



GENETISCHES WILDKATZEN- MONITORING

... im Nationalpark Hunsrück-Hochwald

12

Im Nationalpark Hunsrück-Hochwald wurde in den Jahren 2017 und 2018 ein Wildkatzenmonitoring mittels der Lockstockmethode durchgeführt. In beiden Jahren wurden auf der Nationalparkfläche (10.000 ha) 264 Lockstöcke aufgebaut. Die Lockstöcke wurden von Januar bis in den April hinein kontrolliert. In den beiden Jahren konnten insgesamt 966 Haarproben gewonnen werden. Im ersten Untersuchungsjahr waren 259 der 346 untersuchten Haarproben im Labor auswertbar. Mit der Haplotypen- und Mikrosatellitenanalyse wurden 102 unterschiedliche Individuen nachgewiesen, von denen 99 sicher als Wildkatzen identifiziert wurden. Es konnten 68 Kuder und 32 Katzen identifiziert werden. Die mit Hilfe eines spatially explicit capture-recapture-Ansatzes geschätzte Dichte betrug 0,26 (0,18-0,38) weibliche und 0,39 (0,30-0,51) männliche Wildkatzen pro km². Im zweiten Untersuchungsjahr konnten 212 der 329 untersuchten Haarproben im Labor analysiert werden. Durch die Haplotypen- und Mikrosatellitenanalyse wurden 97 unterschiedliche Individuen sicher als Wildkatze nachgewiesen, davon 57 Kuder und 35 Katzen (sowie fünf Tiere, bei denen der Geschlechtsmarker nicht auswertbar war). Die Dichteschätzung konnte nur für die Kuder erfolgen, da von den weiblichen Katzen zu wenig Erfassungsdaten für eine valide Schätzung mittels spatially explicit capture-recapture-Ansatz (SECR) vorlagen. Die geschätzte Dichte der Kuder beträgt 0,36 (0,28-0,48) Tiere pro km². Auffällig ist, dass in beiden Untersuchungsjahren deutlich mehr Kuder erfasst wurden. Dieses Phänomen wird meist mit der höheren Aktivität der Kuder während der Paarungszeit und ihrer größeren Affinität zum Baldrian erklärt. Um zu klären, ob die Größe von Wildkatzenpopulationen mittels Lockstockerfassung zuverlässig geschätzt werden kann, sollte daher der Einfluss der unterschiedlichen Erfassung der beiden Geschlechter in zukünftigen Studien näher untersucht werden. Die Ergebnisse aus beiden Erfassungsjahren zeigen unabhängig hiervon, dass es im und um den Nationalpark Hunsrück-Hochwald eine stabile Wildkatzenpopulation gibt.

Einleitung

Die Europäische Wildkatze (*Felis silvestris silvestris*) war bis Mitte des 20. Jahrhunderts in Deutschland weitestgehend verschwunden. Durch Jagd, Zerschneidung des Lebensraumes und Intensivierung der Landnutzung sind ihre Bestände immer weiter gesunken. Sie gehört gemäß § 7 des Bundesnaturschutzgesetzes (BNatSchG) sowie dem Anhang IV der Fauna-Flora-Habitat-(FFH)-Richtlinie zu den streng geschützten Arten (Simon 2015). Rheinland-Pfalz gehört zu den Gebieten, in denen es noch unzerschnittene und ausgedehnte Lebensräume für die Wildkatze gibt. Daher ist es wichtig, den günstigen Erhal-

tungszustand der Art innerhalb der lokalen Populationen des Landes sicherzustellen bzw. wiederherzustellen. Die Kernlebensräume, vorwiegend Waldgebiete, sind für die Population von herausragender Bedeutung (Simon 2015). Der Schutz und die Erhaltung des Lebensraumes sind wichtig, allerdings ist das Wissen über den Ist-Zustand essentiell für Managementmaßnahmen. Wildkatzen leben sehr versteckt und sind vorwiegend dämmerungs- und nachtaktiv (Hupe und Simon 2007). Um dennoch einen Überblick über das Vorkommen zu erlangen, wird ein nicht-invasives genetisches Monitoring von Wildkatzen mittlerweile verbreitet angewendet (Steyer et al. 2016). Im Nationalpark Hunsrück-Hochwald wurde im Jahr 2017

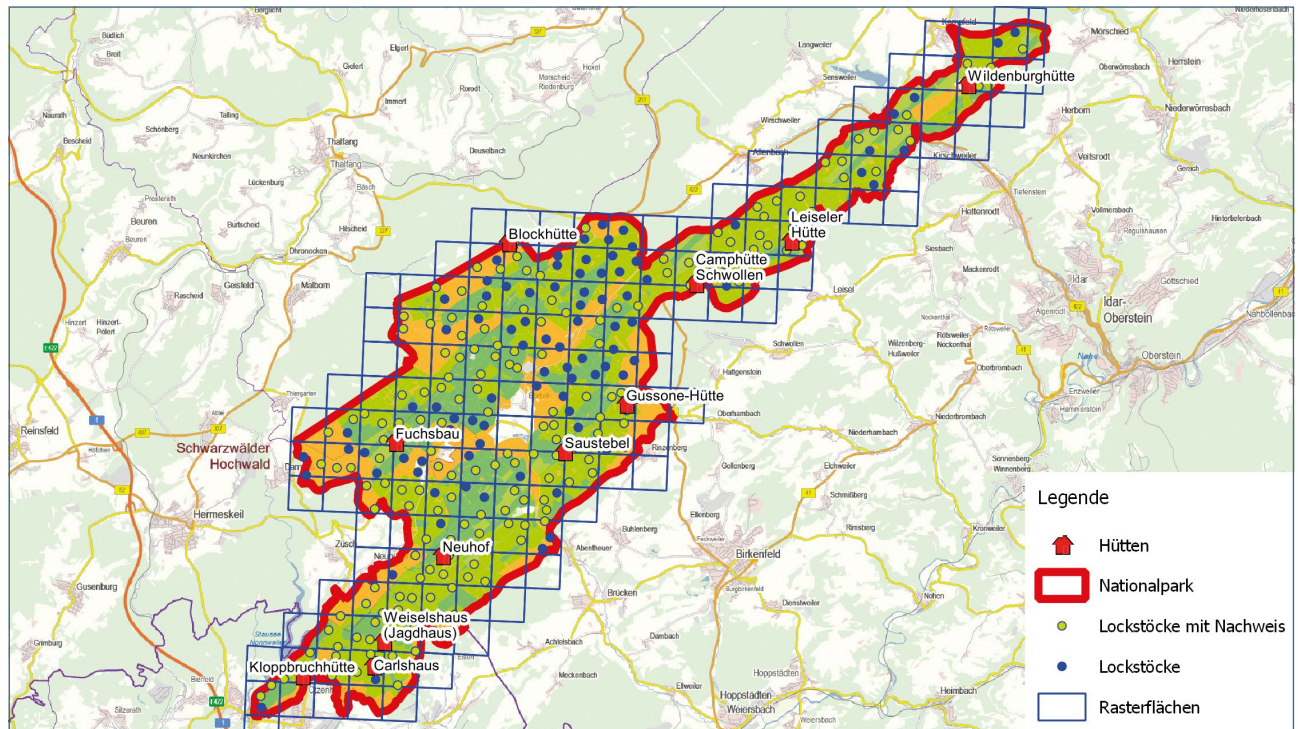


Abbildung 1: Übersicht der Lockstöcke mit und ohne Haarfunde 2017

ein solches Monitoring durchgeführt. Erstes Ziel war es, die Präsenz der Wildkatzen in und um den Nationalpark nachzuweisen; in der vorliegenden Studie wurde zusätzlich untersucht, ob die Daten zu einer Bestandesdichteschätzung genutzt werden können.

Das Untersuchungsgebiet erstreckt sich über den gesamten Nationalpark Hunsrück-Hochwald (100 km², siehe Abb. 1). Ein Raster mit 1 km² großen Quadraten wurde über die Fläche gelegt und in jedem Quadrat wurden 3 Lockstöcke aufgestellt. Mit Baldrian (*Valeriana officinalis*) besprühte Dachlatten dienten als Lockstöcke (Hupe und Simon 2007). Die Kontrolle der Lockstöcke erfolgte zwischen Anfang Januar und Mitte April 2017/2018 in einem 10-tägigen Rhythmus. Wenn Haare an den Lockstöcken zu finden waren, wurden diese mit einer Pinzette in ein Filterpapier gelegt und in einer kleinen Plastiktüte verwahrt. Aus den Haarproben wurde im Labor mit Hilfe des QiaAmp DNA Micro-Kit von Qiagen (Hilden, Deutschland) DNA extrahiert. Zur Haplotypenanalyse wurden zwei Abschnitte mit insgesamt 416 Basenpaaren aus der mitochondrialen Kontrollregion sequenziert. Hierzu wurden die Primerpaare LF4 + H16498 sowie L15926 + Hf3 verwendet (Kocher et al. 1989; Steyer et al. 2013). Die Sequenzen wurden im Anschluss mit einem Referenzdatensatz bestehend aus 26 Wildkatzen- und 23 Hauskatzensequenzen verglichen.

Um die Proben individuell zuordnen und jeweils auch das Geschlecht bestimmen zu können sowie zum

Berechnen der Populationsstruktur (Zuordnung Wildkatze – Hauskatze), wurde eine Mikrosatellitenanalyse durchgeführt. Das hierfür verwendete Set von 14 Markern orientiert sich an dem in Hartmann et al. (2013) vorgestellten Set. Alle Analysen wurden in 2 bis 4 Wiederholungen durchgeführt, um das Risiko einer Fehlzuzuordnung von Genotypen durch Genotypisierungsfehler (Allel-Ausfälle oder Falschallele) zu minimieren. Proben, bei denen mehr als drei Marker komplett ausgefallen waren oder deren Ergebnisse keine eindeutige Zuordnung ermöglichten, wurden aus dem Datensatz entfernt. Die Genotypen wurden dann mit Hilfe der Software GENE-



Abbildung 2: Wildkatze an Lockstock

CAP (Wilberg und Dreher 2004) miteinander verglichen und die so genannten „Matches“ bestimmt, d. h. gleiche Genotypen verschiedener Proben, die zum gleichen Individuum gehören. Bei der Suche nach „Matches“ wurden alle Probenpaare, die sich nur an einem oder an zwei Allelen unterschieden, nochmals untersucht (zunächst durch direktes Vergleichen der Rohdaten jeweils aller Wiederholungen; im Falle bestehender Unsicherheiten ggf. durch wiederholte Analyse). Die Genotypen aller auf diese Weise erfassten Individuen wurden dann mit Hilfe des Programms STRUCTURE (Pritchard et al. 2000) mit Referenzgenotypen von 92 Hauskatzen und 71 morphometrisch bestätigten Wildkatzen verglichen. Hierbei wurden folgende Settings verwendet: $K = 2 - 5$ in jeweils zwei Wiederholungen, admixture-Modell mit korrelierten Allelfrequenzen, Vorlaufphase (burn-in) von 50.000 MCMC-Schritten, gefolgt von 100.000 MCMC-Wiederholungen.

Die Wildkatzendichte wurde mit einem räumlich expliziten Fang-Wiederfang-Ansatz (spatially explicit capture-recapture, SECR) geschätzt (Efford 2004). Hierbei wird neben der individuellen Zuordnung der Proben auch die räumliche Information (d. h. die Koordinaten des Fundorts einer jeden Probe von einem bestimmten Tier) mit in den Schätzprozess einbezogen, um eine direkte Herleitung der Bezugsfläche zu ermöglichen. Für die SECR-Schätzung wurde das R-Paket secr 3.1.6. (Efford 2018) verwendet. Die Dichte wurde für beide Geschlechter jeweils getrennt berechnet. Es wurden für die Dichteschätzung jeweils folgende Modellspezifikationen verwendet: Detektionsfunktion: hazard rate, Modell $g_0 \sim 1$, Puffer 2000 Meter (Katzen) bzw. 3600 Meter (Kuder). Zusätzlich wurde für die Proben von mehrfach erfassten Individuen die mittlere maximale Wiederfangentfernung (mean maximum distance moved) berechnet.

Ergebnisse

In 2017 konnten von den 346 Haarproben 259 mit einer mitochondrialen Sequenz sowie einem genetischen Fingerabdruck erfolgreich analysiert werden. Diese Proben stammten laut Mikrosatelliten von 102 verschiedenen Individuen, von denen 68 als männlich und 32 als weiblich identifiziert wurden (bei zwei weiteren



DIE AUTORINNEN

Anja Schneider hat Waldwirtschaft & Umwelt in Freiburg studiert und arbeitet seit Gründung des Natio-

nalparks Hunsrück-Hochwald in der Abteilung 3: Forschung, Biotop-, Wildtiermanagement. Sie ist seit 2015 für das Wildtiermonitoring zuständig.

Dr. Cornelia Ebert hat in Kaiserslautern Biologie studiert und ist aktuell wissenschaftliche Mitarbeiterin der Albert-Ludwigs-Universität Freiburg (Forstzoologisches Institut, Arbeitsbereich Wildtierökologie und Wildtiermanagement).

Annina Prüssing hat Wildtierökologie und Wildtiermanagement in Wien studiert und ist seit Oktober 2017 im Nationalparkamt Hunsrück-Hochwald in der Abteilung 3: Forschung, Biotop-, Wildtiermanagement tätig. Seit Mai 2020 ist sie für das Wildtiermanagement zuständig.

Individuen war der Geschlechtsmarker nicht auswertbar). Von diesen 102 Individuen konnten 99 sicher als Wildkatzen zugeordnet werden. Bei drei Individuen deutet sich eine noch nicht allzu lange zurückliegende Hauskatzen-Einkreuzung an, davon ist aber bei einem Tier der Fingerabdruck unvollständig, so dass in diesem Fall keine definitive Aussage gemacht werden kann. Die verschiedenen Katzen wurden zwischen einem und sechs Mal erfasst, die Kuder zwischen einem und 13 Mal (Abbildung 2). Hierbei lag die mittlere maximale Entfernung zwischen zwei Proben vom selben Individuum für Katzen bei 1.248 Metern, für Kuder hingegen bei 2.619 Metern. Die mittels SECR geschätzte Wildkatzendichte beträgt 0,26 (0,18-0,38) weibliche und 0,39 (0,30-0,51) männliche Wildkatzen pro km² im Untersuchungsgebiet.

In 2018 konnten 212 der 329 untersuchten Haarproben im Labor analysiert werden. Durch die Haplotypen- und Mikrosatellitenanalyse wurden 97 unterschiedliche

Jahr	ausgewertete Haarproben	Individuen	sicher Wildkatze	Katzen	Kuder	Geschlecht unbekannt	Katzen/Kuder in beiden Jahren erfasst
2017	259	102	99	32	68	2	-
2018	212	97	97	35	57	5	25/16

Abbildung 3: Übersicht der Ergebnisse aus den Jahren 2017 und 2018

Individuen sicher als Wildkatze nachgewiesen, davon 57 Kuder und 35 Katzen, sowie fünf Tiere, bei denen der Geschlechtsmarker nicht ausgewertet werden konnte. Die Dichteschätzung konnte nur für die Kuder erfolgen, da von den weiblichen Katzen zu wenig Erfassungsdaten für eine valide Schätzung mittels spatially explicit capture-recapture-Ansatz (SECR) vorlagen.

Die geschätzte Dichte der Kuder beträgt 0,36 (0,28–0,48) Tiere pro km². Die verschiedenen Katzen wurden zwischen einem und 10 Mal erfasst. Die Kuder zwischen einem und 19 Mal. Hierbei lag die mittlere maximale Entfernung zwischen zwei Proben desselben Individuums für Katzen bei 909 Metern und für Kuder hingegen bei 1.664 Metern.

Im Gegensatz zum Monitoringjahr 2017 hat sich die mittlere maximale Entfernung zwischen zwei Proben desselben Tieres verringert. Ein Vergleich mit den Genotypen der im Rahmen des Monitorings im Vorjahr 2017 erfassten 102 Individuen zeigt, dass 41 der in 2018 genetisch erfassten Individuen bereits 2017 im Lockstockmonitoring vertreten waren. Davon 25 Kuder und 16 Katzen.

Diskussion

Insgesamt deuten die Ergebnisse des Monitorings 2018 – angesichts der vergleichsweise großen Zahl von 97 nachgewiesenen Individuen – wie auch im Vorjahr 2017 darauf hin, dass im und um den Nationalpark Hunsrück-Hochwald eine stabile Wildkatzenpopulation lebt. Weiterhin bestätigen sich die Ergebnisse der Untersuchung von 2017, indem eine sehr ähnliche Anzahl Wildkatzen erfasst wurde. Im Vergleich zu 2017 war der Anteil der auswertbaren Proben im Jahr 2018 etwas geringer. Dies ist sehr wahrscheinlich darauf zurückzuführen, dass die einzelnen Proben in 2018 durchschnittlich aus deutlich weniger Haaren bestanden als in 2017. Auffällig an den Ergebnissen des genetischen Monitorings im Nationalpark Hunsrück-Hochwald ist, dass in beiden Untersuchungsjahren, und zwar in einem sehr ähnlichen Verhältnis, deutlich mehr Kuder erfasst wurden als Katzen. Ähnliches wurde bereits in mehreren anderen Studien festgestellt (siehe z. B. Tiesmeyer et al. 2018). Dieses Phänomen wird meist mit der höheren Aktivität der Kuder während der Paarungszeit und ihrer Affinität zum

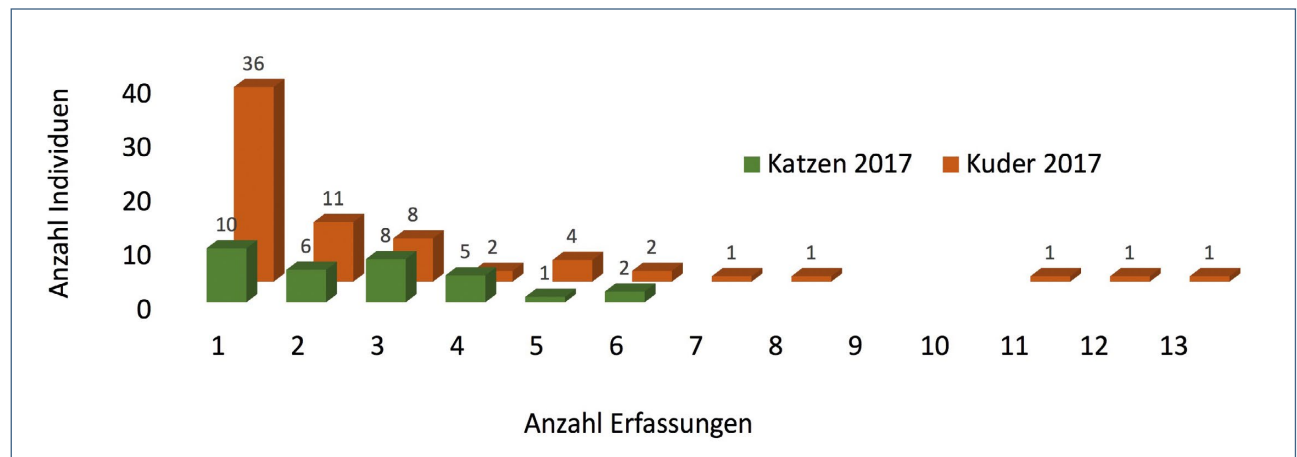


Abbildung 4: Anzahl der Erfassungen pro Wildkatze aus 2017

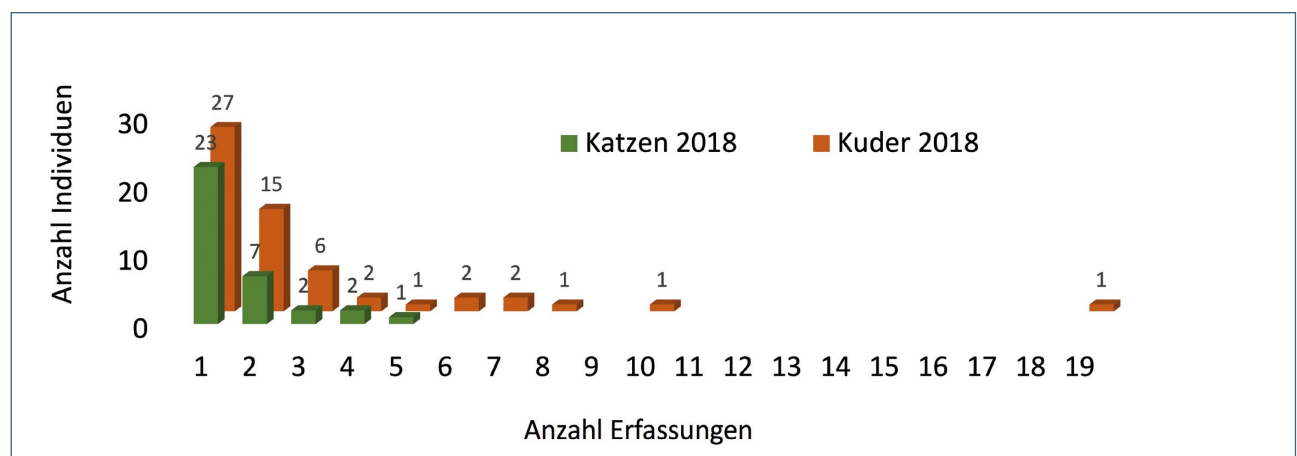


Abbildung 5: Anzahl der Erfassungen pro Wildkatze aus 2018



IM ÜBERBLICK

- > 2017 und 2018 wurde ein Wildkatzenmonitoring mittels der Lockstockmethode durchgeführt
- > Haarproben der scheuen Wildkatzen nicht-invasiv gesammelt und genetisch analysiert
- > stabile Wildkatzenpopulation im & um den NLPHH
- > 2017 konnten 68 Kuder und 32 Katzen identifiziert werden
- > 2018 konnten 57 Kuder und 35 Katzen identifiziert werden

Baldrian erklärt, da der Baldrian auf die Wildkatzen wie ein Sexualpheromon wirkt. Grundsätzlich scheint es saisonale, regionale und auch individuelle Unterschiede zu geben, ob und wie stark Baldrian auf Katzen wirkt (Anile et al. 2012). Das Lockstockmonitoring spiegelt methodisch bedingt die Bestandessituation während der Ranzzeit wider. Hierbei ist es aber möglich, dass sich die Tiere außerhalb der Ranzzeit anders im Gebiet verteilen. So deutet sich z. B. in Telemetriestudien an, dass die Reviere der Kuder außerhalb der Ranzzeit kleiner sind (Götz et al. 2018). Insgesamt wurden im Jahr 2018 weniger als die Hälfte (44 %) der erfassten Katzen mehr als einmal beprobt. Dies ist etwas weniger als in 2017 (54 %). Dies deutet zunächst darauf hin, dass ein im Vergleich zum Vorjahr etwas geringerer Anteil der ansässigen Population durch Haarproben repräsentiert ist. Bei Betrachtung der Erfassungshäufigkeiten fällt auf, dass die Kuder sehr häufig erfasst wurden (7-19 Mal). Dies konnte 2017 ebenfalls beobachtet werden und deutet auf die größere räumliche Aktivität der Kuder während der Ranzzeit hin. Im Gegensatz zu 2017 war aber im Rahmen des Monitorings 2018 der Bestand an weiblichen Wildkatzen, obwohl insgesamt eine ähnliche Anzahl Individuen erfasst wurde, weniger stark in der Stichprobe repräsentiert. Dies wird erkennbar durch den deutlich geringeren Anteil mehr als einmal erfasster weiblicher Wildkatzen (2018: 34 % im Vergleich zu 69 % in 2017). Möglicherweise ist die Ursache hierfür die insgesamt etwas geringere Stichprobe, bedingt durch eine etwas geringere Probenanzahl in Kombination mit dem etwas geringeren Anteil auswertbarer Proben. Allerdings sollte dies beide Geschlechter gleichermaßen betreffen und ist somit wahrscheinlich nicht die alleinige Erklärung für die geringere Erfassung der weiblichen Katzen in 2018. Generell

ist davon auszugehen, dass bei dem Lockstockmonitoring, welches sich auf die Nationalparkfläche beschränkte, auch im Jahr 2018 Individuen aus einem größeren, über die Nationalparkgrenzen hinausgehenden Einzugsgebiet erfasst wurden. Hierfür spricht zum einen – trotz der insgesamt besonders bei den weiblichen Katzen etwas geringeren Erfassung – die ähnlich wie im Vorjahr große Anzahl erfasster Individuen. Zum anderen deuten die aus den Erfassungsdaten berechnete mittlere Wiederfangentfernung (Kuder: 1.664 m, Katzen: 909 m) und die Tatsache, dass sich auch außerhalb des Nationalparks geeignetes Wildkatzenhabitat befindet, ebenfalls darauf hin. Es fällt hierbei auf, dass die mittlere Wiederfangentfernung im Jahr 2018 bei beiden Geschlechtern geringer war als im Vorjahr, wobei der Unterschied zwischen den Geschlechtern bestehen bleibt.

Die Ergebnisse deuten insgesamt 2018 wie 2017 darauf hin, dass es einen geschlechterabhängigen Bias in der Erfassung der Wildkatzen gibt. Wieder wurden männliche Tiere sehr wahrscheinlich aus einem größeren Erfassungsgebiet erfasst als weibliche, so dass die lokale Dichte der Kuder unter Umständen überschätzt ist. In Bezug auf die Dichteschätzung wird die Voraussetzung einer möglichst geschlossenen Population – d. h. keine Geburten und Todesfälle sowie keine Ein- und Auswanderung – bei den Kudern zumindest während der Ranzzeit verletzt. Im Vergleich zu den klassischen geschlossenen Fang-Wiederfang-Modellen hat der SECR-Ansatz den Vorteil, dass er deutlich besser das tatsächliche räumliche Verhalten der untersuchten Tierpopulation widerspiegelt und dies in die Dichteschätzung mit einbezieht. Damit sind die SECR-Dichteschätzungen vergleichsweise robust gegenüber Raumbewegungen der Tiere (Royle et al. 2015). Trotzdem kann es auch bei SECR zu Verzerrungen der Schätzungen kommen, wenn Tiere aus dem Untersuchungsgebiet ein- und wieder auswandern, was bei den Kudern zur Ranzzeit der Fall ist. Im Vergleich zu 2017 ist die für 2018 geschätzte Dichte der Kuder sehr ähnlich: 0,36 (0,28-0,48) männliche Wildkatzen pro km² in 2018 im Vergleich zu 0,39 (0,30-0,51) in 2017. Die Erfassung des weiblichen Bestandes war im Jahr 2018 deutlich geringer als im Vorjahr, so dass auf eine Bestandesdichteschätzung mangels solider Datengrundlage verzichtet wurde. Generell ist die Erfassung von mehr Kudern als Katzen ein Phänomen, das so auch bei anderen lockstockbasierten Wildkatzenstudien beobachtet wurde. Dies ist besonders wichtig, wenn die Erfassungsdaten zur Schätzung einer Bestandesdichte genutzt werden sollen. Um zu klären, ob die Größe von Wildkatzenpopulationen mittels Lockstockerfassung zuverlässig geschätzt werden kann, sollte daher der Einfluss der unterschiedlichen Erfassung der beiden Geschlechter in zukünftigen Studien näher untersucht werden.

Quellen

- Anile S, Arrabito C, Mazzamuto MV, et al (2012):** A non-invasive monitoring on European wildcat (*Felis silvestris silvestris* Schreber, 1777) in Sicily using hair trapping and camera trapping: Does scented lure work? *Hystrix* 23:45-50
- Efford M (2004) Density estimation in live-trapping studies. *Oikos* 106:598–610
- Efford M (2018) secr - spatially explicit capture – recapture in R. Univ. Otago 1–16
- Götz M, Jerosch S, Simon O, Streif S (2018):** Raumnutzung und Habitatansprüche der Wildkatze in Deutschland. *Natur und Landschaft* 4:161–169
- Hartmann SA, Steyer K, Kraus RHS, et al (2013):** Potential barriers to gene flow in the endangered European wildcat (*Felis silvestris*). *Conserv Genet* 14:413–426
- Huße K, Simon O (2007):** Beiträge zur Situation der Wildkatze in Niedersachsen II. *Inf des Naturschutz Niedersachsens* 27:66–69
- Kocher TD, Thomas WK, Meyer A, et al (1989):** Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals: amplification and sequencing with conserved primers. *Proc Natl Acad Sci* 86:6196–6200
- Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000):** Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155:945–959
- Simon O (2015):** Fördermaßnahmen für Wildkatzen im Wald. Geeignete Maßnahmen im Wald zur Förderung und Sicherung der Lebensräume der Europäischen Wildkatze. *Inst für Tierökologie und Naturbildung* 1–23
- Steyer K, Kraus RHS, Mölich T, Anders O, Cocchiararo B, Frosch C, Geib A, Götz M, Herrmann M, Huße K, Kohnen A, Krüger M, Müller F, Pir JB, Reiners TE, Roch S, Schade U, Schiefenhövel P, Siemund M, Simon O, Steeb S, Streif S, Streit B, Thein J, Tiesmeyer A, Trinzen M, Vogel B, Nowak K (2016):** Large-scale genetic census of an elusive carnivore, the European wildcat (*Felis s. silvestris*). *Conserv Genet* 17:1183–1199
- Steyer K, Simon O, Kraus RHS, et al (2013):** Hair trapping with valerian-treated lure sticks as a tool for genetic wildcat monitoring in low-density habitats. *Eur J Wildl Res* 59:39–46.
- Tiesmeyer A, Steyer K, Kohnen A, et al (2018):** Hybridisierung, genetische Vielfalt und Populationsabgrenzung der Wildkatze in Deutschland. *Natur und Landschaft* 4:153–160
- Wilberg MJ, Dreher BP (2004):** GENEAP: A program for analysis of multilocus genotype data for non-invasive sampling and capture-recapture population estimation. *Mol Ecol Notes* 4:783–785

