerder, Kirchenheerweg	B
FHH_32	Süd	Kraueler Sammelgraben	Kirchwerder Mühlendamm	B
FHH_33	Nord	Alster	Duvenstedt, nahe Wohldorfer Wald, Duvenstedter Triftweg	B
FHH_34	Nord	Wedeler Au	HH-Rissen, Schulauer Moorweg über die Wedeler Au	B
FHH_35	Süd	Glinger Au	Oststeinbek, Brücke der K100 über die Glinger Au	E
FHH_36	Nord	Bredenbek	HH-Lottbeker Weg über die Bredenbek	D
FHH_37	Nord	Stellau	ca. 1 km westl. von Stellau: ausgehend von Brücke „Weg zum Moor“ über die Stellau	E
FHH_38	Nord	Ammersbek/Kupferteich	HH-Herrenhausallee Ammersbek/Kupferteich	D
FHH_39	Nord	Laufgraben	HH-Babenwischweg bei Ponywaldschänke, Feldweg über den Laufgraben	E
FHH_40	Nord	Wedeler Au	HH-Rissen, Klövensteenweg über die Wedeler Au	D
FHH_41	Nord	Tarpenbek	Papenreye	B
FHH_42	Nord	Alster	Haselknick	B
Z_FHH_2	Nord	Seebek	Borchertring/Leeschenblick	E
Z_FHH_3	Nord	Saselsbek	Von HH-Sasel Richtung HH-Volksdorf, Straßenbrücke über die Saselsbek	E
Z_FHH_4	Nord	Raakmoorgaben	Fußgängerbrücke nahe der Straße Hohe Liedt an der nordwestlichen Ecke des NSG Raakmoor	B
Z_FHH_5	Nord	Flottbek	Fußgängerbrücke in der nordöstlichen Ecke des NSG Flottbektal	B

RegNr.	Gebiet	Gewässer	Standort/Lage	Typ
Z_FHH_6	Nord	Luruper Moorgraben	Wehr zwischen Helmuth-Schack-See und Düpenau	F
Z_FHH_7	Süd	Este	Cranzer Hauptdeich	D
Z_FHH_8	Süd	Dubbengraben	Heykenaukamp	A
Z_FHH_9	Süd	Lohmühlenteich	Harburg, Lohmühlenteich	A
Z_FHH_10	Süd	Ernst-August-Kanal	B75-Brücke	A
Z_FHH_11	Nord	Tarpenbek	Brücke neben Spielplatz Rosenbrook	A
Z_FHH_12	Süd	Bille	Blaue Brücke Horner Rampe	D
Z_FHH_13	Nord	Schleemer Bach	A24-Brücke	E
Z_FHH_14	Nord	Wandse	Nordmarkstraße	E
Z_FHH_15	Süd	Gose-Elbe	Reit	D
Z_FHH_17	Nord	Schillingsbek	Von-Eicken-Park	B
Z_FHH_18	Süd	Glinger Au	HH-Billstedt, Brücke der A1 über die Glinger Au	A
Z_FHH_19	Süd	Jenerseitewettern	Feldbrücke westlich der Kirchdorfer Straße auf Höhe des Jenerseitedeichs	B
Z_FHH_20	Süd	Kampbille	Randersweide, Bergedorf	D

Hinweis: Die abweichenden Schreibweisen Z_FFH_20 und Z_FHH_18 gehen auf ältere Einträge in den verwendeten Datengrundlagen zurück. Im vorliegenden Bericht werden die Regionalnummern einheitlich als Z_FHH_20 beziehungsweise Z_FHH_18 geführt.

Die Angaben zu Gewässer und Standort/Lage basieren auf den in ISOS beziehungsweise OTTER-SPOTTER hinterlegten Daten. Offensichtliche Schreibfehler sowie anhand früherer Projektberichte eindeutig nachvollziehbare und in den Datengrundlagen bislang nicht aktualisierte Standortänderungen wurden für die vorliegende Darstellung berichtigt.

Auf Grundlage dieser Untersuchungskulisse wurde vor Beginn der Kartierung geprüft, welche Stichprobenorte hinsichtlich eines möglichen Anpassungsbedarfs näher zu betrachten waren. Von den insgesamt 60 Stichprobenorten lagen 33 an Querungsbereichen der Typen D, E, F oder N und wurden bei der Überprüfung besonders berücksichtigt. Für zwölf dieser Stichprobenorte lagen bereits Fischotternachweise aus früheren Untersuchungsjahren vor, während für 21 Stichprobenorte keine früheren Nachweise dokumentiert waren (Tabelle 2.3).

Tabelle 2.3: Stichprobenorte der Querungstypen D, E, F und N mit vor der Kartierung 2025/26 dokumentierten Fischotternachweisen.

RegNr.	Typ	Frühere Nachweise	Jüngster Nachweis
FHH_01	E	ja	2024
FHH_02	E	ja	2025
FHH_05	E	ja	2023
FHH_06	D	nein	–
FHH_09	D	nein	–
FHH_11	D	nein	–
FHH_12	D	nein	–
FHH_14	N	ja	2018
FHH_18	D	nein	–
FHH_19	N	nein	–
FHH_21	D	nein	–
FHH_22	D	nein	–

RegNr.	Typ	Frühere Nachweise	Jüngster Nachweis
FHH_23	E	nein	–
FHH_24	D	nein	–
FHH_25	F	nein	–
FHH_27	D	nein	–
FHH_28	D	nein	–
FHH_29	D	ja	2022
FHH_35	E	ja	2023
FHH_36	D	ja	2024
FHH_37	E	nein	–
FHH_38	D	ja	2020
FHH_39	E	nein	–
FHH_40	D	nein	–
Z_FHH_2	E	ja	2018
Z_FHH_3	E	nein	–
Z_FHH_6	F	nein	–
Z_FHH_7	D	nein	–
Z_FHH_12	D	nein	–
Z_FHH_13	E	ja	2020
Z_FHH_14	E	ja	2023
Z_FHH_15	D	nein	–
Z_FHH_20	D	ja	2019

Hinweis: Berücksichtigt wurden die vor der Kartierung 2025/26 in den herangezogenen Projektunterlagen beziehungsweise Datenbeständen dokumentierten Fischotternachweise.

Die Entscheidung, ob im näheren Umfeld nach einem für die Nachweissuche besser geeigneten Alternativstandort gesucht wurde, erfolgte auf Grundlage einer fachlichen Einzelfallbewertung. Dabei wurden neben dem Querungstyp und der konkreten Ausprägung des Querungsbereichs insbesondere vorhandene Uferstrukturen und potenzielle Markierungsbereiche sowie bereits vorliegende Fischotternachweise und deren zeitliche Aktualität berücksichtigt. Bei erkennbarem Anpassungsbedarf wurde das nähere Umfeld auf einen geeigneteren Querungsbereich überprüft.

2.2.2. Kartierung von Fischotternachweisen

Im aktuellen Untersuchungszeitraum erfolgte die Kartierung zwischen dem 26.01.2026 und dem 05.02.2026 nach der in Kapitel 2.1.2 beschriebenen Methodik. Für verlegte Stichprobenorte wurden entsprechend der methodischen Vorgaben neue Suchabschnitte festgelegt, während an den übrigen Standorten die bestehenden Suchabschnitte beibehalten wurden.

2.2.3. Bewertung der Querungsbereiche und -bauwerke

Im Rahmen der Begehungen 2025/26 wurden die Querungsbereiche und -bauwerke entsprechend der in Kapitel 2.1.3 beschriebenen Methodik hinsichtlich ihrer Durchgängigkeit und eines möglichen Maßnahmenbedarfs bewertet. Die standortbezogenen Erfassungsdaten sind den Meldebögen in Anhang 2 zu entnehmen.

2.2.4. Genetische Beprobung

Die genetische Probensammlung begann bereits während der Kartierung und erfolgte zwischen dem 27.01.2026 und dem 25.02.2026, wobei geeignete Lösungs- und Sekretproben entsprechend der in Kapitel 2.1.4 beschriebenen Methodik gesammelt und gesichert wurden.

Ergänzend war ursprünglich sowohl im Teilgebiet Nord als auch im Teilgebiet Süd eine Nachbeprobung an jeweils vier aufeinanderfolgenden Erfassungstagen vorgesehen. Aufgrund der hohen Anzahl bereits während der Kartierung gesicherter Proben war jedoch absehbar, dass das im Auftrag vorgesehene Kontingent von 100 Proben im Rahmen dieser Nachbeprobung überschritten werden würde.

Die Nachbeprobung wurde daher auf jeweils einen zusätzlichen Erfassungstag in den Teilgebieten Nord und Süd reduziert. Die Beprobung des Teilgebiets Süd erfolgte am 23.02.2026 und die des Teilgebiets Nord am 25.02.2026. Um eine methodisch vergleichbare Vorgehensweise in beiden Teilgebieten beizubehalten, wurde keine festgelegte Anzahl zusätzlicher Proben vorgegeben. Stattdessen wurden alle an den beiden Erfassungstagen aufgefundenen geeigneten Proben gesichert.

Die genetische Nachbeprobung war insbesondere im Teilgebiet Nord durch hohe Wasserstände lokal eingeschränkt. An mehreren für die Nachbeprobung vorgesehenen Stichprobenorten waren Bermen vollständig überstaut und typische Such- und Markierungsbereiche dadurch nicht oder nur eingeschränkt zugänglich. Die Möglichkeit, zusätzliches genetisches Probenmaterial zu gewinnen, war an diesen Stichprobenorten entsprechend reduziert.

2.3. Ergänzende Nachweisdaten aus Hamburg und dem angrenzenden Umland

Ergänzend zu den im Rahmen des projektbezogenen Monitorings erhobenen Daten wurden weitere Fischotternachweise aus Hamburg und dem angrenzenden Umland für den Zeitraum von September 2021 bis August 2026 herangezogen. Berücksichtigt wurden sowohl Nachweise aus der regelmäßig durchgeführten ehrenamtlichen Erfassung als auch weitere Nachweise aus ISOS beziehungsweise OTTER-SPOTTER, dem Hamburger Artenkataster und ergänzenden Datenbeständen aus Schleswig-Holstein. Für die Auswertung wurden die Nachweistypen Losung, Trittsiegel, Sichtbeobachtung, Fotofallennachweis, Lebendfund, Totfund sowie Beobachtung von Jungtieren berücksichtigt. Die ergänzenden Daten dienen der räumlichen und zeitlichen Einord-

nung der Ergebnisse des projektbezogenen Monitorings. Aufgrund der unterschiedlichen Erfassungsintensität und Entstehungsweise werden sie nicht für einen quantitativen Vergleich mit den Ergebnissen der standardisierten Kartierung herangezogen.

Im Rahmen des ISOS-Ehrenamtlichen-Netzwerks werden festgelegte Erfassungspunkte regelmäßig auf Fischotternachweise kontrolliert. Die Erfassung erfolgt unabhängig vom projektbezogenen Monitoring und stellt aufgrund der wiederholten Untersuchung festgelegter Punkte eine eigenständige systematische Datengrundlage dar. Die hierbei erhobenen Nachweise werden gemeinsam mit den übrigen ergänzenden Nachweisdaten für die räumliche Einordnung berücksichtigt.

3. ERGEBNISSE

3.1. Anpassung der Stichprobenorte

Im Rahmen der Überprüfung der Stichprobenorte wurden drei Stichprobenorte an besser geeignete Alternativstandorte verlegt. Betroffen waren die Stichprobenorte FHH_18, FHH_37 und FHH_38 (Tabelle 3.1; Abbildungen 3.1 bis 3.3). Bei den übrigen überprüften Stichprobenorten wurde kein Standortwechsel vorgenommen.

Tabelle 3.1: Im Untersuchungszeitraum 2025/26 verlegte Stichprobenorte.

RegNr.	Bisheriger Standort	Typ	Neuer Standort	Typ	Bemerkung
FHH_18	Fünfhausener Wettern	D	Querungsbauwerk an der Neuländer Moorwettern	B	Bermen vorhanden
FHH_37	Brücke an der Stellau	E	Brücke an der Stellau	D	steiniges Ufer vor und hinter dem Querungsbauwerk
FHH_38	Herrenhausallee, Ammersbek/Kupferteich	D	Querungsbauwerk an der Ammersbek	D	bessere Untersuchbarkeit

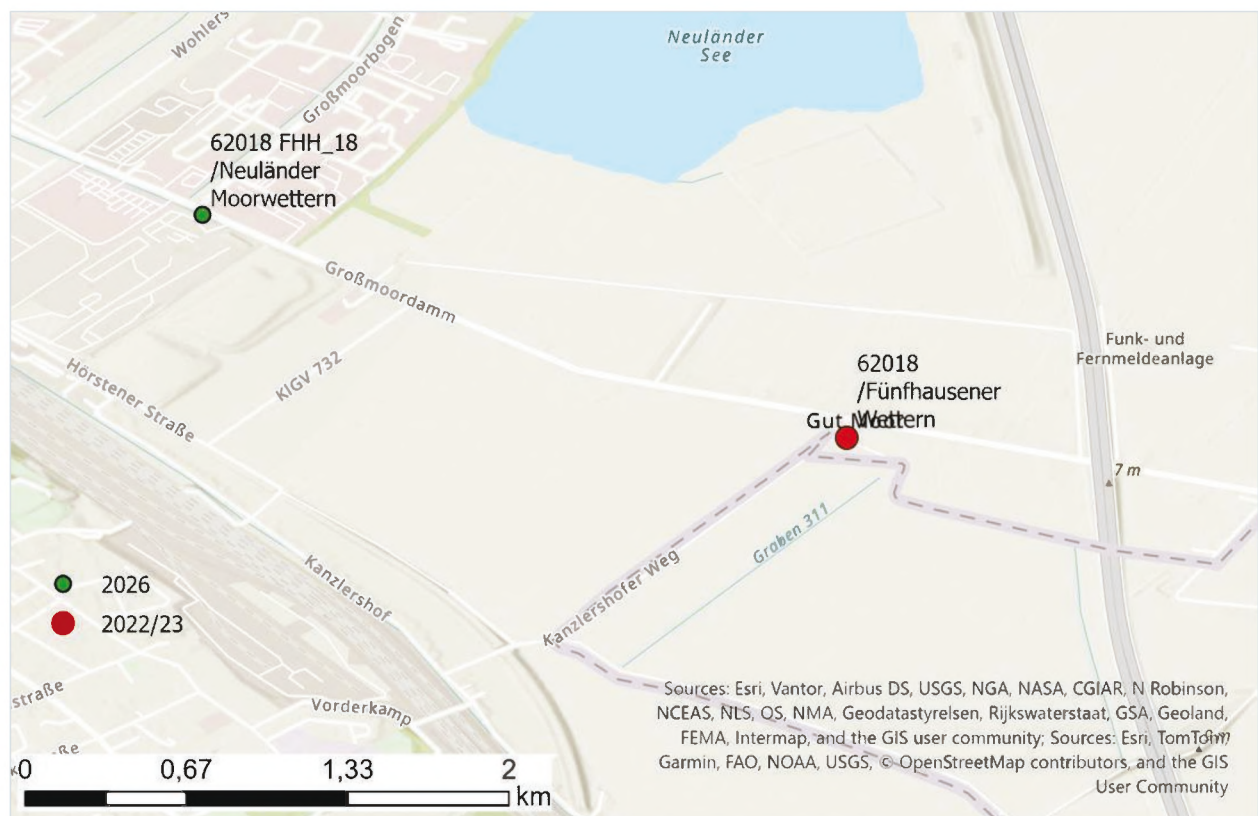


Abbildung 3.1: Verlegung des Stichprobenortes FHH_18. Der Stichprobenort wurde vom bisherigen Standort an der Fünfhausener Wettern (rot) an ein Querungsbauwerk an der Neuländer Moorwettern (grün) verlegt.

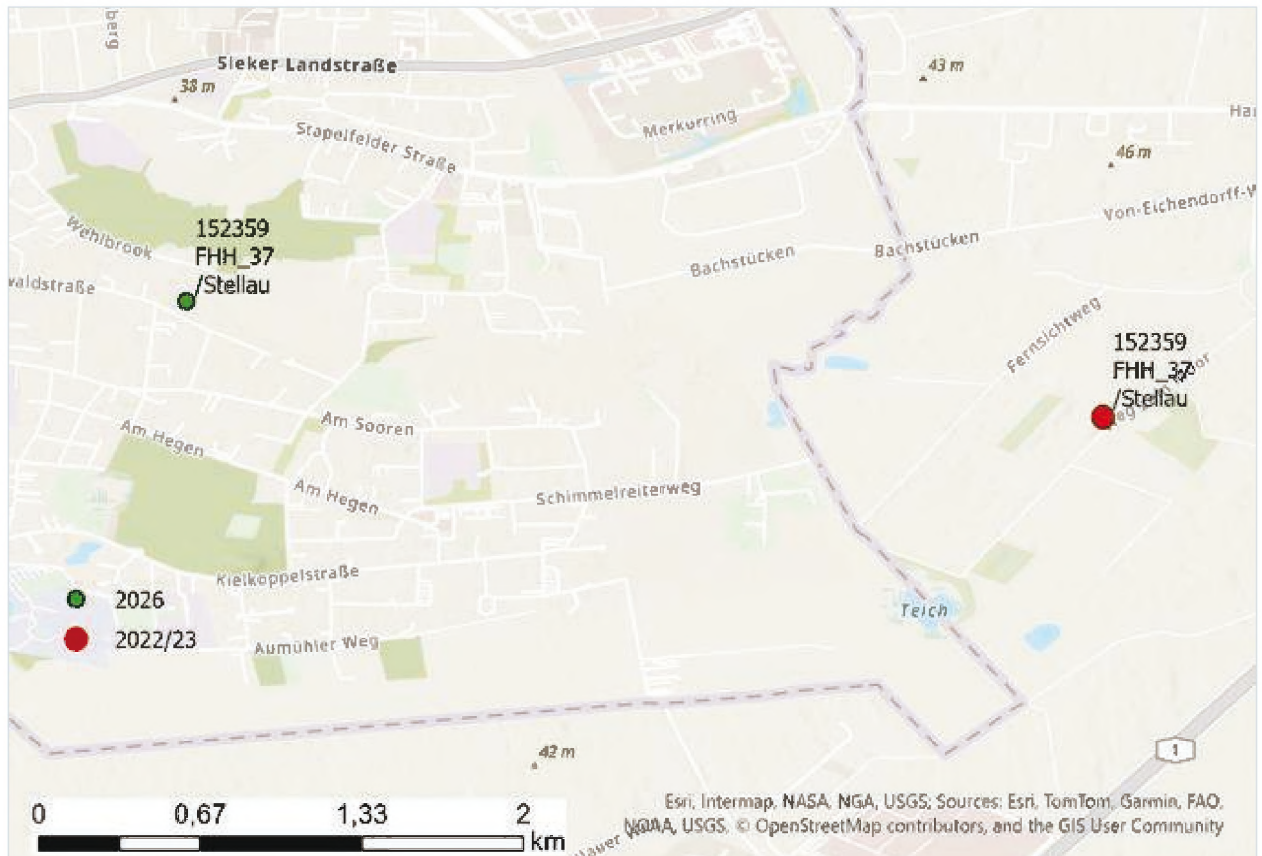


Abbildung 3.2: Verlegung des Stichprobenortes FHH_37. Der Stichprobenort wurde vom bisherigen Standort an der Stellau (rot) an einen für die Erfassung besser geeigneten Standort im Bereich der Stellau (grün) verlegt.

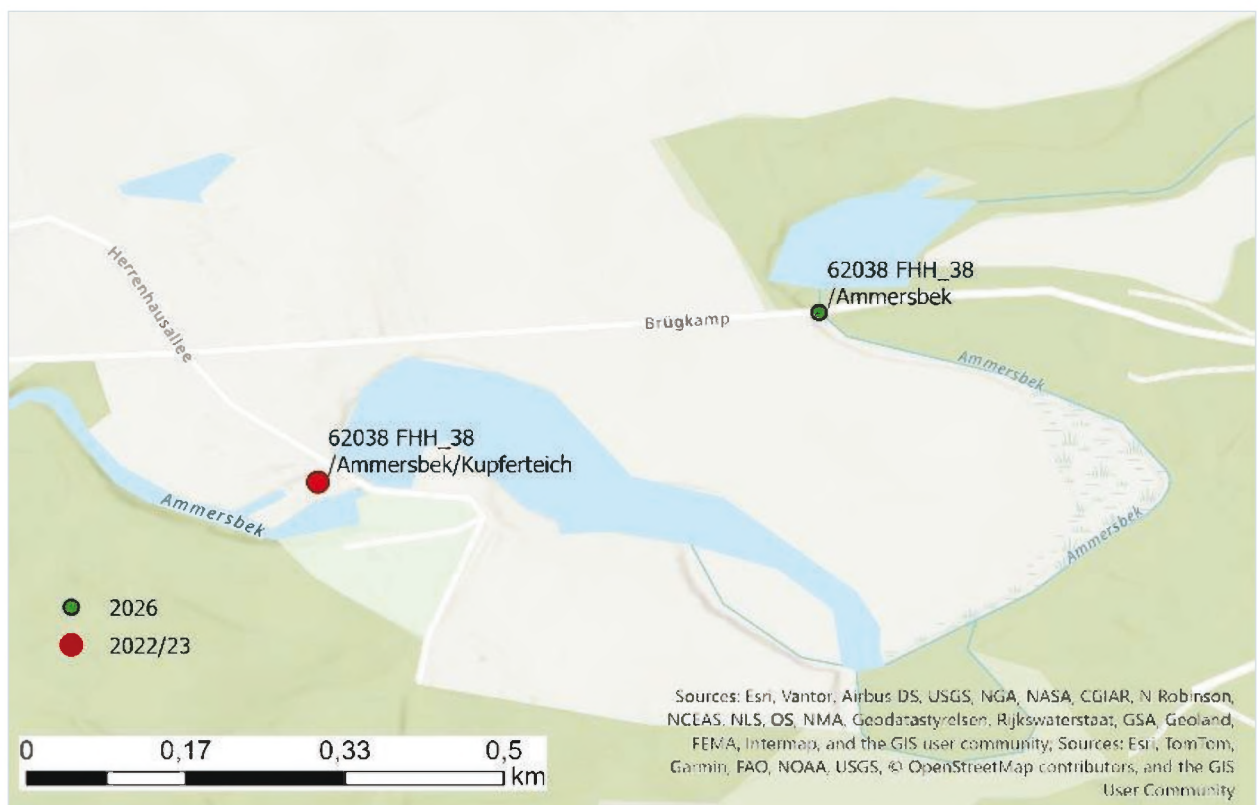


Abbildung 3.3: Verlegung des Stichprobenortes FHH_38. Der Stichprobenort wurde vom bisherigen Standort an der Herrenhausallee (rot) an einen für die Erfassung besser geeigneten Standort an der Ammersbek (grün) verlegt.

Durch die vorgenommenen Verlegungen änderte sich bei den Stichprobenorten FHH_18 und FHH_37 die Zuordnung des Querungstyps. Abbildung 3.4 zeigt die räumliche Verteilung der Querungstypen nach den vorgenommenen Anpassungen.

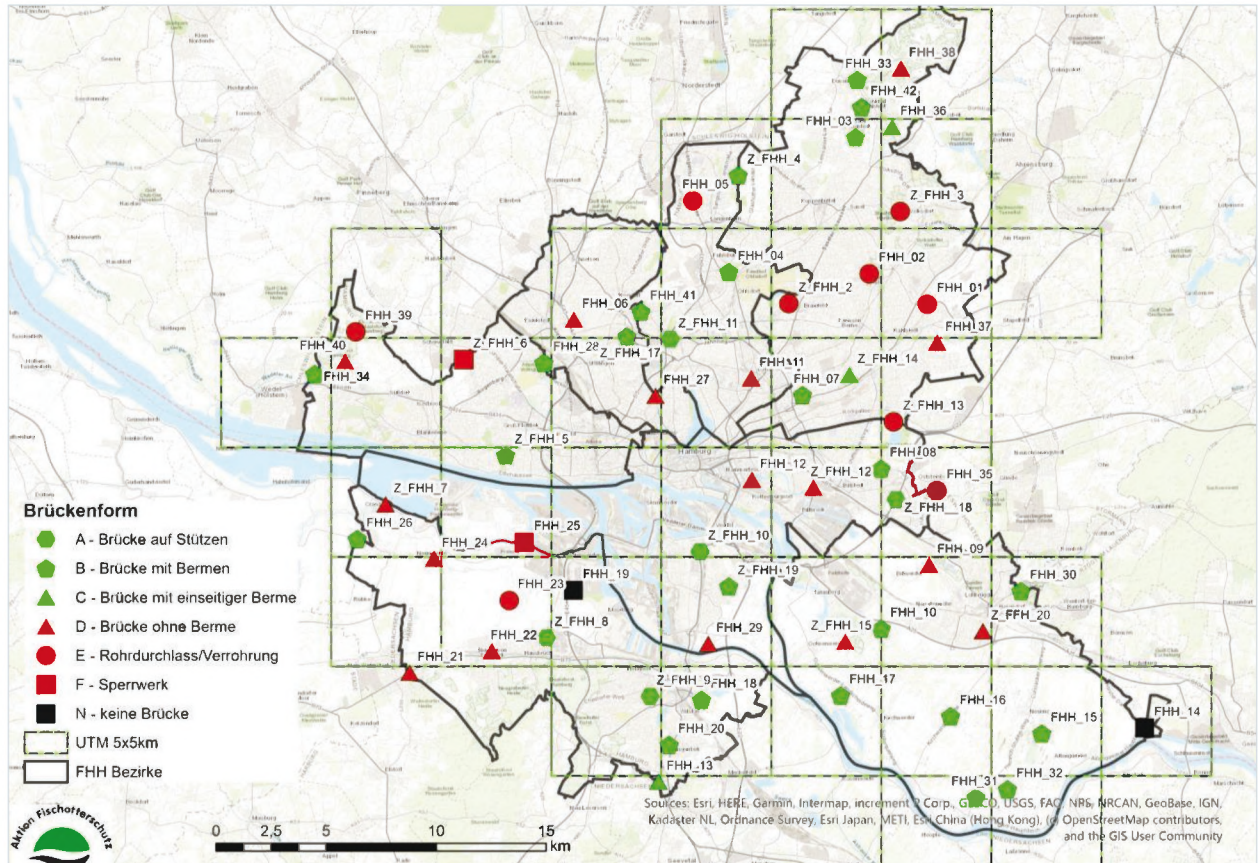


Abbildung 3.4: Räumliche Verteilung der Querungstypen an den Stichprobenorten nach den im Untersuchungszeitraum 2025/26 vorgenommenen Anpassungen.

3.2. Ergebnisse der Kartierung

Im Untersuchungszeitraum 2025/26 wurden an 18 der insgesamt 60 Stichprobenorte der Untersuchungskulisse Fischotternachweise erbracht. 41 Stichprobenorte wurden negativ bewertet und der Stichprobenort FHH_11 im Teilgebiet Nord war nicht untersuchbar. Der Anteil positiver Stichprobenorte an der gesamten Untersuchungskulisse betrug damit 30 %. Von den 18 positiv bewerteten Stichprobenorten lagen 10 im Teilgebiet Nord und 8 im Teilgebiet Süd (Abbildung 3.5). Bezogen auf die tatsächlich untersuchten Stichprobenorte entspricht dies einem Anteil von 34,5 % im Teilgebiet Nord und 26,7 % im Teilgebiet Süd.

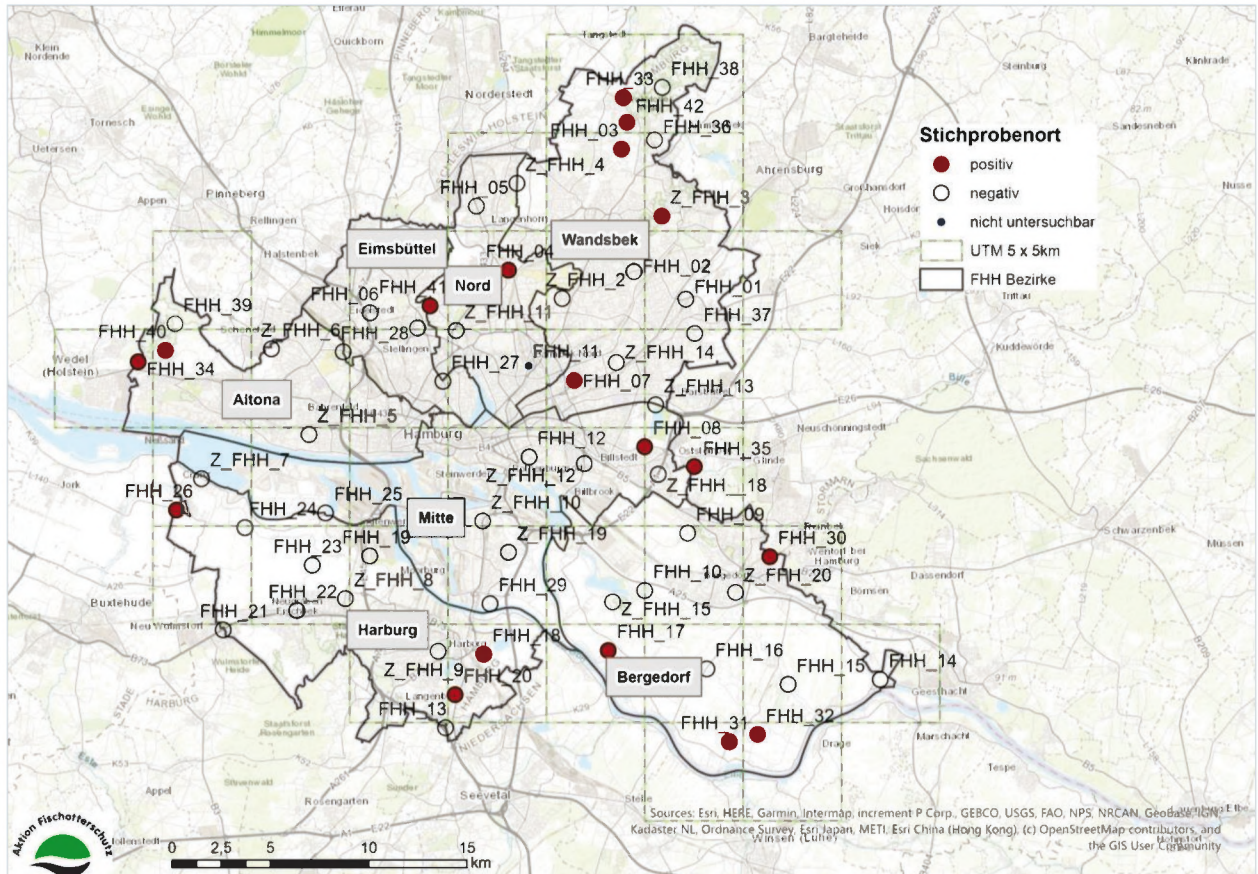


Abbildung 3.5: Räumliche Verteilung der im Untersuchungszeitraum 2025/26 positiv bewerteten Stichprobenorte.

An allen 18 positiven Stichprobenorten wurden Losungen nachgewiesen, an zwei davon zusätzlich Trittsiegel. Beispiele für die im Untersuchungszeitraum dokumentierten Fischotternachweise zeigt Abbildung 3.6.



Foto: Susann Parlow, Aktion Fischotterschutz e. V.

Foto: Susann Parlow, Aktion Fischotterschutz e. V.

Abbildung 3.6: Beispiele für Fischotternachweise im Untersuchungszeitraum 2025/26. A) Losung an der Neu-länder Moorwettern im Bereich Großmoorbogen, Harburg (FHH_18). B) Trittsiegel an der Bille in Bergedorf nahe Möörkenweg/Bahnbrücke (FHH_30).

Von den 18 positiv bewerteten Stichprobenorten entfielen 15 auf den Querungstyp B, 1 auf den Querungstyp D und 2 auf den Querungstyp E (Tabelle 3.2).

Tabelle 3.2: Fischotternachweise an den Stichprobenorten im Untersuchungszeitraum 2025/26.

RegNr.	Gebiet	Datum	Nachweis	Gewässer	Typ
FHH_03	Nord	27.01.2026	Kot	Alster	B
FHH_04	Nord	28.01.2026	Kot	Alster	B
FHH_07	Nord	28.01.2026	Kot	Wandse	B
FHH_08	Nord	04.02.2026	Kot	Schleemer Bach	B
FHH_17	Süd	03.02.2026	Kot	Südlicher Ochsenwerder Sammelgraben	B
FHH_18	Süd	04.02.2026	Kot	Neuländer Moorwettern	B
FHH_20	Süd	04.02.2026	Kot	Engelbek	B
FHH_26	Süd	05.02.2026	Kot	Moorender Hauptwettern	B
FHH_30	Süd	03.02.2026	Kot & Trittsiegel	Bille	B
FHH_31	Süd	03.02.2026	Kot & Trittsiegel	Südlicher Kirchwerder Sammelgraben	B
FHH_32	Süd	02.02.2026	Kot	Kraueler Sammelgraben	B
FHH_33	Nord	27.01.2026	Kot	Alster	B
FHH_34	Nord	29.01.2026	Kot	Wedeler Au	B
FHH_35	Süd	03.02.2026	Kot	Glinder Au	E
FHH_40	Nord	29.01.2026	Kot	Wedeler Au	D
FHH_41	Nord	29.01.2026	Kot	Tarpenbek	B
FHH_42	Nord	27.01.2026	Kot	Alster	B
Z_FHH_3	Nord	27.01.2026	Kot	Saselbek	E

3.3. Bewertung der Querungsbereiche und -bauwerke

Bei der Bewertung der 60 Stichprobenorte wurde für insgesamt 27 Stichprobenorte der Untersuchungskulisse ein erforderlicher oder wünschenswerter Maßnahmenbedarf festgestellt. An 33 Stichprobenorten bestand kein Maßnahmenbedarf (Tabelle 3.3). Abbildung 3.7 zeigt die räumliche Verteilung der unterschiedlichen Dringlichkeitsstufen.

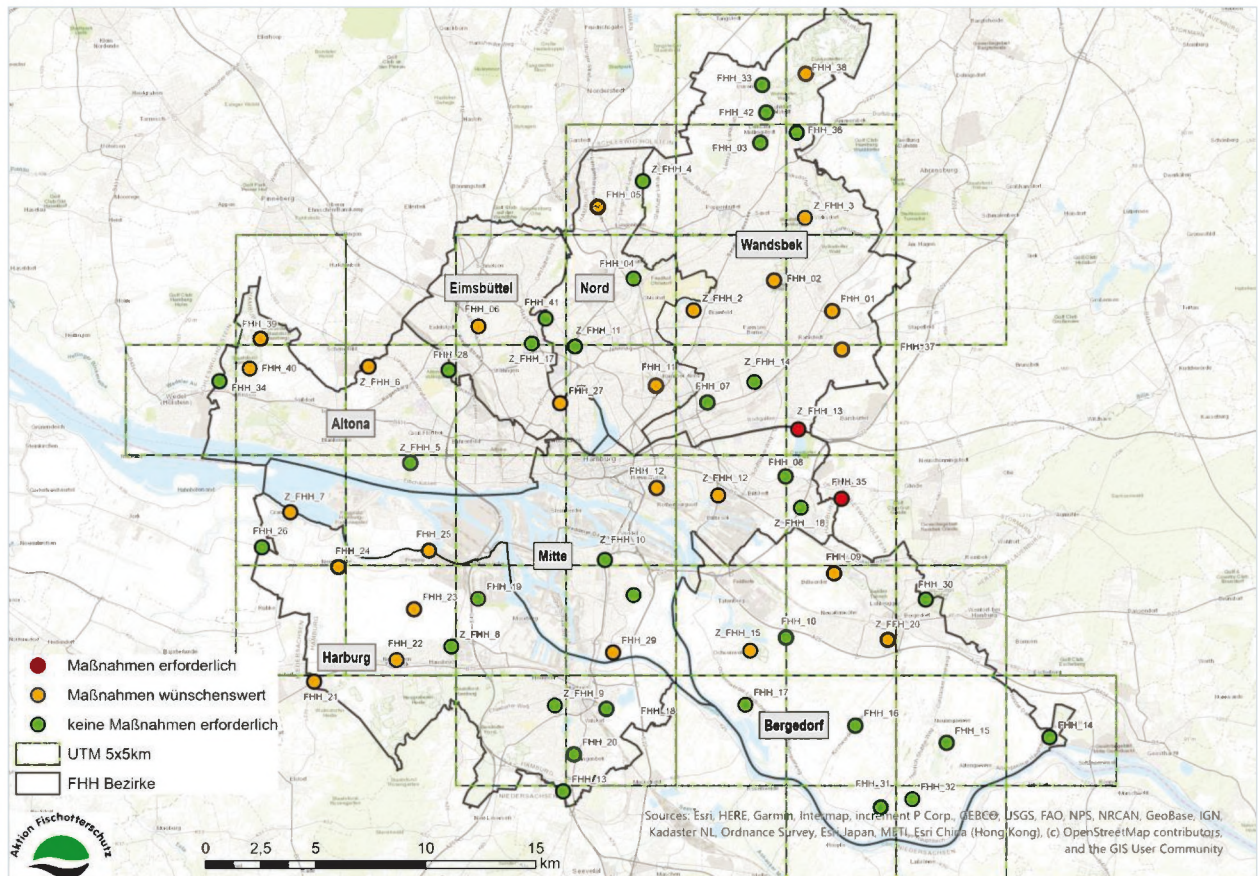


Abbildung 3.7: Räumliche Verteilung der Dringlichkeit von Maßnahmen zur Verbesserung der Durchgängigkeit für den Fischotter an den Stichprobenorten im Untersuchungszeitraum 2025/26.

Tabelle 3.3: Bewertung des Maßnahmenbedarfs an den Stichprobenorten im Untersuchungszeitraum 2025/26.

Maßnahmenbedarf	Anzahl	Anteil
Erforderlich	2	3,3 %
Wünschenswert	25	41,7 %
Kein Maßnahmenbedarf	33	55 %
Gesamt	60	100 %

Für die 27 Stichprobenorte mit erforderlichem oder wünschenswertem Maßnahmenbedarf wurden die mögliche Maßnahmen zur Verbesserung der Durchgängigkeit standortbezogen bewertet. Am häufigsten wurden die Anlage einer Berme und der Einbau eines Laufbretts empfohlen. Darüber hinaus wurde die Verbesserung vorhandener Bermen, die Vergrößerung von Durchlässen und das Einbringen von Steinen vorgeschlagen. An vier Stichprobenorten konnte keine geeignete Maßnahme identifiziert werden. Da an einzelnen Stichprobenorten Kombinationen mehrerer Maßnahmen empfohlen wurden, sind Mehrfachnennungen möglich (Tabelle 3.4). Abbildung 3.8 zeigt die räumliche Verteilung der empfohlenen Maßnahmen.

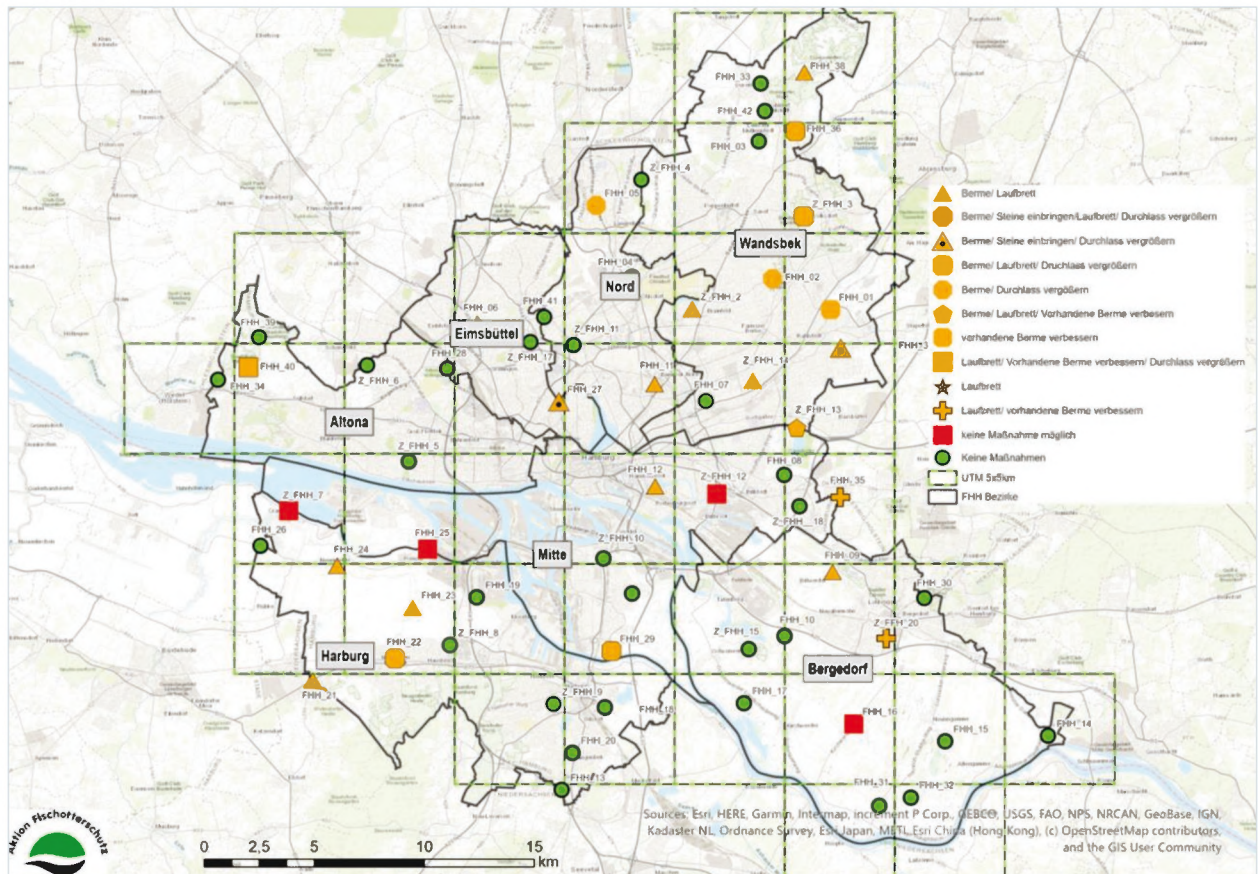


Abbildung 3.8: Räumliche Verteilung der empfohlenen Maßnahmen zur Verbesserung der Durchgängigkeit für den Fischotter an den Stichprobenorten im Untersuchungszeitraum 2025/26.

Tabelle 3.4: Standortbezogene Maßnahmenempfehlungen zur Verbesserung der Durchgängigkeit für den Fischotter im Untersuchungszeitraum 2025/26.

Maßnahme	Anzahl Stichprobenorte
Berme	16
Laufbrett	16
Vorhandene Berme verbessern	8
Durchlass vergrößern	6
Steine einbringen	4
Keine geeignete Maßnahme möglich	4

Hinweis: Mehrfachnennungen sind möglich, da an einzelnen Stichprobenorten Kombinationen mehrerer Maßnahmen empfohlen wurden.

3.4. Genetische Untersuchungen

3.4.1. Probenumfang und Artbestimmung

Die genetische Untersuchung bestätigte in 125 der insgesamt 151 untersuchten Proben die Art *Lutra lutra*. In 115 Fällen gelang die Artzuordnung bereits mittels mitochondrialer Sequenzanalyse. Von den 36 mittels mtDNA nicht bestimmbar Proben konnten weitere 10 anhand nuklearer DNA mittels Mikrosatellitenanalyse dem Fischotter zugeordnet werden. Damit konnten 82,8 %

aller untersuchten Proben als Fischotterproben bestätigt werden. Bei 26 Proben war keine Artbestimmung möglich (Tabelle 3.5).

Tabelle 3.5: Ergebnisse der genetischen Artbestimmung im Untersuchungszeitraum 2025/26.

Ergebnis	Anzahl	Anteil
Artbestimmung gesamt	125	82,8 %
davon über mtDNA	115	92 %
davon über nukleare Marker	10	8 %
Keine Artbestimmung möglich	26	17,2 %
Gesamt	151	100 %

Hinweis: Die Anteile der Unterkategorien beziehen sich auf die 125 erfolgreich artbestimmten Proben; die übrigen Anteile auf die Gesamtzahl von 151 Proben.

3.4.2. Individualisierung und identifizierte Individuen

Von den 125 bestätigten Fischotterproben konnten 80 einem Individuum zugeordnet werden, entsprechend 64 % der bestätigten Fischotterproben. Bei 45 Proben war keine eindeutige Individualisierung möglich, darunter sieben Mischproben. Bei den übrigen 38 Proben ließ sich kein belastbares Individualprofil erstellen.

In den 80 erfolgreich individualisierten Proben wurden insgesamt 24 unterschiedliche Fischotter nachgewiesen. Davon waren 13 weiblich und 11 männlich beziehungsweise vermutlich männlich (Tabelle 3.6).

Tabelle 3.6: Geschlechtsverteilung der genetisch identifizierten Fischotter im Untersuchungszeitraum 2025/26.

Geschlecht	Individuen	Anteil Individuen	Individualisierte Proben
Weiblich	13	54,2 %	41
Männlich bzw. vermutlich männlich	11	45,8 %	39
Gesamt	24	100 %	80

6 der 24 identifizierten Individuen waren bereits aus früheren Untersuchungszeiträumen bekannt, während 18 Individuen im Untersuchungszeitraum 2025/26 erstmals genetisch nachgewiesen wurden. An 14 der 18 positiv bewerteten Stichprobenorte konnte mindestens eine Probe erfolgreich individualisiert werden. Von den 24 identifizierten Individuen wurden 20 an jeweils einem und 4 an jeweils zwei Stichprobenorten nachgewiesen (Tabelle 3.7).

Tabelle 3.7: Genetisch identifizierte Individuen im Untersuchungszeitraum 2025/26 mit Angaben zu Geschlecht, Erstnachweis, Anzahl der genetischen Nachweise und Stichprobenorten.

Individuum	Geschlecht	Erstnachweis	Genetische Nachweise 2025/26	Stichprobenorte (RegNr.) 2025/26
Ham023w	w	2021/22	1	FHH_32
Ham025w	w	2021/22	2	FHH_08
Ham027m	m	2021/22	1	FHH_30
Ham034w	w	2022/23	2	FHH_07
Ham035m	m	2022/23	4	FHH_07
Ham040w	w	2022/23	9	FHH_17, FHH_31
Ham043w	w	2025/26	6	FHH_32
Ham044w	w	2025/26	2	FHH_26
Ham045m	m	2025/26	7	FHH_17, FHH_31
Ham046w	w	2025/26	6	FHH_33
Ham047w	w	2025/26	2	FHH_20
Ham048m	m	2025/26	4	FHH_26
Ham049w	w	2025/26	4	FHH_41
Ham050m	m	2025/26	4	FHH_41
Ham051m	m	2025/26	6	FHH_03, FHH_42
Ham052w	w	2025/26	4	FHH_17, FHH_31
Ham053m?	m?	2025/26	1	FHH_18
Ham054w	w	2025/26	1	FHH_34
Ham055m	m	2025/26	2	FHH_32
Ham056w	w	2025/26	1	FHH_26
Ham057m	m	2025/26	1	FHH_26
Ham058m?	m?	2025/26	1	FHH_34
Ham059m	m	2025/26	8	FHH_30
Ham060w	w	2025/26	1	FHH_34

Hinweis: m? = Geschlechtsbestimmung unsicher, vermutlich männlich.

Die räumliche Verteilung der genetisch identifizierten Individuen ist in Abbildung 3.9 dargestellt.



Abbildung 3.9: Räumliche Verteilung der genetisch identifizierten Individuen im Untersuchungszeitraum 2025/26. Rot dargestellt sind positiv bewertete Stichprobenorte mit mindestens einem Individuennachweis, grün positiv bewertete Stichprobenorte, an denen keine Probe erfolgreich individualisiert werden konnte.

3.4.3. Populationsgenetische Zuordnung und mitochondriale Haplotypen

Die populationsgenetische Zuordnungsanalyse ergab für die untersuchten Hamburger Fischotter vor allem genetische Zuordnungen zu den Referenzpopulationen Norddeutschlands (Schleswig-Holstein und Mecklenburg-Vorpommern) sowie des östlichen Niedersachsens (vgl. Anhang 1). In geringerem Umfang waren auch Anteile der dänischen Referenzpopulation vertreten. Etwa die Hälfte der untersuchten Individuen wies gemischte genetische Anteile mit überwiegend norddeutschen und ostniedersächsischen sowie geringeren dänischen Anteilen auf. Die übrigen Individuen wurden überwiegend den norddeutschen beziehungsweise ostniedersächsischen Referenzpopulationen zugeordnet. Ham054w und Ham060w zeigten eine hohe Zuordnungswahrscheinlichkeit zur niederländischen Referenzpopulation.

Abbildung 3.10 zeigt die populationsgenetische Zuordnung der untersuchten Individuen anhand der für die Fragestellung relevanten Referenzpopulationen. In der zugrundeliegenden Analyse wurden darüber hinaus weitere Referenzregionen berücksichtigt (vgl. Anhang 1).

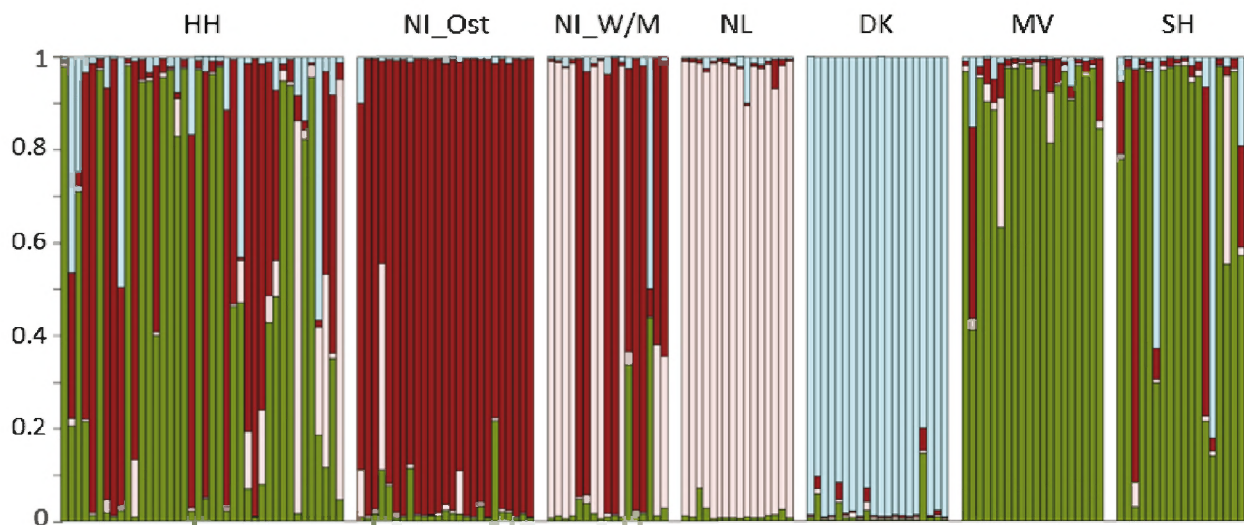


Abbildung 3.10: Populationsgenetische Zuordnung der untersuchten Hamburger Fischotter zu den in der STRUCTURE-Analyse berücksichtigten Referenzpopulationen. Die Farben zeigen die Zuordnungswahrscheinlichkeit der jeweiligen Genotypen zu den berücksichtigten Referenzpopulationen: HH = Hamburg, NI = Niedersachsen (Ost = östliches, W = West, M = Mitte), NL = Niederlande, DK = Dänemark, MV = Mecklenburg-Vorpommern, SH = Schleswig-Holstein (vgl. Anhang 1).

Quelle: Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung.

Bei der mitochondrialen Analyse wurden unter den im Untersuchungszeitraum 2025/26 nachgewiesenen Individuen die Haplotypen X und 11 festgestellt. Haplotyp X wurde bei 22 Individuen nachgewiesen, Haplotyp 11 ausschließlich bei Ham048m. Für ein Individuum lag keine erfolgreiche Haplotypbestimmung vor.

3.4.4. Verwandtschaftsbeziehungen

Unter den im Untersuchungszeitraum 2025/26 genetisch nachgewiesenen Fischottern besteht eine bereits aus früheren Untersuchungen bekannte gesicherte Eltern-Kind-Beziehung zwischen Ham027m und Ham023w. Darüber hinaus ergab die Verwandtschaftsanalyse für 5 weitere Paare, bei denen beide Individuen im Untersuchungszeitraum 2025/26 nachgewiesen wurden, mögliche Eltern-Kind-Beziehungen. Diese betreffen Ham040w und Ham043w, Ham040w und Ham052w, Ham049w und Ham050m, Ham060w und Ham054w sowie Ham060w und Ham058m?.

Die möglichen Beziehungen sind gegenüber der gesicherten Eltern-Kind-Beziehung weniger stark abgesichert. Abbildung 3.11 zeigt die Verwandtschaftsbeziehungen zwischen den im Untersuchungszeitraum 2025/26 nachgewiesenen Individuen.

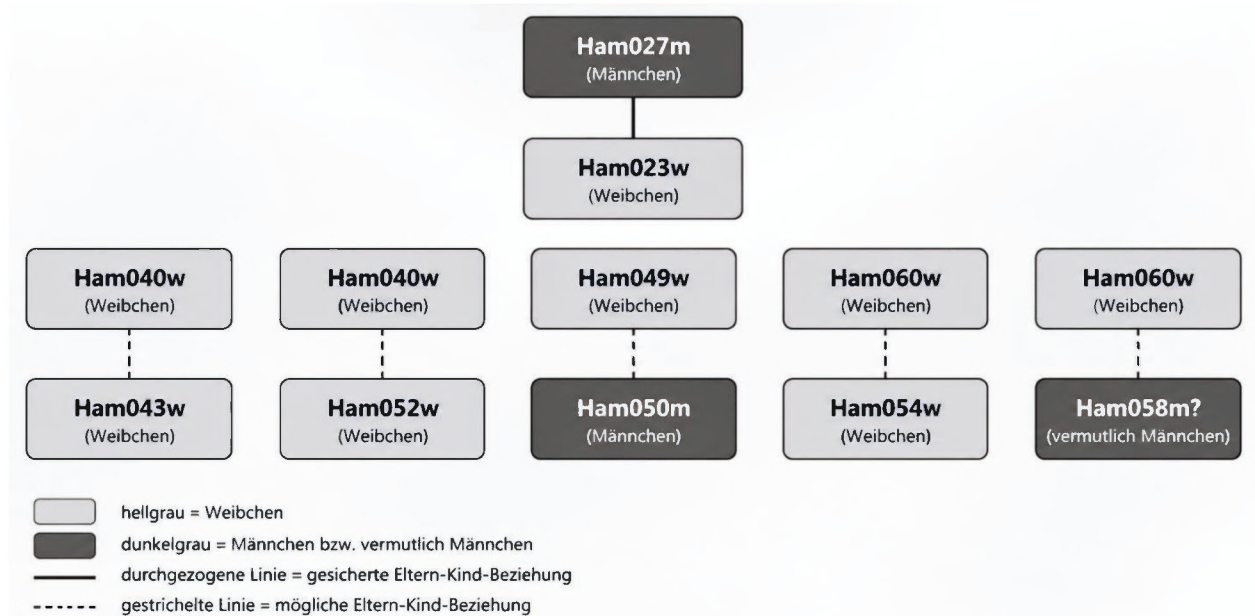


Abbildung 3.11: Verwandtschaftsbeziehungen zwischen den im Untersuchungszeitraum 2025/26 genetisch nachgewiesenen Fischottern. Bei den möglichen Beziehungen erlaubt die Analyse keine Aussage darüber, welches Individuum Elternteil beziehungsweise Nachkomme ist.

3.5. Ergänzende Nachweisdaten

Ergänzend zu den Ergebnissen des projektbezogenen Monitorings wurden weitere Fischotternachweise aus Hamburg und dem angrenzenden Umland für einen fünfjährigen Betrachtungszeitraum von September 2021 bis August 2026 berücksichtigt. Hierzu zählen Nachweise aus der regelmäßig durchgeführten ehrenamtlichen Erfassung sowie weitere Nachweise aus ISOS beziehungsweise OTTER-SPOTTER, dem Hamburger Artenkataster und ergänzenden Datenbeständen aus Schleswig-Holstein. Berücksichtigt wurden Losung, Trittsiegel, Sichtbeobachtungen, Fotofallennachweise, Lebendfunde, Totfunde sowie Beobachtungen von Jungtieren.

Die ergänzenden Daten erweitern die räumliche Datengrundlage über die Stichprobenorte des projektbezogenen Monitorings hinaus. Abbildung 3.12 zeigt die räumliche Verteilung der ergänzenden Nachweise sowie der im Untersuchungszeitraum 2025/26 positiv bewerteten Stichprobenorte. Die zugrundeliegenden Einzelnachweise sind in Anhang 3 zusammengestellt.

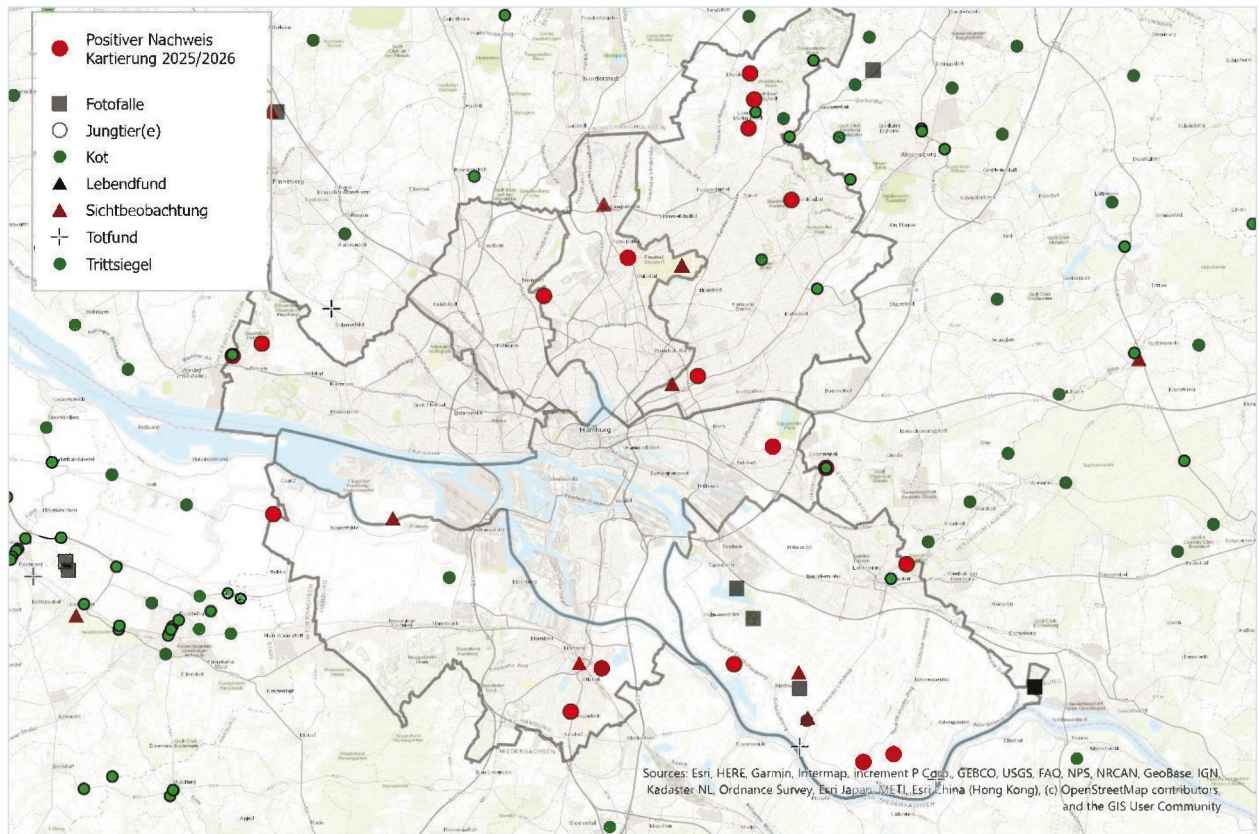


Abbildung 3.12: Räumliche Verteilung der Fischotternachweise aus Hamburg und dem angrenzenden Umland im Zeitraum von September 2021 bis August 2026. Dargestellt sind die positiv bewerteten Stichprobenorte der Kartierung 2025/26 sowie ergänzende Nachweise unterschiedlicher Nachweistypen.
Datengrundlage: ISOS/OTTER-SPOTTER-Datenbank der Aktion Fischotterschutz e. V.; Hamburger Artenkataster; Nachweisdaten aus Schleswig-Holstein; eigene Erhebung 2025/26.

4. DISKUSSION

4.1. Langfristige Entwicklung des Fischottervorkommens

Die seit 2013/14 durchgeführten Erhebungen ermöglichen inzwischen eine längerfristige Betrachtung der Nachweissituation des Fischotters im Hamburger Stadtgebiet. Für die Untersuchungszeiträume mit alternierender Erfassung des nördlichen und südlichen Stadtgebietes werden jeweils zwei aufeinanderfolgende Erhebungen näherungsweise zu einem hamburgweiten Erfassungszyklus zusammengefasst.

Mit der Erweiterung der Untersuchungskulisse von 40 auf 60 Stichprobenorte ab 2017/18 änderte sich zugleich die Bezugsgröße für den Vergleich absoluter Nachweiszahlen. Mit 18 positiven Stichprobenorten und einem Anteil von 30 % wurde 2025/26 sowohl absolut als auch anteilig der bislang höchste Wert innerhalb der bisherigen Erfassungszyklen festgestellt. Abbildung 4.1 zeigt die Entwicklung des Anteils und der absoluten Zahl positiver Stichprobenorte seit 2013/14.

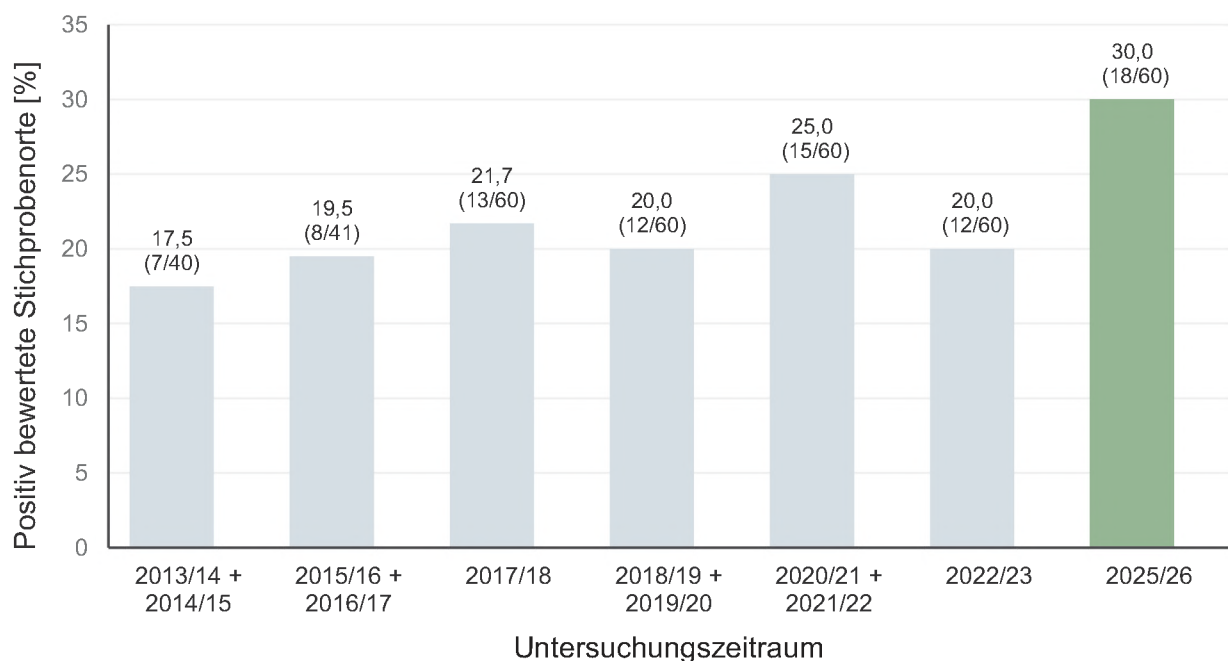


Abbildung 4.1: Entwicklung des Anteils positiv bewerteter Stichprobenorte im Hamburger Fischotter-Monitoring seit 2013/14. Klammerangaben: positive Stichprobenorte/Gesamtzahl der Stichprobenorte. Bei alternierender Erfassung wurden jeweils zwei aufeinanderfolgende Untersuchungszeiträume zu einem hamburgweiten Erfassungszyklus zusammengefasst. Im Untersuchungszeitraum 2015/16 wurde zusätzlich zu den 20 regulären Stichprobenorten ein weiterer Standort untersucht. Nicht untersuchbare Stichprobenorte verblieben bei der Berechnung im Umfang der jeweiligen Untersuchungskulisse.

Datengrundlage: Borggräfe und Kiendl 2014, 2015, 2016, 2017; Piepho et al. 2018; Kiendl und Reinhold 2019; Kiendl et al. 2020; Kiendl 2021, 2022; Kiendl et al. 2023; eigene Erhebung 2025/26.

Seit der Erweiterung des Stichprobennetzes auf 60 Stichprobenorte im Untersuchungszeitraum 2017/18 blieb dessen nomineller Umfang unverändert. Der aktuell höhere Anteil positiver Stichprobenorte lässt sich daher nicht allein durch die damalige Erweiterung der Untersuchungskulisse erklären. Die Zeitreihe zeigt insgesamt keinen gleichmäßig ansteigenden Verlauf. Vielmehr zeigt

sich, dass auch innerhalb einer grundsätzlich vergleichbaren Erfassungskulisse Unterschiede zwischen den einzelnen Untersuchungszeiträumen auftreten. Der aktuelle Höchstwert ist damit ein auffälliger Befund innerhalb der bisherigen Zeitreihe, erlaubt für sich genommen jedoch noch keine Ableitung eines belastbaren langfristigen Trends. Bereits für die vorangegangenen Untersuchungszeiträume wurden entsprechende Schwankungen und Einschränkungen der unmittelbaren Vergleichbarkeit beschrieben (Kiendl et al. 2023).

Im direkten Vergleich mit der letzten Gesamtstadterfassung 2022/23 zeigt sich eine hohe räumliche Übereinstimmung der positiven Stichprobenorte. Elf der damals zwölf positiv bewerteten Stichprobenorte wurden 2025/26 erneut positiv bewertet. Gleichzeitig kamen sieben weitere positive Stichprobenorte hinzu, die sich auf beide Teilgebiete Hamburgs verteilen. Damit wird das räumliche Muster der vorherigen Gesamtstadterfassung weitgehend bestätigt und zugleich durch zusätzliche Nachweise ergänzt. Eine durchgehende Nutzung der betreffenden Bereiche zwischen den Erhebungen lässt sich daraus jedoch nicht ableiten. Die hohe räumliche Übereinstimmung bestätigt dennoch die wiederholte Nachweisbarkeit des Fischotters in diesen Bereichen.

Die Vergleichbarkeit der Untersuchungszeiträume wird durch den Zeitpunkt der Erfassung, Witterungsbedingungen und Wasserstände sowie Veränderungen einzelner Stichprobenorte beeinflusst. Zudem hängt der Nachweiserfolg davon ab, ob zum Zeitpunkt der Begehung erkennbare und ausreichend erhaltene Spuren vorhanden sind. Die aus zwei aufeinanderfolgenden Jahren zusammengeführten Nord- und Süderfassungen sind daher nur näherungsweise mit einer innerhalb eines Winters durchgeführten Gesamtstadterfassung vergleichbar. Entsprechende Einschränkungen der zeitlichen Vergleichbarkeit und der daraus resultierenden Trendinterpretation wurden bereits im Monitoringbericht 2022/23 beschrieben (Kiendl et al. 2023).

Grundsätzlich kann aus der Anzahl positiver Stichprobenorte nicht auf die Anzahl der im Hamburger Stadtgebiet vorkommenden Fischotter geschlossen werden. Einzelne Individuen können an mehreren Stichprobenorten nachgewiesen werden, während andere Tiere trotz Anwesenheit unentdeckt bleiben können. Der Anteil positiver Stichprobenorte beschreibt daher ausschließlich den Anteil der untersuchten Standorte, an denen im jeweiligen Erfassungszeitraum Fischotternachweise erbracht wurden. Eine unmittelbare Aussage über die Bestandsgröße ist daraus nicht möglich (Reuther et al. 2000; Lampa et al. 2015).

Räumlich bestehen weiterhin die aus früheren Untersuchungen bekannten Nachweisschwerpunkte entlang der Alster und ihrer Zuflüsse im Norden sowie im südöstlichen Hamburg im Bereich Bergedorfs (Piepho et al. 2018; Kiendl et al. 2023). Gleichzeitig zeigen sich zusätzliche Nachweise im westlichen Stadtgebiet. An der Wedeler Au wurde FHH_34 nach dem positiven Befund 2022/23 auch 2025/26 erneut positiv bewertet, während mit FHH_40 ein weiterer Stichprobenort an diesem Gewässer hinzukam. Im Südwesten wurde zudem FHH_26 erneut bestätigt.

Damit wird das bereits 2022/23 erkennbare räumliche Muster durch weitere Nachweise insbesondere im westlichen Stadtgebiet ergänzt. Ob dies auf eine größere Zahl von Individuen, eine breitere räumliche Nutzung des Hamburger Gewässernetzes oder Schwankungen der Nachweiswahrscheinlichkeit zurückzuführen ist, lässt sich anhand der Kartierungsdaten allein nicht unterscheiden. Unabhängig von der Ursache bestätigen die aktuellen Nachweise damit das bereits 2022/23 erkennbare Nachweismuster im westlichen Hamburger Stadtgebiet.

4.2. Stichprobenorte und Querungsbauwerke

Die langfristige Betrachtung der einzelnen Stichprobenorte zeigt, dass Fischotternachweise an vielen Stichprobenorten zwischen den Erfassungszyklen wechseln. Ein negativer Befund in einem einzelnen Untersuchungszeitraum ist daher nicht mit einer fehlenden Nutzung des jeweiligen Gewässerabschnitts gleichzusetzen. Neben der Anwesenheit des Fischotters beeinflussen auch die örtlichen Bedingungen am Stichprobenort sowie geeignete Strukturen für die Ablage und den Erhalt von Nachweisen die Nachweiswahrscheinlichkeit (Reuther et al. 2000; Kiendl et al. 2023).

Neben Stichprobenorten mit wechselnden Befunden gibt es Standorte mit wiederholt positiven Nachweisen (Tabelle 4.1). FHH_03 und FHH_30 wurden in allen dargestellten Erfassungszyklen positiv bewertet. FHH_42 war seit seiner Aufnahme in die Untersuchungskulisse 2017/18 ebenfalls in jedem folgenden Erfassungszyklus positiv. Diese Befunde zeigen, dass an einzelnen Stichprobenorten über längere Zeiträume wiederholt Fischotter nachgewiesen werden können. Eine durchgehende Nutzung dieser Bereiche zwischen den jeweiligen Erfassungen lässt sich daraus jedoch nicht ableiten. Die wiederholten positiven Befunde unterstreichen dennoch die langfristige Eignung dieser Stichprobenorte für das Monitoring.

Tabelle 4.1: Zeitliche Entwicklung des Nachweisstatus der Stichprobenorte im Hamburger Fischotter-Monitoring seit 2013/14.

RegNr.	2013/14 + 2014/15	2015/16 + 2016/17	2017/18	2018/19 + 2019/20	2020/21 + 2021/22	2022/23	2025/26
FHH_01	○	○	○	○	●	○	○
FHH_02	○	○	○	○	○	○	○
FHH_03	●	●	●	●	●	●	●
FHH_04	●	●	●	○	●	○	●
FHH_05	○	○	○	○	○	○	○
FHH_06	○	○	○	○	○	○	○
FHH_07	○	○	●	●	●	●	●
FHH_08	○	○	●	○	○	○	●
FHH_09	○	○	○	○	○	○	○
FHH_10	○	○	○	○	●	○	○
FHH_11	○	○	○	○	○	○	×
FHH_12	○	○	×	○	○	○	○
FHH_13	○	○	○	○	○	V○	○
FHH_14	○	○	○	×	V○	○	○

RegNr.	2013/14 + 2014/15	2015/16 + 2016/17	2017/18	2018/19 + 2019/20	2020/21 + 2021/22	2022/23	2025/26
FHH_15	○	○	○	○	○	○	○
FHH_16	○	○	●	○	○	○	○
FHH_17	○	●	●	○	●	●	●
FHH_18	○	○	○	○	○	○	V●
FHH_19	○	○	×	×	V○	○	○
FHH_20	○	○	●	○	○	V○	●
FHH_21	○	○	○	○	○	○	○
FHH_22	○	○	○	○	○	V○	○
FHH_23	●	○	○	○	○	○	○
FHH_24	○	○	○	○	○	○	○
FHH_25	○	○	○	○	○	○	○
FHH_26	○	○	○	×	V●	●	●
FHH_27	○	○	○	○	○	○	○
FHH_28	○	○	○	○	○	V○	○
FHH_29	○	○	○	○	○	○	○
FHH_30	●	●	●	●	●	●	●
FHH_31	○	●	●	●	●	●	●
FHH_32	○	●	●	●	●	●	●
FHH_33	●	●	●	●	○	●	●
FHH_34	○	○	○	○	○	●	●
FHH_35	○	○	○	○	●	○	●
FHH_36	●	○	○	●	○	○	○
FHH_37	○	○	○	○	○	○	V○
FHH_38	●	○	●	●	●	○	V○
FHH_39	○	○	○	○	○	○	○
FHH_40	○	○	○	○	○	○	●
FHH_41	—	●	○	●	○	●	●
FHH_42	—	—	●	●	●	●	●
Z_FHH_2	—	—	○	●	○	○	○
Z_FHH_3	—	—	○	○	○	○	●
Z_FHH_4	—	—	○	○	○	V○	○
Z_FHH_5	—	—	○	○	○	V○	○
Z_FHH_6	—	—	○	○	○	○	○
Z_FHH_7	—	—	○	○	○	○	○
Z_FHH_8	—	—	○	○	○	V○	○
Z_FHH_9	—	—	○	○	○	○	○
Z_FHH_10	—	—	○	○	×	V○	○
Z_FHH_11	—	—	○	○	○	V○	○
Z_FHH_12	—	—	×	○	○	○	○
Z_FHH_13	—	—	○	○	●	○	○
Z_FHH_14	—	—	○	○	●	●	○
Z_FHH_15	—	—	×	○	○	○	○
Z_FHH_16	—	—	×	—	—	—	—
Z_FHH_17	—	—	○	○	○	○	○
Z_FHH_18	—	—	○	○	○	○	○
Z_FHH_19	—	—	○	○	○	V○	○
Z_FHH_20	—	—	—	●	○	○	○

Hinweis: ● positiv, ○ negativ, × nicht untersuchbar, — nicht Teil der Untersuchungskulisse; V kennzeichnet einen verlegten Stichprobenort. Dargestellt sind alle im Verlauf der Zeitreihe verwendeten Regionalnummern.

Datengrundlage: Borggräfe und Kiendl 2014, 2015, 2016, 2017; Piepho et al. 2018; Kiendl und Reinhold 2019; Kiendl et al. 2020; Kiendl 2021, 2022; Kiendl et al. 2023; eigene Erhebung 2025/26.

Auch die in früheren Untersuchungszeiträumen vorgenommenen Standortverlegungen zeigen unterschiedliche Nachweisverläufe. Im Untersuchungszeitraum 2021/22 wurden FHH_14, FHH_19 und FHH_26 verlegt. Während FHH_26 anschließend wiederholt positiv bewertet wurde, blieben FHH_14 und FHH_19 ohne Fischotternachweis (Kiendl 2022). Vor der Gesamtstadterfassung 2022/23 wurden weitere zehn Stichprobenorte an besser geeignete Standorte verlegt (Kiendl et al. 2023). Von diesen wurde 2025/26 lediglich FHH_20 positiv bewertet. Auch an den drei im aktuellen Untersuchungszeitraum verlegten Stichprobenorten ergaben sich unterschiedliche Befunde: FHH_18 wurde positiv bewertet, während FHH_37 und FHH_38 ohne Nachweis blieben.

Die unterschiedlichen Verläufe zeigen, dass sich der Nutzen einer Verlegung nicht allein daran beurteilen lässt, ob unmittelbar ein Fischotternachweis gelingt. Entscheidend ist vielmehr, ob ein Stichprobenort langfristig gut und reproduzierbar untersucht werden kann. Geeignete Ufer- und Markierungsstrukturen verbessern die Voraussetzungen für den Nachweis von Losung und Trittsiegeln und damit die Nachweiswahrscheinlichkeit (Reuther et al. 2000). Dabei ist nicht allein der Querungstyp entscheidend, sondern die konkrete Ausprägung des jeweiligen Querungsbereichs. Dass 2025/26 Fischotternachweise an Querungsbereichen der Typen B, D und E erbracht wurden, unterstreicht dies.

Ergänzende Erfassungsmethoden verdeutlichen diese Einschränkung. Im Monitoring 2022/23 wurden an zwei bei der standardisierten Kartierung negativ bewerteten Stichprobenorten später mithilfe von Fotofallen Fischotter nachgewiesen (Kiendl et al. 2023). Negative Einzelbefunde sollten daher entsprechend vorsichtig interpretiert werden.

Der Umfang des festgestellten Maßnahmenbedarfs lag 2025/26 insgesamt ähnlich wie 2022/23, wobei aktuell deutlich weniger Stichprobenorte als „erforderlich“ und entsprechend mehr als „wünschenswert“ eingestuft wurden (Kiendl et al. 2023). Die veränderte Verteilung der Dringlichkeitsstufen ist im Zusammenhang mit den standortbezogenen Bewertungen und den zwischenzeitlichen Anpassungen des Stichprobennetzes zu betrachten und lässt sich nicht auf einen einzelnen Einflussfaktor zurückführen.

Die aktuellen Maßnahmenempfehlungen konzentrieren sich insbesondere auf Bermen und Laufbretter sowie weitere standortbezogene Verbesserungen der Querungsbereiche. Sie zielen darauf ab, die Passage entlang des Gewässers unter den Querungsbauwerken zu erleichtern und damit das Risiko zu verringern, dass Fischotter Verkehrswege oberirdisch queren (Philcox et al. 1999; Borggräfe und Krekemeyer 2007).

Für die Fortführung des Monitorings sollten notwendige Standortverlegungen weiterhin nachvollziehbar dokumentiert werden, damit ihre Auswirkungen auf die langfristige Vergleichbarkeit der Zeitreihe eingeordnet werden können.

4.3. Genetische Entwicklung und Individuendynamik

Die genetischen Untersuchungen erweitern die Verbreitungskartierung um Informationen auf Individuenebene und ermöglichen dadurch eine differenziertere Betrachtung der Entwicklung des Fischottervorkommens. Während 2017/18 4 Fischotter genetisch unterschieden werden konnten, waren es 2022/23 15 und 2025/26 24 Individuen. Diese Werte beruhen jedoch auf deutlich unterschiedlichen Probenumfängen: 2017/18 wurden 8, 2022/23 105 und 2025/26 151 Proben untersucht, von denen jeweils 5, 66 und 80 individualisiert werden konnten. Bezogen auf alle untersuchten Proben entspricht dies Anteilen von 62,5 %, 62,9 % und 53,0 % (Piepho et al. 2018; Kiendl et al. 2023). Die Unterschiede in der Zahl nachgewiesener Individuen können daher nicht unmittelbar als Bestandsentwicklung interpretiert werden, da sich sowohl der Umfang der Probensammlung als auch die Analysemöglichkeiten im Verlauf des Monitorings verändert haben. Die alternierenden Teilgebietserfassungen 2018/19 bis 2021/22 werden deshalb nicht für einen unmittelbaren Vergleich der absoluten Individuenzahlen mit den Gesamtstadterfassungen herangezogen.

Die Erfolgsquoten der genetischen Analyse sind vor diesem Hintergrund differenziert zu bewerten. Während 2022/23 rund 95 % der Proben mittels mitochondrialer DNA als Fischotter bestimmt werden konnten, lag dieser Anteil 2025/26 bei 76,2 % (Kiendl et al. 2023; vgl. Anhang 1). Durch die ergänzende Auswertung nuklearer Marker konnten insgesamt 125 der 151 Proben dem Fischotter zugeordnet werden. Von diesen bestätigten Fischotterproben konnten 80 individualisiert werden, entsprechend 64 %. Bezogen auf sämtliche untersuchten Proben entspricht dies dem bereits dargestellten Anteil von 53,0 %. Die geringere Erfolgsquote der mitochondrialen Artbestimmung ist insbesondere im Zusammenhang mit dem hohen Anteil älterer Lösungsproben zu betrachten (vgl. Anhang 1).

Die inzwischen über mehrere Untersuchungszeiträume vorliegenden Daten zeigen, dass einzelne Fischotter über mehrere Jahre hinweg wiederholt genetisch nachgewiesen werden können. Ham027m wurde erstmals 2021/22, erneut 2022/23 und schließlich auch 2025/26 identifiziert. Ham023w und Ham025w wurden nach ihrem Erstnachweis 2021/22 erst 2025/26 wieder genetisch bestätigt, Ham034w, Ham035m und Ham040w nach ihrem Erstnachweis 2022/23 erneut erfasst. Solche Nachweislücken zeigen, dass das Ausbleiben eines genetischen Wiederfundes in einem einzelnen Untersuchungszeitraum nicht mit dem Verschwinden eines Individuums gleichgesetzt werden kann (Tabelle 4.2).

Tabelle 4.2: Zeitliche Nachweise genetisch identifizierter Fischotter im projektbezogenen Monitoring.

	1. Erfassungszyklus		2. Erfassungszyklus		3. Erfassungszyklus		4. Erfassungszyklus		5. Erfassungszyklus	
Individuum	2017/18	2018/19	2019/20	2020/21	2021/22	2022/23	2023/24	2024/25	2025/26	2026/27
Ham001m	■									
Ham002m	■									
Ham003w	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
Ham004w	■	■								
Ham005w		■								
Ham007w		■								
Ham008w		■								
Ham009w		■								
Ham011w			■							
Ham012w			■	■	■	■	■	■	■	■
Ham013w			■							
Ham014w			■	■	■	■	■	■	■	■
Ham015w			■							
Ham016m			■							
Ham019m				■						
Ham020m				■						
Ham021w				■						
Ham022m				■						
Ham023w					■	■	■	■	■	■
Ham024w					■					
Ham025w					■	■	■	■	■	■
Ham026m					■					
Ham027m					■	■	■	■	■	■
Ham028m					■					
Ham029m					■	■	■	■	■	■
Ham030m					■					
Ham031m						■	■	■	■	■
Ham032m						■				
Ham033m						■				
Ham034w						■	■	■	■	■
Ham035m						■	■	■	■	■
Ham036m						■				
Ham037w						■				
Ham038m						■				
Ham039w						■				
Ham040w						■	■	■	■	■
Ham041w						■				
Ham043w									■	■
Ham044w									■	■
Ham045m									■	■
Ham046w									■	■
Ham047w									■	■
Ham048m									■	■
Ham049w									■	■
Ham050m									■	■
Ham051m									■	■
Ham052w									■	■
Ham053m?									■	■
Ham054w									■	■
Ham055m									■	■
Ham056w									■	■
Ham057m									■	■
Ham058m?									■	■
Ham059m									■	■
Ham060w									■	■

Hinweis: ■ = genetischer Nachweis; m? = Geschlechtsbestimmung unsicher, vermutlich männlich; grau + Linie = Zeitraum zwischen Erst- und Letznachweis. Bei den Erfassungszyklen 2018/19 bis 2019/20 und 2020/21 bis 2021/22 wurden die Teilgebiete Nord und Süd jeweils in aufeinanderfolgenden Untersuchungszeiträumen erfasst. Genetisch untersuchte Totfunde außerhalb der regulären Beprobung sind nicht dargestellt.

Datengrundlage: Piepho et al. 2018; Kiendl und Reinhold 2019; Kiendl et al. 2020; Kiendl 2021, 2022; Kiendl et al. 2023; eigene Erhebung 2025/26.

Auch frühere genetische Nachweise zeigen solche mehrjährigen Verläufe. Ham003w wurde zwischen 2017/18 und 2022/23 in vier Untersuchungszeiträumen nachgewiesen, Ham014w zwischen 2019/20 und 2022/23 in drei Untersuchungszeiträumen. Beide wurden 2025/26 nicht erneut erfasst. Dies verdeutlicht, dass genetische Nachweisreihen durch mehrjährige Lücken beziehungsweise ausbleibende Wiederfunde unterbrochen sein können, ohne dass daraus die weitere Anwesenheit oder das Schicksal eines Individuums abgeleitet werden kann. Um die Daten zu festigen, sollten weitere Untersuchungen in den folgenden Jahren durchgeführt werden.

Neben diesen Wiederfunden fällt im Untersuchungszeitraum 2025/26 der hohe Anteil erstmals identifizierter Individuen auf. Von den 24 nachgewiesenen Fischottern waren 6 bereits aus früheren Erfassungen bekannt, während 18 erstmals genetisch nachgewiesen wurden. Ein ähnlich hoher Anteil erstmals genetisch erfasster Individuen zeigte sich bereits 2022/23, als 11 der 15 nachgewiesenen Fischotter erstmals identifiziert wurden (Kiendl et al. 2023). Diese 18 Erstnachweise 2025/26 dürfen jedoch nicht mit 18 neu in das Hamburger Stadtgebiet eingewanderten Tieren gleichgesetzt werden. Ein Teil der Individuen kann bereits zuvor im Untersuchungsgebiet vorhanden gewesen sein, ohne genetisch erfasst worden zu sein. Aus dem erstmaligen genetischen Nachweis allein lässt sich daher weder der Zeitpunkt einer möglichen Zuwanderung noch die vorherige Anwesenheit eines Individuums ableiten. Die 18 Erstnachweise belegen daher zunächst eine veränderte Zusammensetzung der genetisch erfassten Individuen gegenüber früheren Untersuchungszeiträumen.

Das Geschlechterverhältnis der 2025/26 identifizierten Individuen war mit 13 weiblichen und 11 männlichen beziehungsweise vermutlich männlichen Individuen annähernd ausgeglichen. Auch die individualisierten Proben verteilten sich mit 41 Proben weiblicher und 39 Proben männlicher beziehungsweise vermutlich männlicher Individuen nahezu gleichmäßig. Eine vergleichbare Überrepräsentation von Proben männlicher Individuen wie 2022/23 zeigte sich damit im aktuellen Untersuchungszeitraum nicht (Kiendl et al. 2023). Aufgrund der Erfassung lassen sich aus diesen Verhältnissen keine belastbaren Rückschlüsse auf das tatsächliche Geschlechterverhältnis der in Hamburg vorkommenden Fischotter ableiten.

Bei der Interpretation der aktuellen Individuenzahl ist zudem zu berücksichtigen, dass die genetische Nachbeprobung insbesondere im nördlichen Hamburger Stadtgebiet aufgrund hoher Wasserstände eingeschränkt war (vgl. Kapitel 2.2.4). Die 24 genetisch identifizierten Individuen sind daher nicht als Schätzung der tatsächlichen Bestandsgröße im Hamburger Stadtgebiet zu verstehen, sondern als Mindestzahl der im Rahmen der Beprobung nachgewiesenen Tiere.

Insgesamt zeigen die genetischen Langzeitdaten sowohl mehrjährige Wiederfunde einzelner Fischotter als auch Veränderungen in der Zusammensetzung der jeweils genetisch erfassten Individuen.

4.4. Räumliche Vernetzung, Verwandtschaft und genetische Herkunft

Die genetischen Wiederfunde zeigen, dass Fischotter über mehrere Untersuchungszeiträume hinweg sowohl an bereits bekannten als auch an zusätzlichen Stichprobenorten nachgewiesen werden können. Dies weist auf die Nutzung unterschiedlicher Bereiche des Hamburger Gewässernetzes durch dieselben Individuen hin. Aus den punktuellen genetischen Nachweisorten lassen sich jedoch weder konkrete Wanderwege noch kontinuierlich genutzte Gewässerabschnitte ableiten.

Fischotter können großräumige Aktionsräume nutzen, deren Ausdehnung und Überlappung zwischen Individuen variieren kann (Durbin 1996; Weinberger et al. 2016; Weinberger und Baumgartner 2018). Auch wenn die vorliegenden Nachweise nicht ausreichen, um individuelle Aktionsräume oder territoriale Strukturen abzugrenzen, sind die räumlich getrennten Wiederfunde grundsätzlich mit der Nutzung größerer Gewässerabschnitte vereinbar. Abbildung 4.2 zeigt die räumlich und zeitlich verteilten Wiederfunde ausgewählter Individuen.

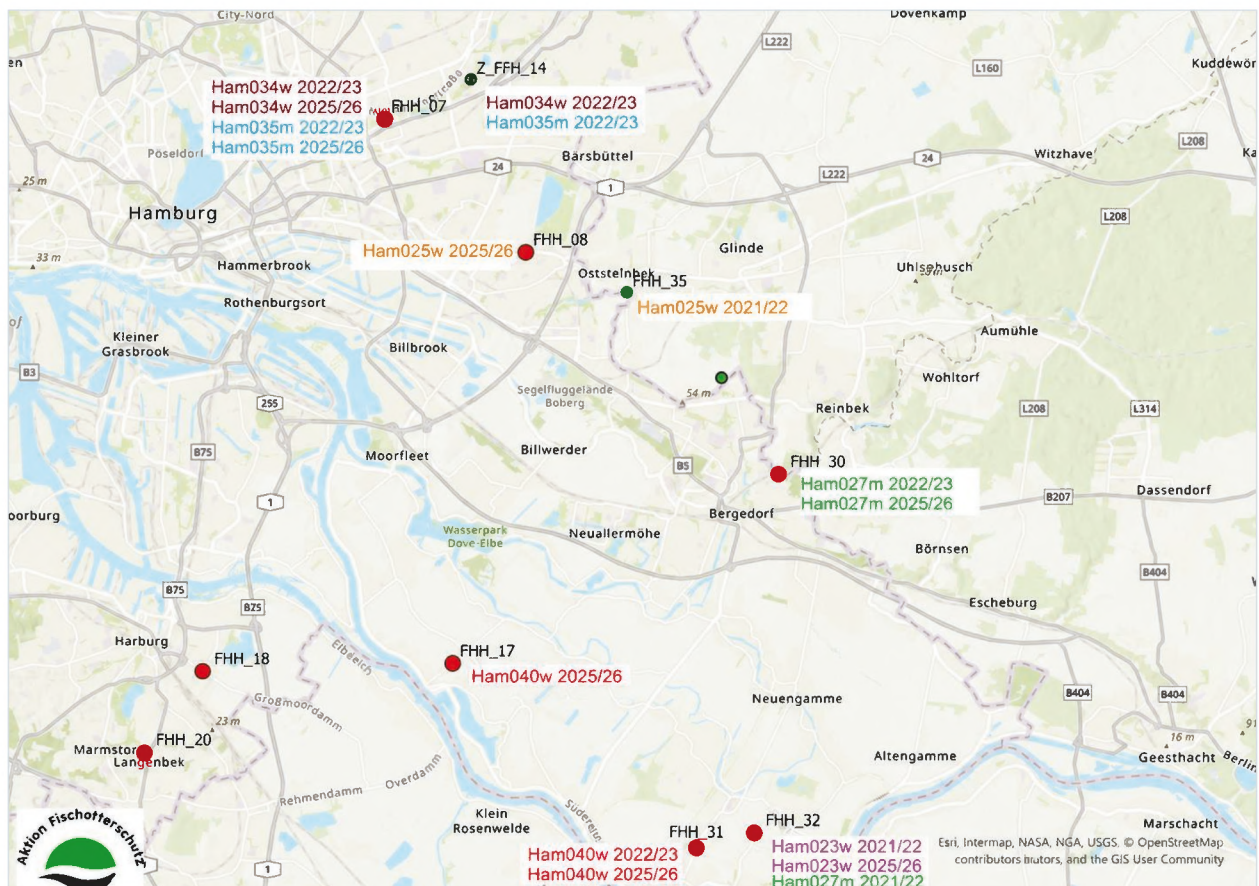


Abbildung 4.2: Räumliche und zeitliche Nachweise ausgewählter wiederholt genetisch identifizierter Fischotter in Hamburg. Dargestellt sind genetische Nachweise an den im projektbezogenen Monitoring berücksichtigten Erfassungspunkten von Ham023w, Ham025w, Ham027m, Ham034w, Ham035m und Ham040w in den Untersuchungszeiträumen 2021/22, 2022/23 und 2025/26. Zusätzliche opportunistische Fundorte außerhalb des projektbezogenen Monitorings sind nicht dargestellt.

Die über mehrere Untersuchungszeiträume hinweg rekonstruierbaren Verwandtschaftsbeziehungen zeigen, dass sich mit zunehmender genetischer Datengrundlage familiäre Zusammenhänge besser auflösen lassen. Neben der bereits bekannten Familienkonstellation aus Ham014w und Ham027m sowie ihren Nachkommen Ham023w, Ham039w und Ham041w (Kiendl 2022; Kiendl et al. 2023) konnte ergänzend Ham042m, der außerhalb der regulären Monitoringbeprobung als Totfund genetisch untersucht wurde, als Nachkomme von Ham014w und Ham029m zugeordnet werden (vgl. Anhang 1). Aussagen über die Geburtsorte der Nachkommen oder deren anschließend genutzte Räume lassen sich aus den Verwandtschaftsbeziehungen nicht ableiten. Damit sind für Ham014w jedoch gesicherte Nachkommen mit zwei verschiedenen männlichen Individuen dokumentiert. Die gesicherten Verwandtschaftsbeziehungen sind in Abbildung 4.3 zusammengefasst.

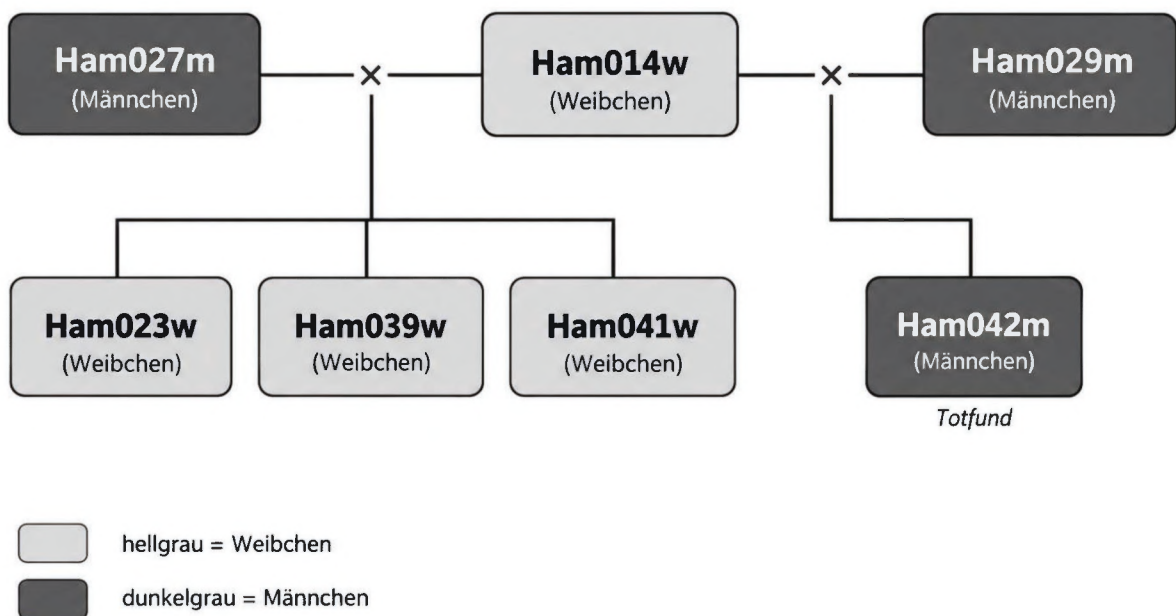


Abbildung 4.3: Gesicherte Verwandtschaftsbeziehungen zwischen den genetisch nachgewiesenen Fischottern Ham014w, Ham027m, Ham029m, Ham023w, Ham039w, Ham041w und Ham042m. Ham042m wurde außerhalb der regulären Monitoringbeprobung als Totfund genetisch untersucht.

Datengrundlage: Kiendl 2022; Kiendl et al. 2023; Anhang 1.

Für mehrere weitere im Untersuchungszeitraum 2025/26 nachgewiesene Individuen ergaben sich mögliche Eltern-Kind-Beziehungen. Diese sind gegenüber den gesicherten Beziehungen weniger stark abgesichert und erlauben zudem keine Aussage darüber, welches der jeweils beteiligten Individuen Elternteil beziehungsweise Nachkomme ist. Sie werden daher nicht für weitergehende familiäre oder räumliche Interpretationen herangezogen (vgl. Anhang 1).

Das populationsgenetische Muster mit überwiegenden Zuordnungen zu norddeutschen und ostniedersächsischen Referenzpopulationen sowie gemischten genetischen Anteilen entspricht weitgehend den bereits 2022/23 beschriebenen Ergebnissen. Konkrete Zuwanderungsrichtun-

gen oder Austauschwege einzelner Tiere lassen sich aus den populationsgenetischen Zuordnungen nicht ableiten (Kiendl et al. 2023; vgl. Anhang 1). Die aktuellen Befunde sprechen jedoch weiterhin gegen ein genetisch isoliertes Hamburger Vorkommen und sind mit einer Lage Hamburgs im Kontaktbereich mehrerer regionaler Fischotterpopulationen vereinbar.

Für Ham054w und Ham060w wurde eine hohe Zuordnungswahrscheinlichkeit zur niederländischen Referenzpopulation ermittelt. Zwischen beiden besteht zudem eine mögliche Eltern-Kind-Beziehung. Daraus lässt sich weder eine unmittelbare Zuwanderung aus den Niederlanden noch eine bestimmte Wanderoute ableiten. Der Befund erweitert jedoch das bislang erkennbare Spektrum populationsgenetischer Beziehungen des Hamburger Fischottervorkommens (vgl. Anhang 1).

Die mitochondrialen Haplotypen ergänzen diese populationsgenetische Einordnung. Im aktuellen Datensatz dominierte Haplotyp X deutlich; Haplotyp 11 wurde erneut nachgewiesen, während der zuvor festgestellte Haplotyp 07/08 nicht erneut erfasst wurde. Aufgrund der geringen Nachweiszahlen der selteneren Haplotypen und der unvollständigen genetischen Erfassung lassen sich daraus derzeit keine belastbaren Aussagen über zeitliche Veränderungen ihrer Häufigkeit ableiten (vgl. Anhang 1).

Insgesamt zeigen die genetischen Daten, dass das Hamburger Fischottervorkommen sowohl räumlich als auch genetisch in überregionale Zusammenhänge eingebunden ist. Mit fortgesetzten genetischen Erfassungen lassen sich individuelle Wiederfunde, Verwandtschaftsbeziehungen und populationsgenetische Veränderungen zunehmend besser einordnen.

4.5. Ergänzende Nachweisdaten und räumliche Einordnung im Umland

Die ergänzenden Nachweisdaten erweitern die räumliche Betrachtung über die 60 Stichprobenorte des projektbezogenen Monitorings hinaus. Für den Zeitraum von September 2021 bis August 2026 liegen sowohl innerhalb Hamburgs als auch in den angrenzenden Bundesländern Schleswig-Holstein und Niedersachsen zahlreiche weitere Fischotternachweise vor. Die Nachweise belegen Fischottervorkommen beiderseits der Hamburger Landesgrenze und verdeutlichen, dass das Stadtgebiet im Zusammenhang mit den angrenzenden Vorkommen betrachtet werden muss.

Besonders für die Einordnung der westlichen Hamburger Stadtbereiche sind die ergänzenden Daten relevant. Bereits 2022/23 wurden erstmals Fischotternachweise nordwestlich und südwestlich von Hamburg und bis in die Nähe der Landesgrenze dokumentiert (Kiendl et al. 2023). Die aktualisierte Datengrundlage zeigt auch für den Zeitraum von September 2021 bis August 2026

Nachweise beiderseits der Landesgrenze. Die im projektbezogenen Monitoring festgestellten Nachweise im westlichen Hamburg stehen damit räumlich nicht isoliert. Abbildung 4.4 zeigt die räumliche Verteilung der ergänzenden Nachweise im Zusammenhang mit den Ergebnissen des projektbezogenen Monitorings.

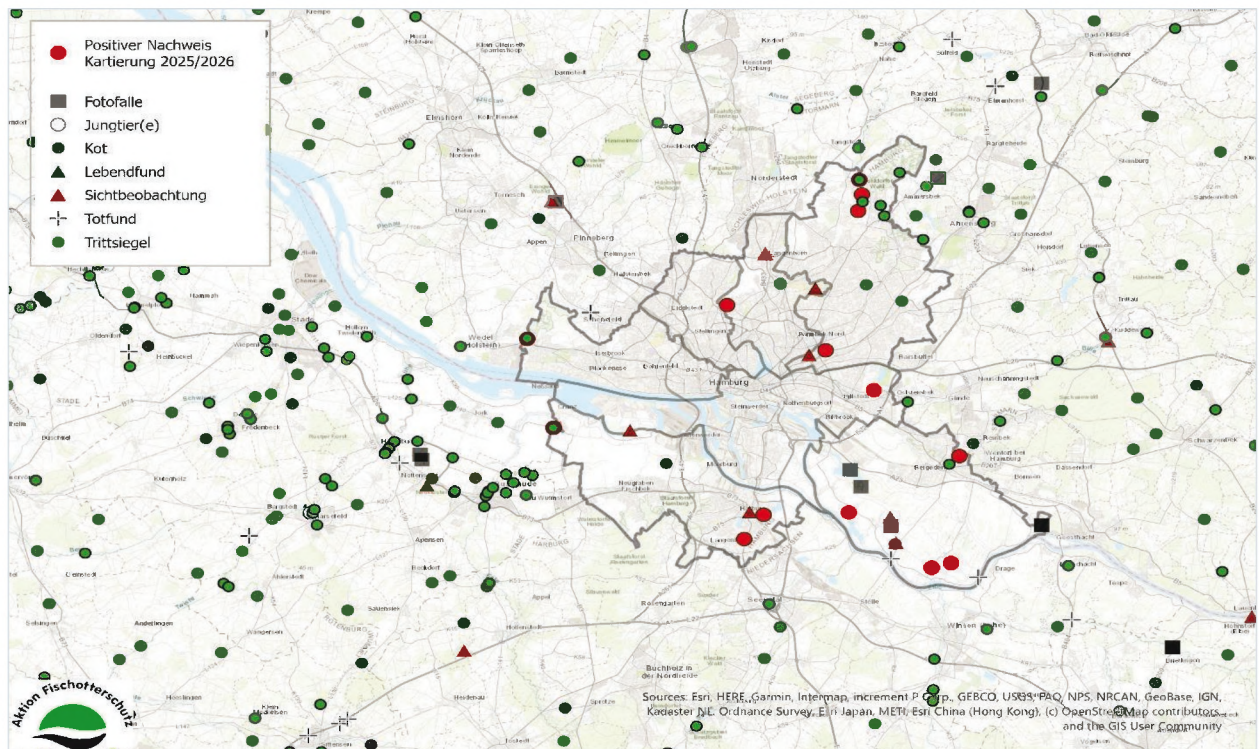


Abbildung 4.4: Räumliche Einordnung der Fischotternachweise aus Hamburg und dem angrenzenden Umland im Zeitraum von September 2021 bis August 2026. Dargestellt sind die positiv bewerteten Stichprobenorte der Kartierung 2025/26 sowie ergänzende Nachweise unterschiedlicher Nachweistypen.

Datengrundlage: ISOS/OTTER-SPOTTER-Datenbank der Aktion Fischotterschutz e. V.; Hamburger Artenkataster; Nachweisdaten aus Schleswig-Holstein; eigene Erhebung 2025/26.

Bei der Interpretation ist die heterogene Entstehung der ergänzenden Nachweisdaten zu berücksichtigen. Ihre räumliche Dichte wird neben dem tatsächlichen Vorkommen auch durch Erfassungsintensität, Meldeaktivität und Nachweiswahrscheinlichkeit beeinflusst. Bereiche mit vielen Meldungen können daher nicht ohne Weiteres als stärker genutzt interpretiert werden und umgekehrt erlaubt eine geringe Nachweisdichte keinen sicheren Rückschluss auf eine geringe Nutzung.

Der überwiegende Teil der dargestellten Nachweise entfällt auf Losung beziehungsweise Trittsiegel, während Sichtbeobachtungen, Fotofallennachweise und Totfunde seltener vertreten sind. Die verschiedenen Nachweistypen ergänzen sich bei der räumlichen Dokumentation des Vorkommens.

Insgesamt ergänzen die zusätzlichen Nachweise das standardisierte Monitoring vor allem bei der räumlichen Einordnung des Hamburger Fischottervorkommens in die angrenzenden Vorkommen Schleswig-Holsteins und Niedersachsens.

5. FAZIT UND EMPFEHLUNGEN

Die Ergebnisse des Untersuchungszeitraums 2025/26 bestätigen eine breite räumliche Verteilung der Fischotternachweise im Hamburger Gewässernetz. An 18 der 60 Stichprobenorte wurden Fischotternachweise erbracht, entsprechend einem Anteil von 30 % und damit dem bislang höchsten Wert innerhalb der seit 2013/14 vorliegenden Zeitreihe. Die langfristige Entwicklung zeigt jedoch Schwankungen zwischen den einzelnen Erfassungszyklen, sodass der aktuelle Höchstwert nicht unmittelbar mit einem entsprechenden Bestandsanstieg gleichgesetzt werden kann.

Die genetischen Untersuchungen ergänzen dieses Bild auf Individuenebene. Insgesamt wurden 24 Fischotter identifiziert, von denen 6 bereits aus früheren Untersuchungen bekannt waren und 18 erstmals genetisch nachgewiesen wurden. Gleichzeitig konnten einzelne Individuen über mehrere Untersuchungszeiträume hinweg erneut identifiziert werden. Die 24 nachgewiesenen Fischotter stellen eine Mindestzahl innerhalb der untersuchten Stichprobe dar und erlauben keine unmittelbare Ableitung der tatsächlichen Bestandsgröße.

Über mehrere Untersuchungszeiträume hinweg konnten zudem familiäre Beziehungen zwischen einzelnen Individuen rekonstruiert werden. Die populationsgenetischen Zuordnungen zeigen überwiegend Bezüge zu norddeutschen und ostniedersächsischen Referenzpopulationen sowie gemischte genetische Anteile. Einzelne Individuen weisen zudem eine hohe Zuordnungswahrscheinlichkeit zur niederländischen Referenzpopulation auf. Die Ergebnisse sprechen damit gegen ein genetisch isoliertes Hamburger Vorkommen und sind mit einer Einbindung in überregionale Fischottervorkommen vereinbar.

Bei der Bewertung der Querungsbereiche wurden an 2 Stichprobenorten Maßnahmen zur Verbesserung der Durchgängigkeit als erforderlich und an 25 weiteren als wünschenswert eingestuft. An 33 Stichprobenorten bestand kein Maßnahmenbedarf. Die Bewertung zeigt zugleich, dass die Brückenform allein keine abschließende Beurteilung eines Querungsbereichs ermöglicht und standortspezifische Bedingungen berücksichtigt werden müssen. Auch die Eignung eines Stichprobenortes für die Nachweissuche ist davon getrennt zu betrachten.

Die ergänzenden Nachweise aus Hamburg und dem angrenzenden Umland zeigen zugleich, dass das Hamburger Fischottervorkommen räumlich im Zusammenhang mit den angrenzenden Vorkommen in Schleswig-Holstein und Niedersachsen betrachtet werden muss.

Für die weitere Beobachtung der Entwicklung wird empfohlen, die hamburgweite Kartierung einschließlich genetischer Beprobung in kürzeren und möglichst regelmäßigen Abständen fortzuführen.

ren. Eine höhere zeitliche Auflösung würde insbesondere die Einordnung von Wiederfunden, Individuendynamik, Verwandtschaftsstrukturen und populationsgenetischen Veränderungen verbessern. Ergänzend sollten die jährlichen ehrenamtlichen Erfassungen sowie Zufallsnachweise, Totfunde und Nachweise aus dem angrenzenden Umland weiterhin berücksichtigt werden. Parallel sollte die fachliche Überprüfung der Stichprobenorte beibehalten werden, um langfristig geeignete und reproduzierbar untersuchbare Suchbereiche zu sichern. Die an den Querungsbereichen als erforderlich eingestuften Maßnahmen sollten prioritär geprüft und nach Möglichkeit umgesetzt werden. Auch die als wünschenswert bewerteten Maßnahmen sollten bei zukünftigen Planungen und baulichen Veränderungen an den betreffenden Querungsbereichen berücksichtigt werden.

Die kontinuierliche Fortführung des Monitorings schafft damit eine zunehmend belastbare Grundlage, um zukünftige Veränderungen des Hamburger Fischottervorkommens sowie seine räumliche und genetische Einbindung langfristig einzuordnen.

LITERATUR

- Borggräfe, K., & Kiendl, A. (2014). *Fischottermonitoringprogramm „Hamburg“*. Unveröffentlichter Bericht, Behörde für Stadtentwicklung und Umwelt Hamburg, Abteilung Naturschutz.
- Borggräfe, K., & Kiendl, A. (2015). *Fischottermonitoringprogramm „Hamburg“*. Unveröffentlichter Bericht, Behörde für Stadtentwicklung und Umwelt Hamburg, Abteilung Naturschutz.
- Borggräfe, K., & Kiendl, A. (2016). *Fischottermonitoringprogramm „Otternetz Hamburg“ 2015/16*. GN-Gruppe Naturschutz GmbH, Hankensbüttel.
- Borggräfe, K., & Kiendl, A. (2017). *Fischottermonitoringprogramm „Hamburg“*. Unveröffentlichter Bericht.
- Piepho, M., Kiendl, A., & Krüger, H.-H. (2018). *Fischottermonitoringprogramm „Otternetz Hamburg“*. *Gesamtbericht*. GN Gruppe Naturschutz, Hankensbüttel.
- Kiendl, A., & Reinhold, V. (2019). *Fischottermonitoringprogramm „Otternetz Hamburg“*. *Bericht 2018–2019*. GN Gruppe Naturschutz, Hankensbüttel.
- Kiendl, A., Reinhold, V., & Buchwald, M. (2020). *Fischottermonitoringprogramm „Otternetz Hamburg“*. *Bericht 2019–2020*. GN Gruppe Naturschutz, Hankensbüttel.
- Kiendl, A. (2021). *Fischottermonitoring-Programm „Otternetz Hamburg“*. *Bericht 2020–2021*. GN-Gruppe Naturschutz GmbH, Hankensbüttel.
- Kiendl, A. (2022). *Fischottermonitoring-Programm „Otternetz Hamburg“*. *Bericht 2021–2022*. GN-Gruppe Naturschutz GmbH, Hankensbüttel.
- Kiendl, A., Parlow, S., & Schmelz, M. (2023). *Fischottermonitoring-Programm „Otternetz Hamburg“*. *Bericht 2022–2023*. GN-Gruppe Naturschutz GmbH, Hankensbüttel.
- Borggräfe, K., & Krekemeyer, A. (2007). Korridorentwicklung für den Fischotter in der Metropolregion Hamburg unter Berücksichtigung der Barrierewirkung von Verkehrsstrassen. In *Grünbrücken für den Biotopverbund. Schriftenreihe des Landesjagdverbandes Bayern e. V.*, 14, 57–68.
- Durbin, L. S. (1996). Individual differences in spatial utilization of a river-system by otters *Lutra lutra*. *Acta Theriologica*, 41(2), 137–147.
- Honnen, A.-C., Petersen, B., Kaßler, L., Elmeros, M., Roos, A., Sommer, R. S., & Zachos, F. E. (2011). Genetic structure of Eurasian otter (*Lutra lutra*, Carnivora: Mustelidae) populations from the western Baltic sea region and its implications for the recolonization of north-western Germany. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 49(2), 169–175.
- Kalz, B., Jewgenow, K., & Fickel, J. (2006). Structure of an otter (*Lutra lutra*) population in Germany: results of DNA and hormone analyses from faecal samples. *Mammalian Biology*, 71(6), 321–335.
- Lampa, S., Mihoub, J.-B., Gruber, B., Klenke, R., & Henle, K. (2015). Non-invasive genetic mark-recapture as a means to study population sizes and marking behaviour of the elusive Eurasian otter (*Lutra lutra*). *PLoS ONE*, 10(5), e0125684.
- Philcox, C. K., Grogan, A. L., & Macdonald, D. W. (1999). Patterns of otter *Lutra lutra* road mortality in Britain. *Journal of Applied Ecology*, 36(5), 748–761.

- Reuther, C., Dolch, D., Green, R., Jahrl, J., Jefferies, D., Krekemeyer, A., Kucerova, M., Madsen, A. B., Romanowski, J., Roche, K., Ruiz-Olmo, J., Teubner, J., & Trindade, A. (2000). Surveying and monitoring distribution and population trends of the Eurasian otter (*Lutra lutra*): guidelines and evaluation of the standard method for surveys as recommended by the European section of the IUCN/SSC Otter Specialist Group. *Habitat*, 12.
- Weinberger, I., & Baumgartner, H. (2018). *Der Fischotter: ein heimlicher Jäger kehrt zurück* (1. Auflage). Haupt Verlag.
- Weinberger, I. C., Muff, S., de Jongh, A., Kranz, A., & Bontadina, F. (2016). Flexible habitat selection paves the way for a recovery of otter populations in the European Alps. *Biological Conservation*, 199, 88–95.

ANHÄNGE

- Anhang 1:** Kurzbericht zur genetischen Analyse der im Jahr 2026 gesammelten Fischotterproben aus Hamburg
- Anhang 2:** Meldebögen der Stichprobenorte im Untersuchungszeitraum 2025/26
- Anhang 3:** Ergänzende Fischotternachweise aus Hamburg und dem angrenzenden Umland im Zeitraum von September 2021 bis August 2026

Bildhinweis Titelbild

Stichprobenort mit zwei Rohrdurchlässen des Typs E im Hintergrund und ein rund 600 m entfernt gelegener Querungsbereich mit zwei Bermen des Typs B im Vordergrund. Die Aufnahme veranschaulicht beispielhaft unterschiedliche Querungsstrukturen, die im Rahmen des Monitorings hinsichtlich ihrer Eignung und Durchgängigkeit für den Fischotter untersucht und bewertet werden.

Foto: Aktion Fischotterschutz e. V. / Susann Parlow