

Dichtegradienten der Wildkatze in einem heterogenen Wald-Offenland-Lebensraum

Peters, W. & Edelhoff, H., Ebert, C², Heither, H.³, Bischof, R.⁴

Bayerische Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft, Stabstelle Wildbiologie und Wildtiermanagement¹, Seq-IT GmbH & Co.KG², Landratsamt Bad Tölz³, Norwegian University of Life Sciences, Høgskoleveien, Faculty of Environmental Management and Natural Resource Management⁴

Einleitung

Der Bestand der Wildkatze (*Felis silvestris*) hat sich in Bayern in den letzten Jahrzehnten zunehmend stabilisiert. Aufgrund ihres Schutzstatus (z. B. Anhang IV gemäß FFH-Richtlinie & Kategorie 2 gemäß Rote Liste Bayern 2017) soll ihre Verbreitung trotzdem auch weiterhin beobachtet und die Bestandsentwicklung gefördert werden. Einige neuere Studien haben aufgezeigt, dass sich Wildkatzenvorkommen nicht nur auf geschlossene Waldkomplexe konzentrieren, sondern die Tiere auch strukturreiche Habitats außerhalb von Wäldern in unserer Kulturlandschaft stärker als bisher angenommen nutzen (Jerosch et al., 2018). Genaue Daten bezüglich der Raumnutzung und über lokale Populationsgrößen über verschiedene Lebensräume der Kulturlandschaft hinweg stellen also wichtige Informationen für den langfristigen Erhalt dieser Tierart dar. Solche Daten können für scheue Wildarten wie die Wildkatze zum Beispiel über die Genotypisierung von Haarproben gewonnen werden. Die Zielsetzung der hier vorgestellten Studie umfasste unter anderem die Erfassung und Evaluierung der Nutzung des Offenlandes durch die Wildkatze in Bayern. Darüber hinaus wurde erstmals auch die Dichte beider Geschlechter in den Untersuchungslandkreisen ermittelt.

Material und Methoden

Von Januar bis April 2020 wurden Haarproben in einem 50.000 ha großen Projektgebiet in den Haßbergen gewonnen. Das Projektgebiet wurde in 100 Raster mit jeweils 500 ha Größe unterteilt und in jedem Raster jeweils drei Lockstöcke (n = 300) aufgestellt. Die Stöcke wurden mit dem Lockstoff Baldrian-Essenz versehen. Die Kontrollen erfolgten im wöchentlichen Turnus. Im Labor wurden die gewonnenen Haarproben auf Artzugehörigkeit getestet. Weiterhin wurde über eine Mikrosatellitenanalyse eine Individualisierung und Geschlechtsbestimmung vorgenommen. Hierfür wurde ein Set von 14 bereits etablierten Markern verwendet (Steyer et al., 2016) und ein weiterer Marker für die Geschlechtsbestimmung analysiert (Pilgrim et al., 2005). Die statistische Auswertung erfolgte mit der räumlichen Fang-Wiederfang-Methode („spatial capture-recapture“, SCR; Royle et al., 2013). Diese Auswertung basiert auf der Informationsgrundlage, wie häufig und an welchen Standorten einzelne Individuen mehrfach über die Haargenotypisierung erfasst wurden. Das Bayerische SCR-Modell besteht aus zwei hierarchischen Ebenen, die zum einen die Verteilung der Aktivitätszentren (AZ) einzelner Individuen modelliert (ökologischer Prozess) und dabei die unterschiedliche Detektionswahrscheinlichkeit in Abhängigkeit von der Verteilung der Lockstöcke und ihrer Kontrollfrequenz berücksichtigt

(Detektionsprozess). Um die Nutzung von Wald im Vergleich zum Offenland durch die Wildkatze darzustellen, wurde je Geschlecht die Anzahl an AZ innerhalb der beiden Landschaftsräume basierend auf Modellergebnissen berechnet. Hierzu wurden Wald und Offenland nach einem Landbedeckungsmodell der ESA klassifiziert (Zanaga et al. 2022).

Ergebnisse

Die 300 Lockstöcke wurden im Durchschnitt acht Mal kontrolliert (Min = 3, Max = 11), wobei an 135 Lockstöcken Tierhaare festgestellt wurden. Durch die Laboranalysen wurden 73 Wildkatzenindividuen (44 Kuder, 28 Katzen, ein Individuum unbekanntes Geschlechts) ermittelt. Die Wiederfangrate lag im Mittel bei 1,99 (1 bis max. 10 Wiederfänge). Für das Untersuchungsgebiet wurden mittels des SCR-Modells insgesamt 83 Wildkatzen (CI = 70-98) geschätzt, wovon 34 Katzen (CI = 28-44) und 48 Kuder (CI = 39-61) waren. Das entspricht einer Dichte (D) von 0,16 Individuen / 100ha (CI = 0,14 - 0,19; DKatzen = 0,07 [CI = 0,06-0,09]; DKuder = 0,10 [CI = 0,08-0,12]). Die Katzen hielten sich mit einer Dichte von 0,11 / 100 ha im Wald versus 0,04 / 100 ha im Offenland deutlich mehr im Wald auf als die Kuder. Bei den Kudern lag die Durchschnittsdichte im Wald bei 0,11 / 100 ha versus 0,09 / 100 ha im Offenland.

Diskussion

Die Ergebnisse der geschätzten lokalen Dichten weisen darauf hin, dass in den bayerischen Haßbergen eine individuenreiche Wildkatzenpopulation vorliegt. Zumindest für die Kuder konnten wir auch neuere Studien bestätigen, die aufgezeigt haben, dass bisher für diese Art als suboptimal eingeschätzte Lebensräume des Offenlands durchaus genutzt werden (Jerosch et al., 2018). Dies steht wahrscheinlich primär mit der Verfügbarkeit wichtiger Ressourcen im Zusammenhang. Gerade zur Ranzzeit ist dies bei den Kudern die Verfügbarkeit von potenziellen Partnerinnen, die dafür auch einen höheren Anteil an weniger geeignetem Lebensraum tolerieren, um so viele Streifgebiete von Weibchen wie möglich zu kontrollieren (Biró et al., 2004). Grundsätzlich spiegelt das Lockstockmonitoring methodisch bedingt die Bestandssituation während der Ranzzeit wider und es ist möglich, dass sich die Tiere im restlichen Jahresverlauf anders im Gebiet verteilen. Letztlich unterstreichen die Ergebnisse die Eignung der Lockstockmethode für das Wildkatzenmonitoring, da innerhalb einer kurzen Saison eine hohe Anzahl an Proben gesammelt und erfolgreich genotypisiert werden konnte.

Danksagung

Herzlicher Dank gebührt den zahlreichen freiwilligen Lockstockbetreuenden, welche unter der professionellen Anleitung von Jürgen Thein sehr zum Gelingen des Projektes beigetragen haben. Zudem danken wir dem BaySF-Forstbetrieb Bad Königshofen, dem AELF Bad Neustadt a. d. Saale und den Mitarbeitenden der Landratsämter Rhön-Grabfeld, Schweinfurt und Haßberge für die Unterstützung. Bei der Planung und Durchführung des Projektes war die Hilfe von Hannah Heitner unerlässlich und bei den statistischen Auswertungen war die Hilfe von Dr. Richard Bischof von unschätzbarem Wert. Die genetischen Analysen wurden vom Labor Seq-IT durchgeführt.

Literatur

- BIRÓ, Z.; SZEMETHY, L. & HELTAI, M. (2004): Home range sizes of wildcats (*Felis silvestris*) and feral domestic cats (*Felis silvestris f. catus*) in a hilly region of Hungary. *Mammalian Biology* 69: 302–310.
- JEROSCH, S.; KRAMER-SCHADT, S.; GÖTZ, M. & ROTH, M. (2018): The importance of small-scale structures in an agriculturally dominated landscape for the European wildcat (*Felis silvestris silvestris*) in central Europe and implications for its conservation. *Journal for Nature Conservation* 41: 88–96.
- PILGRIM, K. L.; MCKELVEY, K. S.; RIDDLE, A. E. & SCHWARTZ, M. K. (2005): Felid sex identification based on noninvasive genetic samples. *Molecular Ecology Notes* 5: 60–61.
- ROYLE, J. A.; CHANDLER, R. B.; SOLLMANN, R. & GARDNER, B. (2013): *Spatial Capture-Recapture*. Burlington.
- STEYER, K.; KRAUS, R. H. S.; MÖLICH, T.; ANDERS, O.; COCCHIARARO, B.; FROSCH, C.; GEIB, A.; GÖTZ, M.; HERRMANN, M. & HUPE, K. (2016): Large-scale genetic census of an elusive carnivore, the European wildcat (*Felis s. silvestris*). *Conservation Genetics* 17: 1183–1199.