Ravagni, S., D. Battilani, I. Salado, D. Lobo, C. Sarabia, C. Leiva, R. Caniglia, E. Fabbri, P. Ciucci, M. Girardi, F. Iglesias-Santos, J. Kusak, F. Mattucci, M. Naderi, C. Nowak, C. H. Şekercioğlu, T. Skrbinsek, E. Velli, A. Vik Stronen, C. Vila, R. Godinho, J. A. Leonard, C. Vernesi (2026): **Misleading Success: Genomes Reveal Critical Risks to European Gray Wolves**. bioRxiv, the preprint server for biology, https://www.biorxiv.org/content/10.64898/2026.03.20.713253v1

Begriffserklärungen zum Verständnis des Textes

DNA: Desoxyribonukleinsäure (desoxyribonocleic acid), der Träger der Erbinformation, ein langkettiges Molekül, das aus einem Doppelstrang besteht, bei dem ein Strang die mütterliche und der andere die väterliche Erbinformation trägt

Gen: Abschnitt der DNA mit der Erbinformation für ein bestimmtes Merkmal (z. B. Gen für eine Blütenfarbe oder Haarfarbe)

Allel: Zustandsform/Ausprägung eines Gens, z. B. vereinfacht das Allel für schwarze Haare oder das Allel für blonde Haare (allerdings sind die meisten Körpermerkmale auf mehreren Genen verteilt)

Genom: Die Gesamtheit der Gene eines Organismus, z. B. die Gesamtheit der Gene des Wolfs

Homozygotie (Reinerbigkeit): Ein Merkmal hat auf beiden DNA-Strängen dieselbe Ausprägung bzw. dasselbe Allel, z. B. sowohl vom Vater als auch von der Mutter wird dieselbe Haarfarbe vererbt, ein hohes Maß an Reinerbigkeit (Homozygotie) deutet auf ein hohes Maß an Verwandtschaft bzw. Inzucht hin

Heterozygotie (Mischerbigkeit): Ein Merkmal hat auf beiden DNA-Strängen verschiedene Ausprägungen (Allele). Dabei setzt sich das Merkmal bei den Nachkommen durch, das dominant vererbt wird oder es entwickelt sich eine Mischform. Ein hohes Maß an Heterozygotie weist auf geringe Verwandtschaft und hohe genetische Vielfalt hin.

ROH (runs of homozygosity): zusammenhängende homozygote (reinerbige) DNA-Abschnitte, je mehr es davon gibt, desto höher ist der Verwandtschaftsgrad bzw. desto geringer ist die genetische Vielfalt

Inzuchtkoeffizient: Der Inzuchtkoeffizient bezeichnet die Wahrscheinlichkeit, dass ein Nachkomme auf einem beliebigen Ort der DNA zwei gleiche Zustandsformen eines Gens (Allele) von beiden Eltern geerbt hat. Er bezeichnet somit die Wahrscheinlichkeit von Homozygotie. Die meisten Erbkrankheiten werden bei den Nachkommen nur dann ausgeprägt, wenn beide Eltern das gleiche (kranke) Allel tragen, also bei Homozygotie. Bei hohen Inzuchtkoeffizienten ist daher die Entwicklung von Erbkrankheiten wahrscheinlicher. Der Inzuchtkoeffizient liegt bei eineiigen Zwillingen bei 0,5 bzw. 50 %, bei Geschwistern bei 0,25, bei Cousins/Cousinen bei 0,0625 und bei zufällig ausgewählten Individuen aus derselben Bevölkerungsgruppe bei 0,02 bis 0,04.

Genetische Bürde oder Last (genetic load): Gesamtheit der Defektgene in einer Population. Defektgene, die homozygot vorliegen, werden bei den Nachkommen ausgeprägt und können tödlich sein oder die Fitness und/oder Fruchtbarkeit einschränken. Liegen sie heterozygot vor, werden sie bei den Nachkommen in der Regel nicht ausgeprägt und werden dann als maskierte genetische Last bezeichnet.

Effektive Populationsgröße: Die effektive Populationsgröße dient u. a. der Berechnung der kleinsten überlebensfähigen Population. Sie ist kleiner als die Gesamtgröße einer Population, da sich nicht alle Mitglieder der Population fortpflanzen und ihre Allele (Ausprägungen eines Gens) nicht an die nachfolgende Generation weitergeben können. Sie kann sehr grob mit der folgenden vereinfachten Formel berechnet werden.

$N_e = 4 \times N_f \times N_m / N_f + N_m$

(N_f = Anzahl fortpflanzungsfähige Weibchen, N_m = Anzahl fortpflanzungsfähige Männchen)

Diese Formel berücksichtigt aber nicht die Verwandtschaft der Individuen miteinander und ergibt daher für die europäischen Wolfspopulationen deutlich zu hohe Werte. In tatsächlich untersuchten Populationen beträgt N_e stets nur einen Bruchteil der Gesamtpopulation, da viele Einflüsse auf die Individuen und ihre Fortpflanzungsfähigkeit einwirken. Für eine exakte Berechnung müssen u. a. die Verwandtschaften einbezogen werden, die Rechenoperation wird dadurch wesentlich komplexer.

Deutsche Zusammenfassung der oben genannten Studie

Nach der starken Dezimierung der Wolfspopulationen in Europa aufgrund intensiver Verfolgung erfolgte in jüngster Zeit eine Wiederbesiedlung von Teilen des ursprünglichen Verbreitungsgebiets aus eigener Kraft. Der europäische Wolfsbestand stieg auf über 20.000 Individuen, was vor allem der gesetzlichen Unterschutzstellung zu verdanken ist. Allerdings führte die Bestandserholung und Wiederausbreitung bisher nicht zu einer genetischen Gesundung des europäischen Wolfsbestandes.

Die europäischen Wölfe gliedern sich in fünf deutlich voneinander getrennten Hauptpopulationen:

1. Skandinavische Population (Scandinavian)
2. Karelische Population (Karelian)
3. Balkanpopulation (Dinaric-Balkan)
4. Italienische Population (Italian Peninsula)
5. Iberische Population (Iberian)

(Anmerkung: Die Wölfe in Deutschland stammen weitgehend von der Karelischen Population ab, die in Nordosteuropa die Zeit der Verfolgung überlebt hat und sich jüngst über Polen nach Deutschland ausgebreitet hat.)

Alle fünf Populationen zeigen deutliche genetische Folgen langer Isolation und Phasen sehr niedriger Bestände (Engpässe bzw. Flaschenhälse = Bottlenecks). Die effektive Populationsgröße N_e liegt in allen Fällen deutlich unterhalb der für die langfristige Überlebensfähigkeit wichtigen Zahl von 500. Somit liegt für keine der Populationen ein günstiger Erhaltungszustand vor. Bereits in früheren Untersuchungen zur skandinavischen, italienischen, Balkan- und nordwestiberischen Population wurden bereits niedrige genetische Diversitäten und Inzuchtdepression dokumentiert. Das Aussterben der Sierra Morena-Linie in Südspanien zeigt exemplarisch, wie schnell Isolation, genetische Erosion und die Hybridisierung mit Hunden zum Erlöschen führen können.

Die vorliegende Studie berücksichtigt das gesamte Genom, um die demographische und evolutionäre Historie, sowie den aktuellen genetischen Zustand der Wolfspopulationen Europas zu analysieren. Dazu wurden die Genome von 89 europäischen und 16 türkischen Wölfen sequenziert und mit 176 Wolfsgenomen als Europa, Asien und Nordamerika und Genomen von Hunden und weiteren

Caniden-Arten (Caniden = Hundeartige, z. B. Wölfe, Schakale, Kojoten) verglichen. Ausgenommen wurden dabei Wölfe mit mehr als 5 % Genanteil von Hunden und Verwandtschaften ersten Grades. Somit wurden letztlich die Genome von 27 Wölfen der Balkanpopulation, 35 der italienischen Population, 27 der karelischen Population, 17 der iberischen und 17 der skandinavischen Population, 51 asiatischen Wölfen (6 aus Westasien, 13 aus der Türkei, 12 aus Zentralasien, 12 aus Ostasien, 1 aus Indien und 7 aus Tibet), und 27 nordamerikanischen Wölfen, ergänzt durch 197 Haushunde und drei weitere Caniden-Arten analysiert.

In Europa zeichnen sich deutlich fünf genetische Cluster entsprechend den oben genannten Populationen ab. Die größte genetische Abweichung von den übrigen Linien wurde bei den italienischen Wölfen festgestellt. Die karelischen und die skandinavischen Wölfe bilden eine gemeinsame Klade, da die skandinavische Population aus wenigen auf natürlichem Weg zugewanderten karelischen Wölfen hervorgegangen ist. Die südeuropäischen Populationen zeigen gegenüber dieser Klade deutliche genetische Unterschiede, was auf eine Geschichte langer Isolation und Phasen sehr niedriger Bestände (Flaschenhälse) hindeutet.

Die Abstammungsanalyse unter Verwendung verschiedener Analysemethoden zeigt, dass die genetische Aufspaltung der Populationen bereits im späten Pleistozän (Eiszeitalter) vor 10.000 bis 20.000 begann. Die skandinavische Population, die erst in jüngster Zeit von nur drei Zuwanderern aus der karelischen Population gegründet wurde, zeigt aktuell starke Gendrift und eine starke Abspaltung von der Ursprungspopulation. Bei den anderen vier Populationen erfolgte die genetische Aufspaltung bereits weit vor der Phase der starken Verfolgung im 19. und 20. Jahrhundert. Die genetische Historie spiegelt somit mehr die nacheiszeitliche biogeographische Entwicklung wider als die Ergebnisse der Fragmentierung der Wolfspopulationen in jüngerer Zeit. Die Populationen waren also über Jahrtausende in hohem Maß voneinander isoliert.

Das Maß an Heterozygotie (Mischerbigkeit) zeigt deutliche Unterschiede zwischen den Populationen. Unter den europäischen Wölfen ist die Heterozygotie bei der karelischen und der Balkanpopulation am höchsten. Bei italienischen Wölfen ist sie durchgängig niedrig, in der iberischen und skandinavischen Population ist sie ebenfalls reduziert, aber mit hoher individueller Varianz. Demographische Rekonstruktionen zeigen starke Bottlenecks (Flaschenhälse, Phasen sehr niedriger Bestandsgrößen) in der Historie aller fünf Populationen. In allen Fällen liegt die effektive Populationsgröße heute deutlich unterhalb der Schwelle der minimalen langfristig überlebensfähigen Population (minimum viable population size) von $N_e = 500$. Im späten Mittelalter lagen die effektiven Populationsgrößen aller vier Populationen (die skandinavische entstand erst später) deutlich oberhalb dieser Schwelle. Die italienische unterschritt $N_e = 500$ zuerst vor etwa zwei Jahrhunderten, die anderen erst etwa kurz vor oder zu Beginn des 20. Jahrhunderts.

Heute liegen die effektiven Populationsgrößen nach der Analysemethode „GONE2“ (linkage disequilibrium-based method) für die skandinavische Population bei 12,4, die italienische bei 49,5, die iberische bei 105,0, die Balkanpopulation bei 109,3 und die karelische bei 191,0. Die im Vergleich zu den tatsächlichen Zahlen der Wölfe äußerst niedrigen Werte sind durch die geringe genetische Diversität bzw. den hohen Verwandtschaftsgrad der Wölfe zu erklären. Aktuell zeigt sich ein Anstieg der effektiven Populationsgrößen parallel zum Populationswachstum. Von einem genetisch günstigen Erhaltungszustand sind aber alle Populationen noch weit entfernt, solange die effektiven Populationsgrößen deutlich unter 500 liegen.

Der Inzuchtkoeffizient zeigt das Maß der Verwandtschaft der Individuen einer Population auf. Er wird anhand verschiedener genetischer und demographischer Faktoren berechnet und liegt bei der italienischen Population (0,394), der skandinavischen (0,359) und der iberischen (0,343) höher als bei den anderen beiden Populationen. (*Anmerkung: Der Verwandtschaftsgrad liegt bei den drei*

genannten Werten zwischen dem von normalen Geschwistern und eineiigen Zwillingen). Ein weiteres Maß für hohe Verwandtschaftsgrade sind die „runs of homozygosity“ ROH, also die Länge bzw. Längenverteilung homozygoter DNA-Abschnitte. Italienische Wölfe zeigen das höchste Maß kurzer und mittellanger ROH infolge eines langen Flaschenhalses (lange Phase sehr niedriger Bestände) und eines hohen Ausmaßes von Isolation über lange Zeiträume. Bei skandinavischen Wölfen liegt das höchste Ausmaß langer ROH-Abschnitte, was die aktuelle hohe Inzuchtrate anzeigt.

Die europäischen Wölfe sind somit keine Einheit, sondern bestehen aus fünf stark differenzierten und in hohem Maß unabhängig voneinander evolvierten Abstammungslinien, deren Aufspaltung ab dem späten Pleistozän vor mehr als 10.000 Jahren begann. Ausnahme ist die erst vor wenigen Jahrzehnten gegründete skandinavische Population, die aus sehr wenigen karelischen Wölfen hervorgeht. Alle europäischen Wolfspopulationen zeigen klare Anzeichen historischer und rezenter Flaschenhälse und eine im Vergleich zu asiatischen Wölfen geringe genetische Diversität, sowie starke Einbrüche der effektiven Populationsgrößen in den letzten 100 bis 200 Generationen und ein hohes Maß an ROH, was auf anhaltende Inzucht hindeutet. Trotz der jüngsten Bestandszunahme und Ausbreitung hat die genetische Erholung noch nicht stattgefunden, der günstige Erhaltungszustand ist in genetischer Hinsicht bei keiner Teilpopulation auch nur annähernd erreicht.

Die aktuelle Wiederausbreitung des Wolfs zeigt die Wirksamkeit von gesetzlichem Schutz, sie wirkt sich aber bislang noch nicht wesentlich auf die genetische Gesundheit der Populationen aus. Letztere kann nur dann eintreten, wenn der Schutz für den Wolf solange besteht, bis die Populationen ausreichend angewachsen und miteinander verbunden bzw. vermischt sind.

Wachsende Mensch-Wolf-Konflikte führen in den aktuell wiederbesiedelten Regionen zu einer wahrgenommenen Überpopulation von Wölfen, was jüngst zu einer Senkung des Schutzstatus führte und was die nach wie vor bestehende genetische Verwundbarkeit der Wolfspopulationen maskiert. Wer eine letale Bestandskontrolle befürwortet, riskiert den weiteren Rückgang der ohnehin schon viel zu niedrigen effektiven Populationsgrößen, eine weiter zunehmende Inzucht, eine Erosion des Anpassungspotenzials und eine ansteigende genetische Last bzw. Bürde. Die kürzlich ausgestorbene Sierra Morena-Population in Spanien zeigt, wie schnell isolierte und genetisch erodierte Abstammungslinien erlöschen können.

Bei Schutz und Management von europäischen Wölfen ist zu berücksichtigen, dass diese nicht eine einheitliche Population bilden, sondern aus mehreren deutlich unterschiedlichen Abstammungslinien bestehen. Die fünf genannten Populationen sind als separate Einheiten zu betrachten. Für jede einzelne dieser Populationen muss eine Vergrößerung der effektiven Populationsgröße durch Bestandssteigerung und Schaffung von Verbindungen zwischen den Populationen angestrebt werden. Einzelne Ausbreitungsereignisse über lange Distanzen beweisen bereits, dass der gesetzliche Schutz des Wolfs zu Verbindung und Austausch von Populationen führen kann. Der Erhalt und die Verstärkung des gesetzlichen Schutzes sind erforderlich, damit der demographischen Erholung auch eine genetische Erholung folgen kann. Genetische Aspekte müssen bei der Definition von Erhaltungszielen mehr Berücksichtigung finden. Die heute verfügbaren Daten zu ganzen Genomen ermöglichen es immer mehr, versteckte Risiken zu erkennen. Die Zukunft der europäischen Wölfe hängt von Gesetzgebungen ab, die sich nicht nur an Bestands- und Ausbreitungstrends orientieren, sondern die vorhandenen genetischen Erkenntnisse berücksichtigen. Die Botschaft der vorliegenden genetischen Analysen ist eindeutig: Die europäischen Wölfe sind zurück, aber sie sind noch nicht endgültig gerettet.

Schlussfolgerungen für die Wolfspopulation Deutschlands

Die Wolfspopulation Deutschlands, die weitestgehend aus der karelisch-baltisch-nordosteuropäischen Population hervorgegangen ist, befindet sich genetisch nach wie vor in einem ungünstigen Zustand. Der Verwandtschaftsgrad der Wölfe untereinander entspricht etwa dem von Geschwistern, was erhebliche Inzuchtgefahren birgt. Trotz des jüngsten Populationswachstums hat die gesamte karelische Abstammungslinie aufgrund des hohen Verwandtschaftsgrades eine effektive Populationsgröße, die weit unterhalb des für das langfristige Überleben erforderlichen Werts von 500 liegt. Die deutsche Wolfspopulation als Teil der karelisch-baltisch-nordosteuropäischen Linie befindet sich somit – wie alle Wolfspopulationen Europas - keinesfalls in einem günstigen Erhaltungszustand. Sie ist infolge von Inzuchtdepression nach wie vor akut bedroht. Nur eine weitere Wiederausbreitung mit einer Durchmischung der verschiedenen Teilpopulationen Europas kann zu einer Milderung dieser Gefährdungslage und zum Erreichen eines günstigen Erhaltungszustands führen.

Übersetzt und zusammengefasst: Dr. Martin Steverding, [redacted]