



Vlaanderen
is wetenschap

Hybridisatie tussen honden en wolven: hoe algemeen is het werkelijk?

Joachim Mergeay

INSTITUUT
NATUUR- EN BOSONDERZOEK

Auteur:

Joachim Mergeay 

Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek

Reviewers:

Koen Van Den Berge

Het INBO is het onafhankelijk onderzoeksinstituut van de Vlaamse overheid dat via toegepast wetenschappelijk onderzoek, data- en kennisontsluiting het biodiversiteitsbeleid en -beheer onderbouwt en evalueert.

Vestiging:

Herman Teirlinckgebouw

INBO Brussel

Havenlaan 88 bus 73, 1000 Brussel

vlaanderen.be/inbo

e-mail:

joachim.mergeay@inbo.be

Wijze van citeren:

Mergeay, J. Hybridisatie tussen honden en wolven: hoe algemeen is het werkelijk? Rapporten van het Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek 2023 (30). Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek, Brussel. DOI: doi.org/10.21436/inbor.95790577

D/2023/3241/259

Rapporten van het Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek 2023 (30)

ISSN: 1782-9054

Verantwoordelijke uitgever:

Maurice Hoffmann

Foto cover:

Wolf GW1924m, een nakomeling van GW1479f en GW979m uit de roedel van Hechtel-Eksel.

© Jan Gouwy - INBO/ANB



Dit werk valt onder een [Creative Commons Naamsvermelding-GelijkDelen 4.0 Internationaal-licentie](https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/).

Hybridisatie tussen honden en wolven: hoe algemeen is het werkelijk?

Joachim Mergeay

doi.org/10.21436/inbor.95790577

Samenvatting

Hybridisatie tussen wolven en honden is een omstreden onderwerp. In dit overzicht bespreek ik de definitie van een hybride, hoe je hybridisatie tussen wolven en honden kunt vaststellen, en wat standaard genetische analyses van wolven wel en niet kunnen vertellen.

Hybridisatie tussen wolven en honden komt voor in Europa, maar is grotendeels beperkt tot regio's waar verwilderde honden in grote aantallen voorkomen in nabijheid van wolven. De mythe dat vele Europese wolven hybriden zijn is in grote mate toe te schrijven aan genetische testen die amper expliciete uitspraken doen over de identiteit van een staal en die de interpretatie van hybridisatie in grote mate overlaten aan de vraagsteller. Op die manier kunnen vooroordelen makkelijk versterkt worden.

Er zijn performante manieren om DNA-stalen met grote nauwkeurigheid toe te wijzen aan wolven, honden, en hybriden in verschillende gradaties van vermenging tussen wolven en honden. Zulke testen zijn zelfs commercieel beschikbaar, maar vereisen DNA van hoge kwaliteit. Recente testen, wetenschappelijk getest en gevalideerd, maken dit echter ook mogelijk op DNA-stalen van forensische kwaliteit.

Omdat hybridisatie tussen wolven en honden bijna uitsluitend een probleem is in regio's met verwilderde honden, en dat die honden ook andere nadelige effecten hebben, is een beleid nodig dat vermijdt dat verwilderde honden voorkomen, en deze zo nodig actief bestrijdt.



English abstract

Hybridization between wolves and dogs is a contentious topic. In this overview I discuss the definition of a hybrid, how you can determine hybridization between wolves and dogs, and what standard genetic analyses on wolves can and cannot tell.

Hybridization between wolves and dogs occurs in Europe, but is largely confined to regions where feral dogs are found in large numbers in close proximity to wolves. The myth that many European wolves are hybrids is due in large part to genetic testing results that hardly make explicit statements about the identity of a sample and leaves the interpretation of hybridization largely up to the questioner. In this way, prejudices can easily be reinforced.

There are high-performance ways to assign DNA samples with great accuracy to wolves, dogs, and hybrids in varying degrees of admixture between wolves and dogs. Such tests are even commercially available, but require high-quality DNA. However, recent tests, scientifically tested and validated, also make this possible on DNA samples of forensic quality. These are applied randomly in different European wolf populations to monitor the degree of hybridization.

Because hybridization between wolves and dogs is almost exclusively a problem in regions with feral dogs, and that those dogs also have other adverse effects, a clearly dissuasive policy towards feral dogs, including feral dog management, is essential.



Inhoudstafel

Samenvatting	2
English abstract	3
Lijst van foto's	4
Lijst van figuren	4
1 Inleiding.....	5
2 Wat is een hybride?	6
3 Standaard genetische monitoring van wolven in Europa	7
4 Hoe een hybride niet en wel detecteren	9
4.1 Wat vertelt een haplotype wel en niet?	9
4.2 Genotypering en toewijzingen / associatie-analyses.....	9
5 Screenen naar hybridisatie in Europese wolven	12
5.1 En op DNA uit speekselstalen op prooien?	12
6 Conclusie	14
Referenties	15

Lijst van foto's

Foto 1: Twee eerstegraadshybriden uit een opvangcentrum in Polen. Het dier links is een kruising met een Poolse Spaniël, het dier rechts met een West-Siberische Laika. Uit Hindrikson et al. (2012).	6
Foto 2: GW1608m op doortocht door België, in Wiekevorst op 31 maart 2020. Beeld: Patrick Neefs.	8
Foto 3: <i>Segoni is een complexe hybride, legal gehouden in de VS als hond. Hij wordt door Embark als 68% wolf en 32% hond geïdentificeerd (Alaska Malamute, Siberische Husky, Duitse herder). Beeld: Sarah Whitewolf (@Sarahwhitewolf87).</i>	11

Lijst van figuren

Figuur 1: Visuele weergave van resultaten uit het panel van 93 merkers dat CEwolf gebruikt om hybridisatiegraad te bepalen. Vierkantjes geven zuivere wolven weer uit verschillende Europese populaties (Italië, Roemenië, Rusland, Duitsland, Spanje en Portugal). Kruisjes zijn goudjakhals, streepjes geven vossen weer, ruiten zijn vermoedelijke hybriden in verschillende graad van vermenging, driehoeken zijn hondenrassen die sterk op wolven lijken, en cirkels zijn honden. Centraal zie we duidelijk een groep van F1-hybriden (eerste generatie wolf x hond), links daarvan meer gevorderde terugkruisingen met wolven. Het feit dat ook goudjakhals en vos clusteren bij wolven heeft te maken met het feit dat dit gaat om genetische merkers gelinkt aan domesticatie, en dat het "wild-type-allel" op al die merkers ook voorkomt in die soorten. Overgenomen uit Harmoinen et al. (2021).	13
---	----

1 INLEIDING

Je zal ongetwijfeld al beweringen hebben gehoord dat sommige/veel/alle wolven in Europa hybriden zijn met honden, of dat hybridisatie tussen wolven en honden een veelvoorkomend fenomeen is. De bronnen van deze geruchten zijn niet zelden terug te brengen tot identificaties uitgevoerd door partijen die niet gelieerd zijn aan overheden, en wiens conclusies niet stroken met de door overheden aangeboden uitleg. Wat is er nu waar en wat niet? Waarom komt de ene analyse tot de conclusie dat een bepaalde wolf een hybride is, en een andere analyse van hetzelfde dier niet?

In dit overzicht ga ik in op de definitie van een hybride, hoe je hybridisatie tussen wolven en honden kan vaststellen, en wat standaard genetische analyses op wolven wel en niet kunnen vertellen. Veel van de claims over hybridisatie komen immers voort uit foute interpretaties van resultaten.



2 WAT IS EEN HYBRIDE?

Op het eerste gezicht lijkt dit een vraag met een eenvoudig antwoord: een hybride is het resultaat van een kruising tussen twee soorten, in dit geval een wolf en een hond. De nakomeling is 50% wolf, en 50% hond. Als die zogenaamde eerste-generatie-hybride (F1; Foto 1) weer kruist met een wolf, heb je een dier dat 75% wolf is, en 25% hond (1e terugkruising). Herhaal dat nog een generatie, en je hebt een dier dat 87.5% wolf-DNA heeft, en 12.5% dat van een hond (2e terugkruising). In de derde terugkruising zit er nog maar 6% hond in. Die 6% honden-DNA zit verknipt in vele kleine stukjes, verspreid over de 39 paren chromosomen. Wanneer beschouwen we zoiets niet meer als een hybride, en dus niet meer als iets dat onwenselijk is voor de populatie?

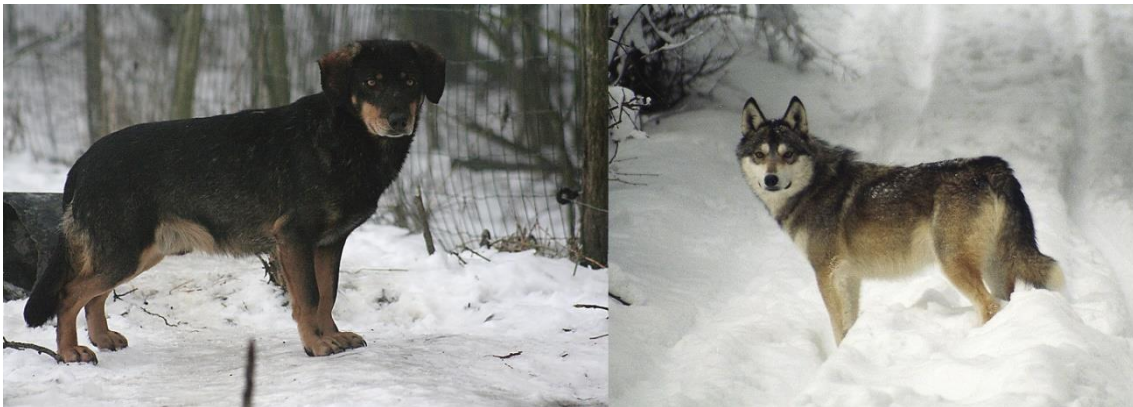


Foto 1: Twee eerstegraadshybriden uit een opvangcentrum in Polen. Het dier links is een kruising met een Poolse Spaniël, het dier rechts met een West-Siberische Laika. Uit Hindrikson et al. (2012).

Het verschil tussen honden en wolven is bovendien eerder klein: honden zijn zo'n tienduizend jaar geleden ontstaan uit wolven (Fan et al. 2016), en de enige echt belangrijke verschillen die er in die periode ontstaan zijn, zijn het gevolg van domesticatie zelf: kenmerken gelinkt aan gedrag, lichaamsbouw en grootte, vachtkleur en -structuur, ... Het merendeel van het genetisch materiaal van honden wordt nog steeds gedeeld met wolven.

In het genoom van elke wolf is er zo'n 1-5% DNA dat we niet kunnen onderscheiden van honden, en vice versa. Of dit voorouderlijke variatie is, of het resultaat van oude vermenging is niet altijd uit te maken, zelfs niet met de meest geavanceerde genomische analyses (Smeds et al. 2021). Dus vanaf welke hoeveelheid honden-DNA spreken we dan van een hybride? Alle mensen zijn technisch gezien ook hybriden: elke mens heeft zo'n 1% tot 6% DNA in zich van een andere intussen uitgestorven mensensoort (Witt et al. 2022), maar we beschouwen onszelf daarom niet als hybriden. In de praktijk beschouwen we een wolf als een hybride wanneer we meer dan 5% van het DNA met grote statistische betrouwbaarheid kunnen toewijzen aan honden. Dat komt ongeveer overeen met een derde-generatie-terugkruising.

3 STANDAARD GENETISCHE MONITORING VAN WOLVEN IN EUROPA

Om te duiden hoe hybriden gedetecteerd kunnen worden is het nodig om even terug uit te zoomen naar hoe wolven genetisch opgevolgd worden in Europa. INBO maakt deel van een internationaal consortium van onderzoekslaboratoria uit Duitsland, Denemarken, Polen, Tsjechië, Oostenrijk, Nederland en België die genetische monitoring van wolven op eenzelfde manier uitvoeren (CEwolf <https://www.senckenberg.de/en/institutes/senckenberg-research-institute-natural-history-museum-frankfurt/division-river-ecology-and-conservation/cewolf-consortium/>), en die ook gegevens in een gezamenlijke databank uitwisselen. We vertrekken doorgaans van speekselsporen op prooiresten, een plukje haar of uitwerpselen. We isoleren daaruit het DNA (inclusief het DNA van de prooi), en op dat DNA-extract doen we drie opeenvolgende analyses:

Ten eerste bepalen we het aantal kopieën van het *Amy2B*-gen. Dat gen codeert voor een enzym dat helpt bij de vertering van zetmeel. Tijdens de domesticatie van wolven is gebleken dat de capaciteit tot verteren van zetmeel een voordeel gaf aan honden. In de loop van de evolutie van honden zijn er verdubbelingen ontstaan van dat gen, en nu komt dat gen bij alle hondenrassen voor in 4 tot meer dan 30 kopieën (Reiter et al. 2016), en slechts 2 bij wolven. Wanneer we bij deze analyse meer dan 2 kopieën vinden per genoom, weten we dat er DNA van honden in het spel is.

Ten tweede, controleren we op het mitochondriaal DNA (een DNA-streng die enkel via de moederlijn wordt doorgegeven) een korte maar heel variabele regio, de zogenaamde “Control Region” (CR). Dat stuk DNA kent meer dan 75 varianten, waarvan enkele typisch zijn voor Europese wolven, en andere varianten typisch zijn voor honden. Varianten over een streng DNA noemen we een haplotype. Haplotype WH01 komt voor bij 95% van de Centraal-Europese wolven, WH02 bij 5%, en WH22 is typisch voor de Alpiene en Apennijnse wolvenpopulaties. WH01 en WH02 komen echter ook verspreid voor in heel Oost-Europa tot ver in Centraal-Azië. WH02 (de variant die ook GW979m aka “August” heeft) is bijvoorbeeld ook algemeen in Mongolië. WH02 vinden we ook bij <5% honden terug, waaronder bijvoorbeeld Maltezers. Dat betekent niet dat GW979m afkomstig is uit Mongolië, of een hybride is tussen een Mongoolse wolf en een Maltezer: het betekent enkel dat de oermoeder van WH02 nazaten heeft die verspreid over Eurazië voorkomen, en dat die variant ook aanwezig was in de wolf-voorouders van honden.

Ten derde, een DNA-staal dat bevestigd wordt als wolf via de vorige twee analyses (2 kopieën van *Amy2B* en WH01, WH02 of WH22) kunnen we individueel identificeren met een methode die ook in forensisch menselijk onderzoek gebruikt wordt om slachtoffers of daders op te sporen: twee merkers identificeren het geslacht, en 12 variabele microsatellietmerkers geven een unieke genetische vingerafdruk van individu. Elke combinatie van varianten op al die merkers (het genotype, aangeduid met een GW-volgnummer en geslacht) wordt in een gedeelde databank opgeslagen, samen met informatie over plaats en datum waar het staal werd gevonden. Met zo’n genotype kan je ook de ouders detecteren, als die tenminste al in de databank geregistreerd zijn. Op die manier heeft CEwolf intussen DNA van >3000 wolven uit de Centraal-Europese populatie sinds 2005, én een stamboom voor honderden individuen, die soms wel 10 generaties teruggaat (bv. Jarausch et al. 2021). De GW-codes van territoriale



wolven in de Benelux en Duitsland worden ook jaarlijks vrijgegeven via <https://wolvesmap.zoogdiervereniging.nl/>. We kunnen zo nagaan dat GW1608m, die in maart 2020 Nederland (oa Buurmalsen), België (Herentals en Wiekevorst) en Luxemburg (Niederanvenn) doorkruiste, intussen een eigen roedel heeft in Schiffdorf (Nedersaksen) (Foto 2).



Foto 2: GW1608m op doortocht door België, in Wiekevorst op 31 maart 2020. Beeld: Patrick Neefs.



4 HOE EEN HYBRIDE NIET EN WEL DETECTEREN

Omdat wolven en honden zo nauw verwant zijn aan elkaar is de detectie van hybridisatie allesbehalve eenvoudig. Hoewel er commerciële labo's zijn die testen aanbieden om via DNA van je bastaardhond de vermoedelijke rassen van de voorouders te identificeren (bv. het in Hamburg gelegen ForGen) en ze deze ook aanbieden voor wolven, zijn deze niet altijd geschikt om hybridisatie mee aan te tonen. Dit leidt continu tot misvattingen en foute interpretaties van gegevens, en ik neem jullie even mee in de redenering. Ik gebruik ter illustratie de methodiek die ForGen (een vaak gesolliciteerd labo) toepast, en die voor heel wat controversie zorgt (<https://www.forensik-hh.de/forensisch-genetische-analysen-von-tieren/>).

4.1 WAT VERTELT EEN HAPLOTYPE WEL EN NIET?

ForGen gebruikt hetzelfde stuk DNA als CEwolf om een haplotype te bepalen en te helpen bepalen of het staal afkomstig is van een wolf. Heel goed, je kan dus direct resultaten vergelijken. Je kan de DNA sequentie die uit die analyse komt vergelijken met een internationale databank: Genbank, een gemeenschappelijke Amerikaans, Europese en Japanse databankprovider, geeft voor elke DNA-sequentie die je laat vergelijken de 100 of zo beste matches. Bv het CR haplotype van GW979m ("August" uit de Limburgse roedel) kennen we volgens de nomenclatuur van Pilot et al. (2010) als WH02. Dat stukje DNA zou je na vergelijking kunnen rapporteren met de eerste drie perfecte matches, zoals ForGen doorgaans doet. Dan krijg je dit resultaat (analyse in juni 2023):

"Canis lupus chanco isolate WN03 (China), Canis lupus haplotype W23 (Estland), Canis lupus isolate Ukraine (Oekraïne)"

Dit kan door een leek geïnterpreteerd worden als "het is een wolf, maar hij komt uit China, of Estland of Oekraïne" of "deze wolf is een mengeling van wolven uit China, Estland en Oekraïne". In de 36 perfecte matches zit echter ook een DNA-staal van een Maltezer en van een Whippet, maar dat betekent niet dat GW979m een kruising is van wolven, Maltezers en Whippets, of dat het een Maltezer is. Het geeft louter weer dat de stammoeder van al die individuen dezelfde variant had, en dat die variant tijdens de domesticatie van wolven aanwezig is gebleven bij honden. De causaliteit ligt dus omgekeerd, en het resultaat zegt wat we al lang weten: dat Whippets en Maltezers honden zijn, en dat honden zijn ontstaan uit wolven, en het geeft wat informatie waar wolven met WH02 zoal voorkomen wereldwijd. WH02 komt aldus verspreid voor in Centraal- en Oost-Europa, en grote delen van Azië. Een weergave van het resultaat zoals hierboven beschreven is technisch gezien niet fout maar evenmin bijster nuttig, en kan een leek makkelijk tot foute conclusies leiden.

4.2 GENOTYPERING EN TOEWIJZINGEN / ASSOCIATIE-ANALYSES

Ook het gebruik van microsatellietmerkers om te bepalen welke hondenrassen betrokken zijn geweest is voor DNA van mogelijke wolven niet heel relevant: deze "associatie-analyse" voor hondenrassen is gebaseerd op het principe dat door inteelt binnen rassen veel variatie verloren is gegaan, en er (door toeval) slechts één of enkele varianten overblijven. Zo kan het zijn dat bij de Belgische herdershonden slechts één genetische variant (een allel) voorkomt op een bepaalde merker, en dat dit allel in bijna geen enkel andere groep van honden voorkomt.



Dan kan je dat gebruiken als een typische merker voor de Belgische herdershonden. En zo kan je hondenrassen afgaan en over een vijftiental merkers zoeken naar ras-specifieke allelen. Die aanpak is OK als je enkel tussen honden vergelijkt, maar niet wanneer je wolven vergelijkt met deze groep: wolven zijn namelijk de stamvaders van alle honden, en binnen de verschillende wolvenpopulaties komt dat allel gegarandeerd ergens voor, want zowat alle voorouderlijke variatie van honden zit nog vervat in wolven.

Dus ook hier is de causaliteit omgekeerd: de allelen typisch voor bepaalde hondenrassen vind je in wolven terug, niet omdat die wolven hybriden zijn, maar omdat de huidige wolven en de huidige honden gemeenschappelijke stamvaders en -moeders hebben: wolven. Wolven hebben immers niet die extreme inteelt gekend die hondenrassen kenmerken. Dus ook daar, wanneer je een verslag krijgt van een associatie-analyse en er staat dat voor staal X er een associatie gevonden wordt (wat geen causaliteit of oorsprong impliceert) in de aard van “50% herdershond, 35% Timberwolf, 30% Baltische wolf”, dan zegt dat vooral dat je met die test allelen typisch voor bepaalde hondenrassen in wolven kan vinden, eenvoudigweg omdat honden afstammen van wolven.

Andere commerciële testen voor identificatie van hondenrassen (bv de Embark Dog DNA Test) maken gebruik van DNA-chips die variatie op honderdduizenden merkers screenen, en heel precies het hondenras kunnen identificeren, en ook hybriden met wolven identificeren. Embark claimt een precisie van 95% tot 99% te hebben om je hond toe te wijzen aan 350 rassen (en wolven), en ze geven ook telkens een “wolfiness-score” mee. Deze score geeft weer op hoeveel percent van de genetische merkers die heel typisch zijn voor wolven, je hond een wolvensignaal heeft. Deze “wolfiness-merkers” zijn stukjes DNA die tijdens de domesticatie van honden een rol hebben gespeeld (gedrag, grootte en bouw, vachtkleur- en structuur, ...). Voor de meeste hondenrassen is die score kleiner dan 5%. Embark geeft in de resultaten heel correct weer dat die score niet betekent dat je hond recente hybridisatie heeft gekend met wolven, maar dat het kan gaan om oude, voorouderlijke genetische variatie die nog steeds gedeeld wordt tussen honden en wolven. Wanneer met deze methode gekende wolven worden geanalyseerd, geeft deze methode 100% wolf als resultaat (bv. <https://my.embarkvet.com/dog/wolf22>). Ook gekende hybriden (in de VS vaak legaal gehouden) worden nauwkeurig als hybride tussen wolf en hond geïdentificeerd, zoals deze <https://my.embarkvet.com/dog/segoni> (Foto 3).





Foto 3: *Segoni is een complexe hybride, legal gehouden in de VS als hond. Hij wordt door Embark als 68% wolf en 32% hond geïdentificeerd (Alaska Malamute, Siberische Husky, Duitse herder). Beeld: Sarah Whitewolf (@Sarahwhitewolf87).*

Echter, wanneer je maar heel weinig DNA hebt en van lage kwaliteit (zoals een drupje speeksel in een bijtspoor op een prooirest) is het niet mogelijk om te screenen op honderdduizenden varianten.



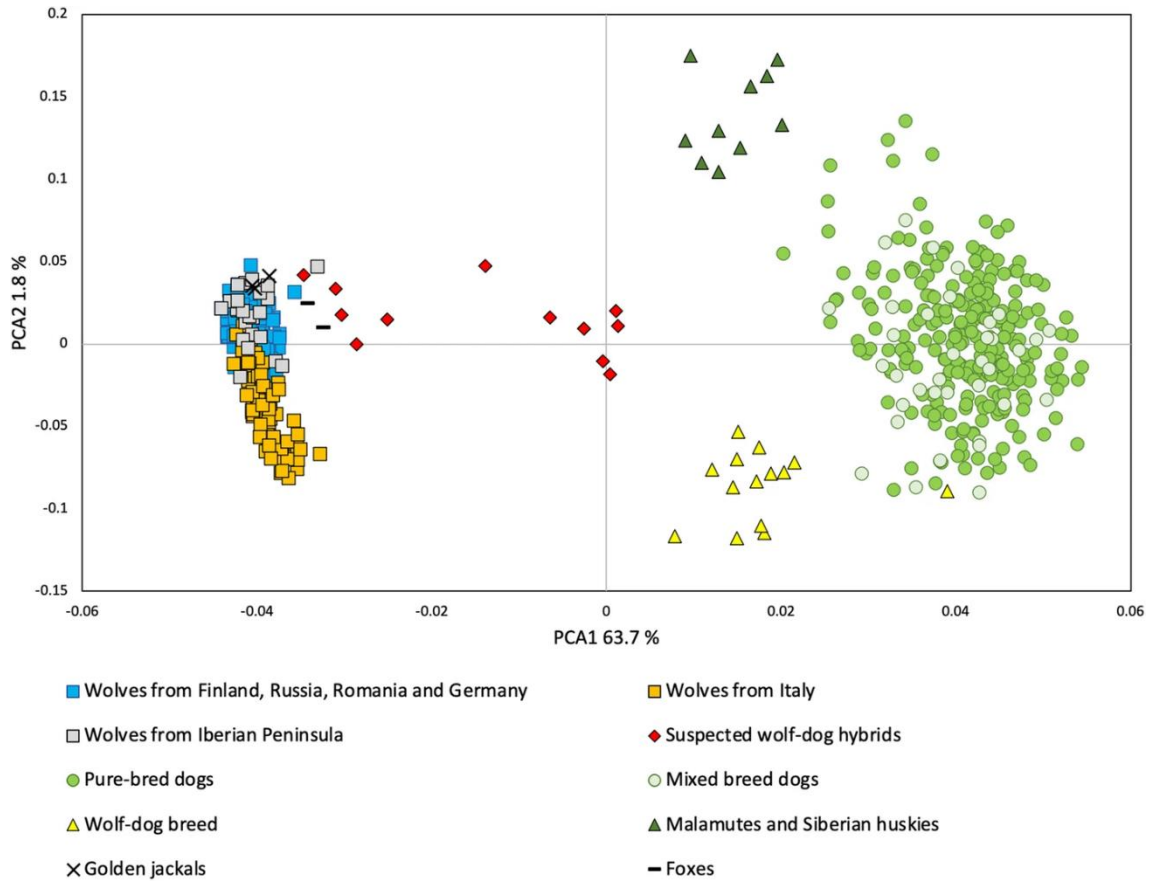
5 SCREENEN NAAR HYBRIDISATIE IN EUROPESE WOLVEN

Het detecteren van hybridisatie tussen honden en wolven, zowel oude als recente, is een grote prioriteit voor het behoud van gezonde wolvenpopulaties (Salvatori et al. 2020), en er is dus ook heel veel onderzoek naar gebeurd om ze betrouwbaar te identificeren. Zeker in regio's waar er veel verwilderde honden zijn is hybridisatie niet zeldzaam, zoals Kroatië, NW-Spanje, Z-Italië, ... Het recent opgestarte en door de EU gefinancierde Biodiversa+ project "Wolfness" (<https://www.biodiversa.eu/2023/04/19/wolfness/>) heeft als doel om een gestandaardiseerde toolbox aan te bieden voor identificatie van hybriden tussen wolven en honden, screening te doen van wolvenpopulaties in heel Europa, en ook het Europese beleid inzake hybridisatie te evalueren.

Recente onderzoeken keken naar het hele genoom van honderden honden en wolven (Smeds et al. 2021) of screenden honderdduizenden genetische varianten om de betrouwbaarheid van identificaties te bepalen (Caniglia et al. 2020). En omdat je bovendien ook soms gedetailleerde stambomen hebt van wolven die soms wel 10 generaties teruggaan (via bv de CEwolf databank, of een vergelijkbare Scandinavische databank; Smeds et al. 2021) weet je met grote zekerheid dat een bepaald staal behoort aan een zuivere wolf. We weten zo dat zowel voor de Scandinavische populatie (Smeds et al. 2021), de Centraal-Europese populatie (Harmoinen et al. 2021), de Zwitserse (en Franse) wolven (Dufresnes et al. 2019), de Noord-Italiaanse wolven (Caniglia et al. 2020) en Iberische wolven (Stronen et al. 2022) hybridisatie een marginaal fenomeen is dat bovendien heel nauwgezet wordt opgevolgd: zodra een hybride wordt gedetecteerd (volgens zijn uiterlijk of via genetische screening) wordt een derogatie verleend om dat dier te kunnen uitschakelen. In Zuid-Italië is de situatie complexer: daar komen effectief regelmatig wolven voor met >20% DNA van honden, als gevolg van decennia van wanbeleid rond verwilderde honden. Hoe deze gordiaanse knoop aan te pakken is onderwerp van het Wolfness project.

5.1 EN OP DNA UIT SPEEKSELSTALEN OP PROOIEN?

Omdat het werken met duizenden genetische merkers evenwel niet haalbaar is voor DNA van forensische kwaliteit (een spettertje speeksel van een wolf in een zee van DNA van de prooi), ontwikkelde CEwolf een performante methode die gebruik maakt van slechts 93 merkers die telkens twee varianten hebben: één variant komt (bijna) uitsluitend voor bij honden, een andere variant (bijna) uitsluitend bij wolven. Dat zijn telkens varianten van plaatsen op het DNA die door natuurlijke selectie (eerder dan door inteelt) en over hondensrassen heen systematisch een verschil geven tussen wolven en honden (Harmoinen et al. 2021). Dit is vergelijkbaar met de Wolfiness-merkers van Embark. Met die methode kunnen we ook voor DNA-stalen afkomstig van prooiersten met hoge zekerheid de hybridisatiegraad bepalen (Figuur 1).



Figuur 1: . Visuele weergave van resultaten uit het panel van 93 merkers dat CEwolf gebruikt om hybridisatiegraad te bepalen. Vierkantjes geven zuivere wolven weer uit verschillende Europese populaties (Italië, Roemenië, Rusland, Duitsland, Spanje en Portugal). Kruisjes zijn goudjakhals, streepjes geven vossen weer, ruiten zijn vermoedelijke hybriden in verschillende graad van vermenging, driehoeken zijn hondenrassen die sterk op wolven lijken, en cirkels zijn honden. Centraal zie we duidelijk een groep van F1-hybriden (eerste generatie wolf x hond), links daarvan meer gevorderde terugkruisingen met wolven. Het feit dat ook goudjakhals en vos clusteren bij wolven heeft te maken met het feit dat dit gaat om genetische merkers gelinkt aan domesticatie, en dat het “wild-type-allel” op al die merkers ook voorkomt in die soorten. Overgenomen uit Harmoinen et al. (2021).

6 CONCLUSIE

Hybridisatie tussen wolven en honden komt voor in Europa, maar is grotendeels beperkt tot regio's waar verwilderde honden in grote aantallen voorkomen in nabijheid van wolven. De mythe dat vele Europese wolven hybriden zijn is in grote mate toe te schrijven aan genetische testen die amper expliciete uitspraken doen over de identiteit van een staal en die de interpretatie van hybridisatie in grote mate overlaten aan de vraagsteller. Op die manier kunnen vooroordelen makkelijk versterkt worden.

Er zijn performante manieren om DNA-stalen met grote nauwkeurigheid toe te wijzen aan wolven, honden, en hybriden in verschillende gradaties van vermenging tussen wolven en honden. Zulke testen zijn zelfs commercieel beschikbaar, maar vereisen DNA van hoge kwaliteit. Recente testen, wetenschappelijk getest en gevalideerd, maken dit echter ook mogelijk op DNA-stalen van forensische kwaliteit.

Omdat hybridisatie tussen wolven en honden bijna uitsluitend een probleem is in regio's met verwilderde honden, en dat die honden ook andere nadelige effecten hebben, is een beleid aangewezen dat er op gericht is om het voorkomen van verwilderde honden zo efficiënt mogelijk tegen te gaan.



Referenties

- Caniglia, R., M. Galaverni, E. Velli, F. Mattucci, A. Canu, M. Apollonio, N. Mucci, M. Scandura, and E. Fabbri. 2020. A standardized approach to empirically define reliable assignment thresholds and appropriate management categories in deeply introgressed populations. *Scientific Reports* 10:2862.
- Dufresnes, C., N. Remollino, C. Stoffel, R. Manz, J.-M. Weber, and L. Fumagalli. 2019. Two decades of non-invasive genetic monitoring of the grey wolves recolonizing the Alps support very limited dog introgression. *Scientific Reports* 9:148.
- Fan, Z., P. Silva, I. Gronau, S. Wang, A. S. Armero, R. M. Schweizer, O. Ramirez, J. Pollinger, M. Galaverni, D. Ortega Del-Vecchyo, L. Du, W. Zhang, Z. Zhang, J. Xing, C. Vilà, T. Marques-Bonet, R. Godinho, B. Yue, and R. K. Wayne. 2016. Worldwide patterns of genomic variation and admixture in gray wolves. *Genome Research* 26:163-173.
- Harmoinen, J., A. von Thaden, J. Aspi, L. Kvist, B. Cocchiariaro, A. Jarausch, A. Gazzola, T. Sin, H. Lohi, M. K. Hytönen, I. Kojola, A. V. Stronen, R. Caniglia, F. Mattucci, M. Galaverni, R. Godinho, A. Ruiz-González, E. Randi, V. Muñoz-Fuentes, and C. Nowak. 2021. Reliable wolf-dog hybrid detection in Europe using a reduced SNP panel developed for non-invasively collected samples. *BMC Genomics* 22:473.
- Pilot, M., W. Branicki, W. Jędrzejewski, J. Goszczyński, B. Jędrzejewska, I. Dykyy, M. Shkvyrya, and E. Tsingarska. 2010. Phylogeographic history of grey wolves in Europe. *BMC Evolutionary Biology* 10:104.
- Reiter, T., E. Jagoda, and T. D. Capellini. 2016. Dietary Variation and Evolution of Gene Copy Number among Dog Breeds. *PLOS ONE* 11:e0148899.
- Salvatori, V., V. Donfrancesco, A. Trouwborst, L. Boitani, J. D. C. Linnell, F. Alvares, M. Åkesson, V. Balys, J. C. Blanco, S. Chiriac, D. Cirovic, C. Groff, M. Guinot-Ghestem, D. Huber, I. Kojola, J. Kusak, M. Kotal, Y. Iliopoulos, O. Ionescu, A. Majic Skrbinek, P. Mannil, F. Marucco, D. Melovski, R. W. Mysłajek, S. Nowak, J. Ozolins, G. Rauer, I. Reinhardt, R. Rigg, L. Schley, T. Skrbinek, L. Svensson, A. Trajce, I. Trbojevic, E. Tzingarska, M. von Arx, and P. Ciucci. 2020. European agreements for nature conservation need to explicitly address wolf-dog hybridisation. *Biological Conservation* 248:108525.
- Smeds, L., J. Aspi, J. Berglund, I. Kojola, K. Tirronen, and H. Ellegren. 2021. Whole-genome analyses provide no evidence for dog introgression in Fennoscandian wolf populations. *Evolutionary Applications* 14.
- Stronen, A. V., F. Mattucci, E. Fabbri, M. Galaverni, B. Cocchiariaro, C. Nowak, R. Godinho, A. Ruiz-González, J. Kusak, T. Skrbinek, E. Randi, A. Vlasseva, N. Mucci, and R. Caniglia. 2022. A reduced SNP panel to trace gene flow across southern European wolf populations and detect hybridization with other *Canis* taxa. *Scientific Reports* 12:4195.
- Witt, K. E., F. Villanea, E. Loughran, X. Zhang, and E. Huerta-Sanchez. 2022. Apportioning archaic variants among modern populations. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci* 377:20200411.

