

To: [redacted] 5.1.2e [redacted]@inbo.be]
Cc: [redacted] 5.1.2e [redacted]@bij12.nl]; [redacted] 5.1.2e [redacted]@bij12.nl]; [redacted] 5.1.2e [redacted]@gelderland.nl]
From: [redacted] 5.1.2e
Sent: Wed 5/1/2024 8:50:10 AM
Subject: RE: FW: SNP analysis of canid samples, final report
Received: Wed 5/1/2024 8:50:18 AM

Allen,

[redacted] 5.1.2e speciale dank voor jouw analyse. Bij het aanleveren van materiaal zijn 2 kadavers gebruikt die in een behoorlijke mate van ontbinding verkeerden. Het zal geen verrassing zijn dat dat ging om 10A en 11A, respectievelijk de wolven GW960F van Midden Veluwe en GW3873f van Hoge Veluwe die relatief kort voor het verzenden werd gevonden en nog kon worden toegevoegd.

nr	wolf-id
1	GW1626m
2	GW2905m
3	GW3151m
4	GW3153f
5	GW3236f
6	GW2937m
7	GW657m
8	GW843m
9	GW1490m
10	GW960f
11	GW3873f

Als ik het goed begrijp zouden we een aanvullende vraag kunnen stellen over een concrete toewijzingsanalyse. Het valt echter ook niet uit te sluiten dat er langs andere weg nog andere technische vragen komen. Ik meld de onderzoekers dat we voor nu voldoende geïnformeerd zijn en mogelijk op een later moment nog bij ze terugkomen als er (meer) vervolgvragen komen.

De conclusie mag dan zijn dat er binnen een steekproef van in Nederland dood aangetroffen wolven geen hybridisatie is aangetoond. Het onderzoek leerde ook dat het weefselmateriaal van voldoende omvang en kwaliteit moet zijn, wat over het algemeen is gelukt. Binnen de steekproef van 11 zijn er echter 2 geleverd afkomstig van kadavers die in een staat van ontbinding verkeerden. Dat verklaart een lagere datakwaliteit wat resulteerde in een voorzichtig voorbehoud op de monsters 10A en 11A door de onderzoekers.

We proberen het op 14 mei via Gedeputeerde Staten bij Provinciale Staten te krijgen, al dat niet lukt wordt het 28 mei maar dat heeft niet onze voorkeur. Hou er voor nu rekening mee dat het onderzoek dus op 14 mei openbaar kan worden.

Groet, [redacted] 5.1.2e

Van [redacted] 5.1.2e [redacted]@inbo.be>

Verzonden: woensdag 24 april 2024 12:23

Aan: [redacted] 5.1.2e [redacted]@gelderland.nl>

CC: [redacted] 5.1.2e [redacted]@bij12.nl>; [redacted] 5.1.2e [redacted]@bij12.nl>; [redacted] 5.1.2e

0000000006

5.1.2e @gelderland.nl>

Onderwerp: Re: FW: SNP analysis of canid samples, final report

5.1.2e et al.

ik heb het rapport in detail doorgenomen. In het algemeen is het sterk werk, ik vind ze overigens heel voorzichtig in hun conclusies, waarbij ze voor profielen 10A en 11A wat mij betreft veel ruimte laten voor interpretatie en niet genoeg benadrukken dat deze patronen waarschijnlijk het gevolg zijn van de lage datakwaliteit.

Je vroeg je af, 5.1.2e waarom ze enkel vergelijken met een F1-hybride, maar feitelijk gaan ze toch veel verder dan dat: in sommige van de analyses zijn ook terugkruisingen vervat ((hond x wolf) x wolf).

Wat ik feitelijk mis is een concrete toewijzingsanalyse: neem vier referentiegroepen (honden enerzijds, en een drietal wolvenpopulaties anderzijds: Italiaanse, Baltisch-Centraal Europese, Carpathisch-Dinarische wolven), en wijs dan de 11 Nederlandse stalen toe aan deze referentiegroepen. Een F1-hybride zou dan toegewezen worden voor circa 50% aan honden, een F2 terugkruising voor 25%, etcetera. De admixture analyse lijkt daarop maar is conceptueel toch nog anders.

Figuur 5 toont wat mij betreft heel duidelijk aan dat ook profielen 10A en 11A geen uitschieters zijn: De eerste as maakt het onderscheid tussen wolven en honden, de 2e as het verschil tussen wolvenpopulaties (de Italiaanse zijn hier al uitgesloten). Neem je de project van alle punten op de 1e as binnen de totale groep van wolven dan zijn er 7 andere wolven die meer naar links staan dan 10A.

Dat blijkt ook uit Fig 4 (zelfde oefening, maar met de Italiaanse erbij): daar vallen 10A en 11A helemaal niet op.

Dat 10A en 11A binnen de Nederlands-Duitse groep wat afwijken is te verklaren doordat de kwaliteit van de genotypes minder goed tot slecht was, en dat daardoor data ontbreken en de fout op de genotypering groter is (waardoor er vaker hond-allelen foutief worden toegeschreven aan deze genotypes).

Figuur 2 kan al gauw misbruikt worden om te beargumenteren dat 10A 15% hond in zich heeft, maar dit soort clustering algoritmes forceert genotypes in groepen, en daar gaat er soms een en ander mis wanneer datakwaliteit laag is. Zoals ze aangeven, de SNP-chip is gemaakt voor honden, en bij slechte kwaliteit van data is er de neiging om een soort grootste gemene deler uit te komen. In andere analyses (Fig 4 en 5) komt deze positie er niet uit.

Dus al bij al is de conclusie heel robuust: de Nederlandse wolven zijn geen hybriden: ze vallen gewoon onder de variatie die er te vinden is binnen Europese wolven.

Maak je echter geen illusies: het argument van FORGEN en co zal echter hetzelfde blijven: alle wolven in Europa zijn hybriden volgens hen (dus ook de Duitse en Poolse wolven), dus deze analyses veranderen niets aan het gehele verhaal (voor hen): aangezien de Nederlandse wolven zoals verwacht clusteren bij Duitse en Poolse wolven, en deze laatste in hun parallelle wereld ook wolf-hond hybriden zijn, bewijzen deze analyses voor hen dat Nederlandse wolven ook hybriden zijn. Zo gaat populisme nu eenmaal.

groeten

5.1.2e

On Tue, 23 Apr 2024 at 18:12, 5.1.2e @gelderland.nl> wrote:

Allen,

Vandaag ontvangen uit Ljubljana. Het rapport lijkt geen grote verrassingen op te leveren maar graag verneem ik het als jullie nog vragen hebben zodat ik daarmee terug kan naar 5.1.2e. Het viel me bijvoorbeeld op dat alleen 1^e lijns hybridisatie is gevisualiseerd.

Voorlopig graag vertrouwelijk behandelen zodat we op een zelfgekozen moment kunnen communiceren.

Groet, 5.1.2e

Van: 5.1.2e @gmail.com>

Verzonden: dinsdag 23 april 2024 14:20

Aan: 5.1.2e @gelderland.nl>

CC: 5.1.2e @gmail.com>; DivjaLabs <info@divjalabs.com>

Onderwerp: SNP analysis of canid samples, final report

0000000007

Dear 5.1.2e

The final report is in the attachment. Unfortunately, we were still not able to completely resolve the two poor quality samples, but the rest of the results are very good. Let us know if you wish to discuss the results or if any additional interpretation is needed.

Best regards,

5.1.2e

5.1.2e

Raziskovalec / Researcher

Oddelek za biologijo / Biology Department

Biotehniška fakulteta / Biotechnical Faculty

5.1.2e

Slovenija / Slovenia

T.:

M.: 5.1.2e

F.:

5.1.2e

@gmail.com, www.bf.uni-lj.si

--

5.1.2e

(he/him)

[Research Institute for Nature and Forest - Belgium](#)

[Associate Professor KULeuven Ecology Evolution and Biodiversity Conservation](#)

Tel: +32 5.1.2e

Meldpunt wolven Vlaamse overheid : wolf@inbo.be

////////////////////////////////////

0000000008