

Verwilderung

(Feralisation, Dedomestikation)

¹⁾

Gering *et al.*, 2019 unterschieden zwischen

- Endoferalität – Entkommen von einzelnen Individuen einer Haustier-Population in lokale Lebensräume, in denen sie überleben und sich fortpflanzen können (Dabei sei „De-Domestikation“ das Resultat einer absichtlichen Freisetzung.)

und

- Exoferalität – Feralität, die einen genetischen Austausch zwischen unterschiedlichen Populationen einbezieht (Hybridisierung).²⁾

Molekulare Mechanismen

(siehe auch [Genetik](#), [Populationsgenetik](#), [Glossar](#))

Das Europäische Kaninchen eignet sich besonders gut als Modell zur Untersuchung der Feralisation:³⁾

- Wildkaninchen, Hauskaninchen und verwilderte Hauskaninchen existieren nebeneinander und können direkt miteinander verglichen werden;
- einfache Probennahmen (Bejagung);
- kurze Generationszeit;
- weltweite Verbreitung; für verwilderte Populationen liegen häufig sogar Informationen über deren Abstammung vor;
- Die meisten Wildtyp-Allele sind, mit veränderten Frequenzen, bei Hauskaninchen erhalten geblieben, nur wenige Allele sind fixiert (Carneiro *et al.*, 2014⁴⁾; [Signaturen der Domestikation](#)); d.h. bei nachlassendem oder wegfallendem Selektionsdruck besteht die Möglichkeit einer erneuten Anpassung.

Genetische Introgression

Die Hybridisierung von verwilderten und wilden Tieren stellt ein Risiko für das Überleben natürlicher Populationen dar, da sie deren genetische Vielfalt verringern und fehlangepasste Allele in den Genpool einbringen kann („Introgression“, von lat. *introgredior*, „hineingehen, betreten“) – mit der Folge einer reduzierten Fitness.⁵⁾⁶⁾

Aber auch eine Introgression neutraler oder vorteilhafter Allele, mit entsprechender Auswirkung auf die Fitness der Hybriden, ist möglich.

Die [biologische Invasion](#) in Australien nach dem Import von englischen Wildkaninchen im Jahr 1859 ist ein Beispiel für eine asymmetrische Introgression⁷⁾ aus einer einheimischen in eine invasive Population.⁸⁾

Allgemeiner Überblick

Um die molekularen Mechanismen zu untersuchen, durch die sich domestizierte Tiere nach ihrer Rückkehr in die Wildnis an natürliche Umweltbedingungen anpassen, führten Andrade *et al.*, 2024⁹⁾ Gesamtgenomsequenzierungen von 297 Individuen der Art *O. c. cuniculus* aus folgenden Populationen durch: sechs eingeführte, verwilderte Kaninchenpopulationen auf drei Kontinenten, Hauskaninchen aus sieben Rassen, sowie Wildkaninchen aus ihrem ursprünglichen Verbreitungsgebiet (Iberische Halbinsel und Südfrankreich).

In den verwilderten Populationen wurden starke Verschiebungen von Allelfrequenzen insbesondere in Genen festgestellt, die mit verschiedenen Funktionen des Gehirns in Zusammenhang stehen (z.B. Ausgleich der verminderten Angst- und Fluchtreaktion, die in natürlichen Lebensräumen nachteilig ist). Die Ergebnisse zeigten, dass die Verwilderung keine einfache Umkehrung der **Domestikation** darstellt; vielmehr wird sie durch ein komplexes Zusammenspiel bereits vorhandener genetischer Variation, lokaler Umweltbedingungen und demografischer Prozesse geprägt.

Die mäßige bis hohe Häufigkeit bestimmter Domestikations-Allele in verwilderten Populationen ließ vermuten, dass diese Allele keinen wesentlichen Nachteil darstellen und in natürlichen Lebensräumen toleriert werden können. („Four other mutations linked to coat colour variation were present in the majority of the introduced populations at low-to-moderate frequencies, with the highest prevalence being the dilute mutation of **MLPH** that was present in ten out of 30 individuals sampled from Gotland. The **BCO2** variant causing yellow fat was also relatively common (7.4% to 13.3% in three populations).“)

4 5 141

¹⁾

Flux, J. E., & Fullagar, P. J. (1992). World distribution of the rabbit (*Oryctolagus cuniculus*) on islands. *Mammal review*, 22, 151-205.

²⁾

Gering, E., Incorvaia, D., Henriksen, R., Conner, J., Getty, T., & Wright, D. (2019). Getting back to nature: feralization in animals and plants. *Trends in Ecology & Evolution*, 34(12), 1137-1151.

³⁾

Thulin, C. G., Alves, P. C., Djan, M., Fontanesi, L., & Peacock, D. (2017). Wild opportunities with dedomestication genetics of rabbits. *Restoration Ecology*, 25(3), 330-332.

⁴⁾

Carneiro, M., Rubin, C. J., Di Palma, F., Albert, F. W., Alföldi, J., Barrio, A. M., ... & Andersson, L. 2014. Rabbit genome analysis reveals a polygenic basis for phenotypic change during domestication. *Science*, 345(6200), 1074-1079.

⁵⁾

Henriksen, R., Gering, E., & Wright, D. (2018). Feralisation—The understudied counterpoint to domestication. *Origin and evolution of biodiversity*, P. Pontarotti, Ed. (Springer International Publishing, 2018), 183-195.

⁶⁾

Gering, E., Incorvaia, D., Henriksen, R., Wright, D., & Getty, T. (2019). Maladaptation in feral and domesticated animals. *Evolutionary applications*, 12(7), 1274-1286.

⁷⁾

Currat, M., Ruedi, M., Petit, R. J., & Excoffier, L. (2008). The hidden side of invasions: massive introgression by local genes. *Evolution*, 62(8), 1908-1920.

⁸⁾

Alves, J. M., Carneiro, M., Day, J. P., Welch, J. J., Duckworth, J. A., Cox, T. E., ... & Jiggins, F. M. (2022). A

single introduction of wild rabbits triggered the biological invasion of Australia. Proceedings of the National Academy of Sciences, 119(35), e2122734119. <https://doi.org/10.1073/pnas.2122734119>⁹⁾

Andrade, P., Alves, J. M., Pereira, P., Rubin, C. J., Silva, E., Sprehn, C. G., ... & Carneiro, M. (2024). Selection against domestication alleles in introduced rabbit populations. Nature ecology & evolution, 8(8), 1543-1555.

From:

<https://wikikanin.de/> - Wikikanin

Permanent link:

<https://wikikanin.de/doku.php?id=verwilderung&rev=1790285436>

Last update: **2026/09/24 23:30**

