

# Schlussbericht genetisches Kleinsäugermonitoring 2021 - 2023

Thomas Briner, Naturmuseum Solothurn, Klosterplatz 2, 4500 Solothurn  
thomas.briner@solothurn.ch

im Februar 2024

## Einleitung

Die sichere Artbestimmung von Kleinsäugetieren bereitet Forschern seit jeher etliche Schwierigkeiten. Die Folge davon sind regelmässige Anpassungen der Systematik und der Artnamen sowie fehlbestimmte Tiere in Museumssammlungen.

Während langer Zeit wurden Bestimmungsmerkmale auf Morphologischer Ebene (z.B. Zahnmerkmale) und unter Mithilfe der Statistik (z.B. Diskriminanzanalyse von Schädelmassen) gesucht. Später kamen molekularbiologische Labormethoden hinzu (Elektrophorese, Chromosomenmessungen). Breits Ende des 20. Jahrhunderts wurden Methoden zur sicheren Artbestimmung mittels DNA-Analyse entwickelt und in verschiedenen Wiederansiedlungs- und Monitoringprojekten erfolgreich angewandt (Bartgeier, Wildkatze). Diese Analysen waren aber zu Beginn sehr aufwändig und kostenintensiv.

Aufgrund der schwierigen Artbestimmung waren frühere Übersichtswerke über die Verbreitung der Säugetiere in der Schweiz gerade im Bereich der Kleinsäugetiere oft sehr ungenau und nach heutigem Kenntnisstand auch unvollständig. Kommt hinzu, dass die Datenerhebung bei Kleinsäugetieren sehr aufwändig ist, da via Sichtbeobachtung kaum möglich und mittels Fangaktionen räumlich beschränkt und sehr zeitintensiv. Für den neuen Atlas der Säugetiere, welcher zwischen 2014 und 2021 erarbeitet wurde war klar, dass es für eine qualitativ und quantitativ gute Datenerhebung die Mitarbeit von vielen freiwilligen Helfern und eine Unterstützung bei der sicheren Artbestimmung braucht. Am Labor des Instituts für Umwelt und Natürliche Ressourcen an der ZHAW Wädenswil wurde die Methode zur genetischen Artbestimmung von Kleinsäugetieren verfeinert und es konnte für das Atlasprojekt eine Partnerschaft aufgebaut werden. So wurden für das Atlasprojekt insgesamt 3700 Säugetiernachweise (inkl. Fledermäuse) genetisch analysiert. Zum einen aus systematischen Datensammlungen (Projekt „Zeig mir Deine Maus, Katze!“, systematisches Monitoring mit Fangaktionen auf definierten Kilometerquadraten), zum andern aus

Zufallsfunden, welche über die schweizweit verteilten Kompetenzzentren gesammelt wurden.

Das Atlasprojekt zeigte deutlich, dass gerade im Bereich der kleinen Säugetiere nach wie vor eine grosse Wissenslücke besteht und auch im Hinblick auf zukünftige Schutz- und Förderprojekte bei diesen Arten ein Handlungsbedarf besteht. Die Arbeitsgruppe Kleinsäugetiere hat daraufhin unter der Federführung von Michel Blant einen Entwurf für ein systematisches schweizweites Monitoring der Kleinsäugetiere erarbeitet und dem BAFU zur Umsetzung vorgelegt. Trotz grundsätzlichem Wohlwollen konnte das Projekt aufgrund von politischen und finanziellen Hindernissen noch nicht umgesetzt werden. Damit das Netzwerk von Kleinsäugetierinteressierten nicht verloren geht und die Datensammlung bis zu einem allfälligen Start des systematischen Monitorings nicht abreisst, hat die AG Kleinsäugetiere der schweizerischen Gesellschaft für Wildtierbiologie (SGW) ein Konzept zur Überbrückung und zur Fortführung des genetischen Monitorings vorgelegt. Die SGW stellte daraufhin die finanziellen Mittel zur Verfügung, dass in den Jahren 2021-2023 jährlich rund 40 Proben an der ZHAW analysiert werden konnten. Der Aufruf zum Einschicken von Proben wurde 1-2 mal pro Jahr über die Kontaktadressen der AG Kleinsäugetiere lanciert. Die Koordination der Probensammlung und die Kommunikation der Resultate wurde von Thomas Briner übernommen.

In der folgenden Zusammenstellung werden die Resultate aus dem genetischen Monitoring der drei letzten Jahre zusammengefasst.



Dank der finanziellen Unterstützung der SGW konnten rund 40 Kleinsäugerproben pro Jahr genetisch analysiert werden.

Link zum Antrag an die SGW:

[https://naturmuseum-so.ch/app/uploads/2024/02/Antrag-der-AG-Kleinsaeugetiere-zuhanden-der-SGW\\_2021.pdf](https://naturmuseum-so.ch/app/uploads/2024/02/Antrag-der-AG-Kleinsaeugetiere-zuhanden-der-SGW_2021.pdf)

Link zum Konzept für ein genetisches Kleinsäugermonitoring mittels Citizen Science:

[https://naturmuseum-so.ch/app/uploads/2024/02/Konzept-KS-Monitoring-Modul-Citizen-Science\\_Stand-Feb-2022.pdf](https://naturmuseum-so.ch/app/uploads/2024/02/Konzept-KS-Monitoring-Modul-Citizen-Science_Stand-Feb-2022.pdf)

## Durchgeführte Probensammlungen

Aufgrund der beschränkten finanziellen Mittel wurde eine Priorisierung der Arten für die genetische Analyse festgelegt. Die Kriterien für die Priorisierung richteten sich nach der Seltenheit der Arten und deren Nachweise, nach der prioritären Artenliste des Bundes und nach aktuellen Fragestellungen. Die Priorisierung kann je nach biogeografischer Zone unterschiedlich ausfallen und kann sich im Laufe der Zeit verändern.

Im Berichtszeitraum hatten folgende Gruppen Priorität:

- Alpennordseite: *Sorex* aus der Gruppe *araneus/ coronatus/ antinorii*, Gattung *Neomys*, *Microtus agrestis/ lavernedii*, *Apodemus alpicola* (> 1500 m.ü.M.)
- Alpensüdseite: die Gattungen *Sorex*, *Microtus*, *Arvicola* und *Talpa*

Aufgrund der bekannten Priorisierung wurden vornehmlich Proben dieser Artengruppen zur Analyse eingesandt. Vereinzelte Proben zur Verifizierung der Bestimmung von *Microtus*arten (*arvalis/ agrestis*), von *Apodemus*arten (*sylvaticus/ flavicollis*) und von *Crocodyrus russula* wurden ebenfalls analysiert, wobei bei diesen Arten auch Proben aufgrund der Priorisierung zurückbehalten wurden. In gewissen Projekten (Zeig mir Deine Maus Katze, Winterthur; Kleinsäugermonitoring Glarus) wurden die zurückbehaltenen Arten auf eigene Kosten trotzdem analysiert.

Insgesamt wurden in 4 Analysedurchgängen 170 Kleinsäugerproben untersucht. Die gute Zusammenarbeit mit dem Labor der ZHAW machte es möglich, dass neben den Proben im Rahmen des genetischen Kleinsäugermonitorings, finanziert durch die SGW, weitere Proben von Forschern aus dem Netzwerk der AG Kleinsäuger untersucht werden konnten.

Dezember 2021 44 Proben

August 2022 22 Proben

November 2022 64 Proben

(32 Proben auf eigene Kosten mitgeschickt (1 Adrian Dietrich, 3 Monica Marti, 3 Claire Gohard, 25 Bündner Naturmuseum))

Oktober 2023 39 Proben

Von den 170 eingeschickten Proben lieferten 155 ein Resultat. Bei 15 Proben konnte keine oder zu wenig DNA extrahiert werden. Es zeigte sich, dass insbesondere bei der Sammlung von Haarproben grosse Sorgfalt darauf gelegt werden muss, dass tatsächlich genügend Haarwurzeln in der Probe vorhanden sind um eine genügend grosse Menge an genetischem Ausgangsmaterial zu haben.

## Ein grosses Netzwerk

Der Aufruf zur zum Einschicken von Proben erfolgte jeweils über das Netzwerk der AG Kleinsäugetiere. Mitglieder der AG konnten Proben aus eigenen Forschungsprojekten wie auch Proben aus Zufallsfunden, welche durch eine Vielzahl von Privatpersonen abgeliefert wurden einsenden.

Folgende Personen/Institutionen aus der AG Kleinsäugetiere haben Proben eingesandt:

|                                                        |    |
|--------------------------------------------------------|----|
| Adrian Dietrich, UNA Bern                              | 7  |
| Claire Gohard, Naturmuseum Winterthur                  | 13 |
| Fangaktion Faune concept                               | 9  |
| Jürg Paul Müller, Bündner Naturmuseum                  | 6  |
| Lorenzo Vinciguerra, Naturmuseum St. Gallen            | 25 |
| Lorenzo Vinciguerra, im Auftrag Bündner Naturmuseum    | 25 |
| Maddalena & associati, Nicole Santi, Tiziano Maddalena | 2  |
| Marta Wastavino, Beratungsstelle Kleinsäuger GR        | 16 |
| Martina Caminada, Geschäftsstelle KOK                  | 2  |
| Martina Reifler, ZHAW                                  | 11 |
| Michel Blant, Faunistique Zoologie Paysage             | 2  |
| Michel Blant, Sabrina Joye, WTK Kurs                   | 2  |
| Monica Marti, Naturzentrum Glarus                      | 28 |
| Peter Wandeler, Naturhistorisches Museum Freiburg      | 3  |
| Sandrine Wider, Uni Neuenburg                          | 4  |
| Simon Capt, Mitglied Kerngruppe AG Kleinsäugetiere     | 6  |
| Sonja Gerber, Naturmuseum Wallis                       | 1  |
| Thomas Briner, Naturmuseum Solothurn                   | 8  |



Aus verschiedenen konkreten Projekten wie z.B. der Erarbeitung eines Praxisleitfadens zur Narkose von freilebenden Kleinsäugetieren konnten Proben analysiert werden. (Bild: Thomas Briner)

## Nachgewiesene Arten

Die analysierten Proben kamen aus 18 verschiedenen Kantonen zusammen.

|    |    |
|----|----|
| AG | 2  |
| AI | 3  |
| AR | 1  |
| BE | 4  |
| FR | 1  |
| GL | 27 |
| GR | 51 |
| LU | 1  |
| NE | 7  |

|    |    |
|----|----|
| OW | 10 |
| SG | 18 |
| SO | 6  |
| SZ | 2  |
| TI | 6  |
| UR | 10 |
| VD | 1  |
| VS | 5  |
| ZH | 15 |

Im Rahmen des genetischen Monitorings konnten Daten von total 20 verschiedenen Kleinsäugerarten gesammelt werden.

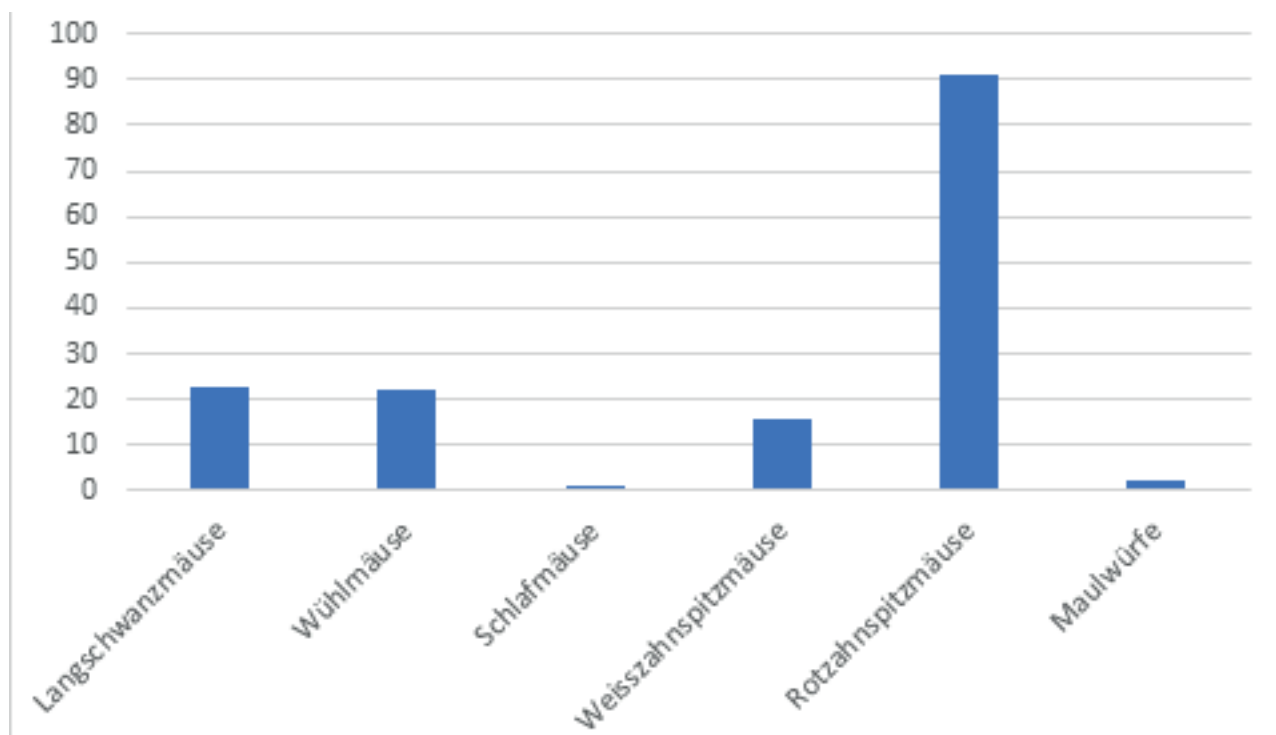
|                                |    |
|--------------------------------|----|
| <i>Apodemus flavicollis</i>    | 6  |
| <i>Apodemus sylvaticus</i>     | 15 |
| <i>Arvicola amphibius</i>      | 2  |
| <i>Clethrionomys glareolus</i> | 1  |
| <i>Crocidura leucodon</i>      | 1  |
| <i>Crocidura russula</i>       | 12 |
| <i>Crocidura suaveolens</i>    | 3  |
| <i>Microtus agrestis</i>       | 2  |
| <i>Microtus arvalis</i>        | 7  |
| <i>Microtus lavernedii</i>     | 5  |
| <i>Microtus multiplex</i>      | 1  |
| <i>Microtus subterraneus</i>   | 4  |
| <i>Mus domesticus</i>          | 2  |
| <i>Muscardinus speciosus</i>   | 1  |
| <i>Neomys fodiens</i>          | 27 |
| <i>Neomys milleri</i>          | 15 |
| <i>Sorex antinorii</i>         | 4  |
| <i>Sorex araneus</i>           | 29 |
| <i>Sorex coronatus</i>         | 16 |
| <i>Talpa caeca</i>             | 2  |



Viele neue Nachweise der Supfspitzmaus (*Neomys milleri*) kamen durch das genetische Monitoring zustande. (Bild: Milos Andera)

Erwähnenswert unter den nachgewiesenen Arten sind sicher die seltenen Arten wie *Microtus multiplex*, *Microtus subterraneus*, *Crocidura suaveolens* oder *Neomys milleri*. Von der selten gewordenen Sumpfspitzmaus (*N. milleri*) wurden Vorkommen in 5 verschiedenen Kantonen dokumentiert.

Von den erst in den letzten Jahren als eigene Art in der Schweiz nachgewiesenen *Microtus lavernedii* und *Muscardinus speciosus* konnten sichere Nachweise erbracht werden. Schwierig auseinander zu haltenden Arten der Gattungen *Sorex* oder *Apodemus* konnten eindeutig bestimmt werden.



## Bestimmungssicherheit

Die meisten Proben wurden beim Einreichen auf Gattungsniveau beschriftet. Dort wo eine konkrete Art angegeben wurde stellte sich die spannende Frage, wie gut die Bestimmungssicherheit der Datenlieferanten ist. Von 67 auf die Art bestimmten Proben waren 51 richtig zugeordnet und doch immerhin 16 falsch bestimmt. Dies zeigt, wie wichtig das Instrument der genetischen Artbestimmung selbst für Profis ist. Die meisten falschen Bestimmungen betrafen die Gattung *Apodemus*, wo insbesondere die Vermutung auf *Apodemus alpicola* in keinem Fall bestätigt werden konnte.

Falsch bestimmte Arten:

|                           |   |
|---------------------------|---|
| <i>Apodemus</i>           | 8 |
| <i>Microtus/ Arvicola</i> | 4 |
| <i>Neomys</i>             | 2 |
| <i>Crocidura</i>          | 2 |

Erstaunlicherweise wurde in 6 Fällen bei der genetischen Analyse eine andere Gattung ausgewiesen als von den Probelieferanten deklariert. Da davon ausgegangen werden kann, dass *Crocidura* und *Sorex* oder *Microtus* und *Apodemus* von den Expertinnen und Experten kaum verwechselt würden, stellt sich hier die Frage inwiefern die Proben verunreinigt oder vertauscht werden konnten. Auf jeden Fall muss dem Handling der Proben in Zukunft eine noch grössere Bedeutung geschenkt werden.

## Hinterlegung der Daten

Sämtliche Nachweisdaten aus dem genetischen Monitoring wurden dem CSCF übergeben und fliessen in die Datenbank von info fauna ein. Zu klären ist, was mit den analysierten Gensequenzen passiert. Idealerweise fliessen diese in öffentlich einsehbare Datenbanken wie GeneBank oder BOLD ein. Kleinsäugern, welche bei einem Museum abgegeben wurden, werden dort als Belegexemplare sauber beschriftet in Tiefkühltruhen aufbewahrt. In Zukunft stellt sich die Frage inwiefern der Aufwand betrieben werden soll, von möglichst vielen Nachweisen einen physischen Beleg aufzubewahren. Wichtig ist in jedem Falle, dass möglichst viele Daten möglichst vielen Leute zur Verfügung stehen und so die eingesetzten finanziellen Mittel eine grösstmögliche Wirkung erzielen.

## Wie weiter

Die Resultate zeigen, dass das genetische Monitoring wichtige Erkenntnisse von seltenen Arten erbringen kann. Nach wie vor sollte dafür lobbyiert werden, dass ein schweizweites systematisches Monitoring von Kleinsäugern zustande kommt. Bis ein solches aber umgesetzt werden kann wäre die Weiterführung des genetischen Monitorings von grossem Wert. Es ist mit der SGW sowie allfälligen Stiftungen und Ämtern zu klären, wie das genetische Monitoring in den nächsten Jahren finanziert werden kann.

Die AG Kleinsäuger funktioniert gut als Netzwerk zum Einsammeln von Proben sowohl aus konkreten Projekten und auch von freiwilligen Privatpersonen. Sollte Geld für eine Bezahlung einer pauschalen Aufwandentschädigung vorhanden sein, gäbe es genügend Interessenten, dass ein zusätzliches Netzwerk von regionalen Kompetenzzentren, wie dies im Atlasprojekt umgesetzt wurde, aufgebaut werden könnte und so noch verstärkt zum sammeln von Zufallsfunden aufgerufen werden könnte.

Wird das genetische Monitoring weitergeführt, wäre die Erarbeitung von verschiedenen Merkblättern sinnvoll: Eine Anleitung zur sauberen Entnahme, Beschriftung und Versendung der Proben oder eine Begleitung zur Sicherung möglichst aller Daten (Bestimmung, Gensequenzen, physische Objekte).

## Dank

Ein Dank gilt der Schweizerischen Gesellschaft für Wildtierbiologie (SGW) für die finanzielle Unterstützung des genetischen Monitorings sowie allen Probelieferantinnen und Probelieferanten. Ebenfalls dem Labor des Instituts für Umwelt und Natürliche Ressourcen an der ZHAW Wädenswil und der Kerngruppe der AG Kleinsäuger.



Die Unterscheidung von kryptischen Arten aufgrund von morphologischen Merkmalen ist oftmals kaum möglich. Im Bild von oben nach unten *Apodemus sylvaticus*, *Apodemus flavicollis*, *Apodemus alpicola*. (Bilder: Thomas Briner)