SENCKENBERG
world of biodiversity

Analyse der Wolf-Hund-Hybridisierungsrate im deutschen Wolfsbestand

- Bericht im Rahmen der B-L-Verwaltungsvereinbarung Großkarnivorengenetik -

Die Hybriden Primus und Marie aus dem Neustadt Rudel 2003 © Sebastian Koerner

Berichtsdatum:
04.08.2025

Verfasser:
Caroline Sophie Birkenhain, Gregor Rolshausen, Carsten Nowak
Senckenberg Forschungsinstitut und Naturmuseum Frankfurt
Zentrum für Wildtiergenetik
Clamecystraße 12, 63571 Gelnhausen

Inhalt

I. Einleitung und Fragestellung 5

I.1 Definitionen 8

II. Material und Methoden 10

II.1 Verwendete Proben 10

II.2 Ermittlung von Verpaarungen und Individuenauswahl 10

II.3 Methodik SNP-Analyse 13

II.4 Methodik Amylase-Analyse 14

III. Ergebnisse und Diskussion 14

III.1 Anzahl an Wolfsverpaarungen und -würfen 14

III.2 SNP-Analyse 17

III.3 Amylase-Analyse 20

III.4 Räumliche Analyse 22

IV. Fazit 24

V. Danksagung 25

VI. Literatur 26

VII. Anlagen 29

Abbildungsverzeichnis

Abb. 1: Schematische Darstellung der Hybridisierungsgrade. Fortpflanzungen zwischen Wölfen und Hunden ergeben F1-Hybriden mit je 50% Genanteil für Wolf und Hund. Kreuzung zwischen zwei F1-Hybriden sind F2-Hybriden. Kreuzen sich F1 (oder F2) Hybriden mit Wölfen (oder Hunden), werden die Nachkommen als „backcross" (Rückkreuzung) bezeichnet. Bei Rückkreuzungen in die Wolfspopulation (BC1wolf, BC2wolf, etc.) reduziert sich der Anteil des vom Hund vererbten Erbguts auf 25% (BC1wolf) bzw. 12,5% (BC2wolf). Bei weiteren Rückkreuzungsgenerationen wird der Anteil immer geringer, jedoch können sich auch bei sehr lange zurückliegenden Hybridisierungsereignissen einzelne Merkmale dauerhaft im Genpool manifestieren („Introgression", Beispiel siehe Hundestaupevirus in der Einleitung). Rückkreuzung ist analog auch für Hunde möglich (BC1dog, etc.), was typischer Weise auch bei Wolfhunde-Rassen vorliegen kann. **9**

Abb. 2: NEWHYBRIDS-Analyse zur Ermittlung von Wolf-Hund-Hybriden auf Basis von 93 SNPs nach Harmoinen *et al*. (2021). a. Auswahl der verwendeten Referenzwölfe aus verschiedenen europäischen Populationen (CEU – Zentraleuropäische Population, POL – Polen, ALP – Alpenpopulation, DIN – Dinarische Population, ROM – Rumänien, BAL – Baltische Population) und Referenzhunde (HundRef), sowie 35 Hunde aus diversen Rassen mit bekanntem Wolfsanteil (HundTest) und b. Zeitleiste der 593 mittel SNP-Analyse genetisch untersuchten Wölfe. Vorfalls-ID: D-HY in Deutschland stattgefundene Hybridisierungsereignisse; E-HY Hybridisierungsereignisse außerhalb DE mit Einwanderung der Nachkommen. Für E-HY-I ist keine Einwanderung bekannt, lag aber direkt an der Grenze zu Deutschland. **19**

Abb. 3: Übersicht der gemessenen Amylase-Kopienanzahl für Hunde (171), Hybride (6) und Wölfe (430) aus Deutschland und Nachbarländern. Die ursprüngliche, wolfstypische Kopienanzahl für Caniden von N=2 ist durch eine rote Linie markiert. **20**

Abb. 4: Zeitleiste für die Bestimmung der Amylase-Kopienzahl für untersuchte Wölfe (430), Referenzhunde (171) sowie bekannte Wolf-Hund-Hybriden (6) aus den Monitoringjahren 2000 - 2022. Wölfe tragen in der Regel zwei Amylasekopien im Genom, Hunde dagegen meist mehrere. **21**

Abb. 5: Hybridwürfe in deutschen Wolfsterritorien von 2000 bis 2022. ..... **23**

Tabellenverzeichnis

Tab. 1: Übersicht der analysierten Wolfsindividuen aus dem deutschen und angrenzenden Wolfsbestand zwischen den Monitoringjahren 2000 und 2022. Es wurden insges. 445 unterschiedliche Verpaarungen identifiziert, von denen aus 433 mind. ein Nachkomme erfolgreich über SNPs analysiert wurde. Alle Individuen in der Amylase-Analyse wurden ebenfalls mittels SNPs untersucht. *39 Individuen wurden im Monitoringjahr 2023+ ermittelt, werden aber in den Datensatz gezählt, da die erste Verpaarung der Eltern vor 2023 lag. **15**
Tab. 2: Anzahl an nachgewiesenen Reproduktionen im deutschen Wolfsmonitoring (*Quelle: DBBW-Website, Stand 12.03.2025), die daraus resultierende Wurfzahl für die Monitoringjahre (= Mjahr) 2000/01-2022/23 (ohne tragend tot) und die aus diesen berechnete Hybridisierungsraten (Prozentsatz genetisch bestätigter Wolf-Hund-Hybriden in Bezug auf die Gesamtzahl der bekannten Reproduktion = WDH; bzw. nur der genetisch getesteten Reproduktionen = WDH Gen.). **16**
Tab. 3: Hybridisierungsvorfälle in Deutschland (D-HY-I bis D-HY-V) und grenznahe/eingewanderte Hybrid-Individuen (E-HY-I bis E-HY-III). *Individuum ist Teil der vorliegenden Analysen; †Individuum ist tot; [v]†Individuum ist vermutlich tot; [u] Verbleib unbekannt; ? Genotyp ist nicht bekannt. Hybridkennung bei Senckenberg zu Beginn mit eigener fortlaufender Nummer und einem x im Namen, später mit fortlaufender Kennungsnummer der Wolfsindividuen mit einem H am Ende. **18**
Anlage 1. Tab. 4: Übersicht aller 445 ermittelten Wolfsverpaarungen mit genetisch analysierten Individuen aus dem Datensatz V-Data. V-Jahr = erstes Jahr, in dem die Eltern im Territorium nachgewiesen wurden, Herk-Rudel = Herkunftsrudel des Individuums bzw. dem Territorium der Eltern) und den Eltern (Mutter, Vater). I-Jahr = erstes Jahr, in dem das Individuum genetisch erfasst wurden (entspricht nicht immer dem Geburtsjahr). Weiterhin sind die Ergebnisse der Hybridisierungsanalysen angegeben (SNP und AMY2B Copy Number Variation, gerundet ohne Nachkommastelle; ermittelte Hybride markiert). Ebenfalls aufgeführt ist der mitochondriale Haplotyp der getesteten Wölfe, welcher im Monitoring routinemäßig über die Sequenzierung eines hypervariablen Teilstücks der Kontrollregion erhalten wird. **29**
Anlage 2. Tab. 5: Übersicht der 160 analysierten Wolfsindividuen ohne bekannte Verwandtschaftsbeziehungen aus dem Datensatz O-Data. I-Jahr = erstes Jahr, in dem das Individuum genetisch erfasst wurden (entspricht nicht immer dem Geburtsjahr). Weiterhin sind die Ergebnisse der Hybridisierungsanalysen angegeben (SNP und AMY2B Copy Number Variation, gerundet ohne Nachkommastelle; ermittelte Hybride markiert). Ebenfalls aufgeführt ist der mitochondriale Haplotyp der getesteten Wölfe, welcher im Monitoring routinemäßig über die Sequenzierung eines hypervariablen Teilstücks der Kontrollregion erhalten wird..... **40**
Anlage 3. Tab. 6: Übersicht der 243 analysierten Hunde (Datensatz H_Data) mit mitochondrialem Haplotyp sowie den Ergebnissen der SNP-Analyse (SNP) und der Bestimmung der Amylase-Kopienzahl (AMY2B CNV). n.a. = nicht analysiert. **44**

I. Einleitung und Fragestellung

Seit dem Jahr 2009 führt das Zentrum für Wildtiergenetik der Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung als nationales Referenzzentrum die genetischen Probenanalysen aus dem bundesweiten Wolfsmonitoring durch und wird von den Bundesländern für die genetische Untersuchung bei Nutztierrissen beauftragt. Mit Inkrafttreten der „Verwaltungsvereinbarung zwischen Bund und Ländern über die gemeinsame Nutzung der Daten aus genetischen Untersuchungen von Großkarnivoren“ (Verwaltungsvereinbarung Großkarnivoren-Genetik) zum 01.01.2021 verpflichtet sich Senckenberg zur Durchführung einer wissenschaftlichen Analyse zu abgestimmten relevanten Aspekten anhand der erhobenen Daten. In dem vorliegenden Bericht werden die Ergebnisse einer nach Abstimmung mit den Bundesländern und dem BfN durchgeführten Wolf-Hund-Hybridisierungsanalyse des deutschen Wolfbestandes vorgestellt.

Unter der „anthropogenen Hybridisierung“ versteht man die Hybridisierung zwischen Wildtieren und eng verwandten Haustierformen. Sie ist ein häufig diskutiertes Artenschutzproblem und stellt eine Herausforderung für das Wildtiermanagement dar (Dziech, 2021). Mögliche negative Auswirkungen von Hybridisierungen bei Wildtieren mit Haustierformen sind z.B. eine Minimierung des Fortpflanzungspotenzials, verringerte Fitness, Potenzial für die Übertragung von Krankheiten und die Bedrohung des Erhaltungszustands von Wildarten (Pierpaoli *et al*., 2003; Schwartz *et al*., 2004; Casas *et al*., 2012; Leonard *et al.,* 2014). Anthropogene Hybridisierung kann unter bestimmten Umständen jedoch auch positive Einflüsse haben. So gibt es etwa Beispiele von Krankheitsresistenzen, die durch Hybridisierung von der Haustier- auf die Wildart übertragen werden und damit die Fitness letzterer erhöht; ein bekanntes Beispiel ist die Resistenz schwarzer Wölfe in Nordamerika gegen das Hundestaupevirus (CDV; Cubaynes *et al.,* 2022). Trotz möglicher positiver Begleiterscheinungen der Hybridisierung und Introgression von Genen domestizierter Arten in Wildbestände wird Hybridisierung zumeist als Bedrohung für den langfristigen Erhalt von Arten angesehen und sollte daher nach Möglichkeit minimiert werden (Allendorf *et al.,* 2001). Im Falle des Wolfes spielt zusätzlich insbesondere die geringere Akzeptanz in der Bevölkerung für Hybridisierung und freilebende Wolf-Hund-Hybride eine wichtige Rolle. Eine auch in Deutschland angestrebte Minimierung des Genflusses vom Haushund zum Wolf sollte daher neben dem Erhalt der Art Wolf vor allem helfen, die Akzeptanz für die Art Wolf dauerhaft zu erhalten. Durch diese beiden zentralen Faktoren, nämlich den Aspekt der langfristigen Arterhaltung sowie der gesellschaftlichen Akzeptanz ist es für das Wolfsmanagement in Deutschland wichtig, umfassende Kenntnisse über den Hybridisierungsstatus der Wolfspopulation zu haben.

Das Vorkommen von Wolf-Hund-Hybriden unterscheidet sich regional deutlich. Laut existierender Fachliteratur sind Hybridisierungsereignisse aus den meisten europäischen Ländern mit

Wolfsvorkommen bekannt (Salvatori *et al.,* 2019); jedoch stellen diese zumeist seltene Ereignisse dar (z.B. keine nachweisebare Hybridisierung in Skandinavien: Smeds *et al.,* 2021; <2% im Alpenraum: Dufresnes *at al*., 2019; 3,8% für die Iberische Halbinsel: Godinho *et al.,* 2011). In wenigen Regionen, wie in Teilen Mittelitaliens, gibt es dagegen ein hohes Aufkommen von Wolf-Hund Hybridisierung (30,6% -> 50%; Salvatori *et al.*, 2019; Santostasi *et al.*, 2021).

In Deutschland wurden trotz des seit Jahren intensiven Monitorings, welches alle Bundesländer mit Wolfsvorkommen umfasst, nur vereinzelte Hybridisierungsereignisse registriert (DBBW, 2016, 2017, 2018, 2019, 2022). Es erscheint aufgrund des intensiven genetischen Monitorings, in dessen Rahmen bislang über 4000 Wolfsindividuen (Stand September 2024) über Mikrosatellitenanalysen individuell erfasst wurden sehr unwahrscheinlich, dass der Hybridisierungsgrad falsch eingeschätzt wird. Auch das Fotofallenmonitoring ergibt keine Hinweise auf gehäufte Hybridisierungsereignisse, die anhand von Fellmerkmalen in vielen Fällen zu erkennen sein sollten. Tatsächlich wurden alle bislang genetisch bestätigten Hybridisierungsereignisse zwischen wildlebenden Wölfen und Haushunden zunächst morphologisch erkannt, meist an einer dunklen oder anderweitig auffälligen Fellfärbung.

Trotz dieser recht eindeutigen Sachlage wird vor allem in den vom Wolf betroffenen Bevölkerungsgruppen, wie Jäger*innen und Nutztierhalter*innen, nach wie vor häufig die Meinung vertreten, dass in der deutschen Wolfspopulation ein hoher Hybridisierungsgrad herrsche; dies spiegelt sich auch immer wieder in entsprechenden Medienberichten wider (z.B. FOCUS online, 26.08.2020). Zu der Debatte tragen auch Ergebnisberichte eines anderen Labors (ForGen, Hamburg) von genetischen Analysen an Nutztierrissen bei, worin Wolfshybride als Ergebnis immer wieder zumindest nicht ausgeschlossen werden können (siehe z.B. vorheriges Zitat).

Für die Klärung der seit Jahren anhaltenden Debatte um den Hybridisierungsgrad der Wölfe in Deutschland erscheint es daher sinnvoll, die Hybridisierungsrate (siehe Definition) sowie den Anteil an Vermischung im Wolfsbestand systematisch zu untersuchen. Zentrale Aufgabe dieser Studie war daher die umfassende Analyse der Hybridisierungsrate im deutschen Wolfsbestand. Hierfür wurde ein kombinierter Ansatz aus zwei Untersuchungsmethoden gewählt:

(i) Analyse von 93 *ancestry informative* Single Nucleotide Polymorphism (SNPs) nach Harmoinen *et al*. (2021)

Die Untersuchung basiert auf 93 SNPs, die aus einem großen, genomweiten Datensatz von mehreren tausend Einzelpunktvarianten (SNPs) anhand des Kriteriums des größtmöglichen Frequenzunterschiedes zwischen Haushunden und europäischen Wölfen ausgewählt wurden. Das reduzierte SNPpanel weist daher eine ähnlich hohe Differenzierungspräzision zwischen Hunden, Wölfen und ihren rezenten Hybridgenerationen auf wie große genomweite Analysemethoden. Ein Vorteil der

mittels der Fluidigm-Analyseplattform durchgeführten SNP-Methode nach Harmoinen *et al.* (2021) ist die Eignung für nichtinvasiv gesammelte Proben mit geringem DNA-Gehalt, wie etwa Kot- oder Rissproben. Dies erlaubt die systematische Verwendung von im bundesweiten Wolfsmonitoring gesammelten Proben unabhängig von der Probenart. Die Analyse wurde mit mehreren europäischen Wolfspopulationen erfolgreich getestet und erlaubt eine sichere Bestimmung von Hybridisierungsereignissen bis in die dritte Generation (= 2. Rückkreuzungsgeneration). Auch Hybridisierungen der vierten Generation können häufig noch bestimmt werden (Harmoinen *et al.,* 2021). Die Methode gilt in Europa aktuell als der zur Hybrid-Identifikation auf Basis nichtinvasiv gesammelter Proben verlässlichste Ansatz und wurde bereits im genetischen Wolfsmonitoring mehrerer Länder erfolgreich getestet (z.B. Slowenien, Italien, Schweiz, Dänemark, Österreich, Polen).

(ii) Bestimmung der Kopienzahl des Amylase-Gens AMY2B

Amylasen sind Enzyme, die für den Abbau von Polysacchariden (z.B. Stärke) verantwortlich sind. Die Pankreas-Amylase (Alpha-2B-Amylase) etwa verdaut im Dünndarm Stärke zu Glukose (Mocharla *et al*., 1990). Diese wird auf dem Gen **AMY2B** codiert und Studien konnten nachweisen, dass im Laufe der Domestikation des Wolfs zum Hund durch genetische Adaptation an menschliche Nähe eine Anhäufung von zusätzlichen Kopien im Genom geschah und somit modernen Hunden, im Vergleich zu Wölfen die Verdauung einer stärkereicheren Nahrung ermöglicht (Axelsson *et al*., 2013). Die AMY2B-Kopienzahl (copy number variation, CNV) variiert bei den meisten Hunderassen zwischen 4 und 30, während Wölfe nur zwei Kopien auf dem entsprechenden Chromosom tragen (jeweils eine pro elterlich vererbtes Chromosom; Axelsson *et al*., 2013). Die Messung der **AMY2B**-**CNV** sollte demnach einen Hinweis in der genetischen Artunterscheidung geben. Hybriden sollten zumeist eine zwischen Hund und Wolf intermediäre Kopienanzahl aufweisen; Rückkreuzungen zum Wolf können eine Kopienzahl von N = 2 oder höher tragen. Sollte der deutsche Wolfsbestand tatsächlich substanzielle Hundeanteile im Genom aufweisen, so müsste ein signifikanter Teil der Wölfe zusätzliche Amylasekopien tragen, die von Hundevorfahren geerbt wurden.

Während die SNP-Analysen nach Harmoinen *et al.* (2021) seit mehreren Jahren neben der Mikrosatelliten-basierten Genotypisierung im deutschen Wolfsmonitoring angewandt werden, wird die Messung der Amylase-CNV routinemäßig im österreichischen Wolfsmonitoring angewandt. Beide Methoden folgen einem unterschiedlichen Prinzip und sind völlig unabhängig voneinander.

Die Analyse mittels beider Methoden (SNP und AMY2B-CNV) erfolgt anhand der durch das fortlaufende Wolfsmonitoring bekannten individuellen Genotypen deutscher Wölfe und deren zu großen Teilen bekannten Verwandtschaftsbeziehungen. Es war unser Ziel eine exakte Hybridisierungsrate über den

gesamten Zeitraum seit der Wiederbesiedlung Deutschlands durch den Wolf (22 Jahre) sowie für jedes Monitoringjahr zu bestimmen. Dafür sollte nach Möglichkeit mindestens einen Nachkommen aus jeder im Monitoring nachgewiesenen Verpaarung auf Hybridisierung zu testen. Daneben sollte auch eine zufällige Auswahl weiterer Individuen, deren Verwandtschaft sich nicht näher bestimmen ließ, getestet werden. Der Untersuchungszeitraum schließt alle genetisch identifizierten Wolfsindividuen ein, die seit Beginn der Wiederbesiedlung 2000 und Ende des Jahres 2022 in Deutschland bekannt waren.

I.1 Definitionen

Monitoringjahr: 01. Mai - 30. April. Der Zeitabschnitt umfasst ein biologisches Wolfsjahr, von der Geburt der Welpen bis zum Ende ihres ersten Lebensjahres.

Verpaarung: Identifizierte Elternkombination. Jede bekannte Fortpflanzungskombination deutscher Wölfe untereinander (oder mit Hunden). Nicht identisch mit „Paare" aus dem Wolfsmonitoring, da nicht jedes Paar sich auch fortpflanzt. Auch nicht identisch mit den Rudeln, da in einem Rudel ein Elternteil (nach z.B. Tod des Partners) wechseln kann und teils mehr Verpaarungen als Rudel erfasst wurden.

Wolf-Hund-Hybrid, „Hybrid": Mischling zwischen Hund und Wolf. Verschiedene **Hybridisierungsgrade/-klassen** werden unterschieden (siehe folgend F1 – BC2dog und Abb. 1).

F1-Hybrid - „F1": Hybrid der ersten Generation mit einem Elternteil Wolf und einem Elternteil Hund.

F2-Hybrid - „F2": Hybrid der zweiten Generation mit beiden Elternteilen F1.

***Rückkreuzungshybride (backcross)*:** Rückkreuzung eines F1 Hybriden zu einer der Elternpopulationen (Parentalarten), siehe BC1wolf bis BC2dog.

Backcross 1 Wolf - "BC1wolf": 1. Generation einer Rückkreuzung mit den Elternteilen F1 / Wolf.

Backcross 2 Wolf - "BC2wolf": 2. Generation einer Rückkreuzung mit den Elternteilen BC1wolf / Wolf.

Backcross 1 Hund - "BC1dog": 1. Generation einer Rückkreuzung mit den Elternteilen F1 / Hund.

Backcross 2 Hund - "BC2dog": 2. Generation einer Rückkreuzung mit den Elternteilen BC1dog / Hund.

Introgression: beschreibt die Übertragung von Genen einer Art in den Genpool einer andere Art.

Hybridisierungsrate: Prozentualer Anteil der Hybridwürfe innerhalb der bekannten Wolfsreproduktionen, gesamt und im zeitlichen Verlauf.

SNP: Single Nucleotide Polymorphism – Punktmutation, eine Position im Erbgut (Genom), an der innerhalb der betrachteten Menge an getesteten Individuen unterschiedliche Basenpaare (= Allele) auftreten können.

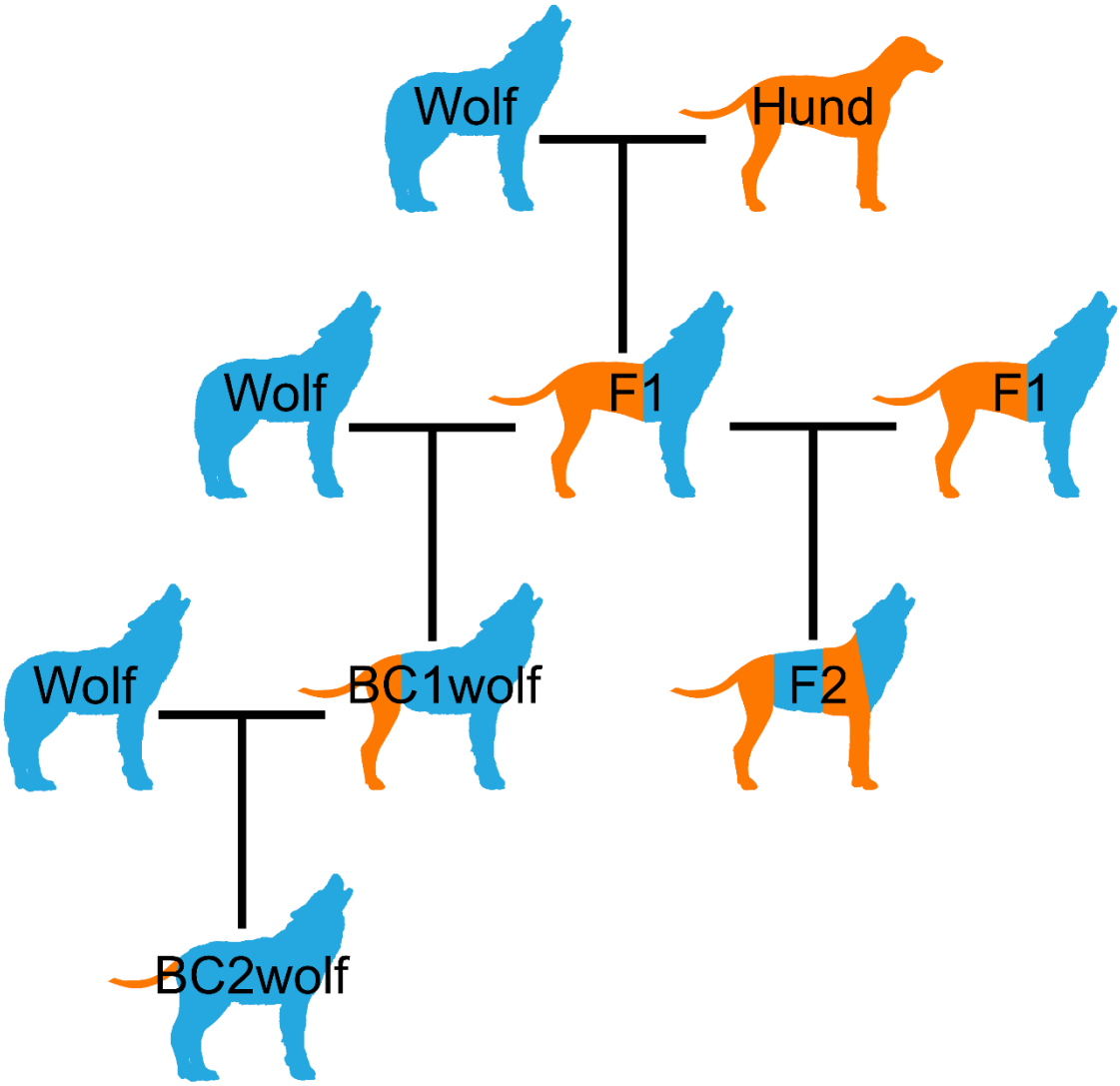

Abb. 1: Schematische Darstellung der Hybridisierungsgrade. Fortpflanzungen zwischen Wölfen und Hunden ergeben F1-Hybriden mit je 50% Genanteil für Wolf und Hund. Kreuzung zwischen zwei F1-Hybriden sind F2-Hybriden. Kreuzen sich F1 (oder F2) Hybriden mit Wölfen (oder Hunden), werden die Nachkommen als „backcross" (Rückkreuzung) bezeichnet. Bei Rückkreuzungen in die Wolfspopulation (BC1wolf, BC2wolf, etc.) reduziert sich der Anteil des vom Hund vererbten Erbguts auf 25% (BC1wolf) bzw. 12,5% (BC2wolf). Bei weiteren Rückkreuzungsgenerationen wird der Anteil immer geringer, jedoch können sich auch bei sehr lange zurückliegenden Hybridisierungsereignissen einzelne Merkmale dauerhaft im Genpool manifestieren („Introgression", Beispiel siehe Hundestaupevirus in der Einleitung). Rückkreuzung ist analog auch für Hunde möglich (BC1dog, etc.), was typischer Weise auch bei Wolfhunde-Rassen vorliegen kann.

II. Material und Methoden

II.1 Verwendete Proben

Im deutschen Wolfsmonitoring erfolgt der Artnachweis in den meisten Fällen zunächst mittels Sequenzanalyse der mitochondrialen Kontrollregion und wird später durch die Analyse von 13 Mikrosatellitenmarkern der Kern-DNA bestätigt. Die Mikrosatellitendaten werden zusammen mit zwei Geschlechtsmarkern für die individuelle Zuordnung und die Verwandtschaftsrekonstruktion verwendet. Die deutschlandweit einheitliche Probenanalyse in einem zentralen Labor ermöglicht es, Individuen bundesländerübergreifend ihren Herkunftsrudeln zuzuordnen und Verwandtschaftsstrukturen zu ermitteln. Die Auswahl der Wolfsproben für die Analysen des vorliegenden Berichtes basiert auf den im Rahmen des Wolfsmonitorings generierten individuellen Genotypdaten.

Die verwendeten Hundeproben wurden im Rahmen einer Erweiterung der internen Referenzdatenbank gesammelt, für die Züchter und private Halter diverser Hunderassen um Speichelproben ihrer Hunde gebeten wurden. Der Rasseschwerpunkt lag dabei auf typischen großen Rassen (bspw. Schäferhund, Retriever), Wolfhunderassen und auf Hunden der FCI-Gruppe „Spitze und Hunde vom Urtyp“ (bspw. Siberian Husky, Akita Inu). Für die Amylase-Untersuchung wurden weitere AMY2B-CNV-Daten für Hunde aus Axelsson *et al.* (2013) entnommen.

II.2 Ermittlung von Verpaarungen und Individuenauswahl

Im Rahmen der Analyse wurden Datensätze von Senckenberg und der DBBW genutzt.

Datensatz „Territorien“ (T_Data). Im Rahmen des Wolfsmonitorings werden bekannte Wolfsterritorien von den zuständigen Stellen der Bundesländer erfasst und über die DBBW bundesweit zusammengefasst und dargestellt. Dieser Datensatz bildete die strukturelle Grundlage für die Rudelzuordnung (siehe R_Data) und Basis der räumlichen Analyse.

Datensatz „Rudel“ (R_Data). In Deutschland werden bekannte Territorien, wenn möglich, den jeweiligen territorialen Wölfen und Wolfsrudeln für jedes Monitoringjahr (01.05. des laufenden Jahres bis 30.04 des Folgejahres) zugeordnet. Dieser Datensatz listet für jedes Monitoringjahr Fähe und Rüde des Rudels als Territorieninhaber auf. Dieser Datensatz, sowie I_Data bildete die Basis zur Erstellung des Datensatzes „Verpaarungen“ und Ermittlung von Wolfsindividuen ohne bekannte Eltern (siehe V_Data und O_Data). Dieser Datensatz wurde ebenfalls genutzt um die Anzahl an Würfen zu ermitteln.

Datensatz „Wolfsindividuen“ (I_Data). Dieser Datensatz basiert auf der fortlaufenden genetischen Erfassung von Wölfen (siehe II.1) im Rahmen des bundesweiten Wolfsmonitorings. Anhand von Mikrosatelliten-Genotypen führt Senckenberg eine genetische Datenbank mit allen bekannten

Individuen im deutschen Wolfsbestand sowie deren Verwandtschaftsbeziehungen und Geburtsterritorien. Dieser Datensatz, sowie R_Data bildete die Basis zur Erstellung des Datensatzes „Verpaarungen“ und Ermittlung von Wolfsindividuen ohne bekannte Eltern (siehe V_Data und O_Data). Dieser Datensatz umfasste über 4000 Wolfsindividuen (Stand September 2024). Diese Studie wurde auf Daten bis einschließlich Monitoringjahr 2022 ausgerichtete, da die Monitoring Daten von 2023 und 2024 zum Zeitpunkt der Studie noch nicht vollständig vorlagen. Es konnten 3265 Individuen ermittelt werden, die zwischen 2000 und 2022 genotypisiert wurden. Von diesem Datensatz wurden 7 Wölfe aus Gehegehaltung ausgeschlossen. Nicht alle Individuen stammen aus Deutschland, sondern haben bekannte Herkunftsrudel in Nachbarländern oder sind von unbekannter internationaler Herkunft. Diese sind für das Hybridisierungsgeschehen in Deutschland nur interessant, wenn sie tatsächlich eingewandert sind. Dann wurden die Individuen mit ihren Geschwistern für die Analysen im Datensatz belassen, allerdings nicht zur Errechnung der Hybridisierungsrate genutzt (siehe Verweis „Probe EU“ in Ergebnissen). Bei 27 Individuen gab es bislang keine Nachweise für eines der internationalen Rudelnmitglieder innerhalb Deutschlands. Daher wurden diese Individuen aus dem Datensatz entfernt. Ausnahme bildet die Hybrid-Verpaarung aus Rumburk 2016 (siehe Ergebnisse), die aufgrund der Grenznähe ebenfalls analysiert wurde. Von den ab 2023 bestätigten Wolfsindividuen wurden 39 Individuen in den Datensatz aufgenommen, da deren Eltern vor 2023 reproduzierende Rudel bildeten und die Proben jüngerer Nachkommen ggf. qualitativ hochwertiger waren und so den Analyseerfolg erhöhten. Weitere Geschwister dieser 39 zusätzlichen Individuen, die ab 2023 genotypisiert wurden, wurden nicht in den Datensatz aufgenommen. Final beinhaltete der Datensatz I_Data 3270 (3231+39) Wolfsindividuen.

Für die Identifizierung der zu testenden Nachkommen aus allen bekannten Verpaarungen musste zunächst die Gesamtzahl nachgewiesener Verpaarungen im deutschen Wolfsmonitoring ermittelt werden. Hierfür wurde für alle bekannten Nachkommen ein „Verpaarungscode“ der Eltern erstellt, welcher sich aus dem ersten territorialen Jahr der Eltern, dem Geburtsterritorium und der ID der Eltern zusammensetzt. So erhielten etwa allen Nachkommen von GW012f und GW008m, die von 2004-2011 in Nochten (NO) Territorieninhaber waren, den Code „2004_NO_GW012f+GW008m“. Hierdurch entstand der **Datensatz „Wolfsverpaarungen“ (V_Data)**, (n=2495 von 3270 s.o.), der Verpaarungen zwischen den Jahren 2000 und 2022 enthält. Für die darin gelisteten Wolfsindividuen ist mind. ein Elternteil genetisch bekannt.

Zur Ermittlung der Hybridisierungsrate im deutschen Wolfsbestand sollte mindestens ein Nachkomme pro Verpaarung mittels SNPs untersucht werden. Teilweise wurden mehrere Analysen innerhalb einer

Verpaarung durchgeführt, um Analyseausfälle auszugleichen. Das Verfahren der Amylasegen-Kopienbestimmung weist bei nichtinvasiven Proben mit geringerem DNA-Gehalt häufiger Ausfälle auf, welche im Datensatz nicht immer ausgeglichen werden konnten. Eine erfolgreiche Bestimmung der Kopienanzahl war deshalb nicht für jede Verpaarung möglich. In die abschließende Analyse floss immer nur das Ergebnis eines Nachkommen pro Verpaarung ein, um Verfälschungen der finalen Hybridisierungsraten durch Mehrfachzählungen von Geschwistern aus einer Verpaarung auszuschließen.

Von 2000 bis ca. 2013 wurden im jährlichen Monitoring nahezu alle Wolfsterritorien genetisch erfasst. Mit der Zunahme an Territorien konnten jährlich nur noch zwischen etwa 75% bis 95% genetisch bestätigt werden. Aus diesem Grund wurde ein zweiter Datensatz angelegt, in dem alle Wolfsindividuen erfasst wurden, deren Eltern nicht bekannt sind und die somit aus V_Data entfernt worden waren. Dieser **Datensatz „OhneEltern" (O_Data)** umfasst alle genetisch identifizierten Wölfe, die aus anderen Ländern in die deutsche Wolfspopulation eingewandert sind oder aus genetisch nicht bekannten Verpaarungen stammen. Für den Untersuchungszeitraum ergab sich ein Datensatz von **775 Wolfsindividuen** ohne genetisch erfasste Eltern (von den 3270 aus I_Data). Aus diesem Datensatz wurde aus Gründen von Zeit- und Kostenersparnis eine zufällige Stichprobe von 160 Individuen ausgewählt und ebenfalls mittels Amylase und SNP-Analyse untersucht.

Bei zwei Verpaarungen mit Hybrid-Nachkommen, die in Nachbarländern stattfanden (siehe **E-HY-I** und **E-HY-III**) und teilweise Nachkommen einwanderten, war zwar das Herkunftsterritorium, nicht aber der Genotyp der Mutter bekannt. Diese Tiere wurden dennoch dem Datensatz V_Data zugeordnet, um alle zuvor bekannten Hybridisierungsereignisse zu erfassen. Diese stammten zwar nicht von Hybridwürfen innerhalb Deutschlands und sind daher nicht relevant für die für Deutschland zu errechnende Hybridisierungsrate, sind aber dennoch für die Gesamtbetrachtung des Hybridisierungsgeschehens in Deutschland von Bedeutung (z.B. *GW2722mH* als Vater von *GW2723fH*). Eine auf grundlegende Parameter reduzierte Liste der final analysierten Wolfsindividuen findet sich in den Anlagen (Tab. 4 und 5).

Es wurden des Weiteren 243 Speichelproben von Hunden gesammelt, **Datensatz „Hunde" H_Data**, (Anlagen Tab. 6). Von diesen wurden 35 in der Amylase-Analyse als Referenz verwendet (zuzüglich der CNV-Daten von 136 Hunden aus Axelsson *et al.* 2013). Da viele Hunderassen durch Axelsson *et al.* (2013) bereits auf CNV getestet waren, wurden für die ergänzenden Analyse vor allem Wolfhunde (Tschechoslowakische, Saarloos und Marxdorfer Wolfhund, Tamaskan), nordische (Husky, Alaskan Malamute), ursprüngliche Rassen (ChowChow, Akita, Shiba Inu) und Mischlinge ausgewählt. Wenn im

Datensatz vorhanden, wurden dabei von jeder ausgewählten Rasse drei nicht verwandte Individuen getestet. Alle 243 Hundeproben wurden mittels SNPs untersucht und dem Hundereferenzdatensatz von Senckenberg hinzugefügt. Die oben genannten Rassegruppen, die ergänzend für eine Amylase-Kopienbestimmung ausgewählt wurden, sind teils aufgrund ihrer Rassenhistorie für eine größere genetische Nähe zum Wolf bekannt (Parker *et al.*, 2004), weshalb sie als alleinige Referenzhunde für diese Studie nicht geeignet sind. Daher wurden diese 35 Referenzhunde der Amylase-Untersuchung bei der SNP-Analyse als Test- statt Referenzgruppe ausgewählt. Des Weiteren wurden 20 Individuen aus typischen Hunderassen (Dt. Schäferhund, Golden Retriever, Labrador Retriever und Galgo) als Referenzen für die SNP-Analyse verwendet.

II.3 Methodik SNP-Analyse

Die SNP-basierte Analyse fokussiert sich mittels eines optimierten Panels aus 93 genomweiten Markern auf Punktmutationen, deren Allelfrequenzen zwischen Wolf und Hund signifikant verschieden sind (Harmoinen *et al.,* 2021). Alle ausgewählten Individuen wurden mit diesem Panel genotypisiert und aufgrund ihrer Genotypen statistisch einer von acht möglichen Hybridisierungskategorien zugewiesen (Anderson and Thompson 2002): Parentalarten Wolf und Hund oder Hybridklassen F1, F2, Rückkreuzung zu Wolf bzw. Hund der Generationen 1 und 2 (siehe Definitionen). Die Zuweisung erfolgt dabei probabilistisch und richtet sich nach der zu erwarteten Frequenz der oben genannten Marker in simulierten Hybridklassen. Die simulierten Hybridklassen basieren auf etablierten Referenzdatensätzen (CEU – Zentraleuropäische Population, POL – Polen (hauptsächlich Karpaten- und baltische Population), ALP – Alpenpopulation, DIN – Dinarische Population, ROM – Rumänien (Karpatenpopulation), BAL – Baltische Population) mit je 20 Wolfsindividuen, die bereits zuvor als Wölfe genetisch getestet wurden und auch von internationalen Projektpartnern als Wölfe klassifiziert wurden. Die Zuordnung zu Parentalarten bzw. Hybridklassen erfolgte mittels der Software NEWHYBRIDS (Anderson and Thompson 2002). Die Nutzung von Referenzen aus unterschiedlichen Wolfspopulationen Europas ist entscheidend um sicherzustellen, dass sich aus anderen, genetisch differenzierten Populationen ausbreitende Wölfe nicht versehentlich als Wolf-Hund-Hybriden eingestuft werden (Stronen *et al*., 2022). Ein Beispiel hierfür aus dem vorliegenden Datensatz sind Wölfe aus dem Alpenraum, die den Haplotyp HW22 tragen (siehe Anlagen Tab. 4 und 5). Um diese sicher zu klassifizieren, werden HW22-Proben mit vorhandenen Referenzproben von Wölfen aus der Alpenpopulation (ALP) abgeglichen.

Insgesamt wurden 595 (potenzielle) Wolfsproben sowie 35 Hundeproben ausgewertet. Analysen mehrerer Geschwister aus einer Verpaarung wurden ausgeschlossen.

II.4 Methodik Amylase-Analyse

Die Amylase-Untersuchung erfolgte am FIWI (Forschungsinstitut für Wildtierkunde und Ökologie) der Vetmeduni Wien. Zur Bestimmung der AMY2B-Kopienzahl (copy number variation: CNV) wurde eine droplet digital PCR (ddPCR) mit einem Droplet Digital PCR-System von Bio-Rad (Hindson *et al.*, 2011) durchgeführt. Bei diesem Verfahren finden PCR-Reaktionen in einzelnen Emulsionströpfchen („Droplets“) statt; die Häufigkeit des Zielgens wird anschließend fluorometrisch detektiert. Da mehrere Droplets pro Probe gemessen werden, entsteht in den Rohdaten eine Variation der Kopienanzahl, die anschließend auf ganze Zahlen gerundet wird. Probe und Primer für das Ziel-Gen AMY2B wurden wie bei Axelsson *et al*. (2013) verwendet und als Referenz-Gen wurde c7orf28b-3 mit entsprechenden Primern und Sonde verwendet. Die ergänzten Resultate der AMY2B-Kopienzahl aus Axelsson *et al*. (2013) stammen aus herkömmlicher real-time quantitative PCR (qPCR). Analysen zu Ermittlung der CNV der ddPCR Messungen wurden mit QuantaSoft™ Version 1.7 von Bio-Rad durchgeführt. Aufgrund von teils unzureichender Probenqualität funktionierten in diesem System nicht alle Proben, sodass von 595 Wolfsproben insgesamt 436 und alle 35 Hundeproben erfolgreich gemessen werden konnten.

III. Ergebnisse und Diskussion

III.1 Anzahl an Wolfsverpaarungen und -würfen

Der Datensatz I_Data beschränkt sich auf die Studienjahre, mit 3270 (3231+39) Wolfsindividuen, zusammengesetzt aus 2495 Wolfsindividuen in V_Data und 775 Wolfsindividuen in O_Data (Tab. 1). Alle Proben stammen entweder von Individuen mit Herkunft aus Deutschland („Probe DE“) oder von eingewanderten Individuen mit Herkunft aus Nachbarländern („Probe EU“). Auch wenn Hybridverpaarungen in Nachbarländern nicht zur Berechnung der deutschen Hybridisierungsrate einbezogen werden, wurden diese Individuen untersucht um auch (potenzielle) Einwanderungen von Hybridisierungsvorfällen der Nachbarländer abbilden zu können, da diese Individuen in Deutschland nachgewiesen wurden.

Für die 2495 Wolfsindividuen aus V_Data war eine elterliche Verwandtschaftsbeziehung bekannt (teilweise nur ein Elternteil, bei Herkunft im Ausland teilweise ohne bekannten Genotyp der Eltern in der Senckenberg-Datenbank). Hierüber wurden **445 genetisch bekannte Verpaarungen** mit Nachkommen identifiziert, von denen **426 in Deutschland** stattfanden. Für zwei Verpaarungen aus Nachbarländern, für die nur ein Nachkomme bekannt/eingewandert war, scheiterten wiederholte Analysen an der unzureichenden Probenqualität. 10 weitere Verpaarungen wurden im September 2024 aufgrund neuerer Monitoringdaten, jedoch nach Abschluss der Laborarbeiten, ermittelt. Daher liegen für diese keine SNP-Ergebnisse in diesem Bericht vor.

Für nahezu alle anderen Verpaarungen (433 von 445) lag mindestens ein erfolgreich mittels SNP-Untersuchung analysierter Nachkomme vor, sodass eine weitgehend vollständige Abdeckung aller Verpaarungen erreicht wurde.

3270 (3231 +39*) **Individuen (Wölfe oder Hybride)** 2000 – 2022 (Datensatz von I_Data)					
Wolfsindividuen **mit** bekannten Eltern			Wolfsindividuen **ohne** bekannte Eltern		
2495 Individuen (V_Data) in **445 Verpaarungen** (426 in DE)			775 Individuen (O_Data)		
Keine Daten	SNP	Amylase	SNP	Amylase	Keine Analyse
12 Verpaarungen DE: 10, EU: 2	433 Individuen / Verpaarungen DE: 416, EU: 17	386 Individuen / Verpaarungen DE: 371, EU: 15	160 Individuen	49 Individuen	615 Individuen
	SNP-Analyse → 593 Wölfe (oder Hybride) → 35 Hunde				
		Amylase-Analyse → 436 Wölfe (oder Hybride) → 171 Hunde			

Tab. 1: Übersicht der analysierten Wolfsindividuen aus dem deutschen und angrenzenden Wolfsbestand zwischen den Monitoringjahren 2000 und 2022. Es wurden insges. 445 unterschiedliche Verpaarungen identifiziert, von denen aus 433 mind. ein Nachkomme erfolgreich über SNPs analysiert wurde. Alle Individuen in der Amylase-Analyse wurden ebenfalls mittels SNPs untersucht. *39 Individuen wurden im Monitoringjahr 2023+ ermittelt, werden aber in den Datensatz gezählt, da die erste Verpaarung der Eltern vor 2023 lag.

Da die „Verpaarung“ nur einmalig pro Rüde-Fähe-Kombinationen zählt, aber Elternpaare oft in mehreren Monitoringjahr Würfe haben, spiegelt diese nicht die Anzahl von Würfen wider. Für die Ermittlung der tatsächlichen Hybridisierungsrate müssen neben der Anzahl der einzelnen Rüde-Fähe-Kombinationen auch die Anzahl der Würfe jedes Elternpaares berücksichtig werden. Aus dieser Gesamtzahl der genetisch bestätigten Würfe ergibt sich die tatsächlich gemessene Hybridisierungsrate. Daher wurde für die Zählung der Würfe der Datensatz durch die Daten der Rudeltabelle erweitert. Es sind innerhalb Deutschlands oder als Grenzrudel bislang 396 Territorien bekannt (T_Data, Stand März 2025). Für den gesamten Zeitraum der Monitoringjahre 2000 bis 2022 wurden 972-mal in Territorien Reproduktionen nachgewiesen (R_Data, und DBBW-Website, Zugriff: März 2025, Tab. 2).

Zur Ermittlung der Gesamtzahl an Würfen wurden zu der Anzahl an Territorien mit dokumentierter Reproduktion die Doppelreproduktionen sowie die nachgewiesenen Hybridwürfe addiert (Tab. 2). Sechs Reproduktionsvermerke von R_Data wurden im Monitoring nicht gezählt, da die Fähen samt Welpen vor oder bei der Geburt starben. Insgesamt wurden so für die Monitoringjahre 2000/01 bis 2022/23 eine Gesamtzahl von 1013 Wolfswürfen ermittelt (Tab. 2). Bei dieser Wurfzahl sind nicht in allen Fällen Eltern und Nachkommen genetisch bekannt. Nach Abzug der Würfe ohne genetisch bekannte Nachkommen ergibt sich als relevante Gesamtmenge die Anzahl von **800 genetisch bekannten Wolfswürfen in Deutschland**.

SENCKENBERG
world of biodiversity

Tab. 2: Anzahl an nachgewiesenen Reproduktionen im deutschen Wolfsmonitoring (*Quelle: DBBW-Website, Stand 12.03.2025), die daraus resultierende Wurfzahl für die Monitoringjahre (= Mjahr) 2000/01-2022/23 (ohne tragend tot) und die aus diesen berechnete Hybridisierungsraten (Prozentsatz genetisch bestätigter Wolf-Hund-Hybriden in Bezug auf die Gesamtzahl der bekannten Reproduktion = WDH; bzw. nur der genetisch getesteten Reproduktionen = WDH Gen.).

Mjahr	Anzahl Territorien reproduzierend*	Doppel-reproduktionen	Hybridwurf	Tragend tot	Wurf-zahl	davon mit gen. bek. Nachkommen	davon ohne gen. bek. Nachkommen	WDH	WDH Gen.
2022/23	170	4	2		176	124	52	1,14%	1,61%
2021/22	147	5		1	152	116	36	0%	0%
2020/21	153	8		2	161	119	42	0%	0%
2019/20	117	7		2	124	96	28	0%	0%
2018/19	101	2	1		104	83	21	0,96%	1,20%
2017/18	70	3	1		74	63	11	1,35%	1,59%
2016/17	57	2		1	59	49	10	0%	0%
2015/16	45	2			47	40	7	0%	0%
2014/15	31	1			32	29	3	0%	0%
2013/14	23	1			24	22	2	0%	0%
2012/13	15	1			16	16		0%	0%
2011/12	11				11	10	1	0%	0%
2010/11	7				7	7		0%	0%
2009/10	7				7	7		0%	0%
2008/09	5				5	5		0%	0%
2007/08	3				3	3		0%	0%
2006/07	3				3	3		0%	0%
2005/06	2				2	2		0%	0%
2004/05	1				1	1		0%	0%
2003/04	1				1	1		0%	0%
2002/03	1		1		2	2		50%	50%
2001/02	1				1	1		0%	0%
2000/01	1				1	1		0%	0%
SUMME	**972***	**36**	**5**	(6)	**1013**	**800**	**213**	**0,49%**	**0,63%**

III.2 SNP-Analyse

Von 593 mittels SNP-Analysen nach Harmoinen *et al.* (2021) erfolgreich getesteten Wolfsindividuen wurden **acht als Hybride** identifiziert. Hybridisierungen zwischen Wölfen und Hunden sind in Deutschland demnach sehr selten. Seit der ersten Reproduktion von Wölfen im Jahr 2000 bis zum Monitoringjahr 2022/23 konnten nur drei direkte Hybridisierungsereignisse (D-HY-I: in Neustadt 2002 mit u.a. *GW03xm*, D-HY-II: in Ohrdruf 2017 mit u.a. *GW06xm* und D-HY-V: in Zella-Rhön 2022 mit u.a. *GW2914fH*) und zwei Rückkreuzungsereignisse (D-HY-III: in Ohrdruf 2019 mit u.a. *GW14xm* und D-HY-IV: in Rautenkranz 2022 mit u.a. *GW2723mH*) nachgewiesen werden (Tab. 3, Abb. 2).

Mit diesen fünf Hybridverpaarungen aus 426 deutschen Wolfsverpaarungen von genetisch bestätigten Reproduktionsereignissen (mind. ein Elternteil und mind. ein Nachkomme genetisch erfasst) beträgt der **Anteil an Hybridverpaarungen** im deutschen Wolfsbestand somit **1,17%.** Da bei dieser Berechnung auch über mehrere Jahre bestehende Verpaarungen nicht mitgezählt werden, liegt die tatsächliche Rate noch deutlich niedriger und kann über die Wurfzahl ermittelt werden. Basierend auf den 800 genetisch bekannten Würfen im Deutschland beträgt die **Hybridisierungsrate für Deutschland** mit besagten fünf Hybridwürfen lediglich **0,63%** (Tab. 2).

Neben den Hybridisierungsereignissen innerhalb Deutschlands sind zusätzlich noch zwei Vorfälle aus Nachbarländern bekannt (E-HY-I: *GW09xf* in Rumburk, Tschechien 2016 und E-HY-III: *GW2722mH* in Szubin, Polen 2020). Von denen sind einzelne Nachkommen nachweislich nach Deutschland einwanderten. Einer davon war der Rüde *GW2722mH* (Herkunft Szubin), welcher der Vater des deutschen Rückkreuzungsvorfalls Rautenkranz 2022 war. Für die Rumburk Nachkommen ist dies nicht bekannt, aber aufgrund der direkten Lage and er Deutschen Grenze war ein Monitoring dieser sinnvoll. Mit *GW2048mH* (E-HY-II: Herkunft unbekannt) ist zudem ein Rückkreuzungshybrid eingewandert. Seine Herkunft ist unklar, liegt aber nicht in Deutschland, da er laut der Genotypzuordnung nicht in die mitteleuropäische Population passt. Er stellt aus dem Datensatz O_Data den einzigen identifizierten Wolfshybriden dar, was bei 160 untersuchten Wölfen ohne bekannte Herkunft einen Anteil von weniger als 0,6% ausmacht.

Jeder dieser beschriebenen Hybridverpaarungen, sowie der eingewanderte *GW2722mH* wurde bereits im laufenden Monitoring erkannt (DBBW, 2016, 2017, 2018, 2019, 2022). Die Tatsache, dass die hier nachgewiesenen Hybridisierungsereignisse bereits im laufenden Monitoring erkannt und veröffentlicht wurden, belegt die Effizienz der Hybridenerkennung im deutschen Wolfsmonitoring sowie die hohe Transparenz. Die Hybriden wurden im laufenden Monitoring bis auf *GW2048mH* bereits alle morphologisch über Fotofallen erkannt und dann durch Mikrosatelliten bzw. SNP-Analysen als solche bestätigt.

Tab. 3: Hybridisierungsvorfälle in Deutschland (D-HY-I bis D-HY-V) und grenznahe/eingewanderte Hybrid-Individuen (E-HY-I bis E-HY-III). *Individuum ist Teil der vorliegenden Analysen; †Individuum ist tot; ᵛ†Individuum ist vermutlich tot; ᵘ Verbleib unbekannt; ? Genotyp ist nicht bekannt. Hybridkennung bei Senckenberg zu Beginn mit eigener fortlaufender Nummer und einem x im Namen, später mit fortlaufender Kennungsnummer der Wolfsindividuen mit einem H am Ende.

ID	Land	Rudel/ Territorium	Fähe	Rüde	Grad	Hybrid-individuen	Verbleib (DBBW, 2016-2022)
D-HY-I	**DE**	Neustadt 2003	GW006f	unbekannter Hund	F1	**Anzahl: 6** GW01xf†, GW02xm†, GW03xm ᵘ*, GW04xm ᵘ, ? ᵛ†, ? ᵛ†	2 gefangen/tot 4 unbekannt (2 davon sehr wahrscheinlich bereits als Welpen verstorben)
(E-HY-I)	CZ	Rumburk 2016 (nicht in DE eingewandert)	Rumburk Fähe	unbekannter Hund	F1	**Anzahl: 3** GW05xf†, ? †, GW09xf ᵘ*	2 tot 1 unbekannt
D-HY-II	**DE**	Ohrdruf 2017	GW267f	unbekannter Hund	F1	**Anzahl: 6** GW06xm†*, GW07xm†, GW08xm†, GW10xf†, ? ᵛ†, ? ᵛ†	4 entnommen 2 unbekannt (vermutlich als Welpen verstorben)
D-HY-III	**DE**	Ohrdruf 2019	GW267f	GW07xm	BC1 wolf	**Anzahl: 5** GW11xf†, GW12xf†, GW13xm†, ? ᵛ† GW14xm ᵘ*,	3 entnommen, 1 verm. tot, 1 unbekannt
E-HY-II	?	mind. 2019 - nicht mitteleuropäisch (2021 in DE eingewandert)	unbekannt	unbekannt	BC1 wolf	GW2048mH ᵘ*	unbekannt, 2021 einzige Probe
E-HY-III	PL	Szubin 2020 (2022 in DE eingewandert)	Szubin Fähe	Szubin Rüde	F2	GW2722mH ᵘ*	unbekannt
D-HY-IV	**DE**	Rautenkranz 2022	GW3134f	GW2722mH	BC2 wolf	**Anzahl: 4** GW2723fH†*, ? ᵘ, ? ᵘ, ? ᵘ	1 tot 3 unbekannt
D-HY-V	**DE**	Zella-Rhön 2022	GW1422f	unbekannter Hund	F1	**Anzahl: 5** GW2914fH†*, GW2915mH†, GW2923fH†, GW3159fH ᵘ, ? ᵘ	3 entnommen, 2 unbekannt

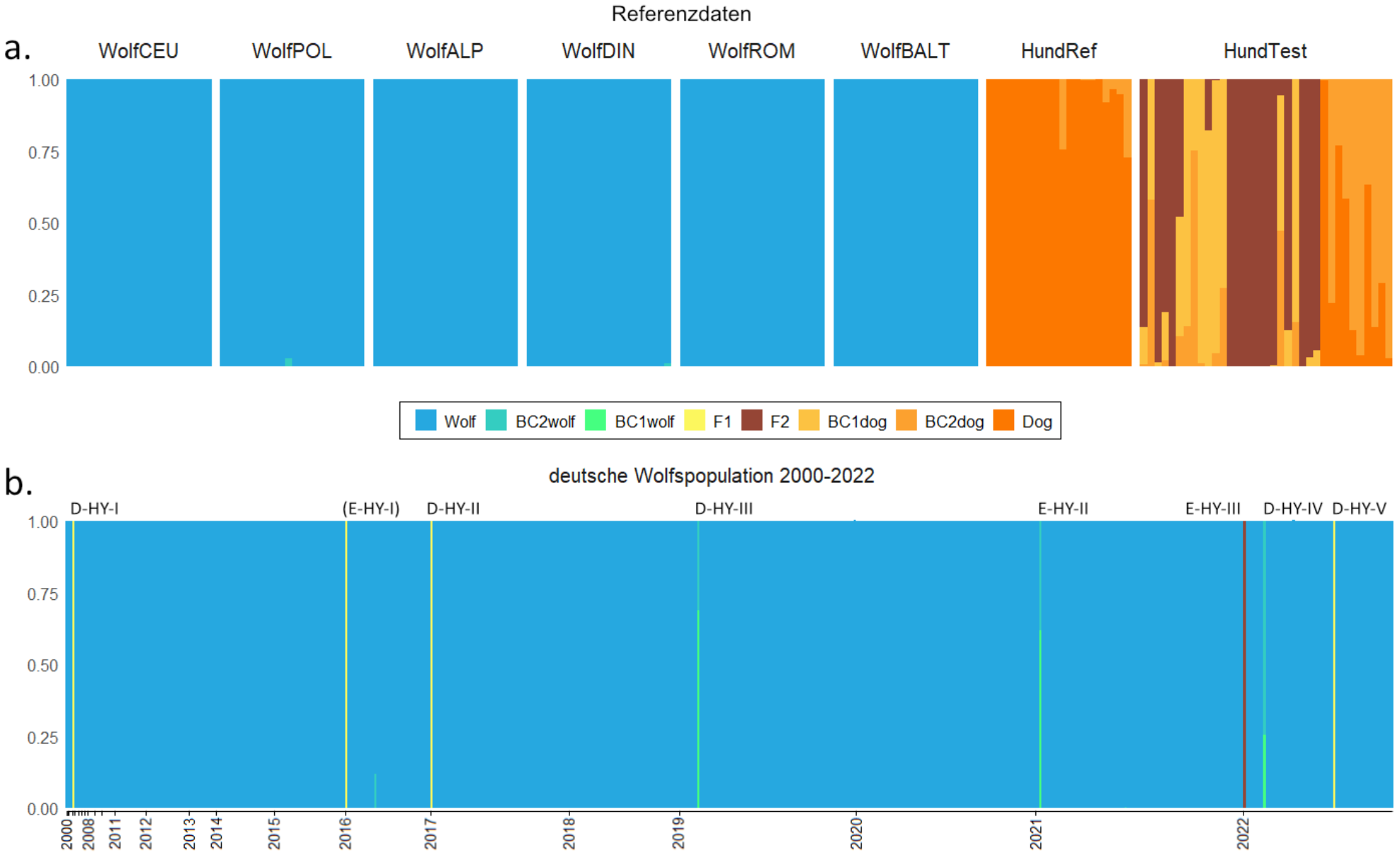

Abb. 2: NEWHYBRIDS-Analyse zur Ermittlung von Wolf-Hund-Hybriden auf Basis von 93 SNPs nach Harmoinen *et al*. (2021). a. Auswahl der verwendeten Referenzwölfe aus verschiedenen europäischen Populationen (CEU – Zentraleuropäische Population, POL – Polen, ALP – Alpenpopulation, DIN – Dinarische Population, ROM – Rumänien, BAL – Baltische Population) und Referenzhunde (HundRef), sowie 35 Hunde aus diversen Rassen mit bekanntem Wolfsanteil (HundTest) und b. Zeitleiste der 593 mittel SNP-Analyse genetisch untersuchten Wölfe. Vorfalls-ID: D-HY in Deutschland stattgefundene Hybridisierungsereignisse; E-HY Hybridisierungsereignisse außerhalb DE mit Einwanderung der Nachkommen. Für E-HY-I ist keine Einwanderung bekannt, lag aber direkt an der Grenze zu Deutschland.

III.3 Amylase-Analyse

Wie erwartet, unterscheidet sich die gemessene Kopienzahl zwischen Hunden und Wölfen deutlich (Abb. 3). Die 171 verfügbaren Messungen von Hunden zeigen Werte zwischen 2 und 30 Kopien, wobei die meisten Hunde zwischen 10-17 Kopien des AMY2B-Genes tragen. Diese Ergebnisse bestätigen frühere Studien die zeigen, dass die Anzahl der AMY2B-Kopien zwischen Hunderassen stark variiert (Axelsson *et al*., 2013, Arendt *et al*., 2014). Interessant ist, dass auch Hunde mit nur 2 Kopien gefunden wurden. In diesen insgesamt 7 Fällen handelte es sich ausnahmslos um alte Hunderassen oder solche mit bekannten Wolfsanteilen (Husky, Alaskan Malamute, Chow Chow und Wolfhund).

Bei 7 der 436 Individuen aus dem deutschen und angrenzenden Wolfsbestand wurde eine höhere Kopienzahl des AMY2B Genes gemessen als die wolfstypischen N=2. Bei 429 Individuen wurden maximal zwei AMY2B-Kopien gemessen (bei 95 Individuen wurde max. eine Kopie ermittelt, was vorherige Ergebnisse bestätigt; siehe Arendt *et al.*, 2016). Bei den Wolfsindividuen *GW2364m* (CNV = 2,9), *GW2798f* (CNV = 2,5) und *GW184m* (CNV = 3,15) wurde eine dritte Kopie ermittelt. Keines ist laut Monitoringinformationen und SNP-Analyse als Hybrid ermittelt worden und es besteht auch keine Verwandtschaft zwischen diesen Tieren. Basierend auf der Amylase-Analyse würden 5 Individuen als Hybrid gewertet (*GW03xm*, CNV = 6; *GW09xf*, CNV = 4,5; *GW06xm*, CNV = 4,7; *GW2914fH*, CNV = 3,84 und *GW184m*, CNV = 3,15). Die ersten vier wurden in der SNP-Analyse ebenfalls als Hybriden bestätigt, nicht jedoch das letztgenannte Individuum. Dahingegen wurden zwei weitere mittels SNPs bestätige Hybriden in der Amylase-Untersuchung nicht als solche erkannt (*GW14xm*, CNV = 0,97 und *GW2723fH*, CNV = 2,26). Dieses Ergebnis stellt eine von der SNP-Analyse unabhängige Bestätigung der bisher im deutschen Wolfsmonitoring gemachten Aussage dar, dass Hybridisierungsereignisse im deutschen Wolfsbestand nur sehr selten vorkommen und die Wölfe kaum nachweisbare Spuren an Hunde-DNA in Genom tragen.

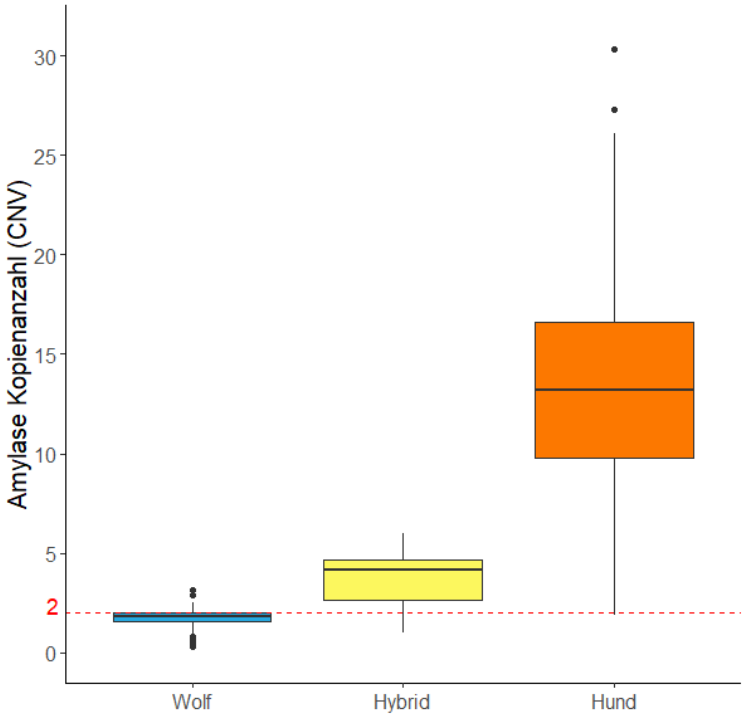

Abb. 3: Übersicht der gemessenen Amylase-Kopienanzahl für Hunde (171), Hybride (6) und Wölfe (430) aus Deutschland und Nachbarländern. Die ursprüngliche, wolfstypische Kopienanzahl für Caniden von N=2 ist durch eine rote Linie markiert.

Wäre der Umfang der Hunde-Introgression im Genpool der freilebenden Wolfspopulation in Deutschland substanziell, müsste zumindest ein Teil der Wölfe eine erhöhte Kopienanzahl des Amylase-Gens aufweisen. Ob die ermittelte dritte Kopie bei drei Wölfen aus historischen Hybridisierungsereignissen stammt oder eine Folge von Mutationen in der Wolfspopulation darstellt, kann hier nicht beantwortet werden. Es ist aus genomweiten Studien bekannt, dass europäische Wölfe geringe Spuren an Haushund-DNA im Genom tragen, die aus historischer Hybridisierung stammen (z.B. Pilot *et al.,* 2018). Insofern ist das ermittelte Ergebnis nicht überraschend.

Von den sechs zuvor bekannten Hybriden tragen die vier F1-Hybriden 4 bis 6 AMY2B-Kopien, während die beiden Rückkreuzungshybriden *GW14xm* und *GW2723fH* nur 1 bzw. 2 Kopien aufweisen und damit mittels der Amylase-Kopienbestimmung nicht als Hybriden aufgefallen wären (Abb. 4). Für die eingewanderten F2- bzw. Rückkreuzungshybriden *GW2722mH* und *GW2048mH* gab es keine erfolgreiche Amylasekopienbestimmung.

Diese Methodik scheint daher für Hybridisierungsgrade nach F1 nicht zuverlässig zu sein. Daher müssen Aussagen zu einzelnen Individuen aufgrund der natürlichen Variation der AMY2B-Kopienanzahl bei Wölfen, Hunden und deren Hybriden mit Vorsicht betrachtet werden, aber die Ergebnisse der Amylasekopienbestimmung belegen für die Gesamtpopulation insgesamt eindrucksvoll den geringen Vermischungsgrad der Wölfe in Deutschland und bestätigen damit den sehr geringen Durchmischungsgrad mit Hundeallelen.

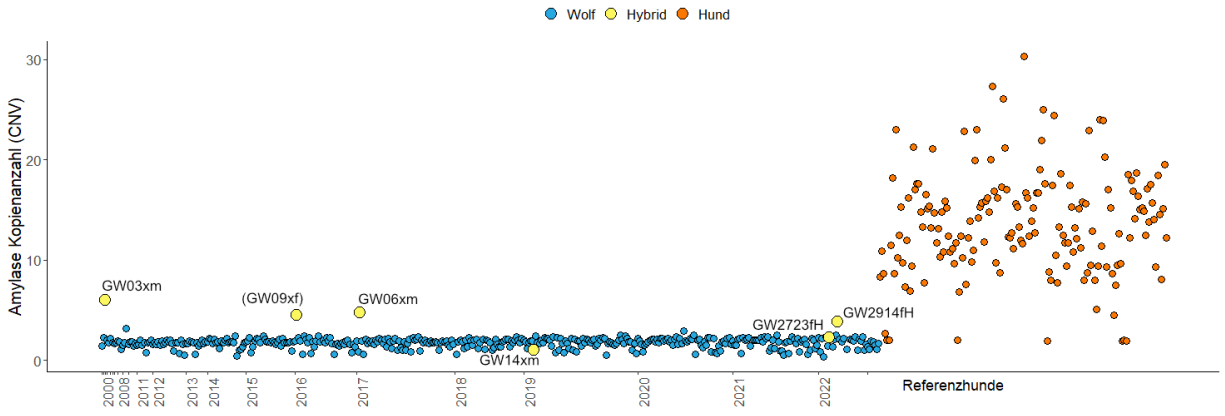

Abb. 4: Zeitleiste für die Bestimmung der Amylase-Kopienzahl für untersuchte Wölfe (430), Referenzhunde (171) sowie bekannte Wolf-Hund-Hybriden (6) aus den Monitoringjahren 2000 - 2022. Wölfe tragen in der Regel zwei Amylasekopien im Genom, Hunde dagegen meist mehrere.

III.4 Räumliche Analyse

Es werden für ein gehäuftes Vorkommen von Wolf-Hund-Hybridisierungen hauptsächlich zwei treibende Faktoren in der Fachliteratur beschrieben. Zum einen begünstigt ein hohes Aufkommen von freilebenden Hunden das Zusammentreffen und damit auch die Chancen auf eine Verpaarung zwischen den beiden Spezies (Kusak *et al.,* 2018). Solche Situationen findet man in Süden Europas häufiger (Bsp. Italien: Verardi *et al.,* 2006), während dies in Deutschland weniger der Fall ist. Darüber hinaus gibt es die Situation, dass sich eine Wolfspopulation in der frühen Phase seiner Ausbreitung befindet und weniger Wolfspartner für territoriale Wölfinnen in Rand-/Neubesiedlungsbereichen zu Verfügung stehen, die dann auf Hunderüden ausweichen. Hybridisierung wird daher allgemein in Ausbreitungsphasen (Galaverni *et al*., 2017; Kusak *et al.,* 2018), sowie and den Randbereichen einer Wolfspopulation (Verardi *et al.,* 2006) als wahrscheinlicher angesehen.

Betrachtet man die fünf bekannten Hybridisierungsereignisse aus Deutschland, dann wird deutlich, dass das zweite Szenario auch im deutschen Raum als Hauptursache für die Entstehung dieser Hybridwürfe angesehen werden kann. Alle vier Territorien mit Hybridwürfen befanden sich an den Randbereichen der deutschen Wolfspopulation (Abb. 5).

Bei der Untersuchung des Wolfsbestandes wurden, wie beschrieben, auch Wölfe ohne bekannte Territorienherkunft untersucht (O_Data). Wie in der Karte zu sehen ist, wurde diese zufällige Stichprobe mit einer guten räumlichen Verteilung ausgewählt, sodass auch dieser Datensatz das Verbreitungsgebiet der deutschen Wolfspopulation gut abbildet. Bis auf *GW2722mH* und *GW2048mH* wurde keine weitere Hybridisierung durch einwandernde Individuen festgestellt.

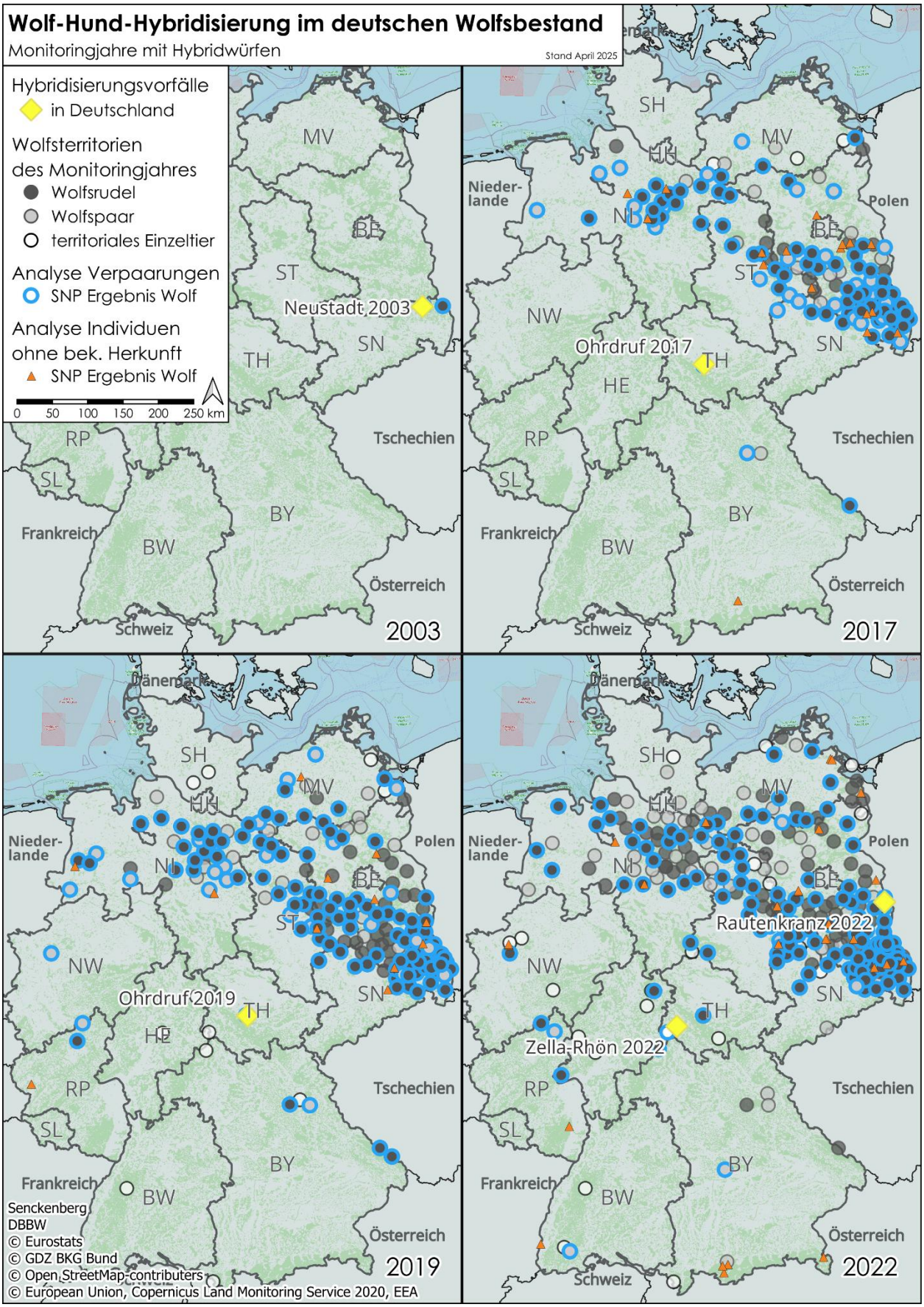

Abb. 5: Hybridwürfe in deutschen Wolfsterritorien von 2000 bis 2022.

IV. Fazit

Die Ergebnisse der bislang umfassendsten Studie zum Ausmaß der Wolf-Hund-Hybridisierung im deutschen Wolfsbestand bestätigen einen sehr geringen Hybridisierungsgrad in der wildlebenden Wolfspopulation, wie er bereits durch die fortlaufenden Analysen im laufenden Wolfsmonitoring ermittelt wurde. Die SNP-Analysen sowie die Bestimmung der Kopienzahl des Amylase-Gens belegen zweifelsfrei und unabhängig voneinander, dass

(i) es bislang erst zu wenigen Hybridisierungsereignissen in Deutschland kam (fünf bestätigt)

(ii) es keinen erhöhten Introgressionsgrad von Hunde-DNA im deutschen Wolfsbestand gibt.

So bestätigte sich die Anzahl der aus dem laufenden Wolfsmonitoring bislang identifizierten fünf Hybridwürfe seit Beginn der Wiederbesiedlung, in denen jeweils ein Elternteil entweder ein Hund oder ein Wolf-Hund-Hybrid war; nämlich 2003 in Sachsen, 2017, 2019 und 2022 in Thüringen sowie 2022 in Brandenburg. Ferner wurde 2016 ein Hybridwurf nahe der sächsischen Grenze in Tschechien bestätigt. Alle 6 Würfe wurden mittels SNP-Analyse bestätigt. Mit der Amylase-Analyse wurden diese ebenfalls untersucht, jedoch nur die F1-Würfe als Hybriden erkannt, was die geringe Auflösung dieser Methode im Vergleich zu den SPNs aufzeigt.

Zudem wurde zwei eingewanderte Rückkreuzungshybride mittels der SNP-Methode ermittelt; einer 2021 in Bayern, welcher von der Genotypzuordnung her nicht in die mitteleuropäische Population passt und dessen Herkunft und Verbleib unbekannt sind. Im internationalen Vergleich stellt die Hybridisierungsrate für den deutschen Wolfbestand mit 0,63% einen sehr geringen Wert dar.

Der Grund für das seltene Auftreten von Hybriden kann hier nicht sicher beantwortet werden. Allerdings stellen Hybridisierungen zwischen wildlebenden Wölfen und Hunden in den meisten untersuchten europäischen Ländern eher Ausnahmen dar (Smeds *et al.,* 2021; Dufresnes *et al*., 2019; Godinho *et al.,* 2011); vor allem in Mittel- und Nordeuropa, wo es wenige freilaufende Hunde gibt, sind Hybridisierungen eher seltene Ausnahmen. In Teilen Südeuropas sind dagegen oft höhere Dichten an wildlebenden Hunden als Wölfen zu finden (Pilot *et al.*, 2021), was Hybridisierungen wahrscheinlich insbesondere an den Populationsrändern begünstigt (Galaverni *et al*., 2017; Godinho *et al*., 2011). Zudem werden durch das intensive Wolfsmonitoring der Bundesländer Hybriden in Deutschland mit einer hohen Wahrscheinlichkeit frühzeitig erkannt und können so in den meisten Fällen erfolgreich entnommen werden. Durch dieses effektive Management lässt sich erklären, dass es bislang in Deutschland zu keinem nachgewiesenen Fall einer effektiven Introgression, also einer dauerhaften, irreversiblen Einkreuzung von Hunde-DNA in die Wolfspopulation kam. Nur in zwei Fall wurden Rückkreuzungen mit einem Hybriden (BCw1-Wurf mit Ohrdruf-Fähe in Thüringen mit ihren eigenen Nachkommen und BCw2-Wurf in Rautenkranz mit eingewanderter Hybridrüden) genetisch nachgewiesen. Insofern lässt sich schlussfolgern, dass aktuell keine nennenswerte Einmischung von

Hunde-DNA in den Wolfsbestand geschieht. Damit dies so bleibt, ist eine schnelle Detektion von Hybriden sowie ein konsequentes Hybridenmanagement von großer Bedeutung. Die Grundlage hierfür ist weiterhin ein flächiges Monitoring mittels Fotofallen und Genetik.

V. Danksagung

Diese Arbeit wurde im Rahmen der Bund-Länder-Verwaltungsvereinbarung Großkarnivorengenetik mit Mitteln des BMUV/BfN und der Bundesländer durchgeführt. Wir danken den für das Wolfsmonitoring zuständigen Institutionen der Länder (BW: FVA; BY: LfU Bayern; BE: senMVKU; BB: LfU Brandenburg; HB: Umwelt Bremen; HH: BUKEA; HE: HLNUG; MV: LUNG; NI: NLWKN; NW: LANUV, RP: KLUWO, LfU RLP, SL: MUKMAV; SN: LfULG Sachsen, LUPUS; ST: LAU; SH: LLUR; TH: TMUEN) und dem BfN für die Bereitstellung von Daten. Des Weiteren danken wir allen Helfern des bundesweiten Wolfmonitorings, ohne die eine umfassende Erfassung des deutschen Wolfsbestandes nicht möglich wäre. Wir freuen uns, dass so viele Hundezüchter und -halter an dieser Studie mitgewirkt haben und danken ihnen für die Bereitstellung der zahlreichen Proben ihrer Hunde. Für die Möglichkeit der Amylase-Analysen bedanken wir uns bei dem ganzen Team des Forschungsinstituts für Wildtierkunde und Ökologie (FIWI) der Vetmeduni Wien. Dabei gilt unser Dank insbesondere Steve Smith für die Anleitung und Auswertung der Rohdaten, sowie Patricia Haubensak für die tatkräftige Anleitung und Unterstützung im Wiener Labor.

VI. Literatur

Allendorf, F. W., Leary, R. F., Spruell, P., & Wenburg, J. K. (2001). The problems with hybrids: setting conservation guidelines. *Trends in ecology & evolution*, *16*(11), 613-622. URL: http://tree.trends.com0169

Anderson EC, Thompson EA. (2001). A model-based method for identifying species hybrids using multilocus genetic data. *Genetics*, 160(3), 1217–29. URL: https://doi.org/10.1093/genetics/160.3.1217

Arendt, M., Fall, T., Lindblad-Toh, K., & Axelsson, E. (2014). Amylase activity is associated with AMY 2B copy numbers in dog: Implications for dog domestication, diet and diabetes. *Animal genetics*, *45*(5), 716-722. URL: https://doi.org/10.1111/age.12179

Arendt, M., Cairns, K. M., Ballard, J. W. O., Savolainen, P., & Axelsson, E. (2016). Diet adaptation in dog reflects spread of prehistoric agriculture. *Heredity*, *117*(5), 301-306. URL: https://doi.org/10.1038/hdy.2016.48

Axelsson, E., Ratnakumar, A., Arendt, M. L., Maqbool, K., Webster, M. T., Perloski, M., ... & Lindblad-Toh, K. (2013). The genomic signature of dog domestication reveals adaptation to a starch-rich diet. *Nature*, 495(7441), 360-364. URL: https://doi.org/10.1038/nature11837

Casas, F., Mougeot, F., Sánchez-Barbudo, I., Dávila, J. A., & Viñuela, J. (2012). Fitness consequences of anthropogenic hybridization in wild red-legged partridge (*Alectoris rufa*, Phasianidae) populations. *Biological Invasions*, *14*, 295-305. URL: https://doi.org/10.1007/s10530-011-0062-3

Cubaynes, S., Brandell, E. E., Stahler, D. R., Smith, D. W., Almberg, E. S., Schindler, S., Wayne, R. K., Dobson, A. P., von Holdt, B. M., Macnulty, D. R., Cross, P. C., Hudson, P. J. & Coulson, T. (2022). Disease outbreaks select for mate choice and coat color in wolves. *Science*, 378,300-303. URL: https://doi.org/10.1126/science.abi8745

DBBW (2016). Wölfe in Deutschland. Statusbericht 2016/17. URL: https://www.dbb-wolf.de/mehr/literatur-download/statusberichte

DBBW (2017). Wölfe in Deutschland. Statusbericht 2017/18. URL: https://www.dbb-wolf.de/mehr/literatur-download/statusberichte

DBBW (2018). Wölfe in Deutschland. Statusbericht 2018/19. URL: https://www.dbb-wolf.de/mehr/literatur-download/statusberichte

DBBW (2019). Wölfe in Deutschland. Statusbericht 2019/20. URL: https://www.dbb-wolf.de/mehr/literatur-download/statusberichte

DBBW (2022). Wölfe in Deutschland. Statusbericht 2022/23. URL: https://www.dbb-wolf.de/mehr/literatur-download/statusberichte

Dufresnes, C., Remollino, N., Stoffel, C., Manz, R., Weber, J.-M. & Fumagalli, L. (2019). Two decades of non-invasive genetic monitoring of the grey wolves recolonizing the Alps support very limited dog introgression. *Sci Rep* 9, 148. URL: https://doi.org/10.1038/s41598-018-37331-x

Dziech, A. (2021). Identification of wolf-dog hybrids in Europe–an overview of genetic studies. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 9, 760160. URL: https://doi.org/10.3389/fevo.2021.760160

Galaverni, M., Caniglia, R., Pagani, L., Fabbri, E., Boattini, A., & Randi, E. (2017). Disentangling timing of admixture, patterns of introgression, and phenotypic indicators in a hybridizing wolf population. *Molecular Biology and Evolution*, 34(9), 2324–2339. URL: https://doi.org/10.1093/molbev/msx169

Godinho, R., Llaneza, L., Blanco, J. C., Lopes, S., Álvares, F., García, E. J., Palacios, V., Cortés, J., Talegón, J. & Ferrand, N. (2011). Genetic evidence for multiple events of hybridization between wolves and domestic dogs in the Iberian Peninsula. *Mol. Ecol*. 20, 5154–5166. URL: https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2011.05345.x

Harmoinen, J., von Thaden, A., Aspi, J., Kvist, L., Cocchiararo, B., Jarausch, A., ... & Nowak, C. (2021). Reliable wolf-dog hybrid detection in Europe using a reduced SNP panel developed for non-invasively collected samples. *BMC genomics*, *22*(1), 473. URL: https://doi.org/10.1186/s12864-021-07761-5

Hindson, B. J., Ness, K. D., Masquelier, D. A., Belgrader, P., Heredia, N. J., Makarewicz, A. J., ... & Colston, B. W. (2011). High-throughput droplet digital PCR system for absolute quantitation of DNA copy number. *Analytical chemistry*, *83*(22), 8604-8610. URL: https://doi.org/10.1021/ac202028g

Kusak, J., Fabbri, E., Galov, A., Gomerčić, T., Arbanasić, H., Caniglia, R., ... & Randi, E. (2018). Wolf-dog hybridization in Croatia. *Vet. Arh*, *88*(375). URL: DOI: 10.24099/vet.arhiv.170314

Leonard, J. A., Echegaray, J., Randi, E., Vilà, C., & Gompper, M. E. (2013). Impact of hybridization with domestic dogs on the conservation of wild canids. in M.E. Gompper (ed.) *Free-ranging dogs and wildlife conservation*, *170*. Oxford: Oxford University Press.

Mocharla, H., Mocharla, R., & Hodes, M. E. (1990). α-Amylase gene transcription in tissues of normal dog. *Nucleic acids research*, 18(4), 1031-1036. URL: https://doi.org/10.1093/nar/18.4.1031

Parker, H. G., Kim, L. V., Sutter, N. B., Carlson, S., Lorentzen, T. D., Malek, T. B., ... & Kruglyak, L. (2004). Genetic structure of the purebred domestic dog. *science*, *304*(5674), 1160-1164. URL: DOI: 10.1126/science.1097406

Pierpaoli, M., Biro, Z. S., Herrmann, M., Hupe, K., Fernandes, M., Ragni, B., ... & Randi, E. (2003). Genetic distinction of wildcat (*Felis silvestris*) populations in Europe, and hybridization with domestic cats in Hungary. Molecular ecology, 12(10), 2585-2598. URL: https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.2003.01939.x

Pilot, M., Greco, C., VonHoldt, B. M., Randi, E., Jędrzejewski, W., Sidorovich, V. E., ... & Wayne, R. K. (2018). Widespread, long-term admixture between grey wolves and domestic dogs across Eurasia and its implications for the conservation status of hybrids. *Evolutionary Applications,* (11), 662–680. URL: https://doi.org/10.1111/eva.12595

Pilot, M., Moura, A. E., Okhlopkov, I. M., Mamaev, N. V., Manaseryan, N. H., Hayrapetyan, V., ... & Bogdanowicz, W. (2021). Human-modified canids in human-modified landscapes: The evolutionary consequences of hybridization for grey wolves and free-ranging domestic dogs. *Evolutionary Applications*, 14(10), 2433-2456. URL: https://doi.org/10.1111/eva.13257

Salvatori, V., Godinho, R., Braschi, C., Boitani, L., & Ciucci, P. (2019). High levels of recent wolf× dog introgressive hybridization in agricultural landscapes of central Italy. *European Journal of Wildlife Research*, *65*(5), 73. URL: https://doi.org/10.1007/s10344-019-1313-3

Santostasi, N. L., Gimenez, O., Caniglia, R., Fabbri, E., Molinari, L., Reggioni, W., & Ciucci, P. (2021). Estimating admixture at the population scale: taking imperfect detectability and uncertainty in hybrid classification seriously. *The Journal of Wildlife Management*, *85*(5), 1031-1046. URL: https://doi.org/10.1002/jwmg.22038

Schwartz, M. K., Pilgrim, K. L., McKelvey, K. S., Lindquist, E. L., Claar, J. J., Loch, S., & Ruggiero, L. F. (2004). Hybridization between Canada lynx and bobcats: genetic results and management implications. *Conservation Genetics*, *5*, 349-355. URL: https://doi.org/10.1023/B:COGE.0000031141.47148.8b

Smeds, L., Aspi, J., Berglund, J., Kojola, I., Tirronen, K., & Ellegren, H. (2021). Whole-genome analyses provide no evidence for dog introgression in Fennoscandian wolf populations. *Evolutionary Applications*, 14(3), 721-734. URL: https://doi.org/10.1111/eva.13151

Stronen, A. V., Aspi, J., Caniglia, R., Fabbri, E., Galaverni, M., Godinho, R., ... & Harmoinen, J. (2022). Wolf-dog admixture highlights the need for methodological standards and multidisciplinary cooperation for effective governance of wild x domestic hybrids. *Biological Conservation*, 266, 109467. URL: https://doi.org/10.1016/j.biocon.2022.109467

Verardi, A., Lucchini, V., & Randi, E. (2006). Detecting introgressive hybridization between free-ranging domestic dogs and wild wolves (Canis lupus) by admixture linkage disequilibrium analysis. Molecular ecology, 15(10), 2845-2855. URL: https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2006.02995.x

VII. Anlagen

Anlage 1. Tab. 4: Übersicht aller 445 ermittelten Wolfsverpaarungen mit genetisch analysierten Individuen aus dem Datensatz V-Data. V-Jahr = erstes Jahr, in dem die Eltern im Territorium nachgewiesen wurden, Herk-Rudel = Herkunftsrudel des Individuums bzw. dem Territorium der Eltern) und den Eltern (Mutter, Vater). I-Jahr = erstes Jahr, in dem das Individuum genetisch erfasst wurden (entspricht nicht immer dem Geburtsjahr). Weiterhin sind die Ergebnisse der Hybridisierungsanalysen angegeben (SNP und AMY2B Copy Number Variation, gerundet ohne Nachkommastelle; ermittelte Hybride markiert). Ebenfalls aufgeführt ist der mitochondriale Haplotyp der getesteten Wölfe, welcher im Monitoring routinemäßig über die Sequenzierung eines hypervariablen Teilstücks der Kontrollregion erhalten wird.

Individuum	*V-Jahr*	*Herk- Rudel*	*Mutter*	*Vater*	*Haplotyp*	*I-Jahr*	*SNP*	*AMY2B CNV*
GW006f	2000	MH	MH1_W	MH1_M	HW01	2001	Wolf	1
GW03xm	2002	N	GW006f	unb. Hund	HW01	2004	**F1**	6
GW048m	2002	MH	GW023f	GW064m	HW01	2008	Wolf	2
GW025m	2004	NO	GW012f	GW008m	HW01	2006	Wolf	2
GW121f	2004	N	GW006f	GW001m	HW01	2005	Wolf	2
GW014m	2005	DZ	n.a.	GW042m	HW01	2007	Wolf	2
GW028f	2007	MI	GW026f	GW025m	HW01	2008	Wolf	2
GW116f	2007	DN	GW024f	GW038m	HW01	2011	Wolf	2
GW128m	2008	WE	GW007f	GW123m	HW01	2009	Wolf	2
GW203f	2008	AG	GW016f	GW187m	HW01	2011	Wolf	1
GW056f	2009	SL	GW006f	GW014m	HW01	2009	Wolf	2
GW060f	2009	DZ	GW023f	GW042m	HW01	2009	Wolf	2
GW093f	2010	SP	GW058f	GW037m	HW01	2011	Wolf	2
GW109f	2010	NY	GW031f	GW096m	HW01	2011	Wolf	2
GW134m	2010	LE	GW185f	GW161m	HW01	2011	Wolf	2
GW159m	2010	LB	GW131f	GW156m	HW01	2011	Wolf	2
GW639f	2010	KH	GW056f	GW104m	HW01	2016	Wolf	n.a.
GW143f	2011	RZ_PL	DF011f	GW170m	HW01	2011	Wolf	2
GW150f	2011	GKL	GW196f	GW237m	HW01	2011	Wolf	2
GW152f	2011	SE	GW130f	GW128m	HW01	2012	Wolf	2
GW251f	2011	SPJ	GW140f	GW207m	HW01	2012	Wolf	2
GW322f	2011	WE	GW139f	GW070m	HW01	2012	Wolf	n.a.
GW357f	2011	HW	GW085f	GW274m	HW01	2013	Wolf	1
GW469m	2011	MU	GW214f	GW213m	HW01	2015	Wolf	2
GW473m	2011	MI	GW026f	GW042m	HW01	2014	Wolf	n.a.
GW541f	2011	DZ	GW087f	GW105m	HW01	2015	Wolf	2
GW151m	2012	MI	GW050f	GW014m	HW01	2012	Wolf	2
GW173f	2012	MI	GW026f	GW081m	HW01	2012	Wolf	2
GW234m	2012	CLH	GW340f	GW208m	HW01	2013	Wolf	2
GW252m	2012	GR	GW245f	GW111m	HW01	2013	Wolf	2
GW285f	2012	DN	GW114f	GW115m	HW01	2012	Wolf	2
GW315m	2012	NO	GW071f	GW106m	HW01	2012	Wolf	2
GW360m	2012	GA	GW262f	GW215m	HW02	2014	Wolf	2
GW373m	2012	AH	GW239f	GW194m	HW01	2015	Wolf	1

Anlage 1. Tab.4 (Fortsetzung)

Individuum	*V-Jahr*	*Herk- Rudel*	*Mutter*	*Vater*	*Haplotyp*	*I-Jahr*	*SNP*	*AMY2B CNV*
GW488m	2012	LUE	GW258f	GW153m	HW01	2015	Wolf	2
GW557f	2012	TL	GW169f	GW246m	HW01	2015	Wolf	1
GW608m	2012	BA	GW195f	GW243m	HW01	2016	Wolf	2
GW701m	2012	WY_PL	DF024f	GW021m	HW01	2017	Wolf	2
GW755f	2012	SL	GW067f	GW068m	HW01	2016	Wolf	0
GW1028f	2012	BE	GW191f	GW188m	HW01	2018	Wolf	2
GW271f	2013	LB	GW098f	GW144m	HW01	2013	Wolf	2
GW308f	2013	DN	GW114f	GW038m	HW01	2014	Wolf	2
GW354f	2013	RU	GW177f	GW070m	HW01	2014	Wolf	2
GW359f	2013	RM	GW202f	GW260m	HW01	2014	Wolf	1
GW365f	2013	KN	GW180f	GW586m	HW01	2015	Wolf	2
GW370m	2013	ES	GW242f	GW218m	HW01	2014	Wolf	1
GW391m	2013	MI	GW026f	GW014m	HW01	2014	Wolf	2
GW476m	2013	HF	GW227f	GW233m	HW01	2015	Wolf	2
GW715f	2013	LH	GW293f	GW288m	HW01	2016	Wolf	2
GW727m	2013	UEM	GW257f	GW223m	HW01	2017	Wolf	2
GW1875m	2013	RT	GW112f	GW294m	HW01	2020	Wolf	2
GW344m	2014	GLH	GW342f	GW250m	HW01	2014	Wolf	2
GW352f	2014	LE	GW185f	GW186m	HW01	2014	Wolf	2
GW368m	2014	MU	GW263f	GW213m	HW01	2014	Wolf	2
GW386m	2014	DN	GW114f	GW301m	HW01	2014	Wolf	1
GW405m	2014	NO	GW071f	GW038m	HW01	2014	Wolf	2
GW455m	2014	KHB	GW116f	GW287m	HW01	2015	Wolf	2
GW471f	2014	MOE	GW529f	GW333m	HW01	2015	Wolf	2
GW474m	2014	WI	GW163f	GW367m	HW01	2015	Wolf	2
GW475m	2014	CUX	GW203f	GW339m	HW01	2015	Wolf	2
GW491m	2014	GRH	GW306f	GW149m	HW01	2016	Wolf	n.a.
GW513m	2014	LB	GW098f	GW249m	HW01	2015	Wolf	2
GW520m	2014	HO	GW277f	GW283m	HW01	2016	Wolf	2
GW548f	2014	CUN	GW178f	n.a.	HW01	2016	Wolf	2
GW590f	2014	SF	GW351f	GW362m	HW01	2016	Wolf	0
GW594f	2014	ZKF	GW497f	GW417m	HW01	2015	Wolf	1
GW596m	2014	CO	GW323f	GW599m	HW01	2016	Wolf	1
GW822f	2014	DZ	GW087f	GW381m	HW01	2017	Wolf	1
GW935f	2014	GH	GW162f	GW330m	HW01	2018	Wolf	2
GW1013f	2014	TL	GW557f	n.a.	HW01	2018	Wolf	2
GW1144f	2014	BI	GW541f	GW411m	HW01	2017	Wolf	n.a.
GW1960m	2014	STO	GW552f	GW589m	HW01	2020	Wolf	2
GW483m	2015	ES	GW242f	n.a.	HW01	2016	Wolf	n.a.
GW498f	2015	LB	GW348f	GW249m	HW01	2015	Wolf	2
GW499f	2015	RU	GW177f	GW404m	HW01	2015	Wolf	2

Anlage 1. Tab.4 (Fortsetzung)

Individuum	*V-Jahr*	*Herk- Rudel*	*Mutter*	*Vater*	*Haplotyp*	*I-Jahr*	*SNP*	*AMY2B CNV*
GW560f	2015	PIE_PL	GW468f	GW465m	HW01	2016	Wolf	2
GW576f	2015	GLH	GW342f	GW349m	HW01	2016	Wolf	2
GW627m	2015	HOB	GW129f	GW799m	HW01	2016	Wolf	2
GW630m	2015	SNV	GW472f	GW317m	HW02	2016	Wolf	1
GW636f	2015	AH	GW231f	GW194m	HW01	2016	Wolf	2
GW650m	2015	ES	GW242f	GW505m	HW01	2016	Wolf	2
GW677m	2015	KO	GW285f	GW403m	HW01	2017	Wolf	2
GW678m	2015	OMO	GW524f	GW376m	HW01	2017	Wolf	2
GW690f	2015	MI	GW406f	GW628m	HW01	2017	Wolf	2
GW719m	2015	SI	GW556f	GW581m	HW01	2017	Wolf	2
GW795m	2015	SL	GW067f	GW566m	HW01	2017	Wolf	1
GW835m	2015	GOE	GW432f	GW504m	HW01	2017	Wolf	2
GW887f	2015	VIS	GW445f	GW421m	HW01	2018	Wolf	2
GW1289f	2015	N	GW401f	GW269m	HW01	2018	Wolf	2
GW1334f	2015	KAL	GW377f	GW583m	HW01	2019	Wolf	2
GW1511f	2015	OH	GW322f	GW389m	HW01	2019	Wolf	2
GW1978f	2015	RA	GW639f	GW393m	HW01	2020	Wolf	1
GW2185m	2015	Z	GW103f	GW182m	HW01	2021	Wolf	1
GW2293m	2015	KRH	GW769f	GW146m	HW01	2021	Wolf	2
GW2508m	2015	DOB	GW447f	GW609m	HW01	2021	Wolf	2
GW09xf *(nicht in DE)*	2016	RB_CZ	n.a.	unb. Hund	HW01	2017	**F1**	5
GW654m	2016	HO	GW277f	GW757m	HW01	2016	Wolf	2
GW722f	2016	BI	GW541f	GW170m	HW01	2017	Wolf	2
GW810f	2016	MU	GW263f	GW260m	HW01	2016	Wolf	1
GW820m	2016	GA	GW1188f	GW215m	HW01	2017	Wolf	2
GW841m	2016	WAL	GW644f	GW911m	HW01	2017	Wolf	2
GW845m	2016	MAS	GW383f	n.a.	HW01	2017	Wolf	1
GW848m	2016	HDL	GW337f	GW476m	HW01	2016	Wolf	2
GW856f	2016	BA	GW656f	GW706m	HW01	2017	Wolf	2
GW877f	2016	EHL	GW647f	GW1180m	HW01	2017	Wolf	2
GW879m	2016	CUN	GW548f	GW828m	HW01	2017	Wolf	2
GW899f	2016	NEI	GW290f	GW910m	HW01	2018	Wolf	2
GW916m	2016	LUC	GW964f	GW816m	HW01	2018	Wolf	1
GW918m	2016	NY	GW031f	GW778m	HW01	2018	Wolf	2
GW938m	2016	SRN	GW665f	GW676m	HW01	2018	Wolf	1
GW948f	2016	EB	GW359f	GW477m	HW01	2018	Wolf	2
GW969f	2016	CHR	GW511f	GW387m	HW01	2018	Wolf	1
GW1010m	2016	SPJ	n.a.	GW207m	HW01	2017	Wolf	2
GW1018m	2016	LE	n.a.	GW186m	HW01	2018	Wolf	2
GW1042f	2016	BT	GW962f	GW944m	HW01	2017	Wolf	1
GW1075m	2016	BAT	GW356f	GW651m	HW02	2018	Wolf	2

Anlage 1. Tab.4 (Fortsetzung)

Individuum	*V-Jahr*	*Herk- Rudel*	*Mutter*	*Vater*	*Haplotyp*	*I-Jahr*	*SNP*	*AMY2B CNV*
GW1156m	2016	DH	GW705f	n.a.	HW01	2018	Wolf	2
GW1175m	2016	STH	n.a.	GW204m	HW01	2018	Wolf	2
GW1288m	2016	KN II	GW585f	GW691m	HW01	2018	Wolf	2
GW1491m	2016	LUW	GW350f	n.a.	HW01	2019	Wolf	1
GW1680m	2016	BA	GW195f	GW706m	HW01	2019	Wolf	2
GW1993m	2016	GRH	GW306f	GW243m	HW01	2017	fail	n.a.
GW2652f	2016	REJ	GW1021f	GW735m	HW01	2022	Wolf	1
GW06xm	2017	OHR	GW267f	unb. Hund	HW01	2017	**F1**	5
GW817m	2017	MU	GW801f	GW260m	HW01	2017	Wolf	2
GW886m	2017	MI	GW406f	GW038m	HW01	2018	Wolf	2
GW891f	2017	MI	GW522f	GW038m	HW01	2018	Wolf	2
GW917m	2017	KO	GW379f	GW403m	HW01	2018	Wolf	2
GW982m	2017	SI	GW556f	GW554m	HW01	2018	Wolf	1
GW990m	2017	LB	GW348f	GW710m	HW01	2018	Wolf	2
GW1045m	2017	NO	GW071f	GW701m	HW01	2018	Wolf	2
GW1052m	2017	ZKF	GW594f	GW408m	HW01	2018	Wolf	1
GW1077m	2017	GNA	GW713f	GW709m	HW01	2018	Wolf	2
GW1079m	2017	RWA	GW745f	GW717m	HW01	2018	Wolf	2
GW1117f	2017	AMT	GW872f	GW825m	HW01	2018	Wolf	2
GW1140f	2017	WTZ	GW527f	GW533m	HW01	2018	Wolf	2
GW1196m	2017	STM	GW671f	GW951m	HW01	2019	Wolf	2
GW1204m	2017	PS	GW839f	n.a.	HW01	2018	Wolf	2
GW1220f	2017	DUE	GW793f	GW869m	HW01	2019	Wolf	2
GW1230f	2017	MAS	GW383f	GW784m	HW01	2019	Wolf	2
GW1241f	2017	VSW	n.a.	GW1217m	HW01	2018	Wolf	2
GW1255f	2017	ATW	n.a.	GW1046m	HW01	2018	Wolf	2
GW1257f	2017	CO	GW496f	GW599m	HW01	2019	Wolf	2
GW1266f	2017	MEP	GW324f	GW667m	HW01	2019	Wolf	2
GW1291f	2017	MUL	GW298f	GW789m	HW01	2019	Wolf	1
GW1299m	2017	DEL	GW1134f	n.a.	HW01	2018	Wolf	2
GW1311f	2017	HO	GW277f	GW542m	HW01	2019	Wolf	2
GW1313f	2017	WE	GW747f	GW563m	HW01	2019	Wolf	1
GW1325m	2017	FRI	GW1661f	GW945m	HW01	2019	Wolf	2
GW1343m	2017	VF	GW716f	GW702m	HW01	2019	Wolf	2
GW1375f	2017	KH II	GW1378f	GW559m	HW02	2019	Wolf	1
GW1505m	2017	NEU	GW1144f	GW570m	HW01	2019	Wolf	2
GW1507m	2017	KN II	GW585f	GW744m	HW01	2019	Wolf	1
GW1513m	2017	DZ	GW696f	GW021m	HW01	2019	Wolf	1
GW1520f	2017	DN	GW114f	GW399m	HW01	2019	Wolf	2
GW1533m	2017	GST	GW685f	GW814m	HW01	2019	Wolf	1
GW1589f	2017	RAL_CZ	GW102f	GW580m	HW01	2020	Wolf	2

Anlage 1. Tab.4 (Fortsetzung) *Alpenwolf Haplotyp

Individuum	*V-Jahr*	*Herk- Rudel*	*Mutter*	*Vater*	*Haplotyp*	*I-Jahr*	*SNP*	*AMY2B CNV*
GW1620m	2017	KAH	GW1163f	GW984m	HW01	2019	Wolf	2
GW1746m	2017	BBG	GW785f	GW596m	HW01	2020	Wolf	1
GW1752f	2017	RAD	GW921f	n.a.	HW01	2020	Wolf	2
GW1839m	2017	RAU	GW611f	GW1667m	HW01	2020	Wolf	2
GW1910f	2017	WID	GW739f	GW791m	HW01	2020	Wolf	2
GW2097f	2017	GSB	GW672f	GW1669m	HW01	2021	Wolf	2
GW2290f	2017	SW	GW540f	GW711m	HW01	2020	Wolf	1
GW2416m	2017	SF	GW587f	GW362m	HW01	2019	Wolf	2
GW2458f	2017	GHD	GW571f	GW1282m	HW01	2021	Wolf	2
GW2778f	2017	GR	GW746f	GW528m	HW01	2022	Wolf	n.a.
GW2819f	2017	SLF	GW1367f	GW970m	HW01	2022	Wolf	2
GW14xm	2018	OHR	GW267f	GW07xm	HW01	2020	**BC1w**	1
GW1068m	2018	RT	GW112f	GW764m	HW01	2018	Wolf	1
GW1083f	2018	AG	GW1092f	GW519m	HW01	2018	Wolf	2
GW1159m	2018	BE	GW191f	n.a.	HW01	2018	Wolf	1
GW1176f	2018	PA	GW1183f	GW688m	HW01	2018	Wolf	2
GW1190m	2018	GLH	GW342f	GW1503m	HW01	2018	Wolf	2
GW1195m	2018	GKL	GW615f	GW237m	HW01	2018	Wolf	2
GW1219m	2018	GR	GW245f	GW528m	HW01	2018	Wolf	2
GW1234m	2018	CUN	GW548f	GW795m	HW01	2018	Wolf	2
GW1247f	2018	BK	GW555f	GW534m	HW01	2019	Wolf	1
GW1320f	2018	EB	GW359f	GW832m	HW01	2019	Wolf	2
GW1427m	2018	ELS	GW1450f	GW980m	HW01	2019	Wolf	2
GW1454m	2018	NO	GW071f	GW778m	HW01	2019	Wolf	1
GW1459m	2018	FHE	n.a.	GW994m	HW01	2019	Wolf	n.a.
GW1500m	2018	HVB	GW1806f	GW743m	HW01	2019	Wolf	2
GW1531m	2018	RUD	GW1112f	GW1488m	HW01	2019	Wolf	2
GW1534m	2018	HER	GW763f	GW1111m	HW01	2019	Wolf	2
GW1538f	2018	GSF	GW837f	GW952m	HW02	2019	Wolf	1
GW1562m	2018	OMO	GW669f	GW794m	HW01	2019	Wolf	2
GW1581f	2018	FWN	GW914f	GW1159m	HW01	2020	Wolf	1
GW1618m	2018	MÜR	GW682f	GW1619m	HW01	2019	Wolf	2
GW1716f	2018	VIS	GW714f	GW421m	HW02	2019	Wolf	2
GW1766f	2018	NO	GW731f	GW778m	HW01	2020	Wolf	1
GW1797f	2018	AMH	GW1073f	GW949m	HW01	2020	Wolf	1
GW1961m	2018	LH	GW176f	GW780m	HW01	2020	Wolf	2
GW1977f	2018	TL	GW557f	GW704m	HW01	2020	Wolf	2
GW1981f	2018	DDH	GW959f	GW687m	HW01	2020	Wolf	2
GW1987f	2018	NEK	GW1153f	GW799m	HW01	2020	Wolf	2
GW2055m	2018	WER	GW740f	GW1113m	HW01	2020	Wolf	1
GW2111m	2018	SEL	GW1541f	GW1321m	HW01	2021	Wolf	2

Anlage 1. Tab.4 (Fortsetzung)

Individuum	*V-Jahr*	*Herk- Rudel*	*Mutter*	*Vater*	*Haplotyp*	*I-Jahr*	*SNP*	*AMY2B CNV*
GW2413m	2018	GRA	GW1332f	GW1624m	HW01	2021	Wolf	2
GW2499m	2018	BÜC	GW1708f	GW864m	HW01	2021	Wolf	2
GW2570m	2018	TAH	GW961f	GW1182m	HW01	2022	Wolf	2
GW2648m	2018	WKH	GW1023f	GW1224m	HW01	2022	Wolf	n.a.
GW2763m	2018	TOR	GW827f	GW375m	HW01	2022	Wolf	2
GW1253f	2019	VYS_CZ	GW934f	GW730m	HW01	2019	Wolf	2
GW1276m	2019	BI	GW541f	GW287m	HW01	2019	Wolf	2
GW1425f	2019	RT	GW112f	n.a.	HW01	2019	Wolf	2
GW1462m	2019	LE	GW514f	GW1668m	HW01	2019	Wolf	n.a.
GW1466f	2019	ATW	GW1229f	GW1453m	HW01	2019	Wolf	2
GW1471m	2019	UEM	GW257f	n.a.	HW01	2019	Wolf	2
GW1486f	2019	KN	GW180f	GW566m	HW01	2019	Wolf	2
GW1529f	2019	N	GW1147f	GW1310m	HW01	2019	Wolf	2
GW1536m	2019	UB_DK	GW930f	GW1101m	HW01	2020	Wolf	2
GW1593m	2019	WI	GW163f	GW841m	HW01	2020	Wolf	2
GW1599m	2019	DZ	GW087f	GW800m	HW01	2019	Wolf	2
GW1646m	2019	VSW	GW749f	n.a.	HW01	2020	Wolf	1
GW1690m	2019	BT	GW1013f	GW1329m	HW01	2019	Wolf	2
GW1721m	2019	MU	GW742f	n.a.	HW01	2020	Wolf	1
GW1739f	2019	HW	GW357f	GW929m	HW01	2020	Wolf	2
GW1740f	2019	HO	GW277f	GW1059m	HW01	2020	Wolf	1
GW1744f	2019	WE	GW747f	GW1010m	HW01	2020	Wolf	2
GW1747m	2019	DH	GW705f	GW1053m	HW01	2020	Wolf	2
GW1782f	2019	PS	GW839f	GW1043m	HW01	2020	Wolf	1
GW1784f	2019	DAM	GW1783f	GW1339m	HW01	2020	Wolf	2
GW1824f	2019	DUE	n.a.	GW869m	HW01	2020	Wolf	2
GW1828m	2019	CO	GW1257f	GW1829m	HW01	2020	Wolf	1
GW1834f	2019	KN	GW1199f	GW566m	HW01	2020	Wolf	2
GW1841m	2019	GST	GW685f	GW1408m	HW01	2020	Wolf	1
GW1842f	2019	RDN	n.a.	GW2412m	HW01	2020	Wolf	2
GW1848f	2019	BIL	GW1056f	n.a.	HW01	2020	Wolf	1
GW1851m	2019	LEU	GW1415f	GW1159m	HW01	2020	Wolf	2
GW1858m	2019	STN	n.a.	GW1710m	HW01	2020	Wolf	2
GW1868f	2019	LUC	GW964f	GW2352m	HW01	2020	Wolf	1
GW1883f	2019	ZRB	GW1082f	n.a.	HW01	2020	Wolf	2
GW1885f	2019	WSW	GW758f	GW1125m	HW01	2020	Wolf	2
GW1891m	2019	LUE	GW683f	GW583m	HW01	2020	Wolf	2
GW1895m	2019	JAS	GW920f	GW1617m	HW01	2020	Wolf	2
GW1953m	2019	STB	n.a.	GW1699m	HW01	2020	Wolf	2
GW1982m	2019	HAS	GW1882f	GW1376m	HW01	2020	Wolf	2
GW1996f	2019	EB	GW359f	GW1027m	HW01	2021	Wolf	2

Anlage 1. Tab.4 (Fortsetzung)

Individuum	*V-Jahr*	*Herk- Rudel*	*Mutter*	*Vater*	*Haplotyp*	*I-Jahr*	*SNP*	*AMY2B CNV*
GW2003m	2019	RIG	GW1861f	GW1382m	HW01	2021	Wolf	1
GW2008m	2019	SPH	GW3605f	GW892m	HW01	2020	Wolf	2
GW2011f	2019	WAH	GW1168f	n.a.	HW01	2020	Wolf	2
GW2017f	2019	BGD	GW1423f	GW950m	HW01	2021	Wolf	2
GW2029m	2019	LAC	GW1348f	GW1424m	HW01	2021	Wolf	2
GW2058f	2019	OHR	GW267f	GW1264m	HW01	2021	Wolf	2
GW2089m	2019	SBK	GW954f	GW1587m	HW02	2021	Wolf	0
GW2134m	2019	MI	GW522f	GW1064m	HW01	2021	Wolf	2
GW2205m	2019	HLB	GW2264f	GW1305m	HW01	2021	Wolf	2
GW2229m	2019	ZKF	GW1189f	GW824m	HW01	2020	Wolf	2
GW2240m	2019	TB	GW896f	GW1054m	HW01	2020	Wolf	2
GW2300m	2019	BRÄ	GW406f	GW1743m	HW01	2021	Wolf	2
GW2350m	2019	FRI	GW1661f	GW1663m	HW01	2021	Wolf	2
GW2384f	2019	SOL	GW947f	GW1410m	HW02	2021	Wolf	2
GW2426m	2019	MF	GW1062f	GW1343m	HW01	2021	Wolf	2
GW2469f	2019	NO	GW731f	GW712m	HW01	2021	Wolf	2
GW2580m	2019	TL	GW974f	GW704m	HW01	2021	Wolf	2
GW2603m	2019	NOD	GW912f	GW1814m	HW01	2022	Wolf	2
GW2626f	2019	RAD	GW921f	GW1288m	HW01	2022	Wolf	2
GW2628m	2019	BK	GW555f	GW1326m	HW01	2022	Wolf	2
GW2659m	2019	MRI	GW2039f	GW1429m	HW01	2022	Wolf	2
GW2662f	2019	HDL	GW337f	GW1055m	HW01	2022	Wolf	2
GW2667m	2019	NVE_NL	GW998f	GW893m	HW01	2022	Wolf	2
GW2704f	2019	DZ II	GW766f	GW1285m	HW01	2021	Wolf	1
GW2715m	2019	KHB	GW813f	GW1522m	HW01	2021	Wolf	2
GW2717f	2019	GH	GW1004f	GW1875m	HW01	2022	Wolf	1
GW2750m	2019	PFT	n.a.	GW1660m	HW01	2022	Wolf	2
GW2762f	2019	BE	GW834f	GW808m	HW01	2022	Wolf	2
GW2858m	2019	PAS	GW2785f	GW3656m	HW02	2022	Wolf	2
GW3097m	2019	HOB	GW1543f	GW1515m	HW01	2022	Wolf	1
GW1706m	2020	Pokljuka_SI	M2E2J	M2E0M	W17	2020	fail	n.a.
GW1780m	2020	KN II	GW1149f	GW744m	HW01	2020	Wolf	1
GW1854m	2020	ELS	GW1781f	GW104m	HW01	2020	Wolf	2
GW1884m	2020	RT	GW112f	GW980m	HW01	2020	Wolf	2
GW1924m	2020	HEK_BE	GW1479f	GW979m	HW01	2020	Wolf	2
GW1947m	2020	HDL	GW1049f	GW1055m	HW01	2020	Wolf	2
GW1962f	2020	HER	GW965f	GW1111m	HW01	2021	Wolf	2
GW1973f	2020	VSW	n.a.	GW1641m	HW01	2020	Wolf	2
GW1975m	2020	RA	GW1978f	n.a.	HW01	2020	Wolf	2
GW1984f	2020	DZ	GW087f	GW1870m	HW01	2021	Wolf	2
GW2012f	2020	OH	GW322f	GW1609m	HW01	2020	Wolf	2

Anlage 1. Tab.4 (Fortsetzung)

Individuum	*V-Jahr*	*Herk- Rudel*	*Mutter*	*Vater*	*Haplotyp*	*I-Jahr*	*SNP*	*AMY2B CNV*
GW2024m	2020	WID	GW739f	GW1537m	HW01	2021	Wolf	2
GW2027m	2020	CO	GW1091f	GW1829m	HW01	2021	Wolf	2
GW2028m	2020	WEN	GW2016f	GW624m	HW01	2021	Wolf	2
GW2037f	2020	BAT	GW1451f	GW1418m	HW02	2021	Wolf	2
GW2059f	2020	MAS	GW383f	GW1009m	HW01	2021	Wolf	2
GW2060m	2020	DDH	GW959f	GW2061m	HW01	2021	Wolf	2
GW2069m	2020	MU	GW742f	GW1161m	HW01	2021	Wolf	n.a.
GW2114m	2020	AMH	GW1073f	GW1730m	HW01	2021	Wolf	2
GW2126f	2020	DEL	GW1134f	GW1395m	HW01	2021	Wolf	n.a.
GW2144f	2020	LGT	GW1289f	GW1813m	HW01	2021	Wolf	2
GW2193m	2020	TL	GW1676f	GW704m	HW01	2021	Wolf	2
GW2212f	2020	RA	GW639f	GW1373m	HW01	2021	Wolf	n.a.
GW2276f	2020	GOL	GW2278f	n.a.	HW01	2020	Wolf	2
GW2286m	2020	HO	GW277f	GW1505m	HW01	2020	Wolf	2
GW2320m	2020	LDE	GW576f	n.a.	HW01	2021	Wolf	2
GW2364m	2020	WOK	GW1290f	GW1887m	HW01	2021	Wolf	3
GW2366m	2020	HGW	GW1836f	GW1717m	HW01	2021	Wolf	2
GW2369f	2020	RÜD	GW1798f	GW1958m	HW01	2021	Wolf	n.a.
GW2373m	2020	VEL	GW2324f	GW2483m	HW01	2021	Wolf	2
GW2376f	2020	TSL	GW1869f	n.a.	HW01	2021	Wolf	2
GW2395f	2020	HLB	GW2264f	GW1737m	HW01	2021	Wolf	2
GW2409m	2020	NOH	GW1820f	n.a.	HW01	2021	Wolf	2
GW2454f	2020	VIS	GW714f	GW2453m	HW02	2021	Wolf	2
GW2466f	2020	MUL	GW1766f	GW789m	HW01	2020	Wolf	1
GW2484m	2020	VF	GW1344f	GW702m	HW01	2022	Wolf	2
GW2487f	2020	WED	GW1583f	GW2639m	HW01	2022	Wolf	2
GW2495m	2020	FBH	GW2496f	GW1818m	HW01	2022	Wolf	2
GW2498m	2020	KRA	GW1323f	GW2285m	HW01	2021	Wolf	1
GW2504m	2020	CHR	GW511f	GW1680m	HW01	2021	Wolf	2
GW2516f	2020	WBN	GW1066f	GW2312m	HW01	2021	Wolf	2
GW2519m	2020	HF	GW227f	GW1482m	HW01	2021	Wolf	n.a.
GW2569m	2020	SFD	GW1340f	GW1608m	HW01	2021	Wolf	2
GW2607m	2020	NOH	GW1820f	GW2107m	HW01	2022	Wolf	1
GW2636m	2020	RUD	GW871f	GW1488m	HW01	2022	Wolf	n.a.
GW2642m	2020	BAT	GW356f	GW1418m	HW02	2022	Wolf	2
GW2663m	2020	PCH	GW4088f	GW3233m	HW01	2022	Wolf	2
GW2684m	2020	ZIM	n.a.	GW3551m	HW01	2021	Wolf	1
GW2693f	2020	TAU	GW2695f	GW1967m	HW01	2022	Wolf	n.a.
GW2694m	2020	HW	GW1589f	GW929m	HW01	2021	Wolf	1
GW2701m	2020	SAG	GW2359f	GW1507m	HW01	2021	Wolf	1
GW2705m	2020	DZ II	GW766f	GW800m	HW01	2022	Wolf	1

Anlage 1. Tab.4 (Fortsetzung)

Individuum	*V-Jahr*	*Herk- Rudel*	*Mutter*	*Vater*	*Haplotyp*	*I-Jahr*	*SNP*	*AMY2B CNV*
GW2722mH	2020	Szubin_PL	n.a.	n.a.	HW01	2022	**F2**	n.a.
GW2731m	2020	LAM	GW1824f	GW1568m	HW01	2021	Wolf	2
GW2738f	2020	VYS_CZ	GW2399f	GW1733m	HW01	2022	Wolf	2
GW2748m	2020	DH	GW878f	GW1053m	HW01	2022	Wolf	2
GW2758m	2020	DÖH	GW2756f	GW2420m	HW01	2022	Wolf	2
GW2776f	2020	GKL	GW1830f	GW1831m	HW01	2021	Wolf	n.a.
GW2784f	2020	FXS	GW1740f	GW1927m	HW01	2022	Wolf	2
GW2803f	2020	HVB	GW2280f	GW1457m	HW01	2021	Wolf	2
GW2811m	2020	CLH	GW340f	n.a.	HW01	2022	Wolf	2
GW2846f	2020	REH	GW1815f	GW1480m	HW02	2022	Wolf	2
GW3003m	2020	GRK	GW2258f	GW2257m	HW01	2022	Wolf	2
GW3135m	2020	SF	GW1686f	GW2378m	HW01	2022	Wolf	2
GW3327m	2020	NSH	GW2440f	GW2121m	HW01	2023	Wolf	n.a.
GW3579f	2020	ATW	GW1229f	GW2182m	HW01	2023	Wolf	n.a.
GW2424f	2021	FHE	GW1460f	GW1746m	HW01	2021	Wolf	2
GW2444m	2021	GA	GW1316f	n.a.	HW01	2021	Wolf	1
GW2481m	2021	LEU	GW1415f	GW1896m	HW01	2022	Wolf	2
GW2507m	2021	MR	n.a.	GW1656m	HW01	2021	Wolf	2
GW2514m	2021	OH	GW1789f	GW1609m	HW01	2021	Wolf	2
GW2540f	2021	GOE	GW432f	GW1559m	HW01	2021	Wolf	1
GW2586m	2021	WIS	n.a.	GW2629m	HW01	2021	Wolf	2
GW2589m	2021	HO	GW1309f	GW2185m	HW01	2022	Wolf	2
GW2591m	2021	RAT	GW1525f	GW1454m	HW01	2022	Wolf	2
GW2600f	2021	WOK	GW1290f	GW2105m	HW01	2022	Wolf	2
GW2609m	2021	GOE	GW1864f	GW1559m	HW01	2022	Wolf	2
GW2617f	2021	UEM	GW257f	GW2325m	HW01	2022	Wolf	2
GW2638m	2021	SEL	GW1573f	GW1321m	HW02	2022	Wolf	2
GW2674m	2021	STN	GW1936f	GW1710m	HW01	2022	Wolf	2
GW2689f	2021	DZ	GW1930f	GW1870m	HW01	2021	Wolf	1
GW2716f	2021	GH	GW162f	GW1875m	HW01	2022	Wolf	1
GW2736m	2021	CO	n.a.	GW2251m	HW01	2022	Wolf	2
GW2768m	2021	AH	GW2246f	GW2219m	HW01	2022	Wolf	1
GW2798f	2021	FHZ	GW2106f	GW2231m	HW01	2022	Wolf	3
GW2813m	2021	WID	GW1121f	GW1322m	HW01	2022	Wolf	2
GW2824f	2021	WAH	GW1168f	GW1345m	HW01	2021	Wolf	1
GW2866m	2021	PA	GW2267f	GW688m	HW01	2021	Wolf	1
GW2873m	2021	LUH_CZ	GW2872f	GW983m	HW01	2021	Wolf	0
GW2895m	2021	HUL	GW1277f	GW1829m	HW01	2022	Wolf	2
GW2909m	2021	KN II	GW1149f	GW2134m	HW01	2022	Wolf	2
GW2925m	2021	DRE	GW2927f	n.a.	HW02	2022	Wolf	1
GW2954m	2021	VOL	n.a.	GW1408m	HW01	2022	Wolf	2

Anlage 1. Tab.4 (Fortsetzung)

Individuum	*V-Jahr*	*Herk- Rudel*	*Mutter*	*Vater*	*Haplotyp*	*I-Jahr*	*SNP*	*AMY2B CNV*
GW2983f	2021	HER	GW965f	n.a.	HW01	2022	Wolf	2
GW2996f	2021	EHL	GW3676f	GW1180m	HW01	2022	Wolf	2
GW3007m	2021	TRE	GW1604f	GW2706m	HW01	2022	Wolf	2
GW3014m	2021	JAH_CZ	GW3626f	GW3625m	HW01	2021	Wolf	2
GW3018m	2021	FDB	GW1598f	GW2888m	HW01	2022	Wolf	1
GW3020f	2021	AMT	GW872f	GW1532m	HW01	2022	Wolf	2
GW3061m	2021	ILF	GW2383f	GW2157m	HW01	2023	Wolf	2
GW3067f	2021	WIL	GW2552f	GW2068m	HW01	2022	Wolf	2
GW3089m	2021	WAK	GW1873f	GW2114m	HW01	2022	Wolf	2
GW3095m	2021	RIG	GW1861f	GW1595m	HW01	2022	Wolf	1
GW3106m	2021	LIN	GW2712f	GW2242m	HW02	2022	Wolf	1
GW3141m	2021	CUN	GW1871f	GW795m	HW01	2022	Wolf	2
GW3191m	2021	HF_BE	GW1943f	GW926m	HW01	2023	Wolf	n.a.
GW3248m	2021	AMH	GW1797f	GW1730m	HW01	2023	Wolf	2
GW3290m	2021	OHR	GW2151f	GW1264m	HW01	2023	Wolf	1
GW3318m	2021	HAM	GW1768f	GW1599m	HW01	2023	Wolf	n.a.
GW3332m	2021	RLB	n.a.	GW3331m	HW01	2022	Wolf	n.a.
GW3378m	2021	GWI	GW1510f	n.a.	HW01	2022	Wolf	2
GW3380f	2021	DÜR	GW1135f	GW2686m	HW01	2022	Wolf	2
GW3381m	2021	HAS	GW1882f	GW2183m	HW01	2022	Wolf	1
GW3406f	2021	COL	GW2532f	GW2531m	HW01	2023	Wolf	n.a.
GW3418f	2021	DUE	GW2278f	GW869m	HW01	2022	Wolf	2
GW3445m	2021	BGK	GW3706f	GW2513m	HW01	2022	Wolf	2
GW3453f	2021	MLZ	GW2966f	GW2958m	HW01	2023	Wolf	n.a.
GW3455f	2021	SI	GW3467f	GW3637m	HW01	2023	Wolf	n.a.
GW3478m	2021	AG	GW1083f	GW1569m	HW01	2022	Wolf	0
GW3482m	2021	BE	GW1590f	GW2627m	HW01	2023	Wolf	n.a.
GW3555f	2021	RA	GW639f	GW2213m	HW01	2023	Wolf	2
GW3558m	2021	STO	GW1685f	GW589m	HW01	2023	Wolf	n.a.
GW3565f	2021	LPP	GW1514f	GW2698m	HW01	2023	Wolf	n.a.
GW3655m	2021	WDF	GW2207f	GW2724m	HW01	2023	Wolf	n.a.
GW3674m	2021	GOL	GW2732f	GW2733m	HW01	2023	Wolf	n.a.
GW3842m	2021	MST	GW2737f	GW2735m	HW01	2024	Wolf	n.a.
GW4145f	2021	ERT	GW1723f	GW2457m	HW01	2024	Wolf	n.a.
GW2710m	2022	GUB_AT	GW2898f	GW2899m	HW01	2022	Wolf	1
GW2723fH	2022	RAU	GW3134f	GW2722mH	HW01	2022	**BC2w**	2
GW2749m	2022	LHE_CZ	GW2916f	GW1404m	HW01	2022	Wolf	2
GW2881m	2022	LEH	GW3164f	GW2330m	HW01	2022	Wolf	1
GW2891f	2022	BK	GW1694f	GW1326m	HW01	2022	Wolf	2
GW2907m	2022	GST	GW2887f	GW2403m	HW01	2022	Wolf	2
GW2914fH	2022	ZR	GW1422f	unb. Hund	HW01	2022	**F1**	4

Anlage 1. Tab.4 (Fortsetzung)

Individuum	*V-Jahr*	*Herk- Rudel*	*Mutter*	*Vater*	*Haplotyp*	*I-Jahr*	*SNP*	*AMY2B CNV*
GW2981m	2022	HGW	n.a.	GW1717m	HW01	2022	Wolf	2
GW3004m	2022	PS	GW2221f	GW2238m	HW01	2022	Wolf	2
GW3008f	2022	TSL	GW1869f	GW2343m	HW01	2022	Wolf	1
GW3071m	2022	REJ	GW2652f	GW1741m	HW01	2022	Wolf	2
GW3074f	2022	NOH	n.a.	GW2107m	HW01	2022	Wolf	2
GW3079m	2022	ZIM	GW2740f	GW3551m	HW01	2022	Wolf	2
GW3091m	2022	DAM	GW2604f	GW1339m	HW01	2023	Wolf	2
GW3105m	2022	RAD	GW1752f	GW1288m	HW01	2022	Wolf	1
GW3109m	2022	HW	GW1589f	GW2562m	HW01	2022	Wolf	2
GW3111m	2022	ATW	GW2181f	GW2182m	HW01	2022	Wolf	2
GW3168m	2022	NO	GW2110f	GW2130m	HW01	2022	Wolf	2
GW3267f	2022	WE	GW1742f	GW1770m	HW01	2022	Wolf	1
GW3268m	2022	FHE	GW3054f	GW2928m	HW01	2022	Wolf	2
GW3303m	2022	MRI	GW2039f	n.a.	HW01	2023	Wolf	n.a.
GW3334m	2022	GHD	GW571f	n.a.	HW01	2022	Wolf	1
GW3336f	2022	SAG	GW2704f	GW1507m	HW01	2022	Wolf	1
GW3349m	2022	GRH	GW539f	GW1303m	HW01	2022	Wolf	2
GW3374f	2022	SE	GW1773f	GW4258m	HW01	2023	Wolf	n.a.
GW3389f	2022	ZRB	GW1082f	GW2814m	HW01	2023	Wolf	n.a.
GW3409f	2022	DZ	GW1930f	GW3323m	HW01	2023	Wolf	n.a.
GW3427f	2022	VSW	n.a.	GW3428m	HW01	2023	Wolf	2
GW3472f	2022	DPN	GW740f	GW2592m	HW01	2023	Wolf	n.a.
GW3514f	2022	KYV_CZ	GW3119f	GW2209m	HW01	2022	Wolf	1
GW3515m	2022	ROT	GW2843f	GW2350m	HW01	2023	Wolf	n.a.
GW3615f	2022	KN II	GW1880f	GW2606m	HW01	2023	Wolf	n.a.
GW3627m	2022	DDH	GW2871f	GW2709m	HW01	2023	Wolf	n.a.
GW3634m	2022	HAB	GW2480f	GW2478m	HW01	2023	Wolf	n.a.
GW3659m	2022	LEU	GW1999f	GW1896m	HW01	2023	Wolf	n.a.
GW3664m	2022	AM	GW1613f	GW2977m	HW01	2023	Wolf	n.a.
GW3699m	2022	SLS	GW2407f	GW1129m	HW01	2023	Wolf	n.a.
GW3752m	2022	SPH	GW3605f	GW2244m	HW01	2023	Wolf	2
GW3855f	2022	WBN	GW2311f	GW2312m	HW01	2023	Wolf	n.a.
GW4258m	2015	SE	GW510f	GW386m	HW01	2024	n.a.	n.a.
GW2246f	2019	RA	GW1978f	GW1373m	n.b.	2021	n.a.	n.a.
GW3770f	2021	SOS	GW2143f	GW2671m	HW01	2023	n.a.	n.a.
GW2995f	2022	MU	GW742f	GW2644m	HW01	2022	n.a.	n.a.
GW3000m	2022	FER	GW4264f	GW1437m	HW01	2022	n.a.	n.a.
GW3046f	2022	GSF	GW3872f	n.a.	HW01	2022	n.a.	n.a.
GW3207f	2022	FRD	GW3350f	GW3999m	HW01	2022	n.a.	n.a.
GW3329m	2022	ELS	GW2700f	GW980m	HW01	2022	n.a.	n.a.
GW3813m	2022	DFW_NL	GW2090f	GW2397m	HW02	2023	n.a.	n.a.
GW3954m	2022	LGT	GW827f	GW1813m	HW01	2024	n.a.	n.a.

Anlage 2. Tab. 5: Übersicht der 160 analysierten Wolfsindividuen ohne bekannte Verwandtschaftsbeziehungen aus dem Datensatz O-Data. I-Jahr = erstes Jahr, in dem das Individuum genetisch erfasst wurden (entspricht nicht immer dem Geburtsjahr). Weiterhin sind die Ergebnisse der Hybridisierungsanalysen angegeben (SNP und AMY2B Copy Number Variation, gerundet ohne Nachkommastelle; ermittelte Hybride markiert). Ebenfalls aufgeführt ist der mitochondriale Haplotyp der getesteten Wölfe, welcher im Monitoring routinemäßig über die Sequenzierung eines hypervariablen Teilstücks der Kontrollregion erhalten wird.

*Alpenwolf Haplotyp

Individuum	*Haplotyp*	*I-Jahr*	*SNP*	*AMY2B CNV*
GW023f	HW01	2002	Wolf	n.a.
GW486m	HW22	2006	Wolf	2
GW123m	HW01	2008	Wolf	2
GW184m	HW01	2009	Wolf	3
GW158f	HW01	2010	Wolf	1
GW092m	HW01	2011	Wolf	1
GW104m	HW02	2011	Wolf	n.a.
GW146m	HW02	2011	Wolf	n.a.
GW170m	HW02	2011	Wolf	n.a.
GW490m	HW01	2011	Wolf	2
GW138m	HW01	2012	Wolf	2
GW225f	HW01	2012	Wolf	1
GW239f	HW01	2012	Wolf	2
GW268m	HW01	2012	Wolf	2
GW489m	HW22	2012	Wolf	2
GW254m	HW01	2013	Wolf	2
GW294m	HW02	2014	Wolf	n.a.
GW317m	HW02	2014	Wolf	n.a.
GW318m	HW01	2014	Wolf	2
GW338m	HW01	2014	Wolf	2
GW411m	HW02	2014	Wolf	2
GW355f	HW01	2015	Wolf	2
GW362m	HW02	2015	Wolf	n.a.
GW424m	HW22	2015	Wolf	2
GW470m	HW22	2015	Wolf	2
GW493f	HW01	2015	Wolf	2
GW500m	HW01	2015	Wolf	2
GW501m	HW01	2015	Wolf	2
GW502m	HW02	2015	Wolf	2
GW530m	HW02	2015	Wolf	n.a.
GW480m	HW01	2016	Wolf	2
GW503m	HW01	2016	Wolf	2
GW561m	HW22	2016	Wolf	2
GW606f	HW01	2016	Wolf	2
GW612m	HW01	2016	Wolf	2
GW628m	HW01	2016	Wolf	2

Anlage 2. Tab.5 (Fortsetzung) *Alpenwolf Haplotyp

Individuum	*Haplotyp*	*I-Jahr*	*SNP*	*AMY2B CNV*
GW635m	HW22	2016	Wolf	n.a.
GW646f	HW02	2016	Wolf	n.a.
GW706m	HW01	2016	Wolf	n.a.
GW757m	HW01	2016	Wolf	n.a.
GW853m	HW01	2016	Wolf	2
GW684m	HW22	2017	Wolf	n.a.
GW691m	HW02	2017	Wolf	2
GW714f	HW02	2017	Wolf	n.a.
GW718m	HW01	2017	Wolf	2
GW723f	HW01	2017	Wolf	2
GW734m	HW01	2017	Wolf	2
GW799m	HW02	2017	Wolf	n.a.
GW801f	HW01	2017	Wolf	2
GW805m	HW02	2017	Wolf	n.a.
GW828m	HW02	2017	Wolf	2
GW844f	HW01	2017	Wolf	1
GW851m	HW01	2017	Wolf	2
GW854m	HW01	2017	Wolf	2
GW857m	HW01	2017	Wolf	2
GW885f	HW01	2017	Wolf	2
GW890m	HW01	2017	Wolf	1
GW892m	HW02	2017	Wolf	n.a.
GW881f	HW01	2018	Wolf	2
GW883m	HW22	2018	Wolf	n.a.
GW884m	HW01	2018	Wolf	2
GW928m	HW01	2018	Wolf	n.a.
GW933m	HW01	2018	Wolf	2
GW939f	HW01	2018	Wolf	2
GW975m	HW01	2018	Wolf	1
GW976m	HW02	2018	Wolf	2
GW979m	HW02	2018	Wolf	n.a.
GW980m	HW02	2018	Wolf	n.a.
GW999m	HW02	2018	Wolf	n.a.
GW1019m	HW01	2018	Wolf	2
GW1026m	HW01	2018	Wolf	2
GW1071m	HW02	2018	Wolf	n.a.
GW1182m	HW01	2018	Wolf	n.a.
GW1274m	HW02	2019	Wolf	n.a.
GW1310m	HW02	2019	Wolf	n.a.
GW1326m	HW02	2019	Wolf	n.a.
GW1329m	HW02	2019	Wolf	n.a.
GW1378f	HW02	2019	Wolf	n.a.

Anlage 2. Tab.5 (Fortsetzung) *Alpenwolf Haplotyp

Individuum	*Haplotyp*	*I-Jahr*	*SNP*	*AMY2B CNV*
GW1423f	HW01	2019	Wolf	n.a.
GW1432m	HW01	2019	Wolf	n.a.
GW1493m	HW01	2019	Wolf	n.a.
GW1829m	HW01	2019	Wolf	n.a.
GW1835m	HW22	2019	Wolf	n.a.
GW2417m	HW01	2019	Wolf	n.a.
GW4100m	HW02	2019	Wolf	n.a.
GW1478m	HW22	2020	Wolf	n.a.
GW1559m	HW22	2020	Wolf	n.a.
GW1591m	HW22	2020	Wolf	n.a.
GW1625m	HW22	2020	Wolf	n.a.
GW1636m	HW01	2020	Wolf	n.a.
GW1641m	HW02	2020	Wolf	n.a.
GW1687m	HW02	2020	Wolf	n.a.
GW1731m	HW02	2020	Wolf	n.a.
GW1832m	HW22	2020	Wolf	n.a.
GW1833m	HW01	2020	Wolf	n.a.
GW1887m	HW01	2020	Wolf	n.a.
GW1920m	HW22	2020	Wolf	n.a.
GW1967m	HW10	2020	Wolf	n.a.
GW1974m	HW01	2020	Wolf	n.a.
GW2103m	HW22	2020	Wolf	n.a.
GW2418m	HW01	2020	Wolf	n.a.
GW1944m	HW22	2021	Wolf	n.a.
GW2020m	HW01	2021	Wolf	n.a.
GW2048mH	HW02	2021	**BC1w**	n.a.
GW2104m	HW22	2021	Wolf	n.a.
GW2105m	HW01	2021	Wolf	n.a.
GW2119m	HW22	2021	Wolf	n.a.
GW2120m	HW22	2021	Wolf	n.a.
GW2365m	HW03	2021	Wolf	n.a.
GW2375m	HW22	2021	Wolf	n.a.
GW2385m	HW01	2021	Wolf	n.a.
GW2386f	HW01	2021	Wolf	n.a.
GW2387f	HW01	2021	Wolf	n.a.
GW2388f	HW01	2021	Wolf	n.a.
GW2390f	HW01	2021	Wolf	n.a.
GW2391m	HW22	2021	Wolf	n.a.
GW2392m	HW22	2021	Wolf	n.a.
GW2393f	HW01	2021	Wolf	n.a.
GW2396m	HW01	2021	Wolf	n.a.
GW2400m	W3	2021	Wolf	n.a.

Anlage 2. Tab.5 (Fortsetzung) *Alpenwolf Haplotyp

Individuum	*Haplotyp*	*I-Jahr*	*SNP*	*AMY2B CNV*
GW2402m	HW22	2021	Wolf	n.a.
GW2410m	HW01	2021	Wolf	n.a.
GW2412m	HW22	2021	Wolf	n.a.
GW2419m	HW01	2021	Wolf	n.a.
GW2423m	HW01	2021	Wolf	n.a.
GW2425m	HW22	2021	Wolf	n.a.
GW2441m	HW01	2021	Wolf	n.a.
GW2509f	HW01	2021	Wolf	n.a.
GW2532f	HW01	2021	Wolf	n.a.
GW2541m	HW01	2021	Wolf	n.a.
GW2568f	HW01	2021	Wolf	n.a.
GW2802m	HW01	2021	Wolf	n.a.
GW2483m	HW01	2022	Wolf	n.a.
GW2494f	HW02	2022	Wolf	n.a.
GW2575m	HW01	2022	Wolf	n.a.
GW2660f	HW01	2022	Wolf	n.a.
GW2661m	HW01	2022	Wolf	n.a.
GW2688m	HW01	2022	Wolf	n.a.
GW2699m	HW22	2022	Wolf	n.a.
GW2735m	HW01	2022	Wolf	n.a.
GW2751f	HW01	2022	Wolf	n.a.
GW2752m	HW01	2022	Wolf	n.a.
GW2760f	HW01	2022	Wolf	n.a.
GW2761m	HW01	2022	Wolf	n.a.
GW2764m	HW01	2022	Wolf	n.a.
GW2765m	HW01	2022	Wolf	n.a.
GW2766f	HW01	2022	Wolf	n.a.
GW2877f	HW01	2022	Wolf	n.a.
GW2886m	HW22	2022	Wolf	n.a.
GW2889m	HW01	2022	Wolf	n.a.
GW2890f	HW01	2022	Wolf	n.a.
GW2906m	W3	2022	Wolf	n.a.
GW2930m	HW22	2022	Wolf	n.a.
GW2973m	HW22	2022	Wolf	n.a.
GW2991f	HW01	2022	Wolf	2
GW3088m	HW22	2022	Wolf	n.a.
GW3134f	HW01	2022	Wolf	n.a.
GW3139m	HW01	2022	Wolf	n.a.
GW3331m	HW01	2022	Wolf	n.a.
GW3526f	HW01	2022	Wolf	n.a.

Anlage 3. Tab. 6: Übersicht der 243 analysierten Hunde (Datensatz H_Data) mit mitochondrialem Haplotyp sowie den Ergebnissen der SNP-Analyse (SNP) und der Bestimmung der Amylase-Kopienzahl (AMY2B CNV). n.a. = nicht analysiert.

Individuum	*Haplotyp*	*SNP*	*AMY2B CNV*
Akita1	neu01	F2	8
Akita2	neu01	F2	11
Akita3	neu03	BC1d	9
Akita4	neu02	BC1d/BC2d	n.a.
Akita5	neu03	F2	n.a.
Akita6	H19	F2	n.a.
Akita7	H19	F2	n.a.
Akita8	H19	F2	n.a.
Akita9	neu03	BC1d	n.a.
Akita10	neu05	F2	n.a.
Akita11	neu05	F2	n.a.
Akita12	H19	F2	n.a.
Akita13	H19	F2	n.a.
Akita14	H15	F2	n.a.
Akita15	H19	F2	n.a.
Akita16	neu02	BC1d	n.a.
Akita17	H19	F2	n.a.
Akita18	neu12	BC2d	n.a.
Akita19	neu05	BC2d	n.a.
Akita20	H04	BC2d	n.a.
Akita21	neu12	F2	n.a.
Akita22	H04	BC1d	n.a.
Akita23	H04	BC2d	n.a.
Alaskan Malamute1	H09	F2	3
Alaskan Malamute2	H15	BC1d	2
Alaskan Malamute3	H15	BC1d	2
Australian Shepherd1	Be35	Hund	n.a.
Australian Shepherd2	H19	Hund	n.a.
Chow Chow1	Be32	F2	12
Chow Chow2	Be32	F2	2
Chow Chow3	Be32	F2	7
Chow Chow4	Be35	F2	n.a.
Chow Chow5	Be35	F2	n.a.
Chow Chow6	Be32	F2	n.a.
Chow Chow7	Be32	F2	n.a.
Chow Chow8	Be32	F2	n.a.
Chow Chow9	neu09	F2	n.a.
Chow Chow10	Be35	F2	n.a.

Anlage 3. Tab.6 (Fortsetzung)

Individuum	*Haplotyp*	*SNP*	*AMY2B CNV*
Czechoslovakian Wolfdog1	Be56	BC2d	n.a.
Czechoslovakian Wolfdog2	Be56	BC2d	12
Czechoslovakian Wolfdog3	H19	BC2d	n.a.
Czechoslovakian Wolfdog4	H19	BC1d/BC2d	n.a.
Czechoslovakian Wolfdog5	H19	F2	14
Czechoslovakian Wolfdog6	H19	F2	n.a.
Czechoslovakian Wolfdog7	H19	BC2d	8
Czechoslovakian Wolfdog8	H19	BC2d	n.a.
Czechoslovakian Wolfdog9	H19	BC2d	n.a.
Czechoslovakian Wolfdog10	H19	BC1d	n.a.
Galgo1	B16	Hund	12
Galgo2	H11	Hund	16
Galgo3	H04	Hund	16
Galgo4	H09	Hund	n.a.
Galgo5	H09	Hund	n.a.
Galgo6	neu13	Hund	n.a.
Galgo7	H04	Hund	n.a.
Galgo8	H04	Hund	n.a.
Galgo9	H04	Hund	n.a.
Galgo10	neu10	Hund	n.a.
Galgo11	neu08	Hund	n.a.
Galgo12	H11	Hund	n.a.
Galgo13	neu08	Hund	n.a.
Galgo14	neu13	Hund	n.a.
Galgo15	B16	Hund	n.a.
German Shepherd1	H09	Hund	n.a.
German Shepherd2	H09	Hund	n.a.
German Shepherd3	H09	Hund	n.a.
German Shepherd4	H09	Hund	n.a.
German Shepherd5	Be56	Hund	n.a.
German Shepherd6	Be56	Hund	n.a.
German Shepherd7	H09	Hund	n.a.
German Shepherd8	H09	Hund	n.a.
German Shepherd9	H11	Hund	n.a.
German Shepherd10	H09	Hund	n.a.
German Shepherd11	H11	Hund	n.a.
German Shepherd12	H19	Hund	n.a.
German Shepherd13	H19	Hund	n.a.
German Spaniel1	H09	Hund/BC2d	10
Golden Retriever1	H04	Hund	n.a.
Golden Retriever2	H11	Hund	n.a.

Anlage 3. Tab.6 (Fortsetzung)

Individuum	*Haplotyp*	*SNP*	*AMY2B CNV*
Golden Retriever3	H11	Hund	n.a.
Golden Retriever4	H04	Hund	n.a.
Golden Retriever5	H04	Hund	n.a.
Golden Retriever6	H04	Hund	n.a.
Golden Retriever7	H04	Hund	n.a.
Golden Retriever8	H04	Hund	n.a.
Golden Retriever9	H04	Hund	n.a.
Golden Retriever10	H04	Hund	n.a.
Golden Retriever11	H04	Hund	n.a.
Golden Retriever12	H04	Hund	n.a.
Golden Retriever13	H04	Hund	n.a.
Golden Retriever14	H04	Hund	n.a.
Golden Retriever15	H04	Hund	n.a.
Golden Retriever16	H04	Hund	n.a.
Golden Retriever17	H11	Hund	n.a.
Golden Retriever18	H11	Hund	n.a.
Greyhound1	n.a.	Hund/BC2d	13
Labrador Retriever1	H11	BC2d	n.a.
Labrador Retriever2	H11	Hund	n.a.
Labrador Retriever3	H19	Hund	n.a.
Labrador Retriever4	H19	Hund	n.a.
Labrador Retriever5	H19	Hund	n.a.
Labrador Retriever6	H11	Hund	n.a.
Labrador Retriever7	H09	Hund	n.a.
Labrador Retriever8	H19	Hund	n.a.
Marxdorfer Wolfdog1	H07	BC1d	2
Marxdorfer Wolfdog2	Be56	BC2d	9
Marxdorfer Wolfdog3	H19	BC2d	8
Marxdorfer Wolfdog4	H07	BC2d	n.a.
Marxdorfer Wolfdog5	H07	BC2d	n.a.
Marxdorfer Wolfdog6	H07	BC2d	n.a.
Marxdorfer Wolfdog7	H07	BC2d	n.a.
Marxdorfer Wolfdog8	H07	BC2d	n.a.
Marxdorfer Wolfdog9	H07	BC2d	n.a.
Marxdorfer Wolfdog10	H19	BC2d	n.a.
Marxdorfer Wolfdog11	Be53	BC2d	n.a.
Marxdorfer Wolfdog12	H07	BC2d	n.a.
Marxdorfer Wolfdog13	H07	BC2d	n.a.
Marxdorfer Wolfdog14	H07	BC2d	n.a.
Marxdorfer Wolfdog15	H11	BC2d	n.a.
Marxdorfer Wolfdog16	H07	BC1d	n.a.

Anlage 3. Tab.6 (Fortsetzung)

Individuum	*Haplotyp*	*SNP*	*AMY2B CNV*
Marxdorfer Wolfdog17	H07	BC2d	n.a.
Marxdorfer Wolfdog18	H07	BC2d	n.a.
Marxdorfer Wolfdog19	H07	BC2d	n.a.
Marxdorfer Wolfdog20	H07	BC2d	n.a.
Marxdorfer Wolfdog21	H19	Hund	n.a.
Marxdorfer Wolfdog22	H19	BC2d	n.a.
Marxdorfer Wolfdog23	H19	Hund	n.a.
Marxdorfer Wolfdog24	H07	BC2d	n.a.
Marxdorfer Wolfdog25	H07	BC2d	n.a.
Marxdorfer Wolfdog26	H07	BC2d	n.a.
Marxdorfer Wolfdog27	H07	BC2d	n.a.
Marxdorfer Wolfdog28	H07	BC2d	n.a.
Marxdorfer Wolfdog29	H19	BC2d	n.a.
Marxdorfer Wolfdog30	H07	BC1d	n.a.
Marxdorfer Wolfdog31	H07	BC2d	n.a.
Marxdorfer Wolfdog32	H07	BC2d	n.a.
Mongrel1	H09	Hund	n.a.
Mongrel2	H04	Hund	n.a.
Mongrel3	neu08	Hund	n.a.
Mongrel4	H04	Hund	11
Mongrel5	H04	Hund	n.a.
Mongrel6	Be32	Hund/BC2d	8
Mongrel7	Be35	Hund	n.a.
Mongrel8	H09	Hund	n.a.
Mongrel9	H04	Hund	n.a.
Podenco-Mix1	neu07	Hund	11
Podenco-Mix2	Be32	BC2d	13
Podenco-Mix3	H04	BC2d	12
Podenco-Mix4	H19	Hund	n.a.
Podenco-Mix5	neu06	Hund	n.a.
Podenco-Mix6	Be53	Hund/BC2d	n.a.
Podenco-Mix7	neu13	Hund	n.a.
Podenco-Mix8	H04	Hund/BC2d	n.a.
Podenco-Mix9	H19	Hund	n.a.
Podenco-Mix10	H04	Hund	n.a.
Podenco-Mix11	n.a.	Hund	n.a.
Pug1	H11	Hund	n.a.
Pug2	H11	Hund	n.a.
Saarloos wolfdog1	H07	BC2d	9
Saarloos wolfdog2	H07	BC2d	n.a.
Saarloos wolfdog3	H07	BC2d	n.a.

Anlage 3. Tab.6 (Fortsetzung)

Individuum	*Haplotyp*	*SNP*	*AMY2B CNV*
Saarloos wolfdog4	H07	BC1d	n.a.
Saarloos wolfdog5	H07	BC2d	n.a.
Saarloos wolfdog6	H07	BC1d	n.a.
Saarloos wolfdog7	H07	BC1d	n.a.
Saarloos wolfdog8	H07	BC1d	n.a.
Saarloos wolfdog9	H07	BC2d	n.a.
Saarloos wolfdog10	H07	BC2d	17
Saarloos wolfdog11	H07	BC1d/BC2d	n.a.
Saarloos wolfdog12	H07	BC2d	n.a.
Saarloos wolfdog13	H07	BC1d	n.a.
Saarloos wolfdog14	H07	BC1d	n.a.
Saarloos wolfdog15	H07	BC2d	n.a.
Saarloos wolfdog16	H07	BC1d/BC2d	n.a.
Saarloos wolfdog17	H07	BC1d	n.a.
Saarloos wolfdog18	H07	BC2d	n.a.
Saarloos wolfdog19	H07	BC2d	n.a.
Saarloos wolfdog20	H07	BC1d	15
Saarloos wolfdog21	H07	BC2d	n.a.
Saarloos wolfdog22	H07	BC2d	n.a.
Saarloos wolfdog23	H07	BC2d	n.a.
Saarloos wolfdog24	H07	BC1d	n.a.
Saarloos wolfdog25	H07	BC1d	n.a.
Saarloos wolfdog26	H07	BC1d	n.a.
Saarloos wolfdog27	H07	F2	n.a.
Saarloos wolfdog28	H07	BC2d	n.a.
Saarloos wolfdog29	H07	BC1d	n.a.
Shiba Inu1	Be71	F2	10
Siberian Husky1	Be56	BC2d	2
Siberian Husky2	H19	BC1d	2
Siberian Husky3	Be56	BC2d	2
Siberian Husky4	Be56	BC1d/BC2d	n.a.
Siberian Husky5	H19	BC2d	n.a.
Siberian Husky6	H15	BC2d	n.a.
Siberian Husky7	H15	BC1d/BC2d	n.a.
Siberian Husky8	H15	BC1d/BC2d	n.a.
Siberian Husky9	H15	BC1d	n.a.
Siberian Husky10	H15	BC2d	n.a.
Siberian Husky11	H19	BC2d	n.a.
Siberian Husky12	H15	BC2d	n.a.
Siberian Husky13	H15	BC1d	n.a.
Siberian Husky14	H15	BC2d	n.a.

Anlage 3. Tab.6 (Fortsetzung)

Individuum	*Haplotyp*	*SNP*	*AMY2B CNV*
Siberian Husky15	H19	BC2d	n.a.
Siberian Husky16	H15	BC2d	n.a.
Siberian Husky17	H04	BC2d	n.a.
Siberian Husky18	H15	BC2d	n.a.
Siberian Husky19	H19	BC1d/BC2d	n.a.
Siberian Husky20	H15	BC2d	n.a.
Siberian Husky21	H19	BC2d	n.a.
Siberian Husky22	H19	BC2d	n.a.
Siberian Husky23	H19	BC2d	n.a.
Siberian Husky24	H15	BC2d	n.a.
Siberian Husky25	H19	BC2d	n.a.
Siberian Husky26	H19	BC2d	n.a.
Siberian Husky27	H15	BC2d	n.a.
Siberian Husky28	H15	BC2d	n.a.
Siberian Husky29	H15	BC1d/BC2d	n.a.
Siberian Husky30	H15	BC1d	n.a.
Siberian Husky31	H15	BC1d/BC2d	n.a.
Siberian Husky32	H15	BC2d	n.a.
Siberian Husky33	H15	BC2d	n.a.
Siberian Husky34	H15	BC1d	n.a.
Siberian Husky35	H15	BC2d	n.a.
Siberian Husky36	H15	BC2d	n.a.
Siberian Husky37	H15	BC2d	n.a.
Siberian Husky38	H15	BC2d	n.a.
Siberian Husky39	H15	BC2d	n.a.
Siberian Husky40	H15	BC2d	n.a.
Siberian Husky41	H15	BC2d	n.a.
Siberian Husky42	H15	BC2d	n.a.
Siberian Husky43	neu04	BC2d	n.a.
Siberian Husky44	neu04	BC2d	n.a.
Siberian Husky45	neu04	BC1d/BC2d	n.a.
Siberian Husky46	H15	BC2d	n.a.
Siberian Husky47	H15	F2	n.a.
Siberian Husky48	H19	BC2d	n.a.
Siberian Husky49	H15	BC1d/BC2d	n.a.
Siberian Husky50	H15	BC1d	n.a.
Siberian Husky51	H19	BC2d	n.a.
Siberian Husky52	H19	BC2d	n.a.
Tamaskan1	H15	BC2d	14
Tamaskan2	H09	BC2d	9
Tamaskan3	neu13	BC1d/BC2d	8