

# Auf den Spuren der Wildkatze (Teil II)

## ein Unterrichtsprojekt des Bio-LK 12 mit dem Senckenberg-Institut

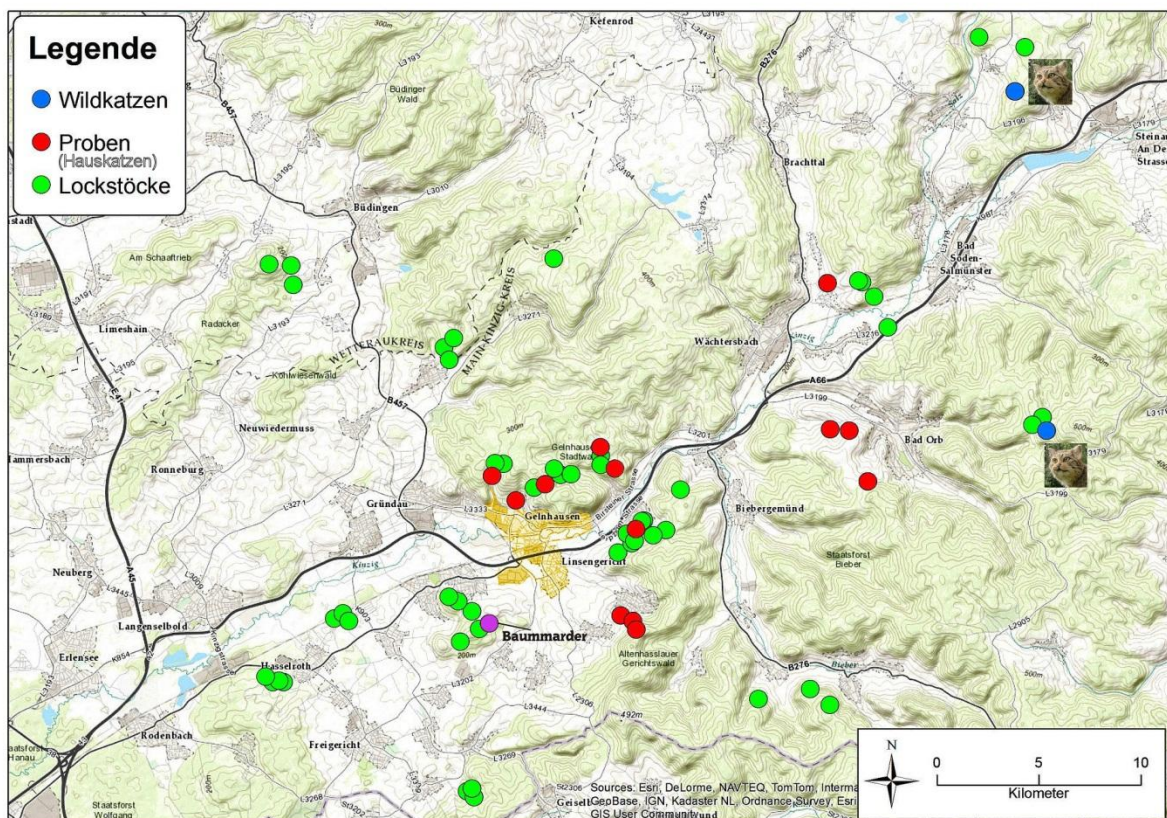
Dieser Artikel stellt die Fortsetzung ersten Beitrags dazu aus dem Mai 2014 dar. Hier werden vor allem die Ergebnisse dargestellt und einige technische Verfahren näher erläutert.

### Ergebnisse in Zahlen und Text:

**20 Schülerinnen und Schüler, 63 ausgebrachte Lockstöcke, 16 Haarfunde, davon 13 Hauskatzen, ein Baummarder und zwei Wildkatzen !**

Der Bio-LK-12 konnte das bereits bewährte Lockstock-Verfahren zum Aufspüren von Wildtieren weitgehend erfolgreich reproduzieren. Auch wenn die Quote von Lockstöcken ohne Fund recht hoch war (und nicht selten zu enttäuschten Schülerinnen und Schülern führte) gab es doch auch bei einem knappen Drittel Material, das zur Untersuchung weitergeleitet werden konnte.

Es gelang, die Wildkatze an zwei verschiedenen Orten nachzuweisen und zwar nördlich und südlich der Kinzig. Hierbei handelte es sich jeweils um männliche Individuen, die allerdings unterschiedliche Herkünfte aufweisen (siehe Übersichtskarte unten).



Im genetischen Fingerabdruck des Individuums bei Kerbersdorf (nördlich von Bad-Soden-Salmünster) zeigten sich Hinweise auf eine osteuropäische Herkunft, während das Tier beim Haseltal (Bad Orb) aus einer Auswilderungsmaßnahme des Freistaates Bayern stammt.

Insgesamt entsprechen die Ergebnisse den Erwartungen. Die Wildkatze bevorzugt größere zusammenhängende Waldgebiete und hält sich von menschlichen Siedlungen fern. Sie benötigt eine abwechslungsreiche Topographie und meidet den eintönigen Bewuchs (z.B. Fichtenmonokulturen). Die Windwurfflächen im oberen Haseltal scheinen dafür sehr geeignet zu sein. In Richtung Rhein-Main Ballungsraum sinkt dafür die Auftretswahrscheinlichkeit.

Dass nicht mehr Wildkatzen nachgewiesen werden, liegt also wohl auch an der Tatsache, dass die Schülerinnen und Schüler sonst sehr weite Wege (neben der ohnehin schon aufwändigen Lockstockbesuche jede Woche) hätten auf sich nehmen müssen.

Der Zufallsfund Baumarder (die seltenere Marderart, auch Edelmarder) genannt, sorgte auch bei den Fachleuten im Institut für Interesse. Und selbst die Hauskatzen können interessante Daten liefern, nämlich dann, wenn sie sich sehr weit von menschlichen Siedlungen entfernen und ggf. Verpaarungen mit der Wildkatze stattfinden (selten).

## Identifizierung mit modernen Methoden:

Schon ein einzelnes Haar kann ausreichen um es eindeutig einem bestimmten Lebewesen zuzuordnen. Doch wie gelingt das technisch ?

Dazu besuchten die Schülerinnen und Schüler des Biologie-LK 12 am 3. Juni die wissenschaftlichen Mitarbeiter im benachbarten Forschungsinstitut Senckenberg und bekamen dort, unter Leitung von Dr. Carsten Nowak, der auch das Gesamtprojekt koordinierte, einen Einblick in die molekularbiologische Analyse der gefundenen Haarproben.

1. Die Haare werden in Mikroreaktionsgefäße überführt.
2. Alle Bestandteile außer dem Erbgut (DNA) werden durch Enzyme über Nacht aufgelöst.
3. Die sehr geringe DNA-Menge wird durch ein molekulares Kopierverfahren(PCR) millionenfach vervielfältigt.
4. Die DNA wird sequenziert, also Baustein für Baustein entschlüsselt.
5. Die Bausteine werden in langen Listen an einen Computer übertragen.
6. Eine Software vergleicht die Sequenzen mit den Referenzproben (DNA von z.B.Tierfunden).  
--> Identifizierung der Art/Rasse

Alternativ kann ein genetischer Fingerabdruck erstellt werden. Damit können dann einzelne Individuen unterschieden werden.



Unten: Mitarbeiter Berardino Cocchiaro an den Thermocyclern.  
Ja, in diesen Geräten wird DNA kopiert !

