

Pressemitteilung**Johannes Gutenberg-Universität Mainz****Petra Giegerich**

12.07.2019

<http://idw-online.de/de/news719166>Forschungsergebnisse, Wissenschaftliche Publikationen
Biologie, Geschichte / Archäologie
überregional**Alte Genome offenbaren Neues zur Abstammung unserer Hausrinder****Studie nutzt alte Erbsubstanz, um Rinderdomestikation und Vermischung von Wildrindern, Zebus und taurinen Hausrindern zu erforschen.**

Der eurasische Auerochse gilt als Vorfahre unserer heutigen Hausrinder. Er wurde über einen längeren Zeitraum mit Beginn vor etwa 10.500 Jahren in Randgebieten des Fruchtbaren Halbmonds, den Tälern von Euphrat und Tigris, domestiziert. Seit dem 17. Jahrhundert ist die wilde Form ausgestorben, doch seine domestizierten Nachfahren, heute auf der ganzen Welt als Nutztiere verbreitet, leben fort. Vieles in der jahrtausendelangen Geschichte der Hausrinder ist noch unklar, genetische Informationen heute lebender Tiere geben allenfalls ein verwaschenes Bild vergangener Prozesse wieder, die das Rind zu dem gemacht haben, was es heute ist.

Ein internationales Wissenschaftlerteam ist der Geschichte der frühen Rinder nachgegangen. Die Gruppe hat genomische Daten von 67 Tieren aus acht Jahrtausenden untersucht und so die Geschichte der Rinderdomestikation detaillierter als jemals zuvor nachgezeichnet. Die große genetische Ähnlichkeit zwischen dem anatolischen Ur, wie der Auerochse auch genannt wird, und den ersten Hausrindern bestätigt den Domestikationsursprung in dieser Region.

Einkreuzung von Wildrindern in Hausrinderherden

Die Studie macht jedoch auch deutlich, dass im Laufe der Zeit unterschiedliche lokale Wildpopulationen ihre genetischen Spuren im Hausrind hinterließen. „Wir gehen davon aus, dass sich die Wildrinder der Levante und Europas mit den vom Menschen importierten Hausrinderherden vermischt haben“, erklärt Dr. Amelie Scheu von der Johannes Gutenberg-Universität Mainz (JGU). „Diese Einkreuzungen blieben vormals unentdeckt, da sie durch Auerochsenbullen geschahen, bisherige Studien jedoch hauptsächlich allein mütterlicherseits weitergegebenes Erbgut untersuchten. Erst der technische Fortschritt hat uns über die Möglichkeit, ganze Genome entschlüsseln zu können, zu dieser Erkenntnis verholfen.“

Mit Zebus gegen Hitze und Dürre

Die ersten domestizierten Rinder zeigten, so die Studie unter Leitung von Prof. Dan Bradley, Populationsgenetiker am Trinity College Dublin, noch keine genetischen Einflüsse von Zebus. Dieses Buckelrind (*Bos indicus*) wurde wahrscheinlich weiter östlich im Indus-Tal domestiziert. Vor etwa 4.000 Jahren tauchten aber im genetischen Code der Hausrinder des Nahen Ostens erste Hinweise auf Vermischungen beider Gruppen auf. Als Grund wird eine extreme Dürre vermutet, die sich über mehrere Jahrhunderte hinzog. Möglicherweise haben die frühen Bauern auf die veränderten klimatischen Bedingungen mit der Einkreuzung von Zebus reagiert, die Hitze und Trockenheit besser standhalten als taurine Rinder. Dieser Einschnitt markiert den Beginn einer bis heute andauernden globalen Ausbreitung der Zebus. Die Nachfahren der ersten Buckelrinder werden weltweit in tropischen Regionen bevorzugt gehalten.

Die Forschungsarbeit „Ancient cattle genomics, origins and rapid turnover in the Fertile Crescent“ ist in der renommierten Fachzeitschrift Science erschienen und wurde von dem Europäischen Forschungsrat (ERC) mit einem ERC Advanced Grant für Daniel Bradley, Professor für Populationsgenetik am Trinity College Dublin, unterstützt.

wissenschaftliche Ansprechpartner:

Dr. Amelie Scheu
AG Palaeogenetik
Institut für Organismische und Molekulare Evolutionsbiologie (iomE)
Johannes Gutenberg-Universität Mainz
55099 Mainz
Tel. +49 6131 39-26929
E-Mail: amscheu@uni-mainz.de
<http://palaeogenetics-mainz.de>

Prof. Dr. Joachim Burger
AG Palaeogenetik
Institut für Organismische und Molekulare Evolutionsbiologie (iomE)
Johannes Gutenberg-Universität Mainz
55099 Mainz
Tel. +49 6131 39-20981
E-Mail: jburger@uni-mainz.de
<http://palaeogenetics-mainz.de/>

Originalpublikation:

Marta Pereira Verdugo, Victoria E. Mullin & Amelie Scheu et al.
Ancient cattle genomics, origins and rapid turnover in the Fertile Crescent
Science, 12. Juli 2019
DOI: [10.1126/science.aav1002](https://doi.org/10.1126/science.aav1002)
<https://science.sciencemag.org/content/365/6449/173>

URL zur Pressemitteilung: <https://www.youtube.com/watch?v=Kawbj78IFV8> – The Palaeogenetics Lab at Mainz University