

Wolvenspecial februari 2020

Nieuwe wolf “GW1479f” geïdentificeerd in Vlaanderen: waarschijnlijk Noëlla

Tussen oktober en december 2019 werden er vijftien **schadegevallen** (zie lager voor de lijst) gemeld aan het INBO die mogelijk te maken hadden met wolven. Bij sommige van die gevallen werd al snel duidelijk dat dit niet het werk kon zijn van een wolf, en kwam er geen schadedossier bij het Agentschap Natuur en Bos. Bij een aantal schadegevallen (Zoersel, Balen) was op basis van het DNA duidelijk een nieuwe wolf (haplotype 1, August is haplotype 2) betrokken die na raadpleging van de Centraaleuropese wolvendatabase een wolvin bleek te zijn, met code GW1479f (Grijze Wolf 1479, female). Ze had eerder op 15 november 2019 in Bockhorn (NW-Duitsland, 15 km van Wilhelmshaven) een DNA-spoor achtergelaten op een dood schaap. Een genetische ouderschapsanalyse vanuit die databank geeft aan dat ze een nakomeling is van GW162f en GW330m, gevestigd in de Gohrischheide op 50 km ten NW van Dresden.

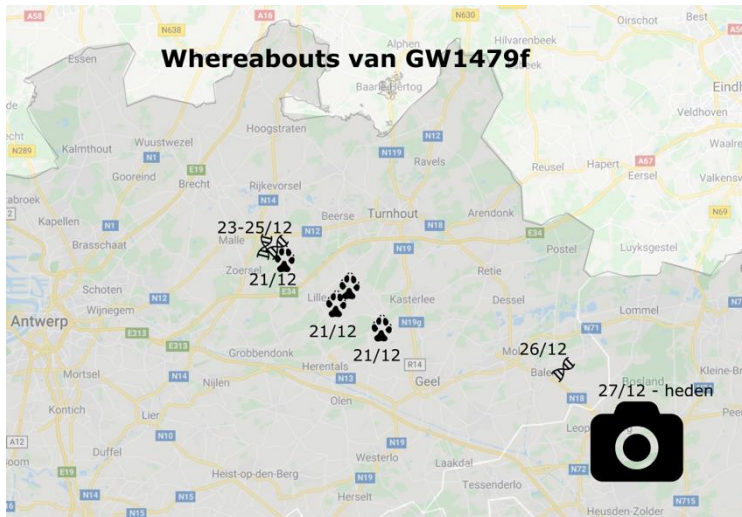


Enkele door Welkom Wolf doorgestuurde zichtwaarnemingen uit de Antwerpse Kempen (21/12), werden na sporenonderzoek ter plaatse door het INBO als wolf bevestigd. Ook de terreinbeoordeling van twee schadegevallen in Zoersel (23/12 en 25/12) door het INBO wezen op wolf, later genetisch bevestigd als GW1479f. Ook een DNA-spoor op een gedood schaap in Balen op 26/12 was afkomstig van wolvin GW1479f. Zij bleek zich dus na kerstmis te verplaatsen van de regio Zoersel in de richting van het territorium van wolf August.



Eerste beeld van – naar alle waarschijnlijkheid - GW1479f in het leefgebied van August, 27 december 2019 (foto INBO/ANB)

Nog één dag later, op 27/12, liep een nieuwe wolvin voor het eerst voor één van de wildcamera's in het territorium van August, haar pootafdrukken werden opgemeten en ze werd die dag zelfs op twee verschillende tijdstippen door een herder en een boswachter gezien. Deze wolvin (in de media Noëlla genaamd) hield zich dagenlang op in een kleine zone in de buurt van één van de markeerplekken van August, die in die periode een tiental kilometer verderop werd geregistreerd door onze camera's. Op 6 januari werden voor het eerst sporen van beide wolven samen aangetroffen en op 9 januari werden ze samen op fotovallen waargenomen.



GW1479f is dus naar alle waarschijnlijkheid Noëlla, maar dat gaan we pas met 100% zekerheid weten als we DNA van haar vinden in haar nieuwe leefgebied. Uitwerpselen die tot nog toe werden ingezameld bleken na DNA-analyse van August te zijn.

Voordien waren er ook al waarnemingen van een zwervende wolf gedaan in Noord-Limburg en Noord-Brabant (Nederland) tussen 14/12 en 18/12, met minstens één schaap als slachtoffer. Genetische resultaten uit Nederland worden pas eind februari verwacht, en zullen mogelijk uitsluitel geven.

De pootafdrukken die op 18/12 in de duingordel van Oudsbergen werden gevonden behoorden naar alle waarschijnlijk toe aan een andere wolf dan wolvin GW1479f. Verder was er in het zuidelijke deel van het Nationaal Park Hoge Kempen op 9/12/2019 een relatief vers reekadaver gevonden dat half was opgegeten, en waarop DNA-stalen werden afgenomen. Zoals hoger vermeld vermoeden we al langer dat er in de zone tussen Bree en Lanaken zich al geruime tijd een andere wolf ophoudt, die tot nu toe geen hard DNA-bewijs heeft geleverd. Helaas was dat ook nu weer niet het geval. We vonden geen enkel spoor van wolven-DNA.

Geanalyseerde Schadegevallen

- Peer, 4.11.2019: twee schapen gedood, geen stroomdraden. Algemeen beeld typisch wolf. DNA toont WH02, wolf bevestigd.
- Hechtel-Eksel, 8.11.2019: twee schapen gedood, geen stroomdraden. Geen DNA van wolf gevonden, wel typische overige kenmerken van wolf.
- Lanaken, 18.11.2019. Resten (enkele botten) van één schaap, meerdere dagen oud. Elektrische afrastering met 5000 volt. Geen aanwijzingen voor wolf, enkel uitwerpselen van vos gevonden. Oorzaak van sterfte onbekend.
- Peer, 21.11.2019. Een schaap gedood, geen stroomdraden. Algemeen beeld typisch wolf. DNA van haplotype WH02, wolf.
- Geel, 21.11.2019. Een schaap dood aangetroffen, aangevreten maar zonder halsbeet of andere typische sporen van wolf. Analyse ter plaatse wijst op aanval door hond, kadaver daarna door aaseters aangevreten.

- Dendermonde, 29.11.2019. Een schaap dood aangetroffen, vier schapen zwaar tot licht verwond. Sporen duidelijk van hond.
- Hechtel-Eksel, 9.12.2019 Drie oudere kadavers van schaap aangetroffen, volledig tot het bot afgekloven, waarschijnlijk door aaseters verschillend van wolf. Eén van de nog levende schapen had bijtwondes in de hals waarvan DNA-stalen werden genomen. Geen bruikbaar DNA gevonden op de stalen. Geen stroomdraden. Op twee plaatsen is de afsluiting ondergraven. Ondanks het ontbreken van enig DNA-spoor, wijzen de andere sporen (keelbeet, ondergraving) wel in de richting van wolf.
- Pelt, 23.12.2019. Twee gedode en één verwond schaap. Geen stroomdraden, afsluiting ondergraven. Algemeen beeld wijst op wolf. DNA toont WH02, wolf bevestigd.
- Zoersel, 23.12.2019. Een gedood schaap, en minstens twee licht verwonde dieren. Een dag eerder was er nog een slachtoffer. Geen stroomdraden, geen afsluiting aan beekrand. Algemeen beeld typisch wolf. DNA toont WH01, wolf bevestigd.
- Zoersel, 25.12.2019. Een gedood en een gekwetst schaap. Stroomdraden om schapen binnen te houden, geen stroomdraden om wolf buiten te houden. Verder geen raster. Algemeen beeld typisch wolf. DNA toont WH01, wolf bevestigd.
- Balen, 25.12.2019. Een verdwenen en een gekwetste wallaby. Geen stroomdraden, raster werd opgeduwd. Pootafdrukken en loopspoor wijzen op wolf. DNA uit twee haren in de afsluiting afkomstig van WH02, wolf bevestigd.
- Balen, 26.12.2019. Een dood schaap. Drie stroomdraden die echter niet actief waren, geen andere afrastering. Pootafdruk wijst op wolf. DNA toont WH01, wolf, maar ander individu dan een dag voordien in Balen.
- Paal, 26.12.2019. Dode wallaby. De predator was over de afrastering geklommen en heeft niet gegraven om binnen het raster te komen. Binnen de hoge afrastering werden sporen van vos gevonden. De kop werd meegenomen, typisch gedrag voor vossen. Zonder te graven kon een wolf niet binnen het raster geraakt zijn. Geen DNA van wolf gevonden.
- Oudsbergen, 27.12.2019. Pasgeboren kalf dood gevonden, aangevreten. Waarschijnlijk dood geboren, en nadien door vos aangevreten (pootafdrukken vos gevonden). Geen DNA van wolf gevonden.

DNA-analyses bij wolven

Een korte inleiding tot genetica

DNA is de drager van genetische informatie. Alle genetische informatie van een individu samen noemen we *het genoom*. Het alfabet van het DNA bestaat uit vier letters, A, C, T en G. De opeenvolging van die letters vormt de instructiecode voor elk organisme. Omdat elk individu (op eeneiige meerlingen na) genetisch uniek is, kan je aan de hand van verschillen in het DNA ook elk individu onderscheiden via zijn DNA.

DNA komt in twee belangrijke types voor in elke dierlijke cel:

- Ten eerste is er DNA in de celkern (*nucleair DNA*). Dit maakt 99.99% van het DNA uit, en bestaat uit één kopie die afkomstig is van de moeder, en één van de vader. Dit nucleair genoom is bij wolven, honden, coyotes en goudjakhalzen georganiseerd in 39 paren van chromosomen, in totaal zo'n vijf miljard letters per cel.
- Ten tweede is er DNA uit de mitochondriën (*mitochondriaal DNA*). Dit bestaat uit maar vijftienduizend letters, en vormt de genetische code voor de energiehuishouding van een cel. Dit DNA komt buiten de celkern voor, en kan in duizenden (in plaats van twee) kopieën voorkomen per cel. Dit DNA kan enkel door de moeder doorgegeven worden, en volgt dus altijd de stamboomlijn van de moeder. Het mitochondriaal DNA is veel variabeler dan het nucleair DNA. Dat maakt het geschikt om soorten te onderscheiden van elkaar. Omdat het zo kort is, is het echter niet geschikt om individuen van elkaar te onderscheiden.

Hond en wolf onderscheiden?

Omdat de hond rechtstreeks afstamt van de wolf, en dit in evolutionaire termen nog niet zo lang geleden is, is het niet eenvoudig om een stuk DNA te vinden dat altijd verschillend is voor de twee soorten maar niet verschillend is binnen één soort.

Uiteindelijk vonden onderzoekers een stuk mitochondriaal DNA waarvan er heel wat varianten ("haplotypes") bestaan die niet voorkomen bij de wolf maar wel bij honden, en omgekeerd. Wij gebruiken hiervoor een stuk van 283 letters van de "controle regio van de D-loop". Hiervan komen ongeveer 25 varianten voor bij wolven die zeldzaam tot afwezig zijn bij honden, en vele tientallen die voorkomen bij honden maar afwezig zijn bij wolven. Vaak verschillen deze haplotypes maar op één letter (zie figuur hieronder). Dit onderscheid laat ons toe om enkel op basis van dit klein stukje mitochondriaal DNA te besluiten een of DNA-staal afkomstig is van hond dan wel van wolf.

Bovendien vertelt de identiteit van elk haplotype ook iets over de geografische oorsprong van het DNA-staal: WH01 en WH02 zijn van oorsprong afkomstig van de Baltische regio (waar ook nagenoeg alle Duitse en de meeste Poolse wolven afkomstig van zijn), terwijl WH22 enkel gekend is van de van oorsprong Italiaanse wolvenpopulatie, die intussen ook in Frankrijk voorkomt. Van de Belgische wolven had Roger (doodgereden 11/3/2018 in Opoeteren) en heeft August haplotype WH02, terwijl Naya behoorde tot WH01. Ook Akéla (Hoge Venen) behoort tot WH01 en de nog onbekende wolf uit de Ourthe-vallei (Laroche-en-Ardenne) behoren tot WH01. Al deze wolven zijn afkomstig uit de Centraal-Europese laaglandpopulatie (Polen, Duitsland, Denemarken, Nederland, België, Tsjechië, Oostenrijk, ...). De wolf van Ébly in de provincie Luxemburg, daarentegen, behoort tot WH22, en

heeft aldus Italiaanse voorouders (en waarschijnlijk Franse ouders). Langzaamaan raakt deze “Alpenpopulatie” verbonden met de Centraal-Europese populatie. Ook in het zuiden van Duitsland werden intussen meerdere van deze Alpiene wolven gespot: in 2018 was er een gemengd koppel in Beieren, en werden twee exemplaren geïdentificeerd met WH22 in Baden-Württemberg. Op 16 januari 2020 werd een dier uit de Alpenpopulatie aangereden in Mainz (bij Frankfurt).

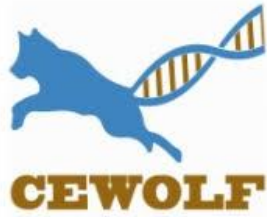
Recent werd een nieuwe methode ontdekt om wolven van honden te onderscheiden. Bij de domesticatie van honden werd zetmeelhoudend voedsel veel belangrijker in het dieet. Dat heeft geleid tot zeer sterke natuurlijke selectie op de capaciteit om zetmeel te verteren bij honden, maar niet bij wolven. Er is één gen dat daardoor bij honden in wel twintig tot dertig kopieën voorkomt, maar slechts in twee kopieën bij wolven (Ollivier et al. 2016). Door na te gaan of we in het DNA de normale hoeveelheid DNA van dit gen vinden, dan wel een veelvoud ervan, kunnen we ook wolf van hond onderscheiden, en van eventuele hybriden.

| | | |
|----------|--------------------------|---|
| GW680f | | TCTCATAAATTCAGCTATCTATTCACCACTTAAATCCAAAT |
| GW979m | | TCTCATAAATTCATTTCATCTTTCACCACTTAAATCCAAAT |
| GW913m | | TCTCATAAATTCATTTCATCTTTCACCACTTAAATCCAAAT |
| FJ978006 | Canis lupus haplotype H1 | TCTCATAAATTCAGCTATCTATTCACCACTTAAATCCAAAT |
| FJ978008 | Canis lupus haplotype H2 | TCTCATAAATTCATTTCATCTTTCACCACTTAAATCCAAAT |
| FJ978009 | Canis lupus haplotype H3 | TTTCACCAATTCAGCTATCTATTCACCACTTAAATCCAAAT |
| FJ978010 | Canis lupus haplotype H4 | TCTCATAAATTCAGCTATCTATTCACCACTTAAATCCAAAT |
| FJ978011 | Canis lupus haplotype H5 | TTTCATAAATTCAGCTATCTATTCACCACTTAAATCCAAAT |
| FJ978012 | Canis lupus haplotype H5 | TTTCATAAATTCAGCTATCTATTCACCACTTAAATCCAAAT |
| FJ978013 | Canis lupus haplotype H6 | TCTCATAAATTCAGCTATCTATTCACCACTTAAATCCAAAT |
| FJ978014 | Canis lupus haplotype H6 | TCTCATAAATTCAGCTATCTATTCACCACTTAAATCCAAAT |
| FJ978015 | Canis lupus haplotype H7 | TCTCATAAATTCAGCTATCTATTCACCACTTAAATCCAAAT |
| FJ978016 | Canis lupus haplotype H7 | TCTCATAAATTCAGCTATCTATTCACCACTTAAATCCAAAT |
| FJ978017 | Canis lupus haplotype H8 | TCTCATAAATTCAGCTATCTATTCACCACTTAAATCCAAAT |
| FJ978018 | Canis lupus haplotype H9 | TCTCATAAATTCAGCTATCTATTCACCACTTAAATCCAAAT |

Figuur 1. Voorbeeld van een stuk van de DNA-code van het mitochondriaal DNA die we gebruiken voor identificatie van het haplotype. De overeenkomstige posities van het DNA zitten in kolommen. De rijen geven de stalen en referenties weer. In rij 1 vinden we het test-staal dat behoorde aan GW680f (Naya), gevolgd door GW979m (August) en GW913m (Roger, de opgezette wolf), in rijen 2 tot 7 vinden we referentie-DNA van haplotypes van verschillende individuen met hun bijhorende nummers. Je kan hiermee zien dat GW913m en GW979m identiek zijn aan het haplotype WH02, en dat Naya behoorde tot WH01.

Welk individu, en van waar afkomstig?

Een stukje van het mitochondriaal DNA gebruiken we dus om wolf van hond te onderscheiden, en om de grove genetische oorsprong te kennen. Willen we meer detail, dan hebben we meer genetische informatie nodig. Die kunnen we bekomen uit het nucleair DNA. Daarvoor kijken we naar (in dit geval) twaalf onafhankelijke plaatsen in het DNA die elk ook veel verschillende varianten kennen. Elke zogenaamde microsatellietmerker is zo’n 150 letters lang, en kent ongeveer 10 tot 15 varianten. Microsatellieten zijn sterk variabele stukken DNA die in genetisch onderzoek veel gebruikt worden net omdat ze zoveel verschillen vertonen. De combinatie van verschillende varianten op deze twaalf merkers noemen we een **genotype**. Elk individu heeft een uniek genotype. De genetische merkers die we bekijken komen ook enkel bij hondachtigen voor, en niet bij mensen, hoefdieren etc. Op die manier kunnen we toch op een bloederig schapenkadaver zoeken naar speekselsporen van wolven of honden, en uiteindelijk bepalen welk individu verantwoordelijk was. Deze set van twaalf genetische merkers wordt door alle leden van het CE-WOLF-consortium gebruikt, samen met twee merkers die het onderscheid maken tussen de geslachten. Alle genetische info wordt door de onderzoekers van de verschillende landen samengevoegd in één databank.



Het **Centraal-Europese wolf-consortium** bestaat uit een twintigtal wetenschappers van onderzoeksinstellingen uit Duitsland, Oostenrijk, Denemarken, Polen, Tsjechië, Nederland, Luxemburg en België. Het doel van dit consortium is om genetische onderzoeksmethodes op elkaar af te stemmen, zodanig dat we op een gestandaardiseerde manier te werk gaan, en alle gegevens kunnen uitwisselen met elkaar, om gezamenlijk de veranderingen in de wolvenpopulatie in Midden-Europa te bestuderen.

Jaarlijks neemt elk lab deel aan een ringtest, waarbij elke partner blind een reeks teststalen correct moet identificeren. Dit dient als kwaliteitscontrole van elk lab. Jaarlijks komen de leden van CE-Wolf enkele dagen samen om de stand van zaken te bespreken en nieuwe doorbraken toe te lichten aan elkaar.

We leren uit zo'n genotypes niet enkel of we te maken hebben met verschillende individuen, het laat ook toe om een DNA-spoor toe te wijzen aan een individu. Bovendien leert het ook hoe die individuen verwant zijn met elkaar. Je krijgt immers de helft van je genetische informatie van je moeder en de helft van je vader. Je deelt dus 50% van je genotype met je elk van je ouders. Maar je bent ook 50% verwant met je broers of zussen. En 25% met je grootouders, nonkels, tantes, neefjes en nichtjes. Wanneer het DNA-profiel of genotype van een ander lid van de roedel reeds in de databank zit, is het mogelijk om individuen te herkennen als nauwe familieleden. De genetische merkers laten daarnaast ook toe om informatie te verkrijgen over de regio van oorsprong, en om hybriden tussen wolf en hond te herkennen. Willen we nog meer informatie halen uit het DNA, bijvoorbeeld rond de evolutionaire geschiedenis van individuen en hun populaties, dan moeten we veel meer (vaak tienduizenden) genetische merkers screenen. Zo'n analyse is echter complex en gebeurt niet routinematig in het kader van het wolvenonderzoek op INBO.

DNA: kwantiteit en kwaliteit

De genetische methodes die we gebruiken vereisen maar zeer weinig DNA van eerder lage kwaliteit om een genotype te bepalen. Wat darmcellen op verse uitwerpselen, een speekselspoor op een bijtewonde van een kadaver, een plukje haren in een prikkeldraad of een urinespoor in de sneeuw kunnen volstaan om een genetische identificatie uit te voeren. Het lukt zeker niet altijd, omdat DNA zeer snel afgebroken wordt wanneer het aan licht, water, zuurstof en bacteriën wordt blootgesteld. Het is dus zaak om zo snel mogelijk op een "plaats delict" te zijn en het staal onder de ideale condities te bewaren. Vaak lukt het niet om van elk van veertien merkers een volledig DNA-profiel te bekomen. Toch geeft dit vaak informatie over het geslacht, kunnen we bepaalde familiebanden uitsluiten, ...

In heel wat gevallen vinden we dat niet wolven de daders waren van een aanval op schapen, maar loslopende honden. Exacte cijfers zijn er niet, maar in Nederland worden naar schatting jaarlijks 3000 tot 9000 schapen door honden aangevallen (Vosmeer & van Beek 2016). Dat blijkt ook uit onze genetische analyses. Zo bleek de aanval op zes schapen in Herk-De-Stad in september 2019 het werk van twee verschillende honden, en ook in Zonhoven werd hond zo bevestigd als dader. Dezelfde set van merkers kan in principe dan ook gebruikt worden om te identificeren welke hond de dader was. In Italië werd in 2015 een man aangevallen, volgens zijn eigen getuigenis door een wolf. Een genetische analyse op de haren die gevonden waren op de kledij van die man, identificeerde echter de hond van de burens als de dader ((Caniglia et al. 2016).



DNA-bemonstering op een kadaver van schaap in Zoersel. Hier wordt met een steriel wattenstaafje de keelbeet bemonsterd. Op dit dier werd voor de eerste keer GW1479f – aka Noëlla- waargenomen in België. De wolf had hier een groot deel van de schouder en de borst verorberd, goed voor zeker 2 kg.

Hoe werkt zo'n DNA-analyse?

Voordat we het DNA van een staal kunnen aflezen gaat er in het laboratorium een hele behandeling vooraf. Dat begint met het fysisch en chemisch scheiden van het DNA van de rest van de matrix (eiwitten, vetten, suikers, bacteriële afbraakproducten, andere complexe organische moleculen, ...). Daarna hebben we zo goed als zuiver DNA. Het DNA op een kadaver van een prooidier bemonsterd bestaat echter vooral uit DNA van de prooi zelf, DNA van bacteriën die het kadaver afbreken, en hier en daar een druppel speeksel.

Om DNA te kunnen aflezen hebben we héél veel DNA nodig. Omdat we vaak maar beschikken over een héél klein beetje DNA dat bovendien vermengd is met een overmaat van DNA van bacteriën en prooidieren, gaan we selectief het DNA van de genetische merkers die uniek zijn voor hondachtigen vermeerderen in een polymerase-kettingreactie (beter gekend als PCR). We gebruiken hiervoor zogenaamde primers, stukken DNA van 20 letters die in een labo zijn nagemaakt, en die met een sleutel-slot principe binden op het begin van het DNA waarnaar we op zoek zijn. Dan laten we een enzyme los dat vanaf deze primers de rest van het DNA ongeveer een miljard keren kopieert. Deze nu aanzienlijke hoeveelheid DNA laat ons toe om betrouwbaar de DNA-code te achterhalen in een gespecialiseerd toestel.

Bij dat kopiëren kunnen er echter kleine foutjes gebeuren. Kopieer zelf maar eens een pagina uit een boek, en maak dan een kopie van de kopie, en opnieuw en opnieuw... Op de duur stapelen de fouten

zich op. Wanneer je met vele honderden tot duizenden kopijen begint is dat niet erg, omdat de fouten elkaar uitmiddelen. Maar als er maar héél weinig DNA aanwezig is helemaal in het begin van de polymerase-reactie, is de kans op fouten in het eindresultaat aanzienlijk. Zo kan het zijn dat wel maar één van de twee varianten van een nucleaire merker van een individu oppikken. Daarom dat elk staal zes keer wordt geanalyseerd, en het finale resultaat is dan een consensus uit deze zes herhalingen. Reken dat er op een kadaver tot zes stalen worden genomen, en dan betekent het dat er per kadaver tientallen analyses dienen te gebeuren. Wanneer er dan ook meerdere dieren aan van een kadaver hebben gegeten, is het mogelijk dat er op één staal DNA-profielen van meerdere dieren vermengd voorkomen. Ook dat bemoeilijkt weer de analyse van de gegevens. Soms is het dan niet mogelijk om exact het genotype van deze daders te bepalen.

Extreme voorzorgsmaatregelen

Wanneer er bovendien DNA rondzweeft in een laboratorium van vorige DNA-analyses kan dat ook in een proefbuisje of in reagentia terecht komen, en het echte signaal van het staal overschaduwen. Dat maakt dat we voor dit type analyses speciale laboratoria hebben moeten laten bouwen, die gelijkaardig zijn aan deze die gebruikt worden voor forensische identificaties bij mensen, of voor analyses van oud DNA, bijvoorbeeld uit duizenden jaren oude botten. Deze laboratoria bestaan uit compartimenten waarin enkel welbepaalde handelingen toegelaten zijn. De compartimenten zijn gescheiden door luchtsluizen, extreem fijne luchtfilters die de binnenkomende lucht vrij maken van DNA, met UV-behandeling om DNA in de ruimte af te breken na het werk, en met strenge voorschriften voor laboratoriumpersoneel om accidentele vermenging van DNA-bronnen te vermijden. Zo mag je nooit op dezelfde dag vanuit een ruimte met een lagere gevoeligheid naar een ruimte met een hogere gevoeligheid bewegen zonder decontaminatie, wat dus altijd te vermijden is. De laatste stappen van de analyses gebeuren zelfs in een ander gebouw, waar nooit contaminatiegevoelige stalen mogen komen omdat er vermeerderd DNA in rondzweeft, of stalen van hoge DNA-kwaliteit in zijn behandeld geweest. Omgekeerd mogen materialen en reagentia die gebruikt zijn in dit gebouw nooit in contact komen met materialen in de contaminatiegevoelige ruimtes. Die complexiteit van procedures vertraagt weliswaar de analyses, maar dit is de enige garantie om betrouwbare resultaten te krijgen op DNA van “forensische kwaliteit”.

Mitochondriaal DNA pikken we veel makkelijker op dan nucleair DNA, omdat er per cel vaak duizenden kopieën van het mitochondriaal DNA zijn, terwijl er van het nucleair DNA van elke ouder maar één kopie per cel is. Eenmaal een cel afsterft, breekt het DNA ook af: de lange streng letters breekt willekeurig in stukjes uiteen. Stel je wil een stuk van 500 letters kunnen aflezen, dan moet dat hele stuk ook intact gebleven zijn. Hoe langer een cel al dood is, hoe kleiner de kans is dat het DNA nog voldoende intact is om er de primers op te laten binden, en het wolven-DNA te kunnen uitlichten. Na 48 u is de kans dat een DNA-staal van een predator op zijn prooi nog bruikbaar is voor nucleaire DNA-analyses zeer sterk afgenomen, en 72 u na de feiten wordt ook een mitochondriale DNA-analyse sterk bemoeilijkt.

Staalname en labo-analyses

Omdat er maar een klein beetje DNA op zo'n spoor te vinden is, is zo'n spoor ook snel vervuild met ongewenst DNA: een hond die ook eens likt aan het kadaver, een kadaver dat wordt afgeschermd met een zeil waarop een hond heeft gelegen en huidschilfers heeft achtergelaten, een staalnemer die DNA van zijn hond in zijn kledij met zich meedraagt, ... Het is dus zaak om zo proper en steriel mogelijk te werken. Daarom dat we voor elke staalname een kit samenstellen onder gecontroleerde

DNA-vrije laboratoriumomstandigheden, waarbij elke staalnemer duidelijke instructies moet volgen bij het nemen en labelen van elk staal. Wanneer we op een kadaver bemonsteren proberen we vooral te bemonsteren aan de perforatie van de keelbeet: de wolf heeft het slachtoffer bij de keel en houdt die beet aan tot het dier sterft. Hierbij kwijlt de wolf doorgaans overvloedig omdat hij niet kan slikken, wat doorgaans voldoende DNA oplevert op een wattenstaafje (swab).

Referenties

- Caniglia, R., M. Galaverni, M. Delogu, E. Fabbri, C. Musto, and E. Randi. 2016. Big bad wolf or man's best friend? Unmasking a false wolf aggression on humans. *Forensic Science International: Genetics* **24**:e4-e6.
- Ollivier, M., A. Tresset, F. Bastian, L. Lagoutte, E. Axelsson, M.-L. Arendt, A. Bălăşescu, M. Marshour, M. V. Sablin, L. Salanova, J.-D. Vigne, C. Hitte, and C. Hänni. 2016. Amy2B copy number variation reveals starch diet adaptations in ancient European dogs. *Royal Society open science* **3**:160449-160449.
- Vosmeer, A., and M. van Beek. 2016. De Drentse schapen- en geitenhouderij in beeld: Nulmeting van predatie op schapen en geiten in de provincie Drenthe. Onderzoeksrapport Provincie Drenthe. 96 pp.
https://www.provincie.drenthe.nl/publish/pages/122085/nw16061403-mvb-afstudeerrapport_definitief.pdf

Wolf of sporen van wolf gezien? Meld het aan wolf@inbo.be.

Auteurs: Jan Gouwy, Joachim Mergeay, Sabrina Neyrinck, An Van Breusegem, Filip Berlengee en Koen Van Den Berge

Contact: roofdiernieuws@inbo.be | Verantwoordelijke uitgever: Maurice Hoffmann, Havenlaan 88 bus 73, 1000 Brussel