



Berichte über Landwirtschaft

Zeitschrift für Agrarpolitik und Landwirtschaft

BAND 99 | Ausgabe 2

Agrarwissenschaft
Forschung

Praxis

Evolution und verwandtschaftliche Beziehungen von Bovini-Spezies

von Wilfried Brade

1. Einleitung

Die Domestizierung des Auerochsen und weiterer Wildrinderarten (Banteng, Yak etc.) hatten bedeutende Auswirkungen auf die Entwicklung der Menschheit.

Ihre domestizierten Formen wurden zu Symbolen für Wohlstand und Prestige, führten zur weiteren Intensivierung der Lebensmittelerzeugung und trieben den Aufstieg von Zivilisationen voran (BRADE, 2003, EVERSLED ET AL., 2008, CUCCHI ET AL., 2019).

Die Domestizierung von Auerochsen beeinflusste wiederum auch die Entwicklung der Tribus Bovini. Zwei domestizierte Formen stammen vom Auerochsen:

- das Europäische Hausrind (definiert als Unterart: *Bos primigenius f. taurus* oder als Art: *Bos taurus*) und
- das Zebu (definiert als Unterart: *Bos primigenius f. indicus* oder als Art: *Bos indicus*) (Loftus et al., 1994, Bollongino et al., 2006, McIntosh, 2008, Zhang et al., 2020).

Die differenzierte Nomenklatur der beiden genannten Hausrinderarten in der Fachliteratur resultiert aus unterschiedlichen zoologischen Auffassungen in der Weise, ob eine domestizierte Form einer Wildtier-Spezies als eigenständige Art oder als Unterart bewertet werden. Nachfolgend werden die Auffassungen von ZHANG ET AL. (2020) genutzt, die eine Definition der beiden oben genannten domestizierten Rinder-Spezies als selbständige Arten empfehlen.

Aus dem Wild-Yak (*Bos mutus*) wurde der Haus-Yak (*Bos grunniens*) entwickelt.

Aus dem Gaur (*Bos gaurus*) wurde der Gayal (*Bos frontalis*) und aus dem Banteng (*Bos javanicus*) das Balirind herausgezüchtet.

Den asiatischen Wild-Wasserbüffel (*Bubalus arnee*) findet man in domestizierter Form als Flussbüffel bzw. Sumpfbüffel wieder (HASSANIN, 2014, CUCCHI ET AL., 2019, ZHANG ET AL., 2020).

Häufig sind die wilden Vorfahren aufgrund des Verlusts ihres Lebensraums, wenn sie nicht bereits längst ausgestorben oder äußerst gefährdet sind, nur noch in sehr kleinen (geschützten) Populationen in wenigen Reservaten zu finden.

Die weltweite Verbreitung der Taurin- und Zebu-Rinder einschließlich der Wasserbüffel führte zu weiteren Anpassungen an verschiedene Habitats bei gleichzeitiger Modifikation ihrer Phänotypen und/oder Verhaltensweisen (BRADE, 2003, FELLIUS ET AL., 2011). Diese beobachtbare Merkmalsvielfalt entwickelte sich über Tausende von Jahren. Eine forcierte Entstehung und Entwicklung spezieller Rassen ist jedoch hauptsächlich erst ab Beginn der industriellen Revolution zu beobachten (AJMONE-MARSAN ET AL., 2010, FELLIUS ET AL., 2014).

Die Domestizierung von Aurochs ist zwischenzeitlich aufgrund von archäologischen und genetischen Belegen gut dokumentiert. Der früheste Beweis (10.500 v.Chr.) für die menschliche Kontrolle von Aurochs stammt aus dem nördlichen fruchtbaren Halbmond (Naher Osten). Inwieweit spätere Introgressionen lokaler europäischer Aurochs zur genetischen Ausstattung lokaler Rinderpopulationen beigetragen haben, wird in der Fachliteratur immer noch diskutiert (BOLONGINO ET AL., 2008, SCHIBLER ET AL., 2014).

Ein zweites Domestizierungszentrum führte zur Entstehung von Zebu-Rindern (LOFTUS ET AL., 1994, UTSUNOMIYA ET AL., 2019). Ein allgemeiner Konsens, der sich aus archäologischen und genetischen Beweisen ergibt, betrachtet das Indus-Tal als das wahrscheinlichste Domestizierungszentrum für diese Tiere (MCINTOSH, 2008). Andere Regionen auf dem indischen Subkontinent gelten jedoch ebenfalls als potenzielle Domestizierungszentren (CHEN ET AL., 2009 UND 2010).

In der (älteren) Fachliteratur wird ein mögliches drittes Domestizierungszentrum für Aurochs im nördlichen Afrika gesehen (HANOTTE ET AL., 2002, PÉREZ-PARDAL ET AL., 2010). Jüngste molekulargenetische Studien legen jedoch nahe, dass auch hier die ersten Hausrinder eingewanderte Taurinrinder aus dem Nahen Osten waren. Eine folgende Introgression lokaler afrikanischer Aurochs kann nicht ausgeschlossen werden (PITT ET AL., 2019).

Der Mensch domestizierte den Aurochs - das gezähmte Rind aber machte sich auch den Menschen zu ‚nutze‘. Mit ihm ‚eroberte‘ es praktisch den gesamten bewohnbaren Globus.

Darüber hinaus haben die Milchrinder sogar im menschlichen Genom ihre Spuren hinterlassen: die Fähigkeit, auch noch im Erwachsenenalter frische Milch zu verdauen (= adulte Laktasepersistenz), ist streng genommen eine sehr späte Errungenschaft des modernen Menschen.

Interessanterweise breitete sich diese Mutation nur in Regionen aus, in denen auch im großen Umfang regelmäßig Rinder zur Milchgewinnung gehalten wurden. Die meisten Asiaten, aber auch viele Erwachsene in Afrika und im südlichen Europa (Sizilianer) vertragen bis heute keine frische Kuhmilch. Der Milchrinder haltende Mensch und seine Rinder durchliefen offensichtlich eine gemeinsame Koevolution und beeinflussten sich unbemerkt auch gegenseitig.

Ebenso klärt sich damit, warum der höchste Frischmilchkonsum bis heute in Nordwesteuropa (bzw. bei ihren europäischen Nachfahren in übrigen Teilen der Welt) zu finden ist.

2. Definitionen und taxonomische Einordnung des Hausrindes

Unter Taxonomie versteht man in der Biologie eine Klassifizierung von Lebewesen in bestimmte Kategorien (z.B. Art, Gattung oder Familie). Das Besondere hierbei ist, dass es sich um eine Klassifikation handelt, die eine monohierarchische Struktur aufweist. Rangstufen sind definierte Hierarchieebenen innerhalb des taxonomischen Systems.

Eine Schlüsselstellung spielt hierbei die Art. Eine Art ist eine Gruppe natürlicher Populationen, die eine Fortpflanzungsgemeinschaft bilden und von anderen Gruppen reproduktiv isoliert sind (o.V., 2021A).

Die Geschichte der Erforschung und systematischen Gliederung der Bovidae (=Hornträger) geht bis in die erste Hälfte des 19. Jahrhunderts zurück. Der heute noch für die Hornträger gültige Familiennamen Bovidae führte bereits John Edward Gray (1800-1875) im Jahr 1821 ein (o.V., 2021B).

Zur taxonomischen Einordnung von Rinder-Spezies wird - speziell in der neueren englischsprachigen Literatur – zusätzlich gern die Rangstufe ‚Tribus‘ einbezogen. Eine Tribus (Plural: Triben) ist eine Rangstufe zwischen Unterfamilie und Gattung. Wenn nötig, wird zwischen Tribus und Gattung noch die Rangstufe Subtribus eingeschoben. Der wissenschaftliche Name einer Tribus endet dabei vereinbarungsgemäß immer auf -ini. Der wissenschaftliche Name einer Untertribus endet generell auf -ina (Tabelle 1).

Die taxonomische Einordnung interessierender Spezies basierte in der Vergangenheit vorrangig auf morphologischen Merkmalen (= morphologisches Artkonzept), die teilweise durch weitere Merkmale, wie zum Beispiel Verhaltensweisen, ergänzt wurden. Zwischenzeitlich werden vorzugsweise molekulargenetische Informationen wie die Basensequenz der Gene oder die Genomstruktur (= molekulargenetische Systematik) genutzt. Untersuchungsobjekte waren/sind sowohl lebende (rezente) als auch ausgestorbene (fossile) Vertreter einer Rangstufe.

Nachfolgend ist eine taxonomische Einordnung tauriner Rinder aufgezeigt (Tab. 1).

Tabelle 1:
Taxonomische Einordnung tauriner Rinder

Rangstufe (in Klammern: lateinischer Begriff)	Taxonomische Einordnung (in Klammern: deutsche Bezeichnung)
Reich (Regnum)	Animalia (Tierreich)
Stamm (Phylum)	Chordata (Chordatiere)
Unterstamm (Subphylum)	Vertebrata (Wirbeltiere)
Klasse (Classis)	Mammalia (Säugetiere)
Ordnung (Ordo)	Artiodactyla (Paarhufer)
Unterordnung (Subordo)	Ruminantia (Wiederkäuer)
Familie (Familia)	Bovidae (Rinderartige, auch Hornträger genannt)
Unterfamilie (Subfamilia)	Bovinae (Wildrinder)
Tribus (Tribus)	Bovini (Wildrinder)
Untertribus (Subtribus)	Bovina (Rinder)
Gattung (Genus)	<i>Bos</i> (Eigentliche Rinder)
Art, Spezies (Species)	<i>Bos taurus</i> (Europäisches Hausrind)

Die Hornträger (Bovidae) sind eine Familie der Wiederkäuer, die wiederum zu den Paarhufern zählen (O.V., 2021b). Sie bilden eine sehr formenreiche Gruppe innerhalb der Ordnung der Paarhufer und umfassen unter anderem Rinder, Schafe, Ziegen und verschiedenste Antilopenformen.

Alle früheren taxonomischen Gliederungen basierten vorrangig auf skelettanatomischen Merkmalen. Mit dem Aufkommen molekulargenetischer Analyseverfahren konnte die üblicherweise vorliegende Zweiteilung der Hornträger und deren weitere taxonomische Klassifizierung in Unterfamilien und Triben besser aufgelöst werden (BIBI, 2013).

Es müssen somit zwei Kladen innerhalb der Bovidae unterschieden werden: die Bovinae und die Antilopinae. Sie nehmen den Rang von Unterfamilien ein (ZURANO ET AL., 2019, O.V., 2021b, c).

3. Die Tribus Bovini

Die Tribus Bovini umfassen - je nach Klassifikation - vier bis sieben Gattungen und 14 bis 18 Arten (ZHANG ET AL., 2020).

Sequenzen der Kern- und/oder mitochondrialen DNA sowie Unterschiede in den Karyotypen weisen auf drei Subtriben innerhalb der Bovini hin (Abbildung 1).

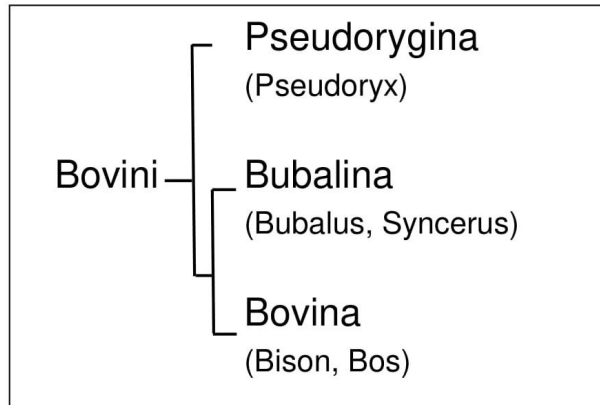


Abbildung 1: Phylogenetische Beziehungen der noch existierenden Subtriben innerhalb der Tribus Bovini (HASSANIN ET AL., 2013)

Die Pseudorygina-Subtribus enthält nur die Gattung *Pseudoryx* mit der einzigen Art ‚Saola‘ (Abbildung 1). Das Saola (*Pseudoryx nghetinhensis*), auch Vu-Quang-Rind genannt, ist in Laos und Vietnam, wenn überhaupt, zu finden. Saolas gehören zu den seltensten Huftieren der Welt. Aufgrund von DNA-Analysen wird das Vu-Quang-Rind zu den Rindern gerechnet, mit denen es phänotypisch jedoch nur wenig gemein hat (NGUYEN ET AL., 2009).

Die Bubalina umfassen die Gattungen *Syncerus* und *Bubalus*, die die afrikanischen bzw. asiatischen Büffel enthalten.

Die Bovina-Subtribus besteht aus den Gattungen *Bison* und *Bos* (Abbildung 1).

Stammesgeschichtlich sind die Bovini eine recht junge Gruppe. Erst im Pliozän (vor etwa 5,3 Mio. Jahren bis vor etwa 2,6 Mio. Jahren) sind Rinder fossil belegt. Sie verbreiteten sich mutmaßlich von Asien aus über Europa, Nordamerika und Afrika. Vor allem im Pleistozän (von etwa 2,6 Millionen Jahren bis vor etwa 11.700 Jahren - mit dem Beginn der Holozän-Serie, der Jetztzeit) waren sie artenreich vertreten (ZHANG, 2020).

Die weitere Evolution der Bovina- und Bubalina-Spezies führte gleichzeitig dazu, dass verschiedene Karyotypen entstanden. Heute variieren die zugehörigen Chromosomenzahlen je nach Art und teilweise Unterart deutlich. Nachfolgend ist eine Auflistung der diploiden Chromosomenzahl in den Zellkernen einiger ausgewählter Spezies zusammengestellt (FISCHER UND ULBRICH, 1967, YORE ET AL., 2018): Tamarau: $2n=46$, Saola: $2n = 50$, Tieflandanoa: $2n = 48$, Sumpfbüffel: $2n = 48$, Flussbüffel: $2n = 50$, Banteng: $2n = 60$, Yak: $2n = 60$, Wisent: $2n = 60$, Bison: $2n = 60$, Hausrind: $2n = 60$.

Verpaarungen zwischen verschiedenen Spezies einschließlich der Verpaarung vom Typ *Bison x Bos* erzeugen Nachkommen, deren weibliche F1-Hybriden meist fruchtbar sind (Tabelle 2). Diese weiblichen Tiere wurden/werden oft im Rahmen von speziellen Neuzüchtungen weitergenutzt (vgl. 6. Abschnitt).

Tabelle 2:
Fertilität einiger ausgewählter Hybriden zwischen verschiedenen Spezies*

Verpaarung	weibliche Hybriden	männliche Hybriden
Taurine Rinder x Bison	fertil	infertil
Taurine Rinder x Wisent	fertil	infertil
Taurine Rinder x Gaur	fertil	infertil
Taurine Rinder x Gayal	fertil	infertil
Taurine Rinder x Yak	fertil	infertil
Taurine Rinder x Zebu	fertil	fertil
Yak x Bison	fertil	infertil
Zebu x Banteng	fertil	infertil
Zebu x Gaur	fertil	infertil
Zebu x Gayal	fertil	infertil
Zebu x Yak	fertil	infertil

*nach einer Zusammenstellung von ZHANG ET AL. (2020, gekürzt)

Beispielsweise ist das Beefalo ein seit Mitte des 19. Jahrhunderts durch Kreuzung des Amerikanischen Bison mit Hausrindrassen entstandenes Rind (o.V., 2019).

Auf Java wird der Banteng gern mit anderen Rinderarten hybridisiert. Die sogenannten Madura-Rinder (Anm.: Madura ist eine indonesische Insel) sind beliebte Hybriden vom Typ Banteng x Zebu (Nijman et al., 2003). Die männlichen Hybriden wiegen oft nur 300 kg und die weiblichen Tiere nur ca. 150 bis 170 kg. Sie werden gern bei lokalen Veranstaltungen wie Bullenrennen und Kuhschönheitswettbewerben eingesetzt.

Neuere molekulargenetische Analysen für die meisten Rinderarten haben weitere detaillierte Einblicke in die Entwicklung und Domestizierung von Rindern gegeben.

Noch bis Mitte des 20. Jahrhunderts wurde die Gattung Bison von den Eigentlichen Rindern (Bos) systematisch getrennt.

Studien von Hassanin und Ropiquet (2004), Verkaar et al. (2004) und Edwards et al. (2011) führten - basierend vor allem auf mitochondrialen DNA-Studien (= mtDNA) - zu neuen zoologischen Bewertungen.

Demnach ist der Amerikanische Bison näher mit dem Yak, der Wisent dagegen mit dem Hausrind (= Auerochsen) verwandt. Allerdings ist an dieser Stelle anzumerken, dass Studien der mtDNA nur matrilineare (= „in der Linie der Mutter“) Verwandtschaftsbeziehungen erfassen und damit nur einen ‚kleinen‘ Ausschnitt der möglichen Verwandtschaftsverhältnisse aufzeigen.

Untersuchungen der paternal vererbten Y-Chromosomen stützen dagegen die klassische Systematik mit der Aufteilung in die Gattungen *Bos* und *Bison* (Verkaar et al., 2004).

Ein möglicher Erklärungsansatz für diese scheinbar widersprüchlichen Ergebnisse der matrilinearen bzw. patrilinearen Phylogenetik ist, dass der (neuzeitliche) Wisent durch eine ingressive Verdrängungseinkreuzung männlicher Bison-Vertreter in eine Population von *Bos*-Kühen entstanden sein könnte (VERKAAR ET AL., 2004). Dies würde bedeuten, dass

- prähistorische *Bison*-Bullen sich mit prähistorischen *Bos*-Kühen gepaart haben, so dass nur *Bison*-Y-Chromosomen und *Bos*-Mitochondrien weitergegeben wurden, und
- 2.) die daraus resultierenden Hybridpopulationen über genügend viele Generationen von Nachkommen hinweg ausschließlich von *Bison*-Bullen gedeckt wurden, um den Phänotyp dieser Hybridpopulationen wieder ununterscheidbar vom *Bison*-Phänotyp zu machen (VERKAAR ET AL, 2004).

Erwähnenswert ist weiter, dass nicht nur der Karyotyp sondern auch die Morphologie der X- und Y-Chromosomen bei Wasserbüffeln und Taurin- bzw. Zeburindern unterschiedlich sind (YORE ET AL., 2018). Die mtDNA- und Y-Chromosomensequenzen weisen gleichzeitig darauf hin, dass Sumpf- und Flussbüffel mindestens so unterschiedlich sind wie Taurin- und Zebu-Rinder und separat domestiziert wurden (SUN ET AL. 2020).

ZHANG ET AL. (2020) haben kürzlich eine zusammenfassende phylogenetische Neubewertung der Tribus Bovini gegeben (Abbildung 2).

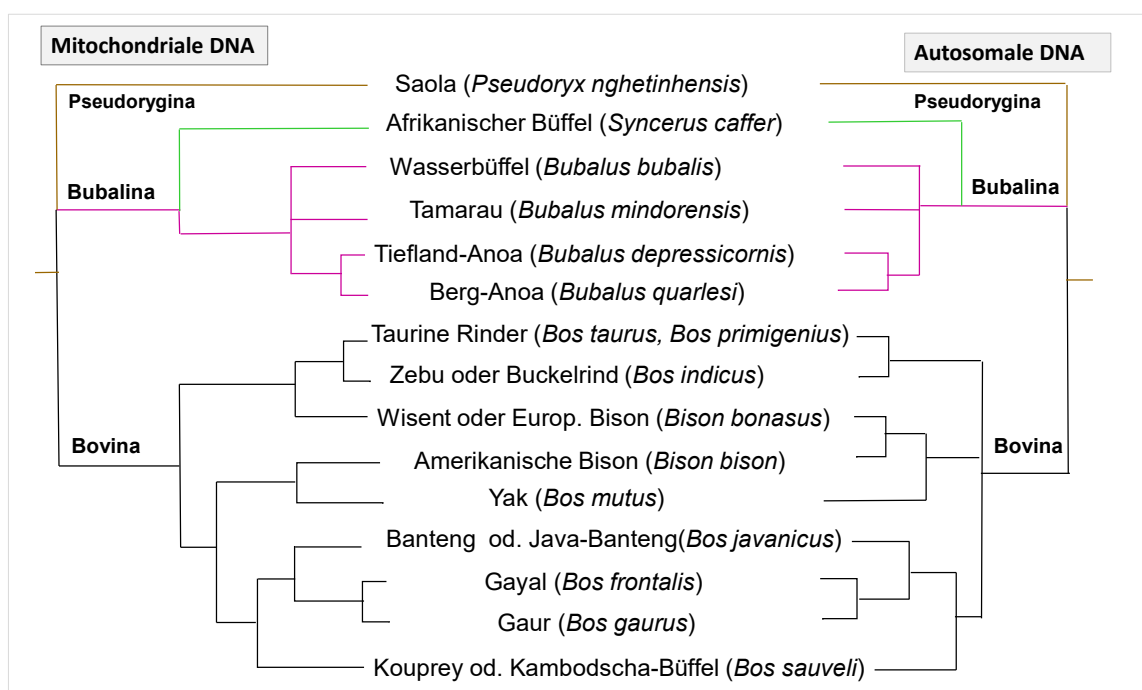


Abbildung 2: Phylogenie der Tribus Bovini (in Anlehnung an Zhang et al., 2020); eigene Grafik

Wann der Wasserbüffel domestiziert wurde, ist umstritten. Wahrscheinlich wurden der Flussbüffel und der Sumpfbüffel unabhängig voneinander domestiziert; zuerst der Flussbüffel in Indien vor etwa 5000 Jahren, dann der Sumpfbüffel in China vor etwa 4000 Jahren (YANG ET AL., 2008). Eine Selektion der Tierhalter, die einerseits auf die Milchproduktion des Flussbüffels und andererseits auf die Zugkraft des Sumpfbüffels abzielte, dürfte zusätzlich zu weiteren Merkmalsunterschieden geführt haben (LUO ET AL., 2020).

Wie bereits gezeigt, haben der Flussbüffel und der Sumpfbüffel differenzierte Karyotypen. Sie sind jedoch untereinander fertil und bild(et)en vor allem in Südchina und Bangladesch zahlreiche Hybridpopulationen (LUO ET AL., 2020). Die Kreuzung der beiden Büffel-Spezies führt zu F1-Hybriden mit einer diploiden Chromosomenzahl von $2n = 49$ (YORE ET AL., 2019).

Aus phylogenetischer Sicht zeigt sich darüber hinaus, dass der Sumpf-Büffeltyp eine enge Beziehung zum Tamarau hat (Abbildung 2).

Der Gayal und der Gaur haben ähnliche mtDNA- und Y-chromosomale Sequenzen (ZHANG ET AL., 2020). Interessanterweise haben der Chinesische Gaur ($2n = 56$) und der Indische Gayal ($2n = 58$) unterschiedliche Karyotypen (WANG ET AL., 2017). Demgegenüber ergaben weitere Karyotyp-Studien, dass der Indische Gayal ($2n = 58$) die gleiche Chromosomenzahl wie der dort lokal vorhandene Gaur ($2n = 58$) besitzt (WANG ET AL., 2017).

Möglicherweise könnten diese regionalen Divergenzen zwischen Gaur und Gayal durch eine weitere Zebu-Introgression in den Indischen Gayal, in der jüngeren Vergangenheit, verursacht worden sein (GOU ET AL., 2010, WANG ET AL., 2017).

Alle drei Unterarten des Banteng (Java-Banteng, Borneo-Banteng, Burma-Banteng) stehen kurz vor ihrer Ausrottung, da ihr bevorzugter Lebensraum (= unterholzreiche Sumpfwälder und Bambusdschungel) zunehmend der ackerbaulichen Nutzung zum Opfer fallen.

Der Kouprey wurde erst 1937 als eigenständige Art entdeckt. Wildpopulationen konnten jedoch seit 1970 nicht mehr gesichtet werden (WILSON UND REEDER, 2005, FELLIUS, 2014). Auch hier beseitigten molekulare Analysen frühere Zweifel am zugehörigen Artenstatus (HASSANIN UND ROPIQUET, 2007).

4. Domestikation des europäischen Auerochsen

Vor etwa 10.500 Jahren begannen Menschen im Nahen Osten von einer nomadisierenden Lebensweise in Form von Jägern und Sammlern zu einer sesshaft-agrikulturellen Lebensart mit gleichzeitiger Domestizierung grasender Herdentiere überzugehen. Gleichzeitig trieben grasende Herdentiere die Domestikation von Getreide voran (SPENGLER UND MUELLER, 2019)

Leider sind die wilden europäischen Auerochsen-Vorfahren des taurinen Rindes längst ausgestorben. Fast gleichzeitig verschwanden die indischen Auerochsen - die Zebu-Vorfahren - vor etwa 1800 Jahren aus Uttar Pradesh in Indien (MCINTOSH, 2008, CHEN ET AL., 2009).

Auch die Frage nach dem Ursprung der ersten europäischen Bauern konnte interessanterweise durch genetische Untersuchungen an ihren Rindern weiter aufgeklärt werden.

Hintergrund: Das Rind verfügte mit dem Auerochsen zwar über eine europäische Wildform, doch molekulargenetische Befunde an archäologischen Skelettresten belegen eindeutig, dass alle modernen europäischen Rinder binnen weniger Generationen aus dem Nahen Osten zugewandert sind (BURGER, 2007).

Detaillierte genetische Analysen menschlicher Skelette ergaben gleichfalls: die ersten Bauern in Mittel- und Nordeuropa unterschieden sich genetisch deutlich von den dort schon seit der Eiszeit ansässigen Jägern und Sammlern. Die ersten Bauern in Mitteleuropa müssen somit mit Ihren Rindern aus Südosteuropa eingewandert sein.

Mitochondriale DNA-Vergleiche, basierend auf Rinderskeletten aus frühen menschlichen Siedlungen sowie auf zeitgleiche Skelettfunde des wilden europäischen Auerochsen (Ur) bestätigen: alle europäischen Hausrinder stammen aus dem Gebiet des ‚Fruchtbaren Halbmondes‘ (= ein halbkreisförmiges Gebiet zwischen dem heutigen Syrien und Irak). Nur hier wurde begonnen, unsere taurinen Hausrinder zu züchten (LOFTUS ET AL., 1994, BOLLONGINO ET AL., 2006, BURGER, 2007, EDWARDS ET AL., 2007, PARK ET AL., 2015).

Da das domestizierte Rind nicht allein nach Mittel- und Westeuropa gekommen sein konnte, sind frühzeitige Wanderungsbewegungen aus Anatolien und Südosteuropa anzuerkennen.

Die damaligen Bauern müssen ihre ‚neuen‘ Rinder auch klar getrennt von deren wilden Artgenossen in Gehegen gehalten und/oder intensiv gehütet und bewacht haben.

Die Intensität der Viehzucht im frühen Neolithikum war folglich wesentlich höher als bisher gedacht, denn es gibt - wie detaillierte DNA-Vergleiche ausgewählter Abschnitte des Y- Chromosoms zeigen - auch nur sehr wenige Hinweise auf eine spätere Hybridisierung (= Post-Domestikationskreuzung) in der Form, dass lokal vorhandene wilde europäische Auerochsenbullen sich mit weiblichen Rindern der frühen europäischen Bauern verpaarten (BOLLONGINO ET AL., 2008, SCHIBLER ET AL., 2014).

Gleich ob es sich um Schwarzbunte Holsteins, Fleckvieh, Angler oder Shorthorns handelt: alle europäischen Hausrinder kamen aus dem Nahen Osten nach Europa (Abbildungen 3 bis 5).



Abbildung 3: Schwarzbunte Kuh im ostfriesischen Typ der 1960-er Jahre: Kuh Lumetta 4467 H; mittlere jährliche Milchleistung: 7-Ø Lstg.: 7932 kg Milch; 4,49 % Fett.; 356 kg Fett; Züchter: Erwin H. Brade, Bernburg-Strenzfeld (Sachsen-Anhalt); Auszeichnung: Ia-Preis zur Ldw.-Ausstellung Leipzig-Markkleeberg, 1969 (Foto: W. Brade)

Fragt man nun danach: Was ein Hausrind von seinen wilden Vorfahren unterscheidet? lautet die Antwort: Das Tarnkleid verschwindet, die Körpergröße ändert sich und das Gehirn wird kleiner. Eine direkte Selektion auf Merkmale des Verhaltens ist gleichfalls seit Beginn der Domestikation anzuerkennen (BRADE, 2003). Die selektive Beeinflussung von Verhaltenseigenschaften beim Rind ist bereits dadurch zu erklären, dass Züchter regelmäßig solche Tiere bevorzug(t)en, die leichter zu "händeln" waren/sind. Zusätzlich sind gerichtete Selektionswirkungen dadurch zu erwarten, dass differenzierte Eigenschaften innerhalb verschiedener Rassen systematisch verändert wurden/werden (z.B. Milch-, Fleisch-, Arbeits- oder Kampfrassen).

Kurz zusammengefasst: Die genetisch bedingte Variabilität zwischen (Teil-)Populationen - ein wichtiges Kennzeichen der Domestikation - erhöhte sich. Und dieser Prozess ist, wie aktuelle Projekte einer Zucht auf Hornlosigkeit und/oder Melkrobotertauglichkeit beispielsweise bei Milchrindern erkennen lassen, längst nicht abgeschlossen.



Abbildung 4: Charolais-Rinder auf einer Weide in Norddeutschland (Foto: W. Brade)

Zwischenzeitlich berechneten Mainzer Anthropologen - gemeinsam mit französischen und englischen Kollegen - die mögliche Größe der ersten domestizierten Rinderherde. Das Ergebnis ist überraschend: maximal 80 der wilden Auerochsen dürften die Vorfahren aller unserer heutigen europäischen Hausrinder sein (BOLLONGINO ET AL., 2012).

Diese geringe Anzahl an Vorfahren unserer Hausrinder deckt sich gut mit Erkenntnissen aus der Archäologie. Demnach gibt es Hinweise auf eine frühere Domestikation des Rindes nur aus einer kleinen Region zwischen Südostanatolien und Syrien vor ca. 10.500 Jahren. In dieser Gegend waren die Menschen frühzeitig sesshaft und die Haltung der Rinder fand in einer überschaubaren Region statt. Zunächst hielten Menschen ihre Rinder, um eine ständige Fleischreserve zu haben und um ihre Häute zu nutzen. Erst später kamen die Haltung von Rindern zur Erzeugung von Milch sowie der Einsatz als Zug- und Lasttiere hinzu.

Interessanterweise begann auch die Geschichte der Milchwirtschaft offensichtlich schon 2.000 Jahre früher als bislang angenommen. Das schließen Forscher eines internationalen Teams aus Milchrückständen, die sie in bis zu 8.500 Jahre alten Tonkrügen entdeckt hatten (EVERSHED ET AL., 2012). Die Wissenschaftler im Team von Richard Evershed untersuchten mehr als 2.200 Tongefäße, die hauptsächlich von der Balkanhalbinsel und aus dem nördlichen Anatolien stammten. Dabei entdeckten sie Spuren von Fett, wie es typischerweise in Milch vorkommt. Anhand dieser Rückstände konnten sie mit Hilfe der Radiokarbonmethode den Beginn der Milchwirtschaft neu datieren. Bisher ging man davon aus, dass die Milchwirtschaft mit Hausrindern erst im vierten Jahrtausend v. Chr. begann.

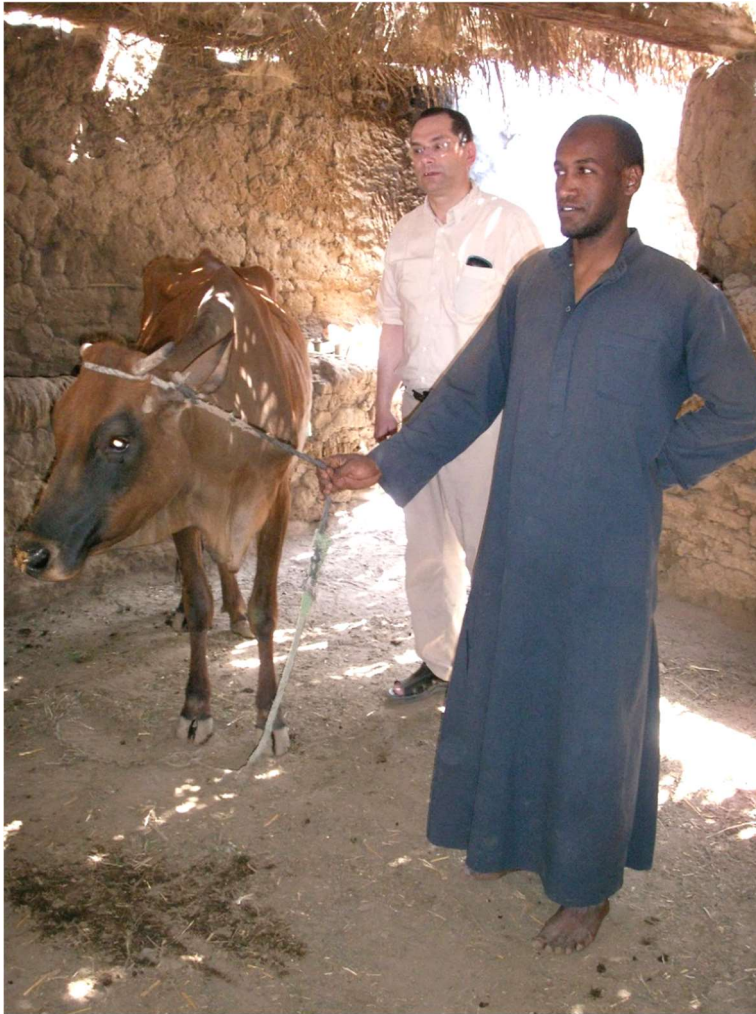


Abbildung 5: Die Subsistenzwirtschaft, wie hier in Ägypten, dient nach wie vor in vielen Entwicklungsländern der Selbstversorgung zwecks Sicherstellung des Lebensunterhaltes einer Familie (Foto: Brade)

5. Globale Ausbreitung domestizierter Rinder

Auf die Domestizierung des Auerochsen folgten eine Reihe großer Wanderungsbewegungen (FELIUS ET AL., 2014). Dies führte gleichzeitig zu weiteren Anpassungen an verschiedene, z.T. extreme Umgebungen und forcierte darüber hinaus die Rassenvielfalt. Die folgenreichsten Migrationen waren (ZHANG ET AL., 2020):

- die neolithische Kolonisierung Europas von 6000 bis 4000 v. Chr. aus dem Gebiet des Fruchtbaren Halbmondes;
- Viehzüchter aus dem Vorderen Orient verbrachten ihre taurinen Rinder ab 4800 v. Chr. nach Afrika. Dort wurden ihre Rinder wahrscheinlich durch lokale Auerochsen weiter beeinflusst;
- eine Ostwanderung tauriner Rindern führte zwischen 3000 und 2000 v. Chr. nach Ostasien;
- ca. 3200 v. Chr. verursachte der Klimawandel eine Abwanderung von Zebus aus dem Indusdal nach Westen und führte zu veränderten Rinderbeständen im Nahen Osten;
- der Export von Zeburindern nach Afrika begann wahrscheinlich bereits vor 4000 Jahren und wurde 700 n. Chr. durch die islamische Eroberung verstärkt;
- etwa 1000 v. Chr. wurden Zebus nach Indochina und China verbracht. Kontakte mit früheren Importen von Taurinrindern in China führten hier zu weiteren Kreuzungen;
- ein gezielter Export von Zeburindern nach Indonesien begann wahrscheinlich bereits vor 1500 Jahren;
- nach 1492 wurden europäische und afrikanische Rinder nach Nord- und Südamerika exportiert. Eine Vielzahl bekannter Criollo-Rassen sind iberischen und afrikanischen Ursprungs. Weitere Exporte von Hausrindern aus Nordwesteuropa nach Nordamerika sind zu nennen;
- Exporte von Zebus nach Brasilien im 19. Jh. begründeten dortige Zuchten. Aus Brasilien wurden wiederum Zebus in andere amerikanische Länder einschließlich in die USA exportiert. In den USA führte der Import von Zeburindern zur Entwicklung der beliebten Brahman-Rasse;
- ab Mitte des 19. Jh. verbreiteten sich die heutigen „kosmopolitischen“ Rassen, von denen die meisten aus Europa stammten, weltweit aus. Zu nennen sind hier die milchbetonten Rassen: Holstein-Friesian und Jersey sowie die Fleischrinderrassen: Angus, Hereford, Charolais und Limousin. Dies führte in den importierenden Ländern oft zur Bildung neuer Rassen.

Aktuell werden weltweit etwa 0,75 Milliarden taurine Rinder und etwa die gleiche Anzahl zebuider Rinder gehalten (ZHANG ET AL., 2020).

Das Zebu ist besser an das tropische Klima als das taurine (europäische) Hausrind angepasst (= besser Hitzeverträglichkeit – vgl. Abbildung 6). In Afrika und in weiteren Teilen der Welt mit tropischem Klima entstanden vielfältige Rinderrassen aus Kreuzungen zwischen Zebus und taurinen Rindern (o.V., 2021E).



Abbildung 6: Zebus auf einem Viehmarkt in Indien. Zebuide Rinder haben eine größere Anzahl von Schweißdrüsen pro Hautflächeneinheit. Außerdem besitzen die Schweißdrüsen der Zebus eine größere Speicherkapazität vergleichsweise gegenüber diejenigen tauriner Rinder. Bei den zebuiden Rassen findet man vorzugsweise ein feines kurzes Haarkleid, das die Verdunstung des abgegebenen Schweißes von der Hautoberfläche zusätzlich begünstigt (Foto: W. Brade)

Es gibt mindestens 130 Millionen Wasserbüffel, von denen (aufgrund ihrer Nutzung als Arbeitstier oder ihres Fleisches einschließlich ihrer Milch und Haut) mehr Menschen abhängig sind als von jedem anderen Haustier (SCHERF, 2000).

Flussbüffel werden für die Milch- und Fleischproduktion gezüchtet. Das Zentrum der Flussbüffelzucht liegt in Indien, wo es auch die meisten Rassen gibt. Sumpfbüffel sind vor allem Arbeitstiere, sie werden überwiegend in China und Südostasien gezüchtet. Sie helfen hier bei der Bewirtschaftung der Reisfelder. Oft werden sie erst dann geschlachtet, wenn sie für diese Arbeit zu alt sind. Für die Milchproduktion spielen sie so gut wie keine Rolle.

Wasserbüffel wurden bereits von den Meluhhas ca. 2500 v. Chr. von der Indus-Zivilisation nach Mesopotamien (heutiges Irak) gebracht (McINTOSH, 2008).

Büffelmilch ist protein- (4,65%) und fettreicher (8,30%) als Milch tauriner Rinder (3,4% und 3,8%) (YORE ET AL., 2019). Außerdem ist Büffelfleisch - im Vergleich zu Kuhfleisch - für seinen niedrigen intramuskulären Fettgehalt (= 1,5 bis 3%) bekannt.

Der Yak ist eine in Hochasien verbreitete Rinderart (o.V., 2021D). Wegen seiner grunzähnlichen Laute wird er auch (Tibetischer) Grunzochse genannt. Die meisten der rund 14 Millionen Yaks werden auf dem hochgelegenen Qinghai-Tibet-Plateau (QTP) gezüchtet. Ihre wilden Vorfahren findet man im Nordwesten der QTP aktuell noch in kleinen (Rest)-Beständen.

Der Zeitpunkt der Domestikation des Yaks ist strittig. Verschiedene Studien nennen einen Zeitraum zwischen 5000 v. Chr. und 1000 v. Chr. Das entspräche etwa dem Zeitraum, in dem auch der Wasserbüffel domestiziert wurde (o.V., 2021D).

Bali-Rinder und der Gayal haben ihr vergleichsweise eingeschränktes Verbreitungsgebiet in Südostasien; nahe dem ursprünglichen Verbreitungsgebiet ihrer wilden Vorfahren. Eine Population von mehr als 2 Millionen Bali-Rindern wird auf Bali und anderen indonesischen Inseln als Zug- und Fleischrinder gehalten (WILSON UND REEDER, 2005).

Wilde Banteng sind möglicherweise noch in Indonesien, Myanmar, Thailand und Kambodscha vorhanden (GARDNER ET AL. 2016).

Bison und Wisente, die nie erfolgreich domestiziert wurden, findet man demgegenüber nur noch in Reservaten in Nordamerika bzw. Europa.

Die zu den Bubalina gehörigen Anoas sind in sehr begrenzter Zahl noch in wenigen Regionen auf der Insel Sulawesi (Indonesien) zu Hause; das Tamarau auf der Insel Mindoro (Philippinen).

6. Interspezies-Hybriden

Die zufällige oder auch systematische Hybridisierung war/ist ein weiterer Faktor für neuere Entwicklungen in der Subtribus Bovini (SOUBRIER ET AL., 2016). Überlappende Verbreitungsgebiete verschiedener Rinderarten erleicht(erte)n eine Hybridisierung.

Eine Hybridisierung zwischen verschiedenen Spezies wird häufig durch eine Diskordanz der von der mtDNA abgeleiteten Phylogenie mit derjenigen auf der Grundlage von Morphologie, autosomaler DNA und/oder Y-chromosomaler DNA abgeleiteten Verwandtschaft aufgedeckt.

Interspezies-Hybriden wurden offensichtlich auch genutzt, um solche Arten wie den Wisent (in der jüngeren Vergangenheit) zu retten (ZHANG ET AL., 2020). Dies führte dazu, dass die ‚Reinheit‘ der Wildtierpopulationen nicht mehr gegeben ist.

Auch können derartige Hybriden gezielt genutzt werden, um die Anpassung der Rinder an spezifische Umwelten und/oder die Leistung der Tiere zu verbessern (Abbildung 7).

So ist der Yakow eine F1-Hybride aus Yak und Taurin- bzw. auch Zebu-Rind. Man findet ihn in Tibet bzw. der Mongolei (o.V., 2021D). Durch einen Heterosiseffekt wachsen diese Hybriden vergleichsweise schnell, erreichen eine bemerkenswerte Größe, haben eine hohe Krankheitsresistenz und sind vergleichsweise gegenüber den domestizierten Yaks bemerkenswert produktiv.

Der Żubroń ist eine Wisent-Taurin-Hybride, die eine robuste und produktive Alternative zu Rindern darstellen soll. Er ist ein Hybrid aus Hausrind und Wisent und damit das Gegenstück zum nordamerikanischen Beefalo (= ein Kreuzung des Bison mit Hausrindern (o.V., 2019)).

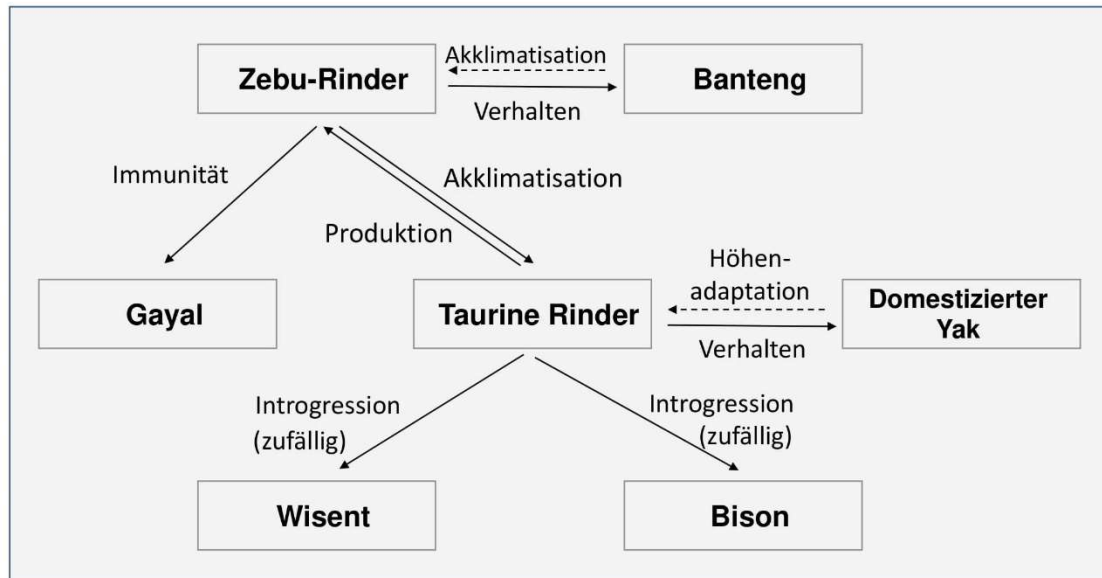


Abbildung 7: Beobachte Genflüsse zwischen verschiedenen Rinderarten zwecks Verbesserung der Anpassung an spezifische Umwelten und/oder spezifischer Leistungen gehaltener Tiere (eigene Grafik in Anlehnung an ZHANG ET AL., 2020)

Während der Ausbreitung von Zeburindern in tropischen und subtropischen Gebieten kamen sie - wie bereits beschrieben - mit lokalen Taurinpopulationen in Kontakt, was zur Entstehung neuer Rassen führte (UTSUNOMIYA ET AL., 2019).

Darüber hinaus wurden bei Zebu-Rindern in Südchina bzw. in Indonesien deutliche DNA-Spuren des Banteng gefunden (CHEN ET AL., 2018).

WU ET AL. (2018) wiederum berichtet über eine Introgression von Zebus sowohl in Banteng- als auch in Gayal-Populationen.

Offensichtlich fand bzw. findet immer noch eine weitere Vermischung von Rinder-Spezies in vielen Teilen der Welt statt; insbesondere überall dort, wo überlappende Verbreitungsgebiete verschiedener kreuzbarer Rinderarten gegeben sind.

7. Diskussion

Die in der Vergangenheit realisierten Domestikationsprozesse und deren Fortsetzung in Form gezielter genetisch-züchterischer Maßnahmen innerhalb der domestizierten Arten führten dazu, dass die genetisch bedingte Variabilität zwischen vorhandenen Rinderpopulationen zugenommen hat (BRADE,

2003). Gleichzeitig sind weitere Zerstörungen spezieller Ökosysteme (Wälder, Prärien etc.), das globale Bevölkerungswachstum und eine zunehmende Verstädterung zu nennen.

Steigende Mobilität, immer intensivere Ressourcennutzung und das immer tiefere Eindringen in spezielle Ökosysteme erhöhen das Risiko für ein weiteres schnelle Aussterben vieler Wildtierpopulationen. Auch die Übertragung neuer Erreger, wie aktuell an der SARS-CoV-2-Zoonose zu erkennen, ist offensichtlich ein weiterer Preis dafür, den wir dafür zahlen, dass wir immer intensiver in spezielle Ökosysteme eindringen und Lebensräume zerstören.

Parallel dazu unterliegen die zwischenzeitlich vorhandenen, sehr intensiven Haltungsformen (= ganzjährige Stallhaltungen von Milchrindern auf der Basis von Silage-Konzentrat-Fütterungen, Feedlots für Mastrinder etc.) in vielen Teilen der Welt einem weiteren tiefgreifenden Strukturwandel: die Spezialisierung der Betriebe nimmt zu und die zu betreuenden Tierbestände werden auf betrieblicher Ebene immer größer (Abbildung 8).



Abbildung 8: Blick auf den Futtertisch einer modernen Stallanlage für 2000 Kühe in Hohen Luckow, MV (Foto: W. Brade)

Die Intensivierung der Landwirtschaft geht mit einer generellen Abnahme der lokalen Biodiversität weltweit einher. Monokulturen und die Bevorzugung weniger ‚Hochleistungsrassen‘ sind typische Folge. Nutznießer dieses Wandels der Landwirtschaft sind vor allem die Verbraucher in den hochentwickelten Ländern: sie bezahlen für ein breites Angebot hochwertiger Lebensmittel immer weniger.

Im Ergebnis dieser Entwicklung sind die Leistungen genutzter Rinder, speziell einiger weniger ausgewählter Hochleistungsrassen (Holstein-Rinder u.a.) - in Deutschland und in vielen anderen Teilen der Welt mit intensiver Landwirtschaft - in den letzten Jahrzehnten deutlich gestiegen (Abbildung 9).

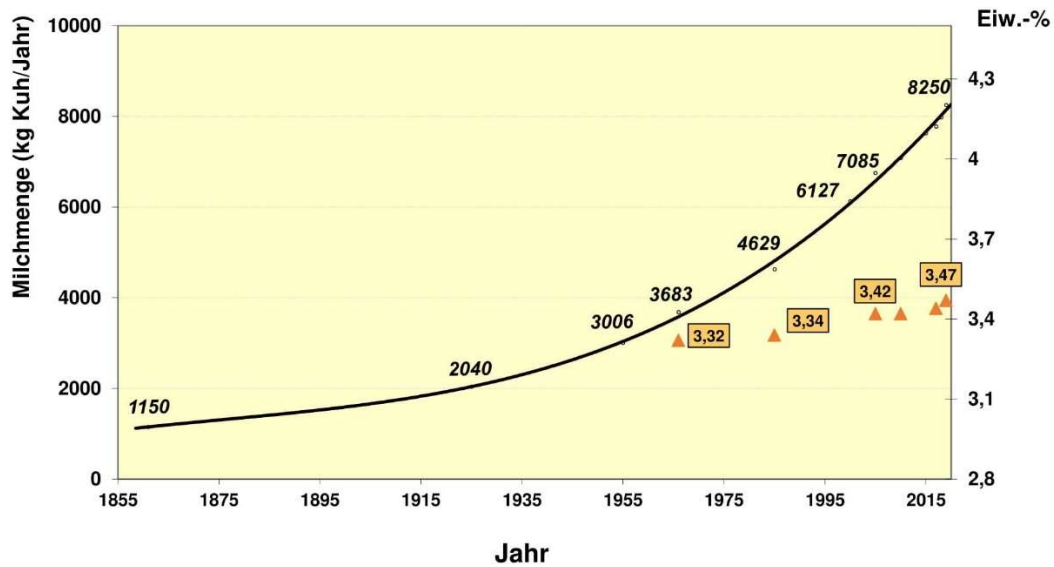


Abbildung 9: Trend in der Milcherzeugung (mittlerer Milchertrag in kg je Kuh und Jahr sowie mittlerer Milcheiweissgehalt) in Deutschland (1860 bis 2019) - eigene Grafik

Die Triebkräfte für diese immer höheren Leistungen sind vielschichtig. In erster Linie dürften ökonomische Zwänge verantwortlich sein. Es sprechen jedoch auch nährstoffökonomische Aspekte für höhere Leistungen der Tiere. Mit zunehmender Leistung steigt zwar der Energie- und Nährstoffbedarf der Tiere an; bedingt durch den relativ konstanten Erhaltungsbedarf wird die je Tierprodukt erforderliche Nährstoffmenge jedoch generell geringer (Abbildung 10).



Abbildung 10: Die Insel Jersey verdankt ihren Reichtum und Anziehungskraft auch ihren Rindern. Die kleinrahmigen, rehfarbigen Jerseyrinder sind heute in allen bewohnbaren Teilen der Welt zu finden. Hier in Bronze gegossene Modelle des Jerseyrindes in Saint Helier, der Hauptstadt der Kanalinsel Jersey in Erinnerung an die vielen erfolgreichen Jerseyrinder-Exporte in alle Welt (Foto: Brade)

Neue Biotechniken und Züchtungsverfahren führten in den letzten zwei Jahrzehnten zur Etablierung der genomisch gestützten Selektion in der Züchtungspraxis. Die Vorzüge der genomisch bedingten Selektion liegen vor allem in der Verkürzung des Generationsintervalls in der Tierzuchtpraxis und damit in der möglichen Verdopplung des Zuchtfortschrittes für ausgewählte Merkmale innerhalb einer Population (z.B. der Milchleistung bei Holsteinrindern - BRADE, 2012).

Inwieweit die weitere Etablierung der Genom-Editierung (GE) zu Bildung zusätzlicher genetischer Diversität zwischen verschiedenen Nutzpflanzen- und/oder Haustierpopulationen beitragen kann, ist zurzeit kaum abschätzbar.

Angesichts des rasanten Bevölkerungswachstums, zunehmender Trockenperioden und steigender Temperaturen suchen aktuell vor allem Pflanzengenetiker mit Hilfe der GE neuere ‚passgenaue‘ Lösungen für die Lebensmittel- und/oder für die Futtermittelerzeugung zu finden. Die Ziele des Einsatzes der GE-Technik in der Nutztierzüchtung sind im Großen und Ganzen ähnlich derjenigen in der ‚grünen‘ Gentechnik.

In erster Linie geht es darum, Gesundheit und Wohlergehen der Nutztiere zu fördern sowie die Produktivität zu steigern.

GE lässt enorme Fortschritte in der Züchtung erwarten. Allerdings sollten auch hier Fachdisziplin übergreifende Bewertungen permanenten Einfluss auf die zu realisierenden GE-Projekte nehmen. Die angemahnte Vorsicht verantwortungsvoller Forscher bei der Anwendung der GE ist nachvollziehbar.

Bei Freisetzung gentechnisch veränderter Pflanzen bzw. Tiere in ein Ökosystem sind weitere Implikationen angezeigt, die mit dem heutigen Wissensstand nicht in jedem Fall vorhersagbar sind. Die Abwägung von Kosten, Nutzen, Risiken oder Chancen sind also nur einige Aspekte unter vielen, die hier berücksichtigt werden müssen.

Insgesamt lassen diese neuen Züchtungstechniken eine weitere beschleunigte Einflussnahme auf die genetische Variabilität genutzter Pflanzen- und Tierpopulationen erwarten mit möglichen Folgen für ganze Ökosysteme

Zusammenfassung

Evolution und verwandtschaftliche Beziehungen von Bovini-Spezies

Die Domestizierung von Rinder-Spezies hat seit dem frühen Holozän wesentlich zur weiteren Entwicklung der menschlichen Zivilisation beigetragen. Vorliegende Übersichtsarbeit beinhaltet schwerpunktmäßig die Phylogenie, Domestizierung und Verbreitung von Bovini-Spezies.

Molekulargenetische Studien haben unser Verständnis zur Domestizierung sowie über vorliegende verwandtschaftliche Beziehungen zwischen zahlreichen Rinderpopulationen revolutioniert.

Überlappende Verbreitungsgebiete verschiedener Rinder-Spezies führten nachweislich zu Hybridisierungen untereinander.

Die spezifische Auslese und Vermehrung einiger weniger beliebter Hochleistungsrassen ist ein weltweites Kennzeichen der aktuellen Lebensmittelerzeugung tierischer Herkunft.

Inwieweit die Etablierung der Genom-Editierung (GE) zur Bildung zusätzlicher genetischer Diversität zwischen verschiedenen Rinderpopulationen beitragen kann, bleibt künftigen Bewertungen vorbehalten.

Die weitere Evolution unserer Rinder bleibt deshalb auch überregional spannend!

Schlüsselwörter: Rinder, Phylogenie, Taxonomie, Molekulargenetik, neue Züchtungsverfahren.

Summary

Evolution and phylogenetic relationships of the Bovini species

The domestication of bovine species has contributed significantly to the further development of human civilization since the beginning of the early Holocene. This review article focuses on the phylogeny, domestication and distribution of Bovini species.

Molecular genetic studies have revolutionized our understanding of domestication and of the phylogenetic relationships between numerous cattle populations.

Overlapping areas of distribution of different cattle species demonstrably led to hybridizations between them.

The specific selection and reproduction of a few less popular high-performance breeds is a global characteristic of the current food production of animal origin.

The extent to which the establishment of genome editing (GE) can contribute to the creation of additional genetic diversity between different cattle populations remains left to future assessments.

The further evolution of our cattle therefore remains exciting beyond regions!

Key words: cattle, phylogeny, taxonomy, molecular genetics, new breeding methods

Literatur

1. AJMONE-MARSAN P, GARCIA JF, LENSTRA JA, CONSORTIUM G (2010): On the Origin of Cattle: How Aurochs Became Cattle and Colonized the World. *Evolutionary Anthropology* 19, 148-157.
2. BIBI F (2013): A multi-calibrated mitochondrial phylogeny of extant Bovidae (Artiodactyla, Ruminantia) and the importance of the fossil record to systematics. *BMC Evolutionary Biology* 13, 166.
3. BRADE W (2003): Neuere Erkenntnisse zur Domestikation und Genetik der Rinder. *Tierärztl. Umschau* 58, 2003, 241-251.
4. BRADE W (2012): Genombasierte Selektion: Veränderungen in bäuerlichen Zuchtprogrammen. *Milchpraxis*. 50, 48-50.
5. BOLLONGINO R, EDWARDS CJ, ALT KW, BURGER J, BRADLEY DG (2006): Early history of European domestic cattle as revealed by ancient DNA. *Proc. R. Soc. B* 2, 155-159. (doi:10.1098/rsbl.2005.0404)
6. BOLLONGINO R, ELSNER J, VIGNE J-D, BURGER J (2008): Y-SNPs Do Not Indicate Hybridisation between European Aurochs and Domestic Cattle. *PLoS ONE* 3(10): e3418. doi:10.1371/journal.pone.0003418.
7. BOLLONGINO R, BURGER J, POWELL A, MASHKOUR M, VIGNE JD, THOMAS MG (2012): Modern Taurine Cattle descended from small number of Near-Eastern founders, *Molecular Biology and Evolution*. 29 (9): 2101-04. doi:10.1093/molbev/mss092.
8. BURGER J (2007): Ursprung aller Hausrinder liegt in einer kleinen Aurochs-Herde im Nahen Osten. <http://www.uni-mainz.de/FB/Biologie/Anthropologie/MolA/Deutsch/Home/Home.html> (Zugriff: 12.12.2010)
9. CHEN S, LIN B-Z, BAIG M, MITRA B, LOPES RJ, SANTOS AM, MAGEE DA, AZEVEDO M, TARROSO P, SASAZAKI S (2009): Zebu cattle are an exclusive legacy of the South Asia Neolithic. *Molecular Biology Evolution* 27, 1-6.
10. CHEN S, LIN B-Z, BAIG M, MITRA B, LOPES RJ, SANTOS AM, MAGEE DA, AZEVEDO M, TARROSO P, SASAZAKI S, OSTROWSKI S, MAHGOUB O, CHAUDHURI TK, ZHANG Y, COSTA V, ROYO LJ, GOYACHE F, LUIKART G, BOIVIN N, FULLER DQ, MANNEN H, BRADLEY D, BEJA-PEREIRA A (2010): Zebu Cattle Are an Exclusive Legacy of the South Asia Neolithic, *Molecular Biology and Evolution* 27, 1-6.
11. CHEN N, CAI Y, CHEN Q, LI R, WANG K, HUANG Y, HU S, HUANG S, ZHANG H, ZHENG Z, SONG W, MA M, MA Y, DANG R, ZHANG Z, XU L, JIA Y, LIU S, YUE X, DENG W, ZHANG X, SUN Z, LAN X, HAN J, CHEN H, BRADLEY DG, JIANG Y, LEI CH (2018): Whole-genome resequencing reveals world-wide ancestry and adaptive introgression events of domesticated cattle in East Asia. *Nature Communications* 9, 2337. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-04737-0>
12. CUCCHI T, STOPP B, SCHAFBERG R, LESUR J, HASSANIN A, SCHIBLER J (2019): Taxonomic and phylogenetic signals in Bovini cheek teeth: towards new biosystematic 2 markers to explore the history of wild and domestic cattle. *J. Archaeol. Sci.*, 109, pp.104993. (10.1016/j.jas.2019.104993).
13. EDWARDS C, BOLLONGINO R, SCHEU A, CHAMBERLAIN A, TRESSET A, LARSON G, CZWERWINSKI P, ARBOGAST R-M, ARNDT B, BAIRD JF, BARTOSIEWICZ L, BENECKE N, BUDJA M, CHAIX L, CHOYKE AM, COQUEUGNIOT E, DÖHLE H-J, GÖLDNER H, HARTZ S, HELMER D, HERZIG B, HONGO H, MASHKOU M, ÖZDOGAN M, PUCHER E, ROTH G, SCHADE-LINDIG S, SCHMÖLCKE U, SCHULTING R, STEPHAN E, UERPMANN H-P, VÖRÖS I, VIGNE J-D, BRADLEY DG, BURGER J (2007): Mitochondrial DNA analysis shows a Near Eastern Neolithic origin for domestic cattle and no indication of domestication of European aurochs. *Proc. R. Soc. B* 2007, 274, 1616: 1377-1385.
14. EDWARDS CJ, GINJA C, KANTANEN J, PEREZ-PARDAL L, TRESSET A, STOCK F, GAMA LT, PENEDO M, BRADLEY DG, LENSTRA JA (2011): Dual origins of dairy cattle farming—evidence from a comprehensive survey of European Y-chromosomal variation. *PLoS One* 6, e15922.

15. EVERSHERD R, PAYNE S, SHERRATT AG, COPLEY MS, COOLIDGE J, UREM-KOTSU D, KOTSAKIS K, ÖZDOĞAN M, ÖZDOĞAN AE, NIEUWENHUYSE O, AKKERMANS P, BAILEY D, ANDEESCU R-R, CAMPBELL ST, FARID S, HODDER I, YALMAN N, ÖZBAŞARAN M, BIÇAKCI E, GARFINKEL Y, LEVY T, BURTON MM (2008): Earliest date for milk use in the Near East and southeastern Europe linked to cattle herding. *Nature* 455, 528-531; doi:10.1038/nature07180 (Zugriff am 12.12.2012)
16. FELIUS M, KOOLMEES PA, THEUNISSEN B, CONSORTIUM E, LENSTRA JA (2011): On the Breeds of Cattle - Historic and Current Classifications, *Diversity* 3, 660-692.
17. FELIUS M, BEERLING M-L, BUCHANAN D, THEUNISSEN B, KOOLMEES P, LENSTRA JA (2014): On the history of cattle genetic resources. *Diversity* 6, 705–50.
18. FISCHER H, ULBRICH F (1967): Chromosomes of the Murrah buffalo and its crossbreds with the Asiatic swamp buffalo (*Bubalus bubalis*). *Zeitschr. für Tierz. u. Züchtungsbiol.* 84, 110– 114
19. GARDNER P, HEDGES S, PUDYATMOKO S, GRAY T, TIMMINS RJ (2016): *Bos javanicus*. The IUCN Red List of Threatened Species, 2016, e.T2888A46362970. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2016-2.RLTS.T2888A46362970.en>
20. GOU X, WANG Y, YANG S, DENG W, MAO H (2010): Genetic diversity and origin of Gayal and cattle in Yunnan revealed by mtDNA control region and SRY gene sequence variation. *J. Anim. Breed. Genetics* 127, 154–60.
21. HANOTTE, O, BRADLEY DG, OCHIENG JW, VERJEE Y, HILL EW, REGE J (2002): African Pastoralism: Genetic Imprints of Origins and Migrations, *Science* 296, 336-339.
22. HASSANIN A, ROPIQUET A (2004): *Molecular phylogeny of the tribe Bovini (Bovidae, Bovinae) and the taxonomic status of the Kouprey, Bos sauveli Urbain*. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 33 (3), 896-907.
23. HASSANIN A, ROPIQUET A (2007): What is the taxonomic status of the Cambodian banteng and does it have close genetic links with the kouprey? *Journal of Zoology* 271, 246–52.
24. HASSANIN A, AN J, ROPIQUET A, NGUYEN TT, COULOUX A (2013): Combining multiple autosomal introns for studying shallow phylogeny and taxonomy of Laurasiatherian mammals: application to the tribe Bovini (Cetartiodactyla, Bovidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 66, 766–75.
25. HASSANIN A (2014): Systematic and evolution of Bovini, in: Melletti, M., Burton, J. (Eds.), *Ecology, Evolution and Behaviour of Wild Cattle. Implications for Conservation*, Cambridge 754 University Press, Cambridge, pp. 7-20.
26. LOFTUS TR; HUGH DE, BRADLEY G, SHARP PM, CUNNINGHAM P (1994): Evidence for two independent domestications of cattle. *Proc. Natl. Acad. Sci.*, 91, 3/1994, 2757 - 2761
27. LUO X, ZHOU Y, ZHANG B, ZHANG Y, WANG X, FENG T, LI Z, CUI K, WANG Z, LUO C (2020): Understanding divergent domestication traits from the whole-genome sequencing of swamp- and river-buffalo populations. *National Science Review* 7, 686–701.
28. MCINTOSH J (2008): *The Ancient Indus Valley: New Perspectives*. 441 S., Santa Barbara: ABC-CLIO. ISBN 9781576079072.
29. NIJMAN IJ, OTSEN M, VERKAAR E, DE RUIJTER C, HANEKAMP E, OCHIENG J, SHAMSHAD S, REGE J, HANOTTE O, BARWEGEN MW, SULAWATI T, LENSTRA JA (2003): Hybridization of banteng (*Bos javanicus*) and zebu (*Bos indicus*) revealed by mitochondrial DNA, satellite DNA, AFLP and microsatellites. *Heredity*. 90, 10-16.
30. NGUYEN TT, ANISKIN VM, GERBAULT-SEUREAU M, PLANTON JP, RENARD B, NGUYEN A, HASSANIN A, VOLOBOUEV VT (2008): Phylogenetic position of the saola (*Pseudoryx nghetinhensis*) inferred from cytogenetic analysis of eleven species of Bovidae". *Cytogenetic and Genome Research*. 122, 41-54. doi:10.1159/000151315
31. o.V. (2019): Beefalo. <https://de.wikipedia.org/wiki/Beefalo> (Zugriff 04.12.2019)
32. o.V. (2021A): Taxonomie. <https://de.wikipedia.org/wiki/Taxonomie> (Zugriff 04.02.2021)
33. o.V. (2021B): Bovidae. <https://en.wikipedia.org/wiki/Bovidae> (Zugriff 02.02.2021)
34. o.V. (2021C): Bovinae. <https://en.wikipedia.org/wiki/Bovinae> (Zugriff 03.02.2021)
35. o.V. (2021D): Yak. <https://de.wikipedia.org/wiki/Yak> (Zugriff 06.02.2021)

36. o.v. (2021E): Zebu. <https://de.wikipedia.org/wiki/Zebu> (Zugriff 07.02.2021)
37. PARK SDE, MAGEE DA, MCGETTIGAN PA, TEASDALE MD, EDWARDS CJ, LOHAN AJ, MURPHY A, BRAUD M, DONOGHUE MT, LIU Y, CHAMBERLAIN AT, RUE-ALBRECHT K, SCHROEDER S, SPILLANE C, TAI S, BRADLEY DG, SONSTEGARD TS, LOFTUS BJ, MACHUGH, DE (2015): Genom sequencing of the extinct Eurasian wild aurochs, *Bos primigenius*, illuminates the phylogeography and evolution of cattle, *Genome Biology* 16:234.
38. PÉREZ-PARDAL L, ROYO LJ, BEJA-PEREIRA A, CHEN S, CANTET RJC, TRAORÉ A, CURIK I, SÖLKNER J, BOZZI R, FERNÁNDEZ I, ÁLVAREZ I, GUTIÉRREZ JP, GÓMEZ E, PONCE DE LEÓN F, GOYACHE F (2010): Multiple paternal origins of domestic cattle revealed by Y-specific interspersed multilocus microsatellites, *Heredity* 24, 105-511.
39. PITT D, SEVANE N, NICOLAZZI E, MACHUGH D, PARK S, COLLI L, MARTINEZ R, BRUFORD MW, WENGEL P (2019): Domestication of cattle: Two or three events? *Evolutionary Applications* 12, 123-136. <https://doi.org/10.1111/eva.12674>.
40. SCHERF B D (2000): World watch list for domestic animal diversity. Third edition. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome.
41. SCHIBLER J, ELSNER J, SCHLUMBAUM A (2014): Incorporation of aurochs into cattle herd in Neolithic Europe: single event or breeding? *Scientific Reports* 4, 5798, published 23 July 2014; doi: 10.1038/srep05798
42. SOUBRIER J, GOWER G, CHEN K, RICHARDS SM, LLAMAS B, MITCHELL K, HO SYW, KOSINTSEV P, LEE MS, BARYSHNIKOV G, BOLLONGINO R, BOVER P. BURGER J (2016): Early cave art and ancient DNA record the origin of European bison. *Nature Communications*. 7 (13158): 13158. Bibcode:2016NatCo...713158S. doi:10.1038/ncomms13158
43. SPENGLER R, MUELLER N (2019): Grazing animals drove domestication of grain crops. *Nature Plants* 5, 656-662. doi: 10.1038/s41477-019-0470-4.
44. UTSUNOMIYA Y, MILANESI M, FORTES M, PORTO-NETO L, UTSUNOMIYA A, SILVA M, GARCIA J, AJMONE-MARSAN P (2019): Genomic clues of the evolutionary history of *Bos indicus* cattle. *Animal Genetics* 50, 557-68.
45. VERKAAR EL, NIJMAN IJ, BEEKE M, HANEKAMP E, JOHANNES A. LENSTRA JA (2004): Maternal and paternal lineages in cross-breeding bovine species. Has wisent a hybrid origin? *Molecular biology and evolution* 21,1165-1170; doi:10.1093/molbev/msh064.
46. WANG M-S, ZENG Y, WANG X, NIE W-H, WANG J-H, SU W-T1, OTECKO N, XIONG Z, WANG S, QU K, YAN S, YANG M-M, WANG W, DONG Y, WU D, ZHANG P (2017): Draft genome of the gayal, *Bos frontalis*. *GigaScience*, 6, 1-7. doi: 10.1093/gigascience/gix094
47. WILSON DE, REEDER DM (2005): Mammal Species of the World: A Taxonomic and Geographic Reference. *Mammal Species of the World: A Taxonomic and Geographic Reference*. 1, Baltimore: Johns Hopkins University Press. pp. 689-699.
48. WU DD, DING XD, WANG S, WÓJCIK JM, ZHANG Y, TOKARSKA M, LI Y, WANG MS, FARUQUE O, NIELSEN R, ZHANG Q, ZHANG YP (2018): Pervasive introgression facilitated domestication and adaptation in the *Bos* species complex. *Nature Ecology and Evolution* 2, 1139-45.
49. YANG DY, LIU L, CHEN X, SPELLER CF (2008): Wild or domesticated: DNA analysis of ancient water buffalo remains from north China. *Journal of Archaeological Science*, 35, 2778-2785
50. YORE K, GOHAIN C, TOLENKHOMBA T, SHYAMSANA N, KALYAN S, MAYENGBAM SP (2018): Genetic Improvement of Swamp Buffalo through Cross Breeding and Backcrossing with Riverine Buffalo. *International Journal of Livestock Research*, 8(10), 30-45 <http://dx.doi.org/10.5455/ijlr.20180308100838>
51. ZHANG K, LENSTRA JA, ZHANG S, LIU W, LIU J (2020): Evolution and domestication of the Bovini species. *Animal Genetics*. 51(5):637-657. doi: 10.1111/age.12974.
52. ZURANO JP, MAGALHÃES F, ASATO A, SILVA G, BIDAU C, MESQUITA D, COSTA G (2019): CETARTIODACTYLA: UPDATING A TIME-CALIBRATED MOLECULAR PHYLOGENY. *MOLECULAR PHYLOGENETICS AND EVOLUTION* 133, 256-262

Anschrift des Autors:

Prof. Dr. habil. Wilfried Brade
Norddeutsches Tierzucht-Beratungsbüro
Zur Koppenheide 8
18181 Graal-Müritz (Ostsee)

Email: wilfried.brade@t-online.de