

MUSEO DI STORIA DELL'AGRICOLTURA



FONDAZIONE MORANDO BOLOGNINI



SOCIETÀ AGRARIA DI LOMBARDIA

Atti del seminario

11 ottobre 2024

Castello Morando Bolognini - Sant'Angelo Lodigiano

I RUMINANTI

**domesticazione, evoluzione e
coevoluzione con le popolazioni umane**

a cura di

Anna Sandrucci e Osvaldo Failla

CON IL PATROCINIO DI



CON IL CONTRIBUTO DI



Carla Zanardi
(1956 - 2024)

Questo volume è dedicato alla dottoressa Carla Zanardi, appassionata socia e benefattrice del Museo di Storia dell'Agricoltura. Laureata in Scienze e Tecnologie Agrarie, Carla è stata un'assidua presenza alle iniziative del Museo, della Società Agraria di Lombardia e dell'Associazione milanese laureati in Scienze agrarie e forestali, partecipando alle attività sociali e culturali sempre con vivacità e interesse, anche quando le sue condizioni di salute, sempre più precarie, le rendevano la vita impegnativa e dolorosa.

I CURATORI

Anna Sandrucci

Consigliera del Museo di Storia dell'Agricoltura

Professoressa ordinaria di Zootecnia speciale - Università degli Studi di Milano

Oswaldo Failla

Presidente del Museo di Storia dell'Agricoltura

Professore ordinario di Arboricoltura generale e Coltivazioni arboree - Università degli Studi di Milano

14 febbraio 2025

© Museo di Storia dell'Agricoltura

www.mulsa.it

ISBN 978-88-947927-7-5

DOMESTICAZIONE E BIODIVERSITÀ DEI BOVINI

Paolo Ajmone Marsan¹

*Dipartimento di Scienze Animali, della Nutrizione e degli Alimenti - DIANA
Centro di Ricerche Romeo ed Enrica Invernizzi - CREI
Università Cattolica del Sacro Cuore, Piacenza*



Riassunto

L'agricoltura e l'allevamento, sviluppati nel Neolitico, hanno rivoluzionato le civiltà umane, favorendo insediamenti stabili, crescita demografica e società complesse. I primi animali zootecnici furono addomesticati nella Mezzaluna Fertile circa 10.000 anni fa. Qui l'uomo ha addomesticato caprini, ovini, bovini e suini, instaurando un rapporto con queste specie che dura ancora ai giorni nostri. Altre specie sono state addomesticate successivamente in altre regioni, lo zebù e il bufalo, il pollo in Asia, l'asino in Africa, il tacchino e i camelidi lamoidi in America. Questi animali, essenziali per l'alimentazione, il lavoro e la produzione di materiali, hanno poi colonizzato il mondo seguendo le migrazioni e le conquiste dell'uomo e sotto pressioni selettive naturali e antropiche si sono differenziati ed adattati a produrre in condizioni ambientali diverse. I bovini taurini hanno seguito le coste nord e sud del Mediterraneo verso ovest e il Danubio verso nord per poi spostarsi successivamente verso sud in Africa e verso nord-est in Asia. Lo zebù indiano ha colonizzato il centro e il sud dell'Asia e si è poi spinto in Africa, migliorando l'adattamento agli ambienti tropicali dei bovini taurini locali. In Asia, flussi genetici da yak e altre specie verso i bovini taurini hanno favorito l'adattamento a climi estremi. In Sud America, i bovini Creoli, introdotti dai coloni europei hanno sviluppato adattamenti particolari, come quelli indotti dalla mutazione "slick", utile per tollerare il caldo. Questa biodiversità è ora fondamentale per affrontare sfide come i cambiamenti indotti dal clima e lo spostamento di areale di malattie endemiche e parassiti. Proteggere le razze locali e comprendere a livello genomico i processi di domesticazione ed adattamento è essenziale per garantire la sostenibilità globale dell'agricoltura.

Abstract

Domestication and biodiversity of cattle

Agriculture and animal husbandry developed during the Neolithic period and promoted the development of human civilizations, fostering stable settlements, population growth, and the origin of complex societies. The first livestock domestication site is located in the Fertile Crescent around 10,000 years ago. Here, humans domesticated goats, sheep, cattle, and pigs, establishing a relationship with these species that still continues nowadays. Other species were domesticated later in different regions: zebu, buffaloes, chickens and camels in Asia, donkeys in Africa, turkeys and lamoid camelids in the Americas. These animals, essential for the production of food, labor, and other material, later spread across the world, following human migrations and conquests.

¹ Professore ordinario di Miglioramento genetico animale

Under both natural and human-driven selective pressures, they differentiated and adapted to produce in various environmental conditions. Taurine cattle migrated westward along the northern and southern Mediterranean coasts, moving northward along the Danube, later expanding southward into Africa and northeastward into Asia. The Indian zebu colonized Central and South Asia, later spreading into Africa, enhancing the adaptation of African taurine cattle to tropical environments. In Asia, genetic introgression from yaks and other species into taurine cattle contributed to their adaptation to extreme climates. In South America, Creole cattle, introduced by European settlers, developed unique adaptations, such as the “slick” mutation, which enhances heat tolerance. Today, this biodiversity is important for addressing global challenges, including climate-induced changes and the shifting ranges of endemic diseases and parasites. Protecting local breeds and understanding the genomic mechanisms of domestication and adaptation are essential to ensuring the global sustainability of agriculture.

INTRODUZIONE

L'agricoltura e l'allevamento rappresentano innovazioni fondamentali che hanno trasformato le società umane, segnando l'inizio del Neolitico. Hanno consentito lo sviluppo di insediamenti stabili, promosso la crescita demografica, la conseguente stratificazione della società e lo sviluppo di società complesse. Il primo centro di domesticazione animale è stato identificato da archeologi e paleontologi nella Mezzaluna Fertile, circa 10.000 anni fa (Helmer *et al.*, 2005a; Bollongino *et al.*, 2012; Vigne, 2011; Fig. 1), dove furono addomesticati caprini, ovini, bovini e suini utilizzati non solo per l'alimentazione, ma anche per il lavoro agricolo, il trasporto e l'utilizzo di pelli e altri materiali (Helmer *et al.*, 2005b).

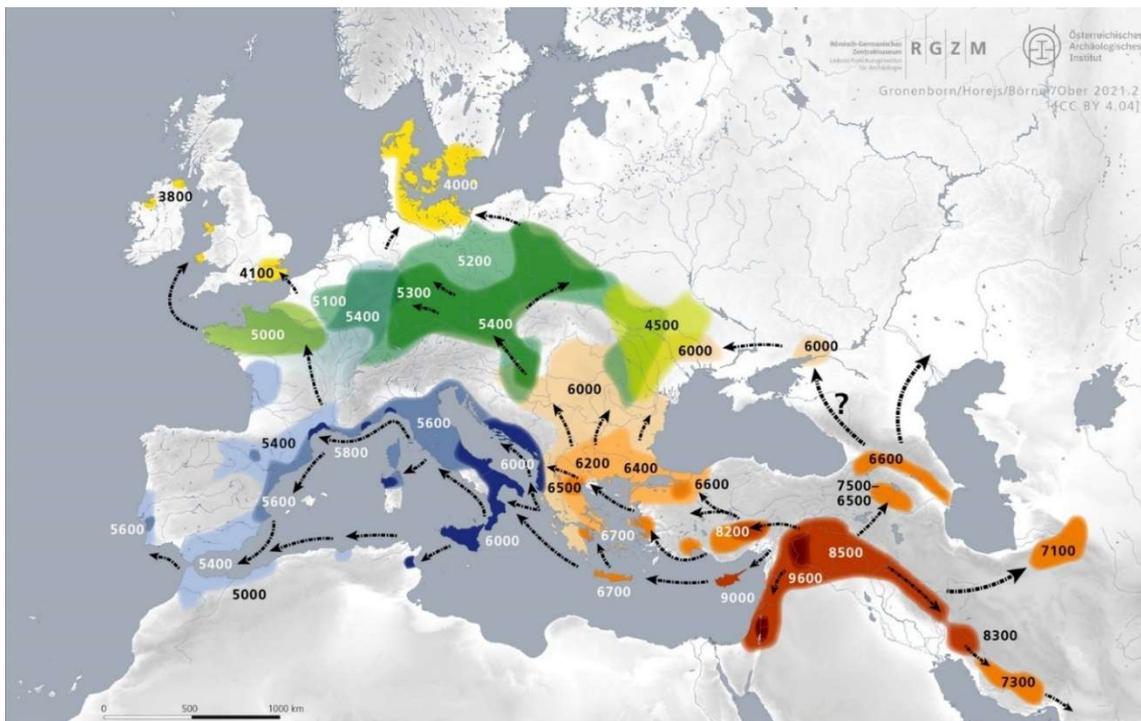


Figura 1 Diffusione dell'agricoltura dall'Asia sudoccidentale all'Europa, tra il 9600 e il 3800 a.C. (Fonte: https://www.wikiwand.com/en/Neolithic_Revolution)

La domesticazione, tuttavia, non si limitò alla Mezzaluna Fertile. Altri centri sono stati identificati in diverse parti del mondo, dove sono state addomesticate altre specie animali fondamentali per lo sviluppo delle economie locali. In Asia centrale e orientale sono stati domesticati lo zebù (Hiendleder *et al.*, 2008), il bufalo (Yi *et al.*, 2020), il pollo (Peters *et al.*, 2022), il suino (Xiang *et al.*, 2017), il cammello e il dromedario (Smiths *et al.*, 2023);

in Africa, l'asino (Rossel *et al.*, 2008). Nel continente americano sono stati addomesticati, il tacchino (Speller *et al.*, 2010), il lama e l'alpaca (Diaz-Maroto *et al.*, 2021), questi ultimi apprezzati soprattutto per la produzione di fibra (Del Sol *et al.*, 2023).

In seguito all'espansione neolitica dell'agricoltura e dell'allevamento, gli animali domestici hanno accompagnato l'uomo nella colonizzazione del pianeta, adattandosi a una varietà di ambienti geografici e climatici. Questo processo è stato guidato da una combinazione di selezione naturale, selezione antropogenica e deriva genetica, ed ha portato alla formazione di una straordinaria biodiversità tra le popolazioni animali domestiche (FAO, 2015). Le razze locali rappresentano oggi risorse genetiche da conservare, in grado di prosperare e produrre in ambienti estremamente variabili, caratterizzati da condizioni climatiche difficili, disponibilità alimentare limitata e alta pressione di malattie e parassiti.

Dopo la domesticazione, gli animali domestici non si sono più spostati autonomamente, ma hanno seguito l'uomo nelle sue migrazioni, guerre e rotte commerciali, venendo spesso integrati in nuovi sistemi economici e sociali. Questo stretto rapporto tra uomo e animali domestici ha avuto un impatto significativo anche sul genoma umano. Ad esempio, la diffusione delle varianti del gene della lattasi (*LCT*), che consentono la digestione del latte in età adulta, è strettamente associata alla domesticazione di animali da latte e alla diffusione del pastoralismo (Gerbault *et al.*, 2011). Inoltre, l'esposizione umana a patogeni animali durante secoli di coesistenza ha favorito la selezione di varianti genetiche resistenti, con effetti diretti durante eventi storici come le conquiste europee delle Americhe, nel corso delle quali le zoonosi hanno giocato un ruolo decisivo (Bos *et al.*, 2014).

LA DOMESTICAZIONE DEI BOVINI

Quello dei bovini rappresenta uno degli eventi di domesticazione più studiati, grazie alla disponibilità di evidenze archeologiche e genetiche. I bovini domestici derivano da un antenato selvatico, l'uro (*Bos primigenius*), presente nel Mesolitico in tre sottospecie principali: il *Bos primigenius primigenius*, distribuito in Europa e Asia; il *Bos primigenius namadicus*, localizzato nel subcontinente indiano; e il *Bos primigenius africanus*, diffuso in Nord Africa (Zeuner, 1963; Fig. 2 e 3).

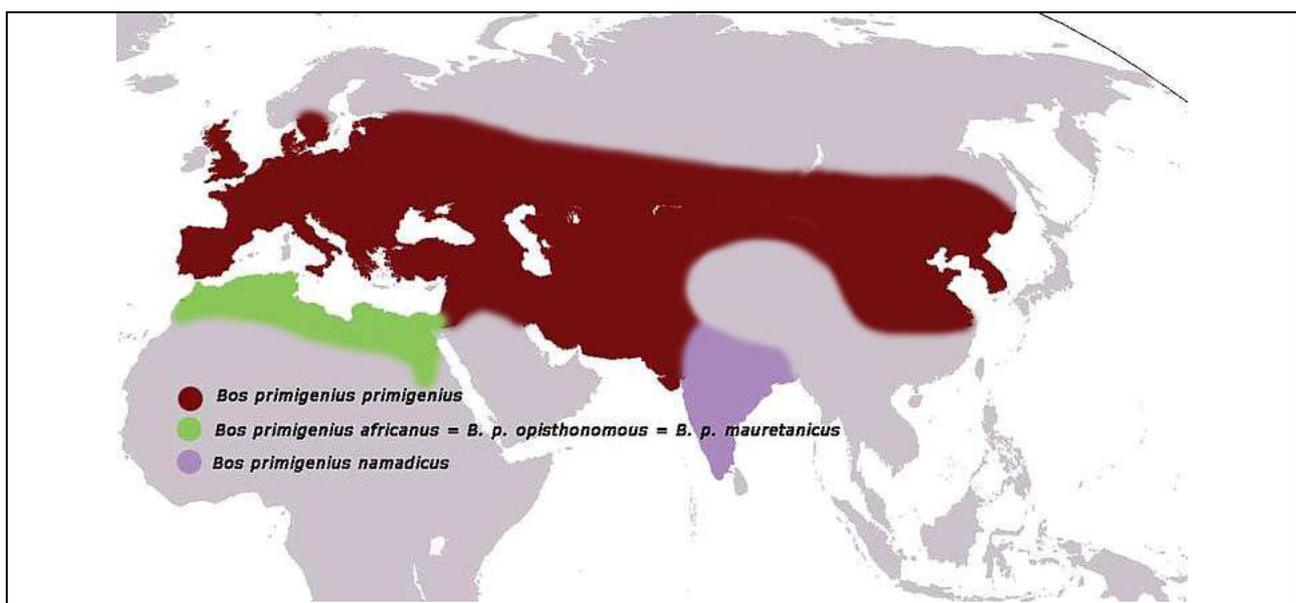


Figura 2 - Areali di distribuzione delle tre sottospecie dell'uro (*Bos primigenius*) (Fonte: https://en.m.wikipedia.org/wiki/File:Bos_primigenius_map.jpg)

I bovini moderni sono il risultato di due eventi di domesticazione indipendenti: i bovini taurini (*Bos taurus taurus*), domesticati circa 10.000 anni fa nella Mezzaluna Fertile dall'uro *primigenius*, e gli zebù (*Bos taurus indicus*), domesticati circa 8.500 anni fa nella Valle dell'Indo dall'uro *namadicus* (Ajmone-Marsan et al., 2010; Achilli et al., 2009). Rimane in discussione un possibile terzo evento di domesticazione in Africa, che coinvolgerebbe l'uro *africanus*. Studi recenti basati sul DNA antico hanno riconsiderato questa ipotesi, suggerendo un contributo africano significativo alla diversità genetica bovina di quel continente (Pitt et al., 2018).



Figura 2 - Cranio di uro del Pleistocene superiore (129-11,7 mila di anni fa) ritrovato nella Valdarno superiore (Museo di Geologia e Paleontologia - Università degli Studi di Firenze)

Il DNA mitocondriale

Dal punto di vista molecolare, il DNA mitocondriale (mtDNA), aploide ed ereditato esclusivamente per via materna, rappresenta uno strumento utile per ricostruire la storia evolutiva e la diffusione dei bovini domestici, nonché per identificare i siti di domesticazione. Le analisi del mtDNA hanno evidenziato una maggiore variabilità genetica nelle aree vicine ai centri di domesticazione rispetto a regioni geografiche più distanti (Troy et al., 2001).

Gli studi molecolari hanno permesso di classificare i mtDNA dei bovini taurini in quattro aplotipi principali: T1, T2, T3 e T4. A questi si aggiungono alcune varianti più rare, come T5, T6, P, Q ed R, che riflettono eventi migratori e adattativi specifici (Troy et al., 2001; Achilli et al., 2008). Gli aplotipi T1, T2 e T3 discendono dalle prime popolazioni domestiche nell'Asia sudoccidentale. L'aplotipo T3 è dominante nei bovini neolitici europei. L'aplotipo T1, invece, è più diffuso in Africa e potrebbe rappresentare l'effetto di successive introgressioni da parte di *Bos primigenius africanus* (Bradley et al., 1996; Troy et al., 2001). L'aplotipo T4 è limitato a popolazioni specifiche dell'Asia orientale, in particolare in Cina, Corea, Giappone e Siberia (Achilli et al., 2009; Mannen et al., 2004). L'origine dello zebù è chiaramente identificata nel subcontinente indiano, come confermato dagli aplotipi mitocondriali I1 e I2, prevalenti in queste popolazioni e nelle aree circostanti. Questi dati molecolari evidenziano un'evoluzione indipendente dello zebù rispetto ai bovini taurini, determinata da pressioni selettive locali e adattamenti a climi caldi (Chen et al., 2009).

Il DNA genomico

Oltre alle analisi basate sul DNA mitocondriale, il genoma nucleare, studiato attraverso marcatori microsatelliti, SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) e ora sequenze genomiche complete, ha fornito informazioni sulla struttura genetica delle popolazioni bovine domestiche. Le analisi genomiche distinguono chiaramente i bovini taurini europei dagli zebù e, in seconda battuta, entrambe le sottospecie dai taurini africani. Questi risultati riflettono la complessa storia evolutiva e demografica delle due/tre sottospecie principali, inclusi gli antichi eventi di incrocio tra di esse. Le razze del sud Europa mostrano porzioni variabili di genoma indicino e, in misura minore, di genoma taurino africano, suggerendo episodi storici di introgressione (Utsunomiya *et al.*, 2019; Uphadyay *et al.*, 2017). In Africa la maggior parte dei bovini attuali rappresenta un mosaico genetico risultante dall'incrocio tra zebù e taurini africani. Tuttavia, alcune razze localizzate in aree endemiche per la tripanosomiasi, come i bovini N'Dama, hanno mantenuto un genoma quasi esclusivamente taurino africano. Questa purezza genetica è probabilmente il risultato della pressione selettiva esercitata dalla resistenza di questi bovini alla malattia, a cui invece gli zebù sono altamente suscettibili (Hanotte *et al.*, 2002; Kim *et al.*, 2023). In Asia, il panorama genetico si arricchisce ulteriormente grazie agli eventi di introgressione con altre specie del genere *Bos*, descritte nel paragrafo dedicato all'Asia.

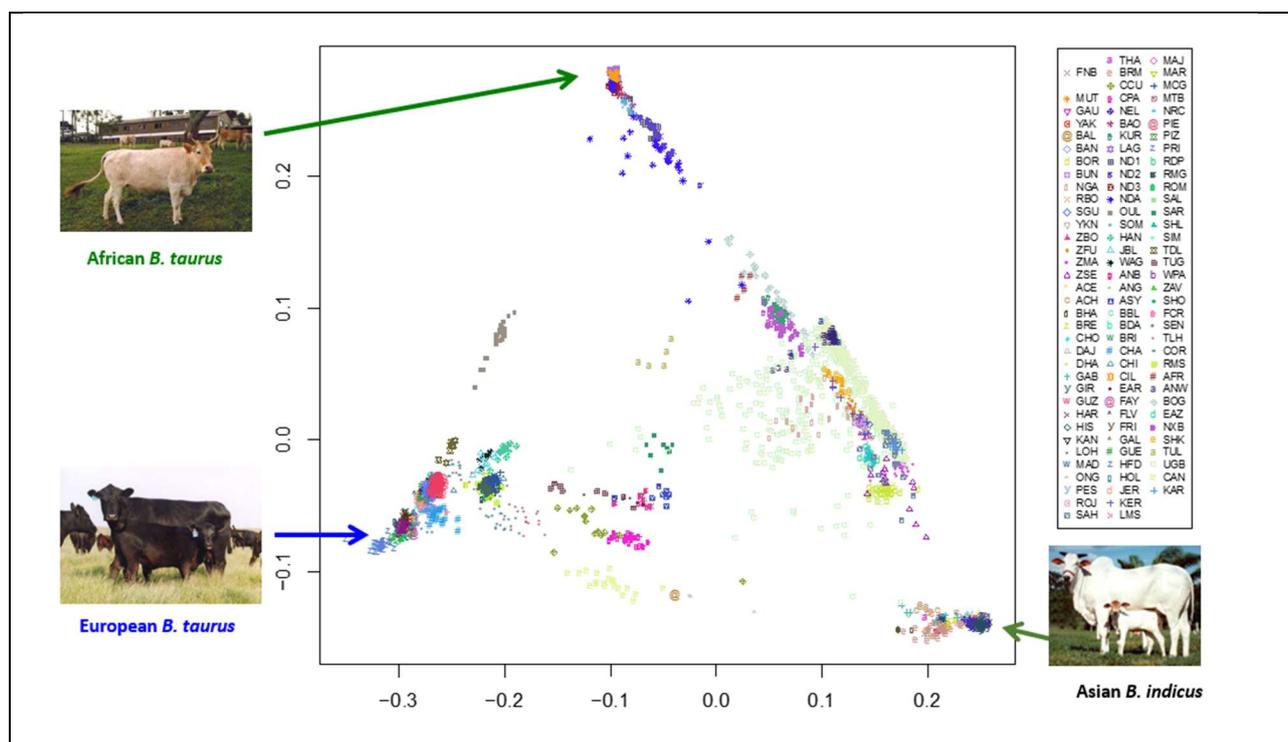


Figura 3 - Grafico MDS (MultiDimensional Scaling) basato sulle distanze IBS (Identity-By-State) di 110 razze bovine analizzate con 54.000 marcatori SNP (Single Nucleotide Polymorphism) (dati non pubblicati)

Il cromosoma Y

A completare questa analisi, il DNA del cromosoma Y, trasmesso per via paterna, ha permesso di identificare tre principali aplotipi: Y1, associato ai bovini taurini del nord Europa; Y2, predominante nei taurini dell'Europa meridionale, dell'Africa e dell'Asia occidentale; e Y3, esclusivo dello zebù (Svensson e Götherström, 2008). Questa netta separazione genetica tra taurini e zebuini riflette le diverse traiettorie evolutive delle due sottospecie a partire dalle prime fasi della domesticazione.

Il DNA antico

L'analisi del DNA antico recuperato da reperti archeologici si è rivelata uno strumento fondamentale per validare o correggere i modelli demografici e migratori derivati dallo studio del DNA delle razze bovine moderne. Un aspetto di particolare rilevanza emerso dal confronto tra DNA antico e moderno è l'introggressione genetica post-neolitica tra gli uri selvatici e i bovini domestici. Sebbene tale introggressione sia stata limitata, essa è stata identificata in diverse regioni del mondo, suggerendo che, in alcune circostanze, gli uri abbiano contribuito geneticamente alle popolazioni domestiche.

Studi sul genoma antico mostrano bassi ma significativi livelli di introggressione degli uri nei bovini domestici europei, indicando un'interazione genetica sporadica avvenuta durante il processo di domesticazione e nelle successive migrazioni (Park *et al.*, 2015; Upadhyay *et al.*, 2017). In Africa, l'aplotipo T1, predominante nei bovini africani, potrebbe rappresentare una traccia di queste interazioni genetiche con gli uri locali, evidenziando la complessità delle dinamiche di domesticazione e adattamento nelle diverse aree geografiche.

L'EUROPA

Dopo la domesticazione, i bovini taurini hanno progressivamente colonizzato l'Europa, seguendo due principali rotte migratorie. La prima ha attraversato l'Europa centrale lungo il corso del Danubio, mentre la seconda ha seguito le coste del Mediterraneo. La diffusione dei bovini taurini in Europa è stata accompagnata da una progressiva riduzione della diversità genetica, attribuibile a fenomeni di deriva genetica e ai colli di bottiglia che caratterizzarono le fasi di espansione verso nuove aree geografiche, che è evidente nei genomi delle popolazioni bovine che si sono stabilite nelle regioni settentrionali del continente europeo. Successivamente, i bovini taurini hanno continuato a migrare verso l'Asia settentrionale, colonizzando regioni sempre più remote e adattandosi a climi più freddi (McTavish *et al.*, 2013; Park *et al.*, 2015).

La ricostruzione delle rotte migratorie post-neolitiche degli animali domestici è interessante. L'analisi del DNA mitocondriale delle razze bovine della nostra penisola ha evidenziato nelle razze dell'Italia centrale (Maremma, Marchigiana, Calvana e Chianina) un livello di diversità genetica simile a quello osservato nei centri di domesticazione del Vicino Oriente e molto maggiore rispetto a quanto si osserva nelle razze del centro Europa ma anche del Nord e del Sud del nostro Paese (Pellecchia *et al.*, 2007). L'analisi del DNA mitocondriale come "orologio biologico" ha stimato che i progenitori di queste razze sono arrivati in Italia verso la fine dell'età del Bronzo, probabilmente via mare dal Vicino Oriente. La correlazione temporale e geografica tra la diffusione di questi bovini e l'ascesa della civiltà etrusca, nota per la sua influenza culturale e tecnologica sulle altre popolazioni italiche e per le influenze medio-orientali, ha suggerito l'ipotesi che i bovini dell'Italia centrale possano essere stati testimoni della nascita di questa civiltà, la cui origine culturale e genetica è stata sempre oggetto di acceso dibattito. Studi recenti sul DNA antico di resti riesumati da sepolture etrusche sembrano però aver messo fine alla discussione, dimostrando un'origine prevalentemente autoctona italiana degli scheletri analizzati (Posth *et al.*, 2021).

L'ASIA

Dalla Valle dell'Indo, lo zebù si è diffuso progressivamente dal subcontinente indiano verso l'Asia meridionale, orientale e centrale, seguendo le rotte commerciali e delle migrazioni umane. Le popolazioni di zebù presentano un'elevata diversità genetica, che riflette il processo di adattamento a condizioni climatiche estreme, come le alte temperature e scarsità di acqua, e la resistenza a malattie (Chen *et al.*, 2023; Utsunomiya *et al.*, 2019).

I bovini asiatici hanno anche beneficiato di introgressioni genetiche da altre specie del genere *Bos*, come il banteng (*Bos javanicus*) e il gaur (*Bos gaurus*), che hanno conferito caratteri adattativi favorevoli, inclusa una maggiore resistenza alle malattie e alle infezioni parassitarie (Wu *et al.*, 2018; Barbato *et al.*, 2020). In Cina, l'introgressione genetica da yak (*Bos grunniens*) ha contribuito allo sviluppo di popolazioni locali altamente adattate agli ambienti d'alta quota, come l'altopiano tibetano, grazie ad una maggiore tolleranza all'ipossia e una fisiologia ottimizzata per condizioni di freddo intenso e scarsità di ossigeno (Lyu *et al.*, 2024).

L'AFRICA

Dal punto di vista ecologico e fisiologico, i bovini taurini e zebuini presentano adattamenti specifici ai rispettivi ambienti. I taurini prevalgono nelle regioni più temperate, mentre gli zebù si sono diffusi in climi caldi, tropicali. Questa capacità di adattamento è dovuta alla loro resistenza a condizioni ambientali difficili, incluse la siccità e la presenza di malattie endemiche (Chen *et al.*, 2023; Utsunomiya *et al.*, 2019).

In Africa, i bovini taurini sono stati introdotti dal Medio Oriente circa 6.800 anni fa. Successivamente, circa 4.000 anni fa, sono arrivati zebù provenienti dall'Asia. L'introgressione dello zebù nei bovini taurini africani è stata facilitata dai commerci arabi lungo la costa orientale e dall'espansione del pastoralismo, con effetti significativi sul patrimonio genetico delle popolazioni bovine africane (Hanotte *et al.*, 2002; Kim *et al.*, 2023). L'introduzione degli zebù è stata importante per l'adattamento dei bovini taurini africani alle condizioni tropicali tipiche di molte regioni del continente. Questo adattamento è risultato da un processo di incrocio tra zebù e taurini autoctoni, che ha portato alla creazione di popolazione ibride come i bovini Sanga, che mostrano una notevole resistenza alla siccità e a malattie endemiche (Kim *et al.*, 2023; Bradley *et al.*, 1996). Questo processo di ibridazione e adattamento si è ulteriormente intensificato durante le conquiste islamiche, che facilitarono la diffusione degli zebù e il loro incrocio con popolazioni locali attraverso il commercio trans-sahariano e lungo la costa orientale africana (Hanotte *et al.*, 2002).



Figura 4 - Bovini Ankole, razza africana appartenente al grande gruppo di bovini ibridi Sanga

SUD AMERICA

In Sud America, i bovini furono introdotti dai coloni europei dopo il 1492, durante i primi viaggi transatlantici. Le prime popolazioni bovine erano prevalentemente di origine iberica e si sono adattate rapidamente ai vari ambienti del continente, dando origine ai bovini Creoli. Questi bovini sono ancora oggi presenti in numerose regioni e rappresentano una risorsa genetica preziosa, grazie alla loro resistenza alle malattie tropicali e alla loro capacità di adattarsi a condizioni climatiche estreme, tra cui le alte altitudini delle Ande in Perù e le temperature elevate delle zone tropicali (Ginja *et al.*, 2019; Muñoz *et al.*, 2024).

Nel XIX e XX secolo, l'introduzione di nuove razze europee, insieme all'importazione di zebù dall'India, ha ulteriormente diversificato il panorama genetico dei bovini sudamericani. Gli zebù, particolarmente adatti a condizioni tropicali e subtropicali, hanno portato benefici significativi all'allevamento nel Sud e nel Centro America, migliorando la resistenza dei bovini al calore e ai parassiti. La combinazione di zebù e bovini Creoli ha poi generato popolazioni ibride con caratteristiche ottimali per la produzione agricola in ambienti difficili (Muñoz *et al.*, 2024). Queste dinamiche di introduzione e selezione hanno lasciato una traccia genetica nelle popolazioni bovine sudamericane, oggi caratterizzate da diversità genetica e adattabilità ecologica. Proprio in alcune razze Creole caraibiche, come Senepol, Curaleiro e Limoneiro, la selezione naturale ha favorito la diffusione di una mutazione nota come *slick* (liscio), caratterizzata da una marcata riduzione nella lunghezza del pelo e da un maggior numero di ghiandole sudoripare. Questa mutazione, che consiste in una delezione nel gene del recettore della prolattina (*PRLR*), altera la porzione citoplasmatica della proteina, influenzando la termoregolazione e migliorando significativamente la tolleranza degli animali al calore (Huson *et al.*, 2014) e mantenendo di conseguenza uno stato di maggior benessere e produttività rispetto ad animali con il genotipo *wild type*.

CONCLUSIONI

Oggi, la conservazione delle risorse genetiche animali rappresenta una delle priorità per la sostenibilità a lungo termine dei sistemi agricoli globali. Le razze locali costituiscono un prezioso serbatoio di alleli adattativi. Questi geni consentono agli animali di rispondere a sfide ambientali quali i cambiamenti climatici, la comparsa di nuove malattie e l'adattamento a condizioni produttive estreme. L'importanza delle razze locali non risiede solo nella loro resilienza intrinseca, ma anche nel loro contributo potenziale alle razze cosmopolite, che possono trarre beneficio dall'introduzione di questi alleli attraverso le moderne tecnologie di editing genomico, come il CRISPR/Cas9 (Perisse *et al.*, 2021).

La comprensione delle basi genetiche delle caratteristiche specifiche delle diverse razze animali aiuta a dare valore e conservare la biodiversità e fornisce anche una base scientifica per sviluppare strategie di allevamento sostenibili. La combinazione di tecnologie avanzate, come la genomica, la trascrittomica e l'epigenomica, con approcci tradizionali di conservazione e selezione genetica, è essenziale per garantire un futuro agricolo resiliente, efficiente e produttivo.

BIBLIOGRAFIA

- Achilli A., Olivieri A., Pellicchia M., et al. Mitochondrial genomes of extinct aurochs survive in domestic cattle, *Current Biology*, Volume 18, Issue 4, 2008, Pages R157-R158, ISSN 0960-9822, <https://doi.org/10.1016/j.cub.2008.01.019>.
- Achilli, A., Bonfiglio, S., Olivieri, A., et al. (2009). The multifaceted origin of taurine cattle reflected by the mitochondrial genome. *PLoS ONE*, 4(6), e5753. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0005753>.

- Ajmone-Marsan, P., Garcia, J. F., & Lenstra, J. A. (2010). On the origin of cattle: How aurochs became cattle and colonized the world. *Evolutionary Anthropology*, 19(4), 148-157. <https://doi.org/10.1002/evan.20267>.
- Barbato, M., Hailer, F., Orozco-terWengel, P., et al. (2020). Genomic evidence of bovine introgression and adaptation in Hong Kong feral cattle. *PLoS ONE*, 15(4), e023148. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0231162>
- Bollongino, R., Burger, J., Powell, A., Mashkour, M., Vigne, J.-D., & Thomas, M. G. (2012). Modern taurine cattle derived from small number of Near-Eastern founders. *Molecular Biology and Evolution*, 29(9), 2101-2104. <https://doi.org/10.1093/molbev/mss092>.
- Bos, K. I., Harkins, K. M., Herbig, A., et al. (2014). Pre-Columbian mycobacterial genomes reveal seals as a source of New World human tuberculosis. *Nature*, 514, 494-497. <https://doi.org/10.1038/nature13591>.
- Bradley, D. G., MacHugh, D. E., Cunningham, P., & Loftus, R. T. (1996). Mitochondrial diversity and the origins of African and European cattle. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 93(10), 5131-5135. <https://doi.org/10.1073/pnas.93.10.5131>.
- Chen, N., Stothard, P., Cánovas, A., et al. (2023). Global genetic diversity, introgression, and evolutionary adaptation of indicine cattle revealed by whole genome sequencing. *Nature Communications*, 14(1), 186. doi: 10.1038/s41467-023-43626-z.
- Chen, S., Lin, B. Z., Baig, M., et al. (2009). Zebu cattle are an exclusive legacy of the South Asia Neolithic. *Molecular Biology and Evolution*, 27, 1, 1-6. <https://doi.org/10.1093/molbev/msp213>.
- Delsol, N., Stucky, B.J., Oswald, J.A. et al. Ancient DNA confirms diverse origins of early post-Columbian cattle in the Americas. *Sci Rep* 13, 12444 (2023). <https://doi.org/10.1038/s41598-023-39518-3>
- Diaz-Maroto, P., Rey-Iglesia, A., Cartajena, I., Núñez, L., Westbury, M. V., Varas, V., ... Hansen, A. J. (2021). Ancient dna reveals the lost domestication history of south american camelids in northern chile and across the andes. *eLife*, 10. <https://doi.org/10.7554/elife.63390>
- FAO (2015). *The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture*. Rome, FAO.
- Gerbault, P., Liebert, A., Itan, Y., et al. (2011). Evolution of lactase persistence: An example of human niche construction. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 366(1566), 863-877. <https://doi.org/10.1098/rstb.2010.0268>.
- Ginja, C., Gama, L. T., Cortés, O., et al. (2019). The genetic ancestry of American Creole cattle inferred from uniparental and autosomal genetic markers. *Scientific Reports*, 9(1), 11486. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-47636-0>.
- Hanotte, O., Bradley, D. G., Ochieng, J. W., Verjee, Y., Hill, E. W., & Rege, J. E. O. (2002). African pastoralism: Genetic imprints of origins and migrations. *Science*, 296(5566), 336-339. <https://doi.org/10.1126/science.1069878>.
- Helmer D, Gourichon L, Monchot H, Peters J, Segui MS. 2005a. Identifying early domestic cattle from pre-pottery Neolithic sites on the Middle Euphrates using sexual dimorphism. In: Vigne JD, Peters J, Helmer D, editors. *The first steps of animal domestication: new archeological approaches*. Oxford: Oxbow Books.
- Helmer, D., Gourichon, L., & Vila, E. 2005b. The development of the exploitation of products from *Capra* and *Ovis* (meat, milk and fleece) from the PPNB to the Early Bronze Age in the northern Near East (8700 to 2000 BC cal). *Anthropozoologica*, 40(2), 41-56.
- Hiendleder, S., Lewalski, H., & Janke, A. (2008). Complete mitochondrial genomes of *Bos taurus* and *Bos indicus* provide new insights into intra-species variation, taxonomy and domestication. *Cytogenetic and Genome Research*, 120(1-2), 150-156. <https://doi.org/10.1159/000118756>
- Huson H.J., Kim E.S., Godfrey RW, et al. Genome-wide association study and ancestral origins of the slick-hair coat in tropically adapted cattle. *Front Genet*. 2014 Apr 29;5:101. doi: 10.3389/fgene.2014.00101.

- Kim, J., Kwon, T., Dessie, T., et al. (2023). Genomic insights into the admixture and adaptation of African cattle. *Molecular Biology and Evolution*, 40(4). Doi: 10.1093/molbev/msad257.
- Lyu Y., Wang F., Cheng H., et al. Recent selection and introgression facilitated high-altitude adaptation in cattle. *Science Bulletin*, Volume 69, Issue 21, 2024, Pages 3415-3424, ISSN 2095-9273. <https://doi.org/10.1016/j.scib.2024.05.030>.
- Mannen, H., Kohno, M., Nagata, Y., et al. (2004). Independent mitochondrial origin and historical genetic differentiation in North Eastern Asian cattle. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 32(2), 539-544. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2004.01.010>.
- McTavish, E. J., Decker, J. E., Schnabel, R. D., Taylor, J. F., & Hillis, D. M. (2013). New World cattle show ancestry from multiple independent domestication events. *PNAS*, 110(15), E1398-E1406. <https://doi.org/10.1073/pnas.1303367110>.
- Muñoz, C., Mariani, P., Pinto, M., et al. (2024). Adaptive evolution of Creole cattle to high-altitude and tropical environments. *Animal Genetics*. (in press).
- Park, S. D. E., Magee, D. A., McGettigan, P. A., et al. (2015). Genome sequencing of the extinct Eurasian wild aurochs, *Bos primigenius*, illuminates the genetic origin of cattle. *Genome Biology*, 16(1), 234. <https://doi.org/10.1186/s13059-015-0790-2>.
- Pellecchia, M., Negrini, R., Colli, L., et al. (2007). The mystery of Etruscan origins: Novel clues from *Bos taurus* mitochondrial DNA. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 274(1614), 1175-1179. <https://doi.org/10.1098/rspb.2006.0258>.
- Perisse, I. V., Fan, Z., Singina, G. N., White, K. L., & Polejaeva, I. A. (2021). Improvements in Gene Editing Technology Boost Its Applications in Livestock. *Frontiers in Genetics*, 11, 614688. doi:10.3389/fgene.2020.614688(fgene-11-614688).
- Peters, J., Lebrasseur, O., Irving-Pease, E. K., Paxinos, P. D., Best, J., Smallman, R., ... & Larson, G. (2022). The biocultural origins and dispersal of domestic chickens. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 119(24). <https://doi.org/10.1073/pnas.2121978119>
- Pitt, D., Sevane, N., Nicolazzi, E. L., et al. (2018). Domestication of cattle: Two or three events? *Evolutionary Applications*, 12(1), 123-136. <https://doi.org/10.1111/eva.12722>.
- Posth C., Zaro V., Spyrou M.A., et al. The origin and legacy of the Etruscans through a 2000-year archeogenomic time transect. *Sci Adv*. 2021 Sep 24;7(39):eabi7673. doi: 10.1126/sciadv.abi7673. Epub 2021 Sep 24. PMID: 34559560; PMCID: PMC8462907.
- Rossel, S., Marshall, F., Peters, J., Pilgram, T., Adams, M., & O'Connor, D. (2008). Domestication of the donkey: timing, processes, and indicators. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 105(10), 3715-3720. <https://doi.org/10.1073/pnas.0709692105>
- Speller, C., Kemp, B. M., Wyatt, S. D., Monroe, C., Lipe, W. D., Arndt, U., ... & Yang, D. (2010). Ancient mitochondrial dna analysis reveals complexity of indigenous north american turkey domestication. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 107(7), 2807-2812. <https://doi.org/10.1073/pnas.0909724107>
- Svensson, E. M., & Götherström, A. (2008). Temporal fluctuations of Y-chromosomal variation in *Bos indicus*. *Molecular Ecology*, 17(4), 2025-2032. DOI: 10.1098/rsbl.2008.0342
- Troy, C. S., MacHugh, D. E., Bailey, J. F., et al. (2001). Genetic evidence for Near-Eastern origins of European cattle. *Nature*, 410(6832), 1088-1091. <https://doi.org/10.1038/35074088>.
- Upadhyay, M., Chen, W., Lenstra, J. et al. Genetic origin, admixture and population history of aurochs (*Bos primigenius*) and primitive European cattle. *Heredity* 118, 169-176 (2017). <https://doi.org/10.1038/hdy.2016.79>
- Utsunomiya, Y. T., Milanesi, M., Fortes, M. R. S., et al. (2019). Genomic clues of the evolutionary history of *Bos indicus* cattle. *Animal Genetics*, 50(6), 557-568. DOI: 10.1111/age.12836
- Vigne, J.D. (2011) The origins of animal domestication and husbandry: A major change in the history of humanity and the biosphere. *Comptes Rendus. Biologies*, On the trail of domestications, migrations and invasions in agriculture, 334, 3, 171-181. doi:10.1016/j.crv.2010.12.009. <https://comptes-rendus.academie-sciences.fr/biologies/articles/10.1016/j.crv.2010.12.009/>

- Wu, DD., Ding, XD., Wang, S. et al. Pervasive introgression facilitated domestication and adaptation in the *Bos* species complex. *Nat Ecol Evol* 2, 1139-1145 (2018). <https://doi.org/10.1038/s41559-018-0562-y>
- Xiang, H., Jian-qiang, G., Cai, D., Luo, Y., Yu, B., Liu, L., ... & Zhao, X. (2017). Origin and dispersal of early domestic pigs in northern China. *Scientific Reports*, 7(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-017-06056-8>
- Yi, Z., Colli, L., & Barker, J. S. F. (2020). Asian water buffalo: domestication, history and genetics. *Animal Genetics*, 51(2), 177-191. <https://doi.org/10.1111/age.12911>
- Zeuner, F. E. (1963). *A History of Domesticated Animals*. Harper & Row, New York.

