

## Sinn und Unsinn einer Differenzierung von Wild- und Hauskatze mit Hilfe genetischer Marker

Sense and non-sense in differentiating wild and domestic cat by genetic markers

THOMAS GEHLE \*<sup>1</sup> und SVEN HERZOG \*<sup>2</sup>

**Zusammenfassung :** Die Bestimmung von Europäischen Wildkatzen (*Felis silvestris silvestris*) erfolgt zunehmend mit Methoden der Molekulargenetik. Für Einzelproben werden aktuell am häufigsten Mikrosatelliten zur Unterscheidung von Hauskatzen (*Felis silvestris catus*) eingesetzt. Am Beispiel von drei ausgewählten Studien wird gezeigt, dass auch diese Methoden analog zur Differenzierung mit Hilfe morphometrischer Merkmale wie Darmlänge, Schädelmerkmale oder Fellzeichnung quantitativ bleiben. Folglich ist eine solche Bestimmung nicht eindeutig. Eine eindeutige und damit qualitative Bestimmung eines Einzeltieres wäre möglich, fände man nur einen einzigen Mikrosatellitenmarker, der bei Wild- und Hausform auf eine jeweils andere genetische Variante fixiert wäre. Dann könnten sogar Hybriden unabhängig von ihrer phänotypischen Vorbestimmung eindeutig von Wild- und Hausform abgegrenzt werden. Doch kann nach den bisher veröffentlichten Ergebnissen genetischer Charakterisierungen von *Felis silvestris* davon ausgegangen werden, dass auch zukünftig keine qualitativen Unterscheidungsmerkmale zwischen Haus- und Wildkatze gefunden werden. Daher sollte einer synoptischen Betrachtung aller bekannten Unterscheidungsmerkmale eine weitaus größere Bedeutung zukommen als Bestimmungsversuchen mit Mikrosatelliten.

**Schlagworte:** Wildkatze, Hauskatze, Artbestimmung, Genmarker, Hybridisierung, *Felis silvestris*, Mikrosatelliten

**Abstract:** The determination of European wildcat (*Felis silvestris silvestris*) and domestic cat (*Felis silvestris catus*) increasingly employs molecular genetic methods. To distinguish between both forms, microsatellites are commonly used. Using three selected studies as an example, it is shown that these methods do not represent qualitative, but quantitative methods, comparable to the differentiation by means of morphometrics such as bowel length, skull characteristics or coat pattern. Consequently, an identification based of such methods is ambiguous: A unique and therefore qualitative determination of a single animal would be possible, if only a single microsatellite marker could be found, being fixed with another genetic variant in the wild and domestic form respectively. This would also allow the identification of hybrids, regardless of their phenotypic prediction. Previously published results of genetic characterization of *Felis silvestris* lead to the hypothesis that no qualitative characters between domestic and wildcats will be found even in future research. Thus, a synoptic view of all known differentiators should play a far more important role than determination experiments with microsatellites.

**Key words:** wildcat, domestic cat, determination, genetic marker, hybridization, *Felis silvestris*, Microsatellites

### Einleitung

Auf der Suche nach Leitarten für Monitoring und Biotopvernetzung haben Naturkunde und Naturschutz die Europäische Wildkatze (*Felis silvestris silvestris*) wiederentdeckt. Für den Nachweis weiterer Vorkommen gewinnen neben der zoologischen Differentialdiagnostik (z.B. Darm-

\*<sup>1</sup> Dr. Thomas Gehle, Referent für Niederwild, Landesbetrieb Wald und Holz, Forschungsstelle für Jagdkunde und Wildschadenverhütung, Pützchens Chaussee 228, D - 53229 Bonn

Correspondence: Thomas.Gehle@wald-und-holz.nrw.de

\*<sup>2</sup> Professor Dr. Dr. Sven Herzog, Wildökologie, Technische Universität Dresden, Piener Straße 8, D - 01737 Tharandt

Correspondence: herzog@forst.tu-dresden.de

länge, Schädelmerkmale, Fellzeichnung) die Versuche enorm an Bedeutung, mit Hilfe der Molekulargenetik Wildkatzen von Hauskatzen zu unterscheiden.

So werden beispielsweise an Lockstöcken gewonnene Haarproben zur Isolation der Katzen-DNA verwendet. Aus der Katzen-DNA werden dann *in vitro* Marker erzeugt, mit deren Hilfe man versucht, Individuen der Wild- oder Hausform zuzuordnen. Als Marker durchgesetzt haben sich sogenannte Mikrosatelliten. Diese Marker werden in der Regel kodominant vererbt (Heterozygote sind erkennbar) und sind zumeist über das gesamte Genom verteilt. Allerdings ist über die Bedeutung der Marker für den Organismus und die Population noch wenig bekannt, da diese DNA-Sequenzen typischerweise nicht kodieren, also kein Genprodukt liefern (vgl. GOLDSTEIN & SCHLÖTTERER 1999).

Über alle Nachweismethoden (z.B. Dokumentation über Fotofallen, phänotypische Bestimmungen von Totfunden) hinweg scheint festzustehen, dass die Wildkatze nicht nur in der Eifel, im Harz oder im Thüringer Wald, im Pfälzer Wald, Westerwald, Hunsrück, Taunus, Kaufunger Wald oder im Alpenvorland überlebt hat, sondern auch im Arnsberger Wald, in Sachsen oder in Brandenburg (STEFEN 2011). Es ist klar, dass immer dann, wenn einer Art erhöhte Aufmerksamkeit zuteil wird, die Zahl der Nachweise entsprechend steigt. Mit jedem neuen Nachweisprojekt scheint sich also das Vorkommen der Wildkatze in Deutschland zu ändern, obwohl tatsächlich wohl meist vorhandene, aber bislang nicht erkannte lokale Vorkommen wieder in Erscheinung treten. Die Hauskatze (*Felis silvestris catus*) kommt dagegen *per se* flächendeckend vor, weltweit ist sie vermutlich das zahlenmäßig häufigste Heimtier (DRISCOLL et al. 2007).

### Systematische Stellung

STEFEN & GÖRNER (2009) geben einen Überblick über die in der Vergangenheit mehrfach revidierte systematische Gliederung der Felidae. So können über das gesamte Areal innerhalb der Art *Felis silvestris* drei Gruppen unterschieden werden: Die europäische Variante (*F.s. silvestris*), die asiatische (*F.s. ornata*) und die afrikanische (*F.s. lybica*). Der umfassendste Versuch einer genetischen Charakterisierung von 979 Hauskatzen im Vergleich zu Wildformen läßt vermuten, dass die europäische Wildkatze (*F.s. silvestris*) auch in Palästina und Südafrika lebte, jedoch vor etwa 10.000 bis 30.000 Jahren durch die Afrikaform ersetzt wurde (DRISCOLL et al. 2007). Von der Afrikaform soll unsere Hauskatze abstammen, aber auch diese Sichtweise ist nicht unumstritten. Ob sich die Hauskatzen, gewissermaßen die vierte Gruppe (*F.s. catus*), in Europa mit dem Siegeszug der Hausmäuse vor etwa 10.000 Jahren oder mit den Römern ihre Beliebtheit als Heimtier eroberten, wird diskutiert.

### Genetische Differenzierung

Folgt man DRISCOLL et al. (2007), sind Haus- und Wildkatze zwei interfertile Formen innerhalb einer Art. BEAUMONT et al. (2001) beispielsweise diskutieren sehr ausführlich darüber, ob es in Irland überhaupt noch Wildkatzen gibt, ob sie sich nicht in weit größerem Ausmaß erhalten konnten als angenommen und ob sich die Wildkatze der Britischen Inseln von der Wildkatze Mitteleuropas morphologisch abgrenzen lässt. So sollen die Inselkatzen insgesamt dunkler und mit ausgeprägteren Seitenstreifen versehen sein als auf dem Festland. Die Hauskatze soll seit der Eisenzeit, also seit mehr als 2.000 Jahren auf den Inseln vorkommen. BEAUMONT et al. (2001) betonen, dass es notwendig sei, reinrassige Haus- mit reinrassigen Wildkatzen zu vergleichen, um zuverlässige molekulare Marker entwickeln zu können. Doch hätten beide Formen ja schon

sympatrisch gelebt, bevor SCHREBER 1775 die Wildkatze wissenschaftlich beschrieben hätte. Für das eurasische und afrikanische Verbreitungsgebiet sehen die Autoren vollständig sympatrische Vorkommen und stellen fest, dass damit reinrassige Wildkatzen gar nicht mehr zur Verfügung stehen.

So sind denn auch alle bisher veröffentlichten Versuche, einzelne Katzen aufgrund zuvor phänotypisch vorbestimmter Kollektive der Wildform eindeutig zuzuordnen, gescheitert. Denn es konnten in keinem Fall für die Wildform solche genetische Varianten gefunden werden, die nicht auch bei Hauskatzen auftreten und umgekehrt (sog. „private alleles“, diagnostische Genorte). Im Gegenteil, das Fehlen der „private alleles“ spricht für die enge Verwandtschaft und die genetische Ähnlichkeit zwischen Hauskatzen und ihren wilden Ausgangsformen. Je nach Ablauf und Ausmaß historischer und rezenter Hybridisierungsprozesse zwischen Wild- und Hausform (z.B. Introgression, Hybridzonen, vollständige Durchmischung) können die resultierenden Hybrid-schwärme entweder nur durch reproduktive Isolation eingegrenzt werden oder aber sie sind unumkehrbar und als evolutives Element zu akzeptieren (ALLENDORF et al. 2001).

Diesen Zustand zeigt schematisch Abb. 1. Dem Pool an Katzen kann ein Genpool zugeordnet werden (große Kreise). Aus dem Pool aller Katzen werden diejenigen herausgesucht, die wie Wild- oder Hauskatze aussehen (Phänotyp). Unabhängig von ihrem Aussehen hat die Katze bestimmte genetische Varianten (Genotyp, symbolisiert als Quadrat, Kreis, usw.). Man kann folglich weder vom Phänotyp auf den Genotyp schließen noch vom Genotyp auf den Phänotyp. Doch zeigen die Wildkatzen im fiktiven Beispiel häufig die Variante „schwarzes Quadrat“, die Hausform dagegen „weißes Quadrat“. Deswegen können einzelne Individuen zwar nicht zweifelsfrei zugeordnet werden, doch Hausform von Wildform unterscheiden sich genetisch recht deutlich. Denn die unter Wildkatzen seltene Variante „weiße Quadrate“ ist unter Hauskatzen häufig, beide Formen sind deswegen genetisch voneinander differenziert.

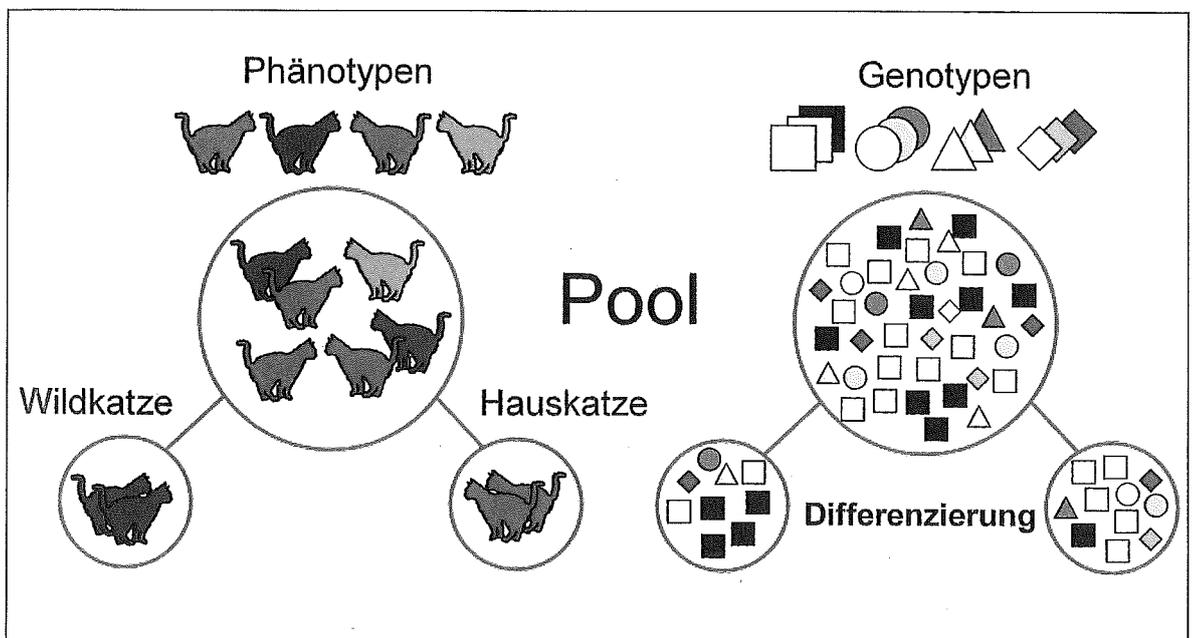


Abb. 1 Stand genetischer Differenzierung von Haus- und Wildkatze (schematisiert).

## Häufigkeitsunterschiede

Wenngleich die „private alleles“ fehlen, lassen sich für die Zuordnung einer Einzelprobe zu einem vorbestimmten Referenzkollektiv die Häufigkeitsunterschiede einzelner genetischer Varianten nutzen. Doch muss eine Zuordnung damit quantitativ bleiben. Beispielhaft soll das Ausmaß der Häufigkeitsunterschiede genetischer Varianten an zwei ausgewählten Mikrosatelliten-Genorten dargestellt werden, die in kleinen Stichproben bei phänotypisch vorbestimmten Haus- und Wildkatzen auftreten können (Abb. 2). Die Daten wurden von ECKERT (2003) übernommen, die mit Hilfe von acht Mikrosatellitenmarkern u.a. eine Einschätzung der Introgression von Wildkatzenvarianten in den Genpool der Hauskatze und umgekehrt vornahm. Angaben darüber, wie viele Tiere konkret nach welcher Methode morphologisch vorbestimmt wurden, ob beispielsweise alle Hauskatzenproben wildfarben waren oder nicht, fehlen ebenso wie nähere Angaben zu 26 im Nordharz gesammelten Proben von Hauskatzen.

Die von ECKERT (2003) in fünf Hauskatzen- und acht Wildkatzenkollektiven gefundenen Varianten (Allele) der beiden Genorte  $Fca_{43}$  und  $Fca_{126}$  ergeben über die Subpopulationen (geografisch getrennt gesammelte Proben aus Harz, Taunus, Eifel) hinweg und sortiert nach ihrer Häufigkeit (Profil) das Bild einer genetischen Profilschar, deren Polymorphismus typisiert werden kann (vgl. LEWONTIN 1985). Die Typisierung der Profilschar richtet sich danach, ob beispielsweise in allen Stichproben immer eine Variante häufig ist und alle anderen sehr selten sind (Minorpolymorphismus) oder aber, ob zwei oder drei häufige Varianten an einem Genort dominieren (Majorpolymorphismus), die Häufigkeit weiterer Varianten muss dann zwangsläufig gering bleiben, da sich alle Häufigkeiten stets zu eins addieren (s. FINKELDEY 1993, HATTEMER et al. 1993).

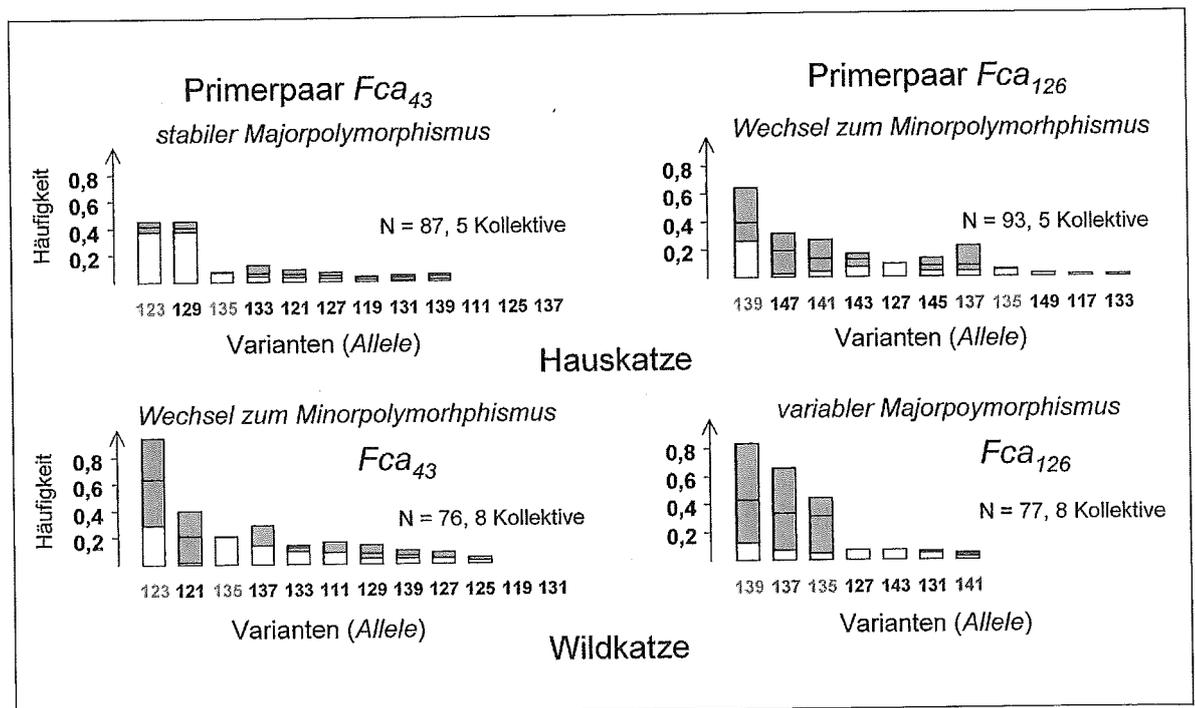


Abb. 2 Polymorphismustypen der Mikrosatelliten-Genorte  $Fca_{43}$  und  $Fca_{126}$  aus ECKERT (2003). Darstellung nach GEHLE (1999) als genetische Profilschar, bei der minimale, maximale und die über alle Kollektive mittlere Häufigkeit als grauer Balken gezeigt wird.

über  
der  
las  
li-  
en  
er-  
on  
ar-  
ob  
re

Neben dieser groben Typisierung lässt sich untersuchen, ob von Kollektiv zu Kollektiv immer dieselben Varianten eines Genortes häufig oder selten bleiben, oder ob die in einem Kollektiv seltene Variante in einem anderen häufig ist, usw. Während also die genetische Variation von  $Fca_{43}$  für die von ECKERT als Hauskatzen vorbestimmten Kollektive insgesamt vergleichsweise stabil bleibt, gilt dies für die Wildkatzenkollektive schon nicht mehr. Obwohl dieselbe Variante unter Haus- und Wildkatzen das häufigste ist, wechselt der Polymorphismustyp. Die genetische Variation von  $Fca_{126}$  zeigt ein ähnliches Bild (Abb. 2). Pro Kollektiv wurden zwischen fünf und 20 Proben genetisch charakterisiert, die Kollektive (Subpopulationen) stammten aus Eifel, Pfalz, Taunus, Solling, Harz, Hainich, Bulgarien, usw.

### Stichprobenumfang

Je nach Dominanzrelation (Vererbungsmodus) werden die häufigen Varianten eines Majorpolymorphismus bereits mit sehr wenigen Proben erfasst (z.B. bei Überdominanz), seltene Varianten eines Minorpolymorphismus erst bei extrem großem Stichprobenumfang (HATTEMER et al. 1993, GEHLE & HERZOG 2003). Und je stärker die Häufigkeiten variieren, je öfter zwischen den Kollektiven die häufigsten Varianten wechseln, desto ungeeigneter sind diese genetischen Varianten für die quantitative Zuordnung zur Wild- oder Hausform (vgl. Abb. 1).

Hinzu kommt, dass die Entdeckungswahrscheinlichkeit einer genetischen Variante nicht nur vom Polymorphismustyp des Genortes abhängt, sondern gerade für seltene Varianten vom Stichprobenumfang. Am Beispiel der Arbeiten von BEAUMONT et al. (2001), ECKERT (2003) und LECIS et al. (2006) soll gezeigt werden, wie sehr die Anzahl detektierter Varianten von der Anzahl untersuchter Katzen abhängt (Abb. 3). Selbst bei über 150 Proben pro Kollektiv ist noch mit dem Auftreten bislang unbekannter Varianten zu rechnen. Die meisten Stichproben bleiben jedoch weit unter 50 beprobten Individuen.

en  
en  
ch  
rt  
ob  
en  
rt  
ig  
3-

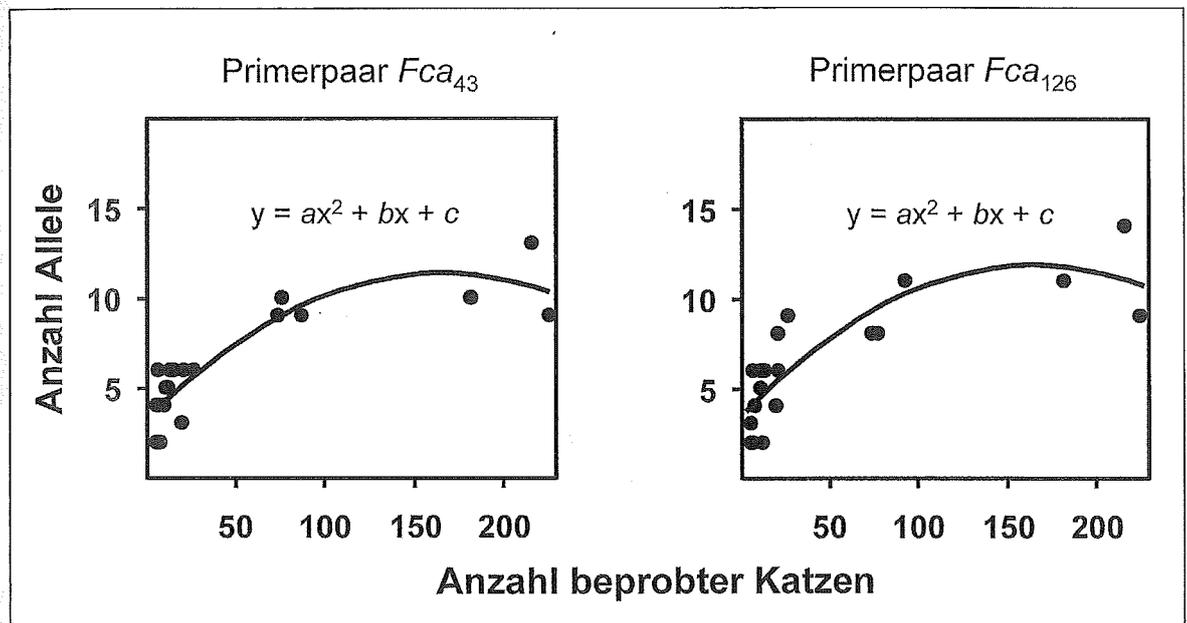


Abb. 3 Abhängigkeit der Anzahl genetischer Varianten (Allele, Mikrosatellitenmarker) von der Anzahl beprobter Wild- und Hauskatzen. Reanalyse nach BEAUMONT et al. (2001), ECKERT (2003) und LECIS et al. (2006). Ausgleichsfunktion als Polynom zweiter Ordnung.

3

Diese drei Arbeiten sind insofern miteinander vergleichbar, als sie sich auf bereits für die Hauskatze bekannte Marker von MENOTTI-RAYMOND & O'BRIEN (1995) stützen. Die Autoren charakterisierten zehn Mikrosatellitenmarker und benannten sie mit *Fca* (von *Felis catus*) und einer Indexzahl, welches das jeweils eingesetzte Primerpaar typisierte. Diese Mikrosatelliten bestehen aus Repeats einer je nach Primerpaar unterschiedlichen Anzahl amplifizierter Dinukleotide (15 bis 24) aus der sich ein unterschiedlich langes PCR-Produkt ergibt (130 bis 231 bp). Auf diese Arbeit folgte eine umfassende Kartierung von 254 Mikrosatellitenmarkern der Hauskatze (MENOTTI-RAYMOND et al. 1999).

### Diskussion und Folgerungen

Das bis heute am stärksten differenzierende Merkmal zwischen Haus- und Wildkatze ist die Darmlänge. STEFEN & GÖRNER geben 2009 dazu eine umfassende Literaturübersicht und stellen fest, dass es bislang weder eine vergleichende Studie über die Darmlänge von reinen Hauskatzen und verwilderten Hauskatzen, noch einen solchen Vergleich zwischen Wildkatzen aus Tiergehegen und der freien Wildbahn gibt. Denn nicht allein die Vererbung, sondern auch die Ernährung entscheidet über die Darmlänge.

Analog dazu muss auch die Differenzierung mit molekularen Markern am Einzeltier unscharf bleiben, da diagnostische Marker im Sinne von „Privatvarianten“ unter vorbestimmten Kollektiven fehlen. Deswegen hängt die Güte, d.h. die „Eindeutigkeit“ einer genetischen Charakterisierung am Individuum erstens davon ab, wie eindeutig die dazu notwendige, phänotypische Vorbestimmung von Referenzkollektiven vorgenommen werden kann und zweitens, wie sehr sich genau diese Referenzkollektive genetisch voneinander unterscheiden.

Auf diese Grundvoraussetzung weisen PRITCHARD et al. (2000) ausdrücklich hin. Denn mit Hilfe der von ihnen entwickelten Software STRUCTURE ist es zwar möglich, über die aus den Referenzkollektiven geschätzten Variantenhäufigkeiten diejenige Wahrscheinlichkeit zu berechnen, mit der ein bekannter sogenannter Multilocus-Genotyp in einer neuen Stichprobe auftritt. Individuen unbekannter Herkunft werden dann entsprechend zugeordnet.

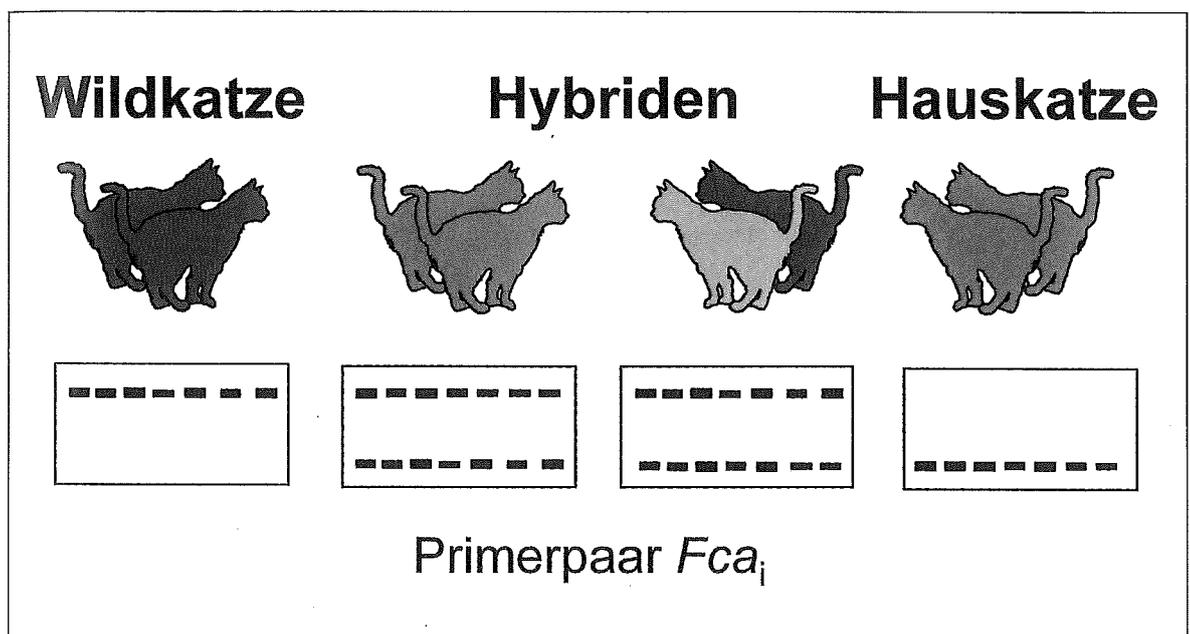
Doch bleibt diese Zuordnung solange lediglich ein quantitatives Merkmal, bis ein qualitatives Merkmal („private allele“) gefunden wird. Auf diesen Umstand kann nicht eindringlich genug hingewiesen werden, wenn man bedenkt, welche hohe Akzeptanz die Software STRUCTURE in der angewandten Molekulargenetik nach ihrer Publikation erfahren hat. Anwendungen des Programms STRUCTURE sollen eine Zuordnung von Individuen zu Populationen ermöglichen, Hybridzonen aufzeigen oder Migranten detektieren. PRITCHARD et al. (2000) gehen davon aus, dass bereits wenige Genorte für genaue Zuordnungen ausreichen und zeigen dies am Beispiel der in Kenia gefährdeten Taitadrossel (*Turdus helleri*), die mit Hilfe von nur sieben Mikrosatelliten-Genorten charakterisiert wurde.

Insofern ist der molekulargenetische Nachweis, es handle sich bei einer unbekanntem Gewebeprobe um die einer Wildkatze, so gut oder so schlecht wie etwa die Messung der Darmlänge. Demgegenüber zeigt gerade die Diskussion in der Fachliteratur über die Frage der „Reinheit“ von Haus- und Wildkatze, dass es allen Grund zu der Annahme gibt, für die beiden Kollektive gar keine „Privatvarianten“ mehr zu finden (vgl. BEAUMONT et al. 2001). Denn wenn man davon ausgeht, dass die Wildkatze, so wie sie bisher als wilde Form von *Felis silvestris* angesehen wird, in Deutschland weit häufiger vorkommt als erwartet und andererseits die Hausform von *Felis sil-*

*vestris* in ungeahntem Ausmaß über die Jahrtausende verwilderte, wäre gerade zu erwarten, dass es zwar zwischen beiden Formen genetische Unterschiede gibt, diese Unterschiede sich jedoch für eine eindeutige Zuordnung eines Einzeltieres ebensowenig eignen wie die Darmlänge, kraniale Merkmalskombinationen oder die Fellzeichnung. Dass unter solchen Verhältnissen Hybriden vorkommen, erleichtert nicht gerade die Differenzierungsversuche allein über genetische Profile.

Demgegenüber wäre ein monomorpher Marker, der bei Wild- und Hausform auf eine jeweils andere genetische Variante fixiert ist, in höchstem Masse für eine qualitative Differenzierung geeignet. Genau eine einzige solche Privatvariante reichte aus, um sogar Hybriden eindeutig zuzuordnen. Hybriden wären unabhängig von ihrem Aussehen daran erkennbar, dass sie beide für Haus- und Wildform fixierte Varianten aufwiesen (Abb. 4). Dabei ist jedoch wiederum zu bedenken, dass diese eindeutige Zuordnung nur bei  $F_1$  Hybriden möglich ist.

Solange also ein solcher Marker, welcher entweder (im Idealfall) monomorph an einem Genort auftritt oder aber wenigstens in zwei hinreichend großen (!), jeweils morphologisch-anatomisch als Wild- bzw. Hauskatze identifizierten Kollektiven in Gestalt einzelner Allele auftritt, welche ausschließlich in einem der beiden Kollektive vorkommen („private alleles“), nicht existiert, ist eine Genotypisierung zur Artunterscheidung zwar keineswegs sinnlos. Man kann dieser allerdings derzeit auch keinen höheren Stellenwert einräumen, als er auch den traditionellen, morphologischen bzw. anatomischen Merkmalen zukommt. Eine eindeutige Zuordnung eines Einzeltieres ist daher, anders als es gewisse Vorstellungen in der Laien- aber auch in Teilen einer Fachöffentlichkeit suggerieren, derzeit nicht möglich.



**Abb. 4** Hybridzuordnung bei Fixierung (qualitative Zuordnung). Selbst dann, wenn kein weiteres Primerpaar derartige Amplifikate (Bandenmuster) zeigt (vgl. Abb. 2), ist bei eineindeutiger Beziehung mit einem solchen Marker zweifelsfrei jede Katze zu kategorisieren, und zwar völlig unabhängig vom Phänotyp, obwohl die Amplifikate zuvor ausschließlich mit Hilfe von Phänotypen gruppiert wurden. Zur Visualisierung werden die Amplifikate schematisch im Elektropherogramm als Banden (Spuren) gezeigt.

## Literatur

- ALLENDORF, F. W., LEARY, R. F., SPRUELL, P. & J. K. WENBURG (2001): The problems with hybrids: setting conservation guidelines. – *Trends Ecol. Evol.* 16: 613–622.
- BEAUMONT, M., BARRATT, E. M., GOTTELLI, D., KITCHENER, A. C., DANIELS, M. J., PRITCHARD, J. K. & M. W., BRUFORD (2001): Genetic diversity and introgression in the Scottish wildcat. – *Molecular Ecology* 10, H. 2, 319–336.
- DRISCOLL, C. A., MENOTTI-RAYMOND, M. A., ROCA, A. L., HUPE, K., JOHNSON, W. E., GEFFEN, E., HARLEY, E. H., DELIBES, M., PONTIER, D., KITCHENER, A. C., YAMAGUCHI, N. & S. J. O'BRIEN (2007): The Near Eastern origin of cat domestication. – *Science* 317, 519–523.
- ECKERT, I. (2003): DNA-Analysen zum genetischen Status der Wildkatze (*Felis silvestris*). – Diss. Thesis. Christian Albrechts Universität Kiel. Kiel. 101 S.
- FINKELDEY, R. (1993): Die Bedeutung allelischer Profile für die Konservierung genetischer Ressourcen bei Waldbäumen. – Diss. Thesis. Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung. Universität Göttingen. Göttinger Forstgenetische Berichte Bd. 14. Göttingen. 176 S.
- GEHLE, T. (1999): Reproduktionssystem und genetische Differenzierung von Stieleichenpopulationen (*Quercus robur*) in Nordrhein-Westfalen. – Diss. Thesis. Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung. Universität Göttingen. Göttinger Forstgenetische Berichte Bd. 24. Göttingen. 144 S.
- GEHLE, T. & S. HERZOG (2003): Bestimmung genetischer Strukturen für ein genetisches Monitoring am Beispiel des Rothirsches (*Cervus elaphus*) in Mecklenburg-Vorpommern und Brandenburg. – *European Journal of Wildlife Research* 49, 25–40.
- GOLDSTEIN, D. B. & C. SCHLÖTTERER [Hrsg.;1999]: Microsatellites. Evolution and Applications. – Oxford University Press. 352 S.
- HATTEMER, H. H., BERGMANN, F. & M. ZIEHE (1993): Einführung in die Genetik für Studierende der Forstwissenschaft. – J. D. Sauerländer's Verlag. Frankfurt am Main, 492 S.
- LECIS, R., PIERPAOLI, M., BIRO, Z. S., SZEMETHY, L., RAGNI, B., VERCILLO, F. & E. RANDI (2006): Bayesian analyses of admixture in wild and domestic cats (*Felis silvestris*) using linked microsatellite loci. – *Molecular Ecology* 15, H. 1, 119–131.
- LEWONTIN, R. C. (1985): Population genetics. – *Annual Review of Genetics* 19, 81–102.
- MENOTTI-RAYMOND, M. A. & S. J. O'BRIEN (1995): Evolutionary conservation of ten microsatellite loci in four species of Felidae. *Journal of Heredity* 86, 319–321.
- MENOTTI-RAYMOND, M. A., DAVID, V. A., LYONS, L. A., SCHÄFFER, A. A., TOMLIN, J. F., HUTTON, M. K. & S. J. O'BRIEN (1999): A genetic linkage map of microsatellites in the domestic cat (*Felis catus*). – *Genomics* 57, H. 1, 9–23.
- PRITCHARD, J., STEPHENS, M. & P. DONNELLY (2000): Inference of population structure using multilocus genotype data. – *Genetics* 155, 945–959.
- STEFEN, C. & M. GÖRNER (2009): Die Wildkatze (*Felis silvestris* Schreber, 1777) in Deutschland und Mitteleuropa – zum Stand der Forschung und Konsequenzen für den Schutz. – *Säugetierkd. Inform.*, B. 7, H. 38. 216 S.
- STEFEN, C. (2011): Erster Wildkatzenfund (*Felis silvestris* Schreber 1777) im Vogtland, Freistaat Sachsen und im Land Brandenburg. – *Säugetierkd. Inform.*, B. 7, H. 43, 211–221.