



## Wildkatzenmonitoring Schweiz:

Verbreitung, Dichte und Hybridisierung der Wildkatze in der Schweiz

Ergebnisse der zweiten Erhebung 2018/20

**Beatrice Nussberger**  
Projektleitung

Wildtier Schweiz  
Winterthurerstrasse 92  
CH-8006 Zürich

+41 (0)44 635 61 38  
info@wildtier.ch  
www.wildtier.ch

## Impressum

### Auftraggeber

Bundesamt für Umwelt BAFU  
Abteilung Arten, Ökosysteme, Landschaften  
Sektion Wildtiere und Waldbiodiversität  
CH-3003 Bern

Mirjam Pewsner, Sabine Herzog, Sarah Stéhly

### Auftragnehmer

Wildtier Schweiz  
Winterthurerstrasse 92  
CH-8006 Zürich

### Unterauftragnehmer

Tobias Roth, Hintermann & Weber AG (H&W)

### Wissenschaftliche Zusammenarbeit

Institut für Evolutionsbiologie und Umweltwissenschaften (IEU), Universität Zürich  
Genetic Diversity Centre (GDC), ETH Zürich

### Mitarbeitende

Benedikt Gehr (WTS): Unterstützung bei der statistischen Auswertung und bei der Grafik  
Simon Meier (WTS): stellvertretende Projektleitung, Feldteam-Ausbildung  
Beatrice Nussberger (WTS): Projektleitung, Feldteam-Ausbildung und -Koordination, Feldprotokolle,  
Laborarbeiten, Datenaufbereitung und -auswertung, Grafik, Berichtredaktion  
Tobias Roth (H&W): Stichprobendefinition, statistische Auswertung, Grafik, Berichtredaktion  
Christian Stickelberger (H&W): GIS, Feldprotokolle  
Patrik Zolliker (WTS): Unterstützung in der Administration und in der Logistik

### Autoren

Beatrice Nussberger, Tobias Roth

### Zitiervorschlag

Nussberger & Roth 2021: Bericht Wildkatzenmonitoring Schweiz: Verbreitung, Dichte und Hybridisierung der Wildkatze in der Schweiz. Ergebnisse der zweiten Erhebung 2018/20. Wildtier Schweiz.

### Fotonachweis

Titelbilder: JP Perruchoud

## Dank

Wir danken allen Feldmitarbeiterinnen und Feldmitarbeitern, sowie den kantonalen Koordinatoren, ohne die dieses Projekt nicht hätte umgesetzt werden können:

AG: Lars Begert, Lisa Lutz, Christian Tesini, Stefan Weber, Daniel Zuppinger

BE: Christof Angst, Marco Catocchia, Bruno Dauwalder, Romeo De Monaco, Fritz Dürig, Claude Etienne, Remo Glaus, Ueli Haussener, Jürg Knutti, Ruedi Kunz, Walter Kunz, Yves Portmann, Simon Quinche, Andreas Rubin, Paul Schmid, Martin Schmid, Martin Schürmann, Thomas Schwarzenbach, Peter Schwendimann, Peter Siegenthaler, Peter Sommer, Thierry Studer, Daniel Trachsel, Louis Tschanz

BL: Tanja Breda, Dieter Jermann, Pascal Schweizer, Gabriel Sutter, Peter Zimmermann

BS: Walo Stiegeler

FR: Gérald Bossy, Elmar Bürgy, François Equey, José Genoud, Reto Hässig, Simon Jaffrédou, Pascal Kämpfer, Fabrice Maradan, Martin Mauron, Guy Menoud, Xavier Merz, Erich Peissard, Maxime Pellissier, Elias Pesenti, Pascal Riedo, Patrick Romanens

GE: Benjamin Allen, Tamara Müller, Jean-Pierre Perruchoud, Luc Rebetez, Julie Rossier

JU: Emilie Berberat, Lucas Lometti, Jean-Claude Schaller

LU: Alois Bieri, Michael Grüter, Paul Huber, Christian Hüsler, Erhard Jauch, Martin Kottmann, Pascal Ludin, Roland Luternauer, Paul Merz, Beat Meyer, Markus Müller, Erwin Rupp, Daniel Schmid, Beat Thalmann, Bruno Vogel, Heidi Vogler, Josef Zemp

NE: Sébastien Bardet, Fernand Dupré, Jean-Pierre Flück, Blaise Hofer, Damian Meier, Felix Rehsteiner, Gérard Sommer, Carine Vogel, Christian Zbinden

SH: Markus Gemperli, Michèle Vogelsanger

SO: Joachim Barmettler, Markus Borer, Niklaus Brunner, Mark Struch, Viktor Stüdeli, Hans Wampfler, Heinrich Wehrli, Kevin Wehrli

TG: Bettina Schär, Michael Vogel

VD: Antonio Biancaniello, Patrick Deleury, Alain Fazan, Pierre Henrioux, Luc Jacquemettaz, Christian Jaquet, Mario Laffely, Stéphane Mettraux, Dominique Morel, Beatrice Nussberger, Jacques Berlie, Yves Pfund, Kim Pieracci, Jean-Claude Roch, Alain Seletto, Salvatore Terranova, Adrien Vallotton

ZH: Bettina Schär.

Wir danken ebenfalls allen, die uns Zufallsproben und zusätzliche Proben beschafft haben:

Lars Begert, Andreas und Iris Boldt, Samuel Cilloni, Gottlieb Dändliker, Urs Grossniklaus, Paul Häberlin, Ueli Haussener, Pierre Henrioux, Andreas Hunziker und Michèle Vogelsanger, Ueli Iff und Kaspar Klopstein, Luc Jacquemettaz, Christian Jaquet, Marc Kéry, Iris Marti und weitere MitarbeiterInnen des FIWI (Zentrum für Fisch- und Wildtiermedizin, Universität Bern), Xavier Merz, Jean-Pierre Perruchoud, Kim Pieracci, André Pontet, Anouk Schaldenbrand und Jennifer Arm, Walo Stiegeler, Gabriel Sutter, Christian Tesini.

Émilie Berberat und Samuel Cilloni danken wir für ihre Masterarbeit, die wir im Rahmen dieses Projektes begleitet haben. Beide haben wichtige Datengrundlagen für den vorliegenden Bericht geliefert.

Stets sehr angenehm, wertvoll und verdankenswert war auch die Zusammenarbeit mit den Mitarbeitern und Mitarbeiterinnen der Universität Zürich und der ETH Zürich: Glauco Camenisch, Lukas Keller, und Ursina Tobler (UZH IEU), sowie Silvia Kobel und Aria Minder (ETHZ GDC)

Schliesslich bedanken wir uns bei unserem Auftraggeber BAFU für den Gesamtauftrag des Projekts und bei den kantonalen Jagdverwaltungen, dass sie die FeldmitarbeiterInnen stellten und die Feldarbeitskosten übernahmen. Für ihre zusätzliche finanzielle Unterstützung des Projekts danken wir ganz besonders den Kantonen VD, GE, LU, AG, SO.

## Inhaltsverzeichnis

Impressum .....	2
Dank .....	3
Inhaltsverzeichnis .....	4
Ausgangslage.....	5
Die Situation der Wildkatze in der Schweiz .....	5
Ziele des Wildkatzenmonitorings .....	5
Methoden .....	6
Stichprobe und Feldmethode .....	6
Zufallsproben.....	7
*Zusätzliche Proben 2020-2021 .....	8
Genetik .....	9
*Vergleich Erst- und Zweiterhebung.....	10
Ergebnisse .....	11
Wildkatzenverbreitung 2020 .....	11
Potenzielle Wildkatzenverbreitung .....	12
Höhenverbreitung der Wildkatze .....	12
Entwicklung der Wildkatzenverbreitung im Jura gegenüber 2010.....	13
Entwicklung der Wildkatzenverbreitung in den Untersuchungsflächen .....	14
Entwicklung der Wildkatzenverbreitung im gesamten Jura .....	14
*Wildkatzendichte 2020 .....	16
*Wildkatzendichte 2010.....	18
*Entwicklung der Wildkatzendichte im Jura gegenüber 2010 .....	18
Hybridisierungsgrad zwischen Wild- und Hauskatzen 2020 .....	19
Entwicklung des Hybridisierungsgrads gegenüber 2010.....	21
*Bevorzugte Lebensräume von Wild- und Hauskatzen .....	22
Zufallsproben .....	23
*Zusätzliche Proben .....	24
Vergleich Nachweise per Fotofallen und per Haarproben-Genetik .....	24
Zahlenübersicht .....	25
Fazit und Ausblick .....	27
Literatur .....	29
Anhang .....	30

*\*Diese Kapitel enthalten die wesentlichen Änderungen im Vergleich zur vorherigen Version dieses Berichts vom 29. Dezember 2020.*

## Ausgangslage

### Die Situation der Wildkatze in der Schweiz

Die Europäische Wildkatze (*Felis silvestris*, Schreber 1777) war seit der Jungsteinzeit im Mittelland und dem Jura weit verbreitet. Sie wurde jedoch im Verlauf des 18. und 19. Jahrhunderts stark dezimiert, durch direkte Verfolgung und Lebensraumverlust. Sie war um 1950 vielleicht sogar vollständig aus der Schweiz verschwunden. Seit 1962 ist sie in der Schweiz geschützt. Seither breitet sie sich allmählich wieder aus (Nussberger et al. 2007). Möglicherweise haben auch einige Aussetzungen in den 1970 Jahren zu dieser Wiederausbreitung beigetragen.

Die Art gilt in der Roten Liste der Schweiz als stark gefährdet (Duelli 1994), insbesondere wegen ihrer Hybridisierung mit Hauskatzen (*Felis catus*, domestizierte Form von *Felis lybica*, der Afrikanischen Wildkatze). Sie hat eine hohe nationale Priorität im Artenschutz (BAFU 2019). Das systematische Überwachen der Verbreitung, der Bestandsgrösse und des Hybridisierungsgrads der Wildkatzen ist wichtig, insbesondere um die Gefährdungsklasse der Wildkatzen gemäss den Kriterien der Roten Liste zu bestimmen und um Entscheide zum jagdrechtlichen Management der Wildkatze zu treffen.

2008 wurde das Projekt «Wildkatzenmonitoring Schweiz» gestartet, um die Verbreitung der Art in der Schweiz regelmässig und systematisch zu bestimmen (Weber et al. 2010). Das Monitoring basiert auf einer systematischen Erhebung des Wildkatzenvorkommens im Jura, mit Ausschluss gewisser Gebiete, die a priori als wildkatzenfrei betrachtet werden. Das Mittelland galt bei der Ersterhebung 2008/10 als nicht besiedelt (Nussberger et al. 2007). Seit der ersten Erhebung des Monitorings 2008/10 konnte die Wildkatze aber durch punktuelle Zufallsfunde neu auch im Mittelland und sogar in der Alpennordflanke genetisch nachgewiesen werden. Für die zweite Erhebung 2018/20 wurde die Stichprobe deshalb mit Aufnahmeflächen im Mittelland und der Alpennordflanke (gemäss biogeographischen Regionen der Schweiz) ergänzt.

Gemäss Ersterhebung kamen Wildkatzen auf 223-1302 km<sup>2</sup> vor (Weber et al. 2010), was 5-30% der biogeographischen Region des Jura entspricht. Der Bestand wurde auf einige Hundert Individuen geschätzt (159-930). Zirka 20% der Wildkatzen waren Hybriden (Nussberger et al. 2014).

Der vorliegende Bericht dokumentiert die Verbreitung, den Bestand und den Hybridisierungsgrad der Wildkatze in der Schweiz in den Wintern 2018/19 und 2019/20 und wie sich diese Kennzahlen in den letzten 10 Jahren geändert haben.

### Ziele des Wildkatzenmonitorings

Die Bestandsaufnahme im Auftrag des BAFU bezweckt folgendes:

- Aktuelle Verbreitungskarte der Vorkommen der Wildkatzen aus Jura, Mittelland und Alpennordflanke erstellen (Vorkommenswahrscheinlichkeit pro km<sup>2</sup>)
- Wildkatzendichte schätzen (Anzahl Wildkatzen pro km<sup>2</sup>)
- Hybridisierungsrate der Wildkatzen schätzen
- Änderungen der Verbreitung, Dichte und Hybridisierungsrate gegenüber der ersten Erhebung des Monitorings 2008/10 erfassen

Die Aussagegenauigkeit richtet sich nach den Bedürfnissen des Bundes. Es wird eine Präzision angestrebt, die die wichtigen Informationen für den biogeographischen Raum «Jura» liefert. Feinere Aussagen, etwa für einzelne Kantone, werden nicht angestrebt. Es geht auch nicht darum, möglichst alle Wildkatzen, die in der Schweiz leben, zu erfassen. Bei diesem Langzeitmonitoring geht es vielmehr darum, die Veränderung des Verbreitungsmusters, der Dichte und der Hybridisierungsrate über die Jahrzehnte auf landesweiter Ebene, systematisch und reproduzierbar zu erfassen. Wichtig dafür ist, dass die Erhebungen möglichst methodengleich wiederholt werden.

## Methoden

### Stichprobe und Feldmethode

Um das Vorkommen, die Dichte und den Hybridisierungsgrad von Wildkatzen genetisch nachzuweisen, wurden Wildkatzen auf vordefinierten Stichprobenflächen (Kilometerquadrate) angeregt, sich an Baldrian-Lockstöcken zu reiben. Beim Reiben hinterlassen die Wildkatzen Haare an diesen Stöcken, die dann als Probe eingesammelt werden. Die Stichprobendefinition und die angewandte Feldmethode, um solche Wildkatzen-Haarproben zu sammeln, wurde in einer Feldanleitung ausführlich beschrieben (Nussberger 2018).

Die Stichprobe der Zweiterhebung besteht aus 256 Flächen von je einem Quadratkilometer, regelmässig über den Jura, das Mittelland und die Alpennordflanke verteilt (Abb. 1, Tab. 1). Die eine Hälfte der Flächen wurde im Winter 2018/19, die andere im Winter 2019/20 beprobt (Abb. 1). In den Stichprobenflächen wurden in der Regel je 3 Latten fünfmal im 14-Tage Rhythmus nach Haaren abgesucht. Einige Flächen wurden jedoch häufiger kontrolliert (vor allem infolge der Stürme im Februar 2020, welche die Haarsammlung beeinträchtigten), andere weniger (vor allem schneebedingt). Zehn (4%) der 256 Untersuchungsflächen konnten nicht korrekt beprobt werden. Der Ausgangspunkt des systematischen 5 x 5 km Rasters, worauf die Stichprobenauswahl basiert, wurde zufällig gewählt. Von der Stichprobe a priori ausgeschlossen wurden die Quadrate mit weniger als 10 ha Wald, der >200 m von Siedlungen entfernt liegt, sowie jedes zweite Quadrat, in welchem mehr als 90% der Fläche oberhalb von 1000m liegt. Von jenen Kilometerquadraten, die im Mittelland und in der Alpennordflanke liegen, wurde ebenfalls nur die zufällig ausgewählte Hälfte bearbeitet. Zudem wurden dort nur Flächen berücksichtigt, die weniger als 20% Siedlung enthalten.

Zu diesen regelmässig verteilten, regulären Stichprobenflächen kamen noch 35 Zusatzflächen dazu, die ebenfalls mit der standardisierten Monitoring-Methode bearbeitet wurden. Diese Zusatzflächen wurden von kantonalen Fachstellen, Feldmitarbeitern und Feldmitarbeiterinnen oder Privaten vorgeschlagen – oft in Folge konkreter Sichtungen von wildkatzenähnlichen Katzen.

Tab. 1: Anzahl der Untersuchungs-Quadrate pro Kanton\* (Mittelland und Alpennordflanke nur 50% der Flächen auf dem zufällig gewählten, systematischen 5 x 5 km Raster). Die nach dem Plus angegebene Zahl steht für die Anzahl Zusatzflächen. In Klammern nach dem Minus stehen die nicht machbaren Flächen.

AG	BE	BL	BS	FR	GE	JU	LU	NE	SH	SO	TG	VD	ZH
22+7 (-1)	58+3 (-7)	13	1	16+4	4+10	23	15	21+3	8+1	22+3	4+1	39+1 (-2)	10+2

\*) Die Quadrate werden hier dem Kanton mit dem grössten Anteil an der Quadratfläche zugeteilt.

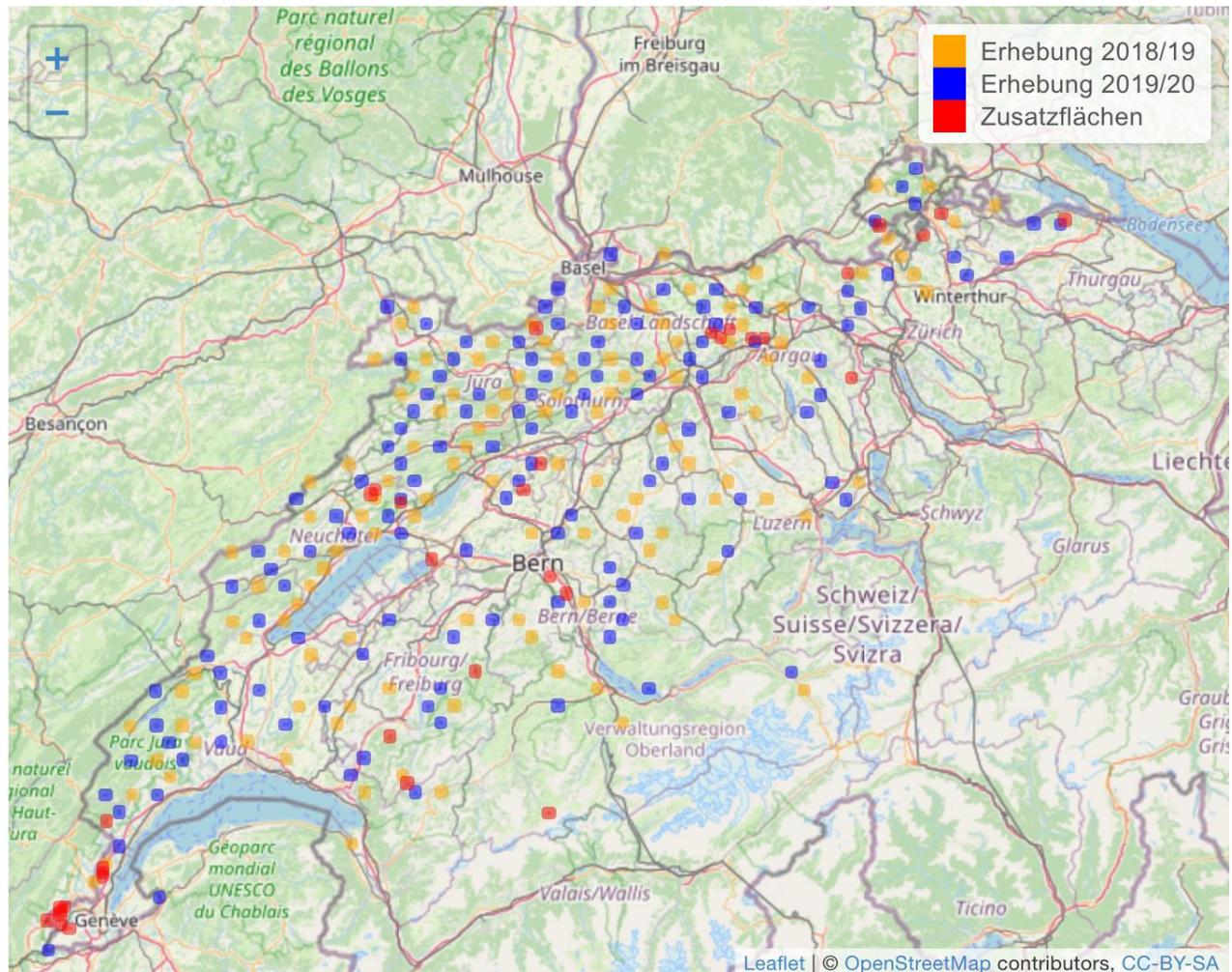


Abb. 1: Standorte der Stichprobenflächen, die in den Wintern 2018/19 (orange), bzw. 2019/20 (blau) erhoben wurden, sowie Standorte der Zusatzflächen (rot).

## Zufallsproben

Die Datengrundlage für Wildkatzennachweise in der Schweiz wurde mit 76 Proben erweitert, die zwischen Oktober 2015 bis Juli 2021 zufällig gefunden wurden. Es handelt sich dabei hauptsächlich um getigerte Katzen, die von der Wildhut tot aufgefunden und eingesammelt wurden. Mitarbeitende des Zentrums für Fisch- und Wildtiermedizin, Universität Bern (FIWI) haben die meisten dieser Katzenkadaver veterinärmedizinisch untersucht und uns Proben davon übergeben, zur genetischen Bestimmung im Rahmen des Wildkatzenmonitorings. Einige Totfundproben erhielten wir auch direkt von den Wildhütern. Zudem haben wir einige Proben aus kantonalen Monitorings (Aargau, Genf) untersucht und die erkannten Individuen zu unseren Zufallsproben gezählt. Weitere Zufallsproben waren Haare von Katzen, die Private aus eigener Initiative an Lockstöcken gesammelt oder an ihren Hauskatzen mit vermeintlichen Wildkatzenvorfahren ausgezupft haben. Zudem erhielten wir etliche Fotos und Fotofallen-Bilder von Katzen mit mehr oder weniger wildkatzentypischem Fellmuster, allerdings ohne Proben zur genetischen Bestätigung der Artbestimmung. Nachweise nur aus Bildern wurden hier nicht weiter analysiert.

Die Zufallsproben wurden analog den systematisch gesammelten Haarproben genetisch untersucht (siehe Kapitel «Genetik»).

Die Zufallsproben wurden nicht in die Auswertungen einbezogen, weder in die Habitat-Modelle, womit wir Verbreitung und Dichte schätzten, noch für die Hybridisierungsrate. Denn sie sind weniger repräsentativ für die etablierte Wildkatzenpopulation als die systematisch erhobenen Monitoring-Haarproben. Bei den überfahrenen Individuen handelt es sich oft um Jungtiere, die sich noch ein neues Territorium gesucht haben und somit am Fundort möglicherweise nicht ansässig waren. Auch Katzen, die von Fotofallen nur einmal erfasst werden, fernab vom Wildkatzen-Verbreitungsschwerpunkt, sind vielleicht nur auf Streifzug und widerspiegeln somit nicht zwingend eine etablierte Wildkatzenpopulation. Zudem verzerrt das Meldeverhalten der Finder womöglich das Verbreitungsbild. In Gebieten, in denen Wildkatzen als selten oder abwesend gelten, wird vielleicht mehr Aufwand betrieben, eine vermeintliche Wildkatze zur Untersuchung einzuschicken, als in Gebieten, in denen die Wildkatzenanwesenheit schon lange bekannt ist.

Die Zufallsproben sind aber interessant, um neue Ausbreitungstendenzen frühzeitig zu dokumentieren. Ferner ist es wichtig, dass die veterinärmedizinisch untersuchten Katzen eindeutig einer bestimmten Katzenkategorie (Wildkatze, Hauskatze oder Hybride erster, zweiter oder dritter Generation) zugeordnet werden, so dass die veterinärmedizinischen Befunde artspezifisch ausgewertet werden können.

### Zusätzliche Proben 2020-2021

Im Winter 2020/21 wurden in drei Gebieten zusätzliche Haarproben auf einem verdichteten Stichprobennetz erhoben. Einerseits wurde im Rahmen der Masterarbeit von Samuel Cilloni (Universität Bern) in der Ajoie (JU) und im Raum Yverdon (VD) je ein Gebiet von 15 km<sup>2</sup>, bzw. 13 km<sup>2</sup> von Februar bis April in 5 Kontrollgängen mit insgesamt 84 Lockstöcken (3 pro km<sup>2</sup>) intensiv beprobt und mit Fotofallen (1 pro km<sup>2</sup>) überwacht. Andererseits wurde im Raum Kerzers (BE/FR) ein Gebiet von 2 km<sup>2</sup> von November bis April in 10 Kontrollgängen mit 8 Lockstöcken intensiv beprobt. Dieser bis anhin als wildkatzenfrei geltende Raum wurde überwacht, nachdem dort im November 2020 eine plausible Beobachtung einer potenziellen Wildkatze gemeldet wurde (Fotofalle von Kurt Grossenbacher, November 2020).

Mit diesen zusätzlichen Daten, die über grössere nebeneinanderliegenden Flächen erhoben wurden, konnten wir die Bestandesdichte des gesamten Untersuchungsgebiets mit einem realistischeren statistischen Modell schätzen. Dieses räumliche Fang-Wiederfangmodell (Kéry et al. 2010), implementiert in der R-Software mit dem Paket oSCR (Sutherland et al. 2019), berechnet die Aktivitätszentren von einzelnen Individuen und die Wahrscheinlichkeit, diese Individuen in einem bestimmten Radius rund um diese Zentren nachzuweisen. Die Dichte und somit auch der Gesamtbestand wird mit diesem Modell realistischer geschätzt, denn es vermeidet Doppelzählungen von Katzen, die in mehr als einem Kilometerquadrat unterwegs sind und es berücksichtigt die Möglichkeit, dass anwesende Katzen nicht nachgewiesen wurden. Das Modell korrigiert also für zwei Faktoren, die zur Über- bzw. Unterschätzung des Bestandes führen.

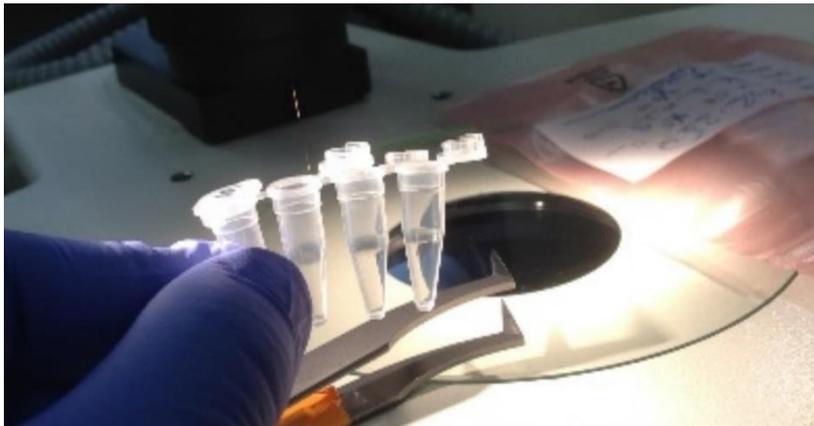
In der Standard-Stichprobe des Wildkatzenmonitorings liegen die 1-km<sup>2</sup> grossen Stichprobenquadrate mit je 3 Lockstöcken jeweils mindestens 5 km auseinander. Allein mit dieser Stichprobe liess sich die Grösse der Aktivitätszentren der einzelnen Individuen nicht genau genug schätzen, um das räumliche Fang-Wiederfangmodell anzuwenden. Mit dem generalisierten linearen Modell (GLM), das wir bisher verwendeten (Vorversion dieses Berichtes, datiert vom 29. Dezember 2020), wurde der Bestand auf rund 2200 oder 2500 Individuen geschätzt. Mit dem räumlichen Fang-Wiederfangmodell wird der Bestand geringer geschätzt. Der Unterschied erklärt sich vermutlich dadurch, dass die Doppelzählungen von einem Kilometerquadrat zum anderen wegfallen. Das räumliche Fang-Wiederfangmodell ist realistischer als das GLM-Modell, was sich auch in der Dichtekarte widerspiegelt: im Gegensatz zur ersten Karte liegt die Wildkatzendichte auf der neuen Karte in städtischen Gebieten (z.B. Basel) bei null, was der Ökologie der Wildkatze besser entspricht. Wir gehen deshalb davon aus, dass die aktualisierten Resultate zur Bestandesdichte und zum Gesamtbestand die tatsächliche Situation der Wildkatze in der Schweiz besser abbilden.

## Genetik

Zur sicheren Unterscheidung von Wild- und Hauskatzen und deren Hybriden müssen Proben mit molekulargenetischen Methoden untersucht werden. Wildkatzen leben natürlicherweise in geringen Dichten und sind hauptsächlich dämmerungs- und nachtaktiv. Wildkatzen werden darum nur selten beobachtet, und dies oft bei schlechtem Licht. Allein aufgrund des Erscheinungsbildes bzw. des Fellmusters können Wildkatzen nicht immer sicher bestimmt werden, denn es gibt Hauskatzen mit wildkatzenähnlichem Aussehen und Hybriden können die ganze Palette an Fellmuster der beiden Elternarten aufweisen. Der Hybridisierungsgrad eines Individuums kann nicht anhand des Äusseren erkannt werden.

Wir haben die an den Lockstöcken gesammelten Haare mit molekulargenetischen Methoden untersucht und so die genetischen Profile der Katzen bestimmt, von denen die Haare stammten (Nussberger et al. 2013, Nussberger et al. 2014a und b). Damit konnte die Art, das einzelne Individuum und sein Hybridisierungsgrad bestimmt werden.

Ein Haarprobenbeutel von einem bestimmten Lockstock-Kontrollgang kann Haare von verschiedenen Tieren enthalten. Deshalb wurden die Haare, die zusammen an einem Standort gefunden wurden und in einem gleichen Beutel eingereicht wurden, in der Regel einzeln untersucht.



Die Haare aus den Probebeuteln werden einzeln unter dem Mikroskop begutachtet. Ist eine Haarwurzel erkennbar, wird das Haar anschliessend genetisch untersucht.

Die Hauptschritte der genetischen Untersuchung im Labor sind: Aussortieren der a priori unbrauchbaren Proben; Extrahieren der DNA der einzelnen Haare mit Haarwurzel und Quantifizieren der darin enthaltenen katzenspezifischen nuklear-DNA; bei den Proben mit einer Mindestmenge an Katzen-DNA: Amplifizieren der Genmarker mit PCR-Reaktion und Genotypisieren dieser Genmarker (mit Fluidigm Technologie). Unter «Genotypisieren von Genmarker» versteht sich hier das Bestimmen der Genvarianten (Allele) an 96 Stellen im Erbgut. Diese 96 Stellen, SNPs (single nucleotide polymorphism), bilden ein diagnostisches Genmarker-Set. Beim Genotypisieren ergibt sich für jede untersuchte Probe ein individueller Genotyp.

Anhand dieser Genotypen kann basierend auf Bayesianischer Statistik ermittelt werden, wie wahrscheinlich ein Haar von einer Wildkatze, einer Hauskatze oder einem Hybriden der ersten oder zweiten Generation stammt. Es werden vier Hybridkategorien unterschieden: F1 (50%-Wildkatze, mehrheitlich heterozygot), F2 (50%-Wildkatze, homo- und heterozygot), Rückkreuzung in Wildkatze (75%-Wildkatze), Rückkreuzung in Hauskatze (25%-Wildkatze). Dazu wird die Software NewHybrids benutzt (Anderson & Thompson 2002).

Einige Haare enthielten nicht genügend nuklear-DNA einer Katze für das vollständige Genotypisieren aller Genmarker – entweder, weil das Haar gar nicht von einer Katze stammte, oder weil das Katzenhaar bereits

zu stark zerfallen war. Da in einem Haar viele Mitochondrien aber nur ein Zellkern vorliegt, gelingt die Analyse der mitochondrial-DNA (mtDNA) öfter als die der Kern-DNA (nuklear-DNA). So enthielten gewisse Katzenhaare zwar zu wenig nuklear-DNA für eine Bestimmung auf Individuen-Niveau, aber genügend mtDNA, um wenigstens die Artzugehörigkeit annähernd zu bestimmen. Die Artzugehörigkeit mit mtDNA zu bestimmen ist weniger genau als mit nuklear-DNA. Denn die mtDNA widerspiegelt nur die Herkunft des Erbguts mütterlicherseits. Eine Wildkatze, die auf ihrer mütterlichen Linie vor vielen Generationen einmal eine Hauskatzen-Urahnin hatte, würde fälschlicherweise als Hauskatze bestimmt werden. Nur anhand der mtDNA kann weder das Individuum noch sein Hybridisierungsgrad bestimmt werden.

Verbreitung, Dichte und Hybridisierung wurden weitestgehend anhand der nuklear-DNA Ergebnissen berechnet. Hybriden wurden in den Berechnungsmodellen zur Verbreitung und Dichte ausgeschlossen. Wildkatzen, die gemäss nuklear-DNA Wildkatzen sind, aber einen hauskatzentypischen mtDNA-Haplotyp tragen, wurden in den Analysen auch als Wildkatzen berücksichtigt. Beim Vergleich zwischen Erst- und Zweiterhebung beruhten die Präsenz-Absenz-Daten aber nur auf den mtDNA-Ergebnissen (siehe Erklärungen im folgenden Kapitel). Alle Katzen mit wildkatzentypischer mtDNA wurden dabei als Wildkatzenachweis gezählt (auch die Hybriden), alle Katzen mit hauskatzentypischer mtDNA als Hauskatzenachweis gezählt (auch die Katzen, die gemäss nuklear-DNA Wildkatzen waren).

### Vergleich Erst- und Zweiterhebung

Bei der ersten Erhebung des Wildkatzenmonitorings in den Jahren 2008/10 waren nur Präsenz-Absenz-Daten verfügbar, denn damals wurden die Haarproben nur auf mitochondrial-DNA (mtDNA) untersucht (Weber et al. 2010). Die verschiedenen beprobten Katzen waren somit nicht individuell unterscheidbar und genauere, Individuen-basierte Datenauswertungen waren damals nicht möglich. Alle gesammelten Haare aus der Ersterhebung, die nach der mtDNA-Analysen übrigblieben, wurden aber später im Rahmen einer Dissertation auf nuklear-DNA untersucht und nach Möglichkeit Individuen zugeordnet (Nussberger 2013, Nussberger et al. 2014). Für die Analysen der nuklear-DNA standen nicht mehr alle Haare, die eingesammelt wurden, zur Verfügung, da ca. 1-6 Haare pro Haarprobensäckchen für die mtDNA-Analysen vorgängig verbraucht wurden. Dieser Verlust an Haarproben führt vermutlich zu einer geringeren Entdeckungswahrscheinlichkeit von Wildkatzen in der Ersterhebung gegenüber der Zweiterhebung. Die statistischen Modelle für die Dichte- und Bestandsschätzung berücksichtigen jedoch diese unterschiedliche Entdeckungswahrscheinlichkeit und ein Vergleich ist somit möglich. Wir haben die Daten der Ersterhebung auch für die Schätzung des Anteils der Hybriden verwendet, da wir annehmen, dass Haarproben von Wildkatzen und Hybriden gleichermassen bereits bei der mtDNA-Analyse vollständig aufgebraucht wurden und aus unserer Stichprobe für die nachträgliche nuklear-DNA-Analyse ausgeschieden sind.

## Ergebnisse

### Wildkatzenverbreitung 2020

Wildkatzen besiedeln aktuell vorwiegend den Jurabogen (Abb. 2). Sie kommen mehrheitlich in den tiefergelegenen Quadraten mit einem hohen Waldanteil vor (Tab. 2). Dies ergibt sich aus der Korrelation zwischen den Wildkatzenvorkommen (Präsenz/Absenz) und der mittleren Höhe, dem Waldanteil und dem Siedlungsanteil der untersuchten Kilometerquadrate. Die linearen und quadratischen Terme der X- und Y-Koordinaten werden ebenfalls als Prädiktoren ins Modell einbezogen. Damit wird die Tatsache berücksichtigt, dass die Wildkatze aktuell hauptsächlich im Jura vorkommt und viele theoretisch geeignete Kilometerquadrate im Mittelland und der Alpennordflanke (noch) nicht besiedelt sind. Die Schätzungen basieren auf den Daten der Erhebung 2018/20 auf den regulären Flächen und den Zusatzflächen aus Jura, Mittelland und Alpennordflanke. Da wir bei der Stichprobenauswahl im Mittelland und in den Voralpen die Gebiete mit über 20% Siedlungsanteil ausgeschlossen haben, sind die Vorhersagen für die dichtesten Siedlungsgebiete nicht besonders verlässlich.

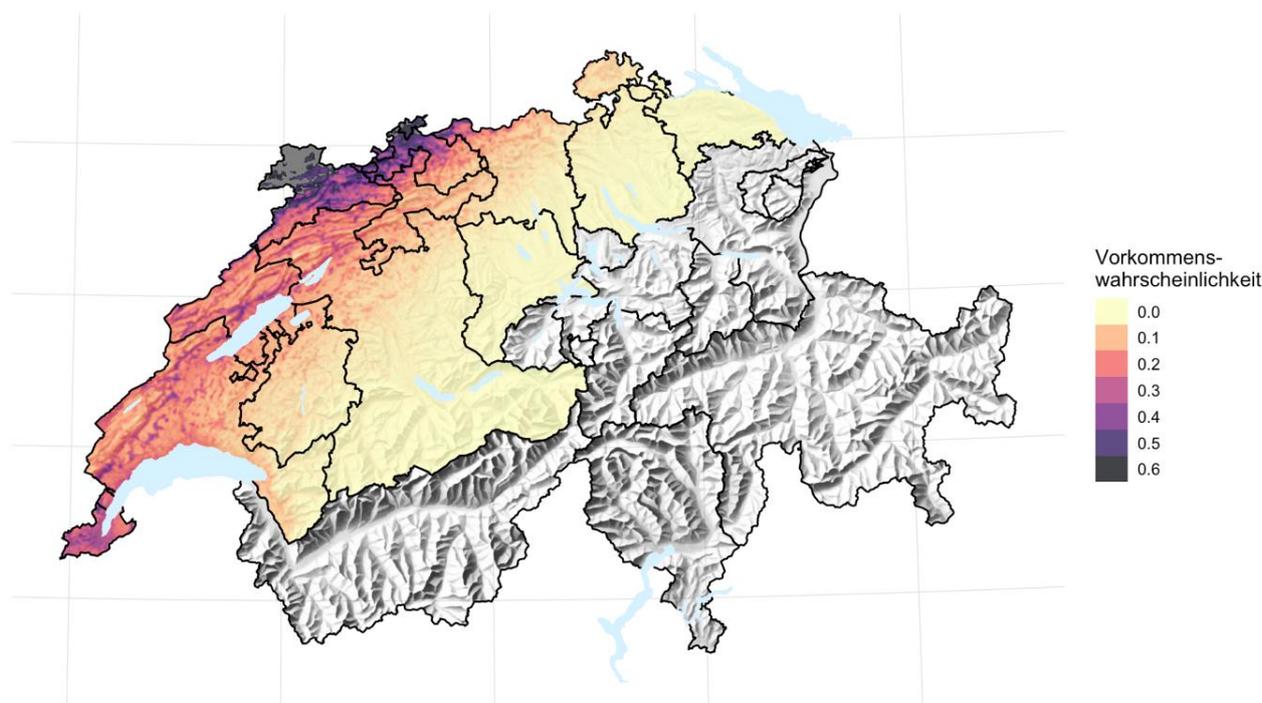


Abb. 2: Modellierter Wildkatzenverbreitung 2020. Die Karte zeigt die geschätzte Vorkommenswahrscheinlichkeit der Wildkatze pro Kilometerquadrat: je dunkler die Farbe desto wahrscheinlicher kommt die Wildkatze vor. Die Schätzung basiert auf der Erhebung 2018/20 auf regulären Flächen und Zusatzflächen aus Jura, Mittelland und Alpennordflanke.

Tab. 2: Wildkatzenvorkommen der Erhebung 2018/20 im gesamten Untersuchungsgebiet, erklärt mit verschiedenen Variablen, die die Untersuchungsflächen beschreiben. Die Resultate basieren auf einem generalisierten linearen Modell mit einer logit-Linkfunktion.

Variable	Steigung	Standardfehler	P-Wert
<b>Höhe (Effekt pro 100m)</b>	-0.099	0.077	0.198
<b>Waldanteil (Effekt pro 1%)</b>	1.599	0.708	<b>0.024</b>
<b>Siedlungsanteil (Effekt pro 1%)</b>	-0.254	2.891	0.930

### Potenzielle Wildkatzenverbreitung

Werden im Verbreitungsmodell die X- und Y-Koordinaten als Prädiktoren weggelassen, ergibt sich eine Karte der potenziellen zukünftigen Verbreitung (Abb. 3). Damit zeigt sich, dass theoretisch noch viele Kilometerquadrate im Mittelland und auf der Alpennordflanke für die Wildkatze geeignet sind. Da wir bei der Stichprobenauswahl im Mittelland und in den Voralpen die Gebiete mit über 20% Siedlungsanteil ausgeschlossen haben, sind die Vorhersagen für die dichtesten Siedlungsgebiete nicht besonders verlässlich.

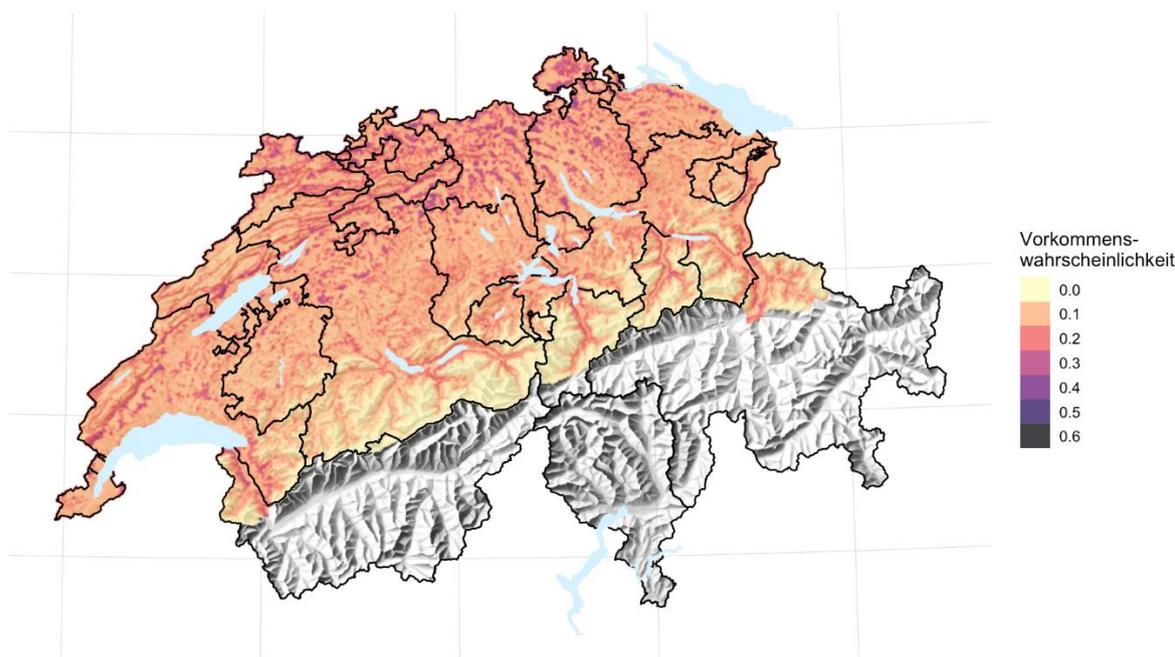


Abb. 3: Potenzielle Wildkatzenverbreitung. Die Karte zeigt die Eignung der Kilometerquadrate aufgrund ihrer mittleren Höhe, ihres Waldanteils und ihres Siedlungsanteils: je dunkler die Farbe desto geeigneter ist die Fläche. Die Schätzung basiert auf der Erhebung 2018/20 auf regulären Flächen und Zusatzflächen aus Jura, Mittelland und Alpennordflanke.

### Höhenverbreitung der Wildkatze

Die Medianhöhe der Flächen, in denen Wildkatzen nachgewiesen wurden, lag im Durchschnitt bei 666m ü. M.. Der höchstgelegene Wildkatzen-Nachweis gelang im Gebiet Le Petit Risoux, bei Crêt à Chatron (VD), auf 1'179m (24.2.20, 19.3.20 und 6.4.20). Der tiefste Wildkatzen-Standort lag bei Aarau, im Aarschächli (AG), südlich der Aare auf 357m (9.3.20 und 23.3.20).

## Entwicklung der Wildkatzenverbreitung im Jura gegenüber 2010

Die Wildkatze hat sich nachweislich im Jura ausgebreitet (Abb. 4). Die Vorkommenswahrscheinlichkeit der Wildkatze im Jura hat sich zwischen 2010 und 2020 verdoppelt. Gemäss Ersterhebung kamen Wildkatzen auf 223-1302 km<sup>2</sup> vor (Weber et al. 2010), was 5-30% der biogeographischen Region des Jura entspricht. Für die Zweiterhebung schätzten wir die Anzahl der besetzten Kilometerquadrate im Jura auf 633-1732 km<sup>2</sup>, was 15-40% der biogeographischen Region des Jura entspricht.

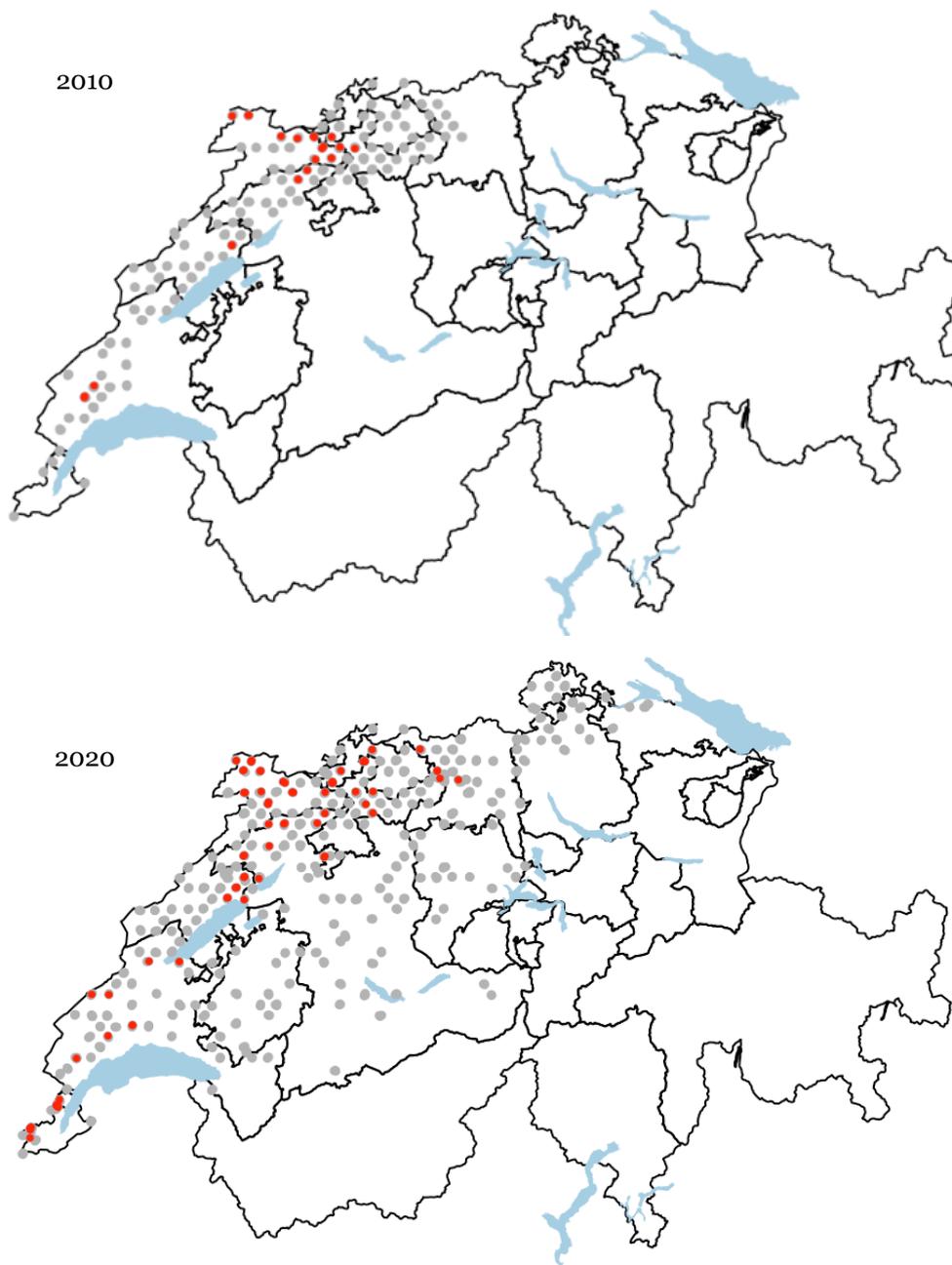


Abb. 4: Wildkatzenachweise in den Untersuchungsquadraten in Erst- und Zweiterhebung. In Grau dargestellt sind die Lockstock-Standorte ohne mtDNA-Wildkatzenachweise, in Rot die Lockstock-Standorte mit mtDNA-Wildkatzenachweisen. Bei der Ersterhebung 2008/10 waren es 16 von 122 Flächen mit Wildkatzenachweisen (13.2 %), bei der Zweiterhebung 2018/20, 48 von 281 Regulär- und Zusatzflächen (17.1 %). Betrachtet man nur die 121 Jura-Flächen, die in beiden Erhebungen beprobt wurden, liegt der Anteil an Flächen mit Wildkatzenachweisen bei 13.2% in der ersten und 27.3% in der zweiten Erhebung.

### Entwicklung der Wildkatzenverbreitung in den Untersuchungsflächen

Im Jura wurden insgesamt 121 Quadrate sowohl während der Erst- als auch während der Zweiterhebung untersucht.

Während der Ersterhebung 2008/10 konnten in insgesamt 13.2% der untersuchten Jura-Kilometerquadrate Wildkatzen nachgewiesen werden, bis zur Zweiterhebung stieg der Anteil auf 27.3%. Unter Berücksichtigung der Entdeckungswahrscheinlichkeit betrug der Besetzungsgrad während der Ersterhebung 0.15 (95%-Konfidenzintervall von 0.09-0.24) und während der Zweiterhebung 0.31 (0.23-0.42), was einer Verdoppelung der besetzten Flächen entspricht.

Bei beiden Erhebungen war die Entdeckungswahrscheinlichkeit in etwa konstant: die Entdeckungswahrscheinlichkeit war 0.33 (0.21-0.46) während der Ersterhebung und 0.31 (0.24-0.4) während der Zweiterhebung. Als Entdeckungswahrscheinlichkeit definieren wir hier die Wahrscheinlichkeit, die Wildkatze in einem besetzten Quadrat während einer Begehung (Kontrollgang) an mindestens einem der drei Lockstöcke anhand der mtDNA nachzuweisen. Dies bedeutet, dass in 86%, bzw. 84% der fünfmal-kontrollierten Kilometerquadrate, in denen die Wildkatze vorkam, diese auch tatsächlich nachgewiesen wurde. Die Entdeckungswahrscheinlichkeit wurde mit einem Site-Occupancy Model berechnet (MacKenzie et al. 2002). Die Schätzung der Entdeckungswahrscheinlichkeit erfolgte dabei separat für die Daten der Erst- und Zweiterhebung.

### Entwicklung der Wildkatzenverbreitung im gesamten Jura

Die oben erwähnten Resultate zu den untersuchten Flächen erlaubten Rückschlüsse auf die Entwicklung der Wildkatzenverbreitung im gesamten Jura. Dazu korrelierten wir das Vorkommen der Wildkatzen in den Untersuchungsflächen mit Eigenschaften der Untersuchungsflächen (Tab. 3 für 2010 und Tab. 4 für 2020). Basierend auf den gefundenen Zusammenhängen zwischen diesen Eigenschaften (erklärenden Variablen) und den Wildkatzenvorkommen, konnten wir dann die Gesamtverbreitung der Wildkatze im Jura in der Erst- und Zweiterhebung schätzen und miteinander vergleichen. Als erklärende Variablen verwendeten wir den Waldanteil (in %), den Siedlungsanteil (in %) und die Höhe über Meer (in 100m).

Während der Ersterhebung betrug die mittlere Wildkatzen-Vorkommenswahrscheinlichkeit im Jura 0.11 (CI: 0.05 - 0.23) pro Kilometerquadrat, unter Berücksichtigung der räumlichen Variablen Höhe, Waldanteil und Siedlungsanteil. Bei der Zweiterhebung stieg sie auf 0.25 (CI: 0.15 - 0.41) pro Kilometerquadrat.

Tab. 3: Wildkatzenvorkommen der Ersterhebung 2008/10 im Jura, erklärt mit verschiedenen Variablen, die die Untersuchungsflächen beschreiben. Die Resultate basieren auf einem generalisierten linearen Modell mit einer logit-Linkfunktion.

Variable	Steigung	Standardfehler	P-Wert
<b>Höhe (Effekt pro 100m)</b>	-0.036	0.134	0.786
<b>Waldanteil (Effekt pro 1%)</b>	3.535	1.528	<b>0.021</b>
<b>Siedlungsanteil (Effekt pro 1%)</b>	-0.672	5.102	0.895

Tab. 4: Wildkatzenvorkommen der Zweiterhebung 2018/20 im Jura, erklärt mit verschiedenen Variablen, die die Untersuchungsflächen beschreiben. Die Resultate basieren auf einem generalisierten linearen Modell mit einer logit-Linkfunktion.

Variable	Steigung	Standardfehler	P-Wert
<b>Höhe (Effekt pro 100m)</b>	-0.012	0.097	0.900
<b>Waldanteil (Effekt pro 1%)</b>	0.728	1.004	0.468
<b>Siedlungsanteil (Effekt pro 1%)</b>	-1.467	3.263	0.653

Die Wildkatze scheint im Jura weiterhin eher die Landschaften mit einem hohem Waldanteil und einem geringeren Siedlungsanteil zu bevorzugen (vgl. die Angaben zur Steigung in Tab. 4). Jedoch ist der Zusammenhang in der Zweiterhebung im Jura (Tab. 4) im Vergleich zur Ersterhebung (Tab. 3) oder zur Zweiterhebung im gesamten Untersuchungsgebiet (Tab. 2) viel weniger deutlich (alle P-Werte in Tab. 4 > 0.4). Die Wildkatze scheint im Jura mittlerweile eine so hohe Dichte erreicht zu haben, dass auch weniger geeignete Quadrate besiedelt werden. Der durchschnittliche Waldanteil in den Jura-Quadraten mit Wildkatzennachweisen lag in der Ersterhebung bei 69.8%, deutlich über dem durchschnittlichen Waldanteil in den untersuchten Jura-Kilometerquadraten von 56.3%. Die Wildkatzen schienen also Quadrate mit einem hohen Waldanteil zu bevorzugen ( $p = 0.021$ , Tab. 3). Bei der Zweiterhebung beträgt der Waldanteil der Jura-Quadrate mit Nachweisen nun aber nur noch 59.4% und ist somit ähnlich gross wie der Durchschnitt aller Untersuchungsquadrate. Im Jura scheinen die Wildkatzen im Bezug zum Waldanteil also nicht mehr so wählerisch zu sein (der Vergleich der Tabellen 3 und 4 bestätigt diese Tendenz: die Steigung sinkt von 3.5 auf 0.7, der p-Wert steigt von 0.021 auf 0.468). Dafür ist 2018/20 die Korrelation mit dem Siedlungsanteil gestiegen: je grösser der Siedlungsanteil desto geringer die Vorkommens-wahrscheinlichkeit. Quadrate mit einem hohen Siedlungsanteil scheinen also weiterhin gemieden zu werden. Die Unsicherheit ist aber relativ gross (grosser Standardfehler,  $p > 0.6$ ), unter anderem weil wir die Quadrate mit weniger als 10 ha Wald, der >200 m von Siedlungen entfernt liegt, aus der Stichprobe ausgeschlossen haben, und somit die Quadrate mit sehr hohen Siedlungsanteil nicht beprobt haben. Interessanterweise wird der Zusammenhang zwischen Wildkatzenvorkommen und durchschnittlichem Waldanteil stärker ( $p = 0.024$ ), wenn man die Daten 2018/20 der gesamten Untersuchungsfläche inkl. Mittelland und Voralpen betrachtet. Das ist ein Indiz dafür, dass die Wildkatze tatsächlich zuerst Wälder besiedelt, wenn noch viel unbesetzten Raum zur Verfügung steht.

## Wildkatzendichte 2020

Pro Stichprobenfläche von 1 km<sup>2</sup> konnten je nach Region 0 bis 4 Wildkatzen-Individuen nachgewiesen werden. Über alle Stichprobenflächen der Zweiterhebung gerechnet (ohne Zusatzflächen), liegt die mittlere Anzahl Wildkatzen-Individuen pro km<sup>2</sup> bei  $0.23 \pm 0.66$  ( $\pm$  SD). Die Hauskatzendichte ist doppelt so hoch mit  $0.47 \pm 1.01$  Hauskatzen pro km<sup>2</sup>. Betrachtet man nur die Flächen im Jura ist die mittlere Anzahl Wildkatzen-Individuen pro km<sup>2</sup> mit  $0.39 \pm 0.85$  deutlich höher. Die mittlere Hauskatzen-Dichte pro km<sup>2</sup> mit  $0.49 \pm 1.07$  ist jedoch im Jura ähnlich hoch wie im gesamten Untersuchungsgebiet.

Die höchsten Wildkatzendichten werden vor allem in den tiefergelegenen Quadraten des Juras mit einem grossen Waldanteil erreicht (Abb. 5, Tab. 5). Diese Ergebnisse basieren auf dem räumlichen Fang-Wiederfangmodell, in dem die mittlere Höhe, der Waldanteil und der Siedlungsanteil als erklärende Variablen für die Dichte (Anzahl Aktivitätszentren pro Quadratkilometer) berücksichtigt sind. Die linearen und quadratischen Terme der X- und Y-Koordinaten werden ebenfalls als Prädiktoren ins Modell einbezogen, um regionale Unterschiede in der Dichte zu berücksichtigen. Die Schätzungen basieren auf den Daten der Erhebung 2018/20 auf den regulären Flächen und den Zusatzflächen aus Jura, Mittelland und Alpennordflanke.

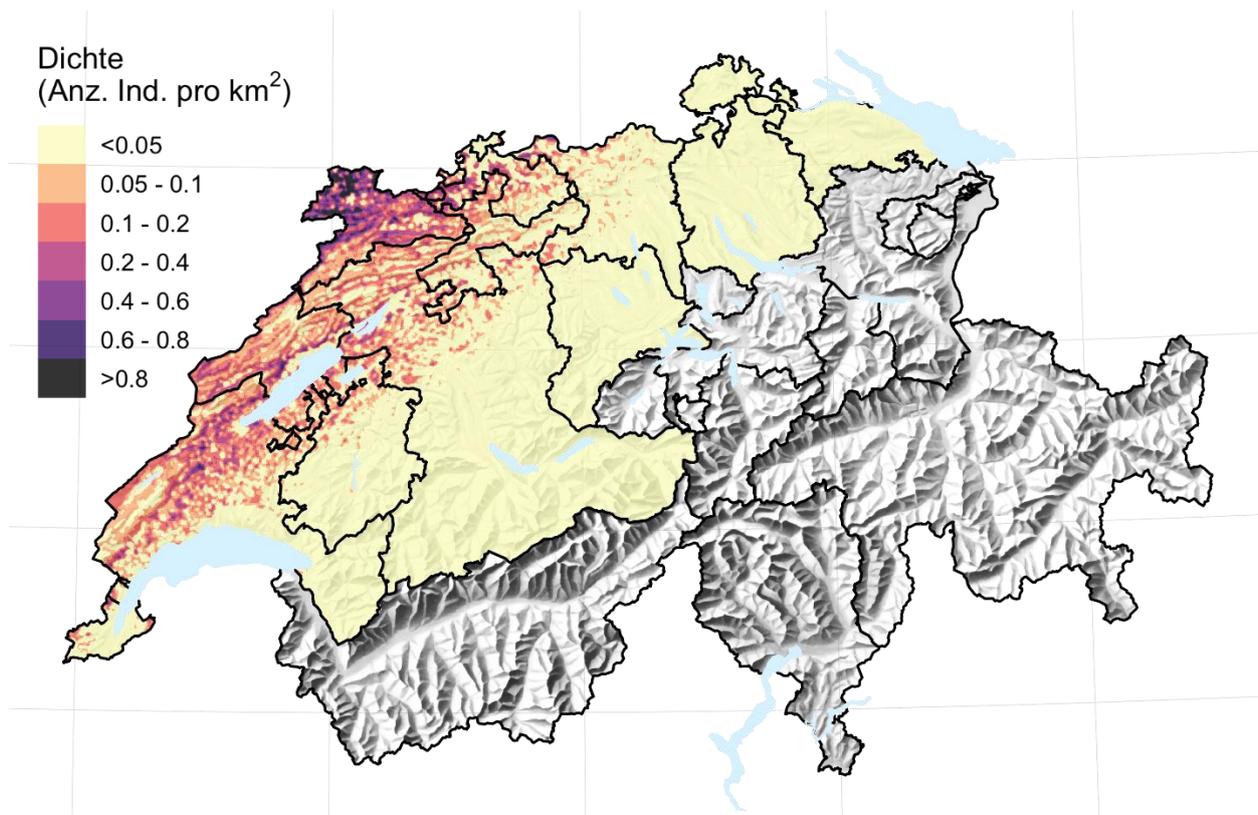
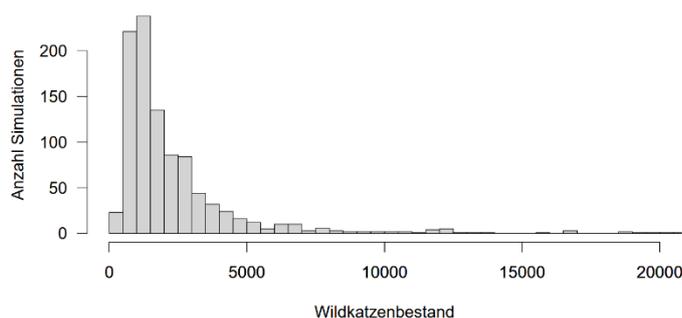


Abb. 5: Modellierte Wildkatzendichte 2020. Die Karte zeigt die geschätzte Anzahl Wildkatzen-Individuen pro Kilometerquadrat: je dunkler die Farbe desto dichter kommt die Wildkatze vor. Die Schätzung basiert auf der Erhebung 2018/20 auf regulären Flächen und Zusatzflächen aus Jura, Mittelland und Alpennordflanke.

Tab. 5: Wildkatzendichte in der Zweiterhebung, im gesamten Untersuchungsgebiet, erklärt mit verschiedenen Variablen, die die Untersuchungsflächen beschreiben. Die Resultate basieren auf einem räumlichen Fang-Wiederfangmodell, das die Entdeckungswahrscheinlichkeit der Individuen berücksichtigt (Kéry et al. 2010).

Variable	Steigung	Standardfehler	P-Wert
<b>Höhe (Effekt pro 100m)</b>	-0.595	0.158	<b>&lt;0.001</b>
<b>Waldanteil (Effekt pro 1%)</b>	1.669	0.759	<b>0.028</b>
<b>Siedlungsanteil (Effekt pro 1%)</b>	-6.956	6.036	0.249

Der aktuelle Wildkatzenbestand im gesamten Untersuchungsgebiet (Jura, Mittelland und Alpennordflanke) wird mit dem räumlichen Fang-Wiederfangmodell auf **rund 1100 Individuen** geschätzt (Unsicherheit der Schätzung siehe untenstehendes Histogramm). Bei einer konservativeren Methode zur Individuenbestimmung (Ausschluss der Proben mit geringsten DNA-Mengen und somit fehleranfälligeren Bestimmung) sind es 930 Individuen.



Histogramm zum geschätzten Gesamtbestand der Wildkatze. Basierend auf dem Dichteschätzungsmodell wurde der Gesamtbestand 1000-mal simuliert. Das Histogramm zeigt die Verteilung der Ergebnisse dieser Simulationen. Der 95%-Vertrauensbereich beträgt 513 - 13'066 Individuen, der 80%-Vertrauensbereich 713 - 3'060.

Die Schätzung des Wildkatzenbestands mit dem räumlichen Fang-Wiederfangmodell ist mit einer relativ grossen Unsicherheit behaftet. Dies ist aber aus statistischer Sicht zu erwarten, da das Modell wesentliche Unsicherheiten mitberücksichtigt – es ist dafür auch realistischer als andere, einfachere Modelle, die durch ihre Einfachheit kleinere Unsicherheitsbereiche haben. Insbesondere schätzt das Modell, wie viele der Wildkatzenindividuen, die gelegentlich in den Untersuchungsflächen auftauchen, nicht nachgewiesen werden. Zum Beispiel weil sie gar nicht an den Lattenstandorten auftauchen oder weil sie keine Haare hinterlassen haben. Um den Gesamtbestand zu schätzen, muss das Modell zudem auch die Wildkatzenindividuen berücksichtigen, die ihr Territorium ausserhalb der Untersuchungsflächen haben. Da es generell sehr schwierig ist, einen Gesamtbestand zu schätzen, wurde das Monitoring auch nicht primär darauf ausgelegt, die Gesamtanzahl der Wildkatzen möglichst präzise zu ermitteln, sondern darauf, die langfristige Populationsdynamik der Wildkatzen auf den zufällig gewählten Stichprobenflächen zu verfolgen. Die zufällige Auswahl der Stichprobenflächen, systematisch verteilt über Jura, Mittelland und Voralpen, stellt dabei sicher, dass die gemessene Entwicklung in diesen Untersuchungsflächen die reale Entwicklung des Gesamtbestandes zuverlässig widerspiegelt.

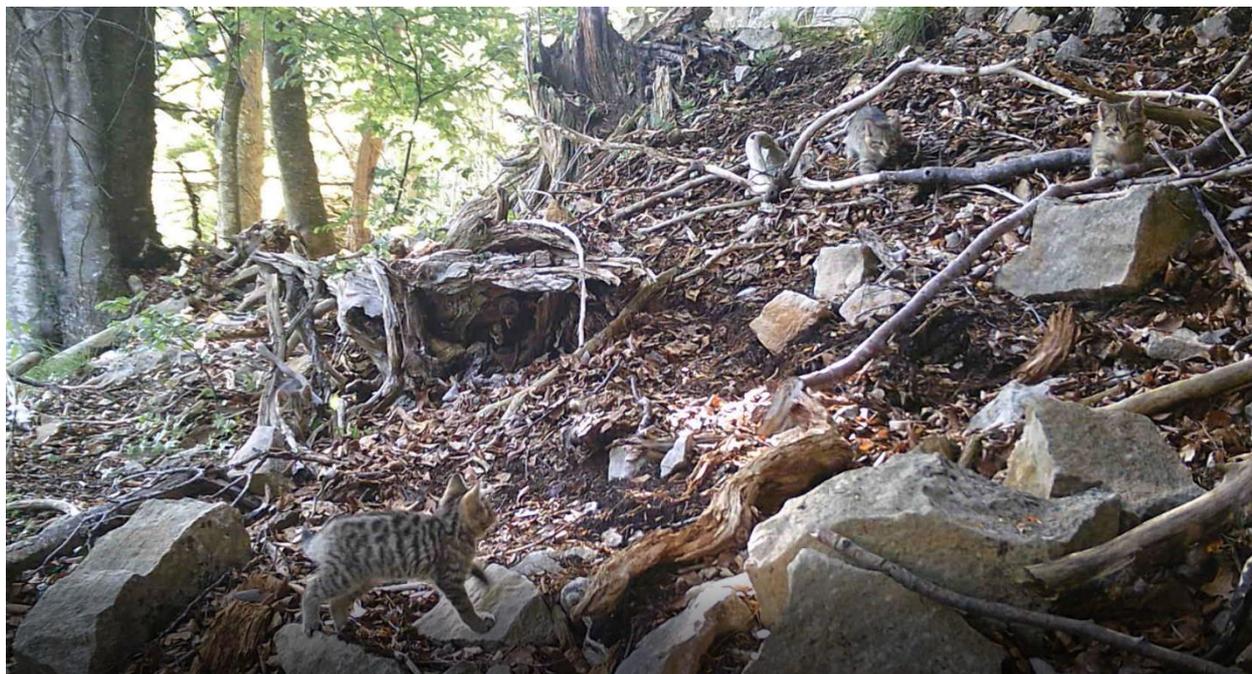
## Wildkatzendichte 2010

Analog zur Wildkatzendichte 2020 haben wir die Wildkatzendichte 2010 mit einem räumlichen Fang-Wiederfangmodell geschätzt. Dabei verwendeten wir die Daten aus Nussberger et al. (2013a) und Kéry et al. (2010). Damit schätzen wir den Wildkatzenbestand 2010 auf 393 Individuen (95%-Vertrauensbereich: 50 - 17'400 Individuen, 80%-Vertrauensbereich: 82 - 1'169 Individuen).

## Entwicklung der Wildkatzendichte im Jura gegenüber 2010

Mit dem räumlichen Fang-Wiederfang Modell schätzten wir, dass der Wildkatzenbestand von knapp 400 Individuen im Jahr 2010 auf 1100 Individuen im Jahr 2020 gestiegen ist. Dies entspricht mehr als einer Verdoppelung des Gesamtbestandes.

Diese deutliche Bestandszunahme liegt nicht daran, dass die Stichprobe in der ersten Erhebung auf den Jura beschränkt war und in der zweiten Erhebung auf Mittelland und Voralpen erweitert wurde. Wenden wir die räumlichen Fang-Wiederfangmodelle nur auf die Daten aus dem Jura an (aus dem gemeinsamen Untersuchungsraum der Erst- und Zweiterhebung) so ist auch hier eine deutliche Zunahme des Bestandes festzustellen: Der geschätzte Wildkatzenbestand stieg von 393 Individuen im Jahr 2010 auf 676 Individuen im Jahr 2020. Dies entspricht innerhalb des Juras einer Bestandszunahme um den Faktor 1.7. Das Mittelland und die Voralpen galten bis 2010 *a priori* als wildkatzenfrei. Damals gab es nur vereinzelte Sichtnachweise ausserhalb des Juras. Einerseits waren diese nicht genetisch abgesichert und andererseits lagen sie auch nur knapp ausserhalb des Juras. Eine Beprobung der Flächen im Mittelland und in den Voralpen in der Ersterhebung hätte somit kaum bedeutend mehr Wildkatzen nachweise gebracht.



Bestandszunahme im kleinsten Rahmen: Vier gut getarnte Wildkätzchen im Aargauer Jura. © Lars Begert

## Hybridisierungsgrad zwischen Wild- und Hauskatzen 2020

Im Rahmen des Monitorings (reguläre Flächen und Zusatzflächen) wurden 68 Individuen mit Wildkatzen genen nachgewiesen. Davon trugen 10 Individuen auch Hauskatzen gene und waren somit Hybriden. Der Hybridenanteil in der Wildkatzenpopulation beträgt folglich **15%**. Der Hybridenanteil steigt auf 23,5%, wenn Hybridisierungsereignisse, die weiter als drei Generationen zurückliegen, mitberücksichtigt werden. Denn 6 Wildkatzen zeigten wildkatzentypische nuklear-DNA und hauskatzentypische mitochondrial-DNA. Dies spricht für Einkreuzungen, die über mindestens drei Generationen zurückliegen. Wie weit zurück diese Einkreuzungen tatsächlich liegen, kann allerdings nicht bestimmt werden. Es könnte sich zum Teil sogar um sogenannte «ancient polymorphisms» handeln, d.h. Genvarianten, welche Wild- und Hauskatzen noch von ihren gemeinsamen Vorfahren teilen.

Auf Populationsebene wird die Hybridisierungsrate sinnvollerweise in Genfluss zwischen den Wild- und Hauskatzenpopulationen ausgedrückt, wobei die Masseinheit der Migrantanteil in der Population pro Generation ist. Der Genfluss von Hauskatzen zu Wildkatzen liegt aktuell bei einem Anteil von **0.033** ( $\pm 0.0115$ , 95%-Konfidenzintervall) Migranten pro Generation. Der Genfluss von Wildkatzen zu Hauskatzen liegt bei **0.003** ( $\pm 0.003$ , 95%-Konfidenzintervall).

Sieben Hybriden wurden im Jura nachgewiesen, drei im Mittelland (Abb. 6). Die Zufallsproben ermöglichten einen weiteren Hybridennachweis im Mittelland (Abb. 7). Es besteht zwar ein Trend, wonach Hybriden eher in tiefen und siedlungsreichen Quadranten vorkommen (Höhe  $p=0.06$ , Siedlungsanteil  $p=0.2$ , Waldanteil  $p=0.63$ , in einem Modell für Hybriden, analog zum in Tab. 2 beschriebenen Modell für Wildkatzen). Aber die Anzahl Hybriden ist zu gering, um statistisch gesicherte Aussagen zu erlauben.

Auffallend ist auch die geringe Anzahl Hauskatzen nachweise in den Kantonen Waadt und Neuenburg.

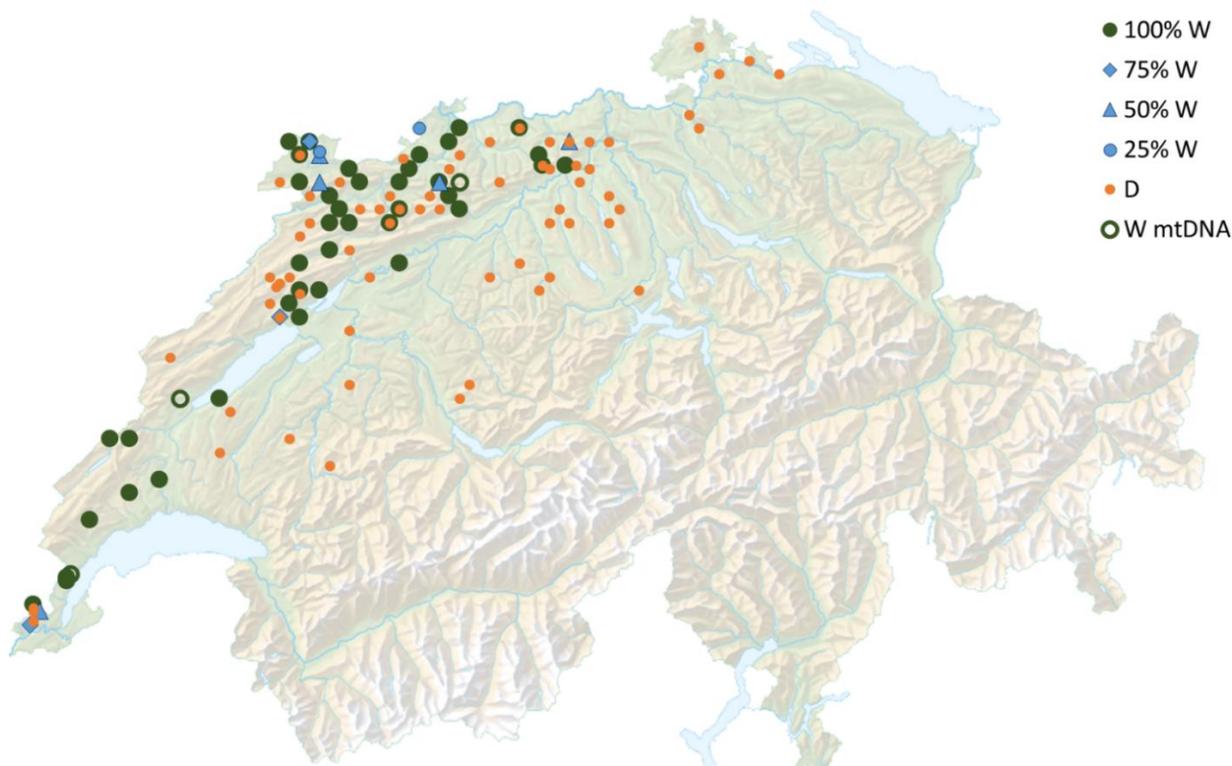


Abb. 6: Monitoring-Fundorte von Wildkatzen (W, grüne grosse Punkte), Hauskatzen (D, orange kleine Punkte) und Hybriden (blau): 75%-Wildkatzen (Rechtecke) 50%-Wildkatzen (Dreiecke), 25%-Wildkatzen (Punkte). Grüne Kreise geben Standorte an, an denen wildkatzentypische mtDNA nachgewiesen wurde, aber ungenügend nuklear-DNA vorliegt für eine genauere Aussage zur Katzenkategorie.

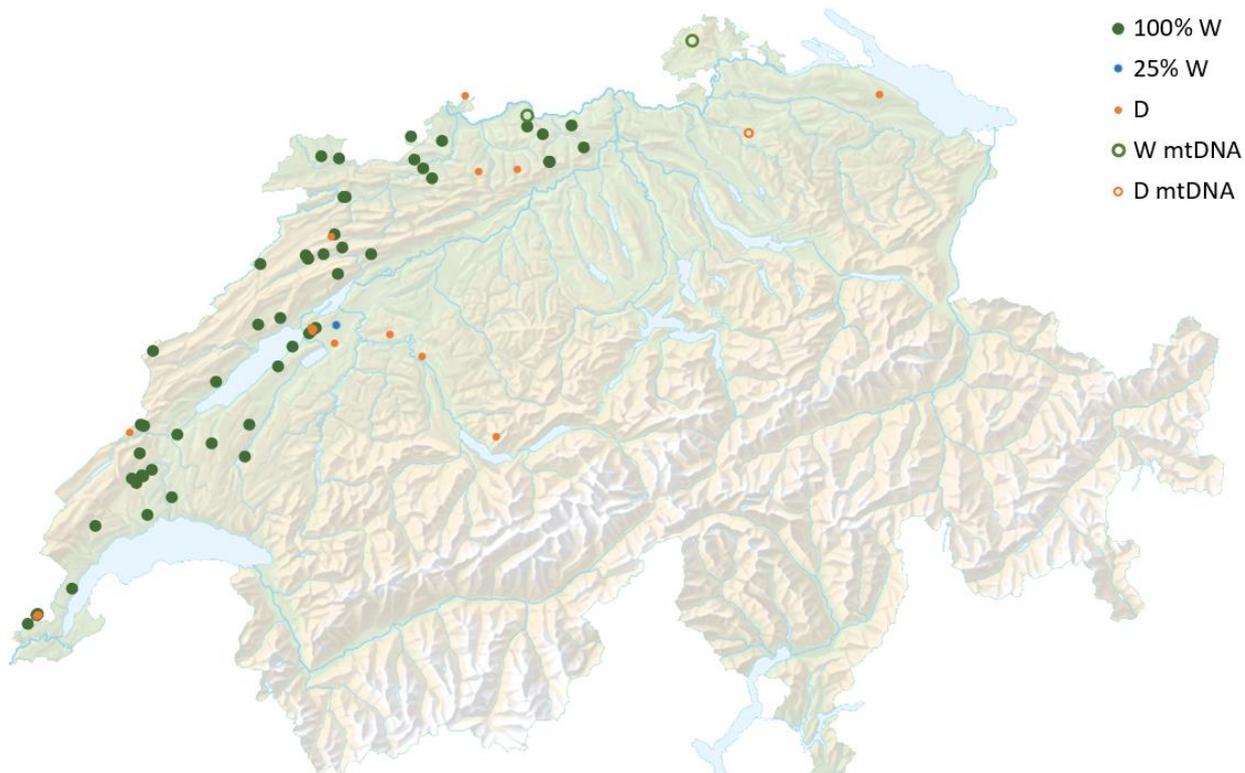


Abb. 7: Zufallsproben-Fundorte von Wildkatzen (W, grüne grosse Punkte), Hauskatzen (D, orange kleine Punkte) und Hybride 25%-Wildkatze (blauer Kreis). Der grüne Kreis zeigt den Standort, an dem wildkatzentypische mtDNA nachgewiesen wurde, aber ungenügend nuklear-DNA vorliegt für eine genauere Aussage zur Katzenkategorie. Der orange Kreis steht analog für hauskatzentypische mtDNA.

Methodisch interessant zu bemerken ist, dass der Hybridenanteil deutlich geringer ausfällt, wenn die Berechnung mit den Zufallsproben statt mit den Monitoring-Haarproben berechnet wird. Von den 56 Wildkatzen aus den Zufallsproben war ein Individuum eine «25%-Wildkatze», d.h. eine Rückkreuzung aus einer Erstgeneration-Hybridin und einem Hauskater. Sechs der übrigen 55 Wildkatzen trugen eine hauskatzentypische mtDNA. Der Hybridenanteil beträgt mit dieser Stichprobe folglich 1.8%, bzw. 12.5%, wenn die 6 Wildkatzen mit hauskatzentypischen mtDNA als Hybriden gezählt werden. Diese Hybridisierungswerte sagen jedoch wenig über die Häufigkeit von Hybriden aus. Sie verdeutlichen vielmehr, dass die Hybridenanteile, basierend auf zufällig gesammelten Totfund-Proben (Zufallsproben), nicht zwingend repräsentativ sind für die ganze Population. Während die Monitoring-Proben systematisch und ohne methodische Verzerrung («bias») über die ganze Fläche erhoben wurden und somit repräsentativ für die ganze Schweizer Wildkatzenpopulation sind, kam es bei den Zufallsproben offensichtlich zu einer Verzerrung. Womöglich fällt die Beprobung anhand Zufallsfunde zu Ungunsten der Hybriden aus, weil Katzen, die wildkatzen-untypische Fellmerkmale aufweisen, kaum zur genetischen Untersuchung eingeschickt werden und Hybriden wahrscheinlich häufiger als Wildkatzen solche wildkatzen-untypische Fellmerkmale aufweisen.

## Entwicklung des Hybridisierungsgrads gegenüber 2010

Insgesamt ist die Hybridisierungsrate in den letzten zehn Jahren in einer ähnlichen Grössenordnung geblieben. Der Hybridenanteil in der Population sank von ca. 20% auf ca. 15%. In der Zweiterhebung waren die Hybriden aber vermehrt Erstgeneration-Hybriden, wodurch der Anteil an Hauskatzen in der Wildkatzenpopulation nun tendenziell höher ist. Die Hybridisierungsrate (Anteil Hauskatzen-Migranten in der Wildkatzenpopulation) ist denn auch von 0.02 auf 0.03 gestiegen. Zum Vergleich: in einem grösseren Datenset aus der Jura-Population, das auch systematisch erhobene Proben aus Frankreich enthielt und von 1990 bis 2015 gesammelt wurde, lag der Hybridenanteil bei 12.6% (Nussberger et al. 2018b).

Diese Werte mögen a priori als sehr gering erscheinen. Es gilt jedoch zu beachten, dass der Genfluss von Haus- zu Wildkatze in beiden Erhebungen fünf- bis zehnmal grösser war als umgekehrt und dass bereits mit diesen vermeintlich geringen Hybridisierungswerten sich die Wildkatze über die nächsten Jahrhunderte zunehmend der Hauskatze angleichen könnte, wie dies in Schottland in den letzten Jahrzehnten der Fall war (Beaumont et al. 2001, Howard-McCombe et al. 2021). Anhand der Hybridisierungswerte aus der ersten Erhebung des Schweizer Wildkatzenmonitorings simulierten Quilodrán et al. einige Szenarien, wie sich die Hybridisierung in Zukunft entwickeln könnte (Abb. 8, angepasst aus Quilodrán et al. 2020). Es zeigte sich dabei, dass der Hybridenanteil in 100 Jahren – je nach Szenario – zwischen 21 und 57% liegen könnte. Es lohnt sich deshalb, die Hybridisierung weiterhin systematisch zu überwachen und nach Möglichkeit die Hybridisierungsereignisse einzudämmen.

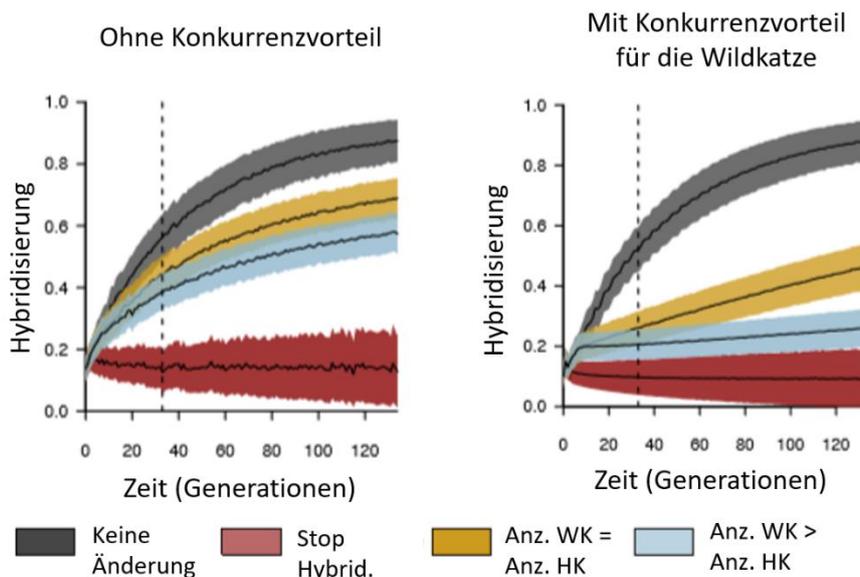


Abb. 8: Vier Entwicklungs-Szenarien der Hybridisierungsrate über 140 Katzengenerationen (oder 420 Jahren; eine Katzengeneration entspricht 3 Jahren), links ohne, rechts mit Berücksichtigung eines Konkurrenzvorteils für die Wildkatze. Grau: die Parameterwerte des Simulationsmodells ändern sich nicht gegenüber der Ausgangslage, d.h. Hauskatzen bleiben in Überzahl gegenüber den Wildkatzen, Rot: die Kreuzung zwischen Wild- und Hauskatzen wird gänzlich unterbunden, Gelb: die Anzahl Wildkatzen gleicht sich der Anzahl Hauskatzen an, Blau: die Anzahl Wildkatzen übersteigt die Anzahl Hauskatzen. Aus Quilodrán et al. 2020

Die vermehrte Beobachtung von Erstgeneration-Hybriden während der Zweiterhebung passt zum Szenario, wonach die Wildkatze aktuell vermehrt in neue Gebiete dringt, wo bisher vor allem Hauskatzen vorkamen und Wildkatzen-Geschlechtspartner noch selten sind. Theoretisch werden eher Paarungen zwischen Wildkatzenmännchen mit Hauskätzin erwartet als umgekehrt. Dies weil Männchen grössere Wanderungsdistanzen zurücklegen als Weibchen und somit eher aus dem angestammten Wildkatzengebiet gelangen und weil Wildkater vermutlich konkurrenzstärker sind gegenüber Hauskater. In unserer kleinen Stichprobe von vier Erstgenerationshybriden hatten allerdings zwei Individuen eine Wildkatzenmutter. Dies zeigt, dass die Hybridisierung durchaus auch zwischen Hauskater und Wildkätzin geschieht.

## Bevorzugte Lebensräume von Wild- und Hauskatzen

Wie sich die Hybridisierung entwickelt, hängt vom Verhältnis der Bestandsgrößen der Wild- und Hauskatzen und von der räumlichen Überlappung der beiden Arten ab. Denn es ist anzunehmen, dass je unausgewogener das Zahlenverhältnis und je näher die Arten beieinander leben, desto eher kann es gelegentlich zu interspezifischen Paarungen kommen. Darum ist es relevant herauszufinden, ob die beiden Katzenarten unterschiedliche Lebensräume nutzen. Émilie Berberat hat in ihrer Masterarbeit an der ETHZ die Daten aus dem Wildkatzenmonitoring untersucht, um allfällige Habitat-Präferenzen von Wild- und Hauskatzen zu entdecken (Berberat 2021). Mit dem Datensatz des Wildkatzenmonitorings, in dem nicht nur Präsenz-Daten, sondern auch Absenz-Daten systematisch erhoben wurden, erstellte sie detaillierte Habitatmodelle für Wild- und Hauskatzen. Nachfolgend werden die wichtigsten Ergebnisse daraus geschildert.

Wild- und Hauskatzen sind mehrheitlich räumlich getrennt. In einer Stichprobe von 194 Flächen wurden lediglich auf 6 Flächen beide Katzenarten nachgewiesen. Auf 39 Flächen wurden ausschliesslich Wildkatzen, auf 49 Flächen ausschliesslich Hauskatzen nachgewiesen. Das heisst, in 13% der Flächen mit Wildkatzenachweise wurden auch Hauskatzen nachgewiesen. Dieses Ergebnis wird von den zusätzlich erhobenen Daten (Ajoie, Yverdon und Kerzers) bestätigt: Aus 29 überwachte Flächen kamen nur an 3 Flächen beide Arten vor, an 24 Flächen wurden ausschliesslich Wildkatzen nachgewiesen. Auch die Daten der Fotofallen (an 28 Flächen) zeigten ein solches Muster: auf 7 Flächen kamen beide Arten vor (wobei die Hauskatzen meist nur einmal vorbeikamen, ohne zu markieren), während an 17 Flächen ausschliesslich Wildkatzen und auf 1 Fläche nur Hauskatzen nachgewiesen wurden.

Wildkatzen meiden menschliche Infrastrukturen, sie bevorzugen bewaldete Gebiete. Die Wahrscheinlichkeit eines Wildkatzenvorkommens steigt mit zunehmender Distanz zu den Gebäuden, mit abnehmender Lichtverschmutzung (beides Indikatoren für menschliche Besiedelung) und mit abnehmendem Stickstoffeintrag (als Indikator für die Intensität der Bodennutzung, insbesondere durch die Landwirtschaft).

Hauskatzen bevorzugen wenig bewaldete Gebiete, sie meiden grössere Waldflächen. Hauskatzen kommen in Flächen mit geringeren Wintertemperaturen seltener vor (Indikator korreliert mit Höhe und Schneemenge).

Die Vorkommenswahrscheinlichkeit der Wildkatzen nimmt ab, wenn die Hauskatzendichte steigt und die Vorkommenswahrscheinlichkeit der Hauskatzen nimmt ab, wenn die Wildkatzendichte steigt (GLM-Modelle:  $p$  zwischen 0.03 und 0.17).

Die beiden Arten begegnen sich vor allem in Übergangsbereichen zwischen Wald und Offenland, in denen der Waldanteil gering, aber der Waldrandanteil hoch ist und in denen die Lichtverschmutzung gering ist.

Diese Ergebnisse bestätigen, dass die Auswahl der Parameter «Höhe», «Siedlungsanteil» und «Waldanteil» in den GLM-Modellen für die Verbreitungs- und Dichteschätzungen sinnvoll war.

## Zufallsproben

Die Zufallsproben können helfen, die Wildkatze auch in Gebieten nachzuweisen, wo sie (noch) nicht in grossen Dichten etabliert ist und somit durch die zeitlich und räumlich groben Maschen des Monitorings fällt. So brachte eine Zufallsprobe im Kanton Schaffhausen den bisher östlichsten Wildkatzenachweis in der Schweiz (Abb. 7). Einige weitere «Verdachts-Wildkatzen» östlich der Aare entpuppten sich als Hauskatzen. Auch die als «Hybridenverdachtsfälle» eingegangenen Katzen von Privaten waren alle Hauskatzen.

Nebst den Zufallsproben erhielten wir auch verschiedene Fotofallenbilder mit sogenannten «phänotypischen Wildkatzen» – Katzen, die wie Wildkatzen aussehen. Hier zeigen wir Katzen-Bilder von zwei Standorten am Rand der aktuellen Wildkatzenverbreitung, wo auch Haarproben mit Baldrian-Lockstöcken genommen werden konnten (Abb. 9 und 10). Sie können als anekdotische Hinweise auf die fortschreitende Ausbreitung interpretiert werden.

Im November 2020 wurde eine phänotypische Wildkatze im Freiburger Mittelland (Montet Glâne) mehrmals an einer Fotofalle nachgewiesen (Abb. 9). Die genetische Analyse einer Haarprobe dieses Individuums bestätigte, dass es sich um eine Wildkatze handelt. Der Standort war im Frühjahr 2020 Teil der regulären Monitoring-Stichprobe, zu diesem Zeitpunkt gelang aber noch kein Nachweis.



Abb. 9: Phänotypische Wildkatze im Freiburger Mittelland. Fotofallen-Aufnahme © Xavier Merz.

Auch im Berner Mittelland, in der Nähe von Kerzers verriet eine Fotofalle im November 2020 eine phänotypische Wildkatze (Abb. 10). Um den Stand der effektiven Wildkatzenausbreitung in diesem Gebiet zu dokumentieren, haben wir dort im Dezember 2020 insgesamt 8 Baldrian-Latten über 2 km<sup>2</sup> verteilt aufgestellt. Die Latten wurden 10-mal in 2-Wochen-Abständen kontrolliert. Damit konnten gleich 5 unterschiedliche Individuen, inkl. ein Erst-Generation-Hybrid, in diesem Gebiet wiederholt nachgewiesen werden. Dies ist ein Indiz für eine etablierte Population im Raum Kerzers. Ein weiteres anekdotisches Indiz dafür sind zwei Funde von (vermeindlich?) verwaisten Wildkätzchen in den Nachbardörfern Kallnach (BE) und Golaten (BE) im Sommer 2021.



Abb. 10: Phänotypische Wildkatze im Berner Mittelland. Standbilder aus Video-Aufnahme © Kurt Grossenbacher

Drei Zufallsproben von privat gestellten Lockstöcken (Langenbruck BL, Ramsflue AG, Tösstal ZH) enthielten zu wenig Katzen-DNA für eine Artbestimmung. Sie stammten sehr wahrscheinlich gar nicht von Katzen, da auch die mtDNA-Analyse kein Ergebnis brachte.

### Zusätzliche Proben

Auf den 17 Flächen in der Ajoie wurden 23 Wildkatzenindividuen (12 per Fotofalle) und ein Hybrid (75% Wildkatze) genetisch individuell erkannt. Im Raum Yverdon waren es 9 Wildkatzen (7 per Fotofalle) und ein Hybrid (25% Wildkatze). In Kerzers wurden 4 Wildkatzenindividuen und ein Hybrid (50% Wildkatze) nachgewiesen. Aufgrund dieser Daten konnte das Dichtemodell verfeinert werden (siehe Kapitel Wildkatzendichte).

#### Vergleich Nachweise per Fotofallen und per Haarproben-Genetik

Die Fotos von den 28 Lattenstandorte, die mit Fotofallen überwacht waren, bestätigten, dass ortsansässige Katzen mit der Lockstockmethode erfasst werden können. Die Katzen markierten zwar nicht bei jedem Durchgang am Lockstock durch Körperreiben. Von den 19 individuell auf Fotos erkannten Wildkatzen hat jedoch nur ein Individuum (5% der Wildkatzen) nie markiert: dieses Individuum wurde aber auch nur einmal fotografiert. Möglicherweise handelt sich dabei um ein durchstreifendes, nicht ortansässiges Individuum. Markieren bedeutet nicht zwingend, dass genügend gute Haarproben für eine erfolgreiche genetische Analyse hinterlassen werden. An vier Standorten wurden phänotypische Wildkatzen fotografiert, ohne dass ein genetischer Nachweis gelang. Umgekehrt konnten auf fünf Flächen keine Wildkatzen fotografisch identifiziert werden, wobei Wildkatzenindividuen genetisch nachgewiesen wurden.

## Zahlenübersicht

Übersicht der Ergebnisse aus dem Wildkatzenmonitoring:

	2008/10	2018/20
<b>Besetzungsgrad in Jura-Quadraten</b> Anteil der von Wildkatzen besetzten Kilometerquadrate in der biogeographischen Region «Jura» unter Berücksichtigung der Entdeckungswahrscheinlichkeit (95% Konfidenzintervall)	15% (9-24%)	31% (23-42%)
<b>Besetzte Fläche im gesamten Jura</b> Von Wildkatzen besetzte Fläche in der biogeographischen Region «Jura» unter Berücksichtigung der räumlichen Variablen Höhe, Waldanteil und Siedlungsanteil (95% Konfidenzintervall)	223-1302 km <sup>2</sup>	633-1732 km <sup>2</sup>
<b>Wildkatzendichte pro km<sup>2</sup></b> Durchschnittliche Anzahl Wildkatzenindividuen pro km <sup>2</sup> (95% Konfidenzintervall), gemessen an den Stichprobenflächen		0.23 (0.18-0.30)
<b>Hauskatzendichte pro km<sup>2</sup></b> Durchschnittliche Anzahl Hauskatzenindividuen pro beprobte Quadratmeterfläche (95% Konfidenzintervall), gemessen an den Stichprobenflächen		0.47 (0.39-0.56)
<b>Bestandsschätzung</b> Geschätzte Anzahl Wildkatzen in der Schweiz, basierend auf der geschätzten Individuendichte auf der gesamten Untersuchungsfläche	rund 400 Individuen	rund 1100 Individuen
<b>Hybridenanteil</b> Anteil an Hybriden in der Wildkatzenpopulation	20%	15%
<b>Hybridisierungsrate bei Wildkatzen</b> Genfluss von Hauskatze zu Wildkatze, gemessen als Anteil Migranten von der Hauskatzenpopulation zur Wildkatzenpopulation pro Generation (95% Konfidenzintervall)	0.02 (0 – 0.04)	0.03 (0.02 – 0.04)
<b>Hybridisierungsrate bei Hauskatzen</b> Genfluss von Wildkatze zu Hauskatze, gemessen als Anteil Migranten von der Wildkatzenpopulation zur Hauskatzenpopulation pro Generation (95% Konfidenzintervall)	0.006 (0 – 0.02)	0.003 (0 – 0.006)

Übersicht der Monitoring-Stichprobe und der Labor-Rohdaten

<b>Stichprobenquadrate</b>	<b>2008/10</b>	<b>2018/20</b>
<b>Anzahl bearbeitete Stichprobenquadrate</b>	122	281
<b>Anzahl Quadrate mit Wildkatzennachweis (mtDNA)</b>	16 (13%)	48 (17%)
<b>Anzahl Quadrate mit Hauskatzennachweis (mtDNA)</b>	27 (22%)	76 (27%)
<b>Anzahl Quadrate mit Hybridennachweis (nuklear-DNA)</b>	3 (2%)	9 (3%)
<b>Anzahl Quadrate ohne Katzennachweis</b>	76 (62%)	146 (52%)

<b>Laborergebnisse</b>	<b>2018/20</b>
<b>Anzahl gesammelter Haarproben (Probebeutel)</b>	810
<b>Anzahl Haarproben a priori ohne brauchbaren Haarwurzeln</b>	291
<b>Anzahl Haare mit DNA-Quantifikation</b>	1362
<b>Anzahl genotypisierter Haare</b>	525
<b>Anzahl erfolgreich genotypisierter Katzenhaare (mind. mtDNA)</b>	513

## Fazit und Ausblick

### Verbreitung

Wildkatzen haben innert 10 Jahren ihre Ausbreitungsfläche im Jura verdoppelt. Einunddreissig Prozent der untersuchten Jura-Flächen sind aktuell besetzt. Die Art kommt auch ausserhalb des Jurabogens vor, wie es vor allem sporadische Zufallsfunde belegen. Die Wildkatzen sind jedoch im Mittelland und der Alpennordflanke deutlich seltener als im Jura. Die höchste Wildkatzendichte liegt im nördlichen Jura (JU, SO, BL). Auch liegen die meisten Wildkatzen nachweise ausserhalb des Juras noch in der Nähe des Juras. Dies deutet darauf hin, dass die Kolonisierung der Gebiete östlich des Jurabogens erst begonnen hat. Das Mittelland und die Alpennordflanke bieten eine beachtliche Fläche an geeigneten Wildkatzen-Lebensräumen. Eine zukünftige Ausbreitung der Art Richtung Osten scheint deshalb realistisch. Die Wildkatze ist anpassungsfähig und mobil. Sie kann auch grössere Barrieren wie breite Flüsse oder Autobahnen zumindest ab und zu überwinden (Hartmann et al. 2013, Würstlin et al. 2016). Es ist deshalb denkbar, dass sie ihren Weg in die geeigneten, bisher aber noch kaum besiedelten Gebiete früher oder später von selbst findet. Es ist aber auch anzunehmen, dass das dichte Siedlungs- und Verkehrsnetz im Mittelland für die Wildkatze dennoch ein gewisses Hindernis darstellt und so ihre Ausbreitung verlangsamt. Um die Wildkatze in ihrer Ausbreitung in weitere geeignete Gebiete zu unterstützen, ist der Ausbau der ökologischen Infrastruktur sinnvoll. Hilfreich sind intakte Wildtierkorridore sowie vielfältige Landwirtschaftsflächen, die mit Deckung und Nahrung bietenden Strukturen angereichert sind, wie beispielsweise vegetationsreichen Säumen, Hecken, Totholz oder Ufergehölz. Die Wildkatze kann solche Gebiete als Trittsteine oder sogar als Lebensraum nutzen (Jerosch et al. 2018). Unser Vergleich der Habitatmodelle der Erst- und Zweiterhebung im Jura zeigt, dass Wildkatzen grosse Waldgebiete fernab von Siedlungen bevorzugen, sofern die Gebiete noch nicht von Artgenossen besetzt sind. Nach und nach werden aber auch Gebiete mit weniger grossem Waldanteil besiedelt.

### Dichte

Die Wildkatze hat ihren Bestand innert 10 Jahren in etwa verdoppelt, von einigen hundert auf über 1000 Individuen. Die Wildkatzendichte wird im gesamten Untersuchungsperimeter auf 0.23 Individuen pro km<sup>2</sup> geschätzt. Die Hauskatzendichte in diesem potenziellen Wildkatzenlebensraum ist mit 0.47 Individuen pro km<sup>2</sup> doppelt so hoch. Die viel zahlreicheren Hauskatzen, die ihr Streifgebiet nur in den menschlichen Siedlungsgebieten haben, sind darin nicht oder kaum enthalten. Betrachtet man nur den Jura, ist die Wildkatzendichte höher (0.39 Ind./km<sup>2</sup>). Aktuell sind Wildkatzen und Hauskatzen räumlich eher getrennt. Die Vorkommenswahrscheinlichkeit der Wildkatzen nimmt ab, wenn die Hauskatzendichte steigt und umgekehrt. Ob diese Verhältnisse zwischen Wild- und Hauskatzen bei einer anhaltenden Ausbreitung der Wildkatze ins Mittelland weiterhin so bleiben, wird sich bei einer späteren Erhebung zeigen.

### Hybridisierung

Der Anteil an Hybriden in der Wildkatzenpopulation beträgt rund 15%. Die Hybridisierungsrate, gemessen als Genfluss zwischen Hauskatzen und Wildkatzen liegt bei 0,03 Migranten aus der Hauskatzenpopulation in die Wildkatzenpopulation pro Generation. Diese Werte sind ähnlich wie vor 10 Jahren. Eine Hybridisierung dieser Grössenordnung könnte theoretisch ausreichen, um die Wildkatze innert einigen hundert Jahren der Hauskatze anzugleichen, zumindest unter der Annahme, dass die Hauskatzen weiterhin deutlich zahlreicher als Wildkatzen bleiben (Quilodrán et al. 2020). Entscheidend bei der Entwicklung der Hybridisierungsrate ist vor allem das Verhältnis der effektiven Populationsgrössen der

beiden Katzenarten. Ist die Anzahl Hauskatzen deutlich grösser als die der Wildkatzen, nimmt die Hybridisierung massiv zu. Die Hybridisierung steigt langsamer an, wenn die Wildkatzen in grosser Überzahl sind. Es ist denkbar, dass die Hybridisierung in Zukunft zunehmen wird, weil sich die Wildkatze Richtung Mittelland ausbreitet, und weil in den vielen menschlichen Siedlungen des Mittellandes auch besonders viele Hauskatzen leben. Andererseits könnte die Wildkatze vielleicht auch die Hauskatze nach und nach aus den Wäldern verdrängen. Eine Sterilisation, bzw. Kastration von Hauskatzen bleibt so oder so sinnvoll, um einer Zunahme der Hybridisierungsrate entgegenzuwirken. Auch die Anzahl verwilderter Hauskatzen, die im gesamten Wildkatzenlebensraum vorkommen, ist möglichst gering zu halten. Umgekehrt kann die Anzahl der Wildkatzen möglicherweise weiter gesteigert werden, indem der Lebensraum für die Wildkatze optimiert wird.

Die Ergebnisse dieses Monitorings geben dem Bundesamt für Umwelt und den kantonalen Jagdverwaltungen die nötigen wissenschaftlichen Grundlagen, um Entscheide betreffend Management und Schutz der Wildkatze zu fällen.

## Literatur

- Anderson EC, Thompson EA 2002: A model-based method for identifying species hybrids using multilocus genetic data. *Genetics* 160: 1217–1229
- BAFU 2019: Liste der National Prioritären Arten und Lebensräume. In der Schweiz zu fördernde prioritäre Arten und Lebensräume. Bundesamt für Umwelt, Bern. Umwelt-Vollzug Nr. 1709: 99 S.
- Beaumont M, Barratt EM, Gottelli D, Kitchener AC, Daniels MJ, Pritchard JK, Bruford MW 2001: Genetic diversity and introgression in the Scottish wildcat. *Molecular Ecology* 10: 319–336
- Berberat E 2021: Analysis of the differences between habitat characteristics of wildcats and domestic cats in potential wildcat habitats in Switzerland. Master's thesis ETH Zürich
- Duelli P 1994 : Rote Listen der gefährdeten Tierarten der Schweiz. BUWAL, Bern, 97 p.
- Hartmann SA, Steyer K, Kraus RHS, Segelbacher G, Nowak C 2013: Potential barriers to gene flow in the endangered European wildcat (*Felis silvestris*). *Conserv Genet* 14: 413–426
- Howard-McCombe J, Ward D, Kitchener AC, Lawson D, Senn HV, Beaumont M 2021: On the use of genome-wide data to model and date the time of anthropogenic hybridization: An example from the Scottish wildcat. *Molecular Ecology* 30: 3688–3702
- Jerosch S, Kramer-Schadt S, Götz M, Rotha 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
- Kéry M, Gardner B, Stoeckle T, Weber D, Royle JA 2010: Use of Spatial Capture-Recapture Modeling and DNA Data to Estimate Densities of Elusive Animals. *Conservation Biology* 25: 356–364
- MacKenzie DIJD, Nichols GB, Lachman S, Droege J, Royle A, Langtimm, CA 2002. Estimating Site Occupancy Rates When Detection Probabilities Are Less Than One. *Ecology* 83: 2248–2255
- Nussberger B, Weber D, Hefti-Gautschi B, Lüps P 2007: Neuester stand des Nachweises und der Verbreitung der Waldkatze (*Felis silvestris*) in der Schweiz. *Mitteilungen der Naturforschenden Gesellschaft in Bern*, 64, 67–80
- Nussberger B 2013a: Assessing introgression between European Wildcats (*Felis silvestris silvestris*) and Domestic cats (*Felis silvestris catus*). Dissertation an der Mathematisch-naturwissenschaftlichen Fakultät der Universität Zürich. 125 S.
- Nussberger B, Greminger MP, Grossen C, Keller LF, Wandeler P 2013b: Development of SNP markers identifying European wildcats, domestic cats, and their admixed progeny. *Molecular Ecology Resources* 13: 447–460
- Nussberger B, Wandeler P, Weber D, Keller LF 2014a: Monitoring introgression in European Wildcats in the Swiss Jura. *Conservation genetics* 15: 1219–1230. DOI: 10.1007/s10592-014-0613-0
- Nussberger B, Wandeler P, Camenisch G 2014b: A SNP chip to detect introgression in wildcats allows accurate genotyping of single hairs. *Eur J Wildl Res* 60: 405–410
- Nussberger B 2018: BAFU-Wildkatzenmonitoring Schweiz: Anleitung für die Feldarbeit 2018/2020. Bericht zuhanden der FeldmitarbeiterInnen und des Auftraggebers BAFU. Wildtier Schweiz. 13 S.
- Nussberger B, Currat M, Quilodran CS, Ponta N, Keller LF 2018b: Range expansion as an explanation for introgression in European Wildcats. *Biological Conservation* 218: 49–56

Quilodrán CS, Nussberger B, Macdonald DW, Montoya-Burgos JI, Currat M 2020: Projecting introgression from domestic cats into European wildcats in the Swiss Jura. *Evolutionary Applications* 13: 2101–2112. DOI: 10.1111/eva.12968

Sutherland C, Royle JA, Linden DW 2019: oSCR: a spatial capture–recapture R package for inference about spatial ecological processes. *Ecography* 42: 1459–1469

Weber D, Roth T, Huwyler S 2010 : Die aktuelle Verbreitung der Wildkatze (*Felis silvestris silvestris* Schreber, 1777) in der Schweiz. Ergebnisse der systematischen Erhebungen in den Jurakantonen in den Wintern 2008/09 und 2009/10. Hintermann und Weber AG. 23 S.

Würstlin S, Segelbacher G, Streif S, Kohnen A 2016 : Crossing the Rhine: a potential barrier to wildcat (*Felis silvestris silvestris*) movement? *Conserv Genet* 17:1435–1444

## Anhang

Rohdatenübersicht: Das Dokument «WKM\_Datenuebersicht2020\_v1» enthält die Angaben zu Fundort, Funddatum, Finder, Haarprobe, Einzelhaar, Ergebnis Katzenkategorie (Wildkatze, Hauskatze oder Hybrid) und Individuum.